



(10) **DE 11 2010 000 887 T5** 2012.09.27

(12)

Veröffentlichung

der internationalen Anmeldung mit der
(87) Veröffentlichungs-Nr.: **WO 2010/097343**
in deutscher Übersetzung (Art. III § 8 Abs. 2 IntPatÜG)
(21) Deutsches Aktenzeichen: **11 2010 000 887.6**
(86) PCT-Aktenzeichen: **PCT/EP2010/052122**
(86) PCT-Anmeldetag: **19.02.2010**
(87) PCT-Veröffentlichungstag: **02.09.2010**
(43) Veröffentlichungstag der PCT Anmeldung
in deutscher Übersetzung: **27.09.2012**

(51) Int Cl.: **C07K 14/415** (2011.01)
C07K 14/435 (2011.01)
C12N 15/82 (2011.01)

(30) Unionspriorität:

61/155,192	25.02.2009	US
09100147.9	25.02.2009	EP
09156049.0	24.03.2009	EP
61/162,733	24.03.2009	US
09004255.7	25.03.2009	EP
61/163,469	26.03.2009	US
09100150.3	25.02.2009	EP
09100148.7	25.02.2009	EP
61/155,180	25.02.2009	US
61/155,179	25.02.2009	US
61/155,185	25.02.2009	US
09100151.1	25.02.2009	EP
61/155,177	25.02.2009	US
61/155,182	25.02.2009	US

(71) Anmelder:

**BASF Plant Science Company GmbH, 67063,
Ludwigshafen, DE**

(74) Vertreter:

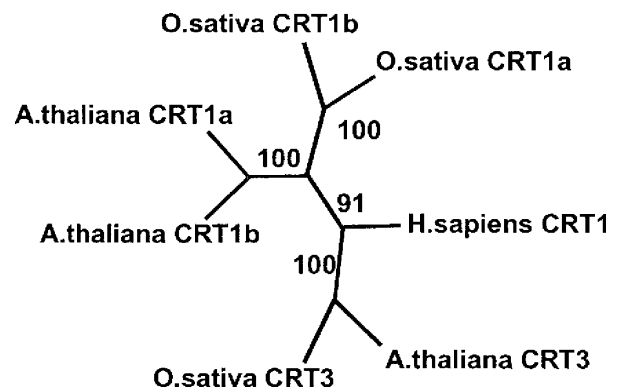
Herzog Fiesser & Partner, 68167, Mannheim, DE

(72) Erfinder:

**Hatzfeld, Yves, Lille, FR; Sanz Molinero, Ana
Isabel, Gentbrugge, BE; Frankard, Valerie,
Waterloo, BE; Reuzeau, Christophe, Tocan Saint
Apre, FR**

(54) Bezeichnung: **Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen und Verfahren zu deren Herstellung**

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft Pflanzen mit verbesserten Eigenschaften, wobei die Expression von Calreticulin, BET1-ähnlichen Polypeptiden, DUS1-ähnlichen Polypeptiden, ES43-ähnlichen Polypeptiden, HON5-ähnlichen Polypeptiden oder GSA1 Polypeptiden modifiziert wurde. Die verbesserte Eigenschaft kann zu erhöhten Ertrag führen.



Beschreibung

[0001] Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein das Gebiet der Molekularbiologie und betrifft ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen durch Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze. Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem Pflanzen mit einer modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für dieses BET1-ähnliche Polypeptid codiert, wobei die Pflanzen gesteigerte bei Ertragsmerkmale im Vergleich zu entsprechenden Wildtyp-Pflanzen oder anderen Kontrollpflanzen aufweisen. Die Erfindung stellt auch Konstrukte bereit, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind.

[0002] Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein das Gebiet der Molekularbiologie und betrifft ein Verfahren zur Verbesserung verschiedener Pflanzenwachstumscharakteristika durch Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein CRT (Calreticulin) codiert, in einer Pflanze. Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem Pflanzen mit einer modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin codiert, wobei die Pflanzen verbesserte Wachstumscharakteristika im Vergleich zu entsprechenden Wildtyp-Pflanzen oder anderen Kontrollpflanzen aufweisen. Die Erfindung stellt auch bislang unbekannte Calreticulin-Polynukleotide, Polypeptide und Konstrukte bereit, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind.

[0003] Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein das Gebiet der Molekularbiologie und betrifft ein Verfahren zur Erhöhung verschiedener den Pflanzenertrag betreffender Eigenschaften durch Erhöhen der Expression einer Nukleinsäuresequenz, die für ein tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliches (dihydrouridine synthase 1-like, DUS1L) Polypeptid codiert, in einer Pflanze. Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem Pflanzen mit einer erhöhten Expression einer Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wobei die Pflanzen erhöhte Ertragsmerkmale im Vergleich zu Kontrollpflanzen aufweisen. Die Erfindung stellt zusätzlich Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte, Vektoren und Pflanzen, die diese Nukleinsäuresequenzen enthalten, bereit.

[0004] Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein das Gebiet der Molekularbiologie und betrifft ein Verfahren zur Verbesserung von Ertragsmerkmalen durch Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein ES 43-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze. Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem Pflanzen mit einer modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, wobei die Pflanzen verbesserte Wachstumscharakteristika im Vergleich zu entsprechenden Wildtyp-Pflanzen oder anderen Kontrollpflanzen aufweisen. Die Erfindung stellt auch bislang unbekannte ES43-ähnliche Polynukleotide und Polypeptide und Konstrukte bereit, die in den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind.

[0005] Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein das Gebiet der Molekularbiologie und betrifft ein Verfahren zur Steigerung verschiedener ökonomisch wichtiger Ertragsmerkmale in Pflanzen. Die vorliegende Erfindung betrifft spezifischer ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen durch Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze. Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem Pflanzen mit einer modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, wobei die Pflanzen gesteigerte Ertragsmerkmale im Vergleich zu Kontrollpflanzen aufweisen. Die Erfindung stellt auch bislang unbekannte, für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäuren und Konstrukte, die diese enthalten, bereit, die sich für die Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren eignen.

[0006] Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein das Gebiet der Molekularbiologie und betrifft ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen durch Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-(GSA1-)Polypeptid codiert, in einer Pflanze. Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem Pflanzen mit einer modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein GSA1 codiert, wobei die Pflanzen gesteigerte Ertragsmerkmale im Vergleich zu entsprechenden Wildtyp-Pflanzen oder anderen Kontrollpflanzen aufweisen. Die Erfindung stellt auch Konstrukte bereit, die in den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind.

[0007] Die stetig anwachsende Weltbevölkerung und die schwindende Reserve an anbaufähigem Land, das für die Landwirtschaft zur Verfügung steht, treibt die Forschung hin zur Erhöhung der Effizienz der Landwirtschaft. Herkömmliche Methoden für Verbesserungen bei Nutzpflanzen und Gartenpflanzen wenden selektive Züchtungstechniken zum Identifizieren von Pflanzen mit wünschenswerten Merkmalen an. Allerdings weisen derartige selektive Züchtungstechniken mehrere Nachteile dahingehend auf, dass diese Techniken typischerweise arbeitsintensiv sind und zu Pflanzen führen, welche häufig heterogene genetische Komponenten enthalten, welche nicht immer dazu führen können, dass die erwünschte Eigenschaft von Elternpflanzen weiter-

gegeben wird. Die Fortschritte in der Molekularbiologie haben es der Menschheit erlaubt, das Keimplasma von Tieren und Pflanzen zu modifizieren. Die gentechnische Manipulation von Pflanzen beinhaltet die Isolierung und Manipulierung von genetischem Material (typischerweise in der Form von DNA oder RNA) und die anschließende Einbringung dieses genetischen Materials in eine Pflanze. Diese Technologie weist das Vermögen auf, Nutzpflanzen oder Pflanzen mit verschiedenen verbesserten wirtschaftlichen, landwirtschaftlichen oder gärtnerischen Eigenschaften zur Verfügung zu stellen.

[0008] Eine Eigenschaft von besonderem wirtschaftlichem Interesse ist ein erhöhter Ertrag. Der Ertrag ist normalerweise als der messbare Gewinn von ökonomischem Wert aus einer Nutzpflanze definiert. Dies kann in Bezug auf die Quantität und/oder Qualität definiert sein. Der Ertrag ist direkt von mehreren Faktoren, wie zum Beispiel der Anzahl und Größe der Organe, der Pflanzenarchitektur (zum Beispiel der Anzahl an Verzweigungen), der Samenproduktion, der Blatt-Seneszenz und sonstigem, abhängig. Wurzelentwicklung, Nährstoffaufnahme, Stresstoleranz und Früh-Wachskraft können ebenfalls bedeutende Faktoren bei der Bestimmung des Ertrags sein. Das Optimieren der oben erwähnten Faktoren kann daher zu einer Erhöhung des Nutzpflanzen-ertrags beitragen.

[0009] Der Samenertrag ist ein besonders wichtiges Merkmal, da die Samen vieler Pflanzen für die menschliche und tierische Ernährung wichtig sind. Nutzpflanzen, wie Mais, Reis, Weizen, Canola und Sojabohne machen über die Hälfte der gesamten menschlichen Kalorienaufnahme aus, ob durch direkten Verzehr der Samen selbst oder durch Verzehr von Fleischprodukten, welche auf Grundlage verarbeiteter Samen erzeugt wurden. Sie stellen ebenfalls eine Quelle für Zucker, Öle und viele Arten von Metaboliten, die in industriellen Verfahren verwendet werden, dar. Samen enthalten einen Embryo (die Quelle von neuen Sprossen und Wurzeln) sowie ein Endosperm (die Quelle von Nährstoffen für das Embryowachstum während der Keimung und während des frühen Wachstums der Setzlinge). Die Entwicklung eines Samens beteiligt zahlreiche Gene und erfordert den Transfer von Metaboliten aus den Wurzeln, Blättern und Stängeln in den wachsenden Samen. Das Endosperm assimiliert im Besonderen die Stoffwechselläufer von Kohlehydraten, Ölen und Proteinen und synthetisiert sie zu Speichermakromolekülen, um das Korn auszufüllen.

[0010] Die Pflanzenbiomasse ist der Ertrag für Futterpflanzen, wie Alfalfa, Silomais und Heu. Bei Getreidepflanzen hat man zahlreiche Stellvertreter für den Ertrag verwendet. Am bedeutendsten unter diesen sind Schätzungen der Pflanzengröße. Die Pflanzengröße kann auf viele Arten gemessen werden, abhängig von der Spezies und der Entwicklungsstufe, beinhaltet jedoch das Gesamtpflanzen-Trockengewicht, das oberirdische Trockengewicht, das oberirdische Frischgewicht, die Blattfläche, das Stängelvolumen, die Pflanzenhöhe, den Rosettendurchmesser, die Blattlänge, Wurzellänge, Wurzelmasse, die Triebzahl und die Blattzahl. Viele Spezies halten ein konservatives Verhältnis zwischen der Größe der verschiedenen Teile der Pflanze bei einer gegebenen Entwicklungsstufe ein. Diese allometrischen Beziehungen werden verwendet, um aus einem dieser Größenmaße auf ein anderes zu schließen (z. B. Tittonell et al., 2005, *Agric. Ecosys. & Environ.* 105: 213). Die Pflanzengröße bei einem frühen Entwicklungsstadium wird typischerweise mit der Pflanzengröße später in der Entwicklung korrelieren. Eine größere Pflanze mit einer größerer Blattfläche kann in der Regel mehr Licht und Kohlendioxid absorbieren als eine kleinere Pflanze und wird deshalb wahrscheinlich während derselben Zeitdauer ein größeres Gewicht gewinnen (Fasoula & Tollenaar 2005 *Maydica* 50:39). Dies kommt zusätzlich zu der potenziellen Fortdauer des mikroumgebungsbezogenen oder genetischen Vorteils hinzu, den die Pflanze hatte, um anfänglich die höhere Größe zu erreichen. Es existiert eine starke genetische Komponente hinsichtlich Pflanzengröße und Wachstumsrate (z. B. ter Steege et al., 2005, *Plant Physiology* 139: 1078), und daher besteht für eine Auswahl an diversen Genotypen wahrscheinlich eine Korrelation der Pflanzengröße unter einer Umweltbedingung mit der Größe unter einer anderen (Hittalmani et al., 2003, *Theoretical Applied Genetics* 107: 679). Auf diese Weise wird eine Standardumgebung als Stellvertreter für die vielfältigen und dynamischen Umgebungen benutzt, welche von Nutzpflanzen auf dem Feld an unterschiedlichen Örtlichkeiten und Zeitpunkten angetroffen werden.

[0011] Eine andere bedeutende Eigenschaft für viele Nutzpflanzen ist die Früh-Wachskraft. Die Verbesserung der Früh-Wachskraft ist ein wichtiges Ziel bei modernen Reis-Züchtungsprogrammen sowohl in gemäßigten als auch tropischen Reis-Kultivaren. Lange Wurzeln sind wichtig für eine korrekte Bodenverankerung bei in Wasser ausgesätem Reis. Falls Reis direkt in überflutete Ackerfelder ausgesät wird und falls die Pflanzen rasch durch das Wasser auftauchen müssen, stehen längere Sprosse bzw. Triebe mit der Wachskraft in Zusammenhang. Wo eine Aussaat mit Drillvorrichtung praktiziert wird, sind längere Mesokotyle und Koleoptile für eine günstige Setzlingsemergenz bedeutsam. Die Fähigkeit, Früh-Wachskraft künstlich in Pflanzen einzubringen, wäre für die Landwirtschaft von großer Bedeutung. Zum Beispiel war eine geringe Früh-Wachskraft eine Einschränkung bei der Einführung von Mais-(*Zea Mais L.*)-Hybriden auf Basis von "Corn Belt"-Keimplasma im europäischen Atlantikraum.

[0012] Der Ernteindex, das Verhältnis von Samenertrag zu oberirdischem Trockengewicht, ist unter vielen Umweltbedingungen verhältnismäßig stabil, und somit kann häufig eine beständige Korrelation zwischen Pflanzengröße und Kornertrag erhalten werden (z. B. Rebetzke et al., 2002, *Crop Science* 42: 739). Diese Prozesse sind intrinsisch verknüpft, weil die Mehrheit der Kornbiomasse von der aktuellen oder gespeicherten photosynthetischen Produktivität seitens der Blätter und des Stängels der Pflanze abhängig ist (Gardener et al., 1985, *Physiology of Crop Plants*. Iowa State University Press, S. 68–73). Deshalb ist das Selektieren hinsichtlich der Pflanzengröße sogar bei frühen Entwicklungsstadien als ein Indikator für den zukünftigen potenziellen Ertrag verwendet worden (z. B. Tittonell et al., 2005, *Agric. Ecosys. & Environ.* 105: 213). Beim Testen hinsichtlich der Auswirkung von genetischen Unterschieden auf die Stresstoleranz ist die Fähigkeit zur Standardisierung von Bodeneigenschaften, Temperatur, Wasser- und Nährstoffverfügbarkeit sowie Lichtintensität ein spezifischer Vorteil von Gewächshaus- oder Pflanzenwachstumschamber-Umgebungen im Vergleich zu Feldbedingungen. Allerdings können künstliche Einschränkungen auf den Ertrag wegen geringer Bestäubung aufgrund des Fehlens von Wind oder Insekten oder wegen ungenügendem Raum für die reife Wurzel oder das Laubkronenwachstum (canopy growth) die Anwendung dieser regulierten Umgebungen zum Testen von Ertragsunterschieden begrenzen. Deshalb sind Messungen der Pflanzengröße in der frühen Entwicklung unter standardisierten Bedingungen in einer Wachstumschamber oder einem Gewächshaus Standardpraktiken, um Hinweise auf potenzielle genetische Ertragsvorteile bereitzustellen.

[0013] Ein weiteres wichtiges Merkmal ist das einer verbesserten Toleranz gegenüber abiotischem Stress. Abiotischer Stress ist eine Hauptursache für weltweiten Ernteverlust, wobei die Durchschnittserträge für die meisten wichtigen Nutzpflanzen um mehr als 50% reduziert werden (Wang et al. (2003) *Planta* 218: 1–14). Abiotische Stressformen können durch Dürre, Salzgehalt, extreme Temperaturen, chemische Toxizität, Überschuss oder Mangel an Nährstoffen (Makroelemente und/oder Mikroelemente), Strahlung und oxidativen Stress verursacht werden. Die Fähigkeit zur Verbesserung der Pflanzentoleranz gegenüber abiotischem Stress wäre weltweit für Landwirte von großem wirtschaftlichen Vorteil und würde den Anbau von Nutzpflanzen während ungünstiger Bedingungen sowie in Territorien, auf welchen eine Kultivierung von Nutzpflanzen ansonsten nicht möglich sein kann, gestatten.

[0014] Der Nutzpflanzenertrag kann daher durch Optimieren von einem der oben erwähnten Faktoren erhöht werden.

[0015] Abhängig von der Endanwendung kann die Modifikation bestimmter Ertragseigenschaften gegenüber anderen bevorzugt sein. Beispielsweise kann für Anwendungen wie Futtermittel- oder Holzproduktion oder Biotreibstoff-Ressourcen ein Zuwachs bei den vegetativen Teilen einer Pflanze wünschenswert sein, und für Anwendungen wie Mehl-, Stärke- oder Ölproduktion kann ein Zuwachs hinsichtlich der Samenparameter besonders erwünscht sein. Sogar unter den Samenparametern können, abhängig vom Verwendungszweck, manche gegenüber anderen bevorzugt sein. Verschiedene Mechanismen können zur Erhöhung des Samenertrags beitragen, ungeachtet dessen, ob diese in Form einer erhöhten Samengröße oder einer erhöhten Samenzahl vorliegt.

[0016] Ein möglicher Ansatz zur Erhöhung des Ertrags (Samenertrag und/oder Biomasse) in Pflanzen kann durch Modifikation der inhärenten Wachstumsmechanismen einer Pflanze erfolgen, wie etwa dem Zellzyklus oder verschiedenen Signalleitungswegen, die am Pflanzenwachstum oder an Abwehrmechanismen beteiligt sind.

[0017] Weiterhin wurde jetzt auch gefunden, dass sich verschiedene Ertragsmerkmale in Pflanzen verbessern lassen, indem man in einer Pflanze die Expression einer in einer Pflanze für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert.

[0018] Weiterhin wurde jetzt auch gefunden, dass sich verschiedene Wachstumscharakteristika in Pflanzen verbessern lassen, indem man in einer Pflanze die Expression einer in eine Pflanze für ein Calreticulin (ein CRT-Polypeptid) codierenden Nukleinsäure moduliert.

[0019] Weiterhin wurde jetzt auch gefunden, dass sich verschiedene Ertragsmerkmale in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhöhen lassen, indem man in einer Pflanze die Expression einer für ein tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliches (dihydrouridine synthase 1-like, DUS1L) Polypeptid codierenden Nukleinsäuresequenz erhöht. Die erhöhten Ertragsmerkmale umfassen eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen.

[0020] Weiterhin wurde jetzt auch gefunden, dass sich verschiedene Wachstumscharakteristika in Pflanzen verbessern lassen, indem man in einer Pflanze die Expression einer in einer Pflanze für ein ES43-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert.

[0021] Weiterhin wurde jetzt auch gefunden, dass sich verschiedene Ertragsmerkmale in Pflanzen verbessern lassen, indem man in einer Pflanze die Expression einer in einer Pflanze für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert.

[0022] Weiterhin wurde jetzt auch gefunden, dass sich verschiedene Wachstumscharakteristika in Pflanzen verbessern lassen, indem man in einer Pflanze die Expression einer in einer Pflanze für ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert.

Hintergrund

1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0023] Gregorio Hueros et al. (Plant Cell, Vol. 7, 747–757, 6/1995 Am. Soc. Plant Physiol.) haben den cDNA-Klon BET1 (was für Basal Endosperm Transfer Layer steht) offenbart, der aus einer cDNA-Bank, erstellt aus Mais-Endosperm-mRNA 10 Tage nach dem Bestäuben (Days After Pollination, DAP), isoliert wurde. Es wurde gezeigt, dass BET1-mRNA für ein 7-kD-Zellwandpolypeptid codiert. Sowohl die mRNA als auch das Protein waren in ihrer Verteilung auf die basale Endospermtransferschicht beschränkt und wurden nirgends sonst in der Pflanze exprimiert. Die BET1-Expression begann 9 DAP, erreichte zwischen 12 und 16 DAP ein Maximum und nahm nach 16 DAP ab. Die ursprüngliche Akkumulation des BET1-Polypeptids erreichte 16 DAP ein Plateau und nahm anschließend ab, wobei es 20 DAP nicht mehr nachweisbar war. Die gegen das BET1-Protein gebildeten Antikörper reagierten mit einer Reihe von Polypeptiden mit einer höheren Molekülmasse als das BET1-Monomer. Die meisten hiervon befanden sich in zytosolischen Fraktionen und wurden in Endospermextrakten nichtbasaler Zellen gefunden; drei Spezies schienen jedoch basalzellenspezifisch zu sein. Dieses Ergebnis und die Reaktivität von erschöpfend extrahiertem Zellwandmaterial mit dem BET1-Antikörper legen nahe, dass eine Fraktion des Protein in kovalent gebundener Form in der extrazellulären Matrix deponiert wird. Es wurde eine Rolle des BET1-Proteins bei der strukturellen Spezialisierung der Transferzellen vorgeschlagen. Darüber hinaus stellt BET1 einen neuen molekularen Marker für die Entwicklung dieser Endosperm-domäne dar.

2. Calreticulin-Polypeptide

[0024] Calcium spielt bei mehreren Signalübertragungspfaden sowohl in Pflanzen als auch in Tieren eine wesentliche Rolle. Die Calciumkonzentrationen im Zytoplasma werden eng auf 100–200 nM reguliert; in subzellulären Organellen finden sich jedoch höhere Spiegel im mikro- und millimolaren Bereich. In Pflanzen ist Calcium außerdem ein Mikronährstoff.

[0025] Calreticulin (CRT), ein Protein, das an der Modulation der Ca²⁺(Calcium)-ATPase aus dem ER (endoplasmatisches Retikulum) beteiligt ist, findet sich in allen Eukaryonten. In Studien mit Säugetieren wurden die Struktur der CRT-Proteine und eine Reihe physiologischer Schlüsselfunktionen einschließlich der Steuerung der Zelladhäsion und der Signalübertragung durch Calciumbindung und die Qualitätskontrolle bei der Proteinfaltung und posttranskriptionellen Modifikationen geklärt (Michalak, Biochem J. 2009 417(3): 651–66).

[0026] Strukturell sind CRT-Proteine durch drei unterschiedliche Domänen gekennzeichnet: eine globuläre neutrale N-Domäne, eine prolinreiche P-Domäne und eine polyacidische C-Domäne. CRT weist außerdem eine N-terminale Signalpeptidsequenz und ein ER-Retentionsmotiv in der C-Domäne auf. Die P-Domäne ist für die Ca²⁺-Bindung mit hoher Affinität (in der Größenordnung von Kd 1,6 mikromolar) und geringer Kapazität verantwortlich, während die C-Domäne für die Ca²⁺-Bindung mit geringer Affinität (in der Größenordnung von Kd 0,3–2 mM) und hoher Kapazität verantwortlich ist. Die CRT-Polypeptide enthalten eine N-terminale Signalsequenz und ein ER-Retentionsmotiv in der C-Domäne. In der P-Domäne befinden sich zwei Arten von dreifach wiederholten Motiven, die zwischen verschiedenen Tierspezies hochkonserviert sind. Die C-Domäne ist jedoch weniger konserviert als andere CRT-Domänen. Vier Aminosäurereste an der Spitze des "ausgestreckten Arms" der P-Domäne sind für die Chaperon-Funktion von CRT entscheidend. Die C-Domäne ist an der Ca²⁺-Speicherung im Lumen des ER beteiligt (Michalak, Biochem J. 1992, 285 (Teil 3): 681–92.).

[0027] In Pflanzen haben die CRT-Proteine die gleichen Strukturmerkmale und ähnliche Ca²⁺-Bindungsproteine wie ihre tierischen Gegenstücke. Phylogenetische Studien haben gezeigt, dass Pflanzen-CRT in zwei evolutionär verwandte Gruppen fallen, die als CRT1/2 und CRT3 bezeichnet werden. CRT1/2 befinden sich

häufig an den Plasmodesmata der Zelle. Es wurde vorgeschlagen, dass Pflanzen-CRT eine Rolle bei Regeneration, Gravitropismus, Signalübertragung und der Regulierung von Stresstoleranz spielen (Christensen et al. 2008, *Plant Cell Physiol.* 49(6): 912–924).

[0028] BrCRT1, eine CRT aus *Brassica rapa*, zeigte bei der Expression in transgenen Tabakpflanzen, die in Erdboden bis zur Reife kultiviert wurden, keine offensichtlichen phänotypischen Unterschiede in der Erscheinung, der Blütezeit oder der Samenproduktion und eine schwache Wachstumsinhibierung der Keimlinge (Jin et al. 2005 *Transgenic Res.* 14(5): 619–26).

3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0029] Bei der Translation ist die Transfer-RNA das zentrale Adaptermolekül, da sie die genetischen Informationen der Boten-RNA und die Addition korrekt geordneter Aminosäuren an eine wachsende Polypeptidkette verbindet. Eines der Strukturmerkmale von tRNA ist des Vorhandensein einer Vielzahl verschiedener posttranskriptionell modifizierter RNA-Basen. Dihydrouridin ist einer der am häufigsten vorkommenden modifizierten tRNA-Basen in Prokaryonten und Eukaryonten. Es unterscheidet sich von Uridin lediglich durch die Reduktion der Kohlenstoff-Kohlenstoff-Doppelbindung des Uridins (nichtaromatische Base) und findet sich fast ausschließlich an bevorzugten Positionen in der D-Schleife der tRNA, die weiterhin verschiedene Anzahlen an Dihydrouridinresten enthalten kann (Bishop et al. (2002) 277(28): 25090–25095). Die wahrscheinlichste chemische Rolle von Dihydrouridin ist die Steigerung der konformationellen Flexibilität von tRNA und somit die Verbesserung der Translationseffizienz.

[0030] Die Familie der Dihydrouridinsynthase-(DUS-)enzyme, die die Modifikation von Uridin zu Dihydrouridin katalysieren, wurde in *Saccharomyces cerevisiae* und *E. coli* identifiziert (Bishop et al., oben). DUSs umfassen eine eigenständige Genfamilie (3 Mitglieder in *E. coli* YjbN, YhdG und Yohl, wenigstens 4 Mitglieder in Hefe YML080w oder DUS1, YNR016w, YLR405w und YLR401c), was es erlaubt, mögliche DUS-Gene aus anderen Organismen auf Grundlage der Sequenzhomologie vorzuschlagen. Solche Homologen wurden beispielsweise beim Menschen, beim Schimpansen, beim Hund, beim Rind, bei der Maus, beim Huhn, beim Zebrafisch, bei der Fruchtfliege, bei der Mücke, bei *C. elegans*, beim Reis und bei *P. falciparum* gefunden. Im Arabidopsis-Genom wurden wenigstens 3 Gene identifiziert, die möglicherweise für DUS-Enzyme codieren (AT3G49640, AT4G38890, AT5G67220 oder DUS1-ähnlich). Eines dieser Gene codiert für ein Polypeptid mit größerer Ähnlichkeit zum DUS1-Enzym und wird daher als DUS1-ähnliches (DUS1-like, DUS1L) Enzym bezeichnet.

[0031] In der internationalen Anmeldung WO 02/66660 "Method for identifying herbicidally active substances" werden eine Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid (SEQ ID NR: 84) codiert, und diese Sequenz umfassende Konstrukte beschrieben. Bei transgenen Pflanzen, denen das vorliegende Genprodukt fehlt, war das Wachstum signifikant verzögert und/oder das Wachstum der Pflanzen im Embryostadium von *Arabidopsis thaliana* war vollständig verkümmert. Die Erfindung bezieht sich auf die Verwendung der Gene und der dadurch codierten Genprodukte zur Entdeckung neuer Herbizide.

[0032] Überraschenderweise wurde nun gefunden, dass man durch Erhöhen der Expression einer für ein wie hier definiertes DUS1L-Polypeptid codierenden Nukleinsäuresequenz in einer Pflanze Pflanzen erhöhte Ertragsmerkmale im Vergleich zu Kontrollpflanzen verleihen kann.

[0033] Gemäß einer Ausführungsform wird ein Verfahren zur Erhöhung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereitgestellt, bei dem man die Expression einer für ein wie hier definiertes DUS1L-Polypeptid codierenden Nukleinsäuresequenz in einer Pflanze erhöht. Die erhöhten Ertragsmerkmale umfassen eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen.

4. ES43-ähnliche Polypeptide

[0034] Die BAH-(bromo-adjacent homology) Familie enthält Proteine wie eukaryontische DNA-(Cytosin-5)-Methyltransferasen, die Origin-Recognition-Complex-1-(Orc1-)Proteine, sowie mehrere an der Steuerung der Transkription beteiligte Proteine. Die BAH-Domäne scheint als auf Gen-Silencing spezialisiertes Protein-Protein-Wechselwirkungsmodul zu fungieren, wie dies zum Beispiel durch ihre Wechselwirkung mit Hefe-Orc1p mit dem Silent-Informationsregulator Sir1p nahegelegt wird. Das BAH-Module könnte daher eine wichtige Rolle bei der Verbindung von DNA-Methylierung, Replikation und der transkriptionellen Regulierung spielen (FEBS Lett. 1999 März 5; 446(1): 189–93).

[0035] PHD-Domänen sind Protein-Zinkfinger-Domänen, die sich ähnlich wie RING- und FYVE-Domänen zu einem 2 Zn-Ionen chelierenden, überlappten Zn-Finger falten (Pascual et al. J. Mol. Biol. 2000; 304: 723–729). Zinkfinger-(Znf-)Domänen sind relativ kleine Proteinmotive, die ein oder mehrere Zinkatome binden und die gewöhnlich mehrere fingerähnliche Auswüchse enthalten, die Tandemkontakte mit ihrem Zielmolekül herstellen. Ihre Bindungseigenschaften hängen von der Aminosäuresequenz der Fingerdomänen und von dem Linker zwischen den Fingern ab, sowie von Strukturen höherer Ordnung und der Anzahl der Finger. Znf-Domänen finden sich häufig in Ansammlungen, wobei die Finger unterschiedliche Bindungsspezifitäten aufweisen können. Es gibt viele Superfamilien von Znf-Motiven, die sich sowohl in der Sequenz als auch in der Struktur unterscheiden. Sie zeigen eine beträchtliche Vielfalt an Bindungsmodi, selbst zwischen Mitgliedern der gleichen Klasse (wobei zum Beispiel einige an DNA und andere an Protein binden), was nahelegt, dass es sich bei Znf-Motiven um stabile Gerüste handelt, die spezialisierte Funktionen entwickelt haben. So wirken Znf-haltige Proteine zum Beispiel in der Gentranskription, der Translation, dem mRNA-Transport, der Organisation des Zytoskeletts, der Entwicklung des Epithels, der Zelladhäsion, der Proteinfaltung, der Chromatinremodellierung und als spezielle Zinkrezeptoren ("zinc sensing"). Bei den zinkbindenden Motiven handelt es sich um stabile Strukturen, die bei der Bindung an ihr Zielmolekül nur in wenigen Fällen Konformationsänderungen erfahren.

[0036] Von der PHD-(homeodomain)Zinkfingerdomäne, bei der es sich um ein in nuklearen Proteinen anzutreffendes zinkfingerähnliches C4HC3-Motiv handelt, wird angenommen, dass es an der chromatinvermittelten Steuerung der Transkription beteiligt ist. Das PHD-Fingermotiv erinnert an den RING-Finger vom C3HC4-Typ, unterscheidet sich jedoch davon (Aasland et al. Trends Biochem Sci. 1995 Feb; 20(2): 56–9).

[0037] Es wurden eine Reihe von Pflanzenproteinen beschrieben, die sowohl BAH- als auch PHD-Fingerdomänen umfassen. Zum Beispiel das ES43-Protein von *Baleary* (Speelman und Salamini Plant Sci. 106, 91–98 (1995), SHE (Mussig et al. Mol. Gen. Genet. 2000 Nov; 264(4): 363–70) und EBS (Piñeiro et al. Plant Cell. 2003 Jul; 15(7): 1552–62) von *Arabidopsis thaliana*. Es wird angenommen, dass EBS am Transkriptionsrepressorkomplex, der die Chromatinstruktur moduliert und zur Unterdrückung des Blühens an kurzen Tagen erforderlich ist, beteiligt ist. Eine Überexpression von EBS in *Arabidopsis thaliana*-Pflanzen hat ein frühes Blühen zur Folge (Piñeiro et al. 2003).

5. HON5-ähnliche Polypeptide

[0038] High-mobility-group-(HMG-)Proteine sind kleine und relativ häufig anzutreffende chromatinassoziierte Proteine, die biochemisch als kleine, in verdünnter Perchlorsäure oder Trichloressigsäure lösliche Proteine von typischerweise etwa 30 kDa mit einem relativ hohen Anteil an basischen und sauren Aminosäuren definiert sind.

[0039] Pflanzen und Tiere haben eine Familie von HMG-Proteinen, die sich auf der Basis eines gemeinsamen, als AT-Hook bekannten Motive ähneln, bei dem es sich um eine Domäne handelt, die DNA mit bestimmten Strukturmerkmalen wie solchen, die durch AT-reiche DNA verliehen werden, bevorzugt erkennt und bindet. Da diese Proteine die Chromatin- und/oder DNA-Struktur (wie die Struktur, die durch AT-reiche DNA verliehen wird) und nicht eine spezifische DNA-Sequenz erkennen, werden sie als Architektur-Transkriptionsfaktoren bezeichnet.

[0040] Viele der über die Funktion der Tier-HMGA-Familie bekannten Informationen wurden auf die HMG-I/Y-Pflanzenfamilie von AT-Hook-Proteinen übertragen.

[0041] Bei Pflanzen wurden zwei Gruppen chromosomaler HMG-Proteine identifiziert, nämlich die HMGA-Familie, die typischerweise vier A/T-Hook-DNA-Bindungsmotive enthält, und die HMGB-Familie, die eine einzelne HMG-Box-DNA-Bindungsdomäne enthält. Sowohl Pflanzen- als auch Tier-At-Hook-Proteine binden an AT-reiche DNA-Abschnitte in der kleinen Furche, induzieren die DNA-Krümmung und wirken bei der Regulierung der Genexpression. Durch Koordinieren mehrerer Protein-Protein- und Protein-DNA-Wechselwirkungen unterstützen die HMGA-Proteine die Bildung von Transkriptionsfaktorkomplexen höherer Ordnung, wodurch die Genexpression gesteuert wird (Klosterman et al; Plant Science 162(2002) 855–866).

Kurze Darstellung der Erfindung

1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0042] Überraschenderweise wurde nun gefunden, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen, insbesondere einem erhöhten Ertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, erhält.

[0043] Gemäß einer Ausführungsform wird ein Verfahren zum Erhöhen des Pflanzenertrags im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereitgestellt, bei dem man die Expression einer für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze moduliert.

2. Calreticulin-Polypeptide

[0044] Überraschenderweise wurde nun gefunden, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält.

[0045] Gemäß einer Ausführungsform wird ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen einer Pflanze im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereitgestellt, bei dem man die Expression einer für ein Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze moduliert.

3. ES43-ähnliche Polypeptide

[0046] Überraschenderweise wurde nun gefunden, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein ES43-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen, insbesondere einem erhöhten Ertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, erhält.

[0047] Gemäß einer Ausführungsform wird ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen einer Pflanze im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereitgestellt, bei dem man die Expression einer für ein ES43-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze moduliert.

4. HON5-ähnliche Polypeptide

[0048] Überraschenderweise wurde nun gefunden, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält.

[0049] Gemäß einer Ausführungsform wird ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen einer Pflanze im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereitgestellt, bei dem man die Expression einer für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze moduliert.

5. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0050] Überraschenderweise wurde nun gefunden, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen, insbesondere einem erhöhten Ertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, erhält.

[0051] Gemäß einer Ausführungsform wird ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen einer Pflanze im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereitgestellt, bei dem man die Expression einer für ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze moduliert.

Definitionen

Polypeptid(e)/Protein(e)

[0052] Die Begriffe "Polypeptid" und "Protein" werden hierin austauschbar verwendet und betreffen Aminosäuren in einer polymeren Form von beliebiger Länge, welche durch Peptidbindungen miteinander verbunden sind.

Polynukleotid(e)/Nukleinsäure(n)/Nukleinsäuresequenz(en)/Nukleotidsequenz(en)

[0053] Die Begriffe "Polynukleotid(e)", "Nukleinsäuresequenz(en)", "Nukleotidsequenz(en)", "Nukleinsäure(n)", "Nukleinsäuremolekül" werden hierin austauschbar verwendet und beziehen sich auf Nukleotide, entweder Ribonukleotide oder Desoxyribonukleotide oder eine Kombination von beiden, in einer polymeren unverzweigten Form von beliebiger Länge.

Homolog(e)

[0054] "Homologe" eines Proteins umfassen Peptide, Oligopeptide, Polypeptide, Proteine und Enzyme, welche Aminosäuresubstitutionen, -deletionen und/oder -insertionen im Vergleich zum betreffenden unmodifizierten Protein aufweisen und eine ähnliche biologische und funktionelle Aktivität wie das unmodifizierte Protein, aus dem sie abgeleitet sind, besitzen.

[0055] Eine Deletion bezieht sich auf die Entfernung von einer oder mehreren Aminosäuren aus einem Protein.

[0056] Eine Insertion, bezieht sich darauf, dass ein oder mehrere Aminosäurereste in eine vorherbestimmte Stelle in einem Protein eingeführt werden. Insertionen können N-terminale und/oder C-terminale Fusionen sowie Intra-Sequenz-Insertionen einzelner oder mehrerer Aminosäuren umfassen. Im Allgemeinen werden Insertionen innerhalb der Aminosäuresequenz kleiner als N- oder C-terminale Fusionen, und zwar in der Größenordnung von etwa 1 bis 10 Resten, sein. Zu Beispielen für N- oder C-terminale Fusionsproteine oder -peptide zählen die Bindungsdomäne oder Aktivierungsdomäne eines Transkriptionsaktivators, wie im Hefe-Zwei-Hybrid-System verwendet, Phagen-Hüllproteine, (Histidin)-6-Tag, Glutathion-S-Transferase-Tag, Protein A, Maltose-Bindungsprotein, Dihydrofolatreduktase, Tag-100-Epitop, c-myc-Epitop, FLAG[®]-Epitop, lacZ, CMP (Calmodulin-bindendes Peptid), HA-Epitop, Protein-C-Epitop und VSV-Epitop.

[0057] Eine Substitution bezieht sich auf die Ersetzung von Aminosäuren des Proteins mit anderen Aminosäuren mit ähnlichen Eigenschaften (wie etwa einer ähnlichen Hydrophobizität, Hydrophilizität, Antigenizität, Neigung zur Bildung oder Aufbrechung von α -helikalen Strukturen oder β -Blatt-Strukturen). Aminosäuresubstitutionen sind typischerweise an Einzelresten vorhanden, aber können abhängig von den funktionellen Erfordernissen, welche dem Polypeptid auferlegt sind, gehäuft vorliegen und können im Bereich von 1 bis 10 Aminosäuren liegen; Insertionen werden üblicherweise eine Größenordnung von etwa 1 bis 10 Aminosäureresten aufweisen. Die Aminosäuresubstitutionen sind vorzugsweise konservative Aminosäuresubstitutionen. Tabellen mit konservativen Substitutionen sind im Stand der Technik gut bekannt (siehe zum Beispiel Creighton (1984) Proteins. W. H. Freeman and Company (Hrsg.) und Tabelle 1 unten).

Tabelle 1: Beispiele für konservierte Aminosäuresubstitutionen

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

[0058] Aminosäuresubstitutionen, -deletionen und/oder -insertionen können mit Hilfe von auf dem Fachgebiet allgemein bekannten Peptidsynthesetechniken, wie etwa der Festphasen-Peptidsynthese und dergleichen, oder durch rekombinante DNA-Manipulation, leicht ausgeführt werden. Verfahren für die Manipulierung von DNA-Sequenzen zur Erzeugung von Substitutions-, Insertions- oder Deletionsvarianten eines Proteins sind

auf dem Fachgebiet allgemein bekannt. Zum Beispiel sind Techniken zur Herstellung von Substitutionsmutationen an vorbestimmten Stellen in der DNA dem Fachmann auf dem Gebiet allgemein bekannt und schließen M13-Mutagenese, T7-Gen-in-vitro-Mutagenese (USB, Cleveland, OH), QuickChange-ortsgerichtete Mutagenese (Stratagene, San Diego, CA), PCR-vermittelte ortsgerichtete Mutagenese oder sonstige ortsgerichtete Mutagenese-Protokolle ein.

Derivate

[0059] "Derivate" beinhalten Peptide, Oligopeptide, Polypeptide, welche im Vergleich zur Aminosäuresequenz der natürlich vorkommenden Form des Proteins, wie dem Protein von Interesse, Substitutionen von Aminosäuren mit nicht natürlich vorkommenden Aminosäureresten, oder Additionen von nicht-natürlich vorkommenden Aminosäureresten, umfassen können. "Derivate" eines Proteins beinhalten außerdem Peptide, Oligopeptide, Polypeptide, welche natürlich vorkommende, veränderte (glykosylierte, acylierte, prenylierte, phosphorylierte, myristoylierte, sulfatierte etc.) oder nicht-natürlich veränderte Aminosäurereste im Vergleich zu der Aminosäuresequenz einer natürlich vorkommenden Form des Polypeptids umfassen. Ein Derivat kann außerdem eine oder mehrere Nicht-Aminosäure-Substituenten oder -Additionen im Vergleich zu der Aminosäuresequenz, aus der es abgeleitet ist, wie zum Beispiel ein Reportermolekül oder einen anderen Liganden, der kovalent oder nicht-kovalent an die Aminosäuresequenz gebunden ist, wie etwa ein Reportermolekül, das gebunden ist, um ihren Nachweis zu erleichtern, sowie nicht-natürlich vorkommende Aminosäurereste im Vergleich zur Aminosäuresequenz eines natürlich vorkommenden Proteins, umfassen. Ferner zählen zu "Derivaten" ebenfalls Fusionen der natürlich vorkommenden Form des Proteins mit Tagging-Peptiden, wie FLAG, HIS6 oder Thioredoxin (für einen Übersichtsartikel über Tagging-Peptide, siehe Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523–533, 2003).

Ortholog(e)/Paralog(e)

[0060] Orthologe und Paraloge umfassen evolutionäre Konzepte, die zur Beschreibung der ancestralen Beziehungen von Genen zur Anwendung kommen. Paraloge sind Gene innerhalb derselben Spezies, welche aus der Duplikation eines ancestralen Gens hervorgegangen sind; Orthologe sind Gene aus unterschiedlichen Organismen, welche durch Speziation hervorgegangen sind, und sind ebenfalls von einem gemeinsamen ancestralen Gen abgeleitet.

Domäne, Motiv/Consensus-Sequenz/Signatur

[0061] Der Begriff "Domäne" bezieht sich auf einen Satz von Aminosäuren, welche an spezifischen Positionen entlang eines Alignments von Sequenzen evolutionär verwandter Proteine konserviert sind. Während Aminosäuren an anderen Positionen zwischen Homologen variieren können, deuten Aminosäuren, welche an spezifischen Positionen hochkonserviert sind, auf Aminosäuren hin, die wahrscheinlich in der Struktur, Stabilität oder Funktion eines Proteins wesentlich sind. Identifiziert durch das hohe Ausmaß ihrer Konservierung in alignierten Sequenzen einer Familie von Proteinhomologen können sie als Identifikatoren verwendet werden, um zu ermitteln, ob ein beliebiges fragliches Polypeptid einer bereits identifizierten Polypeptidfamilie angehört.

[0062] Der Begriff "Motiv" oder "Consensus-Sequenz" oder "Signatur" bezieht sich auf eine kurze konservierte Region in der Sequenz von evolutionär verwandten Proteinen. Motive sind häufig hochkonservierte Teile von Domänen, aber können ebenfalls lediglich einen Teil der Domäne einschließen oder außerhalb einer konservierten Domäne liegen (wenn alle der Aminosäuren des Motives außerhalb einer definierten Domäne liegen).

[0063] Es gibt Spezialdatenbanken für die Identifizierung von Domänen, zum Beispiel SMART (Schultz et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 5857–5864; Letunic et al. (2002) Nucleic Acids Res 30, 242–244), InterPro (Mulder et al., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315–318), Prosite (Bucher und Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular sequences motifs and its function in automatic sequence interpretation. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Hrsg., S. 53–61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo et al., Nucl. Acids. Res. 32: D134–D137, (2004)), oder Pfam (Bateman et al., Nucleic Acids Research 30(1): 276–280 (2002)). Eine Auswahl an Werkzeugen für die Analyse von Proteinsequenzen in silico ist auf dem ExPASy-Proteomics-Server (Schweizer Institut für Bioinformatik; Gasteiger et al., "ExPASy: the proteomics server for in-depth Protein knowledge and analysis", Nucleic Acids Res. 31: 3784–3788 (2003)) verfügbar. Domänen oder Motive können auch unter Anwendung von Routinetechniken, wie etwa durch Sequenzalignment, identifiziert werden.

[0064] Verfahren für das Alignment von Sequenzen zum Vergleich sind im Fachgebiet allgemein bekannt, wobei GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA und TFASTA zu derartigen Verfahren zählen. GAP verwendet den Algorithmus von Needleman und Wunsch ((1970) J. Mol. Biol. 48: 443–453) zur Ermittlung des globalen (d. h. die vollständigen Sequenzen überspannenden) Alignments von zwei Sequenzen, welches die Anzahl an Übereinstimmungen maximiert und die Anzahl an Lücken minimiert. Der BLAST-Algorithmus (Altschul et al. (1990) J Mol Biol 215: 403–10) berechnet die prozentuale Sequenzidentität und führt eine statistische Analyse der Ähnlichkeit zwischen den zwei Sequenzen durch. Die Software zum Ausführen der BLAST-Analyse ist über das National Centre for Biotechnology Information (NCBI) öffentlich verfügbar. Homologe können leicht identifiziert werden, indem zum Beispiel der ClustalW-Multiple-Sequenz-Alignment-Algorithmus (Version 1.83) mit den vorgegebenen paarweisen Alignment-Parametern und einer Bewertungsmethode in Prozent angewandt wird. Die globalen Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität können auch unter Anwendung eines der Verfahren ermittelt werden, die im MatGAT-Software-Paket (Campanella et al., BMC Bioinformatics. 2003 Jul 10; 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using Protein or DNA sequences) verfügbar sind. Zur Optimierung des Alignments zwischen konservierten Motiven kann eine geringfügige Editierung von Hand ausgeführt werden, wie es dem Fachmann auf dem Gebiet offensichtlich sein wird. Darüber hinaus können, anstatt der Verwendung von Vollängensequenzen zur Identifizierung von Homologen, auch spezifische Domänen verwendet werden. Die Sequenzidentitätswerte können über die gesamte Nukleinsäure- oder Aminosäuresequenz oder über ausgewählte Domänen oder konservierte(s) Motiv(e) hinweg bestimmt werden, wobei die oben erwähnten Programme unter Anwendung der Standardparameter verwendet werden. Für lokale Alignments ist der Smith-Waterman-Algorithmus besonders nützlich (Smith TF, Waterman MS (1981) J. Mol. Biol 147(1); 195–7).

Reciprocal BLAST

[0065] In der Regel beinhaltet dies einen ersten BLAST, der das BLASTen einer Suchsequenz (zum Beispiel unter Verwendung einer beliebigen der in Tabelle A des Beispiels aufgeführten Sequenzen) gegen eine beliebige Sequenzdatenbank, wie der öffentlich verfügbaren NCBI-Datenbank, mit sich bringt. Man benutzt im Allgemeinen BLASTN oder TBLASTX (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Nukleotidsequenz aus begonnen wird, und BLASTP oder TBLASTN (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Proteinsequenz aus begonnen wird. Die BLAST-Ergebnisse können gegebenenfalls gefiltert werden. Die Vollängensequenzen entweder der gefilterten Ergebnisse oder der nicht-gefilterten Ergebnisse werden dann (zweiter BLAST) gegen Sequenzen aus dem Organismus, aus dem die Suchsequenz abgeleitet ist, zurück geBLASTet. Die Ergebnisse der ersten und zweiten BLASTs werden dann verglichen. Ein Paralog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftter Übereinstimmungstreffer aus dem ersten Blast von derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, wobei ein zurückgerichteter BLAST danach idealerweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Übereinstimmungstreffern zählt; ein Ortholog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftter Treffer im ersten BLAST nicht aus derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, und bei zurückgerichtetem BLAST vorzugsweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Treffern zählt.

[0066] Hoch eingestufte Übereinstimmungstreffer sind diejenigen mit einem niedrigen E-Wert. Je niedriger der E-Wert, umso signifikanter die Wertung (oder in anderen Worten, umso niedriger die Wahrscheinlichkeit, dass der Treffer durch Zufall gefunden wurde). Wie man den E-Wert berechnet, ist im Stand der Technik bekannt. Zusätzlich zu E-Werten werden Vergleiche auch durch den Prozentsatz der Identität bewertet. Der Prozentsatz der Identität bezieht sich auf die Zahl an identischen Nukleotiden (oder Aminosäuren) zwischen den zwei verglichenen Nukleinsäuresequenzen (oder Polypeptidsequenzen) über eine bestimmte Länge hinweg. Im Fall von großen Familien kann ClustalW eingesetzt werden, gefolgt von einem Nachbarkopplungs- bzw. "Neighbour-joining"-Baum, um bei der Visualisierung der Einordnung bzw. Clusterung verwandter Gene zu helfen und Orthologe und Paraloge zu identifizieren.

Hybridisierung

[0067] Der Begriff "Hybridisierung", wie hierin definiert, ist ein Verfahren, in dem im Wesentlichen homologe komplementäre Nukleotidsequenzen sich aneinander anlagern. Das Hybridisierungsverfahren kann vollständig in Lösung stattfinden, d. h. beide komplementären Nukleinsäuren liegen in Lösung vor. Das Hybridisierungsverfahren kann ebenfalls stattfinden, wenn eine der komplementären Nukleinsäuren an eine Matrix, wie magnetische Kügelchen, Sepharose-Kügelchen oder ein beliebiges anderes Harz, immobilisiert ist. Das Hybridisierungsverfahren kann ferner stattfinden, wenn eine der komplementären Nukleinsäuren an einem festen Träger immobilisiert ist, wie etwa einer Nitrozellulose- oder Nylonmembran, oder z. B. durch Photolithographie beispielsweise an einem silikatischen Glasträger immobilisiert ist (wobei man letzteres als Nukleinsäure-

Arrays oder Mikroarrays oder als Nukleinsäure-Chips kennt). Um zu ermöglichen, dass eine Hybridisierung stattfindet, werden die Nukleinsäuremoleküle im Allgemeinen thermisch oder chemisch denaturiert, um einen Doppelstrang in zwei Einzelstränge aufzuschmelzen und/oder Haarnadeln oder andere Sekundärstrukturen aus einzelsträngigen Nukleinsäuren zu entfernen.

[0068] Der Begriff "Stringenz" bezieht sich auf die Bedingungen, unter denen eine Hybridisierung stattfindet. Die Stringenz einer Hybridisierung wird von Bedingungen, wie der Temperatur, Salzkonzentration, Ionenstärke und der Hybridisierungspuffer-Zusammensetzung, beeinflusst. Im Allgemeinen werden Niederstringenzbedingungen so gewählt, dass sie um etwa 30°C niedriger als der thermische Schmelzpunkt (T_m) für die spezifische Sequenz bei einer definierten Ionenstärke und einem definierten pH-Wert sind. Mittlere Stringenzbedingungen liegen vor, wenn die Temperatur 20°C unterhalb von T_m liegt, und Hochstringenzbedingungen liegen vor, wenn die Temperatur 10°C unterhalb von T_m liegt. Hochstringenz-Hybridisierungsbedingungen werden in der Regel zum Isolieren von hybridisierenden Sequenzen angewandt, die eine hohe Sequenzähnlichkeit zur Ziel-Nukleinsäuresequenz aufweisen. Allerdings können Nukleinsäuren hinsichtlich der Sequenz abweichen und aufgrund der Degeneriertheit des genetischen Codes immer noch ein im Wesentlichen identisches Polypeptid codieren. Deshalb können manchmal mittelstringente Hybridisierungsbedingungen erforderlich sein, um derartige Nukleinsäuremoleküle zu identifizieren.

[0069] Der T_m ist die Temperatur bei definierter Ionenstärke und pH, bei welcher 50% der Zielsequenz an eine perfekt passende Sonde hybridisieren. Der T_m ist von den Lösungsbedingungen und der Basenzusammensetzung sowie der Länge der Sonde abhängig. Zum Beispiel hybridisieren längere Sequenzen spezifisch bei höheren Temperaturen. Die maximale Rate der Hybridisierung wird bei etwa 16°C bis 32°C unter dem T_m erhalten. Des Vorhandensein von einwertigen Kationen in der Hybridisierungslösung verringert die elektrostatische Abstoßung zwischen den zwei Nukleinsäure-Strängen, wodurch die Hybridbildung gefördert wird; dieser Effekt ist für Natriumkonzentrationen von bis zu 0,4 M sichtbar (für höhere Konzentrationen kann dieser Effekt vernachlässigt werden). Formamid senkt die Schmelztemperatur von DNA-DNA- und DNA-RNA-Doppelsträngen um 0,6 bis 0,7°C für jedes Prozent an Formamid, und die Zugabe von 50% Formamid gestattet, dass die Hybridisierung bei 30 bis 45°C durchgeführt werden kann, obwohl die Rate der Hybridisierung vermindert wird. Basenpaar-Fehlpaarungen verringern die Hybridisierungsrate und die thermische Stabilität der Duplices. Im Durchschnitt, und für große Sonden, sinkt der T_m um etwa 1°C je Prozent an Basenfehlpaarung. Der T_m kann mit Hilfe der folgenden Gleichungen, abhängig von den Typen der Hybride, berechnet werden:

1) DNA-DNA-Hybride (Meinkoth und Wahl, Anal. Biochem., 138: 267–284, 1984):

$$T_m = 81,5^\circ\text{C} + 16,6 \times \log_{10}[\text{Na}^+]^a + 0,41 \times \%[\text{G/C}^b] - 500 \times [\text{L}^c]^{-1} - 0,61 \times \% \text{ Formamid}$$

2) DNA-RNA- oder RNA-RNA-Hybride:

$$T_m = 79,8 + 18,5(\log_{10}[\text{Na}^+]^a) + 0,58(\% \text{G/C}^b) + 11,8(\% \text{G/C}^b)^2 - 820/\text{L}^c$$

3) Oligo-DNA- oder Oligo-RNA^d-Hybride:

$$\text{Für } <20 \text{ Nukleotide: } T_m = 2(I_n)$$

$$\text{Für } 20\text{--}35 \text{ Nukleotide: } T_m = 22 + 1,46(I_n)$$

^a oder für ein sonstiges einwertiges Kation, aber nur exakt im Bereich von 0,01–0,4 M.

^b nur exakt für %GC im Bereich von 30% bis 75%.

^cL = Länge des Duplex in Basenpaaren.

^d Oligo, Oligonukleotid; I_n = effektive Länge des Primers = $2 \times (\text{Anz. v. G/C}) + (\text{Anz. v. A/T})$.

[0070] Nicht-spezifische Bindung kann unter Anwendung einer von vielen bekannten Techniken reguliert werden, wie zum Beispiel Blockieren der Membran mit proteinhaltigen Lösungen, Zusetzungen von heterologer RNA, DNA und SOS zum Hybridisierungspuffer und Behandlung mit Rnase. Für nicht-homologe Sonden kann eine Serie von Hybridisierungen durchgeführt werden mittels Variieren von (i) progressivem Senken der Annealing-Temperatur (zum Beispiel von 68°C auf 42°C) und/oder (ii) progressivem Senken der Formamidkonzentration (zum Beispiel von 50% auf 0%). Der Fachmann auf dem Gebiet kennt verschiedene Parameter, welche während einer Hybridisierung verändert werden können und welche die Stringenzbedingungen entweder aufrechterhalten oder verändern.

[0071] Neben den Hybridisierungsbedingungen hängt die Spezifität der Hybridisierung in der Regel auch von der Funktion von Nach-Hybridisierungs-Waschschritten ab. Um den aus nicht-spezifischer Hybridisierung resultierenden Hintergrund zu entfernen, werden Proben mit verdünnten Salzlösungen gewaschen. Zu den kritischen Faktoren bei derartigen Waschschritten zählen die Ionenstärke und Temperatur der letztendlichen Waschlösung: je niedriger die Salzkonzentration und je höher die Waschttemperatur, umso höher ist die Strin-

genz des Waschschriffs. Die Waschbedingungen werden typischerweise bei oder unter der Hybridisierungsstringenz durchgeführt. Eine positive Hybridisierung ergibt ein Signal, welches mindestens das Zweifache von demjenigen des Hintergrundes ist. Im Allgemeinen sind geeignete Stringenzbedingungen für Nukleinsäure-Hybridisierungsassays oder Genamplifikations-Nachweisverfahren wie oben angegeben beschaffen. Auch können mehr oder weniger stringente Bedingungen gewählt werden. Der Fachmann auf dem Gebiet kennt verschiedene Parameter, welche während des Waschens abgeändert werden können und welche die Stringenzbedingungen entweder aufrechterhalten oder verändern.

[0072] Zum Beispiel umfassen typische Hochstringenz-Hybridisierungsbedingungen für DNA-Hybride, die länger als 50 Nukleotide sind, die Hybridisierung bei 65°C in 1 × SSC oder bei 42°C in 1 × SSC und 50% Formamid, gefolgt von Waschen bei 65°C in 0,3 × SSC. Beispiele für Mittelstringenz-Hybridisierungsbedingungen für DNA-Hybride, die länger als 50 Nukleotide sind, umfassen Hybridisierung bei 50°C in 4 × SSC oder bei 40°C in 6 × SSC und 50% Formamid, gefolgt von Waschen bei 50°C in 2 × SSC. Die Länge des Hybrids ist die vorhergesehene Länge für die hybridisierende Nukleinsäure. Wenn Nukleinsäuren von bekannter Sequenz hybridisiert werden, kann die Hybridlänge bestimmt werden durch Alignieren der Sequenzen und Identifizieren der hierin beschriebenen konservierten Regionen. 1 × SSC steht für 0,15 M NaCl und 15 mM Natriumcitrat; die Hybridisierungslösung und Waschlösungen können zusätzlich 5 × Denhardt-Reagens, 0,5–1,0% SDS, 100 µg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA, 0,5% Natriumpyrophosphat, enthalten.

[0073] Für die Zwecke des Definierens der Höhe der Stringenz kann auf Sambrook et al. (2001) *Molecular Cloning: a laboratory manual*, 3. Ausgabe, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York oder auf *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, N. Y. (1989 und jährliche Aktualisierungen) Bezug genommen werden.

Spleißvariante

[0074] Der Begriff "Spleißvariante", wie hierin verwendet, umfasst Varianten einer Nukleinsäuresequenz, in welchen ausgewählte Introns und/oder Exons herausgeschnitten, ersetzt, verschoben oder hinzugefügt worden sind, oder in welchen Introns verkürzt oder verlängert worden sind. Derartige Varianten werden solche sein, in denen die biologische Aktivität des Proteins im Wesentlichen erhalten bleibt; dies kann durch selektives Beibehalten von funktionellen Segmenten des Proteins bewirkt werden. Derartige Spleißvarianten können in der Natur vorgefunden oder vom Menschen erzeugt sein. Verfahren zum Vorhersagen und Isolieren derartiger Spleißvarianten sind auf dem Fachgebiet allgemein bekannt (siehe zum Beispiel Foissac und Schiex (2005) *BMC Bioinformatics* 6: 25).

Allelische Variante

[0075] Allele oder Allelvarianten sind alternative Formen eines gegebenen Gens, welche an der gleichen chromosomalen Position lokalisiert sind. Allelische Varianten umfassen Single-Nukleotid-Polymorphismen (SNPs), sowie "kleine Insertions/Deletions-Polymorphismen" (INDELs). Die Größe von INDELs beträgt in der Regel weniger als 100 bp. SNPs und INDELs bilden die größte Gruppe von Sequenzvarianten in natürlich vorkommenden polymorphen Stämmen der meisten Organismen.

Endogenes Gen

[0076] Die Bezugnahme hierin auf ein "endogenes" Gen bezieht sich nicht nur auf das fragliche Gen, wie es in einer Pflanze in seiner natürlichen Form (d. h. ohne dass irgendein menschlicher Eingriff stattgefunden hat) vorgefunden wird, sondern bezieht sich außerdem auf das gleiche Gen (oder ein(e) im Wesentlichen homologe (s) Nukleinsäure/Gen) in einer isolierten Form, welches anschließend in eine Pflanze (wieder)eingeführt wird (ein Transgen). Zum Beispiel kann eine transgene Pflanze, die ein derartiges Transgen enthält, eine erhebliche Reduktion der Transgen-Expression und/oder eine erhebliche Reduktion der Expression des endogenen Gens erfahren. Das isolierte Gen kann aus einem Organismus isoliert werden oder vom Menschen, zum Beispiel durch chemische Synthese, erzeugt werden.

Genshuffling/gerichtete Evolution

[0077] Genshuffling oder gerichtete Evolution besteht aus Iterationen des DNA-Shuffling, gefolgt von einem geeigneten Screening und/oder Selektieren, um Varianten von Nukleinsäuren oder Abschnitten davon zu erzeugen, welche Proteine mit einer modifizierten biologischen Aktivität codieren (Castle et al., (2004) *Science* 304(5674): 1151–4; U.S.-Patente 5 811 238 und 6395547).

Konstrukt

[0078] Zusätzliche Steuerungselemente können Transkriptions- sowie Translationsverstärker einschließen. Dem Fachmann werden für eine Verwendung bei der Durchführung der Erfindung geeignete Terminator- und Verstärkersequenzen bekannt sein. Zur Erhöhung der Menge an reifer Nachricht, die sich im Zytosol anreichert, kann man in der 5'-untranslatierten Region (UTR) oder in der Codierungssequenz außerdem eine Intronsequenz einfügen, wie im Definitionsabschnitt beschrieben. Bei anderen Kontrollsequenzen (neben Promotor, Verstärker, Silencer, Intronsequenzen, 3'UTR- und/oder 5'UTR-Regionen) kann es sich um Protein- und/oder RNA-stabilisierende Elemente handeln. Solche Sequenzen sollten dem Fachmann bekannt sein oder sollten sich von diesem leicht in Erfahrung bringen lassen.

[0079] Die genetischen Konstrukte der Erfindung können ferner eine Replikationsursprung-Sequenz enthalten, welche für die Beibehaltung und/oder Replikation in einem spezifischen Zelltyp erfordert wird. Ein Beispiel besteht in dem Fall, dass ein genetisches Konstrukt in einer Bakterienzelle als ein episomales genetisches Element (z. B. Plasmid- oder Cosmid-Molekül) gehalten werden muss. Bevorzugte Replikationsursprünge schließen, ohne jedoch darauf eingeschränkt zu sein, den f1-ori und colE1 ein.

[0080] Für den Nachweis des erfolgreichen Transfers der Nukleinsäuresequenzen, wie in den Verfahren der Erfindung verwendet, und/oder die Selektion von transgenen Pflanzen, welche diese Nukleinsäuren umfassen, ist es vorteilhaft, Markergene (oder Reportergene) zu verwenden. Deshalb kann das genetische Konstrukt gegebenenfalls ein selektierbares Markergen umfassen. Selektierbare Marker sind hierin im Abschnitt "Definitionen" ausführlicher beschrieben. Die Markergene können aus der transgenen Zelle entfernt oder herausgeschnitten werden, sobald sie nicht länger benötigt werden. Techniken zur Markerentfernung sind auf dem Fachgebiet bekannt, wobei nützliche Techniken oben im Abschnitt "Definitionen" beschrieben sind.

Regulatorisches Element/Steuerungssequenz/Promotor

[0081] Die Begriffe "regulatorisches Element", "Steuerungssequenz" und "Promotor" werden hierin alle austauschbar verwendet und beziehen sich, wobei sie in einem weiten Kontext zu verstehen sind, auf regulatorische Nukleinsäuresequenzen, die zum Bewirken der Expression der Sequenzen in der Lage sind, an welche sie ligiert sind. Der Begriff "Promotor" bezieht sich typischerweise auf eine Nukleinsäure-Steuerungssequenz, welche sich stromaufwärts vom transkriptionellen Start eines Gens befindet und welche an der Erkennung und Bindung von RNA-Polymerase und anderen Proteinen beteiligt ist, wodurch die Transkription einer funktionsfähig verbundenen Nukleinsäure gesteuert wird. Bei den zuvor erwähnten Begriffen sind transkriptionelle regulatorische Sequenzen eingeschlossen, die aus einem klassischen eukaryontischen genomischen Gen abgeleitet sind (einschließend die TATA-Box, welche für eine exakte Transkriptionsinitiation erforderlich ist, mit einer CCAAT-Box-Sequenz oder ohne), sowie weitere regulatorische Elemente (d. h. "Upstream-aktivierende Sequenzen", "Enhancer" und "Silencer"), welche die Genexpression als Reaktion auf entwicklungsmäßige und/oder externe Stimuli oder in einer gewebespezifischen Weise verändern. Ebenfalls innerhalb des Begriffs eingeschlossen ist eine transkriptionelle regulatorische Sequenz eines klassischen prokaryontischen Gens, wobei er in diesem Fall eine -35-Box-Sequenz und/oder transkriptionsregulierende -10-Box-Sequenzen einschließen kann. Der Begriff "regulatorisches Element" beinhaltet außerdem ein synthetisches Fusionsmolekül oder Derivat, welches die Expression eines Nukleinsäuremoleküls in einer Zelle, einem Gewebe oder einem Organ herbeiführt, aktiviert oder steigert.

[0082] Ein "Pflanzenpromotor" umfasst regulatorische Elemente, welche die Expression eines codierenden Sequenzsegments in Pflanzenzellen vermitteln. Folglich muss ein Pflanzenpromotor nicht von pflanzlichem Ursprung sein, sondern kann aus Viren oder Mikroorganismen stammen, beispielsweise aus Viren, welche Pflanzenzellen angreifen. Der "Pflanzenpromotor" kann auch aus einer Pflanzenzelle stammen, z. B. aus der Pflanze, welche mit der Nukleinsäuresequenz transformiert wird, die im erfindungsgemäßen Verfahren expriert werden soll und hierin beschrieben ist. Dies gilt auch für andere regulatorische "Pflanzen"-Signale, wie etwa "pflanzliche" Terminatoren. Die Promotoren stromaufwärts der Nukleotidsequenzen, welche in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützlich sind, können durch eine oder mehrere Nukleotidsubstitution(en), -insertion(en) und/oder -deletion(en) modifiziert sein, ohne die Funktionalität oder Aktivität von entweder den Promotoren, dem offenen Leserahmen (ORF) oder der 3'-regulatorischen Region, wie Terminatoren oder sonstigen 3'-regulatorischen Regionen, welche sich entfernt vom ORF befinden, zu stören. Es ist ferner möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht wird, oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren, sogar Promotoren aus heterologen Organismen, ersetzt werden. Für die Expression in Pflanzen muss das Nukleinsäuremolekül, wie oben beschrieben, funktionsfähig mit einem geeigneten Promo-

tor verbunden sein oder diesen umfassen, welcher das Gen zum richtigen Zeitpunkt und beim erforderlichen räumlichen Expressionsmuster exprimiert.

[0083] Für die Identifizierung von funktionell äquivalenten Promotoren können die Promotorstärke und/oder das Expressionsmuster eines Kandidaten-Promotors analysiert werden, zum Beispiel durch funktionsfähiges Verknüpfen des Promotors mit einem Reportergen und Testen des Expressionsspiegels und -musters des Reportergens in verschiedenen Geweben der Pflanze. Zu geeigneten, allgemein bekannten Reportergenen zählen zum Beispiel Beta-Glucuronidase oder Beta-Galactosidase. Die Promotoraktivität wird durch Messen der enzymatischen Aktivität der Beta-Glucuronidase oder Beta-Galactosidase getestet. Die Promotorstärke und/oder das Expressionsmuster können dann mit denjenigen eines Referenzpromotors verglichen werden (wie etwa jenem, der in den Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendet wird). Alternativ kann die Promotorstärke durch Quantifizieren von mRNA-Spiegeln oder durch Vergleich von mRNA-Spiegeln der in den Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäure mit mRNA-Spiegeln von Haushaltsgenen, wie etwa 18S-rRNA, untersucht werden, wobei im Fachgebiet bekannte Verfahren, wie Northern-Blotting mit densitometrischer Analyse von Autoradiogrammen, quantitative Echtzeit-PCR oder RT-PCR (Heid et al., 1996 Genome Methods 6: 986–994) zur Anwendung kommen. Mit "schwacher Promotor" wird im Allgemeinen ein Promotor bezeichnet, der die Expression einer codierenden Sequenz auf einem geringen Spiegel antreibt. Mit "geringer Spiegel" sind Spiegel von etwa 1/10000 Transkripten bis etwa 1/100000 Transkripten, bis etwa 1/500000 Transkripten pro Zelle gemeint. Demgegenüber treibt ein "starker Promotor" die Expression einer codierenden Sequenz bei einem hohen Niveau oder bei etwa 1/10 Transkripten bis etwa 1/100 Transkripten bis etwa 1/1000 Transkripten pro Zelle an. Mit "mittelstarker Promotor" ist im Allgemeinen ein Promotor gemeint, der die Expression einer codierenden Sequenz bei einem niedrigeren Spiegel als ein starker Promotor antreibt, insbesondere bei einem Spiegel, welcher in allen Fällen unterhalb von demjenigen liegt, der unter der Steuerung eines 35S-CaMV-Promotors erhalten wird.

Funktionsfähig verbunden

[0084] Der Begriff "funktionsfähig verbunden", wie hierin verwendet, bezieht sich auf eine funktionale Verknüpfung zwischen der Promotorsequenz und dem Gen von Interesse, so dass die Promotorsequenz in der Lage ist, die Transkription des Gens von Interesse zu initiieren.

Konstitutiver Promotor

[0085] Ein "konstitutiver Promotor" bezieht sich auf einen Promotor, der während den meisten, aber nicht notwendigerweise allen, Phasen des Wachstums und der Entwicklung, sowie unter den meisten Umweltbedingungen, in mindestens einer/einer Zelle, Gewebe oder Organ transkriptionell aktiv ist. Die nachstehende Tabelle 2a gibt Beispiele für konstitutive Promotoren an.

Tabelle 2a: Beispiele für konstitutive Promotoren

Genquelle	Literaturstelle
Actin	McElroy et al., Plant Cell, 2: 163–171, 1990
HMGP	WO 2004/070039
CAMV 35S	Odell et al., Nature, 313: 810–812, 1985
CaMV 19S	Nilsson et al., Physiol. Plant. 100: 456–462, 1997
GOS2	de Pater et al., Plant J. Nov.; 2(6): 837–44, 1992, WO 2004/065596
Ubiquitin	Christensen et al., Plant Mol. Biol. 18: 675–689, 1992
Reis-Cyclophilin	Buchholz et al., Plant Mol. Biol. 25(5): 837–43, 1994
Mais-H3-Histon	Lepetit et al., Mol. Gen. Genet. 231: 276–285, 1992
Alfalfa-H3-Histon	Wu et al. Plant Mol. Biol. 11: 641–649, 1988
Actin 2	An et al., Plant J. 10(1); 107–121, 1996
34S FMV	Sanger et al., Plant Mol. Biol., 14, 1990: 433–443
kleine Rubisco-Untereinheit	US 4,962,028

OCS	Leisner (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85(5): 2553
SAD1	Jain et al., Crop Science, 39(6), 1999: 1696
SAD2	Jain et al., Crop Science, 39(6), 1999: 1696
nos	Shaw et al. (1984) Nucleic Acids Res. 12(20): 7831–7846
V-ATPase	WO 01/14572
Super-Promotor	WO 95/14098
G-Box-Proteine	WO 94/12015

Ubiquitärer Promotor

[0086] Ein ubiquitärer Promotor ist in im Wesentlichen allen Geweben oder Zellen eines Organismus aktiv.

Entwicklungsmäßig regulierter Promotor

[0087] Ein entwicklungsmäßig regulierter Promotor ist während bestimmter Entwicklungsstadien oder in Teilen der Pflanze, die entwicklungsbedingten Änderungen unterliegen, aktiv.

Induzierbarer Promotor

[0088] Ein induzierbarer Promoter zeigt induzierte oder erhöhte Transkriptionsinitiation als Reaktion auf eine Chemikalie (ein Übersichtsartikel findet sich bei Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48: 89–108), einen umweltmäßigen oder physikalischen Stimulus, oder kann "stressinduzierbar" sein, d. h. aktiviert werden, wenn eine Pflanze verschiedenen Stressbedingungen ausgesetzt wird, oder "pathogeninduzierbar" sein, d. h. aktiviert werden, wenn eine Pflanze der Exposition an verschiedene Pathogene ausgesetzt wird.

Organspezifischer/gewebespezifischer Promotor

[0089] Ein organspezifischer oder gewebespezifischer Promotor ist ein solcher, der fähig ist, die Transkription in bestimmten Organen oder Geweben präferentiell zu initiieren, wie etwa Blättern, Wurzeln, Samengewebe etc. Zum Beispiel ist ein "wurzelspezifischer Promotor" ein Promotor, der vorwiegend in Pflanzenwurzeln transkriptionell aktiv ist, im Wesentlichen unter Ausschluss beliebiger sonstiger Teile einer Pflanze, obgleich noch eine beliebige Leckexpression in diesen sonstigen Pflanzenteilen zugelassen wird.

[0090] Promotoren, die zum Initiieren der Transkription nur in bestimmten Zellen fähig sind, werden hierin als "zellspezifisch" bezeichnet.

[0091] Beispiele für wurzelspezifische Promotoren sind in der nachstehenden Tabelle 2b aufgeführt:

Tabelle 2b: Beispiele für wurzelspezifische Promotoren

Genquelle	Literaturstelle
RCc3	Plant Mol Biol. 1995 Jan; 27(2): 237–48
Arabidopsis PHT1	Kovama et al., 2005; Mudge et al. (2002, Plant J. 31: 341)
Medicago-Phosphat-Transporter	Xiao et al., 2006
Arabidopsis Pyk10	Nitz et al. (2001) Plant Sci. 161(2): 337–346
wurzelexprimierbare Gene	Tingey et al., EMBO J. 6: 1, 1987.
Tabakauxin-induzierbares Gen	Van der Zaal et al., Plant Mol. Biol. 16, 983, 1991.
β-Tubulin	Oppenheimer et al., Gene 63: 87, 1988.
tabakwurzelspezifische Gene	Conkling et al., Plant Physiol. 93: 1203, 1990.
B. napus G1-3b-Gen	US-Patent Nr. 5 401 836
SbPRP1	Suzuki et al., Plant Mol. Biol. 21: 109–119, 1993.
LRX1	Baumberger et al. 2001, Genes & Dev. 15: 1128

BTG-26 Brassica napus	US 20050044585
LeAMT1 (Tomate)	Lauter et al. (1996, PNAS 3: 8139)
LeNRT1-1 (Tomate)	Lauter et al. (1996, PNAS 3: 8139)
Klasse I Patatin-Gen (Kartoffel)	Liu et al., Plant Mol. Biol. 153: 386–395, 1991.
KDC1 (Daucus carota)	Downey et al. (2000, J. Biol. Chem. 275: 39420)
TobRB7-Gen	W Song (1997) Doktorarbeit, North Carolina State University, Raleigh, NC USA
OsRAB5a (Reis)	Wang et al. 2002, Plant Sci. 163: 273
ALF5 (Arabidopsis)	Diener et al. (2001, Plant Cell 13: 1625)
NRT2;1Np (N. plumbaginifolia)	Quesada et al. (1997, Plant Mol. Biol. 34: 265)

[0092] Ein samenspezifischer Promotor ist hauptsächlich in Samengewebe transkriptioneill aktiv, jedoch nicht notwendigerweise ausschließlich in Samengewebe (in Fällen von Leckexpression). Der samenspezifische Promotor kann während der Samenentwicklung und/oder während der Keimung aktiv sein: Der samenspezifische Promotor. kann Endosperm/Aleuron/Embryo-spezifisch sein. Beispiele samenspezifischer Promotoren (Endosperm/Aleuron/Embryo-spezifisch) sind in Tabelle 2c bis Tabelle 2f nachstehend gezeigt. Weitere Beispiele samenspezifischer Promotoren sind in Qing Qu und Takaiwa (Plant Biotechnol. J. 2, 113–125, 2004) beschrieben, deren Offenbarung hierin durch den Bezug darauf einbezogen sind, als ob sie vollständig dargestellt wäre.

Tabelle 2c: Beispiele für samenspezifische Promotoren

Genquelle	Literaturstelle
samenspezifische Gene	Simon et al., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985;
	Scofield et al., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987.;
	Baszczyński et al., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990.
Paranuss-Albumin	Pearson et al., Plant Mol. Biol. 18: 235–245, 1992.
Legumin	Ellis et al., Plant Mol. Biol. 10: 203–214, 1988.
Glutelin (Reis)	Takaiwa et al., Mol. Gen. Genet. 208: 15–22, 1986;
	Takaiwa et al., FEBS Letts. 221: 43–47, 1987.
Zein	Matzke et al., Plant Mol. Biol., 14(3): 323–32 1990
napA	Stalberg et al., Planta 199: 515–519, 1996.
Weizen LMW- und HMW-Glutenin-1	Mol. Gen. Genet. 216: 81–90, 1989; NAR 17: 461–2, 1989
Weizen SPA	Albani et al., Plant Cell, 9: 171–184, 1997
Weizen, α , β , γ -Gliadine	EMBO J. 3: 1409–15, 1984
Gerste Itr1-Promotor	Diaz et al. (1995) Mol. Gen. Genet. 248(5): 592–8
Gerste B1, C, D, Hordein	Theor, Appl. Gen. 98: 1253–62, 1999; Plant J. 4: 343–55, 1993; Mol. Gen. Genet. 250: 750–60, 1996
Gerste DOF	Mena et al., The Plant Journal, 116(1): 53–62, 1998
blz2	EP 99106056.7
synthetischer Promotor	Vicente-Carbajosa et al., Plant J. 13: 629–640, 1998.
Reis Prolamin NRP33	Wu et al., Plant Cell Physiology 39(8) 885–889, 1998
Reis a-Globulin Glb-1	Wu et al., Plant Cell Physiology 39(8) 885–889, 1998
Reis-OSH1	Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117–8122, 1996
Reis o-Globulin REB/OHP-1	Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513–522, 1997
Reis ADP-Glucose-Pyrophosphorylase	Trans. Res. 6: 157–68, 1997
Mais ESR-Genfamilie	Plant J. 12: 235–46, 1997

Sorghum α -Kafirin	DeRose et al., Plant Mol. Biol 32: 1029–35, 1996
KNOX	Postma-Haarsma et al., Plant Mol. Biol. 39: 257–71, 1999
Reis-Oleosin	Wu et al, J. Biochem. 123: 386, 1998
Sonnenblumen-Oleosin	Cummins et al., Plant Mol. Biol. 19: 873–876, 1992
PRO0117, putatives Reis 40S-ribosomales Protein	WO 2004/070039
PRO0136, Reis Alanin-Aminotransferase	unveröffentlicht
PRO0147, Trypsininhibitor ITR1 (Gerste)	unveröffentlicht
PRO0151, Reis WSI18	WO 2004/070039
PRO0175, Reis RAB21	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039
α -Amylase (Amy32b)	Lanahan et al., Plant Cell 4: 203–211, 1992; Skriver et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88: 7266–7270, 1991
Cathepsin β -like Gen	Cejudo et al., Plant Mol. Biol. 20: 849–856, 1992
Gerste-Ltp2	Kalla et al., Plant J. 6: 849–60, 1994
Chi26	Leah et al., Plant J. 4: 579–89, 1994
Mais B-Peru	Selinger et al., Genetics 149; 1125–38, 1998

Tabelle 2d: Beispiele für endospermspezifische Promotoren

Genquelle	Literaturstelle
Glutelin (Reis)	Takaiwa et al., Mol. (1986) Mol. Gen. Genet. 208: 15–22 Takaiwa et al. (1987) FEBS Letts. 221: 43–47
Zein	Matzke et al., (1990) Plant Mol. Biol. 14(3): 323–32
Weizen LMW- und HMW-Glutenin-1	Colot et al. (1989) Mol. Gen. Genet. 216: 81–90 Anderson et al. (1989) NAR 17: 461–2
Weizen SPA	Albani et al. (1997) Plant Cell 9: 171–184
Weizen Gliadine	Rafalski et al. (1984) EMBO 3: 1409–15
Gerste Itr1-Promoter	Diaz et al. (1995) Mol. Gen. Genet. 248(5): 592–8
Gerste B1, C, D, Hordein	Cho et al. (1999) Theor. Appl. Genet. 98: 1253–62; Muller et al. (1993) Plant Cell 4: 343–55 Sorenson et al. (1996) Mol. Gen. Genet. 250: 750–60
Gerste DOF	Mena et al., (1998) Plant J. 116(1): 53–62
blz2	Onate et al. (1999) J. Biol. Chem. 274(14): 9175–82
synthetischer Promotor	Vicente-Carbajosa et al. (1998) Plant J. 13: 629–640
Reis Prolamin NRP33	Wu et al., (1998) Plant Cell Physiol. 39(8): 885–889
Reis Globulin Glb-1	Wu et al. (1998) Plant Cell Physiol. 39(8): 885–889
Reis Globulin REB/OHP-1	Nakase et al. (1997) Plant Mol. Bio. 33: 513–522
Reis ADP-Glucose-Pyrophosphorylase	Russell et al. (1997) Trans. Res. 6: 157–68
Mais ESR-Genfamilie	Opsahl-Ferstad et al. (1997) Plant J. 12: 235–46
Sorghum Kafirin	DeRose et al. (1996) Plant Mol. Biol. 32: 1029–35

Tabelle 2e: Beispiele für embryospezifische Promotoren:

Genquelle	Literaturstelle
Reis-OSH1	Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117–8122, 1996
KNOX	Postma-Haarsma et al., Plant Mol. Biol. 39: 257–71, 1999
PRO0151	WO 2004/070039
PRO0175	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039

Tabelle 2f: Beispiele für aleuronspezifische Promotoren:

Genquelle	Literaturstelle
α -Amylase (Amy32b)	Lanahan et al., Plant Cell 4: 203–211, 1992; Skriver et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88: 7266–7270, 1991
Cathepsin β -like-Gen	Cejudo et al., Plant Mol. Biol. 20: 849–856, 1992
Gerste-Ltp2	Kalla et al., Plant J. 6: 849–60, 1994
Chi26	Leah et al., Plant J. 4: 579-89, 1994
Mais B-Peru	Selinger et al., Genetics 149; 1125–38, 1998

[0093] Ein für grünes Gewebe spezifischer Promotor, wie hierin definiert, ist ein Promotor, der vorwiegend in grünem Gewebe transkriptionell aktiv ist, im Wesentlichen unter Ausschluss beliebiger sonstiger Teile einer Pflanze, obgleich noch eine beliebige Leckexpression in diesen sonstigen Pflanzenteilen zugelassen wird.

[0094] Beispiele von für grünes Gewebe spezifischen Promotoren, welche zur Ausführung der Verfahren der Erfindung verwendet werden können, sind in der nachstehenden Tabelle 2g gezeigt.

Tabelle 2g: Beispiele für für grünes Gewebe spezifische Promotoren

Gen	Expression	Literaturstelle
Mais, Orthophosphat-Dikinase	blattspezifisch	Fukavama et al., 2001
Mais, Phosphoenolpyruvat-Carboxylase	blattspezifisch	Kausch et al., 2001
Reis, Phosphoenolpyruvat-Carboxylase	blattspezifisch	Liu et al., 2003
Reis, kleine Rubisco-Untereinheit	blattspezifisch	Nomura et al., 2000
Reis, beta-Expansin EXBP9	sprossspezifisch	WO 2004/070039
Straucherbse, kleine Rubisco-Untereinheit	blattspezifisch	Panguluri et al., 2005
Erbse RBCS3A	blattspezifisch	

[0095] Ein weiteres Beispiel eines gewebespezifischen Promotors ist ein meristemspezifischer Promotor, der vorwiegend in meristematischem Gewebe transkriptionell aktiv ist, im Wesentlichen unter Ausschluss beliebiger sonstiger Teile einer Pflanze, obgleich noch eine gewisse Leckexpression in diesen sonstigen Pflanzenteilen zugelassen wird.

[0096] Beispiele von für grünes Meristem spezifischen Promotoren, welche zur Ausführung der Verfahren der Erfindung verwendet werden können, sind in der nachstehenden Tabelle 2h gezeigt.

Tabelle 2h: Beispiele von meristemspezifischen Promotoren

Genquelle	Expressionsmuster	Literaturstelle
Reis-OSH1	Spross-Apikalmeristem, vom globulären Embryostadium bis zum Setzlingsstadium	Sato et al. (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117–8122
Reis-Metallothionein	meristemspezifisch	BAD87835.1
WAK1 & WAK 2	Spross- und Wurzel-Apikalmeristeme, und in expandierenden Blättern und Kelchblättern	Wagner & Kohorn (2001) Plant Cell 13(2): 303318

Terminator

[0097] Der Begriff "Terminator" beinhaltet eine Steuerungssequenz, welche eine DNA-Sequenz am Ende einer Transkriptionseinheit ist, welche die 3'-Prozessierung und Polyadenylierung eines Primärtranskripts und die Termination der Transkription signalisiert. Der Terminator kann aus dem natürlichen Gen, aus einer Vielzahl anderer Pflanzengene oder aus T-DNA abgeleitet sein. Der hinzuzufügende Terminator kann zum Beispiel aus den Nopalinsynthase- oder Octopinsynthase-Genen oder alternativ aus einem anderen Pflanzengen oder, weniger bevorzugt, aus einem beliebigen anderen eukaryontischen Gen abgeleitet sein.

Selektierbares Marker(gen)/Reporter-gen

[0098] Unter "selektierbarer Marker", "selektierbares Markergen" oder "Reporter-gen" ist ein beliebiges Gen eingeschlossen, welches einen Phänotyp an eine Zelle vermittelt, in der es exprimiert wird, so dass die Identifizierung und/oder Selektion von Zellen erleichtert wird, die mit einem Nukleinsäurekonstrukt der Erfindung transfiziert oder transformiert sind. Diese Markergene ermöglichen die Identifizierung eines erfolgreichen Transfers der Nukleinsäuremoleküle durch eine Reihe unterschiedlicher Prinzipien. Geeignete Marker können aus Markern ausgewählt werden, welche Antibiotikum- oder Herbizid-Resistenz vermitteln, welche eine neue metabolische Eigenschaft einbringen oder welche eine visuelle Selektion zulassen. Zu Beispielen von selektierbaren Markergenen zählen Gene, die Resistenz gegen Antibiotika (wie etwa nptII, das Neomycin und Kanamycin phosphoryliert, oder hpt, das Hygromycin phosphoryliert, oder Gene, welche Resistenz zum Beispiel gegen Bleomycin, Streptomycin, Tetracyclin, Chloramphenicol, Ampicillin, Gentamycin, Geneticin (G418), Spectinomycin oder Blasticidin vermitteln) sowie gegen Herbizide vermitteln (zum Beispiel bar, das Resistenz gegen Basta® vermittelt; aroA oder gox, welche Resistenz gegen Glyphosat vermitteln, oder die Gene, welche zum Beispiel Resistenz gegen Imidazolinon, Phosphinothricin oder Sulfonylharnstoff vermitteln), oder Gene, die ein metabolisches Merkmal bereitstellen (wie etwa manA, das Pflanzen gestattet, Mannose als einzige Kohlenstoffquelle zu verwenden, oder Xylose-Isomerase für die Verwertung von Xylose, oder antinutritive Marker, wie die Resistenz gegen 2-Desoxyglucose). Die Expression von visuellen Markergenen führt zur Erzeugung von Farbe (zum Beispiel β -Glucuronidase, GUS oder β -Galactosidase mit seinen gefärbten Substraten, beispielsweise X-Gal), Lumineszenz (wie etwa das Luciferin/Luciferase-System) oder Fluoreszenz (grünfluoreszierendes Protein, GFP, und Derivate davon). Diese Liste repräsentiert nur eine kleine Anzahl von möglichen Markern. Der Fachmann auf dem Gebiet ist mit derartigen Markern vertraut. Es werden, abhängig von dem Organismus und dem Selektionsverfahren, unterschiedliche Marker bevorzugt.

[0099] Es ist bekannt, dass bei einer stabilen oder transienten Integration von Nukleinsäuren in Pflanzenzellen nur eine Minderheit der Zellen die Fremd-DNA aufnimmt und, falls gewünscht, diese in ihr Genom integriert, was vom verwendeten Expressionsvektor und der angewandten Transfektionstechnik abhängig ist. Um diese Integrierten zu identifizieren und selektieren wird üblicherweise ein Gen, das für einen selektierbaren Marker codiert (wie denjenigen, die oben beschrieben sind), zusammen mit dem Gen von Interesse in die Wirtszellen eingebracht. Diese Marker können zum Beispiel in Mutanten verwendet werden, in denen diese Gene, beispielsweise aufgrund von Deletion durch herkömmliche Verfahren, nicht funktionsfähig sind. Darüber hinaus können Nukleinsäuremoleküle, die für einen selektierbaren Marker codieren, auf demselben Vektor, der die Sequenz umfasst, welche die erfindungsgemäßen oder in den erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Polypeptide codiert, oder ansonsten in einem separaten Vektor in eine Wirtszelle eingebracht werden. Zellen, welche stabil mit der eingebrachten Nukleinsäure transfiziert worden sind, können zum Beispiel durch Selektion identifiziert werden (beispielsweise überleben Zellen, welche den selektierbaren Marker integriert haben, wohingegen die anderen Zellen sterben).

[0100] Da die Markergene, insbesondere Gene für Resistenz gegen Antibiotika und Herbizide, in der transgenen Wirtszelle nicht länger erforderlich oder unerwünscht sind, sobald die Nukleinsäuren erfolgreich eingebracht worden sind, wendet das erfindungsgemäße Verfahren zum Einbringen der Nukleinsäuren in vorteilhafter Weise Techniken an, welche die Entfernung oder Exzision dieser Markergene ermöglichen. Ein derartiges Verfahren ist die sogenannte Co-Transformation. Das Co-Transformations-Verfahren verwendet zwei Vektoren gleichzeitig für die Transformation, wobei ein Vektor die erfindungsgemäße Nukleinsäure trägt und ein zweiter die Markergen(e) trägt. Ein großer Anteil an Transformanten empfängt oder, im Fall von Pflanzen, umfasst (bis zu 40% oder mehr der Transformanten) beide Vektoren. Im Fall der Transformation mit Agrobakterien empfangen die Transformanten in der Regel nur einen Teil des Vektors, d. h. die von der T-DNA flankierte Sequenz, welche üblicherweise die Expressionskassette repräsentiert. Die Markergene können anschließend durch Ausführen von Kreuzungen aus der transformierten Pflanze entfernt werden. In einem anderen Verfahren werden in ein Transposon integrierte Markergene für die Transformation gemeinsam mit der gewünschten Nukleinsäure verwendet (bekannt als Ac/Ds-Technologie). Die Transformanten können mit einer Transposase-Quelle gekreuzt werden, oder die Transformanten werden mit einem Nukleinsäurekonstrukt, welches die Expression einer Transposase vermittelt, transient oder stabil transformiert. In einigen Fällen (Ungefähr 10%), springt das Transposon aus dem Genom der Wirtszelle heraus, sobald die Transformation erfolgreich stattgefunden hat, und geht verloren. In einer weiteren Anzahl von Fällen springt das Transposon an eine andere Stelle. In diesen Fällen muss das Markergen durch Ausführen von Kreuzungen eliminiert werden. In der Mikrobiologie wurden Techniken entwickelt, welche das Detektieren derartiger Ereignisse ermöglichen oder erleichtern. Ein weiteres vorteilhaftes Verfahren beruht auf sogenannten Rekombinationssystemen; deren Vorteil besteht darin, dass auf die Eliminierung durch Kreuzung verzichtet werden kann. Das am besten bekannte System dieses Typs ist das sogenannte Cre/lox-System. Cre1 ist eine Rekombinase, welche die zwischen den loxP-Sequenzen befindlichen Sequenzen entfernt. Wenn das Markergen zwischen den loxP-Sequenzen integriert ist, wird es entfernt, sobald die Transformation erfolgreich stattgefunden hat, und zwar durch die Expression der Rekombinase. Weitere Rekombinationssysteme sind das HIN/HIX, FLP/FRT- und REP/STB-System (Tribble et al., Chem., 275, 2000: 22255–22267; Velmurugan et al., J. Cell Biol., 149, 2000: 553–566). Eine ortsspezifische Integration der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen in das Pflanzen-genom ist möglich. Selbstverständlich können diese Verfahren auch auf Mikroorganismen, wie Hefe, Pilze oder Bakterien, angewandt werden.

Transgen/Transgen/Rekombinant

[0101] Für die Zwecke der Erfindung bedeuten "transgen", "Transgen" oder "rekombinant", zum Beispiel in Hinsicht auf eine Nukleinsäuresequenz, eine Expressionskassette, ein Genkonstrukt oder einen Vektor, der die Nukleinsäuresequenz umfasst, oder einen Organismus, der mit den Nukleinsäuresequenzen, Expressionskassetten oder Vektoren gemäß der Erfindung transformiert ist, alle diejenigen Konstruktionen, die durch rekombinante Verfahren bewerkstelligt werden, in welchen entweder

- (a) die Nukleinsäuresequenzen, die in den Verfahren der Erfindung nützliche Proteine codieren, oder
- (b) genetische Steuerungssequenz(en), welche funktionsfähig mit der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz verknüpft ist/sind, wie beispielsweise ein Promotor, oder
- (c) a) und b),

nicht in ihrer natürlichen genetischen Umgebung lokalisiert sind oder durch rekombinante Verfahren modifiziert worden sind, wobei es möglich ist, dass die Modifikation zum Beispiel die Form einer Substitution, Addition, Deletion, Inversion oder Insertion von einem oder mehreren Nukleotidresten annimmt. Es versteht sich, dass mit der natürlichen genetischen Umgebung der natürliche genomische oder chromosomale Genort in der Ursprungspflanze oder das Vorhandensein in einer genomischen Bibliothek gemeint ist. im Falle einer genomischen Bibliothek wird die natürliche genetische Umgebung der Nukleinsäuresequenz vorzugsweise zumindest teilweise beibehalten. Die Umgebung flankiert die Nukleinsäuresequenz mindestens auf einer Seite und besitzt eine Sequenzlänge von mindestens 50 bp, vorzugsweise mindestens 500 bp, besonders bevorzugt mindestens 1000 bp, ganz besonders bevorzugt mindestens 5000 bp. Eine natürlich vorkommende Expressionskassette – zum Beispiel die natürlich vorkommende Kombination des natürlichen Promotors der Nukleinsäuresequenzen mit der entsprechenden Nukleinsäuresequenz, welche ein in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützliches Polypeptid codiert, wie oben definiert – wird zu einer transgenen Expressionskassette, wenn diese Expressionskassette durch nicht-natürliche, synthetische ("künstliche") Verfahren, wie zum Beispiel mutagene Behandlung, modifiziert wird. Geeignete Verfahren sind zum Beispiel in US 5 565 350 oder WO 00/15815 beschrieben.

[0102] Es versteht sich daher, dass mit einer transgenen Pflanze für die Absichten der Erfindung, wie oben, gemeint ist, dass die im Verfahren der Erfindung verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrem natürlichen Genort

im Genom der Pflanze vorliegen, wobei es möglich ist, dass die Nukleinsäuren homolog oder heterolog expriert werden. Wie erwähnt, bedeutet "transgen" jedoch ebenfalls, dass, obwohl die erfindungsgemäßen oder im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren an ihrer natürlichen Position im Genom einer Pflanze vorliegen, die Sequenz im Hinblick auf die natürliche Sequenz modifiziert worden ist und/oder dass die regulatorischen Sequenzen der natürlichen Sequenzen modifiziert worden sind. Es versteht sich, dass "transgen" vorzugsweise die Expression der Nukleinsäuren gemäß der Erfindung an einem unnatürlichen Genort im Genom, d. h. homolog, bedeutet, oder dass vorzugsweise eine heterologe Expression der Nukleinsäuren stattfindet. Bevorzugte transgene Pflanzen sind hierin erwähnt.

Modulierung

[0103] Der Begriff "Modulierung" bedeutet in Bezug auf Expression oder Genexpression ein Verfahren, in welchem der Expressionsspiegel durch die Genexpression im Vergleich zur Kontrollpflanze verändert wird, wobei der Expressionsspiegel erhöht oder verringert werden kann. Die ursprüngliche, nicht modulierte Expression kann jede Art von Expression einer strukturellen RNA (rRNA, tRNA) oder mRNA mit anschließender Translation sein. Der Begriff "Modulieren der Aktivität" soll jedwede Änderung der Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen oder codierten Proteine bedeuten, welche zu einem erhöhten Ertrag und/oder erhöhten Wachstum der Pflanzen führt.

Expression

[0104] Der Begriff "Expression" oder "Genexpression" bedeutet die Transkription eines spezifischen Gens oder spezifischer Gene oder eines spezifischen genetischen Konstrukts. Der Begriff "Expression" oder "Genexpression" bedeutet insbesondere die Transkription von einem Gen oder Genen oder einem genetischen Konstrukt zu struktureller RNA (rRNA, tRNA) oder zu mRNA mit oder ohne anschließende Translation der letzteren in ein Protein. Das Verfahren beinhaltet die Transkription von DNA und die Prozessierung des resultierenden mRNA-Produkts.

Erhöhte Expression/Überexpression

[0105] Der Begriff "erhöhte Expression" oder "Überexpression", wie hierin verwendet, bedeutet eine beliebige Art von Expression, welche zusätzlich zum ursprünglichen Wildtyp-Expressionsspiegel erfolgt.

[0106] Verfahren zur Erhöhung der Expression von Genen oder Genprodukten sind im Fachgebiet gut dokumentiert und beinhalten zum Beispiel die durch geeignete Promotoren angetriebene Überexpression, die Verwendung von Transkriptions-Enhancern oder von Translations-Enhancern. Isolierte Nukleinsäuren, welche als Promotor- oder Enhancer-Elemente dienen, können in einer geeigneten Position (typischerweise stromaufwärts) einer nicht-heterologen Form eines Polynukleotids eingebracht werden, so dass die Expression einer Nukleinsäure, welche das Polypeptid von Interesse codiert, hochreguliert wird. Beispielsweise können endogene Promotoren in vivo durch Mutation, Deletion und/oder Substitution verändert werden (siehe Kmiec, US 5 565 350; Zarling et al., WO 9322443), oder isolierte Promotoren können in der richtigen Orientierung und im richtigen Abstand zu einem Gen der vorliegenden Erfindung in eine Pflanzenzelle eingebracht werden, so dass die Expression des Gens gesteuert wird.

[0107] Wenn eine Polypeptidexpression gewünscht wird, ist es im Allgemeinen wünschenswert, eine Polyadenylierungsregion am 3'-Ende einer codierenden Polynukleotidregion einzuschließen. Die Polyadenylierungsregion kann aus dem natürlichen Gen, aus einer Vielzahl anderer Pflanzengene oder aus T-DNA abgeleitet sein. Die 3'-End-Sequenz, welche hinzugefügt werden soll, kann zum Beispiel aus den Genen für Nopalin-Synthase oder Octopin-Synthase oder alternativ dazu aus einem anderen Pflanzengen, oder, weniger bevorzugt, aus einem beliebigen sonstigen eukaryontischen Gen abgeleitet sein.

[0108] Auch eine Intronsequenz kann an die 5'-untranslatierte Region (UTR) oder die codierende Sequenz der partiellen codierenden Sequenz hinzugefügt werden, um die Menge der reifen Botschaft zu erhöhen, welche sich im Cytosol akkumuliert. Der Einschluss eines spleißbaren Introns in der Transkriptionseinheit sowohl in pflanzlichen als auch tierischen Expressionskonstrukten erhöht gezeigtermaßen die Genexpression sowohl auf der mRNA- als auch der Protein-Ebene bis zu 1000-fach (Buchman und Berg (1988) Mol. Cell Biol. 8: 8: 4395–4405; Callis et al. (1987) Genes Dev. 1: 1183–1200). Eine derartige Intron-Verstärkung der Genexpression ist typischerweise am größten bei Platzierung nahe dem 5'-Ende der Transkriptionseinheit. Die Verwendung der Mais-Introns Adh1-S Intron 1, 2 und 6, sowie des Bronze-1-Introns sind im Fachgebiet bekannt. Für allgemeine Informationen siehe: The Maize Handbook, Kapitel 116, Freeling und Walbot, Hrsg., Springer, N. Y. (1994).

Verringerte Expression

[0109] Eine Bezugnahme hierin auf "verringerte Expression" oder "Reduktion oder wesentliche Eliminierung" von Expression wird verwendet, um eine Verringerung der endogenen Genexpression und/oder der Polypeptidspiegel und/oder der Polypeptidaktivität im Vergleich zu Kontrollpflanzen zu bezeichnen. Die Reduktion oder wesentliche Eliminierung beträgt, mit zunehmender Präferenz, mindestens 10%, 20%, 30%, 40% oder 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90% oder 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Verringerung im Vergleich zu denjenigen von Kontrollpflanzen.

[0110] Für die Reduktion oder wesentliche Eliminierung der Expression eines endogenen Gens in einer Pflanze wird eine ausreichende Länge von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden einer Nukleinsäuresequenz benötigt. Um ein "Gensilencing" durchzuführen, kann diese so gering wie 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10 oder weniger Nukleotide sein, wobei sie alternativ so groß sein kann, wie das gesamte Gen (einschließlich der 5'- und/oder 3'-UTR, entweder zum Teil oder insgesamt). Die Strecke von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden kann aus der Nukleinsäure, welche das Protein von Interesse codiert (Zielgen), oder aus einer beliebigen Nukleinsäure, die zum Codieren eines Orthologs, Paralogs oder Homologs des Proteins von Interesse in der Lage ist, abgeleitet sein. Vorzugsweise ist die Strecke von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden in der Lage, Wasserstoffbrücken mit dem Zielgen (entweder Sense- oder Antisense-Strang) zu bilden, und weiter bevorzugt besitzt die Strecke von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden, mit zunehmender Präferenz, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 100% Sequenzidentität zum Zielgen (entweder Sense- oder Antisense-Strang). Eine Nukleinsäuresequenz, welche ein (funktionales) Polypeptid codiert, ist keine Voraussetzung für die verschiedenen hierin erörterten Verfahren zur Reduktion oder wesentlichen Eliminierung der Expression eines endogenen Gens.

[0111] Diese Reduktion oder wesentliche Eliminierung der Expression kann unter Anwendung von routinemäßigen Hilfsmitteln und Techniken erzielt werden. Ein bevorzugtes Verfahren für die Reduktion oder wesentliche Eliminierung von endogener Genexpression erfolgt durch Einbringen und Exprimieren, in einer Pflanze, eines genetischen Konstrukts, in welches die Nukleinsäure (in diesem Fall eine Strecke von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden, abgeleitet aus dem Gen von Interesse oder aus einer beliebigen Nukleinsäure, die zum Codieren eines Orthologs, Paralogs oder Homologs von einem beliebigen Protein von Interesse in der Lage ist) als ein invertierter Repeat (teilweise oder vollständig), getrennt durch einen Abstandhalter (nicht-codierende DNA), inkloniert ist.

[0112] In einem derartigen bevorzugten Verfahren wird die Expression des endogenen Gens reduziert oder im Wesentlichen eliminiert durch RNA-vermitteltes Silencing unter Verwendung eines "Inverted Repeat" einer Nukleinsäure oder eines Teils davon (in diesem Fall einer Strecke von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden, abgeleitet aus dem Gen von Interesse, oder aus einer beliebigen Nukleinsäure, die zum Codieren eines Orthologs, Paralogs oder Homologs des Proteins von Interesse in der Lage ist), welcher vorzugsweise zur Ausbildung einer Haarnadelstruktur fähig ist. Der "Inverted Repeat" wird in einen Expressionsvektor kloniert, der Steuerungssequenzen umfasst. Eine nicht-codierende DNA-Nukleinsäuresequenz (ein Abstandhalter, zum Beispiel ein Matrix-Anheftungs-Region-Fragment (MAR), ein Intron, ein Polylinker etc.) befindet sich zwischen den zwei invertierten Nukleinsäuren, welche den "Inverted Repeat" bilden. Nach der Transkription des "Inverted Repeat" wird eine chimäre RNA mit einer selbst-komplementären Struktur gebildet (teilweise oder vollständig). Diese doppelsträngige RNA-Struktur wird als die Haarnadel-RNA (hpRNA) bezeichnet. Die hpRNA wird von der Pflanze zu siRNAs prozessiert, welche in einen RNA-induzierten Silencing-Komplex (RISC) eingebaut werden. Der RISC spaltet die mRNA-Transkripte weiter, wodurch die Anzahl von mRNA-Transkripten, die zu Polypeptiden translatiert werden sollen, wesentlich verringert wird. Für weitere allgemeine Details siehe zum Beispiel Grierson et al. (1998) WO 98/53083; Waterhouse et al. (1999) WO 99/53050).

[0113] Die Ausführung der Verfahren der Erfindung beruht nicht auf dem Einbringen und Exprimieren, in einer Pflanze, von einem genetischen Konstrukt, in welches die Nukleinsäure als ein "Inverted Repeat" inkloniert ist, sondern es können ein oder mehrere beliebige von einigen, allgemein bekannten "Gen-Silencing"-Verfahren zur Anwendung kommen, um die gleichen Effekte zu erzielen.

[0114] Ein derartiges Verfahren für die Reduktion der endogenen Genexpression ist das RNA-vermittelte Silencing von Genexpression (Herunterregulieren). Das Silencing wird in diesem Fall in einer Pflanze von einer doppelsträngigen RNA-Sequenz (dsRNA) ausgelöst, welche im Wesentlichen ähnlich zum endogenen Zielgen ist. Diese dsRNA wird von der Pflanze zu etwa 20 bis etwa 26 Nukleotiden weiterprozessiert, welche als kurze interferierende RNAs (siRNAs) bezeichnet werden. Die siRNAs werden in einen RNA-induzierten Silencing-Komplex (RISC) eingebaut, welcher das mRNA-Transkript des endogenen Zielgens spaltet, wodurch die An-

zahl von mRNA-Transkripten, die in ein Polypeptid translatiert werden sollen, wesentlich verringert wird. Vorzugsweise entspricht die doppelsträngige RNA-Sequenz einem Zielgen.

[0115] Ein anderes Beispiel eines RNA-Silencing-Verfahrens beinhaltet das Einbringen von Nukleinsäuresequenzen oder Teilen davon (in diesem Fall einer Strecke von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden, abgeleitet aus dem Gen von Interesse, oder aus einer beliebigen Nukleinsäure, die zum Codieren eines Orthologs, Paralogs oder Homologs des Proteins von Interesse in der Lage ist) in einer Sense-Orientierung in eine Pflanze. "Sense-Orientierung" bezieht sich auf eine DNA-Sequenz, welche homolog zu einem mRNA-Transkript davon ist. Deswegen wird man in eine Pflanze mindestens eine Kopie der Nukleinsäuresequenz einführen. Die zusätzliche Nukleinsäuresequenz wird die Expression des endogenen Gens verringern, was zur Entstehung eines Phänomens führt, welches als Co-Suppression bekannt ist. Die Reduktion der Genexpression wird noch erheblicher sein, wenn mehrere zusätzliche Kopien einer Nukleinsäuresequenz in die Pflanze eingebracht werden, da eine positive Korrelation zwischen hohen Transkriptspiegeln und der Auslösung von Co-Suppression besteht.

[0116] Ein anderes Beispiel eines RNA-Silencing-Verfahrens beinhaltet die Verwendung von Antisense-Nukleinsäuresequenzen. Eine "Antisense"-Nukleinsäuresequenz umfasst eine Nukleotidsequenz, welche zu einer "Sense"-Nukleinsäuresequenz, die für ein Protein codiert, komplementär ist, d. h. komplementär zum codierenden Strang eines doppelsträngigen cDNA-Moleküls oder komplementär zu einer mRNA-Transkriptsequenz ist. Die Antisense-Nukleinsäuresequenz ist vorzugsweise komplementär zu dem endogenen Gen, welches abgeschaltet werden soll. Die Komplementarität kann in der "codierenden Region" und/oder in der "nicht-codierenden Region" eines Gens lokalisiert sein. Der Begriff "codierende Region" bezieht sich auf eine Region der Nukleotidsequenz, welche Codons umfasst, die in Aminosäurereste translatiert werden. Der Begriff "nicht-codierende Region" bezieht sich auf 5'- und 3'-Sequenzen, welche die codierende Region flankieren und welche transkribiert, jedoch nicht in Aminosäuren translatiert werden (ebenfalls bezeichnet als 5'- und 3'-untranslatierte Regionen).

[0117] Antisense-Nukleinsäuresequenzen können gemäß den Regeln der Watson-und-Crick-Basenpaarung entworfen werden. Die Antisense-Nukleinsäuresequenz kann zur gesamten Nukleinsäuresequenz (in diesem Fall eine Strecke von im Wesentlichen zusammenhängenden Nukleotiden, abgeleitet aus dem Gen von Interesse, oder aus einer beliebigen Nukleinsäure, die zum Codieren eines Orthologs, Paralogs oder Homologs des Proteins von Interesse in der Lage ist) komplementär sein, aber kann ebenfalls ein Oligonukleotid sein, welches den Antisense zu lediglich einem Teil der Nukleinsäuresequenz (einschließlich der 5'- und 3'-UTR der mRNA) darstellt. Zum Beispiel kann die Antisense-Oligonukleotidsequenz komplementär zu der Region sein, welche die Translationsstartstelle eines mRNA-Transkripts umgibt, das ein Polypeptid codiert. Die Länge einer geeigneten Antisense-Oligonukleotidsequenz ist im Fachgebiet bekannt und kann bei etwa 50, 45, 40, 35, 30, 25, 20, 15 oder 10 Nukleotiden Länge oder weniger beginnen. Eine Antisense-Nukleinsäuresequenz gemäß der Erfindung kann unter Anwendung von chemischer Synthese und enzymatischen Ligationsreaktionen mit Hilfe von auf dem Fachgebiet bekannten Verfahren konstruiert werden. Zum Beispiel kann eine Antisense-Nukleinsäuresequenz (z. B. eine Antisense-Oligonukleotidsequenz) chemisch synthetisiert werden, wobei natürlich vorkommende Nukleotide oder verschiedenartig modifizierte Nukleotide verwendet werden, entworfen zur Erhöhung der biologischen Stabilität der Moleküle oder zur Erhöhung der physikalischen Stabilität des zwischen den Antisense- und Sense-Nukleinsäuresequenzen gebildeten Duplex, wobei z. B. Phosphorothioat-Derivate und Acridin-substituierte Nukleotide verwendet werden können. Beispiele von modifizierten Nukleotiden, welche zum Erzeugen der Antisense-Nukleinsäuresequenzen verwendet werden können, sind im Fachgebiet allgemein bekannt. Zu bekannten Nukleotidmodifikationen zählen Methylierung, Cyclisierung und 'Caps' sowie Substitution von einem oder mehreren der natürlich vorkommenden Nukleotide mit einem Analog, wie etwa Inosin. Andere Modifikationen von Nukleotiden sind im Fachgebiet allgemein bekannt.

[0118] Die Antisense-Nukleinsäuresequenz kann biologisch unter Verwendung eines Expressionsvektors hergestellt werden, in welchen eine Nukleinsäuresequenz in einer Antisense-Orientierung subkloniert worden ist (d. h., die von der insertierten Nukleinsäure transkribierte RNA wird bezüglich einer Zielnukleinsäure von Interesse eine Antisense-Orientierung aufweisen). Vorzugsweise findet die Erzeugung von Antisense-Nukleinsäuresequenzen in Pflanzen mittels eines stabil integrierten Nukleinsäurekonstrukts statt, das einen Promotor, ein funktionsfähig verbundenes Antisense-Oligonukleotid und einen Terminator umfasst.

[0119] Die zum Silencing in den Verfahren der Erfindung verwendeten Nukleinsäuremoleküle (ob in eine Pflanze eingeführt oder in situ erzeugt) hybridisieren oder binden an für ein Polypeptid codierende genomische DNA und/oder mRNA-Transkripte, um dadurch die Expression des Proteins zu inhibieren, z. B. durch Inhibieren von Transkription und/oder Translation. Die Hybridisierung kann durch herkömmliche Nukleotidkomplementarität

unter Bildung eines stabilen Duplex erfolgen, oder, zum Beispiel im Fall einer Antisense-Nukleinsäuresequenz, welche an DNA-Duplexe bindet, durch spezifische Wechselwirkungen in der großen Furche der Doppelhelix. Antisense-Nukleinsäuresequenzen können durch Transformation oder direkte Injektion an einer spezifischen Gewebestelle in eine Pflanze eingebracht werden. Alternativ dazu können Antisense-Nukleinsäuresequenzen modifiziert sein, um ausgewählte Zellen anzuzielen, und dann systemisch verabreicht werden. Für die systemische Verabreichung können Antisense-Nukleinsäuresequenzen zum Beispiel so modifiziert werden, dass sie spezifisch an Rezeptoren oder Antigene, die auf einer ausgewählten Zelloberfläche exprimiert werden, binden, z. B. durch Verknüpfen der Antisense-Nukleinsäuresequenz an Peptide oder Antikörper, welche an Zelloberflächen-Rezeptoren oder Antigene binden. Die Antisense-Nukleinsäuresequenzen können Zellen auch unter Verwendung der hierin beschriebenen Vektoren zugeführt werden.

[0120] Gemäß einem weiteren Aspekt ist die Antisense-Nukleinsäuresequenz eine a-anomere Nukleinsäuresequenz. Eine a-anomere Nukleinsäuresequenz bildet spezifische doppelsträngige Hybride mit komplementärer RNA, in welchen, im Gegensatz zu den gewöhnlichen b-Einheiten, die Stränge parallel zueinander verlaufen (Gaultier et al. (1987) Nucl. Ac. Res. 15: 6625–6641). Die Antisense-Nukleinsäuresequenz kann außerdem ein 2'-o-Methylribonukleotid (Inoue et al. (1987) Nucl. Ac. Res. 15, 6131–6148) oder ein chimäres RNA-DNA-Analog (Inoue et al. (1987) FEBS Lett. 215, 327–330) umfassen.

[0121] Die Reduktion oder wesentliche Eliminierung von endogener Genexpression kann auch unter Verwendung von Ribozymen durchgeführt werden. Ribozyme sind katalytische RNA-Moleküle mit Ribonuklease-Aktivität, welche zum Spalten einer einzelsträngigen Nukleinsäuresequenz, wie einer mRNA, zu der sie eine komplementäre Region aufweisen, in der Lage sind. Somit können Ribozyme (z. B. Hammerkopf-Ribozyme; beschrieben in Haselhoff und Gerlach (1988) Nature 334, 585–591) verwendet werden, um ein Polypeptid codierende mRNA-Transkripte katalytisch zu spalten, wodurch die Anzahl an mRNA-Transkripten, welche in ein Polypeptid translatiert werden spulen, wesentlich verringert wird. Ein Ribozym mit Spezifität für eine Nukleinsäuresequenz kann entworfen werden (siehe zum Beispiel: Cech et al. US-Patent Nr. 4 987 071; und Cech et al. US-Patent Nr. 5 116 742). Alternativ dazu können mRNA-Transkripte, welche einer Nukleinsäuresequenz entsprechen, verwendet werden, um eine katalytische RNA mit einer spezifischen Ribonuklease-Aktivität aus einem Pool von RNA-Molekülen zu selektieren (Bartel und Szostak (1993) Science 261, 1411–1418). Die Verwendung von Ribozymen für das Gen-Silencing in Pflanzen ist auf dem Fachgebiet bekannt (z. B. Atkins et al. (1994) WO 94/00012; Lenne et al. (1995) WO 95/03404; Lutziger et al. (2000) WO 00/00619; Prinsen et al. (1997) WO 97/13865 und Scott et al. (1997) WO 97/38116).

[0122] Gen-Silencing kann auch durch Insertionsmutagenese (beispielsweise T-DNA-Insertion oder Transposon-Insertion) oder durch Strategien erzielt werden, wie sie unter anderem von Angell und Baulcombe ((1999) Plant J. 20(3): 357–62), (Amplicon VIGS WO 98/36083) oder Baulcombe (WO 99/15682) beschrieben werden.

[0123] Gen-Silencing kann auch auftreten, wenn eine Mutation auf einem endogenen Gen und/oder eine Mutation auf einem/einer isolierten Gen/Nukleinsäure, welche(s) anschließend in eine Pflanze eingebracht wird, vorhanden ist. Die Reduzierung oder wesentliche Eliminierung kann durch ein nicht-funktionelles Polypeptid verursacht werden. Zum Beispiel kann das Polypeptid an verschiedene interagierende Proteine binden; eine oder mehrere Mutation(en) und/oder Verkürzung(en) können daher ein Polypeptid vorsehen, das noch zum Binden an interagierende Proteine (wie etwa Rezeptorproteine) in der Lage ist, aber seine normale Funktion nicht aufzeigen kann (wie etwa Signalleitungs-Ligand).

[0124] Ein weiteres Vorgehen für das Gen-Silencing besteht im Targeting von Nukleinsäuresequenzen, die zur regulatorischen Region des Gens (z. B. dem Promotor und/oder Enhancern) komplementär sind, wodurch tripelhelikale Strukturen gebildet werden, welche die Transkription des Gens in Zielzellen verhindern. Siehe Helene, C., Anticancer Drug Res. 6, 569–84, 1991; Helene et al., Ann. N. Y. Acad. Sci. 660, 27–36 1992; und Maher, L. J. Bioassays 14, 807–15, 1992.

[0125] Andere Verfahren, wie etwa die Verwendung von Antikörpern, die gegen ein endogenes Polypeptid gerichtet sind, zum inhibieren von dessen Funktion in planta oder zum Eingreifen in den Signalleitungsweg, an dem ein Polypeptid beteiligt ist, werden dem Fachmann allgemein bekannt sein. Insbesondere mag es in Betracht gezogen werden, dass vom Menschen geschaffene Moleküle zum Inhibieren der biologischen Funktion eines Zielpolypeptids oder zur Störung des Signalleitungsweges, an dem das Zielpolypeptid beteiligt ist, nützlich sein können.

[0126] Alternativ dazu kann ein Screening-Programm angesetzt werden, um natürliche Varianten eines Gens in einer Pflanzenpopulation zu identifizieren, wobei die Varianten Polypeptide mit verringerter Aktivität codie-

ren. Solche natürlichen Varianten können beispielsweise auch zur Ausführung von homologer Rekombination angewandt werden.

[0127] Künstliche und/oder natürliche MicroRNAs (miRNAs) können verwendet werden, um Genexpression und/oder mRNA-Translation auszuknocken. Endogene miRNAs sind einzelsträngige, kleine RNAs mit einer Länge von typischerweise 19–24 Nukleotiden. Sie funktionieren vorwiegend zum Regulieren der Genexpression und/oder mRNA-Translation. Die meisten pflanzlichen MicroRNAs (miRNAs) weisen eine perfekte oder beinahe perfekte Komplementarität zu ihren Zielsequenzen auf. Allerdings gibt es natürliche Ziele mit bis zu fünf Fehlpaarungen. Sie werden aus längeren nicht-codierenden RNAs mit charakteristischen Rückfaltungsstrukturen durch Doppelstrangspezifische RNAsen der Dicer-Familie prozessiert. Nach der Prozessierung werden sie in den RNA-induzierten Silencing-Komplex (RISC) durch Binden an dessen Hauptkomponente, ein Argonaut-Protein, eingebaut. MiRNAs dienen als die Spezifitätskomponenten des RISC, da sie mit Zielnukleinsäuren, vorwiegend mRNAs, im Cytoplasma eine Basenpaarung eingehen. Anschließende regulatorische Ereignisse beinhalten die Ziel-mRNA-Spaltung und Zerstörung und/oder die Translationsinhibition. Effekte der miRNA-Überexpression spiegeln sich deshalb häufig in verringerten mRNA-Spiegeln von Zielgenen wider.

[0128] Artificielle MikroRNAs (amiRNAs), welche typischerweise eine Länge von 21 Nukleotiden besitzen, können in spezifischer Weise gentechnisch erzeugt werden, um die Genexpression von einzelnen oder mehreren Genen von Interesse negativ zu regulieren. Determinanten der Pflanzen-MikroRNA-Zielauswahl sind im Fachgebiet allgemein bekannt. Empirische Parameter für die Zielerkennung sind definiert worden und können angewandt werden, um beim Entwurf von spezifischen amiRNAs zu helfen (Schwab et al., *Day. Cell* 8, 517–527, 2005). Zweckdienliche Hilfsmittel für den Entwurf und die Erzeugung von amiRNAs und ihren Vorläufern sind ebenfalls öffentlich verfügbar (Schwab et al., *Plant Cell* 18, 1121–1133, 2006).

[0129] Für eine optimale Leistung erfordern die Gen-Silencing-Techniken, die zum Reduzieren der Expression eines endogenen Gens in einer Pflanze angewandt werden, die Verwendung von Nukleinsäuresequenzen aus monokotylen Pflanzen für die Transformation monokotyler Pflanzen, und aus dikotylen Pflanzen für die Transformation dikotyler Pflanzen. Vorzugsweise wird eine Nukleinsäuresequenz aus einer beliebigen gegebenen Pflanzenspezies in dieselbe Spezies eingebracht. Zum Beispiel wird eine Nukleinsäuresequenz aus Reis in eine Reispflanze transformiert. Allerdings ist es kein absolutes Erfordernis, dass die einzuführende Nukleinsäuresequenz aus derselben Pflanzenspezies stammt wie die Pflanze, in welche sie eingeführt wird. Es ist ausreichend, dass eine wesentliche Homologie zwischen dem endogenen Zielgen und der einzuführenden Nukleinsäure besteht.

[0130] Beispiele verschiedener Verfahren für die Reduzierung oder wesentliche Eliminierung der Expression eines endogenen Gens in einer Pflanze sind oben beschrieben. Ein Fachmann auf dem Gebiet wird ohne weiteres in der Lage sein, die oben genannten Verfahren zum Silencing so anzupassen, dass eine Reduzierung der Expression eines endogenen Gens in einer gesamten Pflanze oder in Teilen davon erreicht wird, beispielsweise durch Verwenden eines geeigneten Promotors.

Transformation

[0131] Der Begriff "Einbringung" oder "Transformation", wie hierin darauf Bezug genommen wird, beinhaltet den Transfer eines exogenen Polynukleotids in eine Wirtszelle, ungeachtet des für den Transfer angewandten Verfahrens. Pflanzengewebe, das zur anschließenden klonalen Vermehrung in der Lage ist, ob durch Organogenese oder Embryogenese, kann mit einem genetischen Konstrukt der vorliegenden Erfindung transformiert, und eine gesamte Pflanze daraus regeneriert werden. Das gewählte jeweilige Gewebe wird abhängig von den klonalen Propagationssystemen variieren, welche für die zu transformierende jeweilige Spezies verfügbar und am besten geeignet sind. Beispielhafte Gewebeziele schließen Blattscheiben, Pollen, Embryonen, Kotyledonen, Hypokotyle, Megagametophyten, Callusgewebe, existierendes meristematisches Gewebe (z. B. Apikalmeristem, Achselknospen und Wurzelmeristeme) und induziertes Meristemgewebe (z. B. Kotyleristem und Hypokotyleristem) ein. Das Polynukleotid kann transient oder stabil in eine Wirtszelle eingebracht und kann nicht-integriert, zum Beispiel als ein Plasmid, beibehalten werden. Alternativ dazu kann es in das Wirtsgenom integriert werden. Die resultierende transformierte Pflanzenzelle kann dann zum Regenerieren einer transformierten Pflanze auf eine Weise, welche dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt ist, verwendet werden.

[0132] Der Transfer von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet. Die Transformation von Pflanzenspezies ist heutzutage eine durchaus routinemäßige Technik. In vorteilhafter Weise kann ein beliebiges von mehreren Transformationsverfahren angewandt werden, um das Gen von Interesse in eine geeignete Vorfahrenzelle einzubringen. Die für die Transformation und Regeneration von Pflan-

zen aus Pflanzengewebe oder Pflanzenzellen beschriebenen Verfahren können für transiente oder für stabile Transformationen angewandt werden. Transformationsverfahren beinhalten die Verwendung von Liposomen, Elektroporation, Chemikalien, welche die Aufnahme freier DNA erhöhen, direkte Injektion der DNA in die Pflanze, Beschuss mit einer Partikelkanone, Transformation unter Verwendung von Viren oder Pollen sowie Mikroprojektion. Man kann Verfahren auswählen unter dem Calcium/Polyethylenglykol-Verfahren für Protoplasten (Krens, F. A. et al., (1982) *Nature* 296, 72–74; Negrutiu, I., et al. (1987) *Plant Mol. Biol.* 8: 363–373); der Elektroporation von Protoplasten (Shillito R. D. et al. (1985) *Bio/Technol.* 3, 1099–1102); der Mikroinjektion in Pflanzenmaterial hinein (Crossway, A., et al., (1986) *Mol. Gen. Genet.*, 202: 179–185); dem Beschuss mit DNA- oder RNA-beschichteten Teilchen (Klein TM et al., (1987) *Nature* 327: 70), der Infektion mit (nicht-integrierenden) Viren und dergleichen. Transgene Pflanzen, einschließlich transgener Nutzpflanzen, werden vorzugsweise durch Agrobacterium-vermittelte Transformation hergestellt. Ein vorteilhaftes Transformationsverfahren ist die Transformation in planta. Zu diesem Zweck ist es zum Beispiel möglich, den Agrobakterien zu gestatten, auf Pflanzensamen einzuwirken, oder das Pflanzenmeristem mit Agrobakterien zu inokulieren. Es hat sich gemäß der Erfindung als besonders zweckmäßig erwiesen zu gestatten, dass eine Suspension transformierter Agrobakterien auf die intakte Pflanze oder zumindest auf die Blütenanlagen einwirkt. Die Pflanze wird anschließend weiter wachsen gelassen, bis die Samen der behandelten Pflanze erhalten werden (Clough und Bent, *Plant J.* (1998) 16, 735–743). Verfahren für die Agrobacterium-vermittelte Transformation von Reis schließen allgemein bekannte Verfahren für die Reistransformation ein, wie etwa diejenigen, welche in einem beliebigen von Folgendem beschrieben sind: Europäische Patentanmeldung EP 1198985 A1, Aldemita und Hodges (*Planta* 199: 612–617, 1996); Chan et al. (*Plant Mol. Biol.* 22 (3): 491–506, 1993), Hiei et al. (*Plant J.* 6 (2): 271–282, 1994), deren Offenbarungen hierin durch den Bezug darauf einbezogen sind, als ob sie vollständig dargestellt wären. Im Falle von Mais-Transformation ist das bevorzugte Verfahren beschaffen, wie entweder in Ishida et al. (*Nat. Biotechnol.* 14(6): 745–50, 1996) oder Frame et al. (*Plant Physiol.* 129(1): 13–22, 2002) beschrieben, deren Offenbarungen hierin durch den Bezug darauf einbezogen sind, als ob als vollständig dargestellt wären. Die Verfahren sind beispielhaft ferner in B. Jenes et al., *Techniques for Gene Transfer*, in: *Transgenic Plants*, Band 1, Engineering und Utilization, Hrsg. S. D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993) 128–143 und in Potrykus *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol.* 42 (1991) 205–225 beschrieben. Die Nukleinsäuren oder das Konstrukt, welche(s) exprimiert werden soll/sollen, wird vorzugsweise in einen Vektor kloniert, der zum Transformieren von *Agrobacterium tumefaciens* geeignet ist, zum Beispiel pBin19 (Bevan et al., *Nucl. Acids Res.* 12 (1984) 8711). Mit einem derartigen Vektor transformierte Agrobakterien können dann auf bekannte Weise für die Transformation von Pflanzen verwendet werden, wie etwa Pflanzen, welche als Modell herangezogen werden, wie *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana* wird innerhalb des Umfangs der vorliegenden Erfindung nicht als Nutzpflanze betrachtet) oder Nutzpflanzen, wie zum Beispiel Tabakpflanzen, beispielsweise durch Eintauchen von zerquetschten Blättern oder zerhackten Blättern in einer Agrobakterienlösung und danach Kultivieren derselben in geeigneten Medien. Die Transformation von Pflanzen mittels *Agrobacterium tumefaciens* ist zum Beispiel von Höfgen und Willmitzer in *Nucl. Acids Res.* (1988) 16, 9877, beschrieben oder ist unter anderem aus F. F. White, *Vectors for Gene Transfer in Higher Plants*; in *Transgenic Plants*, Band 1, Engineering und Utilization, Hrsg.: S. D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15–38, bekannt.

[0133] Zusätzlich zur Transformation von somatischen Zellen, welche dann zu intakten Pflanzen regeneriert werden müssen, ist es ebenfalls möglich, die Zellen von Pflanzenmeristemen und insbesondere diejenigen Zellen, welche sich zu Gameten entwickeln, zu transformieren. In diesem Fall folgen die transformierten Gameten der natürlichen Pflanzenentwicklung, wodurch es zur Entstehung transgener Pflanzen kommt. So werden beispielsweise Samen von *Arabidopsis* mit Agrobakterien behandelt, und Samen werden aus den sich entwickelnden Pflanzen erhalten, von denen ein gewisser Anteil transformiert und somit transgen ist [Feldman, KA, und Marks, MD (1987). *Mol. Gen. Genet.* 208: 274–289; Feldmann, K., (1992). In: C. Koncz, N-H. Chua und J. Shell (Hrsg.), *Methods in Arabidopsis Research*. World Scientific, Singapur, S. 274–289]. Alternative Verfahren basieren auf der wiederholten Entfernung der Infloreszenzen und der Inkubation der Schnittstelle im Zentrum der Rosette mit transformierten Agrobakterien, wodurch in ähnlicher Weise transformierte Samen zu einem späteren Zeitpunkt erhalten werden können (Chang (1994). *Plant J.* 5: 551–558; Katavic (1994). *Mol. Gen. Genet.*, 245: 363–370). Ein besonders effektives Verfahren ist jedoch das Vakuuminfiltrationsverfahren mit seinen Modifikationen, wie dem "Floral dip"-Verfahren. Im Falle von Vakuuminfiltration von *Arabidopsis* werden intakte Pflanzen unter verringertem Druck mit einer Agrobakteriensuspension behandelt [Bechthold, N. (1993). *C. R. Acad. Sci. Paris Life Sci.*, 316: 1194–1199], wohingegen im Fall des "Floral dip"-Verfahrens das sich entwickelnde Blütengewebe kurz mit einer tensidbehandelten Agrobakteriensuspension inkubiert wird [Clough, SJ, und Bent, AF (1998) *The Plant J.* 16, 735–743]. In beiden Fällen wird ein gewisser Anteil an transgenen Samen geerntet, und diese Samen können von nicht-transgenen Samen durch Kultivieren unter den oben beschriebenen selektiven Bedingungen unterschieden werden. Darüber hinaus besitzt die stabile Transformation von Plastiden Vorteile, weil Plastide in den meisten Nutzpflanzen maternal vererbt werden, was das Risiko eines Transgen-Flusses durch Pollen verringert oder eliminiert. Die Transformation des Chlo-

roplastengenoms wird im Allgemeinen durch ein Verfahren bewirkt, das in Klaus et al., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225–229] schematisch geschildert worden ist. Kurz gesagt werden die zu transformierenden Sequenzen zusammen mit einem selektierbaren Markergen zwischen flankierende Sequenzen, die homolog zum Chloroplastengenom sind, kloniert. Diese homologen flankierenden Sequenzen lenken die ortsspezifische Integration in das Plastom. Plastidale Transformation ist für viele verschiedene Pflanzenspezies beschrieben worden, und eine Übersicht findet man in Bock (2001) "Transgenic plastids in basic research und plant biotechnology". J. Mol. Biol. 21. Sep. 2001; 312 (3):425–38, oder Maliga, P. (2003) "Progress towards commercialization of plastid transformation technology". Trends Biotechnol. 21, 20–28. In jüngster Zeit ist über einen weiteren biotechnologischen Fortschritt in Form von markerfreien Plastidentransformanten, welche mittels eines transienten, cointegrierten Markergens hergestellt werden können, berichtet worden (Klaus et al., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225–229).

[0134] Die genetisch modifizierten Pflanzenzellen können durch alle Verfahren regeneriert werden, mit denen der Fachmann vertraut ist. Geeignete Verfahren können in den oben erwähnten Veröffentlichungen von S. D. Kung und R. Wu, Potrykus oder Höfgen und Willmitzer gefunden werden.

[0135] Nach einer Transformation werden Pflanzenzellen oder Zellgruppierungen im Allgemeinen hinsichtlich Gegenwart von einem oder mehreren Markern selektiert, welche von pflanzlich exprimierbaren Genen codiert werden, die mit dem Gen von Interesse co-transferiert werden, wonach das transformierte Material zu einer ganzen Pflanze regeneriert wird. Um transformierte Pflanzen zu selektieren, wird das in der Transformation erhaltene Pflanzenmaterial in der Regel selektiven Bedingungen unterworfen, so dass transformierte Pflanzen von nicht-transformierten Pflanzen unterschieden werden können. Zum Beispiel können die in der oben beschriebenen Weise erhaltenen Samen eingepflanzt und nach einer anfänglichen Wachstumsperiode einer geeigneten Selektion durch Besprühen unterworfen werden. Eine weitere Möglichkeit besteht im Wachsenlassen der Samen, zutreffendenfalls nach Sterilisation, auf Agarplatten unter Anwendung eines geeigneten Selektionsmittels, so dass nur die transformierten Samen zu Pflanzen heranwachsen können. Alternativ werden die transformierten Pflanzen hinsichtlich der Gegenwart eines selektierbaren Markers, wie denjenigen, die oben beschrieben sind, gescreent.

[0136] Im Anschluss an DNA-Transfer und Regeneration können vermeintlich transformierte Pflanzen auch, zum Beispiel unter Anwendung von Southern-Analyse, hinsichtlich der Gegenwart des Gens von Interesse, der Kopienzahl und/oder der genomischen Organisation untersucht werden. Alternativ oder zusätzlich können Expressionsspiegel der neu eingeführten DNA unter Anwendung von Northern- und/oder Western-Analyse überwacht werden, wobei beide Techniken dem Durchschnittsfachmann auf dem Gebiet allgemein bekannt sind.

[0137] Die erzeugten, transformierten Pflanzen können durch eine Vielzahl von Methoden vermehrt werden, wie etwa durch klonale Propagation oder klassische Züchtungstechniken. So kann zum Beispiel eine transformierte Pflanze der ersten Generation (oder T1) geselbstet und homozygote Transformanten der zweiten Generation (oder T2) können selektiert werden, und die T2-Pflanzen können dann durch klassische Züchtungstechniken weiter vermehrt werden. Die erzeugten, transformierten Organismen können eine Vielzahl von Formen einnehmen. Zum Beispiel können sie Chimären von transformierten Zellen und nicht-transformierten Zellen; klonale Transformanten (z. B. wobei alle Zellen transformiert sind, um die Expressionskassette zu enthalten); Propfungen von transformierten und nicht-transformierten Geweben (z. B. in Pflanzen, in denen ein transformierter Wurzelstock an einen nicht-transformierten Spross gepfropft wird) sein.

T-DNA-Aktivierungs-Tagging

[0138] T-DNA-Aktivierungs-Tagging (Hayashi et al. Science (1992) 1350–1353) beinhaltet die Insertion von T-DNA, üblicherweise enthaltend einen Promotor (es kann sich auch um einen Translations-Enhancer oder ein Intron handeln), in die genomische Region des Gens von Interesse oder 10 kb stromaufwärts oder stromabwärts der codierenden Region eines Gens in einer derartigen Konfiguration, dass der Promotor die Expression des angezielten Gens steuert. Typischerweise wird die Regulierung der Expression des angezielten Gens durch seinen natürlichen Promotor gestört, und das Gen kommt unter die Kontrolle des neu eingebrachten Promotors. Der Promotor ist typischerweise in einer T-DNA eingebettet. Diese T-DNA wird statistisch in das Pflanzengenom inseriert, zum Beispiel durch Agrobacterium-Infektion, und führt zur modifizierten Expression von Genen nahe der inserierten T-DNA. Die resultierenden transgenen Pflanzen zeigen dominante Phänotypen aufgrund der modifizierten Expression von Genen nahe dem eingebrachten Promotor.

TILLING

[0139] Der Begriff "TILLING" ist eine Abkürzung für "Targeted Induced Local Lesions In Genomes" und bezieht sich auf eine Mutagenesetechnologie, die zum Erzeugen und/oder Identifizieren von Nukleinsäuren nützlich ist, welche Proteine mit modifizierter Expression und/oder Aktivität codieren. TILLING erlaubt auch die Selektion von Pflanzen, welche derartige Mutantenvarianten tragen. Diese Mutantenvarianten können eine modifizierte Expression aufzeigen, entweder hinsichtlich Stärke oder Lokalisierung oder Zeitgebung (wenn die Mutationen zum Beispiel den Promotor betreffen). Diese Mutantenvarianten können eine höhere Aktivität aufzeigen als sie von dem Gen in seiner natürlichen Form aufgewiesen wird. TILLING vereint Hochdichte-Mutagenese mit Hochdurchsatz-Screeningverfahren. Die beim TILLING typischerweise befolgten Schritte sind: (a) EMS-Mutagenese (Redei, GP, und Koncz, C (1992), in: *Methods in Arabidopsis Research*, Koncz, C, Chua, NH, Schell, J (Hrsg.) Singapur, World Scientific Publishing Co, S. 16–82; Feldmann et al., (1994) in: Meyerowitz. EM, Somerville. CR (Hrsg.), "Arabidopsis". Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, S. 137–172; Lightner, J., und Caspar, T. (1998) in: J. Martinez-Zapater, J. Salinas, (Hrsg.), *Methods in Molecular Biology*, Band 82. Humana Press, Totowa, NJ, S. 91–104); (b) DNA-Präparation und Poolen der Individuen; (c) PCR-Amplifikation einer Region von Interesse; (d) Denaturieren und Annealen, um die Bildung von Heteroduplexen zu gestatten; (e) DHPLC, wobei die Gegenwart eines Heteroduplex in einem Pool als ein Extra-Peak im Chromatogramm nachgewiesen wird; (f) Identifikation des Mutanten-Individuums; und (g) Sequenzieren des Mutanten-PCR-Produkts. Verfahren für TILLING sind im Fachgebiet allgemein bekannt (McCallum et al., (2000) *Nat. Biotechnol.* 18: 455–457; übersichtmäßig zusammengefasst von Stemple (2004) *Nat. Rev. Genet.* 5(2): 145–50).

Homologe Rekombination

[0140] Homologe Rekombination gestattet die Einbringung einer gewählten Nukleinsäure in einem Genom an einer definierten gewählten Position. Homologe Rekombination ist eine Standardtechnologie, die in den biologischen Wissenschaften für niedere Organismen, wie Hefe oder das Moos *Physcomitrella*, routinemäßig angewandt wird. Verfahren zur Durchführung homologer Rekombination in Pflanzen sind nicht nur für Modellpflanzen beschrieben worden (Offringa et al. (1990) *EMBO J.* 9(10): 3077–84), sondern auch für Nutzpflanzen, zum Beispiel Reis (Terada et al. (2002) *Nat. Biotech.* 20(10): 1030–4; Iida und Terada (2004) *Curr. Opin. Biotech.* 15(2): 132–8), und es existieren Vorgehensweisen, welche, ungeachtet des Zielorganismus, allgemein anwendbar sind (Miller et al., *Nature Biotechnol.* 25, 778–785, 2007).

Ertragsmerkmale

[0141] Ertragsmerkmale umfassen eine oder mehrere aus Ertrag, Biomasse, Samernertrag, Früh-Wuchskraft, Grünheitsindex, erhöhter Wachstumsrate, verbesserten agronomischen Eigenschaften (wie verbesserter Wasserausnutzungseffizienz (Water Use Efficiency, WUE, Stickstoffausnutzungseffizienz (Nitrogen Use Efficiency, NUE) usw. ausgewählte Eigenschaften.

Ertrag

[0142] Der Begriff "Ertrag" bedeutet im Allgemeinen einen messbaren Gewinn von wirtschaftlichem Wert, typischerweise in Bezug auf eine spezifizierte Nutzpflanze, ein Gebiet und eine Zeitperiode. Individuelle Pflanzenteile tragen auf Basis ihrer Anzahl, Größe und/oder Gewicht direkt zum Ertrag bei, oder die tatsächliche Ausbeute ist der Ertrag pro Quadratmeter für eine Nutzpflanze und pro Jahr, was mittels Dividieren der Gesamtproduktion (einschließend sowohl geerntete als auch geschätzte Produktion) durch die bepflanzten Quadratmeter bestimmt wird. Der Begriff "Ertrag" an einer Pflanze kann sich auf vegetative Biomasse (Wurzel- und/oder Sprossbiomasse), auf die reproduktiven Organe und/oder auf Verbreitungseinheiten (wie Samen) dieser Pflanze beziehen.

[0143] Nimmt man Mais als Beispiel, so kann sich eine Ertragserhöhung unter anderem in einem oder mehreren der Folgenden zeigen: einer Erhöhung der Anzahl an Pflanzen, welche pro Quadratmeter hervorgebracht werden, einer Erhöhung der Anzahl von Ähren pro Pflanze, einer Erhöhung der Anzahl an Ackerreihen, der Anzahl von Kernen pro Reihe, des Kerngewichts, des Tausendkerngewichts, der/des Ährenlänge/durchmessers, einer Erhöhung der Samenfüllrate (welche die Anzahl an gefüllten Samen dividiert durch die Gesamtzahl an Samen und multipliziert mit 100 ist). Nimmt man Reis als Beispiel, so kann sich eine Ertragserhöhung unter anderem als Erhöhung eines oder mehrerer der Folgenden zeigen: Anzahl an Pflanzen pro Quadratmeter, Anzahl von Rispen pro Pflanze, Rispenlänge, Anzahl an Ährchen pro Rispe, Anzahl an Blüten (Blütchen) pro Rispe, einer Erhöhung der Samenfüllrate (welche die Anzahl an gefüllten Samen dividiert durch die Gesamt-

zahl an Samen und multipliziert mit 100 ist), einer Erhöhung des Tausendkerngewichts. Bei Reis kann auch eine Toleranz gegenüber Untertauchen zu einem erhöhten Ertrag führen.

Früh-Wuchskraft

[0144] "Früh-Wuchskraft" bezieht sich auf aktives gesundes, gut ausgewogenes Wachstum, insbesondere während der frühen Stadien des Pflanzenwachstums, und kann aus einer erhöhten Pflanzenfitness resultieren, beispielsweise aufgrund dessen, dass die Pflanzen besser an ihre Umgebung angepasst sind (d. h. Optimieren der Verwendung von Energieressourcen und der Aufteilung zwischen Spross und Wurzel). Pflanzen mit Früh-Wuchskraft zeigen außerdem erhöhtes Setzling-Überleben und eine bessere Hervorbringung der Nutzpflanze, was häufig zu sehr gleichmäßigen Feldern (wobei die Nutzpflanze in gleichmäßiger Weise wächst, d. h. die Mehrheit der Pflanzen die verschiedenen Stadien der Entwicklung im Wesentlichen zur gleichen Zeit erreicht) und oftmals zu einem besseren und höheren Ertrag führt. Deshalb kann die Früh-Wuchskraft durch Messen verschiedener Faktoren, wie etwa Tausendkerngewicht, Prozentsatz der Keimung, Prozentsatz der Emergenz, Setzlingswachstum, Setzlingshöhe, Wurzellänge, Wurzel- und Sprossbiomasse und vielen anderen, bestimmt werden.

Erhöhte Wachstumsrate

[0145] Die erhöhte Wachstumsrate kann für einen oder mehrere Teile einer Pflanze (einschließlich Samen) spezifisch sein oder kann im Wesentlichen überall in der gesamten Pflanze herrschen. Pflanzen mit einer erhöhten Wachstumsrate können einen kürzeren Lebenszyklus aufweisen. Der Lebenszyklus einer Pflanze kann sich so verstehen, dass die Zeit gemeint ist, welche benötigt wird, um von einem trockenen reifen Samen bis zu dem Stadium heranzuwachsen, in welchem die Pflanze trockene reife Samen erzeugt hat, die ähnlich zum Ausgangsmaterial sind. Dieser Lebenszyklus kann von Faktoren, wie Keinschnelligkeit, Früh-Wuchskraft, Wachstumsrate, Grünheits-Index, Blütezeit und Geschwindigkeit der Samenreifung, beeinflusst werden. Die Erhöhung der Wachstumsrate kann an einer oder mehreren Stufen im Lebenszyklus einer Pflanze oder im Wesentlichen während des gesamten Pflanzenlebenszyklus stattfinden. Eine erhöhte Wachstumsrate während der frühen Stadien im Lebenszyklus einer Pflanze kann eine gesteigerte Wuchskraft reflektieren. Die Erhöhung in der Wachstumsrate kann den Erntezyklus einer Pflanze verändern, was gestattet, dass Pflanzen später ausgesät und/oder früher geerntet werden, als es sonst möglich wäre (ein ähnlicher Effekt kann mit einer früheren Blütezeit erreicht werden). Wenn die Wachstumsrate ausreichend erhöht ist, kann sie das weitere Aussäen von Samen derselben Pflanzenspezies ermöglichen (zum Beispiel Säen und Ernten von Reispflanzen, gefolgt von Säen und Ernten weiterer Reispflanzen, sämtlich innerhalb einer herkömmlichen Wachstumsperiode). Wenn die Wachstumsrate ausreichend erhöht wird, kann sie, in ähnlicher Weise, das weitere Aussäen von Samen anderer Pflanzenspezies ermöglichen (zum Beispiel das Säen und Ernten von Maispflanzen, gefolgt zum Beispiel von Aussaat und gegebenenfalls Ernte von Sojabohne, Kartoffel oder einer beliebigen anderen geeigneten Pflanze). Im Falle mancher Nutzpflanzen kann auch das mehrmalige Abernten vom gleichen Wurzelstock möglich sein. Das Ändern des Erntezyklus einer Pflanze kann zu einer Erhöhung der jährlichen Biomasseproduktion pro Quadratmeter führen (aufgrund einer Erhöhung der Mehrmaligkeit (z. B. in einem Jahr), bei der eine beliebige jeweilige Pflanze angebaut und geerntet werden kann). Eine Erhöhung der Wachstumsrate kann auch die Kultivierung transgener Pflanzen in einem weiteren geographischen Gebiet als bei ihren Wildtyp-Gegenstücken zulassen, da die territorialen Eingrenzungen für den Anbau einer Nutzpflanze häufig von nachteiligen Umweltbedingungen entweder zur Zeit des Pflanzens (frühe Jahreszeit) oder zur Zeit des Erntens (späte Jahreszeit) bestimmt werden. Derartige nachteilige Bedingungen können vermieden werden, wenn der Erntezyklus verkürzt wird. Die Wachstumsrate lässt sich durch Ableiten verschiedener Parameter aus den Wachstumskurven bestimmen, wobei es sich bei den Parametern unter anderem um die folgenden handeln kann: T-Mid (die Zeit, die Pflanzen zum Erreichen von 50% ihrer Maximalgröße benötigen) und T-90 (die Zeit, die Pflanzen zum Erreichen von 90% ihrer Maximalgröße benötigen).

Stressresistenz

[0146] Eine Erhöhung des Ertrags und/oder der Wachstumsrate tritt ungeachtet dessen, ob sich die Pflanze unter Nichtstressbedingungen befindet oder ob die Pflanze verschiedenen Stressformen ausgesetzt ist, im Vergleich zu Kontrollpflanzen auf. Pflanzen reagieren in der Regel auf eine Exposition an Stress, indem sie langsamer wachsen. Bei Bedingungen von starkem Stress kann die Pflanze das Wachstum sogar vollständig einstellen. Mäßiger Stress ist demgegenüber hierin als jeglicher Stress definiert, dem eine Pflanze ausgesetzt ist, der nicht dazu führt, dass die Pflanze das Wachstum vollständig ohne Fähigkeit zur Wiederaufnahme des Wachstums einstellt. Mäßiger Stress im Sinne der Erfindung führt zu einer Verringerung des Wachstums der gestressten Pflanzen von weniger als 40%, 35%, 30%, oder 25%, weiter bevorzugt weniger als 20% oder

15%, im Vergleich zur Kontrollpflanze unter Nichtstressbedingungen. Auf Grund der Fortschritte in den landwirtschaftlichen Praktiken (Bewässerungs-, Düngungs-, Pestizidbehandlungen) werden starke Stressfaktoren bei kultivierten Nutzpflanzen nicht häufig angetroffen. Als eine Konsequenz ist das von mäßigem Stress induzierte beeinträchtigte Wachstum häufig ein unerwünschtes Merkmal für die Landwirtschaft. Mäßige Stressfaktoren sind die alltäglichen biotischen und/oder abiotischen (umweltbedingten) Stressfaktoren, denen eine Pflanze ausgesetzt ist. Abiotische Stressfaktoren können zurückzuführen sein auf Dürre oder überschüssiges Wasser, anaeroben Stress, Salzstress, chemische Toxizität, oxidativen Stress und heiße, kalte oder Frost-Temperaturen. Der abiotische Stress kann ein osmotischer Stress sein, der von einem Wasserstress (insbesondere wegen Dürre), Salzstress, oxidativen Stress oder einem ionischen Stress verursacht wird. Biotische Stressfaktoren sind typischerweise diejenigen Stressarten, welchen von Pathogenen wie Bakterien, Viren, Pilzen, Nematoden und Insekten hervorgerufen werden.

[0147] Im Besonderen können die Verfahren der vorliegenden Erfindung unter Nichtstressbedingungen oder unter Bedingungen mit milder Dürre durchgeführt werden, wodurch man Pflanzen mit erhöhtem Ertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält. Wie von Wang et al. (Planta (2003) 218: 1–14) berichtet, führt abiotischer Stress zu einer Reihe von morphologischen, physiologischen, biochemischen und molekularen Veränderungen, welche Pflanzenwachstum und -produktivität nachteilig beeinflussen. Dürre, Salzgehalt, extreme Temperaturen und oxidativer Stress sind bekanntermaßen miteinander verbunden und können Wachstums- und Zellschaden durch ähnliche Mechanismen herbeiführen. Rabbani et al. (Plant Physiol (2003) 133: 1755–1767) beschreibt ein besonders hohes Ausmaß an "Wechselverbindung" zwischen Dürre-Stress und Stress durch hohen Salzgehalt. Zum Beispiel manifestieren sich Dürre und/oder Versalzung hauptsächlich als osmotischer Stress, was zur Zerstörung von Homeostase und Ionenverteilung in der Zeile führt. Oxidativer Stress, welcher Stress durch hohe oder niedrige Temperatur, Salzgehalt oder Dürre oft begleitet, kann die Denaturierung von funktionellen Proteinen und Strukturproteinen verursachen. Als Konsequenz aktivieren diese verschiedenartigen Umwelt-Stressfaktoren häufig ähnliche Zell-Signalwege und zelluläre Antworten, wie etwa die Produktion von Stressproteinen, die Heraufregulierung von Antioxidantien, die Akkumulierung von kompatiblen gelösten Stoffen und einen Wachstumsstillstand. Der Begriff "Nichtstress" bedingungen, wie hierin verwendet, bezeichnet diejenigen Umweltbedingungen, welche ein optimales Wachstum von Pflanzen gestatten. Der Fachmann auf dem Gebiet kennt normale Bodenbedingungen und klimatische Bedingungen für eine gegebene Örtlichkeit. Pflanzen mit optimalen Wachstumsbedingungen (die unter Nichtstressbedingungen kultiviert wurden) ergeben typischerweise, mit zunehmender Präferenz, mindestens 97%, 95%, 92%, 90%, 87%, 85%, 83%, 80%, 77% oder 75% der durchschnittlichen Produktion einer solchen Pflanze in einer beliebigen gegebenen Umgebung. Die durchschnittliche Produktion kann auf der Grundlage von Ernte und/oder Saison berechnet werden. Der Fachmann auf dem Gebiet kennt Durchschnittsertrags-Produktionen einer Nutzpflanze.

[0148] Ein Nährstoffmangel kann aus einem Mangel an Nährstoffen wie unter anderem Stickstoff, Phosphaten und anderen phosphorhaltigen Verbindungen, Kalium, Calcium, Magnesium, Mangan, Eisen und Bor resultieren.

[0149] Der Begriff Salzstress ist nicht auf Kochsalz (NaCl) beschränkt, sondern kann sich unter anderem auch auf eine oder mehrere der folgenden Substanzen beziehen: NaCl, KCl, LiCl, MgCl₂, CaCl₂.

Erhöhen/Verbessern/Steigen

[0150] Die Begriffe "erhöhen", "verbessern" oder "steigern" sind austauschbar und sollen im Sinne der Patentanmeldung mindestens 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9% oder 10%, vorzugsweise mindestens 15% oder 20%, weiter bevorzugt 25%, 30%, 35% oder 40% mehr Ertrag und/oder Wachstum im Vergleich zu Kontrollpflanzen, wie hierin definiert, bedeuten.

Samenertrag

[0151] Erhöhter Samenertrag kann eines oder mehrere der Folgenden sein: a) eine Erhöhung der Samenbiomasse (Gesamtsamengewicht), welche auf Einzelsamen-Basis und/oder pro Pflanze und/oder pro Quadratmeter bezogen sein kann; b) erhöhte Anzahl von Blüten pro Pflanze; c) erhöhte Anzahl von (gefüllten) Samen; d) erhöhte Samenfüllrate (welche als das Verhältnis zwischen der Zahl gefüllter Samen, dividiert durch die Gesamtzahl an Samen ausgedrückt wird); e) erhöhter Ernteindex, der als ein Verhältnis des Ertrags an erntefähigen Teilen, wie Samen, dividiert durch die Gesamtbiomasse, ausgedrückt wird; und f) erhöhtes Tausenderngewicht (TKW), was aus der Anzahl gezählter gefüllter Samen und deren Gesamtgewicht extrapoliert wird. Ein erhöhtes TKW kann aus erhöhter Samengröße und/oder Samengewicht resultieren, und kann auch aus einer Erhöhung der Embryo- und/oder Endospermgröße resultieren.

[0152] Eine Erhöhung im Samenertrag kann sich auch als eine Erhöhung in Samengröße und/oder Samenvolumen manifestieren. Ferner kann sich eine Erhöhung des Samenertrags auch als eine Erhöhung bei Samenfläche und/oder Samenlänge und/oder Samenbreite und/oder Samenumfang manifestieren. Erhöhter Ertrag kann auch zu modifizierter Architektur führen oder kann aufgrund einer modifizierten Architektur auftreten.

Grünheits-Index

[0153] Der "Grünheits-Index", wie hierin verwendet, wird aus Digitalbildern von Pflanzen berechnet. Für jedes Pixel, das zu dem Pflanzenobjekt auf dem Bild gehört, wird das Verhältnis des Grünwerts gegenüber dem Rotwert (im RGB-Modell zum Codieren von Farbe) berechnet. Der Grünheits-Index wird als der Prozentsatz an Pixeln ausgedrückt, für den das Grün-zu-Rot-Verhältnis einen gegebenen Schwellenwert übersteigt. Unter normalen Wachstumsbedingungen, unter Salzstress-Wachstumsbedingungen und unter Wachstumsbedingungen mit verringerter Nährstoffverfügbarkeit wird der Grünheits-Index von Pflanzen in der letzten Abbildung vor dem Aufblühen gemessen. Im Gegensatz dazu wird der Grünheits-Index von Pflanzen unter Dürrestress-Wachstumsbedingungen in der ersten Abbildung nach der Dürre gemessen.

Marker-unterstützte Züchtungsprogramme

[0154] Solche Züchtungsprogramme erfordern manchmal das Einbringen von allelischer Variation durch mutagene Behandlung der Pflanzen, wobei zum Beispiel EMS-Mutagenese angewandt wird; alternativ dazu kann das Programm mit einer Sammlung von Allelvarianten mit unabsichtlich verursachtem sogenanntem "natürlichen" Ursprung beginnen. Die Identifizierung allelischer Varianten findet dann zum Beispiel mittels PCR statt. Hierauf folgt ein Schritt zur Selektion von höherwertigen Allelvarianten der betreffenden Sequenz, welche erhöhten Ertrag ergeben. Die Selektion wird in der Regel durch Überwachen der Wachstumsleistung von Pflanzen, die verschiedene Allelvarianten der betreffenden Sequenz enthalten, ausgeführt. Die Wachstumsleistung kann in einem Gewächshaus oder auf dem Feld überwacht werden. Weitere wahlfreie Schritte beinhalten das Kreuzen von Pflanzen, in denen die höherwertige Allelvariante identifiziert worden ist, mit einer anderen Pflanze. Dies konnte beispielsweise angewandt werden, um eine Kombination interessanter phänotypischer Merkmale zu erzeugen.

Verwendung als Sonden beim Genkartieren

[0155] Die Verwendung von für das interessierende Protein codierenden Nukleinsäuren zur genetischen und physikalischen Kartierung der Gene erfordert lediglich eine Nukleinsäuresequenz von mindestens 15 Nukleotiden Länge. Diese Nukleinsäuren können als Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus(RFLP)-Marker verwendet werden. Southern-Blots (Sambrook J., Fritsch, EF., und Maniatis, T., (1989) *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*) von restriktionsverdauter pflanzlicher genomischer DNA können mit den für das interessierende Protein codierenden Nukleinsäuren sondiert werden. Die resultierenden Bandenmuster können dann genetischen Analysen mit Hilfe von Computerprogrammen wie MapMaker (Lander et al. (1987) *Genomics* 1: 174–181) unterzogen werden, um eine genetische Karte zu erstellen. Darüber hinaus können die Nukleinsäuren verwendet werden, um Southern-Blots zu sondieren, die mit Restriktionsendonuklease behandelte genomische DNAs aus einer Auswahl von Individuen enthalten, welche Eltern und Nachkommen einer definierten genetischen Kreuzung repräsentieren. Die Segregation der DNA-Polymorphismen wird aufgezeichnet und verwendet, um die Position der für das interessierende Protein codierenden Nukleinsäure in der genetischen Karte zu berechnen, welche zuvor unter Verwendung dieser Population erhalten wurde (Kotstein et al. (1980) *Am. J. Hum. Genet.* 32: 314–331).

[0156] Die Herstellung und Anwendung von pflanzenabgeleiteten Sonden zur Verwendung in der genetischen Kartierung ist in Bernatzky und Tanksley (1986) *Plant Mol. Biol. Reporter* 4: 37–41 beschrieben. Zahlreiche Veröffentlichungen beschreiben die genetische Kartierung von spezifischen cDNA-Klonen unter Anwenden der oben geschilderten Methodik oder Variationen davon. Zum Beispiel können F2-Intercross-Populationen, Rückkreuzungs-Populationen, wahllos gekreuzte Populationen, beinaheisogene Linien und andere Individuengruppierungen für die Kartierung verwendet werden. Derartige Methodiken sind dem Fachmann allgemein bekannt.

[0157] Die Nukleinsäuresequenz-Sonden können auch für eine physikalische Kartierung verwendet werden (d. h. Platzierung von Sequenzen auf physikalischen Karten; siehe Hoheisel et al. in: *Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide*, Academic Press 1996, S. 319–346, und darin zitierte Literaturstellen).

[0158] In einer anderen Ausführungsform können die Nukleinsäuresonden bei der direkten Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung(FISH)-Kartierung verwendet werden (Trask (1991) Trends Genet. 7: 149–154). Obwohl derzeitige Verfahren zur FISH-Kartierung die Verwendung großer Klone begünstigen (mehrere kb bis einige hundert kb; siehe Laan et al. (1995) Genome Res. 5: 13–20), können Verbesserungen der Empfindlichkeit eine Ausführung der FISH-Kartierung unter Verwendung kürzerer Sonden erlauben.

[0159] Eine Vielzahl von auf Nukleinsäure-Amplifikation basierenden Verfahren zur genetischen und physikalischen Kartierung kann unter Verwendung der Nukleinsäuren durchgeführt werden. Zu Beispielen zählen die allelspezifische Amplifikation (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11: 95–96), Polymorphismus von PCR-amplifizierten Fragmenten (CAPS; Sheffield et al. (1993) Genomics 16: 325–332), allelspezifische Ligation (Lande-gren et al. (1988) Science 241: 1077–1080), Nukleotid-Verlängerungsreaktionen (Sokolov (1990) Nucleic Acid Res. 18: 3671), Radiation Hybrid Mapping bzw. Bestrahlungs-Hybridkartierung (Walter et al. (1997) Nat. Genet. 7: 22–28) und Happy Mapping (Dear und Cook (1989) Nucleic Acid Res. 17: 6795–6807). Für diese Verfahren wird die Sequenz einer Nukleinsäure verwendet, um Primerpaare zur Verwendung in der Amplifikationsreaktion oder in Primerverlängerungsreaktionen zu entwerfen und herzustellen. Das Entwerfen derartiger Primer ist dem Fachmann auf dem Gebiet allgemein bekannt. In Verfahren unter Anwendung von PCR-basierter genetischer Kartierung kann es notwendig sein, DNA-Sequenzunterschiede zwischen den Eltern der Kartierungskreuzung in der Region zu identifizieren, die der vorliegenden Nukleinsäuresequenz entspricht. Dies ist jedoch im Allgemeinen für Kartierungsverfahren nicht notwendig.

Pflanze

[0160] Der Begriff "Pflanze", wie hierin verwendet, umfasst ganze Pflanzen, Vorfahren und Nachkommen der Pflanzen sowie Pflanzenteile, einschließlich Samen, Sprosse, Stängel, Blätter, Wurzeln (einschließlich Knollen), Blüten und Gewebe und Organe, wobei jedes der zuvor genannten das Gen/die Nukleinsäure von Interesse umfasst. Der Begriff "Pflanze" beinhaltet außerdem Pflanzenzellen, Suspensionskulturen, Callusgewebe, Embryonen, meristematische Regionen, Gametophyten, Sporophyten, Pollen und Mikrosporen, wobei wiederum jedes der zuvor genannten das Gen/die Nukleinsäure von Interesse umfasst.

[0161] Zu Pflanzen, welche in den Verfahren der Erfindung besonders nützlich sind, zählen alle Pflanzen, die der Superfamilie Viridiplantae angehören, insbesondere monokotyle und dikotyle Pflanzen, einschließlich Viehfutter- oder Grünfutter-Leguminosen, Zierpflanzen, Nahrungspflanzen, Bäume oder Sträucher, die aus der Liste ausgewählt sind, die unter anderem *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Abelmoschus* spp., *Agave sisalana*, *Agropyron* spp., *Agrostis stolonifera*, *Allium* spp., *Amaranthus* spp., *Ammophila arenaria*, *Ananas comosus*, *Annona* spp., *Apium graveolens*, *Arachis* spp., *Artocarpus* spp., *Asparagus officinalis*, *Avena* spp. (z. B. *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida*), *Averrhoa carambola*, *Bambusa* sp., *Benincasa hispida*, *Bertholletia excelsea*, *Beta vulgaris*, *Brassica* spp. (z. B. *Brassica napus*, *Brassica rapa* ssp. [*Canola*, *Olsamenraps*, *Rübsen*]), *Cadaba farinosa*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Cannabis sativa*, *Capsicum* spp., *Carex elata*, *Carica papaya*, *Carissa macrocarpa*, *Carya* spp., *Carthamus tinctorius*, *Castanea* spp., *Ceiba pentandra*, *Cichorium endivia*, *Cinnamomum* spp., *Citrullus lanatus*, *Citrus* spp., *Cocos* spp., *Coffea* spp., *Calocasia esculenta*, *Cola* spp., *Corchorus* sp., *Coriandrum sativum*, *Corylus* spp., *Crataegus* spp., *Crocus salivus*, *Cucurbita* spp., *Cucumis* spp., *Cynara* spp., *Daucus carota*, *Desmodium* spp., *Dimocarpus longan*, *Dioscorea* spp., *Diospyros* spp., *Echinochloa* spp., *Elaeis* (z. B. *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana*, *Eragrostis tef*, *Erianthus* sp., *Eriobotrya japonica*, *Eucalyptus* sp., *Eugenia uniflora*, *Fagopyrum* spp., *Fagus* spp., *Festuca arundinacea*, *Ficus carica*, *Fortunella* spp., *Fragaria* spp., *Ginkgo biloba*, *Glycine* spp. (z. B. *Glycine max*, *Soja hispida* oder *Soja max*), *Gossypium hirsutum*, *Helianthus* spp. (z. B. *Helianthus annuus*), *Hemerocallis fulva*, *Hibiscus* spp., *Hordeum* spp. (z. B. *Hordeum vulgare*), *Ipomoea batatas*, *Juglans* spp., *Lactuca sativa*, *Lathyrus* spp., *Lens culinaris*, *Linum usitatissimum*, *Litchi chinensis*, *Lotus* spp., *Luffa acutangula*, *Lupinus* spp., *Luzula sylvatica*, *Lycopersicon* spp. (z. B. *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*), *Macrotyloma* spp., *Malus* spp., *Malpighia emarginata*, *Mammea americana*, *Mangifera indica*, *Manihot* spp., *Manilkara zapota*, *Medicago sativa*, *Melilotus* spp., *Mentha* spp., *Miscanthus sinensis*, *Momordica* spp., *Morus nigra*, *Musa* spp., *Nicotiana* spp., *Olea* spp., *Opuntia* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp. (z. B. *Oryza sativa*, *Oryza latifolia*), *Panicum miliaceum*, *Panicum virgatum*, *Passiflora edulis*, *Pastinaca sativa*, *Pennisetum* sp., *Persea* spp., *Petroselinum crispum*, *Phalaris arundinacea*, *Phaseolus* spp., *Phleum pratense*, *Phoenix* spp., *Phragmites australis*, *Physalis* spp., *Pinus* spp., *Pistacia vera*, *Pisum* spp., *Poa* spp., *Populus* spp., *Prosopis* spp., *Prunus* spp., *Psidium* spp., *Punica granatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Raphanus sativus*, *Rheum rhabarbarum*, *Ribes* spp., *Ricinus communis*, *Rubus* spp., *Saccharum* spp., *Salix* sp., *Sambucus* spp., *Secale cereale*, *Sesamum* spp., *Sinapis* sp., *Solanum* spp. (z. B. *Solanum tuberosum*, *Solanum integrifolium* oder *Solanum lycopersicum*), *Sorghum bicolor*, *Spinacia* spp., *Syzygium* spp., *Tagetes* spp., *Tamarindus indica*, *Theobroma cacao*, *Trifolium* spp., *Tripsacum dactyloides*, *Triticosecale rimpai*, *Tri-*

ticum spp. (z. B. Triticum aestivum, Triticum durum, Triticum turgidum, Triticum hybernum, Triticum macha, Triticum sativum, Triticum monococcum oder Triticum vulgare), Tropaeolum minus, Tropaeolum majus, Vaccinium spp., Vicia spp., Vigna spp., Viola odorata, Vitis spp., Zea mays, Zizania palustris, Ziziphus spp. umfasst.

Kontrollpflanze(n)

[0162] Die Auswahl von geeigneten Kontrollpflanzen ist ein routinemäßiger Teil eines experimentellen Ansatzes und kann entsprechende Wildtyp-Pflanzen oder entsprechende Pflanzen ohne das Gen von Interesse einschließen. Die Kontrollpflanze stammt typischerweise aus der gleichen Pflanzenart oder sogar aus der gleichen Varietät wie die zu untersuchende Pflanze. Die Kontrollpflanze kann auch eine Nullizygote der zu untersuchenden Pflanze sein. Nullizygoten sind Individuen, denen das Transgen aufgrund von Segregation fehlt. Eine "Kontrollpflanze", wie hierin verwendet, bezieht sich nicht nur auf ganze Pflanzen, sondern auch auf Pflanzenteile, einschließlich Samen und Samenteilchen.

Ausführliche Beschreibung der Erfindung

[0163] Überraschenderweise wurde nun festgestellt, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält. Gemäß einer ersten Ausführungsform stellt die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereit, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert und gegebenenfalls auf Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen selektiert.

[0164] Die Erfindung stellt außerdem bisher unbekannte, für das BET1-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäuren sowie BET1-ähnliche Polypeptide bereit.

[0165] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird daher ein isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 11 und 95;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 11 und 95;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A1, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (vi) eine Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A1 codiert, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

[0166] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird außerdem ein isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96;
- (ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%,

91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A1, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

[0167] Weiterhin wurde nun überraschenderweise festgestellt, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält. Gemäß einer ersten Ausführungsform stellt die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereit, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert und gegebenenfalls auf Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen selektiert.

[0168] Die Erfindung stellt außerdem bisher unbekannte, für Calreticulin codierende Nukleinsäuren sowie Calreticulin-Polypeptide bereit.

[0169] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird daher ein isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 116, 130, 140, 198 und 228;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 116, 130, 140, 198 und 228;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A2, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (vi) eine Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A2 codiert, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

[0170] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird außerdem ein isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229;
- (ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A2, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

[0171] Weiterhin wurde nun überraschenderweise gefunden, dass man durch Erhöhen der Expression einer für ein wie hier definiertes DUS1L-Polypeptid codierenden Nukleinsäuresequenz in einer Pflanze der Pflanze erhöhte Ertragsmerkmale im Vergleich zu Kontrollpflanzen verleihen kann. Gemäß einer ersten Ausführungsform stellt die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Erhöhung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereit, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein DUS1L-Polypeptid codierenden Nukleinsäuresequenz erhöht.

[0172] Die Erfindung stellt außerdem bisher unbekannte, für DUS1L-Polypeptide codierende Nukleinsäuresequenzen sowie DUS1L-Polypeptide bereit.

[0173] Gemäß einer Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird daher ein isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 264 oder gemäß SEQ ID NR: 292;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 264 oder gemäß SEQ ID NR: 292;
- (iii) eine für ein DUS1L-Polypeptid codierende Nukleinsäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293.

[0174] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird außerdem ein isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293;
- (ii) eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität einer Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293;
- (iii) Derivate von beliebigen der Polypeptidsequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

[0175] Weiterhin wurde nun überraschenderweise festgestellt, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein ES43-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält. Gemäß einer ersten Ausführungsform stellt die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereit, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein ES43-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert und gegebenenfalls auf Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen selektiert.

[0176] Die Erfindung stellt außerdem bisher unbekannte, für das ES43-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäuren sowie ES43-ähnliche Polypeptide bereit.

[0177] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird daher ein isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 308, 370 und 372;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 308, 370 und 372;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A4, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (vi) eine Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A4 codiert, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

[0178] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird außerdem ein isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373;
- (ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A4, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

[0179] Weiterhin wurde nun überraschenderweise festgestellt, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält. Gemäß einer ersten Ausführungsform stellt die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereit, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert und gegebenenfalls auf Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen selektiert.

[0180] Die Erfindung stellt außerdem bisher unbekannte, für das HON5-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäuren sowie HON5-ähnliche Polypeptide bereit.

[0181] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird daher ein isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 393 und 395;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 393 und 395;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 393 und 395 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A5, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (vi) eine Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A5 codiert, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

[0182] Gemäß einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird außerdem ein isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe bereitgestellt:

- (i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396;
- (ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A5, die vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

[0183] Weiterhin wurde nun überraschenderweise festgestellt, dass man durch Modulieren der Expression einer für ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält. Gemäß einer ersten Ausführungsform stellt die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen

bereit, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert und gegebenenfalls auf Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen selektiert.

[0184] Ein bevorzugtes Verfahren zum Modulieren (vorzugsweise Erhöhen) der Expression einer für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure ist die Einführung und Expression einer für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure in einer Pflanze.

[0185] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, so soll im Folgenden jeder Verweis auf ein "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignetes Protein" so verstanden werden, dass damit ein wie hier definiertes BET1-ähnliches Polypeptid gemeint ist. Jeder Verweis auf eine "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignete Nukleinsäure" soll im Folgenden so verstanden werden, dass damit eine Nukleinsäure gemeint ist, die dazu fähig ist, für ein solches BET1-ähnliches Polypeptid zu codieren. Bei der in eine Pflanze einzuführenden (und daher für die Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren geeigneten) Nukleinsäure handelt es sich um eine beliebige Nukleinsäure, die für den im Folgenden beschriebenen Proteintyp codiert und die im Folgenden auch als "BET1-ähnliche Nukleinsäure" oder "BET1-ähnliches Gen" bezeichnet wird.

[0186] Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, so soll im Folgenden jeder Verweis auf ein "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignetes Protein" so verstanden werden, dass damit ein wie hier definiertes Calreticulin-Polypeptid gemeint ist. Jeder Verweis auf eine "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignete Nukleinsäure" soll im Folgenden so verstanden werden, dass damit eine Nukleinsäure gemeint ist, die dazu fähig ist, für ein solches Calreticulin-Polypeptid zu codieren. Bei der in eine Pflanze einzuführenden (und daher für die Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren geeigneten) Nukleinsäure handelt es sich um eine beliebige Nukleinsäure, die für den im Folgenden beschriebenen Proteintyp codiert und die im Folgenden auch als "Calreticulin-Nukleinsäure" oder "Calreticulin-Gen" bezeichnet wird.

[0187] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so soll im Folgenden jeder Verweis auf ein "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignetes Protein" so verstanden werden, dass damit ein wie hier definiertes DUS1L-Polypeptid gemeint ist. Jeder Verweis auf eine "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignete Nukleinsäuresequenz" soll im Folgenden so verstanden werden, dass damit eine Nukleinsäuresequenz gemeint ist, die dazu fähig ist, für ein solches DUS1L-Polypeptid zu codieren. Bei der in eine Pflanze einzuführenden (und daher für die Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren geeigneten) Nukleinsäuresequenz handelt es sich um eine beliebige Nukleinsäuresequenz, die für den im Folgenden beschriebenen Polypeptidtyp codiert, und die im Folgenden auch als "DUS1L-Nukleinsäuresequenz" oder "DUS1L-Gen" bezeichnet wird.

[0188] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, so soll im Folgenden jeder Verweis auf ein "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignetes Protein" so verstanden werden, dass damit ein wie hier definiertes ES43-ähnliches Polypeptid gemeint ist. Jeder Verweis auf eine "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignete Nukleinsäure" soll im Folgenden so verstanden werden, dass damit eine Nukleinsäure gemeint ist, die dazu fähig ist, für ein solches ES43-ähnliches Polypeptid zu codieren. Bei der in eine Pflanze einzuführenden (und daher für die Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren geeigneten) Nukleinsäure handelt es sich um eine beliebige Nukleinsäure, die für den im Folgenden beschriebenen Proteintyp codiert und die im Folgenden auch als "ES43-ähnliche Nukleinsäure" oder "ES43-ähnliches Gen" bezeichnet wird.

[0189] Was HON5-ähnliche Polypeptide betrifft, so soll im Folgenden jeder Verweis auf ein "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignetes Protein" so verstanden werden, dass damit ein wie hier definiertes HON5-ähnliches Polypeptid gemeint ist. Jeder Verweis auf eine "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignete Nukleinsäure" soll im Folgenden so verstanden werden, dass damit eine Nukleinsäure gemeint ist, die dazu fähig ist, für ein solches HON5-ähnliches Polypeptid zu codieren. Bei der in eine Pflanze einzuführenden (und daher für die Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren geeigneten) Nukleinsäure handelt es sich um eine beliebige Nukleinsäure, die für den im Folgenden beschriebenen Proteintyp codiert und die im Folgenden auch als "HON5-ähnliche Nukleinsäure" oder "HON5-ähnliches Gen" bezeichnet wird.

[0190] Was GSA1-Polypeptide betrifft, so soll im Folgenden jeder Verweis auf ein "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignetes Protein" so verstanden werden, dass damit ein wie hier definiertes GSA1-Polypeptid gemeint ist. Jeder Verweis auf eine "für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignete Nukleinsäure" soll im Folgenden so verstanden werden, dass damit eine Nukleinsäure gemeint ist, die dazu fähig ist, für ein solches GSA1-Polypeptid zu codieren. Bei der in eine Pflanze einzuführenden (und daher für die Durchführung der

erfindungsgemäßen Verfahren geeigneten) Nukleinsäure handelt es sich um eine beliebige Nukleinsäure, die für den im Folgenden beschriebenen Proteintyp codiert und die im Folgenden auch als "GSA1-Nukleinsäure" oder "GSA1-Gen" bezeichnet wird.

[0191] Ein "BET1-ähnliches Polypeptid" bezieht sich, so wie es hier definiert ist, auf ein beliebiges Polypeptid mit einer CC-Domäne wie durch SEQ ID NR: 97 definiert: C(X₁)aC(X₂)b(Y)cG(X₃)dC(X₄)C, wobei:

X₁, X₂, X₃ und X₄ für eine beliebige Aminosäure stehen können,

Y für eine beliebige Aminosäure oder keine (keine Aminosäure) stehen kann,

a bis zu 3mal X₁ bedeutet,

b bis zu 7mal X₂ bedeutet,

c bis zu 2mal Y bedeutet,

d bis zu 15mal X₃ bedeutet.

[0192] Bei einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung steht d vorzugsweise für 8-, 10- oder 11 mal die durch X₃ wiedergegebene Aminosäure.

[0193] Eine bevorzugte CC-Domäne gemäß der vorliegenden Erfindung ist eine Domäne mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Domäne gemäß SEQ ID NR: 98: CRLICSSKGFKDGWCDSEVHKVCCC

[0194] Darüber hinaus betrifft eine andere bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung ein BET1-ähnliches Polypeptid, welches die wie oben definierte CC-Domäne und die folgenden Motive Motiv 1 und/oder Motiv 2 umfasst:

Motiv 1: G(W/Y)CD(E/K)(SEQ ID NR: 99);

Motiv 2: EGF (SEQ ID NR: 100)

[0195] Die am meisten bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung betrifft ein BET1-ähnliches Polypeptid, welches die wie oben definierte CC-Domäne und das Motiv 1 (welches in SEQ ID NR: 2 vorhanden ist), ebenfalls wie oben definiert, umfasst.

[0196] Bei einer anderen bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung umfasst das BET1-ähnliche Polypeptid eine Sequenz wie SEQ ID NR: 2:

SEQ ID NR: 2:

MAVMKSSTMVALLAVAILSSLSPCYEAGGCIGKPKKSPPPRKPYPSSY

SEDHQNCRLICSSKGFKDGWCDSEVHKVCCCSH.

[0197] Alternativ dazu hat das Homolog eines BET1-ähnlichen Polypeptids mit zunehmender Präferenz mindestens 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zur der Aminosäure gemäß einem der Polypeptide der Tabelle A1, vorzugsweise gemäß SEQ ID NR: 2, mit der Maßgabe, dass das homologe Protein die wie oben umrissenen konservierten Motive umfasst. Die Gesamtsequenzidentität wird unter Anwendung eines globalen Alignment-Algorithmus, wie dem Needleman-Wunsch-Algorithmus im Programm GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), vorzugsweise mit Standardparametern und vorzugsweise mit Sequenzen reifer Proteine (d. h. ohne Berücksichtigung von Sekretionssignalen oder Transitpeptiden), ermittelt. Im Vergleich zu der Gesamtsequenzidentität wird die Sequenzidentität im Allgemeinen höher sein, wenn lediglich konservierte Domänen oder Motive betrachtet werden.

[0198] Calreticulin-Polypeptide sind im Stand der Technik gut bekannt. (Christianssen et al. 2008. Plant Cell Physiol. 2008 Jun; 49(6): 912–24). Ein Calreticulin-Polypeptid bezieht sich typischerweise auf ein beliebiges Polypeptid, welches drei unterschiedliche Struktur- und Funktionsdomänen mit weit definierten Grenzen umfasst: die nahezu neutrale N-Domäne, die prolinreiche P-Domäne und die polyacidische C-Domäne ([Fig. 4](#)).

[0199] Ein bevorzugtes, für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignetes Calreticulin-Polypeptid umfasst eines oder mehrere der folgenden Motive:

- (i) Motiv 3: PXXIXDPXXKKPEXWDD (SEQ ID NR: 246),
- (ii) Motiv 4: GXWXXXIXNXPXYK (SEQ ID NR: 247),
- (iii) Motiv 5: E[VL]WQVK (SEQ ID NR: 248),
- (iv) Motiv 6: TLV[FL]QFSVKHEQKLDCCGGY[MV]KLLSGDVDQKKFGG[DE]TPYSI MFGPDICGY (SEQ ID NR: 249), welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide der CRT1/2-Gruppe steht;
- (v) Motiv 7: TPYS[LF]MFGPD[IL]CGTQTKKLH[VL]ILSYQQNYPIKKDL[QE]CETDKLTH[FV]YTF1 (SEQ ID NR: 250), welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide der CRT3-Gruppe steht;
- (vi) Motiv 8: N[HY][LP]IKK[DE][VL]PCETD[QK]LTH[VF]YTFI[LI]RPDA[TS]YSILIDN[VR]E[KR][QE][TS]GS[LM]Y[TS]DWD[IL]L (SEQ ID NR: 251), welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide des Reiches der Viridiplantae steht;
- (vii) Motiv 9: QKKFGGDTPYSIMFGPDICGY[SQ]TKK[VL]H[AV]I] (SEQ ID NR: 252) welches für typische CRT-Polypeptide eukaryontischen Ursprungs steht;
- (viii) ein Motiv mit mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zu einem der Motive (i) bis (vii);

wobei "X" für eine beliebige Aminosäure steht und wobei in Klammern "[]" angeführte Aminosäuren für alternative Aminosäuren an dieser Stelle stehen.

[0200] Bevorzugte erfindungsgemäße Calreticulin-Polypeptide umfassen ein Signalpeptid im N-Terminus und ein ER-Retentionssignal ((H/K)DEL) im C-Terminus, vorzugsweise eines der in Christianssen et al. 2008 offenbarten.

[0201] Ein bevorzugtes erfindungsgemäßes Polypeptid bezieht sich mit zunehmender Präferenz auf ein beliebiges Polypeptid der Tabelle A2, ein Ortholog oder ein Homolog einer der in Tabelle A2 angeführten Calreticulin-Polypeptide.

[0202] Alternativ dazu hat das Homolog eines Calreticulin-Proteins mit zunehmender Präferenz mindestens 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zur Aminosäure gemäß SEQ ID NR: 105, mit der Maßgabe, dass das homologe Protein die wie oben umrissenen konservierten Motive umfasst. Die Gesamtsequenzidentität wird unter Anwendung eines globalen Alignment-Algorithmus, wie dem Needleman-Wunsch-Algorithmus im Programm GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), vorzugsweise mit Standardparametern und vorzugsweise mit Sequenzen reifer Proteine (d. h. ohne Berücksichtigung von Sekretionssignalen oder Transitpeptiden), ermittelt. Ein Vergleich zu der Gesamtsequenzidentität wird die Sequenzidentität im Allgemeinen höher sein, wenn lediglich konservierte Domänen oder Motive betrachtet werden.

[0203] Vorzugsweise bildet die Polypeptidsequenz, die, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Christensen et al. 2008-Fig. 1 gezeigten und hier in [Fig. 5](#) wiedergegebenen verwendet wird, Cluster mit der Gruppe von At_CRT1a- oder At_CRT1b-, Os_CRT1a- oder Os_CRT1b- und Os_CRT3- oder At_CRT3-Polypeptiden, vorzugsweise mit der Gruppe von At_CRT1a oder At_CRT1b, Os_CRT1a oder Os_CRT1b. Alternativ dazu bildet die Polypeptidsequenz, die, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Beispiel 2 beschriebenen verwendet wird, Cluster mit einem der Polypeptide aus den folgenden phylogenetischen Klassen: Klasse 1-CRT1, 2-CRT3, 3-Algen, 4-Tier und 5-Protist von Beispiel 2, vorzugsweise mit Klasse 1-CRT1.

[0204] Ein wie hier definiertes "DUS1L-Polypeptid" bezieht sich auf ein beliebiges Polypeptid, welches (i) eine tRNA-Dihydrouridinsynthesedomäne mit dem InterPro-Eintrag IPR001269; (ii) eine TIM-Barrel-Domäne vom Aldolasetyp mit dem InterPro-Eintrag IPR013785 und (iii) eine konservierte Stelle einer tRNA-Dihydrouridinsynthese mit dem InterPro-Eintrag IPR018517 umfasst.

[0205] Alternativ dazu oder zusätzlich bezieht sich ein wie hier definiertes "DUS1L-Polypeptid" auf ein beliebiges Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%,

90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthesedomäne gemäß SEQ ID NR: 294.

[0206] Alternativ dazu oder zusätzlich bezieht sich ein wie hier definiertes "DUS1L-Polypeptid" auf eine beliebige Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einem Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259.

[0207] Alternativ dazu oder zusätzlich bezieht sich ein wie hier definiertes "DUS1L-Polypeptid" auf ein beliebiges Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% Oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer der hier in Tabelle A3 angeführten Polypeptidsequenzen.

[0208] Zusätzlich kann ein wie hier definiertes "DUS1L-Polypeptid" einen E. coli-Stamm, dem eine tRNA-Dihydrouridinsyntheseaktivität fehlt, funktionell komplementieren, wodurch der tRNA-Dihydrouridgehalt erhöht wird.

[0209] Ein wie hier definiertes "ES43-ähnliches Polypeptid" bezieht sich auf ein beliebiges Polypeptid, welches eine BAH-Domäne (Pfam-Zugangsnummer: PF01426) und eine PHD-Domäne (Pfam-Zugangsnummer: PF00628) umfasst.

[0210] Eine BAH-Domäne ist im Stand der Technik gut bekannt (Callebaut et al. FEBS Letts 1999; 446: 189–193). Eine PDH-Domäne ist im Stand der Technik gut bekannt (Aasland R, et al. Trends Biochem. Sci. 1995; 20: 56–59). Methoden zum Identifizieren einer BAH-Domäne und einer PHD-Domäne sind im Stand der Technik gut bekannt, zum Beispiel die Identifikation durch das Konsultieren von Strukturdomänendatenbanken und/oder Sequenzdomänendatenbanken.

[0211] Beispiele für Strukturdatenbanken:

- CATH (Orengo et al. (1997). Structure, 5, 1093–1108; Alison et al. Nucleic Acids Research, 2009, Band 37).
- DALI (Holm, 2008. Bioinformatics 24, 2780–2781)
- SCOP (Murzin et al. J. Mol. Biol. 247, 536–540; Aridreeva et al. Nucl. Acids Res. 36: D419–D425)

[0212] Beispiele für Sequenzdomänendatenbanken:

- InterPro (Hunters et al. 2009 Nucleic Acids Res. 37 (Database Issue): D224–228; Quevillon et al. 2005 Nucleic Acids Res. 33 (Web Server issue): W116–W120).
- Pfam (Finn Nucleic Acids Research (2008) Database Issue 36: D281–D288).
- SMART (Schultz et al. (1998) PNAS 95: 5857–5864; Letunic et al. 2004, NAR 32, D142–D144).
- NCBI Conserved Domain Database (Marchler-Bauer et al. Nucleic Acids Res. 2007; 35 (Database Issue) : D237–40).
- SUPERFAMILY Library of HMMs representing superfamilies und database of (superfamily und family) annotations for all completely sequenced organisms (Gough et al. J. Mol. Biol., 313(4), 903–919).

[0213] Nähere Angaben, wie man spezielle Proteindomänendatenbanken nutzt, finden sich im Beispielteil.

[0214] Ein bevorzugtes erfindungsgemäßes ES43-ähnliches Polypeptid ist ein Polypeptid, welches eine Domäne mit einer Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50% 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zur Aminosäuresequenz von SEQ ID NR: 374 (BAH-Domäne von SEQ ID NR: 299) oder zur Aminosäuresequenz von SEQ ID NR: 375 (PHD-Domäne von SEQ ID NR: 299) umfasst.

[0215] Besonders bevorzugt umfasst das erfindungsgemäße ES43-ähnliche Polypeptid eines oder mehrere beliebige der folgenden Proteinmotive:

- (i) Motiv 10: VRVVRWYY (SEQ ID NR: 376);
- (ii) Motiv 11: RPEE (SEQ ID NR: 377);
- (iii) Motiv 12: TIEGKC (SEQ ID NR: 378);
- (iv) Motiv 13: GDCVLMR (SEQ ID NR: 379);

- (v) Motiv 14: YVAR (SEQ ID NR: 380);
- (vi) Motiv 15: GAKE (SEQ ID NR: 381);
- (vii) Motiv 16: CRFEY (SEQ ID NR: 382);
- (viii) Motiv 17: HEAT (SEQ ID NR: 383)

[0216] Ein noch weiter bevorzugtes ES43-ähnliches Polypeptid ist ein Homolog, vorzugsweise ein Paralog oder Ortholog, des ES43-ähnlichen Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 299.

[0217] Vorzugsweise befindet sich die BAH-Domäne am N-Terminus des ES43-ähnlichen Polypeptids, während sich die PHD-Domäne am C-Terminus befindet.

[0218] Alternativ dazu hat das Homolog eines ES43-ähnlichen Proteins mit zunehmender Präferenz mindestens 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zur Aminosäure gemäß SEQ ID NR: 299, mit der Maßgabe, dass das homologe Protein die wie oben umrissenen konservierten Domänen umfasst. Die Gesamtsequenzidentität wird unter Anwendung eines globalen Alignment-Algorithmus, wie dem Needleman-Wunsch-Algorithmus im Programm GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), vorzugsweise mit Standardparametern und vorzugsweise mit Sequenzen reifer Proteine (d. h. ohne Berücksichtigung von Sekretionssignalen oder Transitpeptiden), ermittelt. Im Vergleich zu der Gesamtsequenzidentität wird die Sequenzidentität im Allgemeinen höher sein, wenn lediglich konservierte Domänen oder Motive betrachtet werden. Für lokale Alignments ist der Smith-Waterman-Algorithmus besonders nützlich (Smith TF, Waterman MS (1981) J. Mol. Biol 147(1); 195–7).

[0219] Ein wie hier definiertes "HON5-ähnliches Polypeptid" bezieht sich auf ein beliebiges Polypeptid, welches eine Histon-H1/H5-Domäne (Pfam: PF00538; Interpro: IPR005818) und mindestens zwei, vorzugsweise zwei, drei, vier, fünf, sechs oder sieben AT-Hook-Domänen (Pfam: PF02178; Interpro: IPR000637) umfasst.

[0220] Histon-H1/H5-Proteindomänen (Pfam: PF00538; Interpro: IPR005818) sind im Stand der Technik gut bekannt. Die Histon-H1/H5-Proteindomäne kann durch die folgende Konsensussequenz wiedergegeben werden: HPPYAEMIAIAALKEDGSSKAIKYIERYTGLPPHSALLTHHLKRLKSSGLLMVKKSYKL AS (SEQ ID NR: 411). Die Konsensussequenz zeigt, welche Reste in H1- oder H5-Proteinen verschiedenen Ursprungs in der Histon-H1/H5-Domäne in den jeweiligen Positionen am meisten konserviert (abundant) sind. Dem Fachmann wird bewusst sein, dass die Histon-H1/H5-Domäne bei spezifischen H1-Polypeptiden sich von der im Konsensus angegebenen unterscheiden kann, während die Gesamthomologie entlang der Domäne erhalten bleibt.

[0221] Eine bevorzugte in HON5-ähnlichen Polypeptiden vorhandene Histon-H1/H5-Domäne bezieht sich auf eine Domäne mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Sequenzidentität zur Konsensussequenz der H1/H5-Proteindomäne gemäß SEQ ID NR: 410. Eine weitere bevorzugte H1/H5-Histondomäne ist eine der H1/H5-Histondomänen, wie sie in den Polypeptiden von Tabelle A5 vorliegen, am meisten bevorzugt in SEQ ID NR: 388.

[0222] Auch als AT-Hook-Motive bekannte AT-Hook-Domänen sind im Stand der Technik gut bekannt. AT-Hooks sind DNA-Bindungsmotive mit einer Präferenz für A/T-reiche Regionen. Diese Motive finden sich in verschiedenen Proteinen einschließlich der Gruppe von Proteinen mit hoher Mobilität (High-Mobility-Group-Proteine, HMG-Proteine) (Reeves und Beckerbauer, Biochim. Biophys. Acta 1519 13–29 2001. Die AT-Hook-Domäne ist in der Interpro-Datenbank mit der Referenz-Zugangsnummer: InterPro: IPR017956 unter dem Namen AT hook, DNA-binding, conserved site (Hunter et al; 2009, Nucleic Acids Res. 37 Database Issue: D224–228) und in der pfam-Datenbank (Finn et al. Nucleic Acids Research (2008) Database Issue 36: D281–D288) unter der Referenz-Zugangsnummer PF02178 mit dem Namen "AT hook motif" registriert. Eine bevorzugte in HON5-ähnlichen Polypeptiden vorhandene AT-Hook-Domäne bezieht sich auf eine Domäne mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Sequenzidentität zu einem der in den Polypeptiden der Tabelle A5, besonders bevorzugt in SEQ ID NR: 388, vorhandenen AT-Hook-Motive.

[0223] Zusätzlich oder alternativ dazu und vorzugsweise umfasst ein HON5-ähnliches Polypeptid ein oder mehrere Motive mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Sequenzidentität zu einer beliebigen der folgenden Motive

Motiv I: Y[ASK]EMI[YC]TAI[AGT]AL[KN][ED][PK]DGSS[KR]RAI[AS][KR]YIERA[YF][TP][GD]LP[PS]AH[SD]
[AD]LLTHHLK[RT]L[L][KR] (SEQ ID NR: 411)

Motiv II: GLLV[ML]VK[KH]SYKL[AP][RS]S (SEQ ID NR: 412)

Motiv III: SA[PS][PQS]GQKRGRGRPPKPK (SEQ ID NR: 413)

wobei Aminosäuren in Klammern für alternative Aminosäuren in dieser Position stehen.

[0224] Motiv I und Motiv II befinden sich typischerweise in der H1/H5-Domäne, während Motiv III typischerweise mit AT-Hook-Domänen überlappt.

[0225] Alternativ dazu hat das Homolog eines HON5-ähnlichen Proteins mit zunehmender Präferenz mindestens 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zur der Aminosäure gemäß einem der Polypeptide der Tabelle A5, vorzugsweise gemäß SEQ ID NR: 388, und umfasst vorzugsweise die wie oben definierten Motive I, II und III.

[0226] Die Gesamtsequenzidentität wird unter Anwendung eines globalen Alignment-Algorithmus, wie dem Needleman-Wunsch-Algorithmus im Programm GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), vorzugsweise mit Standardparametern und vorzugsweise mit Sequenzen reifer Proteine (d. h. ohne Berücksichtigung von Sekretionssignalen oder Transitpeptiden), ermittelt. Im Vergleich zu der Gesamtsequenzidentität wird die Sequenzidentität im Allgemeinen hoher sein, wenn lediglich konservierte Domänen oder Motive betrachtet werden. Für lokale Alignments ist der Smith-Waterman-Algorithmus besonders nützlich (Smith TF, Waterman MS (1981) J. Mol. Biol 147(1); 195–7).

[0227] Ein wie hier definiertes "GSA1-Polypeptid" bezieht sich auf ein beliebiges Polypeptid, welches eine oder mehrere der Folgenden umfasst:

Domäne 1:

VPS[IV]EMVRFVNSGTEAC[ML][GS][VA]LRL[AM]RA[FY]TGREK[IV][IL]K
FEGCYHGHAD[PS]FLVK (SEQ ID NR: 487)

Domäne 2:

NSPVRAFKSVGGQP[IV]V[FI]D[SR]VKG[SA][HRY][MA]WD[IV]DGN[EK]
Y[IV]DYVGSWGPAILGHADD (SEQ ID NR: 488)

Domäne 3:

AQEYFGITPD[LV]TT[LM]GK[IV]IGGGLPVGAYGG[RK][RK][ED]IMEMVAP
AGPMYQAGTLS (SEQ ID NR: 489)

oder eine Domäne mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zu einer oder mehreren der Domänen 1 bis 3.

[0228] Alternativ dazu hat das Homolog eines GSA1-Proteins mit zunehmender Präferenz mindestens 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zur Aminosäure gemäß SEQ ID NR: 418, mit der Maßgabe, dass das homologe Protein die wie oben umrissenen konservierten Motive umfasst.

[0229] Die Gesamtsequenzidentität wird unter Anwendung eines globalen Alignment-Algorithmus, wie dem Needleman-Wunsch-Algorithmus im Programm GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), vorzugsweise mit Standardparametern und vorzugsweise mit Sequenzen reifer Proteine (d. h. ohne Berücksichtigung von Sekretionssignalen oder Transitpeptiden), ermittelt. Im Vergleich zu der Gesamtsequenzidentität wird die Sequenzidentität im Allgemeinen höher sein, wenn lediglich konservierte Domänen oder Motive betrachtet werden. Für lokale Alignments ist der Smith-Waterman-Algorithmus besonders nützlich (Smith TF, Waterman MS (1981) *J. Mol. Biol.* 147(1); 195–7).

[0230] Vorzugsweise bildet die Polypeptidsequenz, wenn sie bei der Erstellung eines phylogenetischen Baums wie dem in [Fig. 17](#) gezeigten verwendet wird, lieber Cluster mit der Gruppe von GSA1-Polypeptiden, die die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 418 umfassen, als mit irgendeiner anderen Gruppe.

[0231] Die Begriffe "Domäne", "Signatur" und "Motiv" sind im Abschnitt "Definitionen" hierin definiert. Es gibt Spezialdatenbanken für die Identifizierung von Domänen, zum Beispiel SMART (Schultz et al. (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95, 5857–5864; Letunic et al. (2002) *Nucleic Acids Res* 30, 242–244), InterPro (Mulder et al., (2003) *Nucl. Acids. Res.* 31, 315–318), Prosite (Becher und Bairoch (1994), A generalized Profile syntax for biomolecular sequences motifs und its function in automatic sequence interpretation. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference an Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlog D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Hrsg., S. 53–61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo et al., *Nucl. Acids. Res.* 32: D134–D137, (2004)), oder Pfam (Bateman et al., *Nucleic Acids Research* 30(1): 276–280 (2002)). Eine Auswahl an Werkzeugen für die Analyse von Proteinsequenzen in silico ist auf dem ExPASy-Proteomics-Senner (Schweizer Institut für Bioinformatik; Gasteiger et al., "ExPASy: the proteomics server for in-depth Protein knowledge und Analysis", *Nucleic Acids Res.* 31: 3784–3788 (2003)) verfügbar. Domänen oder Motive können auch unter Anwendung von Routinetechniken, wie etwa durch Sequenzalignment, identifiziert werden.

[0232] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so ist ein Alignment der Polypeptide der hier angeführten Tabelle A3 in [Fig. 9](#) gezeigt. Solche Alignments eignen sich zum Identifizieren der zwischen den wie hier definierten DUS1L-Polypeptiden am meisten konservierten Domänen bzw. Motive. Eine solche Domäne ist eine tRNA-Dihydrouridinsynthesedomäne mit dem InterPro-Eintrag IPR001269 (der den PFAM PF01207-Eintrag (in [Fig. 9](#) jeweils durch X gekennzeichnet) mit einschließt). Ein solches Motiv ist die konservierte Stelle der tRNA-Dihydrouridinsynthese mit dem InterPro-Eintrag IPR018517 (der PROSITS PS01136 (in [Fig. 9](#) jeweils durch X gekennzeichnet) mit einschließt). Konservierte Reste sind in [Fig. 9](#) in Kästchen eingefasst, insbesondere ein Cys-Rest, bei dem es sich in anderen Organismen um einen wichtigen allgemeinen Säure/Base-Katalysator handelt.

[0233] Verfahren für das Alignment von Sequenzen zum Vergleich sind im Fachgebiet allgemein bekannt, wobei GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA und TFASTA zu derartigen Verfahren zählen. GAP verwendet den Algorithmus von Needleman und Wunsch ((1970) *J. Mol. Biol.* 48: 443–453) zur Ermittlung des globalen (d. h. die vollständigen Sequenzen überspannenden) Alignments von zwei Sequenzen, welches die Anzahl an Übereinstimmungen maximiert und die Anzahl an Lücken minimiert. Der BLAST-Algorithmus (Altschul et al. (1990) *J Mol Biol* 215: 403–10) berechnet die prozentuale Sequenzidentität und führt eine statistische Analyse der Ähnlichkeit zwischen den zwei Sequenzen durch. Die Software zum Ausführen der BLAST-Analyse ist über das National Centre for Biotechnology Information (NCBI) öffentlich verfügbar. Homologe können leicht identifiziert werden, indem zum Beispiel der ClustalW-Multiple-Sequenz-Alignment-Algorithmus (Version 1.83) mit den vorgegebenen paarweisen Alignment-Parametern und einer Bewertungsmethode in Prozent angewandt wird. Die globalen Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität können auch unter Anwendung eines der Verfahren ermittelt werden, die im MatGAT-Software-Paket (Campanella et al., *BMC Bioinformatics.* 10. Juli 2003; 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences) verfügbar sind. Zur Optimierung des Alignments zwischen konservierten Motiven kann eine geringfügige Editierung von Hand ausgeführt werden, wie es dem Fachmann auf dem Gebiet offensichtlich sein wird. Darüber hinaus können, anstatt der Verwendung von Vollängensequenzen zur Identifizierung von Homologen, auch spezifische Domänen verwendet werden. Die Sequenzidentitätswerte können über die gesamte Nukleinsäure- oder Aminosäuresequenz oder über ausgewählte Domänen oder konservierte Motiv(e) hinweg bestimmt werden, wobei die oben erwähnten Programme unter Anwendung der Standardparameter verwendet werden. Für lokale Alignments ist der Smith-Waterman-Algorithmus besonders nützlich (Smith TF, Waterman MS (1981) *J. Mol. Biol.* 147(1); 195–7).

[0234] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so wird hier in Beispiel 3 in Tabelle C2 die prozentuale Identität zwischen DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 und den in Tabelle A3 aufgeführten DUS1L-Polypeptiden beschrieben, die lediglich 32% Aminosäuresequenzidentität betragen kann. In einigen Fällen lassen sich die Vorgabeparameter anpassen, um die Stringenz der Suche zu modifizieren. So kann man zum Beispiel bei

der Anwendung von BLAST die statistische Signifikanzschwelle (die als "expect"-Wert bezeichnet wird) für das Angeben von Übereinstimmungen mit Datenbanksequenzen heraufsetzen, um weniger stringente Übereinstimmungen aufzuzeigen. Auf diese Weise lassen sich kurze, fast exakte Übereinstimmungen identifizieren.

[0235] BET1-ähnliche Polypeptide liefern, wenn sie wie im Beispielteil umrissen gemäß den Verfahren der vorliegenden Erfindung in Reis exprimiert werden, Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen, insbesondere einem erhöhten Samenertrag.

[0236] Darüber hinaus können BET1-ähnliche Polypeptide eine bevorzugte subzelluläre Lokalisierung zeigen, typischerweise nuklear, cytoplasmatisch, chloroplastisch und/oder mitochondrial. Die Aufgabe der Vorhersage der subzellulären Lokalisierung eines Proteins ist wichtig und gut untersucht. Ist bekannt, wo sich ein Protein befindet, so hilft dies bei der Klärung seiner Funktion. Experimentelle Methoden zur Proteinlokalisierung reichen von der Immunolokalisierung bis zum Tagging von Proteinen mit grünem fluoreszierendem Protein (GFP) oder beta-Glucuronidase (GUS). Solche Methoden sind genau, wenn auch im Vergleich zu computergestützten Verfahren arbeitsintensiv. In jüngerer Zeit wurden große Fortschritte hinsichtlich der mittels Computer errechneten Vorhersage der Proteinlokalisierung aus Sequenzdaten gemacht. Unter den dem Fachmann gut bekannten Algorithmen stehen bei ExpASY Proteomics, gehostet vom Schweizer Institut für Bioinformatik, z. B. die Werkzeuge PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, Signale, TMHMM und andere zur Verfügung.

[0237] Ein BET1-ähnliches Polypeptid umfasst vorzugsweise ein transmembranes Signalpeptid, welches sich typischerweise am N-Terminus befindet. Transmembrane Signalpeptide sind im Stand der Technik bekannt. Vorzugsweise sind BET1-ähnliche Polypeptide in einer membranösen Struktur der Zelle lokalisiert, am meisten bevorzugt an der Endospermtransferschicht. Methoden zur Bestimmung der zellulären subzellulären Lokalisierung eines Proteins sind im Stand der Technik gut bekannt.

[0238] Weiterhin verfügen CRT-Polypeptide typischerweise über eine calcium-(Ca²⁺) bindende Aktivität. Werkzeuge und Techniken zum Messen der calcium-(Ca²⁺) bindenden Aktivität sind im Stand der Technik gut bekannt. So lässt sich zum Beispiel die Bindung eines Proteins an Calcium (Ca²⁺) in 45Ca²⁺-Overlays von Proteinblots oder durch einen (3H)Bradykinin-Bindungsassay und/oder durch Fluoreszenz-Ca²⁺-Messungen eines Assays mit embryonischen Mausfibroblasten wie von Christensen et al. Plant Cell Phys. 2008, 49(6) 912–24 beschrieben bestimmen. Alternativ dazu kann man die CRT-Polypeptidaktivität hinsichtlich der Komplementierung der Atcr1a-Mutante wie von Christiansen et al. 2008 beschrieben untersuchen. Darüber hinaus liefern CRT-Polypeptide, wenn sie wie im Beispielteil umrissen gemäß den Verfahren der vorliegenden Erfindung in Reis exprimiert werden, insbesondere Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen.

[0239] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so ist die Aufgabe der Vorhersage der subzellulären Lokalisierung eines Proteins wichtig und gut untersucht. Ist bekannt, wo sich ein Protein befindet, so hilft dies bei der Klärung seiner Funktion. Experimentelle Methoden zur Proteinlokalisierung reichen von der Immunolokalisierung bis zum Tagging von Proteinen mit grünem fluoreszierendem Protein (GFP) oder beta-Glucuronidase (GUS). Solche Methoden sind genau, wenn auch im Vergleich zu computergestützten Verfahren arbeitsintensiv. In jüngerer Zeit wurden große Fortschritte hinsichtlich der mittels Computer errechneten Vorhersage der Proteinlokalisierung aus Sequenzdaten gemacht. Unter den dem Fachmann gut bekannten Algorithmen stehen bei ExpASY Proteomics, gehostet vom Schweizer Institut für Bioinformatik, z. B. die Werkzeuge PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, Signale, TMHMM und andere zur Verfügung. Die vorausgesagte subzelluläre Lokalisierung von SEQ ID NR: 259 unter Anwendung des PSort-Algorithmus ist das mitochondriale Kompartiment (siehe Beispiel 5).

[0240] Weiterhin verfügen ES43-ähnliche Polypeptide typischerweise über eine Protein-Protein-Wechselwirkungsaktivität. Werkzeuge und Methoden zum Messen der Protein-Protein-Wechselwirkungsaktivität sind im Stand der Technik gut bekannt, wie die Co-immunofällung, die bimolekulare Fluoreszenzkomplementierung (Bimolecular Fluorescence Complementation, BiFC), der Fluoreszenzresonanzenergietransfer (Fluorescence resonance energy transfer, FRET), Pull-down-Assays, der Markertransfer, der Hefe-Zwei-Hybrid-Screen (yeast two-hybrid screen), das In-vivo-Quervernetzen, die Tandemaffinitätsaufreinigung (Tandem affinity purification, TAP), chemisches Quervernetzen, die mit Knock-Down kombinierte quantitative Immunofällung (Quantitative immunoprecipitation combined with knock-down, QUICK), die duale Polarisationsinterferometrie (Dual Polarisation Interferometry, DPI), Protein-Protein-Docking, # Static Light Scattering (SLS), chemisches Quervernetzen mit anschließender MALDI-Massenspektrometrie von Molekülen mit großen Massen, SPINE (Strep-protein interaction experiment) und Oberflächenplasmonenresonanzspektroskopie (Surface plasmon resonance) (Wikipedia).

[0241] Darüber hinaus liefern ES43-ähnliche Polypeptide, wenn sie wie im Beispielteil umrissen gemäß den Verfahren der vorliegenden Erfindung in Reis exprimiert werden, Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen, insbesondere einer erhöhten Samenfüllrate.

[0242] Weiterhin haben HON5-ähnliche Polypeptide typischerweise eine DNA-bindende und/oder proteinbindende Aktivität. Werkzeuge und Methoden zum Messen der DNA-Bindungsaktivität, der Chromatinwechselwirkungsaktivität und/oder der Proteinbindungsaktivität sind im Stand der Technik gut bekannt, einschließlich zum Beispiel Assays zu Änderungen bei der elektrophoretischen Mobilität und Footprinting-Untersuchungen der Wechselwirkungen mit einem ATF-reichen Abschnitt, der häufig in den Promotorregionen von Pflanzen vorkommt (Gasser 2003, *Plant Mol Biol.* 53(3): 281–95 und dort aufgeführte Literaturstellen; Pedersen et al., 1991; Nieto-Sotelo et al. 1994 *Plant Cell* 6: 287–301; Zhang et al. 2003 *Biochemistry* 42: 6596–6607; Klosterman 2002 *Plant Science* 162, 855–866).

[0243] Darüber hinaus liefern HON5-ähnliche Polypeptide, wenn sie wie im Beispielteil umrissen gemäß den Verfahren der vorliegenden Erfindung in Reis exprimiert werden, Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen, insbesondere ausgewählt aus einem erhöhtem Gesamtsamengewicht, einer erhöhten Anzahl an gefüllten Samen, einer erhöhten Samenfüllrate und einem erhöhten Ernteindex.

[0244] Darüber hinaus können HON5-ähnliche Polypeptide eine bevorzugte subzelluläre Lokalisierung zeigen, typischerweise nuklear, cytoplasmatisch, chloroplastisch und/oder mitochondrial. Die Aufgabe der Vorhersage der subzellulären Lokalisierung eines Proteins ist wichtig und gut untersucht. Ist bekannt, wo sich ein Protein befindet, so hilft dies bei der Klärung seiner Funktion. Experimentelle Methoden zur Proteinlokalisierung reichen von der Immunolokalisierung bis zum Tagging von Proteinen mit grünem fluoreszierendem Protein (GFP) oder beta-Glucuronidase (GUS). Solche Methoden sind genau, wenn auch im Vergleich zu computergestützten Verfahren arbeitsintensiv. In jüngerer Zeit wurden große Fortschritte hinsichtlich der mittels Computer errechneten Vorhersage der Proteinlokalisierung aus Sequenzdaten gemacht. Unter den dem Fachmann gut bekannten Algorithmen stehen bei EXPASY Proteomics, gehostet vom Schweizer Institut für Bioinformatik, z. B. die Werkzeuge PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, Signale, TMHMM und andere zur Verfügung.

[0245] GSA1-Polypeptide liefern, wenn sie wie im Beispielteil umrissen gemäß den Verfahren der vorliegenden Erfindung in Reis exprimiert werden, Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen, insbesondere einem erhöhten Samenertrag.

[0246] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, so wird die vorliegende Erfindung durch Transformieren von Pflanzen mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 1, die für die Polypeptidsequenz von SEQ ID NR: 2 codiert, veranschaulicht. Die Durchführung der Erfindung ist jedoch nicht auf diese Sequenzen beschränkt; die Verfahren der Erfindung lassen sich vorteilhaft mit einer beliebigen wie hier definierten für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure oder einem beliebigen wie hier definierten BET1-ähnlichen Polypeptid durchführen.

[0247] Beispiele für für BET1-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäuren sind hier in Tabelle A1 des Beispielteils angeführt. Solche Nukleinsäuren eignen sich zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Die in Tabelle A1 des Beispielteils angeführten Aminosäuresequenzen sind Beispielsequenzen von Orthologen und Paralogen des BET1-ähnlichen Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 2, wobei die Begriffe "Orthologe" und "Paraloge" wie hier definiert sind. Weitere Orthologe und Paraloge können leicht durch Ausführen einer sogenannten reziproken Blast-Suche identifiziert werden. In der Regel beinhaltet dies einen ersten BLAST, der das BLASTen einer Suchsequenz (zum Beispiel unter Verwendung einer beliebigen der in Tabelle A1 des Beispielteils angeführten Sequenzen) gegen eine beliebige Sequenzdatenbank, wie der öffentlich verfügbaren NCBI-Datenbank, mit sich bringt. Man benutzt im Allgemeinen BLASTN oder TBLASTX (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Nukleotidsequenz aus begonnen wird, und BLASTP oder TBLASTN (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Proteinsequenz aus begonnen wird. Die BLAST-Ergebnisse können gegebenenfalls gefiltert werden. Die Vollängensequenzen entweder der gefilterten Ergebnisse oder der nicht-gefilterten Ergebnisse werden dann (zweiter BLAST) gegen Sequenzen aus dem Organismus, aus dem die Suchsequenz abgeleitet ist, zurück geBLASTet (falls die Suchsequenz SEQ ID NR: 1 oder SEQ ID NR: 2 ist, würde der zweite BLAST daher gegen Maissequenzen erfolgen). Die Ergebnisse der ersten und zweiten BLASTs werden dann verglichen. Ein Paralog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftes Obereinstimmungstreffer aus dem ersten Blast von derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, wobei ein zurückgerichteter BLAST danach idealerweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Übereinstimmungstreffern zählt; ein Ortholog wird identifiziert, wenn ein

hoch eingestufte Treffer im ersten BLAST nicht aus derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, und bei zurückgerichtetem BLAST vorzugsweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Treffern zählt.

[0248] Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, so wird die vorliegende Erfindung durch Transformieren von Pflanzen mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 104, die für die Polypeptidsequenz von SEQ ID NR: 105 codiert, veranschaulicht. Die Durchführung der Erfindung ist jedoch nicht auf diese Sequenzen beschränkt; die Verfahren der Erfindung lassen sich vorteilhaft mit einer beliebigen wie hier definierten für ein Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure oder einem beliebigen wie hier definierten Calreticulin-Polypeptid durchführen.

[0249] Beispiele für für Calreticulin-Polypeptide codierende Nukleinsäuren sind hier in Tabelle A2 des Beispiels angeführt. Solche Nukleinsäuren eignen sich zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Die in Tabelle A2 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen sind Beispielsequenzen von Orthologen und Paralogen des Calreticulin-Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 105, wobei die Begriffe "Orthologe" und "Paraloge" wie hier definiert sind. Weitere Orthologe und Paraloge können leicht durch Ausführen einer sogenannten reziproken Blast-Suche identifiziert werden. In der Regel beinhaltet dies einen ersten BLAST, der das Blast-Ten einer Suchsequenz (zum Beispiel unter Verwendung einer beliebigen der in Tabelle A2 des Beispiels angeführten Sequenzen) gegen eine beliebige Sequenzdatenbank, wie der öffentlich verfügbaren NCBI-Datenbank, mit sich bringt. Man benutzt im Allgemeinen BLASTN oder TBLASTX (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Nukleotidsequenz aus begonnen wird, und BLASTP oder TBLASTN (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Proteinsequenz aus begonnen wird. Die BLAST-Ergebnisse können gegebenenfalls gefiltert werden. Die Vollängensequenzen entweder der gefilterten Ergebnisse oder der nicht-gefilterten Ergebnisse werden dann (zweiter BLAST) gegen Sequenzen aus dem Organismus, aus dem die Suchsequenz abgeleitet ist, zurück geBLASTet (falls die Suchsequenz SEQ ID NR: 104 oder SEQ ID NR: 105 ist, würde der zweite BLAST daher gegen *Solanum lycopersicum*-Sequenzen erfolgen). Die Ergebnisse der ersten und zweiten BLASTs werden dann verglichen. Ein Paralog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestufte Übereinstimmungstreffer aus dem ersten Blast von derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, wobei ein zurückgerichteter BLAST danach idealerweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Übereinstimmungstreffern zählt; ein Ortholog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestufte Treffer im ersten BLAST nicht aus derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, und bei zurückgerichtetem BLAST vorzugsweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Treffern zählt.

[0250] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so wird die vorliegende Erfindung durch Transformieren von Pflanzen mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 258, die für die DUS1L-Polypeptidsequenz von SEQ ID NR: 259 codiert, veranschaulicht. Die Durchführung der Erfindung ist jedoch nicht auf diese Sequenzen beschränkt; die Verfahren der Erfindung lassen sich vorteilhaft mit einer beliebigen wie hier definierten für ein DUS1L-Polypeptid codierenden Nukleinsäure durchführen.

[0251] Beispiele für für DUS1L-Polypeptide codierende Nukleinsäuren sind hier in Tabelle A3 des Beispiels angeführt. Solche Nukleinsäuresequenzen eignen sich zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Die in Tabelle A3 des Beispiels angeführten Polypeptidsequenzen sind Beispielsequenzen von Orthologen und Paralogen des DUS1L-Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 259, wobei die Begriffe "Orthologe" und "Paraloge" wie hier definiert sind. Weitere Orthologe und Paraloge können leicht durch Ausführen einer sogenannten reziproken Blast-Suche identifiziert werden. In der Regel beinhaltet dies einen ersten BLAST, der das Blast-Ten einer Suchsequenz (zum Beispiel unter Verwendung einer beliebigen der in Tabelle A3 des Beispiels angeführten Sequenzen) gegen eine beliebige Sequenzdatenbank, wie der öffentlich verfügbaren NCBI-Datenbank, mit sich bringt. Man benutzt im Allgemeinen BLASTN oder TBLASTX (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Nukleotidsequenz aus begonnen wird, und BLASTP oder TBLASTN (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Proteinsequenz aus begonnen wird. Die BLAST-Ergebnisse können gegebenenfalls gefiltert werden. Die Vollängensequenzen entweder der gefilterten Ergebnisse oder der nicht-gefilterten Ergebnisse werden dann (zweiter BLAST) gegen Sequenzen aus dem Organismus, aus dem die Suchsequenz abgeleitet ist, zurück geBLASTet (falls die Suchsequenz SEQ ID NR: 258 oder SEQ ID NR: 259 ist, würde der zweite BLAST daher gegen *Saccharum officinarum*-Sequenzen erfolgen). Die Ergebnisse der ersten und zweiten BLASTs werden dann verglichen. Ein Paralog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestufte Übereinstimmungstreffer aus dem ersten Blast von derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, wobei ein zurückgerichteter BLAST danach idealerweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Übereinstimmungstreffern zählt; ein Ortholog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestufte Treffer im ersten BLAST nicht aus derselben Spezies stammt, wie jene, aus der

die Suchsequenz abgeleitet ist, und bei zurückgerichtetem BLAST vorzugsweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Treffern zählt.

[0252] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, so wird die vorliegende Erfindung durch Transformieren von Pflanzen mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 298, die für die Polypeptidsequenz von SEQ ID NR: 299 codiert, veranschaulicht. Die Durchführung der Erfindung ist jedoch nicht auf diese Sequenzen beschränkt; die Verfahren der Erfindung lassen sich vorteilhaft mit einer beliebigen wie hier definierten für ein ES 43-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure oder einem beliebigen wie hier definierten ES43-ähnlichen Polypeptid durchführen.

[0253] Beispiele für für ES43-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäuren sind hier in Tabelle A4 des Beispiels angeführt. Solche Nukleinsäuren eignen sich zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Die in Tabelle A6 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen sind Beispielsequenzen von Orthologen und Paralogen des ES43-ähnlichen Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 299, wobei die Begriffe "Orthologe" und "Paraloge" wie hier definiert sind. Weitere Orthologe und Paraloge können leicht durch Ausführen einer sogenannten reziproken Blast-Suche identifiziert werden. In der Regel beinhaltet dies einen ersten BLAST, der das BLASTen einer Suchsequenz (zum Beispiel unter Verwendung einer beliebigen der in Tabelle A4 des Beispiels angeführten Sequenzen) gegen eine beliebige Sequenzdatenbank, wie der öffentlich verfügbaren NCBI-Datenbank, mit sich bringt. Man benutzt im Allgemeinen BLASTN oder TBLASTX (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Nukleotidsequenz aus begonnen wird, und BLASTP oder TBLASTN (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Proteinsequenz aus begonnen wird. Die BLAST-Ergebnisse können gegebenenfalls gefiltert werden. Die Vollängensequenzen entweder der gefilterten Ergebnisse oder der nicht-gefilterten Ergebnisse werden dann (zweiter BLAST) gegen Sequenzen aus dem Organismus, aus dem die Suchsequenz abgeleitet ist, zurück geBLASTet (falls die Suchsequenz SEQ ID NR: 298 oder SEQ ID NR: 299 ist, würde der zweite BLAST daher gegen Reisssequenzen erfolgen). Die Ergebnisse der ersten und zweiten BLASTs werden dann verglichen. Ein Paralog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftes Übereinstimmungstreffer aus dem ersten Blast von derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, wobei ein zurückgerichteter BLAST danach idealerweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Übereinstimmungstreffern zählt; ein Ortholog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftes Treffer im ersten BLAST nicht aus derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, und bei zurückgerichtetem BLAST vorzugsweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Treffern zählt.

[0254] Was HON5-Polypeptide betrifft, so wird die vorliegende Erfindung durch Transformieren von Pflanzen mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 387, die für die Polypeptidsequenz von SEQ ID NR: 388 codiert, veranschaulicht. Die Durchführung der Erfindung ist jedoch nicht auf diese Sequenzen beschränkt; die Verfahren der Erfindung lassen sich vorteilhaft mit einer beliebigen wie hier definierten für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierenden Nukleinsäure oder einem beliebigen wie hier definierten HON5-ähnlichen Polypeptid durchführen.

[0255] Beispiele für für HON5-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäuren sind hier in Tabelle A5 des Beispiels angeführt. Solche Nukleinsäuren eignen sich zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Die in Tabelle A5 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen sind Beispielsequenzen von Orthologen und Paralogen des HON5-ähnlichen Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 388, wobei die Begriffe "Orthologe" und "Paraloge" wie hier definiert sind. Weitere Orthologe und Paraloge können leicht durch Ausführen einer sogenannten reziproken Blast-Suche identifiziert werden. In der Regel beinhaltet dies einen ersten BLAST, der das BLASTen einer Suchsequenz (zum Beispiel unter Verwendung einer beliebigen der in Tabelle A5 des Beispiels angeführten Sequenzen) gegen eine beliebige Sequenzdatenbank, wie der öffentlich verfügbaren NCBI-Datenbank, mit sich bringt. Man benutzt im Allgemeinen BLASTN oder TBLASTX (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Nukleotidsequenz aus begonnen wird, und BLASTP oder TBLASTN (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Proteinsequenz aus begonnen wird. Die BLAST-Ergebnisse können gegebenenfalls gefiltert werden. Die Vollängensequenzen entweder der gefilterten Ergebnisse oder der nicht-gefilterten Ergebnisse werden dann (zweiter BLAST) gegen Sequenzen aus dem Organismus, aus dem die Suchsequenz abgeleitet ist, zurück geBLASTet (falls die Suchsequenz SEQ ID NR: 387 oder SEQ ID NR: 388 ist, würde der zweite BLAST daher gegen Populus trichocarpa-Sequenzen erfolgen). Die Ergebnisse der ersten und zweiten BLASTs werden dann verglichen. Ein Paralog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftes Übereinstimmungstreffer aus dem ersten Blast von derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, wobei ein zurückgerichteter BLAST danach idealerweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Übereinstimmungstreffern zählt; ein Ortholog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftes Treffer im ersten BLAST nicht aus derselben Spezies stammt, wie jene,

aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, und bei zurückgerichtetem BLAST vorzugsweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Treffern zählt.

[0256] Was HON5-Polypeptide betrifft, so wird die vorliegende Erfindung durch Transformieren von Pflanzen mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 417, die für die Polypeptidsequenz von SEQ ID NR: 418 codiert, veranschaulicht. Die Durchführung der Erfindung ist jedoch nicht auf diese Sequenzen beschränkt; die Verfahren der Erfindung lassen sich vorteilhaft mit einer beliebigen wie hier definierten für GSA1 codierenden Nukleinsäure oder einem beliebigen wie hier definierten GSA1-Polypeptid durchführen.

[0257] Beispiele für für GSA1-Polypeptide codierende Nukleinsäuren sind hier in Tabelle A6 des Beispiels angeführt. Solche Nukleinsäuren eignen sich zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Die in Tabelle A6 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen sind Beispielsequenzen von Orthologen und Paralogen des GSA1-Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 418, wobei die Begriffe "Orthologe" und "Paraloge" wie hier definiert sind. Weitere Orthologe und Paraloge können leicht durch Ausführen einer sogenannten reziproken Blast-Suche identifiziert werden. In der Regel beinhaltet dies einen ersten BLAST, der das BLASTen einer Suchsequenz (zum Beispiel unter Verwendung einer beliebigen der in Tabelle A6 des Beispiels angeführten Sequenzen) gegen eine beliebige Sequenzdatenbank, wie der öffentlich verfügbaren NCBI-Datenbank, mit sich bringt. Man benutzt im Allgemeinen BLASTN oder TBLASTX (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Nukleotidsequenz aus begonnen wird, und BLASTP oder TBLASTN (unter Verwendung standardmäßiger Vorgabewerte), wenn von einer Proteinsequenz aus begonnen wird. Die BLAST-Ergebnisse können gegebenenfalls gefiltert werden. Die Vollängensequenzen entweder der gefilterten Ergebnisse oder der nicht-gefilterten Ergebnisse werden dann (zweiter BLAST) gegen Sequenzen aus dem Organismus, aus dem die Suchsequenz abgeleitet ist, zurück geBLASTet (falls die Suchsequenz SEQ ID NR: 417 oder SEQ ID NR: 418 ist, würde der zweite BLAST daher gegen Populus-Sequenzen erfolgen). Die Ergebnisse der ersten und zweiten BLASTs werden dann verglichen. Ein Paralog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftes Übereinstimmungstreffer aus dem ersten Blast von derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, wobei ein zurückgerichteter BLAST danach idealerweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Übereinstimmungstreffern zählt; ein Ortholog wird identifiziert, wenn ein hoch eingestuftes Treffer im ersten BLAST nicht aus derselben Spezies stammt, wie jene, aus der die Suchsequenz abgeleitet ist, und bei zurückgerichtetem BLAST vorzugsweise dazu führt, dass die Suchsequenz zu den höchsten Treffern zählt.

[0258] Hoch eingestufte Übereinstimmungstreffer sind diejenigen mit einem niedrigen E-Wert. Je niedriger der E-Wert, umso signifikanter die Wertung (oder in anderen Worten, umso niedriger die Wahrscheinlichkeit, dass der Treffer durch Zufall gefunden wurde). Wie man den E-Wert berechnet, ist im Stand der Technik bekannt. Zusätzlich zu E-Werten werden Vergleiche auch durch den Prozentsatz der Identität bewertet. Der Prozentsatz der Identität bezieht sich auf die Zahl an identischen Nukleotiden (oder Aminosäuren) zwischen den zwei verglichenen Nukleinsäuresequenzen (oder Polypeptidsequenzen) über eine bestimmte Länge hinweg. Im Fall von großen Familien kann Clustal W eingesetzt werden, gefolgt von einem Nachbarkopplungsbaum, um bei der Visualisierung der Clusterung verwandter Gene zu helfen und Orthologe und Paraloge zu identifizieren.

[0259] Auch Nukleinsäurevarianten können bei der Ausübung der Verfahren der Erfindung nützlich sein. Zu Beispielen solcher Varianten zählen Nukleinsäuren, welche für Homologe und Derivate von einer beliebigen der in Tabelle A1 bis A6 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codieren, wobei die Begriffe "Homolog" und "Derivat" wie hier definiert sind. Außerdem sind Nukleinsäuren in den Verfahren der Erfindung nützlich, die für Homologe und Derivate von Orthologen oder Paralogen von einer beliebigen der in Tabelle A1 bis A6 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codieren. Homologe und Derivate, die in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützlich sind, besitzen im Wesentlichen die gleiche biologische und funktionelle Aktivität wie das unmodifizierte Protein, aus dem sie abgeleitet sind.

[0260] Ferner zählen zu den bei der Ausübung der Verfahren der Erfindung nützlichen Nukleinsäurevarianten Abschnitte von Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codieren, Nukleinsäuren, die mit Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codieren, hybridisieren, Spleißvarianten von Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide codieren, Allelvarianten von Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codieren, sowie Varianten von Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide

oder GSA1-Polypeptide codieren, welche durch Genshuffling erhalten werden. Die Begriffe Hybridisierungssequenz, Spleißvariante, Allelvariante und Genshuffling sind wie hierin beschrieben beschaffen.

[0261] Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codieren, müssen nicht Vollängennukleinsäuren sein, da die Ausführung der Verfahren der Erfindung nicht auf der Verwendung von Nukleinsäuresequenzen mit voller Länge beruht. Gemäß der vorliegenden Erfindung wird ein Verfahren zur Steigerung von ertragsbezogenen Eigenschaften in Pflanzen bereitgestellt, umfassend das Einbringen und Exprimieren in einer Pflanze von einem Abschnitt von einer beliebigen der in Tabelle A1 bis A6 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen oder einem Abschnitt von einer für ein Ortholog, Paralog oder Homolog von einer beliebigen der in Tabelle A1 bis A6 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codierenden Nukleinsäure.

[0262] Ein Abschnitt einer Nukleinsäure kann zum Beispiel durch Vornehmen einer oder mehrerer Deletionen an der Nukleinsäure hergestellt werden. Die Abschnitte können in isolierter Form verwendet werden oder sie können an andere codierende (oder nicht-codierende) Sequenzen fusioniert sein, um zum Beispiel ein Protein zu erzeugen, das mehrere Aktivitäten vereint. Sofern es an andere codierende Sequenzen fusioniert ist, kann das resultierende Polypeptid, das nach Translation produziert wird, größer sein als jenes, das für den Proteinabschnitt vorhergesagt wird.

[0263] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, codieren Abschnitte, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes BET1-ähnliches Polypeptid und weisen im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie die in Tabelle A1 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen auf. Vorzugsweise ist der Abschnitt ein Abschnitt von einer beliebigen der in Tabelle A1 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuren, oder ist ein Abschnitt einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A1 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Vorzugsweise weist der Abschnitt eine Länge von mindestens 50, 75, 100, 150, 200 oder mehr aufeinanderfolgenden Nukleotiden auf, wobei die aufeinanderfolgenden Nukleotide aus einer beliebigen der in Tabelle A1 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen stammen oder aus einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A1 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Ganz besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Abschnitt um einen Abschnitt der Nukleinsäure von SEQ ID NR: 1. Vorzugsweise codiert der Abschnitt für ein Fragment einer Aminosäuresequenz, die eine Domäne CC, vorzugsweise Motiv 1 und/oder 2 wie oben definiert und mit vorzugsweise mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu SEQ ID NR: 2 umfasst.

[0264] Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, codieren Abschnitte, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes Calreticulin-Polypeptid und weisen im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie die in Tabelle A2 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen auf. Vorzugsweise ist der Abschnitt ein Abschnitt von einer beliebigen der in Tabelle A2 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuren, oder ist ein Abschnitt einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A2 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Vorzugsweise weist der Abschnitt eine Länge von mindestens 100, 200, 300, 400, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1150, 1200, 1250, 1300, 1350, 1400, 1450, 1500, 1550, 1600, 1650, 1700, 1750, 1800, 1850, 1900 oder mehr aufeinanderfolgenden Nukleotiden auf, wobei die aufeinanderfolgenden Nukleotide aus einer beliebigen der in Tabelle A2 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen stammen oder aus einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A2 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Ganz besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Abschnitt um einen Abschnitt der Nukleinsäure von SEQ ID NR: 104. Vorzugsweise codiert der Abschnitt für ein Fragment einer Aminosäuresequenz, die, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Christensen et al. 2008-Fig. 1 gezeigten und hier in [Fig. 5](#) wiedergegebenen verwendet wird, Cluster mit der Gruppe von At_CRT1a- oder At_CRT1b-, Os_CRT1a- oder Os_CRT1b- und Os_CRT3- oder At_CRT3-Polypeptiden, vorzugsweise mit der Gruppe von At_CRT1a oder At_CRT1b, Os_CRT1a oder Os_CRT1b, bildet. Alternativ dazu codiert der Abschnitt für ein Fragment einer Aminosäuresequenz, die, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Beispiel 2 beschriebenen verwendet wird, Cluster mit einem der Polypeptide aus den folgenden phylogenetischen Klassen: Klasse 1-CRT1, 2-CRT3, 3-Algen, 4-Tier und 5-Protist von Beispiel 2, vorzugsweise mit Klasse 1-CRT1-Polypeptiden, bildet.

[0265] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, codieren Abschnitte, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes DUS1L-Polypeptid und weisen im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie die in Tabelle A3 des Beispiels angeführten Polypeptidsequenzen auf. Vorzugsweise ist der Abschnitt ein Abschnitt von einer beliebigen der in Tabelle A3 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen, oder ist ein Abschnitt einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A3 des Beispiels angegebenen Polypeptidsequenzen codiert. Vorzugsweise weist der Abschnitt eine Länge von, mit zunehmender Präferenz, mindestens 700, 800, 900, 1000, 1100, 1150, 1200, 1250, 1300, 1350, 1400 oder mehr aufeinanderfolgenden Nukleotiden auf, wobei die aufeinanderfolgenden Nukleotide aus einer beliebigen der in Tabelle A3 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen stammen oder aus einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A3 des Beispiels angegebenen Polypeptidsequenzen codiert. Vorzugsweise handelt es sich bei dem Abschnitt um einen Abschnitt einer Nukleinsäuresequenz, die für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne gemäß SEQ ID NR: 294 codiert. Besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Abschnitt um einen Abschnitt einer Nukleinsäuresequenz, die für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zum DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 oder einer der Polypeptidsequenzen, die in der Tabelle A3 hierin angegeben sind, codiert. Ganz besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Abschnitt um einen Abschnitt der Nukleinsäuresequenz von SEQ ID NR: 258.

[0266] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, codieren Abschnitte, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes ES43-ähnliches Polypeptid und weisen im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie die in Tabelle A4 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen auf. Vorzugsweise ist der Abschnitt ein Abschnitt von einer beliebigen der in Tabelle A4 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuren, oder ist ein Abschnitt einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A4 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Vorzugsweise weist der Abschnitt eine Länge von mindestens 100, 200, 300, 400, 500, 550, 600, 650, 700 oder mehr aufeinanderfolgenden Nukleotiden auf, wobei die aufeinanderfolgenden Nukleotide aus einer beliebigen der in Tabelle A4 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen stammen oder aus einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A4 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Ganz besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Abschnitt um einen Abschnitt der Nukleinsäure von SEQ ID NIE: 298. Vorzugsweise codiert der Abschnitt für ein Fragment einer Aminosäuresequenz, die eine BAH-Domäne oder eine PHD-Domäne oder beide umfasst.

[0267] Was HON5-ähnliche Polypeptide betrifft, codieren Abschnitte, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes HON5-ähnliches Polypeptid und weisen im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie die in Tabelle A5 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen auf. Vorzugsweise ist der Abschnitt ein Abschnitt von einer beliebigen der in Tabelle A5 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuren, oder ist ein Abschnitt einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A5 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Vorzugsweise weist der Abschnitt eine Länge von mindestens 100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 1600, 1700, 1800, 1900, 2000, 2100, 2200, 2300, 2400, 2500, 2600, 2700, 2800 oder mehr aufeinanderfolgenden Nukleotiden auf, wobei die aufeinanderfolgenden Nukleotide aus einer beliebigen der in Tabelle A5 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen stammen oder aus einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A5 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Ganz besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Abschnitt um einen Abschnitt der Nukleinsäure von SEQ ID NR: 387. Vorzugsweise codiert der Abschnitt für ein Fragment einer Aminosäuresequenz, die eines oder mehrere der oben umrissenen Motive I, II oder III umfasst.

[0268] Was GAS1-Polypeptide betrifft, codieren Abschnitte, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes GAS1-Polypeptid und weisen im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie die in Tabelle A6 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen auf. Vorzugsweise ist der Abschnitt ein Abschnitt von einer beliebigen der in Tabelle A6 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuren, oder ist ein Abschnitt einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A6 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Vorzugsweise weist der Abschnitt eine Länge von mindestens 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1050, 1100, 1150, 1200, 1250, 1300, 1350, 1400 oder mehr aufeinanderfolgenden Nukleotiden auf, wobei die aufeinanderfolgenden Nukleotide aus einer beliebigen der in Tabelle A6 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen stammen oder aus einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A6 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert. Ganz besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Abschnitt um

einen Abschnitt der Nukleinsäure von SEQ ID NR: 417. Vorzugsweise codiert der Abschnitt für ein Fragment einer Aminosäuresequenz die, wenn sie bei der Erstellung eines phylogenetischen Baums wie dem in [Fig. 17](#) gezeigten verwendet wird, lieber Cluster mit der Gruppe von GSA1-Polypeptiden, die die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 418 umfassen, bilden als mit irgendeiner anderen Gruppe.

[0269] Eine andere für die erfindungsgemäßen Verfahren geeignete Nukleinsäurevariante ist eine Nukleinsäure, die unter Bedingungen verringerter Stringenz, vorzugsweise unter stringenten Bedingungen, zum Hybridisieren mit einer Nukleinsäure, die für ein wie hier definiertes BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, oder mit einem wie hier definierten Abschnitt in der Lage ist.

[0270] Gemäß der vorliegenden Erfindung wird ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen bereitgestellt, bei dem man in eine Pflanze eine zum Hybridisieren mit einer der in Tabellen A1 bis A6 des Beispiels angeführten Nukleinsäuren fähige Nukleinsäure einführt und dort exprimiert, oder bei dem man in eine Pflanze eine zum Hybridisieren mit einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog, Paralog oder Homolog einer der in Tabellen A1 bis A6 des Beispiels angeführten Nukleinsäuresequenzen codiert, fähige Nukleinsäure einführt und dort exprimiert.

[0271] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, so codieren Hybridisierungssequenzen, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes BET1-ähnliches Polypeptid, mit im Wesentlichen der gleichen biologischen Aktivität wie die in Tabelle A1 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen. Vorzugsweise ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren mit dem Komplement einer beliebigen der in Tabelle A1 des Beispiels angeführten Nukleinsäuren oder mit einem Abschnitt einer dieser Sequenzen, wobei ein Abschnitt wie oben definiert ist, in der Lage, oder die Hybridisierungssequenz ist zum Hybridisieren mit dem Komplement einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A1 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen codiert, fähig. Ganz besonders bevorzugt ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren an das Komplement einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 1 oder an einen Abschnitt davon in der Lage.

[0272] Eine andere Nukleinsäurevariante, die in den Verfahren der Erfindung von Nutzen ist, ist eine Spleißvariante, die für ein wie hier definiertes BET-ähnliches Polypeptid codiert, wobei eine Spleißvariante wie hier definiert ist.

[0273] Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, so codieren Hybridisierungssequenzen, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes Calreticulin-Polypeptid, mit im Wesentlichen der gleichen biologischen Aktivität wie die in Tabelle A2 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen. Vorzugsweise ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren mit dem Komplement einer beliebigen der in Tabelle A2 des Beispiels angeführten Nukleinsäuren oder mit einem Abschnitt einer dieser Sequenzen, wobei ein Abschnitt wie oben definiert ist, in der Lage, oder die Hybridisierungssequenz ist zum Hybridisieren mit dem Komplement einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A2 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen codiert, fähig. Ganz besonders bevorzugt ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren an das Komplement einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 104 oder an einen Abschnitt davon in der Lage.

[0274] Vorzugsweise codiert die Hybridisierungssequenz für ein Polypeptid mit einer Aminosäuresequenz, die, wenn sie vollständig ist und zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Christensen et al. 2008-Fig. 1 gezeigten und hier in [Fig. 5](#) wiedergegebenen verwendet wird, Cluster mit der Gruppe von At_CRT1a- oder At_CRT1b-, Os_CRT1a- oder Os_CRT1b- und Os_CRT3- oder At_CRT3-Polypeptiden, vorzugsweise mit der Gruppe von At_CRT1a oder At_CRT1b, Os_CRT1a oder Os_CRT1b. Alternativ dazu codiert die Hybridisierungssequenz für eine Polypeptidsequenz, die, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Beispiel 2 beschriebenen verwendet wird, mit einem beliebigen der Polypeptide aus den folgenden phylogenetischen Klassen Cluster bildet: Klasse 1-CRT1, 2-CRT3, 3-Algen, 4-Tier und 5-Protist von Beispiel 2, vorzugsweise mit Klasse 1-CRT1-Polypeptiden.

[0275] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, codieren Hybridisierungssequenzen, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes DUS1L-Polypeptid und weisen im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie die in Tabelle A3 des Beispiels angeführten Polypeptidsequenzen auf. Vorzugsweise ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren mit einer beliebigen der in Tabelle A3 des Beispiels angeführten Nukleinsäuren oder mit einem Komplement davon oder mit einem Abschnitt einer dieser Sequenzen, wobei ein Abschnitt wie oben definiert ist, in der Lage, oder wobei die Hybridisierungssequenz

zum Hybridisieren mit einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A3 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen codiert, oder mit einem Komplement davon fähig ist. Vorzugsweise ist die Hybridisierungssequenz fähig zum Hybridisieren an eine Nukleinsäuresequenz, die für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne gemäß SEQ ID NR: 294 codiert. Besonders bevorzugt ist die Hybridisierungssequenz fähig zum Hybridisieren an eine Nukleinsäuresequenz, die für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zum DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 oder einer der Polypeptidsequenzen, die in der Tabelle A3 hierin angegeben sind, codiert. Ganz besonders bevorzugt ist die hybridisierende Sequenz zum Hybridisieren an eine Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 258 oder an einen Abschnitt davon in der Lage.

[0276] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, so codieren Hybridisierungssequenzen, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes ES43-ähnliches Polypeptid, mit im Wesentlichen der gleichen biologischen Aktivität wie die in Tabelle A4 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen. Vorzugsweise ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren mit dem Komplement einer beliebigen der in Tabelle A4 des Beispiels angeführten Nukleinsäuren oder mit einem Abschnitt einer dieser Sequenzen, wobei ein Abschnitt wie oben definiert ist, in der Lage, oder die Hybridisierungssequenz ist zum Hybridisieren mit dem Komplement einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A4 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen codiert, fähig. Ganz besonders bevorzugt ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren an das Komplement einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 298 oder an einen Abschnitt davon in der Lage.

[0277] Vorzugsweise codiert die Hybridisierungssequenz für ein Polypeptid mit einer Aminosäuresequenz, die eine BAH-Domäne oder eine PHD-Domäne oder beide umfasst.

[0278] Was HON5-ähnliche Polypeptide betrifft, so codieren Hybridisierungssequenzen, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes HON5-ähnliches Polypeptid, mit im Wesentlichen der gleichen biologischen Aktivität wie die in Tabelle A5 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen. Vorzugsweise ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren mit dem Komplement einer beliebigen der in Tabelle A5 des Beispiels angeführten Nukleinsäuren oder mit einem Abschnitt einer dieser Sequenzen, wobei ein Abschnitt wie oben definiert ist, in der Lage, oder die Hybridisierungssequenz ist zum Hybridisieren mit dem Komplement einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A5 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen codiert, fähig. Ganz besonders bevorzugt ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren an das Komplement einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 387 oder an einen Abschnitt davon in der Lage.

[0279] Vorzugsweise codiert die Hybridisierungssequenz für ein Polypeptid mit einer Aminosäuresequenz, die eines oder mehrere der oben umrissenen Motive I, II oder III umfasst.

[0280] Was GAS1-Polypeptide betrifft, so codieren Hybridisierungssequenzen, die bei den Verfahren der Erfindung von Nutzen sind, für ein wie hier definiertes GAS1-Polypeptid, mit im Wesentlichen der gleichen biologischen Aktivität wie die in Tabelle A6 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen. Vorzugsweise ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren mit dem Komplement einer beliebigen der in Tabelle A6 des Beispiels angeführten Nukleinsäuren oder mit einem Abschnitt einer dieser Sequenzen, wobei ein Abschnitt wie oben definiert ist, in der Lage, oder die Hybridisierungssequenz ist zum Hybridisieren mit dem Komplement einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog einer beliebigen der in Tabelle A6 des Beispiels angeführten Aminosäuresequenzen codiert, fähig. Ganz besonders bevorzugt ist die Hybridisierungssequenz zum Hybridisieren an das Komplement einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 417 oder an einen Abschnitt davon in der Lage.

[0281] Vorzugsweise codiert die Hybridisierungssequenz für ein Polypeptid mit einer Aminosäuresequenz die, wenn sie vollständig ist und bei der Erstellung eines phylogenetischen Baums wie dem in [Fig. 17](#) gezeigt verwendet wird, lieber Cluster mit der Gruppe von GAS1-Polypeptiden, die die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 418 umfassen, bilden als mit irgendeiner anderen Gruppe.

[0282] Eine andere Nukleinsäuresequenzvariante, die in den Verfahren der Erfindung von Nutzen ist, ist eine Spleißvariante, die für ein wie hier definiertes BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid

oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, wobei eine Spleißvariante wie hier definiert ist.

[0283] Gemäß der vorliegenden Erfindung wird ein Verfahren zur Steigerung von ertragsbezogenen Eigenschaften in Pflanzen bereitgestellt, umfassend das Einbringen und Exprimieren in einer Pflanze von einer Spleiß-Variante von einer beliebigen der in Tabelle A1 bis A4 von Beispiel 1 angegebenen Nukleinsäuresequenzen oder einer Spleißvariante von einer für ein Ortholog, Paralog oder Homolog von einer beliebigen der in Tabelle A1 bis A6 von Beispiel 1 angegebenen Aminosäuresequenzen codierenden Nukleinsäure.

[0284] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, so handelt es sich bei bevorzugten Spleißvarianten um Spleißvarianten einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 1 oder eine Spleißvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 2 und/oder ein beliebiges Polypeptid mit einer Aminosäuresequenz eines wie oben definierten BET1-ähnlichen Polypeptids codiert.

[0285] Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, so handelt es sich bei bevorzugten Spleißvarianten um Spleißvarianten einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 104 oder eine Spleißvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 105 codiert. Vorzugsweise bildet die durch die Spleißvariante codierte Aminosäuresequenz, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Christensen et al. 2008-Fig. 1 gezeigten und hier in [Fig. 5](#) wiedergegebenen verwendet wird, Cluster mit der Gruppe von At_CRT1a- oder At_CRT1b-, Os_CRT1a- oder Os_CRT1b- und Os_CRT3- oder At_CRT3-Polypeptiden, vorzugsweise mit der Gruppe von At_CRT1a oder At_CRT1b, Os_CRT1a oder Os_CRT1b. Alternativ dazu codiert die Spleißvariante für ein Polypeptid das, wenn es zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Beispiel 2 beschriebenen verwendet wird, Cluster mit einem der Polypeptide aus den folgenden phylogenetischen Klassen: Klasse 1-CRT1, 2-CRT3, 3-Algen, 4-Tier und 5-Protist von Beispiel 2, vorzugsweise mit Klasse 1-CRT1-Polypeptiden, bildet.

[0286] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so handelt es sich bei bevorzugten Spleißvarianten um Spleißvarianten einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 258 oder eine Spleißvariante einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 259 codiert. Vorzugsweise handelt es sich bei der Spleißvariante um eine Spleißvariante einer Nukleinsäuresequenz, die für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne gemäß SEQ ID NR: 294 codiert. Besonders bevorzugt handelt es sich bei der Spleißvariante um eine Spleißvariante einer Nukleinsäuresequenz, die für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zum DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 oder einer der Polypeptidsequenzen, die in der Tabelle A3 hierin angegeben sind, codiert. Ganz besonders handelt es sich bei der Spleißvariante um eine Spleißvariante einer Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 258 oder eine Nukleinsäuresequenz, die für eine Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 259 codiert.

[0287] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, so handelt es sich bei bevorzugten Spleißvarianten um Spleißvarianten einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 298 oder eine Spleißvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 299 codiert. Vorzugsweise umfasst die durch die Spleißvariante codierte Aminosäuresequenz eine BAH-Domäne oder eine PHD-Domäne oder beide Domänen.

[0288] Was HON5-ähnliche Polypeptide betrifft, so handelt es sich bei bevorzugten Spleißvarianten um Spleißvarianten einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 387 oder eine Spleißvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 388 codiert. Vorzugsweise umfasst die durch die Spleißvariante codierte Aminosäuresequenz eines oder mehrere der oben umrissenen Motive I, II oder III.

[0289] Was GSA1-Polypeptide betrifft, so handelt es sich bei bevorzugten Spleißvarianten um Spleißvarianten einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 417 oder eine Spleißvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 418 codiert. Vorzugsweise bildet die durch die Spleißvariante codierte Aminosäuresequenz, wenn sie bei der Erstellung eines phylogenetischen Baums wie dem in [Fig. 17](#) gezeigten verwendet wird, lieber Cluster mit der Gruppe von GSA1-Polypeptiden, die die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 418 umfassen, als mit irgendeiner anderen Gruppe.

[0290] Eine andere Nukleinsäuresequenzvariante, die in der Ausführung der Verfahren der Erfindung von Nutzen ist, ist eine Allelvariante einer Nukleinsäuresequenz, die für ein wie oben definiertes BET1-ähnliches Po-

lypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, wobei eine Allelvariante wie hier definiert ist.

[0291] Gemäß der vorliegenden Erfindung wird ein Verfahren zum Erhöhen von Ertragsmerkmalen in Pflanzen bereitgestellt, umfassend das Einbringen und Exprimieren in einer Pflanze von einer Allelvariante einer beliebigen der in Tabelle A des Beispiels angegebene Nukleinsäure, oder umfassend das Einbringen und Exprimieren in einer Pflanze von einer Allelvariante einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Ortholog, Paralog oder Homolog von beliebigen der in Tabelle A des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert.

[0292] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, so haben die von in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützlichen Allelvarianten codierten Polypeptide im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie das BET1-ähnliche Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 2 und beliebige der in Tabelle A1 des Beispiels gezeigten Aminosäuren. Allelische Varianten kommen in der Natur vor, und zu den Verfahren der vorliegenden Erfindung gehört auch die Verwendung dieser natürlichen Allele. Vorzugsweise ist die Allelvariante eine Allelvariante von SEQ ID NR: 1 oder eine Allelvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 2 codiert.

[0293] Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, so haben die von in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützlichen Allelvarianten codierten Polypeptide im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie das Calreticulin-Polypeptid von SEQ ID NR: 105 und beliebige der in Tabelle A2 des Beispiels gezeigten Aminosäuren. Allelische Varianten kommen in der Natur vor, und zu den Verfahren der vorliegenden Erfindung gehört auch die Verwendung dieser natürlichen Allele. Vorzugsweise ist die Allelvariante eine Allelvariante von SEQ ID NR: 104 oder eine Allelvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 105. Vorzugsweise bildet die von der Allelvariante codierte Aminosäuresequenz, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Christensen et al. 2008-Fig. 1 gezeigten und hier in [Fig. 5](#) wiedergegebenen verwendet wird, Cluster mit der Gruppe von At_CRT1a- oder At_CRT1b-, Os_CRT1a- oder Os_CRT1b- und Os_CRT3- oder At_CRT3-Polypeptiden, vorzugsweise mit der Gruppe von At_CRT1a oder At_CRT1b, Os_CRT1a oder Os_CRT1b. Alternativ dazu codiert die Allelvariante für ein Polypeptid, das, wenn es zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Beispiel 2 beschriebenen verwendet wird, Cluster mit einem der Polypeptide aus den folgenden phylogenetischen Klassen: Klasse 1-CRT1, 2-CRT3, 3-Algen, 4-Tier und 5-Protist von Beispiel 2, vorzugsweise mit Klasse 1-CRT1, bildet.

[0294] Was DUS-Polypeptide betrifft, so haben die Allelvarianten, die in den Verfahren der vorliegenden Erfindung von Nutzen sind, im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie das DUS1L-Polypeptid von SEQ ID NR: 259 und beliebige der in Tabelle A3 des Beispiels gezeigten Polypeptidsequenzen. Allelische Varianten kommen in der Natur vor, und zu den Verfahren der vorliegenden Erfindung gehört auch die Verwendung dieser natürlichen Allele. Vorzugsweise handelt es sich bei der Allelvariante um eine Allelvariante einer Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthesedomäne gemäß SEQ ID NR: 294. Besonders bevorzugt handelt es sich bei der Allelvariante um eine Allelvariante, die für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zum DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 oder einer der Polypeptidsequenzen, die in der Tabelle A3 hierin angegeben sind, codiert. Ganz besonders bevorzugt ist die Allelvariante eine Allelvariante von SEQ ID NR: 258 oder eine Allelvariante einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 259 codiert.

[0295] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, so haben die von in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützlichen Allelvarianten codierten Polypeptide im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie das ES43-ähnliche Polypeptid von SEQ ID NR: 299 und beliebige der in Tabelle A4 des Beispiels gezeigten Aminosäuren. Allelische Varianten kommen in der Natur vor, und zu den Verfahren der vorliegenden Erfindung gehört auch die Verwendung dieser natürlichen Allele. Vorzugsweise ist die Allelvariante eine Allelvariante von SEQ ID NR: 298 oder eine Allelvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 299 codiert. Vorzugsweise umfasst die durch die Allelvariante codierte Aminosäuresequenz eine BAH-Domäne oder eine PHD-Domäne oder beide Domänen.

[0296] Was HON5-ähnliche Polypeptide betrifft, so haben die von in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützlichen Allelvarianten codierten Polypeptide im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie das HON5-ähnliche Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 388 und beliebige der in Tabelle A5 des Beispiels gezeigten Aminosäuren. Allelische Varianten kommen in der Natur vor, und zu den Verfahren der vorliegenden Erfindung gehört auch die Verwendung dieser natürlichen Allele. Vorzugsweise ist die Allelvariante eine Allelvariante von SEQ ID NR: 387 oder eine Allelvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID

NR: 388 codiert. Vorzugsweise umfasst die durch die Allelvariante codierte Aminosäuresequenz eines oder mehrere der oben umrissenen Motive I, II oder III.

[0297] Was GSA1-Polypeptide betrifft, so haben die von in den Verfahren der vorliegenden Erfindung nützlichen Allelvarianten codierten Polypeptide im Wesentlichen die gleiche biologische Aktivität wie das GSA1-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 418 und beliebige der in Tabelle A6 des Beispiels gezeigten Aminosäuren. Allelische Varianten kommen in der Natur vor, und zu den Verfahren der vorliegenden Erfindung gehört auch die Verwendung dieser natürlichen Allele. Vorzugsweise ist die Allelvariante eine Allelvariante von SEQ ID NR: 417 oder eine Allelvariante einer Nukleinsäure, die für ein Ortholog oder Paralog von SEQ ID NR: 418 codiert. Vorzugsweise bildet die von der Allelvariante codierte Aminosäuresequenz, wenn sie in der Erstellung eines phylogenetischen Baums verwendet wird, wie demjenigen, der in [Fig. 17](#) abgebildet ist, lieber Cluster mit den GSA1-Polypeptiden, die die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 418 umfassen, als mit irgendeiner anderen Gruppe.

[0298] Genshuffling oder gerichtete Evolution können ebenfalls zur Anwendung kommen, um Varianten von Nukleinsäuresequenzen zu erzeugen, welche für wie oben definierte BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codieren, wobei der Begriff "Genshuffling" wie hier definiert ist.

[0299] Gemäß der vorliegenden Erfindung wird ein Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen bereitgestellt, umfassend das Einbringen und Exprimieren in einer Pflanze von einer Variante einer beliebigen der in Tabelle A1 bis A6 des Beispiels angegebenen Nukleinsäuresequenzen oder umfassend das Einbringen und Exprimieren in einer Pflanze von einer Variante einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Ortholog, Paralog oder Homolog von beliebigen der in Tabelle A1 bis A6 des Beispiels angegebenen Aminosäuresequenzen codiert, wobei die Nukleinsäurevariante durch Genshuffling erhalten wird.

[0300] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, so wird die durch die Nukleinsäurevariante codierte Aminosäuresequenz vorzugsweise durch Genshuffling erhalten.

[0301] Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, so bildet die durch die durch Genshuffling erhaltene Nukleinsäurevariante codierte Aminosäuresequenz, wenn sie zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Christensen et al. 2008-Fig. 1 gezeigten und hier in [Fig. 5](#) wiedergegebenen verwendet wird, vorzugsweise Cluster mit der Gruppe von At_CRT1a- oder At_CRT1b-, Os_CRT1a- oder Os_CRT1b- und Os_CRT3- oder At_CRT3-Polypeptiden, vorzugsweise mit der Gruppe von At_CRT1a oder At_CRT1b, Os_CRT1a oder Os_CRT1b. Alternativ dazu codiert die Nukleinsäurevariante für ein Polypeptid, das, wenn es zur Konstruktion eines phylogenetischen Baums wie dem in Beispiel 2 beschriebenen verwendet wird, Cluster mit einem der Polypeptide aus den folgenden phylogenetischen Klassen: Klasse 1-CRT1, 2-CRT3, 3-Algen, 4-Tier und 5-Protist von Beispiel 2, vorzugsweise mit Klasse 1-CRT1-Polypeptiden.

[0302] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so codiert die durch Genshuffling erhaltene Nukleinsäurevariante vorzugsweise für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthesedomäne gemäß SEQ ID NR: 294. Besonders bevorzugt codiert die durch Genshuffling erhaltene Nukleinsäurevariante für eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zum DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 oder einer der Polypeptidsequenzen, die in der Tabelle A3 hierin angegeben sind. Ganz besonders bevorzugt codiert die durch Genshuffling erhaltene Nukleinsäuresequenz für eine Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 259.

[0303] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, so umfasst die von der durch Genshuffling erhaltenen Nukleinsäurevariante codierte Aminosäuresequenz vorzugsweise eine BAH- oder eine PHD-Domäne oder beide Domänen.

[0304] Was HON5-ähnliche Polypeptide betrifft, so umfasst die durch die Nukleinsäurevariante codierte Aminosäuresequenz vorzugsweise eines oder mehrere der oben umrissenen Motive I, II oder III.

[0305] Was GSA1-Polypeptide betrifft, so bildet die von der durch Genshuffling erhaltenen Nukleinsäurevariante codierte Aminosäuresequenz vorzugsweise, wenn sie in der Erstellung eines phylogenetischen Baums verwendet wird, wie demjenigen, der in [Fig. 17](#) abgebildet ist, lieber Cluster mit der Gruppe der GSA1-Polypeptide, die die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 418 umfassen, als mit irgendeiner anderen Gruppe.

[0306] Weiterhin lassen sich Nukleinsäurevarianten auch durch ortsgerichtete Mutagenese erhalten. Zum Erzielen einer ortsgerichteten Mutagenese sind mehrere Verfahren verfügbar, wobei die üblichsten PCR-basierende Verfahren sind (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley, Hrsg.).

[0307] Für BET1-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäuren lassen sich aus einer beliebigen natürlichen oder künstlichen Quelle gewinnen. Die Nukleinsäure kann von ihrer nativen Form hinsichtlich Zusammensetzung und/oder genomischer Umgebung durch absichtlichen menschlichen Eingriff modifiziert werden. Vorzugsweise stammt die für das BET1-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäure aus einer Pflanze, weiter bevorzugt aus einer monokotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Poaceae, ganz besonders bevorzugt stammt die Nukleinsäure aus *Zea mays*.

[0308] Für Calreticulin-Polypeptide codierende Nukleinsäuren lassen sich aus einer beliebigen natürlichen oder künstlichen Quelle gewinnen. Die Nukleinsäure kann von ihrer nativen Form hinsichtlich Zusammensetzung und/oder genomischer Umgebung durch absichtlichen menschlichen Eingriff modifiziert werden. Vorzugsweise stammt die für das Calreticulin-Polypeptid codierende Nukleinsäure aus einer Pflanze, weiter bevorzugt aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Solanaceae oder aus der Familie Salicaceae, insbesondere aus *Populus*-Spezies, ganz besonders bevorzugt stammt die Nukleinsäure aus *Solanum lycopersicum* oder aus *Populus trichocarpa*.

[0309] Für DUS1L-Polypeptide codierende Nukleinsäuresequenzen lassen sich aus einer beliebigen natürlichen oder künstlichen Quelle gewinnen. Die Nukleinsäuresequenz kann von ihrer nativen Form hinsichtlich Zusammensetzung und/oder genomischer Umgebung durch absichtlichen menschlichen Eingriff modifiziert werden. Die für ein DUS1L-Polypeptid codierende Nukleinsäuresequenz stammt aus einer Alge. Vorzugsweise stammt die für das DUS1L-Polypeptid codierende Nukleinsäuresequenz aus einer Pflanze, weiter bevorzugt aus einer monokotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Poaceae, ganz besonders bevorzugt stammt die Nukleinsäuresequenz aus *Saccharum officinarum*.

[0310] Für ES43-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäuren lassen sich aus einer beliebigen natürlichen oder künstlichen Quelle gewinnen. Die Nukleinsäure kann von ihrer nativen Form hinsichtlich Zusammensetzung und/oder genomischer Umgebung durch absichtlichen menschlichen Eingriff modifiziert werden. Vorzugsweise stammt die für das ES43-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäure aus einer Pflanze, weiter bevorzugt aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Poaceae, ganz besonders bevorzugt stammt die Nukleinsäure aus *Oryza sativa*.

[0311] Für HON5-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäuren lassen sich aus einer beliebigen natürlichen oder künstlichen Quelle gewinnen. Die Nukleinsäure kann von ihrer nativen Form hinsichtlich Zusammensetzung und/oder genomischer Umgebung durch absichtlichen menschlichen Eingriff modifiziert werden. Vorzugsweise stammt die für das HON5-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäure aus einer Pflanze, weiter bevorzugt aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Salicaceae, ganz besonders bevorzugt stammt die Nukleinsäure aus *Populus trichocarpa*.

[0312] Für GSA1-Polypeptide codierende Nukleinsäuren lassen sich aus einer beliebigen natürlichen oder künstlichen Quelle gewinnen. Die Nukleinsäure kann von ihrer nativen Form hinsichtlich Zusammensetzung und/oder genomischer Umgebung durch absichtlichen menschlichen Eingriff modifiziert werden. Vorzugsweise stammt die für das GSA1-Polypeptid codierende Nukleinsäure aus einer Pflanze, weiter bevorzugt aus einer monokotylen oder dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus *Populus*.

[0313] Die Durchführung der Verfahren der Erfindung liefert Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen. insbesondere erhält man durch die Durchführung der Verfahren der Erfindung Pflanzen mit einem erhöhtem Ertrag, insbesondere einem erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen. Die Begriffe "Ertrag" und "Samenertrag" sind hier ausführlicher im Abschnitt "Definitionen" beschrieben.

[0314] Ein Verweis auf gesteigerte Ertragsmerkmale soll hier eine Erhöhung der Biomasse (Gewicht) von einem oder mehreren Teilen einer Pflanze bedeuten, welche oberirdische (erntefähige) Teile und/oder (erntefähige) Teile im Erdboden einschließen kann. Insbesondere handelt es sich bei derartigen erntefähigen Teilen um Samen, und die Durchführung der Verfahren der Erfindung führt zu Pflanzen, welche einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zum Samenertrag von Kontrollpflanzen aufweisen.

[0315] Nimmt man Mais als Beispiel, so kann sich eine Ertragserhöhung unter anderem in einem oder mehreren der folgenden zeigen: einer Erhöhung der Anzahl an Pflanzen, welche pro Quadratmeter hervorgebracht

werden, einer Erhöhung der Anzahl von Ähren pro Pflanze, einer Erhöhung der Anzahl an Ackerreihen, der Anzahl der Kerne pro Reihe, des Kerngewichts, des Tausendkerngewichts, der Ährenlänge/des Ährendurchmessers, einer Erhöhung der Samenfüllrate (welche die Anzahl an gefüllten Samen dividiert durch die Gesamtzahl an Samen und multipliziert mit 100 ist). Nimmt man Reis als Beispiel, so kann sich eine Ertragssteigerung unter anderem in einem oder mehreren der folgenden zeigen: einer Erhöhung der Anzahl an Pflanzen pro Quadratmeter, einer Erhöhung der Anzahl von Rispen pro Pflanze, der Anzahl an Ährchen pro Rispe, der Anzahl an Blüten (Blütchen) pro Rispe (die als Verhältnis der Anzahl an gefüllten Samen zu der Anzahl primärer Rispen ausgedrückt wird), einer Erhöhung der Samenfüllrate (welche die Anzahl an gefüllten Samen dividiert durch die Gesamtzahl an Samen und multipliziert mit 100 ist), einer Erhöhung des Tausendkerngewichts.

[0316] Die vorliegende Erfindung stellt ein Verfahren zum Erhöhen des Ertrags, insbesondere des Samenertrags von Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereit, wobei das Verfahren die Modulation der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid, wie hierin definiert, codiert, in einer Pflanze umfasst.

[0317] Da die transgenen Pflanzen gemäß der vorliegenden Erfindung einen erhöhten Ertrag und/oder erhöhte Ertragsmerkmale aufweisen, ist es wahrscheinlich, dass diese Pflanzen eine erhöhte Wachstumsrate (wenigstens während eines Teils ihres Lebenszyklus) im Vergleich zur Wachstumsrate von Kontrollpflanzen bei einem entsprechenden Stadium in ihrem Lebenszyklus aufzeigen.

[0318] Die erhöhte Wachstumsrate kann für einen oder mehrere Teile einer Pflanze (einschließlich Samen) spezifisch sein oder kann im Wesentlichen überall in der gesamten Pflanze herrschen. Pflanzen mit einer erhöhten Wachstumsrate können einen kürzeren Lebenszyklus aufweisen. Der Lebenszyklus einer Pflanze kann so verstanden werden, dass die Zeit gemeint ist, welche benötigt wird, um von einem trockenen reifen Samen bis zu dem Stadium heranzuwachsen, an welchem die Pflanze trockene reife Samen erzeugt hat, die ähnlich zum Ausgangsmaterial sind. Dieser Lebenszyklus kann von Faktoren, wie Früh-Wuchskraft, Wachstumsrate, Grünheits-Index, Blütezeit und Geschwindigkeit der Samenreife, beeinflusst werden. Die Erhöhung der Wachstumsrate kann an einer oder mehreren Stufen im Lebenszyklus einer Pflanze oder im Wesentlichen während des gesamten Pflanzenlebenszyklus stattfinden. Eine erhöhte Wachstumsrate während der frühen Stadien im Lebenszyklus einer Pflanze kann eine erhöhte (Früh-)Wuchskraft reflektieren. Die Erhöhung in der Wachstumsrate kann den Erntezyklus einer Pflanze verändern, was gestattet, dass Pflanzen später ausgesät und/oder früher geerntet werden, als es sonst möglich wäre (ein ähnlicher Effekt kann mit einer früheren Blütezeit erreicht werden, ein verzögertes Blühen ist bei Kulturpflanzen gewöhnlich kein erwünschtes Merkmal). Wenn die Wachstumsrate ausreichend erhöht ist, kann sie das weitere Aussäen von Samen derselben Pflanzenspezies ermöglichen (zum Beispiel Säen und Ernten von Reispflanzen, gefolgt von Säen und Ernten weiterer Reispflanzen, alle innerhalb einer herkömmlichen Wachstumsperiode). Wenn die Wachstumsrate ausreichend erhöht wird, kann sie, in ähnlicher Weise, das weitere Aussäen von Samen anderer Pflanzenspezies ermöglichen (zum Beispiel das Säen und Ernten von Maispflanzen, gefolgt zum Beispiel von Aussaat und gegebenenfalls Ernte von Sojabohne, Kartoffel oder einer beliebigen anderen geeigneten Pflanze). Im Falle mancher Nutzpflanzen kann auch das mehrmalige Abernten vom gleichen Wurzelstock möglich sein. Das Ändern des Erntezyklus einer Pflanze kann zu einer Erhöhung der jährlichen Biomasseproduktion pro Acre führen (aufgrund einer Erhöhung der Mehrmaligkeit (z. B. in einem Jahr), bei der eine beliebige jeweilige Pflanze angebaut und geerntet werden kann). Eine Erhöhung der Wachstumsrate kann auch die Kultivierung transgener Pflanzen in einem weiteren geographischen Gebiet als bei ihren Wildtyp-Gegenstücken zulassen, da die territorialen Eingrenzungen für den Anbau einer Nutzpflanze häufig von nachteiligen Umweltbedingungen entweder zur Zeit des Pflanzens (frühe Jahreszeit) oder zur Zeit des Erntens (späte Jahreszeit) bestimmt werden. Derartige nachteilige Bedingungen können vermieden werden, wenn der Erntezyklus verkürzt wird. Die Wachstumsrate lässt sich durch Ableiten verschiedener Parameter aus den Wachstumskurven bestimmen, wobei es sich bei den Parametern unter anderem um die folgenden handeln kann: T-Mid (die Zeit, die Pflanzen zum Erreichen von 50% ihrer Maximalgröße benötigen) und T-90 (die Zeit, die Pflanzen zum Erreichen von 90% ihrer Maximalgröße benötigen).

[0319] Gemäß eines bevorzugten Merkmals der vorliegenden Erfindung ergibt die Durchführung der Verfahren der Erfindung Pflanzen mit einer erhöhten Wachstumsrate im Vergleich zu Kontrollpflanzen. Deshalb wird gemäß der vorliegenden Erfindung ein Verfahren zum Erhöhen der Wachstumsrate von Pflanzen bereitgestellt, wobei das Verfahren die Modulation der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid, wie hierin definiert, codiert, in einer Pflanze umfasst.

[0320] Eine Erhöhung des Ertrags und/oder der Wachstumsrate tritt ungeachtet dessen, ob sich die Pflanze unter Nichtstressbedingungen befindet oder ob die Pflanze verschiedenen Stressformen ausgesetzt ist, im Vergleich zu Kontrollpflanzen auf. Pflanzen antworten in der Regel auf eine Exposition an Stress, indem sie langsamer wachsen. Bei Bedingungen von starkem Stress kann die Pflanze das Wachstum sogar vollständig einstellen. Milder bzw. mäßiger Stress ist demgegenüber hierin als jeglicher Stress definiert, dem eine Pflanze ausgesetzt ist, der nicht dazu führt, dass die Pflanze das Wachstum vollständig ohne Fähigkeit zur Wiederaufnahme des Wachstums einstellt. Mäßiger Stress im Sinne der Erfindung führt zu einer Verringerung des Wachstums der gestressten Pflanzen von weniger als 40%, 35%, 30%, oder 25%, weiter bevorzugt weniger als 20% oder 15%, im Vergleich zur Kontrollpflanze unter Nichtstressbedingungen. Auf Grund der Fortschritte in den landwirtschaftlichen Praktiken (Bewässerungs-, Düngungs-, Pestizidbehandlungen) werden starke Stressfaktoren bei kultivierten Nutzpflanzen nicht häufig angetroffen. Als eine Konsequenz ist das von mäßigem Stress induzierte beeinträchtigte Wachstum häufig ein unerwünschtes Merkmal für die Landwirtschaft. Mäßige Stressfaktoren sind die alltäglichen biotischen und/oder abiotischen (umweltbedingten) Stressfaktoren, denen eine Pflanze ausgesetzt ist. Abiotische Stressfaktoren können zurückzuführen sein auf Dürre oder überschüssiges Wasser, anaeroben Stress, Salzstress, chemische Toxizität, oxidativen Stress und heiße, kalte oder Frost-Temperaturen. Der abiotische Stress kann ein osmotischer Stress sein, der von einem Wasserstress (insbesondere wegen Dürre), Salzstress, oxidativem Stress oder einem ionischen Stress verursacht wird. Biotische Stressfaktoren sind typischerweise diejenigen Stressarten, welchen von Pathogenen wie Bakterien, Viren, Pilzen, Nematoden und Insekten hervorgerufen werden. Biotische Stressfaktoren sind typischerweise diejenigen Stressarten, welchen von Pathogenen wie Bakterien, Viren, Pilzen, Nematoden und Insekten hervorgerufen werden. Der Begriff "Nichtstress"bedingungen, wie hierin verwendet, bezeichnet diejenigen Umweltbedingungen, welche ein optimales Wachstum von Pflanzen gestatten. Der Fachmann auf dem Gebiet kennt normale Bodenbedingungen und klimatische Bedingungen für eine gegebene Örtlichkeit. Der Begriff Nichtstressbedingungen, wie hierin verwendet, umfasst die gelegentlichen oder alltäglichen milden Stressfaktoren denen eine Pflanze ausgesetzt ist, wie hierin definiert, umfasst jedoch keine schweren Stressfaktoren.

[0321] Insbesondere können die Verfahren der vorliegenden Erfindung unter Nichtstressbedingungen oder unter Bedingungen mit milder Dürre durchgeführt werden, wodurch man Pflanzen mit erhöhtem Ertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen erhält. Wie von Wang et al. (Planta (2003) 218: 1–14) berichtet, führt abiotischer Stress zu einer Reihe von morphologischen, physiologischen, biochemischen und molekularen Veränderungen, welche Pflanzenwachstum und produktivität nachteilig beeinflussen. Dürre, Salzgehalt, extreme Temperaturen und oxidativer Stress sind bekanntermaßen miteinander verbunden und können Wachstums- und Zellschaden durch ähnliche Mechanismen herbeiführen. Rabhani et al. (Plant Physiol (2003) 133: 1755–1767) beschreibt ein besonders hohes Ausmaß an "Wechselverbindung" zwischen Dürre-Stress und Stress durch hohen Salzgehalt. Zum Beispiel manifestieren sich Dürre und/oder Versalzung hauptsächlich als osmotischer Stress, was zur Zerstörung von Homeostase und Ionenverteilung in der Zelle führt. Oxidativer Stress, welcher Stress durch hohe oder niedrige Temperatur, Salzgehalt oder Dürre oft begleitet, kann die Denaturierung von funktionellen Proteinen und Strukturproteinen verursachen. Als Konsequenz aktivieren diese verschiedenartigen Umwelt-Stressfaktoren häufig ähnliche Zell-Signalwege und zelluläre Antworten, wie etwa die Produktion von Stressproteinen, die Heraufregulierung von Antioxidantien, die Akkumulierung von kompatiblen gelösten Stoffen und einen Wachstumsstillstand. Der Begriff "Nichtstress"bedingungen, wie hierin verwendet, bezeichnet diejenigen Umweltbedingungen, welche ein optimales Wachstum von Pflanzen gestatten. Der Fachmann auf dem Gebiet kennt normale Bodenbedingungen und klimatische Bedingungen für eine gegebene Örtlichkeit. Pflanzen mit optimalen Wachstumsbedingungen (die unter Nichtstressbedingungen kultiviert wurden) ergeben typischerweise, mit zunehmender Präferenz, mindestens 97%, 95%, 92%, 90%, 87%, 85%, 83%, 80%, 77% oder 75% der durchschnittlichen Produktion einer solchen Pflanze in einer beliebigen gegebenen Umgebung. Die durchschnittliche Produktion kann auf der Grundlage von Ernte und/oder Saison berechnet werden. Der Fachmann auf dem Gebiet kennt Durchschnittsertrags-Produktionen einer Nutzpflanze.

[0322] Der Begriff "abiotischer Stress", wie hierin definiert, soll eines oder mehrere der folgenden bedeuten: Wasserstress (aufgrund von Dürre oder einem Übermaß an Wasser), anaerobischer Stress, Salzstress, Temperaturstress (aufgrund von heißen oder kalten Temperaturen oder Frosttemperaturen), Stress aufgrund chemischer Toxizität und oxidativer Stress. Gemäß einem Aspekt der Erfindung ist der abiotische Stress ein osmotischer Stress, ausgewählt aus Wasserstress, Salzstress, oxidativem Stress und ionischem Stress. Vorzugsweise ist der Wasserstress ein Dürrestress. Der Begriff Salzstress ist nicht auf gewöhnliches Salz (NaCl) eingeschränkt, sondern es kann sich um einen beliebigen Stress handeln, der unter anderem von einem oder mehreren von: NaCl, KCl, LiCl, MgCl₂, CaCl₂ ausgelöst wird.

[0323] Die Durchführung der Verfahren der Erfindung unter Nichtstressbedingungen oder unter milden Dürrebedingungen liefert herangezogene Pflanzen mit erhöhtem Ertrag im Vergleich zu unter vergleichbaren Be-

dingungen herangezogenen Kontrollpflanzen. Deshalb wird gemäß der vorliegenden Erfindung ein Verfahren zum Erhöhen des Ertrags und Ertragsmerkmalen von unter Nichtstressbedingungen oder unter Bedingungen einer milden Dürre herangezogenen Pflanzen bereitgestellt, wobei das Verfahren die Modulation der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, in einer Pflanze umfasst.

[0324] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so liefert die Durchführung der Verfahren der Erfindung Pflanzen, die unter abiotischen Stressbedingungen im Vergleich zu unter vergleichbaren Stressbedingungen kultivierten Kontrollpflanzen erhöhte Ertragsmerkmale aufweisen. Daher wird gemäß der vorliegenden Erfindung ein Verfahren zur Erhöhung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen, welche unter abiotischen Stressbedingungen kultiviert werden, bereitgestellt, wobei das Verfahren das Erhöhen der Expression einer Nukleinsäuresequenz, welche für ein DUS1L-Polypeptid codiert, in einer Pflanze umfasst. Gemäß einem Aspekt der Erfindung ist der abiotische Stress ein osmotischer Stress, ausgewählt aus einem oder mehreren der folgenden: Wasserstress, Salzstress, oxidativem Stress und ionischem Stress.

[0325] Ein weiteres Beispiel für abiotischen Umweltstress ist die verringerte Verfügbarkeit von einem oder mehreren Nährstoffen, welche von den Pflanzen für das Wachstum und die Entwicklung assimiliert werden müssen. Wegen des starken Einflusses der Nährstoffverwertungseffizienz auf den Pflanzenertrag und die Produktqualität wird eine gewaltige Menge an Düngemitteln über Feldern verteilt, um Pflanzenwachstum und -qualität zu optimieren. Die Produktivität von Pflanzen wird gewöhnlicherweise von drei Hauptnährstoffen limitiert, nämlich Phosphor, Kalium und Stickstoff, der, unter diesen dreien, gewöhnlich das geschwindigkeitslimitierende Element beim Pflanzenwachstum ist. Deshalb ist das für Pflanzenwachstum erforderliche hauptsächliche Nährstoff-Element Stickstoff (N). Er ist ein Bestandteil von zahlreichen wichtigen Verbindungen, welche in lebenden Zellen angetroffen werden, einschließlich Aminosäuren, Proteinen (Enzymen), Nukleinsäuren und Chlorophyll. Stickstoff macht 1,5% bis 2% der Pflanzen-Trockensubstanz und ungefähr 16% des gesamten Pflanzenproteins aus. Die Verfügbarkeit von Stickstoff ist somit ein wichtiger limitierender Faktor beim Wachstum und der Produktion von Kulturpflanzen (Frink et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96(4): 1175–1180) und besitzt außerdem einen sehr großen Einfluss auf die Proteinakkumulation und Aminosäure-Zusammensetzung. Daher sind Nutzpflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen bei Kultivierung unter stickstofflimitierenden Bedingungen von großem Interesse.

[0326] Die Durchführung der Verfahren der Erfindung liefert unter Nährstoffmangelbedingungen, insbesondere unter Stickstoffmangelbedingungen, herangezogene Pflanzen mit erhöhtem Ertrag im Vergleich zu unter vergleichbaren Bedingungen herangezogenen Kontrollpflanzen. Deshalb wird gemäß der vorliegenden Erfindung ein Verfahren zum Erhöhen des Ertrags von unter Nährstoffmangelbedingungen herangezogenen Pflanzen bereitgestellt, wobei das Verfahren die Modulation der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, umfasst. Ein Nährstoffmangel kann aus einem Mangel an Nährstoffen wie unter anderem Stickstoff, Phosphaten und anderen phosphorhaltigen Verbindungen, Kalium, Calcium, Magnesium, Mangan, Eisen und Bor resultieren.

[0327] Die Durchführung der Verfahren der Erfindung liefert unter Salzstressbedingungen herangezogene Pflanzen mit erhöhtem Ertrag im Vergleich zu unter vergleichbaren Bedingungen herangezogenen Kontrollpflanzen. Deshalb wird gemäß der vorliegenden Erfindung ein Verfahren zum Erhöhen des Ertrags von unter Salzstressbedingungen herangezogenen Pflanzen bereitgestellt, wobei das Verfahren die Modulation der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, umfasst. Der Begriff Salzstress ist nicht auf Kochsalz (NaCl) beschränkt, sondern kann sich unter anderem auch auf eine oder mehrere der folgenden Substanzen beziehen: NaCl, KCl, LiCl, MgCl₂, CaCl₂.

[0328] Die vorliegende Erfindung umfasst Pflanzen oder Teile davon (einschließlich Samen), die durch die Verfahren gemäß der vorliegenden Erfindung erhältlich sind. Die Pflanzen oder Teile davon umfassen ein Nukleinsäure-Transgen, das für ein wie oben definiertes BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, welches funktionell mit einem in Pflanzen wirkenden Promotor verbunden ist.

[0329] Die Erfindung stellt außerdem genetische Konstrukte und Vektoren zum Erleichtern des Einbringens und/oder der Expression von für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Poly-

peptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codierenden Nukleinsäuresequenzen in Pflanzen bereit. Die Genkonstrukte können in Vektoren inseriert werden, welche kommerziell erhältlich sein können, die für das Transformieren in Pflanzen hinein geeignet sind und für die Expression des Gens von Interesse in den transformierten Zellen geeignet sind. Die Erfindung sieht ebenfalls die Verwendung eines wie hier definierten Genkonstrukts in den Verfahren der Erfindung vor.

[0330] Im Genaueren sieht die vorliegende Erfindung ein Konstrukt vor, umfassend:

- (a) eine Nukleinsäure, die für ein wie oben definiertes BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder am ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert;
- (b) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
- (c) eine Transkriptionsterminationsequenz.

[0331] Die Nukleinsäure, die für ein wie oben definiertes BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, ist vorzugsweise wie oben definiert. Die Begriffe "Steuerungssequenz" und "Terminationssequenz" sind wie hierin definiert.

[0332] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so handelt es sich bei einer der Steuerungssequenzen eines Konstrukts vorzugsweise um einen aus einem Pflanzengenom isolierten konstitutiven Promotor. Ein Beispiel für einen konstitutiven Promotor ist ein GOS2-Promotor, vorzugsweise ein GOS2-Promotor aus Reis, ganz besonders bevorzugt eine GOS2-Sequenz gemäß SEQ ID NR: 295.

[0333] Pflanzen werden mit einem Vektor transformiert, der jedwede der oben beschriebenen Nukleinsäuresequenzen umfasst. Der Fachmann auf dem Gebiet ist mit den genetischen Elementen gut vertraut, welche auf dem Vektor vorhanden sein müssen, um Wirtszellen, welche die Sequenz von Interesse enthalten, erfolgreich zu transformieren, zu selektieren und zu vermehren. Die Sequenz von Interesse ist funktionsfähig mit einer oder mehreren Steuerungssequenzen (mindestens an einen Promotor) verbunden.

[0334] Vorteilhafterweise kann zur Steuerung der Expression der Nukleinsäuresequenz vorteilhaft ein beliebiger Promotortyp verwendet werden, gleich ob natürlich oder synthetisch, vorzugsweise ist der Promotor jedoch pflanzlichen Ursprungs. Ein konstitutiver Promotor eignet sich besonders für die Verfahren. Vorzugsweise handelt es sich bei dem konstitutiven Promotor ebenfalls um einen ubiquitären Promotor mittlerer Stärke. Definitionen der verschiedenen Promotortypen finden sich hier im Abschnitt "Definitionen".

[0335] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so kann zum Erhöhen der Expression der Nukleinsäuresequenz vorteilhaft ein beliebiger Promotortyp verwendet werden, gleich ob natürlich oder synthetisch. Ein konstitutiver Promotor eignet sich besonders für die Verfahren, vorzugsweise ein aus einem Pflanzengenom isolierter konstitutiver Promotor. Der konstitutive Pflanzenpromotor steuert die Expression auf einer Niveau, das in allen Fällen unter dem liegt, welches man unter der Kontrolle eines viralen 35S-CaMV-Promotors erhält. Ein Beispiel für einen solchen Promotor ist ein GOS2-Promotor gemäß SEQ ID NR: 295.

[0336] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so eignen sich organspezifische Promotoren, zum Beispiel für die bevorzugte Expression in Blättern, Stängeln, Knollen, Meristemen, Samen, zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Entwicklungsgesteuerte und induzierbare Promotoren eignen sich ebenfalls zum Durchführen der Verfahren der Erfindung. Definitionen der verschiedenen Promotortypen finden sich hier im Abschnitt "Definitionen".

[0337] Was BET1-ähnliche Polypeptide betrifft, so sollte klar sein, dass die Anwendbarkeit der vorliegenden Erfindung nicht auf die für BET1-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 1 beschränkt ist, noch ist die Anwendbarkeit der Erfindung auf die Expression einer für das BET1-ähnliche Polypeptid codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors beschränkt.

[0338] Bei dem konstitutiven Promotor handelt es sich vorzugsweise um einen Promotor mittlerer Stärke, besonders bevorzugt aus einer Pflanze, wie einen GOS2-Promotor, besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Promotor um den GOS2-Promotor aus Reis. Weiter bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch eine Nukleinsäuresequenz wiedergegeben, die im Wesentlichen SEQ ID NR: 103 ähnelt, ganz besonders bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch SEQ ID NR: 103 wiedergegeben. Weitere Beispiele konstitutiver Promotoren finden sich hier im Abschnitt "Definitionen".

[0339] Gegebenenfalls können in dem in eine Pflanze eingeführten Konstrukt eine oder mehrere Terminatorsequenzen eingesetzt werden. Vorzugsweise umfasst das Konstrukt eine Expressionskassette, die einen GOS2-Promotor umfasst, im Wesentlichen ähnlich SEQ ID NR: 103, und die für das BET1-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäure, Was Calreticulin-Polypeptide betrifft, so sollte klar sein, dass die Anwendbarkeit der vorliegenden Erfindung nicht auf die für Calreticulin-Polypeptide codierende Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 104 beschränkt ist, noch ist die Anwendbarkeit der Erfindung auf die Expression einer für das Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors beschränkt.

[0340] Bei dem konstitutiven Promotor handelt es sich vorzugsweise um einen Promotor mittlerer Stärke, besonders bevorzugt aus einer Pflanze, wie einen GOS2-Promotor, besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Promotor um den GOS2-Promotor aus Reis. Weiter bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch eine Nukleinsäuresequenz wiedergegeben, die im Wesentlichen SEQ ID NR: 257 ähnelt, ganz besonders bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch SEQ ID NR: 257 wiedergegeben. Weitere Beispiele konstitutiver Promotoren finden sich hier im Abschnitt "Definitionen".

[0341] Gegebenenfalls können in dem in eine Pflanze eingeführten Konstrukt eine oder mehrere Terminatorsequenzen eingesetzt werden. Vorzugsweise umfasst das Konstrukt eine Expressionskassette, die einen GOS2-Promotor umfasst, im Wesentlichen ähnlich SEQ ID NR: 257, und die für das Calreticulin-Polypeptid codierende Nukleinsäure.

[0342] Was DUS1L-Polypeptide betrifft, so sollte klar sein, dass die Anwendbarkeit der vorliegenden Erfindung nicht auf die für das DUS1L-Polypeptid codierende Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 258 codierende Nukleinsäure beschränkt ist, noch ist die Anwendbarkeit der Erfindung auf die Expression einer für das DUS1L-Polypeptid codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors beschränkt.

[0343] Gegebenenfalls können in dem in eine Pflanze eingeführten Konstrukt eine oder mehrere Terminatorsequenzen eingesetzt werden.

[0344] Was ES43-ähnliche Polypeptide betrifft, so sollte klar sein, dass die Anwendbarkeit der vorliegenden Erfindung nicht auf die für ES43-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 298 beschränkt ist, noch ist die Anwendbarkeit der Erfindung auf die Expression einer für das ES43-ähnliche Polypeptid codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors beschränkt.

[0345] Bei dem konstitutiven Promotor handelt es sich vorzugsweise um einen Promotor mittlerer Stärke, besonders bevorzugt aus einer Pflanze, wie einen GOS2-Promotor, besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Promotor um den GOS2-Promotor aus Reis. Weiter bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch eine Nukleinsäuresequenz wiedergegeben, die im Wesentlichen SEQ ID NR: 386 ähnelt, ganz besonders bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch SEQ ID NR: 386 wiedergegeben. Weitere Beispiele konstitutiver Promotoren finden sich hier im Abschnitt "Definitionen".

[0346] Gegebenenfalls können in dem in eine Pflanze eingeführten Konstrukt eine oder mehrere Terminatorsequenzen eingesetzt werden. Vorzugsweise umfasst das Konstrukt eine Expressionskassette, die einen GOS2-Promotor umfasst, im Wesentlichen ähnlich SEQ ID NR: 386, und die für das ES43-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäure.

[0347] Was HON5-ähnliche Polypeptide betrifft, so sollte klar sein, dass die Anwendbarkeit der vorliegenden Erfindung nicht auf die für HON5-ähnliche Polypeptide codierende Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 387 beschränkt ist, noch ist die Anwendbarkeit der Erfindung auf die Expression einer für das HON5-ähnliche Polypeptid codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors oder unter der Kontrolle eines wurzelspezifischen Promotors beschränkt.

[0348] Bei dem konstitutiven Promotor handelt es sich vorzugsweise um einen Promotor mittlerer Stärke, besonders bevorzugt aus einer Pflanze, wie einen GOS2-Promotor, besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Promotor um den GOS2-Promotor aus Reis. Weiter bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch eine Nukleinsäuresequenz wiedergegeben, die im Wesentlichen SEQ ID NR: 416 ähnelt, ganz besonders bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch SEQ ID NR: 416 wiedergegeben. Weitere Beispiele konstitutiver Promotoren finden sich hier im Abschnitt "Definitionen".

[0349] Gegebenenfalls können in dem in eine Pflanze eingeführten Konstrukt eine oder mehrere Terminatorsequenzen eingesetzt werden. Vorzugsweise umfasst das Konstrukt eine Expressionskassette, die einen

GOS2-Promotor umfasst, im Wesentlichen ähnlich SEQ ID NR: 416, und die für das HON5-ähnliche Polypeptid codierende Nukleinsäure.

[0350] Was GSA1-Polypeptide betrifft, so sollte klar sein, dass die Anwendbarkeit der vorliegenden Erfindung nicht auf die für GSA1-Polypeptide codierende Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 417 beschränkt ist, noch ist die Anwendbarkeit der Erfindung auf die Expression einer für das GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors beschränkt.

[0351] Bei dem konstitutiven Promotor handelt es sich vorzugsweise um einen Promotor mittlerer Stärke, besonders bevorzugt aus einer Pflanze, wie einen GOS2-Promotor, besonders bevorzugt handelt es sich bei dem Promotor um den GOS2-Promotor aus Reis. Weiter bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch eine Nukleinsäuresequenz wiedergegeben, die im Wesentlichen SEQ ID NR: 492 ähnelt, ganz besonders bevorzugt wird der konstitutive Promotor durch SEQ ID NR: 492 wiedergegeben. Weitere Beispiele konstitutiver Promotoren finden sich hier im Abschnitt "Definitionen".

[0352] Gegebenenfalls können in dem in eine Pflanze eingeführten Konstrukt eine oder mehrere Terminatorssequenzen eingesetzt werden. Vorzugsweise umfasst das Konstrukt eine Expressionskassette, die einen GOS2-Promotor umfasst, im Wesentlichen ähnlich SEQ ID NR: 492, und die für das GSA1-Polypeptid codierende Nukleinsäure.

[0353] Zusätzliche Steuerungselemente können Transkriptions- sowie Translationsverstärker einschließen. Dem Fachmann werden für eine Verwendung bei der Durchführung der Erfindung geeignete Terminator- und Verstärkersequenzen bekannt sein. Zur Erhöhung der Menge an reifer Nachricht, die sich im Zytosol anreichert, kann man in der 5'-untranslatierten Region (UTR) oder in der Codierungssequenz außerdem eine Intronsequenz einfügen, wie im Definitionsabschnitt beschrieben. Bei anderen Kontrollsequenzen (neben Promotor, Verstärker, Silencer, Intronsequenzen, 3'UTR- und/oder 5'UTR-Regionen) kann es sich um Protein- und/oder RNA-stabilisierende Elemente handeln. Solche Sequenzen sollten dem Fachmann bekannt sein oder sollten sich von diesem leicht in Erfahrung bringen lassen.

[0354] Die genetischen Konstrukte der Erfindung können ferner eine Replikationsursprung-Sequenz enthalten, welche für die Beibehaltung und/oder Replikation in einem spezifischen Zelltyp erfordert wird. Ein Beispiel besteht in dem Fall, dass ein genetisches Konstrukt in einer Bakterienzelle als ein episomales genetisches Element (z. B. Plasmid- oder Cosmid-Molekül) gehalten werden muss. Bevorzugte Replikationsursprünge schließen, ohne jedoch darauf eingeschränkt zu sein, den f1-ori und colE1 ein.

[0355] Für den Nachweis des erfolgreichen Transfers der Nukleinsäuresequenzen, wie in den Verfahren der Erfindung verwendet, und/oder die Selektion von transgenen Pflanzen, welche diese Nukleinsäuren umfassen, ist es vorteilhaft, Markergene (oder Reportergene) zu verwenden. Deshalb kann das genetische Konstrukt gegebenenfalls ein selektierbares Markergen umfassen. Selektierbare Marker sind hierin im Abschnitt "Definitionen" ausführlicher beschrieben. Die Markergene können aus der transgenen Zelle entfernt oder herausgeschnitten werden, sobald sie nicht länger benötigt werden. Techniken zur Markerentfernung sind auf dem Fachgebiet bekannt, wobei nützliche Techniken oben im Abschnitt "Definitionen" beschrieben sind.

[0356] Es ist bekannt, dass bei einer stabilen oder transienten Integration von Nukleinsäuresequenzen in Pflanzenzellen nur eine Minderheit der Zellen die Fremd-DNA aufnimmt und, falls gewünscht, diese in ihr Genom integriert, was vom verwendeten Expressionsvektor und der angewandten Transfektionstechnik abhängig ist. Um diese Integranten zu identifizieren und zu selektieren, wird üblicherweise ein Gen, das für einen selektierbaren Marker codiert (wie denjenigen, die oben beschrieben sind), zusammen mit dem Gen von Interesse in die Wirtszellen eingebracht. Diese Marker können zum Beispiel in Mutanten verwendet werden, in denen diese Gene, beispielsweise aufgrund von Deletion durch herkömmliche Verfahren, nicht funktionsfähig sind. Darüber hinaus können Nukleinsäuresequenzmoleküle, die für einen selektierbaren Marker codieren, auf demselben Vektor, der die Sequenz umfasst, welche die erfindungsgemäßen oder in den erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Polypeptide codiert, oder ansonsten in einem separaten Vektor in eine Wirtszelle eingebracht werden. Zellen, welche stabil mit der eingebrachten Nukleinsäuresequenz transfiziert worden sind, können zum Beispiel durch Selektion identifiziert werden (beispielsweise überleben Zellen, welche den selektierbaren Marker integriert haben, wohingegen die anderen Zellen sterben). Die Markergene können aus der transgenen Zelle entfernt oder herausgeschnitten werden, sobald sie nicht länger benötigt werden. Techniken zur Markergen-Entfernung sind im Fachgebiet bekannt, verwendbare Techniken sind oben im Abschnitt "Definitionen" beschrieben.

[0357] Die vorliegende Erfindung stellt ein Verfahren zur Produktion von transgenen Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen bereit, wobei das Verfahren die Einführung und Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid, wie hierin definiert, codiert, in einer Pflanze umfasst.

[0358] Die vorliegende Erfindung stellt genauer gesagt ein Verfahren zur Herstellung transgener Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen, insbesondere erhöhtem (Samen)ertrag, bereit, wobei das Verfahren Folgendes umfasst:

- (i) Einführen und Exprimieren einer für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codierenden Nukleinsäure in eine Pflanze oder Pflanzenzelle; und
- (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

[0359] Bei der Nukleinsäure von (i) kann es sich um eine beliebige Nukleinsäure handeln, die dazu fähig ist, für ein wie oben definiertes BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid zu codieren.

[0360] Die Nukleinsäure kann direkt in eine Pflanzenzelle oder in die Pflanze selbst eingebracht werden (einschließlich Einbringung in ein Gewebe, Organ oder einen beliebigen anderen Teil einer Pflanze). Gemäß einem bevorzugten Merkmal der vorliegenden Erfindung wird die Nukleinsäure vorzugsweise durch Transformation in eine Pflanze eingebracht. Der Begriff "Transformation" ist ausführlicher im Abschnitt "Definitionen" hierin beschrieben.

[0361] Die genetisch modifizierten Pflanzenzellen können durch alle Verfahren regeneriert werden, mit denen der Fachmann vertraut ist. Geeignete Verfahren können in den oben erwähnten Veröffentlichungen von S. D. Kung und R. Wu, Potrykus oder Hofgen und Willmitzer gefunden werden.

[0362] Nach einer Transformation werden Pflanzenzellen oder Zellgruppierungen im Allgemeinen hinsichtlich Gegenwart von einem oder mehreren Markern selektiert, welche von pflanzlich exprimierbaren Genen codiert werden, die mit dem Gen von Interesse co-transferiert werden, wonach das transformierte Material zu einer ganzen Pflanze regeneriert wird. Um transformierte Pflanzen zu selektieren, wird das in der Transformation erhaltene Pflanzenmaterial in der Regel selektiven Bedingungen unterworfen, so dass transformierte Pflanzen von nicht-transformierten Pflanzen unterschieden werden können. Zum Beispiel können die in der oben beschriebenen Weise erhaltenen Samen eingepflanzt und nach einer anfänglichen Wachstumsperiode einer geeigneten Selektion durch Besprühen unterworfen werden. Eine weitere Möglichkeit besteht im Wachsenlassen der Samen, zutreffendenfalls nach Sterilisation, auf Agarplatten unter Anwendung eines geeigneten Selektionsmittels, so dass nur die transformierten Samen zu Pflanzen heranwachsen können. Alternativ werden die transformierten Pflanzen hinsichtlich der Gegenwart eines selektierbaren Markers, wie denjenigen, die oben beschrieben sind, gescreent.

[0363] Im Anschluss an DNA-Transfer und Regeneration können vermeintlich transformierte Pflanzen auch, zum Beispiel unter Anwendung von Southern-Analyse, hinsichtlich der Gegenwart des Gens von Interesse, der Kopienzahl und/oder der genomischen Organisation untersucht werden. Alternativ oder zusätzlich können Expressionsspiegel der neu eingeführten DNA unter Anwendung von Northern- und/oder Western-Analyse überwacht werden, wobei beide Techniken dem Durchschnittsfachmann auf dem Gebiet allgemein bekannt sind.

[0364] Die erzeugten, transformierten Pflanzen können durch eine Vielzahl von Methoden vermehrt werden, wie etwa durch klonale Propagation oder klassische Züchtungstechniken. So kann zum Beispiel eine transformierte Pflanze der ersten Generation (oder T1) geselbstet und homozygote Transformanten der zweiten Generation (oder T2) können selektiert werden, und die T2-Pflanzen können dann durch klassische Züchtungstechniken weiter vermehrt werden. Die erzeugten, transformierten Organismen können eine Vielzahl von Formen einnehmen. Zum Beispiel können sie Chimären von transformierten Zellen und nicht-transformierten Zellen; klonale Transformanten (wobei z. B. alle Zellen transformiert sind, um die Expressionskassette zu enthalten); Propfungen von transformierten und nicht-transformierten Geweben (z. B. in Pflanzen, in denen ein transformierter Wurzelstock an einen nicht-transformierten Spross gepropft wird) sein.

[0365] Die vorliegende Erfindung erstreckt sich in deutlicher Weise auf eine beliebige Pflanzenzelle oder Pflanze, welche durch ein beliebiges der hierin beschriebenen Verfahren hergestellt wurde, sowie auf alle Pflanzenteile und Fortpflanzungskeime bzw. Verbreitungseinheiten davon. Die vorliegende Erfindung erstreckt sich ferner dahingehend, dass die Nachkommenschaft eines/einer primären transformierten oder transfizierten Zelle, Gewebes, Organs oder ganzen Pflanze, welche(s) durch ein beliebiges der zuvor erwähnten Verfahren hergestellt worden ist, beinhaltet ist, wobei die einzige Anforderung darin besteht, dass die Nachkommen dieselben genotypischen und/oder phänotypischen Merkmale) aufzeigen, wie diejenigen, welche von der Elternform in den Verfahren gemäß der Erfindung hervorgebracht werden.

[0366] Die Erfindung umfasst außerdem Wirtszellen, die eine isolierte Nukleinsäure, die für ein wie oben definiertes BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, enthalten. Bevorzugte Wirtszellen gemäß der Erfindung sind Pflanzenzellen. Wirtspflanzen für die Nukleinsäuren oder den Vektor, welche in dem Verfahren gemäß der Erfindung verwendet werden, die Expressionskassette oder das Konstrukt oder der Vektor sind im Prinzip in vorteilhafter Weise alle Pflanzen, welche zum Synthetisieren der im Verfahren der Erfindung verwendeten Polypeptide in der Lage sind.

[0367] Die Verfahren der Erfindung sind in vorteilhafter Weise auf eine beliebige Pflanze anwendbar. Zu Pflanzen, die in den Verfahren der Erfindung besonders nützlich sind, zählen alle Pflanzen, die der Superfamilie Viridiplantae angehören, insbesondere monokotyle und dikotyle Pflanzen einschließlich Viehfutter- oder Grünfütter-Leguminosen, Zierpflanzen, Nahrungspflanzen, Bäumen oder Sträuchern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung ist die Pflanze eine Nutzpflanze. Zu Beispielen von Nutzpflanzen zählen Sojabohne, Sonnenblume, Canola, Alfalfa, Raps, Leinsamen, Baumwolle, Tomate, Kartoffel und Tabak. Weiter bevorzugt ist die Pflanze eine monokotyle Pflanze. Zu Beispielen von monokotylen Pflanzen zählt Zuckerrohr. Weiter bevorzugt ist die Pflanze ein Getreide. Beispiele für Getreide schließen Reis, Mais, Weizen, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff bzw. Zwerghirse, Milo und Hafer ein.

[0368] Die Erfindung erstreckt sich ebenfalls auf erntefähige Teile einer Pflanze wie, ohne jedoch darauf eingeschränkt zu sein, Samen, Blätter, Früchte, Blüten, Stängel, Wurzeln, Rhizome, Knollen und Zwiebeln, wobei diese erntefähigen Teile eine rekombinante Nukleinsäure enthalten, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert. Die Erfindung betrifft ferner Produkte, die aus einem erntefähigen Teil einer derartigen Pflanze abgeleitet, vorzugsweise direkt abgeleitet sind, wie etwa trockene Pellets oder Pulver, Öl, Fett und Fettsäuren, Stärke oder Proteine.

[0369] Gemäß eines bevorzugten Merkmals der Erfindung ist die modulierte Expression eine erhöhte Expression. Verfahren zur Erhöhung der Expression von Nukleinsäuren oder Genen oder Genprodukten sind im Fachgebiet gut dokumentiert, und Beispiele sind im Abschnitt "Definitionen" angegeben.

[0370] Wie oben erwähnt, wird ein bevorzugtes Verfahren zur Modulierung der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, durchgeführt, indem man eine für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codierende Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze einbringt und dort exprimiert; allerdings können die Effekte der Durchführung des Verfahrens, d. h. die Steigerung von Ertragsmerkmalen, auch unter Verwendung anderer gut bekannter Techniken erzielt werden, einschließlich, ohne jedoch darauf eingeschränkt zu sein, T-DNA-Aktivierungs-Tagging, TILLING, homologe Rekombination. Eine Beschreibung dieser Techniken ist im Abschnitt "Definitionen" angegeben.

[0371] Die vorliegende Erfindung umfasst ebenfalls die Verwendung von Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide, wie hierin beschrieben, codieren, und die Verwendung dieser BET1-ähnlichen Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder ES43-ähnlichen Polypeptide oder HON5-ähnlichen Polypeptide oder GSA1-Polypeptide bei der Steigerung beliebiger der oben erwähnten Ertragsmerkmale in Pflanzen.

[0372] Außerdem umfasst die vorliegende Erfindung die Verwendung von Nukleinsäuresequenzen, die für DUS1L-Polypeptide, wie hierin beschrieben, codieren, und die Verwendung dieser DUS1L-Polypeptide bei der Erhöhung beliebiger der zuvor erwähnten Ertragsmerkmale in Pflanzen unter normalen Wachstumsbedingungen.

gen, unter abiotischen Stress-Wachstumsbedingungen (vorzugsweise osmotischen Stress-Wachstumsbedingungen) und unter Wachstumsbedingungen mit verringerter Nährstoffverfügbarkeit, vorzugsweise unter Bedingungen mit verringerter Stickstoffverfügbarkeit.

[0373] Die hier beschriebenen, für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codierende Nukleinsäuren oder die BET1-ähnlichen Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnlichen Polypeptide oder HON5-ähnlichen Polypeptide oder GSA1-Polypeptide selbst können bei Zuchtprogrammen Anwendung finden, bei denen ein DNA-Marker identifiziert wird, der sich genetisch mit einem für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierenden Gen in Verbindung bringen lässt. Die Nukleinsäuren/Gene oder die BET1-ähnlichen Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnlichen Polypeptide oder HON5-ähnlichen Polypeptide oder GSA1-Polypeptide selbst lassen sich zur Definition eines molekularen Markers verwenden. Dieser DNA- oder Proteinmarker kann dann in Züchtungsprogrammen verwendet werden, um Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen, wie hierin oben definiert, in den Verfahren der Erfindung zu selektieren.

[0374] Allelische Varianten einer Nukleinsäure/eines Gens, die/das für ein BET1-ähnliches Polypeptid oder ein Calreticulin-Polypeptid oder ein DUS1L-Polypeptid oder ein ES43-ähnliches Polypeptid oder ein HON5-ähnliches Polypeptid oder ein GSA1-Polypeptid codiert, können außerdem bei markergestützten Zuchtprogrammen eingesetzt werden. Solche Züchtungsprogramme erfordern manchmal das Einbringen von allelischer Variation durch mutagene Behandlung der Pflanzen, wobei zum Beispiel EMS-Mutagenese angewandt wird; alternativ dazu kann das Programm mit einer Sammlung von Allelvarianten mit unabsichtlich verursachtem sogenanntem "natürlichen" Ursprung beginnen. Die Identifizierung allelischer Varianten findet dann zum Beispiel mittels PCR statt. Hierauf folgt ein Schritt zur Selektion von höherwertigen Allelvarianten der betreffenden Sequenz, welche erhöhten Ertrag ergeben. Die Selektion wird in der Regel durch Überwachen der Wachstumsleistung von Pflanzen, die verschiedene Allelvarianten der betreffenden Sequenz enthalten, ausgeführt. Die Wachstumsleistung kann in einem Gewächshaus oder auf dem Feld überwacht werden. Weitere wahlfreie Schritte beinhalten das Kreuzen von Pflanzen, in denen die höherwertige Allelvariante identifiziert worden ist, mit einer anderen Pflanze. Dies könnte beispielsweise angewandt werden, um eine Kombination interessanter phänotypischer Merkmale zu erzeugen.

[0375] Nukleinsäuren, die für BET1-ähnliche Polypeptide Oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codieren, können ebenfalls als Sonden für die genetische und physikalische Kartierung der Gene, von denen sie ein Teil sind, sowie als Marker für mit diesen Genen gekoppelte Merkmale verwendet werden. Derartige Informationen können in der Pflanzenzucht nützlich sein, um Linien mit gewünschten Phänotypen zu entwickeln. Für eine solche Verwendung von für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codierenden Nukleinsäuren benötigt man lediglich eine Nukleinsäuresequenz mit einer Länge von mindestens 15 Nukleotiden. Die für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codierenden Nukleinsäuren lassen sich als Restriction Fragment Length Polymorphism-(RFLP-)Marker verwenden. Southern blots (Sambrook J. Fritsch EF und Maniatis T (1989) *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*) von restriktionsverdauter genomischer Pflanzen-DNA lassen sich mit den für POI codierenden Nukleinsäuren untersuchen. Die resultierenden Bandenmuster können dann genetischen Analysen mit Hilfe von Computerprogrammen wie MapMaker (Lander et al. (1987) *Genomics 1: 174–181*) unterzogen werden, um eine genetische Karte zu erstellen. Darüber hinaus können die Nukleinsäuren verwendet werden, um Southern-Blots zu sondieren, die mit Restriktionsendonuklease behandelte genomische DNAs aus einer Auswahl von Individuen enthalten, welche Eltern und Nachkommen einer definierten genetischen Kreuzung repräsentieren. Die Segregation der DNA-Polymorphismen wird aufgezeichnet und verwendet, um die Position der für BET1-ähnliche Polypeptide oder Calreticulin-Polypeptide oder DUS1L-Polypeptide oder ES43-ähnliche Polypeptide oder HON5-ähnliche Polypeptide oder GSA1-Polypeptide codierenden Nukleinsäure in der genetischen Karte zu berechnen, welche zuvor unter Verwendung dieser Population erhalten wurde (Botstein et al. (1980) *Am. J. Hum. Genet.* 32: 314–331).

[0376] Die Herstellung und Anwendung von pflanzengenabgeleiteten Sonden zur Verwendung in der genetischen Kartierung ist in Bernatzky und Tanksley (1986) *Plant Mol. Biol. Reporter* 4: 37–41 beschrieben. Zahlreiche Veröffentlichungen beschreiben die genetische Kartierung von spezifischen cDNA-Klonen unter Anwendung der oben geschilderten Methodik oder Variationen davon. Zum Beispiel können F2-Intercross-Populationen, Rückkreuzungs-Populationen, wahllos gekreuzte Populationen, beinaheisogene Linien und andere Indi-

viduengruppierungen für die Kartierung verwendet werden. Derartige Methodiken sind dem Fachmann allgemein bekannt.

[0377] Die Nukleinsäuresequenz-Sonden können auch für eine physikalische Kartierung verwendet werden (d. h. Platzierung von Sequenzen auf physikalischen Karten; siehe Hoheisel et al. in: *Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide*, Academic Press 1996, S. 319–346, und darin zitierte Literaturstellen).

[0378] In einer anderen Ausführungsform können die Nukleinsäuresonden bei der direkten Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung(FISH)-Kartierung verwendet werden (Trask (1991) *Trends Genet.* 7: 149–154). Obwohl derzeitige Verfahren zur FISH-Kartierung die Verwendung großer Klone begünstigen (mehrere kb bis einige hundert kb; siehe Laan et al. (1995) *Genome Res.* 5: 13–20), können Verbesserungen der Empfindlichkeit eine Ausführung der FISH-Kartierung unter Verwendung kürzerer Sonden erlauben.

[0379] Eine Vielzahl von auf Nukleinsäure-Amplifikation basierenden Verfahren zur genetischen und physikalischen Kartierung kann unter Verwendung der Nukleinsäuren durchgeführt werden. Zu Beispielen zählen die allelspezifische Amplifikation (Kazazian (1989) *J. Clin. Med.* 11: 95–96), Polymorphismus von PCR-amplifizierten Fragmenten (CAPS; Sheffield et al. (1993) *Genomics* 16: 325–332), allelspezifische Ligation (Landegren et al. *Science* 241: 1077–1080), Nukleotid-Verlängerungsreaktionen (Sokolov (1990) *Nucleic Acid Res.* 18: 3671), Radiation Hybrid Mapping bzw. Bestrahlungs-Hybridkartierung (Walter et al. (1997) *Nat. Genet.* 7: 22–28) und Happy Mapping (Dear und Cook (1989) *Nucleic Acid Res.* 17: 6795–6807). Für diese Verfahren wird die Sequenz einer Nukleinsäure verwendet, um Primerpaare zur Verwendung in der Amplifikationsreaktion oder in Primerverlängerungsreaktionen zu entwerfen und herzustellen. Das Entwerfen derartiger Primer ist dem Fachmann auf dem Gebiet allgemein bekannt. In Verfahren unter Anwendung von PCR-basierter genetischer Kartierung kann es notwendig sein, DNA-Sequenzunterschiede zwischen den Eltern der Kartierungskreuzung in der Region zu identifizieren, die der vorliegenden Nukleinsäuresequenz entspricht. Dies ist jedoch im Allgemeinen für Kartierungsverfahren nicht notwendig.

[0380] Die Verfahren gemäß der vorliegenden Erfindung führen zu Pflanzen mit gesteigerten Ertragsmerkmalen, wie hierin zuvor beschrieben. Diese Eigenschaften können auch mit anderen wirtschaftlich vorteilhaften Eigenschaften kombiniert werden, wie etwa weiteren ertragssteigernden Eigenschaften, Toleranz gegenüber abiotischen und biotischen Stressfaktoren, Toleranz gegen Herbizide, Insektizide, Eigenschaften, die verschiedene architektonische Merkmale und/oder biochemische und/oder physiologische Merkmale modifizieren.

Beschreibung der Figuren

[0381] Die vorliegende Erfindung wird nun unter Bezugnahme auf die folgenden Figuren beschrieben, in denen:

[0382] [Fig. 1](#) die (Domänenstruktur, Sequenz von SEQ ID NR: 2 mit konservierter CC-Domäne (fett) und Motiv 1 (unterstrichen) sind hervorgehoben, zeigt.

[0383] [Fig. 2](#) ein multiples Alignment von BET1-ähnlichen Polypeptiden zeigt.

[0384] [Fig. 3](#) den für eine erhöhte Expression einer für BET1-ähnliche codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines Reis-GOS2-Promotors (pGOS2) in Reis verwendeten binären Vektor zeigt.

[0385] [Fig. 4](#) ein multiples Alignment von Calreticulin-Polypeptiden zeigt. Strukturell charakteristische Elemente von Calreticulin-Polypeptiden sind über der Konsensussequenz angegeben.

[0386] [Fig. 5](#) einen phylogenetischen Baum wie von Christensen et al. 2008 **Fig. 1A** beschrieben zeigt.

[0387] [Fig. 6](#) den für eine erhöhte Expression einer für Calreticulin codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines Reis-GOS2-Promotors (pGOS2) in *Oryza sativa* verwendeten binären Vektor zeigt. Der Begriff "Calreticulin" soll in dieser Figur eine der Nukleinsäuresequenzen von Tabelle A2, S. *lycopersicum_TA36564* oder *P. trichocarpa_133.107* bedeuten.

[0388] [Fig. 7](#) die durch ein DUS-Enzym katalysierte chemische Reaktion (nach Bishop et al. (2002) *J. Biol. Chem.* 277(28): 25000–25006) zeigt.

[0389] [Fig. 8](#) eine zweidimensionale Darstellung einer generischen E. coli-tRNA ist, in der die Nukleotide der D-Schleife gezeigt sind. Konservierte D-Schleifen-Basen sind gezeigt (R, Purin). Positionen, die D enthalten können, sind als X gezeigt und mit Pfeilen markiert (nach Bishop et al. (2002) J. Biol. Chem. 277(28): 25000–25006).

[0390] [Fig. 9](#) ein AlignX(aus Vector NTI 10.3, Invitrogen Corporation)-Mehrfach-Sequenzalignment der DUS1L-Polypeptide von Tabelle A3 zeigt. Eine wichtige Domäne ist eine tRNA-Dihydrouridinsynthesedomäne mit dem InterPro-Eintrag IPR001269 (der den PFAM PF01207-Eintrag (jeweils durch X gekennzeichnet) mit einschließt). Ein wichtiges Motiv ist die konservierte Steile der tRNA-Dihydrouridinsynthese mit dem InterPro-Eintrag IPR018517 (der PROSITE PS01136 (jeweils durch X gekennzeichnet), fett in SEQ ID NR: Sacof_DuS1L mit einschließt). Konservierte Reste sind stark mit Kästchen eingefasst, insbesondere ein Cys-Rest, bei dem es sich in anderen Organismen um einen wichtigen allgemeinen Säure/Base-Katalysator handelt.

[0391] [Fig. 10](#) den für eine erhöhte Expression einer für ein DUS1L-Polypeptid codierenden Nukleinsäuresequenz unter der Kontrolle eines in Pflanzen wirkenden Promotors in *Oryza sativa*-Pflanzen binären Vektor zeigt.

[0392] [Fig. 11](#) die Aminosäuresequenz des ES43-ähnlichen Polypeptids gemäß SEQ ID NR: 299 mit der BAH-Domäne in Fettdruck und der PHD-Domäne unterstrichen zeigt.

[0393] [Fig. 12](#) ein multiples Alignment von ES43-ähnlichen Polypeptiden zeigt.

[0394] [Fig. 13](#) den für eine erhöhte Expression einer für ES43-ähnliche Polypeptide codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines Reis-GOS2-Promotors (pGOS2) in *Oryza sativa* verwendeten binären Vektor zeigt.

[0395] [Fig. 14](#) ein multiples Alignment von HON5-ähnlichen Polypeptiden zeigt. Die H1/H5-Domäne ist in Klammern angegeben, und die AT-Hooks sind durch Rechtecke gekennzeichnet.

[0396] [Fig. 15](#) den für eine erhöhte Expression einer für HON5-ähnliche Polypeptide codierenden Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 387 unter der Kontrolle eines Reis-GOS2-Promotors (pGOS2) in *Oryza sativa* verwendeten binären Vektor zeigt.

[0397] [Fig. 16](#) ein multiples Alignment von GSA1-ähnlichen Sequenzen zeigt.

[0398] [Fig. 17](#) einen phylogenetischen Baum von GSA1-ähnlichen Sequenzen zeigt.

[0399] [Fig. 18](#) den für eine erhöhte Expression einer für GSA1 codierenden Nukleinsäure unter der Kontrolle eines Reis-GOS2-Promotors (pGOS2) in *Oryza sativa* verwendeten binären Vektor zeigt.

Punkte

1. BET1-ähnliche Polypeptide

1. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das BET1-ähnliche Polypeptid eine CC-Domäne:

(i) gemäß SEQ. ID NR: 97 umfasst; und/oder

(ii) vorzugsweise mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der CC-Domäne gemäß SEQ ID NR: 98 aufweist.

2. Verfahren gemäß Punkt 1, wobei die CC-Domäne eine oder mehrere der folgenden Motive umfasst:

(i) Motiv 1: G(W/Y)CD(E/K) (SEQ ID NR: 99);

(ii) Motiv 2: EGF (SEQ ID NR: 100),

3. Verfahren gemäß Punkt 1 oder 2, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

4. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 3, wobei die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A1 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.

5. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 4, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A1 angegebenen Proteine codiert.

6. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag wie eine erhöhte Biomasse und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.
7. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nichtstressbedingungen erhalten werden.
8. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen und/oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.
9. Verfahren gemäß einem der Punkte 3 bis 8, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.
10. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 9, wobei die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Poaceae, noch mehr bevorzugt aus der Gattung Zea, ganz besonders bevorzugt aus Zea mays.
11. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 10, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, umfasst.
12. Konstrukt, umfassend:
 - (a) Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert;
 - (b) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
 - (c) eine Transkriptionsterminationsequenz.
13. Konstrukt gemäß Punkt 12, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.
14. Verwendung eines Konstrukts gemäß Punkt 12 oder 13 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen.
15. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Punkt 12 oder 13 transformiert ist.
16. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:
 - (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, in einer Pflanze; und
 - (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.
17. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.
18. Transgene Pflanze gemäß Punkt 11, 15 oder 17, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Eikorn, Teff bzw. Zwerghirse, Milo und Hafer ist.
19. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Punkt 18, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.
20. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Punkt 18 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Punkt 19 abgeleitet sind.
21. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, bei der Erhärtung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.
22. Isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:
 - (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 11 und 95;
 - (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 11 und 95;
 - (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
 - (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%,

72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A1, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(vi) eine Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A1 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

23. Isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe:

(i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96;

(ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A1, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

2. Calreticulin-Polypeptide

1. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert.

2. Verfahren gemäß Punkt 1, wobei das Calreticulin-Polypeptid eine oder mehrere der folgenden Motive umfasst:

(i) Motiv 3: PXXIXDPXXKKPEXWDD (SEQ ID NR: 246),

(ii) Motiv 4: GXWXXXIXNPXYK (SEQ ID NR: 247),

(iii) Motiv 5: E[VL]WQVK (SEQ ID NR: 248),

(iv) Motiv 6: TLV[FL]QFSVKHEQKLDCCGGY[MV]KLLSGDVDQKKFGG[DE]TPYSIMFGPDICGY (SEQ ID NR: 249) welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide der CRT1/2-Gruppe steht;

(v) Motiv 7: TPYS[LF]MFGPD[IL]CGTQTKKLH[VL]ILSYQGQNYPIKKDL[QE]CETDKLTH[FV]YTFI (SEQ ID NR: 250) welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide der CRT3-Gruppe steht;

(vi) Motiv 8: N[HY][LP]IKK[DE][VL]PCETD[QK]LTH[VF]YTFI[LI]RPDA[TS]YSILIDN[VR]E[KR][QE][TS]GS[LM]Y[TS]DWD[IL]L (SEQ ID NR: 251) welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide des Reiches der Viridiplantae steht;

(vii) Motiv 9: QKKFGGDTPYSIMFGPDICGY[SQ]TKK[VL]H[AV]I (SEQ ID NR: 252) welches für typische CRT-Polypeptide eukaryontischen Ursprungs steht;

(viii) ein Motiv mit mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zu einem der Motive (i) bis (vii);

wobei "X" für eine beliebige Aminosäure steht und wobei in Klammern "[]" angeführte Aminosäuren für alternative Aminosäuren an dieser Stelle stehen.

3. Verfahren gemäß Punkt 1 oder 2, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

4. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 3, wobei die für ein Calreticulin-Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A2 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.

5. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 4, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A2 angegebenen Proteine codiert.

6. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, und einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.

7. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nichtstressbedingungen erhalten werden.

8. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen, Salzstressbedingungen oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.
9. Verfahren gemäß einem der Punkte 3 bis 8, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.
10. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 9, wobei die für ein Calreticulin-Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Solanaceae, weiter bevorzugt aus der Gattung Solanum, ganz besonders bevorzugt aus Solanum lycopersicum.
11. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 10, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, umfasst.
12. Konstrukt, umfassend:
- (i) Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert;
 - (ii) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
 - (iii) eine Transkriptionsterminationsequenz.
13. Konstrukt gemäß Punkt 12, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.
14. Verwendung eines Konstrukts gemäß Punkt 12 oder 13 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.
15. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Punkt 12 oder 13 transformiert ist.
16. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:
- (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, in einer Pflanze; und
 - (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.
17. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.
18. Transgene Pflanze gemäß Punkt 11, 15 oder 17, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff bzw. Zwerghirse, Milo und Hafer ist.
19. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Punkt 18, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.
20. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Punkt 18 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Punkt 19 abgeleitet sind.
21. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.
22. Isoliertes Calreticulin-Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:
- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 116, 130, 140, 198 und 228;
 - (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 116, 130, 140, 198 und 228;
 - (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
 - (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A2, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(vi) eine Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 und eine beliebige der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A2 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

23. Isoliertes Calreticulin-Polypeptid aus der folgenden Reihe:

(i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229;

(ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A2, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

1. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliches (DUS1L) Polypeptid codierenden Nukleinsäure erhöht, wobei das DUS1L-Polypeptid (i) eine tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne mit dem InterPro-Eintrag IPR001269; (ii) eine TIM-Barrel-Domäne vom Aldolasetyp mit dem InterPro-Eintrag IPR013785 und (iii) eine konservierte Stelle einer tRNA-Dihydrouridinsynthase mit dem InterPro-Eintrag IPR018517 umfasst, und gegebenenfalls auf Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen selektioniert.

2. Verfahren gemäß Punkt 1, wobei das DUS1L-Polypeptid (i) mit zunehmender Präferenz mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne gemäß SEQ ID NR: 294 umfasst.

3. Verfahren gemäß Punkt 2, wobei das DUS1L-Polypeptid weiterhin mit zunehmender Präferenz mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einem Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 umfasst.

4. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei das DUS1L-Polypeptid mit zunehmender Präferenz mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer der hier in Tabelle A3 angeführten Polypeptidsequenzen aufweist.

5. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei das DUS1L-Polypeptid einen E. coli-Stamm, dem eine tRNA-Dihydrouridinsynthaseaktivität fehlt, funktionell komplementieren kann, wodurch der tRNA-Dihydrouridingehalt erhöht wird.

6. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, durch eine der in Tabelle A3 angegebenen Nukleinsäuresequenz-SEQ ID-NRn oder einen Abschnitt davon, oder eine Sequenz, die zum Hybridisieren mit einer der in Tabelle A3 angegebenen Nukleinsäuresequenzen-SEQ ID-NRn in der Lage ist, oder ein Komplement wiedergegeben wird.

7. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einer der in Tabelle A3 angegebenen Polypeptidsequenz-SEQ ID-NRn codiert.

8. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die erhöhte Expression durch ein oder mehrere aus: T-DNA-Aktivierungs-Tagging, TILLING oder homologe Rekombination, bewirkt wird.

9. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die erhöhte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

10. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die erhöhten Ertragsmerkmale eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen umfassen.

11. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei das Ertragsmerkmal in Pflanzen, die unter Bedingungen einer reduzierten Verfügbarkeit von Nährstoffen, insbesondere unter Bedingungen einer reduzierten Verfügbarkeit von Stickstoff im Vergleich zu Kontrollpflanzen kultiviert wurden, erhöht ist.

12. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die Nukleinsäuresequenz funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor verbunden ist.
13. Verfahren gemäß Punkt 11, wobei es sich bei dem konstitutiven Promotor um einen GOS2-Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor aus Reis, ganz besonders bevorzugt eine GOS2-Sequenz gemäß SEQ ID NR: 295 handelt.
14. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, aus einer Pflanze, bevorzugt aus einer monokotylen Pflanze, weiter bevorzugt aus der Familie Poaceae stammt und die Nukleinsäuresequenz ganz besonders bevorzugt aus *Saccharum officinarum* stammt.
15. Pflanzen, Teile davon (einschließlich Samen) oder Pflanzenzellen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die Pflanze bzw. der Teil oder die Zelle davon ein isoliertes Nukleinsäuretransgen umfasst, das für ein DUS1L-Polypeptid codiert.
16. Isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:
 - (i) eine Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 264 oder gemäß SEQ ID NR: 292;
 - (ii) das Komplement einer Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 264 oder gemäß SEQ ID NR: 292;
 - (iii) eine für ein DUS1L-Polypeptid codierende Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 86%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293.
17. Isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe:
 - (i) eine Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293;
 - (ii) eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 86%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293;
 - (iii) Derivate von beliebigen der Polypeptidsequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.
18. Konstrukt, umfassend:
 - (a) eine Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Punkte 1 bis 7 oder 16 definiert;
 - (b) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
 - (c) eine Transkriptionsterminationsequenz.
19. Konstrukt gemäß Punkt 18, wobei die Steuerungssequenz ein konstitutiver Promotor ist.
20. Konstrukt gemäß Punkt 19, wobei es sich bei dem konstitutiven Promotor um einen GOS2-Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor aus Reis, ganz besonders bevorzugt eine GOS2-Sequenz gemäß SEQ ID NR: 295 handelt.
21. Verwendung eines Konstrukts gemäß einem der Punkte 18 bis 20 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, wobei es sich bei den erhöhten Ertragsmerkmalen um eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen handelt.
22. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß einem der Punkte 18 bis 20 transformiert ist.
23. Verfahren für die Produktion von transgenen Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:
 - (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Punkte 1 bis 7 oder 16 definiert, in einer Pflanze, einem Pflanzenteil oder einer Pflanzenzelle; und
 - (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle, des Pflanzenteils bzw. der Pflanze unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.
24. Transgene Pflanze mit erhöhten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welche aus der erhöhten Expression einer isolierten Nukleinsäuresequenz resultieren, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Punkte 1 bis 7 oder 16 definiert, oder eine transgene Pflanzenzelle oder ein transgener Pflanzenteil, welche(r) aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.
25. Transgene Pflanze gemäß Punkt 15, 22 oder 24, wobei die Pflanze eine Kulturpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Teff, Zuckerrohr und Hafer ist, oder eine aus der transgenen Pflanze abgeleitete transgene Pflanzenzelle.
26. Erntefähige Teile, umfassend eine isolierte Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, von einer Pflanze gemäß Punkt 25, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Samen sind.
27. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Punkt 25 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Punkt 26 abgeleitet sind.

28. Verwendung einer Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Punkte 1 bis 7 oder 16 definiert, zum Erhöhen von Ertragsmerkmalen, umfassend eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen.

4. ES43-ähnliche Polypeptide

1. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das Polypeptid eine BAH-Domäne und eine PHD-Domäne umfasst.

2. Verfahren gemäß Punkt 1, wobei das ES43-ähnliche Polypeptid eine Domäne mit einer Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zur Aminosäuresequenz von SEQ ID NR: 374 (BAH-Domäne von SEQ ID NR: 299) oder zur Aminosäuresequenz von SEQ ID NR: 375 (PHD-Domäne von SEQ ID NR: 299) umfasst.

3. Verfahren gemäß Punkt 1 oder 2, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

4. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 3, wobei die Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, für ein beliebiges der in Tabelle A4 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Abschnitt einer derartigen Nukleinsäure oder eine Nukleinsäure ist, die zum Hybridisieren mit einer derartigen Nukleinsäure in der Lage ist.

5. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 4, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A4 angegebenen Proteine codiert.

6. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, vorzugsweise eine erhöhte Biomasse und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.

7. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nichtstressbedingungen erhalten werden.

8. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen und/oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.

9. Verfahren gemäß einem der Punkte 3 bis 8, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.

10. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 9, wobei die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Brassicaceae, noch mehr bevorzugt aus der Gattung Arabidopsis, ganz besonders bevorzugt aus Arabidopsis thaliana.

11. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 10, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, umfasst.

12. Konstrukt, umfassend:

(a) Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert;

(b) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls

(c) eine Transkriptionsterminationsequenz.

13. Konstrukt gemäß Punkt 12, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.

14. Verwendung eines Konstrukts gemäß Punkt 12 oder 13 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

15. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Punkt 12 oder 13 transformiert ist.

16. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:

(a) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, in einer Pflanze; und

(b) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

17. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samen-ertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.

18. Transgene Pflanze gemäß Punkt 11, 15 oder 17, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff bzw. Zwerghirse, Milo und Hafer ist.

19. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Punkt 18, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Spross-biomasse und/oder Samen sind.

20. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Punkt 18 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Punkt 19 abgeleitet sind.

21. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

22. Isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:

(i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 308, 370 und 372;

(ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 308, 370 und 372;

(iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A4, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridi-sierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontroll-pflanzen vermittelt;

(vi) eine Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A4 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt

23. Isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe:

(i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373;

(ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A4, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

5. HON5-ähnliche Polypeptide

1. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das HON5-Polypeptid eine Histone-H1/H5-Domäne (Pfam: PF00538; Interpro: IPR005818) und mindestens zwei, vorzugsweise drei, vier, fünf, sechs oder sieben AT-Hook-Domänen (Pfam: PF02178; InterPro: IPR000637) umfasst.

2. Verfahren gemäß Punkt 1, wobei das HON5-ähnliche Polypeptid eine oder mehrere der folgenden Motive umfasst:

(i) Motiv I (SEQ ID NR: 411): Y[ASK]EMI[YC]TAI[AGT]AL[KN][ED][PK]DGSS[KR]RAI[AS][KR]YIERA[YF][TP][GD][LP][PS]AH[SD][AD]LLTHHLK[RT]L[KR]

- (ii) Motiv II (SEQ ID NR: 412): GLLV[ML]VK[KH]SYKL[AP][RS]S
 (iii) Motiv III (SEQ ID NR: 413): SA[PS][PQS]GQKRGRGRPPKPK
 wobei Aminosäuren in Klammern für alternative Aminosäuren in dieser Position stehen.
3. Verfahren gemäß Punkt 1 oder 2, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.
 4. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 3, wobei die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A5 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.
 5. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 4, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A5 angegebenen Proteine codiert.
 6. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, vorzugsweise einen erhöhten Ernteindex und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.
 7. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nichtstressbedingungen erhalten werden.
 8. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen, Salzstressbedingungen oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.
 9. Verfahren gemäß einem der Punkte 3 bis 8, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.
 10. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 9, wobei die Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, weiter bevorzugt aus der Gattung Populus, am meisten bevorzugt aus Populus trichocarpa.
 11. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 10, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, umfasst.
 12. Konstrukt, umfassend:
 - (i) Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert;
 - (ii) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
 - (iii) eine Transkriptionsterminationsequenz.
 13. Konstrukt gemäß Punkt 12, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.
 14. Verwendung eines Konstrukts gemäß Punkt 12 oder 13 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Ernteindex und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen,
 15. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Punkt 12 oder 13 transformiert ist.
 16. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Ernteindex und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:
 - (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, in einer Pflanze; und
 - (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.
 17. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Ernteindex und/oder erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 oder 2 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.
 18. Transgene Pflanze gemäß Punkt 11, 15 oder 17, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff bzw. Zwerghirse, Milo und Hafer ist.
 19. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Punkt 18, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.
 20. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Punkt 18 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Punkt 19 abgeleitet sind.
 21. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.
 22. Isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 393 und 395;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 393 und 395;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A5, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (vi) eine Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 und eine beliebige der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A5 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

23. Isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe:

- (i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396;
- (ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A5, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.
- (iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

6. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

1. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das GSA1-Polypeptid eine oder mehrere der Domänen 1 bis 3 umfasst:

Domäne 1:

VPS[IV]EMVRFVNSGTEAC[ML][GS][VA]LRL[AM]RA[FY]TGREK[IV][IL]K
FEGCYHGHAD[PS]FLVK

Domäne 2:

SPVRAFKSVGGQP[IV]V[F]I[D][SR]VKG[SA][HRY][MA]WD[IV]DGN[EK]Y[I]
V]DYVGSWGPAAIGHADD

Domäne 3:

AQEYFGITPD[LV]TT[LM]GK[IV]IGGGLPVGAYGG[RK][RK][ED]IMEMVA
PAGPMYQAGTLS

oder eine Domäne mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%,

- 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zu einer oder mehreren der Domänen 1 bis 3.
2. Verfahren gemäß Punkt 1, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.
3. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 2, wobei die für ein GSA1-Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A6 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.
4. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 3, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A6 angegebenen Proteine codiert.
5. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Punkte, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, vorzugsweise eine erhöhte Biomasse und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.
6. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen erhalten werden.
7. Verfahren gemäß einem der Punkte 2 bis 6, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.
8. Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 7, wobei die für ein GSA1-Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Salicaceae, noch mehr bevorzugt aus der Gattung Populus, ganz besonders bevorzugt aus *Populus trichocarpa*.
9. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Punkte 1 bis 8, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, umfasst.
10. Konstrukt, umfassend:
- (i) Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 definiert;
 - (ii) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
 - (iii) eine Transkriptionsterminationsequenz.
11. Konstrukt gemäß Punkt 10, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.
12. Verwendung eines Konstrukts gemäß Punkt 10 oder 11 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen.
13. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Punkt 10 oder 11 transformiert ist.
14. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:
- (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 definiert, in einer Pflanze; und
 - (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.
15. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, wie in Punkt 1 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.
16. Transgene Pflanze gemäß Punkt 9, 13 oder 15, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff bzw. Zwerghirse, Milo und Hafer ist.
17. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Punkt 16, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.
18. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Punkt 16 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Punkt 17 abgeleitet sind.
19. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

Beispiele

[0400] Die vorliegende Erfindung wird nun unter Bezugnahme auf die folgenden Beispiele beschrieben, welche alleinig der Veranschaulichung dienen. Mit den folgenden Beispielen wird nicht beabsichtigt, den Umfang der Erfindung vollständig zu definieren oder anderweitig zu begrenzen.

[0401] DNA-Manipulation: Außer es ist anderweitig angegeben, werden rekombinante DNA-Techniken gemäß Standardprotokollen durchgeführt, die in (Sambrook (2001) *Molecular Cloning: a laboratory manual*, 3. Ausgabe, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) oder in den Bänden 1 und 2 von Ausubel et al. (1994), *Current Protocols in Molecular Biology*, Current Protocols, beschrieben sind. Standardmaterialien und -verfahren für molekulares Arbeiten an Pflanzen sind in *Plant Molecular Biology Labfax* (1993) von R. D. D. Croy, veröffentlicht von BIOS Scientific Publications Ltd (Großbritannien) und Blackwell Scientific Publications (Großbritannien), beschrieben.

Beispiel 1: Identifizieren von Sequenzen, die mit der in den Verfahren der Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandt sind

[0402] Sequenzen (Vollängen-cDNA, ESTs oder genomisch), die mit der in den Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandt sind, wurden unter denjenigen, welche in der "Entrez Nucleotides"-Datenbank am National Center for Biotechnology Information (NCBI) bereitgehalten werden, mit Hilfe von Datenbank-Sequenz-suchwerkzeugen wie etwa dem Basic Local Alignment Tool (BLAST) (Altschul et al. (1990) *J. Mol. Biol.* 215: 403–410 und Altschul et al. (1997) *Nucleic Acids Res.* 25: 3389–3402) identifiziert. Das Programm wird eingesetzt, um Regionen mit lokaler Ähnlichkeit zwischen Sequenzen durch Vergleichen von Nukleinsäure- oder Polypeptidsequenzen mit Sequenzdatenbanken und durch Berechnen der statistischen Signifikanz von Übereinstimmungen zu finden. So wurde zum Beispiel das durch die in der vorliegenden Erfindung verwendete Nukleinsäure codierte Polypeptid für den TBLASTN-Algorithmus verwendet, mit Standardvorgaben und abgeschaltetem Filter zum Ignorieren von Sequenzen geringer Komplexität. Das Analyse-Ergebnis wurde mittels paarweisem Vergleich betrachtet und gemäß der Wahrscheinlichkeitswertung (E-Wert) eingestuft, wobei die Wertung die Wahrscheinlichkeit widerspiegelt, dass ein jeweiliges Alignment rein zufällig auftritt (je niedriger der E-Wert, umso signifikanter ist der Übereinstimmungstreffer). Zusätzlich zu E-Werten wurden Vergleiche auch durch den Prozentsatz der Identität bewertet. Der Prozentsatz der Identität bezieht sich auf die Zahl an identischen Nukleotiden (oder Aminosäuren) zwischen den zwei verglichenen Nukleinsäuresequenzen (oder Polypeptidsequenzen) über eine bestimmte Länge hinweg. In einigen Fällen lassen sich die Vorgabeparameter anpassen, um die Stringenz der Suche zu modifizieren. Zum Beispiel kann man den E-Wert erhöhen, so dass weniger stringente Übereinstimmungen angezeigt werden. Auf diese Weise lassen sich kurze, fast exakte Übereinstimmungen identifizieren.

1.1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0403] In Tabelle A1 findet sich eine Liste der mit der im Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandten Nukleinsäuresequenzen.

Tabelle A1: Beispiele für BET1-ähnliche Polypeptide:

BET1-ähnliche Polypeptide:	Nukleinsäure-SEQ ID NR:	Polypeptid SEQ ID NR:
T----M---__25296	1	2
A.arenasa_x_thaliana_TA52_378006_1	3	4
A.hypogaea_EE124570_1	5	6
A.majus_AJ789814_1	7	8
A.thaliana_AT1G56233.1_1	9	10
B.napus_BN06MS42331943.f_k04_1_40488_1	11	12
B.napus_CD815839_1	13	14
B.pendula_CD278481_1	15	16
B.vulgaris_DV501764_1	17	18

C.reticulata_x_temple_DN795225_1	19	20
C.tetragonolaba_EG981304_1	21	22
C.tetragonolaba_EG987480_1	23	24
G.bilaba_DR064764_1	25	26
G.max_TA67390_3847_1	27	28
L.serriola_TA5233_75943_1	29	30
M.truncatula_AC169182_235_1	31	32
M.truncatula_AC169182_39.5_1	33	34
P.abies_TA1522_3329_1	35	36
P.abies_TA1523_3329_1	37	38
P.abies_TA2417_3329_1	39	40
P.coccineus_CA908259_1	41	42
P.coccineus_CA908272_1	43	44
P.coccineus_TA2699_3886_1	45	46
P.coccineus_TA3810_3886_1	47	48
P.dulcis_TA313_3755_1	49	50
Perigelmannii_x_glauca_CO203682_1	51	52
P.menziesii_TA1952_3357_1	53	54
P.pinaster_BX678743_1	55	56
P.pinaster_BX682074_1	57	58
P.pinaster_CR392675_1	59	60
P.pinaster_TA4836_71647_1	61	62
P.pinaster_TA4882_71647_1	63	64
P.sitchensis_TA10405_3332_1	65	66
P.taeda_CO162523_1	67	68
P.taeda_TA16676_3352_1	69	70
P.taeda_TA22888_3352_1	71	72
P.taeda_TA3629_3352_1	73	74
P.taeda_TA4949_3352_1	75	76
S.indicum_TA1114_4182_1	77	78
V.corymbosum_CV091429_1	79	80
V.corymbosum_DR068079_1	81	82
V.riparia_TA839_96939_1	83	84
Z.mays_c57759235gm030403_14494_1	85	86
Z.mays_c62091609gm030403_7698_1	87	88
Z.mays_DQ245377_1	89	90
Z.mays_DR787277_1	91	92
Z.mays_EC364520_1	93	94
Z.mays_ZM07MC13625_57676372_13595_1	95	96

1.2. Calreticulin-Polypeptide

[0404] In Tabelle A2 findet sich eine Liste der mit der im Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandten Nukleinsäuresequenzen.

Tabelle A2: Beispiele für Calreticulin-Polypeptide:

Name	Nukleinsäure-SEQ ID NR:	Polypeptid-SEQ ID NR:
S.lycopersicum_TA36564	104	105
A.formosa_TA9419	106	107
A.thaliana_AT1G09210_CRT2	108	109
A.thaliana_AT1G56340_CRT1	110	111
A.trichopoda_TA1102	112	113
B.distachyon_TA448	114	115
B.napus_BPS_28478	116	117
B.napus_TA20659	118	119
B.vulgaris_TA7257	120	121
C.annuum_TA4292	122	123
C.endivia_TA1106	124	125
C.solstitialis_TA9	126	127
G.hirsutum_TA20990	128	129
G.max_BPS_38275	130	131
G.raimondii_TA8857	132	133
G.raimondii_TA8860	134	135
H.annuus_TA7525	136	137
H.argophyllus_TA1300	138	139
H.vulgare_BPS_7785	140	141
H.vulgare_TA38555	142	143
I.nil_TA5002	144	145
L.japonicus_TA548	146	147
L.serriola_TA711	148	149
M.domestica_TA24948	150	151
M.truncatula_AC149474	152	153
O.basilicum_TA646	154	155
O.sativa_Os03g0832200	156	157
O.sativa_Os07g0246200	158	159
P.persica_TA3474	160	161
P.pinaster_TA4383	162	163
P.sitchensis_TA20930	164	165
P.taeda_TA5639	166	167
P.trichocarpa_133.107	168	169
P.trichocarpa_729432	170	171
P.vulgaris_TA3122	172	173

R.communis_U74630	174	175
S.bicolor_TA20922	176	177
S.bicolor_TA25211	178	179
S.habrochaites_TA1435	180	181
S.tuberosum_TA24720	182	183
T.aestivum_TA50840	184	185
T.aestivum_TA74192	186	187
V.vinifera_TA38405	188	189
W.mirabilis_TA538	190	191
Z.mays_TA170881	192	193
A.formosa_TA8804	194	195
A.thaliana_AT1G08450_CRT3	196	197
B.napus_BPS_33882	198	199
C.maculosa_TA223	200	201
E.esula_TA10075	202	203
G.raimondii_TA11257	204	205
H.vulgare_TA32081	206	207
M.domestica_TA28184	208	209
M.truncatula_TA23636	210	211
O.sativa_Os01g67054.1	212	213
O.sativa_Os05g43170.1	214	215
P.patens_164102	216	217
P.trichocarpa_VII.148	218	219
P.trifoliata_TA7309	220	221
S.bicolor_TA24664	222	223
T.aestivum_TA53764	224	225
V.vinifera_GSVIVT00025039001	226	227
Z.mays_BPS_22383	228	229
Z.mays_TA15627	230	231
C.reinhardtii_TA11983	232	233
V.carteri_76046	234	235
D.melanogaster_CRC	236	237
H.sapien_CALR3	238	239
H.sapien_CALRE	240	241
A.anophagefferens_21695	242	243
P.tricornutum_41172	244	245

1.3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0405] In Tabelle A3 findet sich eine Liste der mit der im Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandten Nukleinsäuresequenzen.

Tabelle A3: Beispiele für DUS1L-Polypeptidsequenzen und codierende Nukleinsäuresequenzen:

Name	Nukleinsäure-SEQ ID NR	Polypeptid SEQ ID NR
Sacof_DUS1L	258	259
A.thaliana_AT5G67220.1	260	261
B.napus_TC79818	262	263
B.napus_BN06MC20455_46646511@20387(P)	264	265
C.vulgaris_36290	266	267
E.huxleyi_437158	268	269
G.max_Glyma17g18490.1	270	271
G.max_Glyma05g20510.1	272	273
O.sativa_LOC_Os06g49870.1	274	275
P.patens_149014	276	277
P.taeda_TA13257_3352	278	279
R.communis_TA2745_3988	280	281
S.moellendorffii_443602	282	283
S.lycopersicum_TC206234	284	285
S.bicolor_Sb10g029830.1	286	287
V.vinifera_GSVIVT00019548001	288	289
V.carteri_80128	290	291
Z.mays_ZM07MC04636_BFb0070D07@4625(P)	292	293

[0406] In manchen Fällen sind entsprechende Sequenzen durch Forschungsinstitutionen, wie The Institute for Genomic Research (TIGR; beginnend mit TA), provisorisch zusammengetragen und öffentlich zugänglich gemacht worden. Mit der Datenbank "Eukaryotic Gene Orthologs" (EGO) lassen sich derartige Sequenzen entweder durch Stichwort-Suche oder durch Anwendung des BLAST-Algorithmus mit der Nukleinsäure- oder Polypeptidsequenz von Interesse identifizieren. In anderen Fällen sind spezielle Nukleinsäuresequenz-Datenbanken für bestimmte Organismen erzeugt worden, wie etwa vom "Joint Genome Institute". Weiterhin hat der Zugang zu nicht öffentlichen Datenbanken (P) die Identifizierung neuer Nukleinsäure- und Polypeptidsequenzen ermöglicht.

1.4. ES43-ähnliche Polypeptide

[0407] In Tabelle A4 findet sich eine Liste der mit der im Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandten Nukleinsäuresequenzen.

Tabelle A4: Beispiele für ES43-ähnliche Polypeptide:

Name ES43-ähnliche Polypeptide	Nukleinsäure-SEQ ID NR:	Polypeptid-SEQ ID NR:
T__M___---_29382;---4312;116;772;4530;39#1	298	299
A.thaliana_AT4G22140.1#1	300	301
A.thaliana_AT4G22140.2#1	302	303
A.thaliana_AT4G39100_1#1	304	305
A.thaliana_AT4G04260.1#1	306	307
B.napus_BN06MC06825_42494234@6808#1	308	309
H.vulgare_TA35269_4513#1	310	311

H.vulgare_TA42493_4513#1	312	313
H.vulgare_BF623189#1	314	315
H.vulgare_TA40508_4513#1	316	317
L.usitatissimum_LU04MC11049_62370147@11045#1	318	319
O.sativa_Os09g0386500#1	320	321
O.sativa_Os08g0421900#1	322	323
O.sativa_Os07g0186400#1	324	325
O.sativa_AK061201#1	326	327
O.sativa_Os03g0799600#1	328	329
P.patens_153027#1	330	331
P.patens_149469#1	332	333
P.patens_108696#1	334	335
P.patens_59496#1	336	337
P.patens_213413#1	338	339
P.trichocarpa_scaff_IV.1226#1	340	341
P.trichocarpa_scaff_XIV.1045#1	342	343
P.trichocarpa_scaff_XI.104#1	344	345
P.trichocarpa_scaff_1247.1#1	346	347
P.trichocarpa_scaff_166.34#1	348	349
P.trichocarpa_scaff_II.2065#1	350	351
S.lycopersicum_TA42220_4081#1	352	353
S.lycopersicum_TA40478_4081#1	354	355
T__M___---_2176;---0490;46;822;3702;32#1	356	357
T__M___---_14367;---4367;137;787;4565;23#1	358	359
T.aestivum_TA54637_4565#1	360	361
T.aestivum_CK201479#1	362	363
T.aestivum_c54968390@13747#1	364	365
Z.mays_TA19459_4577999#1	366	367
Z.mays_TA12947_4577999#1	368	369
Z.mays_ZM07MC24083_BFb0146024@24016#1	370	371
Z.mays_ZM07MC24174_BFb0045F09@24106#1	372	373

[0408] In manchen Fällen sind entsprechende Sequenzen durch Forschungsinstitutionen, wie The Institute for Genomic Research (TIGR; beginnend mit TA), provisorisch zusammengetragen und öffentlich zugänglich gemacht worden. Mit der Datenbank "Eukaryotic Gene Orthologs" (EGO) lassen sich derartige Sequenzen entweder durch Stichwort-Suche oder durch Anwendung des BLAST-Algorithmus mit der Nukleinsäure- oder Polypeptidsequenz von Interesse identifizieren. In anderen Fällen sind spezielle Nukleinsäuresequenz-Datenbanken für bestimmte Organismen erzeugt worden, wie etwa vom "Joint Genome Institute". Weiterhin hat der Zugang zu nicht öffentlichen Datenbanken die Identifizierung neuer Nukleinsäure- und Polypeptidsequenzen ermöglicht.

1.5. HON5-ähnliche Polypeptide

[0409] In Tabelle A5 findet sich eine Liste der mit der im Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandten Nukleinsäuresequenzen.

Tabelle A5: Beispiele für HON5-ähnliche Polypeptide:

Name	Name des Organismus	Nukleinsäure-SEQ ID NR:	Polypeptid-SEQ ID NR:
Poptr_HMGA905	Populus trichocarpa	387	388
Arath_HMGA2	Arabidsopsis thaliana	389	390
Arath_Hon4	Arabidsopsis thaliana	391	392
Brana_Hon5like	Brassica napus	393	394
Glyma_HON5like	Glycine max	395	396
Gosar_HMGA10101	Gossypium arboretum	397	398
Alcep_HMGA14201	Allium cepa	399	400
Lotja_HMGA1701	Lotus japonica	401	402
Orysa_HMGA2201	Oryza sativa	403	404
Poptr_HMGA906	Populus trichocarpa	405	406
Sacof_HMGA2503	Saccharum officinarum	407	408
Vitvi_hon5like	Vitis vinifera		409

[0410] In manchen Fällen sind entsprechende Sequenzen durch Forschungsinstitutionen, wie The Institute for Genomic Research (TIGR; beginnend mit TA), provisorisch zusammengetragen und öffentlich zugänglich gemacht worden. Mit der Datenbank "Eukaryotic Gene Orthologs" (EGO) lassen sich derartige Sequenzen entweder durch Stichwort-Suche oder durch Anwendung des BLAST-Algorithmus mit der Nukleinsäure- oder Polypeptidsequenz von Interesse identifizieren. In anderen Fällen sind spezielle Nukleinsäuresequenz-Datenbanken für bestimmte Organismen erzeugt worden, wie etwa vom "Joint Genome Institute". Weiterhin hat der Zugang zu nicht öffentlichen Datenbanken die Identifizierung neuer Nukleinsäure- und Polypeptidsequenzen ermöglicht.

1.6. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0411] In Tabelle A6 findet sich eine Liste der mit der im Verfahren der vorliegenden Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz verwandten Nukleinsäuresequenzen.

Tabelle A6: Beispiele für GSA1-Polypeptide:

Name	Nukleinsäure-SEQ ID NR:	Polypeptid-SEQ ID NR:
===5613	417	418
A_thaliana_AT3G48730_1	419	420
A_thaliana_AT5G63570_1	421	422
Aquilegia_sp_TC22821	423	424
B_napus_TC63445	425	426
B_napus_TC63450	427	428
C_reinhardtii_138524	429	430
C_vulgaris_43392	431	432
Chlorella_37143	433	434
E_huxleyi_437052	435	436
F_arundinacea_TC6452	437	438
F_vesca_TA11529_57918	439	440
G_max_Glyma04g00420_1	441	442

G_max_Glyma06g00510_1	443	444
H_vulgare_TC162130	445	446
M_truncatula_CUfl24868_27_4	447	448
N_benthamiana_TC14122	449	450
N_tabacum_TC18263	451	452
N_tabacum_TC18710	453	454
O_lucimarinus_28523	455	456
O_RCC809_53004	457	458
O_sativa_LOC_Os08g41990_1	459	460
O_taurii_24711	461	462
P_patens_116325	463	464
P_patens_181992	465	466
P_tremuloides_575404	467	468
P_tricornutum_36347	469	470
R_communis_TA2570_3988	471	472
S_lycopersicum_TC191683	473	474
S_moellendorffii_183248	475	476
T_aestivum_TA06MC0038460074805_384	477	478
T_pseudaonana_575	479	480
V_carteri_74470	481	482
V_shuttleworthii_TA2337_246827	483	484
Z_mays_ZM07MC17771_BFb0062K01_17727	485	486

[0412] In manchen Fällen sind entsprechende Sequenzen durch Forschungsinstitutionen, wie The Institute for Genomic Research (TIGR; beginnend mit TA), provisorisch zusammengetragen und öffentlich zugänglich gemacht worden. Mit der Datenbank "Eukaryotic Gene Orthologs" (EGO) lassen sich derartige Sequenzen entweder durch Stichwort-Suche oder durch Anwendung des BLAST-Algorithmus mit der Nukleinsäure- oder Polypeptidsequenz von Interesse identifizieren. In anderen Fällen sind spezielle Nukleinsäuresequenz-Datenbanken für bestimmte Organismen erzeugt worden, wie etwa vom "Joint Genome Institute". Weiterhin hat der Zugang zu nicht öffentlichen Datenbanken die Identifizierung neuer Nukleinsäure- und Polypeptidsequenzen ermöglicht.

Beispiel 2: Alignment der mit den in den Verfahren der Erfindung verwendeten Polypeptidsequenzen verwandten Sequenzen

2.1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0413] Das Alignment der Polypeptidsequenzen erfolgte unter Anwendung des ClustalW 2.0-Algorithmus für fortschreitendes Alignment (Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882; Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500) mit Blosum 62-Matrix, gap opening penalty 10, gap extension penalty: 0, 2). Zur weiteren Optimierung des Alignments wurde eine geringfügige Editierung von Hand ausgeführt. Die BET1-ähnlichen Polypeptide sind in der [Fig. 2](#) aligniert.

[0414] In der Konsensussequenz sind die hochkonservierten Aminosäurereste gekennzeichnet.

2.2. Calreticulin-Polypeptide

[0415] Das Alignment der Polypeptidsequenzen pflanzlichen Ursprungs der Tabelle A2 erfolgte unter Anwendung des ClustalW 2.0-Algorithmus für fortschreitendes Alignment (Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882; Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500) mit Standardeinstellungen (langsam Alignment, Ähnlichkeitsmatrix: Blosum 62 (gap opening penalty 10, gap extension penalty: 0,2). Zur wei-

teren Optimierung des Alignments wurde eine geringfügige Editierung von Hand ausgeführt. Die Calreticulin-Polypeptide sind in der [Fig. 4](#) aligniert. In der Konsensussequenz sind die hochkonservierten Aminosäurereste gekennzeichnet.

[0416] Ein phylogenetischer Baum von Calreticulin-Polypeptiden pflanzlichen Ursprungs ist aus Christensen et al. 2008 ([Fig. 5](#)) wiedergegeben.

[0417] Ein phylogenetischer Baum der Calreticulin-Polypeptide der Tabelle A2 wurde mit Hilfe eines Neighbour-joining-Clusterungsalgorithmus erstellt, wie er im Programm AlignX aus dem Vector NTI (Invitrogen) zur Verfügung gestellt wird. Die Calreticulin-Polypeptide bildeten Cluster in 5 unterschiedlichen Kladen: 1-CRT1, umfasst Calreticulin-Polypeptide pflanzlichen Ursprungs der Gruppe CRT1/2; 2-CRT3, umfasst Calreticulin-Polypeptide pflanzlichen Ursprungs der Gruppe CRT3; 3-Algen: umfasst aus Algen stammende Calreticulin-Polypeptide; 4-Tier: umfasst aus dem Tierreich stammende Calreticulin-Polypeptide. Tabelle B1 zeigt die Verteilung der Polypeptide der Tabelle A2 auf die verschiedenen Kladen.

Tabelle B1: Phylogenetische Beziehung der Calreticulin-Polypeptide.

Name	SEQ ID NR:	Klade
S.lycopersicum_TA36564	105	1-CRT1
A.formosa_TA9419	107	1-CRT1
A.thaliana_AT1G09210_CRT2	109	1-CRT1
A.thaliana_AT1G56340_CRT1	111	1-CRT1
A.trichopoda_TA1102	113	1-CRT1
B.distachyon_TA448	115	1-CRT1
B.napus_BPS_28478	117	1-CRT1
B.napus_TA20659	119	1-CRT1
B.vulgaris_TA7257	121	1-CRT1
C.annuum_TA4292	123	1-CRT1
C.endivia_TA1106	125	1-CRT1
C.solstitialis_TA9	127	1-CRT1
G.hirsutum_TA20990	129	1-CRT1
G.max_BPS_38275	131	1-CRT1
G.raimondii_TA8857	133	1-CRT1
G.raimondii_TA8860	135	1-CRT1
H.annuus_TA7525	137	1-CRT1
H.argophyllus_TA1300	139	1-CRT1
H.vulgare_BPS_7785	141	1-CRT1
H.vulgare_TA38555	143	1-CRT1
I.nil_TA5002	145	1-CRT1
L.japonicus_TA548	147	1-CRT1
L.serriola_TA711	149	1-CRT1
M.domestica_TA24948	151	1-CRT1
M.truncatula_AC149474	153	1-CRT1
O.basilicum_TA646	155	1-CRT1
O.sativa_Os03g0832200	157	1-CRT1
O.sativa_Os07g0246200	159	1-CRT1
P.persica_TA3474	161	1-CRT1

P.pinaster_TA4383	163	1-CRT1
P.sitchensis_TA20930	165	1-CRT1
P.taeda_TA5639	167	1-CRT1
P.trichocarpa_133.107	169	1-CRT1
P.trichocarpa_729432	171	1-CRT1
P.vulgaris_TA3122	173	1-CRT1
R.communis_U74630	175	1-CRT1
S.bicolor_TA20922	177	1-CRT1
S.bicolor_TA25211	179	1-CRT1
S.habrochaites_TA1435	181	1-CRT1
S.tuberosum_TA24720	183	1-CRT1
T.aestivum_TA50840	185	1-CRT1
T.aestivum_TA74192	187	1-CRT1
V.vinifera_TA38405	189	1-CRT1
W.mirabilis_TA538	191	1-CRT1
Z.mays_TA170881	193	1-CRT1
A.formosa_TA8804	195	2-CRT3
A.thaliana_AT1G08450_CRT3	197	2-CRT3
B.napus_BPS_33882	199	2-CRT3
C.maculosa_TA223	201	2-CRT3
E.esula_TA10075	203	2-CRT3
G.raimondii_TA11257	205	2-CRT3
H.vulgare_TA32081	207	2-CRT3
M.domestica_TA28184	209	2-CRT3
M.truncatula_TA23636	211	2-CRT3
O.sativa_Os01g67054.1	213	2-CRT3
O.sativa_Os05g43170.1	215	2-CRT3
P.patens_164102	217	2-CRT3
P.trichocarpa_V11.148	219	2-CRT3
P.trifoliata_TA7309	221	2-CRT3
S.bicolor_TA24664	223	2-CRT3
T.aestivum_TA53764	225	2-CRT3
V.vinifera_GSVIVT00025039001	227	2-CRT3
Z.mays_BPS_22383	229	2-CRT3
Z.mays_TA15627	231	2-CRT3
C.reinhardtii_TA11983	233	3-Algen
V.carteri_76046	235	3-Algen
D.melanogaster_CRC	237	4-Tier
H_sapien_CALR3	239	4-Tier
H.sapien_CALRE	241	4-Tier
A.anophagefferens_21695	243	5-Protist
P.tricornutum_41172	245	5-Protist

2.3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0418] Ein Mehrfach-Sequenzalignment von allen der DUS1L-Polypeptidsequenzen in Tabelle A3 wurde mit Hilfe des Algorithmus AlignX (aus Vector NTI 10.3, Invitrogen Corporation) durchgeführt. Ergebnisse der Alignments sind in [Fig. 9](#) der vorliegenden Anmeldung gezeigt. Eine wichtige Domäne ist eine tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne mit dem interPro-Eintrag IPR001269 (der den PFAM PF01207-Eintrag (jeweils durch X gekennzeichnet) mit einschließt). Ein wichtiges Motiv ist die konservierte Stelle der tRNA-Dihydrouridinsynthase mit dem InterPro-Eintrag IPR018517 (der PROSITE PS01136 (jeweils durch X gekennzeichnet), fett in SEQ ID NR: Sacof_DuS1L mit einschließt). Konservierte Reste sind stark mit Kästchen eingefasst, insbesondere ein Cys-Rest, bei dem es sich in anderen Organismen um einen wichtigen allgemeinen Säure/Base-Katalysator handelt.

2.4. ES43-ähnliche Polypeptide

[0419] Das Alignment der Polypeptidsequenzen erfolgte unter Anwendung des Clusta/W 1.8-Algorithmus für fortschreitendes Alignment (Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882; Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500) mit Standardeinstellungen (langsames Alignment, Ähnlichkeitsmatrix: Gonnet, gap opening penalty 10, gap extension penalty: 0,2). Zur weiteren Optimierung des Alignments wurde eine geringfügige Editierung von Hand ausgeführt. Die ES43-ähnlichen Polypeptide sind in der [Fig. 12](#) aligniert.

[0420] Sequenz und Anordnung der BAH- und der PHD-Domänen in den ES43-ähnlichen Polypeptiden der Tabelle A4 sind aus [Fig. 11](#) und [Fig. 12](#) ersichtlich.

2.5. HON5-ähnliche Polypeptide

[0421] Das Alignment der Polypeptidsequenzen erfolgte unter Anwendung des Clusta/W 2.0-Algorithmus für fortschreitendes Alignment (Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882; Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500) mit Standardeinstellung und Blosom 62-Matrix, gap opening penalty 10, gap extension penalty 0,2, wie er im Programm AlignX aus dem Vector NTI (Invitrogen) zur Verfügung gestellt wird. Zur weiteren Optimierung des Alignments wurde eine geringfügige Editierung von Hand ausgeführt. Die HON5-ähnlichen Polypeptide sind in der [Fig. 14](#) aligniert. In der Konsensussequenz sind die hochkonservierten Aminosäurereste gekennzeichnet. Die H1/H5-Domäne und die AT-Hook-Domänen (insgesamt 6) sind gekennzeichnet.

2.6. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0422] Das Alignment der Polypeptidsequenzen erfolgte unter Anwendung des Clusta/W 2.0-Algorithmus für fortschreitendes Alignment (Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882; Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500) mit Standardeinstellungen (langsames Alignment, Ähnlichkeitsmatrix: Gonnet (oder Blosom 62)., gap opening penalty 10, gap extension penalty: 0,2). Zur weiteren Optimierung des Alignments wurde eine geringfügige Editierung von Hand ausgeführt. Die GSA1-Polypeptide sind in der [Fig. 16](#) aligniert.

[0423] Ein phylogenetischer Baum der GAS-Polypeptide ([Fig. 17](#)) wurde mit Hilfe eines Neighbour-joining-Clusterungsalgorithmus erstellt, wie er im Programm AlignX aus dem Vector NTI (Invitrogen) zur Verfügung gestellt wird.

Beispiel 3: Berechnung von globaler prozentualer Identität zwischen zur Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren geeigneten Polypeptidsequenzen

3.1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0424] Globale Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität zwischen Vollängen-Polypeptidsequenzen, die in der Ausführung der Verfahren der Erfindung nützlich sind, wurden unter Anwendung eines der im Fachgebiet verfügbaren Verfahren bestimmt, nämlich der MatGAT(Matrix Global Alignment Tool)-Software (BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka). Die MatGAT-Software erzeugt Ähnlichkeits-/Identitäts-Matrizen für DNA- oder Proteinsequenzen, ohne dass ein Voralignment der Daten benötigt wird. Das Programm führt eine Serie von paarweisen Alignments unter Anwendung des "Myers und Miller"-Global-Alignment-Algorithmus (mit einem Lückenöffnungsstrafwert

von 12 und einem Lückenerweiterungsstrafwert von 2) durch, berechnet Ähnlichkeit und Identität zum Beispiel mit Hilfe der Blossum 62 (für Polypeptide) und platziert die Ergebnisse dann in einer Distanzmatrix. Sequenzähnlichkeit ist in der Hälfte unter der Trennlinie gezeigt, und Sequenzidentität ist in der Hälfte oberhalb der diagonalen Trennlinie gezeigt.

[0425] Die im Vergleich verwendeten Parameter waren:

Wertungsmatrix:	Blossum 62
Erststücke:	12
Lückenerweiterung:	2

[0426] Ergebnisse der Software-Analyse sind in Tabelle C1 für die globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen hinweg gezeigt. Der Prozentsatz der Identität ist oberhalb der Diagonale in Fettdruck angegeben, und der Prozentsatz der Ähnlichkeit ist unterhalb der Diagonale angegeben (normal formatiert).

[0427] Der Prozentsatz der Identität zwischen den für die Durchführung der Verfahren der Erfindung geeigneten BET1-ähnlichen Polypeptidsequenzen kann, verglichen mit der SEQ ID NR: 2, lediglich 25% Aminosäureidentität betragen (Tabelle C1).

Tabelle C1: MatGAT-Ergebnisse für globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen.

BET1-ähnliches Polypeptid	1	17	24	38	41	42	43	44	46
1. M.truncatula_AC169182_39.5_1		32,1	24,4	26,1	26,4	29	22,8	228	26,1
17. M.truncatula_AC169182_23.5_1	40,5		21,6	24,2	22	26	23,7	23,7	24,2
24. B.napus_BN06MS42331943.f_k04_1_40488_1	32,1	38,3		23,9	20,4	25	31,6	30,5	23,9
38. T----M--- 25296	34,1	41,2	41,2		25	28,9	65,6	66,7	93,3
41. A.thaliana_AT1G56233.1_1	40,2	40,2	43,7	42,5		17,9	17,1	17,1	23,2
42. Z.mays_c57759235gm030403_14494_1	38,2	44,9	40,4	50,6	37,1		30,2	29,2	28,7
43. Z.mays_c62091609gm030403_7698_1	33,7	40,4	46,1	77,5	40,4	51,7		97,8	67
44. Z.mays_DQ245377_1	33,7	40,4	44,9	77,5	40,4	51,7	100		68,1
46. Z.mays_ZM07MC13625_57676372_13595_1	33,7	39,3	39,3	95,5	41,6	50,6	78,7	78,7	

3.2. Calreticulin-Polypeptide

[0428] Globale Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität zwischen Vollängen-Polypeptidsequenzen, die in der Ausführung der Verfahren der Erfindung nützlich sind, wurden unter Anwendung eines der im Fachgebiet verfügbaren Verfahren bestimmt, nämlich der MatGAT(Matrix Global Alignment Tool)-Software (BMG Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka). Die MatGAT-Software erzeugt Ähnlichkeits-/Identitäts-Matrizen für DNA- oder Proteinsequenzen, ohne dass ein Voralignment der Daten benötigt wird. Das Programm führt eine Serie von paarweisen Alignments unter Anwendung des "Myers und Miller"-Global-Alignment-Algorithmus (mit einem Lückenöffnungsstrafwert von 12 und einem Lückenerweiterungsstrafwert von 2) durch, berechnet Ähnlichkeit und Identität zum Beispiel mit Hilfe der Blossum 62 (für Polypeptide) und platziert die Ergebnisse dann in einer Distanzmatrix. Sequenzähnlichkeit ist in der Hälfte unter der Trennlinie gezeigt, und Sequenzidentität ist in der Hälfte oberhalb der diagonalen Trennlinie gezeigt.

Wertungsmatrix:	Blosum 62
Erstlücke:	12
Lückenerweiterung:	2

[0429] Der Prozentsatz der Identität zwischen den für die Durchführung der Verfahren der Erfindung geeigneten Calreticulin-Polypeptidsequenzen kann lediglich 32% Aminosäureidentität betragen. Die prozentuale Identität zwischen Calreticulin-Polypeptidsequenzen von CRT1/2 beträgt typischerweise mindestens 64%. Die prozentuale Identität zwischen Calreticulin-Polypeptidsequenzen von CRT3 beträgt typischerweise mindestens 55%. Die prozentuale Identität zwischen Calreticulin-Polypeptidsequenzen der CRT1/2-Gruppe verglichen mit Calreticulin-Polypeptidsequenzen der CRT3-Gruppe beträgt typischerweise mindestens 49%.

3.3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0430] Globale Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität zwischen Vollängen-Polypeptidsequenzen, die in der Ausführung der Verfahren der Erfindung nützlich sind, wurden unter Anwendung eines der im Fachgebiet verfügbaren Verfahren bestimmt, nämlich der MatGAT(Matrix Global Alignment Tool)-Software (BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka). Die MatGAT-Software erzeugt Ähnlichkeits-/Identitäts-Matrizen für DNA- oder Proteinsequenzen, ohne dass ein Voralignment der Daten benötigt wird. Das Programm führt eine Serie von paarweisen Alignments unter Anwendung des "Myers und Miller"-Global-Alignment-Algorithmus (mit einem Lückenöffnungsstrafwert von 12 und einem Lückenerweiterungsstrafwert von 2) durch, berechnet, Ähnlichkeit und Identität zum Beispiel mit Hilfe der Blosum 62 (für Polypeptide) und platziert die Ergebnisse dann in einer Distanzmatrix. Sequenzähnlichkeit ist in der Hälfte unter der Trennlinie gezeigt, und Sequenzidentität ist in der Hälfte oberhalb der diagonalen Trennlinie gezeigt.

[0431] Die im Vergleich verwendeten Parameter waren:

Wertungsmatrix:	Blosum 62
Erstlücke:	12
Lückenerweiterung:	2

[0432] Ergebnisse der Software-Analyse sind in Tabelle C2 für die globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen hinweg gezeigt (mit Ausnahme der Polypeptid-Teilsequenzen).

[0433] Der Prozentsatz der Identität zwischen den für die Durchführung der Verfahren der Erfindung geeigneten Vollängen-Polypeptidsequenzen kann, verglichen mit der SEQ ID NR: 259, lediglich 32% Aminosäureidentität betragen.

Tabelle C2: MatGAT-Ergebnisse für globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen von Tabelle A3.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1. Sacof_DuS1L		65	64	63	64	64	85	52	54	65	96	63	53	65	92	42	32	44
2. A.thaliana_AT5G67220.1	77		83	85	68	68	64	52	52	68	65	67	51	70	65	38	28	40
3. B.napus_BN06MC20455_46646511@20387	77	88		83	70	68	63	56	51	65	64	64	55	65	64	41	31	43
4. B.napus_TC79818	77	93	87		67	67	63	52	52	66	63	66	51	66	65	38	28	39
5. G.max_Glyma_05g20510.1	77	79	80	78		94	64	54	53	68	65	63	55	69	65	40	31	43
6. G.max_Glyma_17g18490.1	75	78	79	78	96		65	54	53	69	65	64	55	69	66	41	31	43
7. O.sativa_LOC_Os06g49870.1	92	78	75	77	75	75		53	52	66	84	63	52	64	83	42	32	45
8. P.patens_149014	68	68	72	69	70	69	69		50	52	52	51	58	51	52	44	35	46
9. P.taeda_TA13257_3352	67	66	62	66	64	62	67	65		54	55	52	51	54	53	36	28	40
10. R.communis_TA2745_3988	80	80	75	79	80	78	80	69	67		65	68	52	72	65	41	30	42
11. S.bicolor_Sb10g029830.1	98	79	77	78	76	75	92	69	68	80		64	53	65	94	42	32	45
12. S.lycopersicum_TC206234	78	79	75	78	77	75	76	69	68	81	78		51	70	64	39	30	40
13. S.moellendorffii_443602	69	68	72	68	69	69	68	73	63	68	69	66		51	53	44	32	45
14. V.vinifera_GSVIVT00019548001	81	83	78	81	82	81	80	71	64	84	79	79	68		65	40	30	41
15. Z.mays_ZM07MC04636_BFb0070D07@4625	95	79	76	78	77	76	90	69	67	78	95	79	69	81		42	31	44
16. C.vulgaris_36290	60	56	61	57	58	59	58	62	51	56	60	57	63	57	60		38	48
17. E.huxleyi_437158	49	48	49	47	48	48	50	53	41	47	49	47	50	48	50	53		33
18. V.carteri_80128	61	58	58	59	59	60	61	60	54	59	62	58	59	61	62	60	49	

[0434] Die prozentuale Aminosäureidentität lässt sich signifikant erhöhen, wenn man die am meisten konservierte Region der Polypeptide vergleicht. Vergleicht man zum Beispiel die Aminosäuresequenz der tRNA-Dihydrouridinsynthese-Domäne von SEQ ID NR: 294 mit den jeweiligen entsprechenden Domänen der Poly-

peptide von Tabelle A3, so nimmt die prozentuale Aminosäureidentität signifikant (mit steigender Präferenz mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität) zu.

3.4. ES43-ähnliche Polypeptide

[0435] Globale Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität zwischen Vollängen-Polypeptidsequenzen, die in der Ausführung der Verfahren der Erfindung nützlich sind, werden unter Anwendung eines der im Fachgebiet verfügbaren Verfahren bestimmt, nämlich der MatGAT(Matrix Global Alignment Tool)-Software (BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka). Die MatGAT-Software erzeugt Ähnlichkeits-/Identitäts-Matrizen für DNA- oder Proteinsequenzen, ohne dass ein Voralignment der Daten benötigt wird. Das Programm führt eine Serie von paarweisen Alignments unter Anwendung des "Myers und Miller"-Global-Alignment-Algorithmus (mit einem Lückenöffnungsstrafwert von 12 und einem Lückenerweiterungsstrafwert von 2) durch, berechnet Ähnlichkeit und Identität zum Beispiel mit Hilfe der Blosum 62 (für Polypeptide) und platziert die Ergebnisse dann in einer Distanzmatrix. Sequenzähnlichkeit ist in der Hälfte unter der Trennlinie gezeigt, und Sequenzidentität ist in der Hälfte oberhalb der diagonalen Trennlinie gezeigt.

[0436] Die im Vergleich verwendeten Parameter sind:

Wertungsmatrix:	Blosum 62
Erststücke:	12
Lückenerweiterung:	2

3.5. HON5-ähnliche Polypeptide

[0437] Globale Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität zwischen Vollängen-Polypeptidsequenzen, die in der Ausführung der Verfahren der Erfindung nützlich sind, wurden unter Anwendung eines der im Fachgebiet verfügbaren Verfahren bestimmt, nämlich der MatGAT(Matrix Global Alignment Tool)-Software (BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka). Die MatGAT-Software erzeugt Ähnlichkeits-/Identitäts-Matrizen für DNA- oder Proteinsequenzen, ohne dass ein Voralignment der Daten benötigt wird. Das Programm führt eine Serie von paarweisen Alignments unter Anwendung des "Myers und Miller"-Global-Alignment-Algorithmus (mit einem Lückenöffnungsstrafwert von 12 und einem Lückenerweiterungsstrafwert von 2) durch, berechnet Ähnlichkeit und Identität zum Beispiel mit Hilfe der Blosum 62 (für Polypeptide) und platziert die Ergebnisse dann in einer Distanzmatrix.

[0438] Sequenzähnlichkeit ist in der Hälfte unter der Trennlinie gezeigt, und Sequenzidentität ist in der Hälfte oberhalb der diagonalen Trennlinie gezeigt.

[0439] Die im Vergleich verwendeten Parameter waren:

Wertungsmatrix:	Blosum 62
Erststücke:	12
Lückenerweiterung:	2

[0440] Ergebnisse der Software-Analyse sind in Tabelle C3 für die globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen von Tabelle A6 hinweg gezeigt.

Tabelle C3: MatGAT-Ergebnisse für globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1. HMGA905_Populus		35,9	31,0	31,8	38,9	29,1	17,6	26,7	32,3	25,4	23,3	59,0
2. Vitvi_hon5\like	45,2		30,9	31,5	32,0	32,5	26,2	32,1	32,5	24,0	23,0	32,0
3. Arath_Hon4	47,1	40,4		61,3	29,1	27,8	19,2	23,3	51,6	23,9	22,6	27,6
4. Brana_Hon5\like	46,3	39,2	71,4		28,6	27,1	19,2	21,0	46,8	22,5	20,8	26,7
5. Glyma_HON5\like	53,3	41,2	44,2	45,6		24,4	18,3	26,0	28,8	24,2	22,5	27,1
6. HMGA10101_Gosar	36,8	44,2	35,8	33,7	33,3		29,3	32,0	27,9	21,9	19,8	38,4
7. HMGA14201_Alice	24,3	33,8	25,6	26,5	24,9	38,8		30,8	18,2	18,4	17,9	24,4
8. HMGA1701_Lotja	32,2	37,5	29,4	28,4	30,6	43,4	47,2		24,4	17,7	18,2	33,2
9. HMGA2_Arath	50,3	43,4	65,8	63,5	44,0	37,2	25,3	30,5		23,2	21,9	26,2
10. HMGA2201_Orysa	37,2	32,5	39,8	38,5	36,8	31,6	24,7	23,2	39,2		38,2	23,7
11. HMGA2503_Sacof	38,6	30,4	39,5	38,6	35,3	27,3	22,6	23,1	37,0	49,7		22,5
12. HMGA906_Populus	65,1	45,3	39,6	37,1	38,3	50,1	33,9	42,3	37,4	32,3	32,8	

3.6. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0441] Globale Prozentsätze der Ähnlichkeit und Identität zwischen Vollängen-Polypeptidsequenzen, die in der Ausführung der Verfahren der Erfindung nützlich sind, wurden unter Anwendung eines der im Fachgebiet verfügbaren Verfahren bestimmt, nämlich der MatGAT(Matrix Global Alignment Tool)-Software (BMC Bioin-

formatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka). Die MatGAT-Software erzeugt Ähnlichkeits-/Identitäts-Matrizen für DNA- oder Proteinsequenzen, ohne dass ein Voralignment der Daten benötigt wird. Das Programm führt eine Serie von paarweisen Alignments unter Anwendung des "Myers und Miller"-Global-Alignment-Algorithmus (mit einem Lückenöffnungsstrafwert von 12 und einem Lückenerweiterungsstrafwert von 2) durch, berechnet Ähnlichkeit und Identität zum Beispiel mit Hilfe der Blosom 62 (für Polypeptide) und platziert die Ergebnisse dann in einer Distanzmatrix.

[0442] Die im Vergleich verwendeten Parameter waren:

Wertungsmatrix:	Blosom 62
Erststücke:	12
Lückenerweiterung:	2

[0443] Ergebnisse der Software-Analyse sind in Tabelle C4 für die globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen hinweg gezeigt. Der Prozentsatz der Identität ist oberhalb der Diagonale in Fettdruck angegeben, und der Prozentsatz der Ähnlichkeit ist unterhalb der Diagonale angegeben (normal formatiert).

[0444] Der Prozentsatz der Identität zwischen den für die Durchführung der Verfahren der Erfindung geeigneten GSA1-Polypeptidsequenzen kann, verglichen mit der SEQ ID NR: 418, lediglich yy% Aminosäureidentität betragen.

Tabelle C4: MatGAT-Ergebnisse für globale Ähnlichkeit und Identität über die volle Länge der Polypeptidsequenzen.

1. ==5613	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
		81,8	80	78	81	81,4	62,2	63	64,5	63,7	75,9	83,5	80,1	79,8	75,6	78,3	79,4
2. A_thaliana_AT3G48730_1	91		90,1	78,2	91,3	90,3	63,3	66,2	66,6	65,3	76,8	81,9	78,7	78,7	77,2	80	82,1
3. A_thaliana_AT5G63570_1	89,1	95,4		76,4	96,6	95,1	63,5	65,6	65	63,5	77	81,5	77,3	77,1	76,6	76,7	79,8
4. Aquilegia_sp_TC22821	89,1	88,2	86,3		77,1	77,1	63,5	66,3	65	63,5	76,6	79,4	76,8	76,5	77	74,9	77,5
5. B_napus_TC63445	90,6	96	97,9	86,7		97	63	66	66,4	64,7	77,7	82,1	77,7	77,9	77,2	78,7	80,8
6. B_napus_TC63450	90,8	96	97	88	98,5		64,1	66,1	65,5	65,1	76,6	81,7	77,9	77,7	76,3	77,8	81,2
7. C_reinhardtii_138524	75,6	76,9	77,2	77	77	78,2		72,4	79,6	68,4	65,8	66,7	63,8	63,8	66,1	63,5	63,5
8. C_vulgaris_43392	77,9	80,3	78,7	80	79,5	79,7	82,5		74,4	65,2	68,5	68,3	65,2	65,7	68,2	65,7	66,2
9. Chlorella_37143	77,2	78,4	77,4	78,7	78,2	78,4	88,1	86,5		67,5	68,9	67	64,1	64,9	68,1	65	67,8
10. E_huxleyi_437052	78,7	80,3	80	80,2	80,3	80,5	82,3	78,6	79,7		64,9	65,8	65,5	66,2	65,7	65,5	65,1
11. F_arundinacea_TC6452	85,8	85,8	87,6	87,1	87,1	86,5	78	80,3	79,3	79,1		77,7	77,9	77,5	95,6	76,1	77,2
12. F_vesca_TA11529_57918	92,3	92,6	92	89	93	93,4	79,1	81	80,3	82,5	88,2		80,7	80,4	78,2	79,1	81,5
13. G_max_Glyma04g00420_1	90	89,2	87,8	88,8	88,4	89	76,2	79,4	75,7	80,9	86,3	89,4		96,4	77,6	88,5	77,3
14. G_max_Glyma06g00510_1	89,1	88,3	86,7	88,2	88,2	88,6	76,6	79,7	77,5	82,2	85,8	89	98,1		78,2	89,4	77,7
15. H_vulgare_TC162130	86,4	86,7	86,5	87,6	87,1	86,5	78,5	80,8	79,5	80,6	97,3	88,4	87,7	86,4		76,5	78
16. M_truncatula_CU024868_27_4	89,6	90,3	87,8	88,2	89	89,6	76,7	79,5	77,4	81	85,8	90,7	93,2	93,8	87,4		78,1
17. N_benthhamiana_TC14122	90,5	88,6	88,6	87,6	88,8	89,8	75,7	79,3	79	79,3	86,1	89,6	87,1	86,7	86,3	87,8	
18. N_tabacum_TC18263	89,8	90,2	88,9	89,1	89,7	90,8	74,9	78,2	77,4	77,8	85,4	90,2	88,3	87,2	86,2	88,3	92,1
19. N_tabacum_TC18710	89,1	89,5	88,7	88,7	89,5	90,6	74,9	78,2	77,4	78	85,4	89,5	88,1	87,2	86	88,3	92,3

20. O_lucimarinus_28523	75,6	77,3	77	75,5	77	76,7	83,4	80,6	81,9	80,8	77	78,2	76	76,5	77	77,4	75,5
21. O_RCC809_53004	71,8	74,4	74,3	72,2	74	74,2	81,6	77,8	81,5	78,6	73,8	75,1	73,2	74	74,6	74,1	72,4
22. O_sativa_LOC_Os08g41990_1	87,3	87,2	87,7	86,8	87,4	87,7	76,4	78,9	78,9	78,5	94,8	87,7	86,8	85,8	93,9	85,8	87,6
23. O_taurii_24711	71,4	73,7	73	72,2	73,4	73,6	80,6	76,3	79,1	77,6	73,4	74,6	72,3	73,2	73,8	74,6	71,6
24. P_patens_116325	82,3	83,1	84,3	82,5	83,9	83,5	80	78,7	80,6	79,7	83,9	84,6	82,3	82,3	84,1	82,3	84,2
25. P_patens_181992	82,1	83,5	83,7	82,9	83,5	84,2	79,2	78,8	79,2	78,4	82,5	83,1	82,9	82,1	82,9	82,3	84
26. P_tremuloides_575404	95,8	87,8	85,9	85,9	87,1	87,3	73,1	75,1	75,5	76,5	83,1	89	86,7	85,9	84,1	86,3	87,8
27. P_tricornutum_36347	71,6	75	73,8	72,2	74,2	74,6	74,7	72,4	74,3	76,9	73,6	73,4	72,3	73,2	73,6	73,3	72,4
28. R_communis_TA2570_3988	93,5	92	91,6	90,3	92,6	92,6	76,7	79,1	77,8	81,4	87,7	93	91,1	90,7	88,6	91,8	90,2
29. S_lycopersicum_TC191683	89,8	89,4	88,4	87,1	88,4	89,6	74,3	76,6	76,6	76,8	84,6	88,6	86,5	85,9	84,2	86,7	91,9
30. S_moellendorffii_183248	82,9	84,2	84,7	84,2	84,7	85,5	80,5	81,3	80	82,4	84,7	86,3	82,8	82,8	84,9	83,6	84
31. T_aestivum_TA06MC00384_60074805_384	80,4	80,3	81	81,6	81,6	80,8	74,1	75,2	75,6	76,3	90,9	81	81,5	81,8	91,7	81,6	80,7
32. T_pseudonana_575	71	73,5	73	71,9	73,4	73,6	73,4	72,6	74,3	77,6	72,7	72,9	71,5	72,7	73,1	72,6	73
33. V_carteri_74470	76,2	78,8	77,2	77,6	78	78,4	97	84,6	88,4	81,7	78,6	79,9	76,8	76,6	78,9	77,4	76,6
34. V_shuttleworthii_TA2337_246827	92,1	92,2	90,9	90,7	91,5	91,8	78,6	79,9	80,1	82	88,8	93,4	89,6	89,6	88,4	92	90,9
35. Z_mays_ZM07MC17771_BFb0062K01_17727	87,1	87,3	86,7	87,8	87,3	87,6	77	79,1	78,9	78,7	94,1	88,2	87,6	86,5	94,5	86,5	86,7

18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35
----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----

1. ===5613	82,1	81,7	62,4	60,8	75,2	58,9	70	69	95,6	58,2	86,3	81,4	71,4	70	57,4	64,9	82,1	76,6
2. A_thaliana_AT3G48730_1	82,9	83,1	65,1	62,9	76,4	59,5	70,3	69,1	79,3	62,3	83,4	80,9	74,1	70	59,3	64,8	80,9	77,8
3. A_thaliana_AT5G63570_1	80,8	81	63,7	62,7	75,5	59,5	70,1	68,9	77,5	61	81	80,5	72,7	70,4	58	64,3	81,6	77
4. Aquilegia_sp_TC22821	80	79,6	62,9	61,2	75,4	58,5	69,4	68,2	75,6	58,9	80,9	78,4	72,2	70,9	57,4	65,2	80,4	76,9
5. B_napus_TC63445	81,6	82	63,7	62,8	76,5	59,5	70,1	68,9	78,1	61,7	81,8	80,7	72,5	70,9	58,8	64,1	82	78,3
6. B_napus_TC63450	81,5	82,2	64,9	63,4	76	60,1	69,2	68,6	78,7	61,7	81,8	81,2	73,7	70,3	58,4	64,9	81,8	77,8
7. C_reinhardtii_138524	61,2	60,7	73,9	71,9	63,8	71	66,6	66,3	60,6	60,9	63,4	61	67,2	60,8	61,3	92,5	63,8	63,8
8. C_vulgaris_43392	64,7	64,7	67,8	66,2	66,7	65,1	66,8	67,1	61,6	59,8	66,6	64	68,3	62,7	59,2	72,8	66,5	66,5
9. Chlorella_37143	64,9	64,6	73	72,8	66,5	69	67,9	66,3	63,5	61,7	66,4	65,1	66,6	63,1	62,3	80,7	64,5	66,7
10. E_huxleyi_437052	61,3	61,3	68,7	66,9	64,4	64,7	67,8	65,9	62	65,4	66,4	61,4	68,3	61,2	67,5	67,9	65,4	64,3
11. F_arundinacea_TC6452	76,6	77,2	65,5	62,8	91,6	62,2	73,7	72,8	73,9	62,2	78,6	76,8	76	87,9	59	66	77,9	89,9
12. F_vesca_TA11529_57918	82,7	82,5	65,2	63,4	76	61,3	73	70,3	80,7	61,3	84,5	80,3	73,7	71,3	60	67,2	84,7	78,3
13. G_max_Glyma04g00420_1	78,5	78,9	63,7	62,1	77	60,7	70,8	70,1	77,6	59,6	82,1	77,1	72,6	71,8	57,4	64,8	81,7	78,6
14. G_max_Glyma06g00510_1	77,3	78,3	64,4	62,7	76,6	61,9	70,5	69,7	77,3	60,5	80,8	76,7	72,1	71,6	58,2	64,9	81,4	78,4
15. H_vulgate_TC162130	77,4	77,6	65,3	63,5	90,4	61,9	73,1	72	73,3	62	78,9	76,1	76,4	88,8	59,7	66,7	77,7	90,5
16. M_truncatula_CU024868_27_4	78,3	78,3	63,6	62,2	75,4	61,5	69,2	69	76,3	61,1	81,7	77,1	72,5	70	59	64,5	82	76,7
17. N_benthamiana_TC14122	86,1	86,3	63,5	61,4	76,3	59,5	71,6	70,4	78,1	61	80,9	85,5	72,9	71,8	58,7	64,9	81,7	77
18. N_tabacum_TC18263		97,9	62,2	61,1	77	57,7	69,2	68,2	79,7	59,6	82,3	92,9	73,9	70,5	57,7	63,2	82,5	77,4
19. N_tabacum_TC18710	99,2		62	61,1	76,9	57,7	69,3	68,2	79,3	60	81,9	93,4	74,1	70,3	57,1	63	82,3	77,3
20. O_lucimarinus_28523	75,3	75,3		85,3	64,2	82,5	64,3	62,1	60,8	60,6	63,9	61,7	65,8	60,2	61,6	74,2	64,5	64,8
21. O_RCC809_53004	73	73	87,4		61,5	79,7	63,9	61,9	59	65,7	61,7	61	64,3	57,6	66,4	72,2	62,4	61,6

22. O_sativa_LOC_Os08g41990_1	87	86,6	75,9	73		60,7	73,2	73	73,7	61,3	77,6	75,8	74,6	83,3	58,2	64,8	76,2	92,1
23. O_taurii_24711	71,3	71,3	86,6	88,1	73		62,6	60,3	57,6	55,9	60,1	57,6	60,7	56,9	57	71	61,1	61,1
24. P_patens_116325	81,8	82,7	77,7	76,6	85	75,2		89,1	68,7	60,8	71,7	69,4	76,6	68	60,5	66,8	71,9	73,3
25. P_patens_181992	81,7	82,1	76,5	75,1	83,3	73,3	95,7		68,1	57,8	69,1	68,6	73,7	67,2	58,8	65,4	70,1	72,7
26. P_tremuloides_575404	86,9	86,3	73,3	69,7	85,3	69,7	80,1	81,1		56,4	83,8	80,1	69,9	68,1	55,6	63,3	79,4	74,3
27. P_tricornutum_36347	72,8	72,8	73,3	79,1	72,6	73,1	72,9	70,8	69,3		59,6	58,9	62,2	57	83,7	61,4	59,8	61,8
28. R_communis_TA2570_3988	89,7	89,3	77,4	73,4	88,5	73,4	83,5	82,1	90,2	72,9		81,2	72,8	72,9	57,9	64,4	85	78,6
29. S_lycopersicum_TC191683	95,9	95,9	74,1	72	85,1	70,3	81,5	81,7	87,8	71,4	88,8		73,1	69,5	56,6	62,4	81	76,1
30. S_moellendorffii_183248	84,3	84,1	77,5	75,2	83,9	73,3	86,8	85,8	79,7	74,4	84,2	83,2		70,5	60,9	67	72,9	74,5
31. T_aestivum_TA06MC00384_60074805_384	79,3	79,1	71,9	70,5	87,9	69,9	78,5	76,3	78,5	70,5	82,2	78,2	79,2		55,3	61,4	71,6	82,5
32. T_pseudonana_575	72,6	72,4	73,1	79,8	71,3	73,5	72,7	71	68,7	92,7	72,7	71,4	73,3	69,9		61,4	58,4	57,8
33. V_carteri_74470	76,4	76,4	84	82,1	77,6	81,3	80	79	74,1	74,8	78	75,7	80,9	74,6	73,3		65,5	65,3
34. V_shuttleworthii_TA2337_246827	91,2	90,8	78,6	74,2	88,5	74	83,9	84,4	89	74,2	93,9	90	85,7	82,2	73,8	79,7		77,9
35. Z_mays_ZM07MC17771_BFb0062K01_17727	86,6	86,6	76,6	73,6	95,8	73,6	85	83,3	84,5	73,4	89,5	84,2	84,5	87,6	71,9	77,4	89,9	

[0445] Es können auch eine MATGAT-Tabelle für das lokale Alignment einer spezifischen Domäne oder Daten bezüglich der Identitäts/Ähnlichkeits-% zwischen spezifischen Domänen erzeugt werden.

Beispiel 4: Identifizierung von Domänen, die in Polypeptidsequenzen enthalten sind, die sich für die Durchführung der Verfahren der Erfindung eignen

4.1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0446] Die "Integrated Resource of Protein Families, Domains und Sites"(InterPro)-Datenbank ist eine integrierte Schnittstelle für die üblicherweise verwendeten Signaturdatenbanken für text- und sequenzbasierte Suchläufe. Die InterPro-Datenbank kombiniert diese Datenbanken, welche verschiedene Methodologien und unterschiedliche Klassen von biologischer Information über gut charakterisierte Proteine verwenden, um Proteinsignaturen abzuleiten. Zu kollaborierenden Datenbanken zählen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom und Pfam, Smart und TIGRFAMs. Bei Pfam handelt es sich um eine große Sammlung von Mehrfach-Sequenzalignments und Hidden-Markov-Modelle, die viele herkömmliche Proteindomänen und -familien umfasst. Pfam wird am Server des Sanger Institute in Großbritannien gehostet. Interpro wird am European Bioinformatics Institute in Großbritannien gehostet.

[0447] Die Ergebnisse des InterPro-Scans der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 2 sind in der Tabelle D1 aufgeführt.

Tabelle D1:

Databank	Name	Aminosäurekoordinaten auf SEQ ID NR 2
TMHMM	Transmembranregion	10–32

TMHMM wurde zuerst von Krogh beschrieben. J. Mol. Biol. 2001 Jan 19; 305(3): 567–80

4.2. Calreticulin-Polypeptide

[0448] Die "Integrated Resource of Protein Families, Domains und Sites"(InterPro)-Datenbank ist eine integrierte Schnittstelle für die üblicherweise verwendeten Signaturdatenbanken für text- und sequenzbasierte Suchläufe. Die InterPro-Datenbank kombiniert diese Datenbanken, welche verschiedene Methodologien und unterschiedliche Klassen von biologischer Information über gut charakterisierte Proteine verwenden, um Proteinsignaturen abzuleiten. Zu kollaborierenden Datenbanken zählen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom und Pfam, Smart und TIGRFAMs. Bei Pfam handelt es sich um eine große Sammlung von Mehrfach-Sequenzalignments und Hidden-Markov-Modelle, die viele herkömmliche Proteindomänen und -familien umfasst. Pfam wird am Server des Sanger Institute in Großbritannien gehostet. Interpro wird am European Bioinformatics Institute in Großbritannien gehostet.

[0449] Die Ergebnisse des InterPro-Scans der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 105 sind in der Tabelle D2 aufgeführt.

Tabelle D2: Ergebnisse des InterPro-Scans (Hauptzugangsnummern) der Polypeptidsequenz, wie sie durch die SEQ ID NR: 239 repräsentiert wird. 2.

Databank	Domänenzugangsnnummer	Domänenname	Aminosäurekoordinaten in SEQ ID NR: 2	E-Wert
InterPro	IPR000886	Targeting-Sequenz im endoplasmatischen Retikulum		
ScanRegExp	PS00014	ER_TARGET	(406-409]	
InterPro	IPR001580	Calreticulin/Calnexin		
BlastProDom	PD001866	CRTC_NICPL_Q40401;	(141-231]	1,00E-47
FPrintScan	PR00626	Calreticulin	(108-126];(134-150];(223-236]; (251-273];(289-308];(322-342]	2,9e-55; 2,9e-55; 55; 2,9e-55;
HMPanther	PTHR11073	Calreticulin UND CALNEXIN	(66-409]	2,9e-233
HMPfam	PF00262	Calreticulin	(29-341]	5,4e-166
ScanRegExp	PS00803	Calreticulin_1	(106-121]	8,00E-05
ScanRegExp	PS00804	Calreticulin_2	(138-146]	8,00E-05
ScanRegExp	PS00805	Calreticulin_REPEAT	(216-228];(251-263]	8,00E-05
InterPro	IPR008985	Lectin/Glucanase vom Concanavalin-A-Typ	A-ähnlich	Lectin/Glucanase
Superfamilie	SSF49899	Concanavalin-Lectine/Glucanasen	(20-234]; (320-358]	3,8e-80; 0,00015
InterPro	IPR009033	Calreticulin/Calnexin	P	
Superfamilie	SSF63887	P-Domäne von Calnexin/Calreticulin	T(213-314]	6,8e-40
InterPro	IPR009169	Calreticulin		

HMMPiR	PIRSF002356	Calreticulin	(6-409]	4,3e-280
HMPanther	PTHR11073:SF2	Calreticulin	(66-409]	2,9e-233
InterPro	IPR010916	TonB-Box, konservierte Stelle		
ScanRegExp	PS00430	TONB_DEPENDENT_REC_1	(1-25]	nicht verfügbar
InterPro	IPR013320	Lectin/Glucanase-Untergruppe vom Concanavalin-A-Typ	A-ähnlich	
Gene3D	G3DSA:2.60.120.20 0	nicht beschrieben	(20-239]; (243-368]	1,4e-66;5,2e-16

[0450] Kommt eine gegebene Domäne mehr als einmal in der Sequenz von SEQ ID NR: 105 vor, so wird die Aminosäureposition der einzelnen Domänen jeweils durch das Symbol "*" in der Spalte Aminosäurekoordinaten in SEQ ID NR: 105 getrennt. Entsprechend erfolgt dies für die e-Werte der einzelnen Domänen. Ist nur ein e-Wert angegeben, so bedeutet dies, dass die einzelnen Domänen den gleichen e-Wert haben.

4.3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0451] Die "Integrated Resource of Protein Families, Domains und Sites"(InterPro)-Datenbank ist eine integrierte Schnittstelle für die üblicherweise verwendeten Signaturdatenbanken für text- und sequenzbasierte Suchläufe. Die InterPro-Datenbank kombiniert diese Datenbanken, welche verschiedene Methodologien und unterschiedliche Klassen von biologischer Information über gut charakterisierte Proteine verwenden, um Proteinsignaturen abzuleiten. Zu kollaborierenden Datenbanken zählen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRIN-TS, ProDom und Pfam, Smart und TIGRFAMs. Interpro wird am European Bioinformatics Institute in Großbritannien gehostet.

[0452] Die Ergebnisse des InterPro-Scans der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 259 sind in der Tabelle D3 aufgeführt.

Tabelle D3: Ergebnisse des InterPro-Scans der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 259

InterPro-Zugangs-nummer und -Name	Integrierte Datenbank Name	Integrierte Datenbank Zugangsnummer	Integrierte Datenbank Zugangsname
IPR001269 tRNA-dihydrouridine synthase family	PANTHER	PTHR11082	tRNA-dihydrouridine synthase
	Pfam	PF01207	Dus
IPR013785 Aldolase-type TIM barrel	GENE3D	G3DSA:3.20.20.70	nicht beschrieben
IPR018517 tRNA-dihydrouridine synthase, conserved site	Prosite	PS01136	UPF0034
noIPR unintegrated	PANTHER	PTHR11082:SF5	tRNA-dihydrouridine synthase 1
	SUPERFAMILY	SSF51395	FMN-linked oxidoreductases

[0453] Bei TIM-Barrel handelt es sich um eine konservierte Proteinfalte, die aus acht α -Helices und acht parallelen β -Strängen besteht, die sich am Peptidgerüst abwechseln. Die Struktur ist nach Triosephosphatisomerase, einem konservierten glykolytischen Enzym, benannt. TIM-Barrel werden als α/β -Proteinfalten angesehen, da sie ein alternierendes Muster an α -Helices und β -Strängen in einer einzelnen Domäne umfassen. In einem TIM-Barrel bilden die Helices und Stränge (gewöhnlich jeweils 8) eine Spule, die sich unter Bildung eines Torus kurvenförmig zu ihrem Anfang zurückwindet.

4.4. ES43-ähnliche Polypeptide

[0454] Bei Pfam handelt es sich um eine große Sammlung von Mehrfach-Sequenzalignments und Hidden-Markov-Modelle, die viele herkömmliche Proteindomänen und -familien umfasst. Pfam wird am Server des Sanger Institute in Großbritannien gehostet. Zur Identifizierung putativer BAH- und PHD-Domänen in einem ES43-ähnlichen Polypeptid wurde die Pfam-Datenbank mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID NO: 299 durchsucht.

[0455] Die Ergebnisse des Pfam-Scans der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 299 sind in der Tabelle D4 aufgeführt.

Tabelle D4: Ergebnisse des Pfam-Scans (Hauptzugangsnummern) der Polypeptidsequenzemäß SEQ ID NR: 299.

Datenbank	Zugangsnummer	Zugangsname	Aminosäurekoordinaten auf SEQ ID NR 299	E-Wert	Alignment-Methode
Pfam	BAH-Domäne	PF01426	21-138	6,1e-4	ls
Pfam	PHD-Domäne	PF00628	142-191	5,3e-17	ls

4,5. HON5-ähnliche Polypeptide

[0456] Die "Integrated Resource of Protein Families, Domains und Sites"(InterPro)-Datenbank ist eine integrierte Schnittstelle für die üblicherweise verwendeten Signaturdatenbanken für text- und sequenzbasierte Suchläufe. Die InterPro-Datenbank kombiniert diese Datenbanken, welche verschiedene Methodologien und unterschiedliche Klassen von biologischer Information über gut charakterisierte Proteine verwenden, um Proteinsignaturen abzuleiten. Zu kollaborierenden Datenbanken zählen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom und Pfam, Smart und TIGRFAMs, Bei Pfam handelt es sich um eine große Sammlung Mehrfach-Sequenzalignments und Hidden-Markov-Modelle, die viele herkömmliche Proteindomänen und -familien umfasst. Pfam wird am Server des Sanger Institute in Großbritannien gehostet. Interpro wird am European Bioinformatics Institute in Großbritannien gehostet.

[0457] Die Ergebnisse des InterPro-Scans der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 388 sind in der Tabelle D5 aufgeführt.

Tabelle D5: Ergebnisse des InterPro-Scans (Hauptzugangsnr.) der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 2.

Domäne	Name	Algorithmus/ Datenbank	Zugangsnummer	Domänenname	Aminosäureko- ordinaten	E-Wert
InterPro IPR000637	HMG-I und HMG-Y, DNA-binding	SMART	SM00384	AT_hook	[153-165]T	0,0029
					[209-221]T	8,20E+11
					[229-241]T	0,140000007
					[244-256]T	0,149999998
					[260-272]T	0,008099998
					[301-313]T	0,014000001
					[325-337]T	0,079000004
					[347-359]T	0,0019
InterPro IPR005818	Histon H1/H5	PFAM	PF00538	Linker_histone	[47-116]T	5,30E-14
InterPro IPR011991	Winged helix repressor DNA-binding	GENE3D	G3DSA 1.10.10.10	Wing_hix_DNA_bd	[42-127]T	1,30E+03

4.6. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0458] Die "Integrated Resource of Protein Families, Domains und Sites"(InterPro)-Datenbank ist eine integrierte Schnittstelle für die üblicherweise verwendeten Signaturdatenbanken für text- und sequenzbasierte Suchläufe. Die InterPro-Datenbank kombiniert diese Datenbanken, welche verschiedene Methodologien und unterschiedliche Klassen von biologischer Information über gut charakterisierte Proteine verwenden, um Proteinsignaturen abzuleiten. Zu kollaborierenden Datenbanken zählen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRIN-TS, ProDom und Pfam, Smart und TIGRFAMs. Bei Pfam handelt es sich um eine große Sammlung von Mehrfach-Sequenzalignments und Hidden-Markov-Modelle, die viele herkömmliche Proteindomänen und -familien umfasst.

[0459] Pfam wird am Server des Sanger Institute in Großbritannien gehostet. InterPro wird am European Bioinformatics Institute in Großbritannien gehostet.

[0460] Die Ergebnisse des InterPro-Scans der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 418 sind in der Tabelle D6 aufgeführt.

Tabelle D6: Ergebnisse des InterPro-Scans (Hauptzugangsnummern) der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 418.

			AA start	AA stop	
Gene3D	G3DSA: 3.40.640.10	nicht beschrieben	123	371	2,7e-74
HMMPanther	PTHR11986: SF5	Glutamat-1-semialdehyd-2, 1-aminomutase	75	479	7,2e-236
HMMPanther	PTHR11986	Aminotransferase Klasse III	75	479	7,2e-236
Superfamilie	SSF53383	PLP-abhängige Transferasen	53	479	3,3e-123
HMPFfam	PF00202	Aminotran_3	89	388	3,5e-71
ScanReg-Exp	PS00600	AA_transfer_Class_3	288	324	8,00e-5
HMMTigr	TIGR00713	hemL: glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomut	57	479	1,8e-247

Beispiel 5: Topologie-Vorhersage der für die Durchführung der Erfindung geeigneten Polypeptidsequenzen

5.1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0461] TargetP 1.1 sagt die subzelluläre Lokalisierung von eukaryontischen Proteinen voraus. Die Lagebestimmung basiert auf der vorhergesagten Gegenwart von einer beliebigen der N-terminalen Präsequenzen: Chloroplasten-Transit-Peptid (cTP), mitochondriales Targeting-Peptid (mTP) oder Sekretorischer-Pfad-Signalpeptid (SP). Wertungen, auf welchen die endgültige Vorhersage beruht, sind nicht wirklich Wahrscheinlichkeiten, und sie addieren sich nicht notwendigerweise zu 1. Allerdings ist die Lokalisierung mit der höchsten Bewertung gemäß TargetP. am wahrscheinlichsten, und die Beziehung zwischen den Wertungen (die Zuverlässigkeitsklasse) kann eine Angabe sein, wie sicher die Vorhersage ist. Die Zuverlässigkeitsklasse bzw. "Reliability Class" (RC) liegt im Bereich von 1 bis 5, wobei 1 die stärkste Vorhersage anzeigt. TargetP wird am Server der Technischen Universität Dänemark (Technical University of Denmark) bereitgehalten.

[0462] Für die Sequenzen, welche laut Vorhersage eine N-terminale Präsequenz enthalten, kann ebenfalls eine potenzielle Spaltungsstelle vorhergesagt werden.

[0463] Eine Anzahl von Parametern wird ausgewählt, wie etwa Organismengruppe (Nicht-Pflanze oder Pflanze), Ausschlussbedingungen (keine, vordefinierter Satz von Ausschlussbedingungen, oder benutzerspezifischer Satz von Ausschlussbedingungen) sowie die Berechnung der Vorhersage von Spaltungsstellen (Ja oder Nein).

5.2. Calreticulin-Polypeptide

[0464] TargetP 1.1 sagt die subzelluläre Lokalisierung von eukaryontischen Proteinen voraus. Die Lagebestimmung basiert auf der vorhergesagten Gegenwart von einer beliebigen der N-terminalen Präsequenzen: Chloroplasten-Transit-Peptid (cTP), mitochondriales Targeting-Peptid (mTP) oder Sekretorischer-Pfad-Signalpeptid (SP). Wertungen, auf welchen die endgültige Vorhersage beruht, sind nicht wirklich Wahrscheinlichkeiten, und sie addieren sich nicht notwendigerweise zu 1. Allerdings ist die Lokalisierung mit der höchsten Bewertung gemäß TargetP am wahrscheinlichsten, und die Beziehung zwischen den Wertungen (die Zuverlässigkeitsklasse) kann eine Angabe sein, wie sicher die Vorhersage ist. Die Zuverlässigkeitsklasse bzw. "Reliability Class" (RC) liegt im Bereich von 1 bis 5, wobei 1 die stärkste Vorhersage anzeigt. TargetP wird am Server der Technischen Universität Dänemark (Technical University of Denmark) bereitgehalten.

[0465] Für die Sequenzen, welche laut Vorhersage eine N-terminale Präsequenz enthalten, kann ebenfalls eine potenzielle Spaltungsstelle vorhergesagt werden.

[0466] Eine Anzahl von Parametern wird ausgewählt, wie etwa Organismengruppe (Nicht-Pflanze oder Pflanze), Ausschlussbedingungen (keine, vordefinierter Satz von Ausschlussbedingungen, oder benutzerspezifischer Satz von Ausschlussbedingungen) sowie die Berechnung der Vorhersage von Spaltungsstellen (Ja oder Nein).

[0467] Es können viele andere Algorithmen zur Durchführung derartiger Analysen verwendet werden, einschließlich:

- ChloroP 1.1, bereitgehalten auf dem Server der Technical University of Denmark;
- Protein Prowler Subcellular Localisation Predictor Version 1.2, bereitgehalten auf dem Server des Institute for Molecular Bioscience, Universität von Queensland, Brisbane, Australien;
- PENCE Proteome Analyst PA-GOSUB 2.5, bereitgehalten auf dem Server der Universität von Alberta, Edmonton, Alberta, Kanada;
- TMHMM, bereitgehalten auf dem Server der Technical University of Denmark;
- PSORT (URL: psort.org)
- PLOC (Park und Kanehisa, Bioinformatics, 19, 1656–1663, 2003).

5.3. ES43-ähnliche Polypeptide

[0468] TargetP 1.1 sagt die subzelluläre Lokalisierung von eukaryontischen Proteinen voraus. Die Lagebestimmung basiert auf der vorhergesagten Gegenwart von einer beliebigen der N-terminalen Präsequenzen: Chloroplasten-Transit-Peptid (cTP), mitochondriales Targeting-Peptid (mTP) oder Sekretorischer-Pfad-Signalpeptid (SP). Wertungen, auf welchen die endgültige Vorhersage beruht, sind nicht wirklich Wahrscheinlichkeiten, und sie addieren sich nicht notwendigerweise zu 1. Allerdings ist die Lokalisierung mit der höchsten Bewertung gemäß TargetP am wahrscheinlichsten, und die Beziehung zwischen den Wertungen (die Zuverlässigkeitsklasse) kann eine Angabe sein, wie sicher die Vorhersage ist. Die Zuverlässigkeitsklasse bzw. "Reliability Class" (RC) liegt im Bereich von 1 bis 5, wobei 1 die stärkste Vorhersage anzeigt. TargetP wird am Server der Technischen Universität Dänemark (Technical University of Denmark) bereitgehalten.

[0469] Für die Sequenzen, welche laut Vorhersage eine N-terminale Präsequenz enthalten, kann ebenfalls eine potenzielle Spaltungsstelle vorhergesagt werden.

[0470] Eine Anzahl von Parametern wird ausgewählt, wie etwa Organismengruppe (Nicht-Pflanze oder Pflanze), Ausschlussbedingungen (keine, vordefinierter Satz von Ausschlussbedingungen, oder benutzerspezifischer Satz von Ausschlussbedingungen) sowie die Berechnung der Vorhersage von Spaltungsstellen (Ja oder Nein).

5.4. HON5-ähnliche Polypeptide

[0471] TargetP 1.1 sagt die subzelluläre Lokalisierung von eukaryontischen Proteinen voraus. Die Lagebestimmung basiert auf der vorhergesagten Gegenwart von einer beliebigen der N-terminalen Präsequenzen: Chloroplasten-Transit-Peptid (cTP), mitochondriales Targeting-Peptid (mTP) oder Sekretorischer-Pfad-Signalpeptid (SP). Wertungen, auf welchen die endgültige Vorhersage beruht, sind nicht wirklich Wahrscheinlichkeiten, und sie addieren sich nicht notwendigerweise zu 1. Allerdings ist die Lokalisierung mit der höchsten Bewertung gemäß TargetP am wahrscheinlichsten, und die Beziehung zwischen den Wertungen (die Zuverlässigkeitsklasse) kann eine Angabe sein, wie sicher die Vorhersage ist. Die Zuverlässigkeitsklasse bzw. "Relia-

bility Class" (RC) liegt im Bereich von 1 bis 5, wobei 1 die stärkste Vorhersage anzeigt. TargetP wird am Server der Technischen Universität Dänemark (Technical University of Denmark) bereitgehalten.

[0472] Für die Sequenzen, welche laut Vorhersage eine N-terminale Präsequenz enthalten, kann ebenfalls eine potenzielle Spaltungsstelle vorhergesagt werden.

[0473] Eine Anzahl von Parametern wird ausgewählt, wie etwa Organismengruppe (Nicht-Pflanze oder Pflanze), Ausschlussbedingungen (keine, vordefinierter Satz von Ausschlussbedingungen, oder benutzerspezifischer Satz von Ausschlussbedingungen) sowie die Berechnung der Vorhersage von Spaltungsstellen (Ja oder Nein).

[0474] Es können viele andere Algorithmen zur Durchführung derartiger Analysen verwendet werden, einschließlich:

- ChloroP 1.1, bereitgehalten auf dem Server der Technical University of Denmark;
- Protein Prowler Subcellular Localisation Predictor Version 1.2, bereitgehalten auf dem Server des Institute for Molecular Bioscience, Universität von Queensland, Brisbane, Australien;
- PENCE Proteome Analyst PA-GOSUB 2.5, bereitgehalten auf dem Server der Universität von Alberta, Edmonton, Alberta, Kanada;
- TMHMM, bereitgehalten auf dem Server der Technical University of Denmark;
- PSORT (URL: psort.org)
- PLOC (Park und Kanehisa, Bioinformatics, 19, 1656–1663, 2003).

5.5. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0475] TargetP 1.1 sagt die subzelluläre Lokalisierung von eukaryontischen Proteinen voraus. Die Lagebestimmung basiert auf der vorhergesagten Gegenwart von einer beliebigen der N-terminalen Präsequenzen: Chloroplasten-Transit-Peptid (cTP), mitochondriales Targeting-Peptid (mTP) oder Sekretorischer-Pfad-Signalpeptid (SP). Wertungen, auf welchen die endgültige Vorhersage beruht, sind nicht wirklich Wahrscheinlichkeiten, und sie addieren sich nicht notwendigerweise zu 1. Allerdings ist die Lokalisierung mit der höchsten Bewertung gemäß TargetP am wahrscheinlichsten, und die Beziehung zwischen den Wertungen (die Zuverlässigkeitsklasse) kann eine Angabe sein, wie sicher die Vorhersage ist. Die Zuverlässigkeitsklasse bzw. "Reliability Class" (RC) liegt im Bereich von 1 bis 5, wobei 1 die stärkste Vorhersage anzeigt. TargetP wird am Server der Technischen Universität Dänemark (Technical University of Denmark) bereitgehalten.

[0476] Für die Sequenzen, welche laut Vorhersage eine N-terminale Präsequenz enthalten, kann ebenfalls eine potenzielle Spaltungsstelle vorhergesagt werden.

[0477] Eine Anzahl von Parametern wird ausgewählt, wie etwa Organismengruppe (Nicht-Pflanze oder Pflanze), Ausschlussbedingungen (keine, vordefinierter Satz von Ausschlussbedingungen, oder benutzerspezifischer Satz von Ausschlussbedingungen) sowie die Berechnung der Vorhersage von Spaltungsstellen (Ja oder Nein).

[0478] Die Ergebnisse der TargetP 1.1-Analyse der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 418 sind in der Tabelle D7 aufgeführt. Die Organismengruppe "Pflanze" wurde gewählt, es wurden keine Ausschlussbedingungen definiert, und die vorhergesagte Länge des Transitpeptids wurde angefordert. Die vorhergesagte subzelluläre Lokalisierung der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 418 ist der Chloroplast, ein Transitpeptid wird nicht vorhergesagt.

Tabelle D7:

Name	Len	cTP	mTP	SP	andere	Loc	RC	TPlen
CDS5613	479	0,880	0,257	0,050	0,031	C	2	43
Ausschlussbedingung		0,000	0,000	0,000	0,000			

[0479] Es können viele andere Algorithmen zur Durchführung derartiger Analysen verwendet werden, einschließlich:

- ChloroP 1.1, bereitgehalten auf dem Server der Technical University of Denmark;
- Protein Prowler Subcellular Localisation Predictor Version 1.2, bereitgehalten auf dem Server des Institute for Molecular Bioscience, Universität von Queensland, Brisbane, Australien;
- PENCE Proteome Analyst PA-GOSUB 2.5, bereitgehalten auf dem Server der Universität von Alberta, Edmonton, Alberta, Kanada;
- TMHMM, bereitgehalten auf dem Server der Technical University of Denmark;
- PSORT (URL: psort.org)
- PLOC (Park und Kanehisa, Bioinformatics, 19, 1656–1663, 2003).

Beispiel 6: Vorhersage der subzellulären Lokalisierung der für die Durchführung der Erfindung geeigneten Polypeptidsequenzen

6.1. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0480] Experimentelle Methoden zur Proteinlokalisierung reichen von der Immunlokalisierung bis zum Tagging von Proteinen mit grünem fluoreszierendem Protein (GFP) oder beta-Glucuronidase (GUS). Solche Verfahren zum Identifizieren der subzellulären Kompartimentierung von GRF-Polypeptiden sind in der Fachwelt gut bekannt.

[0481] Es wurde eine Vorhersage der Proteinlokalisierung aufgrund der Sequenzdaten mit einem Computer durchgeführt. Unter den dem Fachmann gut bekannten Algorithmen stehen bei ExPASy Proteomics, gehostet vom Schweizer Institut für Bioinformatik, z. B. die Werkzeuge PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, Signale, TMHMM, TMpred und andere zur Verfügung.

[0482] TargetP 1.1 sagt die subzelluläre Lokalisierung von eukaryontischen Proteinen voraus. Die Lagebestimmung basiert auf der vorhergesagten Gegenwart von einer beliebigen der N-terminalen Präsequenzen: Chloroplasten-Transit-Peptid (cTP), mitochondriales Targeting-Peptid (mTP) oder Sekretorischer-Pfad-Signalpeptid (SP). Wertungen, auf welchen die endgültige Vorhersage beruht, sind nicht wirklich Wahrscheinlichkeiten, und sie addieren sich nicht notwendigerweise zu 1. Allerdings ist die Lokalisierung mit der höchsten Bewertung gemäß TargetP am wahrscheinlichsten, und die Beziehung zwischen den Wertungen (die Zuverlässigkeitsklasse) kann eine Angabe sein, wie sicher die Vorhersage ist. Die Zuverlässigkeitsklasse bzw. "Reliability Class" (RC) liegt im Bereich von 1 bis 5, wobei 1 die stärkste Vorhersage anzeigt. TargetP wird am Server der Technischen Universität Dänemark (Technical University of Denmark) bereitgehalten.

[0483] Für die Sequenzen, welche laut Vorhersage eine N-terminale Präsequenz enthalten, kann ebenfalls eine potenzielle Spaltungsstelle vorhergesagt werden.

[0484] Eine Anzahl von Parametern wurde ausgewählt, wie etwa Organismengruppe (Nicht-Pflanze oder Pflanze), Ausschlussbedingungen (keine, vordefinierter Satz von Ausschlussbedingungen, oder benutzerspezifischer Satz von Ausschlussbedingungen) sowie die Berechnung der Vorhersage von Spaltungsstellen (Ja oder Nein).

[0485] Die Ergebnisse der TargetP 1.1-Analyse der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 259 sind in der Tabelle E1 aufgeführt. Die "Pflanzen"organismengruppe wurde ausgewählt, und Ausschlussbedingungen wurden nicht definiert. Die vorhergesagte subzelluläre Lokalisierung der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 259 ist in den Mitochondrien.

Tabelle E1: TargetP 1.1-Analyse der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 259

Länge (AA)	421
chloroplastisches Transitpeptid	0,026
mitochondriales Transitpeptid	0,947
Signalpeptid des sekretorischen Pfades	0,008
andere subzelluläre Ziele	0,075
vorhergesagter Ort	Mitochondrien
Verlässlichkeitsklasse	1

[0486] Methoden zum Targeting auf Mitochondrien sind im Stand der Technik gut bekannt und schließen den Gebrauch von Transitpeptiden ein. Mitochondriale Transitpeptide, mit denen sich beliebige DUS1L-Polypeptide zu einem Mitochondrium führen lassen, wobei dieses DUS1L-Polypeptid in seiner natürlichen Form normalerweise nicht auf ein Mitochondrium zielt, oder wobei das DUS1L-Polypeptid in seiner natürlichen Form aufgrund eines anderen Transitpeptids (zum Beispiel seines natürlichen Transitpeptids) auf Mitochondrien zielt. So kann sich zum Beispiel eine für ein Cyanobakterien- oder Diatom-DUS1L-Polypeptid codierende Nukleinsäure ebenfalls für die erfindungsgemäßen Verfahren eignen, vorausgesetzt das Polypeptid zielt auf Mitochondrien.

Beispiel 7: Assay im Zusammenhang mit den für die Durchführung der Verfahren der Erfindung geeigneten Polypeptidsequenzen

7.1. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0487] DUS1L-Polypeptide, die bei den Verfahren der vorliegenden Erfindung (zumindest in ihrer nativen Form) nützlich sind, weisen typischerweise, jedoch nicht zwangsweise, eine tRNA-Dihydrouridinsynthase-(DUS-)Aktivität auf. In vivo-DUS-Komplementierungsassays kommen typischerweise zum Beispiel bei Bakterien oder bei Hefe zur Anwendung. Häufig verwendet man einen E. coli-Stamm, bei dem alle drei DUS-Gene entfernt wurden (D3dus) und der infolgedessen tRNA ohne nachweisbares Dihydrouridin produziert. Der dihydrouridinefreie Stamm fungiert somit als "Null-Hintergrund" beim Testen der Fähigkeit von DUS-Genen zum Katalysieren der Dihydrouridinbildung in lebenden Zellen. Führt man in diesen Stamm Plasmid-DUS-Gene ein, so ist es möglich, rekonstituierten Dihydrouridingehalt der tRNA in aus diesem Stamm aufgereinigter tRNA zu messen (Bishop et al. (2002) oben).

[0488] Eine colorimetrische Messung des tRNA-Dihydrouridingehalts ist ebenfalls möglich, durch eine Modifikation des Verfahren von Jacobson und Hedgcoth ((1970) Anal. Biochem 34, 459-469).

Beispiel 8: Klonieren der in den Verfahren der Erfindung verwendeten Nukleinsäuresequenz

8.1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0489] Die in den Verfahren der Erfindung verwendete Nukleinsäuresequenz wurde durch PCR amplifiziert, wobei als Schablone eine speziell erstellte cDNA-Bibliothek mit Arabidopsis thaliana-Keimlingen (in pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, Großbritannien) verwendet wurde. Die PCR wurde mit Hifi Taq DNA-Polymerase unter Standardbedingungen mit 200 ng Schablone in 50 µl PCR-Mix durchgeführt.

[0490] Bei den verwendeten Primern handelte es sich um ein Oligonukleotid gemäß SEQ ID NR: 101 für die sense-Orientierung und ein zweites Oligonukleotid gemäß SEQ ID NR: 102 für den reversen komplementären Strang, die die AttB-Stellen für die Gateway-Rekombination einschließen. Das amplifizierte PCR-Fragment wurde ebenfalls nach Standardmethoden aufgereinigt. Dann wurde der erste Schritt der Gateway-Vorschrift, die BP-Reaktion, durchgeführt, während der das PCR-Fragment in vivo mit dem pDONR201-Plasmid rekombiniert, wodurch man gemäß der Gateway-Terminologie einen "entry clone", pBET1_ike, erhielt. Das Plasmid pDONR201 wurde von Invitrogen als Teil der Gateway®-Technologie erworben.

[0491] Der die SEQ ID NR: 1 umfassende "entry clone" wurde dann in einer LR-Reaktion mit einem Zielvektor für die Transformation von Oryza sativa eingesetzt. Dieser Vektor enthielt als Funktionselemente innerhalb der T-DNA-Grenzen: einen pflanzlichen Selektionsmarker; eine screenbare Markerexpressionskassette; sowie eine Gateway-Kassette, die für die IR-in-vivo-Rekombination mit der interessierenden Nukleinsäuresequenz, die bereits in den "entry clone" kloniert wurde, vorgesehen ist. Ein Reis-GOS2-Promotor (SEQ ID NR: 103) für die konstitutive spezifische Expression befand sich stromaufwärts von dieser Gateway-Kassette.

[0492] Nach dem LR-Rekombinationsschritt wurde der erhaltene Expressionsvektor pGOS2:BET1-like ([Fig. 3](#)) nach im Stand der Technik gut bekannten Methoden in den Agrobacterium-Stamm LBA4044 transformiert.

8.2. Calreticulin-Polypeptide

[0493] Die in den Verfahren der Erfindung verwendete Nukleinsäuresequenz wurde durch PCR amplifiziert, wobei als Schablone eine speziell erstellte cDNA-Bibliothek mit Lycopersicon esculentum- oder populus trichoparca-Keimlingen (in pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, Großbritannien) verwendet wurde. Die PCR wur-

de mit Hifi Taq DNA-Polymerase unter Standardbedingungen mit 200 ng Schablone in 50 µl PCR-Mix durchgeführt. Bei den verwendeten Primern handelte es sich um

Für *S.lycopersicum_TA36564*:

[0494] SEQ ID NR: 253 (sense, Startcodon fett):

5'-ggggacaagttgtacaaaaaagcaggcttaacaatggctactcgacgaatgaaa-3'

und SEQ ID NR: 254; revers, komplementär):

5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggttgaatcaaaatgcttgctct-3',

Für *P.trichocarpa_133.107*:

[0495] SEQ ID NR: 255 (sense, Startcodon fett):

5'-ggggacaagttgtacaaaaaagcaggcttaacaatgggaaaccctaaaactctc-3'

und SEQ ID NR: 256; revers, komplementär):

5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggtaagagtgtctcctcatcacag-3',

die die AttB-Stellen für die Gateway-Rekombination einschließen. Das amplifizierte PCR-Fragment wurde ebenfalls nach Standardmethoden aufgereinigt. Dann wurde der erste Schritt der Gateway-Vorschrift, die BP-Reaktion, durchgeführt, während der das PCR-Fragment in vivo mit dem pDONR201-Plasmid rekombiniert, wodurch man gemäß der Gateway-Terminologie einen "entry clone", pCalreticulin, erhielt. Das Plasmid pDONR201 wurde von Invitrogen als Teil der Gateway®-Technologie erworben.

[0496] Der die SEQ ID NR: 104 umfassende "entry clone" wurde dann in einer LR-Reaktion mit einem Zielvektor für die Transformation von *Oryza sativa* eingesetzt. Dieser Vektor enthielt als Funktionselemente innerhalb der T-DNA-Grenzen: einen pflanzlichen Selektionsmarker; eine screenbare Markerexpressionskassette; sowie eine Gateway-Kassette, die für die LR-in-vivo-Rekombination mit der interessierenden Nukleinsäuresequenz, die bereits in den "entry clone" kloniert wurde, vorgesehen ist. Ein Reis-GOS2-Promotor (SEQ ID NO: 257) für die konstitutive spezifische Expression befand sich stromaufwärts von dieser Gateway-Kassette.

[0497] Nach dem LR-Rekombinationsschritt wurde der erhaltene Expressionsvektor pGOS2::Calreticulin ([Fig. 6](#)) nach im Stand der Technik gut bekannten Methoden in den *Agrobacterium*-Stamm LBA4044 transformiert.

8.3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0498] Die *Saccharum officinarum*-Nukleinsäuresequenz, die für eine DUS1L-Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 2 codiert, wurde durch PCR amplifiziert, wobei als Schablone eine mit RNA aus Tomatenpflanzen verschiedener Entwicklungsstadien erstellte cDNA-Bank verwendet wurde. Für die PCR-Amplifikation wurden die folgenden Primer, die die AttB-Stellen für die Gateway-Rekombination einschließen, verwendet: prm08359 (SEQ ID NR: 296, sense): 5'-ggggacaagttgtacaaaaaagcaggctta aacaatgccactgccc-3' und prm08360 (SEQ ID NR: 297, revers, komplementär): 5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggtcctgctcaggcattgc-3'

[0499] Die PCR wurde mit Hifi Taq DNA-Polymerase unter Standardbedingungen durchgeführt. Ein PCR-Fragment der erwarteten Länge (einschließlich attB-Stellen) wurde amplifiziert und aufgereinigt, ebenfalls nach Standardmethoden. Dann wurde der erste Schritt der Gateway-Vorschrift, die BP-Reaktion, durchgeführt, während der das PCR-Fragment in vivo mit dem pDONR201-Plasmid rekombinierte, wodurch man gemäß der Gateway-Terminologie einen "entry clone" erhält. Das Plasmid pDONR201 wurde von Invitrogen als Teil der Gateway®-Technologie erworben.

[0500] Der die SEQ ID NR: 258 umfassende "entry clone" wurde dann in einer LR-Reaktion mit einem Zielvektor für die Transformation von *Oryza sativa* eingesetzt. Diese Vektor enthielt als Funktionselemente innerhalb der T-DNA-Grenzen: einen pflanzlichen Selektionsmarker; eine screenbare Markerexpressionskassette; sowie

eine Gateway-Kassette, die für die LR-in-vivo-Rekombination mit der interessierenden Nukleinsäuresequenz, die bereits in den "entry clone" kloniert wurde, vorgesehen ist. Ein Reis-GOS2-Promotor (SEQ ID NO: 295) für die konstitutive spezifische Expression befand sich stromaufwärts von dieser Gateway-Kassette.

[0501] Nach dem LR-Rekombinationsschritt wurde der erhaltene Expressionsvektor pGOS2::DUS1L ([Fig. 10](#)) für die konstitutive Expression nach im Stand der Technik gut bekannten Methoden in den Agrobacterium-Stamm LBA4044 transformiert.

8.4. ES43-ähnliche Polypeptide

[0502] Die in den Verfahren der Erfindung verwendete Nukleinsäuresequenz wurde durch PCR amplifiziert, wobei als Schablone eine speziell erstellte cDNA-Bibliothek mit *Oryza sativa*-Keimlingen (in pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, Großbritannien) verwendet wurde. Die PCR wurde mit Hifi Taq DNA-Polymerase unter Standardbedingungen mit 200 ng Schablone in 50 µl PCR-Mix durchgeführt. Bei den verwendeten Primern handelte es sich um (SEQ ID NR: 384; sense): 5'-ggggacaagttgtacaataaaagcaggcttaacaatggcgaagtgcggg-3' und (SEQ ID NR: 385; revers, komplementär): 5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggtccagggtgtctctgcaatg-3', die die AttB-Stellen für die Gateway-Rekombination einschließen. Das amplifizierte PCR-Fragment wurde ebenfalls nach Standardmethoden aufgereinigt. Dann wurde der erste Schritt der Gateway-Vorschrift, die BP-Reaktion, durchgeführt, während der das PCR-Fragment in vivo mit dem pDONR201-Plasmid rekombiniert, wodurch man gemäß der Gateway-Terminologie einen "entry clone", pES43-like, erhielt. Das Plasmid pDONR 201 wurde von Invitrogen als Teil der Gateway®-Technologie erworben.

[0503] Der die SEQ ID NR: 298 umfassende "entry clone" wurde dann in einer LR-Reaktion mit einem Zielvektor für die Transformation von *Oryza sativa* eingesetzt. Diese Vektor enthielt als Funktionselemente innerhalb der T-DNA-Grenzen: einen pflanzlichen Selektionsmarker; eine screenbare Markerexpressionskassette; sowie eine Gateway-Kassette, die für die LR-in-vivo-Rekombination mit der interessierenden Nukleinsäuresequenz, die bereits in den "entry clone" kloniert wurde, vorgesehen ist. Ein Reis-GOS2-Promotor (SEQ ID NO: 386) für die konstitutive spezifische Expression befand sich stromaufwärts von dieser Gateway-Kassette.

[0504] Nach dem LR-Rekombinationsschritt wurde der erhaltene Expressionsvektor pGOS2::ES43-like ([Fig. 13](#)) nach im Stand der Technik gut bekannten Methoden in den Agrobacterium-Stamm LBA4044 transformiert.

8.5. HON5-ähnliche Polypeptide

[0505] Die in den Verfahren der Erfindung verwendete Nukleinsäuresequenz wurde durch PCR amplifiziert, wobei als Schablone eine speziell erstellte cDNA-Bibliothek mit *Populus trichocarpa*-Keimlingen (in pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, Großbritannien) verwendet wurde. Die PCR wurde mit Hifi Taq DNA-Polymerase unter Standardbedingungen mit 200 ng Schablone in 50 µl PCR-Mix durchgeführt. Bei den verwendeten Primern handelte es sich um (SEQ ID NR: 414; sense, Startcodon fett): 5'-ggggacaagttgtacaataaaagcaggcttaacaatg gaccaccacctct-3' und (SEQ ID NR: 415; revers, komplementär): 5'-ggggaccactttgtac aagaaagctgggtggaacaattcatgatcctcg-3', die die AttB-Stellen für die Gateway-Rekombination einschließen. Das amplifizierte PCR-Fragment wurde ebenfalls nach Standardmethoden aufgereinigt. Dann wurde der erste Schritt der Gateway-Vorschrift, die BP-Reaktion, durchgeführt, während der das PCR-Fragment in vivo mit dem pDONR201-Plasmid rekombiniert, wodurch man gemäß der Gateway-Terminologie einen "entry clone", pHON5-like, erhielt. Das Plasmid pDONR201 wurde von Invitrogen als Teil der Gateway®-Technologie erworben.

[0506] Der die SEQ ID NR: 387 umfassende "entry clone" wurde dann in einer LR-Reaktion mit einem Zielvektor für die Transformation von *Oryza sativa* eingesetzt. Diese Vektor enthielt als Funktionselemente innerhalb der T-DNA-Grenzen: einen pflanzlichen Selektionsmarker; eine screenbare Markerexpressionskassette; sowie eine Gateway-Kassette, die für die IR-in-vivo-Rekombination mit der interessierenden Nukleinsäuresequenz, die bereits in den "entry clone" kloniert wurde, vorgesehen ist. Ein Reis-GOS2-Promotor (SEQ ID NO: 416) für die konstitutive spezifische Expression befand sich stromaufwärts von dieser Gateway-Kassette.

[0507] Nach dem LR-Rekombinationsschritt wurde der erhaltene Expressionsvektor pGOS2::HON5-like ([Fig. 15](#)) nach im Stand der Technik gut bekannten Methoden in den Agrobacterium-Stamm LBA4044 transformiert.

8.6. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0508] Die in den Verfahren der Erfindung verwendete Nukleinsäuresequenz wurde durch PCR amplifiziert, wobei als Schablone eine speziell erstellte Populus-cDNA-Bibliothek (in pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, Großbritannien) verwendet wurde. Die PCR wurde mit Hifi Taq DNA-Polymerase unter Standardbedingungen mit 200 ng Schablone in 50 µl PCR-Mix durchgeführt. Bei den verwendeten Primern handelte es sich um (SEQ ID NR: 490; sense, Startcodon fett): prm(fwd) 5'-ggggacaagttgtacaaaaaagcaggcttaacaatggcttctacaatcacagga-3' und (SEQ ID NR: 491; revers, komplementär): prm(rev) 5'-ggggaccactttgtacaagaaa gctgggtcaacaatcacacagcgagata-3', die die AttB-Stellen für die Gateway-Rekombination einschließen. Das amplifizierte PCR-Fragment wurde ebenfalls nach Standardmethoden aufgereinigt. Dann wurde der erste Schritt der Gateway-Vorschrift, die BP-Reaktion, durchgeführt, während der das PCR-Fragment in vivo mit dem pDONR201-Plasmid rekombiniert, wodurch man gemäß der Gateway-Terminologie einen "entry clone", pGSA1, erhielt. Das Plasmid pDONR201 wurde von Invitrogen als Teil der Gateway®-Technologie erworben.

[0509] Der die SEQ ID NR: 417 umfassende "entry clone" wurde dann in einer LR-Reaktion mit einem Zielvektor für die Transformation von *Oryza sativa* eingesetzt. Dieser Vektor enthielt als Funktionselemente innerhalb der T-DNA-Grenzen: einen pflanzlichen Selektionsmarker; eine screenbare Markerexpressionskassette; sowie eine Gateway-Kassette, die für die LR-in-vivo-Rekombination mit der interessierenden Nukleinsäuresequenz, die bereits in den "entry clone" kloniert wurde, vorgesehen ist. Ein Reis-GOS2-Promotor (SEQ ID NO: 492) für die konstitutive spezifische Expression befand sich stromaufwärts von dieser Gateway-Kassette.

[0510] Nach dem LR-Rekombinationsschritt wurde der erhaltene Expressionsvektor pGOS2::GSA1 (**Fig. 18**) nach im Stand der Technik gut bekannten Methoden in den *Agrobacterium*-Stamm LBA4044 transformiert.

Beispiel 9: Pflanzentransformation

Transformation von Reis

[0511] Das *Agrobacterium*, welches den Expressionsvektor enthielt, wurde zum Transformieren von *Oryza sativa*-Pflanzen verwendet. Reife trockene Samen des Reis-Japonica-Kultivars Nipponbare wurden einer Enthülsung unterzogen. Die Sterilisierung wurde durch Inkubieren während einer Minute in 70% Ethanol, gefolgt von 30 Minuten in 0,2% HgCl₂, gefolgt von sechsmaligem 15-minütigem Waschen mit sterilem destilliertem Wasser, durchgeführt. Die sterilen Samen wurden dann auf einem Medium keimen gelassen, welches 2,4-D enthielt (Callus-Induktionsmedium). Nach vierwöchiger Inkubation im Dunklen wurden embryogene, vom Scutellum abgeleitete Calli herausgeschnitten und auf dem gleichen Medium vermehrt. Nach zwei Wochen wurden die Calli durch Subkultivieren auf dem gleichen Medium weitere 2 Wochen lang vervielfältigt oder vermehrt. Embryogene Callus-Stücke wurden 3 Tage vor der Cokultivierung auf frischem Medium subkultiviert (zur Steigerung der Zellteilungsaktivität).

[0512] Der *Agrobacterium*-Stamm LBA4404, welcher den Expressionsvektor enthielt, wurde für die Co-Kultivierung verwendet. *Agrobacterium* wurde auf AB-Medium mit den entsprechenden Antibiotika inokuliert und 3 Tage lang bei 28°C kultiviert. Die Bakterien wurden dann gesammelt und in einem flüssigen Cokultivierungsmedium in einer Dichte (OD₆₀₀) von etwa 1 suspendiert. Die Suspension wurde dann in eine Petrischale überführt und die Calli wurden 15 Minuten lang in die Suspension eingetaucht. Die Callusgewebe wurden dann auf einem Filterpapier trocken getupft und auf verfestigtes Cokultivierungs-Medium überführt und 3 Tage lang im Dunklen bei 25°C inkubiert. Cokultivierte Calli wurden auf 2,4-D-enthaltendem Medium 4 Wochen lang im Dunklen bei 28°C in Gegenwart eines Selektionsmittels wachsen gelassen. Während dieser Periode entwickelten sich rasch wachsende, resistente Callus-Inseln. Nach dem Übertragen dieses Materials auf ein Regenerationsmedium und Inkubation bei Licht wurde das embryogene Potenzial freigesetzt, und Sprosse entwickelten sich in den nächsten vier bis fünf Wochen. Die Sprosse wurden aus den Calli herausgeschnitten und 2 bis 3 Wochen lang auf einem auxinhaltigen Medium inkubiert, von welchem sie in den Erdboden überführt wurden. Gehärtete Sprosse wurden unter hoher Feuchtigkeit und bei kurzen Tagen in einem Gewächshaus wachsen gelassen.

[0513] Ungefähr 35 unabhängige T0-Reis-Transformanten wurden für ein Konstrukt erzeugt. Die primären Transformanten wurden aus einer Gewebekulturkammer in ein Gewächshaus überführt. Nach einer quantitativen PCR-Analyse zur Bestätigung der Kopienzahl des T-DNA-Inserts wurden lediglich transgene Einzelkopie-Pflanzen, welche Toleranz gegenüber dem Selektionsmittel zeigen, für die Ernte von T1-Samen beibehalten. Die Samen wurden dann drei bis fünf Monate nach dem Umpflanzen geerntet. Das Verfahren ergab Einzel-

Locus-Transformanten bei einer Rate von über 50% (Aldemita und Hodges 1996, Chan et al. 1993, Hiei et al. 1994).

Beispiel 10: Transformation anderer Kulturpflanzen Transformation von Mais

[0514] Die Transformation von Mais (*Zea mays*) wird mit einer Abwandlung des Verfahrens durchgeführt, welches von Ishida et al. (1996) *Nature Biotech.* 14(6): 745–50, beschrieben wurde. Die Transformation in Mais ist genotypabhängig, und nur spezifische Genotypen sind einer Transformation und Regeneration zuführbar. Die Inzucht-Linie A188 (University of Minnesota) oder Hybride mit A188 als einem Elternteil sind gute Quellen von Spendermaterial für eine Transformation, aber auch andere Genotypen können erfolgreich verwendet werden. Ähren werden aus der Maispflanze ungefähr 11 Tage nach der Bestäubung (DAP) abgeerntet, wenn die Länge des unreifen Embryos ungefähr 1 bis 1,2 mm beträgt. Unreife Embryonen werden mit *Agrobacterium tumefaciens*, welches den Expressionsvektor enthält, kokultiviert, und transgene Pflanzen werden durch Organogenese gewonnen. Herausgeschnittene Embryos werden auf Callus-Induktionsmedium und anschließend Mais-Regenerationsmedium, welches des Selektionsmittel enthält (zum Beispiel Imidazolinon, wobei jedoch verschiedene Selektionsmarker verwendet werden können), wachsen gelassen. Die Petrischalen werden im Licht bei 25°C während 2–3 Wochen, oder bis sich Sprosse entwickeln, inkubiert. Die grünen Sprosse werden von jedem Embryo auf Mais-Bewurzelungsmedium überführt und bei 25°C während 2 bis 3 Wochen, bis sich Wurzeln entwickeln, inkubiert. Die bewurzelten Sprosse werden in Erdreich im Gewächshaus umgepflanzt. T1-Samen werden aus Pflanzen produziert, welche Toleranz gegenüber dem Selektionsmittel aufzeigen und welche eine Einzelkopie des T-DNA-Inserts enthalten.

Transformation von Weizen

[0515] Die Transformation von Weizen wird mit dem Verfahren durchgeführt, welches von Ishida et al. (1996) *Nature Biotech.* 14(6): 745–50, beschrieben wurde. Üblicherweise wird das Kultivar Bobwhite (erhältlich von CIMMYT, Mexiko) bei der Transformation verwendet. Unreife Embryonen werden mit *Agrobacterium tumefaciens*, welches den Expressionsvektor enthält, kokultiviert, und transgene Pflanzen werden durch Organogenese gewonnen. Nach der Inkubation mit *Agrobacterium* werden die Embryonen *in vitro* auf Callus-Induktionsmedium, und dann Regenerationsmedium, welches das Selektionsmittel enthält (zum Beispiel Imidazolinon, wobei jedoch verschiedene Selektionsmarker verwendet werden können), wachsen gelassen. Die Petrischalen werden im Licht bei 25°C während 2–3 Wochen, oder bis sich Sprosse entwickeln, inkubiert. Die grünen Sprosse werden von jedem Embryo auf Bewurzelungsmedium überführt und während 2–3 Wochen, bis sich Wurzeln entwickeln, bei 25°C inkubiert. Die bewurzelten Sprosse werden in Erdreich im Gewächshaus umgepflanzt. T1-Samen werden aus Pflanzen produziert, welche Toleranz gegenüber dem Selektionsmittel aufzeigen und welche eine Einzelkopie des T-DNA-Inserts enthalten.

Transformation von Sojabohne

[0516] Sojabohne wird gemäß einer Modifikation der in der US-Patentschrift 6,164,310 von Texas A & M beschriebenen Methode transformiert. Mehrere kommerzielle Sojabohnensorten sind einer Transformation nach diesem Verfahren zugänglich. Üblicherweise wird das Kultivar Jack (erhältlich von der Illinois Seed Foundation) zur Transformation verwendet. Sojabohnensamen werden für das *In-vitro*-Aussäen sterilisiert. Das Hypokotyl, die Keimwurzel und ein Kotyledon werden aus sieben Tage alten Jungsämlingen herausgeschnitten. Das Epikotyl und das verbleibende Kotyledon werden weiter wachsen gelassen, um axilläre Nodi zu entwickeln. Diese axillären Nodi werden herausgeschnitten und mit *Agrobacterium tumefaciens* inkubiert, welches den Expressionsvektor enthält. Nach der Kokultivierungsbehandlung werden die Explantate gewaschen und auf Selektionsmedien überführt. Regenerierte Sprosse werden herausgeschnitten und auf ein Sprossverlängerungsmedium gebracht. Sprosse, welche nicht länger als 1 cm sind, werden auf Bewurzelungsmedium gebracht, bis sich Wurzeln entwickeln. Die bewurzelten Sprosse werden in Erdreich im Gewächshaus umgepflanzt. T1-Samen werden aus Pflanzen produziert, welche Toleranz gegenüber dem Selektionsmittel aufzeigen und welche eine Einzelkopie des T-DNA-Inserts enthalten.

Transformation von Raps/Canola

[0517] Kotyledonäre Keimblattstiele sowie Hypokotyle von einem 5–6 Tage alten Jungsämling werden als Explantate für die Gewebekultur verwendet und gemäß Babic et al. (1998, *Plant Cell Rep.* 17: 183–188) transformiert. Das kommerzielle Kultivar Westar (Agriculture Canada) ist die zur Transformation verwendete Standardvarietät, aber auch andere Varietäten können verwendet werden. Canola-Samen werden für das *In-vitro*-Aussäen oberflächensterilisiert. Die Keimblattstiel-Explantate mit dem anhängigen Kotyledon werden von den *In-*

in vitro-Sämlingen abgeschnitten und mit *Agrobacterium* (enthaltend den Expressionsvektor) durch Eintauchen des Schnittendes des Keimblattstiel-Explantats in die Bakteriensuspension inokuliert. Die Explantate werden dann 2 Tage lang auf MSBAP-3-Medium, enthaltend 3 mg/l BAP, 3% Saccharose, 0,7% Phytagar, bei 23°C, 16 Stunden Licht, kultiviert. Nach zwei Tagen Cokultivierung mit *Agrobacterium* werden die Keimblattstiel-Explantate in bzw. auf MSBAP-3-Medium, enthaltend 3 mg/l BAP, Cefotaxim, Carbenicillin oder Timentin (300 mg/l) während 7 Tagen überführt und danach auf MSBAP-3-Medium mit Cefotaxim, Carbenicillin oder Timentin und Selektionsmittel bis zur Sprossregeneration kultiviert. Wenn die Sprosse 5–10 mm Länge aufweisen, werden sie abgeschnitten und auf Sprossverlängerungsmedium (MSBAP-0.5, enthaltend 0,5 mg/l BAP) überführt. Sprosse von etwa 2 cm Länge werden auf Bewurzelungsmedium (MS0) zur Wurzelinduktion überführt. Die bewurzelten Sprosse werden in Erdreich im Gewächshaus umgepflanzt. T1-Samen werden aus Pflanzen produziert, welche Toleranz gegenüber dem Selektionsmittel aufzeigen und welche eine Einzelkopie des T-DNA-Inserts enthalten.

Transformation von Alfalfa

[0518] Ein sich regenerierender Klon von Alfalfa (*Medicago sativa*) wird unter Anwendung des Verfahrens von (McKersie et al., 1999, *Plant Physiol.* 119: 839–847) transformiert. Die Regeneration und Transformation von Alfalfa ist genotypabhängig, und daher wird eine sich regenerierende Pflanze benötigt. Verfahren zum Erhalten von regenerierenden Pflanzen sind beschrieben worden. Zum Beispiel können diese aus dem Kultivar Rangelander (Agriculture Canada) oder einer beliebigen anderen kommerziellen Alfalfa-Varietät ausgewählt werden, wie es durch Brown, DCW, und A. Atanassov (1985, *Plant Cell Tissue Organ Culture* 4: 111–112) beschrieben wurde. Alternativ dazu ist die RA3-Varietät (University of Wisconsin) zur Verwendung in der Gewebekultur ausgewählt worden (Walker et al., 1978, *Am. J. Bot.* 65: 654–659). Petiolen-Explantate werden mit einer Übernachtskultur von *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie et al., 1999 *Plant Physiol.* 119: 839–847) oder LBA4404, enthaltend den Expressionsvektor, caktiviert. Die Explantate werden drei Tage lang im Dunklen auf SH-Induktionsmedium cokultiviert, welches 288 mg/l Pro, 53 mg/l Thioprolin, 4,35 g/l K₂SO₄ und 100 µm Acetosyringinon enthält. Die Explantate werden in Murashige-Skoog-Medium von halber Stärke (Murashige und Skoog, 1962) gewaschen und auf dem gleichen SH-Induktionsmedium ohne Acetosyringinon aber mit einem geeigneten Selektionsmittel und einem geeigneten Antibiotikum zum Inhibieren des *Agrobacterium*-Wachstums ausplattiert. Nach einigen Wochen werden somatische Embryonen auf BO₂Y-Entwicklungsmedium, das keine Wachstumsregulatoren, keine Antibiotika sowie 50 g/l Saccharose enthält, überführt. Somatische Embryonen werden anschließend auf Murashige-Skoog-Medium von halber Stärke keimen gelassen. Bewurzelte Setzlinge wurden in Blumentöpfe umgepflanzt und in einem Gewächshaus wachsen gelassen. T1-Samen werden aus Pflanzen produziert, welche Toleranz gegenüber dem Selektionsmittel aufzeigen und welche eine Einzelkopie des T-DNA-Inserts enthalten.

Transformation von Baumwolle

[0519] Baumwolle wird unter Verwendung von *Agrobacterium tumefaciens* gemäß dem in US 5,159,135 beschriebenen Verfahren transformiert. Die Baumwollsaamen werden 20 Minuten lang in 3%iger Natriumhypochloritlösung oberflächensterilisiert und mit destilliertem Wasser mit 500 µg/ml Cefotaxim gewaschen. Die Samen werden dann für die Keimung auf bzw. in SH-Medium mit 50 µg/ml Benomyl überführt. Hypokotyle von 4 bis 6 Tage alten Setzlingen werden entfernt, in Stücke von 0,5 cm geschnitten und auf 0,8%igen Agar platziert. Eine *Agrobacterium*-Suspension (ungefähr 108 Zellen pro ml, verdünnt aus einer Übernachtskultur, transformiert mit dem Gen von Interesse und geeigneten Selektionsmarkern) wird für die Inokulation der Hypokotyl-Explantate verwendet. Nach 3 Tagen bei Raumtemperatur und Beleuchtung überführt man die Gewebe auf ein festes Medium (1,6 g/l Gelrite) mit Murashige-und-Skoog-Salzen mit B5-Vitaminen (Gamborg et al., *Exp. Cell Res.* 50: 151–158 (1968)), 0,1 mg/l 2,4-D, 0,1 mg/l 6-Furfurylaminopurin und 750 µg/ml MgCl₂, sowie mit 50 bis 100 µg/ml Cefotaxim und 400–500 µg/ml Carbenicillin zum Abtöten restlicher Bakterien. Individuelle Zelllinien werden nach zwei bis drei Monaten (mit Unterkulturen alle vier bis sechs Wochen) isoliert und werden auf selektivem Medium zur Gewebevermehrung weiter kultiviert (30°C, 16 h Lichtperiode). Transformierte Gewebe werden anschließend auf nicht-selektivem Medium während 2 bis 3 Monaten weiter kultiviert, was zur Entstehung von somatischen Embryonen führt. Gesund aussehende Embryonen von mindestens 4 mm Länge werden in Röhrchen mit SH-Medium in feinem Vermiculit, das mit 0,1 mg/l Indolessigsäure, 6-Furfurylaminopurin und Gibberellinsäure ergänzt ist, überführt. Die Embryonen werden bei 30°C mit einer Lichtperiode von 16 h kultiviert, und Pflänzchen im 2- bis 3-Blattstadium werden in Blumentöpfe mit Vermiculit und Nährstoffen überführt. Die Pflanzen werden gehärtet und anschließend für die weitere Kultivierung ins Gewächshaus verbracht.

Beispiel 11: Vorgehen bei der phänotypischen Auswertung

11.1 Auswertungsansatz

[0520] Ungefähr 35 unabhängige T0-Mais-Transformanten wurden erzeugt. Die primären Transformanten wurden aus einer Gewebekulturkammer in ein Gewächshaus zum Kultivieren und Ernten von T1-Samen überführt. Ereignisse, bei denen die T1-Nachkommenschaft hinsichtlich Gegenwart/Abwesenheit des Transgens bei 3:1 segregierte, wurden beibehalten. Für jedes dieser Ereignisse wurden ungefähr 10 T1-Setzlinge, enthaltend das Transgen (Hetero- und Homozygote), und ungefähr 10 T1-Setzlinge, denen das Transgen fehlte (Nullizygote), durch Überwachen der Expression des sichtbaren Markers selektiert. Die transgenen Pflanzen und die entsprechenden Nullizygoten wurden an zufälligen Positionen Seite an Seite wachsen gelassen. Die Gewächshausbedingungen bestanden in kurzen Tagen (12 Stunden Licht), 28°C im Licht und 22°C im Dunklen sowie einer relativen Feuchtigkeit von 70%. Pflanzen, welche unter Nichtstressbedingungen wachsen gelassen wurden, wurden in regelmäßigen Intervallen bewässert, um sicherzustellen, dass Wasser und Nährstoffe nicht limitierend sind, und um die Bedürfnisse der Pflanze zum Abschließen von Wachstum und Entwicklung zu erfüllen.

[0521] In einigen Fällen wurden T1-Ereignisse unter Befolgen desselben Auswertungsvorgehens wie für die T1-Generation, aber mit mehr Individuen pro Ereignis in der T2-Generation weiter ausgewertet. Vom Stadium des Aussäens bis zum Stadium der Reife wurden die Pflanzen mehrmals durch eine digitale Bilderzeugungskammer hindurchgeleitet. An jedem Zeitpunkt wurden Digitalbilder (2048×1536 Pixel, 16 Millionen Farben) von jeder Pflanze aus mindestens 6 verschiedenen Winkeln aufgenommen.

Dürre-Screen

[0522] Pflanzen aus T1-Samen wurden in Blumentöpfe unter normalen Bedingungen wachsen gelassen, bis sie sich dem Stadium des Ähren/Rispenschiebens näherten. Sie wurden dann in einen "Trocken"-Bereich überführt, in welchem die Bewässerung weggelassen wurde. Zur Überwachung des Bodenwassergehalts (SWC) wurden Feuchtigkeitssonden in zufällig ausgewählte Blumentöpfe gesteckt. Fiel der SWC unter bestimmte Schwellenwerte, so wurden die Pflanzen automatisch wieder fortwährend bewässert, bis erneut ein normaler Spiegel erreicht wurde. Die Pflanzen wurden dann zurück zu normalen Bedingungen überführt. Der Rest der Kultivierung (Pflanzenreife, Samenernte) war der gleiche wie bei Pflanzen, die nicht unter abiotischen Stress-Bedingungen herangezogen wurden. Wachstums- und Ertragsparameter wurden aufgezeichnet, wie es für das Wachstum unter Normalbedingungen ausführlich dargestellt ist.

[0523] Screen mit reduzierter Nährstoff-(Stickstoff-)verfügbarkeit Pflanzen aus sechs Ereignissen (T2-Samen) wurden in Blumentöpfe unter normalen Bedingungen wachsen gelassen, mit Ausnahme der Nährstofflösung. Die Blumentöpfe wurden vom Umpflanzen bis zur Reife mit einer spezifischen Nährstofflösung bewässert, welche einen verringerten N Stickstoff(N)-Gehalt enthielt, üblicherweise zwischen 7- bis 8-mal weniger. Der Rest der Kultivierung (Pflanzenreife, Samenernte) war der gleiche wie für Pflanzen, die nicht unter abiotischem Stress wachsen gelassen wurden. Wachstums- und Ertragsparameter wurden aufgezeichnet, wie es für das Wachstum unter Normalbedingungen ausführlich dargestellt ist.

Salzstress-Screen

[0524] Pflanzen wurden auf einem Substrat wachsen gelassen, das aus Kokosfaser und Argex (Verhältnis 3 zu 1) hergestellt ist. Eine normale Nährstofflösung wurde während der ersten zwei Wochen nach dem Umpflanzen der Pflänzchen in das Gewächshaus verwendet. Nach den ersten zwei Wochen wurden der Nährstofflösung 25 mM Salz (NaCl) zugesetzt, bis die Pflanzen geerntet wurden. Dann wurden samenbezogene Parameter gemessen.

11.2 Statistische Analyse: F-Test

[0525] Eine Zwei-Faktor-ANOVA (Analyse von Varianten) wurde als ein statistisches Modell für die Gesamtauswertung von phänotypischen Pflanzenmerkmalen verwendet. Ein F-Test wurde bei allen gemessenen Parametern von allen Pflanzen aller Ereignisse, die mit dem Gen der vorliegenden Erfindung transformiert waren, durchgeführt. Der F-Test wurde durchgeführt, um eine Prüfung hinsichtlich eines Effekts des Gens über alle Transformationsereignisse hinweg vorzunehmen und einen Gesamteffekt des Gens, ebenfalls bekannt als globaler Geneffekt, zu bestätigen. Der Schwellenwert für Signifikanz für einen echten globalen Geneffekt wurde bei einer 5%-Wahrscheinlichkeitsstufe für den F-Test festgesetzt. Ein signifikanter F-Testwert deutet

auf einen Geneffekt hin, was heißt, dass es nicht nur die bloße Gegenwart oder Position des Gens ist, welche die Unterschiede beim Phänotyp verursacht.

[0526] Wurden zwei Experimente mit überlappenden Ereignissen durchgeführt, so wurde eine kombinierte Analyse ausgeführt. Dies ist nützlich, um die Konsistenz der Effekte über die zwei Experimente hinweg zu überprüfen, und, sofern dies der Fall ist, Beweise aus beiden Experimenten zu sammeln, damit die Konfidenz bei der Schlussfolgerung erhöht wird. Das angewandte Verfahren war ein Misch-Modell-Vorgehen, welches die Mehrfachebenen-Struktur der Daten (d. h. Experiment – Ereignis – Segreganten) berücksichtigt. P-Werte wurden durch Vergleichen des Wahrscheinlichkeitsverhältnis-Tests mit Chi-Quadrat-Verteilungen erhalten.

11.3 Gemessene Parameter

Messung von Biomasse-bezogenen Parametern

[0527] Vom Stadium des Aussäens bis zum Stadium der Reife wurden die Pflanzen mehrmals durch eine digitale Bilderzeugungs-Kammer hindurchgeleitet. An jedem Zeitpunkt wurden Digitalbilder (2048×1536 Pixel, 16 Millionen Farben) von jeder Pflanze aus mindestens 6 verschiedenen Winkeln aufgenommen.

[0528] Die oberirdische Pflanzenfläche (oder blattartige Biomasse) wurde durch Zählen der Gesamtzahl an Pixeln auf den Digitalbildern von oberirdischen Pflanzenteilen, die sich vom Hintergrund unterscheiden lassen, bestimmt. Dieser Wert wurde für die Bilder gemittelt, welche zum gleichen Zeitpunkt aus den unterschiedlichen Winkeln aufgenommen worden waren, und wurde durch Kalibrierung in einen physikalischen Oberflächenwert umgewandelt, der in Quadratmillimetern ausgedrückt wird. Experimente zeigen, dass die auf diese Weise gemessene oberirdische Pflanzenfläche mit der Biomasse der oberirdischen Pflanzenteile korreliert. Die oberirdische Fläche ist die Fläche, welche an dem Zeitpunkt gemessen wird, an dem die Pflanze ihre maximale Blatt-Biomasse erreicht hatte. Die Früh-Wuchskraft ist die oberirdische Pflanzen(Setzlings)-Fläche drei Wochen nach der Keimung. Die Erhöhung der Wurzelbiomasse wird als eine Erhöhung der Gesamtwurzelbiomasse (gemessen als das Maximum der Biomasse von Wurzeln, das während der Lebensdauer einer Pflanze beobachtet wird); oder als eine Erhöhung im Wurzel/Spross-Index (gemessen als das Verhältnis zwischen Wurzelmasse und Sprossmasse in der Periode des aktiven Wachstums von Wurzel und Spross) ausgedrückt.

[0529] Die Früh-Wuchskraft wurde durch Zählen der Gesamtzahl an Pixeln von oberirdischen Pflanzenteilen, welche sich vom Hintergrund unterschieden, bestimmt. Dieser Wert wurde für die Bilder gemittelt, welche zum gleichen Zeitpunkt aus unterschiedlichen Winkeln aufgenommen worden waren, und wurde durch Kalibrierung in einen physikalischen Oberflächenwert umgewandelt, der in Quadratmillimetern ausgedrückt wird. Die nachstehend beschriebenen Ergebnisse gelten für Pflanzen drei Wochen nach der Keimung.

Messungen von samenbezogenen Parametern

[0530] Die reifen Hauptrispen wurden geerntet, gezählt, eingetütet, mit einem Strichcode etikettiert und dann drei Tage lang in einem Ofen bei 37°C getrocknet. Die Rispen wurden dann gedroschen, und alle Samen wurden gesammelt und gezählt. Die gefüllten Hülsen wurden von den leeren Hülsen unter Verwendung einer Luftgebläsevorrichtung getrennt. Die leeren Hülsen wurden verworfen, und die verbleibende Fraktion wurde erneut gezählt. Die gefüllten Hülsen wurden auf einer Analysewaage gewogen. Die Anzahl an gefüllten Samen wurde durch Zählen der Anzahl an gefüllten Hülsen bestimmt, welche nach dem Trennungsschritt verblieb. Der Gesamtsamenertrag wurde durch Wiegen aller von einer Pflanze abgeernteten gefüllten Hülsen gemessen. Die Gesamtsamenzahl pro Pflanze wurde durch Zählen der Anzahl der von einer Pflanze geernteten Hülsen gemessen. Das Tausendkerngewicht (TKW) wird aus der gezählten Anzahl gefüllter Samen und ihrem Gesamtgewicht extrapoliert. Der Ernteindex (Harvest Index, HI) ist in der vorliegenden Erfindung definiert als das Verhältnis zwischen dem Gesamtsamenertrag und der oberirdischen Fläche (mm²), multipliziert mit einem Faktor von 10⁶. Die Gesamtzahl an Blüten pro Rispe, wie in der vorliegenden Erfindung definiert, ist das Verhältnis zwischen der Gesamtzahl an Samen und der Anzahl an reifen Hauptrispen. Die Samenfüllrate, wie in der vorliegenden Erfindung definiert, ist der Anteil (ausgedrückt als ein%-Wert) der Anzahl gefüllter Samen gegenüber der Gesamtzahl an Samen (oder Blüten).

Beispiel 12: Ergebnisse der phänotypischen Auswertung der transgenen Pflanzen

12.1. BET1-ähnliche Polypeptide

[0531] Die Ergebnisse der Auswertung von transgenen Reispflanzen in der T2-Generation, die eine Nukleinsäure umfassend das längste offene Leseraster in SEQ ID NR: 1 unter Nichtstressbedingungen exprimieren, sind unten gezeigt. Bezüglich der Einzelheiten zu der Erzeugung der transgenen Pflanzen, siehe die obigen Beispiele.

[0532] Die Ergebnisse der Untersuchung von transgenen Reispflanzen unter Nichtstressbedingungen sind unten gezeigt. Beim Gesamtsamenertrag pro Pflanze (totalwgseeds), der Anzahl gefüllter Samen pro Pflanze (nrfilledseed), der Gesamtanzahl an Samen pro Pflanze (nrtotalseed), der Samenfüllrate pro Pflanze (fillrate) und dem Ernteindex (harvestindex) wurde ein Anstieg von mehr als 5% beobachtet (Tabelle F1).

Tabelle F1: Nichtstressbedingungen

Ertragsmerkmal	% Zunahme bei transgenen Pflanzen im Vergleich zur Kontrollpflanze
totalwgseeds	19,1
nrtotalseed	10,3
fillrate	11,5
harvestindex	13,3
nrfilledseed	23,6

[0533] Die Ergebnisse der Untersuchung von transgenen Reispflanzen der T1-Generation, die eine BET1-ähnliche Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR: 1 unter Dürrestressbedingungen exprimieren, sind unten gezeigt. Bei der oberirdischen Biomasse (AreaMax) pro Pflanze, der Gesamtanzahl an Samen pro Pflanze (nrtotalseed) und der Samenfüllrate (fillrate) pro Pflanze wurde ein Anstieg beobachtet (Tabelle F2).

Tabelle F2: Dürre-Screen

Ertragsmerkmal	% Zunahme bei transgenen Pflanzen im Vergleich zur Kontrollpflanze
AreaMax	6,7
nrtotalseed	7,7
nrfilledseed	12,7

12.2. Calreticulin-Polypeptide

[0534] Die Ergebnisse der Auswertung von mit transformierten transgenen Reispflanzen in der T1-Generation, die eine Nukleinsäure umfassend das längste offene Leseraster in SEQ ID NR: 104 unter Nichtstressbedingungen exprimieren, sind unten gezeigt. Bezüglich der Einzelheiten zu der Erzeugung der transgenen Pflanzen, siehe die obigen Beispiele.

[0535] Beim Gesamtsamenertrag (totalwgseeds), der Anzahl gefüllter Samen (nrfilledseed), der Füllrate (fillrate), der Anzahl an Blüten pro Rispe (flowerperpan), dem Ernteindex (harvestindex) und der Gesamtanzahl an Samen (nrtotalseed) wurde ein Anstieg von mindestens 5% beobachtet (Tabelle F3).

Tabelle F3:

Parameter	Insgesamt
totalwgseeds	22,5
nrfilledseed	17,4
fillrate	10,6

flowerperpan	15,4
harvestindex	20,4
nrtotalseed	7,9

[0536] Die Ergebnisse der Auswertung von mit transformierten transgenen Reispflanzen in der T1-Generation, die eine Nukleinsäure umfassend das längste offene Leseraster in SEQ ID NR: 168 unter Nichtstressbedingungen exprimieren, sind unten gezeigt (Tabelle F4).

[0537] Bezüglich der Einzelheiten zu der Erzeugung der transgenen Pflanzen, siehe die obigen Beispiele.

[0538] Bei der Füllrate (fillrate) wurde ein Anstieg von mindestens 5% beobachtet.

Tabelle F4:

Parameter	Insgesamt
fillrate	11,3

12.3. tRNA-Dihydrouridinsynthase-1-ähnliche Polypeptide (DUS1L-Polypeptide)

[0539] Die Ergebnisse der Untersuchung von unter normalen Wachstumsbedingungen herangezogenen transgenen Reispflanzen der T2-Generation, die die für ein DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 codierende Nukleinsäuresequenz unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors exprimieren und unter Stickstoffmangelbedingungen kultiviert wurden, sind unten gezeigt.

[0540] Es kam zu einer signifikanten Erhöhung bei der oberirdischen Biomasse, dem Samenertrag pro Pflanze, der Anzahl gefüllter Samen und der Gesamtanzahl an Samen.

[0541] Tabelle F5: Ergebnisse der Bewertung von transgenen Reispflanzen der T2-Generation, die die für ein DUS1L-Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 codierende Nukleinsäuresequenz unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors exprimieren.

Merkmal	Durchschnittliche prozentuale Gesamtzunahme bei 4 Ereignissen in der T2-Generation
Oberirdische Biomasse der Pflanzen	6%
Gesamtsamenertrag pro Pflanze	10%
Anzahl an gefüllten Samen	6%
Gesamtanzahl an Pflanzen	10%

12.4. ES43-ähnliche Polypeptide

[0542] Die Ergebnisse der Auswertung von transgenen Reispflanzen in der T2-Generation, die eine Nukleinsäure umfassend das längste offene Leseraster in SEQ ID NR: 298 unter Nichtstressbedingungen exprimieren, sind unten gezeigt. Bezüglich der Einzelheiten zu der Erzeugung der transgenen Pflanzen, siehe die obigen Beispiele (Tabelle F6).

Tabelle F6:

Ertragsmerkmal	% Zunahme bei transgenen Pflanzen im Vergleich zu nullizygoten Kontrollpflanzen
Füllrate (Samenfüllrate)	7,0

[0543] Die Füllrate wurde als Anteil (ausgedrückt in %) der Zahl gefüllter Samen geteilt durch die Zahl der Samen in den Rispen einer Pflanze berechnet.

12.5. HON5-ähnliche Polypeptide

[0544] Die Ergebnisse der Auswertung von transgenen Reispflanzen in der T2-Generation, die eine Nukleinsäure umfassend das längste offene Leseraster in SEQ ID NR: 387 unter Nichtstressbedingungen exprimieren, sind unten gezeigt. Bezüglich der Einzelheiten zu der Erzeugung der transgenen Pflanzen, siehe die obigen Beispiele.

[0545] Die Ergebnisse der Untersuchung von transgenen Reispflanzen unter Nichtstressbedingungen sind unten gezeigt (Tabelle F7). Beim Gesamtsamenertrag (totalwgseeds), der Anzahl gefüllter Samen (nrfilledseed), der Füllrate (fillrate) und dem Ernteindex (harvestindex) wurde eine Zunahme von mehr als 5% beobachtet, und bei dem Tausendkerngewicht von mindestens 2,5

Tabelle F7:

Ertragsmerkmal	% Zunahme bei transgenen Pflanzen im Vergleich zur Kontrollpflanze
totalwgseeds	10,6
nrfilledseed	8,9
fillrate	14,8
harvestindex	9,3

12.6. Glutamat-1-semialdehydaminotransferase-Polypeptide (GSA1-Polypeptide)

[0546] Die Ergebnisse der Auswertung von transgenen Reispflanzen in der T1 und T2-Generation, die eine Nukleinsäure umfassend das längste offene Leseraster in SEQ ID NR: 417 unter Dürrestressbedingungen exprimieren, sind unten gezeigt.

T1:

Parameter	Insgesamt
Total weight seeds	20,9
Fill rate	26,3
Harvest index	22,7
Number filled seed	22,6

T2:

Parameter	Insgesamt
Total weight seeds	59,7
Fill rate	55,8
Harvest index	59,9
TKW	5,7
Number filled seed	50,6
Flower per pan	14,5
GravityY Max	6,4
Root Thick Max	5,0

Es folgt ein Sequenzprotokoll nach WIPO St. 25. Dieses kann von der amtlichen Veröffentlichungsplattform des DPMA heruntergeladen werden.

ZITATE ENTHALTEN IN DER BESCHREIBUNG

Diese Liste der vom Anmelder aufgeführten Dokumente wurde automatisiert erzeugt und ist ausschließlich zur besseren Information des Lesers aufgenommen. Die Liste ist nicht Bestandteil der deutschen Patent- bzw. Gebrauchsmusteranmeldung. Das DPMA übernimmt keinerlei Haftung für etwaige Fehler oder Auslassungen.

Zitierte Patentliteratur

- WO 02/66660 [0031]
- US 5811238 [0077]
- US 6395547 [0077]
- WO 2004/070039 [0085, 0092, 0092, 0092, 0092, 0092, 0092, 0092, 0092, 0094]
- WO 2004/065596 [0085]
- US 4962028 [0085]
- WO 01/14572 [0085]
- WO 95/14098 [0085]
- WO 94/12015 [0085]
- US 5401836 [0091]
- US 20050044585 [0091]
- EP 99106056 [0092]
- US 5565350 [0101, 0106]
- WO 00/15815 [0101]
- WO 9322443 [0106]
- WO 98/53083 [0112]
- WO 99/53050 [0112]
- US 4987071 [0121]
- US 5116742 [0121]
- WO 94/00012 [0121]
- WO 95/03404 [0121]
- WO 00/00619 [0121]
- WO 97/13865 [0121]
- WO 97/38116 [0121]
- WO 98/36083 [0122]
- WO 99/15682 [0122]
- EP 1198985 A1 [0132]
- US 6164310 [0516]
- US 5159135 [0519]

Zitierte Nicht-Patentliteratur

- Tittonell et al., 2005, Agric. Ecosys. & Environ. 105: 213 [0010]
- Fasoula & Tollenaar 2005 Maydica 50:39 [0010]
- Steege et al., 2005, Plant Physiology 139: 1078 [0010]
- Hittalmani et al., 2003, Theoretical Applied Genetics 107: 679 [0010]
- Rebetzke et al., 2002, Crop Science 42: 739 [0012]
- Gardener et al., 1985, Physiology of Crop Plants. Iowa State University Press, S. 68–73 [0012]
- Tittonell et al., 2005, Agric. Ecosys. & Environ. 105: 213 [0012]
- Wang et al. (2003) Planta 218: 1–14 [0013]
- Gregorio Hueros et al. (Plant Cell, Vol. 7, 747–757, 6/1995 Am. Soc. Plant Physiol.) [0023]
- Michalak, Biochem J. 2009 417(3): 651–66 [0025]
- Michalak, Biochem J. 1992, 285 (Teil 3): 681–92. [0026]
- Christensen et al. 2008, Plant Cell Physiol. 49 (6): 912–924 [0027]
- Jin et al. 2005 Transgenic Res. 14(5): 619–26 [0028]
- Bishop et al. (2002) 277(28): 25090–25095 [0029]
- Bishop et al. [0030]
- FEBS Lett. 1999 März 5; 446(1): 189–93 [0034]
- Pascual et al. J. Mol. Biol. 2000; 304: 723–729 [0035]
- Aasland et al. Trends Biochem Sci. 1995 Feb; 20(2): 56–9 [0036]
- Speulman und Salamini Plant Sci. 106, 91–98 (1995) [0037]
- Mussig et al. Mol. Gen. Genet. 2000 Nov; 264 (4): 363–70 [0037]
- Piñeiro et al. Plant Cell. 2003 Jul; 15(7): 1552–62 [0037]
- Piñeiro et al. 2003 [0037]
- Klosterman et al; Plant Science 162(2002) 855–866 [0041]
- Creighton (1984) Proteins. W. H. Freeman and Company (Hrsg.) [0057]
- Tagging-Peptide, siehe Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523–533, 2003 [0059]
- Schultz et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 5857–5864 [0063]
- Letunic et al. (2002) Nucleic Acids Res 30, 242–244 [0063]
- Mulder et al., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315–318 [0063]
- Bucher und Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular sequences motifs and its function in automatic sequence interpretation. (In) ISMB-94 [0063]
- Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Hrsg., S. 53–61, AAAI Press, Menlo Park [0063]
- Hulo et al., Nucl. Acids. Res. 32: D134–D137, (2004) [0063]
- Bateman et al., Nucleic Acids Research 30(1) : 276–280 (2002) [0063]

- Schweizer Institut für Bioinformatik; Gasteiger et al., "ExPASy: the proteomics server for in-depth Protein knowledge and analysis", *Nucleic Acids Res.* 31: 3784–3788 (2003) [0063]
- Algorithmus von Needleman und Wunsch (1970) *J. Mol. Biol.* 48: 443–453 [0064]
- Altschul et al. (1990) *J Mol Biol* 215: 403–10 [0064]
- Campanella et al., *BMC Bioinformatics.* 2003 Jul 10; 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using Protein or DNA sequences [0064]
- Smith TF, Waterman MS (1981) *J. Mol. Biol* 147(1); 195–7 [0064]
- Meinkoth und Wahl, *Anal. Biochem.*, 138: 267–284, 1984 [0069]
- Sambrook et al. (2001) *Molecular Cloning: a laboratory manual*, 3. Ausgabe, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York oder auf *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, N. Y. (1989 und jährliche Aktualisierungen) [0073]
- Foissac und Schiex (2005) *BMC Bioinformatics* 6: 25 [0074]
- Castle et al., (2004) *Science* 304(5674): 1151–4 [0077]
- Heid et al., 1996 *Genome Methods* 6: 986–994 [0083]
- McElroy et al., *Plant Cell*, 2: 163–171, 1990 [0085]
- Odell et al., *Nature*, 313: 810–812, 1985 [0085]
- Nilsson et al., *Physiol. Plant.* 100: 456–462, 1997 [0085]
- de Pater et al., *Plant J. Nov.*; 2(6): 837–44, 1992 [0085]
- Christensen et al., *Plant Mol. Biol.* 18: 675–689, 1992 [0085]
- Buchholz et al., *Plant Mol. Biol.* 25(5): 837–43, 1994 [0085]
- Lepetit et al., *Mol. Gen. Genet.* 231: 276–285, 1992 [0085]
- Wu et al. *Plant Mol. Biol.* 11: 641–649, 1988 [0085]
- An et al., *Plant J.* 10(1); 107–121, 1996 [0085]
- Sanger et al., *Plant Mol. Biol.*, 14, 1990: 433–443 [0085]
- Leisner (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 (5): 2553 [0085]
- Jain et al., *Crop Science*, 39(6), 1999: 1696 [0085]
- Jain et al., *Crop Science*, 39(6), 1999: 1696 [0085]
- Shaw et al. (1984) *Nucleic Acids Res.* 12(20): 7831–7846 [0085]
- Übersichtsartikel findet sich bei Gatz 1997, *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.*, 48: 89–108 [0088]
- *Plant Mol Biol.* 1995 Jan; 27(2): 237–48 [0091]
- Kovama et al., 2005; Mudge et al. (2002, *Plant J.* 31: 341) [0091]
- Xiao et al., 2006 [0091]
- Nitz et al. (2001) *Plant Sci.* 161(2): 337–346 [0091]
- Tingey et al., *EMBO J.* 6: 1, 1987. [0091]
- Van der Zaal et al., *Plant Mol. Biol.* 16, 983, 1991. [0091]
- Oppenheimer et al., *Gene* 63: 87, 1988. [0091]
- Conkling et al., *Plant Physiol.* 93: 1203, 1990. [0091]
- Suzuki et al., *Plant Mol. Biol.* 21: 109–119, 1993. [0091]
- Baumberger et al. 2001, *Genes & Dev.* 15: 1128 [0091]
- Lauter et al. (1996, *PNAS* 3: 8139) [0091]
- Lauter et al. (1996, *PNAS* 3: 8139) [0091]
- Liu et al., *Plant Mol. Biol.* 153: 386–395, 1991. [0091]
- Downey et al. (2000, *J. Biol. Chem.* 275: 39420) [0091]
- W Song (1997) Doktorarbeit, North Carolina State University, Raleigh, NC USA [0091]
- Wang et al. 2002, *Plant Sci.* 163: 273 [0091]
- Diener et al. (2001, *Plant Cell* 13: 1625) [0091]
- Quesada et al. (1997, *Plant Mol. Biol.* 34: 265) [0091]
- Qing Qu und Takaiwa (*Plant Biotechnol. J.* 2, 113–125, 2004) [0092]
- Simon et al., *Plant Mol. Biol.* 5: 191, 1985; [0092]
- Scofield et al., *J. Biol. Chem.* 262: 12202, 1987.; [0092]
- Baszczynski et al., *Plant Mol. Biol.* 14: 633, 1990. [0092]
- Pearson et al., *Plant Mol. Biol.* 18: 235–245, 1992. [0092]
- Ellis et al., *Plant Mol. Biol.* 10: 203–214, 1988. [0092]
- Takaiwa et al., *Mol. Gen. Genet.* 208: 15–22, 1986 [0092]
- Takaiwa et al., *FEBS Letts.* 221: 43–47, 1987. [0092]
- Matzke et al., *Plant Mol. Biol.*, 14(3): 323–32 1990 [0092]
- Stalberg et al., *Planta* 199: 515–519, 1996. [0092]
- *Mol. Gen. Genet.* 216: 81–90, 1989 [0092]
- *NAR* 17: 461–2, 1989 [0092]
- Albani et al., *Plant Cell*, 9: 171–184, 1997 [0092]
- *EMBO J.* 3: 1409–15, 1984 [0092]
- Diaz et al. (1995) *Mol. Gen. Genet.* 248(5): 592–8 [0092]
- Theor, *Appl. Gen.* 98: 1253–62, 1999 [0092]
- *Plant J.* 4: 343–55, 1993 [0092]

- Mol. Gen. Genet. 250: 750–60, 1996 [0092]
- Mena et al., The Plant Journal, 116(1): 53–62, 1998 [0092]
- Vicente-Carbajosa et al., Plant J. 13: 629–640, 1998. [0092]
- Wu et al., Plant Cell Physiology 39(8) 885–889, 1998 [0092]
- Wu et al., Plant Cell Physiology 39(8) 885–889, 1998 [0092]
- Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117–8122, 1996 [0092]
- Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513–522, 1997 [0092]
- Trans. Res. 6: 157–68, 1997 [0092]
- Plant J. 12: 235–46, 1997 [0092]
- DeRose et al., Plant Mol. Biol 32: 1029–35, 1996 [0092]
- Postma-Haarsma et al., Plant Mol. Biol. 39: 257–71, 1999 [0092]
- Wu et al, J. Biochem. 123: 386, 1998 [0092]
- Cummins et al., Plant Mol. Biol. 19: 873–876, 1992 [0092]
- Lanahan et al., Plant Cell 4: 203–211, 1992 [0092]
- Skriver et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88: 7266–7270, 1991 [0092]
- Cejudo et al., Plant Mol. Biol. 20: 849–856, 1992 [0092]
- Kalla et al., Plant J. 6: 849–60, 1994 [0092]
- Leah et al., Plant J. 4: 579–89, 1994 [0092]
- Selinger et al., Genetics 149; 1125–38, 1998 [0092]
- Takaiwa et al., Mol. (1986) Mol. Gen. Genet. 208: 15–22 [0092]
- Takaiwa et al. (1987) FEBS Letts. 221: 43–47 [0092]
- Matzke et al., (1990) Plant Mol. Biol. 14(3): 323–32 [0092]
- Colot et al. (1989) Mol. Gen. Genet. 216: 81–90 [0092]
- Anderson et al. (1989) NAR 17: 461–2 [0092]
- Albani et al. (1997) Plant Cell 9: 171–184 [0092]
- Rafalski et al. (1984) EMBO 3: 1409–15 [0092]
- Diaz et al. (1995) Mol. Gen. Genet. 248(5): 592–8 [0092]
- Cho et al. (1999) Theor. Appl. Genet. 98: 1253–62; [0092]
- Muller et al. (1993) Plant Cell 4: 343–55 [0092]
- Sorenson et al. (1996) Mol. Gen. Genet. 250: 750–60 [0092]
- Mena et al., (1998) Plant J. 116(1): 53–62 [0092]
- Onate et al. (1999) J. Biol. Chem. 274(14): 9175–82 [0092]
- Vicente-Carbajosa et al. (1998) Plant J. 13: 629–640 [0092]
- Wu et al., (1998) Plant Cell Physiol. 39(8): 885–889 [0092]
- Wu et al. (1998) Plant Cell Physiol. 39(8): 885–889 [0092]
- Nakase et al. (1997) Plant Mol. Bio. 33: 513–522 [0092]
- Russell et al. (1997) Trans. Res. 6: 157–68 [0092]
- Opsahl-Ferstad et al. (1997) Plant J. 12: 235–46 [0092]
- DeRose et al. (1996) Plant Mol. Biol. 32: 1029–35 [0092]
- Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117–8122, 1996 [0092]
- Postma-Haarsma et al., Plant Mol. Biol. 39: 257–71, 1999 [0092]
- Lanahan et al., Plant Cell 4: 203–211, 1992 [0092]
- Skriver et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88: 7266–7270, 1991 [0092]
- Cejudo et al., Plant Mol. Biol. 20: 849–856, 1992 [0092]
- Kalla et al., Plant J. 6: 849–60, 1994 [0092]
- Leah et al., Plant J. 4: 579–89, 1994 [0092]
- Selinger et al., Genetics 149; 1125–38, 1998 [0092]
- Fukavamaet al., 2001 [0094]
- Kausch et al., 2001 [0094]
- Liu et al., 2003 [0094]
- Nomura et al., 2000 [0094]
- Panguluri et al., 2005 [0094]
- Sato et al. (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117–8122 [0096]
- Wagner & Kohorn (2001) Plant Cell 13(2): 303318 [0096]
- Tribble et al., Chem., 275, 2000: 22255–22267 [0100]
- Velmurugan et al., J. Cell Biol., 149, 2000: 553–566 [0100]
- Buchman und Berg (1988) Mol. Cell Biol. 8: 8: 4395–4405 [0108]
- Callis et al. (1987) Genes Dev. 1: 1183–1200 [0108]
- The Maize Handbook, Kapitel 116, Freeling und Walbot, Hrsg., Springer, N. Y. (1994) [0108]
- Gaultier et al. (1987) Nucl. Ac. Res. 15: 6625–6641 [0120]
- Inoue et al. (1987) Nucl. Ac. Res. 15, 6131–6148 [0120]
- Inoue et al. (1987) FEBS Lett. 215, 327–330 [0120]
- Haselhoff und Gerlach (1988) Nature 334, 585–591 [0121]
- Bartel und Szostak (1993) Science 261, 1411–1418 [0121]
- Angell und Baulcombe ((1999) Plant J. 20(3): 357–62 [0122]
- Helene, C., Anticancer Drug Res. 6, 569–84, 1991 [0124]

- Helene et al., Ann. N. Y. Acad. Sci. 660, 27–36 1992 [0124]
- Maher, L. J. Bioassays 14, 807–15, 1992 [0124]
- Schwab et al., Day. Cell 8, 517–527, 2005 [0128]
- Schwab et al., Plant Cell 18, 1121–1133, 2006 [0128]
- Krens, F. A. et al., (1982) Nature 296, 72–74 [0132]
- Negrutiu, I., et al. (1987) Plant Mol. Biol. 8: 363–373 [0132]
- Shillito R. D. et al. (1985) Bio/Technol. 3, 1099–1102 [0132]
- Crossway, A., et al., (1986) Mol. Gen. Genet., 202: 179–185 [0132]
- Klein TM et al., (1987) Nature 327: 70 [0132]
- Clough und Bent, Plant J. (1998) 16, 735–743 [0132]
- Aldemita und Hodges (Planta 199: 612–617, 1996) [0132]
- Chan et al. (Plant Mol. Biol. 22 (3): 491–506, 1993) [0132]
- Hiei et al. (Plant J. 6 (2): 271–282, 1994) [0132]
- Ishida et al. (Nat. Biotechnol 14(6): 745–50, 1996) [0132]
- Frame et al. (Plant Physiol. 129(1): 13–22, 2002) [0132]
- B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Band 1, Engineering und Utilization, Hrsg. S. D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993) 128–143 [0132]
- Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205–225 [0132]
- (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711 [0132]
- Höfgen und Willmitzer in Nucl. Acids Res. (1988) 16, 9877 [0132]
- F. F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Band 1, Engineering und Utilization, Hrsg.: S. D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15–38 [0132]
- Feldman, KA, und Marks, MD (1987). Mol. Gen. Genet. 208: 274–289 [0133]
- Feldmann, K., (1992). In: C. Koncz, N-H. Chua und J. Shell (Hrsg.), Methods in Arabidopsis Research. Word Scientific, Singapur, S. 274–289 [0133]
- Chang (1994). Plant J. 5: 551–558 [0133]
- Katavic (1994). Mol. Gen. Genet., 245: 363–370 [0133]
- Bechthold, N. (1993). C. R. Acad. Sci. Paris Life Sci., 316: 1194–1199 [0133]
- Clough, SJ, und Bent, AF (1998) The Plant J. 16, 735–743 [0133]
- Klaus et al., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225–229] [0133]
- Bock (2001) "Transgenic plastids in basic research und plant biotechnology". J. Mol. Biol. 21. Sep. 2001; 312 (3):425–38 [0133]
- Maliga, P. (2003) "Progress towards commercialization of plastid transformation technology". Trends Biotechnol. 21, 20–28 [0133]
- Klaus et al., 2004, Nature Biotechnology 22 (2), 225–229 [0133]
- Hayashi et al. Science (1992) 1350–1353 [0138]
- Redei, GP, und Koncz, C (1992), in: Methods in Arabidopsis Research, Koncz, C, Chua, NH, Schell, J (Hrsg.) Singapur, World Scientific Publishing Co, S. 16–82 [0139]
- Feldmann et al., (1994) in: Meyerowitz. EM, Somerville. CR (Hrsg.), "Arabidopsis". Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, S. 137–172 [0139]
- Lightner, J., und Caspar, T. (1998) in: J. Martinez-Zapater, J. Salinas, (Hrsg.), Methods in Molecular Biology, Band 82. Humana Press, Totowa, NJ, S. 91–104 [0139]
- McCallum et al., (2000) Nat. Biotechnol. 18: 455–457 [0139]
- Stemple (2004) Nat. Rev. Genet. 5(2): 145–50 [0139]
- Offringa et al. (1990) EMBO J. 9(10): 3077–84 [0140]
- Terada et al. (2002) Nat. Biotech. 20(10): 1030–4 [0140]
- Iida und Terada (2004) Curr. Opin. Biotech. 15(2): 132–8 [0140]
- Miller et al., Nature Biotechnol. 25, 778–785, 2007 [0140]
- Wang et al. (Planta (2003) 218: 1–14) [0147]
- Rabbani et al. (Plant Physiol (2003) 133: 1755–1767) [0147]
- Sambrook J., Fritsch, EF., und Maniatis, T., (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual [0155]
- Lander et al. (1987) Genomics 1: 174–181 [0155]
- Kotstein et al. (1980) Am. J. Hum. Genet. 32: 314–331 [0155]
- Bernatzky und Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37–41 [0156]
- Hoheisel et al. in: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic Press 1996, S. 319–346 [0157]
- Trask (1991) Trends Genet. 7: 149–154 [0158]
- Laan et al. (1995) Genome Res. 5: 13–20 [0158]
- Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11: 95–96 [0159]
- CAPS; Sheffield et al. (1993) Genomics 16: 325–332 [0159]
- Landegren et al. (1988) Science 241: 1077–1080 [0159]

- Sokolov (1990) *Nucleic Acid Res.* 18: 3671 [\[0159\]](#)
- Walter et al. (1997) *Nat. Genet.* 7: 22–28 [\[0159\]](#)
- Dear und Cook (1989) *Nucleic Acid Res.* 17: 6795–6807 [\[0159\]](#)
- Christianssen et al. 2008. *Plant Cell Physiol.* 2008 Jun; 49(6): 912–24 [\[0198\]](#)
- Christianssen et al. 2008 [\[0200\]](#)
- Christensen et al. 2008-Fig. 1 [\[0203\]](#)
- Callebaut et al. *FEBS Letts* 1999; 446: 189–193 [\[0210\]](#)
- Aasland R, et al. *Trends Biochem. Sci.* 1995; 20: 56–59 [\[0210\]](#)
- Orengo et al. (1997). *Structure*, 5, 1093–1108 [\[0211\]](#)
- Alison et al. *Nucleic Acids Research*, 2009, Band 37 [\[0211\]](#)
- Holm, 2008. *Bioinformatics* 24, 2780–2781 [\[0211\]](#)
- Murzin et al. *J. Mol. Biol.* 247, 536–540 [\[0211\]](#)
- Aridreeva et al. *Nucl. Acids Res.* 36: D419–D425 [\[0211\]](#)
- Hunters et al. 2009 *Nucleic Acids Res.* 37 (Database Issue): D224–228; [\[0212\]](#)
- Quevillon et al. 2005 *Nucleic Acids Res.* 33 (Web Server issue): W116–W120 [\[0212\]](#)
- Finn *Nucleic Acids Research* (2008) Database Issue 36: D281–D288 [\[0212\]](#)
- Schultz et al. (1998) *PNAS* 95: 5857–5864 [\[0212\]](#)
- Letunic et al. 2004, *NAR* 32, D142–D144 [\[0212\]](#)
- Marchler-Bauer et al. *Nucleic Acids Res.* 2007; 35 (Database Issue): D237–40 [\[0212\]](#)
- Gough et al. *J. Mol. Biol.*, 313(4), 903–919 [\[0212\]](#)
- Smith TF, Waterman MS (1981) *J. Mol. Biol.* 147(1); 195–7 [\[0218\]](#)
- Reeves und Beckerbauer, *Biochim. Biophys. Acta* 1519 13–29 2001 [\[0222\]](#)
- Hunter et al; 2009, *Nucleic Acids Res.* 37 Database Issue: D224–228 [\[0222\]](#)
- Finn et al. *Nucleic Acids Research* (2008) Database Issue 36: D281–D288 [\[0222\]](#)
- Smith TF, Waterman MS (1981) *J. Mol. Biol.* 147(1); 195–7 [\[0226\]](#)
- Smith TF, Waterman MS (1981) *J. Mol. Biol.* 147(1); 195–7 [\[0229\]](#)
- Schultz et al. (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95, 5857–5864 [\[0231\]](#)
- Letunic et al. (2002) *Nucleic Acids Res* 30, 242–244 [\[0231\]](#)
- Mulder et al., (2003) *Nucl. Acids. Res.* 31, 315–318 [\[0231\]](#)
- Prosite (Becher und Bairoch (1994), A generalized Profile syntax for biomolecular sequences motifs und its function in automatic sequence interpretation. (In) *ISMB-94* [\[0231\]](#)
- Proceedings 2nd International Conference an Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlog D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Hrsg., S. 53–61, AAI Press, Menlo Park; Hulo et al., *Nucl. Acids. Res.* 32: D134–D137, (2004) [\[0231\]](#)
- Bateman et al., *Nucleic Acids Research* 30(1) : 276–280 (2002) [\[0231\]](#)
- Schweizer Institut für Bioinformatik; Gasteiger et al., "ExPASy: the proteomics server for in-depth Protein knowledge und Analysis", *Nucleic Acids Res.* 31: 3784–3788 (2003) [\[0231\]](#)
- Algorithmus von Needleman und Wunsch ((1970) *J. Mol. Biol.* 48: 443–453) [\[0233\]](#)
- Altschul et al. (1990) *J Mol Biol* 215: 403–10 [\[0233\]](#)
- Campanella et al., *BMC Bioinformatics.* 10. Juli 2003; 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences [\[0233\]](#)
- Smith TF, Waterman MS (1981) *J. Mol. Biol.* 147(1); 195–7 [\[0233\]](#)
- Christensen et al. *Plant Cell Phys.* 2008, 49 (6)912–24 [\[0238\]](#)
- Christiansen et al. 2008 [\[0238\]](#)
- Gasser 2003, *Plant Mol Biol.* 53(3): 281–95 [\[0242\]](#)
- Pedersen et al., 1991; Nieto-Sotelo et al. 1994 *Plant Cell* 6: 287–301 [\[0242\]](#)
- Zhang et al. 2003 *Biochemistry* 42: 6596–6607 [\[0242\]](#)
- Klosterman 2002 *Plant Science* 162, 855–866 [\[0242\]](#)
- Christensen et al. 2008-Fig. 1 [\[0264\]](#)
- Christensen et al. 2008-Fig. 1 [\[0274\]](#)
- Christensen et al. 2008-Fig. 1 [\[0285\]](#)
- Christensen et al. 2008-Fig. 1 [\[0293\]](#)
- Christensen et al. 2008-Fig. 1 [\[0301\]](#)
- *Current Protocols in Molecular Biology.* Wiley, Hrsg. [\[0306\]](#)
- Wang et al. (*Planta* (2003) 218: 1–14) [\[0321\]](#)
- Rabbani et al. (*Plant Physiol* (2003) 133: 1755–1767) [\[0321\]](#)
- Frink et al. (1999) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96(4): 1175–1180 [\[0325\]](#)
- S. D. Kung und R. Wu, *Potrykus oder Hofgen und Willmitzer* [\[0361\]](#)
- Sambrook J. Fritsch EF und Maniatis T (1989) *Molecular Cloning, A Laboratory Manual* [\[0375\]](#)
- Lander et al. (1987) *Genomics* 1: 174–181 [\[0375\]](#)
- Botstein et al. (1980) *Am. J. Hum. Genet.* 32: 314–331 [\[0375\]](#)
- Bernatzky und Tanksley (1986) *Plant Mol. Biol. Reporter* 4: 37–41 [\[0376\]](#)
- Hoheisel et al. in: *Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide*, Academic Press 1996, S. 319–346 [\[0377\]](#)

- Trask (1991) Trends Genet. 7: 149–154 [\[0378\]](#)
- Laan et al. (1995) Genome Res. 5: 13–20 [\[0378\]](#)
- Kazazian (1989) J. Clin. Med 11: 95–96 [\[0379\]](#)
- CAPS; Sheffield et al. (1993) Genomics 16: 325–332 [\[0379\]](#)
- Landegren et al. Science 241: 1077–1080 [\[0379\]](#)
- Sokolov (1990) Nucleic Acid Res. 18: 3671 [\[0379\]](#)
- Walter et al. (1997) Nat. Genet. 7: 22–28 [\[0379\]](#)
- Dear und Cook (1989) Nucleic Acid Res. 17: 6795–6807 [\[0379\]](#)
- Christensen et al. 2008 [\[0386\]](#)
- Bishop et al. (2002) J. Biol. Chem. 277(28): 25000–25006 [\[0388\]](#)
- Bishop et al. (2002) J. Biol. Chem. 277(28): 25000–25006 [\[0389\]](#)
- Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3. Ausgabe, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York [\[0401\]](#)
- Ausubel et al. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols [\[0401\]](#)
- Plant Molecular Biology Labfax (1993) von R. D. D. Croy [\[0401\]](#)
- Basic Local Alignment Tool (BLAST) (Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 403–410 [\[0402\]](#)
- Altschul et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 3389–3402 [\[0402\]](#)
- Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882 [\[0413\]](#)
- Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500 [\[0413\]](#)
- Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882 [\[0415\]](#)
- Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500 [\[0415\]](#)
- Christensen et al. 2008 [\[0416\]](#)
- Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882 [\[0419\]](#)
- Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500 [\[0419\]](#)
- Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882 [\[0421\]](#)
- Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500 [\[0421\]](#)
- Thompson et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 4876–4882 [\[0422\]](#)
- Chenna et al. (2003). Nucleic Acids Res. 31: 3497–3500 [\[0422\]](#)
- BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka [\[0424\]](#)
- BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka [\[0428\]](#)
- BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka [\[0430\]](#)
- BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka [\[0435\]](#)
- BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka [\[0437\]](#)
- BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences verfügbar sind. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; Software wurde bereitgestellt von Ledion Bitincka [\[0441\]](#)
- Krogh beschrieben. J. Mol. Biol. 2001 Jan 19; 305(3): 567–80 [\[0447\]](#)
- Park und Kanehisa, Bioinformatics, 19, 1656–1663, 2003 [\[0467\]](#)
- Park und Kanehisa, Bioinformatics, 19, 1656–1663, 2003 [\[0474\]](#)
- Park und Kanehisa, Bioinformatics, 19, 1656–1663, 2003 [\[0479\]](#)
- Bishop et al. (2002) [\[0487\]](#)
- Jacobson und Hedgcoth ((1970) Anal. Biochem 34, 459–469) [\[0488\]](#)
- Aldemita und Hodges 1996 [\[0513\]](#)
- Chan et al. 1993 [\[0513\]](#)
- Hiei et al. 1994 [\[0513\]](#)
- Ishida et al. (1996) Nature Biotech. 14(6): 745–50 [\[0514\]](#)
- Ishida et al. (1996) Nature Biotech. 14(6): 745–50 [\[0515\]](#)
- Babic et al. (1998, Plant Cell Rep. 17: 183–188) [\[0517\]](#)
- McKersie et al., 1999, Plant Physiol. 119: 839–847 [\[0518\]](#)
- Brown, DCW, und A. Atanassov (1985. Plant Cell Tissue Organ Culture 4: 111–112) [\[0518\]](#)
- (Walker et al., 1978, Am. J. Bot. 65: 654–659 [\[0518\]](#)

- McKersie et al., 1999 Plant Physiol. 119: 839–847 [[0518](#)]
- Murashige und Skoog, 1962 [[0518](#)]
- Gamborg et al., Exp. Cell Res. 50: 151–158 (1968) [[0519](#)]

Patentansprüche

1. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein Calreticulin-Polypeptid codierenden Nukleinsäure moduliert.

2. Verfahren gemäß Anspruch 1, wobei das Calreticulin-Polypeptid eines oder mehrere der folgenden Motive umfasst:

(i) Motiv 3: PXXIXDPXXXKKPEXWDD (SEQ ID NR: 246),

(ii) Motiv 4: GXWXXXIXNPXYK (SEQ ID NR: 247),

(iii) Motiv 5: E[VL]WQVK (SEQ ID NR: 248),

(iv) Motiv 6: TLV[FL]QFSVKHEQKLDCCGGY[MV]KLLSGDVDQKKFGG[DE]TPYSIMFGPDICGY (SEQ ID NR: 249) welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide der CRT1/2-Gruppe steht;

(v) Motiv 7: TPYS[LF]MFGPD[IL]CGTQTKKLH[VL]ILSYQGQNYPIKKDL[QE]CETDKLTH[FV]YTFI (SEQ ID NR: 250) welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide der CRT3-Gruppe steht;

(vi) Motiv 8: N[HY][LP]IKK[DE][VL]PCETD[QK]LTH[VF]YTFI[LI]RPDA[TS]YSILIDN[VR]E[KR][QE][TS]GS[LM]Y[TS]DWD[IL]L (SEQ ID NR: 251) welches für typische CRT-Pflanzenpolypeptide des Reiches der Viridiplantae steht;

(vii) Motiv 9: QKKFGGDTPYSIMFGPDICGY[SQ]TKK[VL]H[AV]I (SEQ ID NR: 252) welches für typische CRT-Polypeptide eukaryontischen Ursprungs steht;

(viii) ein Motiv mit mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zu einem der Motive (i) bis (vii);

wobei "X" für eine beliebige Aminosäure steht und wobei in Klammern "[]" angeführte Aminosäuren für alternative Aminosäuren an dieser Stelle stehen.

3. Verfahren gemäß Anspruch 1 oder 2, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

4. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3, wobei die für ein Calreticulin-Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A2 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.

5. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 4, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A2 angegebenen Proteine codiert.

6. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, und einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.

7. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nicht-stressbedingungen erhalten werden.

8. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 6, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen, Salzstressbedingungen oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.

9. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 3 bis 8, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.

10. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, wobei die für ein Calreticulin-Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Solanaceae, noch mehr bevorzugt aus der Gattung Solanum, ganz besonders bevorzugt aus Solanum lycopersicum.

11. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, umfasst.

12. Konstrukt, umfassend:

(i) Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, wie in Anspruch 1 oder 2 definiert;

- (ii) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
- (iii) eine Transkriptionsterminationsequenz.

13. Konstrukt gemäß Anspruch 12, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.

14. Verwendung eines Konstrukts gemäß Anspruch 12 oder 13 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

15. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Anspruch 12 oder 13 transformiert ist.

16. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:

- (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, wie in Anspruch 1 oder 2 definiert, in einer Pflanze; und
- (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

17. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, wie in Anspruch 1 oder 2 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.

18. Transgene Pflanze gemäß Anspruch 11, 15 oder 17, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff, Milo und Hafer ist.

19. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Anspruch 18, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.

20. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Anspruch 18 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Anspruch 19 abgeleitet sind.

21. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

22. Isoliertes Calreticulin-Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 116, 130, 140, 198 und 228;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 116, 130, 140, 198 und 228;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A2, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (vi) eine Nukleinsäure, die für ein Calreticulin-Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäurese-

quenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 und eine beliebige der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A2 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

23. isoliertes Calreticulin-Polypeptid aus der folgenden Reihe:

(i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229;

(ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 117, 131, 141, 199 und 229 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A2, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

24. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das BET1-ähnliche Polypeptid eine CC-Domäne:

(i) gemäß SEQ. ID NR: 97 umfasst; und/oder

(ii) vorzugsweise mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der CC-Domäne gemäß SEQ ID NR: 98 aufweist.

25. Verfahren gemäß Anspruch 24, wobei die CC-Domäne eine oder mehrere der folgenden Motive umfasst:

(i) Motiv 1: G(W/Y)CD(E/K) (SEQ ID NR: 99);

(ii) Motiv 2: EGF (SEQ ID NR: 100),

26. Verfahren gemäß Anspruch 24 oder 25, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Expressieren einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

27. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 24 bis 26, wobei die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A1 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.

28. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 24 bis 27, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A1 angegebenen Proteine codiert.

29. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 24 bis 28, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag wie eine erhöhte Biomasse und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.

30. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 24 bis 29, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nicht-stressbedingungen erhalten werden.

31. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 24 bis 29, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen und/oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.

32. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 26 bis 31, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.

33. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 24 bis 32, wobei die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Poaceae, noch mehr bevorzugt aus der Gattung Zea, ganz besonders bevorzugt aus Zea mays.

34. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Ansprüche 24 bis 33, wobei die Pflanze oder ein Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, umfasst.

35. Konstrukt, umfassend:

- (a) Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 1 oder 2 definiert;
- (b) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
- (c) eine Transkriptionsterminationsequenz.

36. Konstrukt gemäß Anspruch 35, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.

37. Verwendung eines Konstrukts gemäß Anspruch 35 oder 36 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

38. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Anspruch 35 oder 36 transformiert ist.

39. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:

- (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 24 oder 25 definiert, in einer Pflanze; und
- (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

40. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 24 oder 25 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.

41. Transgene Pflanze gemäß Anspruch 34, 38 oder 40, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff, Milo und Hafer ist.

42. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Anspruch 41, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.

43. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Anspruch 41 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Anspruch 42 abgeleitet sind.

44. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

45. Isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 11 und 95;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 11 und 95;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 abgeleitet werden kann und die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A1, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;
- (v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(vi) eine Nukleinsäure, die für ein BET1-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 und eine beliebige der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A1 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

46. Isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe:

(i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96;

(ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 12 und 96 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A1, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

47. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, bei dem man in einer Pflanze die Expression einer für ein tRNA-dihydrouridinsynthase-1-ähnliches (DUS1L) Polypeptid codierenden Nukleinsäure erhöht, wobei das DUS1L-Polypeptid (i) eine tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne mit dem InterPro-Eintrag IPR001269; (ii) eine TIM-Barrel-Domäne vom Aldolasetyp mit dem InterPro-Eintrag IPR013785; und (iii) eine konservierte Stelle einer tRNA-Dihydrouridinsynthase mit dem InterPro-Eintrag IPR 018517 umfasst, und gegebenenfalls auf Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen selektioniert.

48. Verfahren gemäß Anspruch 47, wobei das DUS1L-Polypeptid (i) mit zunehmender Präferenz mindestens 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer tRNA-Dihydrouridinsynthasedomäne gemäß SEQ ID NR: 294 aufweist.

49. Verfahren gemäß Anspruch 48, wobei das DUS1L-Polypeptid weiterhin mit zunehmender Präferenz mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einem Polypeptid gemäß SEQ ID NR: 259 aufweist.

50. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 49, wobei das DUS1L-Polypeptid mit zunehmender Präferenz mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu einer der hier in Tabelle A3 angeführten Polypeptidsequenzen aufweist.

51. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 50, wobei das DUS1L-Polypeptid einen E. coli-Stamm, dem eine tRNA-Dihydrouridinsynthaseaktivität fehlt, funktionell komplementieren kann, wodurch der tRNA-Dihydrouridingehalt erhöht wird.

52. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 51, wobei die Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, durch eine der in Tabelle A3 angegebenen Nukleinsäuresequenz-SEQ ID-NRn oder einen Abschnitt davon, oder eine Sequenz, die zum Hybridisieren mit einer der in Tabelle A3 angegebenen Nukleinsäuresequenzen-SEQ ID-NRn in der Lage ist, oder ein Komplement repräsentiert wird.

53. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 52, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einer der in Tabelle A3 angegebenen Polypeptidsequenz-SEQ ID-NRn codiert.

54. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 53, wobei die erhöhte Expression durch ein oder mehrere aus: T-DNA-Aktivierungs-Tagging, TILLING oder homologe Rekombination, bewirkt wird.

55. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 54, wobei die erhöhte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

56. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 55, wobei die erhöhten Ertragsmerkmale eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen umfassen.

57. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 56, wobei das Ertragsmerkmal in Pflanzen, die unter Bedingungen einer reduzierten Verfügbarkeit von Nährstoffen, insbesondere unter Bedingungen einer reduzierten Verfügbarkeit von Stickstoff im Vergleich zu Kontrollpflanzen kultiviert wurden, erhöht ist.

58. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 57, wobei die Nukleinsäuresequenz funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor verbunden ist.

59. Verfahren gemäß Anspruch 58, wobei es sich bei dem konstitutiven Promotor um einen GOS2-Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor aus Reis, ganz besonders bevorzugt eine GOS2-Sequenz gemäß SEQ ID NR: 295 handelt.

60. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 59, wobei die Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, aus einer Pflanze, bevorzugt aus einer monokotylen Pflanze, weiter bevorzugt aus der Familie Poaceae stammt und die Nukleinsäuresequenz ganz besonders bevorzugt aus *Saccharum officinarum* stammt.

61. Pflanzen, Teile davon einschließlich Samen) oder Pflanzenzellen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Ansprüche 47 bis 60, wobei die Pflanze bzw. der Teil oder die Zelle davon ein isoliertes Nukleinsäuretransgen umfasst, das für ein DUS1L-Polypeptid codiert.

62. Isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:

- (i) eine Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 264 oder gemäß SEQ ID NR: 292;
- (ii) des Komplement einer Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NR: 264 oder gemäß SEQ ID NR: 292;
- (iii) eine für ein DUS1L-Polypeptid codierende Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293.

63. Isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe:

- (I) eine Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293;
- (ii) eine Polypeptidsequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Aminosäuresequenzidentität zu der Polypeptidsequenz gemäß SEQ ID NR: 265 oder gemäß SEQ ID NR: 293;
- (iii) Derivate von beliebigen der Polypeptidsequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

64. Konstrukt, umfassend:

- (a) eine Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Ansprüche 47 bis 53 oder 62 definiert;
- (b) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
- (c) eine Transkriptionsterminationsequenz.

65. Konstrukt gemäß Anspruch 64, wobei die Steuerungssequenz ein konstitutiver Promotor ist.

66. Konstrukt gemäß Anspruch 65, wobei es sich bei dem konstitutiven Promotor um einen GOS2-Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor aus Reis, ganz besonders bevorzugt eine GOS2-Sequenz gemäß SEQ ID NR: 295 handelt.

67. Verwendung eines Konstrukts gemäß einem der Ansprüche 64 bis 66 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, wobei es sich bei den erhöhten Ertragsmerkmalen um eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen handelt.

68. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß einem der Ansprüche 64 bis 66 transformiert ist.

69. Verfahren für die Produktion von transgenen Pflanzen mit erhöhten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:

- (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Ansprüche 47 bis 53 oder 62 definiert, in einer Pflanze, einem Pflanzenteil oder einer Pflanzenzelle; und

(ii) Kultivieren der Pflanzenzelle, des Pflanzenteils bzw. der Pflanze unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

70. Transgene Pflanze mit erhöhten Ertragsmerkmalen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welche aus der erhöhten Expression einer isolierten Nukleinsäuresequenz resultieren, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Ansprüche 47 bis 53 oder 62 definiert, oder eine transgene Pflanzenzelle oder ein transgener Pflanzenteil, welcher aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.

71. Transgene Pflanze gemäß Anspruch 61, 68 oder 70, wobei die Pflanze eine Kulturpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Teff, Zuckerrohr und Hafer ist, oder eine aus der transgenen Pflanze abgeleitete transgene Pflanzenzelle.

72. Erntefähige Teile, umfassend eine isolierte Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, von einer Pflanze gemäß Anspruch 71, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Samen sind.

73. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Anspruch 71 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Anspruch 72 abgeleitet sind.

74. Verwendung einer Nukleinsäuresequenz, die für ein DUS1L-Polypeptid codiert, wie in einem der Ansprüche 47 bis 53 oder 62 definiert, zum Erhöhen von Ertragsmerkmalen, umfassend eines oder mehrere aus: erhöhter oberirdischer Biomasse, erhöhtem Samenertrag pro Pflanze, erhöhter Anzahl an gefüllten Samen und erhöhter Gesamtzahl an Samen.

75. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das Polypeptid eine BAH-Domäne und eine PHD-Domäne umfasst.

76. Verfahren gemäß Anspruch 75, wobei das ES43-ähnliche Polypeptid eine Domäne mit einer Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zur Aminosäuresequenz von SEQ ID NR: 374 (BAH-Domäne von SEQ ID NR: 299) oder zur Aminosäuresequenz von SEQ ID NR: 375 (PHD-Domäne von SEQ ID NR: 299) umfasst.

77. Verfahren gemäß Anspruch 75 oder 76, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Expressieren einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

78. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 75 bis 77, wobei die Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, für ein beliebiges der in Tabelle A4 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Abschnitt einer derartigen Nukleinsäure oder eine Nukleinsäure ist, die zum Hybridisieren mit einer derartigen Nukleinsäure in der Lage ist.

79. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 75 bis 78, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A4 angegebenen Proteine codiert.

80. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 75 bis 79, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, vorzugsweise eine erhöhte Biomasse und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.

81. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 75 bis 80, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nicht-stressbedingungen erhalten werden.

82. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 75 bis 80, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen und/oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.

83. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 77 bis 82, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.

84. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 75 bis 83, wobei die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Brassicaceae, noch mehr bevorzugt aus der Gattung Arabidopsis, ganz besonders bevorzugt aus Arabidopsis thaliana.

85. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Ansprüche 75 bis 84, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, umfasst.

86. Konstrukt, umfassend:

- (a) Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 75 oder 76 definiert;
- (b) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
- (c) eine Transkriptionsterminationsequenz.

87. Konstrukt gemäß Anspruch 86, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.

88. Verwendung eines Konstrukts gemäß Anspruch 86 oder 87 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

89. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Anspruch 86 oder 87 transformiert ist.

90. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:

- (a) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 75 oder 76 definiert, in einer Pflanze; und
- (b) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

91. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 75 oder 76 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.

92. Transgene Pflanze gemäß Anspruch 85, 89 oder 91, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff, Milo und Hafer ist.

93. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Anspruch 92, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.

94. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Anspruch 18 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Anspruch 93 abgeleitet sind.

95. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

96. isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 308, 370 und 372;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 308, 370 und 372;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidsequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A4, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(vi) eine Nukleinsäure, die für ein ES43-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 und eine beliebige der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A4 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

97. Isoliertes Polypeptid aus der folgenden Reihe:

(i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373;

(ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 309, 371 und 373 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A4, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

98. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das HON5-ähnliche Polypeptid eine Histone-H1/H5-Domäne (Pfam: PF00538; Interpro: IPR005818) und mindestens zwei, vorzugsweise zwei, drei, vier, fünf, sechs oder sieben AT-Hook-Domänen (Pfam: PF02178; InterPro: IPR000637) umfasst.

99. Verfahren gemäß Anspruch 98, wobei das HON5-ähnliche Polypeptid eine oder mehrere der folgenden Motive umfasst:

(i) Motiv I (SEQ ID NR: 411): Y[ASK]EMI[YC]TAI[AGT]AL[KN][ED][PK]DGSS[KR]RAI[AS][KR]YIERA[YF][TP][GD]LP[PS]AH[SD][AD]LLTHHLK[RT]L[KR]

(ii) Motiv II (SEQ ID NR: 412): GLLV[ML]VK[KH]SYKL[AP][RS]S

(iii) Motiv III (SEQ ID NR: 413): SA[PS][PQS]GQKRGRPPKPK

wobei Aminosäuren in Klammern für alternative Aminosäuren in dieser Position stehen.

100. Verfahren gemäß Anspruch 98 oder 99, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Expressieren einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

101. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 98 bis 100, wobei die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A5 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.

102. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 98 bis 101, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A5 angegebenen Proteine codiert.

103. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 98 bis 102, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, vorzugsweise einen erhöhten Ernteindex und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.

104. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 98 bis 103, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Nichtstressbedingungen erhalten werden.

105. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 98 bis 103, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen, Salzstressbedingungen oder Stickstoffmangelbedingungen erhalten werden.

106. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 100 bis 105, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.

107. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 98 bis 106, wobei die Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnlichen Polypeptid codiert, pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, weiter bevorzugt aus der Gattung Populus, am meisten bevorzugt aus Populus trichocarpa.

108. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Ansprüche 98 bis 107, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, umfasst.

109. Konstrukt, umfassend:

- (i) Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 98 oder 99 definiert;
- (ii) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (i) in der Lage sind; und gegebenenfalls
- (iii) eine Transkriptionsterminationsequenz.

110. Konstrukt gemäß Anspruch 109, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.

111. Verwendung eines Konstrukts gemäß Anspruch 109 oder 110 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Ernteindex und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

112. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Anspruch 109 oder 110 transformiert ist.

113. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Ernteindex und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:

- (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 98 oder 99 definiert, in einer Pflanze; und
- (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

114. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhtem Ernteindex und/oder erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, wie in Anspruch 98 oder 99 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.

115. Transgene Pflanze gemäß Anspruch 108, 112 oder 114, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff, Milo und Hafer ist.

116. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Anspruch 115, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.

117. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Anspruch 115 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Anspruch 116 abgeleitet sind.

118. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der: Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

119. Isoliertes Nukleinsäuremolekül aus der folgenden Reihe:

- (i) eine Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 393 und 395;
- (ii) das Komplement einer Nukleinsäure gemäß einer von SEQ ID NR: 393 und 395;
- (iii) eine Nukleinsäure, die für das Polypeptid gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 codiert, vorzugsweise aufgrund der Degeneration des genetischen Codes, wobei die isolierte Nukleinsäure von einer Polypeptidse-

quenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 abgeleitet werden kann und weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(iv) eine Nukleinsäure mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu einer beliebigen der Nukleinsäuresequenzen aus Tabelle A5, die weiterhin vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(v) ein Nukleinsäuremolekül, das mit einem Nukleinsäuremolekül von (i) bis (iv) unter stringenten Hybridisierungsbedingungen hybridisiert und vorzugsweise gesteigerte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt;

(vi) eine Nukleinsäure, die für ein HON5-ähnliches Polypeptid mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 und eine beliebige der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A5 codiert, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

120. Isoliertes Polypeptid aus. der folgenden Reihe:

(i) eine Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396;

(ii) eine Aminosäuresequenz mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Sequenzidentität zu der Aminosäuresequenz gemäß einer von SEQ ID NR: 394 und 396 und einer beliebigen der anderen Aminosäuresequenzen in Tabelle A5, die vorzugsweise verstärkte Ertragsmerkmale in Bezug auf Kontrollpflanzen vermittelt.

(iii) Derivate von beliebigen der Aminosäuresequenzen gemäß (i) oder (ii) oben.

121. Verfahren zur Steigerung von Ertragsmerkmalen in Pflanzen im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend das Modulieren der Expression einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, in einer Pflanze, wobei das GSA1-Polypeptid eine oder mehrere der Domänen 1 bis 3 umfasst:

Domäne 1: VPS[IV]EMVRFVNSGTEAC[ML][GS][VA]LRL[AM]RA[FY]TGREK[IV][IL]KFEGCYHGHAD[PS]FLVK

Domäne 2: SPVRAFKSVGGQP[IV]V[F]I[D][SR]VKG[SA][HRY][MA]WD[IV]DGN[EK]Y[IV]DYVGSWGPAAIGH-ADD

Domäne 3: AQEYFGITPD[LV]TT[LM]GK[IV]IGGGLPVGAYGG[RK][RK][ED]IMEMVAPAGPMYQAGTLS

oder eine Domäne mit, mit zunehmender Präferenz, mindestens 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% Gesamtsequenzidentität zu einer oder mehreren der Domänen 1 bis 3.

122. Verfahren gemäß Anspruch 121, wobei die modulierte Expression durch Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, in einer Pflanze bewirkt wird.

123. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 121 bis 122, wobei die für ein GSA1-Polypeptid codierende Nukleinsäure für eines der in Tabelle A6 aufgelisteten Proteine codiert oder ein Teil einer solchen Nukleinsäure oder eine zum Hybridisieren mit einer solchen Nukleinsäure fähige Nukleinsäure ist.

124. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 121 bis 123, wobei die Nukleinsäuresequenz für ein Ortholog oder Paralog von einem der in Tabelle A6 angegebenen Proteine codiert.

125. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 121 bis 124, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale einen erhöhten Ertrag, vorzugsweise eine erhöhte Biomasse und/oder einen erhöhten Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen umfassen.

126. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 121 bis 125, wobei die gesteigerten Ertragsmerkmale unter Dürrestressbedingungen erhalten werden.

127. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 122 bis 126, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem konstitutiven Promotor, vorzugsweise mit einem GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt mit einem GOS2-Promotor aus Reis, verbunden ist.

128. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 121 bis 127, wobei die für ein GSA1-Polypeptid codierende Nukleinsäure pflanzlichen Ursprungs ist, vorzugsweise aus einer dikotylen Pflanze, besonders bevorzugt aus der Familie Salicaceae, noch mehr bevorzugt aus der Gattung Populus, ganz besonders bevorzugt aus Populus trichocarpa.

129. Pflanze oder Teil davon, einschließlich Samen, erhältlich durch ein Verfahren gemäß einem der Ansprüche 121 bis 128, wobei die Pflanze oder der Teil davon eine rekombinante Nukleinsäure, die für ein GSA1-ähnliches Polypeptid codiert, umfasst.

130. Konstrukt, umfassend:

- (i) Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, wie in Anspruch 1 definiert;
- (ii) eine oder mehrere Steuerungssequenzen, die zum Antreiben der Expression der Nukleinsäuresequenz von (a) in der Lage sind; und gegebenenfalls
- (iii) eine Transkriptionsterminationsequenz.

131. Konstrukt gemäß Anspruch 130, wobei es sich bei einer der Steuerungssequenzen um einen konstitutiven Promotor, vorzugsweise einen GOS2-Promotor, ganz besonders bevorzugt einen GOS2-Promotor aus Reis handelt.

132. Verwendung eines Konstrukts gemäß Anspruch 130 oder 131 in einem Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

133. Pflanze, Pflanzenteil oder Pflanzenzelle, die bzw. der mit einem Konstrukt gemäß Anspruch 130 oder 131 transformiert ist.

134. Verfahren zur Herstellung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag im Vergleich zu Kontrollpflanzen, umfassend:

- (i) Einbringen und Exprimieren einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, wie in Anspruch 120 definiert, in einer Pflanze; und
- (ii) Kultivieren der Pflanzenzelle unter Bedingungen, welche Pflanzenwachstum und -entwicklung fördern.

135. Transgene Pflanze mit erhöhtem Ertrag, insbesondere erhöhter Biomasse und/oder erhöhtem Samenertrag, im Vergleich zu Kontrollpflanzen, welcher aus der modulierten Expression einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, wie in Anspruch 120 definiert, resultiert, oder eine transgene Pflanzenzelle, die aus der transgenen Pflanze abgeleitet ist.

136. Transgene Pflanze gemäß Anspruch 129, 133 oder 135, oder eine daraus abgeleitete transgene Pflanzenzelle, wobei die Pflanze eine Nutzpflanze wie Zuckerrübe oder eine Monokotyle oder ein Getreide wie Reis, Mais, Weizen, Zuckerrohr, Gerste, Hirse, Roggen, Triticale, Sorghum, Emmer, Dinkel, Secale, Einkorn, Teff, Milo und Hafer ist.

137. Erntefähige Teile einer Pflanze gemäß Anspruch 136, wobei die erntefähigen Teile vorzugsweise Sprossbiomasse und/oder Samen sind.

138. Produkte, die aus einer Pflanze gemäß Anspruch 136 und/oder aus erntefähigen Teilen einer Pflanze gemäß Anspruch 137 abgeleitet sind.

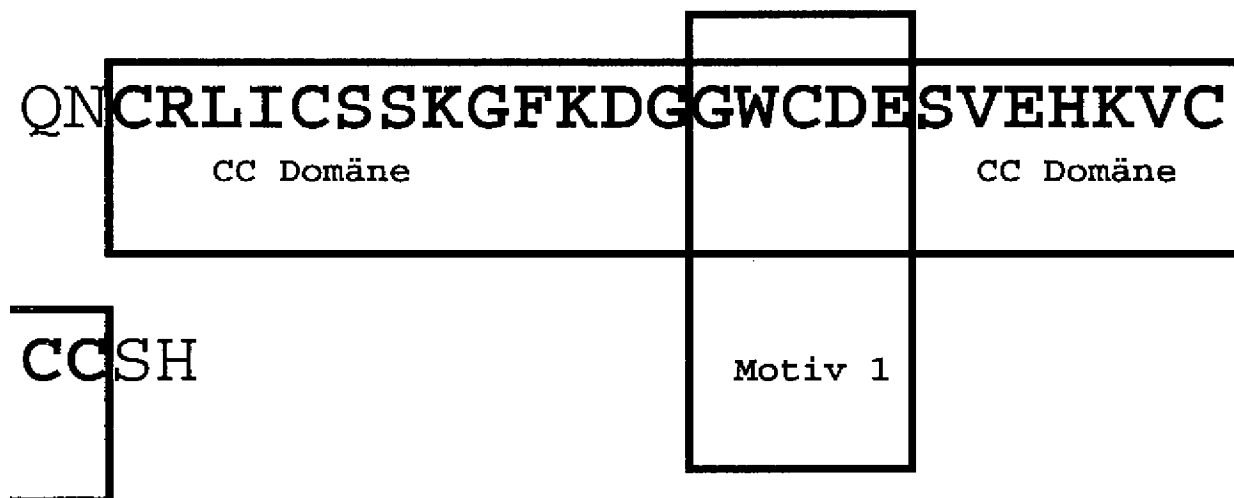
139. Verwendung einer Nukleinsäure, die für ein GSA1-Polypeptid codiert, bei der Erhöhung des Ertrags, insbesondere bei der Erhöhung des Samenertrags und/oder der Sprossbiomasse in Pflanzen, im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

Es folgen 52 Blatt Zeichnungen

Anhängende Zeichnungen

MAVMKSSTMVALLLAVAILLSSLSPCYE

AGGCIGKPKKSPPPRKPYPFSSYSEDH



FIGUR 1

	1	50
A.arenosa_x_thaliana_TA52_378006_1	(1)	-----
B.napus_BN06MS42331943.f_k04_1_40488_1	(1)	-----
V.corymbosum_CV091429_1	(1)	-----
V.corymbosum_TA638_69266_1	(1)	-----
B.vulgaris_DV501764_1	(1)	-----
B.pendula_CD278481_1	(1)	-----
C.reticulata_x_temple_DN795225_1	(1)	-----
P.dulcis_TA313_3755_1	(1)	-----
V.riparia_TA839_96939_1	(1)	-----
L.serriola_TA5233_75943_1	(1)	-----
S.indicum_TA1114_4182_1	(1)	-----ME
G.biloba_DR064764_1	(1)	-----
P.abies_TA1522_3329_1	(1)	-----MA
P.sitchensis_TA10405_3332_1	(1)	-----MA
P.abies_TA1523_3329_1	(1)	-----MA
P.engelmannii_x_glauca_CO203682_1	(1)	MPGLDESRLPKPEEYDLTTFSTCPFLTTPDPKLSVWCGRTERRSIMA
P.pinaster_BX678743_1	(1)	-----MA
P.taeda_TA16676_3352_1	(1)	-----MA
P.pinaster_TA4882_71647_1	(1)	-----MA
P.taeda_TA3629_3352_1	(1)	-----MA
P.abies_TA2417_3329_1	(1)	-----MA
P.menziesii_TA1952_3357_1	(1)	-----MAG
P.pinaster_BX682074_1	(1)	-----
P.taeda_TA22888_3352_1	(1)	-----
P.pinaster_CR392675_1	(1)	-----
P.pinaster_TA4836_71647_1	(1)	-----
P.taeda_CO162523_1	(1)	-----
P.taeda_TA4949_3352_1	(1)	-----
T---M---_25296	(1)	-----MAV
Z.mays_DR787277_1	(1)	-----MAV
Z.mays_ZM07MC13625_57676372_13595_1	(1)	-----MAV
Z.mays_c62091609gm030403_7698_1	(1)	-----MAV
Z.mays_DQ245377_1	(1)	-----MAV
Z.mays_EC364520_1	(1)	-----MAV
Z.mays_c57759235gm030403_14494_1	(1)	-----MMAL
A.majus_AJ789814_1	(1)	-----
P.coccineus_TA3810_3886_1	(1)	-----
C.tetragonoloba_EG981304_1	(1)	-----
M.truncatula_AC169182_23.5_1	(1)	-----
G.max_TA67390_3847_1	(1)	-----
C.tetragonoloba_EG987480_1	(1)	-----
M.truncatula_AC169182_39.5_1	(1)	-----
A.hypogaea_EE124570_1	(1)	-----
P.coccineus_CA908259_1	(1)	-----
P.coccineus_CA908272_1	(1)	-----
P.coccineus_TA2699_3886_1	(1)	-----
A.thaliana_AT1G56233.1_1	(1)	-----MTI
B.napus_CD815839_1	(1)	-----MTT
Konsensus	(1)	-----

FIGUR 2

	51	100
A.arenosa_x_thaliana_TA52_378006_1	(1) -----MKLSLRFLSVLLLSIFMVLATTAEVSPVDN----	KICKTRSDRFS
B.napus_BN06MS42331943.f_k04_1_40488_1	(1) ---MEASRKVFSAMLLMVLVLLAATGEM---GGPVMVADARTCESQSHRPF	
V.corymbosum_CV091429_1	(1) ---MSRSVHWVSTIFLVVMLLMASTEM---GGR--VAEGRTCESQSQRFK	
V.corymbosum_TA638_69266_1	(1) ---MRRSVHWVSAIFLVVLLMASTEM---GGIG-VAEGRTCESQSQRFK	
B.vulgaris_DV501764_1	(1) ---MKLSMKPFAAIFLVLLVLLATEIG-----PRVAEARFCGTPSQRFK	
B.pendula_CD278481_1	(1) -----MATKSLGLFFFLIIFASQEM---VRP---SEARVCESKSHNFK	
C.reticulata_x_temple_DN795225_1	(1) -----MKSFFGIFLLLLILFASQEM---MVP---AEGRVCSQSHHFK	
P.dulcis_TA313_3755_1	(1) -----MERKSCIALVLLLFIVLASQEM---VVP---SEARVCQSQSHGFR	
V.riparia_TA839_96939_1	(1) -----MERKSLGIFFLLLILLASQEM---VVP---SEARVCESQSHKFE	
L.serriola_TA5233_75943_1	(1) --MVKISINGVFLVLLVLLVYEEERGGSGTVMMMMAEGRTCESQSHGFK	
S.indicum_TA1114_4182_1	(3) KKIGQWGGGAATACLVFLVLLVLLASREG---IMVEG---RTCESQSHGFK	
G.biloba_DR064764_1	(1) --MAKRMGSLSVFLVVLVLLVISLEMQA---EVAEA---RTCKTQSSKFK	
P.abies_TA1522_3329_1	(3) GKGVGGRLSALFLLVLLVISIG-MMQV---EVAEA---RMCKTPSSKFK	
P.sitchensis_TA10405_3332_1	(3) GKGVRGRLSALFLLVLLVISIG-MMQV---EVAEA---RMCKTPSSKFK	
P.abies_TA1523_3329_1	(3) AKGVGGRLSALF---LLVISIG-MMQV---EVAEA---RMCKTPSSKFK	
P.engelmannii_x_glauca_CO203682_1	(51) AKGVGGRLSALFLLVLLVISIG-MMQV---EVAEA---RMCKTPSSKFK	
P.pinaster_BX678743_1	(3) AKGVGTRLSALFLLVLLVISIG-IMEV---QVAEG---RMCKTPSSKFK	
P.taeda_TA16676_3352_1	(3) GKGVGTRLIALLFLLVLLVISIG-MMEV---QVAEG---RMCKTPSSKFK	
P.pinaster_TA4882_71647_1	(3) RSGLRTRFSAFLVLLVITMGMMMEV---QVAEG---RMCKTPSSKFK	
P.taeda_TA3629_3352_1	(3) GNGVGNRLSALFLLMLFVITMGMMMEV---QVAEG---RMCKTPSSKFK	
P.abies_TA2417_3329_1	(3) DKGVGSRLSAIFLLVLLVISIG-MMQL---EPAEG---RTCKTPSSKFK	
P.menziesii_TA1952_3357_1	(4) KLGVASRLSTLFLVLLVMSIG-MVQV---EVAEA---RQCKTSSKFK	
P.pinaster_BX682074_1	(1) ----MATMTRVAFVLLLIFFVITLQLV---EGVAG---NRTCKARSHKFK	
P.taeda_TA22888_3352_1	(1) ----MASFSRVALVLLLIFFVITLQLV---ESVAG---TRTCKARSHKFK	
P.pinaster_CR392675_1	(1) ----MATMTRVAFVLLLIFFAITLQLV---DGEMQIDGVAECKAISHKFK	
P.pinaster_TA4836_71647_1	(1) ----MATMTRVACVLLLIILAITLDGVA---G-----ERQCKAISHKFK	
P.taeda_CO162523_1	(1) ----MATMTRVVFVLLLIFFVIALDMQV---DGVAG---ERVCKAVSHKFK	
P.taeda_TA4949_3352_1	(1) ----MATMTRVAFVLLLIFFVIALEMPV---DGVAG---ERECKAVSHKFK	
T---M---_25296	(4) MKSS--TMVALLLAVAILSSLSPCYEA---GGCIGPKKSPPPRRPYFS	
Z.mays_DR787277_1	(4) MKSS--TIVALLLAVAILSSLSPCYEA---GGCIGPKKSPPPRRPYFS	
Z.mays_ZM07MC13625_57676372_13595_1	(4) MKSS--TIVALLLAVAILSSLSPCYEA---GGCIGPKKSPPPRRPYFS	
Z.mays_c62091609gm030403_7698_1	(4) MKSRTVIVAAVLLAVVILSSLCPCYEA---GGCIGPKKTPAP-KRPCFS	
Z.mays_DQ245377_1	(4) MKSRTVIVAAVLLAVVILSSLCPCYEA---GGCIGPKKTPAP-KRPCFS	
Z.mays_EC364520_1	(4) MKSSTVVAAVLLAVVILSSLSPCYEA---GGCIGPKKTPAP-KRPCFS	
Z.mays_c57759235gm030403_14494_1	(5) NGGWRKTFVSIILTTCLFVVVVIVLSCEAKGGVVPRLRPPFCFPYDREYC	
A.majus_AJ789814_1	(1) ---MGFNASSKCFAGIICLICILTSGQTVEAIR-----EP	
P.coccineus_TA3810_3886_1	(1) ----MKMIKSLIFFQILCIAVLLTSTCTS-----SDTPILRHEIVCHVGG	
C.tetragonoloba_EG981304_1	(1) ---MAFHIYQYQLLVILICIALILAFVETN--G-----YPLG	
M.truncatula_AC169182_23.5_1	(1) ---MAFSFYQSFLFLICIALVLPSG-----LAIGSVPDFQCIAPCEGLP	
G.max_TA67390_3847_1	(1) ---MAFHIYQRPVYLSVICIAMIFAAG---VVTCFESPLLS-----	
C.tetragonoloba_EG987480_1	(1) -MMTSRVTTLLHLVCIIVLIILFTEWGYEKKMMSGEAAVMDSQVLMGAETN	
M.truncatula_AC169182_39.5_1	(1) -----MVFLSGFATSFGG-----DPPGLRCR	
A.hypogaea_EE124570_1	(1) -MASPISQPSYLGILCIFFIILASTGPLFADGTTLPFG--RVCD-----	
P.coccineus_CA908259_1	(1) -MTRFCHPFLFNVLVLLVLTSDLNV---GGGAVAEPVTMIDEDLRFC	
P.coccineus_CA908272_1	(1) -MAFRLCHSFLFVLFVALVLT-----GGGAVAEPVTMIDEDLRFC	
P.coccineus_TA2699_3886_1	(1) -MASRPFCHSFLFVLFVALVLT-----GGGAVAEPVTMIDEDLRFC	
A.thaliana_AT1G56233.1_1	(4) KKFLPLLLSSLMVYSLIILPIISGKSP-----	
B.napus_CD815839_1	(4) KKMSSLLFLSLMVFILVSLPIISGDECTP-----K-	
Konsensus	(51) L AL LVVLLL I V R C S KFK	

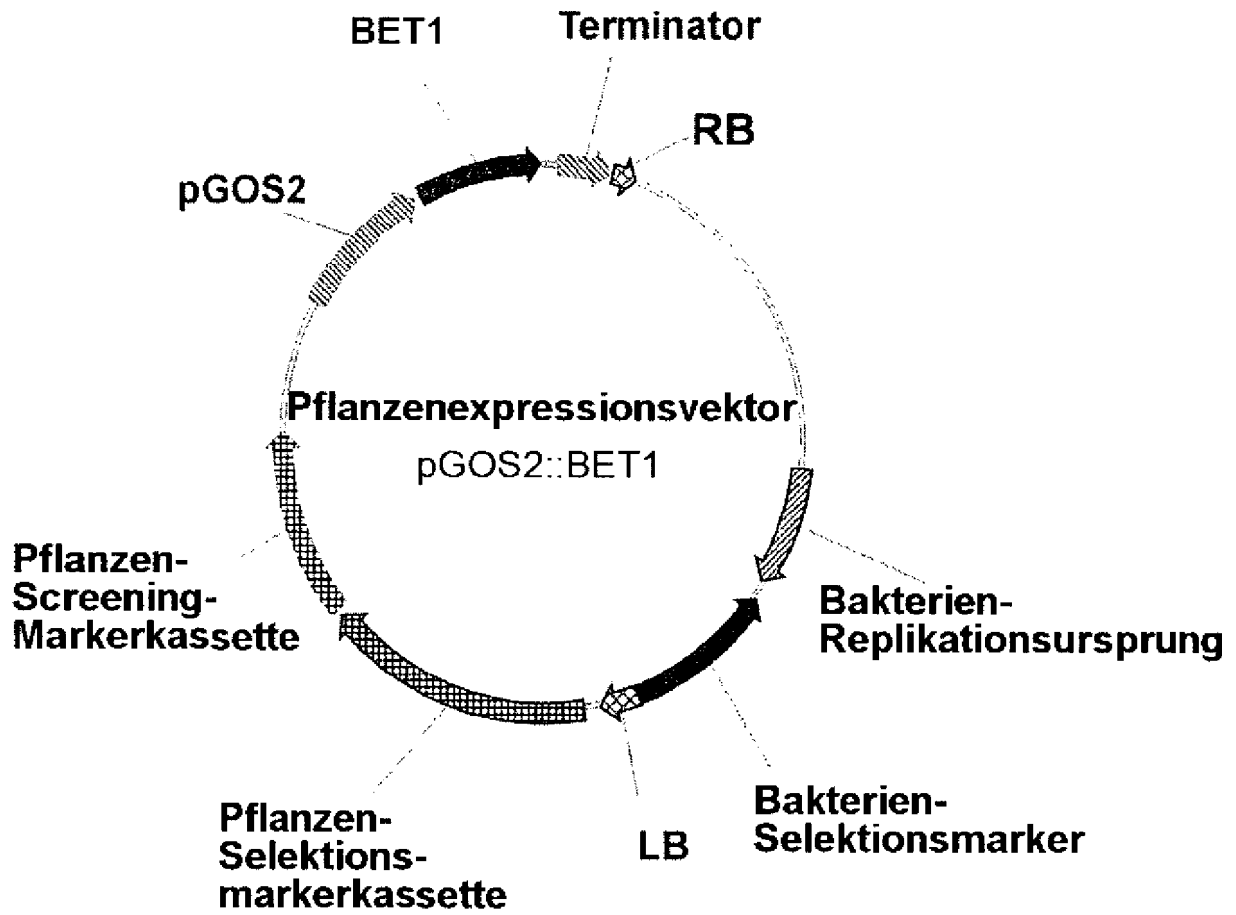
FIGUR 2 (Fortsetzung)

	101	150
A.arenosa_x_thaliana_TA52_378006_1	(42)	-----GVCLST----NNCAIICQQFEHFD--GGHCEF----DGAL
B.napus_BN06MS42331943.f_k04_1_40488_1	(45)	-----GPCARK----ANCAIVCNTEGFPPD--GDWHC-----VL
V.corymbosum_CV091429_1	(43)	-----GTCARK----SNCAAQCQTEGFQGG--GICRG-----FR
V.corymbosum_TA638_69266_1	(44)	-----GPCSTD----RNCGSVCETEGFQGG--GNCRG-----FR
B.vulgaris_DV501764_1	(42)	-----GLCVRK----RNCESVCNSEGFPPD--GSCQG-----AR
B.pendula_CD278481_1	(39)	-----GPCVSD----QNCGMVCRNEGFSA--GDCKG-----LR
C.reticulata_x_temple_DN795225_1	(38)	-----GACFSH----HNCAYVCRNEGFSG--GKCRG-----AR
P.dulcis_TA313_3755_1	(40)	-----GPCIRH----HNCALVCRNEGFSG--GRCRG-----FR
V.riparia_TA839_96939_1	(40)	-----GACVGD----HNCALVCRNEGFSG--GKCKG-----FR
L.serriola_TA5233_75943_1	(49)	-----GRCVSN----NNCGLVCRNEGFSG--GWCRG-----LR
S.indicum_TA1114_4182_1	(46)	-----GRCVTS----HNCGLVCRNEGFSD--GWCRG-----FR
G.biloba_DR064764_1	(42)	-----GYCLSD----TNCRNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.abies_TA1522_3329_1	(45)	-----GYCVSS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.sitchensis_TA10405_3332_1	(45)	-----GYCVSS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.abies_TA1523_3329_1	(42)	-----GYCVSS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.engelmannii_x_glauca_CO203682_1	(93)	-----GYCVSS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.pinaster_BX678743_1	(45)	-----GYCVSS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.taeda_TA16676_3352_1	(45)	-----GYCVSS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.pinaster_TA4882_71647_1	(46)	-----GYCVRS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.taeda_TA3629_3352_1	(46)	-----GYCVRS----TNCKNVCRTTEGFPT--GSCDF-----HVAS
P.abies_TA2417_3329_1	(45)	-----GVCASS----NNCKNVCQTEGFPS--GSCDF-----HVAS
P.menziesii_TA1952_3357_1	(46)	-----GYCGSS----TNCKNVCRTTEGFPA--GSCDF-----HVAS
P.pinaster_BX682074_1	(41)	-----GHCCKD----SNCKAICKTEGFDE--GSCHH-----HVHK
P.taeda_TA22888_3352_1	(41)	-----GHCCKN----ANCKAICKTEGFEE--GSCHH-----HVLK
P.pinaster_CR392675_1	(44)	-----GRCEKD----ANCKTICKTEGFED--GSCHHT----HLLK
P.pinaster_TA4836_71647_1	(37)	-----GRCEKD----ANCKTVCKTEGFED--GSCHHT----HLLK
P.taeda_CO162523_1	(41)	-----GHCCKD----ANCKSICKTEGFED--GSCHHT----HLLK
P.taeda_TA4949_3352_1	(41)	-----GHCCKD----ANCKSICKTEGFED--GSCHHT----HLLK
T---M---_25296	(49)	-----SYSED----HQNCRILICSSKGFKD--GGWCDE----SVEH
Z.mays_DR787277_1	(49)	-----SYSED----HQNCRILICSSKGFKD--GGWCDE----SVEH
Z.mays_ZM07MC13625_57676372_13595_1	(49)	-----SYSEDHDKDHQNCRLICSSKGFKD--GGWCDE----SVEH
Z.mays_c62091609gm030403_7698_1	(50)	-----PYSEDH--CDRQNCRFVCM SHGYS--GGWCDE----REVR
Z.mays_DQ245377_1	(50)	-----PYSEDH--CDRQNCRFVCM SHGYS--GGWCDE----REVR
Z.mays_EC364520_1	(50)	-----PYSEDH--CDRQNCRFVCM SHGYS--GGWCDE----REVR
Z.mays_c57759235gm030403_14494_1	(55)	TP-----FHCCKVQCYEYFNPAKNGGYCDKRG----DP
A.majus_AJ789814_1	(33)	-----VACIGNCSAFKNCQKACVARGYRR--GGACFGYS--KQN
P.coccineus_TA3810_3886_1	(41)	-----GACPDV----KGCMPFCQITGYKN--GGYVIP----RGS
C.tetragonoloba_EG981304_1	(32)	-----ELSCGGDCINIATCNRNICLNGFKK--GGLCVIQ----LKT
M.truncatula_AC169182_23.5_1	(43)	-----EQCPVFCNTRGFKR--GGGQVVR----PNG
G.max_TA67390_3847_1	(36)	-----CQERCIDDPICFKKGFVK--GGSCPKP----IILY
C.tetragonoloba_EG987480_1	(50)	NMKCCYDNLVFKCIPNTSDDANCNDMVCVNGFCK--GGFCKILRYKPSN
M.truncatula_AC169182_39.5_1	(22)	-----GQCKDP----QQCNQFCLNNGFKK--GGVCLASGA--NPNF
A.hypogaea_EE124570_1	(41)	-----EPCQGYG----NCATSCVQKGFGRG--GSCIGV----IPRV
P.coccineus_CA908259_1	(47)	-----GLCTGN----CKEDCASKGFKS--GFCIQ----QGSL
P.coccineus_CA908272_1	(43)	-----GLCTGN----CKEDCASKGFKS--GFCIQ----QGSL
P.coccineus_TA2699_3886_1	(43)	-----GLCTGN----CKEDCASKGFKS--GFCVQ----QGSL
A.thaliana_AT1G56233.1_1	(31)	-----VSCDGACTSTPQCCKICTSKGYKK--GICHG----SAHLF
B.napus_CD815839_1	(34)	-----GPCEDT----KKCNIVCLLLGFKY--GGFCDTYG----T
Konsensus	(101)	G C NCK VC TEGF G C

FIGUR 2 (Fortsetzung)

	151	174
A.arenosa_x_thaliana_TA52_378006_1	(72) RRCMCTKQCNN-----	
B.napus_BN06MS42331943.f_k04_1_40488_1	(72) ILCMCSKPCS-----	
V.corymbosum_CV091429_1	(70) RRCFCTKHCA-----	
V.corymbosum_TA638_69266_1	(71) RRCFCTKHME-----	
B.vulgaris_DV501764_1	(69) RRCICNRPAK-----	
B.pendula_CD278481_1	(66) RRCFCTRSC-----	
C.reticulata_x_temple_DN795225_1	(65) RRCFCSKLC-----	
P.dulcis_TA313_3755_1	(67) RRCFCTRLC-----	
V.riparia_TA839_96939_1	(67) RRCFCTKLC-----	
L.serriola_TA5233_75943_1	(76) GRCFCTKDC-----	
S.indicum_TA1114_4182_1	(73) GRCFCTRPC-----	
G.biloba_DR064764_1	(71) RKCICYKPCV-----	
P.abies_TA1522_3329_1	(74) RKCICYKPCP-----	
P.sitchensis_TA10405_3332_1	(74) RKCICYKPCP-----	
P.abies_TA1523_3329_1	(71) RKCICYKPCP-----	
P.engelmannii_x_glauca_CO203682_1	(122) RKCICYKPCP-----	
P.pinaster_BX678743_1	(74) RKCICYKPCP-----	
P.taeda_TA16676_3352_1	(74) RKCICYKPCP-----	
P.pinaster_TA4882_71647_1	(75) RKCICYKPCP-----	
P.taeda_TA3629_3352_1	(75) RKCICYKPCP-----	
P.abies_TA2417_3329_1	(74) RKCICYKPCP-----	
P.menziesii_TA1952_3357_1	(75) RKCICYKPCP-----	
P.pinaster_BX682074_1	(70) KRCFCEKPC-----	
P.taeda_TA22888_3352_1	(70) KRCFCEKPC-----	
P.pinaster_CR392675_1	(74) KKCLCSKHC-----	
P.pinaster_TA4836_71647_1	(67) EKCLCSKHC-----	
P.taeda_CO162523_1	(71) KKCLCSKHC-----	
P.taeda_TA4949_3352_1	(71) KKCLCSKHC-----	
T----M----_25296	(79) KVCCCSH-----	
Z.mays_DR787277_1	(79) KVCCCSH-----	
Z.mays_ZM07MC13625_57676372_13595_1	(83) KVCCCSH-----	
Z.mays_c62091609gm030403_7698_1	(83) KMCCCYH-----	
Z.mays_DQ245377_1	(83) KLCCCYH-----	
Z.mays_EC364520_1	(83) KLCCCYH-----	
Z.mays_c57759235gm030403_14494_1	(83) WKCCCPY-----	
A.majus_AJ789814_1	(68) LTCCNRGW-----	
P.coccineus_TA3810_3886_1	(70) ERCCCIL-----	
C.tetragonoloba_EG981304_1	(67) SVCCKT-----	
M.truncatula_AC169182_23.5_1	(67) KKCCCLPNPPELR-----	
G.max_TA67390_3847_1	(68) FLCCCMK-----	
C.tetragonoloba_EG987480_1	(98) RYCHCAC-----	
M.truncatula_AC169182_39.5_1	(55) KICCCHS-----	
A.hypogaea_EE124570_1	(71) ILCCCFKH-----	
P.coccineus_CA908259_1	(74) NQCCCL-----	
P.coccineus_CA908272_1	(70) NQCCCL-----	
P.coccineus_TA2699_3886_1	(70) NQCCCL-----	
A.thaliana_AT1G56233.1_1	(65) YICCCYAKFESQYDPSISSPPNY-----	
B.napus_CD815839_1	(63) TFCCITSKTPPISSLPEH-----	
Konsensus	(151) RKC C K C	

FIGUR 2 (Fortsetzung)



FIGUR 3

	1	50
A.formosa_TA8804	(1)	-----MAKLASINSTSCTKYKLLLLLQPLLLLSLYF
C.maculosa_TA223	(1)	-----MSNHGVGRSSSLSLIFGALLFVLLLSI
P.trifoliata_TA7309	(1)	-----MMLKLLVLFVLF
E.esula_TA10075	(1)	-----MGKLCLLKLELLPFLILIL
M.domestica_TA28184	(1)	-----MAKRQK--HDELLLLLVLSLSSFC
M.truncatula_TA23636	(1)	-----MAENAS-----TELKMFVLFCLLL
V.vinifera_GSVIVT00025039001	(1)	-----MGFLSNSSGFSDMLKLLLLLPLLLSFL
A.thaliana_AT1G08450_CRT3	(1)	-----MGLPQNKLS---FFCFFFLVSVLTL
B.napus_BPS_33882	(1)	-----MGLTQNKLKSFHLFVLFVLFSLTL
G.raimondii_TA11257	(1)	-----MGKLVNRSFVLLVFLVFLHFL
P.trichocarpa_VII.148	(1)	-----MEKKLRLHVQALKLLFLFTIHLFL
H.vulgare_TA32081	(1)	-----MCSSRRRGDRQLQLLHRLALSWL
T.aestivum_TA53764	(1)	-----MGSSRRRGDRHLKLLHRLALSSL
O.sativa_Os01g67054.1	(1)	-----MLAALPSHRSSLVFSGEPPAMGSRSGGRHRLFLRFIALWSL
Z.mays_TA15627	(1)	-----MGTGRRGGGGGGVPHRLALSSL
O.sativa_Os05g43170.1	(1)	-----MGRLLRGGVGLLRGAVVLSL
S.bicolor_TA24664	(1)	-----MPMGRLRDG-RAFLHRAVLVSSL
Z.mays_BPS_22383	(1)	-----MGRLRDG-RAFLHRAVLVSSL
P.patens_164102	(1)	-----MAAPP-----ALFPALLLVLSV
C.reinhardtii_TA11983	(1)	-----MKWGVVAVLATL
P.pinaster_TA4383	(1)	-----MAGRR-----SLLYAVLLLLLF
P.taeda_TA5639	(1)	-----MAGRR-----TLLYAVFLLLLF
W.mirabilis_TA538	(1)	-----MAAGR-----SLSCATILLLF
P.sitchensis_TA20930	(1)	-----MASGG-----LVKLGILLICF
B.distachyon_TA448	(1)	-----MPALAR-----SPSFAVLAVLAL
O.sativa_Os03g0832200	(1)	-----MATPRRS-----AAVAAVVALAS
H.vulgare_TA38555	(1)	-----MAVLARS-----AAVVALALSLL
T.aestivum_TA74192	(1)	-----MAVLARS-----AAVAALALALL
S.bicolor_TA25211	(1)	-----MAILERSSSPAASVAVALALAS
H.vulgare_BPS_7785	(1)	-----MAIRRGSS-----CAVLALLALAS
T.aestivum_TA50840	(1)	---MGSDRIGVKASTSSRLDCRRPEMAIRRGSS-----CAVLALLALAS
S.bicolor_TA20922	(1)	-----MAIRRGPS-----YAVAALLALAS
Z.mays_TA170881	(1)	-----MAIRKGSS-----YAVAALLALAS
O.sativa_Os07g0246200	(1)	-----MAIRARSSS---YAAAVALALALAS
A.trichopoda_TA1102	(1)	-----MAGRS-----LLCLSFLLL
A.thaliana_AT1G09210_CRT2	(1)	-----MAKMI-PS-----LVSLILIGL
B.napus_BPS_28478	(1)	-----MAKLI-LG-----LVSLILIGL
A.thaliana_AT1G56340_CRT1	(1)	-----MAKLN-PK-----FISLILFAL
B.napus_TA20659	(1)	-----MAKLN-PN-----FISLILIGL
A.formosa_TA9419	(1)	-----MAIRR-KNP---SFLGFILLSVFL
C.annuum_TA4292	(1)	-----MATQRRKSP---SSLYLIAVFSLL
S.habrochaites_TA1435	(1)	-----MATRRMKRP---SSLHLVAVFSLL
S.lycopersicum_TA36564	(1)	-----MATRRMKSP---SSLHLVAVFSLL
S.tuberosum_TA24720	(1)	-----MATRRMKSP---SSLHLVAVFSLL
G.hirsutum_TA20990	(1)	-----MSTTMANHK-RFP---NFVSLILLS-L
G.raimondii_TA8857	(1)	-----MSTTMANHK-RFP---NFVSLILLS-L
G.raimondii_TA8860	(1)	-----MAIPK-RNP---IFLSVIFVS-L
I.nil_TA5002	(1)	-----MAALRR-LNS---VFLSLAKLYLL
C.endivia_TA1106	(1)	-----MATQK-FS-----GIAFLSLLLL
C.solstitialis_TA9	(1)	-----MAKLR-LNP---S-SLGLSLLLL
H.annuus_TA7525	(1)	-----MAIRR-LNP---K-SLSFSLLLLL
H.argophyllus_TA1300	(1)	-----MAIRR-LNH---K-SLSFSLLLLL
L.serriola_TA711	(1)	-----MANRR-LNP---T-SLAFLALLLL
O.basilicum_TA646	(1)	MNRRGLLLILISHQVIHYSAAMAIVQRRSL-ITT---L-LSVALTSLLL
B.vulgaris_TA7257	(1)	-----MENRG-RNP---S-FLSLLLLLSL
M.domestica_TA24948	(1)	-----MAFRV-RNS---S-SLSLVLLSL
P.persica_TA3474	(1)	-----MAFRV-PNS---S---LLSLILLSL
G.max_BPS_38275	(1)	-----MAFRV-RSP---D---LRSLFLLSL
P.vulgaris_TA3122	(1)	-----MAMAMAFRV-RNP---D---LRSLILLSL
L.japonicus_TA548	(1)	-----MALRV-R-----SLILLCL
M.truncatula_AC149474	(1)	-----MAIRV-RNP---N---LLSLVLFSL
P.trichocarpa_133.107	(1)	-----MGNPK-T-----L---SLSLILFSL
P.trichocarpa_729432	(1)	-----MANP-----K---IIPILFSL
R.communis_U74630	(1)	-----MANP-----K---SLSLFLLSL
V.vinifera_TA38405	(1)	-----MAIRG-RNP---NPIFLSLALFSL
Konsensus	(1)	MA L LLLL L

FIGUR 4

	51	100
A.formosa_TA8804	(30)	FKYSVSEIIFEERFEDG-WQSRWVKSDWKKSEGKAGSFKHTAGKWSGDPE
C.maculosa_TA223	(27)	CDFSYSSEIIFEERFEDG-WQSRWVKSDWKRSEGKAGNFKHTAGSWSGDPP
P.trifoliata_TA7309	(12)	FQISVSEIIFEERFDDG-WRSRWVSDWKRSEGKAGYFKHTAGKWHGDDP
E.esula_TA10075	(20)	AQLSLAEIIFEERFDDG-WHSRWVKSDWKKSEGKAGTFKHTAGKWNDDP
M.domestica_TA28184	(24)	FRSSLSEIIFEERFDDGWRSRWVKSDWKSSEGKAGSFKHTAGKWAGDHD
M.truncatula_TA23636	(20)	IQVSLSEVI FEERFEDG-WRSRWVRSWVKSDWKSSEGKAGSFKHTAGKWAGDDP
V.vinifera_GSVIVT00025039001	(28)	LTFSLSEVI FEERFEDG-WQSRWVKSDWKKSEGKAGSFKHTAGKWAGDDP
A.thaliana_AT1G08450_CRT3	(23)	APLAFSEIFLEEHFEGG-WKSRWVLSWVKRNEGKAGTFKHTAGKWPDDP
B.napus_BPS_33882	(26)	TPLAFSEIIFEEHFEGG-WKSRWVLSWVKRNEGKAGTFKHTAGKWPDDP
G.raimondii_TA11257	(23)	PDFALSEIIFEERFEDG-WKSRWVLSWVKRSEGKAGTFKHTAGKWSGDPP
P.trichocarpa_VII.148	(28)	FPVTLSEIIFEERFQDG-WKDRWVLSWVKRSEGKAGTFKYTAGKWPDDP
H.vulgare_TA32081	(25)	LLLASGEVI FEERFEDG-WETRVRVKSVDWKRSEGKAGTFKHTAGKYSDDP
T.aestivum_TA53764	(25)	LLLASGEVI FEERFEDG-WETRVRVKSVDWKKSEGKAGMFKHTAGKYSDDP
O.sativa_Os01g67054.1	(42)	LLIAAGEVI FEERFEDG-WESRWVKSDWKRSEGKAGTFKHTAGRYSDDP
Z.mays_TA15627	(24)	LLLASGEVI FEERFDDG-WETRWRVSDWKRSEGKAGTFKHTAGRYSDDP
O.sativa_Os05g43170.1	(22)	LLVVSGEVI FEERFDDG-WGSRWVKSDWKKSEGKAGTFKHTAGRYSDDP
S.bicolor_TA24664	(23)	LLLASGEIIFEERFDDG-WDSRWVKSDWKKSQGQTGTFRHTAGTYSDDP
Z.mays_BPS_22383	(21)	LLLASGEIIFEERFDDG-WDSRWVKSDWKKSQGQAGTFRHTAGTYSDDP
P.patens_164102	(18)	VCLAACEVI FQERFDDG-WESRWIQSNWKKSQGLNGNFVHTPGKWYGDEN
C.reinhardtii_TA11983	(13)	VVAASAKDYFKETFDDG-WADRWTKSSWVKSDGSAGEFKLTAGKWYGDAAE
P.pinaster_TA4383	(17)	VTFVSAEVFFEERFDDG-WESRWVQSDWKKDESLAGDWWHTAGKWNDDPN
P.taeda_TA5639	(17)	VTLVSAEVFFEERFDDG-WESRWVQSDWKKDESLAGDWWHTAGKWNDDPN
W.mirabilis_TA538	(17)	ASIASAKVFFEERFEDG-WEKRWVHSDWKKDEKMGAEWVHTSGKWNDDPN
P.sitchensis_TA20930	(17)	ASISSAHVYLDERFDDG-WENRWVSDWKKDEGAAGEWLHTAGKWNDDPN
B.distachyon_TA448	(19)	ATAVAGEVFFQEKFDDG-WVDRWVKSEWKKEDNTAGAWNHTSGKWNDDAE
O.sativa_Os03g0832200	(20)	VAAVAGEVFFQEKFDDG-WEDRWVKSEWKKDDNRAGAWNHTSGKWYGDAD
H.vulgare_TA38555	(20)	VSAAGEVFFQEKFDDG-WEDRWVKSEWKKEDNTAGAWNHTSGKWNDDAD
T.aestivum_TA74192	(20)	VSAVAGEVFFQEKFDDG-WEDRWVKSEWKKEDNTAGAWNHTSGKWNDDAD
S.bicolor_TA25211	(26)	VAGVAGEVFFQEKFDDG-WEDRWVKSDWKKDDNTAGAWNHTSGKWNDDAD
H.vulgare_BPS_7785	(20)	VAAVAADVFFQEKFEDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWHGDAAE
T.aestivum_TA50840	(43)	VAAVSADVFFQEKFEDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWHGDAAE
S.bicolor_TA20922	(20)	VAAVAGEVFFQEKFEDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAE
Z.mays_TA170881	(20)	VAAVAGEVFFQEKFEDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAE
O.sativa_Os07g0246200	(24)	VAAVAGEVFFQEKFEDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDPE
A.trichopoda_TA1102	(16)	IQNPLAKVLFEERFDDG-WEKRWVSDWKKDENMGSQWIHTSGKWTGDDPN
A.thaliana_AT1G09210_CRT2	(17)	VAIASAAVI FEERFDDG-WENRWVKSEWKKDDNTAGWKHTAGNWSGDAN
B.napus_BPS_28478	(17)	VAIASAAVI FEERFDDG-WENRWVKSEWKKDDQASAGAWNHTSGNWSGDAN
A.thaliana_AT1G56340_CRT1	(17)	VVIVSAEVI FEEKFEDG-WEKRWVKSDWKKDDNTAGWKHTAGNWSGDAN
B.napus_TA20659	(17)	VAIASASVI FEEKFEDG-WEKRWVKSDWKKDDNTAGWWSHTAGNWSGDAN
A.formosa_TA9419	(21)	VGIVSAEVFFEERFEDG-WENRWVKSDWKKDENMAGAWNHTAGKWHGDAN
C.annuum_TA4292	(22)	VASAAAQVFFEEHFDDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAN
S.habrochaites_TA1435	(22)	VVAAAAEVFFQESFNDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAN
S.lycopersicum_TA36564	(22)	VVAAAAEVFFQESFNDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAN
S.tuberosum_TA24720	(22)	VVAAAAEVFFEESFNDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAN
G.hirsutum_TA20990	(23)	VATASAEVFFEERFEDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDLN
G.raimondii_TA8857	(23)	VATASAEVFFEERFEDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDPN
G.raimondii_TA8860	(19)	LAIASAKVFFEERFEDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDPN
I.nil_TA5002	(21)	VAFVSAAGVFFEERFDDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDPN
C.endivia_TA1106	(18)	ISIASAKVFFEERFDDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAE
C.solstitialis_TA9	(20)	LSVASAKVFFEERFEDG-WESRWVKSDWKKEDNTAGAWNHTSGQWTDGAN
H.annuus_TA7525	(20)	FSIASAKVFFEERFEDG-WENKRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAN
H.argophyllus_TA1300	(20)	FSIASAKVFFEERFEDG-WENKRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAN
L.serriola_TA711	(20)	FSIASAKVFFEERFDDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDAN
O.basilicum_TA646	(45)	LAVASAAVFFEERFDDG-WESRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGKWNDDNP
B.vulgaris_TA7257	(20)	FAIASAKVFFEERFEDG-WEKRWVKSEWKKDESMAGAWNHTSGKWNDDAN
M.domestica_TA24948	(20)	LAIASAKVFFEERFEDG-WDKRWVKSDWKKREGLAGEWNHTSGKWNDDAN
P.persica_TA3474	(19)	LAIASAKVFFEERFEDG-WDKRWVTSWKKEDNTAGAWNHTSGKWNDDPN
G.max_BPS_38275	(19)	LSIASANVFFEERFDDG-WENRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGQWNGDAN
P.vulgaris_TA3122	(23)	LTIASAKVFFEERFEDG-WENRWVKSDWKKDENMAGAWNHTSGQWNGDAN
L.japonicus_TA548	(14)	FAIASAKVFFEERFDDG-WENRWVKSEWKKDESLAGAWNHTSGQWNGDAN
M.truncatula_AC149474	(19)	LSIASAKVFFEERFQDG-WESRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGQWNGDAN
P.trichocarpa_133.107	(17)	FAITSAKVFFEERFEDG-WENRWVSDWKKEDNTAGVWNHTSGKWNDDAN
P.trichocarpa_729432	(15)	FAIASAKVFFEERFEDG-WENSWVSDWKKEDNTAGVWNHTSGKWNDDPN
R.communis_U74630	(15)	LAIASAEVFFEERFEDG-WENRWVKSDWKKEDNTAGAWNHTSGKWNDDPN
V.vinifera_TA38405	(21)	LSIASAKVFFEERFHDDG-WENKRWVKSEWKKDENMAGAWNHTSGKWHGDPN
Konsensus	(51)	VAIASAEVFFEERFEDG WESRWVKSDWKKDEN AGAWNHTSGKWNDD N

FIGUR 4 (Fortsetzung)

	101	150
A. formosa_TA8804	(79)	-DKGIQTYPDAKHFAISAKI-PEFSNKDRTLVVQYSIKMEQDIECGGGYI
C. maculosa_TA223	(76)	-DKGIQTTDARHFSAISAKI-PEFNKNRNLVVLQYSIKIEQDIECGGGYI
P. trifoliata_TA7309	(61)	-DKGIQTHTDARHYAISAKI-PEFSNKNRNLVVLQYSIRFEQDIECGGGYL
E. esula_TA10075	(69)	-DKGIQTAGDAKHFAVSAKI-PEFTNKNRNLVVLQYSIRFEQDIECGGGYI
M. domestica_TA28184	(74)	-DRGIQTSNDAKHFAISAKI-PEFSNKNRNLVVLQYSIKFEQDIECGGGYI
M. truncatula_TA23636	(69)	-DKGIQTSNDAKHFAISAKI-PEFSNKNRNLVVLQYSIKFEQDIECGGGYM
V. vinifera_GSVIVT00025039001	(77)	-DKGIQTSNDARHFSAISAKI-PEFSNKNRNLVVLQYSIRFEQDIECGGGYI
A. thaliana_AT1G08450_CRT3	(72)	-NKGITQYNDAKHYAISAKI-PEFSNKNRNLVVLQYSVKIEQDIECGGGYI
B. napus_BPS_33882	(75)	-NKGITQYNDAKHYAISAKI-PEFSNKNRNLVVLQYSVKIEQDIECGGGYI
G. raimondii_TA11257	(72)	-DKGIQTYNDAKHYAISAKI-PEFSNKNRNLVVLQYSIKIEQDIECGGGYI
P. trichocarpa_VII.148	(77)	-DKGIQTYNDAKHFAISAKISPEFSNKNRNLVVLQYSIKFEQDIECGGGYI
H. vulgare_TA32081	(74)	-DKGIQTTIDARHFSAISAKI-PEFSNKGRTLVLVQYSIKFEQDIECGGGYI
T. aestivum_TA53764	(74)	-DKGIQTTIDARHFSAISAKI-PEFSNKGRTLVLVQYSIKFEQDIECGGGYI
O. sativa_Os01g67054.1	(91)	-DKGIQTTLDARHFSAISAKI-PEFSNKGRTLVLVQYSIKFEQDIECGGGYI
Z. mays_TA15627	(73)	-DKGIQTTIDARHFSAISAKF-PEFSNKNRNLVVLQYSIKFEQDIECGGGYI
O. sativa_Os05g43170.1	(71)	-DRGIQTTSDAKHFAISAKF-PEFSNKNRNLVVLQYSIKIEQDIECGGGYI
S. bicolor_TA24664	(72)	-DKGIQTTGDAKHFAISAKF-PEFSNKDRTLVLIQYSLKIEQDIECGGGYI
Z. mays_BPS_22383	(70)	-DKGIQTTGDAKHFAISAKF-PQFSNKDRTLVLIQYSLKIEQDIECGGGYI
P. patens_l64102	(67)	-DKGIQTSSTDSRYAISAIQIP-EFNKKGRTLVLVQYQVKHEQNIIECGGGYV
C. reinhardtii_TA11983	(62)	ADKGIQTGPDSKFFAISAPLATVFDNTGKDTVVQFSVKHEQDLDCGGGGYI
P. pinaster_TA4383	(66)	-DKGIQTHTDYRFFAISAAYP-EFSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGGV
P. taeda_TA5639	(66)	-DKGIQTHTDYRFFAISAAYP-EFSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGGV
W. mirabilis_TA538	(66)	-NKGITQTDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGGV
P. sitchensis_TA20930	(66)	-DKGIQTHPDARFFAISAEFP-EFNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGGV
B. distachyon_TA448	(68)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAIQFP-ELSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGGV
O. sativa_Os03g0832200	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAIQFP-EFSSKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGGV
H. vulgare_TA38555	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAIQFP-EFSSKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGGV
T. aestivum_TA74192	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAIQFP-ELRNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGYI
S. bicolor_TA25211	(75)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAIQFP-EFSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGYL
H. vulgare_BPS_7785	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLVQFTVKHEQKLDCCGGYV
T. aestivum_TA50840	(92)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLVQFTVKHEQKLDCCGGYV
S. bicolor_TA20922	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSSKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGYV
Z. mays_TA170881	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGYV
O. sativa_Os07g0246200	(73)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGYV
A. trichopoda_TA1102	(65)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-VFSNKDKTLVLVQFSVKHEQKLDCCGGYM
A. thaliana_AT1G09210_CRT2	(66)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
B. napus_BPS_28478	(66)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
A. thaliana_AT1G56340_CRT1	(66)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
B. napus_TA20659	(66)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
A. formosa_TA9419	(70)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAGFP-EFSNKEKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
C. annuum_TA4292	(71)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKGKNLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
S. habrochaites_TA1435	(71)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKGKNLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
S. lycopersicum_TA36564	(71)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKGKNLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
S. tuberosum_TA24720	(71)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKGKNLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
G. hirsutum_TA20990	(72)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EVNNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
G. raimondii_TA8857	(72)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EVNNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
G. raimondii_TA8860	(68)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EVNNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
I. nil_TA5002	(70)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFNKKGKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
C. endivia_TA1106	(67)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
C. solstitialis_TA9	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
H. annuus_TA7525	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
H. argophyllus_TA1300	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
L. serriola_TA711	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
O. basilicum_TA646	(94)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
B. vulgaris_TA7257	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDNTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
M. domestica_TA24948	(69)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYI
P. persica_TA3474	(68)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYI
G. max_BPS_38275	(68)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKGKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
P. vulgaris_TA3122	(72)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDNTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
L. japonicus_TA548	(63)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDNTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
M. truncatula_AC149474	(68)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDNTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
P. trichocarpa_133.107	(66)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-ELSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYL
P. trichocarpa_729432	(64)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-KFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
R. communis_U74630	(64)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM
V. vinifera_TA38405	(70)	-DKGIQTSSEDYRFFAISAEYP-EFSNKDKTLVLFQFTVKHEQKLDCCGGYM
Konsensus	(101)	DKGIQTSSEDYRFFAISAEFP-EFSNKDKTLVLFQFSVKHEQKLDCCGGYM

FIGUR 4 (Fortsetzung)

	151	200
A. formosa_TA8804	(127)	KLLSGYVN--QKKFGGDTPYSMMFGPDLCSQTKKLHAILLSYQGQNYPIK
C. maculosa_TA223	(124)	KLMSGYVN--QKKFGGDTPYSVMFGPDLCGTQTKKLHVILSYQGQNYPIK
P. trifoliata_TA7309	(109)	KLLSAYVN--QKKFGGDAPYSLMFGPDICGTQKKLHVILSYQGQNYPIK
E. esula_TA10075	(117)	KLLSGFVN--QKKFGGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHVILSYQGQNYPIK
M. domestica_TA28184	(122)	KLMSGFVN--QKKFGGDTPYSLMFGPDICGTDTKKLHVILSYQGQNYPIK
M. truncatula_TA23636	(117)	KLLSGFVN--QKKFGGDTPYSVMFGPDLCGTDTKKLHVIVSYQGQNYPVK
V. vinifera_GSVIVT00025039001	(125)	KLLSGFVN--QKKFGGDTPYSVMFGPDLCGTQTKKLHVIVSYQGQNYPIK
A. thaliana_AT1G08450_CRT3	(120)	KLLSGYVN--QKQFGGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHVIVSYQGQNYPIK
B. napus_BPS_33882	(123)	KLLSGYVN--QKKFGGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHVILSYQGQNYPIK
G. raimondii_TA11257	(120)	KLLSGYVN--QKKFGGDTPYSFMFGPDICGTQTKKLHVILSYQGQNYPIR
P. trichocarpa_VII.148	(126)	KLFSGYVN--QKKFGGDTPYSFMFGPDICGTQTKKLHVIMSYQGQNYPIK
H. vulgare_TA32081	(122)	KLMSGYVN--QKKYSGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHILSYQGQNYPIK
T. aestivum_TA53764	(122)	KLMSGYVN--QKKYSGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHILSYQGQNYPIK
O. sativa_Os01g67054.1	(139)	KLMSGYVN--QKKFSGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHILSYQGQNYPIK
Z. mays_TA15627	(121)	KLMSGYVN--QKKFSGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHILSYQGQNYPIK
O. sativa_Os05g43170.1	(119)	KLMSGYVN--QKKFGGDTPYSFMFGPDICGDQKKLHILSYQGQNYPIK
S. bicolor_TA24664	(120)	KLMSGYLN--QKKFGGDTPYSFMFGPDICGDQKKLHILSYQGQNYPIK
Z. mays_BPS_22383	(118)	KLMSGYLN--QKKFGGDTPYSFMFGPDICGDQKKLHILSYQGQNYPIK
P. patens_164102	(115)	KLMSGQVD--QKTFGGDTPYSIMFGPDICGSQTKKHAILLYKSKNHQMK
C. reinhardtii_TA11983	(112)	KVVPATSEKQMGEPGGDTPYSIMFGPDICGYSTRKVVHILTYKGNKYLK
P. pinaster_TA4383	(114)	KLLSGEVD--QKNFSGETPYSIMFGPDICGYSTKKVHTILSYKGNKHPK
P. taeda_TA5639	(114)	KLLSGEVD--QKNFSGETPYSIMFGPDICGYSTKKVHTILSYKGNKHPK
W. mirabilis_TA538	(114)	KLISGEMD--QKNFSGETPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTYKGNKHLK
P. sitchensis_TA20930	(114)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILGHGGKNLPIK
B. distachyon_TA448	(116)	KLLGADID--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTKNGKKNHLK
O. sativa_Os03g0832200	(117)	KLLGGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTKNGKKNHLK
H. vulgare_TA38555	(117)	KLLPADVD--QKNFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTKNGKKNHLK
T. aestivum_TA74192	(117)	KLLPADVD--QKNFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTKNGKKNHLK
S. bicolor_TA25211	(123)	KLLGSDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTKNGKKNHLK
H. vulgare_BPS_7785	(117)	KLLGGDVD--QKKFGGDTPYIMFGPDICGYSTKKVHTILTKNGKKNHLK
T. aestivum_TA50840	(140)	KLLGGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHTILTKDGNKHLK
S. bicolor_TA20922	(117)	KLLGGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHTILTKDGNKHLK
Z. mays_TA170881	(117)	KLLGGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHTILTKDGNKHLK
O. sativa_Os07g0246200	(121)	KLLGGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHTIFTKNDKKNHLK
A. trichopoda_TA1102	(113)	KLLSDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILSRKNTNHLK
A. thaliana_AT1G09210_CRT2	(114)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNEANHLK
B. napus_BPS_28478	(114)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNDANHLK
A. thaliana_AT1G56340_CRT1	(114)	KLLSDVD--QTKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNHLK
B. napus_TA20659	(114)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYDTKKVHAILTYNGTNHLK
A. formosa_TA9419	(118)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILSRDGTNHLK
C. annuum_TA4292	(119)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNHLK
S. habrochaites_TA1435	(119)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNETNHLK
S. lycopersicum_TA36564	(119)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNETNHLK
S. tuberosum_TA24720	(119)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTHNETNHLK
G. hirsutum_TA20990	(120)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNYLIK
G. raimondii_TA8857	(120)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNHLK
G. raimondii_TA8860	(116)	KLLSGDID--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNHLK
I. nil_TA5002	(118)	KLLSGDID--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNHLK
C. endivia_TA1106	(115)	KLMSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTYNGENKLIK
C. solstitialis_TA9	(117)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTYNGENKLIK
H. annuus_TA7525	(117)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTYNGENKLIK
H. argophyllus_TA1300	(117)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTYNGENKLIK
L. serriola_TA711	(117)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYATKKVHAILTYNGENKLIK
O. basilicum_TA646	(142)	KLLSGDID--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYTTKKVHAILTYNGTNHLK
B. vulgaris_TA7257	(117)	KLLSGEVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILFYNDTNHLK
M. domestica_TA24948	(117)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYTTKKVHAILNYNDTNHLK
P. persica_TA3474	(116)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILNYNNTNHLK
G. max_BPS_38275	(116)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNDTNHLK
P. vulgaris_TA3122	(120)	KLLSGSVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNDTNHLK
L. japonicus_TA548	(111)	KLLSDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYTTKKVHAILTYNGTNHLK
M. truncatula_ACL49474	(116)	KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNHLK
P. trichocarpa_133.107	(114)	KLLSGEVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGHSTKKVHAILNYNETNQLIK
P. trichocarpa_729432	(112)	KLLSGEVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILNYNEANHLK
R. communis_U74630	(112)	KLLSSSTD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILNYNDTNHLK
V. vinifera_TA38405	(118)	KLLSGEVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYTTKKVHAILTRDGNKHLK
Konsensus	(151)	<u>KLLSGDVD--QKKFGGDTPYSIMFGPDICGYSTKKVHAILTYNGNHLK</u>

FIGUR 4 (Fortsetzung)

	201	250
A. formosa_TA8804	(175)	KDLQCETDKMTHFYTFILRPDASYSIWVDGRERESGSMYTDWDILPPRKI
C. maculosa_TA223	(172)	KDLQCETDKLTHFYTFILRPDASYSILIDGRERDSGSMYTDWDILPPRKI
P. trifoliata_TA7309	(157)	KELECETDKLTHFYTFILRPDASYSILIDNRERDSGSMYTDWDILPPRKI
E. esula_TA10075	(165)	KELECETDKLTHFYTFILRPDASYSILIDGRERDSGSMYTDWDILPPRKL
M. domestica_TA28184	(170)	KALECETDKLTHFYTFILRPDATYSVLIDNREKDSGSMYTDWDILPPRKI
M. truncatula_TA23636	(165)	KDLQCETDKLTHFYTFILRPDATYSVLVDNRERDSGSLYTDWDILPPRKI
V. vinifera_GSVIVT00025039001	(173)	KDLQCETDKLTHFYTFILRPDASYSVLIDNRERESGSMYSDWDILPPRKI
A. thaliana_AT1G08450_CRT3	(168)	KDLQCETDKLNHFYTFILRPDASYSVLVDNKEREFSGMYTDWDILPPRKI
B. napus_BPS_33882	(171)	KDLQCETDKLNHFYTFILRPDASYSVLVDNKEREFSGMYTDWDILPPRKI
G. raimondii_TA11257	(168)	KDLQCETDKLTHFYTFILRPDASYSVLIDNRERETGSMYTDWDILPPRKI
P. trichocarpa_VII.148	(174)	KDLQCETDKLTHFYTFILRPDASYSVLVDNRERESGTMYTDWDILPPPKI
H. vulgare_TA32081	(170)	KDLQCETDRLTHVYTFILRPDASYSLLVDNRERESGSMYTDWDILPPRKI
T. aestivum_TA53764	(170)	KDLQCETDRLTHVYTFILRPDASYSLLVDNRERESGSMYTDWDILPPRKI
O. sativa_Os01g67054.1	(187)	KDLQCETDKLTHVYTFILRPDASYSILVDNRERESGSMYTDWDILPPRKI
Z. mays_TA15627	(169)	KDLECETDKLTHVYTFILRPDASYSLLVDNRERESGSMYTDWDILPPRKI
O. sativa_Os05g43170.1	(167)	KDLKCETDKLTHFYTFILRPDASYSLLVDNREREFSGMYTDWDILPPRKI
S. bicolor_TA24664	(168)	KDLKCEADKLTHFYTFILRPDATYSILIDNREREFSGMYTDWDILPPRKI
Z. mays_BPS_22383	(166)	KELKCETDKLTHFYTFILRPDATYSILIDNREREFSGMYTDWDILPPRKI
P. patens_164102	(163)	KTVCECETDKLSHVYTFILRPDATYSILVDNKERESGSLYKDWDLPPRKI
C. reinhardtii_TA11983	(162)	KDIKAETDQLTHVYTLVIKPDNTYQVLIIDLKEVASGSLYEDWMLPPKTI
P. pinaster_TA4383	(162)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNKDKQSGSLYKDWDLPPKTI
P. taeda_TA5639	(162)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNTRKQSGSLYKDWDLPPKTI
W. mirabilis_TA538	(162)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNAEKQSGSLYKDWDLPPKQI
P. sitchensis_TA20930	(162)	KDVSCETDQLTHVYTFILHPDATYSILIDNKEKDSGSLYTDWDILPPKQI
B. distachyon_TA448	(164)	KEVPCETDQLTHVYTLIIRPDATYSILIDNAEKQTGSYIYDDWDILPAKKI
O. sativa_Os03g0832200	(165)	KDVPCETDQLTHVYTLIIRPDATYSILIDNTEKQTGSYIYDDWNIIPPKNK
H. vulgare_TA38555	(165)	KEVPCETDQLTHVYTLIIRPDATYSILIDNVEKQSGSVYDDWDILPAKKK
T. aestivum_TA74192	(165)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQSGSVYDDWDILPAKKK
S. bicolor_TA25211	(171)	KEVPCETDQLTHVYTLIIRPDATYSILIDNDEKQSGSIYDDWDILPPKKI
H. vulgare_BPS_7785	(165)	KDVPCETDQLSHVYTLIIRPDATYSILIDNNEKQTGSYIEHWDILPPKEI
T. aestivum_TA50840	(188)	KDVPCETDQLSHVYTLIIRPDATYSILIDNNEKQTGSYIEHWDILPPKEI
S. bicolor_TA20922	(165)	KDVPCETDQLTHVYTLIIRPDATYSILIDNNEKQTGSYIEHWDILPPKQI
Z. mays_TA170881	(165)	KDVPCETDQLTHVYTLIIRPDATYSILIDNNEKQTGSYIEHWDILPPKKI
O. sativa_Os07g0246200	(169)	KDVPCETDQLSHVYTLIIRPDATYSILIDNVEKQSGSIYHWDILPPKQI
A. trichopoda_TA1102	(161)	KEVPCETDQLTHAYTFIIRPDATYSILIDNNEKQTGSYIYDDWDILPPKKI
A. thaliana_AT1G09210_CRT2	(162)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKKI
B. napus_BPS_28478	(162)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKKI
A. thaliana_AT1G56340_CRT1	(162)	KEVPCETDQLTHVYTFVLRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPAKKI
B. napus_TA20659	(162)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPAKKI
A. formosa_TA9419	(166)	KDVPCETDQLTHVYTFVLRPDASYSILIDNVEKQSGSLYSDWDLPPKKI
C. annuum_TA4292	(167)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQSGSLYSDWDLPPKTI
S. habrochaites_TA1435	(167)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQSGSLYSDWDLPPKKI
S. lycopersicum_TA36564	(167)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQSGSLYSDWDLPPKKI
S. tuberosum_TA24720	(167)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQSGSLYSDWDLPPKKI
G. hirsutum_TA20990	(168)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLYTDWDLPPKKI
G. raimondii_TA8857	(168)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLYTDWDLPPKKI
G. raimondii_TA8860	(164)	KEVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILVDNVEKQTGSLYTDWDLPPKKI
I. nil_TA5002	(166)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNNEKQSGSLYTDWDLPPKKI
C. endivia_TA1106	(163)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNNEKQTGSLYKDWDLPPKQI
C. solstitialis_TA9	(165)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPAKQI
H. annuus_TA7525	(165)	KDVPCETDQLSHVYTFVLRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKQI
H. argophyllus_TA1300	(165)	KDVPCETDQLSHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKQI
L. serriola_TA711	(165)	KDVPCETDQLSHVYTFVLRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPAKQI
O. basilicum_TA646	(190)	KDVPCETDQLSHVYTFILKPDATYTIIDNVEKQSGSLYSDWDLPPKQI
B. vulgaris_TA7257	(165)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLYTDWDLPAKKI
M. domestica_TA24948	(165)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKKI
P. persica_TA3474	(164)	KDVPCETDQLTHVYTFIIRPDATYTIIDNNAEKQTGSLSYSDWDLPAKKI
G. max_BPS_38275	(164)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKTI
P. vulgaris_TA3122	(168)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYTIIDNVEKQSGSLYSDWDLPPKKI
L. japonicus_TA548	(159)	KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKKI
M. truncatula_AC149474	(164)	KDVPCETDQLTHVYTFIIRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKKI
P. trichocarpa_133.107	(162)	KEVPCETDQLSHVYTFIIRPDATYSILIDNVEKQTGSLYTDWDLPPKQI
P. trichocarpa_729432	(160)	KEVPCETDQLSHVYTLIIRPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKTI
R. communis_U74630	(160)	KEVPCETDQLTHVYTLVIRPDATYSILIDNVEKQTGSLYTDWDLPPKKI
V. vinifera_TA38405	(166)	KDVPCETDQLSHVYTFILKPDATYSILIDNVEKQTGSLSYSDWDLPPKKI
Konsensus	(201)	<u>KDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSILIDNVEKQSGSLYTDWDLPPKKI</u>

FIGUR 4 (Fortsetzung)

	251	300
A. formosa_TA8804	(225)	KAVNAKKPLDWE DREYIDDPNDIKPEGYDSIPAEIPDPKAKEPDSWDEEE
C. maculosa_TA223	(222)	KDVKAKKPADWEE REYIEDPDQVKPEGYDSIPREIPDPKAKQPDWDEDE
P. trifoliata_TA7309	(207)	KAVNAKKPADWDDREYIDDPNAVKPEGYDSIPKEIPDPKAKKPNWDEDE
E. esula_TA10075	(215)	RDTKAKKPKDWDREYIDDPNAVKPGYDKIPKEIPDHSAKEPIDWDEEV
M. domestica_TA28184	(220)	KDVTAKKPADWDLREYIDDPNHIKPEGYDSIPREIPDPKAKEPEDWDEEE
M. truncatula_TA23636	(215)	KDLKAKKPADWEDREYIEDPNAVKPEGYDSIPAEIPDPKAKEPDSWDEDE
V. vinifera_GSVIVT00025039001	(223)	KDTKAKKPADWDDREYIEDPNDVKPEGYDSIPAEIPDPKAKEPDNWDDEE
A. thaliana_AT1G08450_CRT3	(218)	KVKNAKKPEDWDDREYIDDPNDVKPEGYDSIPREIPDRKAKEPEDWDEEE
B. napus_BPS_33882	(221)	KVKNAKKPVDWDDREYIDDPDVKPEGYDSIPREIRDQKAEPEPWDEEE
G. raimondii_TA11257	(218)	KDVKAKKPADWDDREYIEDPNDVKPEGYDKIPAQIPDPKAKEPDDWDEEE
P. trichocarpa_VII.148	(224)	KDTKAKKPADWDDREYIEDPNDVKPEGYDSIPREIPDPKAKEPDNWDDEE
H. vulgare_TA32081	(220)	KDVGAKKPKDWDREYIEDPDAVKPEGYDSIPREIPDPKDKKPDWDDDD
T. aestivum_TA53764	(220)	KDVGAKKPKDWDREYIEDPDAVKPEGYDSIPREIPDPKDKKPDWDDDD
O. sativa_Os01g67054.1	(237)	KDVHAKKPKDWDREYIEDPDAVKPEGYDSIPKEIPDPKDKKPDWDDDD
Z. mays_TA15627	(219)	KDVHAKKPKDWDREYIEDPDEVKPEGYDSIPKQIPDPKDKKPDWDEDE
O. sativa_Os05g43170.1	(217)	KESNAKKPKDWDREYIEDPDEVKPEGYDSIPKEIPDPKDKKPKESWDDDD
S. bicolor_TA24664	(218)	KDVNAKKPKDWDREYIEDPDQVKPEGYDSIPKQIPNPKDKKPKESWDDDE
Z. mays_BPS_22383	(216)	KDVNAKKPKDWDREYIEDPDQVKPEGYDSIPKEIPDPKDKKPKESWDDDD
P. patens_164102	(213)	KDLSAKKPEDWDDNEFI PDPEDHKPEGYDSIPKEIPDLDAKKPEEWDDDES
C. reinhardtii_TA11983	(212)	KDPKASKPEDWDEREEIADPEDKKPEGWDDIPATIADKDAKKPEDWDEE
P. pinaster_TA4383	(212)	KDPNAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDATKPEDWNDEE
P. taeda_TA5639	(212)	KDPNAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDATKPEDWNDEE
W. mirabilis_TA538	(212)	KDPEAKKPEDWDDKEFI PDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDATKPEDWDEE
P. sitchensis_TA20930	(212)	KDPNAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDSDATKPEDWDEE
B. distachyon_TA448	(214)	RDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEITDPEATKPEDWDEE
O. sativa_Os03g0832200	(215)	RDPEAKKPEDWDDNEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEITDPEATKPEDWDEE
H. vulgare_TA38555	(215)	RDPDAKKPEDWDEEYLPDPEDKKPEGYDDIPKEITDPAATKPEDWDEE
T. aestivum_TA74192	(215)	RDPNAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDATKPEDWDEE
S. bicolor_TA25211	(221)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
H. vulgare_BPS_7785	(215)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDVKPEGYDDIPKEVTDPAKKPEDWDEE
T. aestivum_TA50840	(238)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDVKPEGYDDIPKEVTDPAKKPEDWDEE
S. bicolor_TA20922	(215)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
Z. mays_TA170881	(215)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
O. sativa_Os07g0246200	(219)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
A. trichopoda_TA1102	(211)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIVDSEAKKPEDWDEE
A. thaliana_AT1G09210_CRT2	(212)	KDPSAKKPEDWDDKEYISDPEDKKPDGYDDIPKEIPDTDSKPKPEDWDEE
B. napus_BPS_28478	(212)	KDPSAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPDGYDDIPKEIPDTDAKKPEDWDEE
A. thaliana_AT1G56340_CRT1	(212)	KDPSAKKPEDWDDKEYIPDPEDTKPAGYDDIPKEIPDTDAKKPEDWDEE
B. napus_TA20659	(212)	KDPSAKKPEDWDDKEYIPDPEDTKPAEYDDIPKEIPDADAKKPEDWDEE
A. formosa_TA9419	(216)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDTKPEGYDDIPAEIPDADAKKPEDWDEE
C. annuum_TA4292	(217)	KDPSAKKPEDWDDKEFI DDPEDKKPEGYDDIPKEITDPEAKKPEDWDEE
S. habrochaites_TA1435	(217)	KDPSAKKPEDWDDKEFI DDPEDKKPEGYDDIPKEITDPEAKKPEDWDEE
S. lycopersicum_TA36564	(217)	KDPSAKKPEDWDDKEFI DDPEDKKPEGYDDIPKEITDPEAKKPEDWDEE
S. tuberosum_TA24720	(217)	KDPSAKKPEDWDDKEFI DDPEDKKPEGYDDIPKEITDPEAKKPEDWDEE
G. hirsutum_TA20990	(218)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
G. raimondii_TA8857	(218)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
G. raimondii_TA8860	(214)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
I. nil_TA5002	(216)	KDPEAKKPEDWDDKEYIDDPEDKKPEGYDDIPKEIPDLDAKKPEDWDEE
C. endivia_TA1106	(213)	KDPEAKKPEDWDEKEYISDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
C. solstitialis_TA9	(215)	KDPEAKKPEDWDEKEFIADPEDKKPEGYDDIPKEIADPAKKPEDWDEE
H. annuus_TA7525	(215)	KDPEAKKPEDWDEKEFI PDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
H. argophyllus_TA1300	(215)	KDPEAKKPEDWDEKEFI PDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
L. serriola_TA711	(215)	KDPEAKKPEDWDEKEFI PDPEDKKPDGYDDIPKEISDPDAKKPEDWDEE
O. basilicum_TA646	(240)	KDPEAKKPEDWDDRENI PDPEDKKPEGYDDIPKEIPDSEAKKPEDWDEE
B. vulgaris_TA7257	(215)	KDPEAKKPEDWDDKEFI PDPEDKKPEGYDDIPAEITDPEAKKPEDWDEE
M. domestica_TA24948	(215)	KDPEAKKPEDWEDKEYIPDPEDAKPEGYDDIPKEITDPAKKPEDWDEE
P. persica_TA3474	(214)	KDPEAKKPEDWEDQYI PDPEDKKPEGYDDIPKEIADSDAKKPEDWDEE
G. max_BPS_38275	(214)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKELPPEAKKPEDWDEE
P. vulgaris_TA3122	(218)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDTEAKKPEDWDEE
L. japonicus_TA548	(209)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPESIPDTDAKKPEDWDDDE
M. truncatula_AC149474	(214)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIVADPAKKPEDWDEE
P. trichocarpa_133.107	(212)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKELPDPDAKKPEDWDEE
P. trichocarpa_729432	(210)	KDPEAKKPEDWDDKEYIADPEDKKPEGYDDILKELPPEAKKPEDWDEE
R. communis_U74630	(210)	KDPEAKKPEDWDEKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
V. vinifera_TA38405	(216)	KDPEAKKPEDWDEKEYIPDPEDEKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE
Konsensus	(251)	KDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAKKPEDWDEE

FIGUR 4 (Fortsetzung)

	301	350
A. formosa_TA8804	(275)	DGIWRPPKIPNPAYKGPWKRKRIKPNPNYKGGKWKIPWIDNPEFEDDPDLVY
C. maculosa_TA223	(272)	DGIWRPPKIPNPAYKGPWKPKKIKPNPNYKGGKWKIPWIDNPEFEDDPDLVY
P. trifoliata_TA7309	(257)	DGLWKPPKIPNPAYKGLWRPKRIKPNPNYKGGKWKIPYIDNPEFEDDPDLVY
E. esula_TA10075	(265)	NGIWRPPMPVNPAYKGPWKPRIKPNPNYKGGKWKIPYIDNPEFEDDPDLVY
M. domestica_TA28184	(270)	NGLWKAPKIPNPAYKGPWRPKIKPNPNYKGGKWKIPWIDNPEFEDDPDLVY
M. truncatula_TA23636	(265)	DGIWKRPKIPNPAYKGPWKRKKIKPNPNYKGGKWKTPWIDNPEFEDDPDLVY
V. vinifera_GSVIVT00025039001	(273)	DGLWKPPKIPNPAFKGPPRRKKIKPNPNYKGGKWKQWIDNPEFEDDPDLVY
A. thaliana_AT1G08450_CRT3	(268)	NGLWEPPKIPNSAYKGPWAKRIKPNPNYKGGKWKPNWIDNPEFEDDPDLVY
B. napus_BPS_33882	(271)	NGPWEAPKIPNPAYKGPWAKKIKPNPNYKGGKWKPNWIDNPEFEDDPDLVY
G. raimondii_TA11257	(268)	DGIWKPPKIPNPAYKGPWKRKKIKPNPNYKGGKWKTPWIDNPEFEDDPDLVY
P. trichocarpa_VII.148	(274)	DGIWRPPKIPNPAYKGPWKRKKIKPNPNYKGGKWKTPWIDNPEFEDDPDLVY
H. vulgare_TA32081	(270)	DGIWKPRRIPNPAYKQWKRKKIKPNPNYKGGKWKIPWIDNPEFEDDPDLVY
T. aestivum_TA53764	(270)	DGIWKPRRIPNPAYKQWKRKKIKPNPNYKGGKWKIPWIDNPEFEDDPDLVY
O. sativa_Os01g67054.1	(287)	DGIWKPRMIPNPAYKGPWKRKKIKPNPNYKGGKWKIPWIDNPEFEDDPDLVY
Z. mays_TA15627	(269)	DGIWKPRMIPNPAYKGPWKRRIKPNPNYKGGKWKTPWIDNPEFEDDPDLVY
O. sativa_Os05g43170.1	(267)	DGVWKPRMIPNPEYKGRWKRKKIKPNPNYKGGKWKIPWIDNPEFEDDPDLVY
S. bicolor_TA24664	(268)	DGTWKPRMIPNPEYKGPWKRKKIKPNPNYKGGKWKTPWIDNPEFEDDPDLVY
Z. mays_BPS_22383	(266)	DGTWKPRMIPNPEYKGPWKRKKIKPNPNYKGGKWKTPWIVNPEFEDDPDLVY
P. patens_164102	(263)	DGEWEAPLIPNPEFKGPWTPKEIKPNPNYNGKWKAPLISNPEFEEDDPDLVY
C. reinhardtii_TA11983	(262)	DGTWEPPMIPNPEYKGEWKAKMIKPNPAYKGIWVAPDIDNPDYVHDDKLYN
P. pinaster_TA4383	(262)	DGEWTAPTIANPEYKGPWNPKKIKPNPNYKGGKWKAPIIDNPDFKDDPELYV
P. taeda_TA5639	(262)	DGEWTAPTIANPEYKGPWPKKKIKPNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPELYV
W. mirabilis_TA538	(262)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWPKKKIKPNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPNLYV
P. sitchensis_TA20930	(262)	DGEWKAPTIPNPEYKGPWPKKKIKNLKYKGGKWWAPMIDNPDFKDDPELYV
B. distachyon_TA448	(264)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWTKKKIKNPEYKGGKWKAPLIDNPDFKDDPYIYA
O. sativa_Os03g0832200	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWNQKKLKNPNYKGGKWKAPLIPNPDYKDDPYIYA
H. vulgare_TA38555	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWIQKKFKNPNFKGGKWKAPLIDNPEYKDDPYIYA
T. aestivum_TA74192	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWIQKKIKNPNFKGGKWKAPLIDNPEYKDDPYIYA
S. bicolor_TA25211	(271)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWQKKIKNPDYKGGKWKAPLIDNPDFKDDPYIYA
H. vulgare_BPS_7785	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWQKKIKNPNYQGGKWKAPMIANPDFQDDPYIYA
T. aestivum_TA50840	(288)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWQKKIKNPNYQGGKWKAPMIANPDFKDDPYIYA
S. bicolor_TA20922	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWQKKIKNPNYQGGKWKAPMIDNPDFKDDPYIYA
Z. mays_TA170881	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWQKKIKNPNYQGGKWKAPMIDNPDFKDDPYIYA
O. sativa_Os07g0246200	(269)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWQKKIKNPNYQGGKWKAPMIDNPDFKDDPYIYA
A. trichopoda_TA1102	(261)	DGEWKAPMIPNPEYKGPWPKKKIKNPNYQGGKWKAPMIDNPDFKDDPEIYV
A. thaliana_AT1G09210_CRT2	(262)	DGEWTAPTIPNPEYMGWPKQIKNPNYKGGKWEAPLIDNPDFKDDPELYV
B. napus_BPS_28478	(262)	DGEWTAPTIPNPEYMGWPKQIKNPNYKGGKWEAPEIDNPDFKNDSELYV
A. thaliana_AT1G56340_CRT1	(262)	DGEWTAPTIPNPEYNGWPKKKIKNPAYKGGKWKAPMIDNPEFKDDPELYV
B. napus_TA20659	(262)	DGEWTAPTIPNPEYNGWPKKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPELYV
A. formosa_TA9419	(266)	DGEWAAPTIANPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
C. annuum_TA4292	(267)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
S. habrochaites_TA1435	(267)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
S. lycopersicum_TA36564	(267)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
S. tuberosum_TA24720	(267)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
G. hirsutum_TA20990	(268)	DGEWTPSTIPNPEYKGPWPKKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
G. raimondii_TA8857	(268)	DGEWTPSTIPNPEYKGPWPKKKIKNPNYKGGKWKAPIIDNPDFKDDPDLYV
G. raimondii_TA8860	(264)	DGEWTPSTIPNPEYKGPWNPKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
I. nil_TA5002	(266)	DGEWTAPTIANPEYKGPWTPKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
C. endivia_TA1106	(263)	DGEWTVPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPIIDNPDFKDDPELYV
C. solstitialis_TA9	(265)	DGEWTVPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPLIDNPDFKDDPDLYV
H. annuus_TA7525	(265)	DGEWTVPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
H. argophyllus_TA1300	(265)	DGEWTVPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
L. serriola_TA711	(265)	DGEWTVPTIPNPDYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV
O. basilicum_TA646	(290)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPLIDNPEFKDDPELYV
B. vulgaris_TA7257	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPEFKDDPELYV
M. domestica_TA24948	(265)	DGEWTAPTIPNPEYKGEWKPKKIKNPNFKGGKWKAPLIDNPEFKDDPELYV
P. persica_TA3474	(264)	DGEWTAPTIPNPEYKGEWKPKKIKNPNFKGGKWKAPLIDNPEFKDDPELYV
G. max_BPS_38275	(264)	DGEWTPPTIANPEYKGPWKAEEKNPNYKGGKWKAPLIDNPDFKDDPDLYV
P. vulgaris_TA3122	(268)	DGEWTPPTIPNPEYKGPWAKKIKNPNFKGGKWKAPIIDNPDFKDDPNLYV
L. japonicus_TA548	(259)	DGEWTAPTIANPEYKGPWTPKKIKNPNYQGGKWKAPLIDNPDFKDDPDLYV
M. truncatula_AC149474	(264)	DGEWTAPTIANPEYKGPWPKKKIKNPNYSGGKWKAPLIDNPDFKDDPDLYV
P. trichocarpa_133.107	(262)	DGEWTAPTIPNPEYNGPWPKKKIKNPNYQGGKWKAPLIDNPDFKDDPELYV
P. trichocarpa_729432	(260)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWPKKKIKNPNYQGGKWKAPIIDNPDFKDDPELYV
R. communis_U74630	(260)	DGEWTAPTIANPEYKGPWPKKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPEIYV
V. vinifera_TA38405	(266)	DGEWTAPTIANPEYKGPWPKKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPEFKDDPEIYV
Konsensus	(301)	DGEWTAPTIPNPEYKGPWKKKIKNPNYKGGKWKAPMIDNPDFKDDPDLYV

FIGUR 4 (Fortsetzung)

	351	400
A. formosa_TA8804	(325)	LKPIKYVGVIEVWQVKAGSVFDNVLICDDPGYAKQVIEDILFKNKEAEKEA
C. maculosa_TA223	(322)	LKPIKYVGVIEVWQVKAGSVYDNILICDDPEYAKDVIQEVFT-NREIEKEA
P. trifoliata_TA7309	(307)	LKPIKYVGVIEVWQVKAGSVYDNILICDDPAYAKQVVEEVLN-NREIEKEG
E. esula_TA10075	(315)	LKPIKYVGVIEVWQVKSGTIFDNVLICDEPEYAKEVVEVLA-NREIEKEA
M. domestica_TA28184	(320)	LKPIKYVGVIEVWQVKAGSVFDNVLICDDPDYAKQVVEEVFA-NREVEKDA
M. truncatula_TA23636	(315)	LKPIKYVGVIEVWQVKGGSVFDNILICDDPEYAKQVVEEVFA-NREIEKEA
V. vinifera_GSVIVT00025039001	(323)	LKPIKYVGVIEVWQVKAGAIYDNILICDDPEYAKQVVEEVFA-HRESEKEA
A. thaliana_AT1G08450_CRT3	(318)	LKSIKYAGIEVWQVKAGSIFDNILICDDPAYARSIVDDYFAQHRESEKEL
B. napus_BPS_33882	(321)	LKPIKYVGVIEVWQVKAGSIFDNILITDDPQYARTMDDYFQKHRESEKEL
G. raimondii_TA11257	(318)	LRPIKYVGVIEVWQVKAGSVFDNILICDDPQYAREVVEDIWARNREAEKEA
P. trichocarpa_VII.148	(324)	LKPIKYVGVIEVWQVKAGSIFDNILICDDPQYAREIVKDVVFQ-NREIEKDA
H. vulgare_TA32081	(320)	LKPLKYIGIEVWQVKAGSVFDNILICDDPEYAKQVADETWGANKEAEKEA
T. aestivum_TA53764	(320)	LKPLKYIGIEVWQVKAGSVFDNILICDDPEYAKQVADETWGANKEAEKEA
O. sativa_Os01g67054.1	(337)	LKPLKYIGIEVWQVKAGSVFDNILICDDPEYARKAAEETWGANREAEKEA
Z. mays_TA15627	(319)	LKPLKYIGIEVWQVKAGSVFDNILICDDPEYARKVVEETWGANREAEKEA
O. sativa_Os05g43170.1	(317)	LKPLQYVGVIEVWQVKAGSVFDNILICDDPEYARSVVEEVRAANKEAEKEA
S. bicolor_TA24664	(318)	LKPLQYVGVIEVWQVKAGSVFDNILICDDPDYARHVVDDETFANKEAEKEA
Z. mays_BPS_22383	(316)	LKPLQYVGVIEVWQVKAGSVFDNILICDDPDYARHVVDDETFANKEAEKEA
P. patens_164102	(313)	LPPLKYFGMELWQVKAGSVFDNILVTDDEYAKKFAEETWGNIKEGEKEM
C. reinhardtii_TA11983	(312)	FKDLKFVGFELWQVKSGSIFDNILVTDDELAACKFAEETWGHKDAEKEA
P. pinaster_TA4383	(312)	FPNLKYLGIELWQVKSGTLDNLIISDDPEYAKKLAEEETWAKHKDAEKEA
P. taeda_TA5639	(312)	FPNLKYLGIELWQVKSGTLDNLIISDDPEYAKKLAEEETWAKHKDAEKEA
W. mirabilis_TA538	(312)	FPNLRYIGIELWQVKSGTLDNLIICDDPAYAKQLAAEETWGHKDAEKEA
P. sitchensis_TA20930	(312)	FPSLKYLGIELWQVKSGTLDNLIISDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKEA
B. distachyon_TA448	(314)	FDSLKHIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPEYAKKVAEETWAKHKDAEKAA
O. sativa_Os03g0832200	(315)	FDSLKHIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPEYAKKFAEETWAKHKDAEKAA
H. vulgare_TA38555	(315)	FDSLKHIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPEYAKKFAEETWGHKDAEKAA
T. aestivum_TA74192	(315)	FDSLKHIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPEYAKKFAEETWGHKDAEKAA
S. bicolor_TA25211	(321)	FDSLKHIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPEYAKKLAVETWGHKDAEKAA
H. vulgare_BPS_7785	(315)	FDSLKYIGIELWQVKSGTLDNLIITDDAALAKTFAEETWAKHKDAEKAA
T. aestivum_TA50840	(338)	FDSLKYIGIELWQVKSGTLDNLIITDDAALAKTFAEETWAKHKDAEKAA
S. bicolor_TA20922	(315)	FDSLKYIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPALAKTFAEETWGHKDAEKAA
Z. mays_TA170881	(315)	FDSLKYIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPALAKTFAEETWGHKDAEKAA
O. sativa_Os07g0246200	(319)	FDSLKYIGIELWQVKSGTLDNLIITDDPELAKTFAEETWGHKDAEKAA
A. trichopoda_TA1102	(311)	YPNLKYYVAIELWQVKSGTLDNVLVLCDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKAA
A. thaliana_AT1G09210_CRT2	(312)	FPKLKYVGLWQVKSGSLFDNVLICDDPDYAKKLADETWGKLDKDAEKAA
B. napus_BPS_28478	(312)	FPKLKYVGLWQVKSGSLFDNVLICDDPDYAKKLADETWGKLDKDAEKAA
A. thaliana_AT1G56340_CRT1	(312)	FPKLKYVGLWQVKSGSLFDNVLVSDDDPEYAKKLADETWGKLDKDAEKAA
B. napus_TA20659	(312)	FPKLKYVGLWQVKSGSLFDNVLVSDDDPEYAKQLAAEETWGHKDAEKAA
A. formosa_TA9419	(316)	YPKLKYVGLWQVKSGTMDNVLVLCDDPEYAKKLAEEETWGHKDAEKAA
C. annuum_TA4292	(317)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLVITDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKAA
S. habrochaites_TA1435	(317)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLVLCDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKAA
S. lycopersicum_TA36564	(317)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLVLCDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKAA
S. tuberosum_TA24720	(317)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLVLCDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKAA
G. hirsutum_TA20990	(318)	FPNLKYVGLWQVKSGTMDNVLVADDDVEYAKKLAEEETWGHKDAEKAA
G. raimondii_TA8857	(318)	FPNLKYVGLWQVKSGTMDNVLVADDDVEYAKKLAEEETWGHKDAEKAA
G. raimondii_TA8860	(314)	FPNLKYVGLWQVKSGTMDNVLVADDDVEYAKKLAEEETWGHKDAEKAA
I. nil_TA5002	(316)	FPNLKYVGLWQVKSGTLDNVLVSDDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKAA
C. endivia_TA1106	(313)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLICDDPEYAKQLVEETWAKQKDAEKAA
C. solstitialis_TA9	(315)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLICDDPEYAKQVAEETWGHKDAEKAA
H. annuus_TA7525	(315)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLICDDPEYAKQVAEETWGHKDAEKAA
H. argophyllus_TA1300	(315)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLICDDPEYAKQVAEETWGHKDAEKAA
L. serriola_TA711	(315)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLICDDPEYAKQVAEETWGHKDAEKAA
O. basilicum_TA646	(340)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLVADDDPEYAKKVAEETWGHKDAEKAA
B. vulgaris_TA7257	(315)	YPKLRYVGLWQVKSGTLDNVLVLCDDPEYAKQLAAEETWGHKDAEKAA
M. domestica_TA24948	(315)	YPNLKYVGLWQVKSGTLDNLIITDEPEYAKQLAAEETWGHKDAEKAA
P. persica_TA3474	(314)	YPNLKYVGLWQVKSGTLDNLIITDEPEYAKQLAAEETWGHKDAEKAA
G. max_BPS_38275	(314)	FPNLKYVGLWQVKSGTLDNVLITDDPEYAKQLVEETWGHKDAEKAA
P. vulgaris_TA3122	(318)	FPNLKYVGLWQVKSGTLDNVLITDDIYAKQLAAEETWGHKDAEKAA
L. japonicus_TA548	(309)	YPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLITDDPEYAKQVAEETWGHKDAEKAA
M. truncatula_AC149474	(314)	FPKLKYVGLWQVKSGTLDNVLITDDPEYAKQVAEETWGHKDAEKAA
P. trichocarpa_133.107	(312)	YPNLRYVGLWQVKSGTLDNVLVSDDDPEYAKQLAAEETWGHKDAEKAA
P. trichocarpa_729432	(310)	YFDLRYVGLWQVKSGTLDNVLVSDDDPEYAKQMAEETWGHKDAEKAA
R. communis_U74630	(310)	YPNLKYVGLWQVKSGTLDNVLICNDPEYAKQLAAEETWGHKDAEKAA
V. vinifera_TA38405	(316)	FPDLKYVGLWQVKSGTLDNVLICDDPEYAKQLVEETWAKYKDAEKAA
Konsensus	(351)	FP LKYVGLWQVKSGTLDNVLICDDPEYAK VAEETWGHKDAEKAA

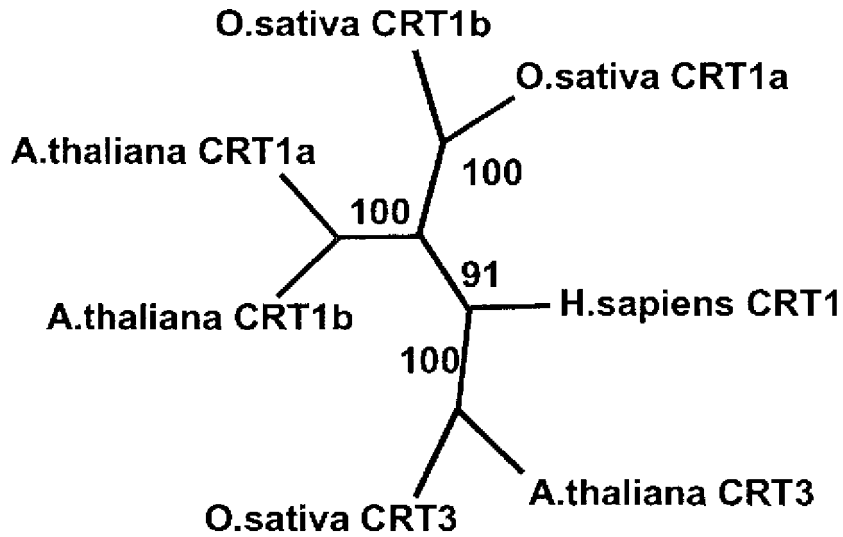
FIGUR 4 (Fortsetzung)

	401	450
A.formosa_TA8804	(375) FEEAEKLR--RAREEEEAQRAR----	EEGERRRNERGHDRGY---RDRER
C.maculosa_TA223	(371) LEEAEKAK--KAREEEEAQRAR----	EEGERRKRERGYDRRH---RDKER
P.trifoliata_TA7309	(356) FEEAEKVR--KVREEEEAQRAR----	EEGEKRRRERGYDRR----RYRDR
E.esula_TA10075	(364) FEEAEKIR--RAREEEEAQRAR----	EEGERRRRERGHDRR-----RDR
M.domestica_TA28184	(369) LEEAEKRR--KAQEEEAQRAR----	EEGERRRRDRDRGRH-----DR
M.truncatula_TA23636	(364) FEEAEKVR--KAQEEEAQRAR----	EDGERRRKERGYDR-----
V.vinifera_GSVIVT00025039001	(372) FEEAEKVR--KAREEEEAQRAR----	EEGERRRRERGHDRR-----YR
A.thaliana_AT1G08450_CRT3	(368) FAEAEKER--KAREDEEARLAR----	EEGERRRKERDHRYG-----D
B.napus_BPS_33882	(371) FAEAEKER--KAREDEESRKAR----	EEGERRRKERDHRYG-----D
G.raimondii_TA11257	(368) FEEAEKER--RAREEEEAKTTPR----	EEGEKRRKERDHRHR-----D
P.trichocarpa_VII.148	(373) FEEAEKVR--RAREEEEAQRAR----	EEGEKRRKERGYRK-----
H.vulgare_TA32081	(370) FEEAEKER--KAREDKAQQAR----	EEGERRRRERGDHRH-----GRDH
T.aestivum_TA53764	(370) FEEAEKER--KAREDKAQQAR----	EEGERRRRERGDHRH-----GRDH
O.sativa_Os01g67054.1	(387) FEEAEKER--KAREDKAERAR----	EEGERRRRERGDHRH-----GRD-
Z.mays_TA15627	(369) FEEAEKER--KAREDEGQKAK----	DDGGRHRIHR-----
O.sativa_Os05g43170.1	(367) FEEAEKRR--KAREDEEARRAR----	EEGEKRRRDR-DRHR-----GRDR
S.bicolor_TA24664	(368) FEGAERKR--KAREEEEARAR----	EEGERRRRER-DRDR-----GRDR
Z.mays_BPS_22383	(366) FEGAERKR--KAREEEEARAR----	EEGERRRRER-DRDR-----GRDR
P.patens_164102	(363) FDELENKN-----REEQ--K-----	IDDNDPNEEK-----
C.reinhardtii_TA11983	(362) FDKVKE-----EDEKKAKDAPPPVDAEAAEEDDEYEDR-----	HE
P.pinaster_TA4383	(362) FDEAEKKKEEBEKEKE-PDDED---	TDEEEKSDDADELDDN-----EH
P.taeda_TA5639	(362) FDEAEKKKEEBEKEKESDDEED---	TDEEEKSDDADELDD-----EH
W.mirabilis_TA538	(362) FEAEKKR-----EE-----	EESKDDDAEGSD-----S
P.sitchensis_TA20930	(362) FEAEKKN-----DE-----	EESKDEDEDTTD-----E
B.distachyon_TA448	(364) FDEAEKK-----RLEESASSK---	DDDLDDERC-----
O.sativa_Os03g0832200	(365) FDEAEKK-----RLEESANSK---	IDSDDDASDDEDEAD---DDKADV
H.vulgare_TA38555	(365) FDEAEKK-----RLEESANSN---	AEDNDDTADEDEDV-----DGKAAG
T.aestivum_TA74192	(365) FDEAEKK-----RLEESANTK---	TEDNDDAQED-----EGKAAG
S.bicolor_TA25211	(371) FDEAEKK-----RLEESASSK---	DDDDLDVDEEDDAD---DDKADH
H.vulgare_BPS_7785	(365) FDEAEKK-----KEEDASKAG---	EDDDLDDEDADDED---KDDKAG
T.aestivum_TA50840	(388) FDEAEKK-----KEEDASKAG---	EDDDLDDEDADDED---KDDKAG
S.bicolor_TA20922	(365) FDEAEKK-----KEEEDAAKGG---	DDEDODLEDEEDDEKA---DEDKAD
Z.mays_TA170881	(365) FDEAEKK-----KEEEDAAKGG---	DDEDODLEDEEDDEKA---DEDKAD
O.sativa_Os07g0246200	(369) FDEAEKK-----KEEEDAAKAG---	EDDDLDDEDADDEDK---ADEKAD
A.trichopoda_TA1102	(361) FDEEEKRK-----EEEEAKAEA---	EGSDKEDEADADAD-----AD
A.thaliana_AT1G09210_CRT2	(362) FDEAEKKN-----EEESKDAP---	AESDAEDEPEDEEGG-----DD
B.napus_BPS_28478	(362) FDEIEKKK-----EEESKDAP---	AETDAEDEAEDEG-----DE
A.thaliana_AT1G56340_CRT1	(362) FDEAEKKR-----EEESKDAP---	AESDAEEEAEDDDNEG-----DD
B.napus_TA20659	(362) FDEAEKKR-----EEESKDAPT---	ADSDAEDEQEDDDHEG-----DE
A.formosa_TA9419	(366) FEEAEKK-----IEEESKNDP---	ADSDDEKAGDDDAEG-----ED
C.annuum_TA4292	(367) FEEAEKK-----REEEESKAAP---	ADSDAEDEDEADSDDA-----DD
S.habrochaites_TA1435	(367) FEEAEKK-----REEEESKNAP---	AESDAEDEDEADEADS-----DD
S.lycopersicum_TA36564	(367) FEEAEKK-----REEEESKNAP---	AESDAEDEDEADEADS-----DD
S.tuberosum_TA24720	(367) FEEAEKK-----REEEESKNAP---	AESDAEDEDEADEADS-----DD
G.hirsutum_TA20990	(368) FEEAEKK-----REEE-SKDDP---	VDSDAEDEDADDTTEG-----HE
G.raimondii_TA8857	(368) FEEAEKK-----REEEESKDAP---	VDSDAEDEDGADDTTEG-----HE
G.raimondii_TA8860	(364) FEEAEKK-----KEEESKDEP---	VDSDAEDDDDDTDDGE-----GS
I.nil_TA5002	(366) FDEAEKK-----IAEESKDDP---	ADSDAEDEDDADDTGDDADSKSE
C.endivia_TA1106	(363) FEELEKK-----REEEELKDDH---	VDSADDEGNDSDAE-----PE
C.solstitialis_TA9	(365) FEELEKK-----KEEESKDDP---	ADSDAEN-----DDAE-----PE
H.annuus_TA7525	(365) FEELEKK-----REEEETKDDP---	VDSVVDN-----DDAE-----AE
H.argophyllus_TA1300	(365) FEELEKK-----REEEETKDDP---	VDSVVDN-----DDAE-----AE
L.serriola_TA711	(365) FEELEKK-----KEEESKDDP---	ADSDADN-----DDAE-----PE
O.basilicum_TA646	(390) FEEAEKK-----REEEESKNDG---	VDSADDDG--EESDAE-----AD
B.vulgaris_TA7257	(365) FEELEKK-----REEEETKDDP---	VESDAEDEDEAEADDS-----DK
M.domestica_TA24948	(365) FEEAEKK-----QEEE--AKDP---	VDSDAEEDDADTDDA-----ED
P.persica_TA3474	(364) FEELEKK-----LQEEESKEDP---	VDSDAEDDDADAEDGE-----ES
G.max_BPS_38275	(364) FEEAEKK-----REEEESKDDP---	VDSDAEEEEEDADEAG-----ND
P.vulgaris_TA3122	(368) FEEAEKK-----REEEESKEDP---	VDSDAEDDEEDSDEAG-----ND
L.japonicus_TA548	(359) FEEAEKK-----REEEESKEDP---	ADSDAEDEEDTDEASH-----DS
M.truncatula_AC149474	(364) FEEAEKK-----KEEETKDDP---	VDSDAEEDDANEVS-----HD
P.trichocarpa_133.107	(362) FEEAEKKK-----ADEEETNEDA---	AGSDAEDEDETDDVEG-----ED
P.trichocarpa_729432	(360) FEEVEKK-----RDEEESKEDP---	ADSDAEDEDEAGDAEG-----ED
R.communis_U74630	(360) FEEAEKK-----KEEESKDDP---	ADSDAEDEDDADDTTE-----GE
V.vinifera_TA38405	(366) FDEAEKK-----REEEESKEDP---	VDSVDEEDDADADAA-----EA
Konsensus	(401) FEEAEKK REEES D DEE EDE DDD D	

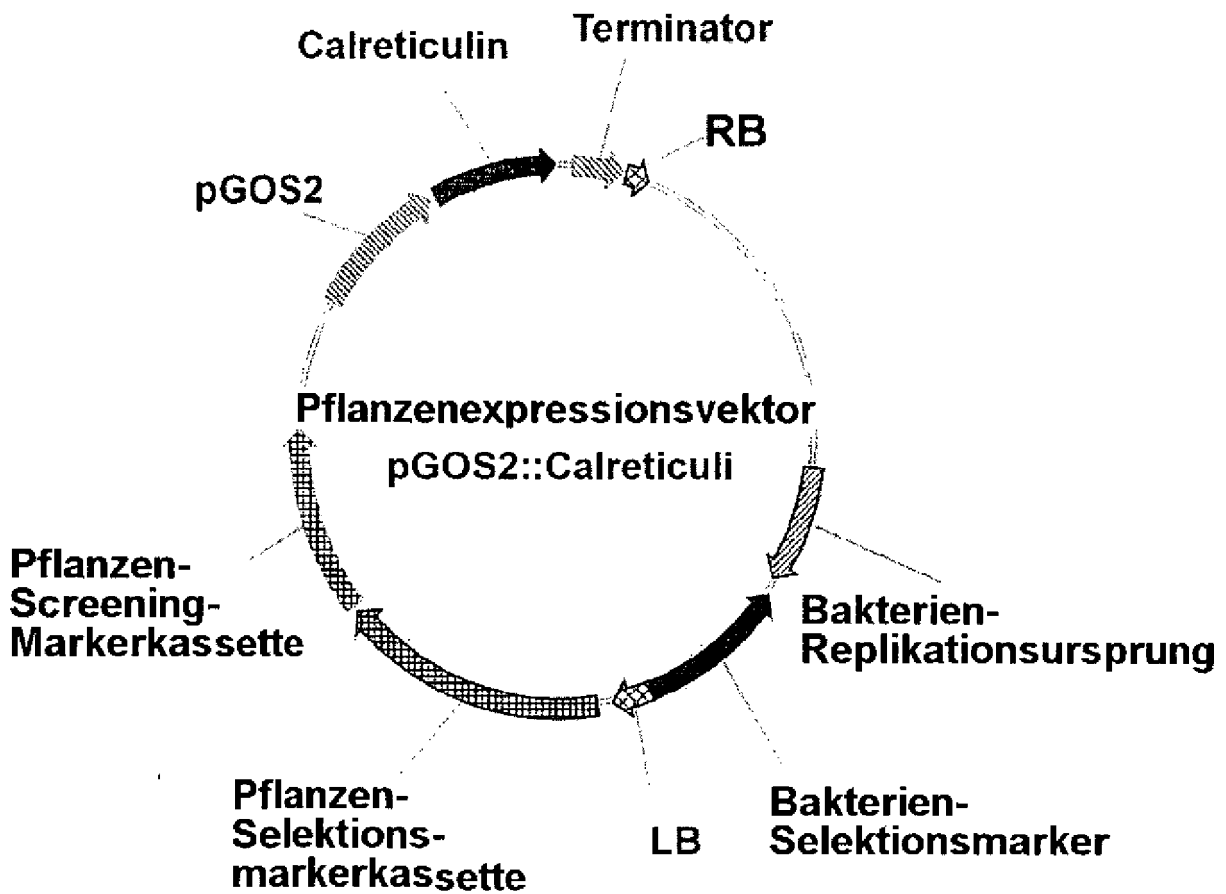
FIGUR 4 (Fortsetzung)

	451	489
A.formosa_TA8804	(416) YKDKYRRH-----	DRRRDYLDDYHDEL
C.maculosa_TA223	(412) YKDRYRKY-----	NRRDY-LDDYHDEL
P.trifoliata_TA7309	(396) YRDKYRRH-----	DYLD---DDYHDEL
E.esula_TA10075	(402) YRDRYRKH-----	NPRDD-FDDYHDEL
M.domestica_TA28184	(406) HRDRYRRH-----	RHWDD-YDHDEL--
M.truncatula_TA23636	(398) HRDRHRDR-----	YRKDE-L-----
V.vinifera_GSVIVT00025039001	(409) DRERYRDR-----	YRRVC-ISYA----
A.thaliana_AT1G08450_CRT3	(404) RRRRYKRP-----	NPRDY-MDDYHDEL
B.napus_BPS_33882	(407) RRRRYKRP-----	NPRDY-MDDYHDEL
G.raimondii_TA11257	(404) RRH-RRRH-----	DPRDY-LDDYHDEL
P.trichocarpa_VII.148	(407) P---RRRH-----	DPRDY-LDDYHDEL
H.vulgare_TA32081	(409) YKDRYKR-----	RNRDHWDD-YHDEL
T.aestivum_TA53764	(409) YKDRYKR-----	RNRDHWDD-YHDEL
O.sativa_Os01g67054.1	(425) YKDRYKR-----	RHRDHWDDDYHDEL
Z.mays_TA15627	(399) ---RHKK-----	HYRDHWDD-YHDEL
O.sativa_Os05g43170.1	(405) YRDRYRG-----	HHRRYDYHDEL
S.bicolor_TA24664	(406) YRDRYK-----	RHRHYDYHDEL
Z.mays_BPS_22383	(404) YKDRYK-----	RHRHYDYHDEL
P.patens_164102	(386) -DDYDED-----	DDDDDHDEL
C.reinhardtii_TA11983	(400) ASGMSIKIP-----	KEEEESGHDEL
P.pinaster_TA4383	(403) KEADKKEH--E-----	LDSEHKEDDKHDEL
P.taeda_TA5639	(404) KEADKKEH--E-----	LDSEHKEDDKHDEL
W.mirabilis_TA538	(386) EEDDEIE-----	EEEEKKEKDEHDEL
P.sitchensis_TA20930	(386) TEEPE-----	EE-EDNEEHDEL
B.distachyon_TA448	(391) -----	-----
O.sativa_Os03g0832200	(404) VAEQTKDKGDEKPDIKVSADEKPKSSKDDSSAAKDEL	
H.vulgare_TA38555	(402) ASDEGKGQ-----	QVSADEKVEEISKDASS-DKKDEL
T.aestivum_TA74192	(400) ASDE-----	ENKDASGDEEISKDASSSDKKDEL
S.bicolor_TA25211	(410) SDTD-----	EAEDSEAKHDEL
H.vulgare_BPS_7785	(403) SDAEDD-----	K-DS-DDEKHDEL
T.aestivum_TA50840	(426) SDVES-----	DDEKHDEL
S.bicolor_TA20922	(404) SDAEDS-----	K-DS-DDEKHDEL
Z.mays_TA170881	(404) SDAEDS-----	K-DS-DDEKHDEL
O.sativa_Os07g0246200	(408) SDAEDG-----	K-DS-DDEKHDEL
A.trichopoda_TA1102	(397) ADDE-----	EEEAHDEL
A.thaliana_AT1G09210_CRT2	(396) SDSESKAETK-----	SVDSEETSEKDATAHDEL
B.napus_BPS_28478	(395) SDTEA-KTEAK-----	SEVSEETSDKDATAHDEL
A.thaliana_AT1G56340_CRT1	(397) SDNESKSEETK-----	EAEETKEAETDAAHDEL
B.napus_TA20659	(398) SDTDSKTEETK-----	VETS---SDKDDAAHDEL
A.formosa_TA9419	(401) ADDEEAK-----	G--DSDEDEVHDEL
C.annuum_TA4292	(402) ADDKSES-----	K--DDDEAA-HDEL
S.habrochaites_TA1435	(402) ADDKSDS-----	K--DEDT---HDEL
S.lycopersicum_TA36564	(395) -DDKSDS-----	K--DEDT---HDEL
S.tuberosum_TA24720	(402) ADDKSDS-----	K--DEDT---HDEL
G.hirsutum_TA20990	(402) SDSDTKS-----	D--DDDKEDAHDDEL
G.raimondii_TA8857	(403) SDSDTKS-----	D--DDDKEDAHDDEL
G.raimondii_TA8860	(399) ESDDSSKD-----	S--AEDAVQHDEL
I.nil_TA5002	(408) SKQDESK-----	S--ESKEDAHDEL
C.endivia_TA1106	(398) EEEE-----	ADDNDIKDEL
C.solstitialis_TA9	(395) DDDE-----	AEESDVKDEL
H.annuus_TA7525	(396) EEDD-----	AEESDVKDEL
H.argophyllus_TA1300	(396) EEDE-----	AEESDVKDEL
L.serriola_TA711	(395) DEEE-----	ADENDVKDEL
O.basilicum_TA646	(423) DADDSKI-----	DPNEDPVASVDDVHDEL
B.vulgaris_TA7257	(400) DDAD-----	KSDDKDDQHDEL
M.domestica_TA24948	(398) DSDAESK-----	SDSTEESAE-ESEKHDEL
P.persica_TA3474	(399) DSES--K-----	PDSTEESAETEAekhDEL
G.max_BPS_38275	(399) SDAESKT-----	EAGEDTKEEG---VHDEL
P.vulgaris_TA3122	(403) SDGESKT-----	EAGEDKEDG---HDEL
L.japonicus_TA548	(394) DDAESKT-----	EAGEDSADANEDVHDEL
M.truncatula_AC149474	(399) SDDESKA-----	EAGEDSDETNRKDDVHDEL
P.trichocarpa_133.107	(398) SDAET-----	KEDKDGEEBEEVHDEL
P.trichocarpa_729432	(395) SDAET-----	KADT-ADDEDEVHDEL
R.communis_U74630	(395) DDGES-----	KSDAAEDSAEDVHDEL
V.vinifera_TA38405	(401) EDSDSSEAKLES-----	ETSKEADSDDEEDKHDEL
Konsensus	(451) DDE K	D DDD HDEL

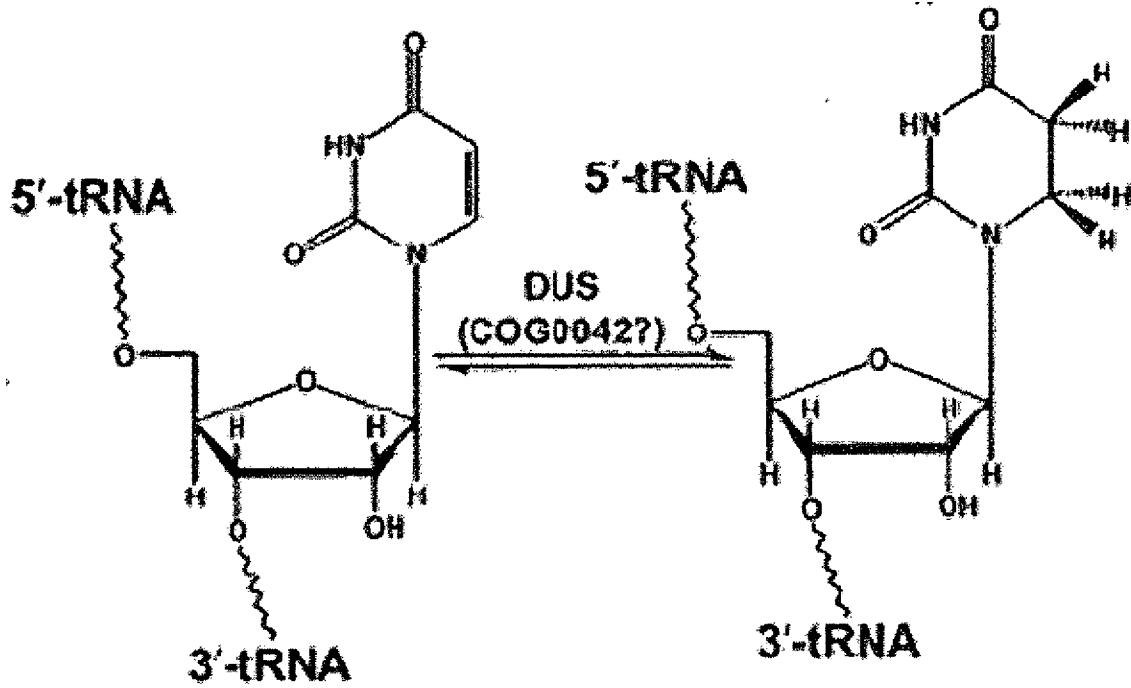
FIGUR 4 (Fortsetzung)



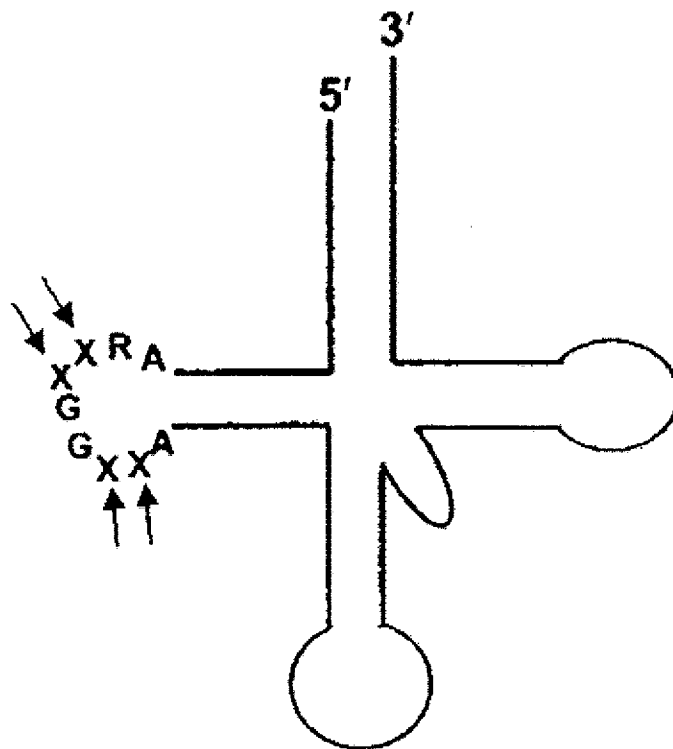
FIGUR 5



FIGUR 6



FIGUR 7



FIGUR 8

A.thaliana_AT5G67220.1	(1)	-----	-----	-----	-----	MKLNLSNLRFLRTRKSLISQTRAMT	60
B.napus_BN06MC20455	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----MT
B.napus_TC79818	(1)	-----	-----	-----	-----	MKPSSLKLLKFLRTRDSDPLLRIRTMT	
P.patens_149014	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----
S.moellendorffii_443602	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----
P.taeda_TA13257_3352	(1)	MKTRPSIARLSSISIDNRNSHGLTFPLLPWTLKRRHFSSSVVPMTKEASEDADNVLCS					
O.sativa_LOC_Os06g49870.1	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Sacof_DuSLL	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----
S.bicolor_Sb10g029830.1	(1)	-----	-----	-----	-----	MPLRRLAPLLVSPRR--RLRSSLNPSLVAMS	
Z.mays_ZM07MC04636	(1)	-----	-----	-----	-----	MPLRRLAPLLVSPRR--RLRSSLNPSLVAMS	
G.max_Glyma05g20510.1	(1)	-----	-----	-----	-----	MQLRRLSPLLASPRRRLRLRSPTNPSSATMS	
G.max_Glyma17g18490.1	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----MKPKPKPYSFPLP
R.communis_TA2745_3988	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----MKPKHKPYSFPLP
S.lycopersicum_TC206234	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----MRSLFCLHKPLLSTSLKPLMASS
V.vinifera_GSVIVT0001954	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----MRFQLISVSSIFILNSRHHTYLHRNLSMAT
C.vulgaris_36290	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----MKLNSWPFSPFLTSLKHLRSIYTMASSIS
V.carteri_80128	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----
E.huxleyi_437158	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Konsensus	(1)	-----	-----	-----	-----	-----	-----MS

FIGUR 9

	61				120
A. thaliana_AT5G67220.1	(26)	QNPDPKPPSQVLDLILCSEQR---	DGQIEE-TVDTAPASLGSPSRVLSIDTRVERAWA		
B. napus_BN06MC20455	(3)	QNPDPNPPSQVLDLILSSEQ-----	Q---PELSSPGRVLSIDTRVEQAWA		
B. napus_TC79818	(27)	ITSN-----PPQVRDDLCS	QQQQDLQIEK-PPEAAPASLGAPGRVLSIDTRVEQAWA		
P. patens_149014	(1)	-----	MRELVEGADIEDVNSAKRLKVEAAFAVLPHAARAWD		
S. moellendorffii_443602	(1)	-----	MAVAAAQAPLQINGFHCAAEPDLEAELPLNSFSLSRH---IERSWD		
P. taeda_TA13257_3352	(61)	RVADFTLSESPHSSSEDAEDTFEAIDCSVLS	TLVDSEHSSPDSSDGCMDGSLIEKAWR		
O. sativa_LOC_Os06g49870.1	(28)	PPAAHLATAADPDEDLCFTT---	ESVAPAEETAP---PL-PAPPPPVSAAEERVERAWA		
Sacof_DuS1L	(30)	P-AAHLATAADHDEDLCAS-----	AAGSEAEELAP---SP-PLPPPPVSADERVERAWA		
S. bicolor_Sb10g029830.1	(30)	P-AAHLATAADPDEDLCAS-----	AAGSEAEELAL---AP-PLPPPPVSAAEERVERAWA		
Z. mays_ZM07MC04636	(32)	P-GAAHLATAADPDEDLCAS-----	AGASEAEVPAP---AP-HLPLPLVSAEERLERAWA		
G. max_Glyma05g20510.1	(13)	LNRFRLALQS-----	RPLMAQTPTSLDAEHPSDNDQHMGM--FRARSLGESRAEQAWA		
G. max_Glyma17g18490.1	(13)	LTRHFRALQS-----	CPLMAQTPTSLDAEHPPAAADQHVGM--FPARSLGESWAERAWA		
R. communis_TA2745_3988	(24)	LTRTVAIQDNDDEVLCSSAHQEHTSFSTLP	TVSSSCLGSATPSCYLNGESRVDRAWA		
S. lycopersicum_TC206234	(31)	ETLNSAINGEVVDDDLCSDATT--	TSSIEQ-EGGRHPVGLNCANGYLKGEARIERAWA		
V. vinifera_GSVIVT0001954	(31)	ETLTLTLPAGSPQDSNLDHICS--	EQQEHQE-CQS---SSADWPSRCLTGESRIERAWA		
C. vulgaris_36290	(1)	-----	MAAQEPDAATHGQRGWE		
V. carteri_80128	(1)	-----	MTVAVPPPPAVPASALYEPRTTMDAAPLQRP		
E. huxleyi_437158	(1)	-----	-----MVASAWD		
Konsensus	(61)	-----	-----		
		S	DE	LCA	P
					LSAESRVERAWA

FIGUR 9 (Fortsetzung)

A.thaliana_AT5G67220.1	121	(81)	HWKKLGRPKYIVAPMVDNSELPFRLLCQYGAQAAYTPMLHSRIFTETEKYRNQEFFTTCK	180
B.napus_BN06MC20455		(47)	HWKKLGRPKYIVAPMVDNSELPFRLLCQYGAQAAYTPMLHSRVFTETEKYRNQEFFTTCK	
B.napus_TC79818		(82)	HWKKLGRPKYIVAPMVDNSELPFRLLCQYGAQAAYTPMLHSRIFTETDNR - NKEFTTCE	
P.patens_149014		(37)	HWKKLGRPKYIVAPMVDNSELPFRLLCQYGAQAAYTPMLHSRIFTEFDNR - NKEFTTCE	
S.moellendorffii_443602		(45)	HWRRLGAPKFMVAPMVDQSELPFRMLCRKYGATGAYTPMLHARLFSRDRKRYRNYEFFTTCP	
P.taeda_TA13257_3352		(121)	HWRRLGAPKFMVAPMVDQSELPFRMLCRKYGATGAYTPMLHARLFAENPKYHKLEFFTTCK	
O.sativa_LOC_Os06g49870.1		(80)	HWRRLGSPKMMVAPMVDNSELPFRMLCRRYGATGAYTPMLHSRIFSENEKHHRAMEFFTTCK	
Sacof_DuS1L		(80)	HWRRLGSPRLLVTPMVDNSELPFRMLCRRYGADAAAYTPMLHSRIFSENEKYSMEFFTTCK	
S.bicolor_Sb10g029830.1		(80)	HWRRLGSPRLLVAPMVDNSELPFRMLCRRYGADAAAYTPMLHSRIFSENEKYSMEFFTTCK	
Z.mays_ZM07MC04636		(82)	HWRRLGSPRLLVAPMVDNSELPFRMLCRRYGADAAAYTPMLHSRIFSENEKYSMEFFTTCK	
G.max_Glyma05g20510.1		(64)	HWTKLGRPRFIVAPMVDNSELPFRMLCRKYGAGQAYTPMLHSRIFTETEKYRNEEFFTTCK	
G.max_Glyma17g18490.1		(64)	HWAKLGRPRFIVAPMVDNSELPFRMLCRKYGAGQAYTPMLHSRIFTETEKYRNEEFFTTCK	
R.communis_TA2745_3988		(84)	HWAKLGRPRFIVAPMVDNSELPFRMLCRKYGADAAAYTPMLHSRIFTENEKYRTQEFFTTCN	
S.lycopersicum_TC206234		(88)	HWKKLGEPKLLIVAPMVDNSELPFRLLCRKHGAQAAYTPMLHSRIFSENEKYSLEFFTTCK	
V.vinifera_GSVIVT0001954		(85)	HWKKLGEPKLLIVAPMVDNSELPFRMLCRKYGAGQAYTPMLHSRIFSENEKYSQEFFTTCK	
C.vulgaris_36290		(18)	MFRSWGSPRYFVAPMVDQSELAFRMLCRRHGATAAYTPMLHSRIFLQDPNRYRAEHFSTCE	
V.carteri_80128		(40)	WFRSIGSPKFFHVAPMVDQSELPFRLLCRRHGATCAAYTPMLHARIFSQDRKYREMLTTCS	
E.huxleyi_437158		(8)	FWRSIGSPRHVCAPMVDQSEAAFRVLRSLGVQLAYTPMLHARLMEAPAYRAHTFDPEP	
Konsensus		(121)	HWRRLGSPKLLIVAPMVDNSELPFRMLCRKYGAGQAYTPMLHSRIFSENEKYSQEFFTTCK	
PFAM PF01207			XX	

FIGUR 9 (Fortsetzung)

	241				300
A. thaliana_AT5G67220.1	(197)	LVKSLVEKLAQNLTVPVSVCK	RIFFPNLEDTLKYAKMLEDAGCSLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
B.napus_BN06MC20455	(163)	LVKSLVEKLAQNLTVPVSVCK	RIFFPNLQDTLNYAKMLEEAGCSLLAVHGR	TRNEKDGKKF	
B.napus_TC79818	(197)	LVKSLVEKLAQNLTVPVSVCK	RIFFPNLQDTLNYAKMLEDAGCSLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
P.patens_149014	(153)	LVRSLVEKLSSGLTTPVSVCK	RMFFPKLEDTLAYARMIIEEAGCSLLAVHGR	TRDQKDGKSI	
S.moellendorffii_443602	(161)	LVQALVTKLVSNLDVPVSVCK	RMFFPSLDDTISYAKMLES SGC SLLAVHGR	TREQKCSRTV	
P.taeda_TA13257_3352	(237)	LVESLVKNLASNLSVPVSVCK	RMFFPSLEDT IAYAKMLEAAGCSLLAVHGR	TRDQKDGKSV	
O.sativa_LOC_Os06g49870.1	(196)	LVKSLVQNLSANLHVPVSVCK	RIFFPRLEDTLAYAKMLEEAGASLVAVHGR	TRDEKDGKKF	
Sacof_DuS1L	(196)	LVKSLVQNLAANLHVPVSVCK	RMVFFPRLEDTLAYAKMLEEAGASLVAVHGR	TRDEKDGKKF	
S.bicolor_Sb10g029830.1	(196)	LVKSLVQNLAANLHVPVSVCK	RMVFFPRLEDTLAYAKMLEEAGASLVAVHGR	TRDEKDGKKF	
Z.mays_ZM07MC04636	(198)	LVKSLVQNLAANLHVPVSVCK	RMVFFPRLEDTLAYAKMLEEAGASLVAVHGR	TRDEKDGKKF	
G.max_Glyma05g20510.1	(180)	LVKSLVEKLAVNLIQVPVSVCK	RLFFPNLEDTLKYARMLEEAGCMLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
G.max_Glyma17g18490.1	(180)	LVKSLVEKLAVNLIQVPVSVCK	RLFFPNLEDTLKYARMLEEAGCMLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
R.communis_TA2745_3988	(200)	LVKSLVEKLAALNINVPVSVCK	RLFFPKLDDTISYARMLEEAGCSLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
S.lycopersicum_TC206234	(204)	LVKSLVEKLANNLDVPVSVCK	RMVFFPNLQDTLSYAKMLEDAGCSLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
V.vinifera_GSVIVT0001954	(201)	LVKSLVEKLAALNINHVPVSVCK	RMVFFPNLQDTINYARMLEDAGCSLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
C.vulgaris_36290	(134)	LVERIVRTCAEGLSVPVTVCK	RMVFFPDRQKTVEYARMLEERAGASLIAVHGR	LVREQKKSNGP	
V.carteri_80128	(158)	RVESLVRVLAQNLRIPVTAK	RIFFPDLAKTVAYARMVEAAGASLVAVHGR	LVREQKDNSST	
E.huxleyi_437158	(126)	LAVSLVRALAEGLDVPVTAK	MLLPSVDASVALCRRMQEAGASALCVHGR	LVKEQNKHRSG	
Konsensus	(241)	LVKSLVEKLA NL VPVSVCK	RMVFF LEDTLAYAKMLEEAGCSLLAVHGR	TRDEKDGKKF	
PFAM PF01207		XXXXXXXXXXXXXXXXXXXX	XXXXXXXXXXXXXXXXXXXX	XXXXXXXXXXXX	

FIGUR 9 (Fortsetzung)

<p>A. thaliana_AT5G67220.1 B. napus_BN06MC20455 B. napus_TC79818 P. patens_149014 S. moellendorffii_443602 P. taeda_TA13257_3352 O. sativa_LOC_Os06g49870.1 Sacof_DuS1L S. bicolor_Sb10g029830.1 Z. mays_ZM07MC04636 G. max_Glyma05g20510.1 G. max_Glyma17g18490.1 R. communis_TA2745_3988 S. lycopersicum_TC206234 V. vinifera_GSVIVT0001954 C. vulgaris_36290 V. carteri_80128 E. huxleyi_437158 Konsensus PFAM PF01207</p>	<p>301</p> <p>(257) RADWSAIKEVKNAMRIPVLANGNVRCIEDVDNCIKETGVEGVLSAETLLENPAAFAGFRT (223) RADWGAIKEVREALRIPVLANGNVRCVEDVDCCIRETGVEGVLSAETLLENPAAFAGFRT (257) RADWGAIKEVRNALRIPVLANGNVRCIEDVEDCIKETGVEGVLSAETLLENPAVFAFAGFRT (213) RADWGVIKAVKSALRIPVLANGNIRWLEDVDECIRATGVDGVMSAESLLENPALFAGYRM (221) RADWEVIRAVKQALRIPVLANGNIRWLEDAERCIQETGVDGVLSAESLLENPALFAGYRT (297) RADWAVINAVKKAVRIPVLANGNIRYLEVDYDCLRETGADGVLSAESLLENPALFAGYRL (256) RADWDAIKAVKDALRIPVLANGNIRHLDDVKDCLEHTGADGVLSAETLLENPALFAGFRT (256) RADWDAIKAVKDALRVPVLANGNIRHMEDVKNCLEHTGADGVLSAETLLENPALFAGFRT (256) RADWDAIKAVKDALRVPVLANGNIRHMEDVKNCLEHTGADGVLSAETLLENPALFAGFRT (258) RADWDAIKAVKDALRVPVLANGNIRHMEDVKNCLEHTGADGVLSAETLLENPAVFAFAGFRT (240) RADWKAIRAVKNAVRIIPVLANGNIRHIDDDVRDCLLEETGVEGVLSAETLLENPALFAGFRT (240) RADWNAIRAVKNAVRIIPVLANGNIRHMDDVDRDCLLEETGVEGVLSAETLLENPALFDGFR (260) RADWKAIKAVRNAVKIPII LANGNVRRHDDVVRNCLLEETGADGVLSAESLLENPALFAGFRT (264) RANWEAIKAVRDVVRIPVLANGDIRHMDDVHNCLLEETGADGVLSAESLLENPALFAGYRT (261) RADWNAIKAVNAVSIIPVLANGDIRHMDDVQRCLLEETGADGVLSAESLLENPALFAGFQT (194) DADWDAIKAVVEAVGVPVLANGNIRTLADVHACMAYTGAVGVLSAESLLEDPALFSP--R (218) RADWDAIRAVKKAALSVPVLANGNIRHLGDVGACLSYTGADGVLSAESLLADPALFDVPAR (186) PADWAAIARIVEALDIPVIANGGIATADDVAECLARTGAAAVMSSEALLENPALFCANVD (301) RADW AIKAVK ALRIPVLANGNIRHMEDV CLEETGADGVLSAETLLENPALFAGFRT XXX</p>	<p>360</p>
--	--	------------

FIGUR 9 (Fortsetzung)

361
(317) A.thaliana_AT5G67220.1 AEWAKDNEE-----EGFVDGGLDQGDLVVEYLKLCCEKHPVPWR-MIRSH 420
(283) B.napus_BN06MC20455 AAWAKE-----EGYVDGGLDQGDLVVEYLKLCCEKHPVPWR-MIRSH
(317) B.napus_TC79818 AEWAKGSEEE-----EGYVDGGLDQGDLVVEYLKLCCEKHPVPWR-MIRSH
(273) P.patens_149014 KPLDSSAASP-----DDHKKYSLNPTLVLEYLDFCDKYVPAR-MIRAH
(281) S.moellendorffii_443602 FKPSDSEDEE-----QGSSKLMIDPVTLMEYLDQCEKYAPDK-CIRAH
(357) P.taeda_TA13257_3352 MADWEDNSSSQAEVLEKYERVKHTEHELKHPFNQATLVLEYFDLCEKYVPWR-MVRAH
(316) O.sativa_LOC_Os06g49870.1 KEWKENG-----DEDEASGLDQADLVIEYLKLCCEQYVPWR-MVRSH
(316) Sacof_Du51L KEWKEDG-----DENGSGLDQADLVIEYLKLCCEQYVPWR-MVRSH
(316) S.bicolor_sb10g029830.1 KEWKEDS-----DENGSGLDQADLVIEYLKLCCEQYVPWR-MVRSH
(318) Z.mays_ZM07MC04636 KEWKEDG-----DENGSGLDQADLVIEYLKLCCEQYVPWR-MVRSH
(300) G.max_Glyma05g20510.1 AEWVSESEG-----TNVDGKLDQADLLIEYLKLCCEKYVPWR-MIRSH
(300) G.max_Glyma17g18490.1 AEWVSESEG-----TNLDGKLDQADLLIEYLKLCCEKYVPWR-MIRSH
(320) R.communis_TA2745_3988 AEWVVGDEE-----STRDGKLDQADLLVEYLKLCCEEYVPWR-MIRAH
(324) S.lycopersicum_TC206234 AOWGLSTAG-----IKEDGKLDQAQLVVDYLKLCCERHVPWR-MIRSH
(321) V.vinifera_GSVIVT0001954 AEW-----LDQANLLVEYLKLCCEKYVPWR-MIRSH
(252) C.vulgaris_36290 RLQPGGAFGG-----AQQGAHLLLEYLDLVDAHPCPMR-MVTGH
(278) V.carteri_80128 ASVAVGDVSGR-----GRWYSAPPLERLSLAAQYMDLVRHPVPLR-MVRGH
(246) E.huxleyi_437158 PD SG-----AYLDQPELARRYLRVCRQLPPPTLGHVRSR
(361) Konsensus AEW D DG LDQADLVIEYLKLCCEKYVPWR MIRSH
XXX
PFAM PF01207

FIGUR 9 (Fortsetzung)

<p>A. thaliana_AT5G67220.1 B. napus_BN06MC20455 B. napus_TC79818 P. patens_149014 S. moellendorffii_443602 P. taeda_TA13257_3352 O. sativa_LOC_Os06g49870.1 Sacof_DuS1L S. bicolor_Sb10g029830.1 Z. mays_ZM07MC04636 G. max_Glyma05g20510.1 G. max_Glyma17g18490.1 R. communis_TA2745_3988 S. lycopersicum_TC206234 V. vinifera_GSVIVT0001954 C. vulgaris_36290 V. carteri_80128 E. huxleyi_437158 Konsensus PFAM PF01207</p>	<p>421</p>	<p>480</p>
--	------------	------------

```

(360) VHKMGEWFRVHPVREQLNAQN-----ILTFEFLYGLVDQLRELGGRVPLYYKKKKIDTL
(323) VHKMGEWFRVHPVREEFNAQN-----ILTFEFLYGLVDQLKELGGRVPLYYKKRKID--
(361) VHKMGEWFRVHPVREQLNAQN-----ILTFEFLYGLVDQLKELGGRVPLYYKKRKID--
(318) VHRMLGPWFRQYPHLREELNKQF-----SITTEWLKGLVHRLLAHEASEILRQTGALDQ
(325) VHRLLGEWFRVHPDRLREKLNREH-----KVDSTWLRDLGREMLERMRPKLGEVAEEASD-
(416) VHRMLGDWFRVHPDRLRQELNKQS-----KLTFFEWLRDMVHQLMERDTKLVLRPSTPCEKL
(357) VHKMGEWFRVHPVQVREELNAQS-----KLTFFEWLHDMVKRLLKDLGGGIPLYRNNNALQT
(357) VHKMGEWFRVHPPEVREELNKQN-----KLTFFEWLHDMVLRLLKELGGRVPLYYRKEISALGT
(357) VHKMGEWFRVHPPEVREELNKQN-----KLTFFEWLHDMVMRLLKELGGRVPLYYRKEITALET
(359) VHKMGEWFRVHPPEVREELNKQN-----KLTFFEWLHDMVMRLLKDLGGRVPLYYRKETALG-
(342) VHKLGDWFSLOPHIREELNKQS-----KLTFFELYDMVDRLRATGIRIPLYYKDTQVELT
(342) VHKLGDWFSLOPHIREELNKQS-----KLTFFELYDMVDRLRSTGTIRIPLYYKNTVEVEHT
(362) VHKMGEWFRVHPVREELNAQS-----RLTFEFLYNNVVDQLRALGVRIPLYVVKDLDTSA
(366) VHKMGEWFRVHPVREDFNQQS-----QLTFEFLYGLVNRLLRELGVSVPLYYKETQEEEA
(352) VHKLGEWFRVHPVRRDNLNSQS-----KLTFFELYNNMVDQLRELGVRIPLYYTKDTPAGR
(289) AFRMLGAWLSEFTDLRDLRNLNQKHKEFGVEDIREIAQDVISRIEGLGRDYPVPKLSEERALA
(324) VHKMVGDWLAEHTDLRDNINRLP-----PTIQLFCQVRVRCGGVKEVCVYVSRFAND
(280) LFKLLHAPLRHQPLLEDLLEAT-----SLDDVEPVVERLAACSHHQPAFHTPRFDAA
(421) VHKMGEWFRVHP VREELNKQ      KLTFFELYDMV RLKELG RVPLYYKK
      XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX
  
```

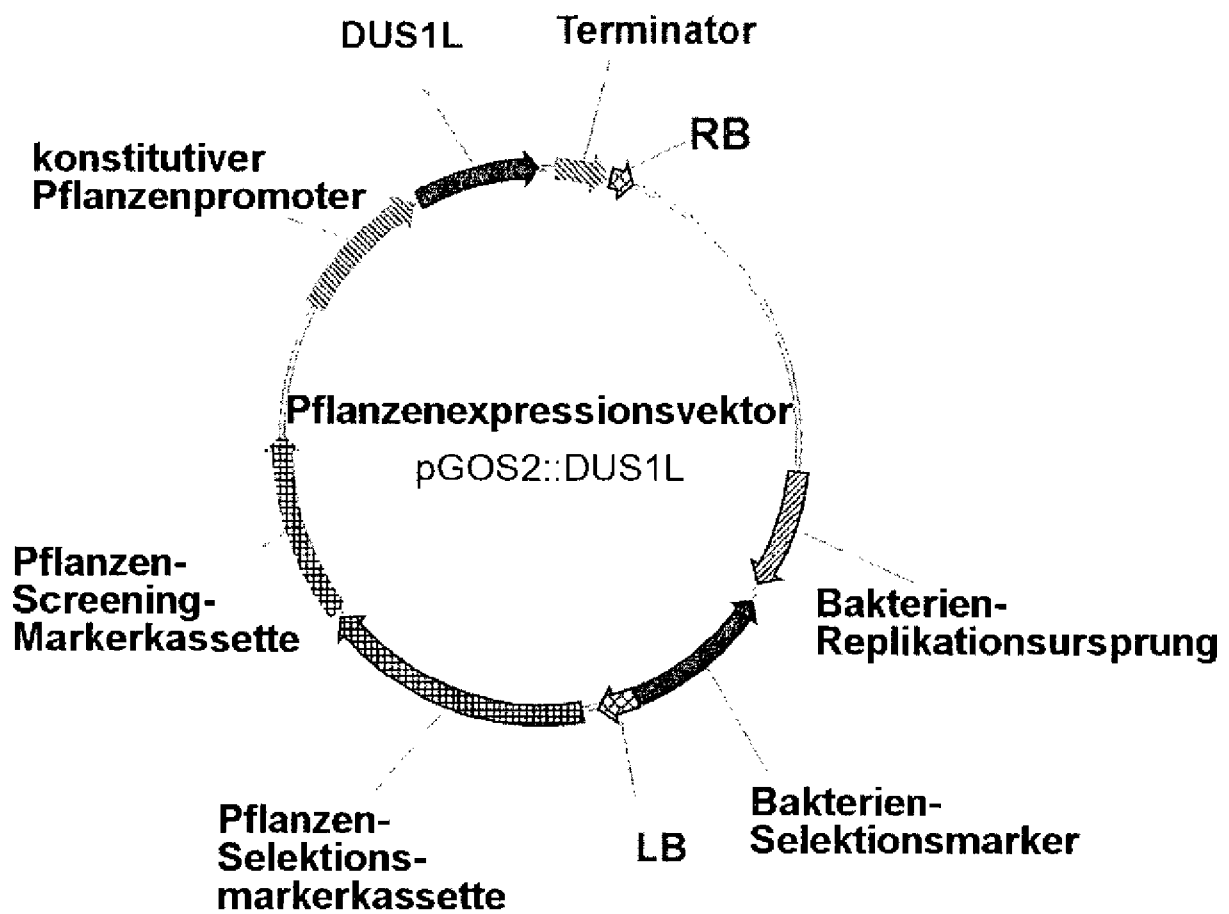
FIGUR 9 (Fortsetzung)

A.thaliana_AT5G67220.1	(415)	TPQDSPQRV	481	TPQDSPQRV	540
B.napus_BN06MC20455	(376)	TPQESPQRV		TPQESPQRV	
B.napus_TC79818	(414)	TLQESPQRV		TLQESPQRV	
P.patens_149014	(373)	VRENGVAQPIIIDALSDSSALQTANAVVS		VRENGVAQPIIIDALSDSSALQTANAVVS	
S.moellendorffii_443602	(379)				
P.taeda_TA13257_3352	(471)	IYKASSC		IYKASSC	
O.sativa_LOC_Os06g49870.1	(412)	TSNGLAASNA		TSNGLAASNA	
Sacof_DuS1L	(412)	TLDGLASSNA		TLDGLASSNA	
S.bicolor_Sb10g029830.1	(412)	TLDGLASSNA		TLDGLASSNA	
Z.mays_ZM07MC04636	(413)	--QTLASSNA		--QTLASSNA	
G.max_Glyma05g20510.1	(397)	AGSYPD		AGSYPD	
G.max_Glyma17g18490.1	(397)	AGSYPD		AGSYPD	
R.communis_TA2745_3988	(417)	TGVAANGLITN		TGVAANGLITN	
S.lycopersicum_TC206234	(421)	ASPNGDGA		ASPNGDGA	
V.vinifera_GSVIVT0001954	(407)	TS-NGIAT		TS-NGIAT	
C.vulgaris_36290	(349)	RMEREAAAMAAIAEQNREESSLQRIANRAESLGNVEARRVLQAAA		RMEREAAAMAAIAEQNREESSLQRIANRAESLGNVEARRVLQAAA	
V.carteri_80128	(379)	PVLSRHACGGHIHCVTHCRLARCSVAPCPLTSCSFLLLLLLIEQC		PVLSRHACGGHIHCVTHCRLARCSVAPCPLTSCSFLLLLLLIEQC	
E.huxleyi_437158	(333)	ASWYWRHRRTAAVSDGELGETRAGAGGASSPESRSRAELEAAALERRDRRRRREKRRRRRQR		ASWYWRHRRTAAVSDGELGETRAGAGGASSPESRSRAELEAAALERRDRRRRREKRRRRRQR	
konsensus	(481)				

FIGUR 9 (Fortsetzung)

	541	555
A.thaliana_AT5G67220.1	(424)	-----
B.napus_BN06MC20455	(385)	-----
B.napus_TC79818	(423)	-----
P.patens_149014	(402)	-----
S.moellendorffii_443602	(379)	-----
P.taeda_TA13257_3352	(478)	-----
O.sativa_LOC_Os06g49870.1	(422)	-----
Sacof_DuS1L	(422)	-----
S.bicolor_Sb10g029830.1	(422)	-----
Z.mays_ZM07MC04636	(421)	-----
G.max_Glyma05g20510.1	(403)	-----
G.max_Glyma17g18490.1	(403)	-----
R.communis_TA2745_3988	(427)	-----
S.lycopersicum_TC206234	(429)	-----
V.vinifera_GSVIVT0001954	(414)	-----
C.vulgaris_36290	(395)	-----
V.carteri_80128	(423)	-----
E.huxleyi_437158	(393)	GAASVAAAPAVAVL-
Konsensus	(541)	-----

FIGUR 9 (Fortsetzung)



FIGUR 10

MAKSRPPKRILESYTIKGS DKVIKPGDCVLMRA

BAH-Domäne

SDTSKPPYVARVEAIEAAGSRGTNVRVRVRWYY

BAH-Domäne

RPEESMGRRPFHGAKEVFLSDHYDVQSADTIE

BAH-Domäne

GKCNVHSFRSYTKLDSVNAEDFFCRFEYKSATG

BAH-Domäne

SFVPDRIAVF CKCEMPYNPDDLMIQCEECSDWF

BAH-Domäne

PHD-Domäne

HPSCIGMTIKDAKKLEHFFCQSCTAENGKMAEN

PHD-Domäne

SHEATAQSEEKQVESKRRRR

FIGUR 11

multiples Sequenzalignment

```

O.sativa_Os07g0186400#1      -----MAKSRPPKRILESYTIKGS DKVIKPGDCVLMRASDTSKPPY
T_____M_____29382_---4312_116  -----MAKSRPPKRILESYTIKGS DKVIKPGDCVLMRASDTSKPPN
O.sativa_AK061201#1         -----MAKSRPPKRILESYTIKGS DKVIKPGDCVLMRASDTSKPPY
Z.mays_TA12947_4577999#1    -----MAGKSRPPKRILESYTIKGS DRVIKPGDCVLMRASDASKPPY
Z.mays_ZM07MC24083_BFb0146024@  -----MAGKSRPPKRILESYTIKGS DRVIKPGDCVLMRASDASKPPY
H.vulgare_TA40508_4513#1    -----MAKTRPPKRILESYTIKGS DKVIKPGDCVLMRSADTSKPPY
H.vulgare_TA35269_4513#1    -----MSKTPGKSPRTPRRTLESYTIKGS DGVIKPGDSVLMKAPDSSKPPY
O.sativa_Os03g0799600#1     -----MAKTRQPQKRVLESFTIKGPDGVIKPGD TVLMMAPDSSKKPY
A.thaliana_AT4G39100.1#1    -----MPKQKAPRKQLKSYK LKHINKSIQEGDAVLMRSSEPGKPSY
T_____M_____2176_---0490_46_8  -----MPKQKAPRKQLKSYK LKHINKSIQEGDAVLMRSSEPGKPSY
B.napus_BN06MC06825_42494234@6  -----MPKQKAQKKQLKSYK LKHINRTIQEGDAVLMRSSEPGKPSY
P.trichocarpa_scaff_IV.1226#1  -----MAKAKAPRRTLDSYTVKPI NKTVKPGDCVLMRPSDPSKPSY
S.lycopersicum_TA42220_4081#1  -----MAKTRTNRRTLDSYTVKS INKTVRAGDCVLMRASESSKPSY
A.thaliana_AT4G22140.1#1    -MAKTRPGVASKIKTGRKELDSYTIKGTNKVVRAGDCVLMRPSDAGKPPY
A.thaliana_AT4G22140.2#1    -MAKTRPGVASKIKTGRKELDSYTIKGTNKVVRAGDCVLMRPSDAGKPPY
A.thaliana_AT4G04260.1#1    -----MRPSDAGKAPY
P.trichocarpa_scaff_XI.104#1  MAKTRPGGIISKPKTGKRDLESYTI RGTTKVVRAGDCVLMRPSDTGRPSY
P.trichocarpa_scaff_166_34#1  MAKTRPGGLISKPKTGKRDLD SYTIRGTTKVVRVGD CVMMRPSDTGRPSY
H.vulgare_TA42493_4513#1    -----MAKTKQGKRDIDSYTI RGTTKVVRVGD CVLMRPSDTDNAPY
T.aestivum_c54968390@13747#1  -----MAKTKQGKRDIDSYTI RGTTKVVRVGD CVLMRPSDTDNAPY
T_____M_____14367_---4367_137  -----MAKTKQGKRDIDSYTI RGTTKVVRVGD CVLMRPSDTDNAPY
T.aestivum_TA54637_4565#1    -----MAKTKQGKRDIDSYTI RGTTKVVRVGD CVLMRPSDTDNAPY
H.vulgare_BF623189#1       -----MAKTKQGKRDIDSYTI RGTTKVVRVGD CVLMRPSDTDNAPY
O.sativa_Os09g0386500#1     -----MAKTKQGKDVESYTIK GTTKIVRVGD CVLMRASDTEKAPY
Z.mays_TA19459_4577999#1    -----MAKTKQGKRDVDAYTIK GTNKVVRVGD CVLMRPADTDNPPY
Z.mays_ZM07MC24174_BFb0045F09@  -----MAKTKQGKRDVDAYTIK GTNKVVRVGD CVLMRPADTDNPPY
O.sativa_Os08g0421900#1     -----MAKTKQGKRDVDSYTI SGTNKVVRVGD CVLMRPVSDNQPY
P.trichocarpa_scaff_II.2065#1  -----MAKTKPGKKDLDSYTIK GTNKVVRVGD CVLMRPSDTDKLPY
S.lycopersicum_TA40478_4081#1  -----MAKTKPGKKDLDSYTIK GTNKVVRVGD CVLMRPSDSDKPPY
P.trichocarpa_scaff_XIV.1045#1  -----MAKTKPGKKDLDSYTIK GTNKVVRVGD CVLMRPSDTDKLPY
P.trichocarpa_scaff_1247.1#1  -----MAKTKPGKKDLDSYTIK GTNKVVRVGD CVLMRPSDTDKLPY
P.patens_149469#1          -----MAKSKAAKSLDSYTVKGTNKVVKVGD TVLMRGQDPEKPPY
P.patens_108696#1         -----MAKSKGAKKALDSYTVKGTQKVVKVGD CVLMRGQDPDKPPY
P.patens_153027#1        -----MAKPKNGKKTLDSCV IKGTRKIVKVGDTVLMRSEDADKPPY
P.patens_59496#1         -----MAKPKNGKKTLDSCV IKGTRKIVKVGDTVLMRSEDPDKPPY
P.patens_213413#1        -----MTKKRTTKSRLDYRIANTQKIIKPGD TVTLRPPDLTTPPY
T.aestivum_CK201479#1     -----MSKTPGKTPRTPRRILESYTIKGS DGVIKPGDSVLMKAPDTSNSPY
L.usitatissimum_LU04MC11049_62  -----MSSFGFADSVPGT PPSYGLGGKGFPSFADSVPGTPAYD

```

FIGUR 12

O.sativa_Os07g0186400#1 VQSADTIEGKCNVHSFRSYTKLDSVNAEDFFCRFEYKSATGSFVPDRIAV
T___M___---_29382_---4312_116 VQSADTIEGKCNVHSFRSYTKLDSVNAEDFFCRFEYKSATGSFVPDRIAV
O.sativa_AK061201#1 VQSADTIEGKCNVHSFRSYTKLDSVNAEDFFCRFEYKSATGSFVPDRIAV
Z.mays_TA12947_4577999#1 VQSADTIEGKCNVHSFRSYTKLDSVNAEDFFCRFEYKSATGSFVPDRIAV
Z.mays_ZM07MC24083_BFb0146024@ VQSADTIEGKCNVHSFRSYTKLDSVNAEDFFCRFEYKSATGSFVPDRIAV
H.vulgare_TA40508_4513#1 VQSADTIEGKCNVHSFRSYTKLDSVNAEDFFCRFDYKSASGSFVPDRIAV
H.vulgare_TA35269_4513#1 VQSADTIECKCNVYSFRDYTKLAAVNPEDYFCRFEYKSITGSFVPDRIAV
O.sativa_Os03g0799600#1 SQSADTIEGKCYVHTFRDYTKLRSVSAEDFFCRFEYKSATGSFVPDRIAV
A.thaliana_AT4G39100.1#1 FQSADTIEGKCKVHSFSSYTKLDSVGNDDFFCRFEYNSTTGAFDPDRVTV
T___M___---_2176_---0490_46_8 FQSADTIEGKCKVHSFSSYTKLDSVGNDDFFCRFEYNSTTGAFDPDRVTV
B.napus_BN06MC06825_42494234@6 LQSADTIEGKCKVHSFSSYTKLSSVGNDDFFCRFEYNSTTGAFIPDRVAV
P.trichocarpa_scaff_IV.1226#1 TQSADTIEGKCMVHSFKNYTKLDAVGNDDFFCRFEYNSTTGAFNPDRVAV
S.lycopersicum_TA42220_4081#1 IQSADTIEGKCTVHTFKSYTKLDAVGNEDFFCRFDYNSSTGAFNPDRVAV
A.thaliana_AT4G22140.1#1 VQSAHTIEGKCI VHTFKNYTRLENVGAEDYFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
A.thaliana_AT4G22140.2#1 VQSAHTIEGKCI VHTFKNYTRLENVGAEDYFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
A.thaliana_AT4G04260.1#1 VQSAHTIEGKCI VHTFKNYTRLENVGVEDYFCIFDYKAATGAFTPDRVAV
P.trichocarpa_scaff_XI.104#1 VQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLENVGAEDYFCRFEYKAATGGFTPDRVAV
P.trichocarpa_scaff_166.34#1 VQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLENVGAEDYFCRFEYKAATGGFTPDRVAV
H.vulgare_TA42493_4513#1 TQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLDNVGPEDFFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
T.aestivum_c54968390@13747#1 TQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLDNVGPEDFFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
T___M___---_14367_---4367_137 TQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLDNVGPEDFFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
T.aestivum_TA54637_4565#1 TQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLDNVGPEDFFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
H.vulgare_BF623189#1 TQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLDNVGPEDLFCRFECKAVTGAYTPNRVDS
O.sativa_Os09g0386500#1 TQSAHTIEGKCVVHSFKNYTKLDNVGPEDFFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
Z.mays_TA19459_4577999#1 TQSAHTIEGKCI VHSFKSYTKLDNVGPEDFYCRFDYKAATGAFTPDRVAV
Z.mays_ZM07MC24174_BFb0045F09@ TQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLDNVGPEDFYCRFDYKAATGAFTPDRVAV
O.sativa_Os08g0421900#1 MQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLDNVGPEDFFCRFEYKAATGAFTPDRVAV
P.trichocarpa_scaff_II.2065#1 MQSAHTIEGKCI VHSFKNYSKLENVGAEDYFCRFEYKASTGGFTPDRVAV
S.lycopersicum_TA40478_4081#1 FQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLENVGPEDYFCRFDYKAATGGFTPDRVAV
P.trichocarpa_scaff_XIV.1045#1 VQSAHTIEGKCI VHSFKNYTKLENVGAEDYFCRFEYKASTGGFTPDRVAV
P.trichocarpa_scaff_1247.1#1 MQSAHTIEGKCI VHSFKNYSKLENVGAEDYFCRFEYKASTGGFTPDRVAV
P.patens_149469#1 IQSADTIEGKCTVHTFKNYTKLESVGAEDYFCRFEYKASTGGFTPDRVAV
P.patens_108696#1 IQSADTIEGKCI VHTFKNYTKLDSVGTEDYFCRFEYKASTGGFTPDRVAV
P.patens_153027#1 VQSADTIEGKCI VHSFKNYTKLETVSAEDYFCRFEYKATGGFTPDRVAV
P.patens_59496#1 VQSADTIEGKCI VHSFKNYTKLEAVSAEDYFCRFEYKATGGFTPDRVAV
P.patens_213413#1 VCSPEAVENKCTIHTFKDYTRLEDVGTDDYFCRFDYNARSGTTFSPDRVAV
T.aestivum_CK201479#1 AHAI PCAKRRCPFLTKMCRVLTSTYTG-----TASSTASGTTPSL
L.usitatissimum_LU04MC11049_62 TRESEQGFGAPSRFDSFRESGSDSLGQGF SRFDSFRDSDQSHVLPSPFDS

FIGUR 12 (Fortsetzung)

O.sativa_Os07g0186400#1
 T___M___---_29382_---4312_116
 O.sativa_AK061201#1
 Z.mays_TA12947_4577999#1
 Z.mays_ZM07MC24083_BFb0146024@
 H.vulgare_TA40508_4513#1
 H.vulgare_TA35269_4513#1
 O.sativa_Os03g0799600#1
 A.thaliana_AT4G39100.1#1
 T___M___---_2176_---0490_46_8
 B.napus_BN06MC06825_42494234@6
 P.trichocarpa_scaff_IV.1226#1
 S.lycopersicum_TA42220_4081#1
 A.thaliana_AT4G22140.1#1
 A.thaliana_AT4G22140.2#1
 A.thaliana_AT4G04260.1#1
 P.trichocarpa_scaff_XI.104#1
 P.trichocarpa_scaff_166.34#1
 H.vulgare_TA42493_4513#1
 T.aestivum_c54968390@13747#1
 T___M___---_14367_---4367_137
 T.aestivum_TA54637_4565#1
 H.vulgare_BF623189#1
 O.sativa_Os09g0386500#1
 Z.mays_TA19459_4577999#1
 Z.mays_ZM07MC24174_BFb0045F09@
 O.sativa_Os08g0421900#1
 P.trichocarpa_scaff_II.2065#1
 S.lycopersicum_TA40478_4081#1
 P.trichocarpa_scaff_XIV.1045#1
 P.trichocarpa_scaff_1247.1#1
 P.patens_149469#1
 P.patens_108696#1
 P.patens_153027#1
 P.patens_59496#1
 P.patens_213413#1
 T.aestivum_CK201479#1
 L.usitatissimum_LU04MC11049_62
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSDWFHPSCIGMTIKDAKKLEHFFCQSCTAE
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSDWFHPSCIGMTIKDAKKLEHFFCQSCTAE
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSDWFHPACIGMTIKEAKKLEHFFCQTCTAE
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSDWFHPACIGMTIKEAKKLEHFFCQTCTAE
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSDWFHPSCIGMTIKEAKKREHFFCQSCTDE
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSDWFHPACIGMTIKEAKKLEHFFCQCVAE
 FCKCEMPYNPDNLMIQCEDCSDFHPSCVEITIKEAKKLEHFFYCKSCIAE
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSEWFHPSCIGTTIEEAKKPDNFYCEECSPQ
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSEWFHPSCIGTTIEEAKKLDHFFYCEECSPQ
 FCKCEMPYNPDDLMIQCEECSEWFHPACIEMSAEAKRLDHFYCENSSE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPACIEMSAEAKRLDHFYCENSSE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPTCIDMTPEAKRLDHFYCQNSSE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPACVGMTIEEAKKLDHFVCAECSSD
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPACVGMTIEEAKKLDHFVCAECSSD
 YKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPACVDMTIEEAKKLDHFMCECASD
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPACVDMTIEEAKKLDHFMCECASD
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPTCMGMTIEQAKKLDTFLCADCAKE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPTCMGMTIEQAKKLDTFLCADCAKE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPTCMGMTIEQAKKLDTFLCADCAKE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPTCMGMTIEQAKKLDTFLCADCAKE
 VCKCYMPYNPNDQMEQSVGMLTPI-----
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPSCMGMTIEQAKKLDHFLCADCVKE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPSCMGMTIEQAKKIDHYMCSDCAKE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPSCMGMTIEQAKKIDHYMCSDCAKE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPSCMSMTIEQAKKLDHFVCSDCVKE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDW-----
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPICMGMTIDEAKKLDPFLWSDCSSE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDWFHPSCMGMTIEEAKKSDHFLCSDCSSD
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEGCSDW-----
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEICKDWFHPSCMSMTPDQVKKMEKFFCPDCISQ
 YCKCEMPYNPDDLMIQCEICKDWFHPSCMSMTPDQVKKMEKFFCPDCISQ
 YCKCEMPYNPDHVMLECNCKDWFHRHCVGLSEEQVKHVDRYICPTCAPE
 YCKCEMPYNPDHVMLECNCKDWFHRHCVGLSEEQVKHVDRYICPGCAPE
 YCKCEMPYNPDDLMIQCECNCCKDWFHPKCVMLSSEDIKNVKNFHCPCDINS
 LVSVLMDYFGRFVHVNRPLCTVSGCCVLVILNLVTLADLFIPLCGNV
 DNGQGFPFRFDSFRDSDGDFDHGRGITRFDSSFGGQSSGFVYEHGSKDSLNK

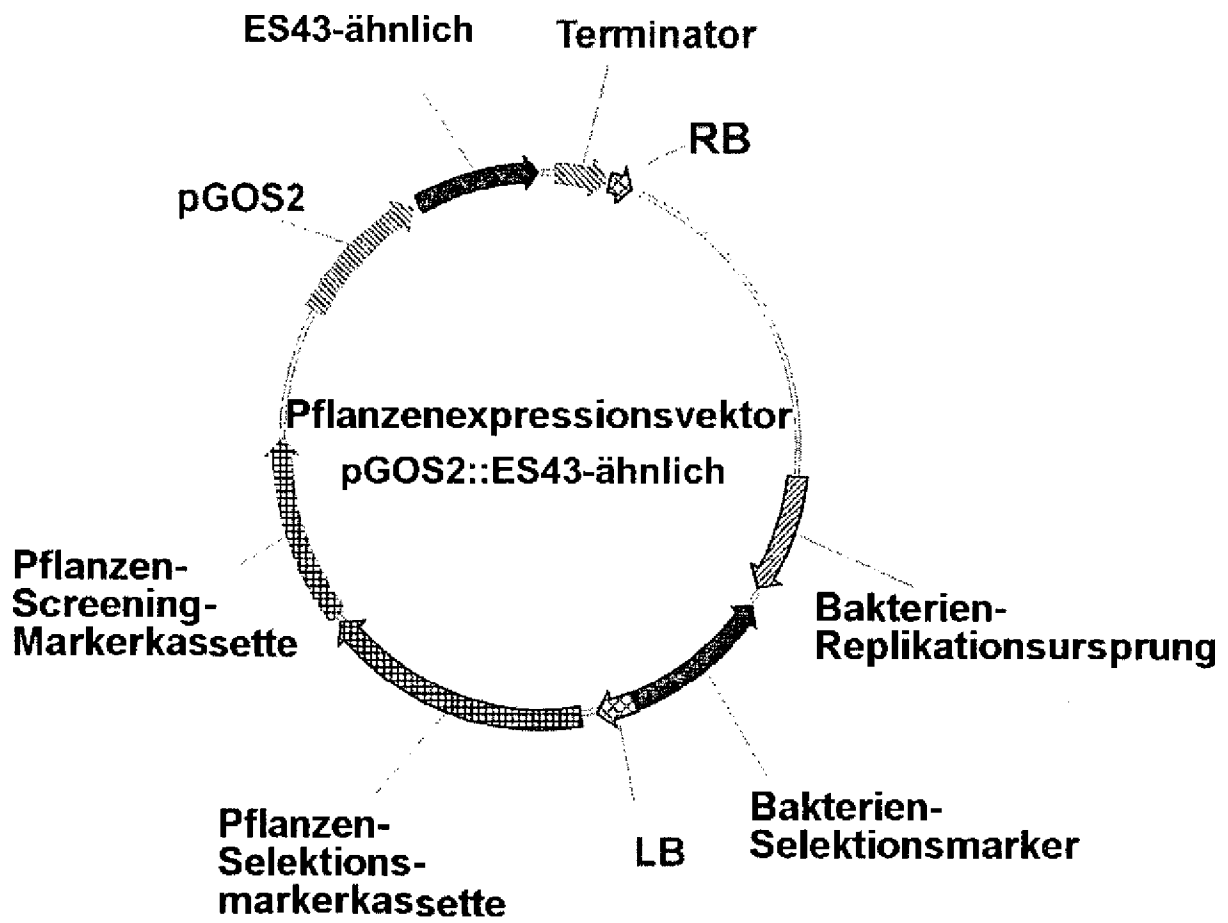
FIGUR 12 (Fortsetzung)

O.sativa_Os07g0186400#1	NG----KMAENSHEATAQSEEEKQVESKRRRR-----
T___M___---_29382_---4312_116	NG----KMAENSHEATAQSEEEKQVESKRRRR-----
O.sativa_AK061201#1	NG----KMAENSHEATAQSEEEKQVESKRRRR-----
Z.mays_TA12947_4577999#1	NG----KMVENSHEATAQSEEEKPVESKRRRR-----
Z.mays_ZM07MC24083_BFb0146024@	NG----KMVENSHEATAQSEEEKPVESKRRRR-----
H.vulgare_TA40508_4513#1	NG----KTTENSHEATSQSEEEKPVESKRRRR-----
H.vulgare_TA35269_4513#1	NGNANGVKNENSHESTGESDEKQVQSKRRRR-----
O.sativa_Os03g0799600#1	NG----KDLQKSNQATVQSEEEKVQSKRRRR-----
A.thaliana_AT4G39100.1#1	-QQNLHNSNSTSNRDAKVNKRSLEVTKSKNKHTKRPG-----
T___M___---_2176_---0490_46_8	-QQNLHNSNSTSNRDAKVFYLYFSFQKISLVFECWSNPLQIGLNKFKVFK-----
B.napus_BN06MC06825_42494234@6	-QQDLDNSNSTSKTTDAKVNTKRSLEVSKTRNKHAKRSG-----
P.trichocarpa_scaff_IV.1226#1	GQKKLQNSHNTR-QSDAKAETKRRRR-----
S.lycopersicum_TA42220_4081#1	DQKLLNSHATSRHADIKVESKRRRR-----
A.thaliana_AT4G22140.1#1	DD-VKKSQNGFTSSPADDVKVRLSLFSLHLLYRCSITYL-----
A.thaliana_AT4G22140.2#1	DD-VKKSQNGFTSSPADDVKVETKRRRR-----
A.thaliana_AT4G04260.1#1	EDGVKRFQNGFASSTTNDLKPSAEKIDVRASYEL-----
P.trichocarpa_scaff_XI.104#1	DD-VKRSQNGFSSASSLAEVENKRRRR-----
P.trichocarpa_scaff_166.34#1	DD-VKRSQNGFSSVSTVDVKVENKRRRR-----
H.vulgare_TA42493_4513#1	NG-AKRPSNSYPSSPSSDSKVEPKRRKK-----
T.aestivum_c54968390@13747#1	NG-AKRPSNSYPSSPSSDSKVEPKRRKK-----
T___M___---_14367_---4367_137	NG-AKRPSNSYPSSPSSDSKVEPKRRKK-----
T.aestivum_TA54637_4565#1	NG-AKRPSNSYPSSPSSDSKVEPKRRKK-----
H.vulgare_BF623189#1	-----
O.sativa_Os09g0386500#1	NG-TKRPSNSYPASSNSDSKVEPKRRRR-----
Z.mays_TA19459_4577999#1	NG-AKRPSNSYSVSPNSDSKIESKRRRR-----
Z.mays_ZM07MC24174_BFb0045F09@	NG-AKRPSNSYSVSPNSDSKIESKRRRR-----
O.sativa_Os08g0421900#1	NG-AKRPSHAYAGSTKYEPKAESKRQRR-----
P.trichocarpa_scaff_II.2065#1	-----
S.lycopersicum_TA40478_4081#1	DD-AKRPLNSFHVEPKLVVSLFTSKGSGGLHVQSLDL-----
P.trichocarpa_scaff_XIV.1045#1	DD-AKRSLNVFPVSPSLEVKVKVETKRRRR-----
P.trichocarpa_scaff_1247.1#1	-----
P.patens_149469#1	SGEKKVRQSSPRSSPATDHVKVYILCIILMLLALPYGPSLLALFSVFC--
P.patens_108696#1	DGDRKLRQSSPGSSPTPEHVHKPEAKRRRR-----
P.patens_153027#1	TVKKSNGSSHKTQDAKVTVEFALAAFSSIALVPHYT-----
P.patens_59496#1	TVKKSNGPSHMTQDAKPEPKRQRR-----
P.patens_213413#1	-----
T.aestivum_CK201479#1	PLGSPFRALG-----
L.usitatissimum_LU04MC11049_62	HGFDDTDAFGSSGYPRTSTFDGGATTKRSSDEWKAF-----

FIGUR 12 (Fortsetzung)

O.sativa_Os07g0186400#1	-----
T___M___---_29382_---4312_116	-----
O.sativa_AK061201#1	-----
Z.mays_TA12947_4577999#1	-----
Z.mays_ZM07MC24083_BFb0146024@	-----
H.vulgare_TA40508_4513#1	-----
H.vulgare_TA35269_4513#1	-----
O.sativa_Os03g0799600#1	-----
A.thaliana_AT4G39100.1#1	-----
T___M___---_2176_---0490_46_8	LTVRSTYKASLANNCKLLD
B.napus_BN06MC06825_42494234@6	-----
P.trichocarpa_scaff_IV.1226#1	-----
S.lycopersicum_TA42220_4081#1	-----
A.thaliana_AT4G22140.1#1	-----
A.thaliana_AT4G22140.2#1	-----
A.thaliana_AT4G04260.1#1	-----
P.trichocarpa_scaff_XI.104#1	-----
P.trichocarpa_scaff_166.34#1	-----
H.vulgare_TA42493_4513#1	-----
T.aestivum_c54968390@13747#1	-----
T___M___---_14367_---4367_137	-----
T.aestivum_TA54637_4565#1	-----
H.vulgare_BF623189#1	-----
O.sativa_Os09g0386500#1	-----
Z.mays_TA19459_4577999#1	-----
Z.mays_ZM07MC24174_BFb0045F09@	-----
O.sativa_Os08g0421900#1	-----
P.trichocarpa_scaff_II.2065#1	-----
S.lycopersicum_TA40478_4081#1	-----
P.trichocarpa_scaff_XIV.1045#1	-----
P.trichocarpa_scaff_1247.1#1	-----
P.patens_149469#1	-----
P.patens_108696#1	-----
P.patens_153027#1	-----
P.patens_59496#1	-----
P.patens_213413#1	-----
T.aestivum_CK201479#1	-----
L.usitatissimum_LU04MC11049_62	-----

FIGUR 12 (Fortsetzung)



FIGUR 13

	1		40
Arath_HMGA2	(1)	MDPSLSATNDPHHPPPPQFTSFPPFTNTN--PFASPNHPF	
Arath_Hon4	(1)	MDPSLG---DPHHP--QFTPFPHFPTSN-----	
Brana_Hon5 like	(1)	MDPSLSS--DPHRSP--QYSPFPQYPTSNSPFVSAPNLPF	
Glyma_HON5 like	(1)	-----MEPSS---ISPPPAP-----	
Lotja_HMGA1701	(1)	-----MDSIWVPPPPP-----	
Poptr_HMGA905	(1)	-----MDPPPPSLLIHPPLPSS-----	
Poptr_HMGA906	(1)	-----MDPPPPSLLIPPPVPSSI-----	
Vitvi_hon5 like	(1)	-----MDPAP-----PPPLPP-----	
Gosar_HMGA10101	(1)	-----MDPFFSSMPVAPPPPPI-----	
Gosar_HMGA14201	(1)	-----	
Orysa_HMGA2201	(1)	-----	
Sacof_HMGA2503	(1)	-----	
Konsensus	(1)	P PP P	

	41		80
Arath_HMGA2	(39)	FTGPTAVAPPNNIHLYQAAPPQQPQTSPVP-----PHPS	
Arath_Hon4	(25)	--HHPLGPNPNYNNHVVFQPPQQTQTQIPQPOMFQLSPHVS	
Brana_Hon5 like	(37)	YGAQPVNQTPFNTHVSP-PQPQTQTLTP-----P--S	
Glyma_HON5 like	(13)	-----PATAVPFPAEPNDHLPPPIPEP-----P	
Lotja_HMGA1701	(12)	-----PPTAVPFTQEAINHAPDSNIPI-----NSSAP	
Poptr_HMGA905	(19)	-----PPPPTTAIPSTTETIPLHLAPLP-----NPAPA	
Poptr_HMGA906	(19)	-----PPPPPTTETPTTTTETPHLAPPP-----NPTPT	
Vitvi_hon5 like	(12)	-----PPPPQPPAASEAHVAHAANPTP-----SHGPP	
Gosar_HMGA10101	(18)	-----PPSVIPVVPFVSNPTTATTVAG-----GPPPS	
Gosar_HMGA14201	(1)	-----MAAVSARPPTDPVS-----AEA	
Orysa_HMGA2201	(1)	-----MVVAVASPSSAPGP-----GAAG	
Sacof_HMGA2503	(1)	-----MVVAVASPSSAAPAP-----SAG	
Konsensus	(41)	PP P P P P S	

	81		120
Arath_HMGA2	(73)	ISHPPYSDMICTAIAALNEPDGSSKQAISRYIERIYTGIP	
Arath_Hon4	(63)	MHPPPYSEMICAIAALNEPDGSSKMAISRYIERCYTGLT	
Brana_Hon5 like	(66)	QTAPPYSELIVEAIAHLNEPEGSSKMAISRYIERSNPVLP	
Glyma_HON5 like	(36)	SNHPPYAEMIYTAIEALKEKDGSSKRAIAKYIEQVYTQLP	
Lotja_HMGA1701	(39)	ANHPPYAEMIYRAIEALKEKDGSSKTAAIAKYIEEAYTDLP	
Poptr_HMGA905	(46)	VTQPSYAEMIYSAITALKEQDGSSRIAIAKYIERAYPGLP	
Poptr_HMGA906	(46)	ITHPSYAEMIYSAITALKEQDGSSRIAIAKYIERAYPGLS	
Vitvi_hon5 like	(39)	HNHPPYAEMITTAIGALNERTGSSKKAIAKYIERTFGDLP	
Gosar_HMGA10101	(46)	FDHPSYSDMICEAIGALKDKNGSSKRAIAKYIESAHKDLP	
Gosar_HMGA14201	(18)	LNHPSYKEMIVAAIGSLKEKNGSSEPAIAAYIASKYKDLP	
Orysa_HMGA2201	(19)	RPHPTYKEMILRALKELPDPIISSRRAIAKYISDNFSGLP	
Sacof_HMGA2503	(19)	RLHPTYKEMIMQALTELDRDPGGSSRTAIAANYIADHFSGLH	
Konsensus	(81)	HPPYAEMI AIAALKE DGSSK AIAKYIER YTGLP	

FIGUR 14

		121		160
Arath_HMGA2	(113)	TAHGALLTHHLKTLKTS	GILVMVKKSYKLAST	PPPPPPPTS
Arath_Hon4	(103)	SAHAALLTHHLKTLKTS	GVLSMVKKSYKIAGS	STPPASVA
Brana_Hon5 like	(106)	TDHQALLAHHLKTLKNC	GVLSMVKKSYKLAAS	SSAPESVA
Glyma_HON5 like	(76)	PNHSDLLTQHLNHLKSR	GLLQMVKKSYALPRS	VPVSVPGP
Lotja_HMGA1701	(79)	PAHSTLLTHHLKRLKDT	GLLIMLKKSYPSS	LPSDITQN
Poptr_HMGA905	(86)	SNHSDLLTHHLKRLKNS	GALVLNKKSYPMLPR	SDSNANIT-
Poptr_HMGA906	(86)	PSHSDLLTHHLKRLKNS	GALVLNKKSYPMLPR	S DINTDISA
Vitvi_hon5 like	(79)	PSHPALLTHHLKRLRSS	GQVVMVKHSYMLPR	SGDDAHALP
Gosar_HMGA10101	(86)	PTHSALLTHHLKRLKNN	GILVMVKKSYKLAST	ARSEVPIP
Gosar_HMGA14201	(58)	PIHDALLSRHLSDLKKQ	-IIETVHSYKLAGKA	GENTGSS
Orysa_HMGA2201	(59)	SHHDALLTVHLRRLRSQ	GLLLMSGHSYLLSTS	AATAARGRG
Sacof_HMGA2503	(59)	SRHDALLSVHLRSLRSH	GQLRLVSGNYFVSTA	TQQPAPGO
Konsensus	(121)	P HSALLTHHLKRLKSS	GLLVMVKKSYKLA S	

		161		200
Arath_HMGA2	(153)	VAPSLEPPRSDFIVNE-	-----NQPLPDPVLA	SSTPQTI
Arath_Hon4	(143)	VAAAAAAQGLDVPRSE-	-----ILHSSNNDPM	ASGSASQPL
Brana_Hon5 like	(146)	VAAAAAAAGLAAPRSES	PLGNPGHLDPASGA	VSGSASQPQ
Glyma_HON5 like	(116)	APTQGTSAVP-	-----AAVVAITTT	
Lotja_HMGA1701	(119)	-----	-----AAQPVR	
Poptr_HMGA905	(125)	--TTTPTVSTSPQIQ-	-----PQYAVPVSSA	PPEEQ
Poptr_HMGA906	(126)	TITTTATVSTNPPQIQ-	-----PQYVAPISSA	PPEEQ
Vitvi_hon5 like	(119)	LHPGPVS-	-----GP	
Gosar_HMGA10101	(126)	DSTPSNP-	-----PDVSSPPGF	
Gosar_HMGA14201	(97)	AS-	-----	
Orysa_HMGA2201	(99)	RGRPPK-	-----ASSAPP-Q	
Sacof_HMGA2503	(99)	KRGRGRPRK-	-----IPDLAPSASIP	AFQGP
Konsensus	(161)			S SA

		201		240
Arath_HMGA2	(186)	KRGRGRPPK-	-----AKPDVVQ-	---PQPLTNGKLTWEQ
Arath_Hon4	(178)	KRGRGRPPK-	-----PKPESQ-	---POP--LQQLPPTN
Brana_Hon5 like	(186)	KRGRGRPPK-	-----PKPEAS-	---PQQQQQVVIAQPN
Glyma_HON5 like	(135)	PRPRGRPRK-	-----AQNPNVQNSP-	LPQDTVNVQVQNA
Lotja_HMGA1701	(125)	-----	-----	
Poptr_HMGA905	(153)	KRGRGRPPK-	-----AKLNGLT-	---PTPAPVLANGQAQ
Poptr_HMGA906	(156)	KRGRGRPPK-	-----TKANGLP-	---PTPASVLANGQPQ
Vitvi_hon5 like	(128)	KRGRGRPPK-	-----PKIPVQP-	---TSESVLVAVGLVD
Gosar_HMGA10101	(142)	KRSRGRPPK-	-----PKPTISA-	---PADPIPQQQQQQQ
Gosar_HMGA14201	(99)	KK-RGRPK-	-----	
Orysa_HMGA2201	(114)	KRGPGRPRKNTALFP	VPVLEAKPGRGRPRK	NPLPVASSTS
Sacof_HMGA2503	(124)	KRGRGRPRKNALDP	VASSPSPLQGASAPP	PPPSGVKRGRGR
Konsensus	(201)	KRGRGRPPK	K	P V Q

FIGUR 14 (Fortsetzung)

		241		280
Arath_HMGA2	(215)	SELPVSRPEEIQIQ-----PPQ-LPLQ-PQQPVKRPPGRP		
Arath_Hon4	(204)	QVQANGQPIWEQQQV---QSPVPVPTP-VTESAKRGPGRP		
Brana_Hon5 like	(214)	AVQLNGQPSWEQP-----QFPVASPTQTVTESAKRGPGRP		
Glyma_HON5 like	(167)	EPVWAALGLADEPVQAE-----GSGKKRGRP		
Lotja_HMGA1701	(125)	-----		
Poptr_HMGA905	(182)	TGLGLNVGVTAQP-----LSVGFPIIDPTSSTVKKGRGRP		
Poptr_HMGA906	(185)	TGLGSHVSVTAQTQSQLVSSVGTVPDSTSTGRK-GRGRP		
Vitvi_hon5 like	(157)	GPVVP-----KRGPGGRP		
Gosar_HMGA10101	(171)	Q-----		
Gosar_HMGA14201	(107)	-----		
Orysa_HMGA2201	(154)	SAAAAATALSLRVKRGPGRPRKNAATPLRLGVKRGPGGRP		
Sacof_HMGA2503	(164)	PRKDALVPPSSSFATG----RERLIHRLHLGSKRGRGRP		
Konsensus	(241)			KRG GRP

		281		320
Arath_HMGA2	(248)	RKDG-----TSPTV-----KPAASVSGGVETVKRRGRP		
Arath_Hon4	(240)	RKNGS-----AAPAT-----APIVQASVMAGIMKRRGRP		
Brana_Hon5 like	(249)	RKDG-----S-----APIPRPAGLSVIMKRRGRP		
Glyma_HON5 like	(193)	KKSG-----ILG-----AGLTKRGRPPGSGKKPGRP		
Lotja_HMGA1701	(125)	-----RGRPPRS---GIPKRRGRP		
Poptr_HMGA905	(216)	KKVAVTEAGPLAVNKG-----KGRPPKTGPLGSKKSPGRP		
Poptr_HMGA906	(224)	KKMVVTEAGPLVVKKG-----RGRPPNSGPLGSKKSPGRP		
Vitvi_hon5 like	(169)	PKSGG-----V-----RGRPKS-LDGPKRRPGRP		
Gosar_HMGA10101	(172)	-----QQPLPAPIPNDTKRSNRRP		
Gosar_HMGA14201	(107)	-----N-----LSQVTMSSPSSEKRRKRRGRP		
Orysa_HMGA2201	(194)	RKNAATPLRLGAKRGPGRPRKNATATPLSLGVKRGPGGRP		
Sacof_HMGA2503	(200)	RKS-----ALVPVRSSFSQLLGSIAPLPSGVKRRGRGRP		
Konsensus	(281)	RK G	KG S P G	KKRRGRP

		321		360
Arath_HMGA2	(276)	-----PSGRAAGRER--KPIVVSAPASVF-PYV		
Arath_Hon4	(269)	-----PGRRAAGRQR--KPKSVSSTASVY-PYV		
Brana_Hon5 like	(273)	-----PGRRAAGRQR--KPLSVSSTASVF-PYV		
Glyma_HON5 like	(219)	PK-----ATTTDVSASAGPKRRPGRPPKNQSQPTLI-PFA		
Lotja_HMGA1701	(141)	P-----K--PKSLSNGLKR--RPPKHQLQATVI-PFA		
Poptr_HMGA905	(251)	R-----K--PKSLVDAKKGGRPPKNQLKPVTV-PYA		
Poptr_HMGA906	(259)	R-----K--PKSLVGAKKGGRPPKNQLKPVTV-PYA		
Vitvi_hon5 like	(193)	-----PKAQLGGVIPGGVPRERPRTAGVT-KVK		
Gosar_HMGA10101	(191)	R-----KNGPVATLGDKKGQGRPPKIG-----PKK		
Gosar_HMGA14201	(127)	-----HKAASGPTIILPQHMKAVMKADKR-GSV		
Orysa_HMGA2201	(234)	RKNAAAAASPVAPPASPLKRGVGRPRKNATPLVKPGPGRP		
Sacof_HMGA2503	(234)	RKN---AYPAVAPLVGVEQGPAGGQPQRNTTPLSPPPATV		
Konsensus	(321)		P A AGGKK GRP K	ASV PY

FIGUR 14 (Fortsetzung)

		361		400
Arath_HMGA2	(301)	ANGGVERRRGRPK----	RV-----DAGGASSVAPPPPP	
Arath_Hon4	(294)	ANG-ARRRGRPRR---	VV-----DPSSIVSVAPVGGE-	
Brana_Hon5 like	(298)	ANG-ARRRGRPR---	RV-----DSGGVPVAAPAGG--	
Glyma_HON5 like	(253)	PAVSAASVDTEHV---	AASAETAPVDADAALGPRARGRPK	
Lotja_HMGA1701	(168)	DPSLAQP-----	PVPVGSPPRPRGRPR	
Poptr_HMGA905	(280)	VAAPTATAIATD----	AA-----AMFNVGSPRPRGRPR	
Poptr_HMGA906	(288)	VASPTAT----	D---AA-----AVFNVASPKPRGRPR	
Vitvi_hon5 like	(220)	VS-----	GRPRGRPP	
Gosar_HMGA10101	(216)	SP-----	GRPRKP--	
Gosar_HMGA14201	(154)	ESG-----	GKRIRGRPK	
Orysa_HMGA2201	(274)	PSGFKRGPGRPRK	NATPPVLSVPPTAAAVLGVKRGRGRPR	
Sacof_HMGA2503	(271)	PHSGKSKPVRPFR	VAVDVSALRGSSMNISACSN	SVVGGKE
Konsensus	(361)	AG	V S	RPRGRPR

		401		440
Arath_HMGA2	(330)	TN-----	VESGGEEVAVKKRGRGRPP-	KIGGVIRKPMKPM
Arath_Hon4	(322)	-----	NVAAVAPGMK-RGRGRPP-	KIGGVISRLIMKP
Brana_Hon5 like	(324)	-----	EAVAAAPGIK-RGRGRPP-	KVGGVKNRLITKP
Glyma_HON5 like	(290)	KYADEMIAAGRGRGRGR	GRGGGGRGRGRGRGELPAQPRKP	
Lotja_HMGA1701	(189)	KNAALPPPHAVGGVDS	ELMVPGRPQ-	KLAVRG--RPKNP
Poptr_HMGA905	(309)	K--GAALAAAGVGAVVV	QAKRPGRPP-	KLPVIMKPKPKKS
Poptr_HMGA906	(313)	K--GAAPTNAGA-VVMV	QAKPPGRPA-	KVPGVMKPKPKKN
Vitvi_hon5 like	(230)	K----	ILTVGAGVGGGLSVKRRGRPP-	KADGPK--RPKKL
Gosar_HMGA10101	(224)	K-----	TVRSVVGANAMKRGRGRPP-	KVLNQMPQPAVMP
Gosar_HMGA14201	(166)	R----	FMDMAVKSSSGKPKRKPGRPM	KTALLAASAGKRK
Orysa_HMGA2201	(314)	KDKPLQSWSVLSGGAAM	TKRGPGRPR-	KKRPLEAGGVVAA
Sacof_HMGA2503	(311)	K----	MQPESVQSADASLKRGRGRPR-	KEKAVESSHLKAA
Konsensus	(401)	K	AAA G GV	KRGRGRPP KL GVM KK

		441		480
Arath_HMGA2	(364)	RSF-----	ARTGKPVGRPRKN-----	AVSVGA-SGR
Arath_Hon4	(352)	K-----	RGRGRPVGRPRK-----	IGTS-VTT
Brana_Hon5 like	(354)	K-----	RGRGRPVGRPRKNP-----	WPVTVA-TGA
Glyma_HON5 like	(330)	G-----	ARPVGRPKK-----	STSASTS
Lotja_HMGA1701	(226)	A-----	GRP-----	
Poptr_HMGA905	(346)	S-----	GRPVGRPRKNANAPWAITRASE-	PQA
Poptr_HMGA906	(349)	S-----	GRPVGRPRK-----	
Vitvi_hon5 like	(263)	T-----	GRPVGRPRK	KLATGEILPAASEQPVA
Gosar_HMGA10101	(257)	IQ-----	GQPMVVPYAD-----	TAAVPTT
Gosar_HMGA14201	(202)	R-----	GRPKW-----	
Orysa_HMGA2201	(353)	QVD-----	TALGGEGAGAVQNGGE----	VRCLLSDGAS
Sacof_HMGA2503	(346)	QMTEGQQEALTAQA	ADQAGAVQNEVEAG----	DLQSLGTS
Konsensus	(441)		GRPVGRPRK	S A

FIGUR 14 (Fortsetzung)

		481		520
Arath_HMGA2	(389)	QDGDYGELKKKFELFQARAKDIVIVLKSEIGGSGNQAVVQ		
Arath_Hon4	(372)	GTQDSGELKKKFDIFQEKVKEIVKVLKDGVTS-ENQAVVQ		
Brana_Hon5_like	(378)	LESAYGELKAKLDLCNEKAKEILNVLNAGIINNDNQAAVE		
Glyma_HON5_like	(348)	QNAANEDLRRKLEHFQSKVKESLAVLKPHFNHESPVTAIA		
Lotja_HMGA1701	(230)	-----		
Poptr_HMGA905	(372)	QAELHGDLKRRKLEFFQSRVKQAIGVLKPHLTS-ATISAVA		
Poptr_HMGA906	(359)	---VN-----VLIFTRIRV-----		
Vitvi_hon5_like	(290)	EWMNYEDLKQKLEHIQGKIKLSVGVLRTOFSE-NNVSAMS		
Gosar_HMGA10101	(277)	TAVAAGPRPXRPKGTAVAPAGLXVPWK-----		
Gosar_HMGA14201	(209)	----SSPLSSQKKETR-----		
Orysa_HMGA2201	(381)	SMGNRGPSPRKEVLLNEPTVSTLVGKRGRGRPKKPKPS		
Sacof_HMGA2503	(382)	FTEKRGRGRPRKRPLETETAEGVPSSTVKRGRGRPRKEK		
Konsensus	(481)	GDLK K E Q K K L VL		V

		521		560
Arath_HMGA2	(429)	AIQDLEGIAETTN-EPKHMEEVQLPDEEHLETEPEAE---		
Arath_Hon4	(411)	AIKDLEALTVTETVEPQVMEEVQPEETAAPQTEAQOTEAA		
Brana_Hon5_like	(418)	AAQKLEGLISMMAVEPQAVEEAQPE-EAAPQTEAEEPQGE		
Glyma_HON5_like	(388)	AIQELEVLGTMDLNVPLRDETLPHQVELPPPQPPVQQQQQ		
Lotja_HMGA1701	(230)	-----		
Poptr_HMGA905	(411)	AIQELEGLASMDI-NVPWREEPQPQIQPLPQPLPQMQLP		
Poptr_HMGA906	(370)	-----		
Vitvi_hon5_like	(329)	ALQELEDLATMDISAPLNIEGQLFFGN-----		
Gosar_HMGA10101	(305)	-----		
Gosar_HMGA14201	(221)	-----		
Orysa_HMGA2201	(421)	AARPAETGDAKSMGIKRGRGRPRKSSSFQAVFAEAAGQVS		
Sacof_HMGA2503	(422)	TLETGDPKVAQMTEGQHEALPAQAVDQGGPMQNEVEARIL		
Konsensus	(521)	AI LE L		E

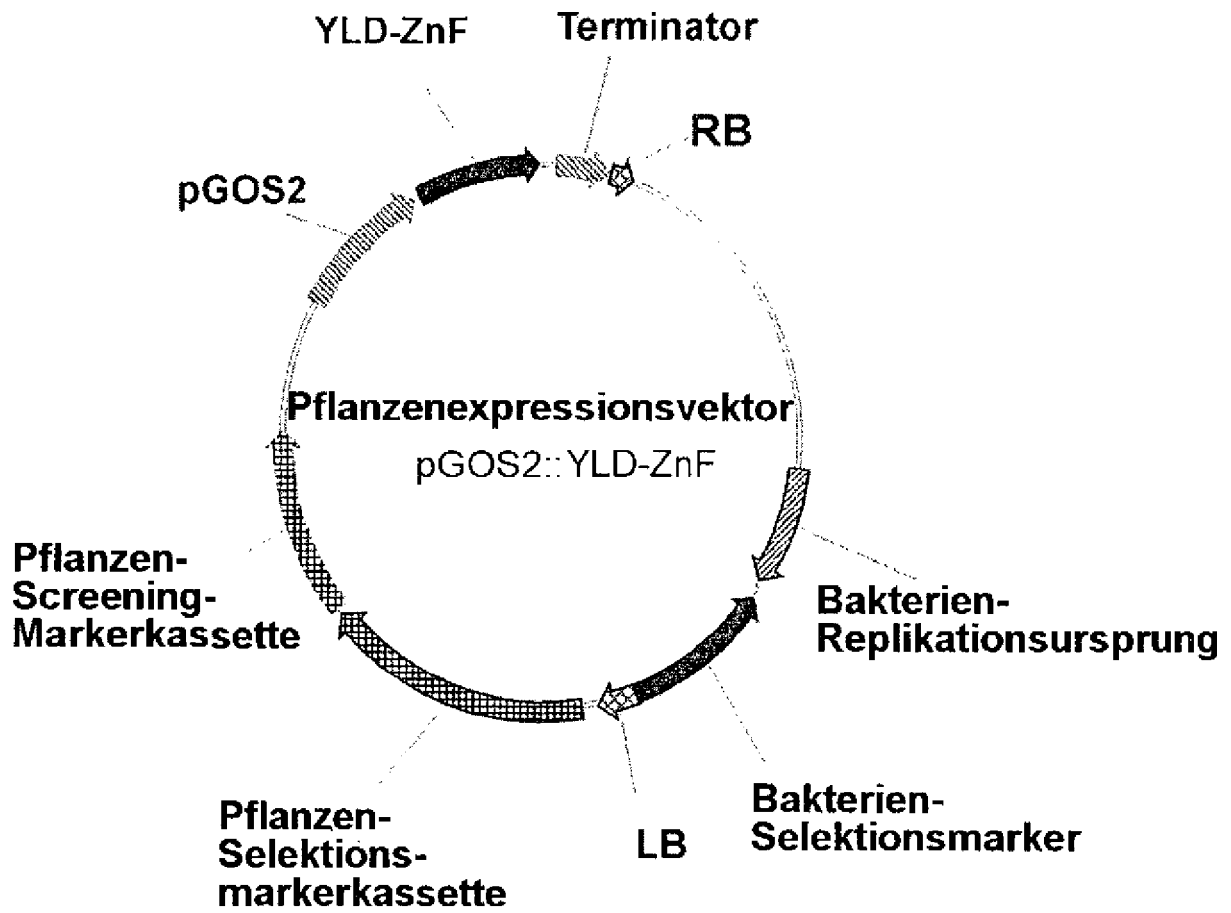
		561		600
Arath_HMGA2	(465)	---G---QG-----Q---TEAEAMQEALF-----		
Arath_Hon4	(451)	ETQGGQE-EGQER---EGETQTQTEAEAMQEALF-----		
Brana_Hon5_like	(457)	GEGHGOEREGEEEEQAPTDQTVQVQTDAAEAMQEALF-----		
Glyma_HON5_like	(428)	PPQQQLQPPQPPQOHLAPQQLPPQPPIFQOTYPPFHLF		
Lotja_HMGA1701	(230)	-----		
Poptr_HMGA905	(450)	QIQPLLQPQPQPQ----PQP-QPQPQPLQQLLQS-----		
Poptr_HMGA906	(370)	-----		
Vitvi_hon5_like	(356)	-----		
Gosar_HMGA10101	(305)	-----		
Gosar_HMGA14201	(221)	-----		
Orysa_HMGA2201	(461)	RDVTAAQPEGDADLLARKEPETAAVSVENKETRPADAGG		
Sacof_HMGA2503	(462)	QSFGTPLMEKRGRGRPKKRPLETETAETQGDALVKKRGRG		
Konsensus	(561)			

FIGUR 14 (Fortsetzung)

	601	640
Arath_HMGA2 (480)	-----	-----
Arath_Hon4 (481)	-----	-----
Brana_Hon5 like (491)	-----	-----
Glyma_HON5 like (468)	QFH HHQPSLQFQQQQQPPQPPPQLFQHQAQPPSHQQFHP	
Lotja_HMGA1701 (230)	-----	-----
Poptr_HMGA905 (479)	-----	-----
Poptr_HMGA906 (370)	-----	-----
Vitvi_hon5 like (356)	-----	-----
Gosar_HMGA10101 (305)	-----	-----
Gosar_HMGA14201 (221)	-----	-----
Orysa_HMGA2201 (501)	VVVSEEKTSIDPVEAGSVMPVCVNAEVD RMNSDLRTANP--	
Sacof_HMGA2503 (502)	RPRKARPFETG SVETEVS RD LKKDRPEKDGASSVREKS	
Konsensus (601)		

	641
Arath_HMGA2 (480)	-----
Arath_Hon4 (481)	-----
Brana_Hon5 like (491)	-----
Glyma_HON5 like (508)	-----
Lotja_HMGA1701 (230)	-----
Poptr_HMGA905 (479)	-----
Poptr_HMGA906 (370)	-----
Vitvi_hon5 like (356)	-----
Gosar_HMGA10101 (305)	-----
Gosar_HMGA14201 (221)	-----
Orysa_HMGA2201 (539)	-----
Sacof_HMGA2503 (542)	KSSRCTFG
Konsensus (641)	

FIGUR 14 (Fortsetzung)



FIGUR 15

301	ARRITBENNALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(276)	ARRITBENNALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(295)	ARRITBENNALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(270)	ARRITKENNALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(269)	GIRRIKNDGALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(271)	GLRQITKNDGALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(270)	GLRQITKNDGALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(270)	GLRQITKNDGALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(279)	VLRDITKNGALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(275)	AIRKTIKENDALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(275)	AIRKTIKENDALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(271)	AIRKTIKENDALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(260)	GLREICTAEGAVLC	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(261)	GLRDICTAEGAVLC	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(256)	GLRDICTAEGAVLC	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(266)	GLREICTAEGAVLC	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(228)	GLREICTAEGAVLC	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(249)	GLRDVCTAEGAVLC	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(265)	GLRSLCTEHTLCC	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(256)	ELRQVCDNDGAVLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(208)	GLRDLATDNGAVLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(208)	GLRDLATDNGAVLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(275)	GLRDLTSEDGACLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(282)	GLRDLTKEDGACLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(273)	GLREVTKNEGACLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(270)	ALREVTKQDGCALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(266)	ALREVTKQDGCALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(269)	ALREVTKQDGCALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(275)	ALRDLTQDGCALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(271)	ALRDLTQDGCALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(270)	GIRKLTKEHGALLI	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(267)	FLRKITKENNTLLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(263)	FLRKITKENNTLLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(265)	SLRKITKENNALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(270)	ALQEIITKENGALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S
(301)	GLR ITKENGALLV	FDEVMTGFR	LSYGG	QBYFFG	ITPDL	TTLGK	LI	GGGL	PV	GA	YGGRR	EM	WV	PAG	PMY	QAG	TLS	EN	PL	AM	TAG	IHTL	KRL	Q	PG	S

Domäne 3

FIGUR 16 (Fortsetzung)

400

301

==5613
P_tremulooides_575404
R_communis_TA2570_3988
A_thaliana_AT3G48730_1
A_thaliana_AT5G63570_1
B_napus_TC63445
B_napus_TC63450
N_benthamiana_TC14122
N_tabacum_TC18263
N_tabacum_TC18710
S_lycopersicum_TC191683
Aquilegia_sp_TC22821
C_reinhardtii_138524
V_carteri_74470
Chlorella_37143
O_lucimarinus_28523
O_RCC809_53004
O_taurii_24711
C_vulgaris_43392
E_huxleyi_437052
P_tricornutum_36347
P_pseudonana_575
P_patens_116325
P_patens_181992
S_moeillendorffii_183248
F_arundinacea_TC6452
H_vulgaris_TC162130
T_aestivum_TA06MC00384_60074805_384
O_sativa_LOC_Os08g41990_1
Z_mays_ZM07MC1771_BFb0062K01_17727
F_vesca_TA11529_57918
G_max_Glyma04g00420_1
G_max_Glyma06g00510_1
M_truncatula_CU024868_27_4
V_shuttleworthii_TA2337_246827
Konsensus

500
 401
 (376) EYLDKITSSELVQGIIDAGKKTGHAICCGYIRGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEN
 (395) EYLDKITSSELVQGIIDAGKKTGHAICCGYIRGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEN
 (370) EYLDKNTGELIQGIIIDAGKAGKAGHACGHSISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (369) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (371) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (370) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (379) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (375) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (379) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (371) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (360) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (356) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (366) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (328) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (335) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (365) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (356) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (308) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (375) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (382) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (373) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (366) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (369) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (375) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (370) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (367) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (363) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (365) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (370) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 (401) EYLDKTKELTNGIILBAGKKTGHAICCGYISGMFGFFFTTEGPNVNFADAKKSDTAKFARFYQG-MLEGGVYFAPSQFEAGFTSLAHTAEDIQKTTIAAAEK
 P_tremuloides_575404
 R_communis_TA2570_3988
 A_thaliana_AT3G48730_1
 A_thaliana_AT5G63570_1
 B_napus_TC63445
 B_napus_TC63450
 N_benthamiana_TC14122
 N_tabacum_TC18263
 N_tabacum_TC18710
 S_lycopersicum_TC191683
 Aquilegia_sp_TC22821
 C_reinhardtii_138524
 V_carteri_74470
 Chlorella_37143
 O_lucimarinus_28523
 O_RCC809_53004
 O_faurii_24711
 C_vulgaris_43392
 E_huxleyi_437052
 P_tricornutum_36347
 T_pseudonana_575
 P_patens_116325
 P_patens_18192
 S_moellendorffii_183248
 F_arundinacea_TC6452
 H_vulgare_TC162130
 T_aestivum_TA06MC00384_60074805_384
 O_sativa_LCC_Os08g41990_1
 Z_mays_ZM07MC1771_Bfb0062K01_17727
 F_vesca_FTall529_57918
 G_max_Glyma04g00420_1
 G_max_Glyma06g00510_1
 M_truncatula_CU024868_27_4
 V_shuttleworthii_TA2337_246827
 Konsensus

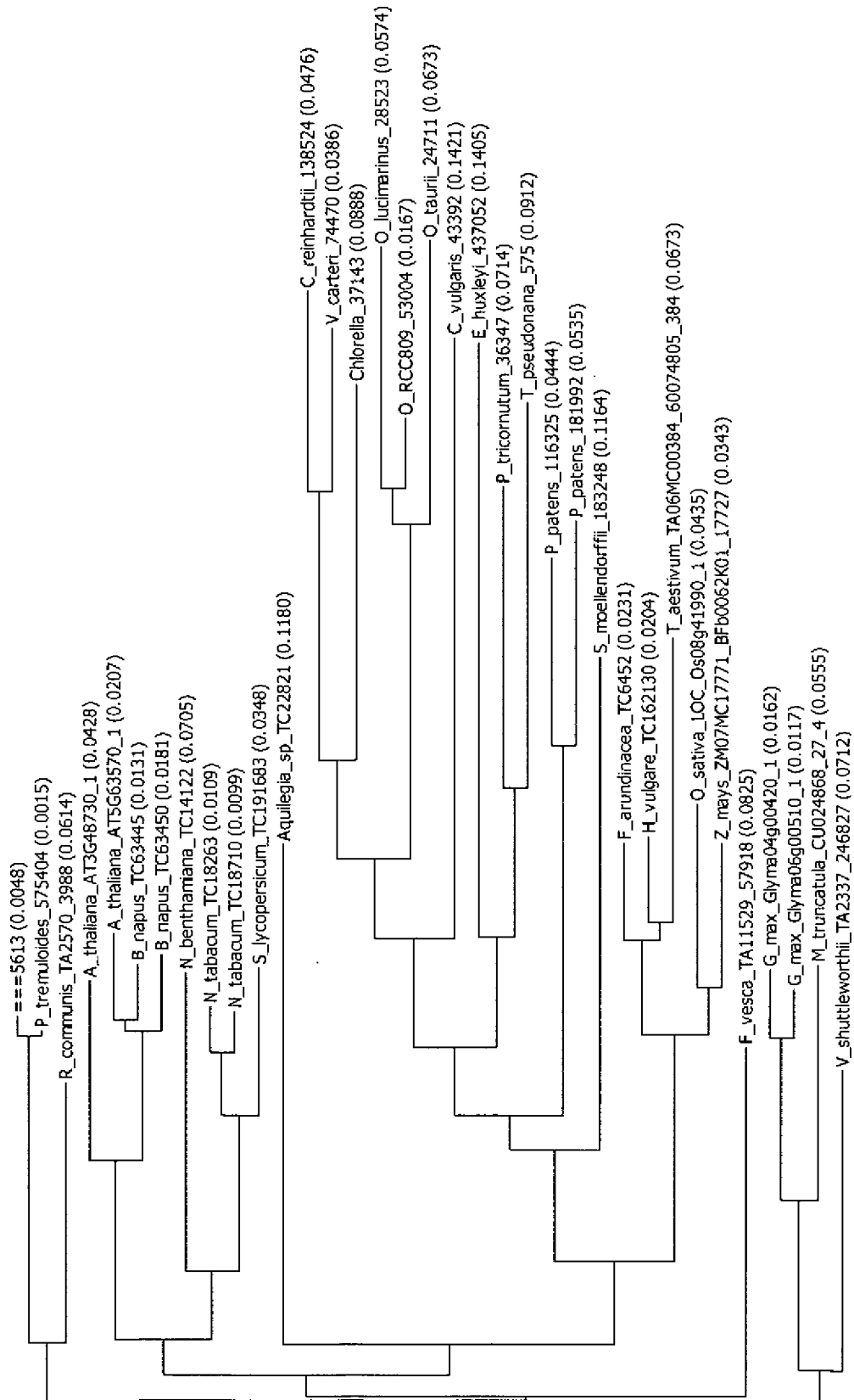
FIGUR 16 (Fortsetzung)

```

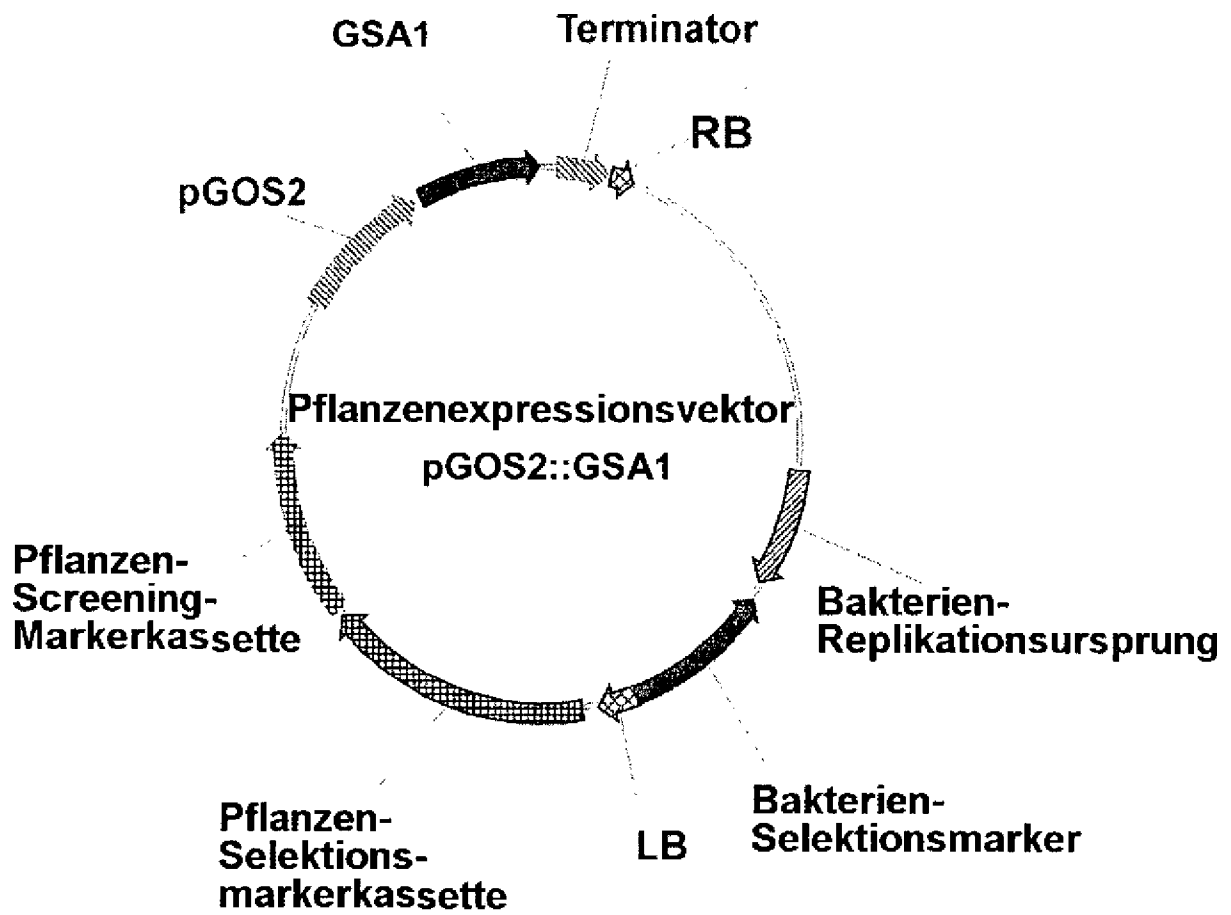
==5613
P_tremulooides_575404 (475) VLROI-
R_communis_TA2570_3988 (494) VLROI-
A_thaliana_AT3G48730_1 (469) VFRQI-
A_thaliana_AT5G63570_1 (468) VLSRI-
B_napus_TC63445 (470) VLSRI-
B_napus_TC63450 (469) VLGRI-
N_benthianaiana_TC14122 (469) VLGRI-
N_n_tabacum_TC18263 (478) VLRQJ-
N_n_tabacum_TC18710 (474) VLKQI-
S_lycopersicum_TC191683 (474) VLKQI-
Aquilgia_sp_TC22821 (478) VLKQI-
C_reinhardtii_138524 (470) VFOQJ-
V_carteri_74470 (459) VFARI-
Chlorella_37143 (460) AFARI-
O_lucimarinus_28523 (455) VLKSL-
O_RCC809_53004 (465) AMARI-
O_taurii_24711 (427) AMARI-
C_vulgaris_43392 (434) AMARI-
E_huxleyi_437052 (464) VFABI-
P_tricornutum_36347 (455) VFABL-
T_pseudonana_575 (407) VMAKL-
P_patens_116325 (407) VMAQL-
P_patens_181992 (475) VMKSL-
S_moellendorffii_183248 (482) VLKSL-
F_arundinacea_TC6452 (472) VLSSI-
H_vulgare_TC162130 (469) VLRRI-
T_aestivum_TA06MC00384_60074805_384 (465) VLRWI-
O_sativa_LOC_Os08g41990_1 (455) NPRH--
Z_mays_ZM07NC17771_BFB0062K01_17727 (474) VLRFI-
F_vesca_TA11529_57918 (470) VLKRI-
G_max_Glyma04g00420_1 (469) VFRQI-
G_max_Glyma06g00510_1 (466) VFREI-
M_truncatula_CU024868_27_4 (462) VFREI-
V_shuttleworthii_TA2337_246827 (464) VFREI-
Konsensus (469) VFRQI-
(S01) VLR I

```

FIGUR 16 (Fortsetzung)



FIGUR 17



FIGUR 18