(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) **1-0033652**

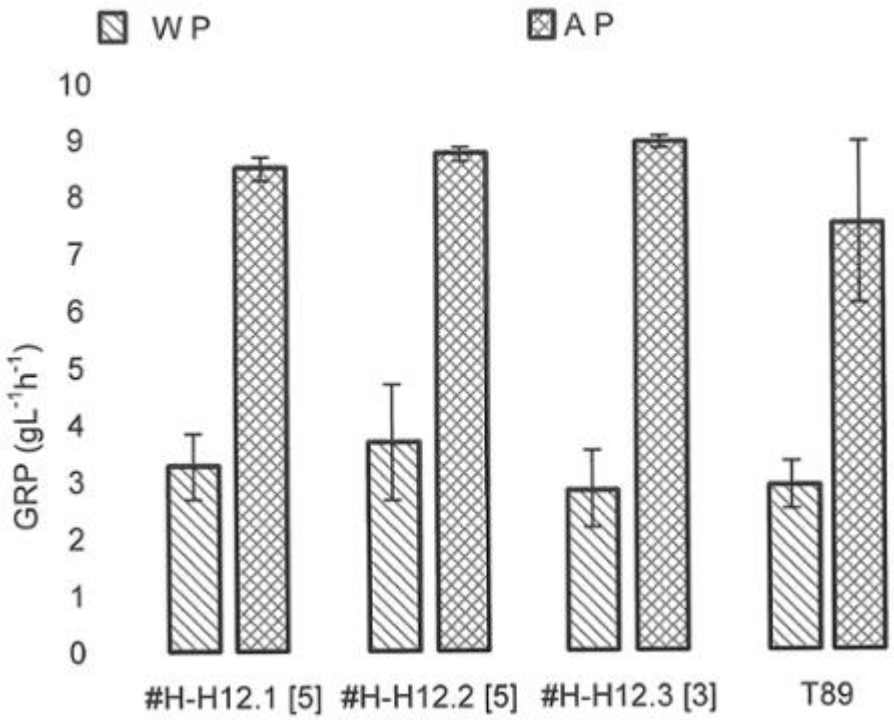
(51)[8] **C12N 15/82**; A01H 5/00; A01H 7/00; A01H 1/00; A01H 5/04

(13) **B**

(21) 1-2017-02271
(22) 29/12/2015
(86) PCT/SE2015/051396 29/12/2015
(87) WO2016/108750 07/07/2016
(30) PA 2014 70833 29/12/2014 DK
(45) 25/10/2022 415
(43) 25/10/2017 355A
(73) SWETREE TECHNOLOGIES AB (SE)
P.O. Box 4095, 904 03 Umeå, Sweden
(72) HERTZBERG, Magnus (SE); JOHANSSON, Karin (SE); JONSÉN, David (SE); JONSSON, Pär (SE); MOLLER, Linus (SE); JÖNSSON, Leif (SE); GANDLA, Madhavi Latha (IN); BHALERAO, Rishikesh (IN); SCHRADER, Jarmo (DE); SANDBERG, Göran (SE).
(74) Công ty Luật TNHH T&G (TGVN)

(54) PHƯƠNG PHÁP SẢN XUẤT CÂY GỖ BIẾN ĐỔI GEN VÀ CÂY GỖ ĐƯỢC BIẾN ĐỔI GEN

(57) Sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất thực vật hoặc cây gỗ được biến đổi gen với các đặc tính sinh trưởng được cải thiện (về mặt sinh khối và chất lượng gỗ) so với thực vật hoặc cây gỗ kiểu dại không được biến đổi gen, phương pháp này bao gồm việc thay đổi mức độ biểu hiện của polypeptit trong tế bào thực vật hoặc tế bào cây gỗ, thực vật hoặc cây gỗ, hoặc một phần của chúng.



Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất thực vật hoặc cây gỗ được biến đổi gen với các đặc tính sinh trưởng được cải thiện (về mặt sinh khối, chất lượng gỗ) so với thực vật hoặc cây gỗ kiểu dại không được biến đổi gen, phương pháp này bao gồm việc thay đổi mức độ biểu hiện của polypeptit trong tế bào thực vật hoặc tế bào cây gỗ, thực vật hoặc cây gỗ, hoặc một phần của chúng.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Các thực vật lưu niên như các loại cây sống lâu năm và các cây gỗ có cách sống khác đáng kể với thực vật một năm, như *Arabidopsis*, ở chỗ các thực vật lưu niên như các loài cây có sự sinh trưởng vô hạn, trong khi đó các thực vật như *Arabidopsis* chấm dứt sự sinh trưởng khi thực vật nở hoa.

Các thực vật lưu niên cũng có thể tuần hoàn giữa thời kỳ sinh trưởng tích cực và thời kỳ tiềm sinh. Vòng đời của các cây sống lâu năm và các cây gỗ khác đáng kể so với các cây trồng mùa vụ, các loài cây này thường di chuyển cacbon và nitơ đến hạt. Do các khác biệt này giữa các cây trồng mùa vụ và các thực vật lưu niên, như cây, nên có nhiều trường hợp đã được phát hiện ra rằng hệ thống mẫu như *Populus tremula x tremuloides* là hệ thống ưu việt để phát hiện một cách đáng tin cậy các gen, mà có thể được sử dụng để gia tăng sự sản xuất sinh khối ở các cây gỗ.

Sự sinh trưởng thực vật ở các mô phân sinh đỉnh dẫn đến sự phát triển các tập hợp các mô chính và dẫn đến sự kéo dài thân và rễ. Ngoài sự sinh trưởng chính, cây còn trải qua sự sinh trưởng phụ và tạo ra mô phụ "gỗ" từ tầng phát sinh gỗ. Sự sinh trưởng phụ này làm tăng chu vi của thân và rễ.

Có một số yếu tố như các sản phẩm gen khác nhau mà có thể cần được thay đổi để tăng cường sự sản xuất sinh khối ở cây. Sự sinh trưởng về chiều cao, đường kích, thể tích thân và tỷ trọng gỗ là các đặc điểm quan trọng để tuôn theo để tăng sự sinh trưởng và sự sản xuất sinh khối. Xét về nhu cầu cung cấp các thực vật lưu niên có khả năng tăng cường sinh trưởng và sinh khối trong phạm vi điều kiện môi trường khác nhau, cũng như các điều kiện môi trường thay đổi, có một nhu cầu liên

tục là tạo ra các thực vật có các đặc điểm di truyền khác nhau (chứa các bộ gen hoạt tính khác nhau) mà phù hợp với thực vật để sinh trưởng trong các điều kiện này.

Nói chung, các thực vật năng suất cao có thể được tạo ra bằng cách lai các dòng, các thực vật chọn lọc khác nhau với các đặc tính sinh trưởng tốt nhất, trong đó hạt giống từ các thực vật này sau đó có thể được chọn và các quá trình lai mới có thể được thực hiện. Trong quy trình này, các thực vật có các đặc tính sinh trưởng tốt hơn có thể được xác định. Một vấn đề đối với cây và cây gỗ là ở chỗ chúng cần lớn vài năm trước khi ra hoa và có thể được sử dụng để lai theo cách truyền thống. Điều này có thể khắc phục được bằng cách sử dụng các công nghệ sinh học phân tử.

Sáng chế mô tả cách thay đổi sự biểu hiện của bộ gen để tạo ra cây gỗ chuyển gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện, có sinh khối được cải thiện và có năng suất cao hơn so với cây gỗ kiểu dại không được biến đổi gen tương ứng.

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Sáng chế đề xuất phương pháp sản xuất thực vật hoặc cây gỗ biến đổi gen có sinh khối và/hoặc chất lượng gỗ gia tăng (tỷ trọng gỗ và/hoặc khả năng phân hủy sinh học gỗ) so với thực vật hoặc cây gỗ không được biến đổi gen tương ứng của cùng loài, phương pháp này bao gồm các bước:

(a) tăng cường mức độ biểu hiện của ít nhất một polypeptit có trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 2, 28 và 38 hoặc ortholog của nó, và/hoặc

(b) giảm sự biểu hiện của ít nhất một polypeptit có trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 58, 74, 88, 98, 106 và 128 hoặc ortholog hoặc paralog của nó trong cây gỗ, tế bào cây gỗ hoặc một phần của nó;

(c) tạo ra và/hoặc chọn lọc cây gỗ, tế bào cây gỗ hoặc một phần của nó có sinh khối gia tăng và/hoặc tỷ trọng gỗ gia tăng so với cây gỗ không được biến đổi gen tương ứng; và

(d) trồng cây gỗ, tế bào cây gỗ hoặc một phần của nó trong các điều kiện mà cho phép phát triển cây gỗ.

Theo một phương án về phương pháp này, ít nhất một polypeptit được chọn trong số:

(a) polypeptit có trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 2, 28, 38, 58, 74, 88, 98, 106 và 128;

(b) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 2, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24 và 26;

(c) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 28, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 28, 30, 32, 34 và 36;

(d) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 38, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 38, 40, 42, 44, 46, 48, 52, 54 và 56;

(e) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 58, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 58, 60, 62, 64, 66, 68, 70 và 72;

(f) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 74, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 74, 76, 78, 80, 82, 84 và 86;

(g) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 88, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 88, 90, 92, 94 và 96;

(h) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 98, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 98, 100, 102 và 104;

(i) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 106, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít

nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124 và 126; và

(j) polypeptit ortholog (polypeptit trực giao) đối với polypeptit có SEQ ID NO: 128, trong đó polypeptit ortholog này có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 128, 130, 132, 134, 136 và 138.

Theo một phương án của phương pháp này, cây gỗ được biến đổi gen là cây gỗ cứng mà có thể được chọn từ nhóm gồm cây keo, cây bạch đàn, cây trăn, cây cử, cây dái ngựa, cây óc chó, cây sồi, cây tần bì, cây liễu, cây mại châu, cây bu lô, cây hạt dẻ, cây dương, cây tống quán sủ, cây dương lá rung, cây phong, cây sung dâu, cây bạch quả, cây cọ và cây gôm ngọt (sweet gum).

Theo một phương án khác về phương pháp này, cây gỗ được biến đổi gen của phương pháp này là cây lá kim mà có thể được chọn từ nhóm gồm cây bách, cây linh sam Douglas, cây linh sam, cây củ tùng, cây độc cần, cây tuyết tùng, cây bách xù, cây thông rụng lá, cây thông, cây gỗ đỏ, cây vân sam và cây thủy tùng.

Theo một phương án của phương pháp này, thực vật được biến đổi gen của phương pháp này là cây trồng thu hoạch mùa vụ, ví dụ, cây mía, cây bí ngô, cây ngô (bắp), cây lúa mỳ, cây lúa gạo, cây lúa mạch, cây lúa mạch đen, cây nho, cỏ, cây củ cải đường, cây sắn, cây đậu nành, cây khoai tây và cây bông.

Sáng chế đề xuất cây gỗ biến đổi gen, có sinh khối và/hoặc chất lượng gỗ gia tăng (tỷ trọng gỗ và/hoặc khả năng phân hủy sinh học gỗ) so với cây gỗ không được biến đổi gen tương ứng của cùng loài, cây gỗ biến đổi gen này được tạo ra bằng phương pháp theo sáng chế.

Sáng chế còn đề xuất cây gỗ biến đổi gen có sinh khối và/hoặc tỷ trọng gỗ gia tăng so với cây gỗ không được biến đổi gen tương ứng của cùng loài, cây gỗ này có sự tăng cường mức độ biểu hiện của ít nhất một polypeptit có trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 2, 28 và 38 hoặc ortholog/paralog của chúng, và/hoặc sự giảm mức độ biểu hiện của ít nhất một polypeptit có trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 58, 74, 88, 98, 106 và 128 hoặc ortholog/paralog.

Theo một phương án, cây gỗ được biến đổi gen là cây gỗ cứng mà có thể được chọn từ nhóm gồm cây keo, cây bạch đàn, cây trăn, cây cử, cây dái ngựa, cây óc chó, cây sồi, cây tần bì, cây liễu, cây mại châu, cây bu lô, cây hạt dẻ, cây dương, cây tống quán sủ, cây dương lá rung, cây phong, cây sung dâu, cây bạch quả, cây cọ và cây gôm ngọt (sweet gum).

Theo phương án khác, cây gỗ được biến đổi gen của phương pháp này là cây lá kim mà có thể được chọn từ nhóm gồm cây bách, cây linh sam Douglas, cây linh sam, cây củ tùng, cây độc cần, cây tuyết tùng, cây bách xù, cây thông rụng lá, cây thông, cây gỗ đỏ, cây vân sam và cây thủy tùng.

Theo một phương án của phương pháp này, thực vật được biến đổi gen của phương pháp này là cây trồng thu hoạch mùa vụ, ví dụ, cây mía, cây bí ngô, cây ngô (bắp), cây lúa mỳ, cây lúa gạo, cây lúa mạch, cây lúa mạch đen, cây nho, cỏ, cây củ cải đường, cây sắn, cây đậu nành, cây khoai tây và cây bông.

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

Fig.1: Tốc độ sản xuất glucoza của các mẫu gỗ thu được từ cây dương lá rung chuyển gen biểu hiện cấu trúc 35S022 và cây dương lá rung kiểu dại, trong đó các mẫu được chuẩn bị không cùng với [WP] hoặc cùng với [AP] bước xử lý sơ bộ bằng axit.

Fig.2: Thành phần hydrat cacbon của các mẫu gỗ thu được từ cây dương lá rung chuyển gen biểu hiện cấu trúc 35S022 và cây dương lá rung kiểu dại.

Mô tả chi tiết sáng chế

Định nghĩa

Thuật ngữ "các đặc tính sinh trưởng được cải thiện" nên được hiểu là sự sinh trưởng chính, gồm sự kéo dài thân và rễ, cũng như sự sinh trưởng phụ của cây gỗ gồm sự sản sinh các mô phụ, "gỗ", từ tầng phát sinh gỗ và sự tăng chu vi của thân và rễ. Một cách giám sát sự sinh trưởng là bằng cách đo chiều cao và đường kính của thân và tùy ý tính thể tích của thân và so sánh nó quần thể cây gỗ kiểu dại hoặc đối chứng là cây gỗ bố mẹ cần quan tâm. Sự sinh trưởng được cải thiện tạo ra thực vật có sinh khối gia tăng. Tỷ trọng gỗ là số đo xác thực của chất lượng gỗ.

Thuật ngữ "chất lượng gỗ được cải thiện" sẽ, theo một khía cạnh, được hiểu là khả năng phân hủy sinh học của gỗ được gia tăng; cụ thể là, hiệu suất đường hóa có thể thu được từ gỗ lấy từ cây gỗ theo sáng chế. Cụ thể là, độ nhạy của xenluloza trong gỗ lấy từ cây gỗ đối với sự phân cắt bằng enzym và sự phá hủy cấu trúc gỗ dạng polyme, như có thể đo được bằng hiệu suất đường hòa tan được giải phóng ra khi phân cắt và phá hủy cấu trúc, là số đo chất lượng gỗ. Khía cạnh khác về chất lượng gỗ là tỷ trọng gỗ mà ảnh hưởng đến các yếu tố như độ bền của cả các sản phẩm dạng xơ và các sản phẩm gỗ rắn. Tỷ trọng gỗ còn ảnh hưởng đến hiệu suất và tính chất của giấy. Tỷ trọng gỗ là yếu tố chính đối với việc sản xuất bột giấy bìa.

Cụm từ "các điều kiện mà cho phép phát triển cây" có nghĩa là sự sinh trưởng bình thường của cây gỗ không được biến đổi gen, tức là, cây gỗ sẽ được sinh trưởng trong vùng khí hậu bình thường của cây gỗ. Nhiệt độ, ánh sáng ban ngày và khả năng tiếp cận nước và các chất dinh dưỡng nên là bình thường đối với vùng trồng cây. Ưu điểm về cải thiện sự sinh trưởng của cây gỗ được biến đổi gen là ở chỗ sự cải thiện này có thể còn tác động đến sự sống sót của cây gỗ được biến đổi gen trong môi trường mà trong đó cây gỗ không được biến đổi gen không sinh trưởng được. Điều này là rất quan trọng xét về yếu tố thương mại.

Thuật ngữ "biến thể hoạt tính sinh học" của polypeptit có nghĩa là polypeptit, protein hoặc đoạn kéo dài gồm các axit amin, mà có hoạt tính giống như polypeptit được chọn, nhưng có trình tự axit amin khác, tức là biến thể hoạt tính sinh học của polypeptit có thể thực hiện phản ứng enzym tương tự để tạo ra hoạt tính tương tự.

Thuật ngữ "ortholog" hoặc "polypeptit trực giao" có nghĩa là polypeptit được biểu hiện bằng gen có liên quan về mặt tiến hóa mà có trình tự axit nucleic tương tự, trong đó polypeptit này có các tính chất chức năng tương tự. Các gen trực giao là các gen có liên quan về mặt cấu trúc, từ các loài khác nhau, thu được bằng sự kiện hình thành loài từ gen thủy tổ. Có liên quan đến các ortholog là các paralog. Các gen đẳng giao (paralogous gene) là các gen có liên quan về mặt cấu trúc trong một loài thực vật đơn lẻ hầu như có thể thu được bằng sự lặp đoạn gen. Từ ortholog và paralog có thể được sử dụng thay thế nhau trong toàn bộ bản mô tả này và bản mô tả này có thể sử dụng thuật ngữ ortholog/paralog, nếu khó phân biệt giữa các ortholog và các paralog. Một số phương pháp khác đã được người có hiểu biết trung

bình trong lĩnh vực này biết đến để nhận diện và định nghĩa các trình tự tương đồng về mặt chức năng này. Ortholog, paralog hoặc gen tương đồng có thể được nhận diện bằng một hoặc nhiều phương pháp được mô tả ở đây.

Các "gen trực giao" từ các sinh vật khác nhau có các chức năng được bảo tồn cao và có thể được sử dụng để nhận diện các gen mà có thể thực hiện sáng chế theo cách giống như các gen được thể hiện ở đây. Các gen đẳng giao, mà được phân hướng thông qua sự lặp đoạn gen, có thể mã hóa protein vẫn giữ các chức năng tương tự. Các gen trực giao là sản phẩm của sự hình thành loài, sự sản sinh các loài mới từ các loài bố mẹ, làm xuất hiện hai hoặc nhiều gen có nguồn gốc tổ tiên chung và với trình tự tương tự và chức năng tương tự. Các gen này, được gọi là các gen trực giao, thường có chức năng tương đồng trong thực vật chủ của chúng và thường có thể hoán đổi nhau giữa các loài mà không làm mất chức năng. Sự nhận diện gen "ortholog" có thể được thực hiện bằng cách nhận diện các polypeptit trong các cơ sở dữ liệu công khai bằng cách sử dụng phần mềm BLAST với một trong số các polypeptit được mã hóa bởi gen. Các chương trình phần mềm bổ sung tiếp theo được sử dụng để sắp xếp thẳng hàng và phân tích tổ tiên. Độ đồng nhất về trình tự giữa hai gen trực giao có thể là thấp. Quy trình thực hiện sự nhận diện này và các phương pháp phân tích được minh họa trong phần giới thiệu của phần Ví dụ thực hiện sáng chế.

Các thuật ngữ "đồng nhất một cách đáng kể" hoặc "độ đồng nhất về trình tự" có thể biểu thị số đo định lượng mức độ tương đồng giữa hai trình tự axit amin hoặc hai axit nucleic (ADN hoặc ARN) có độ dài như nhau. Nếu hai trình tự được so sánh không có độ dài như nhau thì chúng được sắp xếp thẳng hàng để có được sự khớp khả dĩ nhất, bằng cách cho phép sự xen vào các chỗ trống hoặc, cách khác là, sự cắt bỏ ở các đầu của các trình tự polypeptit hoặc các trình tự nucleotit. "Độ đồng nhất về trình tự" có thể được biểu thị dưới dạng phần trăm, như độ đồng nhất về trình tự axit amin với chiều dài đầy đủ ít nhất là 40%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc ít nhất là 99%, khi được so sánh và sắp xếp để có sự tương ứng tối đa, như được đo bằng cách sử dụng thuật toán so sánh trình tự hoặc bằng cách kiểm tra bằng mắt.

Theo các khía cạnh nhất định, độ đồng nhất đáng kể tồn tại trong vùng trình tự axit nucleic gồm ít nhất khoảng 50 gốc axit nucleic, như ít nhất khoảng 100, 150, 200, 250, 300, 330, 360, 375, 400, 425, 450, 460, 480, 500, 600, 700, 800 như ít nhất khoảng 900 nucleotit hoặc như ít nhất khoảng 1 kb, 2 kb, hoặc như ít nhất khoảng 3 kb.

Theo một số khía cạnh, độ đồng nhất đáng kể về axit amin tồn tại trong các trình tự polypeptit có độ dài 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 100, 110, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 600, 700 axit amin trong polypeptit với "độ đồng nhất về trình tự" như được định nghĩa trên đây.

Độ đồng nhất về trình tự của các polypeptit theo sáng chế có thể được tính bằng $(N_{ref} - N_{dif})100/N_{ref}$, trong đó N_{dif} là tổng số các gốc không đồng nhất trong hai trình tự khi được sắp xếp thẳng hàng và trong đó N_{ref} là số gốc trong một trong số các trình tự. Độ đồng nhất về trình tự giữa một hoặc nhiều trình tự có thể còn được dựa trên các cách sắp xếp thẳng hàng toàn bộ sử dụng phần mềm clustalW. Theo một phương án của sáng chế, việc sắp xếp thẳng hàng được thực hiện với phương pháp sắp xếp thẳng hàng trình tự ClustalW với các thông số ngầm định. Bộ thông số tốt hơn là được sử dụng để sắp xếp thẳng hàng từng đôi: Phạt hở chỗ trống: 10; Phạt kéo dài chỗ trống: 0,1, đối với việc đa sắp xếp thẳng hàng, Phạt hở chỗ trống là 10 và Phạt kéo dài chỗ trống là 0,2. Ma trận trọng lượng protein được thiết lập trên độ đồng nhất. Cả phạt đặc hiệu gốc và phạt ky nước đều là "BẬT", khoảng cách phân tách chỗ trống là 4 và sự tách chỗ trống cuối là "TẮT", không sử dụng ma trận âm tính và cuối cùng là giới hạn phân hướng chậm được thiết lập là 30%.

Tốt hơn là, số lượng các điểm thế, xen vào, bổ sung, hoặc xóa bỏ một hoặc nhiều gốc axit amin trong polypeptit như so với polypeptit so sánh của nó là hạn chế, tức là không nhiều hơn 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, hoặc 10 điểm thế, không nhiều hơn 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, hoặc 10 điểm xen vào, không nhiều hơn 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, hoặc 10 điểm bổ sung, và không nhiều hơn 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, hoặc 10 điểm xóa bỏ. Tốt hơn là, các điểm thế là các điểm thế axit amin được bảo tồn: được giới hạn ở các trao đổi trong các thành viên của nhóm 1: Glycin, Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin; nhóm 2: Serin, Cystein, Selenocystein, Threonin, Methionin;

nhóm 3: prolin; nhóm 4: Phenylalanin, Tyrosin, Tryptophan; Nhóm 5: Aspartat, Glutamat, Asparagin, Glutamin.

Các thuật ngữ "sự lai" và "lai" được sử dụng một cách rộng rãi để chỉ sự kết hợp giữa các trình tự axit nucleic bổ trợ hoặc bổ trợ một phần. Dưới "các điều kiện lai nghiêm ngặt", sự cặp đôi bazơ axit nucleic sẽ diễn ra chỉ giữa các mảnh axit nucleic mà có tần suất các trình tự bazơ bổ trợ cao. Độ dài của mảnh polynucleotit cũng ảnh hưởng đến sự lai. Ví dụ về "các điều kiện lai nghiêm ngặt" có thể là việc sử dụng trình tự polynucleotit gồm ít nhất 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 100, hoặc ít nhất 200 gốc nucleotit liên tiếp, mà lai trong 5x nước muối natri xitrat (saline sodium citrate - SSC) ở 40°C, sau đó là một hoặc nhiều bước rửa trong 2xSSC, 0,2% natri dodexyl sulphat (sodium dodecyl sulphate - SDS) ở 65°C. Nhiệt độ thấp hơn sẽ giảm độ nghiêm ngặt. Chi tiết hơn về các phương pháp lai được phát hiện trong lĩnh vực này.

Thuật ngữ "thay đổi" có nghĩa là thay đổi mức hoặc hoạt tính của sản phẩm gen. Theo cách này từ "thay đổi" được sử dụng cho việc biến đổi, gia tăng, làm giảm, giảm nhưng không khử bỏ mức độ hoặc hoạt tính của sản phẩm gen trong thực vật. Từ này cũng có thể chỉ việc thay đổi sự biểu hiện của các gen được thể hiện ở đây; các gen này có thể được sử dụng để biến đổi các tính chất mong muốn.

Các phương pháp để thu được mức độ hoặc hoạt tính thay đổi của sản phẩm gen có thể được thực hiện bằng cách sử dụng cấu trúc axit nucleic như được mô tả để nhận diện các thực vật có các đặc tính sinh trưởng thay đổi so với thực vật kiểu dại. Các thực vật này có thể, ví dụ, là các thực vật hoặc các biến thể có trong tự nhiên mà đã được biến đổi về mặt di truyền để thể hiện các đặc tính sinh trưởng thay đổi. Nhằm các mục đích này, các trình tự axit nucleic theo sáng chế có thể được sử dụng như là các đích để nhận diện sự thay đổi gen mà có thể được khai thác như là các dấu chấẩn trong chương trình gây giống, ví dụ, làm cái dò trong các thử nghiệm lai thông thường hoặc làm đoạn mồi để khuếch đại đặc hiệu các mảnh axit nucleic.

Cụm từ "trình tự axit nucleic điều hòa" chỉ các điểm gắn kết điều hòa, các promotơ, các tín hiệu poly-A và các yếu tố tương tự.

Cụm từ "giảm lượng hoặc hoạt tính" của polypeptit có nghĩa là sự phiên mã và/hoặc xử lý mARN có thể được giảm, do đó sự dịch mã tiếp theo của mARN thành polypeptit chức năng có thể dẫn đến lượng polypeptit thấp hơn. Polypeptit có thể là protein hoặc enzym. Nếu lượng enzym được giảm thì hoạt tính có thể được giảm.

Cụm từ "tăng lượng hoặc hoạt tính" của polypeptit có nghĩa là sự phiên mã của mARN có thể được tăng, việc xử lý mARN có thể bị ảnh hưởng, dẫn đến sự tăng mARN, do đó sự dịch mã của mARN thành polypeptit chức năng có thể dẫn đến lượng polypeptit cao hơn. Polypeptit có thể là protein hoặc đặc biệt hơn là enzym. Nếu lượng enzym được tăng thì hoạt tính có thể được tăng. Việc tăng lượng hoặc hoạt tính của polypeptit có thể còn đạt được bằng cách đưa các trình tự axit nucleic vào tế bào chủ, biểu hiện các trình tự axit nucleic này và dịch mã nó thành polypeptit chức năng. Polypeptit chức năng có thể không thường được thể hiện hoặc chỉ thường được biểu hiện từ gen nội sinh ở mức thấp, trong các trường hợp này, lượng hoặc hoạt tính của polypeptit/enzym được gia tăng.

Thuật ngữ "biểu hiện quá mức" hoặc "biểu hiện gia tăng" có nghĩa là trình tự axit nucleic sau khi đưa nó vào tế bào chủ được biểu hiện ở mức cao hơn mức thường được biểu hiện từ gen chủ nội sinh mã hóa polypeptit hoặc protein đã nêu.

1. Phương pháp gia tăng sản lượng sinh khối và/hoặc tỷ trọng gỗ của thực vật hoặc cây gỗ

Sáng chế đề xuất các phương pháp sản xuất thực vật hoặc cây gỗ được biến đổi gen có sự sinh trưởng gia tăng; qua đó sản phẩm cây gỗ tạo ra sinh khối gia tăng và/hoặc tỷ trọng gỗ gia tăng. Thực vật hoặc cây gỗ được biến đổi gen (genetically modified - GM) được đề xuất theo sáng chế được đặc trưng bằng chiều cao, đường kích, thể tích thân, tỷ trọng gỗ gia tăng hoặc kết hợp bất kỳ các yếu tố này, so với quần thể thực vật hoặc cây gỗ kiểu dại không được biến đổi gen (không GM) hoặc so với thực vật hoặc cây gỗ bố mẹ được sử dụng làm đối chứng. Sự sinh trưởng gia tăng của cây gỗ có thể là do sự sinh trưởng chính gia tăng, gồm sự kéo dài thân và rễ, cũng như sự sinh trưởng phụ gia tăng, gồm sự sản sinh các mô phụ "gỗ" từ tầng phát sinh gỗ và làm tăng chu vi của thân và rễ.

Đã bất ngờ phát hiện ra rằng sự biến đổi gen của thực vật hoặc cây gỗ gây ra mức biểu hiện thay đổi của một hoặc nhiều polypeptit được chọn trong số STT74, STT681, STT632, STT153, STT258, STT387, STT543, STT793, và STT795, trong đó axit amin của polypeptit này lần lượt là SEQ ID NO: 2, 28, 38, 58, 74, 88, 98, 106 và 128, hoặc ortholog hoặc paralog của chúng, và trong đó sự biểu hiện thay đổi của một hoặc nhiều polypeptit này sản sinh ra thực vật có sinh khối gia tăng và/hoặc tỷ trọng gỗ và/hoặc chất lượng gỗ gia tăng. Ortholog hoặc paralog của polypeptit này là polypeptit có độ đồng nhất về trình tự axit amin ít nhất là 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65% 70%, 75%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, ít nhất là 99% hoặc 100% với trình tự bất kỳ trong số SEQ ID NO: 2, 28, 38, 58, 74, 88, 98, 106 và 128; hoặc một phần của trình tự bất kỳ trong số SEQ ID NO: 2, 28, 38, 58, 74, 88, 98, 106 và 128, như được định nghĩa dưới đây nói về mỗi trình tự.

Đã biết trong lĩnh vực này rằng các polypeptit được mã hóa bằng các gen trực giao vẫn giữ các tính chất chức năng của chúng khi được biểu hiện chuyển gen trong các thực vật hoặc cây gỗ dị tương đồng. Ví dụ, sự biểu hiện của các gen, có nguồn gốc từ *Arabidopsis thaliana*, trong thuốc lá và trong các cây tạo ra các tính chất kiểu hình tương tự cho thực vật được biến nạp. Do đó, polypeptit mà là ortholog với một trong số các polypeptit được mô tả ở đây (ví dụ, STT74, STT681, STT632) được mong đợi là thực hiện chức năng theo cách tương tự và cải thiện các đặc tính sinh trưởng khi được biểu hiện quá mức trong các cây gỗ. Sự biểu hiện của các polypeptit được mã hóa bằng các gen trực giao trong cây gỗ, theo sáng chế, có giá trị đặc biệt vì nó khiến cho có thể cải thiện các đặc tính sinh trưởng của cây gỗ có giá trị kinh tế cao, nhưng nơi mà gen bẩm sinh mã hóa polypeptit này được biểu hiện là chưa được biết. Tương tự, sự biểu hiện giảm của polypeptit mà là ortholog đối với một trong số các polypeptit được mô tả ở đây (ví dụ, STT153, STT258, STT387, STT543, STT793, và STT795) được mã hóa bởi gen trực giao trong cây gỗ GM theo sáng chế, theo các tính chất chức năng được bảo tồn của nó, được trông đợi là làm cải thiện các đặc tính sinh trưởng của cây gỗ GM.

Theo một phương án, sáng chế đề xuất phương pháp gia tăng sinh khối và/hoặc tỷ trọng gỗ và/hoặc chất lượng gỗ của thực vật hoặc cây gỗ; trong đó thực vật hoặc cây gỗ được biến đổi gen để gia tăng mức độ biểu hiện của một hoặc nhiều polypeptit, trong đó trình tự axit amin của polypeptit này có độ đồng nhất về trình

tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 2, 28, 38 (lần lượt tương ứng với STT74, STT681 và STT632), hoặc ortholog hoặc paralog của chúng như được định nghĩa dưới đây liên quan đến mỗi trình tự.

Theo phương án khác, sáng chế đề xuất phương pháp gia tăng năng suất sinh khối và/hoặc tỷ trọng gỗ và/hoặc chất lượng gỗ của thực vật hoặc cây gỗ; trong đó thực vật hoặc cây gỗ được biến đổi gen để giảm mức độ biểu hiện của một hoặc nhiều polypeptit, trong đó trình tự axit amin của polypeptit này có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 58, 74, 88, 98, 106, 128 (lần lượt tương ứng với STT153, STT258, STT387, STT543, STT793 và STT795) hoặc ortholog hoặc paralog như được định nghĩa dưới đây liên quan đến mỗi trình tự.

1.1. Sự biểu hiện tăng cường của polypeptit (STT74) có SEQ ID NO 2, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự tăng cường sự biểu hiện của polypeptit (STT74) có SEQ ID NO: 2 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 1) và chất lượng gỗ (xem ví dụ 11). Các tính chất chức năng được ấn định cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của protein màng kết hợp với túi.

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với SEQ ID NO: 2, và được chọn trong số SEQ ID NO: 2 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen POPTR_0019s13890); SEQ ID NO: 4 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.013G147800.2); hoặc SEQ ID NO:6 (tương ứng với polypeptit*Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.019G116400).

Cách khác, polypeptit có 70% độ đồng nhất về trình tự so với các gốc axit amin từ 60 đến 267 của SEQ ID NO 2, và được chọn trong số SEQ ID NO: 8 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.001G408200.1); SEQ ID NO: 10 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.004G033500); SEQ ID NO: 12 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri. 011G041900.1); SEQ ID NO: 14 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.

011G126200.2); SEQ ID NO:16 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen F01073); SEQ ID NO:18 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen K00911); SEQ ID NO:20 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen D00750); SEQ ID NO: 22 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT4G05060); SEQ ID NO: 24 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT4G21450); và SEQ ID NO: 26 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT5G54110).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với các gốc axit amin 60 đến 267 của SEQ ID NO 2, để biểu hiện trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 1, trong đó trình tự axit amin của peptit STT74pep1 có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 2, trình tự axit amin của peptit STT74pep2 có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 80% so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 2, và trình tự axit amin của peptit STT74pep3 có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 90% so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 2.

Bảng 1: Các peptit xác định polypeptit STT74

	Vị trí axit amin trong SE ID NO: 2		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT74pep1	72	267	195
STT74pep2	84	153	70
STT74pep3	122	132	10

1.2. Sự biểu hiện tăng cường của polypeptit (STT681) có SEQ ID NO 28, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự tăng cường sự biểu hiện của polypeptit (STT681) có SEQ ID NO: 28 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 2). Các tính chất chức

năng được ấn định cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của protein hoạt hóa GTPaza .

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với SEQ ID NO: 28, và được chọn trong số SEQ ID NO: 28 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen POPTR_0001s38090); SEQ ID NO:30 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.011G098500); SEQ ID NO:32 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.D00176); SEQ ID NO:34 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT4G21160); và SEQ ID NO:36 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT4G05330).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với SEQ ID NO: 28, để biểu hiện trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 2, trong đó trình tự axit amin của mỗi peptit STT681pep1, peptit STT681pep2, peptit STT681pep3 và peptit STT681pep4 lần lượt có độ đồng nhất về trình tự đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 28.

Bảng 2: Các peptit xác định STT681polypeptit

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 28		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT681pep1	29	39	11
STT681pep2	47	76	30
STT681pep3	183	229	47
STT681pep4	239	256	18

1.3. Sự biểu hiện được tăng cường của polypeptit (STT632) có SEQ ID NO: 38, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự tăng cường sự biểu hiện của polypeptit (STT632) có SEQ ID NO: 38 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của

thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 3). Polypeptit được biểu hiện thực hiện chức năng như là yếu tố phiên mã, và thuộc họ được gọi là họ WRKY, được đặc trưng bằng vùng bảo tồn với các axit amin WRKY. Trong khi không giới hạn bởi lý thuyết bất kỳ, các tính chất chức năng được ấn định cho các polypeptit họ WRKY, mà góp phần vào sự gia tăng thấy được ở sự sinh trưởng cây gỗ và tỷ trọng gỗ, bao gồm sự tăng cường khả năng chịu sức ép, ví dụ, nhiệt và muối.

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 38 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen POPTR_0013s14960); SEQ ID NO: 40 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri. 013G153400.1); SEQ ID NO:42 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.006G105300.1); SEQ ID NO: 44 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.016G128300.1); SEQ ID NO:46 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.019G123500.2); SEQ ID NO: 48 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.B04010); SEQ ID NO: 50 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.K02940); SEQ ID NO: 52 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AtWRKY25 (AT2G30250)); SEQ ID NO: 54 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AtWRKY33 (AT2G38470)); và SEQ ID NO: 56 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AtWRKY26 (AT5G07100)).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 50% so với SEQ ID NO: 38, để biểu hiện trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 3, trong đó trình tự axit amin của mỗi peptit STT632pep1, peptit STT632pep2, peptit STT632pep3, peptit STT632pep4, peptit STT632pep5 và peptit STT632pep6 lần lượt có độ đồng nhất về trình tự đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 38.

Bảng 3: Các peptit xác định polypeptit ST632

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 38		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT632pep1	69	79	11
STT632pep2	119	133	15
STT632pep3	263	284	22
STT632pep4	274	280	7
STT632pep5	267	280	14
STT632pep6	263	324	62
STT632pep7	258	315	58
STT632pep8	430	488	59

1.4. Sự biểu hiện được giảm đi của polypeptit (STT153) có SEQ ID NO: 58, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự biểu hiện được giảm của polypeptit (STT153) có SEQ ID NO: 58 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 4). Các tính chất chức năng được ấn định cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của protein ngón tay kẽm.

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit, mà sự biểu hiện của polypeptit này được giảm đi, có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 58 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen POPTR_0018s01490 (v3.0 được cập nhật thành Potri.018G029900)); SEQ ID NO: 60 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.006G251300.1); SEQ ID NO: 62 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.001G172700.1); SEQ ID NO: 64 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr. F02548.1); SEQ ID NO:66 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.C02807.1); SEQ ID NO:68 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr. C01779.1); SEQ ID NO: 70 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT5G25490.1); và

SEQ ID NO: 72 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT3G15680.1).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 65% so với SEQ ID NO: 58, sự biểu hiện của polypeptit này được giảm trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 4, trong đó trình tự axit amin của peptit STT153pep1, peptit STT153pep2, peptit STT153pep3, peptit STT153pep4, peptit STT153pep5, peptit STT153pep6, và peptit STT153pep7 lần lượt có độ đồng nhất về trình tự đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 58.

Bảng 4: Các peptit xác định STT153polypeptit

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 58		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT153pep1	1	30	30
STT153pep2	38	92	55
STT153pep3	47	62	16
STT153pep4	56	87	32
STT153pep5	65	82	18
STT153pep6	113	147	35
STT153pep7	119	136	18

1.5. Sự biểu hiện được giảm đi của polypeptit (STT258) có SEQ ID NO: 74, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự biểu hiện được giảm của polypeptit có SEQ ID NO: 74 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 5). Các tính chất chức năng được ấn định cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của protein gắn kết calmodulin.

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit, mà sự biểu hiện của polypeptit này được giảm đi, có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với

trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 74 (tương ứng với gen *Populus trichocarpa* POPTR_0013s13090, (hoặc v3.0 được cập nhật thành Potri.013G127200,)); SEQ ID NO: 76 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.019G095700); SEQ ID NO: 78 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.019G112400.1); SEQ ID NO: 80 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.H00308.1); SEQ ID NO: 82 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.L00007.2); SEQ ID NO: 84 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT3G59690.1); và SEQ ID NO: 86 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT2G43680.3).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 60% so với SEQ ID NO: 74, sự biểu hiện của polypeptit này được giảm trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 5, trong đó trình tự axit amin của mỗi peptit STT258pep1, peptit STT258pep2, peptit STT258pep3, peptit STT258pep4, peptit STT258pep5, peptit STT258pep6, peptit STT258pep7, peptit STT258pep8, peptit STT258pep9, và peptit STT258pep10 lần lượt có độ đồng nhất về trình tự đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 74.

Bảng 5: Các peptit xác định polypeptit STT258

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 74		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT258pep1	1	15	15
STT258pep2	1	26	26
STT258pep3	33	85	53
STT258pep4	107	128	22
STT258pep5	130	224	85
STT258pep6	153	183	30
STT258pep7	249	295	47
STT258pep8	410	460	51
STT258pep9	463	482	20

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 74		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT258pep10	507	517	11

1.6. Sự biểu hiện được giảm đi của polypeptit (STT387) có SEQ ID NO: 88, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự biểu hiện được giảm của polypeptit có SEQ ID NO: 88 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 6). Các tính chất chức năng được chú thích cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của enzym shikimat dehydrogenaza.

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit, mà sự biểu hiện của polypeptit này được giảm đi, có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 88 (tương ứng với gen *Populus trichocarpa* Potri.013G029900 gene); SEQ ID NO: 90 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.005G043400.1); SEQ ID NO:92 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.B01770.1); SEQ ID NO:94 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.H01214.1); và SEQ ID NO:96 (tương ứng với polypeptit*Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT3G06350.1).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 55% so với SEQ ID NO: 88, sự biểu hiện của polypeptit này được giảm trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 6, trong đó trình tự axit amin của mỗi peptit STT387pep1, peptit STT387pep2, peptit STT387pep3, peptit STT387pep4, peptit STT387pep5, peptit STT387pep6, peptit STT387pep7, peptit STT387pep8, và peptit STT387pep9 có độ đồng nhất về trình tự đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 88.

Bảng 6: Các peptit xác định polypeptit STT387

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 88		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT387pep1	14	25	12
STT387pep2	36	46	10
STT387pep3	71	84	14
STT387pep4	90	110	21
STT387pep5	189	206	18
STT387pep6	237	258	22
STT387pep7	306	338	32
STT387pep8	363	393	31
STT387pep9	458	472	15

1.7. Sự biểu hiện được giảm đi của polypeptit (STT543) có SEQ ID NO: 98, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự biểu hiện được giảm của polypeptit có SEQ ID NO: 98 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 7). Các tính chất chức năng được ấn định cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của oxygenaza phụ thuộc vào 2-oxoglutarat-và Fe (II).

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit, mà sự biểu hiện của polypeptit này được giảm đi, có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 98 (tương ứng với gen *Populus trichocarpa* Potri.009G107600); SEQ ID NO:100 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.I01206.1); SEQ ID NO:102 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT3G19000.1); và SEQ ID NO:104 (tương ứng với polypeptit*Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT3G19010.1).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 65% so với SEQ ID NO: 98, sự biểu hiện của polypeptit này được giảm trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ

không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 7, trong đó trình tự axit amin của mỗi peptit STT543pep1, peptit STT543pep2, peptit STT543pep3, peptit STT543pep4, peptit STT543pep5, peptit STT543pep6, peptit STT543pep7, và peptit STT543pep8 có độ đồng nhất đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 98.

Bảng 7: Các peptit xác định polypeptit STT543

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 98		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT543pep1	47	65	19
STT543pep2	85	94	10
STT543pep3	104	117	14
STT543pep4	163	183	21
STT543pep5	191	292	102
STT543pep6	196	232	37
STT543pep7	238	257	20
STT543pep8	261	292	32

1.8. Sự biểu hiện được giảm đi của polypeptit (STT793) có SEQ ID NO: 106, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự biểu hiện được giảm của polypeptit có SEQ ID NO: 106 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 8). Các tính chất chức năng được ấn định cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của protein gắn kết GTP nhỏ, protein này có tham gia vào sự tải nạp tín hiệu tế bào.

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit, mà sự biểu hiện của polypeptit này được giảm đi, có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với SEQ ID NO 8, và được chọn trong số SEQ ID NO: 106 (tương ứng với *Populus trichocarpa* Potri.004G153400); SEQ ID NO: 108 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.009G115000.1); SEQ ID NO: 110 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen

Potri.003G053400.1); SEQ ID NO: 112 (tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen Potri.001G182900.1); SEQ ID NO:114 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.G00442.1); SEQ ID NO:116 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.F03029.1); SEQ ID NO:118 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.J02962.1); SEQ ID NO:120 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.C03821.1); SEQ ID NO:122 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT3G18820); SEQ ID NO:124 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT1G49300.2); và SEQ ID NO:126 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT3G16100.1).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với SEQ ID NO: 106, sự biểu hiện của polypeptit này được giảm trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 8, trong đó trình tự axit amin của mỗi peptit STT793pep1, peptit STT793pep2, peptit STT793pep3, peptit STT793pep4, và peptit STT793pep5 có độ đồng nhất về trình tự đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 106.

Bảng 8: Các peptit xác định polypeptit STT793

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 106		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT793pep1	4	29	26
STT793pep2	32	49	18
STT793pep3	58	91	34
STT793pep4	110	142	33
STT793pep5	145	161	17

1.9. Sự biểu hiện được giảm đi của polypeptit (STT795) có SEQ ID NO: 128, hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ

Theo một phương án, sự biểu hiện được giảm của polypeptit có SEQ ID NO:

128 hoặc ortholog hoặc paralog của nó, trong thực vật hoặc cây gỗ GM làm tăng cường sự sinh trưởng so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, như được đo dưới dạng chiều cao, và đường kính và thể tích của thực vật; cũng như làm tăng cường tỷ trọng gỗ (xem ví dụ 9). Các tính chất chức năng được ấn định cho polypeptit được biểu hiện là các tính chất chức năng của protein gắn kết canxi với motip EF-bàn tay.

Theo một phương án, trình tự axit amin của polypeptit, mà sự biểu hiện của polypeptit này được giảm đi, có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 128 (tương ứng với *Populus trichocarpa* Potri.002G008600); SEQ ID NO: 130 (tương ứng với *Populus trichocarpa* Potri.T102700.1); SEQ ID NO: 132 (tương ứng với *Populus trichocarpa* Potri.005G253000.1); SEQ ID NO:134 (tương ứng với polypeptit *Eucalyptus grandis* được mã hóa bởi gen Eucgr.F01786.1); SEQ ID NO:136 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT1G20760.1); và SEQ ID NO:138 (tương ứng với polypeptit *Arabidopsis thaliana* được mã hóa bởi gen AT1G21630.1).

Theo phương án được ưu tiên, polypeptit có độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 55% so với SEQ ID NO: 128, sự biểu hiện của polypeptit này được giảm trong thực vật hoặc cây gỗ GM để tăng cường sự sinh trưởng khi so với thực vật hoặc cây gỗ không GM được sử dụng làm đối chứng, được đặc trưng bằng việc chứa tất cả các peptit được liệt kê trong bảng 9, trong đó trình tự axit amin của mỗi peptit STT795pep1, peptit STT795pep2, peptit STT795pep3, peptit STT795pep4, STT795pep5, STT795pep6, peptit STT795pep7, peptit STT795pep8, peptit STT795pep9, và peptit STT795pep10 có độ đồng nhất về trình tự đáng kể, hoặc là đồng nhất so với vùng tương ứng trong SEQ ID NO: 128.

Bảng 9: Các peptit xác định polypeptit STT795

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 128		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT795pep1	5	95	91
STT795pep2	9	52	44

	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 128		Độ dài – Số lượng axit amin
	Đầu tiên	Cuối cùng	
STT795pep3	56	106	51
STT795pep4	246	268	23
STT795pep5	249	268	20
STT795pep6	512	547	36
STT795pep7	557	587	31
STT795pep8	645	673	29
STT795pep9	769	790	22
STT795pep10	899	919	21

2.0. Các phương pháp biến đổi về mặt di truyền đối với sự biểu hiện của polypeptit trong cây gỗ theo sáng chế

2.1. Các cấu trúc di truyền và các phương pháp để tăng cường sự biểu hiện của polypeptit trong thực vật hoặc cây gỗ theo sáng chế

Phân tử axit nucleic có trình tự axit nucleic mã hóa polypeptit mà sự biểu hiện của nó cần được tăng cường trong thực vật hoặc cây gỗ (xem mục 1.1-1.3), có thể được sản xuất bằng cách tổng hợp. Trình tự của phân tử axit nucleic sẽ gồm trình tự mã hóa đối với polypeptit tương ứng; và trình tự nucleotit của nó tốt hơn là được tối ưu hóa để biểu hiện trong thực vật hoặc cây gỗ tương ứng. Ví dụ về phân tử axit nucleic thích hợp mã hóa polypeptit để tăng cường biểu hiện trong thực vật hoặc cây gỗ theo sáng chế được cung cấp trong danh mục trình tự. Phân tử axit nucleic, mã hóa polypeptit để sử dụng trong sáng chế, được liên kết bằng cách xử lý (ngưng tụ) với các vùng điều hòa cis chứa phân tử axit nucleic promotơ và tốt hơn là cả phân tử axit nucleic kết thúc. Promotơ có thể, ví dụ, là promotơ cấu tạo (ví dụ, promotơ CaMV 35S) hoặc promotơ thực vật của gen thực vật bẩm sinh mã hóa polypeptit theo sáng chế, hoặc promotơ đặc hiệu mô. Phân tử axit nucleic kết thúc có thể là phân tử kết thúc CaMV 35S.

Phân tử axit nucleic, mã hóa polypeptit để sử dụng trong sáng chế, được liên kết bằng cách xử lý với các vùng điều hòa cis, được đưa vào cấu trúc axit nucleic (vectơ) để đảm bảo tách dòng hiệu quả trong các chủng *E. coli* hoặc *Agrobacterium*, và điều này giúp có thể biến nạp một cách ổn định thực vật. Các vectơ này gồm hệ

vectơ nhị thể và hệ vectơ được đồng hợp nhất, các hệ vectơ này là thích hợp để biến nạp qua trung gian ADN-T. Các hệ vectơ này nói chung được đặc trưng bằng việc có ít nhất là các gen *vir*, các gen này là cần thiết cho sự biến nạp qua trung gian *Agrobacterium*, và các trình tự viền ADN-T

2.2. Các cấu trúc di truyền và các phương pháp để giảm sự biểu hiện của polypeptit trong thực vật hoặc cây gỗ theo sáng chế

Các phương pháp sau đóng vai trò minh họa các biện pháp khác nhau để điều hòa giảm hoặc làm bất hoạt hoạt tính chức năng của polypeptit (STT153, STT258, STT387, STT543, STT793 và STT795 hoặc ortholog hoặc paralog của chúng, như được định nghĩa trong mục 1.4-1.9) trong tế bào thực vật của thực vật hoặc cây gỗ, trong đó polypeptit được mã hóa bằng phân tử axit nucleic trong hệ gen của tế bào thực vật.

- Các gen chuyển đối nghĩa để làm bất hoạt sự biểu hiện của polypeptit

Việc điều hòa giảm hoặc làm bất hoạt sự biểu hiện của gen có trong tự nhiên biểu hiện polypeptit theo sáng chế (STT153, STT258, STT387, STT543, STT793 và STT795) hoặc ortholog hoặc paralog của nó (như được định nghĩa trong các mục 1.4-1.9), trong thực vật chủ có thể đạt được bằng cách biến nạp gen chuyển chứa phân tử axit nucleic (như được định nghĩa trong các mục 1.5 đến 1.8) mã hóa polypeptit đã nêu hoặc một phần của nó, hoặc phân tử mà trình tự axit nucleic của nó là trình tự đối nghĩa của phân tử axit nucleic mã hóa polypeptit nêu trên hoặc một phần của nó, vào thực vật chủ.

- Các gen chuyển ARNi để bất hoạt sự biểu hiện của polypeptit

Việc điều hòa giảm hoặc làm bất hoạt sự biểu hiện của gen có trong tự nhiên mã hóa polypeptit theo sáng chế (STT153, STT258, STT387, STT543, STT793 và STT795 hoặc ortholog hoặc paralog của chúng, như được định nghĩa trong các mục 1.5-1.8) trong thực vật chủ có thể đạt được bằng cách "can thiệp ARN" hoặc "ARNi": ARNi dùng phân tử ARN sợi kép hoặc ARN ngắn hình cặp tóc để thay đổi sự biểu hiện của trình tự axit nucleic mà với trình tự này chúng có độ tương đồng đáng kể hoặc tương đồng toàn bộ.

Việc kìm hãm gen có trong tự nhiên bằng sự can thiệp ARN có thể đạt được bằng cách sử dụng gen chuyển chứa phân tử axit nucleic có chức năng như là promotơ mà được liên kết bằng cách xử lý với phân tử axit nucleic chứa phần tử có nghĩa và đối nghĩa của một đoạn (mảnh) của ADN hoặc cADN hệ gen của gen có trong tự nhiên (chứa phân tử axit nucleic như được định nghĩa trên đây trong mục 1). Các thành phần ADN có nghĩa và đối nghĩa có thể được liên kết hoặc kết nối trực tiếp bằng một intron hoặc đoạn ADN nhân tạo mà có thể tạo ra vòng khi ARN được sao chép lai hóa để tạo ra cấu trúc hình cặp tóc.

Có thể tốt hơn nếu có sự đồng nhất về trình tự hoàn toàn trong trình tự được sử dụng để điều hòa giảm sự biểu hiện của trình tự đích, và trình tự đích, mặc dù mức độ bổ trợ hoặc tương đồng hoàn toàn của trình tự là không cần thiết. Một hoặc nhiều nucleotit trên 25 nucleotit của phân tử axit nucleic nhất định có thể khác với trình tự tương ứng trong gen đích. Do đó, trình tự được sử dụng trong việc điều hòa giảm sự biểu hiện gen theo sáng chế có thể là trình tự kiểu dại (ví dụ, gen) được chọn từ các trình tự có sẵn, hoặc biến thể của trình tự này, như các gen ortholog hoặc paralog của các gen được trình bày.

Một điều lưu ý quan trọng là có một số lượng lớn các mảnh với độ dài 20 nucleotit mà sẽ thực hiện chức năng trong quy trình can thiệp ARN để giảm sự biểu hiện hoặc hoạt tính của gen đích. Ví dụ là, đối với gen STT153, gen này có độ dài 468 nucleotit, có đến 448 mảnh khác nhau có độ dài 20 nucleotit tồn tại, và hầu hết trong số các mảnh có độ dài 20 nucleotit này được cho rằng sẽ giảm sự biểu hiện hoặc hoạt tính của gen đích bằng quy trình can thiệp ARN. Trên quan điểm thực tế, phân tử ARN can thiệp phải là phân tử sợi kép, mà có thể đạt được bằng cách tách dòng mảnh đầu với đầu hoặc đuôi với đuôi cần quan tâm tạo ra trình tự lặp nghịch chuyển. Hơn nữa, mảnh ADN được tách dòng tạo thành ARN can thiệp nên có độ dài ít nhất là 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 hoặc 25 nucleotit. Mảnh ADN được tách dòng tạo ra ARN can thiệp cũng có thể có độ dài 50, 100, 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600 hoặc 650 nucleotit cho tới độ dài đầy đủ. Mảnh ADN được tách dòng tạo ra ARN can thiệp có thể dài hơn phần được dịch mã của mARN của gen. Sáng chế thể hiện rằng cả các mảnh ADN ngắn hơn và các mảnh ADN dài hơn đều thực hiện chức năng tốt một cách bất ngờ trong quy trình can thiệp ARN để giảm sự biểu hiện hoặc hoạt tính của gen đích, xem bảng 11.

- ARN nhỏ (microRNA) nhân tạo để bất hoạt sự biểu hiện của polypeptit

Theo ví dụ khác, ARN nhỏ nhân tạo được tạo cấu trúc là promotơ dẫn dắt sự biểu hiện của phân tử ARN bắt chước chức năng của ARN nhỏ và trình tự thiết lập tính đặc hiệu gen được đưa vào bằng cách tái tổ hợp. Theo phương án cụ thể của sáng chế, cấu trúc axit nucleic, hoặc cấu trúc ADN tái tổ hợp, còn chứa promotơ cấu tạo mạnh nằm trước catxet dịch mã gồm một phần của gen đích sau đó là intron có chức năng thực vật sau đó là phần tương tự của gen đích theo hướng nghịch đảo. Catxet dịch mã được theo sau bởi trình tự kết thúc. Vectơ được ưu tiên là thuộc loại trong đó một trong các trình tự nucleotit theo sáng chế được xen vào theo hướng lặp nghịch chuyển.

- Sự đột biến được cảm ứng và TILLING để cải biến sự biểu hiện của polypeptit

Sự điều hòa giảm hoặc làm bất hoạt sự biểu hiện của polypeptit theo sáng chế (STT153, STT258, STT387, STT543, STT793 và STT795 hoặc ortholog hoặc paralog của chúng, như được định nghĩa trong các mục 1.5-1.8) ở tế bào thực vật hoặc cây gỗ có thể đạt được bằng các biện pháp đột biến, như đột biến điểm, trong các gen mã hóa các polypeptit. Các đột biến có thể được đưa một cách ngẫu nhiên vào hệ gen của tế bào thực vật, và sau đó các tế bào thực vật được đột biến có thể được chọn lọc bằng các phương pháp cụ thể như TILLING (Targeting Induced Local Lesions IN Genomes). Thực vật và các tế bào thực vật, trong đó sự biểu hiện của gen tương ứng được điều hòa giảm hoặc được làm bất hoạt do sự đột biến được cảm ứng hóa học ở hệ gen của chúng, được xem như là "được biến đổi gen", và vì chúng không chứa gen chuyển được đưa vào hệ gen của chúng nên chúng không được xem như là thực vật hoặc các tế bào thực vật tái tổ hợp.

- Xen ADN-T vào trong gen để làm bất hoạt sự biểu hiện của polypeptit

Sự điều hòa giảm hoặc làm bất hoạt sự biểu hiện của gen mã hóa polypeptit theo sáng chế (STT153, STT258, STT387, STT543, STT793 và STT795 hoặc ortholog hoặc paralog của chúng, như được định nghĩa trong các mục 1.5-1.8), trong tế bào thực vật cũng có thể đạt được bằng cách gây đột biến ADN-T, nhờ đó ADN-T được sử dụng để đưa một cách ngẫu nhiên các thể đột biến vào trong hệ gen của thực vật sau đó chọn lọc các thực vật chứa các thể đột biến bất hoạt (không bất hoạt) trong các gen nội sinh. Thực vật, hoặc tế bào thực vật, trong đó gen nội sinh

được đột biến sau đó có thể được nhận diện bằng PCR hoặc các công nghệ công suất cao khác sử dụng chuỗi các cặp đoạn mồi PCR kéo dài gen tương ứng.

- Gây đột biến định hướng điểm để biến đổi sự biểu hiện của polypeptit.

Việc biến đổi sự biểu hiện của gen mã hóa polypeptit theo sáng chế (STT153, STT258, STT387, STT543, STT793 và STT795 hoặc ortholog hoặc paralog của chúng, như được định nghĩa trong các mục 1.1-1.9), có thể được thực hiện bằng các phần đột biến của các trình tự điều hòa gen sử dụng phương pháp gây đột biến định hướng điểm dùng các nucleaza định hướng điểm. Ba cộng nghệ khác nhau này là Talen's, các nucleaza ngón tay kẽm được xử lý và Crisper-cas. Cơ chế cơ bản là biến đổi nucleaza sao cho nó được hướng đến trình tự ADN đích duy nhất hoặc trình tự ADN gần đích duy nhất trong gen đích, sau đó công nghệ này được đưa vào tế bào và nucleaza sẽ cắt ở hoặc gần trình tự đích, sau đó thực vật có cơ chế sửa chữa ADN sẽ sửa chữa ADN được cắt và trong quá trình này thể đột biến sẽ được tạo ra trong một số trường hợp. Sau đó, các thực vật riêng rẽ với thể đột biến sẽ được nhận diện và các thực vật được chọn sẽ được thử nghiệm về tác dụng mong muốn, ví dụ, tăng mức sản xuất sinh khối.

2.3. Các phương pháp đưa các cấu trúc di truyền vào thực vật hoặc cây gỗ bằng cách biến nạp

- Biến nạp các tế bào thực vật

Theo sáng chế, phương pháp này bao gồm việc biến nạp các tế bào có thể tái sinh của thực vật bằng cấu trúc axit nucleic hoặc cấu trúc ADN tái tổ hợp (như được mô tả trong mục 2.1 và 2.2) và tái sinh thực vật chuyển gen từ tế bào được biến nạp này. Việc sản xuất các thực vật chuyển gen ổn định, có khả năng sinh sản giờ đây là phương pháp thông thường.

Các phương pháp khác nhau đã được biết đến để vận chuyển cấu trúc này vào tế bào được biến nạp. Sự biến nạp thông qua *Agrobacterium* được người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sử dụng một cách rộng rãi để biến nạp các loài cây, cụ thể là các loài gỗ cứng như cây dương và cây bạch đàn. Các phương pháp khác, như chiếu ảnh hoặc bắn phá hạt, điện chuyển, vi tiêm, hấp thu ADN trực tiếp, hấp thu ADN qua trung gian liposom, hoặc phương pháp xoáy có thể được sử dụng

khi sự biến nạp bằng *Agrobacterium* là không hiệu quả hoặc không tác dụng, ví dụ, ở một số loài thực vật hạt trần.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sẽ nhận ra rằng rất nhiều tế bào chủ có thể được sử dụng làm các vật nhận các cấu trúc ADN và các vectơ theo sáng chế. Ví dụ không giới hạn về các tế bào chủ gồm các tế bào trong mô phôi, mô sẹo loại I, II, và III, các trụ dưới lá mầm, mô phân sinh, mô rễ, các mô để biểu hiện trong libe, đĩa lá, cuống lá và gióng thân. Khi cấu trúc ADN hoặc vectơ nằm trong tế bào, sự hợp nhất vào hệ gen nội sinh có thể diễn ra.

- Chọn lọc các tế bào thực vật được biến nạp và tái sinh thực vật hoặc cây gỗ

Sau khi biến nạp, các thực vật chuyển gen tốt hơn là được chọn bằng cách sử dụng dấu chuẩn có thể chọn lọc nổi trội được kết hợp vào vectơ biến nạp. Điển hình là, dấu chuẩn này sẽ tạo ra tính kháng kháng sinh hoặc kháng chất diệt cỏ trên các thực vật được biến nạp và việc chọn lọc các thể biến nạp có thể được thực hiện bằng cách cho thực vật tiếp xúc với nồng độ chất kháng sinh khoặc chất diệt cỏ thích hợp. Dấu chuẩn chọn lọc sử dụng dạng D của các axit amin và được dựa trên thực tế là thực vật chỉ có thể chịu được dạng L, đã cung cấp hệ thống chọn lọc nhanh, hiệu quả và thân thiện với môi trường.

Sau đó, thực vật có thể được tái sảnh sinh, ví dụ, từ các tế bào đơn, mô sẹo hoặc đĩa lá, như theo tiêu chuẩn trong lĩnh vực này. Hầu hết thực vật bất kỳ đều có thể được tái sinh một cách hoàn toàn từ các tế bào, các mô và các cơ quan của thực vật. Sau khi các thực vật được biến nạp được chọn, chúng được sinh trưởng đến trưởng thành và các thực vật mà thể hiện các đặc tính sinh trưởng thay đổi thì kiểu hình của nó được nhận diện.

2.4. Các phương pháp phát hiện sự biến đổi biểu hiện của gen mã hóa polypeptit trong thực vật hoặc cây gỗ theo sáng chế

RT-PCR thời gian thực có thể được sử dụng để so sánh sự biểu hiện gen, tức là sự biểu hiện mARN, mức độ trong thực vật hoặc cây gỗ GM so với thực vật hoặc cây gỗ không GM tương ứng. Lượng các polynucleotit được bộc lộ ở đây có thể được xác định bằng cách phân tích sử dụng phương pháp thấm tách Northern, giải trình tự, RT-PCR hoặc vi mảng.

Thấm tách Western với thử nghiệm phát hiện miễn dịch hoặc thử nghiệm chuyển dịch gel có thể được sử dụng để đo mức độ biểu hiện hoặc lượng polypeptit được biểu hiện trong cây gỗ GM theo sáng chế. Các kháng thể được nêu lên đối với polypeptit tương ứng có thể được sử dụng để phát hiện miễn dịch đặc hiệu polypeptit được biểu hiện trong mô thu được từ cây gỗ.

3.0. Thực vật hoặc cây gỗ được biến đổi gen theo sáng chế

Thực vật hoặc cây gỗ GM có sự sinh trưởng gia tăng, mà nhờ đó sản phẩm thực vật hoặc cây gỗ tạo ra sinh khối tăng và/hoặc tỷ trọng gỗ tăng, được đặc trưng bằng mức độ biểu hiện được thay đổi của một hoặc nhiều polypeptit, trong đó polypeptit này có axit amin được chọn trong số STT74, STT681, STT632, STT153, STT258, STT387, STT543, STT793, và STT795 lần lượt có SEQ ID NO: 1-18, hoặc ortholog hoặc paralog của chúng (như được định nghĩa trong mục 1.0).

Theo một phương án, cây gỗ GM là cây; ví dụ, cây gỗ cứng được chọn từ nhóm gồm cây keo, cây bạch đàn, cây trăn, cây cử, cây dái ngựa, cây óc chó, cây sồi, cây tần bì, cây liễu, cây mại châu, cây bu lô, cây hạt dẻ, cây dương, cây tống quán sủ, cây phong, cây sung dâu, cây bạch quả, cây cọ và cây gôm ngọt (sweet gum).

Theo phương án khác, cây gỗ GM thuộc họ *Myrtaceae* và họ *Salicaceae*. Các cây gỗ cứng từ họ *Salicaceae*, như cây liễu, cây dương và cây dương lá rung bao gồm các biến thể của chúng, là đặc biệt được quan tânm, vì hai nhóm này bao gồm các loài cây hoặc cây bụi lấy gỗ sinh trưởng nhanh mà được trồng đặc biệt để cung cấp gỗ và nhiêu liệu sinh học. Loài *Eucalyptus* cũng là ví dụ về cây sinh trưởng nhanh.

Theo phương án khác, cây gỗ GM là cây lá kim, ví dụ cây lá kim được chọn từ nhóm gồm cây bách, cây linh sam Douglas, cây linh sam, cây củ tùng, cây độc cần, cây tuyết tùng, cây bách xù, cây thông rụng lá, cây thông, cây gỗ đỏ, cây vân sam và cây thủy tùng. Theo phương án khác, cây gỗ GM là cây ăn quả, ví dụ cây được chọn từ nhóm gồm cây táo, cây mận, cây lê, cây chuối, cây cam, cây kiwi, cây chanh, cây anh đào, cây nho và cây sung. Theo phương án khác, cây gỗ GM được chọn từ nhóm gồm cây bông, cây tre và cây cao su.

Theo phương án khác nữa, sáng chế đề xuất việc sử dụng các gen STT74, STT681, STT632, STT153, STT258, STT387, STT543, STT793, và STT795 làm các gen ứng cử trong việc gây giống trợ giúp bằng dấu chuẩn.

4.0. Các phương pháp đo mức sinh trưởng, tỷ trọng gỗ và năng suất sinh khối tăng cường ở thực vật hoặc cây gỗ

Mức sinh trưởng gia tăng có thể được đo bằng chiều cao, đường kính và thể tích thân. Tỷ trọng có thể được tính và có thể được sử dụng làm số đo cho chất lượng gỗ. Như được minh họa trong các ví dụ dưới đây, chiều cao của cây gỗ GM theo sáng chế được gia tăng từ 6 đến 15% so với cây không GM; và đường kính của cây gỗ GM được gia tăng từ 2% đến 22% so với cây không GM. Mức gia tăng thể tích thân của cây GM so với cây không GM là nằm trong khoảng từ 3% đến 73%. Mức gia tăng tỷ trọng gỗ so với cây không GM là nằm trong khoảng từ 1% đến 15%. Tổng kết về sự cải thiện các đặc tính sinh trưởng được thể hiện trên bảng 13 trong phần Ví dụ thực hiện sáng chế dưới đây. Để xác minh rằng không có sự thay đổi chất lượng gỗ trong các cây được biến đổi, gỗ từ các cây được phân tích bằng FTIR. Dữ liệu được đánh giá sử dụng công cụ phân tích nhiều chiều; và không có khác biệt đáng kể được ghi lại. Tóm lại, các đặc tính sinh trưởng có thể được cải thiện mà không bị mất chất lượng gỗ.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Phương pháp luận: tách dòng, biến nạp, thiết lập các mức biểu hiện, nhận diện các gen ortholog và tính toán các đặc tính sinh trưởng được mô tả chi tiết dưới đây.

I. Chọn các gen và chọn lọc các ortholog

Các gen ứng cử để sử dụng trong việc thay đổi và/hoặc biến đổi kiểu hình của thực vật liên quan đến sự sinh trưởng được trích ra từ các dữ liệt thu được từ việc giải trình tự hệ gen của *Populus trichocarpa*. Các gen được chọn (bảng 10) được so sánh với, và trong một số trường hợp, được hiệu chỉnh dựa trên trình tự của gen tương đồng trong *Arabidopsis thaliana* và các loài thực vật khác.

Bảng 10: Tổng kết các gen, các trình tự nucleotit và protein tương ứng và các tên cấu trúc nhất định được sử dụng theo sáng chế.

Gen	Trình tự axit amin	Trình tự nucleotit	Cấu trúc plasmit
STT74	SEQ ID No. 2	SEQ ID No. 1	35s022
STT681	SEQ ID No. 28	SEQ ID No. 27	TFSTT052
STT632	SEQ ID No. 38	SEQ ID No. 37	TF0137
STT153	SEQ ID No. 58	SEQ ID No. 57	KR458
STT258	SEQ ID No. 74	SEQ ID No. 73	KR546
STT387	SEQ ID No. 88	SEQ ID No. 87	KR675
STT543	SEQ ID No. 98	SEQ ID No. 97	KR831
STT793	SEQ ID No. 106	SEQ ID No. 105	KR892
STT795	SEQ ID No. 128	SEQ ID No. 127	KR894

Phương pháp nhận diện các gen ortholog và paralog giả định là phân tích các mối quan hệ giữa các gen và các gen liên quan của chúng trong cùng loài thực vật và trong các loài thực vật khác nhau. Phương pháp thường được chấp nhận và được sử dụng rộng rãi để đạt được điều này là xây dựng các cây phát sinh loài. Cây phát sinh loài sẽ bộc lộ các nhóm chứa các protein liên quan (sinh vật tổ tiên chung) và tùy thuộc vào thuật toán được sử dụng, nó có thể còn thể hiện các khoảng cách tiến hóa. Các trình tự protein để xây dựng các cây thường được chọn từ các nguồn hệ gen có sẵn công khai, như Phytozome và NCBI, sử dụng phương pháp tra cứu BLAST. Việc tra cứu nhất định bất kỳ sẽ cung cấp cho người sử dụng số lượng lần thành công được yêu cầu bởi điểm số mà được xác định bằng mức tương đồng về trình tự trên các vùng được bảo tồn của các trình tự protein. Để xây dựng cây mạnh, thông thường người ta đưa các trình tự từ một số loài có liên quan vào. Số lượng lần thành công thay đổi rất lớn, tùy thuộc vào trình tự câu hỏi và các thông số tra cứu (các thông số thiết lập). Giới hạn điểm số được xác định một cách riêng rẽ cho mỗi tra cứu, thường bằng cách tìm kiếm các sự giảm đáng kể về điểm số/mức tương đồng về trình tự. Quan trọng là cũng phải đưa vào các gen mà có liên quan gần nhưng không phải là các gen trực giao với gen của bạn. Tất cả các trình tự được chọn được sắp xếp thẳng hàng sử dụng phần mềm sắp xếp thẳng hàng đa trình tự như ClustalW. Sau đó việc sắp xếp thẳng hàng có thể được sử dụng để xây dựng cây phát sinh loài sử dụng phần mềm để phân tích phát sinh loài như MEGA. Cây phát sinh loài sẽ thể hiện sự biểu thị trực quan các mối quan hệ protein của các gen

tương ứng. Có thể cho rằng các ortholog và các paralog sẽ tạo ra các nhóm khác biệt và do đó sẽ được nhận diện.

Ví dụ như phương pháp trên đây được sử dụng để nhận diện các gen ortholog của 35s022 (STT74). Đối với ví dụ này, các cơ sở dữ liệu được tra cứu là *Populus trichocarpa* v3.0, *Eucalyptus grandis* v1, cả hai phần đều của cơ sở dữ liệu Phytozome, và cơ sở dữ liệu TAIR10 *Arabidopsis thaliana*. Các gen tương đồng được chọn từ các tra cứu trên đây và được phân tích thêm. ClustalW được sử dụng làm thuật toán sắp xếp thẳng hàng, và các cây phát sinh loài được xây dựng bằng cách sử dụng MEGA và phương pháp kết nối lân cận. Từ phân tích này, các gen sau đây được nhận diện là các gen paralog và/hoặc ortholog: AT4G05060, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 22; AT4G21450, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 24; AT5G54110, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 26; Eucgr.F01073, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 16; Eucgr.K00911, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 18; Eucgr.D00750, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 20; Potri.001G408200, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 8; Potri.004G033500, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 10; Potri.011G041900, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 12; Potri.011G126200, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 14; Potri.013G147800, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 4; và Potri.019G116400, với trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 6.

Các gen này còn được phân tích thêm để nhận diện mức độ đồng nhất về trình tự axit amin của các phân trình tự axit amin của các polypeptit được mã hóa mà có thể được sử dụng để định nghĩa các gen ortholog, so với các gen tương đồng khác có trong tự nhiên trong thực vật và nhờ đó được tạo ra bằng sự tiến hóa, dựa trên độ đồng nhất axit amin. Các vùng được chọn cho việc này là các vùng mà đã thể hiện sự giảm rõ ràng về mức đồng nhất giữa các gen mà đã được nhận diện là các gen ortholog trong quá trình phân tích phát sinh loài so với các gen mà được nhận diện là không là các gen ortholog. Kết quả của việc phân tích độ đồng nhất axit amin thể hiện rằng các gen mã hóa polypeptit chứa các peptit mà lần lượt có độ đồng nhất về trình tự so với các axit amin 72 – 267 của SEQ ID NO 2 là cao hơn 75% và độ đồng nhất so với các axit amin 84 – 153 của SEQ ID NO 2 là cao hơn 80% và độ đồng nhất so với các axit amin 122 – 132 của SEQ ID NO 2 là cao hơn 90%, có thể được nhận diện là các gen ortholog mã hóa các polypeptit trực giao với polypeptit có

trình tự SEQ ID NO 2. Sau đó kết quả được kiểm tra bằng cách nhận diện nhiều ortholog hơn của các loài khác bằng cách sử dụng cơ sở dữ liệu trình tự protein không dư thừa NCBI và mức độ đồng nhất nêu trên. Các gen ortholog được nhận diện này sau đó được xác nhận bằng cách bổ sung chúng vào phép phân tích phát sinh loài.

II. Tách dòng gen để biểu hiện polypeptit STT74

Gen, với trình tự axit nucleic nêu trong SEQ ID No: 10, tương ứng với polypeptit *Populus trichocarpa* được mã hóa bởi gen POPTR_0019s13890, được tách dòng vào vectơ biểu hiện quá mức dưới sự kiểm soát của promotơ CaMV 35S, tạo ra cấu trúc 35s022. Để sản xuất khuôn cADN, ARN toàn bộ được phân lập từ mô thân, lá và vỏ mà được lấy mẫu từ thực vật T89 dòng cây dương lá rung lai (*Populus tremula x tremuloides*) và được phiên mã nghịch đảo thành cADN sử dụng Hệ thống tổng hợp sợi thứ nhất Superscript III (Invitrogen). Sau đó gen STT74 được khuếch đại bằng PCR với các đoạn mồi xuôi và ngược đặc hiệu gen sử dụng ADN polymeraza độ trung thực cao Phusion (Finnzymes). Gen được khuếch đại được tách dòng phụ vào vectơ xâm nhập Gateway (pDONR201) sử dụng bộ tách dòng tái tổ hợp BP (Invitrogen), sau đó tách dòng phụ tiếp vào vectơ biểu hiện quá mức nhị thể pK2GW7 sử dụng bộ tách dòng tái tổ hợp LR Gateway (Invitrogen), trong đó gen được đặt dưới sự kiểm soát của promotơ CaMV 35S. Gen được tách dòng này được xác minh bằng cách sử dụng cách thủy phân giới hạn vectơ pK2GW7 cuối cùng với đoạn xen.

III. Tách dòng các gen để biểu hiện các polypeptit STT632 và STT681

cADN thu được như được mô tả trên đây. Các gen yếu tố phiên mã được khuếch đại từ cADN và được tách dòng phụ vào vectơ xâm nhập Gateway (pENTR/D-TOPO) bằng bộ tách dòng TOPO (Invitrogen), sau đó tách dòng phụ tiếp các gen này vào vectơ nhị thể biểu hiện quá mức pK2GW7 sử dụng hệ tách dòng tái tổ hợp LR Gateway (Invitrogen), trong đó các gen được đặt dưới sự kiểm soát của promotơ CaMV 35S. Cấu trúc plasmit TFSTT052 chứa gen STT681 với trình tự axit nucleic nêu trong SEQ ID No: 27, mà tương ứng với gen *Populus trichocarpa* tương tự, POPTR_0001s38090 (v3.0 được cập nhật thành Potri.001G37200).

Cấu trúc plasmit TF0137 chứa gen STT632 với trình tự axit nucleic nêu trong SEQ ID No: 37; mà tương ứng với gen POPTR_0013s14960 (v3.0 được cập nhật thành Potri.013G153400), trong *Populus trichocarpa*. Các gen được tách dòng được giải trình tự đầu 5' và 3' và được xác minh bằng cách sử dụng các kỹ thuật chuẩn trước khi tách dòng phụ tiếp vào vectơ pK2GW7.

IV. Tách dòng các mảnh gen để điều chế các cấu trúc ARNi

Mảnh của mỗi gen được chọn được liệt kê trong Bảng 11, mã hóa STT153, STT258, STT387, STT543, STT793, và STT795, được nhận diện nằm trong vùng có độ tương đồng thấp so với các gen liên quan để gia tăng tính đặc hiện ARNi. Các đoạn mồi đặc hiệu gen được thiết kế từ dữ liệu trình tự EST để khuếch đại các mảnh gen này. Các dòng thư viện EST được sử dụng làm khuôn cho việc khuếch đại PCR. Mảnh gen được khuếch đại được tách dòng phụ vào vectơ xâm nhập Gateway (pDONR201) sử dụng bộ tách dòng tái tổ hợp BP (Invitrogen), sau đó tách dòng phụ tiếp vào vectơ can thiệp ARN nhị thể pK7GWIWG2(I) sử dụng bộ tách dòng tái tổ hợp LR Gateway (Invitrogen) theo các khuyến nghị của nhà sản xuất. Cấu trúc ARNi cuối cùng có thể được mô tả bằng sơ đồ: [promotơ CaMV 35S] – [mảnh gen (hướng đối nghĩa)] – [intron] – [mảnh gen (hướng có nghĩa)] – [yếu tố kết thúc 35S]. Khi được phiên mã, các đoạn lặp nghịch chuyển được tách riêng bằng intron sẽ tạo ra phân tử ARN sợi kép hình cặp tóc. Các cấu trúc này được xác minh bằng cách sử dụng biện pháp thủy phân hạn chế bằng enzym đối với vectơ pK7GWIWG2(I) cuối cùng với đoạn xen.

Bảng 11: Các mảnh được sử dụng cho các cấu trúc ARNi

Gen	Trình tự của mảnh ARNi được tách dòng	Độ dài của mảnh ARNi được tách dòng
STT153	SEQ ID No. 139	515
STT258	SEQ ID No. 140	313
STT387	SEQ ID No. 141	254
STT543	SEQ ID No. 142	258
STT793	SEQ ID No. 143	274
STT795	SEQ ID No. 144	261

Chi tiết hơn về mỗi cấu trúc ARNi là như sau:

IVi. Cấu trúc ARNi (KR458) để giảm sự biểu hiện của STT153

Hai bản sao của mảnh ADN có độ dài 515 nucleotit, SEQ ID No: 139, được xen vào, dưới dạng đoạn lặp nghịch chuyển trong cấu trúc plasmit KR458. Mảnh này có có nguồn gốc từ cADN cây dương lá rung lai từ dòng EST UB11CPC10. Gen được điều hòa giảm bằng cấu trúc ARNi KR458 trong cây dương tương ứng với gen POPTR_0018s01490 (v3.0 được cập nhật thành Potri.018G029900) mã hóa polypeptit có trình tự SEQ ID NO: 58 trong cây *Populus trichocarpa* có họ hàng gần.

IVii. Cấu trúc ARNi (KR546) để giảm sự biểu hiện của STT258

Hai bản sao của mảnh ADN dài 313 nucleotit, SEQ ID No: 140, được xen vào, dưới dạng đoạn lặp nghịch chuyển trong cấu trúc plasmit KR546. Mảnh này có có nguồn gốc từ cADN cây dương lá rung lai từ dòng EST G079P71. Gen được điều hòa giảm bằng cấu trúc ARNi KR546 trong cây dương tương ứng với gen POPTR_0013s13090, (hoặc v3.0 được cập nhật thành Potri.013G127200, mã hóa polypeptit của cây *Populus trichocarpa* có họ hàng gần có trình tự SEQ ID NO: 74.

IViii. Cấu trúc ARNi (KR675) để giảm sự biểu hiện của STT387

Hai bản sao của mảnh ADN có độ dài 254 nucleotit, SEQ ID No: 141, được xen vào, dưới dạng đoạn lặp nghịch chuyển trong cấu trúc plasmit KR675. Mảnh này có có nguồn gốc từ cADN cây dương lá rung lai từ dòng EST A044P01. Gen được điều hòa giảm bằng cấu trúc ARNi KR675 trong cây dương tương ứng với gen Potri.013G029900, mã hóa polypeptit có trình tự SEQ ID NO: 88 trong cây *Populus trichocarpa* có họ hàng gần.

IViv. Cấu trúc ARNi (KR831) để giảm sự biểu hiện của STT543

Hai bản sao của mảnh ADN có độ dài 254 nucleotit, SEQ ID No: 142, được xen vào, dưới dạng đoạn lặp nghịch chuyển trong cấu trúc plasmit KR831. Mảnh này có có nguồn gốc từ cADN cây dương lá rung lai từ dòng EST F129P33. Gen được điều hòa giảm bằng cấu trúc ARNi KR831 trong cây dương tương ứng với gen Potri.009G107600, mã hóa polypeptit có trình tự SEQ ID NO: 98 trong cây *Populus trichocarpa* có họ hàng gần.

IVv. Cấu trúc ARNi (KR892) để giảm sự biểu hiện của STT793

Hai bản sao của mảnh ADN có độ dài 274 nucleotit, SEQ ID No: 143, được xen vào, dưới dạng đoạn lặp nghịch chuyển trong cấu trúc plasmit KR892. Mảnh này có có nguồn gốc từ cADN cây dương lá rung lai từ dòng EST UB30CPG09. Gen được điều hòa giảm bằng cấu trúc ARNi KR892 trong cây dương tương ứng với gen Potri.004G153400, mã hóa polypeptit có trình tự SEQ ID NO: 106, trong cây *Populus trichocarpa* có họ hàng gần.

IVvi. Cấu trúc ARNi (KR894) để giảm sự biểu hiện của STT795

Hai bản sao của mảnh ADN có độ dài 261 nucleotit, SEQ ID No: 144, được xen vào, dưới dạng đoạn lặp nghịch chuyển trong cấu trúc plasmit KR894. Mảnh này có có nguồn gốc từ cADN cây dương lá rung lai từ dòng EST UB30CPG09. Gen được điều hòa giảm bằng cấu trúc ARNi KR894 trong cây dương tương ứng với gen Potri.002G008600, mã hóa polypeptit có trình tự SEQ ID NO: 128, trong cây *Populus trichocarpa* có họ hàng gần.

V. Biến nạp thực vật

Các cấu trúc ADN được biến nạp vào *Agrobacterium* và sau đó vào cây dương lá rung lai, trong đó *Populus tremula x tremuloides* dòng T89, còn được gọi là "cây dương", được biến nạp và được tái sinh. Khoảng 3-8 dòng độc lập được tạo ra đối với mỗi cấu trúc. Một nhóm các cây chuyển gen này được sản xuất bằng cách sử dụng một cấu trúc sau đây được gọi là "nhóm cấu trúc", ví dụ, các cây chuyển gen khác nhau bắt nguồn từ một cấu trúc.

Mỗi dòng chuyển gen trong mỗi nhóm cấu trúc bắt nguồn từ sự kiện biến nạp khác nhau và có khả năng nhất là ADN tái tổ hợp được xen vào vị trí duy nhất trong hệ gen thực vật. Điều này giúp các dòng chuyển gen khác nhau trong một nhóm cấu trúc là khác nhau phần nào. Ví dụ, đã biết rằng các sự kiện biến nạp khác nhau sẽ sản xất các thực vật với mức độ biểu hiện khác nhau một sản phẩm gen. Cũng đã biết rằng, các mức độ biểu hiện khác nhau của gen sẽ dẫn đến các mức độ tác động kiểu hình khác nhau.

VI. Sinh trưởng thực vật

Các dòng cây dương chuyển gen được trồng cùng với các cây đối chứng kiểu dại (wild-type - wt) của chúng, trong nhà kính dưới chu kỳ sáng là 18 giờ và nhiệt độ là 22°C/15°C (ngày/đêm). Các cây này được bón phân hàng tuần. Các cây này được sinh trưởng trong 8 đến 9 tuần trước khi thu hoạch. Trong khoảng thời gian

này, chiều cao và đường kính của chúng được đo một đến hai lần mỗi tuần. Trong nhóm sinh trưởng, số lượng cây kiểu dại (thường là 35 đến 45 cây) và số lượng cây chuyển gen gồm vài nhóm cấu trúc (thường là 6 đến 20 nhóm cấu trúc) được trồng song song trong nhà kính trong cùng điều kiện. Tất cả các so sánh giữa các cây kiểu dại và các nhóm cấu trúc được thực hiện trong mỗi nhóm trồng trọt.

VII. Phân tích sự sinh trưởng

Để xác định các nhóm cấu trúc thể hiện sự khác biệt đáng kể so với quần thể kiểu dại, dữ liệu từ mỗi nhóm cấu trúc được đem qua một số phép phân tích dữ liệu sinh trưởng về các số đo mức sinh trưởng/sinh khối và tỷ trọng gỗ.

Sau 8 đến 9 tuần sinh trưởng trong nhà kính, các cây được thu hoạch và được lấy mẫu. Hai kiểu thu hoạch chính được sử dụng; hoặc là dạng thiết lập chung được thiết kế để, ví dụ, phân tích hóa học, phân tích hình thái gỗ, phân tích biểu hiện gen, phân tích tỷ trọng gỗ và phân tích trao đổi chất, hoặc là dạng thiết lập thứ hai được thiết kế để đo trọng lượng khô của vỏ, gỗ, lá, và rễ.

Các số đo về chiều cao và đường kính cây được ghi lại một đến hai lần mỗi tuần trong suốt quá trình trồng trọt và trước khi thu hoạch các cây này. Các số đo chiều cao và đường kính cuối cùng sau đó được sử dụng để xác định các nhóm cấu trúc có các đặc tính sinh trưởng thay đổi.

Thể tích thân của mỗi cây riêng rẽ được tính toán gần đúng từ các số đo chiều cao cuối cùng và đường kính cuối cùng bằng cách sử dụng công thức tính thể tích hình nón cụt.

Phép tính gần đúng thể tích thân: $V = \frac{\pi * r^2 * h}{3}$

trong đó: V = Thể tích; h = chiều cao (chiều cao cuối cùng), r = bán kính (Đường kính cuối cùng / 2)

Thể tích cuối cùng trung bình của mỗi quần thể nhóm cấu trúc và quần thể kiểu dại tương ứng sau đó được tính.

VIII. Trồng lại và sinh trưởng lại

Để xác minh tính lặp lại được của dữ liệu và để phân tích thêm, tất cả hoặc tập hợp con của các nhóm cấu trúc, các dòng có các đặc tính sinh trưởng cần quan tâm nhiều hơn được chọn dựa trên dữ liệu sinh trưởng từ lần trồng trọt thứ nhất trong

nhà kính, được trồng lại và được sinh trưởng lại trong các điều kiện giống như các điều kiện trong lần trồng trọt trong nhà kính lần thứ nhất. Tất cả các dòng cây dương chuyển gen được chọn đều được sinh trưởng lại dưới dạng bộ ba dòng như nhau. Hậu tố biểu thị sự quay vòng trồng lại và số lần tái tạo dòng chuyển gen được bổ sung vào các tên của các dòng chuyển gen nhóm cấu trúc để giữ cho chúng là duy nhất.

IX. Phân tích tỷ trọng gỗ

Tỷ trọng gỗ là đặc điểm quan trọng để gia tăng sự sản xuất sinh khối. Sự gia tăng tỷ trọng gỗ sẽ làm gia tăng hàm lượng năng lượng trên mỗi mét khối, làm giảm thể tích lượng sinh khối cố định và do đó, ví dụ, làm giảm thể tích cần thiết để vận chuyển một lượng sinh khối cố định. Từ đó, có thể vận chuyển được nhiều sinh khối hơn trên mỗi thể tích. Do đó, tỷ trọng gia tăng là mối quan tâm, ngay cả khi tổng sinh khối không được gia tăng. Tỷ trọng gia tăng cũng có thể là lợi ích đi kèm với việc sản xuất bột giấy và giấy.

Đoạn thân dài 5cm, là đoạn thân cách mặt đất là 36 và 41cm, được lấy từ mỗi cây được thu hoạch và được bảo quản trong tủ lạnh (-20°C) sau khi thu hoạch, được sử dụng để đo tỷ trọng. Các mẫu cần được phân tích được làm tan giá sau đó loại bỏ vỏ và lõi xốp. Trọng lượng (w) được đo bằng cách sử dụng cân và thể tích (V) được xác định bằng cách sử dụng nguyên lý Ác-si-mét, trong đó các mẫu gỗ được nhấn chìm (sử dụng kim) vào cốc mỏ (được đặt trên cân) chứa nước. Mức tăng trọng lượng được ghi nhận là tương đương với trọng lượng của nước được đẩy lên bởi mẫu gỗ. Vì tỷ trọng của nước là 1 g/cm^3 nên mức tăng này cũng tương đương với thể tích của mẫu gỗ. Sau đó các mẫu này được làm khô trong lò trong thời gian trên 48 giờ ở 60°C.

Các trọng lượng khô (dw) được đo và tỷ trọng (d) được tính theo công thức:

$$d = \frac{dw}{V}$$

Các mẫu từ mỗi nhóm cấu trúc được so sánh với các mẫu kiểu dại từ cùng một quá trình trồng trọt.

X. Phân tích các mức độ biểu hiện

RT-PCR thời gian thực được sử dụng để so sánh các mức độ biểu hiện gen cấu

trúc của nhóm cấu trúc với nhóm kiểu dại tương ứng. Mức độ biểu hiện của phân nhóm điều hòa proteasom 26S là S2 được sử dụng làm yếu tố tham chiếu mà sự biểu hiện gen cấu trúc được chuẩn hóa theo yếu tố này. Phương pháp CT so sánh được sử dụng để tính toán mức độ biểu hiện của gen cấu trúc tương đối, trong đó tỷ lệ giữa mức biểu hiện gen cấu trúc và mức biểu hiện gen tham chiếu được mô tả bằng $(1 + E_{đích})\text{-}CT_{đích} / (1 + E_{tham\ chiếu})\text{-}CT_{tham\ chiếu}$, trong đó $E_{đích}$ và $E_{tham\ chiếu}$ lần lượt là các hiệu suất khuếch đại PCR gen cấu trúc và gen tham chiếu và $CT_{đích}$ và $CT_{tham\ chiếu}$ là các chu kỳ ngưỡng như được tính lần lượt đối với sự khuếch đại gen cấu trúc và gen tham chiếu.

Các mức biểu hiện mARN của gen được điều hòa giảm hoặc tăng trong mỗi dòng biến nạp được tổng kết trong bảng 12.

Bảng 12. Tổng kết các mức biểu hiện mARN.

Gen	Cấu trúc được sử dụng trong việc biến nạp	Mức độ ổn định của sản phẩm phiên mã mARN của gen điều hòa tương ứng trong các dòng biến nạp so với đối chứng kiểu dại (bằng RT-PCR)
Các cấu trúc biểu hiện quá mức		
STT74	35s022	cao hơn 16,5 đến 95 lần
STT681	TFSTT052	cao hơn 9,9 đến 38 lần
STT632	TF0137	cao hơn 1,5 đến 1,8 lần
Các cấu trúc biểu hiện được điều hòa giảm		
STT153	KR458	42,3% đến 85,7%
STT258	KR546	6,5% đến 97,5%
STT387	KR675	37,0% đến 74,4%
STT543	KR831	7,0% đến 66,2%
STT793	KR892	18,2% đến 94,1%
STT795	KR894	33,6% đến 35,1%

XI. Kết quả từ các thử nghiệm trong nhà kính

Các gen/các cấu trúc/các nhóm cấu trúc được phân tích như được mô tả trên đây. Dữ liệu từ các cây chuyển gen được biến nạp bằng các gen được chọn được thể hiện trong các ví dụ dưới đây, với các đặc tính sinh trưởng và chất lượng gỗ. Đối với một số nhóm cấu trúc, tỷ trọng gỗ đã được đo và đối với một số nhóm cấu trúc,

việc dự đoán tỷ trọng đã được thực hiện dựa trên phân tích FT-IR (xem tiêu đề của bảng).

Cần lưu ý ở đây, và áp dụng cho tất cả các dữ liệu sau đây, rằng tỷ lệ giữa quần thể chuyển gen và quần thể kiểu dại thể hiện sự khác biệt trung bình giữa các nhóm thực vật đó. Tuy nhiên, tỷ lệ này nói chung không thể hiện toàn bộ khả năng biến đổi sự biểu hiện của gen. Điều này là do các tính toán được dựa trên các trường hợp chuyển gen khác nhau.

Để dễ xem xét tổng quát, các đặc tính sinh trưởng được cải thiện của thực vật *Populus tremula x tremuloides* chuyển gen dòng T89, được biến nạp bằng các cấu trúc plasmit trong bảng 10, gây ra sự biểu hiện được tăng cường hoặc được làm giảm của protein được mã hóa bằng gen tương ứng, được tổng kết trong bảng 13. Các trị số phần trăm là tỷ lệ giữa cấu trúc được phân tích và cây kiểu dại từ các ví dụ dưới đây.

Bảng 13. Tổng kết các đặc tính sinh trưởng được cải thiện của cây gỗ GM. Các trị số được biểu thị là trị số trung bình đối với tất cả các dòng được thử nghiệm trên mỗi cấu trúc. Các dòng thực hiện tốt nhất có thể là tốt hơn.

Gen	Cấu trúc được sử dụng trong việc biến nạp	Chiều cao	Đường kính	Thể tích	Tỷ trọng
Các cấu trúc biểu hiện quá mức					
STT74	35s022	107 - 124%	102 - 122%	113 – 173%	115 %
STT681	TFSTT052	106%	100%	103%	115%
STT632	TF0137	115%	101%	119%	106%
Các cấu trúc biểu hiện được điều hòa giảm					
STT153	KR458	109%	110%	131%	Không xác định
STT258	KR546	116%	108%	135%	96%
STT387	KR675	108 – 111%	101 – 121%	108 – 159%	100 – 102%
STT543	KR831	105%	104%	114%	111%
STT793	KR892	106%	108%	123%	110%
STT795	KR894	107%	108%	124%	101%

Kết quả sinh trưởng đối với việc biến đổi sự biểu hiện của mỗi gen trong cây gỗ được biểu thị một cách riêng rẽ dưới dạng ví dụ của sáng chế.

Ví dụ 1: STT74

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT74 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc 35S022. Mức biểu hiện gia tăng là cao hơn từ 16,5 đến 95 lần so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc 35s022 đã được trồng trọt ba lần và tạo ra các cây chuyển gen với các giá trị về chiều cao, đường kính, thể tích thân và tỷ trọng được cải thiện đáng kể.

Trong quá trình trồng trọt thứ nhất, mức gia tăng chiều cao, đường kính, thể tích thân và tỷ trọng trung bình lần lượt là 15%, 22%, 73% và 15%, so với cây kiểu dại.

Trong quá trình trồng trọt thứ hai, mức tăng chiều cao trung bình là 14% so với cây kiểu dại.

Trong quá trình trồng trọt thứ ba, mức tăng chiều cao và thể tích thân trung bình lần lượt là 12% và 25% so với cây kiểu dại.

Dòng chuyển gen 35s022BIO-1B có mức tăng chiều cao và thể tích thân lần lượt là 10% và 25% so với cây kiểu dại.

Dòng chuyển gen 35s022BIO-2B có mức tăng chiều cao và thể tích thân lần lượt là 24% và 46% so với cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
35s022	Trung bình	147,2	9,6	36,0	0,314
	Tối đa	157,0	10,9	47,9	0,366
	Tối thiểu	133,0	7,9	22,7	0,265
	STD	10,0	1,2	9,2	0,043
	Số lượng	5	5	5	5
T89	Trung bình	127,5	7,85	20,7	0,274
	Tối đa	140,0	9,2	29,1	0,354
	Tối thiểu	115,0	6,50	13,7	0,226
	STD	6,5	0,67	4,0	0,026

	Số lượng	39	39	39	36
	Giới hạn trên	140,6	9,2	28,8	0,326
	Giới hạn dưới	114,4	6,5	12,7	0,222
Thống kê	Tỷ lệ	1,15	1,22	1,73	1,15
	Kiểm định T (giá trị p)	0,00000038	0,000012	0,000000032	0,0044
	Số lượng > Giới hạn trên	4	3	4	3
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(++)	(++)	(++)	(++)
Tối đa/Trung bình	35s022max/WTavg	1,23	1,39	2,31	1,34

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
35s022BIO	Trung bình	136,1	9,5	32,4	
	Tối đa	162,0	10,3	42,8	
	Tối thiểu	112,0	8,5	20,9	
	STD	14,3	0,7	6,9	
	Số lượng	13	13	13	
T89	Trung bình	121,4	8,98	25,8	
	Tối đa	142,0	10,1	33,6	
	Tối thiểu	107,0	7,85	17,7	
	STD	6,9	0,56	4,0	
	Số lượng	33	33	33	
	Giới hạn trên	135,5	10,1	33,9	
	Giới hạn dưới	107,4	7,8	17,7	
Thống kê	Tỷ lệ	1,12	1,05	1,25	
	Kiểm định T (giá trị p)	0,000025	0,016	0,00021	
	Số lượng > Giới hạn trên	7	2	6	

	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	
	Điểm	(++)	(+ I)	(++)	
Tối đa/Trung bình	35s022BIOmax/WTavg	1,33	1,15	1,66	1,07

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
35s022BIO	Trung bình	130,2	9,2	29,2	
Dòng 1A	Tối đa	147,0	10,1	39,3	
	Tối thiểu	118,0	8,5	22,2	
	STD	11,3	0,6	6,5	
	Số lượng	5	5	5	
T89	Trung bình	121,4	8,98	25,8	
	Tối đa	142,0	10,1	33,6	
	Tối thiểu	107,0	7,85	17,7	
	STD	6,9	0,56	4,0	
	Số lượng	33	33	33	
	Giới hạn trên	135,5	10,1	33,9	
	Giới hạn dưới	107,4	7,8	17,7	
Thống kê	Tỷ lệ	1,07	1,02	1,13	
	Kiểm định T (giá trị p)	0,02	0,44	0,11	
	Số lượng > Giới hạn trên	1	0	1	
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	
	Điểm	(Bình thường)	(Bình thường)	(Bình thường)	

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
35s022BIO	Trung bình	133,4	9,6	32,4	
Dòng 1B	Tối đa	152,0	10,3	37,9	
	Tối thiểu	112,0	8,5	20,9	
	STD	14,6	0,9	7,0	

	Số lượng	5	5	5	
T89	Trung bình	121,4	8,98	25,8	
	Tối đa	142,0	10,1	33,6	
	Tối thiểu	107,0	7,85	17,7	
	STD	6,9	0,56	4,0	
	Số lượng	33	33	33	
	Giới hạn trên	135,5	10,1	33,9	
	Giới hạn dưới	107,4	7,8	17,7	
Thống kê	Tỷ lệ	1,10	1,07	1,25	
	Kiểm định T (giá trị p)	0,004	0,047	0,0038	
	Số lượng > Giới hạn trên	3	2	3	
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	
	Điểm	(++)	(+ I)	(++)	

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm3)	Tỷ trọng (g/cm3)
35s022BIO	Trung bình	150,3	9,8	37,7	
Dòng 2B	Tối đa	162,0	10,1	42,8	
	Tối thiểu	139,0	9,3	31,1	
	STD	11,5	0,4	6,0	
	Số lượng	3	3	3	
T89	Trung bình	121,4	8,98	25,8	
	Tối đa	142,0	10,1	33,6	
	Tối thiểu	107,0	7,85	17,7	
	STD	6,9	0,56	4,0	
	Số lượng	33	33	33	
	Giới hạn trên	135,5	10,1	33,9	
	Giới hạn dưới	107,4	7,8	17,7	
Thống kê	Tỷ lệ	1,24	1,09	1,46	
	Kiểm định T (giá trị p)	0,00000014	0,026	0,000033	

	Số lượng > Giới hạn trên	3	0	2	
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	
	Điểm	(++)	(Bình thường)	(++)	

Ví dụ 2: STT681

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT681 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc TFSTT052. Mức biểu hiện gia tăng là từ 9,9 đến 38 lần so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc TFSTT052 đã tạo ra các cây chuyển gen với mức tăng tỷ trọng đáng kể là 15% so với các cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
TFSTT052	Trung bình	136,3	9,2	30,8	0,326
	Tối đa	147,0	10,4	41,6	0,342
	Tối thiểu	114,0	7,4	16,1	0,286
	STD	11,9	1,1	8,5	0,021
	Số lượng	6	6	6	6
T89	Trung bình	129,0	9,21	29,8	0,284
	Tối đa	151,0	11,4	51,0	0,361
	Tối thiểu	56,0	3,50	1,8	0,222
	STD	14,0	1,32	8,4	0,030
	Số lượng	55	55	55	41
	Giới hạn trên	157,1	11,9	46,7	0,344
	Giới hạn dưới	101,0	6,6	13,0	0,224
Thống kê	Tỷ lệ	1,06	1,00	1,03	1,15
	Kiểm định T (giá trị p)	0,22	0,96	0,79	0,0018
	Số lượng > Giới hạn trên	0	0	0	0
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(Bình thường)	(Bình thường)	(Bình thường)	(+ P)

Tối đa/Trung bình	TFSTT052max/ WTavg	1,14	1,13	1,40	1,20

Ví dụ 3: STT632

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT632 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc TF0137. Mức biểu hiện gia tăng là từ 1,5 đến 1,8 lần so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc TF0137 đã tạo ra cây chuyển gen có mức tăng chiều cao đáng kể trung bình là 15% so với cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
TF0137	Trung bình	160,4	8,6	32,6	0,284
	Tối đa	200,0	9,6	47,8	0,332
	Tối thiểu	121,0	7,9	20,8	0,262
	STD	37,1	0,8	13,7	0,028
	Số lượng	5	5	5	5
T89	Trung bình	139,7	8,56	27,3	0,268
	Tối đa	155,0	9,9	39,0	0,321
	Tối thiểu	122,0	7,40	18,6	0,238
	STD	8,6	0,71	5,6	0,019
	Số lượng	40	39	36	42
	Giới hạn trên	157,1	10,0	38,7	0,306
	Giới hạn dưới	122,3	7,1	15,9	0,229
Thống kê	Tỷ lệ	1,15	1,01	1,19	1,06
	Kiểm định T (giá trị p)	0,0032	0,85	0,12	0,081
	Số lượng > Giới hạn trên	2	0	2	1
	Số lượng < Giới hạn dưới	1	0	0	0
	Điểm	(++)	(Bình thường)	(+ I)	(Bình thường)
Tối đa/Trung bình	TF0137max/WTavg	1,43	1,12	1,75	1,24

Ví dụ 4: STT153

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT153 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc KR458. Mức biểu hiện giảm là từ 42,3% đến 85,7% so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc KR458 đã tạo ra cây chuyển gen với giá trị đường kính và thể tích thân được cải thiện đáng kể, với mức tăng đường kính và thể tích thân trung bình lần lượt là 10% và 31%, so với cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
KR458	Trung bình	149,2	10,7	44,9	
	Tối đa	156,0	11,7	54,5	
	Tối thiểu	142,0	9,2	34,2	
	STD	4,8	0,9	7,4	
	Số lượng	6	6	6	
T89	Trung bình	136,6	9,75	34,3	
	Tối đa	165,0	11,2	47,0	
	Tối thiểu	109,0	8,10	22,0	
	STD	12,5	0,64	6,0	
	Số lượng	38	38	38	
	Giới hạn trên	162,0	11,0	46,5	
	Giới hạn dưới	111,2	8,5	22,1	
Thống kê	Tỷ lệ	1,09	1,10	1,31	
	Kiểm định T (giá trị p)	0,021	0,0029	0,00034	
	Số lượng > Giới hạn trên	0	2	2	
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	
	Điểm	(Bình thường)	(++)	(++)	
Tối đa/Trung bình	KR458max/WTavg	1,14	1,20	1,59	

Ví dụ 5: STT258

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT258 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc KR546. Mức biểu hiện giảm là từ 6,5% đến 97,5% so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc KR546 đã tạo ra cây chuyển gen với giá trị chiều cao và thể tích thân được cải thiện đáng kể, với mức tăng chiều cao và thể tích thân trung bình lần lượt là 16% và 35%, so với cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm3)	Tỷ trọng (g/cm3)
KR546ReTrans	Trung bình	146,9	10,4	41,9	0,293
	Tối đa	160,0	11,8	56,5	0,336
	Tối thiểu	115,0	9,1	24,9	0,256
	STD	14,4	0,8	8,9	0,029
	Số lượng	8	8	8	8
T89	Trung bình	127,1	9,56	31,0	0,304
	Tối đa	145,0	10,9	43,7	0,376
	Tối thiểu	104,0	6,55	11,7	0,232
	STD	11,4	0,94	7,5	0,036
	Số lượng	32	32	32	28
	Giới hạn trên	150,3	11,5	46,2	0,378
	Giới hạn dưới	103,9	7,6	15,8	0,231
Thống kê	Tỷ lệ	1,16	1,08	1,35	0,96
	Kiểm định T (giá trị p)	0,00017	0,031	0,0011	0,42
	Số lượng > Giới hạn trên	4	1	2	0
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(++)	(Bình thường)	(++)	(Bình thường)
Tối đa/Trung bình	KR546ReTransmax/WTavg	1,26	1,23	1,82	1,11

Ví dụ 6: STT387

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT387 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc KR675. Mức biểu hiện giảm là từ 37,0% đến 74,4% so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc KR675 đã được trồng trọt hai lần và tạo ra các cây chuyển gen với các giá trị về chiều cao, đường kính và thể tích thân được cải thiện đáng kể.

Trong quá trình trồng trọt thứ nhất, mức tăng chiều cao, đường kính và thể tích thân trung bình lần lượt là 11%, 21% và 59% so với cây kiểu dại.

Trong quá trình trồng trọt thứ hai, mức tăng chiều cao trung bình là 8% so với cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
KR675	Trung bình	134,7	10,1	35,9	0,283
	Tối đa	150,0	10,5	42,5	0,308
	Tối thiểu	125,0	9,5	29,5	0,260
	STD	10,1	0,5	5,2	0,022
	Số lượng	6	6	6	6
T89	Trung bình	121,1	8,33	22,6	0,283
	Tối đa	138,0	10,4	36,7	0,339
	Tối thiểu	103,0	5,65	8,9	0,227
	STD	9,3	1,10	6,7	0,031
	Số lượng	32	32	32	26
	Giới hạn trên	140,1	10,6	36,4	0,347
	Giới hạn dưới	102,0	6,1	8,9	0,219
Thống kê	Tỷ lệ	1,11	1,21	1,59	1,00
	Kiểm định T (giá trị p)	0,0026	0,0006	0,000057	0,97
	Số lượng > Giới hạn trên	2	0	3	0
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(++)	(+ P)	(++)	(Bình thường)

Tối đa/Trung bình	KR675max/WTavg	1,24	1,25	1,88	1,09

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm3)	Tỷ trọng (g/cm3)
KR675rp1	Trung bình	150,5	8,6	29,4	0,269
	Tối đa	161,0	9,2	34,1	0,289
	Tối thiểu	139,0	7,8	21,9	0,251
	STD	8,1	0,4	3,8	0,011
	Số lượng	11	8	8	11
T89	Trung bình	139,7	8,56	27,3	0,268
	Tối đa	155,0	9,9	39,0	0,321
	Tối thiểu	122,0	7,40	18,6	0,238
	STD	8,6	0,71	5,6	0,019
	Số lượng	40	39	36	42
	Giới hạn trên	157,1	10,0	38,7	0,306
	Giới hạn dưới	122,3	7,1	15,9	0,229
Thống kê	Tỷ lệ	1,08	1,01	1,08	1,00
	Kiểm định T (giá trị p)	0,00055	0,81	0,32	0,87
	Số lượng > Giới hạn trên	3	0	0	0
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(++)	(Bình thường)	(Bình thường)	(Bình thường)
Tối đa/Trung bình	KR675rp1max/WTavg	1,15	1,07	1,25	1,08

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
KR675rp1	Trung bình	153,7	8,6	31,2	0,273
Dòng	Tối đa	161,0	8,7	31,5	0,280

3A					
	Tối thiểu	141,0	8,6	30,8	0,270
	STD	11,0	0,0	0,5	0.006
	Số lượng	3	2	2	3
T89	Trung bình	139,7	8,56	27,3	0,268
	Tối đa	155,0	9,9	39,0	0,321
	Tối thiểu	122,0	7,40	18,6	0,238
	STD	8,6	0,71	5,6	0,019
	Số lượng	40	39	36	42
	Giới hạn trên	157,1	10,0	38,7	0,306
	Giới hạn dưới	122,3	7,1	15,9	0,229
Thống kê	Tỷ lệ	1,10	1,01	1,14	1,02
	Kiểm định T (giá trị p)	0,011	0,9	0,35	0,61
	Số lượng > Giới hạn trên	2	0	0	0
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(+ I)	(Bình thường)	(Bình thường)	(Bình thường)

Ví dụ 7: STT543

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT543 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc KR831. Mức biểu hiện giảm là từ 7,0% đến 66,2% so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc KR831 đã tạo ra cây chuyển gen có mức tăng tỷ trọng đáng kể trung bình là 11% so với cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm^3)	Tỷ trọng (g/cm^3)
KR831	Trung bình	117,4	7,7	19,1	0,297
	Tối đa	130,0	9,2	26,6	0,355
	Tối thiểu	100,0	6,2	9,9	0,265
	STD	10,2	1,2	6,8	0,036
	Số lượng	7	7	7	7

T89	Trung bình	112,0	7,47	16,7	0,266
	Tối đa	125,0	8,7	23,4	0,358
	Tối thiểu	93,0	5,40	7,5	0,219
	STD	8,3	0,77	4,1	0,022
	Số lượng	32	32	32	30
	Giới hạn trên	129,0	9,0	25,1	0,312
	Giới hạn dưới	95,0	5,9	8,3	0,221
Thống kê	Tỷ lệ	1,05	1,04	1,14	1,11
	Kiểm định T (giá trị p)	0,14	0,47	0,23	0,0075
	Số lượng > Giới hạn trên	1	1	2	3
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(Bình thường)	(Bình thường)	(+ I)	(++)
Tối đa/Trung bình	KR831max/WTavg	1,16	1,23	1,59	1,33

Ví dụ 8: STT793

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT793 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc KR892. Mức biểu hiện giảm là từ 18,2% đến 94,1% so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc KR892 đã tạo ra các dòng chuyển gen với độ cao và thể tích thân gia tăng lần lượt lên đến 17% và 55%, so với trung bình của quần thể kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm3)	Tỷ trọng (g/cm^3) Dự đoán từ FT-IR
KR892	Trung bình	158,3	9,1	34,6	0,315
	Tối đa	175,0	9,9	43,6	0,362
	Tối thiểu	147,0	7,4	20,8	0,254
	STD	12,2	0,9	7,8	0,036
	Số lượng	7	7	7	7

T89	Trung bình	150,0	8,4	28,2	0,286
	Tối đa	173,0	9,6	47,7	0,328
	Tối thiểu	130,0	7,3	18,8	0,240
	STD	10,6	0,7	6,0	0,025
	Số lượng	21	21	21	22
	Giới hạn trên	172,1	9,9	40,7	0,337
	Giới hạn dưới	127,8	7,0	15,6	0,235
Thống kê	Tỷ lệ	1,06	1,08	1,23	1,10
	Kiểm định T (giá trị p)	0,09386	0,05448	0,03248	0,02320
	Số lượng > Giới hạn trên	2	1	2	1
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(+ I)	(Bình thường)	(+ I)	(Bình thường)
Tối đa/Trung bình	KR892max/WTavg	1,17	1,18	1,55	1,27

Ví dụ 9: STT795

Mức biểu hiện của mARN từ gen STT795 được phân tích trong các dòng khác nhau của cấu trúc KR894. Mức biểu hiện giảm là từ 33,6% đến 35,1% so với mức biểu hiện kiểu dại khi được phân tích với RT-PCR như được mô tả trên đây.

Cấu trúc KR894 đã tạo ra cây chuyển gen với giá trị chiều cao, đường kính và thể tích thân được cải thiện đáng kể, với mức tăng chiều cao, đường kính và thể tích thân trung bình lần lượt là 7%, 8% và 24%, so với cây kiểu dại.

		Chiều cao (cm)	Đường kính (mm)	Thể tích (cm3)	Tỷ trọng (g/cm3) Dự đoán từ FT-IR
KR894	Trung bình	158,2	9,3	35,8	0,292
	Tối đa	164,0	9,8	40,8	0,312
	Tối thiểu	150,0	8,8	32,4	0,267
	STD	5,2	0,4	3,5	0,018
	Số lượng	5	5	5	5

T89	Trung bình	148,4	8,6	28,8	0,291
	Tối đa	159,0	9,6	38,4	0,325
	Tối thiểu	132,0	7,7	21,1	0,250
	STD	7,5	0,5	4,0	0,019
	Số lượng	31	31	31	31
	Giới hạn trên	163,8	9,6	36,9	0,329
	Giới hạn dưới	133,1	7,6	20,6	0,252
Thống kê	Tỷ lệ	1,07	1,08	1,24	1,01
	Kiểm định T (giá trị p)	0,00867	0,00377	0,00076	0,84974
	Số lượng > Giới hạn trên	1	2	2	0
	Số lượng < Giới hạn dưới	0	0	0	0
	Điểm	(+ P)	(++)	(+ +)	(Bình thường)
Tối đa/Trung bình	KR894max/ WTavg	1,10	1,14	1,42	1,07

Ví dụ 10: Thử nghiệm thực địa đối với cây dương lá rung lai với các dòng chứa gen chuyển có trình tự SEQ ID NO: 1 và mã hóa polypeptit STT74

Các thử nghiệm trên cánh đồng đối với cây dương lá rung lai được thiết lập để nghiên cứu thêm các đặc tính sinh trưởng được cải thiện của cây chuyển gen trong điều kiện thực địa. Mỗi thử nghiệm thực địa gồm các thực vật từ 7 đến 16 cấu trúc gen và khoảng 20% thực vật tham chiếu kiểu dại (wt). Đối với mỗi cấu trúc gen, ba đến sáu dòng thực vật chuyển gen, mỗi dòng được thu từ các sự kiện biến nạp khác nhau, được chọn để thử nghiệm thực địa. Các dòng thực vật chuyển gen được nhân lên thành 8 đến 20 bản sao đối với mỗi dòng. Các dòng thực vật chuyển gen được phân phối trên thực địa theo thiết kế khối ngẫu nhiên. Trên thực địa, tất cả các thực vật được tách riêng trong hệ tọa độ 3x3 mét để tạo ra thiết kế thực vật đơn khoang. Bất cứ khi nào có thể, các thử nghiệm thực địa được chia thành hai điểm thí nghiệm riêng biệt, các điểm này ở cách xa nhau và khác nhau về các đặc điểm môi trường ở mức nhất định. Các điểm thực địa được chuẩn bị và được đồng nhất hóa theo các

thủ tục nông nghiệp chuẩn như bừa đĩa và xử lý thuốc diệt cỏ trên cơ sở glyphosat. Các thử nghiệm thực địa đối với cây dương lá rung bắt đầu từ năm 2011 và được lập kế hoạch để tiến hành trong 5 năm. Trong thời gian này, các đặc tính sinh trưởng sẽ được theo dõi đều đặn và được phân tích.

Sau hai mùa sinh trưởng, kết quả sơ bộ thể hiện chiều cao của các dòng thực vật chuyển gen gia tăng lên tới 29% so với kiểu dại, xem bảng 14.

Bảng 14. Mức sinh trưởng gia tăng của cây dương lá rung lai sau hai mùa sinh trưởng.

Chiều cao Tháng 8/2012

Thực vật Dòng	Trung bình	Tỷ lệ	Trung bình bình phương tối thiểu	Tỷ lệ	Giá trị P của kiểm định T	Giá trị P của kiểm định Dunnett
35s022F3-1A	92,0	0,97	90,6	0,95	0,7564	1,0000
35s022F3-1B	111,3	1,18	111,3	1,17	**0,0346**	0,4781
35s022F3-2A	113,5	1,20	113,5	1,20	**0,0176**	0,1956
35s022F3-2B	101,0	1,07	101,0	1,06	0,4207	1,0000
T89-wt	94,7	1,00	94,9	1,00	*	*

Chiều cao Tháng 9/2013

Thực vật Dòng	Trung bình	Tỷ lệ	Trung bình bình phương tối thiểu	Tỷ lệ	Giá trị P của kiểm định T	Giá trị P của kiểm định Dunnett
35s022F3-1A	157,6	0,92	156,5	0,91	0,4227	1,0000
35s022F3-1B	220,1	1,29	220,1	1,29	**0,0022**	**0,0397**
35s022F3-2A	196,9	1,15	196,9	1,15	0,1156	0,9942
35s022F3-2B	180,1	1,05	180,1	1,05	0,5777	1,0000
T89	171,1	1,00	171,7	1,00	*	*

Ví dụ 11: Các đặc tính của gỗ của cây gỗ GM biểu hiện cấu trúc 35S022 mã hóa polypeptit STT74

Các mẫu gỗ từ ba dòng trong số các dòng cây dương lá rung GM được biến nạp bằng cấu trúc 35s022, biểu hiện polypeptit (STT74) có trình tự SEQ ID NO: 1, được phân tích để xác định tính nhạy cảm của nó đối với việc xử lý sơ bộ và sự đường hóa bằng enzym. Các dòng chuyển gen được đề cập là 1A, 1B, và 2B hoặc, cách khác, H12.1, H12.2, và H12.3. Để làm đối chứng, các cây dương lá rung lai T89 được đề cập là "kiểu dại" được sử dụng. Việc xử lý sơ bộ được thực hiện bằng cách sử dụng phương pháp thủy phân bằng axit, phương pháp đã được nêu rõ trong lĩnh vực này đối với sinh khối gỗ.

Phương thức thí nghiệm

Xử lý sơ bộ: Gỗ của cây dương lá rung kiểu dại và các dòng cây dương lá rung chuyển gen (T89 và các dòng chuyển gen 1A, 1B, và 2B) được nghiền thành bột. Năm mươi mg bột gỗ trong hỗn hợp phản ứng với tổng trọng lượng 1000 mg được xử lý sơ bộ bằng cách sử dụng hệ thống vi sóng đơn chế độ (Initiator Exp, Biotage, Uppsala, Sweden) sử dụng chất xúc tác axit [1% (trọng lượng/trọng lượng) axit sulphuric]. Việc xử lý sơ bộ được thực hiện trong 10 phút ở 165°C. Các phân đoạn rắn và lỏng được phân ly bằng cách ly tâm trong 15 phút ở 14.100 g trong ống vi ly tâm đã được xác định trọng lượng trước. Phân đoạn lỏng, được đề cập như là chất lỏng xử lý sơ bộ, được thu gom để phân tích, trong khi phân đoạn rắn được rửa hai lần bằng một ml nước được khử ion hóa và một lần bằng một ml dung dịch đệm natri xitrat (50 mM, độ pH bằng 5,2) trước khi thủy phân bằng enzym. Trọng lượng của các chất rắn đã rửa còn lại từ việc xử lý sơ bộ được xác định.

Thủy phân bằng enzym: Dung dịch đệm natri xitrat (50 mM, độ pH bằng 5,2) và 50 mg hỗn hợp enzym gồm các phần bằng nhau của Celluclast 1.5L và Novozyme 188 [mua từ Sigma-Aldrich (St. Louis, MO, USA)] được bổ sung vào gỗ đã được xử lý sơ bộ hoặc gỗ không được xử lý sơ bộ sao cho tổng trọng lượng của hỗn hợp phản ứng là 1000 mg. Các hỗn hợp phản ứng với gỗ mà chưa được xử lý sơ bộ gồm 50 mg gỗ nghiền, 900 mg dung dịch đệm natri xitrat, và 50 mg hỗn hợp enzym. Hỗn hợp phản ứng được ủ trong 72 giờ ở 45°C trong máy lắc theo quỹ đạo (máy lắc ủ Ecotron, Infors, Bottmingen, Switzerland) được thiết lập ở tốc độ 170 vòng/phút. Các mẫu để phân tích sự tạo thành glucoza trong pha phản ứng sớm (tốc độ sản sinh glucoza, GPR (glucose production rate)) được lấy sau 2 giờ. Chất lỏng

còn lại sau 72 giờ được phân tích bằng cách sử dụng phương pháp sắc ký trao đổi anion hiệu năng cao (high-performance anion-exchange chromatography - HPAEC).

Phân tích các sản phẩm thủy phân: Các nồng độ glucoza trong pha sớm của phản ứng enzym (2 giờ đầu tiên) được đo bằng cách sử dụng đường kế. Sản lượng các đường monosacarit (arabinoza, galactoza, glucoza, xyloza và manoza) trong chất lỏng xử lý sơ bộ và trong các mẫu được lấy sau 72 giờ thủy phân enzym được xác định bằng cách sử dụng phương pháp HPAEC. Hệ thống HPAEC (Hệ thống sắc ký Ion ICS-3000, Dionex, Sunnyvale, CA, USA) được trang bị bộ PAD (phát hiện dòng điện xung). Việc phân ly được thực hiện bằng cách sử dụng cột CarboPac PA20 (3×150 mm) (Dionex) được lắp cột bảo vệ CarboPac PA20 (3×30 mm) (Dionex). Trước khi tiêm, các mẫu được lọc qua các bộ lọc ny-lông 0,2 µm. Thể tích 10 µl được nạp. Việc rửa giải đường được thực hiện với dung dịch natri hydroxit 2mM trong 27 phút, sau đó hồi phục với dung dịch natri hydroxit 100mM trong 5 phút, và cân bằng với dung dịch natri hydroxit 2mM trong 15 phút. Tốc độ dòng là 0,4 ml/phút. Việc phát hiện dòng điện xung đối với các monosacarit được thực hiện bằng bộ dò được lắp trên bộ phận dạng sóng Gold Standard PAD và với Ag/AgCl làm điện cực tham chiếu. Các đỉnh được nhận diện và định lượng bằng cách so sánh các chuẩn gồm arabinoza, galactoza, glucoza, xyloza, và manoza (Sigma-Aldrich). Sản lượng đường trong chất lỏng xử lý sơ bộ và trong các sản phẩm thủy phân bằng enzym được báo cáo dưới dạng gam đường trên gam gỗ lần lượt sau khi xử lý sơ bộ và sau 72 giờ thủy phân bằng enzym.

Phân tích axit axetic: Nồng độ của axit axetic (axit axetic trong chất lỏng xử lý sơ bộ, và axit axetic trong sản phẩm thủy phân bằng enzym) được xác định bằng cách sử dụng hệ thống ICS-3000 và bộ dò độ dẫn điện (Dionex). Việc phân ly được thực hiện bằng cột phân ly AS15 (4×250 mm) được lắp cột bảo vệ AG15 (4×50 mm) (Dionex). Pha động gồm dung dịch natri hydroxit 35mM (Dung dịch Natri Hydroxit đối với IC, Sigma-Aldrich), và tốc độ dòng là 1,2 ml/phút.

Phân tích hydrat cacbon: Một trăm mg (trọng lượng khô) bột gỗ được thủy phân bằng axit sulphuric [3 ml, 72% (trọng lượng/trọng lượng)] trong 1 giờ ở 30°C. Hỗn hợp phản ứng được pha loãng đến nồng độ axit sulphuric 2,5% bằng cách sử dụng nước khử ion và được hấp trong 1 giờ ở 120°C. Sau khi ly tâm (14.000 g trong

20 phút), phần nổi được thu gom và phân tích hàm lượng monosacarit bằng cách sử dụng hệ thống ICS-3000.

Kết quả

Tốc độ sản sinh glucoza: Tốc độ sản sinh glucoza (GPR), tức là, glucoza được tạo thành trong pha ban đầu của phản ứng enzym, được thể hiện trên Fig.1. Không có bước xử lý sơ bộ, GPR trung bình của dòng chuyển gen, 3,23 g L^{-1} h^{-1}, là cao hơn 13% so với GPR của kiểu dại (2,87 g L^{-1} h^{-1}), nhưng khác biệt này là không có ý nghĩa thống kê ($P<0,05$). Với bước xử lý sơ bộ, GPR trung bình của ba dòng chuyển gen là 8,65 g L^{-1} h^{-1}, trong khi GPR của kiểu dại chỉ là 7,45 g L^{-1} h^{-1}. Mức tăng GPR 16% này ở các dòng chuyển gen so với GPR của kiểu dại là cao hơn có ý nghĩa ($P<0,05$).

Sản lượng các monosacarit và axit axetic: Bảng 1 thể hiện sản lượng của các monosacarit và axit axetic trong các sản phẩm thủy phân bằng enzym và trong chất lỏng xử lý sơ bộ. Bảng này cũng thể hiện các sản lượng monosacarit khi đường trong các phân đoạn khác nhau được bổ sung cùng nhau, tức là bổ sung một cách riêng rẽ, một cách tổng cộng, và được chia thành các pentoza (arabinoza và xyloza) và các hexoza (galactoza, glucoza và manoza).

Không có bước xử lý sơ bộ, H12.1 thể hiện sản lượng glucoza cao hơn 43% và sản lượng manoza cao hơn 28% so với kiểu dại ($P<0,05$). Dòng H12.3 thể hiện sản lượng manoza cao hơn 23% so với kiểu dại ($P<0,05$). Sản lượng glucoza trung bình của các dòng chuyển gen là cao hơn 28% so với sản lượng glucoza trung bình của kiểu dại ($P<0,06$).

Khác biệt về sản lượng sau khi xử lý sơ bộ là không có ý nghĩa (Bảng 15). Điều này có thể cho là do thực tế là hydrat cacbon được thủy phân ít hơn trong các phép đo GPR (trong cả mẫu không được xử lý sơ bộ và mẫu được xử lý sơ bộ) và trong các phép đo sản lượng của các mẫu không được xử lý sơ bộ so với trong các phép đo sản lượng của các mẫu được xử ý sơ bộ.

Bảng 15: Sản lượng đường và axit trong các sản phẩm thủy phân bằng enzym (sau 72 giờ phản ứng) và trong chất lỏng xử lý sơ bộ.

Đường hóa		Sản lượng đường/axit axetic (g/g)	#H-H12.1 [5]	#H-H12.2 [5]	#H-H12.3 [3]	T89	P (3 dòng so với T 89)
Không có xử lý sơ bộ	Xử lý sơ bộ bằng axit	$Y_{Ara/w}$	0,0042±0,00(126)	0,0042±0,00(98,2)	0,0033±0,00(80,5)	0,0028±0,00(100)	0,024
		$Y_{Gal/w}$	0,0176±0,00 (155)	0,0175±0,00(155)	0,0145±0,00(129)	0,0113±0,00(100)	0,16
		$Y_{Glu/w}$	0,1962±0,02(143)*	0,1670±0,06(122)	0,1638±0,02(120)	0,1365±0,01(100)	0,053
		$Y_{Xyl/w}$	0,0311±0,00(112)	0,0271±0,00(97,8)	0,0317±0,00(114)	0,0277±0,00(100)	0,524
		$Y_{Man/w}$	0,0091±0,00(128)*	0,0073±0,00(103)	0,0087±0,00(123)*	0,0071±0,00(100)	0,133
		$Y_{axit\ axetic}$	0,017±0,002(101)	0,017±0,002(102)	0,017±0,001(101)	0,017±0,002(100)	0,773
	Chất lỏng xử lý sơ bộ	$Y_{Ara/w}$	0,005±0,002(77,2)	0,006±0,001(90)	0,007±0,003(98.2)	0,007±0,002(100)	0,473
		$Y_{Gal/w}$	0,009±0,004(95,7)	0,012±0,004(120)	0,011±0,002(117)	0,010±0,004(100)	0,645
		$Y_{Glu/w}$	0,043±0,016(80,7)	0,044±0,020(82,2)	0,048±0,023(91,1)	0,053±0,014(100)	0,356
		$Y_{Xyl/w}$	0,079±0,036(74,9)	0,085±0,028(80,8)	0,103±0,047(97,2)	0,106 ±0,030(100)	0,300
		$Y_{Man/w}$	0,010±0,005(82)	0,010±0,003(80,8)	0,012±0,006(99,7)	0,012±0,003(100)	0,464
		$Y_{axit\ axetic}$	0,072±0,021(117)	0,080±0,024(131)	0,070±0,007(114)	0,061±0,012(100)	0,175
	Sản phẩm thủy phân enzym	$Y_{Ara/w}$	0,0004±0,00(179)	0,0003±0,00(113)	0,0003±0,00(123)	0,0002±0,00(100)	0,443
		$Y_{Gal/w}$	0,001±0,00(89,6)	0,001±0,00(93,6)	0,001±0,00(88,8)	0,001±0,00(100)	0,395
		$Y_{Glu/w}$	0,318±0,03(106)	0,302±0,04(101)	0,314±0,03(105)	0,298±0,02(100)	0,477
		$Y_{Xyl/w}$	0,005±0,001(125)	0,006±0,002(154)	0,005±0,002(133)	0,004±0,001(100)	0,151
		$Y_{Man/w}$	0,003±0,001(90,1)	0,003±0,001(102)	0,003±0,004(106)	0,003±0,00(100)	0,916
Không có xử lý sơ bộ	Chất lỏng xử lý sơ bộ + sản phẩm thủy phân enzym	$Y_{Ara/w}$	0,005±0,002(80,8)	0,006±0,001(91)	0,007±0,003(99,1)	0,007±0,002(100)	0,515
		$Y_{Gal/w}$	0,010±0,004(94,7)	0,013±0,004(116)	0,012±0,002(113)	0,011±0,003(100)	0,695
		$Y_{Glu/w}$	0,361±0,029(102)	0,346±0,049(98,4)	0,363±0,018(103)	0,351±0,020(100)	0,798
		$Y_{Xyl/w}$	0,084±0,036(76,8)	0,091±0,028(83,6)	0,108 ±0,046(98.6)	0,109 ±0,030(100)	0/344
		$Y_{Man/w}$	0,013±0,006(84)	0,013±0,003(86)	0,016±0,005(101)	0,015±0,003(100)	0,468
	Chất lỏng xử lý sơ bộ + Sản phẩm thủy phân enzym	$Y_{Hexoza/w}$	0,385±0,029(101)	0,373±0,053(98,4)	0,392±0,015(103)	0,378±0,023(100)	0,850
		$Y_{Pentoza/w}$	0,090±0,039(77,0)	0,098±0,030(84,0)	0,115±0,050(98,6)	0,116±0,032(100)	0,352
		$Y_{Monosacarit/w}$	0,475±0,054(95,6)	0,471±0,070(95,0)	0,507±0,055(102)	0,495±0,049(100)	0,630

Phân tích hàm lượng hydrat cacbon: Fig.2 thể hiện hàm lượng hydrat cacbon của cây dương lá rung chuyển gen và cây dương lá rung lai kiểu dại. Khác biệt giữa các dòng chuyển gen và kiểu dại là nhỏ. Điều này phù hợp với dữ liệu Py-GC-MS, dữ liệu này cũng thể hiện sự khác biệt nhỏ giữa các dòng chuyển gen và kiểu dại (bảng 16). Kết luận là, vì sự khác biệt về thành phần hóa học là nhỏ, nên xenluloza trong các dòng chuyển gen là nhạy hơn một cách đáng kể với sự phân cắt bằng enzym và sự phá hủy của cấu trúc gỗ dạng polyme.

Bảng 16: Phân tích Py-GC/MS đối với các dòng chuyển gen và kiểu dại.

Thành phần vách tế bào (%)	#H-H12.1 [5]	#H-H12.2 [5]	#H-H12.3 [3]	T89
Hydrat cacbon liên quan	83,72±1,57(101)	82,72±1,28(99,9)	83,35±1,88(100)	82,74±1,57(100)
Lignin	15,21±1,55(93,5)	16,22±1,26(99,8)	15,63±1,86(96,1)	16,25±1,56(100)
S	8,31±0,96(93,0)	9,44±0,70(105)	8,54±1,33(95,6)	8,93±1,12(100)
G	5,34±0,60(95,0)	5,35±0,42(95,1)	5,30±0,30(94,1)	5,62±0,51(100)
H	1,30±0,24(91,4)	1,17±0,24(82,0)	1,53±0,26(107)	1,43±0,30(100)
S/G	1,55±0,11(97,8)	1,76±0,045(110)*	1,60±0,17 (101)	1,60±0,16(100)
P	0,24±0,01(92,2)	0,26±0,04(98,9)	0,25±0,03(97,2)	0,26±0,04(100)

Ví dụ 12: Sự sinh trưởng của *Arabidopsis thaliana* được tăng cường bằng sự biểu hiện của gen chuyển mã hóa ortholog STT632

Dựa trên phân tích phát sinh chủng loài, ortholog của STT632 (TF0137) tương ứng với gen AT2G38470 trong *Arabidopsis thaliana* với trình tự axit nucleic nêu trong SEQ ID No: 53. Gen ortholog này, mã hóa trình tự axit amin nêu trong SEQ ID No: 54, được tách dòng dưới sự kiểm soát của promotơ 35S tạo ra cấu trúc AtTF0137, cấu trúc này được biểu hiện quá mức trong thực vật.

Phương pháp

Tách dòng gen AT2G38470: Dựa trên trình tự đã biết của nó, trình tự mã hóa của gen *Arabidopsis thaliana* AT2G38470 được tổng hợp (Genscript), chặn bằng các điểm tái tổ hợp để tách dòng Gateway tiếp theo. Gen được tổng hợp được tách dòng

phụ vào vectơ biểu hiện quá mức nhị thể pK2GW7 sử dụng bộ tách dòng tái tổ hợp LR Gateway (Invitrogen), trong đó gen được đặt dưới sự kiểm soát của promotơ CaMV 35S. Gen được tách dòng này được xác minh bằng cách sử dụng cách thủy phân giới hạn vectơ pK2GW7 cuối cùng với đoạn xen và bằng cách giải trình tự.

Biến nạp thực vật: Cấu trúc này, AtTF0137, được biến nạp vào *Arabidopsis thaliana* col-0 bằng phương pháp biến nạp Floral dip.

Sự sinh trưởng thực vật: Các dòng *Arabidopsis thaliana* chuyển gen của AtTF0137, được sinh trưởng cùng với các thực vật đối chứng kiểu dại của chúng (col-0), trong khoang sinh trưởng, ngắn ngày (8 giờ). Các cây này được bón phân hàng tuần. Các cây này được sinh trưởng trong 3 tuần trước khi thu hoạch. Trong quá trình này, đường kính của cây dạng hoa thị được đo một lần mỗi tuần.

Kết quả

Đường kính đo được của các dạng hoa thị của các cây *Arabidopsis thaliana* chuyển gen được biến nạp bằng gen được chọn được thể hiện trong bảng dưới đây. Hai dòng, AtTF0137- dòng 2 và – dòng 4, thể hiện mức sinh trưởng gia tăng đáng kể so với cây kiểu dại col-0.

Bảng 17: Sự sinh trưởng gia tăng của *Arabidopsis thaliana*.

Đường kính dạng hoa thị sau 3 tuần			Dòng so với col-1
Tên dòng	Trung bình	Stedv	Kiểm định t
AtTF0137- dòng 1	5,3	1,1	0,14
AtTF0137- dòng 2	7,9	1,6	0,05
AtTF0137- dòng 3	4,4	0,9	0,03
AtTF0137- dòng 4	8,6	1,0	0,01
AtTF0137- dòng 5	5,2	0,5	0,01
Col-1	6,4	1,1	

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Phương pháp sản xuất cây gỗ biến đổi gen có sinh khối và/hoặc tỷ trọng gỗ gia tăng so với cây gỗ không được biến đổi gen tương ứng của cùng loài, trong đó phương pháp này bao gồm các bước:

a) tăng cường mức độ biểu hiện của ít nhất một polypeptit có trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 2 hoặc ortholog của nó, trong đó trình tự axit amin của polypeptit ortholog này có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24 và 26 trong cây gỗ, tế bào cây gỗ hoặc một phần của nó;

b) tạo ra và/hoặc chọn lọc cây gỗ, tế bào cây gỗ hoặc một phần của nó có sinh khối gia tăng và/hoặc tỷ trọng gỗ cải thiện so với cây gỗ không được biến đổi gen tương ứng; và

c) trồng cây gỗ, tế bào cây gỗ hoặc một phần của nó trong các điều kiện mà cho phép phát triển cây gỗ.

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

d) tự lai hoặc lai chéo cây gỗ được biến đổi gen với bản thân nó hoặc cây gỗ khác để sản xuất hạt giống; và

e) trồng cây gỗ con từ hạt này, trong đó cây gỗ con này có sinh khối và/hoặc tỷ trọng gỗ gia tăng.

3. Phương pháp theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 2, trong đó polypeptit được mã hóa bằng phân tử axit nucleic có trình tự nucleotit được chọn trong số SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25.

4. Phương pháp theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 3, trong đó bước tăng cường sự biểu hiện của ít nhất một polypeptit gồm việc đưa vào ít nhất một tế bào cây gỗ:

a) ít nhất một phân tử axit nucleic mã hóa polypeptit, trong đó trình tự axit amin của polypeptit này là SEQ ID NO: 2; hoặc

b) ít nhất một phân tử axit nucleic, trong đó trình tự nucleotit của phân tử này là SEQ ID NO: 1; và

c) ít nhất một trình tự điều hòa được liên kết bằng cách xử lý với ít nhất một phân tử axit nucleic của (a) hoặc (b).

5. Phương pháp theo điểm 4, còn bao gồm các bước:

d) tạo ra vectơ chứa ít nhất một phân tử axit nucleic (a) hoặc (b), và ít nhất một trình tự điều hòa (c); và

e) biến nạp ít nhất một tế bào cây gỗ bằng vectơ này.

6. Phương pháp theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 5, trong đó cây gỗ được biến đổi gen là cây gỗ cứng được chọn từ nhóm bao gồm cây keo, cây bạch đàn, cây trăn, cây cử, cây dái ngựa, cây óc chó, cây sồi, cây tần bì, cây liễu, cây mại châu, cây bu lô, cây hạt dẻ, cây dương, cây tống quán sủ, cây dương lá rung, cây phong, cây sung dâu, cây bạch quả, cây cọ, cây gôm ngọt (sweet gum), cây bách, cây linh sam Douglas, cây linh sam, cây củ tùng, cây độc cần, cây tuyết tùng, cây bách xù, cây thông rụng lá, cây thông, cây gỗ đỏ, cây vân sam và cây thủy tùng.

7. Cây gỗ được biến đổi gen có sinh khối và/hoặc tỷ trọng gỗ gia tăng so với cây gỗ không được biến đổi gen tương ứng của cùng loài, trong đó cây gỗ được biến đổi gen này biểu hiện mức tăng cường của ít nhất một polypeptit có trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 2 hoặc ortholog của nó, trong đó trình tự axit amin của polypeptit đã nêu có mức độ đồng nhất về trình tự ít nhất là 70% so với trình tự được chọn trong số SEQ ID NO: 2.

8. Cây gỗ được biến đổi gen theo điểm 7, trong đó cây gỗ được biến đổi gen này được chọn từ nhóm bao gồm cây keo, cây bạch đàn, cây trăn, cây cử, cây dái ngựa, cây óc chó, cây sồi, cây tần bì, cây liễu, cây mại châu, cây bu lô, cây hạt dẻ, cây dương, cây tống quán sủ, cây dương lá rung, cây phong, cây sung dâu, cây bạch quả, cây cọ, cây gôm ngọt (sweet gum), cây bách, cây linh sam Douglas, cây linh sam, cây củ tùng, cây độc cần, cây tuyết tùng, cây bách xù, cây thông rụng lá, cây thông, cây gỗ đỏ, cây vân sam và cây thủy tùng.

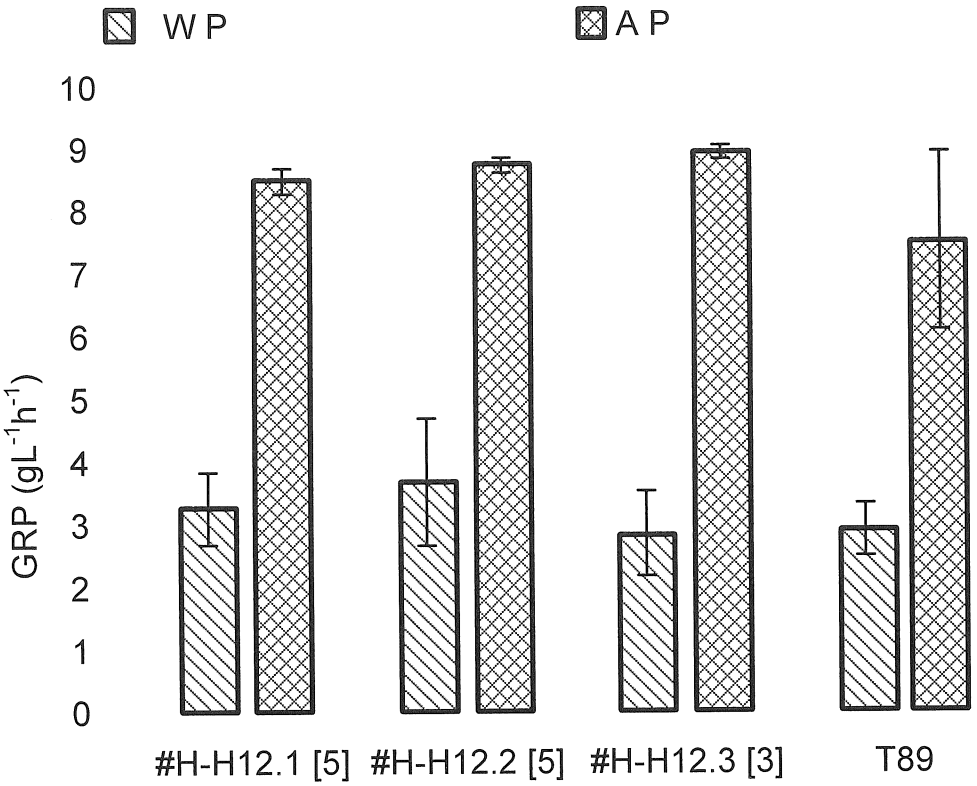


Fig 1

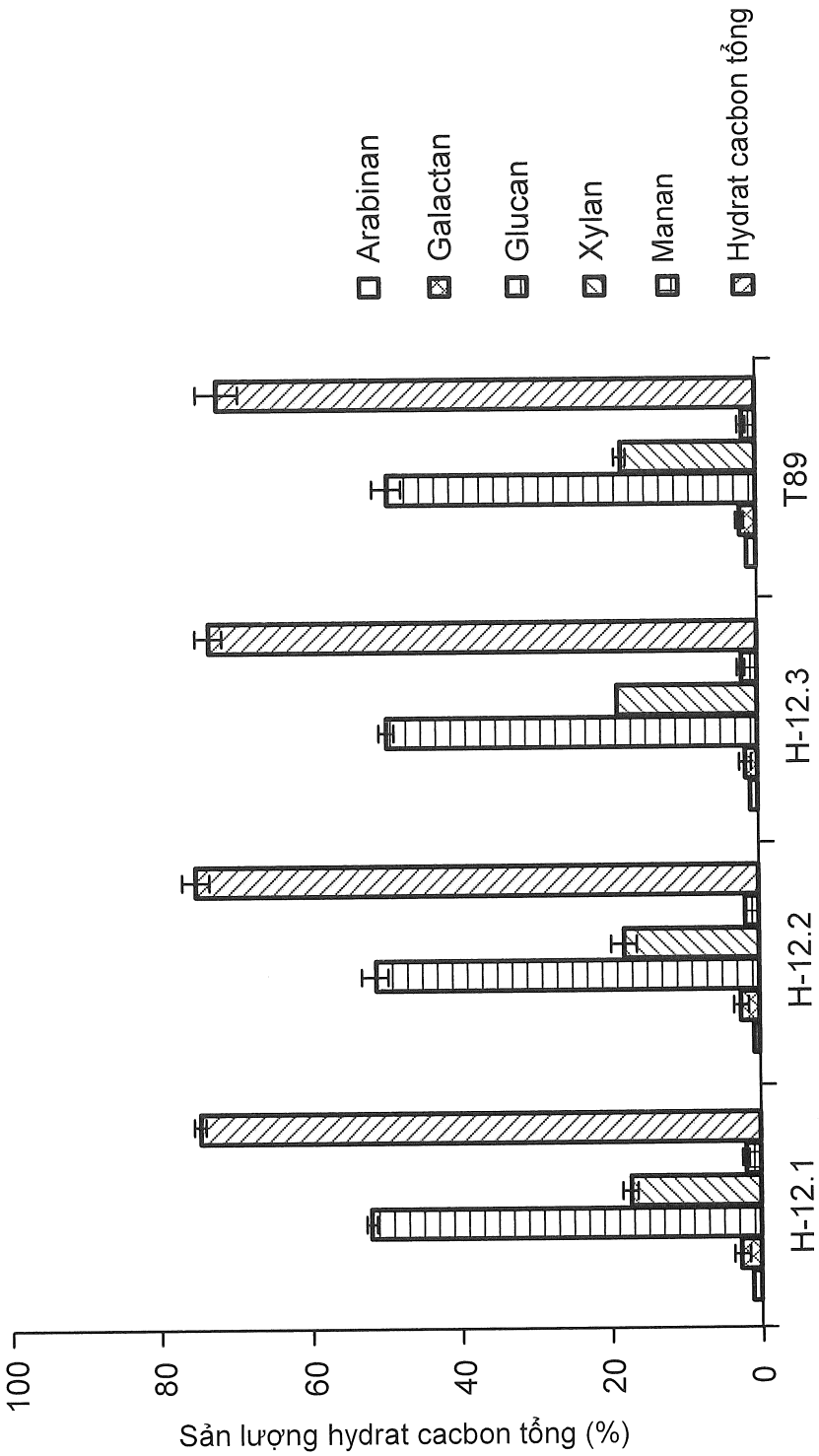

Arabinan
Galactan
Glucan
Xylan
Manan
Hydrat cacbon tổng
T89
H-12.3
H-12.2
H-12.1
100
80
60
40
20
0
Sản lượng hydrat cacbon tổng (%)

Fig 2

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> SweTree Technologies AB

<120> PHƯƠNG PHÁP SẢN XUẤT CÂY GỖ BIẾN ĐỔI GEN VÀ CÂY GỖ ĐƯỢC BIẾN ĐỔI GEN

<130> P1874PC00

<150> PA201470833
<151> 2014-12-29

<160> 144

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 810
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(810)
<223> Gen (STT74) mã hóa protein màng kết hợp với túi

<400> 1

```
atg cct ttt tgg caa aca agc act ggc act ggc act ggc aat ggc aat          48
Met Pro Phe Trp Gln Thr Ser Thr Gly Thr Gly Thr Gly Asn Gly Asn
1               5                  10                  15

gcc act tct tct tca act aac acc acc act tct tct tct tca aca tct          96
Ala Thr Ser Ser Ser Thr Asn Thr Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Ser
            20                  25                  30

tca agt tcc atg agc agt aat aac agt aat ggc aac aat ggt tgt cag         144
Ser Ser Ser Met Ser Ser Asn Asn Ser Asn Gly Asn Asn Gly Cys Gln
        35                  40                  45

cag aac caa agt aac cag ctt gga gag gca aga tca agt ctt tat tat         192
Gln Asn Gln Ser Asn Gln Leu Gly Glu Ala Arg Ser Ser Leu Tyr Tyr
    50                  55                  60

tca aca aat gca atg tct ttt gtt acc aag tct ttg ttg cct act aga         240
Ser Thr Asn Ala Met Ser Phe Val Thr Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg
65                  70                  75                  80
```

```
aga aga ctc agg ctt gat cct cct aac aag ctc ttc ttc cct tat gaa          288
Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Pro Tyr Glu
                85                  90                  95

cca gga aaa cag gtt agg agt gcc att ggc ata aaa aac act agc aag          336
Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Gly Ile Lys Asn Thr Ser Lys
            100                 105                 110

tct cat gta gct ttc aag ttc caa aca act gca cca aag agc tgt tac          384
Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr
        115                 120                 125

atg cgt cct ccc ggg gct ata ctt gca cct ggt gaa agt ctt att gca          432
Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Ile Ala
    130                 135                 140

act gta ttc aag ttt gtg gag cct cca gag aac aat gag aga cta ctg          480
Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Arg Leu Leu
145                 150                 155                 160

gat cag aag agc agg gta aag ttc aag atc atg agc ttg aaa gtg aaa          528
Asp Gln Lys Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
                165                 170                 175

gga gaa atg gaa tat gtt cct gag atg ttt gat gag cag aag gat caa          576
Gly Glu Met Glu Tyr Val Pro Glu Met Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
            180                 185                 190

gta gca gtt gag caa att tta cga gtt gtt ttt ctt gat cca gaa tgc          624
Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Glu Cys
        195                 200                 205

cct agt cct gca ctg gaa aag ctt aaa aga caa ctg gct gag gct gaa          672
Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu
    210                 215                 220

gct gag ctc gaa gca cgc aag aag cct cca gaa gat gca ggc ccc aga          720
Ala Glu Leu Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Arg
225                 230                 235                 240

gtt gtt ggc gaa gga ctt gtt ata gat gag tgg aaa gag cgg agg gaa          768
Val Val Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu
                245                 250                 255

aga tac ctg gca cgc cag cag gtt gaa gtt gat tct gtg tga                  810
Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val Glu Val Asp Ser Val
            260                 265
```

<210> 2
<211> 269
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 2

Met Pro Phe Trp Gln Thr Ser Thr Gly Thr Gly Thr Gly Asn Gly Asn
1 5 10 15

Ala Thr Ser Ser Ser Thr Asn Thr Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Ser
20 25 30

Ser Ser Ser Met Ser Ser Asn Asn Ser Asn Gly Asn Asn Gly Cys Gln
35 40 45

Gln Asn Gln Ser Asn Gln Leu Gly Glu Ala Arg Ser Ser Leu Tyr Tyr
50 55 60

Ser Thr Asn Ala Met Ser Phe Val Thr Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg
65 70 75 80

Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Pro Tyr Glu
85 90 95

Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Gly Ile Lys Asn Thr Ser Lys
100 105 110

Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr
115 120 125

Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Ile Ala
130 135 140

Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Arg Leu Leu
145 150 155 160

Asp Gln Lys Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
165 170 175

Gly Glu Met Glu Tyr Val Pro Glu Met Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
180 185 190

Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Glu Cys
195 200 205

Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu
210 215 220

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

Val Val Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu
245 250 255

Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val Glu Val Asp Ser Val
260 265

<210> 3
<211> 906
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(906)
<223> Gen (Potri.013G147800), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 3
aac tat tca agt ttt cca tct ttt aaa gca gag agt gaa aga agc ctt 48
Asn Tyr Ser Ser Phe Pro Ser Phe Lys Ala Glu Ser Glu Arg Ser Leu
1 5 10 15

```
tgg agt ctt tgc aag atg cca ttt tgg caa aca agc aat ggc aat ggc          96
Trp Ser Leu Cys Lys Met Pro Phe Trp Gln Thr Ser Asn Gly Asn Gly
            20                  25                  30

aat gcc gct tct tct tct act act acc act tct tca tct tcg aca tct         144
Asn Ala Ala Ser Ser Ser Thr Thr Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Ser
        35                  40                  45

tca agt tcc atg agt agt aat aac agt aat ggc aat aat ggt tgt caa         192
Ser Ser Ser Met Ser Ser Asn Asn Ser Asn Gly Asn Asn Gly Cys Gln
    50                  55                  60

cag aac caa agt aac cag ctt gga gag aca aga tcg agt ctt tat tat         240
Gln Asn Gln Ser Asn Gln Leu Gly Glu Thr Arg Ser Ser Leu Tyr Tyr
65                  70                  75                  80

tcg act aat gca ata tcg ttt gtt act aag tct ttg ttg cct act aga         288
Ser Thr Asn Ala Ile Ser Phe Val Thr Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg
                85                  90                  95

aga aga ctc agg ctt gat cct cct aac aag ctc ttc ttt cct tat gaa         336
Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Pro Tyr Glu
            100                 105                 110

cca ggt aaa cag gtt agg agt gca att ggc atc aag aac act tgc aag         384
Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Gly Ile Lys Asn Thr Cys Lys
        115                 120                 125

tat cat gta gct ttc aag ttc caa acg act gca cca aag agc tgt tac         432
Tyr His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr
    130                 135                 140

atg cgt cct ccc ggg gct ata ctt gct cct gga gaa agt ctt acc gca         480
Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Thr Ala
145                 150                 155                 160

act gta ttc aag ttt gtg gaa cca cca gag aac aat gat aga caa atg         528
Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Asp Arg Gln Met
                165                 170                 175

gat cag agg agc agg gtt aag ttc aag atc atg agc ttg aaa gtg aaa         576
Asp Gln Arg Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
            180                 185                 190

gga gaa atg gaa tat gtt cct gag atg ttt gac gag cag aag gat caa         624
Gly Glu Met Glu Tyr Val Pro Glu Met Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
        195                 200                 205
```

```
gta gca gtt gag caa att ctg cga gta att ttt ctt gat cca gaa tgc          672
Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu Asp Pro Glu Cys
    210                 215                 220

cct agc cct gca ctg gaa aaa ctt aaa aga caa ctg gct gag gct gaa          720
Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu
225                 230                 235                 240

gct gag ctt gag gca cgc aag aag cct ccg gaa gac gca ggt ccc cga          768
Ala Glu Leu Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Arg
                245                 250                 255

gtc gtc aac gaa gga ctt gtt ata gat gag tgg gta aga aag agc gga          816
Val Val Asn Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Val Arg Lys Ser Gly
            260                 265                 270

ggg aaa gat acc tgg cac gcc agc agg ttg aag ttg att ctg tgt gaa          864
Gly Lys Asp Thr Trp His Ala Ser Arg Leu Lys Leu Ile Leu Cys Glu
        275                 280                 285

agt tct gtt tcc ttt tct tgc aat gtt ttt tcc ttg agc tga                  906
Ser Ser Val Ser Phe Ser Cys Asn Val Phe Ser Leu Ser
    290                 295                 300
```

<210> 4
<211> 301
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 4

```
Asn Tyr Ser Ser Phe Pro Ser Phe Lys Ala Glu Ser Glu Arg Ser Leu
1               5                   10                  15

Trp Ser Leu Cys Lys Met Pro Phe Trp Gln Thr Ser Asn Gly Asn Gly
            20                  25                  30

Asn Ala Ala Ser Ser Ser Thr Thr Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Ser
        35                  40                  45

Ser Ser Ser Met Ser Ser Asn Asn Ser Asn Gly Asn Asn Gly Cys Gln
    50                  55                  60
```

Gln Asn Gln Ser Asn Gln Leu Gly Glu Thr Arg Ser Ser Leu Tyr Tyr
65 70 75 80

Ser Thr Asn Ala Ile Ser Phe Val Thr Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg
85 90 95

Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Pro Tyr Glu
100 105 110

Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Gly Ile Lys Asn Thr Cys Lys
115 120 125

Tyr His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr
130 135 140

Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Thr Ala
145 150 155 160

Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Asp Arg Gln Met
165 170 175

Asp Gln Arg Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
180 185 190

Gly Glu Met Glu Tyr Val Pro Glu Met Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
195 200 205

Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu Asp Pro Glu Cys
210 215 220

Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu
225 230 235 240

Ala Glu Leu Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Arg

245 250 255

Val Val Asn Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Val Arg Lys Ser Gly
260 265 270

Gly Lys Asp Thr Trp His Ala Ser Arg Leu Lys Leu Ile Leu Cys Glu
275 280 285

Ser Ser Val Ser Phe Ser Cys Asn Val Phe Ser Leu Ser
290 295 300

<210> 5
<211> 810
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(810)
<223> Gen (Potri.019G116400), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 5

atg cct ttt tgg caa aca agc act ggc act ggc act ggc aat ggc aat 48
Met Pro Phe Trp Gln Thr Ser Thr Gly Thr Gly Thr Gly Asn Gly Asn
1 5 10 15

gcc act tct tct tca act aac acc acc act tct tct tct tca aca tct 96
Ala Thr Ser Ser Ser Thr Asn Thr Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Ser
20 25 30

tca agt tcc atg agc agt aat aac agt aat ggc aac aat ggt tgt cag 144
Ser Ser Ser Met Ser Ser Asn Asn Ser Asn Gly Asn Asn Gly Cys Gln
35 40 45

cag aac caa agt aac cag ctt gga gag gca aga tca agt ctt tat tat 192
Gln Asn Gln Ser Asn Gln Leu Gly Glu Ala Arg Ser Ser Leu Tyr Tyr
50 55 60

tca aca aat gca atg tct ttt gtt acc aag tct ttg ttg cct act aga 240
Ser Thr Asn Ala Met Ser Phe Val Thr Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg
65 70 75 80

```
aga aga ctc agg ctt gat cct cct aac aag ctc ttc ttc cct tat gaa          288
Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Pro Tyr Glu
                85                  90                  95

cca gga aaa cag gtt agg agt gcc att ggc ata aaa aac act agc aag          336
Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Gly Ile Lys Asn Thr Ser Lys
            100                 105                 110

tct cat gta gct ttc aag ttc caa aca act gca cca aag agc tgt tac          384
Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr
        115                 120                 125

atg cgt cct ccc ggg gct ata ctt gca cct ggt gaa agt ctt att gca          432
Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Ile Ala
    130                 135                 140

act gta ttc aag ttt gtg gag cct cca gag aac aat gag aga cta ctg          480
Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Arg Leu Leu
145                 150                 155                 160

gat cag aag agc agg gta aag ttc aag atc atg agc ttg aaa gtg aaa          528
Asp Gln Lys Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
                165                 170                 175

gga gaa atg gaa tat gtt cct gag atg ttt gat gag cag aag gat caa          576
Gly Glu Met Glu Tyr Val Pro Glu Met Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
            180                 185                 190

gta gca gtt gag caa att tta cga gtt gtt ttt ctt gat cca gaa tgc          624
Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Glu Cys
        195                 200                 205

cct agt cct gca ctg gaa aag ctt aaa aga caa ctg gct gag gct gaa          672
Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu
    210                 215                 220

gct gag ctc gaa gca cgc aag aag cct cca gaa gat gca ggc ccc aga          720
Ala Glu Leu Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Arg
225                 230                 235                 240

gtt gtt ggc gaa gga ctt gtt ata gat gag tgg aaa gag cgg agg gaa          768
Val Val Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu
                245                 250                 255

aga tac ctg gca cgc cag cag gtt gaa gtt gat tct gtg tga                  810
Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val Glu Val Asp Ser Val
```

260 265

<210> 6
<211> 269
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 6

Met Pro Phe Trp Gln Thr Ser Thr Gly Thr Gly Thr Gly Asn Gly Asn
1 5 10 15

Ala Thr Ser Ser Ser Thr Asn Thr Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Ser
20 25 30

Ser Ser Ser Met Ser Ser Asn Asn Ser Asn Gly Asn Asn Gly Cys Gln
35 40 45

Gln Asn Gln Ser Asn Gln Leu Gly Glu Ala Arg Ser Ser Leu Tyr Tyr
50 55 60

Ser Thr Asn Ala Met Ser Phe Val Thr Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg
65 70 75 80

Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Pro Tyr Glu
85 90 95

Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Gly Ile Lys Asn Thr Ser Lys
100 105 110

Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr
115 120 125

Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Ile Ala
130 135 140

Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Arg Leu Leu

145 150 155 160

Asp Gln Lys Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
165 170 175

Gly Glu Met Glu Tyr Val Pro Glu Met Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
180 185 190

Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Glu Cys
195 200 205

Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu
210 215 220

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

Val Val Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu
245 250 255

Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val Glu Val Asp Ser Val
260 265

<210> 7
<211> 795
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(795)
<223> Gen (Potri.001G408200), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 7
atg gca ata tct gac cga cat aaa acc aac ggc gac cac agc atg aag 48
Met Ala Ile Ser Asp Arg His Lys Thr Asn Gly Asp His Ser Met Lys
1 5 10 15

```
ctg ttt agg ctc tgt cct ttc tgg caa gcg gca act aac tct tcc tct      96
Leu Phe Arg Leu Cys Pro Phe Trp Gln Ala Ala Thr Asn Ser Ser Ser
            20                  25                  30

tcg tcg tct aca caa aac ctc aac cac agt cat aac ggt ggc agc aac     144
Ser Ser Ser Thr Gln Asn Leu Asn His Ser His Asn Gly Gly Ser Asn
        35                  40                  45

agt agc cga agc gcg gcg gtt aat agt agc ggt ttg aag tca acg aca     192
Ser Ser Arg Ser Ala Ala Val Asn Ser Ser Gly Leu Lys Ser Thr Thr
    50                  55                  60

gtt tct tct gtt gca cga tcg ctt tta ccc act cgg cga agg ctc cgg     240
Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Thr Arg Arg Arg Leu Arg
65                  70                  75                  80

ctt gat cct tct aat aat ctc tac ttc cct tac gaa ccc ggg aag caa     288
Leu Asp Pro Ser Asn Asn Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln
                85                  90                  95

gta aaa agc gca gta agg tta aaa aac aca agc aag tct cat gtt gct     336
Val Lys Ser Ala Val Arg Leu Lys Asn Thr Ser Lys Ser His Val Ala
            100                 105                 110

ttt aag ttt caa aca act gca ccg aag agc tgt tat atg cgt ccg ccc     384
Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro
        115                 120                 125

ggt ggt att ctt gct cca gga gag agc ctt att gcg acg gtt ttc aag     432
Gly Gly Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Ile Ala Thr Val Phe Lys
    130                 135                 140

ttt gtg gat cca ccg gag aac aat gaa aaa caa ttg gac cag aaa agc     480
Phe Val Asp Pro Pro Glu Asn Asn Glu Lys Gln Leu Asp Gln Lys Ser
145                 150                 155                 160

aag gct aaa ttc aag att gtg agt ttg aaa gtg aag gga gga ttg gag     528
Lys Ala Lys Phe Lys Ile Val Ser Leu Lys Val Lys Gly Gly Leu Glu
                165                 170                 175

tat gtg cct gaa ctg ttt gat gaa caa aag gat caa gta aca gtt gag     576
Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Thr Val Glu
            180                 185                 190

cga gta ttg cgg gtt gtg ttt tta gat gca gag cgt cct agt cct gca     624
Arg Val Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Ala Glu Arg Pro Ser Pro Ala
```

195 200 205

atg gag aaa ttg aag cgt caa ttg gct gaa gca gaa gct gct ctt gaa 672
Met Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu Ala Ala Leu Glu
210 215 220

gta cgc aag aaa cct cca cca gac aca ggc ccc cct gtt gtt ggg gaa 720
Val Arg Lys Lys Pro Pro Pro Asp Thr Gly Pro Pro Val Val Gly Glu
225 230 235 240

ggt ctt gtt att gat gaa tgg aaa gag cgg cga gaa aag tac ctg gct 768
Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala
245 250 255

cga caa cag gtt gaa gca gta cag taa 795
Arg Gln Gln Val Glu Ala Val Gln
260

<210> 8
<211> 264
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 8

Met Ala Ile Ser Asp Arg His Lys Thr Asn Gly Asp His Ser Met Lys
1 5 10 15

Leu Phe Arg Leu Cys Pro Phe Trp Gln Ala Ala Thr Asn Ser Ser Ser
20 25 30

Ser Ser Ser Thr Gln Asn Leu Asn His Ser His Asn Gly Gly Ser Asn
35 40 45

Ser Ser Arg Ser Ala Ala Val Asn Ser Ser Gly Leu Lys Ser Thr Thr
50 55 60

Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Thr Arg Arg Arg Leu Arg
65 70 75 80

Leu Asp Pro Ser Asn Asn Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln

85 90 95

Val Lys Ser Ala Val Arg Leu Lys Asn Thr Ser Lys Ser His Val Ala
100 105 110

Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro
115 120 125

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

Phe Val Asp Pro Pro Glu Asn Asn Glu Lys Gln Leu Asp Gln Lys Ser
145 150 155 160

Lys Ala Lys Phe Lys Ile Val Ser Leu Lys Val Lys Gly Gly Leu Glu
165 170 175

Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Thr Val Glu
180 185 190

Arg Val Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Ala Glu Arg Pro Ser Pro Ala
195 200 205

Met Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu Ala Ala Leu Glu
210 215 220

Val Arg Lys Lys Pro Pro Pro Asp Thr Gly Pro Pro Val Val Gly Glu
225 230 235 240

Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala
245 250 255

Arg Gln Gln Val Glu Ala Val Gln
260

<210> 9
<211> 861
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(861)
<223> Gen (Potri.004G033500), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 9

```
atg gcc ata gcg gac cag aga tca cca acc gat aat act ccc agc aac          48
Met Ala Ile Ala Asp Gln Arg Ser Pro Thr Asp Asn Thr Pro Ser Asn
1               5                   10                  15

aac aac agt aaa gtg tgg gga ttc tta aag ctg ccg ttt tta gga gga          96
Asn Asn Ser Lys Val Trp Gly Phe Leu Lys Leu Pro Phe Leu Gly Gly
            20                  25                  30

agc aac act aat acg aca ccc tct tct tct act act aac act cct act         144
Ser Asn Thr Asn Thr Thr Pro Ser Ser Ser Thr Thr Asn Thr Pro Thr
        35                  40                  45

tca acg atg atg atg atg cag cag caa cag cag cag cac cac cac cac         192
Ser Thr Met Met Met Met Gln Gln Gln Gln Gln Gln His His His His
    50                  55                  60

cat aat cac cag ccc aac tcc cta atc gaa gga tcc aat cct cct ctt         240
His Asn His Gln Pro Asn Ser Leu Ile Glu Gly Ser Asn Pro Pro Leu
65                  70                  75                  80

gct tcc aat tct gtc tct tct gtt gct aga tcg ctg ttg ccg aca cgt         288
Ala Ser Asn Ser Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Thr Arg
                85                  90                  95

cgt cgt ctt aaa ctc gat cct tct tcc aag ctt tac ttt cct tat gaa         336
Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro Ser Ser Lys Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu
            100                 105                 110

cct ggc aag cag gtt cgc agt gcc atc agg att aaa aac act tgc aag         384
Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Arg Ile Lys Asn Thr Cys Lys
        115                 120                 125

tca cat gta gct ttt aag ttt caa aca act gca ccg aaa agc tgt ttc         432
Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Phe
```

```
    130                 135                 140

atg cgt cct cca ggg gct att ctt gca cct ggg gaa agt atc ata gct      480
Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Ile Ile Ala
145                 150                 155                 160

aca gtc ttc aag ttt att gaa cac cca gaa att aac gag aaa cca atg      528
Thr Val Phe Lys Phe Ile Glu His Pro Glu Ile Asn Glu Lys Pro Met
                165                 170                 175

gag cag aag agc agg gtt aaa ttt aaa atc atg agc ctg aag gtg aaa      576
Glu Gln Lys Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
            180                 185                 190

ggg gtc atg gac tat gta cct gag ctg ttt gat gag cag aaa gat caa      624
Gly Val Met Asp Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
        195                 200                 205

gta gca gta gag caa ata ttg cgg gtt ttt ttt cta aat cca gag cgt      672
Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Phe Phe Leu Asn Pro Glu Arg
    210                 215                 220

cct ggt cct gct ttg gaa aag ttg aag cgc cag ttg gct gat gct gat      720
Pro Gly Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Asp Ala Asp
225                 230                 235                 240

gca gct ctt gag gca cgc aag aaa cct cca gaa gat gca ggt ccg agg      768
Ala Ala Leu Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Arg
                245                 250                 255

att att ggt gaa gga cta gtg ata gat gaa tgg aaa gag cga agg gaa      816
Ile Ile Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu
            260                 265                 270

aga tac ctt gct cgg cag cag gtt gaa gga gta gac tcg gta tag          861
Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val Glu Gly Val Asp Ser Val
        275                 280                 285
```

<210> 10
<211> 286
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 10

Met Ala Ile Ala Asp Gln Arg Ser Pro Thr Asp Asn Thr Pro Ser Asn

1 5 10 15

Asn Asn Ser Lys Val Trp Gly Phe Leu Lys Leu Pro Phe Leu Gly Gly
20 25 30

Ser Asn Thr Asn Thr Thr Pro Ser Ser Ser Thr Thr Asn Thr Pro Thr
35 40 45

Ser Thr Met Met Met Met Gln Gln Gln Gln Gln Gln His His His His
50 55 60

His Asn His Gln Pro Asn Ser Leu Ile Glu Gly Ser Asn Pro Pro Leu
65 70 75 80

Ala Ser Asn Ser Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Thr Arg
85 90 95

Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro Ser Ser Lys Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu
100 105 110

Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Arg Ile Lys Asn Thr Cys Lys
115 120 125

Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Phe
130 135 140

Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Ile Ile Ala
145 150 155 160

Thr Val Phe Lys Phe Ile Glu His Pro Glu Ile Asn Glu Lys Pro Met
165 170 175

Glu Gln Lys Ser Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys
180 185 190

Gly Val Met Asp Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln
195 200 205

Val Ala Val Glu Gln Ile Leu Arg Val Phe Phe Leu Asn Pro Glu Arg
210 215 220

Pro Gly Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Asp Ala Asp
225 230 235 240

Ala Ala Leu Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Arg
245 250 255

Ile Ile Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu
260 265 270

Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val Glu Gly Val Asp Ser Val
275 280 285

<210> 11
<211> 873
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(873)
<223> Gen (Potri.011G041900), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 11
atg gtc ata gcg gac cag aga tca ccc gcc gat att acg aac aac aat 48
Met Val Ile Ala Asp Gln Arg Ser Pro Ala Asp Ile Thr Asn Asn Asn
1 5 10 15

aac aat aac aat aac aaa gtt tgg gga ctt ttt aaa ctg ccg ttt tta 96
Asn Asn Asn Asn Asn Lys Val Trp Gly Leu Phe Lys Leu Pro Phe Leu
20 25 30

gga gga agc gac gcg aac acg aca ccc tct tct tct tct act acc act 144
Gly Gly Ser Asp Ala Asn Thr Thr Pro Ser Ser Ser Ser Thr Thr Thr

```
        35                  40                  45

gct acc act cca act atg atg atg cag cag cag cag cag cag cac cac      192
Ala Thr Thr Pro Thr Met Met Met Gln Gln Gln Gln Gln Gln His His
    50                  55                  60

cat cac cac cat aac cac cag cac aac tcg caa att gaa gga tct tct      240
His His His His Asn His Gln His Asn Ser Gln Ile Glu Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80

aat cct cct cac cct tcc aat tct gtc tct tct gtt gct aga tcg ctt      288
Asn Pro Pro His Pro Ser Asn Ser Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu
                85                  90                  95

ttg cct act cgt cgt cgt ctt aaa ctc gat cca gct tct aag ctt tac      336
Leu Pro Thr Arg Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro Ala Ser Lys Leu Tyr
            100                 105                 110

ttt cct tat gaa cct ggc aag cag gtc cgg agt gcc atc agg att aaa      384
Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Arg Ile Lys
        115                 120                 125

aac act agc aag tca cat gta gcg ttt aag ttt caa aca act gca ccg      432
Asn Thr Ser Lys Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro
    130                 135                 140

aaa agc tgt ttc atg cgt cct cct ggg gct att ctt gca cct ggg gaa      480
Lys Ser Cys Phe Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu
145                 150                 155                 160

agt atc att gct aca gtc ttc aag ttt gtt gag ctg cca gaa aat aat      528
Ser Ile Ile Ala Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Leu Pro Glu Asn Asn
                165                 170                 175

gag aaa cca atg gaa cag aag agc aag gtt aaa ttt aaa atc atg agc      576
Glu Lys Pro Met Glu Gln Lys Ser Lys Val Lys Phe Lys Ile Met Ser
            180                 185                 190

ctg aag gtg aaa ggg gtt atg gac tat gta cct gag ctg ttt gat gag      624
Leu Lys Val Lys Gly Val Met Asp Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu
        195                 200                 205

cag aaa gat cag gta gca ata gag caa ata ttg cgg gtt att ttt ctc      672
Gln Lys Asp Gln Val Ala Ile Glu Gln Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu
    210                 215                 220

gat ccg gag cgt cct agt cct gct ttg gaa aag ttg aag cgc caa ttg      720
```

```
Asp Pro Glu Arg Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu
225                 230                 235                 240

gct gat gct gat gca gct gtt gag gca cgc aag aag cct cca gaa gat      768
Ala Asp Ala Asp Ala Ala Val Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp
                245                 250                 255

gca ggc cca agg att atc ggt gaa gga cta gtt ata gat gaa tgg aaa      816
Ala Gly Pro Arg Ile Ile Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys
            260                 265                 270

gag cga aga gaa aga tac ctt gct cgg cag cag ggt gaa gga gta gac      864
Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Gly Glu Gly Val Asp
        275                 280                 285

tca gta tag                                                         873
Ser Val
    290
```

<210> 12
<211> 290
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 12

```
Met Val Ile Ala Asp Gln Arg Ser Pro Ala Asp Ile Thr Asn Asn Asn
1               5                   10                  15

Asn Asn Asn Asn Asn Lys Val Trp Gly Leu Phe Lys Leu Pro Phe Leu
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Asp Ala Asn Thr Thr Pro Ser Ser Ser Ser Thr Thr Thr
        35                  40                  45

Ala Thr Thr Pro Thr Met Met Met Gln Gln Gln Gln Gln Gln His His
    50                  55                  60

His His His His Asn His Gln His Asn Ser Gln Ile Glu Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80
```

Asn Pro Pro His Pro Ser Asn Ser Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu
85 90 95

Leu Pro Thr Arg Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro Ala Ser Lys Leu Tyr
100 105 110

Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Arg Ile Lys
115 120 125

Asn Thr Ser Lys Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro
130 135 140

Lys Ser Cys Phe Met Arg Pro Pro Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu
145 150 155 160

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

Glu Lys Pro Met Glu Gln Lys Ser Lys Val Lys Phe Lys Ile Met Ser
180 185 190

Leu Lys Val Lys Gly Val Met Asp Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu
195 200 205

Gln Lys Asp Gln Val Ala Ile Glu Gln Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu
210 215 220

Asp Pro Glu Arg Pro Ser Pro Ala Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu
225 230 235 240

Ala Asp Ala Asp Ala Ala Val Glu Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Asp
245 250 255

Ala Gly Pro Arg Ile Ile Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys
260 265 270

Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Gly Glu Gly Val Asp
275 280 285

Ser Val
290

<210> 13
<211> 795
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(795)
<223> Gen (Potri.011G126200), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 13

atg ggg gtg tct ggc cgg aat aaa act aac ggc gac cac aac atg aag 48
Met Gly Val Ser Gly Arg Asn Lys Thr Asn Gly Asp His Asn Met Lys
1 5 10 15

ctg ttt agg ctc tgt ccg ttc tgg caa aca gcg act aac tct tcc act 96
Leu Phe Arg Leu Cys Pro Phe Trp Gln Thr Ala Thr Asn Ser Ser Thr
20 25 30

tcc tct tct aca caa aac ctt aac cac agt cac aag ggc agc ggc aac 144
Ser Ser Ser Thr Gln Asn Leu Asn His Ser His Lys Gly Ser Gly Asn
35 40 45

agt gtc cga cac gtg gcg gtt aat agc agc ggt ttg aag tcc aca acg 192
Ser Val Arg His Val Ala Val Asn Ser Ser Gly Leu Lys Ser Thr Thr
50 55 60

gtg tcc tct gtt gcg cga tcg ctt tta cct gct ccg cga agg ctc cgg 240
Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Ala Pro Arg Arg Leu Arg
65 70 75 80

ctt gat cct gct aat aat ctc tac ttc cct tat gaa ccc ggg aag caa 288
Leu Asp Pro Ala Asn Asn Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln
85 90 95

gta aga agt gcg ata agg tta aaa aac aga agc aag tct cat gtt gct 336

```
Val Arg Ser Ala Ile Arg Leu Lys Asn Arg Ser Lys Ser His Val Ala
            100                 105                 110

ttt aag ttt caa aca act gca ccg aag agc tgt tac atg cgt cca ccc      384
Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro
        115                 120                 125

ggt ggt atc ctt gct cca gga gag agc ctt att gcg acg gtt ttc aag      432
Gly Gly Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Leu Ile Ala Thr Val Phe Lys
    130                 135                 140

ttt gtg gag caa ccg gag aac aat gca aaa caa atg gac cag aag agc      480
Phe Val Glu Gln Pro Glu Asn Asn Ala Lys Gln Met Asp Gln Lys Ser
145                 150                 155                 160

aat gtt aaa ttc aag att gtg agt ttg aaa gtg aag gga gga ata gag      528
Asn Val Lys Phe Lys Ile Val Ser Leu Lys Val Lys Gly Gly Ile Glu
                165                 170                 175

tat gtg cct gaa ctg ttt gat gaa caa aag gat caa gta aca gtt gag      576
Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Thr Val Glu
            180                 185                 190

cgc ata ttg cgg gtt gtg ttt tta gat gca gag cat cct agt cct gca      624
Arg Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Ala Glu His Pro Ser Pro Ala
        195                 200                 205

atg gag aaa ctg aag ctt cag ttg gct gaa gca gag gct gct ctt gaa      672
Met Glu Lys Leu Lys Leu Gln Leu Ala Glu Ala Glu Ala Ala Leu Glu
    210                 215                 220

gca cgc aag aaa cct cca cca gac aca ggg ccc cgt gtt gtg ggg gaa      720
Ala Arg Lys Lys Pro Pro Pro Asp Thr Gly Pro Arg Val Val Gly Glu
225                 230                 235                 240

ggt ctc gtg ata gat gaa tgg aaa gag cgg cga gaa aag tac ctg gct      768
Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala
                245                 250                 255

cga caa cac gtt gaa gca gca gaa tag                                 795
Arg Gln His Val Glu Ala Ala Glu
            260
```

<210> 14
<211> 264
<212> PRT

<213> Populus trichocarpa

<400> 14

Met Gly Val Ser Gly Arg Asn Lys Thr Asn Gly Asp His Asn Met Lys
1 5 10 15

Leu Phe Arg Leu Cys Pro Phe Trp Gln Thr Ala Thr Asn Ser Ser Thr
20 25 30

Ser Ser Ser Thr Gln Asn Leu Asn His Ser His Lys Gly Ser Gly Asn
35 40 45

Ser Val Arg His Val Ala Val Asn Ser Ser Gly Leu Lys Ser Thr Thr
50 55 60

Val Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Ala Pro Arg Arg Leu Arg
65 70 75 80

Leu Asp Pro Ala Asn Asn Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln
85 90 95

Val Arg Ser Ala Ile Arg Leu Lys Asn Arg Ser Lys Ser His Val Ala
100 105 110

Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro
115 120 125

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

Phe Val Glu Gln Pro Glu Asn Asn Ala Lys Gln Met Asp Gln Lys Ser
145 150 155 160

Asn Val Lys Phe Lys Ile Val Ser Leu Lys Val Lys Gly Gly Ile Glu
165 170 175

Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Thr Val Glu
180 185 190

Arg Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Ala Glu His Pro Ser Pro Ala
195 200 205

Met Glu Lys Leu Lys Leu Gln Leu Ala Glu Ala Glu Ala Ala Leu Glu
210 215 220

Ala Arg Lys Lys Pro Pro Pro Asp Thr Gly Pro Arg Val Val Gly Glu
225 230 235 240

Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala
245 250 255

Arg Gln His Val Glu Ala Ala Glu
260

<210> 15
<211> 837
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(837)
<223> Gen (Eucgr.F01073), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 15
atg gcg atc gcc gac cgg cag aag ccg aag ggg ttc cgc ctg tgc ccg 48
Met Ala Ile Ala Asp Arg Gln Lys Pro Lys Gly Phe Arg Leu Cys Pro
1 5 10 15

ttc tgg cag tcg acc agc gtg aac acg tcg tcc tcc tcg tcc tcc acg 96
Phe Trp Gln Ser Thr Ser Val Asn Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr
20 25 30

cag aac ctc cac acc agc aat gcc tac cac gac cgg gac ctg ggc cag 144

```
Gln Asn Leu His Thr Ser Asn Ala Tyr His Asp Arg Asp Leu Gly Gln
        35                  40                  45

gcc gcc ggc cgc cgc ccc gcg gac gga gga tcg cgc gcg cgg ccc ggc      192
Ala Ala Gly Arg Arg Pro Ala Asp Gly Gly Ser Arg Ala Arg Pro Gly
    50                  55                  60

ggc ggc ggc ggc gtc ggc tcg tcg tcc ggc acg gtg tcc tcg gtg gcc      240
Gly Gly Gly Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Thr Val Ser Ser Val Ala
65                  70                  75                  80

aga tcg ctc ctc ccc gcc cgg cgc cgg ctc cgg ctt gat ccg gcg aat      288
Arg Ser Leu Leu Pro Ala Arg Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Ala Asn
                85                  90                  95

agc ctc tac ttt ccc tat gaa ccg ggg aaa cag gtg aga agc gcg gtc      336
Ser Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Val
            100                 105                 110

aga ttg aaa aac acg agc agg tca cat gta gct ttc aag ttc caa acc      384
Arg Leu Lys Asn Thr Ser Arg Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr
        115                 120                 125

act gca cca aaa agc tgt tat atg cgt cct cct ggt ggt acg ctt gct      432
Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro Gly Gly Thr Leu Ala
    130                 135                 140

cct ggt gaa agc att ata gct aca gtc ttc aag ttt gtg gag cag cca      480
Pro Gly Glu Ser Ile Ile Ala Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Gln Pro
145                 150                 155                 160

gag aat aat gaa aag caa gtg gac caa aag agc aag gtg aaa ttc aag      528
Glu Asn Asn Glu Lys Gln Val Asp Gln Lys Ser Lys Val Lys Phe Lys
                165                 170                 175

ata atg agc ctg aaa gtc aaa gca ggg ata gac tat gtg cct gaa ctg      576
Ile Met Ser Leu Lys Val Lys Ala Gly Ile Asp Tyr Val Pro Glu Leu
            180                 185                 190

ttt gat gaa caa aag gat caa gtg aca gtg gag cga att tta cgt gtt      624
Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Thr Val Glu Arg Ile Leu Arg Val
        195                 200                 205

gtc ttt tta gat gtc gag cgc ccc agt cct gca atg gaa aaa ctg aat      672
Val Phe Leu Asp Val Glu Arg Pro Ser Pro Ala Met Glu Lys Leu Asn
    210                 215                 220
```

```
cgg cag ttg gca gaa gct gag gct gct ctt gaa act cgc aag aaa cct      720
Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu Ala Ala Leu Glu Thr Arg Lys Lys Pro
225                 230                 235                 240

cct tca gta gaa aca gga gct caa gtt gtg gga gat ggt ctt gta ata      768
Pro Ser Val Glu Thr Gly Ala Gln Val Val Gly Asp Gly Leu Val Ile
                245                 250                 255

gat gaa tgg aag gag cgg agg gag aag tat ctg gct cga caa caa gtc      816
Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val
            260                 265                 270

gaa gct gta gga aca gca taa                                         837
Glu Ala Val Gly Thr Ala
        275
```

<210> 16
<211> 278
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 16

```
Met Ala Ile Ala Asp Arg Gln Lys Pro Lys Gly Phe Arg Leu Cys Pro
1               5                   10                  15

Phe Trp Gln Ser Thr Ser Val Asn Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr
            20                  25                  30

Gln Asn Leu His Thr Ser Asn Ala Tyr His Asp Arg Asp Leu Gly Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Gly Arg Arg Pro Ala Asp Gly Gly Ser Arg Ala Arg Pro Gly
    50                  55                  60

Gly Gly Gly Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Thr Val Ser Ser Val Ala
65                  70                  75                  80

Arg Ser Leu Leu Pro Ala Arg Arg Arg Leu Arg Leu Asp Pro Ala Asn
                85                  90                  95
```

Ser Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Val
100 105 110

Arg Leu Lys Asn Thr Ser Arg Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr
115 120 125

Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro Gly Gly Thr Leu Ala
130 135 140

Pro Gly Glu Ser Ile Ile Ala Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Gln Pro
145 150 155 160

Glu Asn Asn Glu Lys Gln Val Asp Gln Lys Ser Lys Val Lys Phe Lys
165 170 175

Ile Met Ser Leu Lys Val Lys Ala Gly Ile Asp Tyr Val Pro Glu Leu
180 185 190

Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Thr Val Glu Arg Ile Leu Arg Val
195 200 205

Val Phe Leu Asp Val Glu Arg Pro Ser Pro Ala Met Glu Lys Leu Asn
210 215 220

Arg Gln Leu Ala Glu Ala Glu Ala Ala Leu Glu Thr Arg Lys Lys Pro
225 230 235 240

Pro Ser Val Glu Thr Gly Ala Gln Val Val Gly Asp Gly Leu Val Ile
245 250 255

Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala Arg Gln Gln Val
260 265 270

Glu Ala Val Gly Thr Ala
275

<210> 17
<211> 810
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(810)
<223> Gen (Eucgr.K00911), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 17

```
atg gcc ctc gat cac gag aga gcg gag ggc gac cac aag aag ctg tgg          48
Met Ala Leu Asp His Glu Arg Ala Glu Gly Asp His Lys Lys Leu Trp
1               5                  10                  15

tcg cac ctg aag atg ccg ttt tgg cag tcg acc gcg tcg tcg ccg tcg          96
Ser His Leu Lys Met Pro Phe Trp Gln Ser Thr Ala Ser Ser Pro Ser
            20                  25                  30

ccc ggg acc tcg tcg tcg gct tct gtg ccg tcg ttt cag cag aac cag         144
Pro Gly Thr Ser Ser Ser Ala Ser Val Pro Ser Phe Gln Gln Asn Gln
        35                  40                  45

agc gtc cac ccc gat cac cac cag ctc ggt gat cat cac tct gcc agc         192
Ser Val His Pro Asp His His Gln Leu Gly Asp His His Ser Ala Ser
    50                  55                  60

ggg gtg gct gca atg gcg aag tct ctg ctt ccc gcc agg cga agg ctc         240
Gly Val Ala Ala Met Ala Lys Ser Leu Leu Pro Ala Arg Arg Arg Leu
65                  70                  75                  80

cgt ctt gat cct ccg aac aag ctc ttt ttc caa cat gaa cct ggt aag         288
Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Gln His Glu Pro Gly Lys
                85                  90                  95

cag gtt agg agt gcc atc gag atc aag aac gtg tcc aag act cat gta         336
Gln Val Arg Ser Ala Ile Glu Ile Lys Asn Val Ser Lys Thr His Val
            100                 105                 110

gca ttc aag ttc caa aca act gcc ccc aag agt tgc tac atg cgg cct         384
Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro
        115                 120                 125
```

```
cca ggg agt gta ctc gct ccc gga gag aat ctc att gca aca gtg ttc          432
Pro Gly Ser Val Leu Ala Pro Gly Glu Asn Leu Ile Ala Thr Val Phe
    130                 135                 140

aaa ttc gtg gag ccc ccc gag aat gat gac aaa cca gct atc ttg aag          480
Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asp Asp Lys Pro Ala Ile Leu Lys
145                 150                 155                 160

agc ctt gtt aag ttc aaa atc atg agc tta aaa gta aat ggg caa atg          528
Ser Leu Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Asn Gly Gln Met
                165                 170                 175

gac tat gtc ccc gaa ttg ttt gat gaa cag agg gat caa gtg acg gtt          576
Asp Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Arg Asp Gln Val Thr Val
            180                 185                 190

gag aaa att tta cgg gtg gtt ttc ctc gat cca aag caa cca agt cat          624
Glu Lys Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Lys Gln Pro Ser His
        195                 200                 205

ttg ctg gaa aaa cta aag cgg caa ctg gcc caa gcc gaa gcc gca ctc          672
Leu Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Gln Ala Glu Ala Ala Leu
    210                 215                 220

gag aca cag aag aaa cct gta gaa gag ccc ggt act ggc cct gtc aag          720
Glu Thr Gln Lys Lys Pro Val Glu Glu Pro Gly Thr Gly Pro Val Lys
225                 230                 235                 240

gaa gga gtc ata gat gaa tgg aag gaa aga aga gaa agg tac ctg gca          768
Glu Gly Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala
                245                 250                 255

cag cag cat ctt gaa ggt gtc gat tcg gtt caa atg gat tga                  810
Gln Gln His Leu Glu Gly Val Asp Ser Val Gln Met Asp
            260                 265
```

<210> 18
<211> 269
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 18

```
Met Ala Leu Asp His Glu Arg Ala Glu Gly Asp His Lys Lys Leu Trp
1               5                   10                  15
```

Ser His Leu Lys Met Pro Phe Trp Gln Ser Thr Ala Ser Ser Pro Ser
20 25 30

Pro Gly Thr Ser Ser Ser Ala Ser Val Pro Ser Phe Gln Gln Asn Gln
35 40 45

Ser Val His Pro Asp His His Gln Leu Gly Asp His His Ser Ala Ser
50 55 60

Gly Val Ala Ala Met Ala Lys Ser Leu Leu Pro Ala Arg Arg Arg Leu
65 70 75 80

Arg Leu Asp Pro Pro Asn Lys Leu Phe Phe Gln His Glu Pro Gly Lys
85 90 95

Gln Val Arg Ser Ala Ile Glu Ile Lys Asn Val Ser Lys Thr His Val
100 105 110

Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro
115 120 125

Pro Gly Ser Val Leu Ala Pro Gly Glu Asn Leu Ile Ala Thr Val Phe
130 135 140

Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asp Asp Lys Pro Ala Ile Leu Lys
145 150 155 160

Ser Leu Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Asn Gly Gln Met
165 170 175

Asp Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Arg Asp Gln Val Thr Val
180 185 190

Glu Lys Ile Leu Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Lys Gln Pro Ser His
195 200 205

Leu Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Gln Ala Glu Ala Ala Leu
210 215 220

Glu Thr Gln Lys Lys Pro Val Glu Glu Pro Gly Thr Gly Pro Val Lys
225 230 235 240

Glu Gly Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala
245 250 255

Gln Gln His Leu Glu Gly Val Asp Ser Val Gln Met Asp
260 265

<210> 19
<211> 801
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(801)
<223> Gen (Eucgr.D00750), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 19
atg gca gtg gtg gag cag aag ccg agt tcc gat cag ggc aag gtc tgg 48
Met Ala Val Val Glu Gln Lys Pro Ser Ser Asp Gln Gly Lys Val Trp
1 5 10 15

ggc ttc ttc aag ctg ccg ttc cgg agc tcg ggg gca gcg cag aac agc 96
Gly Phe Phe Lys Leu Pro Phe Arg Ser Ser Gly Ala Ala Gln Asn Ser
20 25 30

tcg tcg tcg gcg tcc gcg gtc tcg cac ctc ggg ggt cac cac ctc ccc 144
Ser Ser Ser Ala Ser Ala Val Ser His Leu Gly Gly His His Leu Pro
35 40 45

ggc ggg ccc cag gtc gag gga tcg gat ggg cat cac ggg tcg agc tcg 192
Gly Gly Pro Gln Val Glu Gly Ser Asp Gly His His Gly Ser Ser Ser
50 55 60

```
gtg tcg tcc gtg gcg aag tcg ctg ctc ccg acg cgg cgg agg ttg aag      240
Val Ser Ser Val Ala Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg Arg Arg Leu Lys
65                  70                  75                  80

ctt gat ccg tcc acg aag ctc tac ttc cca tat gaa cct ggc aag caa      288
Leu Asp Pro Ser Thr Lys Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln
                85                  90                  95

gtt agg agt gcc atc aag att aaa aac atc agc aaa tct ttt gtg gct      336
Val Arg Ser Ala Ile Lys Ile Lys Asn Ile Ser Lys Ser Phe Val Ala
            100                 105                 110

ttc aag ttt caa aca act gca cct aaa agc tgt ttc atg cgt cct cct      384
Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Phe Met Arg Pro Pro
        115                 120                 125

ggg gca atc ctt gct cct ggt gaa agt atc ata gca aca gtg ttc aag      432
Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Ser Ile Ile Ala Thr Val Phe Lys
    130                 135                 140

ttt gtg gag cat cca gag aac aat gaa aaa ccg atg aat cag aag agt      480
Phe Val Glu His Pro Glu Asn Asn Glu Lys Pro Met Asn Gln Lys Ser
145                 150                 155                 160

agg gtc aag ttc aag att atg tgt ctg aag gtg aaa gga atg atg gaa      528
Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Cys Leu Lys Val Lys Gly Met Met Glu
                165                 170                 175

tat gta cct gaa ctg ttt gat gag cag aag gat caa gtg gtg gta gag      576
Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Val Val Glu
            180                 185                 190

cgc ata ctg cgg gtt att ttt cta gac ccc gag cgt cct tgt cca gct      624
Arg Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu Asp Pro Glu Arg Pro Cys Pro Ala
        195                 200                 205

cta gaa aag ctg aag cgc cag ttg gtt gaa gct gat gct gcc gtg gag      672
Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Val Glu Ala Asp Ala Ala Val Glu
    210                 215                 220

gca aaa aag aaa cct cca gaa gat gcg ggt ccg aag atc att gga gaa      720
Ala Lys Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Lys Ile Ile Gly Glu
225                 230                 235                 240

ggg ctc gtc att gat gaa tgg aag gag aga agg gaa aga tat ctt gcg      768
Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala
                245                 250                 255
```

cga cag cag gtg gaa ggg gtg gac tcg gtg taa 801
Arg Gln Gln Val Glu Gly Val Asp Ser Val
260 265

<210> 20
<211> 266
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 20

Met Ala Val Val Glu Gln Lys Pro Ser Ser Asp Gln Gly Lys Val Trp
1 5 10 15

Gly Phe Phe Lys Leu Pro Phe Arg Ser Ser Gly Ala Ala Gln Asn Ser
20 25 30

Ser Ser Ser Ala Ser Ala Val Ser His Leu Gly Gly His His Leu Pro
35 40 45

Gly Gly Pro Gln Val Glu Gly Ser Asp Gly His His Gly Ser Ser Ser
50 55 60

Val Ser Ser Val Ala Lys Ser Leu Leu Pro Thr Arg Arg Arg Leu Lys
65 70 75 80

Leu Asp Pro Ser Thr Lys Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln
85 90 95

Val Arg Ser Ala Ile Lys Ile Lys Asn Ile Ser Lys Ser Phe Val Ala
100 105 110

Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Phe Met Arg Pro Pro
115 120 125

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

Phe Val Glu His Pro Glu Asn Asn Glu Lys Pro Met Asn Gln Lys Ser
145 150 155 160

Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Cys Leu Lys Val Lys Gly Met Met Glu
165 170 175

Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Val Val Glu
180 185 190

Arg Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu Asp Pro Glu Arg Pro Cys Pro Ala
195 200 205

Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Val Glu Ala Asp Ala Ala Val Glu
210 215 220

Ala Lys Lys Lys Pro Pro Glu Asp Ala Gly Pro Lys Ile Ile Gly Glu
225 230 235 240

Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala
245 250 255

Arg Gln Gln Val Glu Gly Val Asp Ser Val
260 265

<210> 21
<211> 864
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(864)
<223> Gen (AT4G05060), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 21

```
atg gct tta acg gag gac aaa tca gat tcc gat ggt cga cgt tgg ggc          48
Met Ala Leu Thr Glu Asp Lys Ser Asp Ser Asp Gly Arg Arg Trp Gly
1               5                  10                  15

aaa ttc aaa ctt cca ttt cga aac tct aat tcc caa gct cct tca gcc          96
Lys Phe Lys Leu Pro Phe Arg Asn Ser Asn Ser Gln Ala Pro Ser Ala
            20                  25                  30

tcc tcg tcc tct tcc atg gct act tct tct tct tct gta aca tct tct         144
Ser Ser Ser Ser Ser Met Ala Thr Ser Ser Ser Ser Val Thr Ser Ser
        35                  40                  45

cat cta aat caa aat tac att cat caa tct cgc cat ttt caa tat cac         192
His Leu Asn Gln Asn Tyr Ile His Gln Ser Arg His Phe Gln Tyr His
    50                  55                  60

ggt cct cct gtc gtc gaa gga ttg ggt caa aac cat cat caa tcc gcc         240
Gly Pro Pro Val Val Glu Gly Leu Gly Gln Asn His His Gln Ser Ala
65                  70                  75                  80

gcc acg atc cct tct atg tca tct gtc gcg aga tcg ctt ctt cca aca         288
Ala Thr Ile Pro Ser Met Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Thr
                85                  90                  95

aaa cgc cga tta aag ctt gat cct tca gca aaa ctt tac ttc cct tat         336
Lys Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro Ser Ala Lys Leu Tyr Phe Pro Tyr
            100                 105                 110

gag cct ggg aag caa gtc agg agt gcc att aag att aag aat acg agc         384
Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Lys Ile Lys Asn Thr Ser
        115                 120                 125

aag tca cat gta gcg ttt aag ttt caa aca aca gta cca aag agt tgc         432
Lys Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Val Pro Lys Ser Cys
    130                 135                 140

ttc atg cgc ccg gct ggt gct att ctt gct ccc ggg gaa gaa att atc         480
Phe Met Arg Pro Ala Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Glu Ile Ile
145                 150                 155                 160

gca act gtt ttc aag ttt gtt gag cct cct gag aat aat gaa aag cca         528
Ala Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Lys Pro
                165                 170                 175

atg gaa caa aag agc ggg gtt aag ttt aaa atc atg agc ttg aag atg         576
Met Glu Gln Lys Ser Gly Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Met
            180                 185                 190
```

```
aaa gtt cca aca gac tat atg cct gag ctg ttt gag gag caa aaa gat        624
Lys Val Pro Thr Asp Tyr Met Pro Glu Leu Phe Glu Glu Gln Lys Asp
        195                 200                 205

cat gtc tct gag gag caa gta atg cgt gtg gta ttc ttg gat ccc gaa        672
His Val Ser Glu Glu Gln Val Met Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Glu
    210                 215                 220

aac cct aac tcc atg atg gag aaa ttg aag agt caa ttg gct gaa gcg        720
Asn Pro Asn Ser Met Met Glu Lys Leu Lys Ser Gln Leu Ala Glu Ala
225                 230                 235                 240

gat gct gca gat gaa gca cgg aaa aaa gca tca gag ggt att gtt ggt        768
Asp Ala Ala Asp Glu Ala Arg Lys Lys Ala Ser Glu Gly Ile Val Gly
                245                 250                 255

cca aag cca att gga gaa ggg ctt gtg atc gat gaa tgg aag caa cgc        816
Pro Lys Pro Ile Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Gln Arg
            260                 265                 270

cga gag aga tat ctt gca caa caa caa gga gga gta gac gct gct tga        864
Arg Glu Arg Tyr Leu Ala Gln Gln Gln Gly Gly Val Asp Ala Ala
        275                 280                 285
```

<210> 22
<211> 287
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 22

```
Met Ala Leu Thr Glu Asp Lys Ser Asp Ser Asp Gly Arg Arg Trp Gly
1               5                   10                  15

Lys Phe Lys Leu Pro Phe Arg Asn Ser Asn Ser Gln Ala Pro Ser Ala
            20                  25                  30

Ser Ser Ser Ser Ser Met Ala Thr Ser Ser Ser Ser Val Thr Ser Ser
        35                  40                  45

His Leu Asn Gln Asn Tyr Ile His Gln Ser Arg His Phe Gln Tyr His
    50                  55                  60
```

Gly Pro Pro Val Val Glu Gly Leu Gly Gln Asn His His Gln Ser Ala
65 70 75 80

Ala Thr Ile Pro Ser Met Ser Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Thr
85 90 95

Lys Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro Ser Ala Lys Leu Tyr Phe Pro Tyr
100 105 110

Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg Ser Ala Ile Lys Ile Lys Asn Thr Ser
115 120 125

Lys Ser His Val Ala Phe Lys Phe Gln Thr Thr Val Pro Lys Ser Cys
130 135 140

Phe Met Arg Pro Ala Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Glu Ile Ile
145 150 155 160

Ala Thr Val Phe Lys Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Lys Pro
165 170 175

Met Glu Gln Lys Ser Gly Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Met
180 185 190

Lys Val Pro Thr Asp Tyr Met Pro Glu Leu Phe Glu Glu Gln Lys Asp
195 200 205

His Val Ser Glu Glu Gln Val Met Arg Val Val Phe Leu Asp Pro Glu
210 215 220

Asn Pro Asn Ser Met Met Glu Lys Leu Lys Ser Gln Leu Ala Glu Ala
225 230 235 240

Asp Ala Ala Asp Glu Ala Arg Lys Lys Ala Ser Glu Gly Ile Val Gly

245 250 255

Pro Lys Pro Ile Gly Glu Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Gln Arg
260 265 270

Arg Glu Arg Tyr Leu Ala Gln Gln Gln Gly Gly Val Asp Ala Ala
275 280 285

<210> 23
<211> 945
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(945)
<223> Gen (AT4G21450), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 23

atg act atg acg gag gag aaa cca act tcc gac ggc aaa gga ggt tgg 48
Met Thr Met Thr Glu Glu Lys Pro Thr Ser Asp Gly Lys Gly Gly Trp
1 5 10 15

ggt ttc ttc aag att cca ttt cgt aac tca agc ggt cac aga aac gcc 96
Gly Phe Phe Lys Ile Pro Phe Arg Asn Ser Ser Gly His Arg Asn Ala
20 25 30

gct tca agt gct gct act tct ccg ttt cca tct gga gct tct tct tct 144
Ala Ser Ser Ala Ala Thr Ser Pro Phe Pro Ser Gly Ala Ser Ser Ser
35 40 45

tct act tct tct cat cta cat aac cat cat caa cat cat cat caa cat 192
Ser Thr Ser Ser His Leu His Asn His His Gln His His His Gln His
50 55 60

cac cat cag cac cat cat cag ctt ggt tat aac ggt cct cac ggt gat 240
His His Gln His His His Gln Leu Gly Tyr Asn Gly Pro His Gly Asp
65 70 75 80

gga tcg ggt caa aat caa cat ccg act cct tct cct tca gtt tca tct 288
Gly Ser Gly Gln Asn Gln His Pro Thr Pro Ser Pro Ser Val Ser Ser
85 90 95

```
gtt gct aag tct ttt ctt cct act aaa cga aga ttg aag ctt gat cct      336
Val Ala Lys Ser Phe Leu Pro Thr Lys Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro
            100                 105                 110

tct gag aaa ctc tat ttt cct tgg ttt gtt tct gaa gat ttg aga tcc      384
Ser Glu Lys Leu Tyr Phe Pro Trp Phe Val Ser Glu Asp Leu Arg Ser
        115                 120                 125

att gac act agt cta aaa ttt cta tct ttt aat gag cct ggg aag caa      432
Ile Asp Thr Ser Leu Lys Phe Leu Ser Phe Asn Glu Pro Gly Lys Gln
    130                 135                 140

gtt agg agt gct att aag att aaa aat aca agc aaa tca cat gta gcc      480
Val Arg Ser Ala Ile Lys Ile Lys Asn Thr Ser Lys Ser His Val Ala
145                 150                 155                 160

ttc aag ttt caa aca act gcg ccg aag agt tgc ttt atg cgt cca cct      528
Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Phe Met Arg Pro Pro
                165                 170                 175

ggt gct att ctt gct cct gga gag act att att gct act gtg ttt aaa      576
Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Thr Ile Ile Ala Thr Val Phe Lys
            180                 185                 190

ttt gtt gag cct cct gag aat aat gag aag cca atg gat caa agg agc      624
Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Lys Pro Met Asp Gln Arg Ser
        195                 200                 205

aga gtg aag ttt aaa atc atg agc ctg aag gtg aaa ggt cca atg gac      672
Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys Gly Pro Met Asp
    210                 215                 220

tat gtg cct gag ctg ttc gat gag caa aag gat gat gtc tct aag gag      720
Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Asp Val Ser Lys Glu
225                 230                 235                 240

caa ata ttg cgt gtg att ttc ttg gat cct gag cgc tcc aac cct gca      768
Gln Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu Asp Pro Glu Arg Ser Asn Pro Ala
                245                 250                 255

ttg gaa aaa ctg aag cgt caa tta gca gaa gcg gat gca gcg gtg gag      816
Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Asp Ala Ala Val Glu
            260                 265                 270

gca cga aag aaa cct cca gag gaa aca ggt cca aag atg att gga gaa      864
Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Glu Thr Gly Pro Lys Met Ile Gly Glu
```

275 280 285

ggg ctt gtg atc gat gaa tgg aag gag cgt aga gag aga tat ctt gca 912
Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala
290 295 300

cag caa caa ggc gaa gga gct gac tct gtc tga 945
Gln Gln Gln Gly Glu Gly Ala Asp Ser Val
305 310

<210> 24
<211> 314
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 24

Met Thr Met Thr Glu Glu Lys Pro Thr Ser Asp Gly Lys Gly Gly Trp
1 5 10 15

Gly Phe Phe Lys Ile Pro Phe Arg Asn Ser Ser Gly His Arg Asn Ala
20 25 30

Ala Ser Ser Ala Ala Thr Ser Pro Phe Pro Ser Gly Ala Ser Ser Ser
35 40 45

Ser Thr Ser Ser His Leu His Asn His His Gln His His His Gln His
50 55 60

His His Gln His His His Gln Leu Gly Tyr Asn Gly Pro His Gly Asp
65 70 75 80

Gly Ser Gly Gln Asn Gln His Pro Thr Pro Ser Pro Ser Val Ser Ser
85 90 95

Val Ala Lys Ser Phe Leu Pro Thr Lys Arg Arg Leu Lys Leu Asp Pro
100 105 110

Ser Glu Lys Leu Tyr Phe Pro Trp Phe Val Ser Glu Asp Leu Arg Ser

115 120 125

Ile Asp Thr Ser Leu Lys Phe Leu Ser Phe Asn Glu Pro Gly Lys Gln
130 135 140

Val Arg Ser Ala Ile Lys Ile Lys Asn Thr Ser Lys Ser His Val Ala
145 150 155 160

Phe Lys Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Phe Met Arg Pro Pro
165 170 175

Gly Ala Ile Leu Ala Pro Gly Glu Thr Ile Ile Ala Thr Val Phe Lys
180 185 190

Phe Val Glu Pro Pro Glu Asn Asn Glu Lys Pro Met Asp Gln Arg Ser
195 200 205

Arg Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys Gly Pro Met Asp
210 215 220

Tyr Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Asp Val Ser Lys Glu
225 230 235 240

Gln Ile Leu Arg Val Ile Phe Leu Asp Pro Glu Arg Ser Asn Pro Ala
245 250 255

Leu Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Ala Glu Ala Asp Ala Ala Val Glu
260 265 270

Ala Arg Lys Lys Pro Pro Glu Glu Thr Gly Pro Lys Met Ile Gly Glu
275 280 285

Gly Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Arg Tyr Leu Ala
290 295 300

Gln Gln Gln Gly Glu Gly Ala Asp Ser Val
305 310

<210> 25
<211> 801
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(801)
<223> Gen (AT5G54110), mã hóa protein kết hợp với VAMP tham gia vào sự chuyển hóa inositol

<400> 25

atg cca ata ggt gac cgt cag aat ccg agt gtg gag aag aag aag aac 48
Met Pro Ile Gly Asp Arg Gln Asn Pro Ser Val Glu Lys Lys Lys Asn
1 5 10 15

ctc ttc agg cta tgt ccg ttt tgg cag agg aga agc acc act tct tca 96
Leu Phe Arg Leu Cys Pro Phe Trp Gln Arg Arg Ser Thr Thr Ser Ser
20 25 30

tct tca aca cag aat cca aac caa aac tac cgt agc cgc cat gga aat 144
Ser Ser Thr Gln Asn Pro Asn Gln Asn Tyr Arg Ser Arg His Gly Asn
35 40 45

cgg aat aca gat att tcc gcc gtc tct aag cct ccg ttg act atg tct 192
Arg Asn Thr Asp Ile Ser Ala Val Ser Lys Pro Pro Leu Thr Met Ser
50 55 60

tcc gtc gcc aga tca ctt ctt cca gct cgc cgt cgt ctc cga cta gat 240
Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Ala Arg Arg Arg Leu Arg Leu Asp
65 70 75 80

cct tct agt tat ctg tat ttc cct tat gaa cct gga aaa caa gtt cgc 288
Pro Ser Ser Tyr Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg
85 90 95

agc gca ata aag ctt aag aac act agc aaa tct cat act gca ttt aag 336
Ser Ala Ile Lys Leu Lys Asn Thr Ser Lys Ser His Thr Ala Phe Lys
100 105 110

ttc caa aca acg gca cct aag agt tgt tat atg cgt cct ccc gga ggt 384
Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro Gly Gly

```
        115                 120                 125

gtt ttg gct cca gga gag agt gtt ttt gct act gtg ttc aag ttt gtg          432
Val Leu Ala Pro Gly Glu Ser Val Phe Ala Thr Val Phe Lys Phe Val
    130                 135                 140

gaa cat cca gag aac aat gaa aag cag ccg ttg aat cag aag agc aag          480
Glu His Pro Glu Asn Asn Glu Lys Gln Pro Leu Asn Gln Lys Ser Lys
145                 150                 155                 160

gtt aag ttt aag att atg agc ctg aaa gtt aaa cca gga gta gag tat          528
Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys Pro Gly Val Glu Tyr
                165                 170                 175

gtg cct gag ttg ttt gat gag caa aag gat caa gta gca gtg gag cag          576
Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Ala Val Glu Gln
            180                 185                 190

gtt ctt cgg gtc att ttt att gat gcg gac cgc cca agt gct gca ttg          624
Val Leu Arg Val Ile Phe Ile Asp Ala Asp Arg Pro Ser Ala Ala Leu
        195                 200                 205

gag aaa ctg aaa cgt caa ttg gat gaa gct gaa gct gca gtt gaa gca          672
Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Asp Glu Ala Glu Ala Ala Val Glu Ala
    210                 215                 220

aga aag aag cct ccc cca gag aca ggg cct cga gtt gtc ggg gag ggt          720
Arg Lys Lys Pro Pro Pro Glu Thr Gly Pro Arg Val Val Gly Glu Gly
225                 230                 235                 240

ctt gtc ata gac gaa tgg aag gag aga aga gag aag tac ctt gct cgg          768
Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala Arg
                245                 250                 255

caa caa gtc gaa tcc gta gat tct ttg tcc taa                              801
Gln Gln Val Glu Ser Val Asp Ser Leu Ser
            260                 265
```

<210> 26
<211> 266
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 26

Met Pro Ile Gly Asp Arg Gln Asn Pro Ser Val Glu Lys Lys Lys Asn

1 5 10 15

Leu Phe Arg Leu Cys Pro Phe Trp Gln Arg Arg Ser Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Ser Ser Thr Gln Asn Pro Asn Gln Asn Tyr Arg Ser Arg His Gly Asn
35 40 45

Arg Asn Thr Asp Ile Ser Ala Val Ser Lys Pro Pro Leu Thr Met Ser
50 55 60

Ser Val Ala Arg Ser Leu Leu Pro Ala Arg Arg Arg Leu Arg Leu Asp
65 70 75 80

Pro Ser Ser Tyr Leu Tyr Phe Pro Tyr Glu Pro Gly Lys Gln Val Arg
85 90 95

Ser Ala Ile Lys Leu Lys Asn Thr Ser Lys Ser His Thr Ala Phe Lys
100 105 110

Phe Gln Thr Thr Ala Pro Lys Ser Cys Tyr Met Arg Pro Pro Gly Gly
115 120 125

Val Leu Ala Pro Gly Glu Ser Val Phe Ala Thr Val Phe Lys Phe Val
130 135 140

Glu His Pro Glu Asn Asn Glu Lys Gln Pro Leu Asn Gln Lys Ser Lys
145 150 155 160

Val Lys Phe Lys Ile Met Ser Leu Lys Val Lys Pro Gly Val Glu Tyr
165 170 175

Val Pro Glu Leu Phe Asp Glu Gln Lys Asp Gln Val Ala Val Glu Gln
180 185 190

```
Val Leu Arg Val Ile Phe Ile Asp Ala Asp Arg Pro Ser Ala Ala Leu
        195                 200                 205

Glu Lys Leu Lys Arg Gln Leu Asp Glu Ala Glu Ala Ala Val Glu Ala
    210                 215                 220

Arg Lys Lys Pro Pro Pro Glu Thr Gly Pro Arg Val Val Gly Glu Gly
225                 230                 235                 240

Leu Val Ile Asp Glu Trp Lys Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Leu Ala Arg
                245                 250                 255

Gln Gln Val Glu Ser Val Asp Ser Leu Ser
            260                 265
```

<210> 27
<211> 993
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(993)
<223> Gen (STT681), mã hóa protein hoạt hóa GTPaza

<400> 27

```
atg agc cgt ttg tca gag ctt cag cag gtt gcc tca ggt aaa aga aga          48
Met Ser Arg Leu Ser Glu Leu Gln Gln Val Ala Ser Gly Lys Arg Arg
1               5                   10                  15

tta aaa gat cta ttg ctc caa agt gat aat cgc ttt tgc gct gat tgt          96
Leu Lys Asp Leu Leu Leu Gln Ser Asp Asn Arg Phe Cys Ala Asp Cys
            20                  25                  30

ggt gct cca gat cca aaa tgg gca tca gca aat att ggg gtt ttc ata         144
Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe Ile
        35                  40                  45

tgc tta aaa tgc tgt ggt gtg cac aga agt ctt ggt aca cat atc tcg         192
Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile Ser
    50                  55                  60
```

```
aag gtt tta tcc gtg acg ttg gat gaa tgg tct gat gat gaa att gat      240
Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Asp Glu Ile Asp
65                  70                  75                  80

gcc atg att gaa gtt gga gga aac ttg tct gct aat tca att tat gag      288
Ala Met Ile Glu Val Gly Gly Asn Leu Ser Ala Asn Ser Ile Tyr Glu
                85                  90                  95

gcc ttt tta cct gaa gga gtt tca aag cca ggg cca aat tcc agt aat      336
Ala Phe Leu Pro Glu Gly Val Ser Lys Pro Gly Pro Asn Ser Ser Asn
            100                 105                 110

gag gac cgt acg agg ttc atc agg tca aag tat gag ctt caa gaa ttt      384
Glu Asp Arg Thr Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu Leu Gln Glu Phe
        115                 120                 125

ttg aaa cct agt ttg cgg atc aca tcg ggg aag act tcc tcc tct tct      432
Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Gly Lys Thr Ser Ser Ser Ser
    130                 135                 140

ctc aag tca agt tta tcc aca aac ctt ttt gat agt ttt caa att ccg      480
Leu Lys Ser Ser Leu Ser Thr Asn Leu Phe Asp Ser Phe Gln Ile Pro
145                 150                 155                 160

agt gtc tca cag aat ttg gat ggc ata gta gag ttt atg gga ata ttg      528
Ser Val Ser Gln Asn Leu Asp Gly Ile Val Glu Phe Met Gly Ile Leu
                165                 170                 175

aag gtt aaa gtt ata aaa ggt aca aat tta gct att aga gat atg atg      576
Lys Val Lys Val Ile Lys Gly Thr Asn Leu Ala Ile Arg Asp Met Met
            180                 185                 190

tca agt gat ccc tat gtg atc gtt gct ctt ggg aaa cag act gct caa      624
Ser Ser Asp Pro Tyr Val Ile Val Ala Leu Gly Lys Gln Thr Ala Gln
        195                 200                 205

acc acc gtg atg aag agc aac ttg aat cca gtc tgg aat gaa gaa ctc      672
Thr Thr Val Met Lys Ser Asn Leu Asn Pro Val Trp Asn Glu Glu Leu
    210                 215                 220

atg cta tct gtt cca cag gat ttt ggg ccc ata aag ttg agc gtt ttt      720
Met Leu Ser Val Pro Gln Asp Phe Gly Pro Ile Lys Leu Ser Val Phe
225                 230                 235                 240

gat cat gac aca ttt tct gcc gat gac ata atg ggg gaa gca gag att      768
Asp His Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile Met Gly Glu Ala Glu Ile
```

245 250 255

gac atc cag cca ttg atc aca tca gca atg gca ttc ggg gat cca gaa 816
Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala Met Ala Phe Gly Asp Pro Glu
260 265 270

atg ttt gga aat atg cag att gga aaa tgg ctg aaa tca aac gac aac 864
Met Phe Gly Asn Met Gln Ile Gly Lys Trp Leu Lys Ser Asn Asp Asn
275 280 285

gcc ctc ata gat gat agc atc ata aac att gtt gac ggg aag gtg aaa 912
Ala Leu Ile Asp Asp Ser Ile Ile Asn Ile Val Asp Gly Lys Val Lys
290 295 300

cag gag atc tca ttg aaa ctc cag aat gtt gaa tct ggg gaa cta caa 960
Gln Glu Ile Ser Leu Lys Leu Gln Asn Val Glu Ser Gly Glu Leu Gln
305 310 315 320

gta gaa ctg gag tgg atg cct ctt gac cag taa 993
Val Glu Leu Glu Trp Met Pro Leu Asp Gln
325 330

<210> 28
<211> 330
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 28

Met Ser Arg Leu Ser Glu Leu Gln Gln Val Ala Ser Gly Lys Arg Arg
1 5 10 15

Leu Lys Asp Leu Leu Leu Gln Ser Asp Asn Arg Phe Cys Ala Asp Cys
20 25 30

Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe Ile
35 40 45

Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile Ser
50 55 60

Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Asp Glu Ile Asp

65 70 75 80

Ala Met Ile Glu Val Gly Gly Asn Leu Ser Ala Asn Ser Ile Tyr Glu
85 90 95

Ala Phe Leu Pro Glu Gly Val Ser Lys Pro Gly Pro Asn Ser Ser Asn
100 105 110

Glu Asp Arg Thr Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu Leu Gln Glu Phe
115 120 125

Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Gly Lys Thr Ser Ser Ser Ser
130 135 140

Leu Lys Ser Ser Leu Ser Thr Asn Leu Phe Asp Ser Phe Gln Ile Pro
145 150 155 160

Ser Val Ser Gln Asn Leu Asp Gly Ile Val Glu Phe Met Gly Ile Leu
165 170 175

Lys Val Lys Val Ile Lys Gly Thr Asn Leu Ala Ile Arg Asp Met Met
180 185 190

Ser Ser Asp Pro Tyr Val Ile Val Ala Leu Gly Lys Gln Thr Ala Gln
195 200 205

Thr Thr Val Met Lys Ser Asn Leu Asn Pro Val Trp Asn Glu Glu Leu
210 215 220

Met Leu Ser Val Pro Gln Asp Phe Gly Pro Ile Lys Leu Ser Val Phe
225 230 235 240

Asp His Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile Met Gly Glu Ala Glu Ile
245 250 255

Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala Met Ala Phe Gly Asp Pro Glu
260 265 270

Met Phe Gly Asn Met Gln Ile Gly Lys Trp Leu Lys Ser Asn Asp Asn
275 280 285

Ala Leu Ile Asp Asp Ser Ile Ile Asn Ile Val Asp Gly Lys Val Lys
290 295 300

Gln Glu Ile Ser Leu Lys Leu Gln Asn Val Glu Ser Gly Glu Leu Gln
305 310 315 320

Val Glu Leu Glu Trp Met Pro Leu Asp Gln
325 330

<210> 29
<211> 993
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(993)
<223> Gen (Potri.011G098500), mã hóa protein gắn kết phospholipit phụ thuộc Ca2+ dự đoán

<400> 29
atg agc cga ttt tca gag ctg aag cat gct gcc tca ggt aaa aga aga 48
Met Ser Arg Phe Ser Glu Leu Lys His Ala Ala Ser Gly Lys Arg Arg
1 5 10 15

tta aaa gat tta ttg ctc caa agt gat aat cgc ttt tgt gct gat tgt 96
Leu Lys Asp Leu Leu Leu Gln Ser Asp Asn Arg Phe Cys Ala Asp Cys
20 25 30

ggt gct ccc gat cct aag tgg gca tca gca aat att ggg gtt ttc ata 144
Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe Ile
35 40 45

tgc tta aaa tgc tgt ggg gta cac aga agc ctt ggc aca cat atc tca 192
Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile Ser

```
    50                  55                  60

aag gtt tta tct gtg acg ttg gat gaa tgg tct gat gat gaa att gat      240
Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Asp Glu Ile Asp
65                  70                  75                  80

tcc atg act gaa gtt gga gga aac tca tct gct aat gca att tat gag      288
Ser Met Thr Glu Val Gly Gly Asn Ser Ser Ala Asn Ala Ile Tyr Glu
                85                  90                  95

gcc ttt tta cct gaa gga gtt tca aag ccg gga cca gat tcc agt cat      336
Ala Phe Leu Pro Glu Gly Val Ser Lys Pro Gly Pro Asp Ser Ser His
            100                 105                 110

gag gag cgt atg agg ttc atc agg tca aag tat gag ctt caa gag ttt      384
Glu Glu Arg Met Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu Leu Gln Glu Phe
        115                 120                 125

ttg aaa cct agt ttg cgg att aca tca gga aag act tcc tca tct tct      432
Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Gly Lys Thr Ser Ser Ser Ser
    130                 135                 140

ctc aag tca agt ttt tcc acg aag ctt ttt gat agt ttt cga att ccg      480
Leu Lys Ser Ser Phe Ser Thr Lys Leu Phe Asp Ser Phe Arg Ile Pro
145                 150                 155                 160

agt gta tca aag aat tcg gaa ggc atg gta gaa ttt att gga tta gtg      528
Ser Val Ser Lys Asn Ser Glu Gly Met Val Glu Phe Ile Gly Leu Val
                165                 170                 175

aag gtt aaa gtt aaa aaa ggt aca aat tta gct atc aga gat atg ttg      576
Lys Val Lys Val Lys Lys Gly Thr Asn Leu Ala Ile Arg Asp Met Leu
            180                 185                 190

tca agt gat ccc tac gtg gtc ctt act ctt ggg aaa cag act gtt caa      624
Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Thr Leu Gly Lys Gln Thr Val Gln
        195                 200                 205

acc act gtg atg aag agc aac ttg aat cca gtc tgg aat gaa gaa ctc      672
Thr Thr Val Met Lys Ser Asn Leu Asn Pro Val Trp Asn Glu Glu Leu
    210                 215                 220

atg cta tct gtt cca cag gat ttt ggg ccc ata aag ttg agt gtt ttt      720
Met Leu Ser Val Pro Gln Asp Phe Gly Pro Ile Lys Leu Ser Val Phe
225                 230                 235                 240

gat cat gac acg ttt tcg gct gat gat ata atg ggg gaa gca gag att      768
```

```
Asp His Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile Met Gly Glu Ala Glu Ile
                245                 250                 255

gac atc cag cca ttg ata aca tca gca atg gca ttt ggg gac ccg gaa      816
Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala Met Ala Phe Gly Asp Pro Glu
            260                 265                 270

atg ttt gga aat atg cag att ggg aaa tgg ctg aaa tca cat gac aat      864
Met Phe Gly Asn Met Gln Ile Gly Lys Trp Leu Lys Ser His Asp Asn
        275                 280                 285

gcc ctt gta gtt gat agc atc ata aac att gtt gat ggg aag gtg atg      912
Ala Leu Val Val Asp Ser Ile Ile Asn Ile Val Asp Gly Lys Val Met
    290                 295                 300

cag gag atc tca ttg aag ctt cag aat gtt gag tgt ggt gaa cta gaa      960
Gln Glu Ile Ser Leu Lys Leu Gln Asn Val Glu Cys Gly Glu Leu Glu
305                 310                 315                 320

gta gaa cta gag tgg atg cct ctt gac cag taa                          993
Val Glu Leu Glu Trp Met Pro Leu Asp Gln
                325                 330
```

<210> 30
<211> 330
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 30

```
Met Ser Arg Phe Ser Glu Leu Lys His Ala Ala Ser Gly Lys Arg Arg
1               5                   10                  15

Leu Lys Asp Leu Leu Leu Gln Ser Asp Asn Arg Phe Cys Ala Asp Cys
            20                  25                  30

Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe Ile
        35                  40                  45

Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile Ser
    50                  55                  60
```

Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Asp Glu Ile Asp
65 70 75 80

Ser Met Thr Glu Val Gly Gly Asn Ser Ser Ala Asn Ala Ile Tyr Glu
85 90 95

Ala Phe Leu Pro Glu Gly Val Ser Lys Pro Gly Pro Asp Ser Ser His
100 105 110

Glu Glu Arg Met Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu Leu Gln Glu Phe
115 120 125

Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Gly Lys Thr Ser Ser Ser Ser
130 135 140

Leu Lys Ser Ser Phe Ser Thr Lys Leu Phe Asp Ser Phe Arg Ile Pro
145 150 155 160

Ser Val Ser Lys Asn Ser Glu Gly Met Val Glu Phe Ile Gly Leu Val
165 170 175

Lys Val Lys Val Lys Lys Gly Thr Asn Leu Ala Ile Arg Asp Met Leu
180 185 190

Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Thr Leu Gly Lys Gln Thr Val Gln
195 200 205

Thr Thr Val Met Lys Ser Asn Leu Asn Pro Val Trp Asn Glu Glu Leu
210 215 220

Met Leu Ser Val Pro Gln Asp Phe Gly Pro Ile Lys Leu Ser Val Phe
225 230 235 240

Asp His Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile Met Gly Glu Ala Glu Ile
245 250 255

Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala Met Ala Phe Gly Asp Pro Glu
260 265 270

Met Phe Gly Asn Met Gln Ile Gly Lys Trp Leu Lys Ser His Asp Asn
275 280 285

Ala Leu Val Val Asp Ser Ile Ile Asn Ile Val Asp Gly Lys Val Met
290 295 300

Gln Glu Ile Ser Leu Lys Leu Gln Asn Val Glu Cys Gly Glu Leu Glu
305 310 315 320

Val Glu Leu Glu Trp Met Pro Leu Asp Gln
325 330

<210> 31
<211> 996
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(996)
<223> Gen (Eucgr.D00176), mã hóa protein gắn kết phospholipit phụ thuộc Ca2+ dự đoán

<400> 31
atg agt aat cgt gcg tac gaa ctt ggc aga ccc gcc tca ggc aag aga 48
Met Ser Asn Arg Ala Tyr Glu Leu Gly Arg Pro Ala Ser Gly Lys Arg
1 5 10 15

ata ata aag gat cta tta aat cag agt gat aac cgc ttt tgt gcc gat 96
Ile Ile Lys Asp Leu Leu Asn Gln Ser Asp Asn Arg Phe Cys Ala Asp
20 25 30

tgc ggt gct cct gat cct aaa tgg gcg tcg gca aat att gga gtt ttc 144
Cys Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe
35 40 45

ata tgt tta aaa tgt tgt gga gtg cac aga agt ttg gga act cac atc 192

```
Ile Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile
    50                  55                  60

tca aag gtt ttg tct gta aca ttg gat gac tgg tct gat gat gag att      240
Ser Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Asp Trp Ser Asp Asp Glu Ile
65                  70                  75                  80

gat tcc atg att gaa gtc gga ggg aat tct tct gca aat gca atc tat      288
Asp Ser Met Ile Glu Val Gly Gly Asn Ser Ser Ala Asn Ala Ile Tyr
                85                  90                  95

gag gca ttt atc cct gaa gga gtt aaa aag cct gga gct gat gct agt      336
Glu Ala Phe Ile Pro Glu Gly Val Lys Lys Pro Gly Ala Asp Ala Ser
            100                 105                 110

cat gag gag cgc atg aga ttt atc aga tct aaa tat gag ctt caa gaa      384
His Glu Glu Arg Met Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu Leu Gln Glu
        115                 120                 125

ttt ttg aag cct agc tta cgg att gct tca agg ccg tcg gaa agg agc      432
Phe Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Ala Ser Arg Pro Ser Glu Arg Ser
    130                 135                 140

act ctt caa tca agt ttt tct cgg aag att atg gat agc ttc aga agt      480
Thr Leu Gln Ser Ser Phe Ser Arg Lys Ile Met Asp Ser Phe Arg Ser
145                 150                 155                 160

tca cat tca tca aag aat tcc gaa ggc atg gta gag ttt att ggt tta      528
Ser His Ser Ser Lys Asn Ser Glu Gly Met Val Glu Phe Ile Gly Leu
                165                 170                 175

gtg aag gtg aaa gta ata aag ggt aca aat tta gcc atc aga gac atg      576
Val Lys Val Lys Val Ile Lys Gly Thr Asn Leu Ala Ile Arg Asp Met
            180                 185                 190

cta tca agt gat cct tat gtc gtc ttg aat ctc ggg cag cag aca gct      624
Leu Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Asn Leu Gly Gln Gln Thr Ala
        195                 200                 205

caa act aat gta gtc aag agc aac ttg aat cca gtt tgg aat cag gat      672
Gln Thr Asn Val Val Lys Ser Asn Leu Asn Pro Val Trp Asn Gln Asp
    210                 215                 220

ctc atg ctc tct gtt cct cag gat ttt ggg cct ctg aaa ttg cgg gta      720
Leu Met Leu Ser Val Pro Gln Asp Phe Gly Pro Leu Lys Leu Arg Val
225                 230                 235                 240
```

```
ttt gat cat gac acg ttt tca gct gat gac atc atg gga gag gca gag          768
Phe Asp His Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile Met Gly Glu Ala Glu
                245                 250                 255

gta gat ctc caa cct atg ata aca tct gca atg gct ttt gga gat gct          816
Val Asp Leu Gln Pro Met Ile Thr Ser Ala Met Ala Phe Gly Asp Ala
            260                 265                 270

gga atg ttt gga gac atg cag att gga aag tgg ctt aaa tct cat gac          864
Gly Met Phe Gly Asp Met Gln Ile Gly Lys Trp Leu Lys Ser His Asp
        275                 280                 285

aat gcc ctc cta atg gac agc acg gtc aac ata gtc gat ggg aag gtg          912
Asn Ala Leu Leu Met Asp Ser Thr Val Asn Ile Val Asp Gly Lys Val
    290                 295                 300

aag cag gag atc ttg ctt aag ctt cag aat gtc gaa tct gga gag ata          960
Lys Gln Glu Ile Leu Leu Lys Leu Gln Asn Val Glu Ser Gly Glu Ile
305                 310                 315                 320

gag cta gaa tta gaa tgg ttg ccc ctg gac caa tag                          996
Glu Leu Glu Leu Glu Trp Leu Pro Leu Asp Gln
                325                 330
```

<210> 32
<211> 331
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 32

```
Met Ser Asn Arg Ala Tyr Glu Leu Gly Arg Pro Ala Ser Gly Lys Arg
1               5                   10                  15

Ile Ile Lys Asp Leu Leu Asn Gln Ser Asp Asn Arg Phe Cys Ala Asp
            20                  25                  30

Cys Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe
        35                  40                  45

Ile Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile
    50                  55                  60
```

Ser Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Asp Trp Ser Asp Asp Glu Ile
65 70 75 80

Asp Ser Met Ile Glu Val Gly Gly Asn Ser Ser Ala Asn Ala Ile Tyr
85 90 95

Glu Ala Phe Ile Pro Glu Gly Val Lys Lys Pro Gly Ala Asp Ala Ser
100 105 110

His Glu Glu Arg Met Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu Leu Gln Glu
115 120 125

Phe Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Ala Ser Arg Pro Ser Glu Arg Ser
130 135 140

Thr Leu Gln Ser Ser Phe Ser Arg Lys Ile Met Asp Ser Phe Arg Ser
145 150 155 160

Ser His Ser Ser Lys Asn Ser Glu Gly Met Val Glu Phe Ile Gly Leu
165 170 175

Val Lys Val Lys Val Ile Lys Gly Thr Asn Leu Ala Ile Arg Asp Met
180 185 190

Leu Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Asn Leu Gly Gln Gln Thr Ala
195 200 205

Gln Thr Asn Val Val Lys Ser Asn Leu Asn Pro Val Trp Asn Gln Asp
210 215 220

Leu Met Leu Ser Val Pro Gln Asp Phe Gly Pro Leu Lys Leu Arg Val
225 230 235 240

Phe Asp His Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile Met Gly Glu Ala Glu
245 250 255

Val Asp Leu Gln Pro Met Ile Thr Ser Ala Met Ala Phe Gly Asp Ala
260 265 270

Gly Met Phe Gly Asp Met Gln Ile Gly Lys Trp Leu Lys Ser His Asp
275 280 285

Asn Ala Leu Leu Met Asp Ser Thr Val Asn Ile Val Asp Gly Lys Val
290 295 300

Lys Gln Glu Ile Leu Leu Lys Leu Gln Asn Val Glu Ser Gly Glu Ile
305 310 315 320

Glu Leu Glu Leu Glu Trp Leu Pro Leu Asp Gln
325 330

<210> 33
<211> 1014
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1014)
<223> Gen (AT4G21160), mã hóa protein gắn kết phospholipit phụ thuộc Ca2+ dự đoán

<400> 33
atg agt tat tct gga gcc gga ctc gga aag cct ggc tca ggt aaa agg 48
Met Ser Tyr Ser Gly Ala Gly Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Arg
1 5 10 15

aga ata agg gat ctt tta act caa tct gat aac cga gtc tgc gct gat 96
Arg Ile Arg Asp Leu Leu Thr Gln Ser Asp Asn Arg Val Cys Ala Asp
20 25 30

tgt ggc gct cca gat cct aag tgg gcg tca gct aat att gga gtg ttt 144
Cys Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe
35 40 45

```
ata tgc tta aaa tgt tgt ggt gtc cac aga agc ctt ggc agt cat atc          192
Ile Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Ser His Ile
    50                  55                  60

tca aag gtc tta tcc gtg aca ttg gat gaa tgg tca gat gaa gaa gtc          240
Ser Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Glu Glu Val
65                  70                  75                  80

gat tcg atg att gaa att gga gga aat gcc tct gca aat tca att tac          288
Asp Ser Met Ile Glu Ile Gly Gly Asn Ala Ser Ala Asn Ser Ile Tyr
                85                  90                  95

gag gcg ttt att cct gaa ggt agc tct aag cct gga cct gat gct agt          336
Glu Ala Phe Ile Pro Glu Gly Ser Ser Lys Pro Gly Pro Asp Ala Ser
            100                 105                 110

cat gac cag cgt atg agg ttc att agg tcg aaa tat gag cac caa gag          384
His Asp Gln Arg Met Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu His Gln Glu
        115                 120                 125

ttt ctg aaa cca agc ttg cgg atc aca tcc gtg agg ggc tct agt aca          432
Phe Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Val Arg Gly Ser Ser Thr
    130                 135                 140

aag act cca gca ttt ctt tca tcg agt cta tct aaa aag att gtt gat          480
Lys Thr Pro Ala Phe Leu Ser Ser Ser Leu Ser Lys Lys Ile Val Asp
145                 150                 155                 160

agc ttt cgc act aat tca tca tcg caa cag ccg caa ctt gaa ggc atg          528
Ser Phe Arg Thr Asn Ser Ser Ser Gln Gln Pro Gln Leu Glu Gly Met
                165                 170                 175

gtt gag ttt att gga ttg ttg aag gtg act att aaa aag ggt acc aat          576
Val Glu Phe Ile Gly Leu Leu Lys Val Thr Ile Lys Lys Gly Thr Asn
            180                 185                 190

atg gcc atc cga gat atg atg tca agt gat ccc tat gtt gtg ttg act          624
Met Ala Ile Arg Asp Met Met Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Thr
        195                 200                 205

cta gga caa cag aag gct caa tct act gta gtg aag agc aac tta aac          672
Leu Gly Gln Gln Lys Ala Gln Ser Thr Val Val Lys Ser Asn Leu Asn
    210                 215                 220

cct gtc tgg aat gag gaa ctc atg ctc tct gtt cct cat aac tat ggc          720
Pro Val Trp Asn Glu Glu Leu Met Leu Ser Val Pro His Asn Tyr Gly
225                 230                 235                 240
```

```
tca gtg aaa ttg caa gtg ttt gac tat gac aca ttt tct gct gat gac          768
Ser Val Lys Leu Gln Val Phe Asp Tyr Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp
                245                 250                 255

ata atg gga gaa gct gag att gat atc cag cct ctg att aca tct gca          816
Ile Met Gly Glu Ala Glu Ile Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala
            260                 265                 270

atg gct ttt gga gac cct gaa atg ttt gga gat atg cag att gga aaa          864
Met Ala Phe Gly Asp Pro Glu Met Phe Gly Asp Met Gln Ile Gly Lys
        275                 280                 285

tgg ctg aaa tcg cac gac aat gct ctt ata gaa gat agc atc atc aac          912
Trp Leu Lys Ser His Asp Asn Ala Leu Ile Glu Asp Ser Ile Ile Asn
    290                 295                 300

att gca gat ggt aaa gtg aag caa gag gtt caa atc aag ctt cag aat          960
Ile Ala Asp Gly Lys Val Lys Gln Glu Val Gln Ile Lys Leu Gln Asn
305                 310                 315                 320

gtt gaa tct ggt gaa cta gaa cta gaa atg gag tgg cta cct ctt gag         1008
Val Glu Ser Gly Glu Leu Glu Leu Glu Met Glu Trp Leu Pro Leu Glu
                325                 330                 335

caa taa                                                                 1014
Gln
```

<210> 34
<211> 337
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 34

```
Met Ser Tyr Ser Gly Ala Gly Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Arg
1               5                   10                  15

Arg Ile Arg Asp Leu Leu Thr Gln Ser Asp Asn Arg Val Cys Ala Asp
            20                  25                  30

Cys Gly Ala Pro Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe
        35                  40                  45
```

Ile Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Ser His Ile
50 55 60

Ser Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Glu Glu Val
65 70 75 80

Asp Ser Met Ile Glu Ile Gly Gly Asn Ala Ser Ala Asn Ser Ile Tyr
85 90 95

Glu Ala Phe Ile Pro Glu Gly Ser Ser Lys Pro Gly Pro Asp Ala Ser
100 105 110

His Asp Gln Arg Met Arg Phe Ile Arg Ser Lys Tyr Glu His Gln Glu
115 120 125

Phe Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Val Arg Gly Ser Ser Thr
130 135 140

Lys Thr Pro Ala Phe Leu Ser Ser Ser Leu Ser Lys Lys Ile Val Asp
145 150 155 160

Ser Phe Arg Thr Asn Ser Ser Ser Gln Gln Pro Gln Leu Glu Gly Met
165 170 175

Val Glu Phe Ile Gly Leu Leu Lys Val Thr Ile Lys Lys Gly Thr Asn
180 185 190

Met Ala Ile Arg Asp Met Met Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Thr
195 200 205

Leu Gly Gln Gln Lys Ala Gln Ser Thr Val Val Lys Ser Asn Leu Asn
210 215 220

Pro Val Trp Asn Glu Glu Leu Met Leu Ser Val Pro His Asn Tyr Gly

225 230 235 240

Ser Val Lys Leu Gln Val Phe Asp Tyr Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp
245 250 255

Ile Met Gly Glu Ala Glu Ile Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala
260 265 270

Met Ala Phe Gly Asp Pro Glu Met Phe Gly Asp Met Gln Ile Gly Lys
275 280 285

Trp Leu Lys Ser His Asp Asn Ala Leu Ile Glu Asp Ser Ile Ile Asn
290 295 300

Ile Ala Asp Gly Lys Val Lys Gln Glu Val Gln Ile Lys Leu Gln Asn
305 310 315 320

Val Glu Ser Gly Glu Leu Glu Leu Glu Met Glu Trp Leu Pro Leu Glu
325 330 335

Gln

<210> 35
<211> 1011
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1011)
<223> Gen (AT4G05330), mã hóa protein gắn kết phospholipit phụ thuộc Ca2+ dự đoán

<400> 35
atg agc aat tat gca gcc gga ctc ggt aag cct ggc tca ggt aaa agg 48
Met Ser Asn Tyr Ala Ala Gly Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Arg
1 5 10 15

```
aga atc aga gat ctt tta aat caa cct gat aac cga gtc tgc gct gat      96
Arg Ile Arg Asp Leu Leu Asn Gln Pro Asp Asn Arg Val Cys Ala Asp
            20                  25                  30

tgt ggc gct tct gat cct aaa tgg gca tca gca aat atc gga gta ttc     144
Cys Gly Ala Ser Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe
        35                  40                  45

att tgc tta aaa tgt tgc ggt gtg cac agg agc ctc ggc act cat att     192
Ile Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile
    50                  55                  60

tca aag gtt ttg tct gtg aca cta gat gaa tgg tca gat gag gaa gtc     240
Ser Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Glu Glu Val
65                  70                  75                  80

gat tcc atg att gaa att gga gga aat gcg tct gct aat tca att tat     288
Asp Ser Met Ile Glu Ile Gly Gly Asn Ala Ser Ala Asn Ser Ile Tyr
                85                  90                  95

gaa gct ttt tta cct gac acg tgc tct aag cct gga cct gat gtt aat     336
Glu Ala Phe Leu Pro Asp Thr Cys Ser Lys Pro Gly Pro Asp Val Asn
            100                 105                 110

cat gac cag cgt atg aga ttc att agg gca aaa tat gaa ctg caa gag     384
His Asp Gln Arg Met Arg Phe Ile Arg Ala Lys Tyr Glu Leu Gln Glu
        115                 120                 125

ttt ctg aaa cca agc ttg cgg att aca tcc ggg aaa ggc tca aca aag     432
Phe Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Gly Lys Gly Ser Thr Lys
    130                 135                 140

agt tca gct ttt ctt aca tca agt ctt tct aga aag atc atg gat agt     480
Ser Ser Ala Phe Leu Thr Ser Ser Leu Ser Arg Lys Ile Met Asp Ser
145                 150                 155                 160

ttt cgc aca aat tca tca tcg cag acg atg ttt cag gaa gga atg gta     528
Phe Arg Thr Asn Ser Ser Ser Gln Thr Met Phe Gln Glu Gly Met Val
                165                 170                 175

gag ttt att gga ttg ttg aag gtg act att aag aag gga act aac tta     576
Glu Phe Ile Gly Leu Leu Lys Val Thr Ile Lys Lys Gly Thr Asn Leu
            180                 185                 190

gca atc aga gac atg atg tca agt gat cca tat gtt gtg ttg aat cta     624
Ala Ile Arg Asp Met Met Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Asn Leu
```

195 200 205

ggg aag caa aaa ctt cag aca act gtt atg aat agt aat ttg aac ccg 672
Gly Lys Gln Lys Leu Gln Thr Thr Val Met Asn Ser Asn Leu Asn Pro
210 215 220

gta tgg aat caa gaa ctc atg ctg tct gtt cct gag agc tat ggc cct 720
Val Trp Asn Gln Glu Leu Met Leu Ser Val Pro Glu Ser Tyr Gly Pro
225 230 235 240

gtg aaa ttg caa gtg tat gat tat gat aca ttt tct gct gat gac ata 768
Val Lys Leu Gln Val Tyr Asp Tyr Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile
245 250 255

atg gga gaa gca gat att gat ata caa cct ttg ata aca tct gca atg 816
Met Gly Glu Ala Asp Ile Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala Met
260 265 270

gct ttt ggg gat cca gaa atg ttt ggg gat atg cag att ggg aaa tgg 864
Ala Phe Gly Asp Pro Glu Met Phe Gly Asp Met Gln Ile Gly Lys Trp
275 280 285

cta aaa tcg cat gat aac cca tta ata gat gac agt atc att aac att 912
Leu Lys Ser His Asp Asn Pro Leu Ile Asp Asp Ser Ile Ile Asn Ile
290 295 300

gtt gat ggg aaa gtg aaa cag gag gtt cag atc aag ctt cag aat gta 960
Val Asp Gly Lys Val Lys Gln Glu Val Gln Ile Lys Leu Gln Asn Val
305 310 315 320

gag tct gga gaa tta gag cta gaa atg gaa tgg ctg cca ctt gac caa 1008
Glu Ser Gly Glu Leu Glu Leu Glu Met Glu Trp Leu Pro Leu Asp Gln
325 330 335

taa 1011

<210> 36
<211> 336
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 36

Met Ser Asn Tyr Ala Ala Gly Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Arg
1 5 10 15

Arg Ile Arg Asp Leu Leu Asn Gln Pro Asp Asn Arg Val Cys Ala Asp
20 25 30

Cys Gly Ala Ser Asp Pro Lys Trp Ala Ser Ala Asn Ile Gly Val Phe
35 40 45

Ile Cys Leu Lys Cys Cys Gly Val His Arg Ser Leu Gly Thr His Ile
50 55 60

Ser Lys Val Leu Ser Val Thr Leu Asp Glu Trp Ser Asp Glu Glu Val
65 70 75 80

Asp Ser Met Ile Glu Ile Gly Gly Asn Ala Ser Ala Asn Ser Ile Tyr
85 90 95

Glu Ala Phe Leu Pro Asp Thr Cys Ser Lys Pro Gly Pro Asp Val Asn
100 105 110

His Asp Gln Arg Met Arg Phe Ile Arg Ala Lys Tyr Glu Leu Gln Glu
115 120 125

Phe Leu Lys Pro Ser Leu Arg Ile Thr Ser Gly Lys Gly Ser Thr Lys
130 135 140

Ser Ser Ala Phe Leu Thr Ser Ser Leu Ser Arg Lys Ile Met Asp Ser
145 150 155 160

Phe Arg Thr Asn Ser Ser Ser Gln Thr Met Phe Gln Glu Gly Met Val
165 170 175

Glu Phe Ile Gly Leu Leu Lys Val Thr Ile Lys Lys Gly Thr Asn Leu
180 185 190

Ala Ile Arg Asp Met Met Ser Ser Asp Pro Tyr Val Val Leu Asn Leu
195 200 205

Gly Lys Gln Lys Leu Gln Thr Thr Val Met Asn Ser Asn Leu Asn Pro
210 215 220

Val Trp Asn Gln Glu Leu Met Leu Ser Val Pro Glu Ser Tyr Gly Pro
225 230 235 240

Val Lys Leu Gln Val Tyr Asp Tyr Asp Thr Phe Ser Ala Asp Asp Ile
245 250 255

Met Gly Glu Ala Asp Ile Asp Ile Gln Pro Leu Ile Thr Ser Ala Met
260 265 270

Ala Phe Gly Asp Pro Glu Met Phe Gly Asp Met Gln Ile Gly Lys Trp
275 280 285

Leu Lys Ser His Asp Asn Pro Leu Ile Asp Asp Ser Ile Ile Asn Ile
290 295 300

Val Asp Gly Lys Val Lys Gln Glu Val Gln Ile Lys Leu Gln Asn Val
305 310 315 320

Glu Ser Gly Glu Leu Glu Leu Glu Met Glu Trp Leu Pro Leu Asp Gln
325 330 335

<210> 37
<211> 1789
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1788)
<223> Gen (STT632), mã hóa yếu tố phiên mã thuộc họ WRKY

<400> 37
atg gct gct tct tca ggg agc tta gac acg tct gga aat tca cac cca 48

```
Met Ala Ala Ser Ser Gly Ser Leu Asp Thr Ser Gly Asn Ser His Pro
1               5                  10                  15

caa agc agt aac agc tat ttt tct ttc agc act aat agt tct aat cac      96
Gln Ser Ser Asn Ser Tyr Phe Ser Phe Ser Thr Asn Ser Ser Asn His
            20                  25                  30

tac cct ttc atg acc tct tct tct ttc act gat ctt ctt gct tca aat     144
Tyr Pro Phe Met Thr Ser Ser Ser Phe Thr Asp Leu Leu Ala Ser Asn
        35                  40                  45

gat gaa gaa ccc att aat aat aac aca ggt aat agt aaa ttg gct gat     192
Asp Glu Glu Pro Ile Asn Asn Asn Thr Gly Asn Ser Lys Leu Ala Asp
    50                  55                  60

agg ata gct gag aga act ggg tct ggt gtg cct aag ttt aag tct act     240
Arg Ile Ala Glu Arg Thr Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Thr
65                  70                  75                  80

cct cct cct tct ttg cct tta tcc cct cct cct gtt tct cct tct tat     288
Pro Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro Pro Val Ser Pro Ser Tyr
                85                  90                  95

tac ttt gct att cct cct ggt tta agc cct act gag ctc ttg gat tct     336
Tyr Phe Ala Ile Pro Pro Gly Leu Ser Pro Thr Glu Leu Leu Asp Ser
            100                 105                 110

cca gtc atg tta aac cct tct aat att ttg cca tct cca aca act ggg     384
Pro Val Met Leu Asn Pro Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly
        115                 120                 125

aca ttt cca ggt cag ggt ttg aac tgg aag agt agt tct ggt aat atc     432
Thr Phe Pro Gly Gln Gly Leu Asn Trp Lys Ser Ser Ser Gly Asn Ile
    130                 135                 140

cag caa aat gtc aag aaa gaa gac agg agt ttc tct gat ttc tct ttc     480
Gln Gln Asn Val Lys Lys Glu Asp Arg Ser Phe Ser Asp Phe Ser Phe
145                 150                 155                 160

cag cca cca gca agg cca tcc aca act tca tca gcc atg ttt caa tct     528
Gln Pro Pro Ala Arg Pro Ser Thr Thr Ser Ser Ala Met Phe Gln Ser
                165                 170                 175

tca aac tcc aca gtt cag cct gga cag caa caa act tgg ggt ttt caa     576
Ser Asn Ser Thr Val Gln Pro Gly Gln Gln Gln Thr Trp Gly Phe Gln
            180                 185                 190
```

```
gaa cct gca aag caa gat gag ttt gtt tcg ggg aag agt aat atg gta      624
Glu Pro Ala Lys Gln Asp Glu Phe Val Ser Gly Lys Ser Asn Met Val
        195                 200                 205

aaa atg gaa tac aat tct aat tca atg aag agt ttc tcc cct gag atc      672
Lys Met Glu Tyr Asn Ser Asn Ser Met Lys Ser Phe Ser Pro Glu Ile
    210                 215                 220

gct gca att caa tca aac cct caa aac aat aat ggg ttc caa tct gat      720
Ala Ala Ile Gln Ser Asn Pro Gln Asn Asn Asn Gly Phe Gln Ser Asp
225                 230                 235                 240

cac ggt aat caa cca caa cag tat cag tct gtt agg gag cag aaa aga      768
His Gly Asn Gln Pro Gln Gln Tyr Gln Ser Val Arg Glu Gln Lys Arg
                245                 250                 255

tca gat gat ggg tat aat tgg agg aag tat ggt caa aaa caa gtt aaa      816
Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys
            260                 265                 270

gga agt gaa aat cca aga agt tat tac aag tgc aca ttc ccc aat tgt      864
Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Pro Asn Cys
        275                 280                 285

cca aca aag aag aaa gtc gag agg tcc ttg gat gga caa att aca gag      912
Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu
    290                 295                 300

ata gtt tac aag ggt agt cat aac cat cct aaa cct cag tct act agg      960
Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro Gln Ser Thr Arg
305                 310                 315                 320

aga tca tca tca aca gga tct aat cct gca atg att cca gct cct aat     1008
Arg Ser Ser Ser Thr Gly Ser Asn Pro Ala Met Ile Pro Ala Pro Asn
                325                 330                 335

agt aac tct aat gag att caa gat cag tca tat gtt act cat ggt aat     1056
Ser Asn Ser Asn Glu Ile Gln Asp Gln Ser Tyr Val Thr His Gly Asn
            340                 345                 350

gga caa atg gat tca tca gtt gcc act cct gat aat tca tca att tca     1104
Gly Gln Met Asp Ser Ser Val Ala Thr Pro Asp Asn Ser Ser Ile Ser
        355                 360                 365

att ggg gat gat gat ttt gat tca caa aag agt aaa tca gta ggt ggt     1152
Ile Gly Asp Asp Asp Phe Asp Ser Gln Lys Ser Lys Ser Val Gly Gly
    370                 375                 380
```

```
gat gac ttg gat gag gat gaa cct gac gcc aaa aga tgg aaa aga gag      1200
Asp Asp Leu Asp Glu Asp Glu Pro Asp Ala Lys Arg Trp Lys Arg Glu
385                 390                 395                 400

cgc gag aat gaa gga att tca gca cct ggc agc aga aca gta aga gaa      1248
Arg Glu Asn Glu Gly Ile Ser Ala Pro Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu
                405                 410                 415

cca aga gtt gta gtt caa acc acc agt gac att gat atc ctt gat gat      1296
Pro Arg Val Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp
            420                 425                 430

ggg tac agg tgg agg aaa tat ggg cag aag gtg gtc aag gga aat cca      1344
Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro
        435                 440                 445

aat cca agg agc tac tac aag tgc acg ttc caa gga tgt cct gta aga      1392
Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Gln Gly Cys Pro Val Arg
    450                 455                 460

aag cat gtt gag aga gca tca cat gac ctc agg gca gtg atc act act      1440
Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr
465                 470                 475                 480

tat gaa gga aag cac aac cat gat gtt ccc gct gct cgc ggc agc gcc      1488
Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Ala
                485                 490                 495

agc cgt tca ttg caa gac cac agc aac aat ggc aac aac aat gca gca      1536
Ser Arg Ser Leu Gln Asp His Ser Asn Asn Gly Asn Asn Asn Ala Ala
            500                 505                 510

atg aca att agg cca tca aca gta aac cat gtt tct aac aat ccc gtc      1584
Met Thr Ile Arg Pro Ser Thr Val Asn His Val Ser Asn Asn Pro Val
        515                 520                 525

aac aac cct ata aga aat caa agg gca cca ccg aca gca aca tcc gaa      1632
Asn Asn Pro Ile Arg Asn Gln Arg Ala Pro Pro Thr Ala Thr Ser Glu
    530                 535                 540

ggt gac atg cct ttt acc cta gag atg ctg caa agt cca gga agt ttt      1680
Gly Asp Met Pro Phe Thr Leu Glu Met Leu Gln Ser Pro Gly Ser Phe
545                 550                 555                 560

ggt ttc tcc gga ttt gga aac ctc atg ggg tct tac atg aat caa tca      1728
Gly Phe Ser Gly Phe Gly Asn Leu Met Gly Ser Tyr Met Asn Gln Ser
```

565 570 575

tca aca gat gaa gtt tta tca aga gcc aaa aga gaa ttg gaa gta gag 1776
Ser Thr Asp Glu Val Leu Ser Arg Ala Lys Arg Glu Leu Glu Val Glu
580 585 590

agt ttt tgg tag g 1789
Ser Phe Trp
595

<210> 38
<211> 595
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 38

Met Ala Ala Ser Ser Gly Ser Leu Asp Thr Ser Gly Asn Ser His Pro
1 5 10 15

Gln Ser Ser Asn Ser Tyr Phe Ser Phe Ser Thr Asn Ser Ser Asn His
20 25 30

Tyr Pro Phe Met Thr Ser Ser Ser Phe Thr Asp Leu Leu Ala Ser Asn
35 40 45

Asp Glu Glu Pro Ile Asn Asn Asn Thr Gly Asn Ser Lys Leu Ala Asp
50 55 60

Arg Ile Ala Glu Arg Thr Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Thr
65 70 75 80

Pro Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro Pro Val Ser Pro Ser Tyr
85 90 95

Tyr Phe Ala Ile Pro Pro Gly Leu Ser Pro Thr Glu Leu Leu Asp Ser
100 105 110

Pro Val Met Leu Asn Pro Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly

115 120 125

Thr Phe Pro Gly Gln Gly Leu Asn Trp Lys Ser Ser Ser Gly Asn Ile
130 135 140

Gln Gln Asn Val Lys Lys Glu Asp Arg Ser Phe Ser Asp Phe Ser Phe
145 150 155 160

Gln Pro Pro Ala Arg Pro Ser Thr Thr Ser Ser Ala Met Phe Gln Ser
165 170 175

Ser Asn Ser Thr Val Gln Pro Gly Gln Gln Gln Thr Trp Gly Phe Gln
180 185 190

Glu Pro Ala Lys Gln Asp Glu Phe Val Ser Gly Lys Ser Asn Met Val
195 200 205

Lys Met Glu Tyr Asn Ser Asn Ser Met Lys Ser Phe Ser Pro Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Ile Gln Ser Asn Pro Gln Asn Asn Asn Gly Phe Gln Ser Asp
225 230 235 240

His Gly Asn Gln Pro Gln Gln Tyr Gln Ser Val Arg Glu Gln Lys Arg
245 250 255

Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys
260 265 270

Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Pro Asn Cys
275 280 285

Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu
290 295 300

Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro Gln Ser Thr Arg
305 310 315 320

Arg Ser Ser Ser Thr Gly Ser Asn Pro Ala Met Ile Pro Ala Pro Asn
325 330 335

Ser Asn Ser Asn Glu Ile Gln Asp Gln Ser Tyr Val Thr His Gly Asn
340 345 350

Gly Gln Met Asp Ser Ser Val Ala Thr Pro Asp Asn Ser Ser Ile Ser
355 360 365

Ile Gly Asp Asp Asp Phe Asp Ser Gln Lys Ser Lys Ser Val Gly Gly
370 375 380

Asp Asp Leu Asp Glu Asp Glu Pro Asp Ala Lys Arg Trp Lys Arg Glu
385 390 395 400

Arg Glu Asn Glu Gly Ile Ser Ala Pro Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu
405 410 415

Pro Arg Val Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp
420 425 430

Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro
435 440 445

Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Gln Gly Cys Pro Val Arg
450 455 460

Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr
465 470 475 480

Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Ala
485 490 495

Ser Arg Ser Leu Gln Asp His Ser Asn Asn Gly Asn Asn Asn Ala Ala
500 505 510

Met Thr Ile Arg Pro Ser Thr Val Asn His Val Ser Asn Asn Pro Val
515 520 525

Asn Asn Pro Ile Arg Asn Gln Arg Ala Pro Pro Thr Ala Thr Ser Glu
530 535 540

Gly Asp Met Pro Phe Thr Leu Glu Met Leu Gln Ser Pro Gly Ser Phe
545 550 555 560

Gly Phe Ser Gly Phe Gly Asn Leu Met Gly Ser Tyr Met Asn Gln Ser
565 570 575

Ser Thr Asp Glu Val Leu Ser Arg Ala Lys Arg Glu Leu Glu Val Glu
580 585 590

Ser Phe Trp
595

<210> 39
<211> 1776
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1776)
<223> Gen (Potri.013G153400.1), mã hóa yếu tố tương tự với homolog protein gắn kết SP8 - cây dưa chuột. [ORG:Cucumis sativus]; [co-ortholog (5trong số9) của JC6203, AAC37515,

<400> 39
atg gct gct tct tca ggg agc tta gac acg tct ggg aat tca cac cca 48
Met Ala Ala Ser Ser Gly Ser Leu Asp Thr Ser Gly Asn Ser His Pro
1 5 10 15

caa agc agt aac aac tat ttt tct ttc agc act aat agt tct aat cac 96
Gln Ser Ser Asn Asn Tyr Phe Ser Phe Ser Thr Asn Ser Ser Asn His
20 25 30

tac cct ttc atg acc tct tct tct ttc act gat ctt ctt gct tca aat 144
Tyr Pro Phe Met Thr Ser Ser Ser Phe Thr Asp Leu Leu Ala Ser Asn
35 40 45

gat gaa gaa ccc gtt aat aat aac aca ggt aat agt aag ttg ggt gat 192
Asp Glu Glu Pro Val Asn Asn Asn Thr Gly Asn Ser Lys Leu Gly Asp
50 55 60

agg ata gct gag aga act ggc tct ggc gtg cct aaa ttt aag tct act 240
Arg Ile Ala Glu Arg Thr Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Thr
65 70 75 80

cct cct cct tct ttg cct tta tcc cct cct cct gtt tct cct tct tat 288
Pro Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro Pro Val Ser Pro Ser Tyr
85 90 95

tac ttt gct att cct cct ggt tta agc cct act gag ctc ttg gat tct 336
Tyr Phe Ala Ile Pro Pro Gly Leu Ser Pro Thr Glu Leu Leu Asp Ser
100 105 110

cca gtc ttg tta aac cct tct aat att ttg cca tct cca aca act ggg 384
Pro Val Leu Leu Asn Pro Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly
115 120 125

aca ttt cca ggt cag ggt ttg aac tgg aag agt agt tct ggt aat atc 432
Thr Phe Pro Gly Gln Gly Leu Asn Trp Lys Ser Ser Ser Gly Asn Ile
130 135 140

cag caa aat gtc aag aaa gaa gac agg agt ttc tct gat ttc tct ttc 480
Gln Gln Asn Val Lys Lys Glu Asp Arg Ser Phe Ser Asp Phe Ser Phe
145 150 155 160

cag caa cca gca agg cca tcc aca act tca tct gcc atg ttt caa tct 528
Gln Gln Pro Ala Arg Pro Ser Thr Thr Ser Ser Ala Met Phe Gln Ser
165 170 175

tca aac tcc aca gtt cag ccc gga cag caa caa act tgg ggt ttt caa 576
Ser Asn Ser Thr Val Gln Pro Gly Gln Gln Gln Thr Trp Gly Phe Gln
180 185 190

gaa cct gca aag caa gat gag ttt gtt tca ggg aag agt aat atg gta 624
Glu Pro Ala Lys Gln Asp Glu Phe Val Ser Gly Lys Ser Asn Met Val
195 200 205

```
aaa atg gaa tac aat tct aat tcc atg aag agt ttc tcc cct gag atc          672
Lys Met Glu Tyr Asn Ser Asn Ser Met Lys Ser Phe Ser Pro Glu Ile
    210                 215                 220

gct gca att caa gca aac cct caa agc aat aat ggg ttc caa tct gat          720
Ala Ala Ile Gln Ala Asn Pro Gln Ser Asn Asn Gly Phe Gln Ser Asp
225                 230                 235                 240

cac ggt aat caa cca caa cag tat cag tct gtt agg gag cag aaa aga          768
His Gly Asn Gln Pro Gln Gln Tyr Gln Ser Val Arg Glu Gln Lys Arg
                245                 250                 255

tca gat gat ggg tat aat tgg agg aag tat ggt caa aaa caa gtt aaa          816
Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys
            260                 265                 270

gga agt gaa aat cca aga agt tat tac aag tgc aca ttc ccc aat tgt          864
Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Pro Asn Cys
        275                 280                 285

cca aca aag aag aaa gtc gag agg tcc ttg gat gga caa att aca gag          912
Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu
    290                 295                 300

ata gtt tac aag ggt agt cat aac cat cct aaa cct cag tct act agg          960
Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro Gln Ser Thr Arg
305                 310                 315                 320

aga tca tca tca aca gga tct aat cct gca atg att cca gct cct aat         1008
Arg Ser Ser Ser Thr Gly Ser Asn Pro Ala Met Ile Pro Ala Pro Asn
                325                 330                 335

agt aac tct aat gag att caa gat cag tca tat gtt act cat ggt aat         1056
Ser Asn Ser Asn Glu Ile Gln Asp Gln Ser Tyr Val Thr His Gly Asn
            340                 345                 350

gga caa atg gat tca tca gtt gcc act cct gat aat tca tca att tca         1104
Gly Gln Met Asp Ser Ser Val Ala Thr Pro Asp Asn Ser Ser Ile Ser
        355                 360                 365

att ggg gat gat gat ttt gat tca caa aag agt aaa tca gta ggt ggt         1152
Ile Gly Asp Asp Asp Phe Asp Ser Gln Lys Ser Lys Ser Val Gly Gly
    370                 375                 380

gat gac ttg gat gag gat gaa cct gag gcc aaa aga tgg aaa aga gag         1200
Asp Asp Leu Asp Glu Asp Glu Pro Glu Ala Lys Arg Trp Lys Arg Glu
```

385 390 395 400

cgc gac aat gaa gga att tca gca cct ggc agc aga aca gta aga gaa 1248
Arg Asp Asn Glu Gly Ile Ser Ala Pro Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu
405 410 415

cca aga gtt gta gtt caa acc acc agt gac att gat atc ctt gat gat 1296
Pro Arg Val Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp
420 425 430

ggg tac agg tgg agg aaa tat ggg cag aaa gtg gtc aag gga aat cca 1344
Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro
435 440 445

aat cca agg agc tac tac aag tgc acg ttc caa gga tgt cct gta aga 1392
Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Gln Gly Cys Pro Val Arg
450 455 460

aag cat gtt gag aga gca tca cat gac ctt agg gca gtg atc act acc 1440
Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr
465 470 475 480

tat gaa gga aag cac aac cat gat gtt ccc gct gct cgc ggc agc ggc 1488
Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly
485 490 495

agc cgg tca ttg caa gac cac agc aac aat ggc aac aac aat gca gca 1536
Ser Arg Ser Leu Gln Asp His Ser Asn Asn Gly Asn Asn Asn Ala Ala
500 505 510

atg gca att agg cca tca acg gta aac cat gtt tct aac aac cct ata 1584
Met Ala Ile Arg Pro Ser Thr Val Asn His Val Ser Asn Asn Pro Ile
515 520 525

aga aat caa agg gca cca cct aca gca aca tcc gaa ggt gac atg cct 1632
Arg Asn Gln Arg Ala Pro Pro Thr Ala Thr Ser Glu Gly Asp Met Pro
530 535 540

ttt acc cta gag atg ctg caa agt cca gga agt ttt ggt ttc tca gga 1680
Phe Thr Leu Glu Met Leu Gln Ser Pro Gly Ser Phe Gly Phe Ser Gly
545 550 555 560

ttt gga aac ctc atg ggg tct tac atg agt caa tca tca aca gat gaa 1728
Phe Gly Asn Leu Met Gly Ser Tyr Met Ser Gln Ser Ser Thr Asp Glu
565 570 575

gtt tta tca aga gcc aaa aga gaa ttg gaa gta gag agt ttt tgg tag 1776

Val Leu Ser Arg Ala Lys Arg Glu Leu Glu Val Glu Ser Phe Trp
580 585 590

<210> 40
<211> 591
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 40

Met Ala Ala Ser Ser Gly Ser Leu Asp Thr Ser Gly Asn Ser His Pro
1 5 10 15

Gln Ser Ser Asn Asn Tyr Phe Ser Phe Ser Thr Asn Ser Ser Asn His
20 25 30

Tyr Pro Phe Met Thr Ser Ser Ser Phe Thr Asp Leu Leu Ala Ser Asn
35 40 45

Asp Glu Glu Pro Val Asn Asn Asn Thr Gly Asn Ser Lys Leu Gly Asp
50 55 60

Arg Ile Ala Glu Arg Thr Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Thr
65 70 75 80

Pro Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro Pro Val Ser Pro Ser Tyr
85 90 95

Tyr Phe Ala Ile Pro Pro Gly Leu Ser Pro Thr Glu Leu Leu Asp Ser
100 105 110

Pro Val Leu Leu Asn Pro Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly
115 120 125

Thr Phe Pro Gly Gln Gly Leu Asn Trp Lys Ser Ser Ser Gly Asn Ile
130 135 140

Gln Gln Asn Val Lys Lys Glu Asp Arg Ser Phe Ser Asp Phe Ser Phe
145 150 155 160

Gln Gln Pro Ala Arg Pro Ser Thr Thr Ser Ser Ala Met Phe Gln Ser
165 170 175

Ser Asn Ser Thr Val Gln Pro Gly Gln Gln Gln Thr Trp Gly Phe Gln
180 185 190

Glu Pro Ala Lys Gln Asp Glu Phe Val Ser Gly Lys Ser Asn Met Val
195 200 205

Lys Met Glu Tyr Asn Ser Asn Ser Met Lys Ser Phe Ser Pro Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Ile Gln Ala Asn Pro Gln Ser Asn Asn Gly Phe Gln Ser Asp
225 230 235 240

His Gly Asn Gln Pro Gln Gln Tyr Gln Ser Val Arg Glu Gln Lys Arg
245 250 255

Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys
260 265 270

Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Pro Asn Cys
275 280 285

Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu
290 295 300

Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro Gln Ser Thr Arg
305 310 315 320

Arg Ser Ser Ser Thr Gly Ser Asn Pro Ala Met Ile Pro Ala Pro Asn
325 330 335

Ser Asn Ser Asn Glu Ile Gln Asp Gln Ser Tyr Val Thr His Gly Asn
340 345 350

Gly Gln Met Asp Ser Ser Val Ala Thr Pro Asp Asn Ser Ser Ile Ser
355 360 365

Ile Gly Asp Asp Asp Phe Asp Ser Gln Lys Ser Lys Ser Val Gly Gly
370 375 380

Asp Asp Leu Asp Glu Asp Glu Pro Glu Ala Lys Arg Trp Lys Arg Glu
385 390 395 400

Arg Asp Asn Glu Gly Ile Ser Ala Pro Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu
405 410 415

Pro Arg Val Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp
420 425 430

Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro
435 440 445

Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Phe Gln Gly Cys Pro Val Arg
450 455 460

Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr
465 470 475 480

Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly
485 490 495

Ser Arg Ser Leu Gln Asp His Ser Asn Asn Gly Asn Asn Asn Ala Ala
500 505 510

Met Ala Ile Arg Pro Ser Thr Val Asn His Val Ser Asn Asn Pro Ile
515 520 525

Arg Asn Gln Arg Ala Pro Pro Thr Ala Thr Ser Glu Gly Asp Met Pro
530 535 540

Phe Thr Leu Glu Met Leu Gln Ser Pro Gly Ser Phe Gly Phe Ser Gly
545 550 555 560

Phe Gly Asn Leu Met Gly Ser Tyr Met Ser Gln Ser Ser Thr Asp Glu
565 570 575

Val Leu Ser Arg Ala Lys Arg Glu Leu Glu Val Glu Ser Phe Trp
580 585 590

<210> 41
<211> 1641
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1641)
<223> Gen (Potri.006G105300), mã hóa yếu tố phiên mã gắn kết ADN

<400> 41
atg gca tct tca gct tct gct agc tca act act act ata aat tct cta 48
Met Ala Ser Ser Ala Ser Ala Ser Ser Thr Thr Thr Ile Asn Ser Leu
1 5 10 15

tct aac ctc tct ctc cca acc caa atc atg act ttc tct tct cct tct 96
Ser Asn Leu Ser Leu Pro Thr Gln Ile Met Thr Phe Ser Ser Pro Ser
20 25 30

ttt act gat ctt gtt tct ggt aat aac aaa tat atg gac aac cta agc 144
Phe Thr Asp Leu Val Ser Gly Asn Asn Lys Tyr Met Asp Asn Leu Ser
35 40 45

tgg gga ctt tat gaa tat gga act aat gat aga aat gga att gaa atc 192
Trp Gly Leu Tyr Glu Tyr Gly Thr Asn Asp Arg Asn Gly Ile Glu Ile
50 55 60

ccg aac ttc aag tca ttt caa cct cct tca ctc cct cta tct cct ccc 240

```
Pro Asn Phe Lys Ser Phe Gln Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro
65                  70                  75                  80

cca gtt tct cct tct tct tac tgg gcc att cct cct cgt tta agc cca      288
Pro Val Ser Pro Ser Ser Tyr Trp Ala Ile Pro Pro Arg Leu Ser Pro
                85                  90                  95

act gag ctc ttg gac tca cct gta ctt ttc cct act tcc tat gct ctt      336
Thr Glu Leu Leu Asp Ser Pro Val Leu Phe Pro Thr Ser Tyr Ala Leu
            100                 105                 110

gca tct cca aca agt ggg ttt ttt gct ggt caa acc ttc aac tgg aga      384
Ala Ser Pro Thr Ser Gly Phe Phe Ala Gly Gln Thr Phe Asn Trp Arg
        115                 120                 125

agt aat tct aat gac aat cag cga ggt gtt agc gga gaa gag aaa gac      432
Ser Asn Ser Asn Asp Asn Gln Arg Gly Val Ser Gly Glu Glu Lys Asp
    130                 135                 140

tgc agt gat ttc tct ttc caa acc caa aca aga cct cct aca att tca      480
Cys Ser Asp Phe Ser Phe Gln Thr Gln Thr Arg Pro Pro Thr Ile Ser
145                 150                 155                 160

tca tca tca tca tcc ttg ttt caa tct tct tca aac agt gtt gta gtg      528
Ser Ser Ser Ser Ser Leu Phe Gln Ser Ser Ser Asn Ser Val Val Val
                165                 170                 175

gag aaa tca ctg aag agg aaa cat gaa gaa tgg aaa ttt aac cag tcg      576
Glu Lys Ser Leu Lys Arg Lys His Glu Glu Trp Lys Phe Asn Gln Ser
            180                 185                 190

aag caa act gac ttt tca tta gat cag aaa aca gga gtg aaa tca gta      624
Lys Gln Thr Asp Phe Ser Leu Asp Gln Lys Thr Gly Val Lys Ser Val
        195                 200                 205

tct gca cca gtt cag agt ttc tcc tca gaa ttg gtt ccg cta caa gca      672
Ser Ala Pro Val Gln Ser Phe Ser Ser Glu Leu Val Pro Leu Gln Ala
    210                 215                 220

aac atg caa aac agc act gct cct caa cca agt tac aac caa tac aat      720
Asn Met Gln Asn Ser Thr Ala Pro Gln Pro Ser Tyr Asn Gln Tyr Asn
225                 230                 235                 240

caa gca ggt cat tat atg agg gag aat gga agg tca gag gat aga tac      768
Gln Ala Gly His Tyr Met Arg Glu Asn Gly Arg Ser Glu Asp Arg Tyr
                245                 250                 255
```

```
aag tgg aga aaa tat gga caa aaa caa gtt aaa gga agt gag aat ccg      816
Lys Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro
            260                 265                 270

agg agt tac tat aag tgc aca tat ccg aat tgc aca acg aag aaa aaa      864
Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Tyr Pro Asn Cys Thr Thr Lys Lys Lys
        275                 280                 285

gtg gag agg tct ttg gat gga cag att act gaa ata gtt tat aaa gga      912
Val Glu Arg Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly
    290                 295                 300

agt cac aac cat tcc aag cct cag tcc act aga aga tca tcc tct caa      960
Ser His Asn His Ser Lys Pro Gln Ser Thr Arg Arg Ser Ser Ser Gln
305                 310                 315                 320

tca gtt tat cct tct gga ggt gcc aac tct gaa atc tct tat caa tca     1008
Ser Val Tyr Pro Ser Gly Gly Ala Asn Ser Glu Ile Ser Tyr Gln Ser
                325                 330                 335

gga gca cca atg gag tct ggc atg atg cag gag gac tct tcg att tca     1056
Gly Ala Pro Met Glu Ser Gly Met Met Gln Glu Asp Ser Ser Ile Ser
            340                 345                 350

ctt ggg gag gat gat att gac cat agc tca ccg att agc aat tct gga     1104
Leu Gly Glu Asp Asp Ile Asp His Ser Ser Pro Ile Ser Asn Ser Gly
        355                 360                 365

gga gag gac aac gaa aac gaa cct gat gcc aaa aga tgg ctg gga cag     1152
Gly Glu Asp Asn Glu Asn Glu Pro Asp Ala Lys Arg Trp Leu Gly Gln
    370                 375                 380

aac gaa aat gag agt att tta ggt gct gga agt aaa act gtt aga gaa     1200
Asn Glu Asn Glu Ser Ile Leu Gly Ala Gly Ser Lys Thr Val Arg Glu
385                 390                 395                 400

tct aga att gtg gtt caa aca aca agt gac att gac ata ctt gat gac     1248
Ser Arg Ile Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp
                405                 410                 415

ggc tat aga tgg cga aaa tac ggg cag aaa gtc gtc agg gga aat cca     1296
Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Arg Gly Asn Pro
            420                 425                 430

aat cca agg agc tac tac aaa tgt aca tct gct ggt tgt cct gtg aga     1344
Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Ser Ala Gly Cys Pro Val Arg
        435                 440                 445
```

aaa cat gta gag cga gca tcg cat gat ttg aga tct gtg att aca act 1392
Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Arg Ser Val Ile Thr Thr
450 455 460

tac gaa gga aaa cac aac cat gat gtt cca gct gcc cgg ggc agg ggc 1440
Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Arg Gly
465 470 475 480

aat gtg aac aaa gct cca tcc aat gct aac agc act gcc aat gct ccg 1488
Asn Val Asn Lys Ala Pro Ser Asn Ala Asn Ser Thr Ala Asn Ala Pro
485 490 495

atc cct ata agg cct tct gtc atg gcc agt cat tct aac cag aca cgt 1536
Ile Pro Ile Arg Pro Ser Val Met Ala Ser His Ser Asn Gln Thr Arg
500 505 510

tat cat cca aac tcc ctt cac agc aca aga tta ttg cca aca tca ggg 1584
Tyr His Pro Asn Ser Leu His Ser Thr Arg Leu Leu Pro Thr Ser Gly
515 520 525

agt caa gca cca ttt acc ctc caa atg tta cag agt caa ggg agt ttt 1632
Ser Gln Ala Pro Phe Thr Leu Gln Met Leu Gln Ser Gln Gly Ser Phe
530 535 540

gaa tac tga 1641
Glu Tyr
545

<210> 42
<211> 546
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 42

Met Ala Ser Ser Ala Ser Ala Ser Ser Thr Thr Thr Ile Asn Ser Leu
1 5 10 15

Ser Asn Leu Ser Leu Pro Thr Gln Ile Met Thr Phe Ser Ser Pro Ser
20 25 30

Phe Thr Asp Leu Val Ser Gly Asn Asn Lys Tyr Met Asp Asn Leu Ser
35 40 45

Trp Gly Leu Tyr Glu Tyr Gly Thr Asn Asp Arg Asn Gly Ile Glu Ile
50 55 60

Pro Asn Phe Lys Ser Phe Gln Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro
65 70 75 80

Pro Val Ser Pro Ser Ser Tyr Trp Ala Ile Pro Pro Arg Leu Ser Pro
85 90 95

Thr Glu Leu Leu Asp Ser Pro Val Leu Phe Pro Thr Ser Tyr Ala Leu
100 105 110

Ala Ser Pro Thr Ser Gly Phe Phe Ala Gly Gln Thr Phe Asn Trp Arg
115 120 125

Ser Asn Ser Asn Asp Asn Gln Arg Gly Val Ser Gly Glu Glu Lys Asp
130 135 140

Cys Ser Asp Phe Ser Phe Gln Thr Gln Thr Arg Pro Pro Thr Ile Ser
145 150 155 160

Ser Ser Ser Ser Ser Leu Phe Gln Ser Ser Ser Asn Ser Val Val Val
165 170 175

Glu Lys Ser Leu Lys Arg Lys His Glu Glu Trp Lys Phe Asn Gln Ser
180 185 190

Lys Gln Thr Asp Phe Ser Leu Asp Gln Lys Thr Gly Val Lys Ser Val
195 200 205

Ser Ala Pro Val Gln Ser Phe Ser Ser Glu Leu Val Pro Leu Gln Ala
210 215 220

Asn Met Gln Asn Ser Thr Ala Pro Gln Pro Ser Tyr Asn Gln Tyr Asn

225 230 235 240

Gln Ala Gly His Tyr Met Arg Glu Asn Gly Arg Ser Glu Asp Arg Tyr
245 250 255

Lys Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro
260 265 270

Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Tyr Pro Asn Cys Thr Thr Lys Lys Lys
275 280 285

Val Glu Arg Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly
290 295 300

Ser His Asn His Ser Lys Pro Gln Ser Thr Arg Arg Ser Ser Ser Gln
305 310 315 320

Ser Val Tyr Pro Ser Gly Gly Ala Asn Ser Glu Ile Ser Tyr Gln Ser
325 330 335

Gly Ala Pro Met Glu Ser Gly Met Met Gln Glu Asp Ser Ser Ile Ser
340 345 350

Leu Gly Glu Asp Asp Ile Asp His Ser Ser Pro Ile Ser Asn Ser Gly
355 360 365

Gly Glu Asp Asn Glu Asn Glu Pro Asp Ala Lys Arg Trp Leu Gly Gln
370 375 380

Asn Glu Asn Glu Ser Ile Leu Gly Ala Gly Ser Lys Thr Val Arg Glu
385 390 395 400

Ser Arg Ile Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp
405 410 415

Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Arg Gly Asn Pro
420 425 430

Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Ser Ala Gly Cys Pro Val Arg
435 440 445

Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Arg Ser Val Ile Thr Thr
450 455 460

Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Arg Gly
465 470 475 480

Asn Val Asn Lys Ala Pro Ser Asn Ala Asn Ser Thr Ala Asn Ala Pro
485 490 495

Ile Pro Ile Arg Pro Ser Val Met Ala Ser His Ser Asn Gln Thr Arg
500 505 510

Tyr His Pro Asn Ser Leu His Ser Thr Arg Leu Leu Pro Thr Ser Gly
515 520 525

Ser Gln Ala Pro Phe Thr Leu Gln Met Leu Gln Ser Gln Gly Ser Phe
530 535 540

Glu Tyr
545

<210> 43
<211> 1740
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1740)

<223> Gen (Potri.016G128300), mã hóa yếu tố tương tự với yếu tố phiên mã họ WRKY; yếu tố tương tự với thành viên của yếu tố phiên mã WRKY; yếu tố tương tự với nhóm I; [ortholog của At2g38470,]

<400> 43

```
atg gca tct tca gct tct gcg agc ata tca aat tct atg aat tct cca          48
Met Ala Ser Ser Ala Ser Ala Ser Ile Ser Asn Ser Met Asn Ser Pro
1               5                   10                  15

tca aac ttt tct ttc tcg acc cag ttt atg act tct tct tcc tct cct          96
Ser Asn Phe Ser Phe Ser Thr Gln Phe Met Thr Ser Ser Ser Ser Pro
            20                  25                  30

tct tct ttt act aat ctt ctt tct agt aat aac aaa gac atg gac aac         144
Ser Ser Phe Thr Asn Leu Leu Ser Ser Asn Asn Lys Asp Met Asp Asn
        35                  40                  45

ctt agc tgg gga ctt tat gac cat gga acg aat gat aga att ggt att         192
Leu Ser Trp Gly Leu Tyr Asp His Gly Thr Asn Asp Arg Ile Gly Ile
    50                  55                  60

gaa atc cca aac tat aag tca ttt caa ccc ttt tct cct ccc cca gtt         240
Glu Ile Pro Asn Tyr Lys Ser Phe Gln Pro Phe Ser Pro Pro Pro Val
65                  70                  75                  80

tct cct tct tct tac ttt gcc att cct cct ggt tta agc cca act gag         288
Ser Pro Ser Ser Tyr Phe Ala Ile Pro Pro Gly Leu Ser Pro Thr Glu
                85                  90                  95

ctc ttg gac tca cct gtg ctt ttc cct act tct aat ggt ctt gca tct         336
Leu Leu Asp Ser Pro Val Leu Phe Pro Thr Ser Asn Gly Leu Ala Ser
            100                 105                 110

cct aca act ggg gct ttt gct ggt caa acc ttc aac tgg agg ggt aat         384
Pro Thr Thr Gly Ala Phe Ala Gly Gln Thr Phe Asn Trp Arg Gly Asn
        115                 120                 125

tct aat gac aat cag caa ggt gtt agt gga gaa gag aaa aac tac agt         432
Ser Asn Asp Asn Gln Gln Gly Val Ser Gly Glu Glu Lys Asn Tyr Ser
    130                 135                 140

gat ttc tct ttc cca acc cag aca agg cct cct gca att tca tca tcc         480
Asp Phe Ser Phe Pro Thr Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ile Ser Ser Ser
145                 150                 155                 160

ttc ttt caa tcc tct tca aac agt gtt aca gtg gag aaa tcc ctg aaa         528
Phe Phe Gln Ser Ser Ser Asn Ser Val Thr Val Glu Lys Ser Leu Lys
```

```
                    165                 170                 175

agg aaa caa gaa gaa tgg aac ttt gac caa tta aag caa act gac ttt      576
Arg Lys Gln Glu Glu Trp Asn Phe Asp Gln Leu Lys Gln Thr Asp Phe
            180                 185                 190

tca tca gat cag aaa aca gga gta aaa tca gaa ttt gca cca gag cag      624
Ser Ser Asp Gln Lys Thr Gly Val Lys Ser Glu Phe Ala Pro Glu Gln
        195                 200                 205

agt ttc tcc tcg gag ttg gtg cca ctc caa gct aac atg caa agt gtt      672
Ser Phe Ser Ser Glu Leu Val Pro Leu Gln Ala Asn Met Gln Ser Val
    210                 215                 220

aac act gct gct caa cca agt ttc aac caa tac aat caa tca gct cat      720
Asn Thr Ala Ala Gln Pro Ser Phe Asn Gln Tyr Asn Gln Ser Ala His
225                 230                 235                 240

tat atg aga gag aat aaa agg tct gat gat gga tac aac tgg aga aaa      768
Tyr Met Arg Glu Asn Lys Arg Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys
                245                 250                 255

tat gga caa aag caa gtg aaa ggg agt gag aat cca agg agt tat tac      816
Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr
            260                 265                 270

aag tgc aca tat ccg aat tgc cca aca aag aaa aag gtg gag aga tct      864
Lys Cys Thr Tyr Pro Asn Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser
        275                 280                 285

ttg gat gga cag att act gaa ata gtt tat aaa gga agt cac aac cat      912
Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His
    290                 295                 300

ccc aag ctt caa tcc agc aga aga tca tcc tct caa tta gtt cag cct      960
Pro Lys Leu Gln Ser Ser Arg Arg Ser Ser Ser Gln Leu Val Gln Pro
305                 310                 315                 320

tct gga ggt gcc agc tca gaa atc tct gat caa tca atc gca cca ata     1008
Ser Gly Gly Ala Ser Ser Glu Ile Ser Asp Gln Ser Ile Ala Pro Ile
                325                 330                 335

gag tct agc atg atg cag gag gac tct tcg att tcg ctt ggg gag gat     1056
Glu Ser Ser Met Met Gln Glu Asp Ser Ser Ile Ser Leu Gly Glu Asp
            340                 345                 350

gaa ttt gac caa agt tca tca atg aat tca gga gaa gag gac aat gca     1104
```

```
Glu Phe Asp Gln Ser Ser Ser Met Asn Ser Gly Glu Glu Asp Asn Ala
        355                 360                 365

aat gaa ccc gat gcc aaa aga tgg cag gga cag aac gaa aac gag agt      1152
Asn Glu Pro Asp Ala Lys Arg Trp Gln Gly Gln Asn Glu Asn Glu Ser
    370                 375                 380

att tta ggt gct ggg agc agg act gtt aga gaa cct aga att gtg gtt      1200
Ile Leu Gly Ala Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu Pro Arg Ile Val Val
385                 390                 395                 400

caa aca aca agt gac att gac ata ctt gat gat ggc tat agg tgg cga      1248
Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg
                405                 410                 415

aaa tat ggg cag aaa gtc gtc aag gga aat ccg aat cca agg agc tac      1296
Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr
            420                 425                 430

tac aaa tgc aca tct gtt ggt tgt cct gtg agg aaa cat gta gag cga      1344
Tyr Lys Cys Thr Ser Val Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg
        435                 440                 445

gca tca cag gat ttg aga gct gtg att aca act tat gaa gga aaa cac      1392
Ala Ser Gln Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His
    450                 455                 460

aac cat gat gtt cca gcc gcc cgc ggc agc ggc tac atg aac aaa gct      1440
Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly Tyr Met Asn Lys Ala
465                 470                 475                 480

cca tcc att gct aac agt act gcc aat gcg ccg atc cct ata agg cct      1488
Pro Ser Ile Ala Asn Ser Thr Ala Asn Ala Pro Ile Pro Ile Arg Pro
                485                 490                 495

tcc gtc atg gcc aat cat tct aac cag aca agt tat cca aac tcc ctt      1536
Ser Val Met Ala Asn His Ser Asn Gln Thr Ser Tyr Pro Asn Ser Leu
            500                 505                 510

cac agc aca aga tca tta cca gca tca gga agt caa gca cca ttt acc      1584
His Ser Thr Arg Ser Leu Pro Ala Ser Gly Ser Gln Ala Pro Phe Thr
        515                 520                 525

ctc gaa atg tta cag ggt caa ggg agt ttt gaa tac tca agt ttt gga      1632
Leu Glu Met Leu Gln Gly Gln Gly Ser Phe Glu Tyr Ser Ser Phe Gly
    530                 535                 540
```

aag cag aat ggc acc tac atg aat caa aca caa tac tcc gag ggt gtc 1680
Lys Gln Asn Gly Thr Tyr Met Asn Gln Thr Gln Tyr Ser Glu Gly Val
545 550 555 560

ttc cct aga gcc aag gaa gaa cca aag aat gac tca ttt ttt gat ccc 1728
Phe Pro Arg Ala Lys Glu Glu Pro Lys Asn Asp Ser Phe Phe Asp Pro
565 570 575

ttc ctt aac taa 1740
Phe Leu Asn

<210> 44
<211> 579
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 44

Met Ala Ser Ser Ala Ser Ala Ser Ile Ser Asn Ser Met Asn Ser Pro
1 5 10 15

Ser Asn Phe Ser Phe Ser Thr Gln Phe Met Thr Ser Ser Ser Ser Pro
20 25 30

Ser Ser Phe Thr Asn Leu Leu Ser Ser Asn Asn Lys Asp Met Asp Asn
35 40 45

Leu Ser Trp Gly Leu Tyr Asp His Gly Thr Asn Asp Arg Ile Gly Ile
50 55 60

Glu Ile Pro Asn Tyr Lys Ser Phe Gln Pro Phe Ser Pro Pro Pro Val
65 70 75 80

Ser Pro Ser Ser Tyr Phe Ala Ile Pro Pro Gly Leu Ser Pro Thr Glu
85 90 95

Leu Leu Asp Ser Pro Val Leu Phe Pro Thr Ser Asn Gly Leu Ala Ser
100 105 110

Pro Thr Thr Gly Ala Phe Ala Gly Gln Thr Phe Asn Trp Arg Gly Asn
115 120 125

Ser Asn Asp Asn Gln Gln Gly Val Ser Gly Glu Glu Lys Asn Tyr Ser
130 135 140

Asp Phe Ser Phe Pro Thr Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ile Ser Ser Ser
145 150 155 160

Phe Phe Gln Ser Ser Ser Asn Ser Val Thr Val Glu Lys Ser Leu Lys
165 170 175

Arg Lys Gln Glu Glu Trp Asn Phe Asp Gln Leu Lys Gln Thr Asp Phe
180 185 190

Ser Ser Asp Gln Lys Thr Gly Val Lys Ser Glu Phe Ala Pro Glu Gln
195 200 205

Ser Phe Ser Ser Glu Leu Val Pro Leu Gln Ala Asn Met Gln Ser Val
210 215 220

Asn Thr Ala Ala Gln Pro Ser Phe Asn Gln Tyr Asn Gln Ser Ala His
225 230 235 240

Tyr Met Arg Glu Asn Lys Arg Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys
245 250 255

Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr
260 265 270

Lys Cys Thr Tyr Pro Asn Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser
275 280 285

Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His
290 295 300

Pro Lys Leu Gln Ser Ser Arg Arg Ser Ser Ser Gln Leu Val Gln Pro
305 310 315 320

Ser Gly Gly Ala Ser Ser Glu Ile Ser Asp Gln Ser Ile Ala Pro Ile
325 330 335

Glu Ser Ser Met Met Gln Glu Asp Ser Ser Ile Ser Leu Gly Glu Asp
340 345 350

Glu Phe Asp Gln Ser Ser Ser Met Asn Ser Gly Glu Glu Asp Asn Ala
355 360 365

Asn Glu Pro Asp Ala Lys Arg Trp Gln Gly Gln Asn Glu Asn Glu Ser
370 375 380

Ile Leu Gly Ala Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu Pro Arg Ile Val Val
385 390 395 400

Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg
405 410 415

Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr
420 425 430

Tyr Lys Cys Thr Ser Val Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg
435 440 445

Ala Ser Gln Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His
450 455 460

Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly Tyr Met Asn Lys Ala
465 470 475 480

Pro Ser Ile Ala Asn Ser Thr Ala Asn Ala Pro Ile Pro Ile Arg Pro

485 490 495

Ser Val Met Ala Asn His Ser Asn Gln Thr Ser Tyr Pro Asn Ser Leu
500 505 510

His Ser Thr Arg Ser Leu Pro Ala Ser Gly Ser Gln Ala Pro Phe Thr
515 520 525

Leu Glu Met Leu Gln Gly Gln Gly Ser Phe Glu Tyr Ser Ser Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Gly Thr Tyr Met Asn Gln Thr Gln Tyr Ser Glu Gly Val
545 550 555 560

Phe Pro Arg Ala Lys Glu Glu Pro Lys Asn Asp Ser Phe Phe Asp Pro
565 570 575

Phe Leu Asn

<210> 45
<211> 1443
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1443)
<223> Gen (Potri.019G123500), mã hóa trình tự-hoạt tính yếu tố phiên mã gắn kết ADN đặc hiệu

<400> 45
atg gcc tct tct cca ggg agc tta gac act tct gca aat tca cac tca 48
Met Ala Ser Ser Pro Gly Ser Leu Asp Thr Ser Ala Asn Ser His Ser
1 5 10 15

gaa ggc agt agc aac tat ttt tct ttc aat act tac agt tct tct cac 96
Glu Gly Ser Ser Asn Tyr Phe Ser Phe Asn Thr Tyr Ser Ser Ser His

20 25 30

tac cct ttc atg act tct tct tct ctc act gat ctt ctt gct tca agt 144
Tyr Pro Phe Met Thr Ser Ser Ser Leu Thr Asp Leu Leu Ala Ser Ser
35 40 45

gat gaa gaa ccc aat aat cat atc aca aat aat agt aag ttg tct gat 192
Asp Glu Glu Pro Asn Asn His Ile Thr Asn Asn Ser Lys Leu Ser Asp
50 55 60

agg ata gct gag aga act ggc tct ggt gtg cct aag ttt aag tca att 240
Arg Ile Ala Glu Arg Thr Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Ile
65 70 75 80

cct cct cct tct ttg cct tta tct cct cct cct gtt tct cct tct tct 288
Pro Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro Pro Val Ser Pro Ser Ser
85 90 95

tac ttt gct att cct gct ggt tta agc cct gcg gag ctc ttg gac tct 336
Tyr Phe Ala Ile Pro Ala Gly Leu Ser Pro Ala Glu Leu Leu Asp Ser
100 105 110

cct gtc ttg tta aac cct tct aat att ttg cca tct cca aca act gga 384
Pro Val Leu Leu Asn Pro Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly
115 120 125

acg ttt cca gct cag gct ttt aat tgg aag agt agt tat ggt aat agc 432
Thr Phe Pro Ala Gln Ala Phe Asn Trp Lys Ser Ser Tyr Gly Asn Ser
130 135 140

ctg caa aat gtc aag aaa gaa gac aag act ttc tct gat ttc tct ttc 480
Leu Gln Asn Val Lys Lys Glu Asp Lys Thr Phe Ser Asp Phe Ser Phe
145 150 155 160

cag caa cca gca agg cca ccc aca act tca aca gcc atg ttt cag tct 528
Gln Gln Pro Ala Arg Pro Pro Thr Thr Ser Thr Ala Met Phe Gln Ser
165 170 175

tcg aac gcc aca att cag cct gaa cag caa caa aca tgg ggg ttt caa 576
Ser Asn Ala Thr Ile Gln Pro Glu Gln Gln Gln Thr Trp Gly Phe Gln
180 185 190

gaa tct gcg aag caa ggt gcg ttt gtt tca ggg aag agt agt atg gta 624
Glu Ser Ala Lys Gln Gly Ala Phe Val Ser Gly Lys Ser Ser Met Val
195 200 205

aaa atg gaa tac aac tct aat tct atg cag agt ttc tcc cct gag att 672

```
Lys Met Glu Tyr Asn Ser Asn Ser Met Gln Ser Phe Ser Pro Glu Ile
    210                 215                 220

gct gca att caa aca aac cct caa agc aac aat ggg ttc caa tct gat      720
Ala Ala Ile Gln Thr Asn Pro Gln Ser Asn Asn Gly Phe Gln Ser Asp
225                 230                 235                 240

tat ggt aat caa caa cag cag tat caa tct gtt agg gag cag aga aga      768
Tyr Gly Asn Gln Gln Gln Gln Tyr Gln Ser Val Arg Glu Gln Arg Arg
                245                 250                 255

tca gag gat ggg tat aat tgg aga aag tat ggt caa aaa caa gtt aaa      816
Ser Glu Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys
            260                 265                 270

gga agt gaa aat cca agg agt tat tac aag tgc aca tac ccc aat tgt      864
Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Tyr Pro Asn Cys
        275                 280                 285

cca aca aaa aag ata ctt gag agg tct ttg gag gga caa gta acc gag      912
Pro Thr Lys Lys Ile Leu Glu Arg Ser Leu Glu Gly Gln Val Thr Glu
    290                 295                 300

ata gtt tat aag ggt agt cat aac cat cct aaa cct cag tcc act agg      960
Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro Gln Ser Thr Arg
305                 310                 315                 320

aga tca tca tca tca aca aca gct tct aat ctt gga atg ata ccg gcg     1008
Arg Ser Ser Ser Ser Thr Thr Ala Ser Asn Leu Gly Met Ile Pro Ala
                325                 330                 335

cct aat agt aac cct aat gag att caa gaa cag tca tat gtt act cat     1056
Pro Asn Ser Asn Pro Asn Glu Ile Gln Glu Gln Ser Tyr Val Thr His
            340                 345                 350

ggt agt gga caa atg gac tcc tca gtt gct aca cct gag aat tct tca     1104
Gly Ser Gly Gln Met Asp Ser Ser Val Ala Thr Pro Glu Asn Ser Ser
        355                 360                 365

att tca atc ggg gat gat gat ttt gat tct caa agg agt aga tca gga     1152
Ile Ser Ile Gly Asp Asp Asp Phe Asp Ser Gln Arg Ser Arg Ser Gly
    370                 375                 380

ggt ggt gat gac ttt gat gag gat gaa cct gag gcc aaa aga tgg aaa     1200
Gly Gly Asp Asp Phe Asp Glu Asp Glu Pro Glu Ala Lys Arg Trp Lys
385                 390                 395                 400
```

```
aga gag ggt gac aat gaa ggg att tca gca cct ggc agc aaa gca gtg      1248
Arg Glu Gly Asp Asn Glu Gly Ile Ser Ala Pro Gly Ser Lys Ala Val
                405                 410                 415

aga gag cca aga gtt gtg gtt caa acc act agt gac ata gac atc cta      1296
Arg Glu Pro Arg Val Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu
            420                 425                 430

gat gat ggg tac agg tgg agg aaa tat ggg cag aaa gtg gtc aag gga      1344
Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly
        435                 440                 445

aac cca aat cca agg agc tac tac aag tgc aca tat caa gga tgc cct      1392
Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Tyr Gln Gly Cys Pro
    450                 455                 460

gta aga aag cat gtt gag aga gca tcc cat gac ctt acc tta ggg cag      1440
Val Arg Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Thr Leu Gly Gln
465                 470                 475                 480

tga                                                                 1443
```

<210> 46
<211> 480
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 46

```
Met Ala Ser Ser Pro Gly Ser Leu Asp Thr Ser Ala Asn Ser His Ser
1               5                   10                  15

Glu Gly Ser Ser Asn Tyr Phe Ser Phe Asn Thr Tyr Ser Ser Ser His
            20                  25                  30

Tyr Pro Phe Met Thr Ser Ser Ser Leu Thr Asp Leu Leu Ala Ser Ser
        35                  40                  45

Asp Glu Glu Pro Asn Asn His Ile Thr Asn Asn Ser Lys Leu Ser Asp
    50                  55                  60

Arg Ile Ala Glu Arg Thr Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Ile
```

65 70 75 80

Pro Pro Pro Ser Leu Pro Leu Ser Pro Pro Pro Val Ser Pro Ser Ser
85 90 95

Tyr Phe Ala Ile Pro Ala Gly Leu Ser Pro Ala Glu Leu Leu Asp Ser
100 105 110

Pro Val Leu Leu Asn Pro Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly
115 120 125

Thr Phe Pro Ala Gln Ala Phe Asn Trp Lys Ser Ser Tyr Gly Asn Ser
130 135 140

Leu Gln Asn Val Lys Lys Glu Asp Lys Thr Phe Ser Asp Phe Ser Phe
145 150 155 160

Gln Gln Pro Ala Arg Pro Pro Thr Thr Ser Thr Ala Met Phe Gln Ser
165 170 175

Ser Asn Ala Thr Ile Gln Pro Glu Gln Gln Gln Thr Trp Gly Phe Gln
180 185 190

Glu Ser Ala Lys Gln Gly Ala Phe Val Ser Gly Lys Ser Ser Met Val
195 200 205

Lys Met Glu Tyr Asn Ser Asn Ser Met Gln Ser Phe Ser Pro Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Ile Gln Thr Asn Pro Gln Ser Asn Asn Gly Phe Gln Ser Asp
225 230 235 240

Tyr Gly Asn Gln Gln Gln Gln Tyr Gln Ser Val Arg Glu Gln Arg Arg
245 250 255

Ser Glu Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys
260 265 270

Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Tyr Pro Asn Cys
275 280 285

Pro Thr Lys Lys Ile Leu Glu Arg Ser Leu Glu Gly Gln Val Thr Glu
290 295 300

Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro Gln Ser Thr Arg
305 310 315 320

Arg Ser Ser Ser Ser Thr Thr Ala Ser Asn Leu Gly Met Ile Pro Ala
325 330 335

Pro Asn Ser Asn Pro Asn Glu Ile Gln Glu Gln Ser Tyr Val Thr His
340 345 350

Gly Ser Gly Gln Met Asp Ser Ser Val Ala Thr Pro Glu Asn Ser Ser
355 360 365

Ile Ser Ile Gly Asp Asp Asp Phe Asp Ser Gln Arg Ser Arg Ser Gly
370 375 380

Gly Gly Asp Asp Phe Asp Glu Asp Glu Pro Glu Ala Lys Arg Trp Lys
385 390 395 400

Arg Glu Gly Asp Asn Glu Gly Ile Ser Ala Pro Gly Ser Lys Ala Val
405 410 415

Arg Glu Pro Arg Val Val Val Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu
420 425 430

Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly
435 440 445

Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr Tyr Gln Gly Cys Pro
450 455 460

Val Arg Lys His Val Glu Arg Ala Ser His Asp Leu Thr Leu Gly Gln
465 470 475 480

<210> 47
<211> 1659
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1659)
<223> Gen (Eucgr.B04010), mã hóa trình tự - hoạt tính yếu tố phiên mã gắn kết ADN đặc hiệu

<400> 47
atg gcc tca ccg tcg gcc ggc acg ggg agc ttg gac cct cga gcg aac 48
Met Ala Ser Pro Ser Ala Gly Thr Gly Ser Leu Asp Pro Arg Ala Asn
1 5 10 15

tcc ttc tcc ttc tca tcc ctc ctc gcc tcc gaa ctg gag gac gac tct 96
Ser Phe Ser Phe Ser Ser Leu Leu Ala Ser Glu Leu Glu Asp Asp Ser
20 25 30

cgc cgt ggg tcc ggg gtt ccc aag ttc aag tcc atc ccc ccg ccc tcc 144
Arg Arg Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Ile Pro Pro Pro Ser
35 40 45

atc ccc atc tcc ccg ctc tcc tct gct ttc ttc gcc atc ccg cct ggt 192
Ile Pro Ile Ser Pro Leu Ser Ser Ala Phe Phe Ala Ile Pro Pro Gly
50 55 60

ctc agc ccc gcc gag ctc ttg gac tcc cct gtt ctc ctc aac gct tcc 240
Leu Ser Pro Ala Glu Leu Leu Asp Ser Pro Val Leu Leu Asn Ala Ser
65 70 75 80

aac att ttg ccc tcc cct act act gga gct ttc ccg ctt caa tcc tcc 288
Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly Ala Phe Pro Leu Gln Ser Ser
85 90 95

ttc aat tgg aag agc aag tcc tcc gac agt tac cag cag atc tct aaa 336

```
Phe Asn Trp Lys Ser Lys Ser Ser Asp Ser Tyr Gln Gln Ile Ser Lys
            100                 105                 110

cgg gaa gac gca aat ggc tcc gac ttc act ttg cag acc aac gcc aag      384
Arg Glu Asp Ala Asn Gly Ser Asp Phe Thr Leu Gln Thr Asn Ala Lys
        115                 120                 125

cag cat ttg cag cag cag cag cag cag cag cag ctg gcc tgg agc tcc      432
Gln His Leu Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Leu Ala Trp Ser Ser
    130                 135                 140

atc aaa caa gat ggt tcc cgc cct cct gac gag agc gcg gtg aaa tcc      480
Ile Lys Gln Asp Gly Ser Arg Pro Pro Asp Glu Ser Ala Val Lys Ser
145                 150                 155                 160

gaa ctc aat cca ttc cag agc ttc tcc cct gag atc gcc acc atc cag      528
Glu Leu Asn Pro Phe Gln Ser Phe Ser Pro Glu Ile Ala Thr Ile Gln
                165                 170                 175

acc aac gcc gat cac cga gcc gat tgc gac aat tat cag tct cag gct      576
Thr Asn Ala Asp His Arg Ala Asp Cys Asp Asn Tyr Gln Ser Gln Ala
            180                 185                 190

cag tcc atg cga gag cag agg aga tct gac gat ggc tac aac tgg agg      624
Gln Ser Met Arg Glu Gln Arg Arg Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg
        195                 200                 205

aaa tac ggc cag aag cag gtg aag ggg agc gaa aac ccc agg agt tat      672
Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr
    210                 215                 220

tac aag tgc act cat cct act tgc cct acc aag aag aag gtg gag agg      720
Tyr Lys Cys Thr His Pro Thr Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg
225                 230                 235                 240

tct ctg gat ggc cag att acc gag att gtc tac aag gga agc cat aac      768
Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn
                245                 250                 255

cac cct aag cct cag gcc acc cgg aga tcc tcg gcg tcc tcc tcc tcc      816
His Pro Lys Pro Gln Ala Thr Arg Arg Ser Ser Ala Ser Ser Ser Ser
            260                 265                 270

tcc gcg ccg tct cat gca gtc cag gtc tat aat ccc gcc gcc cct gaa      864
Ser Ala Pro Ser His Ala Val Gln Val Tyr Asn Pro Ala Ala Pro Glu
        275                 280                 285
```

```
atc aat gac cat gct ttt tcc acg cat ggc tcc tcc caa gta gac tct                912
Ile Asn Asp His Ala Phe Ser Thr His Gly Ser Ser Gln Val Asp Ser
    290                 295                 300

gca acc cca gaa aac tct tcc ctt tca gtc gcc gat gac gaa tat gat                960
Ala Thr Pro Glu Asn Ser Ser Leu Ser Val Ala Asp Asp Glu Tyr Asp
305                 310                 315                 320

cag ggc tct cag aaa agt aaa tct gca ggg gat gag ttc gac gaa gac               1008
Gln Gly Ser Gln Lys Ser Lys Ser Ala Gly Asp Glu Phe Asp Glu Asp
                325                 330                 335

caa ccg gat ccc aaa aga tgg aag caa gag gtc gag aac gaa ggg att               1056
Gln Pro Asp Pro Lys Arg Trp Lys Gln Glu Val Glu Asn Glu Gly Ile
            340                 345                 350

tta gct ccc ggg agc aga acg gtg aga gaa ccc aga gta gta gtc caa               1104
Leu Ala Pro Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu Pro Arg Val Val Val Gln
        355                 360                 365

acc acc agt gac att gat att ctt gat gat gga tat cga tgg agg aaa               1152
Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg Lys
    370                 375                 380

tat ggg cag aag gtg gtc aaa gga aat ccc aat cca agg agc tac tac               1200
Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr
385                 390                 395                 400

aag tgc acc agt cca ggc tgt cca gtg cgc aag cac gtg gag aga gca               1248
Lys Cys Thr Ser Pro Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg Ala
                405                 410                 415

tcc cat gat cta agg gca gtg atc act act tat gaa ggg aag cac aac               1296
Ser His Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His Asn
            420                 425                 430

cac gat gtt cct gca gcc cgc ggg agt ggc ggc gcc aat agg cct ttg               1344
His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly Gly Ala Asn Arg Pro Leu
        435                 440                 445

ccc atg ccg gac aat ggc aac ggg aac aat ggt ttg gca gat tca atc               1392
Pro Met Pro Asp Asn Gly Asn Gly Asn Asn Gly Leu Ala Asp Ser Ile
    450                 455                 460

agg tcg tcg gcc ttg acc aat cat tcc aac aac aat ggg cca agc gct               1440
Arg Ser Ser Ala Leu Thr Asn His Ser Asn Asn Asn Gly Pro Ser Ala
465                 470                 475                 480
```

cca agc agt aac tat agg gtg tcg tca tcg gaa ggg caa gca tcg ccg 1488
Pro Ser Ser Asn Tyr Arg Val Ser Ser Ser Glu Gly Gln Ala Ser Pro
485 490 495

ttc atg ctg gag atg tta cag agt ccg ggg agc ttc gga ttt tca gga 1536
Phe Met Leu Glu Met Leu Gln Ser Pro Gly Ser Phe Gly Phe Ser Gly
500 505 510

ctt ggg agt tct ctg ggc tct ttc ctg aat cag tct cca aac acc gat 1584
Leu Gly Ser Ser Leu Gly Ser Phe Leu Asn Gln Ser Pro Asn Thr Asp
515 520 525

aac ttg ttc tcc aga gcc aag gag gaa ccg agg gac gac atg ttc ctg 1632
Asn Leu Phe Ser Arg Ala Lys Glu Glu Pro Arg Asp Asp Met Phe Leu
530 535 540

gaa tca ttg cta tgc cga aat tat tga 1659
Glu Ser Leu Leu Cys Arg Asn Tyr
545 550

<210> 48
<211> 552
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 48

Met Ala Ser Pro Ser Ala Gly Thr Gly Ser Leu Asp Pro Arg Ala Asn
1 5 10 15

Ser Phe Ser Phe Ser Ser Leu Leu Ala Ser Glu Leu Glu Asp Asp Ser
20 25 30

Arg Arg Gly Ser Gly Val Pro Lys Phe Lys Ser Ile Pro Pro Pro Ser
35 40 45

Ile Pro Ile Ser Pro Leu Ser Ser Ala Phe Phe Ala Ile Pro Pro Gly
50 55 60

Leu Ser Pro Ala Glu Leu Leu Asp Ser Pro Val Leu Leu Asn Ala Ser
65 70 75 80

Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly Ala Phe Pro Leu Gln Ser Ser
85 90 95

Phe Asn Trp Lys Ser Lys Ser Ser Asp Ser Tyr Gln Gln Ile Ser Lys
100 105 110

Arg Glu Asp Ala Asn Gly Ser Asp Phe Thr Leu Gln Thr Asn Ala Lys
115 120 125

Gln His Leu Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Leu Ala Trp Ser Ser
130 135 140

Ile Lys Gln Asp Gly Ser Arg Pro Pro Asp Glu Ser Ala Val Lys Ser
145 150 155 160

Glu Leu Asn Pro Phe Gln Ser Phe Ser Pro Glu Ile Ala Thr Ile Gln
165 170 175

Thr Asn Ala Asp His Arg Ala Asp Cys Asp Asn Tyr Gln Ser Gln Ala
180 185 190

Gln Ser Met Arg Glu Gln Arg Arg Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg
195 200 205

Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr
210 215 220

Tyr Lys Cys Thr His Pro Thr Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg
225 230 235 240

Ser Leu Asp Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn
245 250 255

His Pro Lys Pro Gln Ala Thr Arg Arg Ser Ser Ala Ser Ser Ser Ser

260 265 270

Ser Ala Pro Ser His Ala Val Gln Val Tyr Asn Pro Ala Ala Pro Glu
275 280 285

Ile Asn Asp His Ala Phe Ser Thr His Gly Ser Ser Gln Val Asp Ser
290 295 300

Ala Thr Pro Glu Asn Ser Ser Leu Ser Val Ala Asp Asp Glu Tyr Asp
305 310 315 320

Gln Gly Ser Gln Lys Ser Lys Ser Ala Gly Asp Glu Phe Asp Glu Asp
325 330 335

Gln Pro Asp Pro Lys Arg Trp Lys Gln Glu Val Glu Asn Glu Gly Ile
340 345 350

Leu Ala Pro Gly Ser Arg Thr Val Arg Glu Pro Arg Val Val Val Gln
355 360 365

Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg Lys
370 375 380

Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr
385 390 395 400

Lys Cys Thr Ser Pro Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg Ala
405 410 415

Ser His Asp Leu Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His Asn
420 425 430

His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly Gly Ala Asn Arg Pro Leu
435 440 445

Pro Met Pro Asp Asn Gly Asn Gly Asn Asn Gly Leu Ala Asp Ser Ile
450 455 460

Arg Ser Ser Ala Leu Thr Asn His Ser Asn Asn Asn Gly Pro Ser Ala
465 470 475 480

Pro Ser Ser Asn Tyr Arg Val Ser Ser Ser Glu Gly Gln Ala Ser Pro
485 490 495

Phe Met Leu Glu Met Leu Gln Ser Pro Gly Ser Phe Gly Phe Ser Gly
500 505 510

Leu Gly Ser Ser Leu Gly Ser Phe Leu Asn Gln Ser Pro Asn Thr Asp
515 520 525

Asn Leu Phe Ser Arg Ala Lys Glu Glu Pro Arg Asp Asp Met Phe Leu
530 535 540

Glu Ser Leu Leu Cys Arg Asn Tyr
545 550

<210> 49
<211> 1683
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1683)
<223> Gen (Eucgr.K02940), mã hóa yếu tố phiên mã gắn kết ADN

<400> 49
atg aaa tct tcg ttc acc gat ctg ttg aac ggc agc atg ggc atg gac 48
Met Lys Ser Ser Phe Thr Asp Leu Leu Asn Gly Ser Met Gly Met Asp
1 5 10 15

aat aac cac tgg gcg ttc tcc ggg acg gcc ccg acg gcc aac gtc tcg 96
Asn Asn His Trp Ala Phe Ser Gly Thr Ala Pro Thr Ala Asn Val Ser
20 25 30

```
atg gag gcc ccc aag tac agg tcc acc gcg cct cct tcc ctg ccc ctc                144
Met Glu Ala Pro Lys Tyr Arg Ser Thr Ala Pro Pro Ser Leu Pro Leu
        35                  40                  45

tcg cct cct ccg atc tcg cct tct ggc ttc ttg acc ttc ccg ccc ggc                192
Ser Pro Pro Pro Ile Ser Pro Ser Gly Phe Leu Thr Phe Pro Pro Gly
    50                  55                  60

ttg agc ccc agc gat ttc ctc gac tcg ccg ctc ctc ttc tcg tct tcc                240
Leu Ser Pro Ser Asp Phe Leu Asp Ser Pro Leu Leu Phe Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

aat gtt gag tcc ccg acc gtg gga gct ttt gct ggg gaa gct gcc agc                288
Asn Val Glu Ser Pro Thr Val Gly Ala Phe Ala Gly Glu Ala Ala Ser
                85                  90                  95

tgg agg agc ggc ggc ggc ggc ttc ggc ggt gct ttc aag ggg gag gag                336
Trp Arg Ser Gly Gly Gly Gly Phe Gly Gly Ala Phe Lys Gly Glu Glu
            100                 105                 110

aag ttg ttc tct gac ttc tct ttc caa ccc cac caa tca cgc ccc acc                384
Lys Leu Phe Ser Asp Phe Ser Phe Gln Pro His Gln Ser Arg Pro Thr
        115                 120                 125

gct gcc gcc acc gcg gcg cca tcc tcc atg cct cag tca tct tcg gcc                432
Ala Ala Ala Thr Ala Ala Pro Ser Ser Met Pro Gln Ser Ser Ser Ala
    130                 135                 140

atg gtt tct gtg gag gtg tcg tca aag act caa gac tca tgg aat tac                480
Met Val Ser Val Glu Val Ser Ser Lys Thr Gln Asp Ser Trp Asn Tyr
145                 150                 155                 160

tat aaa ccc ttg atg cag acg gat gtg ttg cca gag aag aga gga cgt                528
Tyr Lys Pro Leu Met Gln Thr Asp Val Leu Pro Glu Lys Arg Gly Arg
                165                 170                 175

gaa acg tcg gag ttt gcc cgg atc cag aac tcg gca att ccc gcg agc                576
Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Ile Gln Asn Ser Ala Ile Pro Ala Ser
            180                 185                 190

caa aca agc aca caa agc cta aca cca cct tct gaa aca ctc ccg gcc                624
Gln Thr Ser Thr Gln Ser Leu Thr Pro Pro Ser Glu Thr Leu Pro Ala
        195                 200                 205

aac gcg aat act aat cct cat cca tcc tac ctc atc aga gaa cag aag                672
Asn Ala Asn Thr Asn Pro His Pro Ser Tyr Leu Ile Arg Glu Gln Lys
```

210 215 220

aaa tcc gac gat ggg tac aat tgg agg aag tac ggt cag aag caa gtg 720
Lys Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val
225 230 235 240

aaa ggg agc gag aac ccg cgc agc tac tac aag tgc aca cac cca gct 768
Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr His Pro Ala
245 250 255

tgc cca acg aag aag aag gtc gag aga tcc ttg gag gga cac att acc 816
Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu Glu Gly His Ile Thr
260 265 270

gag att gtg tac aag gga act cac aac cac gcc aag cca ctg tcc acc 864
Glu Ile Val Tyr Lys Gly Thr His Asn His Ala Lys Pro Leu Ser Thr
275 280 285

agg aga tcg tct tcc cag tcg att cag cct cag tct tct tcc act gca 912
Arg Arg Ser Ser Ser Gln Ser Ile Gln Pro Gln Ser Ser Ser Thr Ala
290 295 300

tat ttg gag aat ccc gat cga ttg gct atg gtc ctg tcc gaa aac ggg 960
Tyr Leu Glu Asn Pro Asp Arg Leu Ala Met Val Leu Ser Glu Asn Gly
305 310 315 320

cag cag gac tct tcg gcc tca atg ggg gat gag gat ttc gaa gag aac 1008
Gln Gln Asp Ser Ser Ala Ser Met Gly Asp Glu Asp Phe Glu Glu Asn
325 330 335

tct cag atg agc aac tct gca ggc gat gac gat gga agc gaa cct gaa 1056
Ser Gln Met Ser Asn Ser Ala Gly Asp Asp Asp Gly Ser Glu Pro Glu
340 345 350

gcg aag cga ttg aga gga gag aat gaa tac gag agc tat gca gct tct 1104
Ala Lys Arg Leu Arg Gly Glu Asn Glu Tyr Glu Ser Tyr Ala Ala Ser
355 360 365

ggc aat agg act gtg aga gag cct aga gtt gtg gtt cag acg atg agt 1152
Gly Asn Arg Thr Val Arg Glu Pro Arg Val Val Val Gln Thr Met Ser
370 375 380

gag att gat att ctc gat gat gga tat aga tgg aga aag tat gga cag 1200
Glu Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln
385 390 395 400

aaa gtg gtg aaa gga aac cac aat cca agg agc tac tat aaa tgt aca 1248

```
Lys Val Val Lys Gly Asn His Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr
405                 410                 415

tac gcc gga tgc ccc gtg cgg aag cac gtc gag cgg gca tct aac gat   1296
Tyr Ala Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg Ala Ser Asn Asp
            420                 425                 430

atg cgg gcc gtg atc acg act tac gaa ggc aag cac aac cat gat gtc   1344
Met Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val
        435                 440                 445

ccc gca cca cgt ggc agc agc act caa tac gtg aac cgg cct cag cct   1392
Pro Ala Pro Arg Gly Ser Ser Thr Gln Tyr Val Asn Arg Pro Gln Pro
    450                 455                 460

tct aac aac agc agc agc atc gcg ccg atg cca atc agg ccc tcc act   1440
Ser Asn Asn Ser Ser Ser Ile Ala Pro Met Pro Ile Arg Pro Ser Thr
465                 470                 475                 480

gtg gcg ggc cac tct aac aac tcg acc tac cta agt tcc ata gag aat   1488
Val Ala Gly His Ser Asn Asn Ser Thr Tyr Leu Ser Ser Ile Glu Asn
                485                 490                 495

acg agg ttt caa cga tca ggg aac cac gcg ccc ttc act ctg caa atg   1536
Thr Arg Phe Gln Arg Ser Gly Asn His Ala Pro Phe Thr Leu Gln Met
            500                 505                 510

ttg cag agt tca gat agt tac gga gcc gtg gga tca ggg aag caa ggg   1584
Leu Gln Ser Ser Asp Ser Tyr Gly Ala Val Gly Ser Gly Lys Gln Gly
        515                 520                 525

gga tcg tac atg aat caa acc cca aac tgg gat gac atg ttc gcg agg   1632
Gly Ser Tyr Met Asn Gln Thr Pro Asn Trp Asp Asp Met Phe Ala Arg
    530                 535                 540

act aag gaa gag cca aga gac ggc tcg gag ttc gac tcg ttt cta aac   1680
Thr Lys Glu Glu Pro Arg Asp Gly Ser Glu Phe Asp Ser Phe Leu Asn
545                 550                 555                 560

tga                                                               1683
```

<210> 50
<211> 560
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 50

Met Lys Ser Ser Phe Thr Asp Leu Leu Asn Gly Ser Met Gly Met Asp
1 5 10 15

Asn Asn His Trp Ala Phe Ser Gly Thr Ala Pro Thr Ala Asn Val Ser
20 25 30

Met Glu Ala Pro Lys Tyr Arg Ser Thr Ala Pro Pro Ser Leu Pro Leu
35 40 45

Ser Pro Pro Pro Ile Ser Pro Ser Gly Phe Leu Thr Phe Pro Pro Gly
50 55 60

Leu Ser Pro Ser Asp Phe Leu Asp Ser Pro Leu Leu Phe Ser Ser Ser
65 70 75 80

Asn Val Glu Ser Pro Thr Val Gly Ala Phe Ala Gly Glu Ala Ala Ser
85 90 95

Trp Arg Ser Gly Gly Gly Gly Phe Gly Gly Ala Phe Lys Gly Glu Glu
100 105 110

Lys Leu Phe Ser Asp Phe Ser Phe Gln Pro His Gln Ser Arg Pro Thr
115 120 125

Ala Ala Ala Thr Ala Ala Pro Ser Ser Met Pro Gln Ser Ser Ser Ala
130 135 140

Met Val Ser Val Glu Val Ser Ser Lys Thr Gln Asp Ser Trp Asn Tyr
145 150 155 160

Tyr Lys Pro Leu Met Gln Thr Asp Val Leu Pro Glu Lys Arg Gly Arg
165 170 175

Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Ile Gln Asn Ser Ala Ile Pro Ala Ser

180 185 190

Gln Thr Ser Thr Gln Ser Leu Thr Pro Pro Ser Glu Thr Leu Pro Ala
195 200 205

Asn Ala Asn Thr Asn Pro His Pro Ser Tyr Leu Ile Arg Glu Gln Lys
210 215 220

Lys Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Gln Val
225 230 235 240

Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr His Pro Ala
245 250 255

Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu Glu Gly His Ile Thr
260 265 270

Glu Ile Val Tyr Lys Gly Thr His Asn His Ala Lys Pro Leu Ser Thr
275 280 285

Arg Arg Ser Ser Ser Gln Ser Ile Gln Pro Gln Ser Ser Ser Thr Ala
290 295 300

Tyr Leu Glu Asn Pro Asp Arg Leu Ala Met Val Leu Ser Glu Asn Gly
305 310 315 320

Gln Gln Asp Ser Ser Ala Ser Met Gly Asp Glu Asp Phe Glu Glu Asn
325 330 335

Ser Gln Met Ser Asn Ser Ala Gly Asp Asp Asp Gly Ser Glu Pro Glu
340 345 350

Ala Lys Arg Leu Arg Gly Glu Asn Glu Tyr Glu Ser Tyr Ala Ala Ser
355 360 365

Gly Asn Arg Thr Val Arg Glu Pro Arg Val Val Val Gln Thr Met Ser
370 375 380

Glu Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln
385 390 395 400

Lys Val Val Lys Gly Asn His Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys Cys Thr
405 410 415

Tyr Ala Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg Ala Ser Asn Asp
420 425 430

Met Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His Asn His Asp Val
435 440 445

Pro Ala Pro Arg Gly Ser Ser Thr Gln Tyr Val Asn Arg Pro Gln Pro
450 455 460

Ser Asn Asn Ser Ser Ser Ile Ala Pro Met Pro Ile Arg Pro Ser Thr
465 470 475 480

Val Ala Gly His Ser Asn Asn Ser Thr Tyr Leu Ser Ser Ile Glu Asn
485 490 495

Thr Arg Phe Gln Arg Ser Gly Asn His Ala Pro Phe Thr Leu Gln Met
500 505 510

Leu Gln Ser Ser Asp Ser Tyr Gly Ala Val Gly Ser Gly Lys Gln Gly
515 520 525

Gly Ser Tyr Met Asn Gln Thr Pro Asn Trp Asp Asp Met Phe Ala Arg
530 535 540

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

<210> 51
<211> 1182
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1182)
<223> Gen (AT2G30250), mã hóa trình tự yếu tố phiên mã WRKY 25 - hoạt tính yếu tố phiên mã gắn kết ADN đặc hiệu

<400> 51

```
atg tct tcc act tct ttc acc gac ctt ctt ggt tct tcc ggc gtt gac      48
Met Ser Ser Thr Ser Phe Thr Asp Leu Leu Gly Ser Ser Gly Val Asp
1               5                  10                  15

tgt tac gaa gat gat gaa gac ttg aga gtt tct ggg tcg agt ttt ggt      96
Cys Tyr Glu Asp Asp Glu Asp Leu Arg Val Ser Gly Ser Ser Phe Gly
            20                  25                  30

ggg tac tat cca gag aga acc ggg tct ggt tta cct aag ttc aag acg     144
Gly Tyr Tyr Pro Glu Arg Thr Gly Ser Gly Leu Pro Lys Phe Lys Thr
        35                  40                  45

gct caa cca cca cct ctt ccg att tca caa tct tct cat aac ttc act     192
Ala Gln Pro Pro Pro Leu Pro Ile Ser Gln Ser Ser His Asn Phe Thr
    50                  55                  60

ttc tcc gat tac ctt gat tct cct ctg ctt ctc agc tcc tca cac agt     240
Phe Ser Asp Tyr Leu Asp Ser Pro Leu Leu Leu Ser Ser Ser His Ser
65                  70                  75                  80

ttg ata tct cca aca aca gga acg ttt cca ttg caa ggc ttt aat gga     288
Leu Ile Ser Pro Thr Thr Gly Thr Phe Pro Leu Gln Gly Phe Asn Gly
                85                  90                  95

aca aca aac aat cac tca gat ttt ccc tgg cag cta caa tct caa cca     336
Thr Thr Asn Asn His Ser Asp Phe Pro Trp Gln Leu Gln Ser Gln Pro
            100                 105                 110

tca aac gct tct tct gct ttg caa gaa aca tat ggt gtt caa gat cac     384
Ser Asn Ala Ser Ser Ala Leu Gln Glu Thr Tyr Gly Val Gln Asp His
        115                 120                 125

gag aag aag cag gag atg att cct aat gag att gca aca caa aac aac     432
```

```
Glu Lys Lys Gln Glu Met Ile Pro Asn Glu Ile Ala Thr Gln Asn Asn
    130                 135                 140

aat caa agt ttt gga aca gaa cgt cag ata aag ata cca gca tac atg      480
Asn Gln Ser Phe Gly Thr Glu Arg Gln Ile Lys Ile Pro Ala Tyr Met
145                 150                 155                 160

gtg agt agg aac tct aat gat ggt tat ggt tgg aga aaa tac ggt cag      528
Val Ser Arg Asn Ser Asn Asp Gly Tyr Gly Trp Arg Lys Tyr Gly Gln
                165                 170                 175

aaa caa gtg aag aag agc gaa aac cct agg agt tac ttc aag tgt acg      576
Lys Gln Val Lys Lys Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Phe Lys Cys Thr
            180                 185                 190

tat cct gat tgt gtt tcc aag aag att gtt gag acg gct tct gat gga      624
Tyr Pro Asp Cys Val Ser Lys Lys Ile Val Glu Thr Ala Ser Asp Gly
        195                 200                 205

cag atc act gag atc att tat aaa ggt ggt cat aat cat cct aag cct      672
Gln Ile Thr Glu Ile Ile Tyr Lys Gly Gly His Asn His Pro Lys Pro
    210                 215                 220

gag ttc acc aag aga cca tct caa tct tca tta cca tca tcg gtt aat      720
Glu Phe Thr Lys Arg Pro Ser Gln Ser Ser Leu Pro Ser Ser Val Asn
225                 230                 235                 240

ggg agg cgc ttg ttt aat cct gct tct gtt gtt agt gaa cct cat gat      768
Gly Arg Arg Leu Phe Asn Pro Ala Ser Val Val Ser Glu Pro His Asp
                245                 250                 255

caa tca gag aac tct tcg att tcg ttt gac tat agt gat ctt gag cag      816
Gln Ser Glu Asn Ser Ser Ile Ser Phe Asp Tyr Ser Asp Leu Glu Gln
            260                 265                 270

aaa agt ttt aaa tca gag tat ggt gag ata gat gaa gag gag gaa caa      864
Lys Ser Phe Lys Ser Glu Tyr Gly Glu Ile Asp Glu Glu Glu Glu Gln
        275                 280                 285

cct gag atg aag agg atg aaa aga gaa ggt gaa gat gaa ggg atg tct      912
Pro Glu Met Lys Arg Met Lys Arg Glu Gly Glu Asp Glu Gly Met Ser
    290                 295                 300

ata gaa gta agc aaa gga gtt aaa gag cca aga gtt gtg gtt cag aca      960
Ile Glu Val Ser Lys Gly Val Lys Glu Pro Arg Val Val Val Gln Thr
305                 310                 315                 320
```

```
ata agt gat att gat gtt ctt ata gat ggc ttt aga tgg agg aaa tat      1008
Ile Ser Asp Ile Asp Val Leu Ile Asp Gly Phe Arg Trp Arg Lys Tyr
                325                 330                 335

ggt caa aaa gtt gtc aaa gga aat act aat cca agg agc tac tac aag      1056
Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Thr Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys
            340                 345                 350

tgc aca ttc caa ggt tgt gga gtg aag aag caa gtg gaa aga tcc gca      1104
Cys Thr Phe Gln Gly Cys Gly Val Lys Lys Gln Val Glu Arg Ser Ala
        355                 360                 365

gca gac gag aga gca gtt ctc act acc tat gaa gga aga cac aat cac      1152
Ala Asp Glu Arg Ala Val Leu Thr Thr Tyr Glu Gly Arg His Asn His
    370                 375                 380

gat atc cca acc gcg cta cgt cgc tcg tga                             1182
Asp Ile Pro Thr Ala Leu Arg Arg Ser
385                 390
```

<210> 52
<211> 393
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 52

```
Met Ser Ser Thr Ser Phe Thr Asp Leu Leu Gly Ser Ser Gly Val Asp
1               5                  10                  15

Cys Tyr Glu Asp Asp Glu Asp Leu Arg Val Ser Gly Ser Ser Phe Gly
            20                  25                  30

Gly Tyr Tyr Pro Glu Arg Thr Gly Ser Gly Leu Pro Lys Phe Lys Thr
        35                  40                  45

Ala Gln Pro Pro Pro Leu Pro Ile Ser Gln Ser Ser His Asn Phe Thr
    50                  55                  60

Phe Ser Asp Tyr Leu Asp Ser Pro Leu Leu Leu Ser Ser Ser His Ser
65                  70                  75                  80
```

Leu Ile Ser Pro Thr Thr Gly Thr Phe Pro Leu Gln Gly Phe Asn Gly
85 90 95

Thr Thr Asn Asn His Ser Asp Phe Pro Trp Gln Leu Gln Ser Gln Pro
100 105 110

Ser Asn Ala Ser Ser Ala Leu Gln Glu Thr Tyr Gly Val Gln Asp His
115 120 125

Glu Lys Lys Gln Glu Met Ile Pro Asn Glu Ile Ala Thr Gln Asn Asn
130 135 140

Asn Gln Ser Phe Gly Thr Glu Arg Gln Ile Lys Ile Pro Ala Tyr Met
145 150 155 160

Val Ser Arg Asn Ser Asn Asp Gly Tyr Gly Trp Arg Lys Tyr Gly Gln
165 170 175

Lys Gln Val Lys Lys Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Phe Lys Cys Thr
180 185 190

Tyr Pro Asp Cys Val Ser Lys Lys Ile Val Glu Thr Ala Ser Asp Gly
195 200 205

Gln Ile Thr Glu Ile Ile Tyr Lys Gly Gly His Asn His Pro Lys Pro
210 215 220

Glu Phe Thr Lys Arg Pro Ser Gln Ser Ser Leu Pro Ser Ser Val Asn
225 230 235 240

Gly Arg Arg Leu Phe Asn Pro Ala Ser Val Val Ser Glu Pro His Asp
245 250 255

Gln Ser Glu Asn Ser Ser Ile Ser Phe Asp Tyr Ser Asp Leu Glu Gln
260 265 270

Lys Ser Phe Lys Ser Glu Tyr Gly Glu Ile Asp Glu Glu Glu Glu Gln
275 280 285

Pro Glu Met Lys Arg Met Lys Arg Glu Gly Glu Asp Glu Gly Met Ser
290 295 300

Ile Glu Val Ser Lys Gly Val Lys Glu Pro Arg Val Val Val Gln Thr
305 310 315 320

Ile Ser Asp Ile Asp Val Leu Ile Asp Gly Phe Arg Trp Arg Lys Tyr
325 330 335

Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Thr Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys
340 345 350

Cys Thr Phe Gln Gly Cys Gly Val Lys Lys Gln Val Glu Arg Ser Ala
355 360 365

Ala Asp Glu Arg Ala Val Leu Thr Thr Tyr Glu Gly Arg His Asn His
370 375 380

Asp Ile Pro Thr Ala Leu Arg Arg Ser
385 390

<210> 53
<211> 1560
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1560)
<223> Gen (AT2G38470), mã hóa yếu tố phiên mã WRKY 33 đáp ứng với sức ép do muối

<400> 53

```
atg gct gct tct ttt ctt aca atg gac aat agc aga acc aga caa aac      48
Met Ala Ala Ser Phe Leu Thr Met Asp Asn Ser Arg Thr Arg Gln Asn
1               5                  10                  15

atg aat ggt tct gct aat tgg tca caa caa tcc gga aga aca tct act      96
Met Asn Gly Ser Ala Asn Trp Ser Gln Gln Ser Gly Arg Thr Ser Thr
            20                  25                  30

tcc tct ttg gaa gat ctt gag ata cca aag ttc aga tct ttt gct cct     144
Ser Ser Leu Glu Asp Leu Glu Ile Pro Lys Phe Arg Ser Phe Ala Pro
        35                  40                  45

tct tca atc tct atc tct cct tct ctt gtc tct cct tcc act tgt ttc     192
Ser Ser Ile Ser Ile Ser Pro Ser Leu Val Ser Pro Ser Thr Cys Phe
    50                  55                  60

agt ccc tct ctt ttt ctc gat tcc cct gct ttt gtc tcc tcc tct gct     240
Ser Pro Ser Leu Phe Leu Asp Ser Pro Ala Phe Val Ser Ser Ser Ala
65                  70                  75                  80

aac gtt cta gct tct cca acc aca gga gct tta atc aca aac gta act     288
Asn Val Leu Ala Ser Pro Thr Thr Gly Ala Leu Ile Thr Asn Val Thr
                85                  90                  95

aac cag aaa ggt ata aat gaa gga gac aag agc aac aac aac aac ttt     336
Asn Gln Lys Gly Ile Asn Glu Gly Asp Lys Ser Asn Asn Asn Asn Phe
            100                 105                 110

aac tta ttc gat ttc tca ttc cac aca caa tca tca gga gtt tct gct     384
Asn Leu Phe Asp Phe Ser Phe His Thr Gln Ser Ser Gly Val Ser Ala
        115                 120                 125

ccg acc aca act aca act aca act aca act aca aca aca aca aac agt     432
Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Asn Ser
    130                 135                 140

tct atc ttt caa tct cag gaa caa cag aag aag aac cag tca gaa caa     480
Ser Ile Phe Gln Ser Gln Glu Gln Gln Lys Lys Asn Gln Ser Glu Gln
145                 150                 155                 160

tgg agc caa acc gag act cgt cca aac aat caa gct gta tct tac aat     528
Trp Ser Gln Thr Glu Thr Arg Pro Asn Asn Gln Ala Val Ser Tyr Asn
                165                 170                 175

gga aga gag caa agg aaa gga gag gat ggt tac aat tgg aga aag tac     576
Gly Arg Glu Gln Arg Lys Gly Glu Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr
            180                 185                 190
```

```
gga caa aaa cag gtg aaa gga agt gag aat cct cgg agt tac tat aag          624
Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys
        195                 200                 205

tgt act ttc cct aat tgt cca acg aag aag aaa gtg gag aga tct ttg          672
Cys Thr Phe Pro Asn Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu
    210                 215                 220

gaa ggt cag atc aca gag att gtg tat aaa gga agc cac aac cat cct          720
Glu Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro
225                 230                 235                 240

aaa cct cag tct act aga aga tct tct tcg tct tct tcg act ttt cat          768
Lys Pro Gln Ser Thr Arg Arg Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Phe His
                245                 250                 255

tca gct gtg tac aat gcc agt ttg gat cat aat cgt caa gct tct tct          816
Ser Ala Val Tyr Asn Ala Ser Leu Asp His Asn Arg Gln Ala Ser Ser
            260                 265                 270

gat cag cct aat tcc aat aat agc ttt cat cag tct gat tcc ttt ggg          864
Asp Gln Pro Asn Ser Asn Asn Ser Phe His Gln Ser Asp Ser Phe Gly
        275                 280                 285

atg caa caa gag gat aat act act tct gat tct gtt ggt gac gat gag          912
Met Gln Gln Glu Asp Asn Thr Thr Ser Asp Ser Val Gly Asp Asp Glu
    290                 295                 300

ttc gaa caa ggc tca tcg att gtc agc aga gac gaa gaa gat tgt ggg          960
Phe Glu Gln Gly Ser Ser Ile Val Ser Arg Asp Glu Glu Asp Cys Gly
305                 310                 315                 320

agt gaa cct gaa gca aag aga tgg aaa ggg gac aat gaa aca aat ggt         1008
Ser Glu Pro Glu Ala Lys Arg Trp Lys Gly Asp Asn Glu Thr Asn Gly
                325                 330                 335

ggg aat ggt ggt gga agc aag aca gtg aga gag ccg aga atc gta gtg         1056
Gly Asn Gly Gly Gly Ser Lys Thr Val Arg Glu Pro Arg Ile Val Val
            340                 345                 350

cag aca acg agt gat att gac att ctt gac gac ggt tac aga tgg aga         1104
Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg
        355                 360                 365

aaa tac ggc cag aaa gtc gtt aag gga aac cca aat cca aga agc tac         1152
Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr
```

370 375 380

tac aag tgc aca acc atc ggt tgt cca gtg agg aaa cat gtg gag aga 1200
Tyr Lys Cys Thr Thr Ile Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg
385 390 395 400

gca tca cac gac atg aga gca gta atc aca acc tac gaa ggg aaa cac 1248
Ala Ser His Asp Met Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His
405 410 415

aac cac gat gtt cct gca gct cgt ggt agc ggt tac gcc aca aac aga 1296
Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly Tyr Ala Thr Asn Arg
420 425 430

gca cca cag gat tcg tct tca gtc ccg att aga cca gct gct att gct 1344
Ala Pro Gln Asp Ser Ser Ser Val Pro Ile Arg Pro Ala Ala Ile Ala
435 440 445

ggt cac tcc aac tac act act tct tct caa gca cca tat aca ctt cag 1392
Gly His Ser Asn Tyr Thr Thr Ser Ser Gln Ala Pro Tyr Thr Leu Gln
450 455 460

atg ctg cac aac aac aac act aat acc ggg cct ttt ggt tac gcc atg 1440
Met Leu His Asn Asn Asn Thr Asn Thr Gly Pro Phe Gly Tyr Ala Met
465 470 475 480

aac aac aat aac aac aac agc aac ctt caa acg caa caa aac ttt gtt 1488
Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ser Asn Leu Gln Thr Gln Gln Asn Phe Val
485 490 495

ggt ggt gga ttc tct aga gca aag gaa gaa cca aac gag gag acc tca 1536
Gly Gly Gly Phe Ser Arg Ala Lys Glu Glu Pro Asn Glu Glu Thr Ser
500 505 510

ttt ttc gat tcg ttt atg ccc tga 1560
Phe Phe Asp Ser Phe Met Pro
515

<210> 54
<211> 519
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 54

Met Ala Ala Ser Phe Leu Thr Met Asp Asn Ser Arg Thr Arg Gln Asn

1 5 10 15

Met Asn Gly Ser Ala Asn Trp Ser Gln Gln Ser Gly Arg Thr Ser Thr
20 25 30

Ser Ser Leu Glu Asp Leu Glu Ile Pro Lys Phe Arg Ser Phe Ala Pro
35 40 45

Ser Ser Ile Ser Ile Ser Pro Ser Leu Val Ser Pro Ser Thr Cys Phe
50 55 60

Ser Pro Ser Leu Phe Leu Asp Ser Pro Ala Phe Val Ser Ser Ser Ala
65 70 75 80

Asn Val Leu Ala Ser Pro Thr Thr Gly Ala Leu Ile Thr Asn Val Thr
85 90 95

Asn Gln Lys Gly Ile Asn Glu Gly Asp Lys Ser Asn Asn Asn Asn Phe
100 105 110

Asn Leu Phe Asp Phe Ser Phe His Thr Gln Ser Ser Gly Val Ser Ala
115 120 125

Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Asn Ser
130 135 140

Ser Ile Phe Gln Ser Gln Glu Gln Gln Lys Lys Asn Gln Ser Glu Gln
145 150 155 160

Trp Ser Gln Thr Glu Thr Arg Pro Asn Asn Gln Ala Val Ser Tyr Asn
165 170 175

Gly Arg Glu Gln Arg Lys Gly Glu Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr
180 185 190

Gly Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Tyr Lys
195 200 205

Cys Thr Phe Pro Asn Cys Pro Thr Lys Lys Lys Val Glu Arg Ser Leu
210 215 220

Glu Gly Gln Ile Thr Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro
225 230 235 240

Lys Pro Gln Ser Thr Arg Arg Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Phe His
245 250 255

Ser Ala Val Tyr Asn Ala Ser Leu Asp His Asn Arg Gln Ala Ser Ser
260 265 270

Asp Gln Pro Asn Ser Asn Asn Ser Phe His Gln Ser Asp Ser Phe Gly
275 280 285

Met Gln Gln Glu Asp Asn Thr Thr Ser Asp Ser Val Gly Asp Asp Glu
290 295 300

Phe Glu Gln Gly Ser Ser Ile Val Ser Arg Asp Glu Glu Asp Cys Gly
305 310 315 320

Ser Glu Pro Glu Ala Lys Arg Trp Lys Gly Asp Asn Glu Thr Asn Gly
325 330 335

Gly Asn Gly Gly Gly Ser Lys Thr Val Arg Glu Pro Arg Ile Val Val
340 345 350

Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg
355 360 365

Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr
370 375 380

Tyr Lys Cys Thr Thr Ile Gly Cys Pro Val Arg Lys His Val Glu Arg
385 390 395 400

Ala Ser His Asp Met Arg Ala Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His
405 410 415

Asn His Asp Val Pro Ala Ala Arg Gly Ser Gly Tyr Ala Thr Asn Arg
420 425 430

Ala Pro Gln Asp Ser Ser Ser Val Pro Ile Arg Pro Ala Ala Ile Ala
435 440 445

Gly His Ser Asn Tyr Thr Thr Ser Ser Gln Ala Pro Tyr Thr Leu Gln
450 455 460

Met Leu His Asn Asn Asn Thr Asn Thr Gly Pro Phe Gly Tyr Ala Met
465 470 475 480

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ser Asn Leu Gln Thr Gln Gln Asn Phe Val
485 490 495

Gly Gly Gly Phe Ser Arg Ala Lys Glu Glu Pro Asn Glu Glu Thr Ser
500 505 510

Phe Phe Asp Ser Phe Met Pro
515

<210> 55
<211> 930
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(930)
<223> Gen (AT5G07100), mã hóa trình tự protein gắn kết ADN WRKY 26

- hoạt tính yếu tố phiên mã gắn kết ADN đặc hiệu

<400> 55

```
atg ggc tct ttt gat cgc caa aga gct gtt ccg aaa ttc aaa aca gca      48
Met Gly Ser Phe Asp Arg Gln Arg Ala Val Pro Lys Phe Lys Thr Ala
1               5                  10                  15

aca ccg tca ccg ctc cct ctt tct cct tcg cct tac ttc act atg cct      96
Thr Pro Ser Pro Leu Pro Leu Ser Pro Ser Pro Tyr Phe Thr Met Pro
            20                  25                  30

cct ggc ctt act ccc gcc gac ttt ctc gac tct cct ctt ctc ttc act     144
Pro Gly Leu Thr Pro Ala Asp Phe Leu Asp Ser Pro Leu Leu Phe Thr
        35                  40                  45

tcc tcc aac att ttg ccg tct cct acg aca ggc aca ttt cca gcg caa     192
Ser Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly Thr Phe Pro Ala Gln
    50                  55                  60

tct ctg aac tat aac aat aac ggt ttg ctc att gac aaa aat gaa atc     240
Ser Leu Asn Tyr Asn Asn Asn Gly Leu Leu Ile Asp Lys Asn Glu Ile
65                  70                  75                  80

aaa tat gaa gac aca act cct ccc ttg ttc cta cca tct atg gta act     288
Lys Tyr Glu Asp Thr Thr Pro Pro Leu Phe Leu Pro Ser Met Val Thr
                85                  90                  95

cag cct tta cct caa ctg gat tta ttc aaa tcc gaa atc atg tcg agt     336
Gln Pro Leu Pro Gln Leu Asp Leu Phe Lys Ser Glu Ile Met Ser Ser
            100                 105                 110

aac aaa acc tct gat gac ggc tac aat tgg cgc aaa tac ggg cag aag     384
Asn Lys Thr Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys
        115                 120                 125

caa gtc aaa gga agc gaa aac ccg agg agt tac ttc aaa tgc acg tat     432
Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Phe Lys Cys Thr Tyr
    130                 135                 140

cca aat tgt ctc aca aag aag aaa gta gag acg tct ctt gtg aag ggt     480
Pro Asn Cys Leu Thr Lys Lys Lys Val Glu Thr Ser Leu Val Lys Gly
145                 150                 155                 160

cag atg att gag att gtc tat aaa gga agc cac aat cat ccc aag ccc     528
Gln Met Ile Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro
                165                 170                 175
```

caa tcc acg aag cga tca tct tcc acc gct ata gca gca cat cag aac 576
Gln Ser Thr Lys Arg Ser Ser Ser Thr Ala Ile Ala Ala His Gln Asn
180 185 190

agc agt aat gga gac ggt aaa gac att ggt gaa gat gaa aca gag gcc 624
Ser Ser Asn Gly Asp Gly Lys Asp Ile Gly Glu Asp Glu Thr Glu Ala
195 200 205

aag aga tgg aaa aga gaa gag aat gtg aag gag cca aga gtg gtg gtt 672
Lys Arg Trp Lys Arg Glu Glu Asn Val Lys Glu Pro Arg Val Val Val
210 215 220

cag aca aca agt gat ata gac att ctt gac gat ggc tac aga tgg aga 720
Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg
225 230 235 240

aag tat ggt cag aaa gtc gtc aag ggt aat cca aat cca agg agc tat 768
Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr
245 250 255

tac aag tgc aca ttt aca gga tgt ttt gta agg aaa cac gtt gaa aga 816
Tyr Lys Cys Thr Phe Thr Gly Cys Phe Val Arg Lys His Val Glu Arg
260 265 270

gca ttt caa gat ccc aag tca gtg atc aca act tac gaa gga aaa cac 864
Ala Phe Gln Asp Pro Lys Ser Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His
275 280 285

aaa cac caa atc ccg acc cca aga aga ggt cca gtt tta agg tta ctt 912
Lys His Gln Ile Pro Thr Pro Arg Arg Gly Pro Val Leu Arg Leu Leu
290 295 300

930
gga aaa aca gag aca taa
Gly Lys Thr Glu Thr
305

<210> 56
<211> 309
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 56

Met Gly Ser Phe Asp Arg Gln Arg Ala Val Pro Lys Phe Lys Thr Ala
1 5 10 15

Thr Pro Ser Pro Leu Pro Leu Ser Pro Ser Pro Tyr Phe Thr Met Pro
20 25 30

Pro Gly Leu Thr Pro Ala Asp Phe Leu Asp Ser Pro Leu Leu Phe Thr
35 40 45

Ser Ser Asn Ile Leu Pro Ser Pro Thr Thr Gly Thr Phe Pro Ala Gln
50 55 60

Ser Leu Asn Tyr Asn Asn Asn Gly Leu Leu Ile Asp Lys Asn Glu Ile
65 70 75 80

Lys Tyr Glu Asp Thr Thr Pro Pro Leu Phe Leu Pro Ser Met Val Thr
85 90 95

Gln Pro Leu Pro Gln Leu Asp Leu Phe Lys Ser Glu Ile Met Ser Ser
100 105 110

Asn Lys Thr Ser Asp Asp Gly Tyr Asn Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys
115 120 125

Gln Val Lys Gly Ser Glu Asn Pro Arg Ser Tyr Phe Lys Cys Thr Tyr
130 135 140

Pro Asn Cys Leu Thr Lys Lys Lys Val Glu Thr Ser Leu Val Lys Gly
145 150 155 160

Gln Met Ile Glu Ile Val Tyr Lys Gly Ser His Asn His Pro Lys Pro
165 170 175

Gln Ser Thr Lys Arg Ser Ser Ser Thr Ala Ile Ala Ala His Gln Asn
180 185 190

Ser Ser Asn Gly Asp Gly Lys Asp Ile Gly Glu Asp Glu Thr Glu Ala
195 200 205

Lys Arg Trp Lys Arg Glu Glu Asn Val Lys Glu Pro Arg Val Val Val
210 215 220

Gln Thr Thr Ser Asp Ile Asp Ile Leu Asp Asp Gly Tyr Arg Trp Arg
225 230 235 240

Lys Tyr Gly Gln Lys Val Val Lys Gly Asn Pro Asn Pro Arg Ser Tyr
245 250 255

Tyr Lys Cys Thr Phe Thr Gly Cys Phe Val Arg Lys His Val Glu Arg
260 265 270

Ala Phe Gln Asp Pro Lys Ser Val Ile Thr Thr Tyr Glu Gly Lys His
275 280 285

Lys His Gln Ile Pro Thr Pro Arg Arg Gly Pro Val Leu Arg Leu Leu
290 295 300

Gly Lys Thr Glu Thr
305

<210> 57
<211> 468
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(468)
<223> Gen (STT153), mã hóa protein ngón tay kẽm

<400> 57
atg agc aga cca gga gat tgg aat tgc agg tca tgc caa cac ttg aac 48
Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1 5 10 15

ttc cag agg agg gac tcg tgc cag cgt tgt ggg gac cca agg ccc gga 96

```
Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Pro Arg Pro Gly
            20                  25                  30

gag aga gat cat tat gga agt ttt ggt gga aga tca ggg ggc tcg ttc      144
Glu Arg Asp His Tyr Gly Ser Phe Gly Gly Arg Ser Gly Gly Ser Phe
        35                  40                  45

gga ttt acg ggg cct gat gtt agg cct ggt gac tgg tat tgc tcg gtt      192
Gly Phe Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Ser Val
    50                  55                  60

ggc aac tgt gga gct cac aac ttt gct agt cgt tca agc tgc ttc aag      240
Gly Asn Cys Gly Ala His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe Lys
65                  70                  75                  80

tgt ggt atg tcc aag gat gaa tcc tct ggt ggt ggg ctt gat gct gac      288
Cys Gly Met Ser Lys Asp Glu Ser Ser Gly Gly Gly Leu Asp Ala Asp
                85                  90                  95

att tcg tgg atg aga ggt tat ggc ttc ggc gga ggc agc gcc tct agc      336
Ile Ser Trp Met Arg Gly Tyr Gly Phe Gly Gly Gly Ser Ala Ser Ser
            100                 105                 110

cgc tct aat tgg aaa tcc gga gac tgg att tgc acc agg tca ggt tgc      384
Arg Ser Asn Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Ser Gly Cys
        115                 120                 125

aac gag cac aac ttt gct agc aga act gag tgt tac aga tgc aat gca      432
Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg Thr Glu Cys Tyr Arg Cys Asn Ala
    130                 135                 140

cca aga gaa tca ggc agc aac aag tct tcg tat taa                      468
Pro Arg Glu Ser Gly Ser Asn Lys Ser Ser Tyr
145                 150                 155
```

<210> 58
<211> 155
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 58

```
Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1               5                   10                  15
```

Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Pro Arg Pro Gly
20 25 30

Glu Arg Asp His Tyr Gly Ser Phe Gly Gly Arg Ser Gly Gly Ser Phe
35 40 45

Gly Phe Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Ser Val
50 55 60

Gly Asn Cys Gly Ala His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe Lys
65 70 75 80

Cys Gly Met Ser Lys Asp Glu Ser Ser Gly Gly Gly Leu Asp Ala Asp
85 90 95

Ile Ser Trp Met Arg Gly Tyr Gly Phe Gly Gly Gly Ser Ala Ser Ser
100 105 110

Arg Ser Asn Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Ser Gly Cys
115 120 125

Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg Thr Glu Cys Tyr Arg Cys Asn Ala
130 135 140

Pro Arg Glu Ser Gly Ser Asn Lys Ser Ser Tyr
145 150 155

<210> 59
<211> 480
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(480)
<223> Gen (Potri.006G251300), mã hóa protein họ ngón tay kẽm (gắn kết Ran); [co-ortholog (1trong số2) của At5g25490]

<400> 59

```
atg agc aga cca gga gat tgg aat tgc agg tca tgc cag cac ttg aac      48
Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1               5                  10                  15

ttt caa agg agg gac tca tgc cag cgt tgc ggt gat cca agg ccc gga      96
Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Pro Arg Pro Gly
            20                  25                  30

gag aga gat cac tat gga agt ttc ggt gga aga tca tca ggg ggc tca     144
Glu Arg Asp His Tyr Gly Ser Phe Gly Gly Arg Ser Ser Gly Gly Ser
        35                  40                  45

ttc gga ttt acg ggc cct gat gtt agg cct ggt gat tgg tat tgc acg     192
Phe Gly Phe Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Thr
    50                  55                  60

gct ggc aat tgt gga gct cac aac ttt gct agt cgt tca agc tgc ttc     240
Ala Gly Asn Cys Gly Ala His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe
65                  70                  75                  80

aag tgt ggt gtg tcc aag gat gaa tcc tct ggt ggt gga ctt gat gct     288
Lys Cys Gly Val Ser Lys Asp Glu Ser Ser Gly Gly Gly Leu Asp Ala
                85                  90                  95

gac atg tca cgg atg aga ggt tat ggc ttc ggc gga ggc gga ggc gga     336
Asp Met Ser Arg Met Arg Gly Tyr Gly Phe Gly Gly Gly Gly Gly Gly
            100                 105                 110

ggc agt ggc tct agc cgt aat tgg aaa tcc gga gac tgg att tgc acc     384
Gly Ser Gly Ser Ser Arg Asn Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Thr
        115                 120                 125

agg tcc ggt tgc aac gag cac aac ttt gct agc agg act gaa tgc tat     432
Arg Ser Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg Thr Glu Cys Tyr
    130                 135                 140

aga tgc aat gca cca aga gaa tct agc agc aac aag tct tcg tat taa     480
Arg Cys Asn Ala Pro Arg Glu Ser Ser Ser Asn Lys Ser Ser Tyr
145                 150                 155
```

<210> 60
<211> 159
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 60

Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1 5 10 15

Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Pro Arg Pro Gly
20 25 30

Glu Arg Asp His Tyr Gly Ser Phe Gly Gly Arg Ser Ser Gly Gly Ser
35 40 45

Phe Gly Phe Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Thr
50 55 60

Ala Gly Asn Cys Gly Ala His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe
65 70 75 80

Lys Cys Gly Val Ser Lys Asp Glu Ser Ser Gly Gly Gly Leu Asp Ala
85 90 95

Asp Met Ser Arg Met Arg Gly Tyr Gly Phe Gly Gly Gly Gly Gly Gly
100 105 110

Gly Ser Gly Ser Ser Arg Asn Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Thr
115 120 125

Arg Ser Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg Thr Glu Cys Tyr
130 135 140

Arg Cys Asn Ala Pro Arg Glu Ser Ser Ser Asn Lys Ser Ser Tyr
145 150 155

<210> 61
<211> 456
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(456)
<223> Gen (Potri.001G172700), mã hóa protein họ ngón tay kẽm (gắn kết Ran); [co-ortholog (1trong số2) của At3g15680]

<400> 61

```
atg aac agg cca gga gac tgg aac tgc agg tca tgc caa cac ctc aat          48
Met Asn Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1               5                  10                  15

ttc cag agg cgt gac tct tgc caa cgt tgt ggg gac ccc agg tcc gca          96
Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Pro Arg Ser Ala
            20                  25                  30

ggt gat ttt ggg ggt ttc ggt ggg cgg ggt ggc tca tca ctt ggg ttc         144
Gly Asp Phe Gly Gly Phe Gly Gly Arg Gly Gly Ser Ser Leu Gly Phe
        35                  40                  45

acc ggg tcg gat gtt cgt ccc ggt gat tgg tac tgc act gcc gga aac         192
Thr Gly Ser Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Thr Ala Gly Asn
    50                  55                  60

tgc ggg gcc cac aac ttt gct agc cgt tct agt tgc ttc aaa tgt gga         240
Cys Gly Ala His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe Lys Cys Gly
65                  70                  75                  80

gtg tac aag gaa atg gac tcc gcc ggg ggc ttc gat tct gat ttt tct         288
Val Tyr Lys Glu Met Asp Ser Ala Gly Gly Phe Asp Ser Asp Phe Ser
                85                  90                  95

cga act aga ggg ttt ggt ggg agc act gga ggt ggc aat cga tct gga         336
Arg Thr Arg Gly Phe Gly Gly Ser Thr Gly Gly Gly Asn Arg Ser Gly
            100                 105                 110

tgg aaa tcc gga gac tgg att tgc act agg tgg gga tgc aac gaa cat         384
Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Trp Gly Cys Asn Glu His
        115                 120                 125

aac ttt gct agc aga atg gag tgc ttc aag tgc aat gcc cca aga gat         432
Asn Phe Ala Ser Arg Met Glu Cys Phe Lys Cys Asn Ala Pro Arg Asp
    130                 135                 140

ctt agc aac aga act tca tac tag                                        456
Leu Ser Asn Arg Thr Ser Tyr
```

145 150

<210> 62
<211> 151
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 62

Met Asn Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1 5 10 15

Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Pro Arg Ser Ala
20 25 30

Gly Asp Phe Gly Gly Phe Gly Gly Arg Gly Gly Ser Ser Leu Gly Phe
35 40 45

Thr Gly Ser Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Thr Ala Gly Asn
50 55 60

Cys Gly Ala His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe Lys Cys Gly
65 70 75 80

Val Tyr Lys Glu Met Asp Ser Ala Gly Gly Phe Asp Ser Asp Phe Ser
85 90 95

Arg Thr Arg Gly Phe Gly Gly Ser Thr Gly Gly Gly Asn Arg Ser Gly
100 105 110

Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Trp Gly Cys Asn Glu His
115 120 125

Asn Phe Ala Ser Arg Met Glu Cys Phe Lys Cys Asn Ala Pro Arg Asp
130 135 140

Leu Ser Asn Arg Thr Ser Tyr

145 150

<210> 63
<211> 489
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(489)
<223> Gen (Eucgr.F02548), mã hóa phần ngón tay-Zn trong protein gắn kết Ran và các protein khác, gắn kết ion kẽm

<400> 63

```
aca cgc ttt gcc ttg tta agt tca ttg cta gcg gca aag atg agt agg          48
Thr Arg Phe Ala Leu Leu Ser Ser Leu Leu Ala Ala Lys Met Ser Arg
1               5                  10                  15

ccc gga gac tgg aac tgc aaa tcg tgc cag cac ctc aac ttc cag agg          96
Pro Gly Asp Trp Asn Cys Lys Ser Cys Gln His Leu Asn Phe Gln Arg
            20                  25                  30

cgc gac tcg tgc caa cgc tgc ggg gat gca aag tgc agt ggc gac ttt         144
Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Ala Lys Cys Ser Gly Asp Phe
        35                  40                  45

gca agt ttt ggc gga agg agt gga tcc tcg ttc ggg ttc act ggc tcc         192
Ala Ser Phe Gly Gly Arg Ser Gly Ser Ser Phe Gly Phe Thr Gly Ser
    50                  55                  60

gat gtc cgt cct gga gat tgg tat tgc acc gtt gga aac tgc ggg act         240
Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Thr Val Gly Asn Cys Gly Thr
65                  70                  75                  80

cat aac ttt gcc agc cgc tcg acc tgc ttc aaa tgc ggt gca ttc aag         288
His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Thr Cys Phe Lys Cys Gly Ala Phe Lys
                85                  90                  95

gaa gac ttg gcc ggt ggc tat gat ttt gac gcg ccg cgc tct aga ggt         336
Glu Asp Leu Ala Gly Gly Tyr Asp Phe Asp Ala Pro Arg Ser Arg Gly
            100                 105                 110

gta ggc aac agc gct ggt gga agc cga tcc gga tgg aaa tcg ggc gat         384
Val Gly Asn Ser Ala Gly Gly Ser Arg Ser Gly Trp Lys Ser Gly Asp
        115                 120                 125
```

tgg atc tgc aat agg ttt ggc tgc aat gaa cac aac ttc gcc agc aga 432
Trp Ile Cys Asn Arg Phe Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg
130 135 140

atg gaa tgc ttc cgg tgc aat gcc cct cgg gac tac tct agc aac cga 480
Met Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Asp Tyr Ser Ser Asn Arg
145 150 155 160

tct tac tag 489
Ser Tyr

<210> 64
<211> 162
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 64

Thr Arg Phe Ala Leu Leu Ser Ser Leu Leu Ala Ala Lys Met Ser Arg
1 5 10 15

Pro Gly Asp Trp Asn Cys Lys Ser Cys Gln His Leu Asn Phe Gln Arg
20 25 30

Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Ala Lys Cys Ser Gly Asp Phe
35 40 45

Ala Ser Phe Gly Gly Arg Ser Gly Ser Ser Phe Gly Phe Thr Gly Ser
50 55 60

Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys Thr Val Gly Asn Cys Gly Thr
65 70 75 80

His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Thr Cys Phe Lys Cys Gly Ala Phe Lys
85 90 95

Glu Asp Leu Ala Gly Gly Tyr Asp Phe Asp Ala Pro Arg Ser Arg Gly
100 105 110

Val Gly Asn Ser Ala Gly Gly Ser Arg Ser Gly Trp Lys Ser Gly Asp
115 120 125

Trp Ile Cys Asn Arg Phe Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg
130 135 140

Met Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Asp Tyr Ser Ser Asn Arg
145 150 155 160

Ser Tyr

<210> 65
<211> 507
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(507)
<223> Gen (Eucgr.C02807), mã hóa phần ngón tay Zn trong protein gắn kết Ran và các protein khác, gắn kết ion kẽm

<400> 65
atg agc agg ccg gga gac tgg aac tgc agg tcg tgc cag cac ctc aac 48
Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1 5 10 15

ttc cag agg cga gag tcg tgc cag agg tgc ggg gag ccg agg gcc agc 96
Phe Gln Arg Arg Glu Ser Cys Gln Arg Cys Gly Glu Pro Arg Ala Ser
20 25 30

gag agg ggt ggc gat tcc tat ggg ggc ttc ggc ggg agg agc ggc tcg 144
Glu Arg Gly Gly Asp Ser Tyr Gly Gly Phe Gly Gly Arg Ser Gly Ser
35 40 45

cca ttc agg ttc aca ggc ccg gac gtc cgg cct ggc gac tgg tac tgc 192
Pro Phe Arg Phe Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys
50 55 60

```
agc gtc gac aac tgt ggg aat cac aac ttc gcc agc cgc tcg acc tgc          240
Ser Val Asp Asn Cys Gly Asn His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Thr Cys
65                  70                  75                  80

ttc agg tgt ggt gcg ccg aga gac gag tcg gac ggc ggc ggc ggt ggc          288
Phe Arg Cys Gly Ala Pro Arg Asp Glu Ser Asp Gly Gly Gly Gly Gly
                85                  90                  95

ggg ggc cat cgt tat gag ggt gaa atg tct cgg ccg cga ggt ttt gga          336
Gly Gly His Arg Tyr Glu Gly Glu Met Ser Arg Pro Arg Gly Phe Gly
            100                 105                 110

gcc agc ggc agc agt gga ggt ggc agc agt cgc tcg ggg tgg aga gct          384
Ala Ser Gly Ser Ser Gly Gly Gly Ser Ser Arg Ser Gly Trp Arg Ala
        115                 120                 125

ggt gac tgg att tgc acc agg tca gga tgc aat gag cat aac ttt gct          432
Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Ser Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala
    130                 135                 140

agc aga tca aac tgc ttc agg tgc aat gcg cca aga gat tat tca tct          480
Ser Arg Ser Asn Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Asp Tyr Ser Ser
145                 150                 155                 160

ggt ggc cgg tct gat tat tct tct tga                                     507
Gly Gly Arg Ser Asp Tyr Ser Ser
                165
```

<210> 66
<211> 168
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 66

```
Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Gln His Leu Asn
1               5                   10                  15

Phe Gln Arg Arg Glu Ser Cys Gln Arg Cys Gly Glu Pro Arg Ala Ser
            20                  25                  30

Glu Arg Gly Gly Asp Ser Tyr Gly Gly Phe Gly Gly Arg Ser Gly Ser
        35                  40                  45
```

Pro Phe Arg Phe Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp Tyr Cys
50 55 60

Ser Val Asp Asn Cys Gly Asn His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Thr Cys
65 70 75 80

Phe Arg Cys Gly Ala Pro Arg Asp Glu Ser Asp Gly Gly Gly Gly Gly
85 90 95

Gly Gly His Arg Tyr Glu Gly Glu Met Ser Arg Pro Arg Gly Phe Gly
100 105 110

Ala Ser Gly Ser Ser Gly Gly Gly Ser Ser Arg Ser Gly Trp Arg Ala
115 120 125

Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Ser Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala
130 135 140

Ser Arg Ser Asn Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Asp Tyr Ser Ser
145 150 155 160

Gly Gly Arg Ser Asp Tyr Ser Ser
165

<210> 67
<211> 462
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(462)
<223> Gen (Eucgr.C01779), mã hóa phần ngón tay-Zn trong protein gắn kết Ran và các protein khác, gắn kết ion kẽm

<400> 67
atg agt agg cct gga gat tgg aac tgc cgg tcg tgc cac cac ctg aac 48

```
Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys His His Leu Asn
1               5                  10                  15

ttc caa agg cga gag tcg tgc cag aga tgc gga gag cca cgc ccc agc      96
Phe Gln Arg Arg Glu Ser Cys Gln Arg Cys Gly Glu Pro Arg Pro Ser
            20                  25                  30

agt tta ggt gga gga agg agc aac tcg tct ttc agg tcc ggc acc gcc     144
Ser Leu Gly Gly Gly Arg Ser Asn Ser Ser Phe Arg Ser Gly Thr Ala
        35                  40                  45

atg gat gtg agg ctt ggt gat tgg tat tgc ggt gtt ggg ggc tgt gga     192
Met Asp Val Arg Leu Gly Asp Trp Tyr Cys Gly Val Gly Gly Cys Gly
    50                  55                  60

acg cac aat ttt gcc agc cgc tcg agc tgc ttc agg tgt ggc tcg gca     240
Thr His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe Arg Cys Gly Ser Ala
65                  70                  75                  80

aag gat gaa aca cca acc gtt ggt ggg tat gac ggc gac atg act cgg     288
Lys Asp Glu Thr Pro Thr Val Gly Gly Tyr Asp Gly Asp Met Thr Arg
                85                  90                  95

atg cga ggt ttc ggg tac agc agt ggc act agc gcg aac cgg tcg ggg     336
Met Arg Gly Phe Gly Tyr Ser Ser Gly Thr Ser Ala Asn Arg Ser Gly
            100                 105                 110

tgg aag cct ggc gat tgg ata tgt gga agg tcg ggg tgc aag gag cac     384
Trp Lys Pro Gly Asp Trp Ile Cys Gly Arg Ser Gly Cys Lys Glu His
        115                 120                 125

aac ttt gca agc agg aca gaa tgt ttc agg tgc aat gcc cca aga gaa     432
Asn Phe Ala Ser Arg Thr Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Glu
    130                 135                 140

tct ggt ggt gtg tct tcc tct tct tcg taa                            462
Ser Gly Gly Val Ser Ser Ser Ser Ser
145                 150
```

<210> 68
<211> 153
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 68

Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys His His Leu Asn
1 5 10 15

Phe Gln Arg Arg Glu Ser Cys Gln Arg Cys Gly Glu Pro Arg Pro Ser
20 25 30

Ser Leu Gly Gly Gly Arg Ser Asn Ser Ser Phe Arg Ser Gly Thr Ala
35 40 45

Met Asp Val Arg Leu Gly Asp Trp Tyr Cys Gly Val Gly Gly Cys Gly
50 55 60

Thr His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Ser Cys Phe Arg Cys Gly Ser Ala
65 70 75 80

Lys Asp Glu Thr Pro Thr Val Gly Gly Tyr Asp Gly Asp Met Thr Arg
85 90 95

Met Arg Gly Phe Gly Tyr Ser Ser Gly Thr Ser Ala Asn Arg Ser Gly
100 105 110

Trp Lys Pro Gly Asp Trp Ile Cys Gly Arg Ser Gly Cys Lys Glu His
115 120 125

Asn Phe Ala Ser Arg Thr Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Glu
130 135 140

Ser Gly Gly Val Ser Ser Ser Ser Ser
145 150

<210> 69
<211> 513
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(513)
<223> Gen (AT5G25490), mã hóa phần ngón tay-Zn trong protein gắn kết Ran và các protein khác, gắn kết ion kẽm

<400> 69

```
atg aat agg ccg gga gat tgg aac tgc aga ttg tgt agc cac ctc aac          48
Met Asn Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Leu Cys Ser His Leu Asn
1               5                  10                  15

ttc cag agg agg gat tca tgc caa cgt tgt aga gag cct aga ccg ggc          96
Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Arg Glu Pro Arg Pro Gly
            20                  25                  30

ggg atc agt acc gat tta ctc agc ggt ttt ggt ggc cgt ccg gtt agt         144
Gly Ile Ser Thr Asp Leu Leu Ser Gly Phe Gly Gly Arg Pro Val Ser
        35                  40                  45

agc tcc ttc ggt ttc aac acc ggg ccc gat gtg cga ccc ggg gat tgg         192
Ser Ser Phe Gly Phe Asn Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp
    50                  55                  60

tat tgc aac ctt ggg gat tgt ggg aca cat aat ttt gcc aat agg tcc         240
Tyr Cys Asn Leu Gly Asp Cys Gly Thr His Asn Phe Ala Asn Arg Ser
65                  70                  75                  80

agt tgt ttc aag tgt ggt gcc gca aaa gat gag ttt tca tgc tca agt         288
Ser Cys Phe Lys Cys Gly Ala Ala Lys Asp Glu Phe Ser Cys Ser Ser
                85                  90                  95

gct gct gca aca acc ggg ttt atg gac atg aat gtt ggt ccg aga cgt         336
Ala Ala Ala Thr Thr Gly Phe Met Asp Met Asn Val Gly Pro Arg Arg
            100                 105                 110

ggc ctt ttt ggt ttt ggc ggc agc agt agt ggt ggt ggt ggt acg ggc         384
Gly Leu Phe Gly Phe Gly Gly Ser Ser Ser Gly Gly Gly Gly Thr Gly
        115                 120                 125

cgt tct cct tgg aaa tct gga gat tgg att tgc cca agg tca ggc tgt         432
Arg Ser Pro Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Pro Arg Ser Gly Cys
    130                 135                 140

aac gaa cat aac ttc gca agc agg tca gag tgt ttc agg tgt aac gca         480
Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala
145                 150                 155                 160

cca aag gaa ctt gcc acc gaa cca ccc tat tag                            513
```

Pro Lys Glu Leu Ala Thr Glu Pro Pro Tyr
165 170

<210> 70
<211> 170
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 70

Met Asn Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Leu Cys Ser His Leu Asn
1 5 10 15

Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Arg Glu Pro Arg Pro Gly
20 25 30

Gly Ile Ser Thr Asp Leu Leu Ser Gly Phe Gly Gly Arg Pro Val Ser
35 40 45

Ser Ser Phe Gly Phe Asn Thr Gly Pro Asp Val Arg Pro Gly Asp Trp
50 55 60

Tyr Cys Asn Leu Gly Asp Cys Gly Thr His Asn Phe Ala Asn Arg Ser
65 70 75 80

Ser Cys Phe Lys Cys Gly Ala Ala Lys Asp Glu Phe Ser Cys Ser Ser
85 90 95

Ala Ala Ala Thr Thr Gly Phe Met Asp Met Asn Val Gly Pro Arg Arg
100 105 110

Gly Leu Phe Gly Phe Gly Gly Ser Ser Ser Gly Gly Gly Gly Thr Gly
115 120 125

Arg Ser Pro Trp Lys Ser Gly Asp Trp Ile Cys Pro Arg Ser Gly Cys
130 135 140

Asn Glu His Asn Phe Ala Ser Arg Ser Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala
145 150 155 160

Pro Lys Glu Leu Ala Thr Glu Pro Pro Tyr
165 170

<210> 71
<211> 495
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(495)
<223> Gen (AT3G15680), mã hóa protein liên họ giống ngón tay kẽm Ran BP2/NZF

<400> 71
atg agc aga ccc gga gat tgg aac tgc agg tca tgc agc cat ctc aac 48
Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Ser His Leu Asn
1 5 10 15

ttc cag cgc cgt gac tct tgc cag cga tgc ggt gac tct cgt tcc ggc 96
Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Ser Arg Ser Gly
20 25 30

ccc ggt gga gtt ggt ggc tta gac ttt ggt aat ttc ggt ggc aga gcc 144
Pro Gly Gly Val Gly Gly Leu Asp Phe Gly Asn Phe Gly Gly Arg Ala
35 40 45

atg tct gct ttc gga ttc acc acc ggc tcc gac gtt cgt ccc ggt gat 192
Met Ser Ala Phe Gly Phe Thr Thr Gly Ser Asp Val Arg Pro Gly Asp
50 55 60

tgg tac tgc acc gtg gga aac tgc ggg aca cac aac ttc gcc agt cgc 240
Trp Tyr Cys Thr Val Gly Asn Cys Gly Thr His Asn Phe Ala Ser Arg
65 70 75 80

tcc acc tgc ttc aaa tgc ggc act ttc aag gac gag acc ggc gct gga 288
Ser Thr Cys Phe Lys Cys Gly Thr Phe Lys Asp Glu Thr Gly Ala Gly
85 90 95

ggc gga ggt ggt ggc atc ggc ggt ccg gcc atg ttt gac gcc gac att 336
Gly Gly Gly Gly Gly Ile Gly Gly Pro Ala Met Phe Asp Ala Asp Ile

100 105 110

atg cgg tct aga gtc ccc ggt aac ggt ggt cgc tct agc tgg aaa tcc 384
Met Arg Ser Arg Val Pro Gly Asn Gly Gly Arg Ser Ser Trp Lys Ser
115 120 125

ggc gac tgg att tgc act agg att ggt tgc aat gag cat aac ttt gca 432
Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Ile Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala
130 135 140

agc aga atg gaa tgc ttc agg tgc aat gca cca agg gac ttc agc aac 480
Ser Arg Met Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Asp Phe Ser Asn
145 150 155 160

aga acc tct ttc taa 495
Arg Thr Ser Phe

<210> 72
<211> 164
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 72

Met Ser Arg Pro Gly Asp Trp Asn Cys Arg Ser Cys Ser His Leu Asn
1 5 10 15

Phe Gln Arg Arg Asp Ser Cys Gln Arg Cys Gly Asp Ser Arg Ser Gly
20 25 30

Pro Gly Gly Val Gly Gly Leu Asp Phe Gly Asn Phe Gly Gly Arg Ala
35 40 45

Met Ser Ala Phe Gly Phe Thr Thr Gly Ser Asp Val Arg Pro Gly Asp
50 55 60

Trp Tyr Cys Thr Val Gly Asn Cys Gly Thr His Asn Phe Ala Ser Arg
65 70 75 80

Ser Thr Cys Phe Lys Cys Gly Thr Phe Lys Asp Glu Thr Gly Ala Gly

85 90 95

Gly Gly Gly Gly Gly Ile Gly Gly Pro Ala Met Phe Asp Ala Asp Ile
100 105 110

Met Arg Ser Arg Val Pro Gly Asn Gly Gly Arg Ser Ser Trp Lys Ser
115 120 125

Gly Asp Trp Ile Cys Thr Arg Ile Gly Cys Asn Glu His Asn Phe Ala
130 135 140

Ser Arg Met Glu Cys Phe Arg Cys Asn Ala Pro Arg Asp Phe Ser Asn
145 150 155 160

Arg Thr Ser Phe

<210> 73
<211> 1587
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1587)
<223> Gen (STT258), mã hóa protein gắn kết calmodulin

<400> 73
atg gga aag aaa ggg agt tgg ttt tca gca atc aag agg gtc ttt cta 48
Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Leu
1 5 10 15

cca aac tcc aag gac aaa cta gct aat gaa tca gat aag aga agc gca 96
Pro Asn Ser Lys Asp Lys Leu Ala Asn Glu Ser Asp Lys Arg Ser Ala
20 25 30

aaa gaa aag aag aag aag ggt cgt gga aaa cta aga cat gga gag acc 144
Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Arg Gly Lys Leu Arg His Gly Glu Thr
35 40 45

```
act tca ttc att ccc ctg ttt aga gaa cca agt agt atc gag aaa att                192
Thr Ser Phe Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
    50                  55                  60

ttg gat gag gct gaa aga gag cat aaa tta att ttc agg cct ccc aca                240
Leu Asp Glu Ala Glu Arg Glu His Lys Leu Ile Phe Arg Pro Pro Thr
65                  70                  75                  80

cct cct gag caa ccg act aca cca ccc ttt gtg cct cca aga tct gct                288
Pro Pro Glu Gln Pro Thr Thr Pro Pro Phe Val Pro Pro Arg Ser Ala
                85                  90                  95

tct ccg agg gtt gct tct caa aga gtc acc tct cca aga gct gct tcc                336
Ser Pro Arg Val Ala Ser Gln Arg Val Thr Ser Pro Arg Ala Ala Ser
            100                 105                 110

cct aga gct gca tct cca agg gtt gct tct cct aga gca gct tct cct                384
Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro
        115                 120                 125

agg aat gct caa cgc cat aag gag ata tat tac aga cca gaa cca act                432
Arg Asn Ala Gln Arg His Lys Glu Ile Tyr Tyr Arg Pro Glu Pro Thr
    130                 135                 140

cta aga aac cat cat gct tca gca acc aag atc caa gca gcc tat aga                480
Leu Arg Asn His His Ala Ser Ala Thr Lys Ile Gln Ala Ala Tyr Arg
145                 150                 155                 160

ggc tat gtt gca agg agg agc ttc aga gct ttg aag ggt ctt gtg agg                528
Gly Tyr Val Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu Lys Gly Leu Val Arg
                165                 170                 175

ctt caa gga gtg ata aga gga cag aat gtg aag cgg cag acg atg aat                576
Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly Gln Asn Val Lys Arg Gln Thr Met Asn
            180                 185                 190

gca atg aaa tac atg cag ctc ttg gtt cgg gtc cag tct cag att cag                624
Ala Met Lys Tyr Met Gln Leu Leu Val Arg Val Gln Ser Gln Ile Gln
        195                 200                 205

tca cgg agg atc caa atg tta gaa aac caa gca cga cgt caa gct caa                672
Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Ala Arg Arg Gln Ala Gln
    210                 215                 220

aac aaa aat gat aaa gaa gtg gat ggt acc ttg ggc aaa tgg ggc cag                720
Asn Lys Asn Asp Lys Glu Val Asp Gly Thr Leu Gly Lys Trp Gly Gln
225                 230                 235                 240
```

```
tcg cct gag gca ggt aat agt gaa gac tgg gat gac agc gtt ctg acg                768
Ser Pro Glu Ala Gly Asn Ser Glu Asp Trp Asp Asp Ser Val Leu Thr
                245                 250                 255

aag gag gaa att gac gca agg ttg cag aga aag gtg gag gca gtc gtc                816
Lys Glu Glu Ile Asp Ala Arg Leu Gln Arg Lys Val Glu Ala Val Val
            260                 265                 270

aag aga gaa agg gcc atg gcg tat tcg tat tcc cac cag ctg tgg aaa                864
Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ser Tyr Ser His Gln Leu Trp Lys
        275                 280                 285

gcc tca cca aaa tct gct cag tca tct ctc atg gat atc cgt tcc aat                912
Ala Ser Pro Lys Ser Ala Gln Ser Ser Leu Met Asp Ile Arg Ser Asn
    290                 295                 300

gga ttt cca tgg tgg tgg aac tgg tta gaa cgt cag cta cct cca acg                960
Gly Phe Pro Trp Trp Trp Asn Trp Leu Glu Arg Gln Leu Pro Pro Thr
305                 310                 315                 320

aat cct cct gaa agc caa gcc ttg aag aat ttt caa ctt aca ccg cca               1008
Asn Pro Pro Glu Ser Gln Ala Leu Lys Asn Phe Gln Leu Thr Pro Pro
                325                 330                 335

agg cca cat tca gag ata aag cct agc cca aga ccc cca tca agt agc               1056
Arg Pro His Ser Glu Ile Lys Pro Ser Pro Arg Pro Pro Ser Ser Ser
            340                 345                 350

cac aag caa caa cat ctg ggg ttt gat aat atg gat act ccc aca cca               1104
His Lys Gln Gln His Leu Gly Phe Asp Asn Met Asp Thr Pro Thr Pro
        355                 360                 365

aga tcc tca aaa tca act gca ttt gta tca aca aga cca gcg cga act               1152
Arg Ser Ser Lys Ser Thr Ala Phe Val Ser Thr Arg Pro Ala Arg Thr
    370                 375                 380

cct cta ctt aga act cca caa gca aac agc cct agc ttg tca aga tat               1200
Pro Leu Leu Arg Thr Pro Gln Ala Asn Ser Pro Ser Leu Ser Arg Tyr
385                 390                 395                 400

tca aga gca aga gcc agt gga ggg aat tct cct ttc gac ttg cca ttg               1248
Ser Arg Ala Arg Ala Ser Gly Gly Asn Ser Pro Phe Asp Leu Pro Leu
                405                 410                 415

aag gat gac gat agc ctc acg agc tgc cca cca ttt tca gtg cca aac               1296
Lys Asp Asp Asp Ser Leu Thr Ser Cys Pro Pro Phe Ser Val Pro Asn
```

```
                420                 425                 430

tac atg act cct acg gcc tca gcc aag gca aaa aca aga gct tat agt      1344
Tyr Met Thr Pro Thr Ala Ser Ala Lys Ala Lys Thr Arg Ala Tyr Ser
        435                 440                 445

aat ccc aaa gag agg ttt cca ggg acc cca aac agt gaa aag agg aga      1392
Asn Pro Lys Glu Arg Phe Pro Gly Thr Pro Asn Ser Glu Lys Arg Arg
    450                 455                 460

ctc tcg ttc cct ctt aca caa ggc att gga tct ttc aag tgg aac aaa      1440
Leu Ser Phe Pro Leu Thr Gln Gly Ile Gly Ser Phe Lys Trp Asn Lys
465                 470                 475                 480

ggc tcc ttc ttc acc agc aag gat tca agc tct caa agg ggt tta gat      1488
Gly Ser Phe Phe Thr Ser Lys Asp Ser Ser Ser Gln Arg Gly Leu Asp
                485                 490                 495

aag cat cag tca ctt caa tcc ata gga gat ttg agt gtg gat tca acc      1536
Lys His Gln Ser Leu Gln Ser Ile Gly Asp Leu Ser Val Asp Ser Thr
            500                 505                 510

gtc tcg atg cct gct acg gtt gga cga agg cca ttt aac cga ttt gtg      1584
Val Ser Met Pro Ala Thr Val Gly Arg Arg Pro Phe Asn Arg Phe Val
        515                 520                 525

tga                                                                 1587
```

<210> 74
<211> 528
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 74

```
Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Leu
1               5                  10                  15

Pro Asn Ser Lys Asp Lys Leu Ala Asn Glu Ser Asp Lys Arg Ser Ala
            20                  25                  30

Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Arg Gly Lys Leu Arg His Gly Glu Thr
        35                  40                  45
```

Thr Ser Phe Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
50 55 60

Leu Asp Glu Ala Glu Arg Glu His Lys Leu Ile Phe Arg Pro Pro Thr
65 70 75 80

Pro Pro Glu Gln Pro Thr Thr Pro Pro Phe Val Pro Pro Arg Ser Ala
85 90 95

Ser Pro Arg Val Ala Ser Gln Arg Val Thr Ser Pro Arg Ala Ala Ser
100 105 110

Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro
115 120 125

Arg Asn Ala Gln Arg His Lys Glu Ile Tyr Tyr Arg Pro Glu Pro Thr
130 135 140

Leu Arg Asn His His Ala Ser Ala Thr Lys Ile Gln Ala Ala Tyr Arg
145 150 155 160

Gly Tyr Val Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu Lys Gly Leu Val Arg
165 170 175

Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly Gln Asn Val Lys Arg Gln Thr Met Asn
180 185 190

Ala Met Lys Tyr Met Gln Leu Leu Val Arg Val Gln Ser Gln Ile Gln
195 200 205

Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Ala Arg Arg Gln Ala Gln
210 215 220

Asn Lys Asn Asp Lys Glu Val Asp Gly Thr Leu Gly Lys Trp Gly Gln
225 230 235 240

Ser Pro Glu Ala Gly Asn Ser Glu Asp Trp Asp Asp Ser Val Leu Thr
245 250 255

Lys Glu Glu Ile Asp Ala Arg Leu Gln Arg Lys Val Glu Ala Val Val
260 265 270

Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ser Tyr Ser His Gln Leu Trp Lys
275 280 285

Ala Ser Pro Lys Ser Ala Gln Ser Ser Leu Met Asp Ile Arg Ser Asn
290 295 300

Gly Phe Pro Trp Trp Trp Asn Trp Leu Glu Arg Gln Leu Pro Pro Thr
305 310 315 320

Asn Pro Pro Glu Ser Gln Ala Leu Lys Asn Phe Gln Leu Thr Pro Pro
325 330 335

Arg Pro His Ser Glu Ile Lys Pro Ser Pro Arg Pro Pro Ser Ser Ser
340 345 350

His Lys Gln Gln His Leu Gly Phe Asp Asn Met Asp Thr Pro Thr Pro
355 360 365

Arg Ser Ser Lys Ser Thr Ala Phe Val Ser Thr Arg Pro Ala Arg Thr
370 375 380

Pro Leu Leu Arg Thr Pro Gln Ala Asn Ser Pro Ser Leu Ser Arg Tyr
385 390 395 400

Ser Arg Ala Arg Ala Ser Gly Gly Asn Ser Pro Phe Asp Leu Pro Leu
405 410 415

Lys Asp Asp Asp Ser Leu Thr Ser Cys Pro Pro Phe Ser Val Pro Asn

420 425 430

Tyr Met Thr Pro Thr Ala Ser Ala Lys Ala Lys Thr Arg Ala Tyr Ser
435 440 445

Asn Pro Lys Glu Arg Phe Pro Gly Thr Pro Asn Ser Glu Lys Arg Arg
450 455 460

Leu Ser Phe Pro Leu Thr Gln Gly Ile Gly Ser Phe Lys Trp Asn Lys
465 470 475 480

Gly Ser Phe Phe Thr Ser Lys Asp Ser Ser Ser Gln Arg Gly Leu Asp
485 490 495

Lys His Gln Ser Leu Gln Ser Ile Gly Asp Leu Ser Val Asp Ser Thr
500 505 510

Val Ser Met Pro Ala Thr Val Gly Arg Arg Pro Phe Asn Arg Phe Val
515 520 525

<210> 75
<211> 1593
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1593)
<223> Gen (Potri.019G095700), mã hóa protein họ gắn kết calmodulin; yếu tố tương tự với protein SF16 (Helianthus annuus) GI:560150; [co-ortholog (2trong số3) của At3g59690, At2g43680]

<400> 75
atg gga aag aaa ggg agt tgg ttt tca gca atc aag agg gtc ttt tca 48
Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Ser
1 5 10 15

ccc cac tcc aag gac aaa cta gct agt gaa tca gat aag aga agc acg 96
Pro His Ser Lys Asp Lys Leu Ala Ser Glu Ser Asp Lys Arg Ser Thr

```
                20                  25                  30

aaa gaa aag aag aag aag ggt ctt gga aaa cta aga cat gga gag acc      144
Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Leu Gly Lys Leu Arg His Gly Glu Thr
        35                  40                  45

act tca ttc att ccc ctg ttt aga gaa cca agc agt att gag aaa att      192
Thr Ser Phe Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
    50                  55                  60

ttg gat gag gct gaa aga gag aat aaa tta att ttc agg cct cca acg      240
Leu Asp Glu Ala Glu Arg Glu Asn Lys Leu Ile Phe Arg Pro Pro Thr
65                  70                  75                  80

cct cct gag gaa ctg aca aca cca cct ttt gtg cct cca aga gcc gat      288
Pro Pro Glu Glu Leu Thr Thr Pro Pro Phe Val Pro Pro Arg Ala Asp
                85                  90                  95

tct ccg agg gtt gct tct caa aga gtc acc tct cca aga gct gct act      336
Ser Pro Arg Val Ala Ser Gln Arg Val Thr Ser Pro Arg Ala Ala Thr
            100                 105                 110

cca aga gct gtt tcc cct aga gcg gca tct cca agg gtt gct tcc cct      384
Pro Arg Ala Val Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro
        115                 120                 125

aga gca gct tct cct agg aat gct caa cgc cat aag gag ata tat tac      432
Arg Ala Ala Ser Pro Arg Asn Ala Gln Arg His Lys Glu Ile Tyr Tyr
    130                 135                 140

aga cca gaa cca act cta aga aac cat cat gct tcg gct acc aag atc      480
Arg Pro Glu Pro Thr Leu Arg Asn His His Ala Ser Ala Thr Lys Ile
145                 150                 155                 160

caa gca gcc tat aga ggc tat gtt gca agg agg agc ttc aga gca ctg      528
Gln Ala Ala Tyr Arg Gly Tyr Val Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu
                165                 170                 175

aag ggt ctt gtg agg ctt caa gga gtg ata aga gga cag aat gtg aag      576
Lys Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly Gln Asn Val Lys
            180                 185                 190

cgg cag aca atg aat gcg atg aaa cac atg cag ctc ttg gtg cgg gtc      624
Arg Gln Thr Met Asn Ala Met Lys His Met Gln Leu Leu Val Arg Val
        195                 200                 205

cag tct cag att cag tct cgg agg atc cag atg tta gaa aac caa gca      672
```

```
Gln Ser Gln Ile Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Ala
    210                 215                 220

cga cgt caa gct caa aac aga aat gat aaa gaa gtg gat agt acc ttg      720
Arg Arg Gln Ala Gln Asn Arg Asn Asp Lys Glu Val Asp Ser Thr Leu
225                 230                 235                 240

ggc aaa tgg ggc cag ttg tct gag gca ggt aat aac gaa gac tgg gat      768
Gly Lys Trp Gly Gln Leu Ser Glu Ala Gly Asn Asn Glu Asp Trp Asp
                245                 250                 255

gac agc gtg ctg aca aag gag gaa att gac gca agg ttg cag aaa agg      816
Asp Ser Val Leu Thr Lys Glu Glu Ile Asp Ala Arg Leu Gln Lys Arg
            260                 265                 270

gtg gag gca gtc gtc aag aga gaa aga gcc atg gct tat gca tat tcc      864
Val Glu Ala Val Val Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ala Tyr Ser
        275                 280                 285

cac cag ctg tgg aaa gcc act cca aaa tct gct cag tca gct cta atg      912
His Gln Leu Trp Lys Ala Thr Pro Lys Ser Ala Gln Ser Ala Leu Met
    290                 295                 300

gat atc cgt tcc aat ggg ttt cca tgg tgg tgg aac tgg tta gag cgt      960
Asp Ile Arg Ser Asn Gly Phe Pro Trp Trp Trp Asn Trp Leu Glu Arg
305                 310                 315                 320

cag cta cct cca act aat cct cct gaa agc caa gcc ttg agg aat ttt     1008
Gln Leu Pro Pro Thr Asn Pro Pro Glu Ser Gln Ala Leu Arg Asn Phe
                325                 330                 335

caa ctt aca cca cca agg cca cgt tcc gat atg aag gct agc cct agg     1056
Gln Leu Thr Pro Pro Arg Pro Arg Ser Asp Met Lys Ala Ser Pro Arg
            340                 345                 350

ccc cca tcc agg agc cac aag caa caa cat ttt ggg ttt gat aat atg     1104
Pro Pro Ser Arg Ser His Lys Gln Gln His Phe Gly Phe Asp Asn Met
        355                 360                 365

gat act cca aca ccg aga tcc tca aaa tca act gct ttt gtg cca acg     1152
Asp Thr Pro Thr Pro Arg Ser Ser Lys Ser Thr Ala Phe Val Pro Thr
    370                 375                 380

aga caa gcg cga act cct cta cat aga aca cca caa gcc aac agc cct     1200
Arg Gln Ala Arg Thr Pro Leu His Arg Thr Pro Gln Ala Asn Ser Pro
385                 390                 395                 400
```

agc ttg tca aaa tat tca atg gca aga gcc agt gca gca aat tct cct 1248
Ser Leu Ser Lys Tyr Ser Met Ala Arg Ala Ser Ala Ala Asn Ser Pro
405 410 415

ttt aac ttg cca ttg aag gat gac gat agc ctc atg agc tgc cca cca 1296
Phe Asn Leu Pro Leu Lys Asp Asp Asp Ser Leu Met Ser Cys Pro Pro
420 425 430

ttt tca gtg cca aac tac atg agc cct aca gtt tca gcc aaa gcc aaa 1344
Phe Ser Val Pro Asn Tyr Met Ser Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys
435 440 445

gaa aga gct aat agc aat ccc aag gag agg ttt cca ggg acc cca acc 1392
Glu Arg Ala Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Phe Pro Gly Thr Pro Thr
450 455 460

agt gaa aag agg aga ctg tca ttc cct ctt aca cag ggc att ggg tct 1440
Ser Glu Lys Arg Arg Leu Ser Phe Pro Leu Thr Gln Gly Ile Gly Ser
465 470 475 480

ttc aag tgg aac aaa ggc tcc ttc act agc aag gat tca agt tct caa 1488
Phe Lys Trp Asn Lys Gly Ser Phe Thr Ser Lys Asp Ser Ser Ser Gln
485 490 495

agg ggt tta gat agg cat cag tca ctt caa tcc ata gga aac ttg agt 1536
Arg Gly Leu Asp Arg His Gln Ser Leu Gln Ser Ile Gly Asn Leu Ser
500 505 510

gtg gat tca acc gtc tcg atg cct gcc acg cga aag cca ttt aac cga 1584
Val Asp Ser Thr Val Ser Met Pro Ala Thr Arg Lys Pro Phe Asn Arg
515 520 525

ttc gtg tga 1593
Phe Val
530

<210> 76
<211> 530
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 76

Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Ser
1 5 10 15

Pro His Ser Lys Asp Lys Leu Ala Ser Glu Ser Asp Lys Arg Ser Thr
20 25 30

Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Leu Gly Lys Leu Arg His Gly Glu Thr
35 40 45

Thr Ser Phe Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
50 55 60

Leu Asp Glu Ala Glu Arg Glu Asn Lys Leu Ile Phe Arg Pro Pro Thr
65 70 75 80

Pro Pro Glu Glu Leu Thr Thr Pro Pro Phe Val Pro Pro Arg Ala Asp
85 90 95

Ser Pro Arg Val Ala Ser Gln Arg Val Thr Ser Pro Arg Ala Ala Thr
100 105 110

Pro Arg Ala Val Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro
115 120 125

Arg Ala Ala Ser Pro Arg Asn Ala Gln Arg His Lys Glu Ile Tyr Tyr
130 135 140

Arg Pro Glu Pro Thr Leu Arg Asn His His Ala Ser Ala Thr Lys Ile
145 150 155 160

Gln Ala Ala Tyr Arg Gly Tyr Val Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu
165 170 175

Lys Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly Gln Asn Val Lys
180 185 190

Arg Gln Thr Met Asn Ala Met Lys His Met Gln Leu Leu Val Arg Val
195 200 205

Gln Ser Gln Ile Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Ala
210 215 220

Arg Arg Gln Ala Gln Asn Arg Asn Asp Lys Glu Val Asp Ser Thr Leu
225 230 235 240

Gly Lys Trp Gly Gln Leu Ser Glu Ala Gly Asn Asn Glu Asp Trp Asp
245 250 255

Asp Ser Val Leu Thr Lys Glu Glu Ile Asp Ala Arg Leu Gln Lys Arg
260 265 270

Val Glu Ala Val Val Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ala Tyr Ser
275 280 285

His Gln Leu Trp Lys Ala Thr Pro Lys Ser Ala Gln Ser Ala Leu Met
290 295 300

Asp Ile Arg Ser Asn Gly Phe Pro Trp Trp Trp Asn Trp Leu Glu Arg
305 310 315 320

Gln Leu Pro Pro Thr Asn Pro Pro Glu Ser Gln Ala Leu Arg Asn Phe
325 330 335

Gln Leu Thr Pro Pro Arg Pro Arg Ser Asp Met Lys Ala Ser Pro Arg
340 345 350

Pro Pro Ser Arg Ser His Lys Gln Gln His Phe Gly Phe Asp Asn Met
355 360 365

Asp Thr Pro Thr Pro Arg Ser Ser Lys Ser Thr Ala Phe Val Pro Thr
370 375 380

Arg Gln Ala Arg Thr Pro Leu His Arg Thr Pro Gln Ala Asn Ser Pro

385 390 395 400

Ser Leu Ser Lys Tyr Ser Met Ala Arg Ala Ser Ala Ala Asn Ser Pro
405 410 415

Phe Asn Leu Pro Leu Lys Asp Asp Asp Ser Leu Met Ser Cys Pro Pro
420 425 430

Phe Ser Val Pro Asn Tyr Met Ser Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys
435 440 445

Glu Arg Ala Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Phe Pro Gly Thr Pro Thr
450 455 460

Ser Glu Lys Arg Arg Leu Ser Phe Pro Leu Thr Gln Gly Ile Gly Ser
465 470 475 480

Phe Lys Trp Asn Lys Gly Ser Phe Thr Ser Lys Asp Ser Ser Ser Gln
485 490 495

Arg Gly Leu Asp Arg His Gln Ser Leu Gln Ser Ile Gly Asn Leu Ser
500 505 510

Val Asp Ser Thr Val Ser Met Pro Ala Thr Arg Lys Pro Phe Asn Arg
515 520 525

Phe Val
530

<210> 77
<211> 1593
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS

<222> (1)..(1593)
<223> Gen (Potri.019G112400), mã hóa motip gắn kết calmodulin IQ

<400> 77

```
atg gga aag aaa ggg agt tgg ttt tca gca atc aag agg gtc ttt tca      48
Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Ser
1               5                  10                  15

ccc cac tcc aag gac aaa cta gct agt gaa tca gat aag aga agc acg      96
Pro His Ser Lys Asp Lys Leu Ala Ser Glu Ser Asp Lys Arg Ser Thr
            20                  25                  30

aaa gaa aag aag aag aag ggt ctt gga aaa cta aga cat gga gag acc     144
Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Leu Gly Lys Leu Arg His Gly Glu Thr
        35                  40                  45

act tca ttc att ccc ctg ttt aga gaa cca agc agt att gag aaa att     192
Thr Ser Phe Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
    50                  55                  60

ttg gat gag gct gaa aga gag aat aaa tta att ttc agg cct cca acg     240
Leu Asp Glu Ala Glu Arg Glu Asn Lys Leu Ile Phe Arg Pro Pro Thr
65                  70                  75                  80

cct cct gag gaa ctg aca aca cca cct ttt gtg cct cca aga gcc gat     288
Pro Pro Glu Glu Leu Thr Thr Pro Pro Phe Val Pro Pro Arg Ala Asp
                85                  90                  95

tct ccg agg gtt gct tct caa aga gtc acc tct cca aga gct gct act     336
Ser Pro Arg Val Ala Ser Gln Arg Val Thr Ser Pro Arg Ala Ala Thr
            100                 105                 110

cca agg gtt gct tcc cct aga gcg gca tct cca agg gtt gct tcc cct     384
Pro Arg Val Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro
        115                 120                 125

aga gca gct tct cct agg aat gct caa cgc cat aag gag ata tat tac     432
Arg Ala Ala Ser Pro Arg Asn Ala Gln Arg His Lys Glu Ile Tyr Tyr
    130                 135                 140

aga cca gaa cca act cta aga aac cat cat gct tct gct acc aag atc     480
Arg Pro Glu Pro Thr Leu Arg Asn His His Ala Ser Ala Thr Lys Ile
145                 150                 155                 160

caa gca gcc tat aga ggc tat gtt gca agg agg agc ttc aga gca ctg     528
Gln Ala Ala Tyr Arg Gly Tyr Val Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu
                165                 170                 175
```

```
aag ggt ctt gtg agg ctt caa gga gtg ata cga gga cag aat gtg aag      576
Lys Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly Gln Asn Val Lys
            180                 185                 190

cgg cag aca atg aat gcg atg aaa cac atg cag ctc ttg gtg cgg gtc      624
Arg Gln Thr Met Asn Ala Met Lys His Met Gln Leu Leu Val Arg Val
        195                 200                 205

cag tct cag att cag tct cgg agg atc cag atg tta gaa aac caa gca      672
Gln Ser Gln Ile Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Ala
    210                 215                 220

cga cgt caa gct caa aac aga aat gat aaa gaa gtg gat agt acc ttg      720
Arg Arg Gln Ala Gln Asn Arg Asn Asp Lys Glu Val Asp Ser Thr Leu
225                 230                 235                 240

ggc aaa tgg ggc cag ttg tct gag gca ggt aat aac gaa gac tgg gat      768
Gly Lys Trp Gly Gln Leu Ser Glu Ala Gly Asn Asn Glu Asp Trp Asp
                245                 250                 255

gac agc gtg ctg acg aag gag gaa att gac gca agg ttg cag aaa agg      816
Asp Ser Val Leu Thr Lys Glu Glu Ile Asp Ala Arg Leu Gln Lys Arg
            260                 265                 270

gtg gag gca gtc gtc aag aga gaa aga gcc atg gct tat gca tat tcc      864
Val Glu Ala Val Val Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ala Tyr Ser
        275                 280                 285

cac cag ctg tgg aaa gcc act cca aaa tct gct cag tca gct cta atg      912
His Gln Leu Trp Lys Ala Thr Pro Lys Ser Ala Gln Ser Ala Leu Met
    290                 295                 300

gat atc cgt tcc aat ggg ttt cca tgg tgg tgg aac tgg tta gag cgt      960
Asp Ile Arg Ser Asn Gly Phe Pro Trp Trp Trp Asn Trp Leu Glu Arg
305                 310                 315                 320

cag cta cct cca act aat cct cct gaa agc caa gcc ttg agg aat ttt     1008
Gln Leu Pro Pro Thr Asn Pro Pro Glu Ser Gln Ala Leu Arg Asn Phe
                325                 330                 335

caa ctt aca cca cca agg cca cgt tcc gat atg aag gct agc cct agg     1056
Gln Leu Thr Pro Pro Arg Pro Arg Ser Asp Met Lys Ala Ser Pro Arg
            340                 345                 350

ccc cca tcc agg agc cac aag caa caa cat ttt ggg ttt gat aat atg     1104
Pro Pro Ser Arg Ser His Lys Gln Gln His Phe Gly Phe Asp Asn Met
```

```
                355                 360                 365

gat act cca aca ccg aga tcc tca aaa tca act gtt ttt gtg cca acg      1152
Asp Thr Pro Thr Pro Arg Ser Ser Lys Ser Thr Val Phe Val Pro Thr
    370                 375                 380

aga caa gcg cga act cct cta cat aga act cca caa gcc aac agc cct      1200
Arg Gln Ala Arg Thr Pro Leu His Arg Thr Pro Gln Ala Asn Ser Pro
385                 390                 395                 400

agc ttg tca aaa tat tca atg gca aga gcc agt gca gca aat tct cct      1248
Ser Leu Ser Lys Tyr Ser Met Ala Arg Ala Ser Ala Ala Asn Ser Pro
                405                 410                 415

ttt aac ttg cca ttg aag gat gac gat agc ctc atg agc tgc cca cca      1296
Phe Asn Leu Pro Leu Lys Asp Asp Asp Ser Leu Met Ser Cys Pro Pro
            420                 425                 430

ttt tca gtg cca aac tac atg agc cct aca gtt tca gcc aaa gcc aaa      1344
Phe Ser Val Pro Asn Tyr Met Ser Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys
        435                 440                 445

gaa aga gct aat agc aat ccc aag gag agg ttt cca ggg acc cca acc      1392
Glu Arg Ala Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Phe Pro Gly Thr Pro Thr
    450                 455                 460

agt gaa aag agg aga ctg tca ttc cct ctt aca cag ggc att ggg tct      1440
Ser Glu Lys Arg Arg Leu Ser Phe Pro Leu Thr Gln Gly Ile Gly Ser
465                 470                 475                 480

ttc aag tgg aac aaa ggc tcc ttc act agc aag gat tca agt tct caa      1488
Phe Lys Trp Asn Lys Gly Ser Phe Thr Ser Lys Asp Ser Ser Ser Gln
                485                 490                 495

agg ggt tta gat agg cat cag tca ctt caa tcc ata gga aac ttg agt      1536
Arg Gly Leu Asp Arg His Gln Ser Leu Gln Ser Ile Gly Asn Leu Ser
            500                 505                 510

gtg gat tca acc gtc tcg atg cct gcc acg cga aag cca ttt aac cga      1584
Val Asp Ser Thr Val Ser Met Pro Ala Thr Arg Lys Pro Phe Asn Arg
        515                 520                 525

ttc gtg tga                                                         1593
Phe Val
    530
```

<210> 78
<211> 530
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 78

Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Ser
1 5 10 15

Pro His Ser Lys Asp Lys Leu Ala Ser Glu Ser Asp Lys Arg Ser Thr
20 25 30

Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Leu Gly Lys Leu Arg His Gly Glu Thr
35 40 45

Thr Ser Phe Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
50 55 60

Leu Asp Glu Ala Glu Arg Glu Asn Lys Leu Ile Phe Arg Pro Pro Thr
65 70 75 80

Pro Pro Glu Glu Leu Thr Thr Pro Pro Phe Val Pro Pro Arg Ala Asp
85 90 95

Ser Pro Arg Val Ala Ser Gln Arg Val Thr Ser Pro Arg Ala Ala Thr
100 105 110

Pro Arg Val Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro
115 120 125

Arg Ala Ala Ser Pro Arg Asn Ala Gln Arg His Lys Glu Ile Tyr Tyr
130 135 140

Arg Pro Glu Pro Thr Leu Arg Asn His His Ala Ser Ala Thr Lys Ile
145 150 155 160

Gln Ala Ala Tyr Arg Gly Tyr Val Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu
165 170 175

Lys Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly Gln Asn Val Lys
180 185 190

Arg Gln Thr Met Asn Ala Met Lys His Met Gln Leu Leu Val Arg Val
195 200 205

Gln Ser Gln Ile Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Ala
210 215 220

Arg Arg Gln Ala Gln Asn Arg Asn Asp Lys Glu Val Asp Ser Thr Leu
225 230 235 240

Gly Lys Trp Gly Gln Leu Ser Glu Ala Gly Asn Asn Glu Asp Trp Asp
245 250 255

Asp Ser Val Leu Thr Lys Glu Glu Ile Asp Ala Arg Leu Gln Lys Arg
260 265 270

Val Glu Ala Val Val Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ala Tyr Ser
275 280 285

His Gln Leu Trp Lys Ala Thr Pro Lys Ser Ala Gln Ser Ala Leu Met
290 295 300

Asp Ile Arg Ser Asn Gly Phe Pro Trp Trp Trp Asn Trp Leu Glu Arg
305 310 315 320

Gln Leu Pro Pro Thr Asn Pro Pro Glu Ser Gln Ala Leu Arg Asn Phe
325 330 335

Gln Leu Thr Pro Pro Arg Pro Arg Ser Asp Met Lys Ala Ser Pro Arg
340 345 350

Pro Pro Ser Arg Ser His Lys Gln Gln His Phe Gly Phe Asp Asn Met
355 360 365

Asp Thr Pro Thr Pro Arg Ser Ser Lys Ser Thr Val Phe Val Pro Thr
370 375 380

Arg Gln Ala Arg Thr Pro Leu His Arg Thr Pro Gln Ala Asn Ser Pro
385 390 395 400

Ser Leu Ser Lys Tyr Ser Met Ala Arg Ala Ser Ala Ala Asn Ser Pro
405 410 415

Phe Asn Leu Pro Leu Lys Asp Asp Asp Ser Leu Met Ser Cys Pro Pro
420 425 430

Phe Ser Val Pro Asn Tyr Met Ser Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys
435 440 445

Glu Arg Ala Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Phe Pro Gly Thr Pro Thr
450 455 460

Ser Glu Lys Arg Arg Leu Ser Phe Pro Leu Thr Gln Gly Ile Gly Ser
465 470 475 480

Phe Lys Trp Asn Lys Gly Ser Phe Thr Ser Lys Asp Ser Ser Ser Gln
485 490 495

Arg Gly Leu Asp Arg His Gln Ser Leu Gln Ser Ile Gly Asn Leu Ser
500 505 510

Val Asp Ser Thr Val Ser Met Pro Ala Thr Arg Lys Pro Phe Asn Arg
515 520 525

Phe Val
530

<210> 79
<211> 1596
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1596)
<223> Gen (Eucgr.H00308), mã hóa motip gắn kết calmodulin IQ

<400> 79

```
atg gga aag aaa ggt agc tgg ttt tct gca atc aaa agg gtc ttc aca      48
Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Thr
1               5                  10                  15

ccc cac tca aag gag aaa cta gtc aat gaa tca gag aag aaa tct tca      96
Pro His Ser Lys Glu Lys Leu Val Asn Glu Ser Glu Lys Lys Ser Ser
            20                  25                  30

aag aag gac aag aaa aag ggg caa gcg aag cag aga cat gga gag aca     144
Lys Lys Asp Lys Lys Lys Gly Gln Ala Lys Gln Arg His Gly Glu Thr
        35                  40                  45

aat tca ttc att ccg ttc ttc aga gag ccg agc agc atc gag aag atc     192
Asn Ser Phe Ile Pro Phe Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
    50                  55                  60

ctg gga gat gcc gag aga gag cac aaa atc gtt tat aga cct gcc acg     240
Leu Gly Asp Ala Glu Arg Glu His Lys Ile Val Tyr Arg Pro Ala Thr
65                  70                  75                  80

ccc cct ctt cct gag caa cca cgg aca tct tca gct tat gtg gct cct     288
Pro Pro Leu Pro Glu Gln Pro Arg Thr Ser Ser Ala Tyr Val Ala Pro
                85                  90                  95

cga gtg gct tct cct cgg gct cct tct cca aag gtt gct tca cct aaa     336
Arg Val Ala Ser Pro Arg Ala Pro Ser Pro Lys Val Ala Ser Pro Lys
            100                 105                 110

gct gca tct ccg agg gct gct tct cct aga gtt gct act cca aaa cca     384
Ala Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Thr Pro Lys Pro
        115                 120                 125

gct tct ccc agg att cat cag aga gaa att att agg caa cgg cca gaa     432
```

```
Ala Ser Pro Arg Ile His Gln Arg Glu Ile Ile Arg Gln Arg Pro Glu
    130                 135                 140

ccg act ttg cag aat cac caa gct tca gct acc aag att caa tca gca                480
Pro Thr Leu Gln Asn His Gln Ala Ser Ala Thr Lys Ile Gln Ser Ala
145                 150                 155                 160

ttt aga ggc tac atg gca agg agg agc ttc aga gca ctt aga ggt tta                528
Phe Arg Gly Tyr Met Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu Arg Gly Leu
                165                 170                 175

gtg agg ctt caa gga gtt gta aga ggg caa aat gtg aag cgc cag acg                576
Val Arg Leu Gln Gly Val Val Arg Gly Gln Asn Val Lys Arg Gln Thr
            180                 185                 190

gcg aat gcc ttg aag tac atg cag ctt ctt gtg cga gtt cag tca cag                624
Ala Asn Ala Leu Lys Tyr Met Gln Leu Leu Val Arg Val Gln Ser Gln
        195                 200                 205

att caa tca cgg aga att cag atg cta gag aac caa cta cgt cat cag                672
Ile Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Leu Arg His Gln
    210                 215                 220

gct cag tac agg aat gac aag gaa gtg gat agc caa ttc ggc aaa tgg                720
Ala Gln Tyr Arg Asn Asp Lys Glu Val Asp Ser Gln Phe Gly Lys Trp
225                 230                 235                 240

agc caa gcc tct gaa gca ggt aat cac gat gac tgg gac gat agc ttg                768
Ser Gln Ala Ser Glu Ala Gly Asn His Asp Asp Trp Asp Asp Ser Leu
                245                 250                 255

ctt acg aaa gag gaa att gag gcg agg ttg cac aga aag gtg gag gcg                816
Leu Thr Lys Glu Glu Ile Glu Ala Arg Leu His Arg Lys Val Glu Ala
            260                 265                 270

ctt atc aaa aga gag aga gca atg gct tat gca tat tct cat cag cta                864
Leu Ile Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ala Tyr Ser His Gln Leu
        275                 280                 285

tgg aag agc act cct aaa tca gcc cat atg gcc tcc atg tcc atc cca                912
Trp Lys Ser Thr Pro Lys Ser Ala His Met Ala Ser Met Ser Ile Pro
    290                 295                 300

aca ggg cga ttc cct tgg tgg tgg agt tgg ttg gac cgt cag tta cca                960
Thr Gly Arg Phe Pro Trp Trp Trp Ser Trp Leu Asp Arg Gln Leu Pro
305                 310                 315                 320
```

```
tct tca aat cct gta gaa agc caa cct ctg aac ttt caa ctc aca ccc      1008
Ser Ser Asn Pro Val Glu Ser Gln Pro Leu Asn Phe Gln Leu Thr Pro
                325                 330                 335

ccc agg cca aac acc gac ctg aag ccg agc cca tgg acc cca cca agc      1056
Pro Arg Pro Asn Thr Asp Leu Lys Pro Ser Pro Trp Thr Pro Pro Ser
            340                 345                 350

agc aac aaa atg cag ctt ttc ggt ctt gac agc atc gaa acg cca aaa      1104
Ser Asn Lys Met Gln Leu Phe Gly Leu Asp Ser Ile Glu Thr Pro Lys
        355                 360                 365

tca tcg agg tcc gtg gtt gta atg cca tca aaa caa gtc cgg acc cca      1152
Ser Ser Arg Ser Val Val Val Met Pro Ser Lys Gln Val Arg Thr Pro
    370                 375                 380

cct tca agt cga ata cct gtg ggt ggc agt tca act gca tca aag ttt      1200
Pro Ser Ser Arg Ile Pro Val Gly Gly Ser Ser Thr Ala Ser Lys Phe
385                 390                 395                 400

tcg aga tca agg gtc aat gga gcc gaa tct cca ttc gat ctg cca tca      1248
Ser Arg Ser Arg Val Asn Gly Ala Glu Ser Pro Phe Asp Leu Pro Ser
                405                 410                 415

aag gat gat gac agt ctc acc agc tgc cct cca ttt tcc gtt ccc agt      1296
Lys Asp Asp Asp Ser Leu Thr Ser Cys Pro Pro Phe Ser Val Pro Ser
            420                 425                 430

tat atg gct ccc acg gtt tcg gcc aag gcc aaa gtc aga ggc ggg agt      1344
Tyr Met Ala Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys Val Arg Gly Gly Ser
        435                 440                 445

aat cct aga gag agg ttc cct gtg act cca ggc agc gat tca aac agg      1392
Asn Pro Arg Glu Arg Phe Pro Val Thr Pro Gly Ser Asp Ser Asn Arg
    450                 455                 460

cgt atc tcg ttc ccc ctt gca caa ggc att ggg tct ttc aag tgg aac      1440
Arg Ile Ser Phe Pro Leu Ala Gln Gly Ile Gly Ser Phe Lys Trp Asn
465                 470                 475                 480

aaa ggc tct ttg ttc tct gga aag gac tct ggc tct caa agg gta ttg      1488
Lys Gly Ser Leu Phe Ser Gly Lys Asp Ser Gly Ser Gln Arg Val Leu
                485                 490                 495

gac aag cac cag cca ttg cat tcg atc ggg aat gtg agc gtg gac tca      1536
Asp Lys His Gln Pro Leu His Ser Ile Gly Asn Val Ser Val Asp Ser
            500                 505                 510
```

acc gtc tct ttg cct gca gga gtt ggt act gga agg aag cca ttt aac 1584
Thr Val Ser Leu Pro Ala Gly Val Gly Thr Gly Arg Lys Pro Phe Asn
515 520 525

aga ttt gtg tga 1596
Arg Phe Val
530

<210> 80
<211> 531
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 80

Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Thr
1 5 10 15

Pro His Ser Lys Glu Lys Leu Val Asn Glu Ser Glu Lys Lys Ser Ser
20 25 30

Lys Lys Asp Lys Lys Lys Gly Gln Ala Lys Gln Arg His Gly Glu Thr
35 40 45

Asn Ser Phe Ile Pro Phe Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Ile
50 55 60

Leu Gly Asp Ala Glu Arg Glu His Lys Ile Val Tyr Arg Pro Ala Thr
65 70 75 80

Pro Pro Leu Pro Glu Gln Pro Arg Thr Ser Ser Ala Tyr Val Ala Pro
85 90 95

Arg Val Ala Ser Pro Arg Ala Pro Ser Pro Lys Val Ala Ser Pro Lys
100 105 110

Ala Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Ala Thr Pro Lys Pro
115 120 125

Ala Ser Pro Arg Ile His Gln Arg Glu Ile Ile Arg Gln Arg Pro Glu
130 135 140

Pro Thr Leu Gln Asn His Gln Ala Ser Ala Thr Lys Ile Gln Ser Ala
145 150 155 160

Phe Arg Gly Tyr Met Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu Arg Gly Leu
165 170 175

Val Arg Leu Gln Gly Val Val Arg Gly Gln Asn Val Lys Arg Gln Thr
180 185 190

Ala Asn Ala Leu Lys Tyr Met Gln Leu Leu Val Arg Val Gln Ser Gln
195 200 205

Ile Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Gln Leu Arg His Gln
210 215 220

Ala Gln Tyr Arg Asn Asp Lys Glu Val Asp Ser Gln Phe Gly Lys Trp
225 230 235 240

Ser Gln Ala Ser Glu Ala Gly Asn His Asp Asp Trp Asp Asp Ser Leu
245 250 255

Leu Thr Lys Glu Glu Ile Glu Ala Arg Leu His Arg Lys Val Glu Ala
260 265 270

Leu Ile Lys Arg Glu Arg Ala Met Ala Tyr Ala Tyr Ser His Gln Leu
275 280 285

Trp Lys Ser Thr Pro Lys Ser Ala His Met Ala Ser Met Ser Ile Pro
290 295 300

Thr Gly Arg Phe Pro Trp Trp Trp Ser Trp Leu Asp Arg Gln Leu Pro

305 310 315 320

Ser Ser Asn Pro Val Glu Ser Gln Pro Leu Asn Phe Gln Leu Thr Pro
325 330 335

Pro Arg Pro Asn Thr Asp Leu Lys Pro Ser Pro Trp Thr Pro Pro Ser
340 345 350

Ser Asn Lys Met Gln Leu Phe Gly Leu Asp Ser Ile Glu Thr Pro Lys
355 360 365

Ser Ser Arg Ser Val Val Val Met Pro Ser Lys Gln Val Arg Thr Pro
370 375 380

Pro Ser Ser Arg Ile Pro Val Gly Gly Ser Ser Thr Ala Ser Lys Phe
385 390 395 400

Ser Arg Ser Arg Val Asn Gly Ala Glu Ser Pro Phe Asp Leu Pro Ser
405 410 415

Lys Asp Asp Asp Ser Leu Thr Ser Cys Pro Pro Phe Ser Val Pro Ser
420 425 430

Tyr Met Ala Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys Val Arg Gly Gly Ser
435 440 445

Asn Pro Arg Glu Arg Phe Pro Val Thr Pro Gly Ser Asp Ser Asn Arg
450 455 460

Arg Ile Ser Phe Pro Leu Ala Gln Gly Ile Gly Ser Phe Lys Trp Asn
465 470 475 480

Lys Gly Ser Leu Phe Ser Gly Lys Asp Ser Gly Ser Gln Arg Val Leu
485 490 495

Asp Lys His Gln Pro Leu His Ser Ile Gly Asn Val Ser Val Asp Ser
500 505 510

Thr Val Ser Leu Pro Ala Gly Val Gly Thr Gly Arg Lys Pro Phe Asn
515 520 525

Arg Phe Val
530

<210> 81
<211> 1686
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1686)
<223> Gen (Eucgr.L00007), mã hóa motip gắn kết calmodulin IQ

<400> 81
atg ggg aag aga ggg agt tgg ttt gct gct atc aaa agg att ttc gta 48
Met Gly Lys Arg Gly Ser Trp Phe Ala Ala Ile Lys Arg Ile Phe Val
1 5 10 15

acc aat tcc aag gag aaa cca acc aat gac aca aag gta aaa gaa tcg 96
Thr Asn Ser Lys Glu Lys Pro Thr Asn Asp Thr Lys Val Lys Glu Ser
20 25 30

aaa gga aag aag aaa aag gag ccg aga caa ctg aag tat gga gag agg 144
Lys Gly Lys Lys Lys Lys Glu Pro Arg Gln Leu Lys Tyr Gly Glu Arg
35 40 45

aag tca ttc aag att ccg ctc ttc aga gag cct agc agc atc gag gag 192
Lys Ser Phe Lys Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Glu
50 55 60

ata ctg gga gaa gcc gaa aga ggg cac gat att cta ttt cag cct ccc 240
Ile Leu Gly Glu Ala Glu Arg Gly His Asp Ile Leu Phe Gln Pro Pro
65 70 75 80

acg cct cca gag caa ctg caa acg cag ttg att gtg cct cct cga gta 288
Thr Pro Pro Glu Gln Leu Gln Thr Gln Leu Ile Val Pro Pro Arg Val
85 90 95

```
gct tca aca agc aat ccg tct caa agg gct gct tct cct aga gtt gtt                336
Ala Ser Thr Ser Asn Pro Ser Gln Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Val
            100                 105                 110

tct ccg aga gcc act tca cct aga gtt gcc tca cca aag gta gca tca                384
Ser Pro Arg Ala Thr Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro Lys Val Ala Ser
        115                 120                 125

ccg aga gct gct ttg cca aga gtt ggt tcg cct aga tct acc tcc caa                432
Pro Arg Ala Ala Leu Pro Arg Val Gly Ser Pro Arg Ser Thr Ser Gln
    130                 135                 140

aga gct gct tcg cct cga gct gct tca cca aga cct gca tct ccc agg                480
Arg Ala Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Pro Ala Ser Pro Arg
145                 150                 155                 160

gtt gct tct tcc aga gct act tct tct agg agc ttt aat cat cag aag                528
Val Ala Ser Ser Arg Ala Thr Ser Ser Arg Ser Phe Asn His Gln Lys
                165                 170                 175

gaa gtc att gtc caa cca gaa ctg agc ata cct gtc cag ctt gct tca                576
Glu Val Ile Val Gln Pro Glu Leu Ser Ile Pro Val Gln Leu Ala Ser
            180                 185                 190

gct att aag att caa gct gcc ttc aga ggg tat atg gca aga aaa agc                624
Ala Ile Lys Ile Gln Ala Ala Phe Arg Gly Tyr Met Ala Arg Lys Ser
        195                 200                 205

ttc aga gct cta aga ggc ttg gta aga ctt caa gga gtc ata aga ggg                672
Phe Arg Ala Leu Arg Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly
    210                 215                 220

cag act gtc agg cga caa acg atg aat gcc tca aag caa atg cat ctt                720
Gln Thr Val Arg Arg Gln Thr Met Asn Ala Ser Lys Gln Met His Leu
225                 230                 235                 240

tgt gtg cga gtt cag tcg cag att cga tct tgg agg att cag agg tta                768
Cys Val Arg Val Gln Ser Gln Ile Arg Ser Trp Arg Ile Gln Arg Leu
                245                 250                 255

gaa aac caa gca cgg aat caa gct cag tac aag aac gac aag gaa gtg                816
Glu Asn Gln Ala Arg Asn Gln Ala Gln Tyr Lys Asn Asp Lys Glu Val
            260                 265                 270

gaa agc acc tgt ggc aaa tgg agc cta gcg tct gag gca ggt aac aga                864
Glu Ser Thr Cys Gly Lys Trp Ser Leu Ala Ser Glu Ala Gly Asn Arg
```

```
                275                 280                 285

gag ggc tgg gac gag acc gtg cac aca aag gag gaa aga gag gtg agg      912
Glu Gly Trp Asp Glu Thr Val His Thr Lys Glu Glu Arg Glu Val Arg
    290                 295                 300

ctt caa agg aag gcg gag gca gcc atc aag aga gag aga gca agg gct      960
Leu Gln Arg Lys Ala Glu Ala Ala Ile Lys Arg Glu Arg Ala Arg Ala
305                 310                 315                 320

tac gcg tac tct cgt cag tta tcg aga gct aat tct aga atg gct caa     1008
Tyr Ala Tyr Ser Arg Gln Leu Ser Arg Ala Asn Ser Arg Met Ala Gln
                325                 330                 335

aca tct ccg gca gac atc caa tca ggc gta ttt cct tgg tgg tgg aac     1056
Thr Ser Pro Ala Asp Ile Gln Ser Gly Val Phe Pro Trp Trp Trp Asn
            340                 345                 350

tgg ata gaa cga caa ctt ccc ttg tcc aat ccg gct gaa aac caa tcc     1104
Trp Ile Glu Arg Gln Leu Pro Leu Ser Asn Pro Ala Glu Asn Gln Ser
        355                 360                 365

gtg aag agt ttc cgc ctc aca cca ccg agg cga aac tct gag cca aag     1152
Val Lys Ser Phe Arg Leu Thr Pro Pro Arg Arg Asn Ser Glu Pro Lys
    370                 375                 380

ccg agt cca agg ata ctc tct agc aac cac aag ctt cag aca cct gat     1200
Pro Ser Pro Arg Ile Leu Ser Ser Asn His Lys Leu Gln Thr Pro Asp
385                 390                 395                 400

aat ttt gac gcc acc aca cca aga tca tcg aga tcg atg atg gtt tgg     1248
Asn Phe Asp Ala Thr Thr Pro Arg Ser Ser Arg Ser Met Met Val Trp
                405                 410                 415

tcg tca aag caa gga cgg gcg acg cca acg gga aca cca agg acc agc     1296
Ser Ser Lys Gln Gly Arg Ala Thr Pro Thr Gly Thr Pro Arg Thr Ser
            420                 425                 430

agt cca agc ata agc aag tat tcg atg cca aga gct agc gaa ccc gta     1344
Ser Pro Ser Ile Ser Lys Tyr Ser Met Pro Arg Ala Ser Glu Pro Val
        435                 440                 445

tct ccc ttt ggt ttg ccg atg agg gat gac gaa agc ctc act agt tgc     1392
Ser Pro Phe Gly Leu Pro Met Arg Asp Asp Glu Ser Leu Thr Ser Cys
    450                 455                 460

ccg cca ttt ttg gtc cca aac tac atg act cca acc gtc tct gcc aga     1440
```

Pro Pro Phe Leu Val Pro Asn Tyr Met Thr Pro Thr Val Ser Ala Arg
465 470 475 480

gca aaa gca aga gct aac agc aat cct aaa gaa agg cgt ccg ggc act 1488
Ala Lys Ala Arg Ala Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Arg Pro Gly Thr
485 490 495

cct agc agc gaa tct agc agg cgt ctc tcg tac cct ttt aca cga gga 1536
Pro Ser Ser Glu Ser Ser Arg Arg Leu Ser Tyr Pro Phe Thr Arg Gly
500 505 510

atc gga tca gca ttt gct tgg aac aaa ggc tcc ggc tct caa aac gcc 1584
Ile Gly Ser Ala Phe Ala Trp Asn Lys Gly Ser Gly Ser Gln Asn Ala
515 520 525

tca aat aat gat cag cac gac cgg cag tcc atc ggg aac atg agc gtc 1632
Ser Asn Asn Asp Gln His Asp Arg Gln Ser Ile Gly Asn Met Ser Val
530 535 540

ggt tcg acc gcg tct tcc atg gtt ggg agg aag cca ttt aac aga ttc 1680
Gly Ser Thr Ala Ser Ser Met Val Gly Arg Lys Pro Phe Asn Arg Phe
545 550 555 560

gtg tga 1686
Val

<210> 82
<211> 561
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 82

Met Gly Lys Arg Gly Ser Trp Phe Ala Ala Ile Lys Arg Ile Phe Val
1 5 10 15

Thr Asn Ser Lys Glu Lys Pro Thr Asn Asp Thr Lys Val Lys Glu Ser
20 25 30

Lys Gly Lys Lys Lys Lys Glu Pro Arg Gln Leu Lys Tyr Gly Glu Arg
35 40 45

Lys Ser Phe Lys Ile Pro Leu Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Glu
50 55 60

Ile Leu Gly Glu Ala Glu Arg Gly His Asp Ile Leu Phe Gln Pro Pro
65 70 75 80

Thr Pro Pro Glu Gln Leu Gln Thr Gln Leu Ile Val Pro Pro Arg Val
85 90 95

Ala Ser Thr Ser Asn Pro Ser Gln Arg Ala Ala Ser Pro Arg Val Val
100 105 110

Ser Pro Arg Ala Thr Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro Lys Val Ala Ser
115 120 125

Pro Arg Ala Ala Leu Pro Arg Val Gly Ser Pro Arg Ser Thr Ser Gln
130 135 140

Arg Ala Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Pro Arg Pro Ala Ser Pro Arg
145 150 155 160

Val Ala Ser Ser Arg Ala Thr Ser Ser Arg Ser Phe Asn His Gln Lys
165 170 175

Glu Val Ile Val Gln Pro Glu Leu Ser Ile Pro Val Gln Leu Ala Ser
180 185 190

Ala Ile Lys Ile Gln Ala Ala Phe Arg Gly Tyr Met Ala Arg Lys Ser
195 200 205

Phe Arg Ala Leu Arg Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Ile Arg Gly
210 215 220

Gln Thr Val Arg Arg Gln Thr Met Asn Ala Ser Lys Gln Met His Leu
225 230 235 240

Cys Val Arg Val Gln Ser Gln Ile Arg Ser Trp Arg Ile Gln Arg Leu
245 250 255

Glu Asn Gln Ala Arg Asn Gln Ala Gln Tyr Lys Asn Asp Lys Glu Val
260 265 270

Glu Ser Thr Cys Gly Lys Trp Ser Leu Ala Ser Glu Ala Gly Asn Arg
275 280 285

Glu Gly Trp Asp Glu Thr Val His Thr Lys Glu Glu Arg Glu Val Arg
290 295 300

Leu Gln Arg Lys Ala Glu Ala Ala Ile Lys Arg Glu Arg Ala Arg Ala
305 310 315 320

Tyr Ala Tyr Ser Arg Gln Leu Ser Arg Ala Asn Ser Arg Met Ala Gln
325 330 335

Thr Ser Pro Ala Asp Ile Gln Ser Gly Val Phe Pro Trp Trp Trp Asn
340 345 350

Trp Ile Glu Arg Gln Leu Pro Leu Ser Asn Pro Ala Glu Asn Gln Ser
355 360 365

Val Lys Ser Phe Arg Leu Thr Pro Pro Arg Arg Asn Ser Glu Pro Lys
370 375 380

Pro Ser Pro Arg Ile Leu Ser Ser Asn His Lys Leu Gln Thr Pro Asp
385 390 395 400

Asn Phe Asp Ala Thr Thr Pro Arg Ser Ser Arg Ser Met Met Val Trp
405 410 415

Ser Ser Lys Gln Gly Arg Ala Thr Pro Thr Gly Thr Pro Arg Thr Ser
420 425 430

Ser Pro Ser Ile Ser Lys Tyr Ser Met Pro Arg Ala Ser Glu Pro Val
435 440 445

Ser Pro Phe Gly Leu Pro Met Arg Asp Asp Glu Ser Leu Thr Ser Cys
450 455 460

Pro Pro Phe Leu Val Pro Asn Tyr Met Thr Pro Thr Val Ser Ala Arg
465 470 475 480

Ala Lys Ala Arg Ala Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Arg Pro Gly Thr
485 490 495

Pro Ser Ser Glu Ser Ser Arg Arg Leu Ser Tyr Pro Phe Thr Arg Gly
500 505 510

Ile Gly Ser Ala Phe Ala Trp Asn Lys Gly Ser Gly Ser Gln Asn Ala
515 520 525

Ser Asn Asn Asp Gln His Asp Arg Gln Ser Ile Gly Asn Met Ser Val
530 535 540

Gly Ser Thr Ala Ser Ser Met Val Gly Arg Lys Pro Phe Asn Arg Phe
545 550 555 560

Val

<210> 83
<211> 1554
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1554)

<223> Gen (AT3G59690), mã hóa motip gắn kết calmodulin IQ

<400> 83

```
atg ggg aag aaa gga agt tgg ttt tct gca atc aaa agg gtg ttc aca      48
Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Thr
1               5                  10                  15

cca cat tcc aaa gag aag cag cta agc aac aac aac caa gaa cca gag      96
Pro His Ser Lys Glu Lys Gln Leu Ser Asn Asn Asn Gln Glu Pro Glu
            20                  25                  30

ata aag agt gaa aac aaa gaa aag aag aag aaa ggt ttt gga aag aaa     144
Ile Lys Ser Glu Asn Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Phe Gly Lys Lys
        35                  40                  45

cta agg aat gga gaa acc aat tca ttt ctt ccc att ttt aga cag cct     192
Leu Arg Asn Gly Glu Thr Asn Ser Phe Leu Pro Ile Phe Arg Gln Pro
    50                  55                  60

agt agt atc gaa aag atc ttg tct gaa gcc gaa cga gag cat aac ctt     240
Ser Ser Ile Glu Lys Ile Leu Ser Glu Ala Glu Arg Glu His Asn Leu
65                  70                  75                  80

gtc ttt agg cca cca act ccc act gat cga gca aat tca tca tca acc     288
Val Phe Arg Pro Pro Thr Pro Thr Asp Arg Ala Asn Ser Ser Ser Thr
                85                  90                  95

tct gtt gca tct cct ctt gtt agg cct gct tct cct aaa gtg cct tct     336
Ser Val Ala Ser Pro Leu Val Arg Pro Ala Ser Pro Lys Val Pro Ser
            100                 105                 110

caa aga tat gtc tct tct cca aaa ccc att tcc cca aga gtt gct tac     384
Gln Arg Tyr Val Ser Ser Pro Lys Pro Ile Ser Pro Arg Val Ala Tyr
        115                 120                 125

cct caa gtc cat tat ccg aag ccc cct tct cca aag ccg cct tct cca     432
Pro Gln Val His Tyr Pro Lys Pro Pro Ser Pro Lys Pro Pro Ser Pro
    130                 135                 140

aga gcg gtt tcg cct agg att gtg cag cga cgt gag ttt gtg cat aga     480
Arg Ala Val Ser Pro Arg Ile Val Gln Arg Arg Glu Phe Val His Arg
145                 150                 155                 160

cca gag cca agt cta ttg gtc aaa aat gct tat gca att aag att caa     528
Pro Glu Pro Ser Leu Leu Val Lys Asn Ala Tyr Ala Ile Lys Ile Gln
                165                 170                 175
```

```
gca gct ttt aga ggt tac atg gca agg agg agt ttc aga gct ttg aaa                576
Ala Ala Phe Arg Gly Tyr Met Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu Lys
            180                 185                 190

ggt cta gtc agg ctt caa gga gtg gta aga gga cac agc gtg aag cgt                624
Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Val Arg Gly His Ser Val Lys Arg
        195                 200                 205

caa acg atg aat gct atg aag tat atg cag ctt tta gtc cga gtc caa                672
Gln Thr Met Asn Ala Met Lys Tyr Met Gln Leu Leu Val Arg Val Gln
    210                 215                 220

aca caa gtc cag tca cgt cgc atc caa atg ctc gaa aac cga gct agg                720
Thr Gln Val Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Arg Ala Arg
225                 230                 235                 240

aac gat aaa gat gac acg aaa tta gtc tct agt cgt atg tct gac gat                768
Asn Asp Lys Asp Asp Thr Lys Leu Val Ser Ser Arg Met Ser Asp Asp
                245                 250                 255

tgg gac gat agc gtg ctg aca aaa gaa gaa aaa gat gtg agg ctt cat                816
Trp Asp Asp Ser Val Leu Thr Lys Glu Glu Lys Asp Val Arg Leu His
            260                 265                 270

agg aag att gat gca atg atc aaa aga gaa cgg tcc atg gcc tat gct                864
Arg Lys Ile Asp Ala Met Ile Lys Arg Glu Arg Ser Met Ala Tyr Ala
        275                 280                 285

tat tct cac cag tta tgg aaa aac agt cca aag tct gct cag gac att                912
Tyr Ser His Gln Leu Trp Lys Asn Ser Pro Lys Ser Ala Gln Asp Ile
    290                 295                 300

aga aca agt ggg ttc cca ctt tgg tgg aac tgg gtg gac cgg cag aag                960
Arg Thr Ser Gly Phe Pro Leu Trp Trp Asn Trp Val Asp Arg Gln Lys
305                 310                 315                 320

aat caa aac caa ccg ttc agg cta aca cca aca cga ccg agc ctg agc               1008
Asn Gln Asn Gln Pro Phe Arg Leu Thr Pro Thr Arg Pro Ser Leu Ser
                325                 330                 335

cct cag cct caa tct agc aac caa aac cat ttc agg ctc aac aac agt               1056
Pro Gln Pro Gln Ser Ser Asn Gln Asn His Phe Arg Leu Asn Asn Ser
            340                 345                 350

ttc gac acg tca aca ccc aat tca tca aaa tcc aca ttc gtt act cca               1104
Phe Asp Thr Ser Thr Pro Asn Ser Ser Lys Ser Thr Phe Val Thr Pro
        355                 360                 365
```

```
tct aga ccc att cat act ccg caa cca tac agt agc agc gtc tca aga      1152
Ser Arg Pro Ile His Thr Pro Gln Pro Tyr Ser Ser Ser Val Ser Arg
    370                 375                 380

tac tca cga gga gga gga cga gct aca caa gat tct cct ttt aaa gat      1200
Tyr Ser Arg Gly Gly Gly Arg Ala Thr Gln Asp Ser Pro Phe Lys Asp
385                 390                 395                 400

gat gat agc ctc aca agc tgt cct cca ttc tca gct cca agc tac atg      1248
Asp Asp Ser Leu Thr Ser Cys Pro Pro Phe Ser Ala Pro Ser Tyr Met
                405                 410                 415

gct cca aca gtc tca gct aaa gca aaa cta aga gca aac agc aat cca      1296
Ala Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys Leu Arg Ala Asn Ser Asn Pro
            420                 425                 430

aag gag aga atg gac cgt aca ccg gtc agc aca aac gag aag aga cga      1344
Lys Glu Arg Met Asp Arg Thr Pro Val Ser Thr Asn Glu Lys Arg Arg
        435                 440                 445

agt tcg ttc cct ctt ggt tcg ttc aaa tgg aac aaa ggg tca ttg ttc      1392
Ser Ser Phe Pro Leu Gly Ser Phe Lys Trp Asn Lys Gly Ser Leu Phe
    450                 455                 460

atg agc aac aac agt aac aac aag ggt cca ggt tct tct tct tct ggt      1440
Met Ser Asn Asn Ser Asn Asn Lys Gly Pro Gly Ser Ser Ser Ser Gly
465                 470                 475                 480

gct gtg gtg ctt gag aag cac aaa acc ctc aaa tcc gtt gga aat ttg      1488
Ala Val Val Leu Glu Lys His Lys Thr Leu Lys Ser Val Gly Asn Leu
                485                 490                 495

agt att gat tct act gtt tcg atg cct gca aca att ggg agg agg gct      1536
Ser Ile Asp Ser Thr Val Ser Met Pro Ala Thr Ile Gly Arg Arg Ala
            500                 505                 510

ttt aac aga ttt gcg tga                                             1554
Phe Asn Arg Phe Ala
        515
```

<210> 84
<211> 517
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 84

Met Gly Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Thr
1 5 10 15

Pro His Ser Lys Glu Lys Gln Leu Ser Asn Asn Asn Gln Glu Pro Glu
20 25 30

Ile Lys Ser Glu Asn Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Phe Gly Lys Lys
35 40 45

Leu Arg Asn Gly Glu Thr Asn Ser Phe Leu Pro Ile Phe Arg Gln Pro
50 55 60

Ser Ser Ile Glu Lys Ile Leu Ser Glu Ala Glu Arg Glu His Asn Leu
65 70 75 80

Val Phe Arg Pro Pro Thr Pro Thr Asp Arg Ala Asn Ser Ser Ser Thr
85 90 95

Ser Val Ala Ser Pro Leu Val Arg Pro Ala Ser Pro Lys Val Pro Ser
100 105 110

Gln Arg Tyr Val Ser Ser Pro Lys Pro Ile Ser Pro Arg Val Ala Tyr
115 120 125

Pro Gln Val His Tyr Pro Lys Pro Pro Ser Pro Lys Pro Pro Ser Pro
130 135 140

Arg Ala Val Ser Pro Arg Ile Val Gln Arg Arg Glu Phe Val His Arg
145 150 155 160

Pro Glu Pro Ser Leu Leu Val Lys Asn Ala Tyr Ala Ile Lys Ile Gln
165 170 175

Ala Ala Phe Arg Gly Tyr Met Ala Arg Arg Ser Phe Arg Ala Leu Lys

180 185 190

Gly Leu Val Arg Leu Gln Gly Val Val Arg Gly His Ser Val Lys Arg
195 200 205

Gln Thr Met Asn Ala Met Lys Tyr Met Gln Leu Leu Val Arg Val Gln
210 215 220

Thr Gln Val Gln Ser Arg Arg Ile Gln Met Leu Glu Asn Arg Ala Arg
225 230 235 240

Asn Asp Lys Asp Asp Thr Lys Leu Val Ser Ser Arg Met Ser Asp Asp
245 250 255

Trp Asp Asp Ser Val Leu Thr Lys Glu Glu Lys Asp Val Arg Leu His
260 265 270

Arg Lys Ile Asp Ala Met Ile Lys Arg Glu Arg Ser Met Ala Tyr Ala
275 280 285

Tyr Ser His Gln Leu Trp Lys Asn Ser Pro Lys Ser Ala Gln Asp Ile
290 295 300

Arg Thr Ser Gly Phe Pro Leu Trp Trp Asn Trp Val Asp Arg Gln Lys
305 310 315 320

Asn Gln Asn Gln Pro Phe Arg Leu Thr Pro Thr Arg Pro Ser Leu Ser
325 330 335

Pro Gln Pro Gln Ser Ser Asn Gln Asn His Phe Arg Leu Asn Asn Ser
340 345 350

Phe Asp Thr Ser Thr Pro Asn Ser Ser Lys Ser Thr Phe Val Thr Pro
355 360 365

Ser Arg Pro Ile His Thr Pro Gln Pro Tyr Ser Ser Ser Val Ser Arg
370 375 380

Tyr Ser Arg Gly Gly Gly Arg Ala Thr Gln Asp Ser Pro Phe Lys Asp
385 390 395 400

Asp Asp Ser Leu Thr Ser Cys Pro Pro Phe Ser Ala Pro Ser Tyr Met
405 410 415

Ala Pro Thr Val Ser Ala Lys Ala Lys Leu Arg Ala Asn Ser Asn Pro
420 425 430

Lys Glu Arg Met Asp Arg Thr Pro Val Ser Thr Asn Glu Lys Arg Arg
435 440 445

Ser Ser Phe Pro Leu Gly Ser Phe Lys Trp Asn Lys Gly Ser Leu Phe
450 455 460

Met Ser Asn Asn Ser Asn Asn Lys Gly Pro Gly Ser Ser Ser Ser Gly
465 470 475 480

Ala Val Val Leu Glu Lys His Lys Thr Leu Lys Ser Val Gly Asn Leu
485 490 495

Ser Ile Asp Ser Thr Val Ser Met Pro Ala Thr Ile Gly Arg Arg Ala
500 505 510

Phe Asn Arg Phe Ala
515

<210> 85
<211> 2010
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(2010)
<223> Gen (AT2G43680), mã hóa miền IQ 14, màng huyết thanh, gắn kết calmodulin

<400> 85

```
atg gtg aag aaa gga agt tgg ttt tct gct atc aaa agg gtt ttt act      48
Met Val Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Thr
1               5                  10                  15

cca cat tcc aaa gag aag cta gcc aat cag gaa cca gag aga aag agt      96
Pro His Ser Lys Glu Lys Leu Ala Asn Gln Glu Pro Glu Arg Lys Ser
            20                  25                  30

ggc aaa gaa aag aag aag aaa ggt ttt ggg aag cta agg cat ggc gag     144
Gly Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Phe Gly Lys Leu Arg His Gly Glu
        35                  40                  45

acc aat tca ttt ctt ccc atc ttc aga gag cct agt agt atc gaa aag     192
Thr Asn Ser Phe Leu Pro Ile Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys
    50                  55                  60

atc ttg ggc gag gct gag aga gat cac aat ctt gtc ttc agg cct cct     240
Ile Leu Gly Glu Ala Glu Arg Asp His Asn Leu Val Phe Arg Pro Pro
65                  70                  75                  80

act cct gat cga cca aat cca tat tca gcc tct cct cct ccg agg cct     288
Thr Pro Asp Arg Pro Asn Pro Tyr Ser Ala Ser Pro Pro Pro Arg Pro
                85                  90                  95

gct tct cct cgg gtt gct tcc cca aga cca act tct cca aga gtt gcc     336
Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro Arg Pro Thr Ser Pro Arg Val Ala
            100                 105                 110

tca cca cga gtc cct tct cca aga gct gaa gtt cca aga acc ctt tca     384
Ser Pro Arg Val Pro Ser Pro Arg Ala Glu Val Pro Arg Thr Leu Ser
        115                 120                 125

cca aag cct cct tct cca aga gct gaa gtt cca aga tcc ctt tca cca     432
Pro Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ala Glu Val Pro Arg Ser Leu Ser Pro
    130                 135                 140

aag cct cct tct cca aga gct gac ctt cca aga tca ctt tcg cca aag     480
Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ala Asp Leu Pro Arg Ser Leu Ser Pro Lys
145                 150                 155                 160

ccc ttt gat cga tcg aag cca tca tca gcc tct gct aat gcc cct cct     528
```

```
Pro Phe Asp Arg Ser Lys Pro Ser Ser Ala Ser Ala Asn Ala Pro Pro
                165                 170                 175

act ctt agg cct gct tct act cga gtt cct tct cag aga att aca cct      576
Thr Leu Arg Pro Ala Ser Thr Arg Val Pro Ser Gln Arg Ile Thr Pro
            180                 185                 190

cac agt gtt cct tct cca aga cca agt tca cca aga ggt gcc tcc cca      624
His Ser Val Pro Ser Pro Arg Pro Ser Ser Pro Arg Gly Ala Ser Pro
        195                 200                 205

caa gcc atc tct tca aag ccg cct tct cca aga gca gag cca cca aca      672
Gln Ala Ile Ser Ser Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ala Glu Pro Pro Thr
    210                 215                 220

ttg gac act cca aga cct ccc tct cca aga gct gct tct cta aga gca      720
Leu Asp Thr Pro Arg Pro Pro Ser Pro Arg Ala Ala Ser Leu Arg Ala
225                 230                 235                 240

gac cca cca aga ttg gat gct gca cga ccc acc acg cct agg cct cct      768
Asp Pro Pro Arg Leu Asp Ala Ala Arg Pro Thr Thr Pro Arg Pro Pro
                245                 250                 255

tct cca cta gca gac gca cca aga ttg gat gct cca cga ccc act acg      816
Ser Pro Leu Ala Asp Ala Pro Arg Leu Asp Ala Pro Arg Pro Thr Thr
            260                 265                 270

cct aag ccg cct tct cca aga tca gac ccg cca aga ttg gat gct cca      864
Pro Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ser Asp Pro Pro Arg Leu Asp Ala Pro
        275                 280                 285

aga ccc act acg cct aag ccc cct tct cca aga tcg gtt tct cct agg      912
Arg Pro Thr Thr Pro Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ser Val Ser Pro Arg
    290                 295                 300

gct gtg cag cgg cgg gag att gtt tat aga cca gag cca acg ctt ccg      960
Ala Val Gln Arg Arg Glu Ile Val Tyr Arg Pro Glu Pro Thr Leu Pro
305                 310                 315                 320

gtc caa cat gct tct gca aca aag att caa gga gct ttc aga ggt tac     1008
Val Gln His Ala Ser Ala Thr Lys Ile Gln Gly Ala Phe Arg Gly Tyr
                325                 330                 335

atg gca agg aag agt ttc aga gct ctc aaa ggt cta gtc aga ctt caa     1056
Met Ala Arg Lys Ser Phe Arg Ala Leu Lys Gly Leu Val Arg Leu Gln
            340                 345                 350
```

```
ggt gtg gtg aga gga tac agc gtg aag cgg cag acg ata aat gca atg                1104
Gly Val Val Arg Gly Tyr Ser Val Lys Arg Gln Thr Ile Asn Ala Met
        355                 360                 365

aag tac atg cag caa gtg gtc cgt gtt caa tcc caa atc cag tca cgt                1152
Lys Tyr Met Gln Gln Val Val Arg Val Gln Ser Gln Ile Gln Ser Arg
    370                 375                 380

cgc atc aaa atg ttg gaa aac caa gcc cag gta gag aaa gat gaa gcc                1200
Arg Ile Lys Met Leu Glu Asn Gln Ala Gln Val Glu Lys Asp Glu Ala
385                 390                 395                 400

aaa tgg gct gcg tct gaa gct ggt aat gat aat tgg gat gac agt gtg                1248
Lys Trp Ala Ala Ser Glu Ala Gly Asn Asp Asn Trp Asp Asp Ser Val
                405                 410                 415

ctg aca aaa gag gaa agg gat tca aga tca caa aga aag act gac gca                1296
Leu Thr Lys Glu Glu Arg Asp Ser Arg Ser Gln Arg Lys Thr Asp Ala
            420                 425                 430

atc atc aag aga gaa aga tcc atg gcc tat gca tat tct cgc aag ttg                1344
Ile Ile Lys Arg Glu Arg Ser Met Ala Tyr Ala Tyr Ser Arg Lys Leu
        435                 440                 445

tgg aag aac agt cct aag tct act cag gac aat cgt tct ttc cct caa                1392
Trp Lys Asn Ser Pro Lys Ser Thr Gln Asp Asn Arg Ser Phe Pro Gln
    450                 455                 460

tgg tgg aac tgg gtg gac cgg cag aat cct ctt gct agt cct gca ccg                1440
Trp Trp Asn Trp Val Asp Arg Gln Asn Pro Leu Ala Ser Pro Ala Pro
465                 470                 475                 480

agc tat agc caa cca caa aga gat ttc agg cta aca cca tca aga ctg                1488
Ser Tyr Ser Gln Pro Gln Arg Asp Phe Arg Leu Thr Pro Ser Arg Leu
                485                 490                 495

tgc cca agt cct ctg tct cag tca agc aaa caa cac cat atc agg ctt                1536
Cys Pro Ser Pro Leu Ser Gln Ser Ser Lys Gln His His Ile Arg Leu
            500                 505                 510

gac aac cac ttt gac act tca aca ccc aga tcg tca aga tcc act ttt                1584
Asp Asn His Phe Asp Thr Ser Thr Pro Arg Ser Ser Arg Ser Thr Phe
        515                 520                 525

cac act ccc tcc aga ccc atc cac aca ggg aca tca aga tac tca aga                1632
His Thr Pro Ser Arg Pro Ile His Thr Gly Thr Ser Arg Tyr Ser Arg
    530                 535                 540
```

```
gga aga cta aga ggt caa gat tct cct ttc aag gat gat gat agc ctc      1680
Gly Arg Leu Arg Gly Gln Asp Ser Pro Phe Lys Asp Asp Asp Ser Leu
545                 550                 555                 560

aca agc tgc cct cca ttc cct agc tac atg gct cca aca gtc tct gcc      1728
Thr Ser Cys Pro Pro Phe Pro Ser Tyr Met Ala Pro Thr Val Ser Ala
                565                 570                 575

aaa gca aaa gtt aga cca aac agc aat cca aag gag aga gtg atg ggt      1776
Lys Ala Lys Val Arg Pro Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Val Met Gly
            580                 585                 590

aca cca gtc agc gag aag agg aga atg tcg tat ccc ccc acg caa gat      1824
Thr Pro Val Ser Glu Lys Arg Arg Met Ser Tyr Pro Pro Thr Gln Asp
        595                 600                 605

acg ttt aga tgg aac aaa ggg tca ttg gtc atg agc aac agc agc agc      1872
Thr Phe Arg Trp Asn Lys Gly Ser Leu Val Met Ser Asn Ser Ser Ser
    610                 615                 620

cac aga ggt cct ggt tca cct gga ggt gtg gtt ctt gag aag cac aag      1920
His Arg Gly Pro Gly Ser Pro Gly Gly Val Val Leu Glu Lys His Lys
625                 630                 635                 640

aca ctt aaa tca gta gga aat ttg agc att ggt tcc act gcc tcc atg      1968
Thr Leu Lys Ser Val Gly Asn Leu Ser Ile Gly Ser Thr Ala Ser Met
                645                 650                 655

gca aca aca gtt ggg aga aag gaa ttt aac aga ttt gtg tga              2010
Ala Thr Thr Val Gly Arg Lys Glu Phe Asn Arg Phe Val
            660                 665
```

<210> 86
<211> 669
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 86

```
Met Val Lys Lys Gly Ser Trp Phe Ser Ala Ile Lys Arg Val Phe Thr
1               5                   10                  15

Pro His Ser Lys Glu Lys Leu Ala Asn Gln Glu Pro Glu Arg Lys Ser
            20                  25                  30
```

Gly Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Phe Gly Lys Leu Arg His Gly Glu
35 40 45

Thr Asn Ser Phe Leu Pro Ile Phe Arg Glu Pro Ser Ser Ile Glu Lys
50 55 60

Ile Leu Gly Glu Ala Glu Arg Asp His Asn Leu Val Phe Arg Pro Pro
65 70 75 80

Thr Pro Asp Arg Pro Asn Pro Tyr Ser Ala Ser Pro Pro Pro Arg Pro
85 90 95

Ala Ser Pro Arg Val Ala Ser Pro Arg Pro Thr Ser Pro Arg Val Ala
100 105 110

Ser Pro Arg Val Pro Ser Pro Arg Ala Glu Val Pro Arg Thr Leu Ser
115 120 125

Pro Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ala Glu Val Pro Arg Ser Leu Ser Pro
130 135 140

Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ala Asp Leu Pro Arg Ser Leu Ser Pro Lys
145 150 155 160

Pro Phe Asp Arg Ser Lys Pro Ser Ser Ala Ser Ala Asn Ala Pro Pro
165 170 175

Thr Leu Arg Pro Ala Ser Thr Arg Val Pro Ser Gln Arg Ile Thr Pro
180 185 190

His Ser Val Pro Ser Pro Arg Pro Ser Ser Pro Arg Gly Ala Ser Pro
195 200 205

Gln Ala Ile Ser Ser Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ala Glu Pro Pro Thr

210 215 220

Leu Asp Thr Pro Arg Pro Pro Ser Pro Arg Ala Ala Ser Leu Arg Ala
225 230 235 240

Asp Pro Pro Arg Leu Asp Ala Ala Arg Pro Thr Thr Pro Arg Pro Pro
245 250 255

Ser Pro Leu Ala Asp Ala Pro Arg Leu Asp Ala Pro Arg Pro Thr Thr
260 265 270

Pro Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ser Asp Pro Pro Arg Leu Asp Ala Pro
275 280 285

Arg Pro Thr Thr Pro Lys Pro Pro Ser Pro Arg Ser Val Ser Pro Arg
290 295 300

Ala Val Gln Arg Arg Glu Ile Val Tyr Arg Pro Glu Pro Thr Leu Pro
305 310 315 320

Val Gln His Ala Ser Ala Thr Lys Ile Gln Gly Ala Phe Arg Gly Tyr
325 330 335

Met Ala Arg Lys Ser Phe Arg Ala Leu Lys Gly Leu Val Arg Leu Gln
340 345 350

Gly Val Val Arg Gly Tyr Ser Val Lys Arg Gln Thr Ile Asn Ala Met
355 360 365

Lys Tyr Met Gln Gln Val Val Arg Val Gln Ser Gln Ile Gln Ser Arg
370 375 380

Arg Ile Lys Met Leu Glu Asn Gln Ala Gln Val Glu Lys Asp Glu Ala
385 390 395 400

Lys Trp Ala Ala Ser Glu Ala Gly Asn Asp Asn Trp Asp Asp Ser Val
405 410 415

Leu Thr Lys Glu Glu Arg Asp Ser Arg Ser Gln Arg Lys Thr Asp Ala
420 425 430

Ile Ile Lys Arg Glu Arg Ser Met Ala Tyr Ala Tyr Ser Arg Lys Leu
435 440 445

Trp Lys Asn Ser Pro Lys Ser Thr Gln Asp Asn Arg Ser Phe Pro Gln
450 455 460

Trp Trp Asn Trp Val Asp Arg Gln Asn Pro Leu Ala Ser Pro Ala Pro
465 470 475 480

Ser Tyr Ser Gln Pro Gln Arg Asp Phe Arg Leu Thr Pro Ser Arg Leu
485 490 495

Cys Pro Ser Pro Leu Ser Gln Ser Ser Lys Gln His His Ile Arg Leu
500 505 510

Asp Asn His Phe Asp Thr Ser Thr Pro Arg Ser Ser Arg Ser Thr Phe
515 520 525

His Thr Pro Ser Arg Pro Ile His Thr Gly Thr Ser Arg Tyr Ser Arg
530 535 540

Gly Arg Leu Arg Gly Gln Asp Ser Pro Phe Lys Asp Asp Asp Ser Leu
545 550 555 560

Thr Ser Cys Pro Pro Phe Pro Ser Tyr Met Ala Pro Thr Val Ser Ala
565 570 575

Lys Ala Lys Val Arg Pro Asn Ser Asn Pro Lys Glu Arg Val Met Gly
580 585 590

Thr Pro Val Ser Glu Lys Arg Arg Met Ser Tyr Pro Pro Thr Gln Asp
595 600 605

Thr Phe Arg Trp Asn Lys Gly Ser Leu Val Met Ser Asn Ser Ser Ser
610 615 620

His Arg Gly Pro Gly Ser Pro Gly Gly Val Val Leu Glu Lys His Lys
625 630 635 640

Thr Leu Lys Ser Val Gly Asn Leu Ser Ile Gly Ser Thr Ala Ser Met
645 650 655

Ala Thr Thr Val Gly Arg Lys Glu Phe Asn Arg Phe Val
660 665

<210> 87
<211> 1557
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1557)
<223> Gen (STT387), mã hóa shikimat dehydrogenaza

<400> 87
atg ggg cgt gct ggg atc tta gca aat tcc aca atg gtt tgt gct cca 48
Met Gly Arg Ala Gly Ile Leu Ala Asn Ser Thr Met Val Cys Ala Pro
1 5 10 15

ttg atg gct cga tct gtt gag caa atg gtg att gac atg cag agt gca 96
Leu Met Ala Arg Ser Val Glu Gln Met Val Ile Asp Met Gln Ser Ala
20 25 30

gag gca cag ggt gct gat gct gtg gag gtc agg ctg gac tac atc aac 144
Glu Ala Gln Gly Ala Asp Ala Val Glu Val Arg Leu Asp Tyr Ile Asn
35 40 45

agc ttc cag cct agc caa gac ctg gaa act atc atc aga aac aag cca 192
Ser Phe Gln Pro Ser Gln Asp Leu Glu Thr Ile Ile Arg Asn Lys Pro

50 55 60

ttg ccc gtc atc att gtg tac agg ccg agg tgg gaa ggt ggt cag tat 240
Leu Pro Val Ile Ile Val Tyr Arg Pro Arg Trp Glu Gly Gly Gln Tyr
65 70 75 80

gaa ggg gat gag cac aca agg ctt gaa gca ctt cgt tta gca cat gaa 288
Glu Gly Asp Glu His Thr Arg Leu Glu Ala Leu Arg Leu Ala His Glu
85 90 95

ctg gga gct gat tat att gat gtt gag ctc aag gtt gca tct gat ctg 336
Leu Gly Ala Asp Tyr Ile Asp Val Glu Leu Lys Val Ala Ser Asp Leu
100 105 110

gta cgg gaa gtg aaa aac aag cat cag act ggt ggc aaa gtc att gta 384
Val Arg Glu Val Lys Asn Lys His Gln Thr Gly Gly Lys Val Ile Val
115 120 125

tca tct tat ttg agt ggc gca acc cct tca aaa gaa gat ctc agc cat 432
Ser Ser Tyr Leu Ser Gly Ala Thr Pro Ser Lys Glu Asp Leu Ser His
130 135 140

ctt gtt gcg agc atg caa gct acc aaa gca gat atc att aaa gtt gtt 480
Leu Val Ala Ser Met Gln Ala Thr Lys Ala Asp Ile Ile Lys Val Val
145 150 155 160

tct aat gca aat gat atc aca gaa ttg gat agg att ttt cat ttg ctt 528
Ser Asn Ala Asn Asp Ile Thr Glu Leu Asp Arg Ile Phe His Leu Leu
165 170 175

tca cat atg cag gtg cca gcg gtt gca tac tca tta ggg gaa aga ggc 576
Ser His Met Gln Val Pro Ala Val Ala Tyr Ser Leu Gly Glu Arg Gly
180 185 190

ctc ata agc cag tta ttg tgt ccc aaa ttc ggt ggt gct tta gtc tat 624
Leu Ile Ser Gln Leu Leu Cys Pro Lys Phe Gly Gly Ala Leu Val Tyr
195 200 205

gga gcc atg gaa gga aat tca att cct ggt ttg cct act tta gac agc 672
Gly Ala Met Glu Gly Asn Ser Ile Pro Gly Leu Pro Thr Leu Asp Ser
210 215 220

ctt aga gaa gcc tac aag gtt gag aac atc aat tca gat act aaa gtt 720
Leu Arg Glu Ala Tyr Lys Val Glu Asn Ile Asn Ser Asp Thr Lys Val
225 230 235 240

ttc ggt ctt gtt tca aaa cca gtt agc cac agc aaa ggc cct ata ctg 768

```
Phe Gly Leu Val Ser Lys Pro Val Ser His Ser Lys Gly Pro Ile Leu
                245                 250                 255

cac aat cct gcc ttc agg cat gcg aac ttt aat ggg att tat gtg cca      816
His Asn Pro Ala Phe Arg His Ala Asn Phe Asn Gly Ile Tyr Val Pro
            260                 265                 270

atg ttt gtt gat gat ctc aag gag ttc ttt gaa gtc tac gca agc cct      864
Met Phe Val Asp Asp Leu Lys Glu Phe Phe Glu Val Tyr Ala Ser Pro
        275                 280                 285

gac ttt gct ggt tat agt gtt ggg ttt cca tac aaa gaa gct gtc gtg      912
Asp Phe Ala Gly Tyr Ser Val Gly Phe Pro Tyr Lys Glu Ala Val Val
    290                 295                 300

cag ttc tgt gac gaa gtc cat cca ctg gct aag tct ata ggt gct gtt      960
Gln Phe Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Lys Ser Ile Gly Ala Val
305                 310                 315                 320

aat acc atc ata agg aag cct agt gat ggg aag ctg ata ggt tat aac     1008
Asn Thr Ile Ile Arg Lys Pro Ser Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr Asn
                325                 330                 335

aca gac tgt gag ggt tca ata gct tca att gag gat gct ttg aaa gat     1056
Thr Asp Cys Glu Gly Ser Ile Ala Ser Ile Glu Asp Ala Leu Lys Asp
            340                 345                 350

caa aga tac atc aat ggc gca tct tta aat tct cca ttg gct ggg aaa     1104
Gln Arg Tyr Ile Asn Gly Ala Ser Leu Asn Ser Pro Leu Ala Gly Lys
        355                 360                 365

cag ttt gtg gtt gtt ggt gct gga ggc gca gga aga gca att gca gtt     1152
Gln Phe Val Val Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala Ile Ala Val
    370                 375                 380

ggt gct aaa agt aga gga gcc cgt gtg att att ttc gac att gat ctt     1200
Gly Ala Lys Ser Arg Gly Ala Arg Val Ile Ile Phe Asp Ile Asp Leu
385                 390                 395                 400

gac agg gca aag tct ctt gct cag gtt gtt tct ggt gaa gct caa cat     1248
Asp Arg Ala Lys Ser Leu Ala Gln Val Val Ser Gly Glu Ala Gln His
                405                 410                 415

ttt gat agt cta gca cat ttc cag cct gag aag gga gca atc ctt gcc     1296
Phe Asp Ser Leu Ala His Phe Gln Pro Glu Lys Gly Ala Ile Leu Ala
            420                 425                 430
```

```
aat gca aca cca ata gga atg cat cca agt aca gac cga atc ccg gtg      1344
Asn Ala Thr Pro Ile Gly Met His Pro Ser Thr Asp Arg Ile Pro Val
        435                 440                 445

gcc gag gca acc ttg ggg aac tac cag ctg gta ttc gat gct gtt tat      1392
Ala Glu Ala Thr Leu Gly Asn Tyr Gln Leu Val Phe Asp Ala Val Tyr
    450                 455                 460

aca cca aga aaa acc aga cta tta gaa gat gct gat gct gct gga gcc      1440
Thr Pro Arg Lys Thr Arg Leu Leu Glu Asp Ala Asp Ala Ala Gly Ala
465                 470                 475                 480

att aca gtg agc gga gtt gag atg ttc ctc aaa cag gcc att gga cag      1488
Ile Thr Val Ser Gly Val Glu Met Phe Leu Lys Gln Ala Ile Gly Gln
                485                 490                 495

ttc agc ctc ttc acc ggc aga gaa gcg ccg aaa gac ttc atg cgg gag      1536
Phe Ser Leu Phe Thr Gly Arg Glu Ala Pro Lys Asp Phe Met Arg Glu
            500                 505                 510

att gtt cta gcc aaa ttc tga                                         1557
Ile Val Leu Ala Lys Phe
        515
```

<210> 88
<211> 518
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 88

```
Met Gly Arg Ala Gly Ile Leu Ala Asn Ser Thr Met Val Cys Ala Pro
1               5                   10                  15

Leu Met Ala Arg Ser Val Glu Gln Met Val Ile Asp Met Gln Ser Ala
            20                  25                  30

Glu Ala Gln Gly Ala Asp Ala Val Glu Val Arg Leu Asp Tyr Ile Asn
        35                  40                  45

Ser Phe Gln Pro Ser Gln Asp Leu Glu Thr Ile Ile Arg Asn Lys Pro
    50                  55                  60
```

Leu Pro Val Ile Ile Val Tyr Arg Pro Arg Trp Glu Gly Gly Gln Tyr
65 70 75 80

Glu Gly Asp Glu His Thr Arg Leu Glu Ala Leu Arg Leu Ala His Glu
85 90 95

Leu Gly Ala Asp Tyr Ile Asp Val Glu Leu Lys Val Ala Ser Asp Leu
100 105 110

Val Arg Glu Val Lys Asn Lys His Gln Thr Gly Gly Lys Val Ile Val
115 120 125

Ser Ser Tyr Leu Ser Gly Ala Thr Pro Ser Lys Glu Asp Leu Ser His
130 135 140

Leu Val Ala Ser Met Gln Ala Thr Lys Ala Asp Ile Ile Lys Val Val
145 150 155 160

Ser Asn Ala Asn Asp Ile Thr Glu Leu Asp Arg Ile Phe His Leu Leu
165 170 175

Ser His Met Gln Val Pro Ala Val Ala Tyr Ser Leu Gly Glu Arg Gly
180 185 190

Leu Ile Ser Gln Leu Leu Cys Pro Lys Phe Gly Gly Ala Leu Val Tyr
195 200 205

Gly Ala Met Glu Gly Asn Ser Ile Pro Gly Leu Pro Thr Leu Asp Ser
210 215 220

Leu Arg Glu Ala Tyr Lys Val Glu Asn Ile Asn Ser Asp Thr Lys Val
225 230 235 240

Phe Gly Leu Val Ser Lys Pro Val Ser His Ser Lys Gly Pro Ile Leu
245 250 255

His Asn Pro Ala Phe Arg His Ala Asn Phe Asn Gly Ile Tyr Val Pro
260 265 270

Met Phe Val Asp Asp Leu Lys Glu Phe Phe Glu Val Tyr Ala Ser Pro
275 280 285

Asp Phe Ala Gly Tyr Ser Val Gly Phe Pro Tyr Lys Glu Ala Val Val
290 295 300

Gln Phe Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Lys Ser Ile Gly Ala Val
305 310 315 320

Asn Thr Ile Ile Arg Lys Pro Ser Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr Asn
325 330 335

Thr Asp Cys Glu Gly Ser Ile Ala Ser Ile Glu Asp Ala Leu Lys Asp
340 345 350

Gln Arg Tyr Ile Asn Gly Ala Ser Leu Asn Ser Pro Leu Ala Gly Lys
355 360 365

Gln Phe Val Val Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala Ile Ala Val
370 375 380

Gly Ala Lys Ser Arg Gly Ala Arg Val Ile Ile Phe Asp Ile Asp Leu
385 390 395 400

Asp Arg Ala Lys Ser Leu Ala Gln Val Val Ser Gly Glu Ala Gln His
405 410 415

Phe Asp Ser Leu Ala His Phe Gln Pro Glu Lys Gly Ala Ile Leu Ala
420 425 430

Asn Ala Thr Pro Ile Gly Met His Pro Ser Thr Asp Arg Ile Pro Val

435 440 445

Ala Glu Ala Thr Leu Gly Asn Tyr Gln Leu Val Phe Asp Ala Val Tyr
450 455 460

Thr Pro Arg Lys Thr Arg Leu Leu Glu Asp Ala Asp Ala Ala Gly Ala
465 470 475 480

Ile Thr Val Ser Gly Val Glu Met Phe Leu Lys Gln Ala Ile Gly Gln
485 490 495

Phe Ser Leu Phe Thr Gly Arg Glu Ala Pro Lys Asp Phe Met Arg Glu
500 505 510

Ile Val Leu Ala Lys Phe
515

<210> 89
<211> 1557
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1557)
<223> Gen (Potri.005G043400), mã hóa miền gắn kết cơ chất Shikimat dehydrogenaza

<400> 89
atg ggg agt gtt gga gtc ctg aca aat tct gta atg gtt tgt gct cca 48
Met Gly Ser Val Gly Val Leu Thr Asn Ser Val Met Val Cys Ala Pro
1 5 10 15

tta atg gct caa tct gtt gag caa atg gtg atc gac atg cat agt gca 96
Leu Met Ala Gln Ser Val Glu Gln Met Val Ile Asp Met His Ser Ala
20 25 30

aag gca caa ggc gct gat gtt gtg gag gtc agg ttg gac tgc att agc 144
Lys Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Glu Val Arg Leu Asp Cys Ile Ser
35 40 45

```
aag ttt cag cct agg caa gac ctg gaa acc atc atc aga aac aag cca                192
Lys Phe Gln Pro Arg Gln Asp Leu Glu Thr Ile Ile Arg Asn Lys Pro
    50                  55                  60

ttg ccg gtg atc att gtc tac agg cca aag tgg gaa ggt ggg cag tac                240
Leu Pro Val Ile Ile Val Tyr Arg Pro Lys Trp Glu Gly Gly Gln Tyr
65                  70                  75                  80

gaa ggg gat gag cac aga agg ttg gaa gca ctt cgt ttg gca aat gat                288
Glu Gly Asp Glu His Arg Arg Leu Glu Ala Leu Arg Leu Ala Asn Asp
                85                  90                  95

ctg gga gct gat tat att gat ttg gag ctt aag gtt gcc tct gag ctg                336
Leu Gly Ala Asp Tyr Ile Asp Leu Glu Leu Lys Val Ala Ser Glu Leu
            100                 105                 110

ata tgg gaa ctg aaa aac aag cat cag aat ggt ggg aaa gtc att gta                384
Ile Trp Glu Leu Lys Asn Lys His Gln Asn Gly Gly Lys Val Ile Val
        115                 120                 125

tca tct tac ttg aat ggt gca acc ccc tcg aaa gaa aat ctc agc cat                432
Ser Ser Tyr Leu Asn Gly Ala Thr Pro Ser Lys Glu Asn Leu Ser His
    130                 135                 140

ctt gtt gca acc atg caa gct act gaa gca gat atc atc aaa gtt gtt                480
Leu Val Ala Thr Met Gln Ala Thr Glu Ala Asp Ile Ile Lys Val Val
145                 150                 155                 160

tct aat gca gat gat atc aca gaa atg gaa agg att ttt cat ttg ctt                528
Ser Asn Ala Asp Asp Ile Thr Glu Met Glu Arg Ile Phe His Leu Leu
                165                 170                 175

tcg cat tgc gag gtg cca gca gtt gca tac tct gtg ggg gag aga ggc                576
Ser His Cys Glu Val Pro Ala Val Ala Tyr Ser Val Gly Glu Arg Gly
            180                 185                 190

ctc ata agc cag ctg ttg tgc ccc aaa ttc ggt ggt gct tta gtc tat                624
Leu Ile Ser Gln Leu Leu Cys Pro Lys Phe Gly Gly Ala Leu Val Tyr
        195                 200                 205

gga tcc atg gaa gga aat tca att cct ggt tta cct aca tta gac agc                672
Gly Ser Met Glu Gly Asn Ser Ile Pro Gly Leu Pro Thr Leu Asp Ser
    210                 215                 220

ctt aga gaa gcc tac aag gtt gac tgc att aat tca gat act aaa gtt                720
Leu Arg Glu Ala Tyr Lys Val Asp Cys Ile Asn Ser Asp Thr Lys Val
```

```
225                 230                 235                 240

ttc ggt ctt gtt tca aag cca gtt ggc cac agc aaa ggc cct ctg ttg      768
Phe Gly Leu Val Ser Lys Pro Val Gly His Ser Lys Gly Pro Leu Leu
                245                 250                 255

cat aat cct acc ctg aga cat gtg aac ttt aat ggg atc tat gtc ccc      816
His Asn Pro Thr Leu Arg His Val Asn Phe Asn Gly Ile Tyr Val Pro
            260                 265                 270

atg ttt gtc gat gat ctc aag aag ttc ttt gat gtc tac gca agc cct      864
Met Phe Val Asp Asp Leu Lys Lys Phe Phe Asp Val Tyr Ala Ser Pro
        275                 280                 285

gac ttt gct ggt tat agt gtt ggg ttt cca tac aag gaa gct gtc gtg      912
Asp Phe Ala Gly Tyr Ser Val Gly Phe Pro Tyr Lys Glu Ala Val Val
    290                 295                 300

cag ttc tgt gat gaa gtc cat cca ctg gct aag tgt att gga gct gtt      960
Gln Phe Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Lys Cys Ile Gly Ala Val
305                 310                 315                 320

aat acc atc ata agg agg ccc tgt gat ggg aaa ctg ata ggt tat aat     1008
Asn Thr Ile Ile Arg Arg Pro Cys Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr Asn
                325                 330                 335

aca gac tgt gag ggt tca ata act gca att gag gat gct ttg aga gat     1056
Thr Asp Cys Glu Gly Ser Ile Thr Ala Ile Glu Asp Ala Leu Arg Asp
            340                 345                 350

cag aaa tac gtc aat ggc aga tcc tta aat tct ccg ttg gct ggg aaa     1104
Gln Lys Tyr Val Asn Gly Arg Ser Leu Asn Ser Pro Leu Ala Gly Lys
        355                 360                 365

cag ttt gtg gta gtt ggt gct gga ggt gct gga aga gca att gca gtt     1152
Gln Phe Val Val Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala Ile Ala Val
    370                 375                 380

gga gct aag agt aga gga gcc cgt tta att att ttc gac atc gat ctc     1200
Gly Ala Lys Ser Arg Gly Ala Arg Leu Ile Ile Phe Asp Ile Asp Leu
385                 390                 395                 400

gag aga gca aag agt ctt gct cga gct gtt tct ggt gaa gct caa cat     1248
Glu Arg Ala Lys Ser Leu Ala Arg Ala Val Ser Gly Glu Ala Gln His
                405                 410                 415

ttt gaa agt cta gca cat ttc cag cct gag aat ggg gca atc ctt gca     1296
```

```
Phe Glu Ser Leu Ala His Phe Gln Pro Glu Asn Gly Ala Ile Leu Ala
            420                 425                 430

aat gca aca ccg att gga atg cat ccg agt aca gat cga att ccc gcg      1344
Asn Ala Thr Pro Ile Gly Met His Pro Ser Thr Asp Arg Ile Pro Ala
        435                 440                 445

gcc gag gaa acc ttg ggg aac tac caa ctg gta ttc gat gct gtt tac      1392
Ala Glu Glu Thr Leu Gly Asn Tyr Gln Leu Val Phe Asp Ala Val Tyr
    450                 455                 460

aca cca aga aaa acc aga cta tta aaa gat gct gat gca gct gga gca      1440
Thr Pro Arg Lys Thr Arg Leu Leu Lys Asp Ala Asp Ala Ala Gly Ala
465                 470                 475                 480

att aca gtg agt gga gtt gag atg ttc ctc aga cag gcc atc ggg cag      1488
Ile Thr Val Ser Gly Val Glu Met Phe Leu Arg Gln Ala Ile Gly Gln
                485                 490                 495

ttc aac ctc ttc acc ggc aga gaa gct ccg aag gac ttc atg cgg gag      1536
Phe Asn Leu Phe Thr Gly Arg Glu Ala Pro Lys Asp Phe Met Arg Glu
            500                 505                 510

att gtt tta gcc aaa ttc tga                                         1557
Ile Val Leu Ala Lys Phe
        515
```

<210> 90
<211> 518
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 90

```
Met Gly Ser Val Gly Val Leu Thr Asn Ser Val Met Val Cys Ala Pro
1               5                   10                  15

Leu Met Ala Gln Ser Val Glu Gln Met Val Ile Asp Met His Ser Ala
            20                  25                  30

Lys Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Glu Val Arg Leu Asp Cys Ile Ser
        35                  40                  45
```

Lys Phe Gln Pro Arg Gln Asp Leu Glu Thr Ile Ile Arg Asn Lys Pro
50 55 60

Leu Pro Val Ile Ile Val Tyr Arg Pro Lys Trp Glu Gly Gly Gln Tyr
65 70 75 80

Glu Gly Asp Glu His Arg Arg Leu Glu Ala Leu Arg Leu Ala Asn Asp
85 90 95

Leu Gly Ala Asp Tyr Ile Asp Leu Glu Leu Lys Val Ala Ser Glu Leu
100 105 110

Ile Trp Glu Leu Lys Asn Lys His Gln Asn Gly Gly Lys Val Ile Val
115 120 125

Ser Ser Tyr Leu Asn Gly Ala Thr Pro Ser Lys Glu Asn Leu Ser His
130 135 140

Leu Val Ala Thr Met Gln Ala Thr Glu Ala Asp Ile Ile Lys Val Val
145 150 155 160

Ser Asn Ala Asp Asp Ile Thr Glu Met Glu Arg Ile Phe His Leu Leu
165 170 175

Ser His Cys Glu Val Pro Ala Val Ala Tyr Ser Val Gly Glu Arg Gly
180 185 190

Leu Ile Ser Gln Leu Leu Cys Pro Lys Phe Gly Gly Ala Leu Val Tyr
195 200 205

Gly Ser Met Glu Gly Asn Ser Ile Pro Gly Leu Pro Thr Leu Asp Ser
210 215 220

Leu Arg Glu Ala Tyr Lys Val Asp Cys Ile Asn Ser Asp Thr Lys Val
225 230 235 240

Phe Gly Leu Val Ser Lys Pro Val Gly His Ser Lys Gly Pro Leu Leu
245 250 255

His Asn Pro Thr Leu Arg His Val Asn Phe Asn Gly Ile Tyr Val Pro
260 265 270

Met Phe Val Asp Asp Leu Lys Lys Phe Phe Asp Val Tyr Ala Ser Pro
275 280 285

Asp Phe Ala Gly Tyr Ser Val Gly Phe Pro Tyr Lys Glu Ala Val Val
290 295 300

Gln Phe Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Lys Cys Ile Gly Ala Val
305 310 315 320

Asn Thr Ile Ile Arg Arg Pro Cys Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr Asn
325 330 335

Thr Asp Cys Glu Gly Ser Ile Thr Ala Ile Glu Asp Ala Leu Arg Asp
340 345 350

Gln Lys Tyr Val Asn Gly Arg Ser Leu Asn Ser Pro Leu Ala Gly Lys
355 360 365

Gln Phe Val Val Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala Ile Ala Val
370 375 380

Gly Ala Lys Ser Arg Gly Ala Arg Leu Ile Ile Phe Asp Ile Asp Leu
385 390 395 400

Glu Arg Ala Lys Ser Leu Ala Arg Ala Val Ser Gly Glu Ala Gln His
405 410 415

Phe Glu Ser Leu Ala His Phe Gln Pro Glu Asn Gly Ala Ile Leu Ala
420 425 430

Asn Ala Thr Pro Ile Gly Met His Pro Ser Thr Asp Arg Ile Pro Ala
435 440 445

Ala Glu Glu Thr Leu Gly Asn Tyr Gln Leu Val Phe Asp Ala Val Tyr
450 455 460

Thr Pro Arg Lys Thr Arg Leu Leu Lys Asp Ala Asp Ala Ala Gly Ala
465 470 475 480

Ile Thr Val Ser Gly Val Glu Met Phe Leu Arg Gln Ala Ile Gly Gln
485 490 495

Phe Asn Leu Phe Thr Gly Arg Glu Ala Pro Lys Asp Phe Met Arg Glu
500 505 510

Ile Val Leu Ala Lys Phe
515

<210> 91
<211> 1563
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1563)
<223> Gen (Eucgr.B01770), mã hóa miền gắn kết cơ chất Shikimat dehydrogenaza

<400> 91
atg ggc agc ctc tcc ctc tcc agt gtt ggc ctg acc atg gtt tgt gca 48
Met Gly Ser Leu Ser Leu Ser Ser Val Gly Leu Thr Met Val Cys Ala
1 5 10 15

ccc gta atg ggt gaa tct gtt gac caa gtg gtt gaa gaa atg cac aag 96
Pro Val Met Gly Glu Ser Val Asp Gln Val Val Glu Glu Met His Lys
20 25 30

```
gcg aag gca caa ggt gca gac gta gtt gag gtc agg ctg gat tgc atc                144
Ala Lys Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Glu Val Arg Leu Asp Cys Ile
        35                  40                  45

aag caa ttt cag gct cac cag gat ctt gaa atc atc ctc aag agc aag                192
Lys Gln Phe Gln Ala His Gln Asp Leu Glu Ile Ile Leu Lys Ser Lys
    50                  55                  60

ccg tta ccg gtt atc att gtt tac agg cct aaa tgc gaa ggg ggg ctc                240
Pro Leu Pro Val Ile Ile Val Tyr Arg Pro Lys Cys Glu Gly Gly Leu
65                  70                  75                  80

tat gaa ggt gac gag aca gcc cgg ttg gaa gca ctt cat tct gct ctg                288
Tyr Glu Gly Asp Glu Thr Ala Arg Leu Glu Ala Leu His Ser Ala Leu
                85                  90                  95

aaa tta ggt gct gat tat gtc gat ttc gag ctc aag gtt gct gct gaa                336
Lys Leu Gly Ala Asp Tyr Val Asp Phe Glu Leu Lys Val Ala Ala Glu
            100                 105                 110

ctt atg agt aag cag aat aag ttg cat tgt gga ggt acc aaa gtg ata                384
Leu Met Ser Lys Gln Asn Lys Leu His Cys Gly Gly Thr Lys Val Ile
        115                 120                 125

gtt tca tgc ttt ttg gat ggc gtg acc cct tca aaa gaa gaa ctt agc                432
Val Ser Cys Phe Leu Asp Gly Val Thr Pro Ser Lys Glu Glu Leu Ser
    130                 135                 140

aat ctt gct aca cat atg caa gct act ggt gca gat att atc aaa att                480
Asn Leu Ala Thr His Met Gln Ala Thr Gly Ala Asp Ile Ile Lys Ile
145                 150                 155                 160

gtc act agt gca agt aac atc aca gaa ctg gcc aga ctt ttt cat ata                528
Val Thr Ser Ala Ser Asn Ile Thr Glu Leu Ala Arg Leu Phe His Ile
                165                 170                 175

ctg tct tat agc cag atg cca gta gtt gca tat gct gtt gga gaa agg                576
Leu Ser Tyr Ser Gln Met Pro Val Val Ala Tyr Ala Val Gly Glu Arg
            180                 185                 190

ggt ctt atc agc caa ttg ttg agt ccc aaa ttt ggc agt aat tta gtc                624
Gly Leu Ile Ser Gln Leu Leu Ser Pro Lys Phe Gly Ser Asn Leu Val
        195                 200                 205

tat ggc tca ata gaa gga atg gca gtt ccc ggt ctt cct act ctg gaa                672
Tyr Gly Ser Ile Glu Gly Met Ala Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu
    210                 215                 220
```

```
agc cta aga aaa gca tac aaa gtt gag cac atc aat tca gat aca aaa                720
Ser Leu Arg Lys Ala Tyr Lys Val Glu His Ile Asn Ser Asp Thr Lys
225                 230                 235                 240

gtt ttc ggc ctc atc tca aaa cca gtt ggc cac agc aaa ggt cca att                768
Val Phe Gly Leu Ile Ser Lys Pro Val Gly His Ser Lys Gly Pro Ile
                245                 250                 255

ttg cat aac cct acg ctc aga cat atg aat ttc aat gga ctt tat gtc                816
Leu His Asn Pro Thr Leu Arg His Met Asn Phe Asn Gly Leu Tyr Val
            260                 265                 270

cca atg ttc gtt gac aat ctt aaa gaa ttc ttc gaa gta tac tct acc                864
Pro Met Phe Val Asp Asn Leu Lys Glu Phe Phe Glu Val Tyr Ser Thr
        275                 280                 285

cct gac ttc gct ggt ttt agt gtg ggg att cca tac aaa gaa gcc gtc                912
Pro Asp Phe Ala Gly Phe Ser Val Gly Ile Pro Tyr Lys Glu Ala Val
    290                 295                 300

att cag ttt tgt gat gaa gta cat cca ctc gct cag aac ata ggt gct                960
Ile Gln Phe Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Gln Asn Ile Gly Ala
305                 310                 315                 320

gtt aac act ata gta agg agg cct agt gat ggg aaa tta atc ggg tat               1008
Val Asn Thr Ile Val Arg Arg Pro Ser Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr
                325                 330                 335

aac aca gat tgt gag gct tca gta act gcc atg gaa gat gct ctg caa               1056
Asn Thr Asp Cys Glu Ala Ser Val Thr Ala Met Glu Asp Ala Leu Gln
            340                 345                 350

gaa tgt cga tgc att aat ggt gaa aag tct ttg gtt tct cca ctg gcg               1104
Glu Cys Arg Cys Ile Asn Gly Glu Lys Ser Leu Val Ser Pro Leu Ala
        355                 360                 365

ggc aaa gag ttt gtg cta gtt ggc gct gga ggt gca gga cga gct ttg               1152
Gly Lys Glu Phe Val Leu Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala Leu
    370                 375                 380

gct ttt ggt gct aaa acc aga gga gct cgg atc att att ttt gac atc               1200
Ala Phe Gly Ala Lys Thr Arg Gly Ala Arg Ile Ile Ile Phe Asp Ile
385                 390                 395                 400

gat ttt gaa agg gca aag atg ctt gct cat gct gtt tct ggc gaa gct               1248
Asp Phe Glu Arg Ala Lys Met Leu Ala His Ala Val Ser Gly Glu Ala
```

```
                405                 410                 415

agg cct ttt ggg gat tta cct tat ttc cag ccg gag aaa ggg tca att      1296
Arg Pro Phe Gly Asp Leu Pro Tyr Phe Gln Pro Glu Lys Gly Ser Ile
            420                 425                 430

ctt gct aat gcg aca ccg atc gga atg cat cca aac aag gat cga ata      1344
Leu Ala Asn Ala Thr Pro Ile Gly Met His Pro Asn Lys Asp Arg Ile
        435                 440                 445

cca gtt tct gag gcg agt ttg ggg gtt ttc cag ctc gtc ttc gat gct      1392
Pro Val Ser Glu Ala Ser Leu Gly Val Phe Gln Leu Val Phe Asp Ala
    450                 455                 460

gtg tat aca ccg aga aag acc act cta cta aag gaa gct gag gct gcc      1440
Val Tyr Thr Pro Arg Lys Thr Thr Leu Leu Lys Glu Ala Glu Ala Ala
465                 470                 475                 480

gga gca att act gtg agt gga gtt gaa atg ttc ctc agg cag gcc ata      1488
Gly Ala Ile Thr Val Ser Gly Val Glu Met Phe Leu Arg Gln Ala Ile
                485                 490                 495

ggc cag ttc aat ctc ttt acc gga gga gaa gca ccc aag gag ttc atg      1536
Gly Gln Phe Asn Leu Phe Thr Gly Gly Glu Ala Pro Lys Glu Phe Met
            500                 505                 510

agg gag ata gtt ttg gcc aag ttc tga                                 1563
Arg Glu Ile Val Leu Ala Lys Phe
        515                 520
```

<210> 92
<211> 520
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 92

```
Met Gly Ser Leu Ser Leu Ser Ser Val Gly Leu Thr Met Val Cys Ala
1               5                  10                  15

Pro Val Met Gly Glu Ser Val Asp Gln Val Val Glu Glu Met His Lys
            20                  25                  30

Ala Lys Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Glu Val Arg Leu Asp Cys Ile
```

35 40 45

Lys Gln Phe Gln Ala His Gln Asp Leu Glu Ile Ile Leu Lys Ser Lys
50 55 60

Pro Leu Pro Val Ile Ile Val Tyr Arg Pro Lys Cys Glu Gly Gly Leu
65 70 75 80

Tyr Glu Gly Asp Glu Thr Ala Arg Leu Glu Ala Leu His Ser Ala Leu
85 90 95

Lys Leu Gly Ala Asp Tyr Val Asp Phe Glu Leu Lys Val Ala Ala Glu
100 105 110

Leu Met Ser Lys Gln Asn Lys Leu His Cys Gly Gly Thr Lys Val Ile
115 120 125

Val Ser Cys Phe Leu Asp Gly Val Thr Pro Ser Lys Glu Glu Leu Ser
130 135 140

Asn Leu Ala Thr His Met Gln Ala Thr Gly Ala Asp Ile Ile Lys Ile
145 150 155 160

Val Thr Ser Ala Ser Asn Ile Thr Glu Leu Ala Arg Leu Phe His Ile
165 170 175

Leu Ser Tyr Ser Gln Met Pro Val Val Ala Tyr Ala Val Gly Glu Arg
180 185 190

Gly Leu Ile Ser Gln Leu Leu Ser Pro Lys Phe Gly Ser Asn Leu Val
195 200 205

Tyr Gly Ser Ile Glu Gly Met Ala Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu
210 215 220

Ser Leu Arg Lys Ala Tyr Lys Val Glu His Ile Asn Ser Asp Thr Lys
225 230 235 240

Val Phe Gly Leu Ile Ser Lys Pro Val Gly His Ser Lys Gly Pro Ile
245 250 255

Leu His Asn Pro Thr Leu Arg His Met Asn Phe Asn Gly Leu Tyr Val
260 265 270

Pro Met Phe Val Asp Asn Leu Lys Glu Phe Phe Glu Val Tyr Ser Thr
275 280 285

Pro Asp Phe Ala Gly Phe Ser Val Gly Ile Pro Tyr Lys Glu Ala Val
290 295 300

Ile Gln Phe Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Gln Asn Ile Gly Ala
305 310 315 320

Val Asn Thr Ile Val Arg Arg Pro Ser Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr
325 330 335

Asn Thr Asp Cys Glu Ala Ser Val Thr Ala Met Glu Asp Ala Leu Gln
340 345 350

Glu Cys Arg Cys Ile Asn Gly Glu Lys Ser Leu Val Ser Pro Leu Ala
355 360 365

Gly Lys Glu Phe Val Leu Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala Leu
370 375 380

Ala Phe Gly Ala Lys Thr Arg Gly Ala Arg Ile Ile Ile Phe Asp Ile
385 390 395 400

Asp Phe Glu Arg Ala Lys Met Leu Ala His Ala Val Ser Gly Glu Ala
405 410 415

Arg Pro Phe Gly Asp Leu Pro Tyr Phe Gln Pro Glu Lys Gly Ser Ile
420 425 430

Leu Ala Asn Ala Thr Pro Ile Gly Met His Pro Asn Lys Asp Arg Ile
435 440 445

Pro Val Ser Glu Ala Ser Leu Gly Val Phe Gln Leu Val Phe Asp Ala
450 455 460

Val Tyr Thr Pro Arg Lys Thr Thr Leu Leu Lys Glu Ala Glu Ala Ala
465 470 475 480

Gly Ala Ile Thr Val Ser Gly Val Glu Met Phe Leu Arg Gln Ala Ile
485 490 495

Gly Gln Phe Asn Leu Phe Thr Gly Gly Glu Ala Pro Lys Glu Phe Met
500 505 510

Arg Glu Ile Val Leu Ala Lys Phe
515 520

<210> 93
<211> 1758
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1758)
<223> Gen (Eucgr.H01214), mã hóa miền gắn kết cơ chất Shikimat dehydrogenaza

<400> 93
atg gca aaa ctc cat gca act cct caa gct tcc cgt gca ggg gaa tcc 48
Met Ala Lys Leu His Ala Thr Pro Gln Ala Ser Arg Ala Gly Glu Ser
1 5 10 15

aag agg gaa tat ccg atc cac cgc gag cga tca tgg act gta tcg ccg 96

Lys Arg Glu Tyr Pro Ile His Arg Glu Arg Ser Trp Thr Val Ser Pro
20 25 30

ccg gat cat tgg cgg aaa cag gtg gcc gag ggc gtc acc gcc cag act 144
Pro Asp His Trp Arg Lys Gln Val Ala Glu Gly Val Thr Ala Gln Thr
35 40 45

cta cac tcc tcc tcc cgc atc ttc ttt ctt cac tgc ccg tcg tcc cga 192
Leu His Ser Ser Ser Arg Ile Phe Phe Leu His Cys Pro Ser Ser Arg
50 55 60

aga gag agg ccg aga gaa atg gac agg aat ggc gtg ctg gtg tgc gct 240
Arg Glu Arg Pro Arg Glu Met Asp Arg Asn Gly Val Leu Val Cys Ala
65 70 75 80

ccc ctg gag tgc gag acc ctg gaa ggg atg ctg tcc tcc atg gac aag 288
Pro Leu Glu Cys Glu Thr Leu Glu Gly Met Leu Ser Ser Met Asp Lys
85 90 95

gcc aag gcg cac ggc gcg gac ctc gtc gag ctc cgc gtc gac gcc atg 336
Ala Lys Ala His Gly Ala Asp Leu Val Glu Leu Arg Val Asp Ala Met
100 105 110

tcc ttc ggc cgg gtc tcc gag gtc gag gag ctc atc cgg cgc cgc acc 384
Ser Phe Gly Arg Val Ser Glu Val Glu Glu Leu Ile Arg Arg Arg Thr
115 120 125

ctt ccc gcc att gtc tcc ttc agg ttg aat tcc gca aga gct tcc cgc 432
Leu Pro Ala Ile Val Ser Phe Arg Leu Asn Ser Ala Arg Ala Ser Arg
130 135 140

aga caa aat gac aag acc act tgc ttg caa gtg ctg cgg cta gcg ctc 480
Arg Gln Asn Asp Lys Thr Thr Cys Leu Gln Val Leu Arg Leu Ala Leu
145 150 155 160

gaa ctg gac gtc gag ttc gtc gag atg gaa cac gag gtg gtt tct cac 528
Glu Leu Asp Val Glu Phe Val Glu Met Glu His Glu Val Val Ser His
165 170 175

ttc aac atc gat gaa ctg atg gaa aag cgt tcg agc agc aaa ata atc 576
Phe Asn Ile Asp Glu Leu Met Glu Lys Arg Ser Ser Ser Lys Ile Ile
180 185 190

gtg tcg aga cac ttg aat ggc gac aaa ccg tgc aag gag aag ctc ggg 624
Val Ser Arg His Leu Asn Gly Asp Lys Pro Cys Lys Glu Lys Leu Gly
195 200 205

```
aac tta att gcc ttg atg caa tcc tct gga gga gac gtt atc aag ctc      672
Asn Leu Ile Ala Leu Met Gln Ser Ser Gly Gly Asp Val Ile Lys Leu
    210                 215                 220

ctt gtc gat gtt gat tac atc acg gat tta gca ccg att ttc cag ctc      720
Leu Val Asp Val Asp Tyr Ile Thr Asp Leu Ala Pro Ile Phe Gln Leu
225                 230                 235                 240

ctc acc agt tgc cag gtt cca cta att gcc acc acg gtt ggc gac aga      768
Leu Thr Ser Cys Gln Val Pro Leu Ile Ala Thr Thr Val Gly Asp Arg
                245                 250                 255

ggg ctg ata ggc cag ttg ctg ggg cca aag ttt ggc ggc ttc ttg gcg      816
Gly Leu Ile Gly Gln Leu Leu Gly Pro Lys Phe Gly Gly Phe Leu Ala
            260                 265                 270

tat ggg tca ctg gaa gga gca att cct ggt ctg ccg aca ctg act agc      864
Tyr Gly Ser Leu Glu Gly Ala Ile Pro Gly Leu Pro Thr Leu Thr Ser
        275                 280                 285

ctc agg caa gtg tac aag att gag cac atg aac gcg gac acc aag gtc      912
Leu Arg Gln Val Tyr Lys Ile Glu His Met Asn Ala Asp Thr Lys Val
    290                 295                 300

ttc ggc ctc ata tcg aac cca gtc ggg cac agc aaa ggg ccg ctc ctc      960
Phe Gly Leu Ile Ser Asn Pro Val Gly His Ser Lys Gly Pro Leu Leu
305                 310                 315                 320

cac aac ccg acc ttc cga tat gta ggg ttc aac ggt atc tat gtc cct     1008
His Asn Pro Thr Phe Arg Tyr Val Gly Phe Asn Gly Ile Tyr Val Pro
                325                 330                 335

atg ctc gtt gat aac atc aag gag ttc ttc aag gtc tat acc agt caa     1056
Met Leu Val Asp Asn Ile Lys Glu Phe Phe Lys Val Tyr Thr Ser Gln
            340                 345                 350

gat ttt gca ggc ttc agt gtg gga att cca cat aag gaa gca gca gtt     1104
Asp Phe Ala Gly Phe Ser Val Gly Ile Pro His Lys Glu Ala Ala Val
        355                 360                 365

gct tgc tgt gat gaa gtt cat cca cta gct aag tcc att gga gct gtg     1152
Ala Cys Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Lys Ser Ile Gly Ala Val
    370                 375                 380

aat act ata gta agg agg cct act gat ggg aag ctg att ggg tac aac     1200
Asn Thr Ile Val Arg Arg Pro Thr Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr Asn
385                 390                 395                 400
```

```
aca gat tgt gag gct tca atc act gct ata gag gat gct ctg aga gag                1248
Thr Asp Cys Glu Ala Ser Ile Thr Ala Ile Glu Asp Ala Leu Arg Glu
                405                 410                 415

agg cat gcc gct aat ggg gaa gcc aga gca atg gac gca tct cca att                1296
Arg His Ala Ala Asn Gly Glu Ala Arg Ala Met Asp Ala Ser Pro Ile
            420                 425                 430

gca ggg aaa gca ttt gta ctg gtt gga gct gga gga gct gga aga gct                1344
Ala Gly Lys Ala Phe Val Leu Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala
        435                 440                 445

ttg gcc ttc ggc gcc aag agt cgc ggg gcc cga gtc ttc gtc ttc aac                1392
Leu Ala Phe Gly Ala Lys Ser Arg Gly Ala Arg Val Phe Val Phe Asn
    450                 455                 460

cgc aac ttc gag aga gca aaa gcc cta gcc gac gcg gta tcg gga gaa                1440
Arg Asn Phe Glu Arg Ala Lys Ala Leu Ala Asp Ala Val Ser Gly Glu
465                 470                 475                 480

gcc atc agg tac gaa cac ttg gac acg ttc cgc ccc gag gaa ggg atg                1488
Ala Ile Arg Tyr Glu His Leu Asp Thr Phe Arg Pro Glu Glu Gly Met
                485                 490                 495

atc ctt gcg aac gca tcc gcc gtc gga atg gag ccg cac gct gat aag                1536
Ile Leu Ala Asn Ala Ser Ala Val Gly Met Glu Pro His Ala Asp Lys
            500                 505                 510

agc ccc gtt tcc aag ggg gtg ctg gga gca tat gag ctg gtg ttt gat                1584
Ser Pro Val Ser Lys Gly Val Leu Gly Ala Tyr Glu Leu Val Phe Asp
        515                 520                 525

gca gtg tac aca cca agg aac aca agg cta ttg caa gag gca gca cag                1632
Ala Val Tyr Thr Pro Arg Asn Thr Arg Leu Leu Gln Glu Ala Ala Gln
    530                 535                 540

gca ggg gcc att gcg gtt agt ggg atg gag atg ttc atc aga cag gcc                1680
Ala Gly Ala Ile Ala Val Ser Gly Met Glu Met Phe Ile Arg Gln Ala
545                 550                 555                 560

ctc cat caa ttc aaa ctc ttc acc agc ggc tta gca ccg gag gaa ttc                1728
Leu His Gln Phe Lys Leu Phe Thr Ser Gly Leu Ala Pro Glu Glu Phe
                565                 570                 575

atg cgc aag ctc gtg ttg gaa caa ttc tga                                        1758
Met Arg Lys Leu Val Leu Glu Gln Phe
```

580 585

<210> 94
<211> 585
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 94

Met Ala Lys Leu His Ala Thr Pro Gln Ala Ser Arg Ala Gly Glu Ser
1 5 10 15

Lys Arg Glu Tyr Pro Ile His Arg Glu Arg Ser Trp Thr Val Ser Pro
20 25 30

Pro Asp His Trp Arg Lys Gln Val Ala Glu Gly Val Thr Ala Gln Thr
35 40 45

Leu His Ser Ser Ser Arg Ile Phe Phe Leu His Cys Pro Ser Ser Arg
50 55 60

Arg Glu Arg Pro Arg Glu Met Asp Arg Asn Gly Val Leu Val Cys Ala
65 70 75 80

Pro Leu Glu Cys Glu Thr Leu Glu Gly Met Leu Ser Ser Met Asp Lys
85 90 95

Ala Lys Ala His Gly Ala Asp Leu Val Glu Leu Arg Val Asp Ala Met
100 105 110

Ser Phe Gly Arg Val Ser Glu Val Glu Glu Leu Ile Arg Arg Arg Thr
115 120 125

Leu Pro Ala Ile Val Ser Phe Arg Leu Asn Ser Ala Arg Ala Ser Arg
130 135 140

Arg Gln Asn Asp Lys Thr Thr Cys Leu Gln Val Leu Arg Leu Ala Leu

145 150 155 160

Glu Leu Asp Val Glu Phe Val Glu Met Glu His Glu Val Val Ser His
165 170 175

Phe Asn Ile Asp Glu Leu Met Glu Lys Arg Ser Ser Ser Lys Ile Ile
180 185 190

Val Ser Arg His Leu Asn Gly Asp Lys Pro Cys Lys Glu Lys Leu Gly
195 200 205

Asn Leu Ile Ala Leu Met Gln Ser Ser Gly Gly Asp Val Ile Lys Leu
210 215 220

Leu Val Asp Val Asp Tyr Ile Thr Asp Leu Ala Pro Ile Phe Gln Leu
225 230 235 240

Leu Thr Ser Cys Gln Val Pro Leu Ile Ala Thr Thr Val Gly Asp Arg
245 250 255

Gly Leu Ile Gly Gln Leu Leu Gly Pro Lys Phe Gly Gly Phe Leu Ala
260 265 270

Tyr Gly Ser Leu Glu Gly Ala Ile Pro Gly Leu Pro Thr Leu Thr Ser
275 280 285

Leu Arg Gln Val Tyr Lys Ile Glu His Met Asn Ala Asp Thr Lys Val
290 295 300

Phe Gly Leu Ile Ser Asn Pro Val Gly His Ser Lys Gly Pro Leu Leu
305 310 315 320

His Asn Pro Thr Phe Arg Tyr Val Gly Phe Asn Gly Ile Tyr Val Pro
325 330 335

Met Leu Val Asp Asn Ile Lys Glu Phe Phe Lys Val Tyr Thr Ser Gln
340 345 350

Asp Phe Ala Gly Phe Ser Val Gly Ile Pro His Lys Glu Ala Ala Val
355 360 365

Ala Cys Cys Asp Glu Val His Pro Leu Ala Lys Ser Ile Gly Ala Val
370 375 380

Asn Thr Ile Val Arg Arg Pro Thr Asp Gly Lys Leu Ile Gly Tyr Asn
385 390 395 400

Thr Asp Cys Glu Ala Ser Ile Thr Ala Ile Glu Asp Ala Leu Arg Glu
405 410 415

Arg His Ala Ala Asn Gly Glu Ala Arg Ala Met Asp Ala Ser Pro Ile
420 425 430

Ala Gly Lys Ala Phe Val Leu Val Gly Ala Gly Gly Ala Gly Arg Ala
435 440 445

Leu Ala Phe Gly Ala Lys Ser Arg Gly Ala Arg Val Phe Val Phe Asn
450 455 460

Arg Asn Phe Glu Arg Ala Lys Ala Leu Ala Asp Ala Val Ser Gly Glu
465 470 475 480

Ala Ile Arg Tyr Glu His Leu Asp Thr Phe Arg Pro Glu Glu Gly Met
485 490 495

Ile Leu Ala Asn Ala Ser Ala Val Gly Met Glu Pro His Ala Asp Lys
500 505 510

Ser Pro Val Ser Lys Gly Val Leu Gly Ala Tyr Glu Leu Val Phe Asp
515 520 525

Ala Val Tyr Thr Pro Arg Asn Thr Arg Leu Leu Gln Glu Ala Ala Gln
530 535 540

Ala Gly Ala Ile Ala Val Ser Gly Met Glu Met Phe Ile Arg Gln Ala
545 550 555 560

Leu His Gln Phe Lys Leu Phe Thr Ser Gly Leu Ala Pro Glu Glu Phe
565 570 575

Met Arg Lys Leu Val Leu Glu Gln Phe
580 585

<210> 95
<211> 1812
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1812)
<223> Gen (AT3G06350), mã hóa dehydroquinat dehydrataza, giả định / shikimat dehydrogenaza, giả định

<400> 95
atg gca gct tct tca act aat gct cgt ctc acc aac cct cct cgt cta 48
Met Ala Ala Ser Ser Thr Asn Ala Arg Leu Thr Asn Pro Pro Arg Leu
1 5 10 15

ctc tcc aaa ccc cga ctt tca cct acc tcc gtc gcc aat ctc cgt ttt 96
Leu Ser Lys Pro Arg Leu Ser Pro Thr Ser Val Ala Asn Leu Arg Phe
20 25 30

cca gcc gcc gat ttc tcc act cgc ttc ttt gcc gat tct tcg tcc ccg 144
Pro Ala Ala Asp Phe Ser Thr Arg Phe Phe Ala Asp Ser Ser Ser Pro
35 40 45

cgg cta agg agt gta ccg ttt ccg gtg gta ttt tcc gat caa agg cgc 192
Arg Leu Arg Ser Val Pro Phe Pro Val Val Phe Ser Asp Gln Arg Arg
50 55 60

cgg cga agc atg gaa cct agc aat gtc tat gtg gct tca aat tcc acg 240

Arg Arg Ser Met Glu Pro Ser Asn Val Tyr Val Ala Ser Asn Ser Thr
65 70 75 80

gaa atg gag atc gga agt cat gat atc gtg aag aat ccg agc ttg atc 288
Glu Met Glu Ile Gly Ser His Asp Ile Val Lys Asn Pro Ser Leu Ile
85 90 95

tgt gct cca gtg atg gcg gat tca ata gac aag atg gtg att gaa acg 336
Cys Ala Pro Val Met Ala Asp Ser Ile Asp Lys Met Val Ile Glu Thr
100 105 110

agt aaa gcc cat gaa ttg ggt gca gac ttg gtt gaa att cga tta gat 384
Ser Lys Ala His Glu Leu Gly Ala Asp Leu Val Glu Ile Arg Leu Asp
115 120 125

tgg cta aag gac ttc aat cct ctt gag gat cta aaa acc att att aag 432
Trp Leu Lys Asp Phe Asn Pro Leu Glu Asp Leu Lys Thr Ile Ile Lys
130 135 140

aaa tct cct cta ccc act tta ttc acc tac aga cca aaa tgg gaa ggt 480
Lys Ser Pro Leu Pro Thr Leu Phe Thr Tyr Arg Pro Lys Trp Glu Gly
145 150 155 160

ggt cag tat gaa ggt gat gaa aat gag aga cgg gat gtg ctt cgt ctg 528
Gly Gln Tyr Glu Gly Asp Glu Asn Glu Arg Arg Asp Val Leu Arg Leu
165 170 175

gcc atg gag ttg gga gct gat tat att gat gtt gaa ctt cag gtg gca 576
Ala Met Glu Leu Gly Ala Asp Tyr Ile Asp Val Glu Leu Gln Val Ala
180 185 190

agt gag ttc atc aaa tct att gac gga aag aag cct gga aag ttc aaa 624
Ser Glu Phe Ile Lys Ser Ile Asp Gly Lys Lys Pro Gly Lys Phe Lys
195 200 205

gta att gtt tca tcg cac aac tat cag aat acc cct tct gtt gag gac 672
Val Ile Val Ser Ser His Asn Tyr Gln Asn Thr Pro Ser Val Glu Asp
210 215 220

ctt gat ggc ctt gtt gca aga ata caa cag act gga gcc gac att gtt 720
Leu Asp Gly Leu Val Ala Arg Ile Gln Gln Thr Gly Ala Asp Ile Val
225 230 235 240

aag att gct act act gct gtg gac att gca gat gtt gct cgc atg ttc 768
Lys Ile Ala Thr Thr Ala Val Asp Ile Ala Asp Val Ala Arg Met Phe
245 250 255

```
cat ata acc tca aaa gct caa gtt ccc aca att gga ctt gtt atg ggt                816
His Ile Thr Ser Lys Ala Gln Val Pro Thr Ile Gly Leu Val Met Gly
            260                 265                 270

gaa aga ggt ttg atg tct cgg att ctt tgt tcg aaa ttt ggt ggt tat                864
Glu Arg Gly Leu Met Ser Arg Ile Leu Cys Ser Lys Phe Gly Gly Tyr
        275                 280                 285

ttg acc ttt ggc acc tta gat tct agt aaa gtt tct gcg cca ggt caa                912
Leu Thr Phe Gly Thr Leu Asp Ser Ser Lys Val Ser Ala Pro Gly Gln
    290                 295                 300

cca acg atc aag gat ctg ttg gat ctt tac aac ttt aga aga att ggt                960
Pro Thr Ile Lys Asp Leu Leu Asp Leu Tyr Asn Phe Arg Arg Ile Gly
305                 310                 315                 320

cct gac aca aag gta tat gga att att ggc aag cct gtc agc cac agc               1008
Pro Asp Thr Lys Val Tyr Gly Ile Ile Gly Lys Pro Val Ser His Ser
                325                 330                 335

aaa tca cct att gtt cac aat caa gct ttc aaa tca gtt gat ttt aat               1056
Lys Ser Pro Ile Val His Asn Gln Ala Phe Lys Ser Val Asp Phe Asn
            340                 345                 350

gga gta tat gtc cac ctg tta gtt gat aat ctt gta agc ttt ctt caa               1104
Gly Val Tyr Val His Leu Leu Val Asp Asn Leu Val Ser Phe Leu Gln
        355                 360                 365

gca tac tca tcc tct gat ttc gct gga ttc agc tgt aca att ccg cac               1152
Ala Tyr Ser Ser Ser Asp Phe Ala Gly Phe Ser Cys Thr Ile Pro His
    370                 375                 380

aaa gaa gct gca ttg caa tgt tgt gat gaa gtt gat cca ttg gca aag               1200
Lys Glu Ala Ala Leu Gln Cys Cys Asp Glu Val Asp Pro Leu Ala Lys
385                 390                 395                 400

tct ata gga gct gtg aac act ata cta agg aga aaa agt gac gga aag               1248
Ser Ile Gly Ala Val Asn Thr Ile Leu Arg Arg Lys Ser Asp Gly Lys
                405                 410                 415

ttg ttg ggt tac aac aca gat tgt att ggt tcc att tct gct att gag               1296
Leu Leu Gly Tyr Asn Thr Asp Cys Ile Gly Ser Ile Ser Ala Ile Glu
            420                 425                 430

gat ggc cta cga agt tca ggt gat cca agc agt gta cct tct tct tct               1344
Asp Gly Leu Arg Ser Ser Gly Asp Pro Ser Ser Val Pro Ser Ser Ser
        435                 440                 445
```

```
tcg cca ttg gcc agt aaa aca gtg gtg gtt att ggt gct ggt gga gca      1392
Ser Pro Leu Ala Ser Lys Thr Val Val Val Ile Gly Ala Gly Gly Ala
    450                 455                 460

ggc aag gct ctt gct tat ggt gca aaa gaa aag ggg gcc aaa gtt gta      1440
Gly Lys Ala Leu Ala Tyr Gly Ala Lys Glu Lys Gly Ala Lys Val Val
465                 470                 475                 480

att gct aat cga act tac gaa cga gca cta gaa ctc gca gaa gca ata      1488
Ile Ala Asn Arg Thr Tyr Glu Arg Ala Leu Glu Leu Ala Glu Ala Ile
                485                 490                 495

gga ggc aaa gcg tta tct ctg aca gat tta gat aac tat cac cca gaa      1536
Gly Gly Lys Ala Leu Ser Leu Thr Asp Leu Asp Asn Tyr His Pro Glu
            500                 505                 510

gat ggc atg gtt ttg gca aac aca aca tct atg ggt atg caa cca aat      1584
Asp Gly Met Val Leu Ala Asn Thr Thr Ser Met Gly Met Gln Pro Asn
        515                 520                 525

gtt gag gag act cca att tct aag gat gca ttg aag cac tat gca ctg      1632
Val Glu Glu Thr Pro Ile Ser Lys Asp Ala Leu Lys His Tyr Ala Leu
    530                 535                 540

gtc ttt gat gcg gta tac act ccg aga atc acc aga ctg ttg agg gaa      1680
Val Phe Asp Ala Val Tyr Thr Pro Arg Ile Thr Arg Leu Leu Arg Glu
545                 550                 555                 560

gca gaa gaa agt gga gcc ata act gtc tca ggg tca gag atg ttt gtc      1728
Ala Glu Glu Ser Gly Ala Ile Thr Val Ser Gly Ser Glu Met Phe Val
                565                 570                 575

agg cag gct tac gag cag ttt gag atc ttc acc ggt tta ccc gct cca      1776
Arg Gln Ala Tyr Glu Gln Phe Glu Ile Phe Thr Gly Leu Pro Ala Pro
            580                 585                 590

aag gaa ctc tac tgg caa ata atg tca aag tac tga                     1812
Lys Glu Leu Tyr Trp Gln Ile Met Ser Lys Tyr
        595                 600
```

<210> 96
<211> 603
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 96

Met Ala Ala Ser Ser Thr Asn Ala Arg Leu Thr Asn Pro Pro Arg Leu
1 5 10 15

Leu Ser Lys Pro Arg Leu Ser Pro Thr Ser Val Ala Asn Leu Arg Phe
20 25 30

Pro Ala Ala Asp Phe Ser Thr Arg Phe Phe Ala Asp Ser Ser Ser Pro
35 40 45

Arg Leu Arg Ser Val Pro Phe Pro Val Val Phe Ser Asp Gln Arg Arg
50 55 60

Arg Arg Ser Met Glu Pro Ser Asn Val Tyr Val Ala Ser Asn Ser Thr
65 70 75 80

Glu Met Glu Ile Gly Ser His Asp Ile Val Lys Asn Pro Ser Leu Ile
85 90 95

Cys Ala Pro Val Met Ala Asp Ser Ile Asp Lys Met Val Ile Glu Thr
100 105 110

Ser Lys Ala His Glu Leu Gly Ala Asp Leu Val Glu Ile Arg Leu Asp
115 120 125

Trp Leu Lys Asp Phe Asn Pro Leu Glu Asp Leu Lys Thr Ile Ile Lys
130 135 140

Lys Ser Pro Leu Pro Thr Leu Phe Thr Tyr Arg Pro Lys Trp Glu Gly
145 150 155 160

Gly Gln Tyr Glu Gly Asp Glu Asn Glu Arg Arg Asp Val Leu Arg Leu
165 170 175

Ala Met Glu Leu Gly Ala Asp Tyr Ile Asp Val Glu Leu Gln Val Ala

180 185 190

Ser Glu Phe Ile Lys Ser Ile Asp Gly Lys Lys Pro Gly Lys Phe Lys
195 200 205

Val Ile Val Ser Ser His Asn Tyr Gln Asn Thr Pro Ser Val Glu Asp
210 215 220

Leu Asp Gly Leu Val Ala Arg Ile Gln Gln Thr Gly Ala Asp Ile Val
225 230 235 240

Lys Ile Ala Thr Thr Ala Val Asp Ile Ala Asp Val Ala Arg Met Phe
245 250 255

His Ile Thr Ser Lys Ala Gln Val Pro Thr Ile Gly Leu Val Met Gly
260 265 270

Glu Arg Gly Leu Met Ser Arg Ile Leu Cys Ser Lys Phe Gly Gly Tyr
275 280 285

Leu Thr Phe Gly Thr Leu Asp Ser Ser Lys Val Ser Ala Pro Gly Gln
290 295 300

Pro Thr Ile Lys Asp Leu Leu Asp Leu Tyr Asn Phe Arg Arg Ile Gly
305 310 315 320

Pro Asp Thr Lys Val Tyr Gly Ile Ile Gly Lys Pro Val Ser His Ser
325 330 335

Lys Ser Pro Ile Val His Asn Gln Ala Phe Lys Ser Val Asp Phe Asn
340 345 350

Gly Val Tyr Val His Leu Leu Val Asp Asn Leu Val Ser Phe Leu Gln
355 360 365

Ala Tyr Ser Ser Ser Asp Phe Ala Gly Phe Ser Cys Thr Ile Pro His
370 375 380

Lys Glu Ala Ala Leu Gln Cys Cys Asp Glu Val Asp Pro Leu Ala Lys
385 390 395 400

Ser Ile Gly Ala Val Asn Thr Ile Leu Arg Arg Lys Ser Asp Gly Lys
405 410 415

Leu Leu Gly Tyr Asn Thr Asp Cys Ile Gly Ser Ile Ser Ala Ile Glu
420 425 430

Asp Gly Leu Arg Ser Ser Gly Asp Pro Ser Ser Val Pro Ser Ser Ser
435 440 445

Ser Pro Leu Ala Ser Lys Thr Val Val Val Ile Gly Ala Gly Gly Ala
450 455 460

Gly Lys Ala Leu Ala Tyr Gly Ala Lys Glu Lys Gly Ala Lys Val Val
465 470 475 480

Ile Ala Asn Arg Thr Tyr Glu Arg Ala Leu Glu Leu Ala Glu Ala Ile
485 490 495

Gly Gly Lys Ala Leu Ser Leu Thr Asp Leu Asp Asn Tyr His Pro Glu
500 505 510

Asp Gly Met Val Leu Ala Asn Thr Thr Ser Met Gly Met Gln Pro Asn
515 520 525

Val Glu Glu Thr Pro Ile Ser Lys Asp Ala Leu Lys His Tyr Ala Leu
530 535 540

Val Phe Asp Ala Val Tyr Thr Pro Arg Ile Thr Arg Leu Leu Arg Glu
545 550 555 560

Ala Glu Glu Ser Gly Ala Ile Thr Val Ser Gly Ser Glu Met Phe Val
565 570 575

Arg Gln Ala Tyr Glu Gln Phe Glu Ile Phe Thr Gly Leu Pro Ala Pro
580 585 590

Lys Glu Leu Tyr Trp Gln Ile Met Ser Lys Tyr
595 600

<210> 97
<211> 1044
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1044)
<223> Gen (STT543), mã hóa oxygenaza phụ thuộc 2-oxoglutarat-và Fe (II)

<400> 97
atg gga gaa atc gat cca gaa ttc att caa gaa aca gaa tac agg cct 48
Met Gly Glu Ile Asp Pro Glu Phe Ile Gln Glu Thr Glu Tyr Arg Pro
1 5 10 15

aaa ttc aaa aca ata gaa gct gat gaa gaa atc cca gtt att gat ctc 96
Lys Phe Lys Thr Ile Glu Ala Asp Glu Glu Ile Pro Val Ile Asp Leu
20 25 30

tct gtt tcc act cca agt gcc aca aaa gaa gtt gtg tca aag att gga 144
Ser Val Ser Thr Pro Ser Ala Thr Lys Glu Val Val Ser Lys Ile Gly
35 40 45

gaa gcg tgc aag aag tgg gga ttt ttt caa gtg atc aat cat ggg gta 192
Glu Ala Cys Lys Lys Trp Gly Phe Phe Gln Val Ile Asn His Gly Val
50 55 60

ccg ttg gaa cta agg caa aag ata gag agg gta gca aaa gaa ttc ttt 240
Pro Leu Glu Leu Arg Gln Lys Ile Glu Arg Val Ala Lys Glu Phe Phe
65 70 75 80

gat caa ccg atg gag gaa aaa cgg aag gtg aag aga gat gag gtg aat 288

```
Asp Gln Pro Met Glu Glu Lys Arg Lys Val Lys Arg Asp Glu Val Asn
                85                  90                  95

cct atg ggg tat cat gat agt gag cac acc aaa aat att agg gac tgg      336
Pro Met Gly Tyr His Asp Ser Glu His Thr Lys Asn Ile Arg Asp Trp
            100                 105                 110

aag gag gtt ttt gac ttc ttg gtg gta gat cca act tta att cct gcc      384
Lys Glu Val Phe Asp Phe Leu Val Val Asp Pro Thr Leu Ile Pro Ala
        115                 120                 125

tct ggt gat cct gat gat aaa gag cta agg gct atg act aat caa tgg      432
Ser Gly Asp Pro Asp Asp Lys Glu Leu Arg Ala Met Thr Asn Gln Trp
    130                 135                 140

cca cac aaa cct tct gaa ttc agg gag ctg tgc caa gaa tat aca aga      480
Pro His Lys Pro Ser Glu Phe Arg Glu Leu Cys Gln Glu Tyr Thr Arg
145                 150                 155                 160

cag gtg gaa aaa cta gct ttc aag ttg ctg gag ctt atc tct ttg agc      528
Gln Val Glu Lys Leu Ala Phe Lys Leu Leu Glu Leu Ile Ser Leu Ser
                165                 170                 175

tta ggg ttg cct gct gat agg tta aat ggt tac ttc aaa gac caa atc      576
Leu Gly Leu Pro Ala Asp Arg Leu Asn Gly Tyr Phe Lys Asp Gln Ile
            180                 185                 190

agc ttt gct agg ttc aac cat tac cct cct tgt cct gca ccc cac cta      624
Ser Phe Ala Arg Phe Asn His Tyr Pro Pro Cys Pro Ala Pro His Leu
        195                 200                 205

gct ctt ggt gta ggt agg cac aag gat gga ggt gcc ttg acg gtc tta      672
Ala Leu Gly Val Gly Arg His Lys Asp Gly Gly Ala Leu Thr Val Leu
    210                 215                 220

tcc caa gat gat gtt gga ggg ctg caa ata ggc cgc aga tca gat gga      720
Ser Gln Asp Asp Val Gly Gly Leu Gln Ile Gly Arg Arg Ser Asp Gly
225                 230                 235                 240

gaa tgg atc cct gtt aaa cca att cca gat gcc ttt atc atc aat att      768
Glu Trp Ile Pro Val Lys Pro Ile Pro Asp Ala Phe Ile Ile Asn Ile
                245                 250                 255

ggt aat tgt atg cag gtt tgg agc aat gac ttg tac tgg agt gca gag      816
Gly Asn Cys Met Gln Val Trp Ser Asn Asp Leu Tyr Trp Ser Ala Glu
            260                 265                 270
```

```
cat aga gtg gtg gtg aat tct caa agg gaa agg ttc tcg ata cca ttc      864
His Arg Val Val Val Asn Ser Gln Arg Glu Arg Phe Ser Ile Pro Phe
        275                 280                 285

ttc ttt ttc cca tcc caa tat gtt gat att aag cca ctg gat gag cta      912
Phe Phe Phe Pro Ser Gln Tyr Val Asp Ile Lys Pro Leu Asp Glu Leu
    290                 295                 300

att aat gag caa aac ctt gca aag tac aag gaa ttc aac tgg gga aaa      960
Ile Asn Glu Gln Asn Leu Ala Lys Tyr Lys Glu Phe Asn Trp Gly Lys
305                 310                 315                 320

ttc ttt gcc agt aga aac cgc agt gat tat aaa aaa cgt gaa gtg gaa     1008
Phe Phe Ala Ser Arg Asn Arg Ser Asp Tyr Lys Lys Arg Glu Val Glu
                325                 330                 335

aac atc caa atc gat cac ttt aag gta cca gag tga                     1044
Asn Ile Gln Ile Asp His Phe Lys Val Pro Glu
            340                 345
```

<210> 98
<211> 347
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 98

```
Met Gly Glu Ile Asp Pro Glu Phe Ile Gln Glu Thr Glu Tyr Arg Pro
1               5                   10                  15

Lys Phe Lys Thr Ile Glu Ala Asp Glu Glu Ile Pro Val Ile Asp Leu
            20                  25                  30

Ser Val Ser Thr Pro Ser Ala Thr Lys Glu Val Val Ser Lys Ile Gly
        35                  40                  45

Glu Ala Cys Lys Lys Trp Gly Phe Phe Gln Val Ile Asn His Gly Val
    50                  55                  60

Pro Leu Glu Leu Arg Gln Lys Ile Glu Arg Val Ala Lys Glu Phe Phe
65                  70                  75                  80
```

Asp Gln Pro Met Glu Glu Lys Arg Lys Val Lys Arg Asp Glu Val Asn
85 90 95

Pro Met Gly Tyr His Asp Ser Glu His Thr Lys Asn Ile Arg Asp Trp
100 105 110

Lys Glu Val Phe Asp Phe Leu Val Val Asp Pro Thr Leu Ile Pro Ala
115 120 125

Ser Gly Asp Pro Asp Asp Lys Glu Leu Arg Ala Met Thr Asn Gln Trp
130 135 140

Pro His Lys Pro Ser Glu Phe Arg Glu Leu Cys Gln Glu Tyr Thr Arg
145 150 155 160

Gln Val Glu Lys Leu Ala Phe Lys Leu Leu Glu Leu Ile Ser Leu Ser
165 170 175

Leu Gly Leu Pro Ala Asp Arg Leu Asn Gly Tyr Phe Lys Asp Gln Ile
180 185 190

Ser Phe Ala Arg Phe Asn His Tyr Pro Pro Cys Pro Ala Pro His Leu
195 200 205

Ala Leu Gly Val Gly Arg His Lys Asp Gly Gly Ala Leu Thr Val Leu
210 215 220

Ser Gln Asp Asp Val Gly Gly Leu Gln Ile Gly Arg Arg Ser Asp Gly
225 230 235 240

Glu Trp Ile Pro Val Lys Pro Ile Pro Asp Ala Phe Ile Ile Asn Ile
245 250 255

Gly Asn Cys Met Gln Val Trp Ser Asn Asp Leu Tyr Trp Ser Ala Glu
260 265 270

His Arg Val Val Val Asn Ser Gln Arg Glu Arg Phe Ser Ile Pro Phe
275 280 285

Phe Phe Phe Pro Ser Gln Tyr Val Asp Ile Lys Pro Leu Asp Glu Leu
290 295 300

Ile Asn Glu Gln Asn Leu Ala Lys Tyr Lys Glu Phe Asn Trp Gly Lys
305 310 315 320

Phe Phe Ala Ser Arg Asn Arg Ser Asp Tyr Lys Lys Arg Glu Val Glu
325 330 335

Asn Ile Gln Ile Asp His Phe Lys Val Pro Glu
340 345

<210> 99
<211> 1041
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1041)
<223> Gen (Eucgr.I01206), mã hóa protein liên họ oxygenaza phụ thuộc 2-oxoglutarat (2OG) và Fe(II)

<400> 99
atg ggt gct ctc gac gct gcc ttc atc caa gaa gcc gag cag agg ccc 48
Met Gly Ala Leu Asp Ala Ala Phe Ile Gln Glu Ala Glu Gln Arg Pro
1 5 10 15

gac ctc aag atg gtg gaa ggc gaa ggc atc ccc atg atc gac ctc tcc 96
Asp Leu Lys Met Val Glu Gly Glu Gly Ile Pro Met Ile Asp Leu Ser
20 25 30

gac tcg ccc gcc cgg acc cgg gaa gag ctc gcc gcg gag atc ggg gac 144
Asp Ser Pro Ala Arg Thr Arg Glu Glu Leu Ala Ala Glu Ile Gly Asp
35 40 45

```
gcg tgc aag aag tgg ggc ttc ttc cag gtg gtc aac cac ggg gtc ccc      192
Ala Cys Lys Lys Trp Gly Phe Phe Gln Val Val Asn His Gly Val Pro
    50                  55                  60

ctg ggc ctc cgc aag agg gtg gag gag ctg gtc aag gag ttc ttc gat      240
Leu Gly Leu Arg Lys Arg Val Glu Glu Leu Val Lys Glu Phe Phe Asp
65                  70                  75                  80

cag ccc ccc gag gag aag gag aaa gtg aag agg gac gag gtc cat ccc      288
Gln Pro Pro Glu Glu Lys Glu Lys Val Lys Arg Asp Glu Val His Pro
                85                  90                  95

atg ggg tac cac gac agc gaa cac acc aag aac gtg agg gac tgg aag      336
Met Gly Tyr His Asp Ser Glu His Thr Lys Asn Val Arg Asp Trp Lys
            100                 105                 110

gag gtc ttc gat ttc ttc ttg cag gac ccc act ctg atc cct gct ctg      384
Glu Val Phe Asp Phe Phe Leu Gln Asp Pro Thr Leu Ile Pro Ala Leu
        115                 120                 125

tct cac ccc gag gac aag tcc ctg agg aag ctg acc aat cag tgg ccc      432
Ser His Pro Glu Asp Lys Ser Leu Arg Lys Leu Thr Asn Gln Trp Pro
    130                 135                 140

caa agc ccc ccg caa ttc aga gag acg tgt gag gag tat gca aga gaa      480
Gln Ser Pro Pro Gln Phe Arg Glu Thr Cys Glu Glu Tyr Ala Arg Glu
145                 150                 155                 160

gtg gag aac ctt gcg ttt aag ttg ctg gag ctg atc tct ctc agt ttg      528
Val Glu Asn Leu Ala Phe Lys Leu Leu Glu Leu Ile Ser Leu Ser Leu
                165                 170                 175

ggg ctg cca gcg gat aaa ttt aat ggc tac ttc aaa gag cag acc agc      576
Gly Leu Pro Ala Asp Lys Phe Asn Gly Tyr Phe Lys Glu Gln Thr Ser
            180                 185                 190

ttt ctc agg ttc aat cac tat cct ccg tgc ccc cag cct gag ttg gct      624
Phe Leu Arg Phe Asn His Tyr Pro Pro Cys Pro Gln Pro Glu Leu Ala
        195                 200                 205

ctc ggg gtt ggc cga cac aag gat ggt ggg gcc ctg acc gtt ctt tcc      672
Leu Gly Val Gly Arg His Lys Asp Gly Gly Ala Leu Thr Val Leu Ser
    210                 215                 220

caa gac tct gtg gga ggc ctc cag ata cag cgg aga tca gat gga gag      720
Gln Asp Ser Val Gly Gly Leu Gln Ile Gln Arg Arg Ser Asp Gly Glu
225                 230                 235                 240
```

```
tgg att tca ata agg ccg aca cct gat gct tat gta atc aat ctt ggc          768
Trp Ile Ser Ile Arg Pro Thr Pro Asp Ala Tyr Val Ile Asn Leu Gly
                245                 250                 255

aat gct atg cag gtt tgg acg aac gac ttg tac tgg agc gcg gag cac          816
Asn Ala Met Gln Val Trp Thr Asn Asp Leu Tyr Trp Ser Ala Glu His
            260                 265                 270

aga gtg gtg gtt aac aca gag aag gag aga ttc tcc gtt cct ttt ttc          864
Arg Val Val Val Asn Thr Glu Lys Glu Arg Phe Ser Val Pro Phe Phe
        275                 280                 285

ttc ttc cca ggc cat caa gtc tcg gtg aag cca ctg gac gag ata acg          912
Phe Phe Pro Gly His Gln Val Ser Val Lys Pro Leu Asp Glu Ile Thr
    290                 295                 300

aac gag gag aat cct ccc aag tac aag gag ttc aac tgg ggc gtg ttc          960
Asn Glu Glu Asn Pro Pro Lys Tyr Lys Glu Phe Asn Trp Gly Val Phe
305                 310                 315                 320

ttc gcg atg aga aac cga agc gac tac aag aag caa gag gtc gag aac         1008
Phe Ala Met Arg Asn Arg Ser Asp Tyr Lys Lys Gln Glu Val Glu Asn
                325                 330                 335

atc caa atc gac cat ttc aag gta tcg gag tga                             1041
Ile Gln Ile Asp His Phe Lys Val Ser Glu
            340                 345
```

<210> 100
<211> 346
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 100

```
Met Gly Ala Leu Asp Ala Ala Phe Ile Gln Glu Ala Glu Gln Arg Pro
1               5                  10                  15

Asp Leu Lys Met Val Glu Gly Glu Gly Ile Pro Met Ile Asp Leu Ser
            20                  25                  30

Asp Ser Pro Ala Arg Thr Arg Glu Glu Leu Ala Ala Glu Ile Gly Asp
        35                  40                  45
```

Ala Cys Lys Lys Trp Gly Phe Phe Gln Val Val Asn His Gly Val Pro
50 55 60

Leu Gly Leu Arg Lys Arg Val Glu Glu Leu Val Lys Glu Phe Phe Asp
65 70 75 80

Gln Pro Pro Glu Glu Lys Glu Lys Val Lys Arg Asp Glu Val His Pro
85 90 95

Met Gly Tyr His Asp Ser Glu His Thr Lys Asn Val Arg Asp Trp Lys
100 105 110

Glu Val Phe Asp Phe Phe Leu Gln Asp Pro Thr Leu Ile Pro Ala Leu
115 120 125

Ser His Pro Glu Asp Lys Ser Leu Arg Lys Leu Thr Asn Gln Trp Pro
130 135 140

Gln Ser Pro Pro Gln Phe Arg Glu Thr Cys Glu Glu Tyr Ala Arg Glu
145 150 155 160

Val Glu Asn Leu Ala Phe Lys Leu Leu Glu Leu Ile Ser Leu Ser Leu
165 170 175

Gly Leu Pro Ala Asp Lys Phe Asn Gly Tyr Phe Lys Glu Gln Thr Ser
180 185 190

Phe Leu Arg Phe Asn His Tyr Pro Pro Cys Pro Gln Pro Glu Leu Ala
195 200 205

Leu Gly Val Gly Arg His Lys Asp Gly Gly Ala Leu Thr Val Leu Ser
210 215 220

Gln Asp Ser Val Gly Gly Leu Gln Ile Gln Arg Arg Ser Asp Gly Glu

225 230 235 240

Trp Ile Ser Ile Arg Pro Thr Pro Asp Ala Tyr Val Ile Asn Leu Gly
245 250 255

Asn Ala Met Gln Val Trp Thr Asn Asp Leu Tyr Trp Ser Ala Glu His
260 265 270

Arg Val Val Val Asn Thr Glu Lys Glu Arg Phe Ser Val Pro Phe Phe
275 280 285

Phe Phe Pro Gly His Gln Val Ser Val Lys Pro Leu Asp Glu Ile Thr
290 295 300

Asn Glu Glu Asn Pro Pro Lys Tyr Lys Glu Phe Asn Trp Gly Val Phe
305 310 315 320

Phe Ala Met Arg Asn Arg Ser Asp Tyr Lys Lys Gln Glu Val Glu Asn
325 330 335

Ile Gln Ile Asp His Phe Lys Val Ser Glu
340 345

<210> 101
<211> 1059
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1059)
<223> Gen (AT3G19000), mã hóa protein liên họ oxygenaza phụ thuộc 2-oxoglutarat (2OG) và Fe(II)

<400> 101
atg gga gaa ctc gac gaa gct ttt atc caa gct cca gaa cac aga ccc 48
Met Gly Glu Leu Asp Glu Ala Phe Ile Gln Ala Pro Glu His Arg Pro
1 5 10 15

```
aac act cac ctc aca aac tcc ggt gat ttc att ttc tcc gac gag atc                96
Asn Thr His Leu Thr Asn Ser Gly Asp Phe Ile Phe Ser Asp Glu Ile
            20                  25                  30

ccg acc atc gac ctc tct tct ctc gaa gat act cat cat gac aag act               144
Pro Thr Ile Asp Leu Ser Ser Leu Glu Asp Thr His His Asp Lys Thr
        35                  40                  45

gcg atc gcc aag gag att gca gag gca tgc aag aga tgg gga ttt ttt               192
Ala Ile Ala Lys Glu Ile Ala Glu Ala Cys Lys Arg Trp Gly Phe Phe
    50                  55                  60

caa gtg atc aac cat ggc ttg cct tca gct tta agg cat cgt gta gag               240
Gln Val Ile Asn His Gly Leu Pro Ser Ala Leu Arg His Arg Val Glu
65                  70                  75                  80

aag aca gct gct gag ttt ttc aat cta acg acg gag gag aag agg aaa               288
Lys Thr Ala Ala Glu Phe Phe Asn Leu Thr Thr Glu Glu Lys Arg Lys
                85                  90                  95

gtg aaa aga gac gaa gtg aat cct atg ggt tat cac gac gaa gaa cac               336
Val Lys Arg Asp Glu Val Asn Pro Met Gly Tyr His Asp Glu Glu His
            100                 105                 110

act aag aac gtt aga gat tgg aag gaa att ttc gat ttc ttc tta caa               384
Thr Lys Asn Val Arg Asp Trp Lys Glu Ile Phe Asp Phe Phe Leu Gln
        115                 120                 125

gat tcc acg atc gtt ccg gcg tca ccg gag ccg gaa gat act gag ctc               432
Asp Ser Thr Ile Val Pro Ala Ser Pro Glu Pro Glu Asp Thr Glu Leu
    130                 135                 140

cga aag ctc acg aac cag tgg cct caa aac cct tct cat ttc aga gag               480
Arg Lys Leu Thr Asn Gln Trp Pro Gln Asn Pro Ser His Phe Arg Glu
145                 150                 155                 160

gta tgc caa gaa tat gca aga gaa gtt gag aag tta gct ttt agg cta               528
Val Cys Gln Glu Tyr Ala Arg Glu Val Glu Lys Leu Ala Phe Arg Leu
                165                 170                 175

ttg gaa ctt gtc tcc att agt ttg ggt cta cct ggt gat cgg cta acc               576
Leu Glu Leu Val Ser Ile Ser Leu Gly Leu Pro Gly Asp Arg Leu Thr
            180                 185                 190

ggt ttc ttc aat gag caa act agt ttt ttg cgg ttt aac cat tac cct               624
Gly Phe Phe Asn Glu Gln Thr Ser Phe Leu Arg Phe Asn His Tyr Pro
```

195 200 205

cct tgc ccg aac ccc gag cta gca tta ggt gtt gga cgt cac aaa gat 672
Pro Cys Pro Asn Pro Glu Leu Ala Leu Gly Val Gly Arg His Lys Asp
210 215 220

gga gga gct tta acc gtc ctg gcc caa gat agt gta ggt gga tta caa 720
Gly Gly Ala Leu Thr Val Leu Ala Gln Asp Ser Val Gly Gly Leu Gln
225 230 235 240

gtg agt cgt aga tcg gat gga caa tgg atc ccc gtg aaa ccg atc tcg 768
Val Ser Arg Arg Ser Asp Gly Gln Trp Ile Pro Val Lys Pro Ile Ser
245 250 255

gat gct ttg atc att aac atg ggc aat tgt att cag gtg tgg aca aat 816
Asp Ala Leu Ile Ile Asn Met Gly Asn Cys Ile Gln Val Trp Thr Asn
260 265 270

gat gag tat tgg agt gct gaa cat aga gtg gtc gtg aat aca agc aaa 864
Asp Glu Tyr Trp Ser Ala Glu His Arg Val Val Val Asn Thr Ser Lys
275 280 285

gag aga ttc tca ata cca ttc ttc ttc ttc cca tca cat gaa gcc aat 912
Glu Arg Phe Ser Ile Pro Phe Phe Phe Phe Pro Ser His Glu Ala Asn
290 295 300

att gag cca ttg gag gag ctt ata agt gag gaa aac ccg cct tgt tat 960
Ile Glu Pro Leu Glu Glu Leu Ile Ser Glu Glu Asn Pro Pro Cys Tyr
305 310 315 320

aaa aag tac aat tgg gga aag ttc ttt gtt tca aga aac aga agt gat 1008
Lys Lys Tyr Asn Trp Gly Lys Phe Phe Val Ser Arg Asn Arg Ser Asp
325 330 335

ttc aag aaa ctc gag gtt gag aat atc cag att gat cac ttc aag gct 1056
Phe Lys Lys Leu Glu Val Glu Asn Ile Gln Ile Asp His Phe Lys Ala
340 345 350

tag 1059

<210> 102
<211> 352
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 102

Met Gly Glu Leu Asp Glu Ala Phe Ile Gln Ala Pro Glu His Arg Pro
1 5 10 15

Asn Thr His Leu Thr Asn Ser Gly Asp Phe Ile Phe Ser Asp Glu Ile
20 25 30

Pro Thr Ile Asp Leu Ser Ser Leu Glu Asp Thr His His Asp Lys Thr
35 40 45

Ala Ile Ala Lys Glu Ile Ala Glu Ala Cys Lys Arg Trp Gly Phe Phe
50 55 60

Gln Val Ile Asn His Gly Leu Pro Ser Ala Leu Arg His Arg Val Glu
65 70 75 80

Lys Thr Ala Ala Glu Phe Phe Asn Leu Thr Thr Glu Glu Lys Arg Lys
85 90 95

Val Lys Arg Asp Glu Val Asn Pro Met Gly Tyr His Asp Glu Glu His
100 105 110

Thr Lys Asn Val Arg Asp Trp Lys Glu Ile Phe Asp Phe Phe Leu Gln
115 120 125

Asp Ser Thr Ile Val Pro Ala Ser Pro Glu Pro Glu Asp Thr Glu Leu
130 135 140

Arg Lys Leu Thr Asn Gln Trp Pro Gln Asn Pro Ser His Phe Arg Glu
145 150 155 160

Val Cys Gln Glu Tyr Ala Arg Glu Val Glu Lys Leu Ala Phe Arg Leu
165 170 175

Leu Glu Leu Val Ser Ile Ser Leu Gly Leu Pro Gly Asp Arg Leu Thr
180 185 190

Gly Phe Phe Asn Glu Gln Thr Ser Phe Leu Arg Phe Asn His Tyr Pro
195 200 205

Pro Cys Pro Asn Pro Glu Leu Ala Leu Gly Val Gly Arg His Lys Asp
210 215 220

Gly Gly Ala Leu Thr Val Leu Ala Gln Asp Ser Val Gly Gly Leu Gln
225 230 235 240

Val Ser Arg Arg Ser Asp Gly Gln Trp Ile Pro Val Lys Pro Ile Ser
245 250 255

Asp Ala Leu Ile Ile Asn Met Gly Asn Cys Ile Gln Val Trp Thr Asn
260 265 270

Asp Glu Tyr Trp Ser Ala Glu His Arg Val Val Val Asn Thr Ser Lys
275 280 285

Glu Arg Phe Ser Ile Pro Phe Phe Phe Phe Pro Ser His Glu Ala Asn
290 295 300

Ile Glu Pro Leu Glu Glu Leu Ile Ser Glu Glu Asn Pro Pro Cys Tyr
305 310 315 320

Lys Lys Tyr Asn Trp Gly Lys Phe Phe Val Ser Arg Asn Arg Ser Asp
325 330 335

Phe Lys Lys Leu Glu Val Glu Asn Ile Gln Ile Asp His Phe Lys Ala
340 345 350

<210> 103
<211> 1050
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1050)
<223> Gen (AT3G19010), mã hóa protein liên họ oxygenaza phụ thuộc 2-oxoglutarat (2OG) và Fe(II)

<400> 103

```
atg gag gat ctt gat cca acc tac atc caa gca cca gag cat aga tca      48
Met Glu Asp Leu Asp Pro Thr Tyr Ile Gln Ala Pro Glu His Arg Ser
1               5                  10                  15

gat tcg aat ttc atc cct aac caa cca gaa gaa ata ccc gtg att gat      96
Asp Ser Asn Phe Ile Pro Asn Gln Pro Glu Glu Ile Pro Val Ile Asp
            20                  25                  30

ctc tcg cgc ctc gat gac ccc gaa gat gtc caa aac gtt atc tca gag     144
Leu Ser Arg Leu Asp Asp Pro Glu Asp Val Gln Asn Val Ile Ser Glu
        35                  40                  45

atc ggt gat gct tgt gaa aaa tgg gga ttt ttt cag gtg ctt aat cat     192
Ile Gly Asp Ala Cys Glu Lys Trp Gly Phe Phe Gln Val Leu Asn His
    50                  55                  60

ggt gtg cct tct gac gca agg caa cgt gtg gag aag act gtg aag atg     240
Gly Val Pro Ser Asp Ala Arg Gln Arg Val Glu Lys Thr Val Lys Met
65                  70                  75                  80

ttt ttc gat ttg cct atg gaa gag aag ata aag gtg aag aga gac gat     288
Phe Phe Asp Leu Pro Met Glu Glu Lys Ile Lys Val Lys Arg Asp Asp
                85                  90                  95

gtg aat cct gta ggg tat cat gat gga gaa cac acc aag aac gtt aaa     336
Val Asn Pro Val Gly Tyr His Asp Gly Glu His Thr Lys Asn Val Lys
            100                 105                 110

gat tgg aaa gaa gtg ttt gat att tat ttc aaa gat cca atg gtc att     384
Asp Trp Lys Glu Val Phe Asp Ile Tyr Phe Lys Asp Pro Met Val Ile
        115                 120                 125

cct tca acc act gat cct gaa gat gaa ggc tta aga ctt gtt tac aac     432
Pro Ser Thr Thr Asp Pro Glu Asp Glu Gly Leu Arg Leu Val Tyr Asn
    130                 135                 140

aag tgg cct caa tct cct tct gat ttc agg gaa gca tgt gaa gta tat     480
Lys Trp Pro Gln Ser Pro Ser Asp Phe Arg Glu Ala Cys Glu Val Tyr
145                 150                 155                 160
```

```
gcg aga cac gct gaa aaa tta gcg ttc aag ctc ttg gaa ctg att tcg                528
Ala Arg His Ala Glu Lys Leu Ala Phe Lys Leu Leu Glu Leu Ile Ser
                165                 170                 175

tta agc tta ggc ttg cca aaa gag cgt ttt cat gac tac ttc aaa gaa                576
Leu Ser Leu Gly Leu Pro Lys Glu Arg Phe His Asp Tyr Phe Lys Glu
            180                 185                 190

caa atg agt ttt ttc agg ata aat cgt tat cca cca tgt cca aga cct                624
Gln Met Ser Phe Phe Arg Ile Asn Arg Tyr Pro Pro Cys Pro Arg Pro
        195                 200                 205

gac cta gct tta ggt gtt ggt cac cac aaa gat gcc gac gtt att agt                672
Asp Leu Ala Leu Gly Val Gly His His Lys Asp Ala Asp Val Ile Ser
    210                 215                 220

cta ttg gct caa gat gat gtt gga gga tta caa gtt agt cgt aga tcg                720
Leu Leu Ala Gln Asp Asp Val Gly Gly Leu Gln Val Ser Arg Arg Ser
225                 230                 235                 240

gac ggt gtt tgg ttt ccg att aga ccc gtc cct aat gct ctt gtc atc                768
Asp Gly Val Trp Phe Pro Ile Arg Pro Val Pro Asn Ala Leu Val Ile
                245                 250                 255

aat ata ggc aat tgt atg gag ata tgg acg aat gac aag tat tgg agt                816
Asn Ile Gly Asn Cys Met Glu Ile Trp Thr Asn Asp Lys Tyr Trp Ser
            260                 265                 270

gct gaa cat aga gtg gtg gtg aac aca aca aga gag aga tac tcg ata                864
Ala Glu His Arg Val Val Val Asn Thr Thr Arg Glu Arg Tyr Ser Ile
        275                 280                 285

cca ttc ttc ttg ttg cct tca cac gat gtg gaa gtg aag cca tta gaa                912
Pro Phe Phe Leu Leu Pro Ser His Asp Val Glu Val Lys Pro Leu Glu
    290                 295                 300

gaa ctt gtg agt cct gaa aac cct cca aaa tac aaa ggc tat aaa tgg                960
Glu Leu Val Ser Pro Glu Asn Pro Pro Lys Tyr Lys Gly Tyr Lys Trp
305                 310                 315                 320

ggt aag ttc tac gtc agt agg aat aga agc gat ttt cga aaa ctg gaa               1008
Gly Lys Phe Tyr Val Ser Arg Asn Arg Ser Asp Phe Arg Lys Leu Glu
                325                 330                 335

atc gaa aac atc caa atc gat gac ttc aaa gtt aaa act taa                       1050
Ile Glu Asn Ile Gln Ile Asp Asp Phe Lys Val Lys Thr
```

340 345

<210> 104
<211> 349
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 104

Met Glu Asp Leu Asp Pro Thr Tyr Ile Gln Ala Pro Glu His Arg Ser
1 5 10 15

Asp Ser Asn Phe Ile Pro Asn Gln Pro Glu Glu Ile Pro Val Ile Asp
20 25 30

Leu Ser Arg Leu Asp Asp Pro Glu Asp Val Gln Asn Val Ile Ser Glu
35 40 45

Ile Gly Asp Ala Cys Glu Lys Trp Gly Phe Phe Gln Val Leu Asn His
50 55 60

Gly Val Pro Ser Asp Ala Arg Gln Arg Val Glu Lys Thr Val Lys Met
65 70 75 80

Phe Phe Asp Leu Pro Met Glu Glu Lys Ile Lys Val Lys Arg Asp Asp
85 90 95

Val Asn Pro Val Gly Tyr His Asp Gly Glu His Thr Lys Asn Val Lys
100 105 110

Asp Trp Lys Glu Val Phe Asp Ile Tyr Phe Lys Asp Pro Met Val Ile
115 120 125

Pro Ser Thr Thr Asp Pro Glu Asp Glu Gly Leu Arg Leu Val Tyr Asn
130 135 140

Lys Trp Pro Gln Ser Pro Ser Asp Phe Arg Glu Ala Cys Glu Val Tyr

145 150 155 160

Ala Arg His Ala Glu Lys Leu Ala Phe Lys Leu Leu Glu Leu Ile Ser
165 170 175

Leu Ser Leu Gly Leu Pro Lys Glu Arg Phe His Asp Tyr Phe Lys Glu
180 185 190

Gln Met Ser Phe Phe Arg Ile Asn Arg Tyr Pro Pro Cys Pro Arg Pro
195 200 205

Asp Leu Ala Leu Gly Val Gly His His Lys Asp Ala Asp Val Ile Ser
210 215 220

Leu Leu Ala Gln Asp Asp Val Gly Gly Leu Gln Val Ser Arg Arg Ser
225 230 235 240

Asp Gly Val Trp Phe Pro Ile Arg Pro Val Pro Asn Ala Leu Val Ile
245 250 255

Asn Ile Gly Asn Cys Met Glu Ile Trp Thr Asn Asp Lys Tyr Trp Ser
260 265 270

Ala Glu His Arg Val Val Val Asn Thr Thr Arg Glu Arg Tyr Ser Ile
275 280 285

Pro Phe Phe Leu Leu Pro Ser His Asp Val Glu Val Lys Pro Leu Glu
290 295 300

Glu Leu Val Ser Pro Glu Asn Pro Pro Lys Tyr Lys Gly Tyr Lys Trp
305 310 315 320

Gly Lys Phe Tyr Val Ser Arg Asn Arg Ser Asp Phe Arg Lys Leu Glu
325 330 335

Ile Glu Asn Ile Gln Ile Asp Asp Phe Lys Val Lys Thr
340 345

<210> 105
<211> 621
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(621)
<223> Gen (STT793), mã hóa protein gắn kết GTP

<400> 105
atg cct tcc cgt aga aga act ctc ttg aag gtt atc atc ctc ggc gac 48
Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

agc ggg gta gga aag acc tct ttg atg aat caa tat gta aat aag aag 96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
20 25 30

ttt agc aat caa tac aag gcg aca att gga gca gat ttt ttg act aag 144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

gaa gtt cag ttt gaa gat agg ctc ttc act tta cag att tgg gat act 192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

gct ggg cag gaa aga ttc caa agc ctt ggt gtt gct ttc tat cgt ggt 240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

gct gat tgt tgt gtc ctt gta tat gat gtc aac tcg atg aaa tct ttc 288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Met Lys Ser Phe
85 90 95

gac cat ctt aat aat tgg agg gaa gaa ttc ctc att cag gca agt cct 336
Asp His Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

tca gac cca gag aat ttc cca ttt gtt gtt ctt gga aac aag gtc gat 384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Val Asp
115 120 125

```
gtg gat ggt gga aat agc aga gtg gtt tca gag aaa aag gca cgg gca          432
Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
    130                 135                 140

tgg tgt gct tcg aaa ggg aat atc cct tac ttt gag acc tct gcc aag          480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160

gaa ggt gtt aat gtt gag gaa gct ttc caa tgc ata gca aag aat gcc          528
Glu Gly Val Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
                165                 170                 175

ctg aag agt gga gaa gag gaa gaa ata tac ttg cca gac acc att gat          576
Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
            180                 185                 190

gtt gga agc agc agt cag cct agg tca acg gga tgc gag tgc taa              621
Val Gly Ser Ser Ser Gln Pro Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
        195                 200                 205
```

<210> 106
<211> 206
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 106

```
Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                   10                  15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
            20                  25                  30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80
```

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Met Lys Ser Phe
85 90 95

Asp His Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Val Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Val Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Gly Ser Ser Ser Gln Pro Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 107
<211> 621
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(621)
<223> Gen (Potri.009G115000), mã hóa yếu tố tương tự với protein gắn kết GTP liên quan đến RAS. [ORG:Pisum sativum]; [co-ortholog (1trong số2) của At1g49300, At3g18820, S33531, AAQ72787, P31022, CAA98170, CAA46600

<400> 107

```
atg cct tcc cgt aga aga act ctc ttg aag gtc atc atc ctc gga gac      48
Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                  10                  15

agc ggg gta gga aag acc tct ttg atg aat caa tat gta aac aag aag      96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
            20                  25                  30

ttt agc aat caa tac aag gcg aca att gga gct gat ttc ttg act aag     144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

gaa gtt cag ttt gaa gat agg ctc ttc act tta cag atc tgg gat act     192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

gct ggg cag gaa aga ttc caa agc ctc ggt gtt gct ttc tat cgt ggt     240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gct gat tgt tgt gtt ctt gta tat gat gtc aat tcg atg aaa tct ttt     288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gat aac ctt aat aat tgg agg gaa gaa ttc ctc att cag gca agc cct     336
Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
            100                 105                 110

tca gac cca gag aat ttc cca ttt gtt gtt ctt gga aac aag gtc gac     384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Val Asp
        115                 120                 125

gtg gat ggt gga aat agc aga gtg gtt tca gag aaa aag gca cgg gca     432
Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
    130                 135                 140

tgg tgt gcc tcg aaa ggg aat atc cct tac ttt gaa acc tct gcc aag     480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160

gaa ggc att aat gtt gag gaa gct ttc caa tgc ata gca aag aat gcc     528
Glu Gly Ile Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
                165                 170                 175

ctg aag agt ggg gaa gag gaa gag ata tac ttg cca gat acc att gat     576
Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
```

180 185 190

gtt gga act agt agt caa cct agg tca act gga tgt gag tgc taa 621
Val Gly Thr Ser Ser Gln Pro Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 108
<211> 206
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 108

Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Met Lys Ser Phe
85 90 95

Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Val Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala

130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Ile Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Gly Thr Ser Ser Gln Pro Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 109
<211> 624
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(624)
<223> Gen (Potri.003G053400), mã hóa ortholog GTPaza liên quan đến Ras của O24461,At1g52280,AAB71504

<400> 109
atg gct tct cgc aga cgc atg ctc ttg aag gtt ata att ctc ggt gac 48
Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

agc ggg gta ggc aag aca tcg ctg atg aat cag tat gtg aat cga aag 96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
20 25 30

ttc agt aat caa tac aag gca aca ata gga gct gac ttt tta acc aaa 144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

gaa gtt cag ttt gag gat aga atg ttc aca tta cag ata tgg gat act 192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Met Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

```
gca gga caa gag agg ttt caa agt ctt gga gtg gct ttc tat cgt ggc          240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gcg gac tgc tgt gtt ctt gtg tat gat gtg aat gtc atg aag tca ttt          288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gac aat ctt aac aat tgg aga gag gag ttt ctg att cag gca agt cca          336
Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
            100                 105                 110

tct gac cct gaa aac ttc cca ttt gtt gtg ttg ggg aac aag ata gat          384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
        115                 120                 125

gtt gat gga ggc aat agt cga gtg gtt tct gag aag aaa gca aag gca          432
Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
    130                 135                 140

tgg tgt gct gct aag gga aac ata ccc tac ttt gag act tct gca aaa          480
Trp Cys Ala Ala Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160

gaa ggt ttc aat gtg gat gct gca ttt cag tgt ata gca aaa aat gcg          528
Glu Gly Phe Asn Val Asp Ala Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
                165                 170                 175

ctt aag aat gaa cct gaa gaa gaa ata tac ctt cct gac acc atc gat          576
Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
            180                 185                 190

gtt ggg ggt ggg ggg cga caa caa aca tct acc ggt tgc gaa tgt tga          624
Val Gly Gly Gly Gly Arg Gln Gln Thr Ser Thr Gly Cys Glu Cys
        195                 200                 205
```

<210> 110
<211> 207
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 110

```
Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                  10                  15
```

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Met Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
85 90 95

Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ala Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Phe Asn Val Asp Ala Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Gly Gly Gly Gly Arg Gln Gln Thr Ser Thr Gly Cys Glu Cys

195 200 205

<210> 111
<211> 624
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(624)
<223> Gen (Potri.001G182900), mã hóa protein họ gắn kết GTP liên quan đến Ras; [ortholog của At3g16100

<400> 111

```
atg gct act cgt aga cgc atg ctc ttg aag gtt ata att ctc ggt gac          48
Met Ala Thr Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                  10                  15

agc ggg gta ggc aag aca tca cta atg aat cag tat gtg aat cga aag          96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
            20                  25                  30

ttc agt aat caa tac aag gcg acg ata gga gct gac ttc tta acc aaa         144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

gaa gtc cat ttt gag gat aga ttg ttc aca ttg cag ata tgg gat act         192
Glu Val His Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

gca gga caa gag agg ttt caa agt ctt gga gtg gct ttc tac cgt ggt         240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gca gac tgt tgt gtt ctt gtg cat gat gtg aat gtc atg aag tca ttt         288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val His Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gag aat ctt aat aat tgg cga gaa gag ttt ctg att cag gct agc cca         336
Glu Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
            100                 105                 110

tcc gac cct gaa aac ttc cca ttt gtt gtg ttg ggg aac aag ata gat         384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
        115                 120                 125
```

gtt gat gga ggc aat agt cga gtg gtt tct gag aag aaa gcg aag gca 432
Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

tgg tgc gct gct aag gga aac ata cct tac ttt gag act tcc gca aaa 480
Trp Cys Ala Ala Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

gaa ggc ttc aat gtg gac gct gca ttt cag tgt ata gca aaa aat gcg 528
Glu Gly Phe Asn Val Asp Ala Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

ctt aag aat gaa cct gaa gaa gaa ata tac ctt cct gac acc att gat 576
Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

gtt gcg ggt gga ggg cga caa caa acg tcc acc ggg tgc gaa tgt tga 624
Val Ala Gly Gly Gly Arg Gln Gln Thr Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 112
<211> 207
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 112

Met Ala Thr Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val His Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val His Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
85 90 95

Glu Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ala Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Phe Asn Val Asp Ala Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Ala Gly Gly Gly Arg Gln Gln Thr Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 113
<211> 609
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(609)
<223> Gen (Eucgr.G00442), mã hóa protein liên quan đến Ras Rab-7A

<400> 113
atg ccg tcc cgc cgg aga acg ctc ctc aag gtc atc atc ctc ggg gac 48

```
Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                  10                  15

agc ggg gtc ggg aag acc tct ttg atg aac caa tat gta aat aaa aag      96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
            20                  25                  30

ttc agt aat cag tat aaa gca act att gga gct gat ttc ttg acc aag     144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

gaa gtt cag ctc gac gat agg ctc ttc act tta cag att tgg gat aca     192
Glu Val Gln Leu Asp Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

gct ggt caa gag aga ttc cag agt ctt gga gtg gct ttc tat cga ggt     240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gct gac tgc tgt gtt ctt gtg tat gat gtt aac gtt atg aag tca ttt     288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gac aat ctt aac aat tgg agg gag gag ttc ctc atc cag gca agt cca     336
Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
            100                 105                 110

tca gat cca gag aat ttc cca ttt gtg gtc ata gga aac aaa atc gat     384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Ile Gly Asn Lys Ile Asp
        115                 120                 125

gtg gat ggt gga aac agc aga gtg gta tcg gag aaa aaa gct cga gct     432
Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
    130                 135                 140

tgg tgt gct tca aag ggg aat ata cca tat ttt gag acc tct gcg aag     480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160

gaa ggt gtc aac gtg gag gaa gct ttt caa tgc ata gct aag aat gcc     528
Glu Gly Val Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
                165                 170                 175

ttg aaa agt ggt gaa gaa gaa gag ata tac ttg cca gac acc atc gac     576
Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
            180                 185                 190
```

gtt gca aac agc agt cag cca agg cca tca tga 609
Val Ala Asn Ser Ser Gln Pro Arg Pro Ser
195 200

<210> 114
<211> 202
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 114

Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val Gln Leu Asp Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
85 90 95

Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Ile Gly Asn Lys Ile Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Val Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Ala Asn Ser Ser Gln Pro Arg Pro Ser
195 200

<210> 115
<211> 624
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(624)
<223> Gen (Eucgr.F03029), mã hóa GTPaza liên quan đến Ras

<400> 115
atg gca tct cgc agg cgc atg ctg ctc aag gtc atc atc ctc ggc gac 48
Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

agc ggg gtc ggg aag acg tct ctc atg aac cag tac gtc aac cgc aag 96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
20 25 30

ttc agt aac cag tac aag gcg acc att gga gct gat ttc ttg acg aag 144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

gaa gtt cag ttt gaa gat cga ttg ttc aca ttg cag ata tgg gat act 192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

gct ggg caa gaa agg ttc cag agt ctg ggt gtg gct ttt tac cga ggt 240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly

65 70 75 80

gca gac tgc tgc gtc ctt gtt tat gat gtg aat gtc atg aaa tca ttt 288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
85 90 95

gat aat ctt aac aac tgg agg gaa gag ttt cta ctt cag gcc agc cca 336
Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Leu Gln Ala Ser Pro
100 105 110

tca gac cct gaa aac ttt cca ttc gtc gtg ttg ggg aac aag ata gat 384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
115 120 125

gtt gat ggt ggt aat agt cgt gtg gtt tct gaa aag aaa gca aag gct 432
Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

tgg tgt gct tct aag gga aac atc cct tat ttc gag aca tct gca aaa 480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

gaa gga ttc aac gtg gag gct gca ttt gag tgt ata gct aaa aat gct 528
Glu Gly Phe Asn Val Glu Ala Ala Phe Glu Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

ttg aag aat gaa cct gaa gaa gaa ata tac ctt ccc gac acc att gac 576
Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

gtc act ggt ggt gga cgg cag cag aga tct act ggc tgt gaa tgt tga 624
Val Thr Gly Gly Gly Arg Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 116
<211> 207
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 116

Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys

20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
85 90 95

Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Leu Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Phe Asn Val Glu Ala Ala Phe Glu Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Thr Gly Gly Gly Arg Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 117
<211> 624
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(624)
<223> Gen (Eucgr.J02962), mã hóa protein liên quan đến Ras Rab-7A

<400> 117

```
atg gct tct cgc cgg cgc atg ctc ctc aag gtc atc atc ctc ggc gac      48
Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                  10                  15

agc ggg gtt ggg aag act tct ctg atg aat cag tac gtg aat cgc aag      96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
            20                  25                  30

ttc agc aat cag tat aag gcg acg atc gga gct gat ttc ttg acg aag     144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

gaa gtt cag ttt gag gac agg ctg ttc aca ttg cag ata tgg gat aca     192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

gct ggc caa gaa agg ttt caa agt ctt ggt gtg gct ttt tac aga ggt     240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gcc gac tgc tgt gtt ctt gtg tat gat gtg aat gta atg aaa tca ttc     288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gac aat cta aat aac tgg cgg gag gag ttt ttg att cag gcc ggt cct     336
Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Gly Pro
            100                 105                 110

tct gac cct gaa aac ttc cca ttt gtc gtt ttg ggt aac aag gtg gat     384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Val Asp
        115                 120                 125

gtc gat aat ggc aat agt cgt gtg gtt tct gag aag aaa gcg agg gct     432
Val Asp Asn Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
    130                 135                 140
```

```
tgg tgt gct tcc aaa gga aac att cct tac ttt gag acc tct gcc aaa          480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160

gaa gga ttt aac gtg gaa gct gct ttt gag tgt ata gcc aaa aat gct          528
Glu Gly Phe Asn Val Glu Ala Ala Phe Glu Cys Ile Ala Lys Asn Ala
                165                 170                 175

ttg aag aat gaa cca gaa gaa gaa ata tat ctt ccg gac acc att gat          576
Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
            180                 185                 190

gtt gcg ggt gga gca cgg cag cag agg tcc acc ggc tgc gag tgt tga          624
Val Ala Gly Gly Ala Arg Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
        195                 200                 205
```

<210> 118
<211> 207
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 118

```
Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                   10                  15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
            20                  25                  30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95
```

Asp Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Gly Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Val Asp
115 120 125

Val Asp Asn Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Phe Asn Val Glu Ala Ala Phe Glu Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Ala Gly Gly Ala Arg Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 119
<211> 621
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(621)
<223> Gen (Eucgr.C03821), mã hóa GTPaza liên quan đến Ras

<400> 119
atg gct tct cgg aga cgc atg ctt ctc aag gtc ata atc ctt ggt gac 48
Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

agc ggg gtt gga aag aca tct ttg atg aat caa tat gtg aac cga aag 96

```
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
            20                  25                  30

ttc agt aat cag tac aaa gca acc atc ggg gca gat ttc ctt acc aag      144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

gaa gtc cag ttt gag gat aga ctt ttc aca ttg cag ata tgg gat aca      192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

gcg ggg cag gaa cgg ttc caa agt ctc gga gtt gcc ttt tac cgt gga      240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gct gac tgt tgt gtt ctt gta tat gat gtg aat gtg atg aaa tcg ttt      288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gac aac ctt aac cac tgg aga gag gag ttt ctc att cag gcc agc cct      336
Asp Asn Leu Asn His Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
            100                 105                 110

tct gac cct gag aac ttc cca ttt gtt gtg ttg gga aac aag att gac      384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
        115                 120                 125

att gat ggt ggc aac agt cga gtg gta tct gag aag aaa gcg aaa gca      432
Ile Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
    130                 135                 140

tgg tgt gcc tca aag gga aac att tct tac ttc gaa act tct gca aaa      480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Ser Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160

gaa ggt ttt aat gtt gaa gca gct ttc caa tgt ata gcc aag aat gcc      528
Glu Gly Phe Asn Val Glu Ala Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
                165                 170                 175

ctt aag aat gag cct gaa gaa gaa ctc tac ctt ccc gat act atc gat      576
Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Leu Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
            180                 185                 190

gtg gct ggt gga cag cag cag cgt tct tcg ggc tgt gaa tgt tga          621
Val Ala Gly Gly Gln Gln Gln Arg Ser Ser Gly Cys Glu Cys
        195                 200                 205
```

<210> 120
<211> 206
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 120

Met Ala Ser Arg Arg Arg Met Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Arg Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
85 90 95

Asp Asn Leu Asn His Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Ile Asp
115 120 125

Ile Asp Gly Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Ser Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Glu Gly Phe Asn Val Glu Ala Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Leu Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Ala Gly Gly Gln Gln Gln Arg Ser Ser Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 121
<211> 621
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(621)
<223> Gen (AT3G18820), mã hóa homolog GTPaza RAB G3F

<400> 121
atg ccg tcc cgt aga cgt acc ctc ctc aag gtc atc atc ctc ggt gat 48
Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

agc ggg gtg gga aaa acc tct ttg atg aat cag tat gtt aat aaa aag 96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
20 25 30

ttc agc aac cag tac aag gca acc att gga gcc gac ttc ttg acc aag 144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

gaa gta cag ttt gaa gat cga ctt ttc act tta cag atc tgg gat aca 192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

gct gga cag gaa agg ttt cag agc ctt ggt gta gcc ttt tac cgt ggt 240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

gct gat tgc tgt gtt ctt gta tat gat gtc aat tcc atg aaa tca ttt 288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Met Lys Ser Phe

85 90 95

gaa aat ctg aac aac tgg agg gaa gaa ttt ctg atc cag gcg agt cca 336
Glu Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

tca gat cca gag aat ttt cca ttt gtt ctt atc gga aac aag gtt gac 384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Leu Ile Gly Asn Lys Val Asp
115 120 125

gtg gat gat gga aac agc aga gtg gtt tca gag aaa aag gct aaa gct 432
Val Asp Asp Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

tgg tgt gct tca aag ggg aac att cct tac ttt gag acc tct gcc aag 480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

gta ggt act aat gtg gag gaa gct ttc caa tgc att gcc aag gac gca 528
Val Gly Thr Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asp Ala
165 170 175

ttg aag agc gga gaa gaa gaa gaa cta tac ttg cca gac aca atc gat 576
Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Leu Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

gta ggg acg agc aat caa cag agg tct aca ggg tgt gaa tgc taa 621
Val Gly Thr Ser Asn Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 122
<211> 206
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 122

Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys

35 40 45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Met Lys Ser Phe
85 90 95

Glu Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Leu Ile Gly Asn Lys Val Asp
115 120 125

Val Asp Asp Gly Asn Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Val Gly Thr Asn Val Glu Glu Ala Phe Gln Cys Ile Ala Lys Asp Ala
165 170 175

Leu Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Leu Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Gly Thr Ser Asn Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 123
<211> 621
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(621)
<223> Gen (AT1G49300), mã hóa homolog GTPaza RAB G3F

<400> 123

```
atg cct tct cgt aga aga act ctc ctc aaa gtc atc atc ctc ggt gat      48
Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1               5                  10                  15

agc ggg gtt ggg aag act tct tta atg aat caa tat gtt aat aag aag      96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
            20                  25                  30

ttc agc aac cag tat aag gca act att ggg gct gat ttc ttg act aag     144
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

gaa gtt caa ttt gaa gac cgg ctt ttc act tta cag atc tgg gac aca     192
Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

gct ggt caa gaa agg ttt cag agt ctt ggt gtt gcg ttt tat cgt ggt     240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gct gat tgc tgt gtt ctt gta tat gat gtc aac tcc gca aaa tca ttc     288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Ala Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gag gat ctc aac aac tgg agg gaa gag ttt ctg atc cag gca agt cct     336
Glu Asp Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
            100                 105                 110

tcg gat cca gag aac ttt ccc ttt gtt gtt atc ggt aat aag atc gat     384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Ile Gly Asn Lys Ile Asp
        115                 120                 125

gtg gat ggt gga agc agc cgg gtg gta tca gag aag aag gct cga gct     432
Val Asp Gly Gly Ser Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
    130                 135                 140

tgg tgt gct tcg aaa gga aac att cca tac tat gaa acc tca gct aaa     480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Tyr Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160
```

gta ggc acc aat gta gaa gac gcg ttc ctg tgc ata act acg aac gca 528
Val Gly Thr Asn Val Glu Asp Ala Phe Leu Cys Ile Thr Thr Asn Ala
165 170 175

atg aag agt gga gaa gag gaa gaa atg tac cta cca gac acg atc gat 576
Met Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Met Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

gtc gga acc agc aat cca cag agg tca aca gga tgt gaa tgc tga 621
Val Gly Thr Ser Asn Pro Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 124
<211> 206
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 124

Met Pro Ser Arg Arg Arg Thr Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Tyr Val Asn Lys Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val Gln Phe Glu Asp Arg Leu Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Tyr Asp Val Asn Ser Ala Lys Ser Phe
85 90 95

Glu Asp Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Ile Gly Asn Lys Ile Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Ser Ser Arg Val Val Ser Glu Lys Lys Ala Arg Ala
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Tyr Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Val Gly Thr Asn Val Glu Asp Ala Phe Leu Cys Ile Thr Thr Asn Ala
165 170 175

Met Lys Ser Gly Glu Glu Glu Glu Met Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Gly Thr Ser Asn Pro Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 125
<211> 621
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(621)
<223> Gen (AT3G16100), mã hóa homolog GTPaza RAB G3C

<400> 125
atg gct tct cgg cgg cga gtg ctt ctg aag gtt ata att ctc gga gac 48
Met Ala Ser Arg Arg Arg Val Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

agt ggg gtt ggg aag acg tcc ttg atg aat cag ttt gtg aat cga aaa 96
Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Phe Val Asn Arg Lys
20 25 30

ttc agt aat cag tat aaa gct acc att gga gct gat ttc ttg acc aaa 144

```
Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
        35                  40                  45

gag gtc caa att gat gac aga atc ttc act ttg cag att tgg gat act      192
Glu Val Gln Ile Asp Asp Arg Ile Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
    50                  55                  60

gca ggg caa gag agg ttc caa agt ttg ggt gtt gct ttc tac cga gga      240
Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65                  70                  75                  80

gcg gac tgt tgt gtt ctt gtg aat gat gtc aat gtt atg aaa tcc ttt      288
Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Asn Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
                85                  90                  95

gaa aat ctt aac aac tgg agg gaa gag ttc ctg atc cag gct agt cct      336
Glu Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
            100                 105                 110

tca gat cct gaa aac ttc ccc ttc gtt gtc ttg ggg aac aag aca gat      384
Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Thr Asp
        115                 120                 125

gtt gac ggt gga aag agt cga gtg gtt act gag aag aaa gca aaa tct      432
Val Asp Gly Gly Lys Ser Arg Val Val Thr Glu Lys Lys Ala Lys Ser
    130                 135                 140

tgg tgt gca tcc aag gga aac att cct tac ttc gag act tcg gcc aaa      480
Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145                 150                 155                 160

gat gga gtc aat gtt gat gca gct ttc gaa tgc att gcc aaa aat gct      528
Asp Gly Val Asn Val Asp Ala Ala Phe Glu Cys Ile Ala Lys Asn Ala
                165                 170                 175

ctc aag aat gaa cct gaa gaa gaa gtg tac ctt ccg gac acc att gat      576
Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Val Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
            180                 185                 190

gta gct ggg gct cgg caa caa aga tca act ggg tgc gaa tgc taa          621
Val Ala Gly Ala Arg Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
        195                 200                 205
```

<210> 126
<211> 206
<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 126

Met Ala Ser Arg Arg Arg Val Leu Leu Lys Val Ile Ile Leu Gly Asp
1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Ser Leu Met Asn Gln Phe Val Asn Arg Lys
20 25 30

Phe Ser Asn Gln Tyr Lys Ala Thr Ile Gly Ala Asp Phe Leu Thr Lys
35 40 45

Glu Val Gln Ile Asp Asp Arg Ile Phe Thr Leu Gln Ile Trp Asp Thr
50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Gln Ser Leu Gly Val Ala Phe Tyr Arg Gly
65 70 75 80

Ala Asp Cys Cys Val Leu Val Asn Asp Val Asn Val Met Lys Ser Phe
85 90 95

Glu Asn Leu Asn Asn Trp Arg Glu Glu Phe Leu Ile Gln Ala Ser Pro
100 105 110

Ser Asp Pro Glu Asn Phe Pro Phe Val Val Leu Gly Asn Lys Thr Asp
115 120 125

Val Asp Gly Gly Lys Ser Arg Val Val Thr Glu Lys Lys Ala Lys Ser
130 135 140

Trp Cys Ala Ser Lys Gly Asn Ile Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Ala Lys
145 150 155 160

Asp Gly Val Asn Val Asp Ala Ala Phe Glu Cys Ile Ala Lys Asn Ala
165 170 175

Leu Lys Asn Glu Pro Glu Glu Glu Val Tyr Leu Pro Asp Thr Ile Asp
180 185 190

Val Ala Gly Ala Arg Gln Gln Arg Ser Thr Gly Cys Glu Cys
195 200 205

<210> 127
<211> 2802
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2802)
<223> Gen (STT795), mã hóa protein gắn kết với canxi với motip EF-bàn tay

<400> 127
atg gcg gtg cca aac atg gat caa ttc gaa gcg tac ttt aag aga gct 48
Met Ala Val Pro Asn Met Asp Gln Phe Glu Ala Tyr Phe Lys Arg Ala
1 5 10 15

gat tta gat ggg gat gga aga atc agt gga gct gaa gct gtc tct ttc 96
Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Ala Val Ser Phe
20 25 30

ttt caa gga tcc aat ttg ccc aaa caa gtc ctt gct cag ata tgg atg 144
Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile Trp Met
35 40 45

cat gct gat cag agt cga act ggc ttc ctt ggc cgg ccg gag ttt ttt 192
His Ala Asp Gln Ser Arg Thr Gly Phe Leu Gly Arg Pro Glu Phe Phe
50 55 60

aat gct tta aga ctt gta act gtt gct cag agt aag cga gat ttg aca 240
Asn Ala Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp Leu Thr
65 70 75 80

ccg gac att gtc aag gca gca tta tat gga ccg gct gca gca aaa atc 288
Pro Asp Ile Val Lys Ala Ala Leu Tyr Gly Pro Ala Ala Ala Lys Ile
85 90 95

ccc cca ccg caa att aat ctt caa gcc aca gct gct gcg cct caa atg 336
Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu Gln Ala Thr Ala Ala Ala Pro Gln Met

100 105 110

gcg gcg gct tca cct atg ggt gct gtt gct ccg aca gca tct caa ggt 384
Ala Ala Ala Ser Pro Met Gly Ala Val Ala Pro Thr Ala Ser Gln Gly
115 120 125

ttt ggc ttt aga gga cca gga gtt cca aat gct act atg aac caa cag 432
Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Asn Ala Thr Met Asn Gln Gln
130 135 140

tac ttt cct cgg cat ggt caa act atg aga cca ctt cag ggt gtc cct 480
Tyr Phe Pro Arg His Gly Gln Thr Met Arg Pro Leu Gln Gly Val Pro
145 150 155 160

cca gga act gct tcc cgt cca cct cag gta atg ctt act gga act gct 528
Pro Gly Thr Ala Ser Arg Pro Pro Gln Val Met Leu Thr Gly Thr Ala
165 170 175

tcc cga cct cct cag ggt atg cct tcc agt agt ctg ggg ggt cca tca 576
Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Pro Ser Ser Ser Leu Gly Gly Pro Ser
180 185 190

ttc ata atg cct act gga acc acc ccc cgt cca cct caa ttc atg tct 624
Phe Ile Met Pro Thr Gly Thr Thr Pro Arg Pro Pro Gln Phe Met Ser
195 200 205

ggt ggt tct gct ggt cca act ccc agt gtc tca aac ccg aac ata tca 672
Gly Gly Ser Ala Gly Pro Thr Pro Ser Val Ser Asn Pro Asn Ile Ser
210 215 220

agt gat tgg ctt ggt gga agg act ggt gga gct cca act agc cct gga 720
Ser Asp Trp Leu Gly Gly Arg Thr Gly Gly Ala Pro Thr Ser Pro Gly
225 230 235 240

ggg ccc att gct aat gat tct aaa gtt gtt tct gga aat ggg ttc gcc 768
Gly Pro Ile Ala Asn Asp Ser Lys Val Val Ser Gly Asn Gly Phe Ala
245 250 255

tct gat tcg ttt ttc ggt ggt gat gtg ttt tct gca acc cct act gca 816
Ser Asp Ser Phe Phe Gly Gly Asp Val Phe Ser Ala Thr Pro Thr Ala
260 265 270

aca aaa caa gaa ccc cct ctg cct act tct tca gct acc agt cca gtt 864
Thr Lys Gln Glu Pro Pro Leu Pro Thr Ser Ser Ala Thr Ser Pro Val
275 280 285

aag tcc agc tca ctt gat tca ctt cag agt gct ttt gct gtg caa cct 912

```
Lys Ser Ser Ser Leu Asp Ser Leu Gln Ser Ala Phe Ala Val Gln Pro
290                 295                 300

ctg ggt ggt cag cct gaa cga acc caa tca tta ccg agc cca ggc cca      960
Leu Gly Gly Gln Pro Glu Arg Thr Gln Ser Leu Pro Ser Pro Gly Pro
305                 310                 315                 320

caa gtt tca gct tca aat tct gcc tca ctt gtg tca cct ggc att tca     1008
Gln Val Ser Ala Ser Asn Ser Ala Ser Leu Val Ser Pro Gly Ile Ser
                325                 330                 335

gtt gga gtt gga aaa tct tct gat agc aca cag ctt tca tgg cca aag     1056
Val Gly Val Gly Lys Ser Ser Asp Ser Thr Gln Leu Ser Trp Pro Lys
            340                 345                 350

atg aaa cca aca gac att cag aag tat aat aaa gtt ttt atg gaa gta     1104
Met Lys Pro Thr Asp Ile Gln Lys Tyr Asn Lys Val Phe Met Glu Val
        355                 360                 365

gat act gac aga gat gga aga atc act ggt gag cag gca cgg aat ctt     1152
Asp Thr Asp Arg Asp Gly Arg Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg Asn Leu
    370                 375                 380

ttt ttg agc tgg agg cta cca aga gag att tta aag cag gtc tgg gat     1200
Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Glu Ile Leu Lys Gln Val Trp Asp
385                 390                 395                 400

tta tct gat cag gat agt gac agc atg ctt tct ttg agg gaa ttc tgc     1248
Leu Ser Asp Gln Asp Ser Asp Ser Met Leu Ser Leu Arg Glu Phe Cys
                405                 410                 415

ttt gcc ctt tat ttg atg gag cgg tac agg gaa ggc cat cct ctt cca     1296
Phe Ala Leu Tyr Leu Met Glu Arg Tyr Arg Glu Gly His Pro Leu Pro
            420                 425                 430

gca gct ctt cca agt aat att atg tac gac gag acc ttg ttg tcc atg     1344
Ala Ala Leu Pro Ser Asn Ile Met Tyr Asp Glu Thr Leu Leu Ser Met
        435                 440                 445

acg ggt caa ccc aaa gtt gct tat gga agt gct gct tgg ggt cct ggt     1392
Thr Gly Gln Pro Lys Val Ala Tyr Gly Ser Ala Ala Trp Gly Pro Gly
    450                 455                 460

ttt gga cag cag cct aca cga tcc atg gcc cct gtc cct ggc atg agg     1440
Phe Gly Gln Gln Pro Thr Arg Ser Met Ala Pro Val Pro Gly Met Arg
465                 470                 475                 480
```

```
cca cct gtt cca gta act gcc tcc cag cct gat ggt gtc atg gta aac      1488
Pro Pro Val Pro Val Thr Ala Ser Gln Pro Asp Gly Val Met Val Asn
                485                 490                 495

aat caa cac aag tca gga gct cca agt gat gaa aca gag aag ctg att      1536
Asn Gln His Lys Ser Gly Ala Pro Ser Asp Glu Thr Glu Lys Leu Ile
            500                 505                 510

ttg gac tcc aaa gag aag att gag ttt tac cgt tct aaa atg cag gat      1584
Leu Asp Ser Lys Glu Lys Ile Glu Phe Tyr Arg Ser Lys Met Gln Asp
        515                 520                 525

ctt gtt ctg tat aga agc aga tgt gat aat agg cta aat gaa atc aca      1632
Leu Val Leu Tyr Arg Ser Arg Cys Asp Asn Arg Leu Asn Glu Ile Thr
    530                 535                 540

gaa agg gct ttg gca gat aaa cgt gag gca gag ttg ctg ggt aag aaa      1680
Glu Arg Ala Leu Ala Asp Lys Arg Glu Ala Glu Leu Leu Gly Lys Lys
545                 550                 555                 560

tat gaa gag aag tac aag caa gtt gca gaa gtg gca tct aaa tta aca      1728
Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Gln Val Ala Glu Val Ala Ser Lys Leu Thr
                565                 570                 575

att gaa gag gca act ttt cgt gac att cag gag aga aag ctg gag ttg      1776
Ile Glu Glu Ala Thr Phe Arg Asp Ile Gln Glu Arg Lys Leu Glu Leu
            580                 585                 590

cgt caa gca ata act aac atg gaa caa ggt ggc agt gcg gat ggt att      1824
Arg Gln Ala Ile Thr Asn Met Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Ile
        595                 600                 605

ctt cag gtt cgt gct gat cgt ata caa tca gac ctt gat gag cta ttg      1872
Leu Gln Val Arg Ala Asp Arg Ile Gln Ser Asp Leu Asp Glu Leu Leu
    610                 615                 620

aag gtt tta act gaa cgc tgc aag aaa cat gga ctg gat gtt aag tca      1920
Lys Val Leu Thr Glu Arg Cys Lys Lys His Gly Leu Asp Val Lys Ser
625                 630                 635                 640

act gcc gtg att gag ctt cct ttt ggc tgg caa cca gga att caa gag      1968
Thr Ala Val Ile Glu Leu Pro Phe Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu
                645                 650                 655

ggt gct gct act tgg gat gaa gat tgg gat aag ttt gaa gat gaa ggg      2016
Gly Ala Ala Thr Trp Asp Glu Asp Trp Asp Lys Phe Glu Asp Glu Gly
            660                 665                 670
```

```
ttt tcc aat gag ctc act gtt gat gtg aaa agt gct cct ggt caa aag      2064
Phe Ser Asn Glu Leu Thr Val Asp Val Lys Ser Ala Pro Gly Gln Lys
        675                 680                 685

gag aga gca cct gcg gat ggt agt tta acc cct gat tca ttg tca aat      2112
Glu Arg Ala Pro Ala Asp Gly Ser Leu Thr Pro Asp Ser Leu Ser Asn
    690                 695                 700

gga gat ggg agg tct gga att ttt act gga gaa cat gtg ctt gag agt      2160
Gly Asp Gly Arg Ser Gly Ile Phe Thr Gly Glu His Val Leu Glu Ser
705                 710                 715                 720

gaa tct gca tat ttc cac agt gga gat gaa att gca aga agc cct caa      2208
Glu Ser Ala Tyr Phe His Ser Gly Asp Glu Ile Ala Arg Ser Pro Gln
                725                 730                 735

ggc agt cca gct gga agg gct gct tca gaa agt cca tct caa gac ttt      2256
Gly Ser Pro Ala Gly Arg Ala Ala Ser Glu Ser Pro Ser Gln Asp Phe
            740                 745                 750

gct gat gtt ttt gcc aag aat act gaa gca gat ata gat acc cat aga      2304
Ala Asp Val Phe Ala Lys Asn Thr Glu Ala Asp Ile Asp Thr His Arg
        755                 760                 765

agt ttt gat gaa tca act tgg ggt gcc ttt gac aca aat gat gat gtg      2352
Ser Phe Asp Glu Ser Thr Trp Gly Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val
    770                 775                 780

gac tca gtc tgg gga ttt aac cct gca ggc aac aag gac tct tct gag      2400
Asp Ser Val Trp Gly Phe Asn Pro Ala Gly Asn Lys Asp Ser Ser Glu
785                 790                 795                 800

aac gag aga gat ttc ttt gga tct gat gat ttt ggt cta aag cca atc      2448
Asn Glu Arg Asp Phe Phe Gly Ser Asp Asp Phe Gly Leu Lys Pro Ile
                805                 810                 815

aga acg gaa tcc aca cca aca acg aat act ttc cag aaa aag agt ata      2496
Arg Thr Glu Ser Thr Pro Thr Thr Asn Thr Phe Gln Lys Lys Ser Ile
            820                 825                 830

ttt ttt gaa gaa tct gtt gca ggt tcc cca atg tca aga ttt ggc aac      2544
Phe Phe Glu Glu Ser Val Ala Gly Ser Pro Met Ser Arg Phe Gly Asn
        835                 840                 845

tct cca agg ttc agc gaa gca ggg gac cat ttt gac aat tac tcg aga      2592
Ser Pro Arg Phe Ser Glu Ala Gly Asp His Phe Asp Asn Tyr Ser Arg
```

```
    850                 855                 860

ttt gat tcc ttc agc atg aat gaa gga ggc ttt tca cca cga gaa aag      2640
Phe Asp Ser Phe Ser Met Asn Glu Gly Gly Phe Ser Pro Arg Glu Lys
865                 870                 875                 880

ctt aca agg ttc gac tcc ata aac agt tcc aaa gat ttt ggc cac agt      2688
Leu Thr Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Lys Asp Phe Gly His Ser
                885                 890                 895

cgt gca ttc tct tca ttt gat gat gga gat cca ttt ggc tcc agc gcc      2736
Arg Ala Phe Ser Ser Phe Asp Asp Gly Asp Pro Phe Gly Ser Ser Ala
            900                 905                 910

ccc ttt aag gtt tca tct gaa gat caa act ccc aaa aag agt tct ggc      2784
Pro Phe Lys Val Ser Ser Glu Asp Gln Thr Pro Lys Lys Ser Ser Gly
        915                 920                 925

                                                                    2802
aat tgg agt tct ttc tag
Asn Trp Ser Ser Phe
    930
```

<210> 128
<211> 933
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 128

```
Met Ala Val Pro Asn Met Asp Gln Phe Glu Ala Tyr Phe Lys Arg Ala
1               5                   10                  15

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Ala Val Ser Phe
            20                  25                  30

Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile Trp Met
        35                  40                  45

His Ala Asp Gln Ser Arg Thr Gly Phe Leu Gly Arg Pro Glu Phe Phe
    50                  55                  60

Asn Ala Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp Leu Thr
```

65 70 75 80

Pro Asp Ile Val Lys Ala Ala Leu Tyr Gly Pro Ala Ala Ala Lys Ile
85 90 95

Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu Gln Ala Thr Ala Ala Ala Pro Gln Met
100 105 110

Ala Ala Ala Ser Pro Met Gly Ala Val Ala Pro Thr Ala Ser Gln Gly
115 120 125

Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Asn Ala Thr Met Asn Gln Gln
130 135 140

Tyr Phe Pro Arg His Gly Gln Thr Met Arg Pro Leu Gln Gly Val Pro
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ala Ser Arg Pro Pro Gln Val Met Leu Thr Gly Thr Ala
165 170 175

Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Pro Ser Ser Ser Leu Gly Gly Pro Ser
180 185 190

Phe Ile Met Pro Thr Gly Thr Thr Pro Arg Pro Pro Gln Phe Met Ser
195 200 205

Gly Gly Ser Ala Gly Pro Thr Pro Ser Val Ser Asn Pro Asn Ile Ser
210 215 220

Ser Asp Trp Leu Gly Gly Arg Thr Gly Gly Ala Pro Thr Ser Pro Gly
225 230 235 240

Gly Pro Ile Ala Asn Asp Ser Lys Val Val Ser Gly Asn Gly Phe Ala
245 250 255

Ser Asp Ser Phe Phe Gly Gly Asp Val Phe Ser Ala Thr Pro Thr Ala
260 265 270

Thr Lys Gln Glu Pro Pro Leu Pro Thr Ser Ser Ala Thr Ser Pro Val
275 280 285

Lys Ser Ser Ser Leu Asp Ser Leu Gln Ser Ala Phe Ala Val Gln Pro
290 295 300

Leu Gly Gly Gln Pro Glu Arg Thr Gln Ser Leu Pro Ser Pro Gly Pro
305 310 315 320

Gln Val Ser Ala Ser Asn Ser Ala Ser Leu Val Ser Pro Gly Ile Ser
325 330 335

Val Gly Val Gly Lys Ser Ser Asp Ser Thr Gln Leu Ser Trp Pro Lys
340 345 350

Met Lys Pro Thr Asp Ile Gln Lys Tyr Asn Lys Val Phe Met Glu Val
355 360 365

Asp Thr Asp Arg Asp Gly Arg Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg Asn Leu
370 375 380

Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Glu Ile Leu Lys Gln Val Trp Asp
385 390 395 400

Leu Ser Asp Gln Asp Ser Asp Ser Met Leu Ser Leu Arg Glu Phe Cys
405 410 415

Phe Ala Leu Tyr Leu Met Glu Arg Tyr Arg Glu Gly His Pro Leu Pro
420 425 430

Ala Ala Leu Pro Ser Asn Ile Met Tyr Asp Glu Thr Leu Leu Ser Met
435 440 445

Thr Gly Gln Pro Lys Val Ala Tyr Gly Ser Ala Ala Trp Gly Pro Gly
450 455 460

Phe Gly Gln Gln Pro Thr Arg Ser Met Ala Pro Val Pro Gly Met Arg
465 470 475 480

Pro Pro Val Pro Val Thr Ala Ser Gln Pro Asp Gly Val Met Val Asn
485 490 495

Asn Gln His Lys Ser Gly Ala Pro Ser Asp Glu Thr Glu Lys Leu Ile
500 505 510

Leu Asp Ser Lys Glu Lys Ile Glu Phe Tyr Arg Ser Lys Met Gln Asp
515 520 525

Leu Val Leu Tyr Arg Ser Arg Cys Asp Asn Arg Leu Asn Glu Ile Thr
530 535 540

Glu Arg Ala Leu Ala Asp Lys Arg Glu Ala Glu Leu Leu Gly Lys Lys
545 550 555 560

Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Gln Val Ala Glu Val Ala Ser Lys Leu Thr
565 570 575

Ile Glu Glu Ala Thr Phe Arg Asp Ile Gln Glu Arg Lys Leu Glu Leu
580 585 590

Arg Gln Ala Ile Thr Asn Met Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Ile
595 600 605

Leu Gln Val Arg Ala Asp Arg Ile Gln Ser Asp Leu Asp Glu Leu Leu
610 615 620

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

Thr Ala Val Ile Glu Leu Pro Phe Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu
645 650 655

Gly Ala Ala Thr Trp Asp Glu Asp Trp Asp Lys Phe Glu Asp Glu Gly
660 665 670

Phe Ser Asn Glu Leu Thr Val Asp Val Lys Ser Ala Pro Gly Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ala Pro Ala Asp Gly Ser Leu Thr Pro Asp Ser Leu Ser Asn
690 695 700

Gly Asp Gly Arg Ser Gly Ile Phe Thr Gly Glu His Val Leu Glu Ser
705 710 715 720

Glu Ser Ala Tyr Phe His Ser Gly Asp Glu Ile Ala Arg Ser Pro Gln
725 730 735

Gly Ser Pro Ala Gly Arg Ala Ala Ser Glu Ser Pro Ser Gln Asp Phe
740 745 750

Ala Asp Val Phe Ala Lys Asn Thr Glu Ala Asp Ile Asp Thr His Arg
755 760 765

Ser Phe Asp Glu Ser Thr Trp Gly Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val
770 775 780

Asp Ser Val Trp Gly Phe Asn Pro Ala Gly Asn Lys Asp Ser Ser Glu
785 790 795 800

Asn Glu Arg Asp Phe Phe Gly Ser Asp Asp Phe Gly Leu Lys Pro Ile
805 810 815

Arg Thr Glu Ser Thr Pro Thr Thr Asn Thr Phe Gln Lys Lys Ser Ile

820 825 830

Phe Phe Glu Glu Ser Val Ala Gly Ser Pro Met Ser Arg Phe Gly Asn
835 840 845

Ser Pro Arg Phe Ser Glu Ala Gly Asp His Phe Asp Asn Tyr Ser Arg
850 855 860

Phe Asp Ser Phe Ser Met Asn Glu Gly Gly Phe Ser Pro Arg Glu Lys
865 870 875 880

Leu Thr Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Lys Asp Phe Gly His Ser
885 890 895

Arg Ala Phe Ser Ser Phe Asp Asp Gly Asp Pro Phe Gly Ser Ser Ala
900 905 910

Pro Phe Lys Val Ser Ser Glu Asp Gln Thr Pro Lys Lys Ser Ser Gly
915 920 925

Asn Trp Ser Ser Phe
930

<210> 129
<211> 3213
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3213)
<223> Gen (Potri.T102700), mã hóa protein túi synap EHS-1 và các protein miền EH liên quan

<400> 129
atg gcg gtg cca aac atg gat caa ttc gaa gcg tac ttt aag aga gct 48
Met Ala Val Pro Asn Met Asp Gln Phe Glu Ala Tyr Phe Lys Arg Ala
1 5 10 15

```
gat tta gat ggg gat gga aga atc agt gga gct gaa gct gtc tct ttc      96
Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Ala Val Ser Phe
            20                  25                  30

ttt caa gga tcc aat ttg ccc aaa caa gtc ctt gct cag ata tgg atg     144
Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile Trp Met
        35                  40                  45

cat gct gat cag agt cga act ggc ttc ctt ggc cgg ccg gag ttt ttt     192
His Ala Asp Gln Ser Arg Thr Gly Phe Leu Gly Arg Pro Glu Phe Phe
    50                  55                  60

aat gct tta aga ctt gta act gtt gct cag agt aag cga gat ttg aca     240
Asn Ala Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp Leu Thr
65                  70                  75                  80

ccg gac att gtc aag gca gca tta tat gga ccg gct gca gca aaa atc     288
Pro Asp Ile Val Lys Ala Ala Leu Tyr Gly Pro Ala Ala Ala Lys Ile
                85                  90                  95

ccc cca ccg caa att aat ctt caa gcc aca gct gct gcg cct caa atg     336
Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu Gln Ala Thr Ala Ala Ala Pro Gln Met
            100                 105                 110

gcg gcg gct tca cct gtg ccg cag atg ggt tct gct gcc cca aca aca     384
Ala Ala Ala Ser Pro Val Pro Gln Met Gly Ser Ala Ala Pro Thr Thr
        115                 120                 125

tct caa ggt ttt ggt ttt aga gga cca gga gtt cca acg gct gcg cct     432
Ser Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Thr Ala Ala Pro
    130                 135                 140

caa atg gtt gct tca tct gcc acg cag atg ggt gct gtt gct ccg aca     480
Gln Met Val Ala Ser Ser Ala Thr Gln Met Gly Ala Val Ala Pro Thr
145                 150                 155                 160

gca tct caa ggt ttt ggc ttt aga gga cca gga gtt cca aat gct act     528
Ala Ser Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Asn Ala Thr
                165                 170                 175

atg aac caa cag tac ttt cct cgg cat ggt caa act atg aga cca ctt     576
Met Asn Gln Gln Tyr Phe Pro Arg His Gly Gln Thr Met Arg Pro Leu
            180                 185                 190

cag ggt gtc cct cca gga act gct tcc cgt cca cct cag ggt atg cct     624
Gln Gly Val Pro Pro Gly Thr Ala Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Pro
```

195 200 205

gcc att agt ctg ggg ggt cca tcg tca gta atg ctt act gga act gct 672
Ala Ile Ser Leu Gly Gly Pro Ser Ser Val Met Leu Thr Gly Thr Ala
210 215 220

tcc cga cct cct cag ggt atg cct tcc agt agt ctg ggg ggt cca tca 720
Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Pro Ser Ser Ser Leu Gly Gly Pro Ser
225 230 235 240

ttc ata atg cct act gga acc acc ccc cgt cca cct caa ttc atg tct 768
Phe Ile Met Pro Thr Gly Thr Thr Pro Arg Pro Pro Gln Phe Met Ser
245 250 255

ggt ggt tct gct ggt cca act ccc agt gtc tca aac ccg aac ata tca 816
Gly Gly Ser Ala Gly Pro Thr Pro Ser Val Ser Asn Pro Asn Ile Ser
260 265 270

agt gat tgg ctt ggt gga agg act ggt gga gct cca act agc cct gga 864
Ser Asp Trp Leu Gly Gly Arg Thr Gly Gly Ala Pro Thr Ser Pro Gly
275 280 285

ggg gtc cag cca tct att ccc acc act act tcc cag ccg cga cct cta 912
Gly Val Gln Pro Ser Ile Pro Thr Thr Thr Ser Gln Pro Arg Pro Leu
290 295 300

agc tca gtt tcc tct cag ccc att gct aat gat tct aaa gtt gtt tct 960
Ser Ser Val Ser Ser Gln Pro Ile Ala Asn Asp Ser Lys Val Val Ser
305 310 315 320

gga aat ggg ttc gcc tct gat tcg ttt ttc ggt ggt gat gtg ttt tct 1008
Gly Asn Gly Phe Ala Ser Asp Ser Phe Phe Gly Gly Asp Val Phe Ser
325 330 335

gca acc cct act gca aca aaa caa gaa ccc cct ctg cct act tct tca 1056
Ala Thr Pro Thr Ala Thr Lys Gln Glu Pro Pro Leu Pro Thr Ser Ser
340 345 350

gct acc agt ggc aca caa gct ccc att aag tcc ggc tca ctt gat tca 1104
Ala Thr Ser Gly Thr Gln Ala Pro Ile Lys Ser Gly Ser Leu Asp Ser
355 360 365

ctg ttg aaa gct gtt aac aac cca acc tca tct tcc att gtc tcg ggt 1152
Leu Leu Lys Ala Val Asn Asn Pro Thr Ser Ser Ser Ile Val Ser Gly
370 375 380

tct agt gat gcc caa gcc cga ggt cca gtt aag tcc agc tca ctt gat 1200

```
Ser Ser Asp Ala Gln Ala Arg Gly Pro Val Lys Ser Ser Ser Leu Asp
385                 390                 395                 400

tca ctt cag agt gct ttt gct gtg caa cct ctg ggt ggt cag cct gaa   1248
Ser Leu Gln Ser Ala Phe Ala Val Gln Pro Leu Gly Gly Gln Pro Glu
                405                 410                 415

cga acc caa tca tta gcg agc cca ggc cca caa gtt tca gct tca aat   1296
Arg Thr Gln Ser Leu Ala Ser Pro Gly Pro Gln Val Ser Ala Ser Asn
            420                 425                 430

tct gcc tca ctt gtg tca cct ggc att tca gtt gga gtt gga aaa tct   1344
Ser Ala Ser Leu Val Ser Pro Gly Ile Ser Val Gly Val Gly Lys Ser
        435                 440                 445

tct gat agc aca cag ctt tca tgg cca aag atg aaa cca aca gac att   1392
Ser Asp Ser Thr Gln Leu Ser Trp Pro Lys Met Lys Pro Thr Asp Ile
    450                 455                 460

cag aag tat aat aaa gtt ttt atg gaa gta gat act gac aga gat gga   1440
Gln Lys Tyr Asn Lys Val Phe Met Glu Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly
465                 470                 475                 480

aga atc act ggt gag cag gca cgg aat ctt ttt ttg agc tgg agg cta   1488
Arg Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu
                485                 490                 495

cca aga gag att tta aag cag gtc tgg gat tta tct gat cag gat agt   1536
Pro Arg Glu Ile Leu Lys Gln Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Ser
            500                 505                 510

gac agc atg ctt tct ttg agg gaa ttc tgc ttt gcc ctt tat ttg atg   1584
Asp Ser Met Leu Ser Leu Arg Glu Phe Cys Phe Ala Leu Tyr Leu Met
        515                 520                 525

gag cgg tac agg gaa ggc cat cct ctt cca gca gct ctt cca agt aat   1632
Glu Arg Tyr Arg Glu Gly His Pro Leu Pro Ala Ala Leu Pro Ser Asn
    530                 535                 540

att atg tac gac gag acc ttg ttg tcc atg acg ggt caa ccc aaa gtt   1680
Ile Met Tyr Asp Glu Thr Leu Leu Ser Met Thr Gly Gln Pro Lys Val
545                 550                 555                 560

gct tat gga agt gct gct tgg ggt cct ggt ttt gga cag cag cct aca   1728
Ala Tyr Gly Ser Ala Ala Trp Gly Pro Gly Phe Gly Gln Gln Pro Thr
                565                 570                 575
```

```
cga tcc atg gcc cct gtc cct ggc atg agg cca cct gtt cca gta act      1776
Arg Ser Met Ala Pro Val Pro Gly Met Arg Pro Pro Val Pro Val Thr
            580                 585                 590

gcc tcc cag cct gat ggt gtc atg gta aac aat caa cac aag tca gga      1824
Ala Ser Gln Pro Asp Gly Val Met Val Asn Asn Gln His Lys Ser Gly
        595                 600                 605

gct cca gtg ttg gag gat tcc ttt ttg aac caa cat gat ggc gga gag      1872
Ala Pro Val Leu Glu Asp Ser Phe Leu Asn Gln His Asp Gly Gly Glu
    610                 615                 620

cag agt tca gca aac tca atg att caa gat gga aca gcc tca gag aaa      1920
Gln Ser Ser Ala Asn Ser Met Ile Gln Asp Gly Thr Ala Ser Glu Lys
625                 630                 635                 640

aag agt gat gaa aca gag aag ctg att ttg gac tcc aaa gag aag att      1968
Lys Ser Asp Glu Thr Glu Lys Leu Ile Leu Asp Ser Lys Glu Lys Ile
                645                 650                 655

gag ttt tac cgt tct aaa atg cag gat ctt gtt ctg tat aaa agc aga      2016
Glu Phe Tyr Arg Ser Lys Met Gln Asp Leu Val Leu Tyr Lys Ser Arg
            660                 665                 670

tgt gat aat agg cta aat gaa atc aca gaa agg gct ttg gca gat aaa      2064
Cys Asp Asn Arg Leu Asn Glu Ile Thr Glu Arg Ala Leu Ala Asp Lys
        675                 680                 685

cgt gag gca gag ttg ctg ggt aag aaa tat gaa gag aag tac aag caa      2112
Arg Glu Ala Glu Leu Leu Gly Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Gln
    690                 695                 700

gtt gca gaa gtg gca tct aaa tta aca att gaa gag gca act ttt cgt      2160
Val Ala Glu Val Ala Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Thr Phe Arg
705                 710                 715                 720

gac att cag gag aga aag ctg gag ttg cgt caa gca ata act aac atg      2208
Asp Ile Gln Glu Arg Lys Leu Glu Leu Arg Gln Ala Ile Thr Asn Met
                725                 730                 735

gaa caa ggt ggc agt gcg gat ggt att ctt cag gtt cgt gct gat cgt      2256
Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Ile Leu Gln Val Arg Ala Asp Arg
            740                 745                 750

ata caa tca gac ctt gat gag cta ttg aag gtt tta act gaa cgc tgc      2304
Ile Gln Ser Asp Leu Asp Glu Leu Leu Lys Val Leu Thr Glu Arg Cys
        755                 760                 765
```

aag aaa cat gga ctg gat gtt aag tca act gcc gtg att gag ctt cct 2352
Lys Lys His Gly Leu Asp Val Lys Ser Thr Ala Val Ile Glu Leu Pro
770 775 780

ttt ggc tgg caa cca gga att caa gag ggt gct gct act tgg gat gaa 2400
Phe Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Thr Trp Asp Glu
785 790 795 800

gat tgg gat aag ttt gaa gat gaa ggg ttt tcc aat gag ctc act gtt 2448
Asp Trp Asp Lys Phe Glu Asp Glu Gly Phe Ser Asn Glu Leu Thr Val
805 810 815

gat gtg aaa agt gct cct ggt caa aag gag aga gca cct gcg gat ggt 2496
Asp Val Lys Ser Ala Pro Gly Gln Lys Glu Arg Ala Pro Ala Asp Gly
820 825 830

agt tta acc cct gat tca ttg tca aat gga gat ggg agg tct gga att 2544
Ser Leu Thr Pro Asp Ser Leu Ser Asn Gly Asp Gly Arg Ser Gly Ile
835 840 845

ttt act gga gaa cat gtg ctt gag agt gaa tct gca tat ttc cac agt 2592
Phe Thr Gly Glu His Val Leu Glu Ser Glu Ser Ala Tyr Phe His Ser
850 855 860

gga gat gaa att gca aga agc cct caa ggc agt cca gct gga agg gct 2640
Gly Asp Glu Ile Ala Arg Ser Pro Gln Gly Ser Pro Ala Gly Arg Ala
865 870 875 880

gct tca gaa agt cca tct caa gac ttt gct gat gtt ttt gcc aag aat 2688
Ala Ser Glu Ser Pro Ser Gln Asp Phe Ala Asp Val Phe Ala Lys Asn
885 890 895

act gaa gca gat ata gat acc cat aga agt ttt gat gaa tca act tgg 2736
Thr Glu Ala Asp Ile Asp Thr His Arg Ser Phe Asp Glu Ser Thr Trp
900 905 910

ggt gcc ttt gac aca aat gat gat gtg gac tca gtc tgg gga ttt aac 2784
Gly Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val Asp Ser Val Trp Gly Phe Asn
915 920 925

cct gca ggc aac aag gac tct tct gag aac gag aga gat ttc ttt gga 2832
Pro Ala Gly Asn Lys Asp Ser Ser Glu Asn Glu Arg Asp Phe Phe Gly
930 935 940

tct gat gat ttt ggt cta aag cca atc aga acg gaa tcc aca cca aca 2880
Ser Asp Asp Phe Gly Leu Lys Pro Ile Arg Thr Glu Ser Thr Pro Thr

945 950 955 960

acg aat act ttc cag aaa aag agt ata ttt ttt gaa gaa tct gtt gca 2928
Thr Asn Thr Phe Gln Lys Lys Ser Ile Phe Phe Glu Glu Ser Val Ala
965 970 975

ggt tct cca atg tca aga ttt ggc aac tct cca agg ttc agc gaa gca 2976
Gly Ser Pro Met Ser Arg Phe Gly Asn Ser Pro Arg Phe Ser Glu Ala
980 985 990

ggg gac cat ttt gac aat tac tcg aga ttt gat tct ttc agc atg aat 3024
Gly Asp His Phe Asp Asn Tyr Ser Arg Phe Asp Ser Phe Ser Met Asn
995 1000 1005

gaa gga ggc ttt tca cca cga gaa aag ctt aca agg ttc gac tcc 3069
Glu Gly Gly Phe Ser Pro Arg Glu Lys Leu Thr Arg Phe Asp Ser
1010 1015 1020

ata aac agt tcc aaa gat ttt ggc cac agt cgt gca ttc tct tca 3114
Ile Asn Ser Ser Lys Asp Phe Gly His Ser Arg Ala Phe Ser Ser
1025 1030 1035

ttt gat gat gga gat cca ttt ggc tcc agt gcc ccc ttt aag gtt 3159
Phe Asp Asp Gly Asp Pro Phe Gly Ser Ser Ala Pro Phe Lys Val
1040 1045 1050

tca tct gaa gat caa act ccc aaa aag agt tct ggc aat tgg agt 3204
Ser Ser Glu Asp Gln Thr Pro Lys Lys Ser Ser Gly Asn Trp Ser
1055 1060 1065

tct ttc tag 3213
Ser Phe
1070

<210> 130
<211> 1070
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 130

Met Ala Val Pro Asn Met Asp Gln Phe Glu Ala Tyr Phe Lys Arg Ala
1 5 10 15

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Ala Val Ser Phe

20 25 30

Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile Trp Met
35 40 45

His Ala Asp Gln Ser Arg Thr Gly Phe Leu Gly Arg Pro Glu Phe Phe
50 55 60

Asn Ala Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp Leu Thr
65 70 75 80

Pro Asp Ile Val Lys Ala Ala Leu Tyr Gly Pro Ala Ala Ala Lys Ile
85 90 95

Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu Gln Ala Thr Ala Ala Ala Pro Gln Met
100 105 110

Ala Ala Ala Ser Pro Val Pro Gln Met Gly Ser Ala Ala Pro Thr Thr
115 120 125

Ser Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Thr Ala Ala Pro
130 135 140

Gln Met Val Ala Ser Ser Ala Thr Gln Met Gly Ala Val Ala Pro Thr
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Asn Ala Thr
165 170 175

Met Asn Gln Gln Tyr Phe Pro Arg His Gly Gln Thr Met Arg Pro Leu
180 185 190

Gln Gly Val Pro Pro Gly Thr Ala Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Pro
195 200 205

```
Ala Ile Ser Leu Gly Gly Pro Ser Ser Val Met Leu Thr Gly Thr Ala
    210                 215                 220

Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Pro Ser Ser Ser Leu Gly Gly Pro Ser
225                 230                 235                 240

Phe Ile Met Pro Thr Gly Thr Thr Pro Arg Pro Pro Gln Phe Met Ser
                245                 250                 255

Gly Gly Ser Ala Gly Pro Thr Pro Ser Val Ser Asn Pro Asn Ile Ser
            260                 265                 270

Ser Asp Trp Leu Gly Gly Arg Thr Gly Gly Ala Pro Thr Ser Pro Gly
        275                 280                 285

Gly Val Gln Pro Ser Ile Pro Thr Thr Thr Ser Gln Pro Arg Pro Leu
    290                 295                 300

Ser Ser Val Ser Ser Gln Pro Ile Ala Asn Asp Ser Lys Val Val Ser
305                 310                 315                 320

Gly Asn Gly Phe Ala Ser Asp Ser Phe Phe Gly Gly Asp Val Phe Ser
                325                 330                 335

Ala Thr Pro Thr Ala Thr Lys Gln Glu Pro Pro Leu Pro Thr Ser Ser
            340                 345                 350

Ala Thr Ser Gly Thr Gln Ala Pro Ile Lys Ser Gly Ser Leu Asp Ser
        355                 360                 365

Leu Leu Lys Ala Val Asn Asn Pro Thr Ser Ser Ser Ile Val Ser Gly
    370                 375                 380

Ser Ser Asp Ala Gln Ala Arg Gly Pro Val Lys Ser Ser Ser Leu Asp
385                 390                 395                 400
```

Ser Leu Gln Ser Ala Phe Ala Val Gln Pro Leu Gly Gly Gln Pro Glu
405 410 415

Arg Thr Gln Ser Leu Ala Ser Pro Gly Pro Gln Val Ser Ala Ser Asn
420 425 430

Ser Ala Ser Leu Val Ser Pro Gly Ile Ser Val Gly Val Gly Lys Ser
435 440 445

Ser Asp Ser Thr Gln Leu Ser Trp Pro Lys Met Lys Pro Thr Asp Ile
450 455 460

Gln Lys Tyr Asn Lys Val Phe Met Glu Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly
465 470 475 480

Arg Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu
485 490 495

Pro Arg Glu Ile Leu Lys Gln Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Ser
500 505 510

Asp Ser Met Leu Ser Leu Arg Glu Phe Cys Phe Ala Leu Tyr Leu Met
515 520 525

Glu Arg Tyr Arg Glu Gly His Pro Leu Pro Ala Ala Leu Pro Ser Asn
530 535 540

Ile Met Tyr Asp Glu Thr Leu Leu Ser Met Thr Gly Gln Pro Lys Val
545 550 555 560

Ala Tyr Gly Ser Ala Ala Trp Gly Pro Gly Phe Gly Gln Gln Pro Thr
565 570 575

Arg Ser Met Ala Pro Val Pro Gly Met Arg Pro Pro Val Pro Val Thr
580 585 590

Ala Ser Gln Pro Asp Gly Val Met Val Asn Asn Gln His Lys Ser Gly
595 600 605

Ala Pro Val Leu Glu Asp Ser Phe Leu Asn Gln His Asp Gly Gly Glu
610 615 620

Gln Ser Ser Ala Asn Ser Met Ile Gln Asp Gly Thr Ala Ser Glu Lys
625 630 635 640

Lys Ser Asp Glu Thr Glu Lys Leu Ile Leu Asp Ser Lys Glu Lys Ile
645 650 655

Glu Phe Tyr Arg Ser Lys Met Gln Asp Leu Val Leu Tyr Lys Ser Arg
660 665 670

Cys Asp Asn Arg Leu Asn Glu Ile Thr Glu Arg Ala Leu Ala Asp Lys
675 680 685

Arg Glu Ala Glu Leu Leu Gly Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Gln
690 695 700

Val Ala Glu Val Ala Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Thr Phe Arg
705 710 715 720

Asp Ile Gln Glu Arg Lys Leu Glu Leu Arg Gln Ala Ile Thr Asn Met
725 730 735

Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Ile Leu Gln Val Arg Ala Asp Arg
740 745 750

Ile Gln Ser Asp Leu Asp Glu Leu Leu Lys Val Leu Thr Glu Arg Cys
755 760 765

Lys Lys His Gly Leu Asp Val Lys Ser Thr Ala Val Ile Glu Leu Pro

770 775 780

Phe Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Thr Trp Asp Glu
785 790 795 800

Asp Trp Asp Lys Phe Glu Asp Glu Gly Phe Ser Asn Glu Leu Thr Val
805 810 815

Asp Val Lys Ser Ala Pro Gly Gln Lys Glu Arg Ala Pro Ala Asp Gly
820 825 830

Ser Leu Thr Pro Asp Ser Leu Ser Asn Gly Asp Gly Arg Ser Gly Ile
835 840 845

Phe Thr Gly Glu His Val Leu Glu Ser Glu Ser Ala Tyr Phe His Ser
850 855 860

Gly Asp Glu Ile Ala Arg Ser Pro Gln Gly Ser Pro Ala Gly Arg Ala
865 870 875 880

Ala Ser Glu Ser Pro Ser Gln Asp Phe Ala Asp Val Phe Ala Lys Asn
885 890 895

Thr Glu Ala Asp Ile Asp Thr His Arg Ser Phe Asp Glu Ser Thr Trp
900 905 910

Gly Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val Asp Ser Val Trp Gly Phe Asn
915 920 925

Pro Ala Gly Asn Lys Asp Ser Ser Glu Asn Glu Arg Asp Phe Phe Gly
930 935 940

Ser Asp Asp Phe Gly Leu Lys Pro Ile Arg Thr Glu Ser Thr Pro Thr
945 950 955 960

Thr Asn Thr Phe Gln Lys Lys Ser Ile Phe Phe Glu Glu Ser Val Ala
965 970 975

Gly Ser Pro Met Ser Arg Phe Gly Asn Ser Pro Arg Phe Ser Glu Ala
980 985 990

Gly Asp His Phe Asp Asn Tyr Ser Arg Phe Asp Ser Phe Ser Met Asn
995 1000 1005

Glu Gly Gly Phe Ser Pro Arg Glu Lys Leu Thr Arg Phe Asp Ser
1010 1015 1020

Ile Asn Ser Ser Lys Asp Phe Gly His Ser Arg Ala Phe Ser Ser
1025 1030 1035

Phe Asp Asp Gly Asp Pro Phe Gly Ser Ser Ala Pro Phe Lys Val
1040 1045 1050

Ser Ser Glu Asp Gln Thr Pro Lys Lys Ser Ser Gly Asn Trp Ser
1055 1060 1065

Ser Phe
1070

<210> 131
<211> 2895
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2895)
<223> Gen (Potri.005G253000), mã hóa protein túi synap EHS-1 và các protein miền EH liên quan

<400> 131
atg gcg ctg cca aac atg gat gta ttc gaa gct tac ttc aag aga gct 48
Met Ala Leu Pro Asn Met Asp Val Phe Glu Ala Tyr Phe Lys Arg Ala

```
1               5                  10                  15

gat tta gat gga gat gga aga att agt gga gct gaa ggt ttt tct ttc          96
Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Gly Phe Ser Phe
            20                  25                  30

ttt caa gga tcc aat ttg ccc aaa caa gtc ctt gct cag ata tgg atg         144
Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile Trp Met
        35                  40                  45

cat gct gat cag agt cgc agt ggc ttc ctt ggc cgg ccg gaa ttt ttt         192
His Ala Asp Gln Ser Arg Ser Gly Phe Leu Gly Arg Pro Glu Phe Phe
    50                  55                  60

aat gct ctt aga ctt gta act gtt gca cag agt aag cga gat ttg aca         240
Asn Ala Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp Leu Thr
65                  70                  75                  80

ccg gat att gtc aag gcg gca tta tat ggg cta gct gca gct aaa atc         288
Pro Asp Ile Val Lys Ala Ala Leu Tyr Gly Leu Ala Ala Ala Lys Ile
                85                  90                  95

cca cca ccg caa att aat ctt cat gcc aca gcg ggg cct caa atg gct         336
Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu His Ala Thr Ala Gly Pro Gln Met Ala
            100                 105                 110

gcg gct tca act gcc ctg cag atg ggt gct ggt acc cca aca gca tct         384
Ala Ala Ser Thr Ala Leu Gln Met Gly Ala Gly Thr Pro Thr Ala Ser
        115                 120                 125

caa ggt ttt ggc ttt aga gga cca gga gtt caa acg gct gtg cct caa         432
Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Gln Thr Ala Val Pro Gln
    130                 135                 140

atg gtt gct tct tct ggc cca cag atg agt gct gtt gcc cca aca gcg         480
Met Val Ala Ser Ser Gly Pro Gln Met Ser Ala Val Ala Pro Thr Ala
145                 150                 155                 160

tct caa ggt ttt ggc ttt aga gga cca gga gtt caa acg gct gtg cct         528
Ser Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Gln Thr Ala Val Pro
                165                 170                 175

caa atg gtt gct tca tct gcc cca cag atg ggt gct ttt gct ccg aca         576
Gln Met Val Ala Ser Ser Ala Pro Gln Met Gly Ala Phe Ala Pro Thr
            180                 185                 190

gcg ttg caa agt cct gga ttt aga gga cca gga gtt cca aat gct agt         624
```

```
Ala Leu Gln Ser Pro Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Asn Ala Ser
        195                 200                 205

atg aac cca caa tac ttt cca cag caa agt cag aca atg aga cca ctt      672
Met Asn Pro Gln Tyr Phe Pro Gln Gln Ser Gln Thr Met Arg Pro Leu
    210                 215                 220

cag ggt gtc cct gct gga act gct tcc cgt cca cct cag ggt atg ctt      720
Gln Gly Val Pro Ala Gly Thr Ala Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Leu
225                 230                 235                 240

tcc agt aat ctt ggg ggt cca tca tca gta atg cct act gga act gct      768
Ser Ser Asn Leu Gly Gly Pro Ser Ser Val Met Pro Thr Gly Thr Ala
                245                 250                 255

tct cgt cca cct caa ttc atg tct ggt ggt act gtt ggc tcc act ccc      816
Ser Arg Pro Pro Gln Phe Met Ser Gly Gly Thr Val Gly Ser Thr Pro
            260                 265                 270

agt gta tca aac ccg aac atc tca aat gat tgg ctt ggt gga agg act      864
Ser Val Ser Asn Pro Asn Ile Ser Asn Asp Trp Leu Gly Gly Arg Thr
        275                 280                 285

agt gga gct cca cct ggc cct gga ggt gtc cgg cca tct aca ttg acc      912
Ser Gly Ala Pro Pro Gly Pro Gly Gly Val Arg Pro Ser Thr Leu Thr
    290                 295                 300

act act cag cca cga cct cta agc acg gtt tcc tcc cag ccc act gct      960
Thr Thr Gln Pro Arg Pro Leu Ser Thr Val Ser Ser Gln Pro Thr Ala
305                 310                 315                 320

aat gat tct aaa gtc ccg gtt gtt tct gga aat ggg ttt gcc tct aat     1008
Asn Asp Ser Lys Val Pro Val Val Ser Gly Asn Gly Phe Ala Ser Asn
                325                 330                 335

ttg ttt ttt ggt agt gat gta ttt tct gca acc gct gct gca aca aaa     1056
Leu Phe Phe Gly Ser Asp Val Phe Ser Ala Thr Ala Ala Ala Thr Lys
            340                 345                 350

cag gaa ccc tct ctg ctg tct gct act ggt ggt gca caa cct ccg cgg     1104
Gln Glu Pro Ser Leu Leu Ser Ala Thr Gly Gly Ala Gln Pro Pro Arg
        355                 360                 365

acc caa tca tta ctg agc tcc ggc cca cat gtt tca gct tca agt tct     1152
Thr Gln Ser Leu Leu Ser Ser Gly Pro His Val Ser Ala Ser Ser Ser
    370                 375                 380
```

```
gcc tca att gtg tca cct ggc att tca gct gga gct gga aat tct tct      1200
Ala Ser Ile Val Ser Pro Gly Ile Ser Ala Gly Ala Gly Asn Ser Ser
385                 390                 395                 400

gat aac tca cag ctt tca tgg cca aag atg aaa cca gca gac att caa      1248
Asp Asn Ser Gln Leu Ser Trp Pro Lys Met Lys Pro Ala Asp Ile Gln
                405                 410                 415

aat tat act aaa gtt ttt atg gaa gta gat act gac aga gat gga aga      1296
Asn Tyr Thr Lys Val Phe Met Glu Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly Arg
            420                 425                 430

atc act ggt gag cag gca cgg aat ctt ttt ctg agc tgg agg tta cca      1344
Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro
        435                 440                 445

aga gag att tta aag cag gtc tgg gat tta tct gat caa gat agt gat      1392
Arg Glu Ile Leu Lys Gln Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Ser Asp
    450                 455                 460

agc atg ctt tct ttg agg gaa ttc tgc ttt gcc ctt tat ttg atg gag      1440
Ser Met Leu Ser Leu Arg Glu Phe Cys Phe Ala Leu Tyr Leu Met Glu
465                 470                 475                 480

agg tac agg gaa ggc cgt cct ctt cca gca gct ctt cca aat aat gtt      1488
Arg Tyr Arg Glu Gly Arg Pro Leu Pro Ala Ala Leu Pro Asn Asn Val
                485                 490                 495

ttg tat gat gag acc ttg ttg tca atg aca ggt caa ccc aaa gtt gct      1536
Leu Tyr Asp Glu Thr Leu Leu Ser Met Thr Gly Gln Pro Lys Val Ala
            500                 505                 510

tat gga aat gct gcg tgg ggt ccc agt cct ggt ttt gca cag cag ctg      1584
Tyr Gly Asn Ala Ala Trp Gly Pro Ser Pro Gly Phe Ala Gln Gln Leu
        515                 520                 525

ggg atg ggt gcc cga cct atg gct cct atc ctt ggt atg agg aca cca      1632
Gly Met Gly Ala Arg Pro Met Ala Pro Ile Leu Gly Met Arg Thr Pro
    530                 535                 540

gtt cca gta aat gcc ccc cag cct gat gct gca atg gcc aac aat cag      1680
Val Pro Val Asn Ala Pro Gln Pro Asp Ala Ala Met Ala Asn Asn Gln
545                 550                 555                 560

cag atg tca gga gtg cca gtc ttg gag gat tcc ttt ttg aac caa cat      1728
Gln Met Ser Gly Val Pro Val Leu Glu Asp Ser Phe Leu Asn Gln His
                565                 570                 575
```

```
gaa ggt gga gag cag aat tca gca aac tca atg act caa gat gga aca      1776
Glu Gly Gly Glu Gln Asn Ser Ala Asn Ser Met Thr Gln Asp Gly Thr
            580                 585                 590

gcc tca gag aaa aag att gat gaa gca gag aag ctg att ttg gac ttc      1824
Ala Ser Glu Lys Lys Ile Asp Glu Ala Glu Lys Leu Ile Leu Asp Phe
        595                 600                 605

aag gag aag att gag ttt tac cgt tct aaa atg cag gat ctt gtt cta      1872
Lys Glu Lys Ile Glu Phe Tyr Arg Ser Lys Met Gln Asp Leu Val Leu
    610                 615                 620

tat aaa agc aga tgt gat aat agg cta aat gaa atc aca gaa agg gct      1920
Tyr Lys Ser Arg Cys Asp Asn Arg Leu Asn Glu Ile Thr Glu Arg Ala
625                 630                 635                 640

ttg gct gat aca cga gag gca gag ttg ctg ggt aag aaa tac gaa gag      1968
Leu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Glu Leu Leu Gly Lys Lys Tyr Glu Glu
                645                 650                 655

aag tac aag caa gtt gca gaa gtg gca tct aaa tta aca att gaa gag      2016
Lys Tyr Lys Gln Val Ala Glu Val Ala Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu
            660                 665                 670

gca aca ttt cgt gac att cag gag aga aag ctg gag ttg cat caa gga      2064
Ala Thr Phe Arg Asp Ile Gln Glu Arg Lys Leu Glu Leu His Gln Gly
        675                 680                 685

ata act aac atg gaa caa ggt ggc agt gca gat ggt att ctt cag gtt      2112
Ile Thr Asn Met Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Ile Leu Gln Val
    690                 695                 700

cgt gct gat cgt ata caa tca gac ctt gat gag cta tta aag gct tta      2160
Arg Ala Asp Arg Ile Gln Ser Asp Leu Asp Glu Leu Leu Lys Ala Leu
705                 710                 715                 720

act caa cgc tgc aag aaa cat gaa ctc act gtt aag tca act gca gtg      2208
Thr Gln Arg Cys Lys Lys His Glu Leu Thr Val Lys Ser Thr Ala Val
                725                 730                 735

att gag ctt cct ttc ggc tgg caa cca gga att caa gag gat gct gct      2256
Ile Glu Leu Pro Phe Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu Asp Ala Ala
            740                 745                 750

act tgg gat gaa gat tgg gac aag ttt gaa gat gaa ggg ttt tcc aac      2304
Thr Trp Asp Glu Asp Trp Asp Lys Phe Glu Asp Glu Gly Phe Ser Asn
```

```
        755                 760                 765

gag ctc act gtt gat gtg aaa agt gct cct ggt caa aag gag aga gca      2352
Glu Leu Thr Val Asp Val Lys Ser Ala Pro Gly Gln Lys Glu Arg Ala
    770                 775                 780

tct gta gat gat agt tta acc cct gat tca tta tca aat ggt gat ggg      2400
Ser Val Asp Asp Ser Leu Thr Pro Asp Ser Leu Ser Asn Gly Asp Gly
785                 790                 795                 800

agg tca ggg att ttc acc ggc aaa cat gta ctt gag agt gaa gct gct      2448
Arg Ser Gly Ile Phe Thr Gly Lys His Val Leu Glu Ser Glu Ala Ala
                805                 810                 815

tat aac cac agt gaa gat gaa atg gca aga agc cct caa ggc agt cca      2496
Tyr Asn His Ser Glu Asp Glu Met Ala Arg Ser Pro Gln Gly Ser Pro
            820                 825                 830

gct gga agg tct gcg tca gaa agt cca tct caa gac ttt tct gat gtt      2544
Ala Gly Arg Ser Ala Ser Glu Ser Pro Ser Gln Asp Phe Ser Asp Val
        835                 840                 845

ttt gcc aag agt act gaa gca gat ata gat aca cat aga agt ttc gat      2592
Phe Ala Lys Ser Thr Glu Ala Asp Ile Asp Thr His Arg Ser Phe Asp
    850                 855                 860

gaa tca att tgg ggt gct ttt gac aca aat gat gat gtg gac tca gtc      2640
Glu Ser Ile Trp Gly Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val Asp Ser Val
865                 870                 875                 880

tgg gga ttt aac cct aca ggc aac aag gca tcg tcg gag aat gag gga      2688
Trp Gly Phe Asn Pro Thr Gly Asn Lys Ala Ser Ser Glu Asn Glu Gly
                885                 890                 895

ggt ttc ttt gga tct gat gat ttt ggt cta aag cct ata aga acg gga      2736
Gly Phe Phe Gly Ser Asp Asp Phe Gly Leu Lys Pro Ile Arg Thr Gly
            900                 905                 910

tcc aca tcc cct gca aat act att cag aaa aat agt ata ttt ttt gaa      2784
Ser Thr Ser Pro Ala Asn Thr Ile Gln Lys Asn Ser Ile Phe Phe Glu
        915                 920                 925

gaa tct gtt gca ggc tcc cca atg tca aga ttt agc aac tct cca agg      2832
Glu Ser Val Ala Gly Ser Pro Met Ser Arg Phe Ser Asn Ser Pro Arg
    930                 935                 940

tac agt gaa gca ggg gat cat ttt gac aat tac ttg aga ttt gat tcc      2880
```

Tyr Ser Glu Ala Gly Asp His Phe Asp Asn Tyr Leu Arg Phe Asp Ser
945 950 955 960

ttt cct tca gca tga 2895
Phe Pro Ser Ala

<210> 132
<211> 964
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 132

Met Ala Leu Pro Asn Met Asp Val Phe Glu Ala Tyr Phe Lys Arg Ala
1 5 10 15

Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Gly Phe Ser Phe
20 25 30

Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile Trp Met
35 40 45

His Ala Asp Gln Ser Arg Ser Gly Phe Leu Gly Arg Pro Glu Phe Phe
50 55 60

Asn Ala Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp Leu Thr
65 70 75 80

Pro Asp Ile Val Lys Ala Ala Leu Tyr Gly Leu Ala Ala Ala Lys Ile
85 90 95

Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu His Ala Thr Ala Gly Pro Gln Met Ala
100 105 110

Ala Ala Ser Thr Ala Leu Gln Met Gly Ala Gly Thr Pro Thr Ala Ser
115 120 125

Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Gln Thr Ala Val Pro Gln
130 135 140

Met Val Ala Ser Ser Gly Pro Gln Met Ser Ala Val Ala Pro Thr Ala
145 150 155 160

Ser Gln Gly Phe Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Gln Thr Ala Val Pro
165 170 175

Gln Met Val Ala Ser Ser Ala Pro Gln Met Gly Ala Phe Ala Pro Thr
180 185 190

Ala Leu Gln Ser Pro Gly Phe Arg Gly Pro Gly Val Pro Asn Ala Ser
195 200 205

Met Asn Pro Gln Tyr Phe Pro Gln Gln Ser Gln Thr Met Arg Pro Leu
210 215 220

Gln Gly Val Pro Ala Gly Thr Ala Ser Arg Pro Pro Gln Gly Met Leu
225 230 235 240

Ser Ser Asn Leu Gly Gly Pro Ser Ser Val Met Pro Thr Gly Thr Ala
245 250 255

Ser Arg Pro Pro Gln Phe Met Ser Gly Gly Thr Val Gly Ser Thr Pro
260 265 270

Ser Val Ser Asn Pro Asn Ile Ser Asn Asp Trp Leu Gly Gly Arg Thr
275 280 285

Ser Gly Ala Pro Pro Gly Pro Gly Gly Val Arg Pro Ser Thr Leu Thr
290 295 300

Thr Thr Gln Pro Arg Pro Leu Ser Thr Val Ser Ser Gln Pro Thr Ala
305 310 315 320

Asn Asp Ser Lys Val Pro Val Val Ser Gly Asn Gly Phe Ala Ser Asn
325 330 335

Leu Phe Phe Gly Ser Asp Val Phe Ser Ala Thr Ala Ala Ala Thr Lys
340 345 350

Gln Glu Pro Ser Leu Leu Ser Ala Thr Gly Gly Ala Gln Pro Pro Arg
355 360 365

Thr Gln Ser Leu Leu Ser Ser Gly Pro His Val Ser Ala Ser Ser Ser
370 375 380

Ala Ser Ile Val Ser Pro Gly Ile Ser Ala Gly Ala Gly Asn Ser Ser
385 390 395 400

Asp Asn Ser Gln Leu Ser Trp Pro Lys Met Lys Pro Ala Asp Ile Gln
405 410 415

Asn Tyr Thr Lys Val Phe Met Glu Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly Arg
420 425 430

Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro
435 440 445

Arg Glu Ile Leu Lys Gln Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Ser Asp
450 455 460

Ser Met Leu Ser Leu Arg Glu Phe Cys Phe Ala Leu Tyr Leu Met Glu
465 470 475 480

Arg Tyr Arg Glu Gly Arg Pro Leu Pro Ala Ala Leu Pro Asn Asn Val
485 490 495

Leu Tyr Asp Glu Thr Leu Leu Ser Met Thr Gly Gln Pro Lys Val Ala
500 505 510

Tyr Gly Asn Ala Ala Trp Gly Pro Ser Pro Gly Phe Ala Gln Gln Leu
515 520 525

Gly Met Gly Ala Arg Pro Met Ala Pro Ile Leu Gly Met Arg Thr Pro
530 535 540

Val Pro Val Asn Ala Pro Gln Pro Asp Ala Ala Met Ala Asn Asn Gln
545 550 555 560

Gln Met Ser Gly Val Pro Val Leu Glu Asp Ser Phe Leu Asn Gln His
565 570 575

Glu Gly Gly Glu Gln Asn Ser Ala Asn Ser Met Thr Gln Asp Gly Thr
580 585 590

Ala Ser Glu Lys Lys Ile Asp Glu Ala Glu Lys Leu Ile Leu Asp Phe
595 600 605

Lys Glu Lys Ile Glu Phe Tyr Arg Ser Lys Met Gln Asp Leu Val Leu
610 615 620

Tyr Lys Ser Arg Cys Asp Asn Arg Leu Asn Glu Ile Thr Glu Arg Ala
625 630 635 640

Leu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Glu Leu Leu Gly Lys Lys Tyr Glu Glu
645 650 655

Lys Tyr Lys Gln Val Ala Glu Val Ala Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu
660 665 670

Ala Thr Phe Arg Asp Ile Gln Glu Arg Lys Leu Glu Leu His Gln Gly
675 680 685

Ile Thr Asn Met Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Ile Leu Gln Val

690 695 700

Arg Ala Asp Arg Ile Gln Ser Asp Leu Asp Glu Leu Leu Lys Ala Leu
705 710 715 720

Thr Gln Arg Cys Lys Lys His Glu Leu Thr Val Lys Ser Thr Ala Val
725 730 735

Ile Glu Leu Pro Phe Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu Asp Ala Ala
740 745 750

Thr Trp Asp Glu Asp Trp Asp Lys Phe Glu Asp Glu Gly Phe Ser Asn
755 760 765

Glu Leu Thr Val Asp Val Lys Ser Ala Pro Gly Gln Lys Glu Arg Ala
770 775 780

Ser Val Asp Asp Ser Leu Thr Pro Asp Ser Leu Ser Asn Gly Asp Gly
785 790 795 800

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

Tyr Asn His Ser Glu Asp Glu Met Ala Arg Ser Pro Gln Gly Ser Pro
820 825 830

Ala Gly Arg Ser Ala Ser Glu Ser Pro Ser Gln Asp Phe Ser Asp Val
835 840 845

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

Glu Ser Ile Trp Gly Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val Asp Ser Val
865 870 875 880

Trp Gly Phe Asn Pro Thr Gly Asn Lys Ala Ser Ser Glu Asn Glu Gly
885 890 895

Gly Phe Phe Gly Ser Asp Asp Phe Gly Leu Lys Pro Ile Arg Thr Gly
900 905 910

Ser Thr Ser Pro Ala Asn Thr Ile Gln Lys Asn Ser Ile Phe Phe Glu
915 920 925

Glu Ser Val Ala Gly Ser Pro Met Ser Arg Phe Ser Asn Ser Pro Arg
930 935 940

Tyr Ser Glu Ala Gly Asp His Phe Asp Asn Tyr Leu Arg Phe Asp Ser
945 950 955 960

Phe Pro Ser Ala

<210> 133
<211> 2943
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2943)
<223> Gen (Eucgr.F01786), mã hóa protein túi synap EHS-1 và các protein miền EH liên quan

<400> 133
atg gcg gcg cag ggc caa ggg gcg ggc gcg gag cag ttc gag gcg tac 48
Met Ala Ala Gln Gly Gln Gly Ala Gly Ala Glu Gln Phe Glu Ala Tyr
1 5 10 15

ttc agg agg gcg gat ttg gac ggg gac ggc agg atc agc ggg gcc gag 96
Phe Arg Arg Ala Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu
20 25 30

gcc gtc gcc ttc ttc caa gga tcc ggc ttg ccg aag cac gtc ctt gct 144
Ala Val Ala Phe Phe Gln Gly Ser Gly Leu Pro Lys His Val Leu Ala

```
        35                  40                  45

cag ata tgg atg cat gct gat cag gct cgt act ggt ttc ctt ggt cgg          192
Gln Ile Trp Met His Ala Asp Gln Ala Arg Thr Gly Phe Leu Gly Arg
    50                  55                  60

gca gaa ttt tac aat gct ctg aag ctt gtc aca gta gca cag agt aaa          240
Ala Glu Phe Tyr Asn Ala Leu Lys Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys
65                  70                  75                  80

agg gaa tta tca gca gat ata gtc aag gcc gcc tta tat ggc ccc gct          288
Arg Glu Leu Ser Ala Asp Ile Val Lys Ala Ala Leu Tyr Gly Pro Ala
                85                  90                  95

gct gct aaa ata ccc cct cca caa att aat ctt gct tct gta cct gca          336
Ala Ala Lys Ile Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu Ala Ser Val Pro Ala
            100                 105                 110

cca cat gtg aga aat gca cct gtt gcg gca acc ccg cag atg aga gca          384
Pro His Val Arg Asn Ala Pro Val Ala Ala Thr Pro Gln Met Arg Ala
        115                 120                 125

gca gct caa cca aca tct cag agt gtt ggc ttt gga ttt cct tca caa          432
Ala Ala Gln Pro Thr Ser Gln Ser Val Gly Phe Gly Phe Pro Ser Gln
    130                 135                 140

caa caa caa cca cca cct gtg aga ccg cct caa cct atg cct gct cct          480
Gln Gln Gln Pro Pro Pro Val Arg Pro Pro Gln Pro Met Pro Ala Pro
145                 150                 155                 160

act gct ttc cgt gca cca cag gca aat aca ggt tca caa ttt tcc atg          528
Thr Ala Phe Arg Ala Pro Gln Ala Asn Thr Gly Ser Gln Phe Ser Met
                165                 170                 175

ggg agt agt tta aca ggt gct ggg gtt cca aac gca aac att tca agt          576
Gly Ser Ser Leu Thr Gly Ala Gly Val Pro Asn Ala Asn Ile Ser Ser
            180                 185                 190

gat tgg acc gga gga atg agt ggc gga gca tca gtt gga ccc aga gat          624
Asp Trp Thr Gly Gly Met Ser Gly Gly Ala Ser Val Gly Pro Arg Asp
        195                 200                 205

act aat tct tcg gtt ctg tca gct tta tca aag cca caa att cca cct          672
Thr Asn Ser Ser Val Leu Ser Ala Leu Ser Lys Pro Gln Ile Pro Pro
    210                 215                 220

tct tta tct tca cag aca atg gcc gtt gat tct aaa gca cta gtt gtt          720
```

```
Ser Leu Ser Ser Gln Thr Met Ala Val Asp Ser Lys Ala Leu Val Val
225                 230                 235                 240

tct gga aat gga tct tct tca gat act ttt ctt gga ggt gat tta ttt      768
Ser Gly Asn Gly Ser Ser Ser Asp Thr Phe Leu Gly Gly Asp Leu Phe
                245                 250                 255

tct gca aaa ccc tct cca tct aaa caa gaa tct tct gca cta agt aat      816
Ser Ala Lys Pro Ser Pro Ser Lys Gln Glu Ser Ser Ala Leu Ser Asn
            260                 265                 270

cca gct gcc ggc aca tct ctc gcc tct gct atg act tct gtt cct gga      864
Pro Ala Ala Gly Thr Ser Leu Ala Ser Ala Met Thr Ser Val Pro Gly
        275                 280                 285

agc caa cct tct gta aag ccc aat gca ctg gat gct ttg cag act tca      912
Ser Gln Pro Ser Val Lys Pro Asn Ala Leu Asp Ala Leu Gln Thr Ser
    290                 295                 300

ttc tct gtg ctt tct tct agc agt cag gtt cag cgt cct cct aca cct      960
Phe Ser Val Leu Ser Ser Ser Ser Gln Val Gln Arg Pro Pro Thr Pro
305                 310                 315                 320

tcg aac cca cga gcg cag ggt cca tct cta ggt ttt tcc tca ttc tca     1008
Ser Asn Pro Arg Ala Gln Gly Pro Ser Leu Gly Phe Ser Ser Phe Ser
                325                 330                 335

tcg cct gga att tca gtt ggg gta gct aat tct tct ccc agt gat agt     1056
Ser Pro Gly Ile Ser Val Gly Val Ala Asn Ser Ser Pro Ser Asp Ser
            340                 345                 350

cag ctt aat tgg cca aag atg aag cca tct gat gtt caa aaa tac acg     1104
Gln Leu Asn Trp Pro Lys Met Lys Pro Ser Asp Val Gln Lys Tyr Thr
        355                 360                 365

aag gtt ttt atg gaa gtg gac aca gat aga gat ggg aaa att act ggc     1152
Lys Val Phe Met Glu Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly Lys Ile Thr Gly
    370                 375                 380

gag cag gct cgc aac tta ttt ctg agt tgg agg cta cca aga gag gtc     1200
Glu Gln Ala Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Glu Val
385                 390                 395                 400

tta aag cag gtg tgg gac ttg tct gat cag gat agt gac agc atg ctc     1248
Leu Lys Gln Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Ser Asp Ser Met Leu
                405                 410                 415
```

```
tct ttg agg gag ttt tgc ttt gcc cta tat ttg atg gag cga cat agg      1296
Ser Leu Arg Glu Phe Cys Phe Ala Leu Tyr Leu Met Glu Arg His Arg
            420                 425                 430

gag ggt cgt cct ctt ccc aca gct ctt cct agt aat gtc atg tac gat      1344
Glu Gly Arg Pro Leu Pro Thr Ala Leu Pro Ser Asn Val Met Tyr Asp
        435                 440                 445

gaa aca cta ttg tca atg aca ggt tta cca aat gtt gct tat gga aat      1392
Glu Thr Leu Leu Ser Met Thr Gly Leu Pro Asn Val Ala Tyr Gly Asn
    450                 455                 460

gcc gct tgg ggt gcc aat tcg ggt ttt agg cca cag caa gga atg cca      1440
Ala Ala Trp Gly Ala Asn Ser Gly Phe Arg Pro Gln Gln Gly Met Pro
465                 470                 475                 480

ggt gct cga cca ttg gct cct gca act ggc ttg agg cca gga atg cag      1488
Gly Ala Arg Pro Leu Ala Pro Ala Thr Gly Leu Arg Pro Gly Met Gln
                485                 490                 495

gtt ccc att cct aag gca gat gct gcg aag caa acc aat caa caa gac      1536
Val Pro Ile Pro Lys Ala Asp Ala Ala Lys Gln Thr Asn Gln Gln Asp
            500                 505                 510

ttg aga gga cca gct tta ggg gac cca ttt gca aac ata ggt ggc aac      1584
Leu Arg Gly Pro Ala Leu Gly Asp Pro Phe Ala Asn Ile Gly Gly Asn
        515                 520                 525

act gaa cca aat tca gtt ggt tca gca cct caa gac gca aca act ggg      1632
Thr Glu Pro Asn Ser Val Gly Ser Ala Pro Gln Asp Ala Thr Thr Gly
    530                 535                 540

ggg caa aag gtg gaa gaa aag gag aaa gtt ata ttg gat tca aag gag      1680
Gly Gln Lys Val Glu Glu Lys Glu Lys Val Ile Leu Asp Ser Lys Glu
545                 550                 555                 560

aag att gag ttt tac cgc aca aaa atg caa gac ctt gtt tta ttt aaa      1728
Lys Ile Glu Phe Tyr Arg Thr Lys Met Gln Asp Leu Val Leu Phe Lys
                565                 570                 575

agc aga tgt gat aat aaa ttg aat gag atg acg gag agg gca tct gca      1776
Ser Arg Cys Asp Asn Lys Leu Asn Glu Met Thr Glu Arg Ala Ser Ala
            580                 585                 590

gat aag cgt gag gcc gag ttt ctt ggc aaa aag tat gaa gag aag tac      1824
Asp Lys Arg Glu Ala Glu Phe Leu Gly Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr
        595                 600                 605
```

```
aag caa gtc gca gaa ata gca tct aag tta acc att gag gag gcg acc        1872
Lys Gln Val Ala Glu Ile Ala Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Thr
    610                 615                 620

ttt cgt gat ctt cag gaa agg aaa atg gag ttg cat aag gcc att gtc        1920
Phe Arg Asp Leu Gln Glu Arg Lys Met Glu Leu His Lys Ala Ile Val
625                 630                 635                 640

aca gtg gaa caa ggt ggc agt gca gat ggc ctt ctt cag gtc cga gct        1968
Thr Val Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Leu Leu Gln Val Arg Ala
                645                 650                 655

gat cgc atc caa tca gat gtt gat gag ctt atg aag gct ttg aca gaa        2016
Asp Arg Ile Gln Ser Asp Val Asp Glu Leu Met Lys Ala Leu Thr Glu
            660                 665                 670

cgt tgc aag aag cat agt cta gat gtc aaa tca act gca cta ttt gag        2064
Arg Cys Lys Lys His Ser Leu Asp Val Lys Ser Thr Ala Leu Phe Glu
        675                 680                 685

ctt ccg aat ggc tgg cag cct ggg att cag gag gga gct gcc gtt tgg        2112
Leu Pro Asn Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Val Trp
    690                 695                 700

gat gaa gat tgg gac aag ttt gaa gat gaa ggc ttt gtc aat ggc ctg        2160
Asp Glu Asp Trp Asp Lys Phe Glu Asp Glu Gly Phe Val Asn Gly Leu
705                 710                 715                 720

aat ctg gat ggg aaa aat gtc tct gtt gag aga gag aat gct tct act        2208
Asn Leu Asp Gly Lys Asn Val Ser Val Glu Arg Glu Asn Ala Ser Thr
                725                 730                 735

gag aat ggt tat gcc cat gat tct atc tca agt cca ggt gaa aag cat        2256
Glu Asn Gly Tyr Ala His Asp Ser Ile Ser Ser Pro Gly Glu Lys His
            740                 745                 750

cag aac tct ttg ggt acc atg gaa aat gct ttt gag aat gaa tat caa        2304
Gln Asn Ser Leu Gly Thr Met Glu Asn Ala Phe Glu Asn Glu Tyr Gln
        755                 760                 765

tat gcc cat agt gaa gat gat tca gca cga agc cct cat gaa agt ccg        2352
Tyr Ala His Ser Glu Asp Asp Ser Ala Arg Ser Pro His Glu Ser Pro
    770                 775                 780

gtt ggt aga act tct gta ggg agt cca tcc caa gta ttt tca ggt gca        2400
Val Gly Arg Thr Ser Val Gly Ser Pro Ser Gln Val Phe Ser Gly Ala
```

```
785                 790                 795                 800

cat ttt gaa aag agt cct gaa gca gat att gat aca cat gga agt ttt      2448
His Phe Glu Lys Ser Pro Glu Ala Asp Ile Asp Thr His Gly Ser Phe
                805                 810                 815

gat gaa tca acc tgg ggt gcc ttc gac aat aat gat gat gtg gac tcc      2496
Asp Glu Ser Thr Trp Gly Ala Phe Asp Asn Asn Asp Asp Val Asp Ser
            820                 825                 830

gtc tgg gga ttt ggt acc aag gac tcg aag cat ggt gat tat tcc ttt      2544
Val Trp Gly Phe Gly Thr Lys Asp Ser Lys His Gly Asp Tyr Ser Phe
        835                 840                 845

aca acg agt gac ttt gga gca aac cca ata cga aca ggc tcc cca cga      2592
Thr Thr Ser Asp Phe Gly Ala Asn Pro Ile Arg Thr Gly Ser Pro Arg
    850                 855                 860

gaa gat aat gct ttc caa agc agg agt ggt ttc gct ttc gat gat tct      2640
Glu Asp Asn Ala Phe Gln Ser Arg Ser Gly Phe Ala Phe Asp Asp Ser
865                 870                 875                 880

gtc cca gcc act cct cta tct aga ttt ggc aac tcc tcg ccg aga tac      2688
Val Pro Ala Thr Pro Leu Ser Arg Phe Gly Asn Ser Ser Pro Arg Tyr
                885                 890                 895

agc gaa gca ggg gat cac tcc ttt gac aac ttc tcg agg ttc gat tcc      2736
Ser Glu Ala Gly Asp His Ser Phe Asp Asn Phe Ser Arg Phe Asp Ser
            900                 905                 910

ttc aga acc cac gac agc gga ttt tat ccc caa caa cct gag agg ctt      2784
Phe Arg Thr His Asp Ser Gly Phe Tyr Pro Gln Gln Pro Glu Arg Leu
        915                 920                 925

act agg ttt gac tcc atc aat agc acc aag gac ttc ggc cac agt cgt      2832
Thr Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Thr Lys Asp Phe Gly His Ser Arg
    930                 935                 940

gga ttc tct tct ttt gat gat tca gac cca ttt ggt tcg tcc ggt cca      2880
Gly Phe Ser Ser Phe Asp Asp Ser Asp Pro Phe Gly Ser Ser Gly Pro
945                 950                 955                 960

ttt aag gtt tct tcg gag agc cac act cca aag aaa agt tca gat aac      2928
Phe Lys Val Ser Ser Glu Ser His Thr Pro Lys Lys Ser Ser Asp Asn
                965                 970                 975

tgg aac gcc ttc tag                                                 2943
```

Trp Asn Ala Phe
980

<210> 134
<211> 980
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis

<400> 134

Met Ala Ala Gln Gly Gln Gly Ala Gly Ala Glu Gln Phe Glu Ala Tyr
1 5 10 15

Phe Arg Arg Ala Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu
20 25 30

Ala Val Ala Phe Phe Gln Gly Ser Gly Leu Pro Lys His Val Leu Ala
35 40 45

Gln Ile Trp Met His Ala Asp Gln Ala Arg Thr Gly Phe Leu Gly Arg
50 55 60

Ala Glu Phe Tyr Asn Ala Leu Lys Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys
65 70 75 80

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

Ala Ala Lys Ile Pro Pro Pro Gln Ile Asn Leu Ala Ser Val Pro Ala
100 105 110

Pro His Val Arg Asn Ala Pro Val Ala Ala Thr Pro Gln Met Arg Ala
115 120 125

Ala Ala Gln Pro Thr Ser Gln Ser Val Gly Phe Gly Phe Pro Ser Gln
130 135 140

Gln Gln Gln Pro Pro Pro Val Arg Pro Pro Gln Pro Met Pro Ala Pro
145 150 155 160

Thr Ala Phe Arg Ala Pro Gln Ala Asn Thr Gly Ser Gln Phe Ser Met
165 170 175

Gly Ser Ser Leu Thr Gly Ala Gly Val Pro Asn Ala Asn Ile Ser Ser
180 185 190

Asp Trp Thr Gly Gly Met Ser Gly Gly Ala Ser Val Gly Pro Arg Asp
195 200 205

Thr Asn Ser Ser Val Leu Ser Ala Leu Ser Lys Pro Gln Ile Pro Pro
210 215 220

Ser Leu Ser Ser Gln Thr Met Ala Val Asp Ser Lys Ala Leu Val Val
225 230 235 240

Ser Gly Asn Gly Ser Ser Ser Asp Thr Phe Leu Gly Gly Asp Leu Phe
245 250 255

Ser Ala Lys Pro Ser Pro Ser Lys Gln Glu Ser Ser Ala Leu Ser Asn
260 265 270

Pro Ala Ala Gly Thr Ser Leu Ala Ser Ala Met Thr Ser Val Pro Gly
275 280 285

Ser Gln Pro Ser Val Lys Pro Asn Ala Leu Asp Ala Leu Gln Thr Ser
290 295 300

Phe Ser Val Leu Ser Ser Ser Ser Gln Val Gln Arg Pro Pro Thr Pro
305 310 315 320

Ser Asn Pro Arg Ala Gln Gly Pro Ser Leu Gly Phe Ser Ser Phe Ser
325 330 335

Ser Pro Gly Ile Ser Val Gly Val Ala Asn Ser Ser Pro Ser Asp Ser
340 345 350

Gln Leu Asn Trp Pro Lys Met Lys Pro Ser Asp Val Gln Lys Tyr Thr
355 360 365

Lys Val Phe Met Glu Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly Lys Ile Thr Gly
370 375 380

Glu Gln Ala Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Glu Val
385 390 395 400

Leu Lys Gln Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Ser Asp Ser Met Leu
405 410 415

Ser Leu Arg Glu Phe Cys Phe Ala Leu Tyr Leu Met Glu Arg His Arg
420 425 430

Glu Gly Arg Pro Leu Pro Thr Ala Leu Pro Ser Asn Val Met Tyr Asp
435 440 445

Glu Thr Leu Leu Ser Met Thr Gly Leu Pro Asn Val Ala Tyr Gly Asn
450 455 460

Ala Ala Trp Gly Ala Asn Ser Gly Phe Arg Pro Gln Gln Gly Met Pro
465 470 475 480

Gly Ala Arg Pro Leu Ala Pro Ala Thr Gly Leu Arg Pro Gly Met Gln
485 490 495

Val Pro Ile Pro Lys Ala Asp Ala Ala Lys Gln Thr Asn Gln Gln Asp
500 505 510

Leu Arg Gly Pro Ala Leu Gly Asp Pro Phe Ala Asn Ile Gly Gly Asn
515 520 525

Thr Glu Pro Asn Ser Val Gly Ser Ala Pro Gln Asp Ala Thr Thr Gly
530 535 540

Gly Gln Lys Val Glu Glu Lys Glu Lys Val Ile Leu Asp Ser Lys Glu
545 550 555 560

Lys Ile Glu Phe Tyr Arg Thr Lys Met Gln Asp Leu Val Leu Phe Lys
565 570 575

Ser Arg Cys Asp Asn Lys Leu Asn Glu Met Thr Glu Arg Ala Ser Ala
580 585 590

Asp Lys Arg Glu Ala Glu Phe Leu Gly Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr
595 600 605

Lys Gln Val Ala Glu Ile Ala Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Thr
610 615 620

Phe Arg Asp Leu Gln Glu Arg Lys Met Glu Leu His Lys Ala Ile Val
625 630 635 640

Thr Val Glu Gln Gly Gly Ser Ala Asp Gly Leu Leu Gln Val Arg Ala
645 650 655

Asp Arg Ile Gln Ser Asp Val Asp Glu Leu Met Lys Ala Leu Thr Glu
660 665 670

Arg Cys Lys Lys His Ser Leu Asp Val Lys Ser Thr Ala Leu Phe Glu
675 680 685

Leu Pro Asn Gly Trp Gln Pro Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Val Trp
690 695 700

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

705 710 715 720

Asn Leu Asp Gly Lys Asn Val Ser Val Glu Arg Glu Asn Ala Ser Thr
725 730 735

Glu Asn Gly Tyr Ala His Asp Ser Ile Ser Ser Pro Gly Glu Lys His
740 745 750

Gln Asn Ser Leu Gly Thr Met Glu Asn Ala Phe Glu Asn Glu Tyr Gln
755 760 765

Tyr Ala His Ser Glu Asp Asp Ser Ala Arg Ser Pro His Glu Ser Pro
770 775 780

Val Gly Arg Thr Ser Val Gly Ser Pro Ser Gln Val Phe Ser Gly Ala
785 790 795 800

His Phe Glu Lys Ser Pro Glu Ala Asp Ile Asp Thr His Gly Ser Phe
805 810 815

Asp Glu Ser Thr Trp Gly Ala Phe Asp Asn Asn Asp Asp Val Asp Ser
820 825 830

Val Trp Gly Phe Gly Thr Lys Asp Ser Lys His Gly Asp Tyr Ser Phe
835 840 845

Thr Thr Ser Asp Phe Gly Ala Asn Pro Ile Arg Thr Gly Ser Pro Arg
850 855 860

Glu Asp Asn Ala Phe Gln Ser Arg Ser Gly Phe Ala Phe Asp Asp Ser
865 870 875 880

Val Pro Ala Thr Pro Leu Ser Arg Phe Gly Asn Ser Ser Pro Arg Tyr
885 890 895

Ser Glu Ala Gly Asp His Ser Phe Asp Asn Phe Ser Arg Phe Asp Ser
900 905 910

Phe Arg Thr His Asp Ser Gly Phe Tyr Pro Gln Gln Pro Glu Arg Leu
915 920 925

Thr Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Thr Lys Asp Phe Gly His Ser Arg
930 935 940

Gly Phe Ser Ser Phe Asp Asp Ser Asp Pro Phe Gly Ser Ser Gly Pro
945 950 955 960

Phe Lys Val Ser Ser Glu Ser His Thr Pro Lys Lys Ser Ser Asp Asn
965 970 975

Trp Asn Ala Phe
980

<210> 135
<211> 3060
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3060)
<223> Gen (AT1G20760), mã hóa protein họ gắn kết canxi EF bàn tay

<400> 135
atg gcg ggt cag aat cct aac atg gat caa ttc gag gcc tac ttc aaa 48
Met Ala Gly Gln Asn Pro Asn Met Asp Gln Phe Glu Ala Tyr Phe Lys
1 5 10 15

aga gca gat tta gac gga gat ggt cgg atc agt ggt gcc gaa gct gtt 96
Arg Ala Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Ala Val
20 25 30

gga ttt ttt caa gga tct ggt ttg tct aag cag gtt ctc gcc cag ata 144
Gly Phe Phe Gln Gly Ser Gly Leu Ser Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile
35 40 45

```
tgg tcg ctt tct gat cgg tca cac agt ggt ttc ctt gat cgg caa aac          192
Trp Ser Leu Ser Asp Arg Ser His Ser Gly Phe Leu Asp Arg Gln Asn
    50                  55                  60

ttt tat aat tct ctg aga ctt gta aca gtt gca cag agc aag aga gat          240
Phe Tyr Asn Ser Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp
65                  70                  75                  80

ctg aca cct gag att gtt aat gca gca ctg aat act cct gca gca gcc          288
Leu Thr Pro Glu Ile Val Asn Ala Ala Leu Asn Thr Pro Ala Ala Ala
                85                  90                  95

aaa ata cca cct ccc aaa att aat ctt tca gct atc cct gca ccc cga          336
Lys Ile Pro Pro Pro Lys Ile Asn Leu Ser Ala Ile Pro Ala Pro Arg
            100                 105                 110

cct aat cct gct gct aca acg gtc ggt cca gtt tcc ggg ttt gga gga          384
Pro Asn Pro Ala Ala Thr Thr Val Gly Pro Val Ser Gly Phe Gly Gly
        115                 120                 125

cca ggg gct cca aat gcg att gtc aat cag aat tat ttt cca cct cag          432
Pro Gly Ala Pro Asn Ala Ile Val Asn Gln Asn Tyr Phe Pro Pro Gln
    130                 135                 140

caa aac cag caa atg aga cca aat caa gga ata tct ggg ctg act tca          480
Gln Asn Gln Gln Met Arg Pro Asn Gln Gly Ile Ser Gly Leu Thr Ser
145                 150                 155                 160

ctt aga cca gcg gct ggt cca gaa tat aga cca agt gcc tta tca ggt          528
Leu Arg Pro Ala Ala Gly Pro Glu Tyr Arg Pro Ser Ala Leu Ser Gly
                165                 170                 175

caa ttc caa cca gtt cct gtt ggt agt gtt acg cat cct cct cag cct          576
Gln Phe Gln Pro Val Pro Val Gly Ser Val Thr His Pro Pro Gln Pro
            180                 185                 190

gtt ccc act agt gta tct ggt cct ggt agt tca acg ttc aat ctt aat          624
Val Pro Thr Ser Val Ser Gly Pro Gly Ser Ser Thr Phe Asn Leu Asn
        195                 200                 205

agt ttg tat gct gga gct gga aac acc agc gga tat tcg tca ggc ttt          672
Ser Leu Tyr Ala Gly Ala Gly Asn Thr Ser Gly Tyr Ser Ser Gly Phe
    210                 215                 220

gga ggg ggc agc tta gca gca cct tct cct ggc tta aaa caa gag tca          720
Gly Gly Gly Ser Leu Ala Ala Pro Ser Pro Gly Leu Lys Gln Glu Ser
```

```
225                 230                 235                 240

cac att gat cca aag gcg ctt gtt gta tct gga aat gga ggt gac atg      768
His Ile Asp Pro Lys Ala Leu Val Val Ser Gly Asn Gly Gly Asp Met
                245                 250                 255

ttt tcc tct ttc cag caa aaa caa gaa ccc act ctg agt aat tct tca      816
Phe Ser Ser Phe Gln Gln Lys Gln Glu Pro Thr Leu Ser Asn Ser Ser
            260                 265                 270

att agt tca gcc att gtc cct act tct gct gga atc caa cct cca aca      864
Ile Ser Ser Ala Ile Val Pro Thr Ser Ala Gly Ile Gln Pro Pro Thr
        275                 280                 285

aag cct aat gct ctc gat tcc cta cag agt act ttc tca atg cta cct      912
Lys Pro Asn Ala Leu Asp Ser Leu Gln Ser Thr Phe Ser Met Leu Pro
    290                 295                 300

tca gga aat cag ctt cag cag cca agg cca gca gca agc tca cag cct      960
Ser Gly Asn Gln Leu Gln Gln Pro Arg Pro Ala Ala Ser Ser Gln Pro
305                 310                 315                 320

gca gtg tcc tca caa ggt cca tcc tcc ggt ttg cca cct gga agt gca     1008
Ala Val Ser Ser Gln Gly Pro Ser Ser Gly Leu Pro Pro Gly Ser Ala
                325                 330                 335

gtt gga tct ggc cat tct act cct gct gga aat aat cag cct ccg tgg     1056
Val Gly Ser Gly His Ser Thr Pro Ala Gly Asn Asn Gln Pro Pro Trp
            340                 345                 350

cca aaa atg aaa cca tcc gat gtt cag aaa tac aca aag gta ttt atg     1104
Pro Lys Met Lys Pro Ser Asp Val Gln Lys Tyr Thr Lys Val Phe Met
        355                 360                 365

gaa gtt gat agt gac aag gat gga aaa atc act ggt gag cag gcg agg     1152
Glu Val Asp Ser Asp Lys Asp Gly Lys Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg
    370                 375                 380

aat cta ttt tta agc tgg agg tta ccc agg gag gta ttg aag cat gtg     1200
Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Glu Val Leu Lys His Val
385                 390                 395                 400

tgg gaa tta tct gat cag gat aat gat act atg ctt tct ctg agg gag     1248
Trp Glu Leu Ser Asp Gln Asp Asn Asp Thr Met Leu Ser Leu Arg Glu
                405                 410                 415

ttc tgc att tca ttg tat ttg atg gag cgg tat aga gaa ggc cgt cct     1296
```

```
Phe Cys Ile Ser Leu Tyr Leu Met Glu Arg Tyr Arg Glu Gly Arg Pro
            420                 425                 430

ctc ccg acc gca ctt cct agc agc atc atg ttt gat gaa aca ctg cta      1344
Leu Pro Thr Ala Leu Pro Ser Ser Ile Met Phe Asp Glu Thr Leu Leu
        435                 440                 445

tct atc tca ggc gca ccc agt cat ggc tat gca aat gct gga tgg gga      1392
Ser Ile Ser Gly Ala Pro Ser His Gly Tyr Ala Asn Ala Gly Trp Gly
    450                 455                 460

tct ggt caa ggt ttt gta cag caa cca ggg atg ggt gcg cgg cca atc      1440
Ser Gly Gln Gly Phe Val Gln Gln Pro Gly Met Gly Ala Arg Pro Ile
465                 470                 475                 480

act cca acg act ggt atg aga cca cca gtt cct gca cca ggc cct caa      1488
Thr Pro Thr Thr Gly Met Arg Pro Pro Val Pro Ala Pro Gly Pro Gln
                485                 490                 495

cct ggc agt ggt ata cca cct aat cag cca agg aat caa gcg cca gtt      1536
Pro Gly Ser Gly Ile Pro Pro Asn Gln Pro Arg Asn Gln Ala Pro Val
            500                 505                 510

ttg gat gct cct ttt gct aat cac cta ggt aat gga tat tct gca agc      1584
Leu Asp Ala Pro Phe Ala Asn His Leu Gly Asn Gly Tyr Ser Ala Ser
        515                 520                 525

tca aat ctt cca gaa gca gca gct gat gag gaa aag gtt gat gaa aag      1632
Ser Asn Leu Pro Glu Ala Ala Ala Asp Glu Glu Lys Val Asp Glu Lys
    530                 535                 540

cag aat gcc tat atg gac tcc agg gag aaa ctt gat tac tac cgg acg      1680
Gln Asn Ala Tyr Met Asp Ser Arg Glu Lys Leu Asp Tyr Tyr Arg Thr
545                 550                 555                 560

aaa atg cag gat att gtc ttg tac aaa agc agg tgt gac aat aga tta      1728
Lys Met Gln Asp Ile Val Leu Tyr Lys Ser Arg Cys Asp Asn Arg Leu
                565                 570                 575

aat gag atc tcc gaa agg gct tct gct gac aag cgt gag gct gaa aca      1776
Asn Glu Ile Ser Glu Arg Ala Ser Ala Asp Lys Arg Glu Ala Glu Thr
            580                 585                 590

ttg gca aag aag tat gag gag aag tat aag caa gtt gca gaa ata ggg      1824
Leu Ala Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Gln Val Ala Glu Ile Gly
        595                 600                 605
```

```
tca aaa tta act att gaa gag gcc agg ttc cgt gag att gag ggg cgg      1872
Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Arg Phe Arg Glu Ile Glu Gly Arg
    610                 615                 620

aag atg gag ttg agt caa gca att gtg aac atg gag caa ggt ggt agt      1920
Lys Met Glu Leu Ser Gln Ala Ile Val Asn Met Glu Gln Gly Gly Ser
625                 630                 635                 640

gct gat ggt ctc ctt cag gtc cgg gct gac aga ata caa tca gat ctt      1968
Ala Asp Gly Leu Leu Gln Val Arg Ala Asp Arg Ile Gln Ser Asp Leu
                645                 650                 655

gag gaa ttg atg aag gct tta act gaa cga tgc aag aaa cac ggg ttg      2016
Glu Glu Leu Met Lys Ala Leu Thr Glu Arg Cys Lys Lys His Gly Leu
            660                 665                 670

gag gtt aac tcg aag gcc ctt gta gac ctt cca gct ggc tgg caa cct      2064
Glu Val Asn Ser Lys Ala Leu Val Asp Leu Pro Ala Gly Trp Gln Pro
        675                 680                 685

gga att caa gaa ggt gca gct ctt tgg gat gag gaa tgg gat aag ttt      2112
Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Leu Trp Asp Glu Glu Trp Asp Lys Phe
    690                 695                 700

gaa gat gaa ggt ttt ggc aat gag atc act ttt gac aaa tca aaa gag      2160
Glu Asp Glu Gly Phe Gly Asn Glu Ile Thr Phe Asp Lys Ser Lys Glu
705                 710                 715                 720

caa aac tcg tct ggt gag aag gaa aat ggt acg gtg gat gat ggt agt      2208
Gln Asn Ser Ser Gly Glu Lys Glu Asn Gly Thr Val Asp Asp Gly Ser
                725                 730                 735

ggg cca cct gat tcg ccg acc cat gta gag gac aac tat ggc cct ttt      2256
Gly Pro Pro Asp Ser Pro Thr His Val Glu Asp Asn Tyr Gly Pro Phe
            740                 745                 750

tca gaa acc tca gac cgc cac cat gag agt gaa tat ggg aca act cac      2304
Ser Glu Thr Ser Asp Arg His His Glu Ser Glu Tyr Gly Thr Thr His
        755                 760                 765

agt gaa gat aga agt cct aga gac agt cct gtc tct agg aat gct act      2352
Ser Glu Asp Arg Ser Pro Arg Asp Ser Pro Val Ser Arg Asn Ala Thr
    770                 775                 780

gag gtc cca tct cca gat tat tct cag gga aag aat tct gaa ttc ttt      2400
Glu Val Pro Ser Pro Asp Tyr Ser Gln Gly Lys Asn Ser Glu Phe Phe
785                 790                 795                 800
```

```
gat gac tcg aat tgg gca agt gca ttt gac act aac gat gat gtg gat      2448
Asp Asp Ser Asn Trp Ala Ser Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val Asp
                805                 810                 815

tca gtc tgg gga ttt gat gca tca aaa agc cag gat gga gat tac ttt      2496
Ser Val Trp Gly Phe Asp Ala Ser Lys Ser Gln Asp Gly Asp Tyr Phe
            820                 825                 830

gga tca ggt gac gat ttt ggt gga aac aca gca aga gca gat tct cca      2544
Gly Ser Gly Asp Asp Phe Gly Gly Asn Thr Ala Arg Ala Asp Ser Pro
        835                 840                 845

agt tca aga agc ttt ggc gcc cag aga aag agc caa ttt gca ttt gat      2592
Ser Ser Arg Ser Phe Gly Ala Gln Arg Lys Ser Gln Phe Ala Phe Asp
    850                 855                 860

gat tca gtc ccc agc act cca ctc tca aga ttc ggg aac tct cca cct      2640
Asp Ser Val Pro Ser Thr Pro Leu Ser Arg Phe Gly Asn Ser Pro Pro
865                 870                 875                 880

cgg ttc agc gat gca tca gct aga gat aat aac ttt gat agc ttc tcc      2688
Arg Phe Ser Asp Ala Ser Ala Arg Asp Asn Asn Phe Asp Ser Phe Ser
                885                 890                 895

agg ttc gac tcc ttc aac acc agt gaa gca ggc gcc ggg ttt tct tcg      2736
Arg Phe Asp Ser Phe Asn Thr Ser Glu Ala Gly Ala Gly Phe Ser Ser
            900                 905                 910

cag ccc gag aga ctg tct cgg ttt gat tcc atc aac agc tcc aaa gac      2784
Gln Pro Glu Arg Leu Ser Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Lys Asp
        915                 920                 925

ttt ggt gga gct gcc ttc tct agg ttc gat tca att aac agt tcc aga      2832
Phe Gly Gly Ala Ala Phe Ser Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Arg
    930                 935                 940

gac gtc act gga gct gag aaa ttt tcg agg ttt gat tcc atc aac agt      2880
Asp Val Thr Gly Ala Glu Lys Phe Ser Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser
945                 950                 955                 960

agc aaa gac ttt ggt ggt ccc tcg cta tca aga ttc gac tct atg aat      2928
Ser Lys Asp Phe Gly Gly Pro Ser Leu Ser Arg Phe Asp Ser Met Asn
                965                 970                 975

agt aca aag gat ttc agt ggt agc cat gga tac tcg ttt gat gat gca      2976
Ser Thr Lys Asp Phe Ser Gly Ser His Gly Tyr Ser Phe Asp Asp Ala
```

980 985 990

gac ccg ttt ggt tcc aca ggt ccc ttt aaa gtc tct tcg gat gaa agc 3024
Asp Pro Phe Gly Ser Thr Gly Pro Phe Lys Val Ser Ser Asp Glu Ser
995 1000 1005

cct acg aaa agg tca gat aac tgg aac tcc ttc tag 3060
Pro Thr Lys Arg Ser Asp Asn Trp Asn Ser Phe
1010 1015

<210> 136
<211> 1019
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 136

Met Ala Gly Gln Asn Pro Asn Met Asp Gln Phe Glu Ala Tyr Phe Lys
1 5 10 15

Arg Ala Asp Leu Asp Gly Asp Gly Arg Ile Ser Gly Ala Glu Ala Val
20 25 30

Gly Phe Phe Gln Gly Ser Gly Leu Ser Lys Gln Val Leu Ala Gln Ile
35 40 45

Trp Ser Leu Ser Asp Arg Ser His Ser Gly Phe Leu Asp Arg Gln Asn
50 55 60

Phe Tyr Asn Ser Leu Arg Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Lys Arg Asp
65 70 75 80

Leu Thr Pro Glu Ile Val Asn Ala Ala Leu Asn Thr Pro Ala Ala Ala
85 90 95

Lys Ile Pro Pro Pro Lys Ile Asn Leu Ser Ala Ile Pro Ala Pro Arg
100 105 110

Pro Asn Pro Ala Ala Thr Thr Val Gly Pro Val Ser Gly Phe Gly Gly

115 120 125

Pro Gly Ala Pro Asn Ala Ile Val Asn Gln Asn Tyr Phe Pro Pro Gln
130 135 140

Gln Asn Gln Gln Met Arg Pro Asn Gln Gly Ile Ser Gly Leu Thr Ser
145 150 155 160

Leu Arg Pro Ala Ala Gly Pro Glu Tyr Arg Pro Ser Ala Leu Ser Gly
165 170 175

Gln Phe Gln Pro Val Pro Val Gly Ser Val Thr His Pro Pro Gln Pro
180 185 190

Val Pro Thr Ser Val Ser Gly Pro Gly Ser Ser Thr Phe Asn Leu Asn
195 200 205

Ser Leu Tyr Ala Gly Ala Gly Asn Thr Ser Gly Tyr Ser Ser Gly Phe
210 215 220

Gly Gly Gly Ser Leu Ala Ala Pro Ser Pro Gly Leu Lys Gln Glu Ser
225 230 235 240

His Ile Asp Pro Lys Ala Leu Val Val Ser Gly Asn Gly Gly Asp Met
245 250 255

Phe Ser Ser Phe Gln Gln Lys Gln Glu Pro Thr Leu Ser Asn Ser Ser
260 265 270

Ile Ser Ser Ala Ile Val Pro Thr Ser Ala Gly Ile Gln Pro Pro Thr
275 280 285

Lys Pro Asn Ala Leu Asp Ser Leu Gln Ser Thr Phe Ser Met Leu Pro
290 295 300

Ser Gly Asn Gln Leu Gln Gln Pro Arg Pro Ala Ala Ser Ser Gln Pro
305 310 315 320

Ala Val Ser Ser Gln Gly Pro Ser Ser Gly Leu Pro Pro Gly Ser Ala
325 330 335

Val Gly Ser Gly His Ser Thr Pro Ala Gly Asn Asn Gln Pro Pro Trp
340 345 350

Pro Lys Met Lys Pro Ser Asp Val Gln Lys Tyr Thr Lys Val Phe Met
355 360 365

Glu Val Asp Ser Asp Lys Asp Gly Lys Ile Thr Gly Glu Gln Ala Arg
370 375 380

Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Glu Val Leu Lys His Val
385 390 395 400

Trp Glu Leu Ser Asp Gln Asp Asn Asp Thr Met Leu Ser Leu Arg Glu
405 410 415

Phe Cys Ile Ser Leu Tyr Leu Met Glu Arg Tyr Arg Glu Gly Arg Pro
420 425 430

Leu Pro Thr Ala Leu Pro Ser Ser Ile Met Phe Asp Glu Thr Leu Leu
435 440 445

Ser Ile Ser Gly Ala Pro Ser His Gly Tyr Ala Asn Ala Gly Trp Gly
450 455 460

Ser Gly Gln Gly Phe Val Gln Gln Pro Gly Met Gly Ala Arg Pro Ile
465 470 475 480

Thr Pro Thr Thr Gly Met Arg Pro Pro Val Pro Ala Pro Gly Pro Gln
485 490 495

Pro Gly Ser Gly Ile Pro Pro Asn Gln Pro Arg Asn Gln Ala Pro Val
500 505 510

Leu Asp Ala Pro Phe Ala Asn His Leu Gly Asn Gly Tyr Ser Ala Ser
515 520 525

Ser Asn Leu Pro Glu Ala Ala Ala Asp Glu Glu Lys Val Asp Glu Lys
530 535 540

Gln Asn Ala Tyr Met Asp Ser Arg Glu Lys Leu Asp Tyr Tyr Arg Thr
545 550 555 560

Lys Met Gln Asp Ile Val Leu Tyr Lys Ser Arg Cys Asp Asn Arg Leu
565 570 575

Asn Glu Ile Ser Glu Arg Ala Ser Ala Asp Lys Arg Glu Ala Glu Thr
580 585 590

Leu Ala Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Gln Val Ala Glu Ile Gly
595 600 605

Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Arg Phe Arg Glu Ile Glu Gly Arg
610 615 620

Lys Met Glu Leu Ser Gln Ala Ile Val Asn Met Glu Gln Gly Gly Ser
625 630 635 640

Ala Asp Gly Leu Leu Gln Val Arg Ala Asp Arg Ile Gln Ser Asp Leu
645 650 655

Glu Glu Leu Met Lys Ala Leu Thr Glu Arg Cys Lys Lys His Gly Leu
660 665 670

Glu Val Asn Ser Lys Ala Leu Val Asp Leu Pro Ala Gly Trp Gln Pro
675 680 685

Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Leu Trp Asp Glu Glu Trp Asp Lys Phe
690 695 700

Glu Asp Glu Gly Phe Gly Asn Glu Ile Thr Phe Asp Lys Ser Lys Glu
705 710 715 720

Gln Asn Ser Ser Gly Glu Lys Glu Asn Gly Thr Val Asp Asp Gly Ser
725 730 735

Gly Pro Pro Asp Ser Pro Thr His Val Glu Asp Asn Tyr Gly Pro Phe
740 745 750

Ser Glu Thr Ser Asp Arg His His Glu Ser Glu Tyr Gly Thr Thr His
755 760 765

Ser Glu Asp Arg Ser Pro Arg Asp Ser Pro Val Ser Arg Asn Ala Thr
770 775 780

Glu Val Pro Ser Pro Asp Tyr Ser Gln Gly Lys Asn Ser Glu Phe Phe
785 790 795 800

Asp Asp Ser Asn Trp Ala Ser Ala Phe Asp Thr Asn Asp Asp Val Asp
805 810 815

Ser Val Trp Gly Phe Asp Ala Ser Lys Ser Gln Asp Gly Asp Tyr Phe
820 825 830

Gly Ser Gly Asp Asp Phe Gly Gly Asn Thr Ala Arg Ala Asp Ser Pro
835 840 845

Ser Ser Arg Ser Phe Gly Ala Gln Arg Lys Ser Gln Phe Ala Phe Asp
850 855 860

Asp Ser Val Pro Ser Thr Pro Leu Ser Arg Phe Gly Asn Ser Pro Pro

865 870 875 880

Arg Phe Ser Asp Ala Ser Ala Arg Asp Asn Asn Phe Asp Ser Phe Ser
885 890 895

Arg Phe Asp Ser Phe Asn Thr Ser Glu Ala Gly Ala Gly Phe Ser Ser
900 905 910

Gln Pro Glu Arg Leu Ser Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Lys Asp
915 920 925

Phe Gly Gly Ala Ala Phe Ser Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser Arg
930 935 940

Asp Val Thr Gly Ala Glu Lys Phe Ser Arg Phe Asp Ser Ile Asn Ser
945 950 955 960

Ser Lys Asp Phe Gly Gly Pro Ser Leu Ser Arg Phe Asp Ser Met Asn
965 970 975

Ser Thr Lys Asp Phe Ser Gly Ser His Gly Tyr Ser Phe Asp Asp Ala
980 985 990

Asp Pro Phe Gly Ser Thr Gly Pro Phe Lys Val Ser Ser Asp Glu Ser
995 1000 1005

Pro Thr Lys Arg Ser Asp Asn Trp Asn Ser Phe
1010 1015

<210> 137
<211> 3744
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS

<222> (1)..(3744)
<223> Gen (AT1G21630), mã hóa protein họ gắn kết canxi EF bàn tay

<400> 137

```
atg gca gcg cca agg ccg act gga ggc cag gat ctg ttc gat acg tat      48
Met Ala Ala Pro Arg Pro Thr Gly Gly Gln Asp Leu Phe Asp Thr Tyr
1               5                  10                  15

ttc agg aga gca gat ttg gat gga gat ggt cat att agt gga gct gag      96
Phe Arg Arg Ala Asp Leu Asp Gly Asp Gly His Ile Ser Gly Ala Glu
            20                  25                  30

gct gtc gct ttc ttc cag gga tcg aat ttg cct aaa cat gtc ctt gct     144
Ala Val Ala Phe Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys His Val Leu Ala
        35                  40                  45

cag gta tgg tcc tat gca gat tca aaa aaa gcc ggc tac ctt ggc cga     192
Gln Val Trp Ser Tyr Ala Asp Ser Lys Lys Ala Gly Tyr Leu Gly Arg
    50                  55                  60

gcg gag ttt tat aat gct cta aag ttg gta aca gtg gca caa agt aga     240
Ala Glu Phe Tyr Asn Ala Leu Lys Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Arg
65                  70                  75                  80

cga gag ttg act gct gag ata gta aaa gct gca att tat agt cct gct     288
Arg Glu Leu Thr Ala Glu Ile Val Lys Ala Ala Ile Tyr Ser Pro Ala
                85                  90                  95

tca gcc aat atc cct gca ccc aaa ata aat ctt gct gca aca cct tct     336
Ser Ala Asn Ile Pro Ala Pro Lys Ile Asn Leu Ala Ala Thr Pro Ser
            100                 105                 110

cca cag ccc aga gga gtt ttg cct gct aca caa gct cag gga gtt aca     384
Pro Gln Pro Arg Gly Val Leu Pro Ala Thr Gln Ala Gln Gly Val Thr
        115                 120                 125

tca atg cca tca gta gcg gct ggt gtg aga ggg cct cac atg ggt gga     432
Ser Met Pro Ser Val Ala Ala Gly Val Arg Gly Pro His Met Gly Gly
    130                 135                 140

act gta agc act agt aac caa caa gta gtc cca ggc caa cag aac cag     480
Thr Val Ser Thr Ser Asn Gln Gln Val Val Pro Gly Gln Gln Asn Gln
145                 150                 155                 160

ttt act ggg ata cct cca tct cag aca cag caa aac ttt caa agc ccg     528
Phe Thr Gly Ile Pro Pro Ser Gln Thr Gln Gln Asn Phe Gln Ser Pro
                165                 170                 175
```

```
gga atg cca gct gga ggg act aat gca cct cgt cct gca aac caa cct      576
Gly Met Pro Ala Gly Gly Thr Asn Ala Pro Arg Pro Ala Asn Gln Pro
            180                 185                 190

atg cca tct gat tgg ctc agc ggc aga agt gtt ggt ccc tct ggg aac      624
Met Pro Ser Asp Trp Leu Ser Gly Arg Ser Val Gly Pro Ser Gly Asn
        195                 200                 205

gtg aat tct caa att cct tcg agt cag agt aca tat ggt ttg aca gca      672
Val Asn Ser Gln Ile Pro Ser Ser Gln Ser Thr Tyr Gly Leu Thr Ala
    210                 215                 220

cct aat tca act gcc aac cat ata aca aaa cca cat ata aca cct gca      720
Pro Asn Ser Thr Ala Asn His Ile Thr Lys Pro His Ile Thr Pro Ala
225                 230                 235                 240

gta aca agc tct aca aca acc aga ccc caa gag tca gcg cct gtg cac      768
Val Thr Ser Ser Thr Thr Thr Arg Pro Gln Glu Ser Ala Pro Val His
                245                 250                 255

aat ccc caa gaa tca tct gct act ttc ggt tct cgt gta tca aat gtt      816
Asn Pro Gln Glu Ser Ser Ala Thr Phe Gly Ser Arg Val Ser Asn Val
            260                 265                 270

cca tcc aat caa ttg gtg ccc aag gat ccc aag gaa ctg gct gca tca      864
Pro Ser Asn Gln Leu Val Pro Lys Asp Pro Lys Glu Leu Ala Ala Ser
        275                 280                 285

gga aac ggg ttt acc tct gac tca ctt ttc gga gat gtc ttt tca gtt      912
Gly Asn Gly Phe Thr Ser Asp Ser Leu Phe Gly Asp Val Phe Ser Val
    290                 295                 300

act tcc acg cag cca aaa caa cat cct acg gga agt gca tca aca aca      960
Thr Ser Thr Gln Pro Lys Gln His Pro Thr Gly Ser Ala Ser Thr Thr
305                 310                 315                 320

ggc atc tca tcg gtt act act gga act gtc gcg ggc cct gag atc aca     1008
Gly Ile Ser Ser Val Thr Thr Gly Thr Val Ala Gly Pro Glu Ile Thr
                325                 330                 335

cag tct gta gtt agg caa agt tca atc cca caa cag ggt tca ttg agc     1056
Gln Ser Val Val Arg Gln Ser Ser Ile Pro Gln Gln Gly Ser Leu Ser
            340                 345                 350

cag cat gct gtt ggt gtt cag acc cag ctt act gga aac tca ggg caa     1104
Gln His Ala Val Gly Val Gln Thr Gln Leu Thr Gly Asn Ser Gly Gln
```

```
        355                 360                 365

cca tat act tcc tca ggt gcg gct tct ggt cca cct ggc tct act gtt      1152
Pro Tyr Thr Ser Ser Gly Ala Ala Ser Gly Pro Pro Gly Ser Thr Val
    370                 375                 380

gga gtt gga att tca gct acc agt cag ttg gcc cag cgt ccg ccc cac      1200
Gly Val Gly Ile Ser Ala Thr Ser Gln Leu Ala Gln Arg Pro Pro His
385                 390                 395                 400

ccc cac tct caa cca caa ccc cgg ccc cag ggc cag tcc caa cct cct      1248
Pro His Ser Gln Pro Gln Pro Arg Pro Gln Gly Gln Ser Gln Pro Pro
                405                 410                 415

tgg cca aaa atg act cca gct gat gtc cag aaa tat acc aag gtt ttt      1296
Trp Pro Lys Met Thr Pro Ala Asp Val Gln Lys Tyr Thr Lys Val Phe
            420                 425                 430

gtg caa gtt gac act gat agg gac gga aag atc aca ggg aac cag gct      1344
Val Gln Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly Lys Ile Thr Gly Asn Gln Ala
        435                 440                 445

cgg aat ttg ttc tta agt tgg agg ctt cca aga gac gct ttg aag cag      1392
Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Asp Ala Leu Lys Gln
    450                 455                 460

gta tgg gat tta tct gat caa gat aat gac agc atg ctc tcc ttg cgg      1440
Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Asn Asp Ser Met Leu Ser Leu Arg
465                 470                 475                 480

gag ttc tgt att gcg gtc tat ctt atg gag cgt tac aga gag ggc cga      1488
Glu Phe Cys Ile Ala Val Tyr Leu Met Glu Arg Tyr Arg Glu Gly Arg
                485                 490                 495

cca ctt ccc cca gtg ttc cca agc tct ata ata cat agt gag agc atg      1536
Pro Leu Pro Pro Val Phe Pro Ser Ser Ile Ile His Ser Glu Ser Met
            500                 505                 510

ttc acc tct cct ggt caa tct gtg gca cca cat ggc aat gca tcc tgg      1584
Phe Thr Ser Pro Gly Gln Ser Val Ala Pro His Gly Asn Ala Ser Trp
        515                 520                 525

gga cat cct caa ggg ttc caa cag caa cca cat cct ggg ggc tta agg      1632
Gly His Pro Gln Gly Phe Gln Gln Gln Pro His Pro Gly Gly Leu Arg
    530                 535                 540

cca cca gct ggt ccc aaa gga aag cct ccg agg cca gtg cct ctg tct      1680
```

```
Pro Pro Ala Gly Pro Lys Gly Lys Pro Pro Arg Pro Val Pro Leu Ser
545                 550                 555                 560

cct agt gat gga atg gtc cag ccc act cag cca aag cgt aaa atg cct   1728
Pro Ser Asp Gly Met Val Gln Pro Thr Gln Pro Lys Arg Lys Met Pro
                565                 570                 575

gtg tta gaa aaa ccg ctg gtg gat caa ctt agc aaa gag gag cag gat   1776
Val Leu Glu Lys Pro Leu Val Asp Gln Leu Ser Lys Glu Glu Gln Asp
            580                 585                 590

tca ctc aac acg aag ttt gaa gaa gca act gct gtt gat aaa aag ttt   1824
Ser Leu Asn Thr Lys Phe Glu Glu Ala Thr Ala Val Asp Lys Lys Phe
        595                 600                 605

tct ttt ttc gca ttt tct atc cga aga tat ctt tta ccc ctt cca tat   1872
Ser Phe Phe Ala Phe Ser Ile Arg Arg Tyr Leu Leu Pro Leu Pro Tyr
    610                 615                 620

ggc att tat atg aaa tat ttg tgg att tgc gta gcc ata gtg gat gaa   1920
Gly Ile Tyr Met Lys Tyr Leu Trp Ile Cys Val Ala Ile Val Asp Glu
625                 630                 635                 640

ctc gaa aaa gaa ata gct gat tcc aag cag aaa att gat ttc ttc cgt   1968
Leu Glu Lys Glu Ile Ala Asp Ser Lys Gln Lys Ile Asp Phe Phe Arg
                645                 650                 655

gct aag atg caa gaa ctt gtt tta tac aag agc aga tgt gac aac cgg   2016
Ala Lys Met Gln Glu Leu Val Leu Tyr Lys Ser Arg Cys Asp Asn Arg
            660                 665                 670

tac aat gag atc gca gag aga gtc ttg ggt gat aaa cgt gag ctt gaa   2064
Tyr Asn Glu Ile Ala Glu Arg Val Leu Gly Asp Lys Arg Glu Leu Glu
        675                 680                 685

tct cta gca aaa aaa tac gag gag aaa tac aag aag tct ggc aat gtg   2112
Ser Leu Ala Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Lys Ser Gly Asn Val
    690                 695                 700

ggc tct aaa ttg act att gaa gag gcc aca ttc cgt gat ata cag gag   2160
Gly Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Thr Phe Arg Asp Ile Gln Glu
705                 710                 715                 720

aag aaa atg gaa ttg tac cag gca ata gtc aaa ttt gaa gaa ggc aaa   2208
Lys Lys Met Glu Leu Tyr Gln Ala Ile Val Lys Phe Glu Glu Gly Lys
                725                 730                 735
```

```
ctt gat gat agt ata gtt aag cgc act gaa cac atc cag tca ggc ctt      2256
Leu Asp Asp Ser Ile Val Lys Arg Thr Glu His Ile Gln Ser Gly Leu
            740                 745                 750

gag gaa ctg ata aaa aat ttg aat gag cgc tgc aaa caa tat gga gta      2304
Glu Glu Leu Ile Lys Asn Leu Asn Glu Arg Cys Lys Gln Tyr Gly Val
        755                 760                 765

cgt ggg aaa ccc act tct ctg gtt gag ctt cct ttt ggt tgg cag cct      2352
Arg Gly Lys Pro Thr Ser Leu Val Glu Leu Pro Phe Gly Trp Gln Pro
    770                 775                 780

gga atc cag gaa ggt gct gct gat tgg gat gaa gat tgg gat aag cta      2400
Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Asp Trp Asp Glu Asp Trp Asp Lys Leu
785                 790                 795                 800

gag gac gaa ggg ttt acc ttc gtc aag gag ctt aca ctt gat att caa      2448
Glu Asp Glu Gly Phe Thr Phe Val Lys Glu Leu Thr Leu Asp Ile Gln
                805                 810                 815

aat gtc ata gcc cca cca aag gaa aaa tca tca gcg tgg aga aaa gaa      2496
Asn Val Ile Ala Pro Pro Lys Glu Lys Ser Ser Ala Trp Arg Lys Glu
            820                 825                 830

gtt gat gtc tct tca aaa gaa ggt gaa gat gtt tca ttc tca gat gct      2544
Val Asp Val Ser Ser Lys Glu Gly Glu Asp Val Ser Phe Ser Asp Ala
        835                 840                 845

gac tct aaa acg ggg aaa aag caa agc agt ggt gaa gaa gat tct gag      2592
Asp Ser Lys Thr Gly Lys Lys Gln Ser Ser Gly Glu Glu Asp Ser Glu
    850                 855                 860

cag tca gag ggt aaa aca tcc gat gtt gat gcc aga gat aaa aac gga      2640
Gln Ser Glu Gly Lys Thr Ser Asp Val Asp Ala Arg Asp Lys Asn Gly
865                 870                 875                 880

tct ctg gat gac tct aaa gtt aga aag ggc att gaa gct gat agt tca      2688
Ser Leu Asp Asp Ser Lys Val Arg Lys Gly Ile Glu Ala Asp Ser Ser
                885                 890                 895

cct cga acg aaa gat acg agg agt gaa aat ggc cat gat gat ggt gaa      2736
Pro Arg Thr Lys Asp Thr Arg Ser Glu Asn Gly His Asp Asp Gly Glu
            900                 905                 910

tct act gct tct gct ggc aaa act gta aat tat gac tct cac gac gag      2784
Ser Thr Ala Ser Ala Gly Lys Thr Val Asn Tyr Asp Ser His Asp Glu
        915                 920                 925
```

```
aca gat tca gtt tca agc gtc aac cct gac aac ggc aag gac aag gat      2832
Thr Asp Ser Val Ser Ser Val Asn Pro Asp Asn Gly Lys Asp Lys Asp
    930                 935                 940

cat ggg aag tat gac agt ggt ttt gga ttt gga ttt ggg ttt gat gac      2880
His Gly Lys Tyr Asp Ser Gly Phe Gly Phe Gly Phe Gly Phe Asp Asp
945                 950                 955                 960

ttc agt att aag cct ata aaa act ggt tcg acc att tca aat gac ttc      2928
Phe Ser Ile Lys Pro Ile Lys Thr Gly Ser Thr Ile Ser Asn Asp Phe
                965                 970                 975

ctc cct cct aag tta tct ata ttt gct gat tcc gtc cca agc cca ccg      2976
Leu Pro Pro Lys Leu Ser Ile Phe Ala Asp Ser Val Pro Ser Pro Pro
            980                 985                 990

gca aat gca agc gac gtt tcc cct  aca aaa cct tct ttg  ttt gct gat    3024
Ala Asn Ala Ser Asp Val Ser Pro  Thr Lys Pro Ser Leu  Phe Ala Asp
        995                 1000                1005

tca gtt  ccg agc act cca gcg  acg aac aat gcc tct  tac cca ggc       3069
Ser Val  Pro Ser Thr Pro Ala  Thr Asn Asn Ala Ser  Tyr Pro Gly
    1010                1015                1020

cag aaa  tca ttt ttt gat gac  tcg gtc ccg agc act  cct gct tat       3114
Gln Lys  Ser Phe Phe Asp Asp  Ser Val Pro Ser Thr  Pro Ala Tyr
    1025                1030                1035

cca ggc  aac ttg ttt gct gag  aag aaa tcc ttc ttt  gac gac tct       3159
Pro Gly  Asn Leu Phe Ala Glu  Lys Lys Ser Phe Phe  Asp Asp Ser
    1040                1045                1050

gtc ccg  agc acc cct gct tat  cca ggc aac ttg ttt  gcc gag aag       3204
Val Pro  Ser Thr Pro Ala Tyr  Pro Gly Asn Leu Phe  Ala Glu Lys
    1055                1060                1065

aaa tcc  tat ttc gat gac tct  gtc ccg agc act cct  gct tat agc       3249
Lys Ser  Tyr Phe Asp Asp Ser  Val Pro Ser Thr Pro  Ala Tyr Ser
    1070                1075                1080

acg tct  gat ttt ggt ggg aag  cca ttt gca tca gag  act cct cgt       3294
Thr Ser  Asp Phe Gly Gly Lys  Pro Phe Ala Ser Glu  Thr Pro Arg
    1085                1090                1095

tca gac  aac ctg ttc cca gga  aga agc ccc ttt atg  ttc gac tct       3339
Ser Asp  Asn Leu Phe Pro Gly  Arg Ser Pro Phe Met  Phe Asp Ser
```

```
    1100                1105                1110

gtc cca  agt aca ccc gcc gca  cac gat gac ttc tct  aac aac agc        3384
Val Pro  Ser Thr Pro Ala Ala  His Asp Asp Phe Ser  Asn Asn Ser
    1115                1120                1125

ttc tcc  cgc ttc gat tca ttc  aac agc aac aac aac  gat gct ttc        3429
Phe Ser  Arg Phe Asp Ser Phe  Asn Ser Asn Asn Asn  Asp Ala Phe
    1130                1135                1140

tct cta  tcc cgc aca gac tcg  atg cgc agc aca agc  gag cct gac        3474
Ser Leu  Ser Arg Thr Asp Ser  Met Arg Ser Thr Ser  Glu Pro Asp
    1145                1150                1155

cca ttc  gca tca agg ttt gat  tct ttc aac tat caa  aga tat gat        3519
Pro Phe  Ala Ser Arg Phe Asp  Ser Phe Asn Tyr Gln  Arg Tyr Asp
    1160                1165                1170

tcc ttc  aat gca caa agc tat  gat tcc tct agc aac  aac aat gca        3564
Ser Phe  Asn Ala Gln Ser Tyr  Asp Ser Ser Ser Asn  Asn Asn Ala
    1175                1180                1185

tcg gag  acg cct aaa gcc tca  ttg aca aga ttc gac  tca att gga        3609
Ser Glu  Thr Pro Lys Ala Ser  Leu Thr Arg Phe Asp  Ser Ile Gly
    1190                1195                1200

agc acc  agg gac tct gat tac  agt cat ggg ttt ggg  ttc gac gac        3654
Ser Thr  Arg Asp Ser Asp Tyr  Ser His Gly Phe Gly  Phe Asp Asp
    1205                1210                1215

cat gac  ccg ttc ggt tct aca  gga cca ttc aaa aca  acg aca act        3699
His Asp  Pro Phe Gly Ser Thr  Gly Pro Phe Lys Thr  Thr Thr Thr
    1220                1225                1230

aca gca  gag aca cct cgg agt  tct gat aat tgg aat  gct ttc tag        3744
Thr Ala  Glu Thr Pro Arg Ser  Ser Asp Asn Trp Asn  Ala Phe
    1235                1240                1245
```

<210> 138
<211> 1247
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 138

Met Ala Ala Pro Arg Pro Thr Gly Gly Gln Asp Leu Phe Asp Thr Tyr

1 5 10 15

Phe Arg Arg Ala Asp Leu Asp Gly Asp Gly His Ile Ser Gly Ala Glu
20 25 30

Ala Val Ala Phe Phe Gln Gly Ser Asn Leu Pro Lys His Val Leu Ala
35 40 45

Gln Val Trp Ser Tyr Ala Asp Ser Lys Lys Ala Gly Tyr Leu Gly Arg
50 55 60

Ala Glu Phe Tyr Asn Ala Leu Lys Leu Val Thr Val Ala Gln Ser Arg
65 70 75 80

Arg Glu Leu Thr Ala Glu Ile Val Lys Ala Ala Ile Tyr Ser Pro Ala
85 90 95

Ser Ala Asn Ile Pro Ala Pro Lys Ile Asn Leu Ala Ala Thr Pro Ser
100 105 110

Pro Gln Pro Arg Gly Val Leu Pro Ala Thr Gln Ala Gln Gly Val Thr
115 120 125

Ser Met Pro Ser Val Ala Ala Gly Val Arg Gly Pro His Met Gly Gly
130 135 140

Thr Val Ser Thr Ser Asn Gln Gln Val Val Pro Gly Gln Gln Asn Gln
145 150 155 160

Phe Thr Gly Ile Pro Pro Ser Gln Thr Gln Gln Asn Phe Gln Ser Pro
165 170 175

Gly Met Pro Ala Gly Gly Thr Asn Ala Pro Arg Pro Ala Asn Gln Pro
180 185 190

Met Pro Ser Asp Trp Leu Ser Gly Arg Ser Val Gly Pro Ser Gly Asn
195 200 205

Val Asn Ser Gln Ile Pro Ser Ser Gln Ser Thr Tyr Gly Leu Thr Ala
210 215 220

Pro Asn Ser Thr Ala Asn His Ile Thr Lys Pro His Ile Thr Pro Ala
225 230 235 240

Val Thr Ser Ser Thr Thr Thr Arg Pro Gln Glu Ser Ala Pro Val His
245 250 255

Asn Pro Gln Glu Ser Ser Ala Thr Phe Gly Ser Arg Val Ser Asn Val
260 265 270

Pro Ser Asn Gln Leu Val Pro Lys Asp Pro Lys Glu Leu Ala Ala Ser
275 280 285

Gly Asn Gly Phe Thr Ser Asp Ser Leu Phe Gly Asp Val Phe Ser Val
290 295 300

Thr Ser Thr Gln Pro Lys Gln His Pro Thr Gly Ser Ala Ser Thr Thr
305 310 315 320

Gly Ile Ser Ser Val Thr Thr Gly Thr Val Ala Gly Pro Glu Ile Thr
325 330 335

Gln Ser Val Val Arg Gln Ser Ser Ile Pro Gln Gln Gly Ser Leu Ser
340 345 350

Gln His Ala Val Gly Val Gln Thr Gln Leu Thr Gly Asn Ser Gly Gln
355 360 365

Pro Tyr Thr Ser Ser Gly Ala Ala Ser Gly Pro Pro Gly Ser Thr Val
370 375 380

Gly Val Gly Ile Ser Ala Thr Ser Gln Leu Ala Gln Arg Pro Pro His
385 390 395 400

Pro His Ser Gln Pro Gln Pro Arg Pro Gln Gly Gln Ser Gln Pro Pro
405 410 415

Trp Pro Lys Met Thr Pro Ala Asp Val Gln Lys Tyr Thr Lys Val Phe
420 425 430

Val Gln Val Asp Thr Asp Arg Asp Gly Lys Ile Thr Gly Asn Gln Ala
435 440 445

Arg Asn Leu Phe Leu Ser Trp Arg Leu Pro Arg Asp Ala Leu Lys Gln
450 455 460

Val Trp Asp Leu Ser Asp Gln Asp Asn Asp Ser Met Leu Ser Leu Arg
465 470 475 480

Glu Phe Cys Ile Ala Val Tyr Leu Met Glu Arg Tyr Arg Glu Gly Arg
485 490 495

Pro Leu Pro Pro Val Phe Pro Ser Ser Ile Ile His Ser Glu Ser Met
500 505 510

Phe Thr Ser Pro Gly Gln Ser Val Ala Pro His Gly Asn Ala Ser Trp
515 520 525

Gly His Pro Gln Gly Phe Gln Gln Gln Pro His Pro Gly Gly Leu Arg
530 535 540

Pro Pro Ala Gly Pro Lys Gly Lys Pro Pro Arg Pro Val Pro Leu Ser
545 550 555 560

Pro Ser Asp Gly Met Val Gln Pro Thr Gln Pro Lys Arg Lys Met Pro
565 570 575

Val Leu Glu Lys Pro Leu Val Asp Gln Leu Ser Lys Glu Glu Gln Asp
580 585 590

Ser Leu Asn Thr Lys Phe Glu Glu Ala Thr Ala Val Asp Lys Lys Phe
595 600 605

Ser Phe Phe Ala Phe Ser Ile Arg Arg Tyr Leu Leu Pro Leu Pro Tyr
610 615 620

Gly Ile Tyr Met Lys Tyr Leu Trp Ile Cys Val Ala Ile Val Asp Glu
625 630 635 640

Leu Glu Lys Glu Ile Ala Asp Ser Lys Gln Lys Ile Asp Phe Phe Arg
645 650 655

Ala Lys Met Gln Glu Leu Val Leu Tyr Lys Ser Arg Cys Asp Asn Arg
660 665 670

Tyr Asn Glu Ile Ala Glu Arg Val Leu Gly Asp Lys Arg Glu Leu Glu
675 680 685

Ser Leu Ala Lys Lys Tyr Glu Glu Lys Tyr Lys Lys Ser Gly Asn Val
690 695 700

Gly Ser Lys Leu Thr Ile Glu Glu Ala Thr Phe Arg Asp Ile Gln Glu
705 710 715 720

Lys Lys Met Glu Leu Tyr Gln Ala Ile Val Lys Phe Glu Glu Gly Lys
725 730 735

Leu Asp Asp Ser Ile Val Lys Arg Thr Glu His Ile Gln Ser Gly Leu
740 745 750

Glu Glu Leu Ile Lys Asn Leu Asn Glu Arg Cys Lys Gln Tyr Gly Val

755 760 765

Arg Gly Lys Pro Thr Ser Leu Val Glu Leu Pro Phe Gly Trp Gln Pro
770 775 780

Gly Ile Gln Glu Gly Ala Ala Asp Trp Asp Glu Asp Trp Asp Lys Leu
785 790 795 800

Glu Asp Glu Gly Phe Thr Phe Val Lys Glu Leu Thr Leu Asp Ile Gln
805 810 815

Asn Val Ile Ala Pro Pro Lys Glu Lys Ser Ser Ala Trp Arg Lys Glu
820 825 830

Val Asp Val Ser Ser Lys Glu Gly Glu Asp Val Ser Phe Ser Asp Ala
835 840 845

Asp Ser Lys Thr Gly Lys Lys Gln Ser Ser Gly Glu Glu Asp Ser Glu
850 855 860

Gln Ser Glu Gly Lys Thr Ser Asp Val Asp Ala Arg Asp Lys Asn Gly
865 870 875 880

Ser Leu Asp Asp Ser Lys Val Arg Lys Gly Ile Glu Ala Asp Ser Ser
885 890 895

Pro Arg Thr Lys Asp Thr Arg Ser Glu Asn Gly His Asp Asp Gly Glu
900 905 910

Ser Thr Ala Ser Ala Gly Lys Thr Val Asn Tyr Asp Ser His Asp Glu
915 920 925

Thr Asp Ser Val Ser Ser Val Asn Pro Asp Asn Gly Lys Asp Lys Asp
930 935 940

His Gly Lys Tyr Asp Ser Gly Phe Gly Phe Gly Phe Gly Phe Asp Asp
945 950 955 960

Phe Ser Ile Lys Pro Ile Lys Thr Gly Ser Thr Ile Ser Asn Asp Phe
965 970 975

Leu Pro Pro Lys Leu Ser Ile Phe Ala Asp Ser Val Pro Ser Pro Pro
980 985 990

Ala Asn Ala Ser Asp Val Ser Pro Thr Lys Pro Ser Leu Phe Ala Asp
995 1000 1005

Ser Val Pro Ser Thr Pro Ala Thr Asn Asn Ala Ser Tyr Pro Gly
1010 1015 1020

Gln Lys Ser Phe Phe Asp Asp Ser Val Pro Ser Thr Pro Ala Tyr
1025 1030 1035

Pro Gly Asn Leu Phe Ala Glu Lys Lys Ser Phe Phe Asp Asp Ser
1040 1045 1050

Val Pro Ser Thr Pro Ala Tyr Pro Gly Asn Leu Phe Ala Glu Lys
1055 1060 1065

Lys Ser Tyr Phe Asp Asp Ser Val Pro Ser Thr Pro Ala Tyr Ser
1070 1075 1080

Thr Ser Asp Phe Gly Gly Lys Pro Phe Ala Ser Glu Thr Pro Arg
1085 1090 1095

Ser Asp Asn Leu Phe Pro Gly Arg Ser Pro Phe Met Phe Asp Ser
1100 1105 1110

Val Pro Ser Thr Pro Ala Ala His Asp Asp Phe Ser Asn Asn Ser
1115 1120 1125

Phe Ser Arg Phe Asp Ser Phe Asn Ser Asn Asn Asn Asp Ala Phe
1130 1135 1140

Ser Leu Ser Arg Thr Asp Ser Met Arg Ser Thr Ser Glu Pro Asp
1145 1150 1155

Pro Phe Ala Ser Arg Phe Asp Ser Phe Asn Tyr Gln Arg Tyr Asp
1160 1165 1170

Ser Phe Asn Ala Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Ser Asn Asn Asn Ala
1175 1180 1185

Ser Glu Thr Pro Lys Ala Ser Leu Thr Arg Phe Asp Ser Ile Gly
1190 1195 1200

Ser Thr Arg Asp Ser Asp Tyr Ser His Gly Phe Gly Phe Asp Asp
1205 1210 1215

His Asp Pro Phe Gly Ser Thr Gly Pro Phe Lys Thr Thr Thr Thr
1220 1225 1230

Thr Ala Glu Thr Pro Arg Ser Ser Asp Asn Trp Asn Ala Phe
1235 1240 1245

<210> 139
<211> 515
<212> ADN
<213> Populus tremula x tremuloides

<220>
<221> dấu hiệu hỗn hợp
<223> mảnh ARNi của UB11CPC10

<400> 139
tgcctactga ttctcctctc tttcaacttt ctgccctctc aagctagcta gaagggaaga 60

tgaacagacc aggagattgg aattgcaggt catgccaaca cttgaacttc cagaggaggg 120

actcgtacca gcgttgtggg gacccaaggc ccggagagag agaacattat ggaagttttg 180

gtggaagatc agggggctcg ttcggattta cggggcctga tgttaggcct ggtgactggt 240

attgctcggc tggcaactgt ggagctcaca actttgctag tcgttcaagc tgcttcaagt 300

gtggtatgtc caaggatgaa tcctccggtg gcgggcttga tgctgacatt tcatggatga 360

gaggttgtgg cttcggcggt ggcagcgcct ctagccgctc taattggaaa tccggagact 420

ggatttgcac caggtcaggt tgcaacgagc acaactttgc tagcaggact gagtgttaca 480

gatgcaatgc accaagagaa tcaggcggca acaag 515

<210> 140
<211> 313
<212> ADN
<213> Populus tremula x tremuloides

<220>
<221> dấu hiệu hỗn hợp
<223> mảnh ARNi của G079P71

<400> 140
gacttgccat tgaaggatga cgacagcctc acgagctgcc cgccattttc agtgccgaac 60

tacatgactc ctacggcctc ggccaaggca aaaacaagag cttatagtaa tcccaaggag 120

aggtttccag ggaccccgaa cagtgaaaag aggagactct cgttccctct tgcacaaggc 180

attggatctt tcaagtggaa caaaggcgcc gccttcttca ccggcaagga ttcaagctct 240

cagaggggtt tagagaagca tcagtcactt caatccatag gagatttgag tgtggattca 300

accgtctcga tgc 313

<210> 141
<211> 254
<212> ADN
<213> Populus tremula x tremuloides

<220>

<221> dấu hiệu hỗn hợp
<223> Mảnh ARNi của A044P01

<400> 141
gtgagcggag ttgaaatgtt cctcaaacag gccattggac agttcaacct cttcaccggc 60

agagaagcgc cgcaagagtt catgcgggag attgttttag ccaaattctg atttattgca 120

tcatgcaaag tatgctgcaa tgagtgataa aaataaactg ttatctaatt tcaaatatta 180

actcataaat caaagttgat ggattgttga gaccagtttt gtcatcaaat atccagtgtt 240

agtgatggcc actg 254

<210> 142
<211> 258
<212> ADN
<213> Populus tremula x tremuloides

<220>
<221> dấu hiệu hỗn hợp
<223> Mảnh ARNi của F129P33

<400> 142
ttcaaccatt accctccttg tcctgcaccc cacctagctc ttggtgtagg taggcacaag 60

gatggaggtg ccttgacggt cttatcccaa gatgatgttg gaggactaca aataggccgc 120

agatcagatg gagaatggat ccctgctaaa ccaattccag atgcctttat catcaatatt 180

ggtaattgta tgcaggtttg gagcaatgac ttgtactgga gtgcagagca tagagtggtg 240

gtgaattctc aaagggaa 258

<210> 143
<211> 274
<212> ADN
<213> Populus tremula x tremuloides

<220>
<221> dấu hiệu hỗn hợp
<223> Mảnh ARNi của UB30CPG09

<400> 143
aagaaaccta acacagatcg atcggttaaa acaaagatgc cttcccgtag aagaactctc 60

ttgaaggtta tcatcctcgg cgacagcggg gtaggaaaga cctctttgat gaatcaatat 120

gtaaataaga agtttagcaa tcaatacaag gcgacaattg gagcggattt tttgactaag 180

gaagttcagt ttgaagatag gctcttcact ttacagattt gggatactgc tgggcaggaa 240

agattccaaa gccttggtgt agctttctat cgtg 274

<210> 144
<211> 261
<212> ADN
<213> Populus tremula x tremuloides

<220>
<221> dấu hiệu hỗn hợp
<223> Mảnh ARNi của G125P68

<400> 144
atttaaccct gcaggcaaca aggactcttc tgagaacgag agagatttct ttggatctga 60

tgattttggt ctaaagccaa tcagaacgga atccacatca acaacgaata ctttccagaa 120

aaagagtata ttttttgaag aatctgttgc aggttcccca atgtcaagat ttggcaactc 180

tccaaggttc agcgaagcag gggaccattt tgacaattac tcgagatttg attccttcag 240

catgaacgaa ggaggctttt c 261