

(19) 日本国特許庁 (JP)

(12) 特 許 公 報 (B2)

(11) 特許番号

特許第4827043号
(P4827043)

(45) 発行日 平成23年11月30日 (2011.11.30)

(24) 登録日 平成23年9月22日 (2011.9.22)

(51) Int.Cl.

F I

C 1 2 N 15/09 (2006.01)

C 1 2 N 15/00 Z N A A

A O 1 H 5/00 (2006.01)

A O 1 H 5/00 A

C 1 2 N 5/10 (2006.01)

C 1 2 N 5/00 1 O 3

C 1 2 N 1/21 (2006.01)

C 1 2 N 1/21

C 1 2 N 9/10 (2006.01)

C 1 2 N 9/10

請求項の数 8 (全 63 頁)

(21) 出願番号 特願2002-500728 (P2002-500728)

(86) (22) 出願日 平成13年6月1日 (2001.6.1)

(86) 国際出願番号 PCT/JP2001/004677

(87) 国際公開番号 W02001/092536

(87) 国際公開日 平成13年12月6日 (2001.12.6)

審査請求日 平成20年5月1日 (2008.5.1)

(31) 優先権主張番号 特願2000-170435 (P2000-170435)

(32) 優先日 平成12年6月2日 (2000.6.2)

(33) 優先権主張国 日本国 (JP)

(31) 優先権主張番号 特願2001-34467 (P2001-34467)

(32) 優先日 平成13年2月9日 (2001.2.9)

(33) 優先権主張国 日本国 (JP)

(73) 特許権者 309007911

サントリーホールディングス株式会社

大阪府大阪市北区堂島浜二丁目1番40号

(74) 代理人 100099759

弁理士 青木 篤

(74) 代理人 100077517

弁理士 石田 敬

(74) 代理人 100087871

弁理士 福本 積

(74) 代理人 100087413

弁理士 古賀 哲次

(74) 代理人 100108903

弁理士 中村 和広

(74) 代理人 100117019

弁理士 渡辺 陽一

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 新規脂肪酸アシル基転移酵素遺伝子

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

配列番号：2、23又は27に記載のアミノ酸配列を有し、フラボノイドの5位の糖に脂肪酸アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子、あるいはそれらのアミノ酸配列に対して1個のアミノ酸の付加、欠失及びノ又は他のアミノ酸による置換によって修飾されており、且つフラボノイドの5位の糖に脂肪酸アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子。

【請求項 2】

配列番号：2、23又は27に記載のアミノ酸配列に対して90%以上の同一性を示すアミノ酸配列を有し、且つフラボノイドの5位の糖に脂肪酸アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子。

【請求項 3】

請求項1又は2に記載の遺伝子を含むベクター。

【請求項 4】

請求項3に記載のベクターにより形質転換された大腸菌。

【請求項 5】

請求項1又は2に記載の遺伝子によってコードされる蛋白質。

【請求項 6】

請求項4に記載の大腸菌を培養し、又は生育させ、そして該大腸菌からフラボノイドの5位の糖に脂肪酸アシル基を転移する活性を有する蛋白質を採取することを特徴とする該

蛋白質の製造方法。

【請求項 7】

請求項 1 又は 2 に記載の遺伝子が導入された、植物もしくは該植物の子孫又はそれらの組織。

【請求項 8】

請求項 7 に記載の植物又は該植物の子孫の切り花。

【発明の詳細な説明】

発明の分野

本発明はフラボノイドの 5 位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子およびその利用方法に関するものである。

10

背景技術

花き産業においては多様性に富んだ新品種の顕花植物を開発することが重要である。なかでも、花の色は花きのもっとも重要な形質であり、交配に頼った従来の育種法により、さまざまな色の品種が育種されてきたが、交配可能な植物種の遺伝資源が限定されているため、単一の植物種がすべての色の品種を有することはまれである。

花の色の主な成分は、アントシアニンと総称される、フラボノイドの一群の化合物である。植物には多様なアントシアニンが存在することは知られており、それらの多くの構造が既に決定されている。アントシアニンの色は主としてその構造に依存している (Harborne (1986) The Flavonoids, p 565)。アントシアニンの生合成に関わる酵素やその遺伝子に関しても研究が進んでおり、分子生物学的手法と植物への遺伝子導入により、アントシアニンの構造を変換し、花の色を変えた例もある (Plant Cell, 7 (1995) Holton and Cornish, p. 1071、Plant Cell Physiol. 39 (1998) Tanaka et al. p 1119)。アントシアニンの生合成経路はアントシアニジン 3 - グルコシドに至るまではほとんどの顕花植物で共通である (Holton et al. (1995) Plant Cell, 7, p 1071)。その後アントシアニジン 3 - グルコシドは種および品種特異的に多様な修飾を受ける。この多様性が花色の多彩さの一因となっている。

20

アントシアニンは中性溶液中では不安定な化合物であるが、糖やアシル基により修飾されることにより安定性が向上する (Forkmann (1991) Plant Breeding, 106, p 1)。また、配糖化により、アントシアニンの色はやや赤くなり、芳香族アシル基の付加により青くなる (Forkmann (1991) Plant Breeding, 106, p 1)。アシル基は、大別すると芳香族アシル基 (例えばカフェオイル基、クマロイル基等) と脂肪族アシル基 (例えばマロニル基、アセチル基等) があるが、脂肪族アシル基の花色に関する生理的役割については、アントシアニンの溶解度を増加させるという以外にはわかっていない。

30

アントシアニンに脂肪族アシル基を転移する酵素の精製や生化学的性質については、これまでいくつか報告されている [Archives of Biochemistry and Biophysics, 1981, 208, 233 - 241 (パセリの Flavonol 3 MaT (フラボノールの 3 位の糖にマロニル基を転移する反応を触媒する酵素) と Flavone / Flavonol 7 MaT (フラボンとフラボノールの 7 位の糖にマロニル基を転移する反応を触媒する酵素) の粗精製並びに分子量や基質特異性試験) ; Archives of Biochemistry and Biophysics, 1983, 224, 261 - 271 (パセリの Flavonol 3 MaT と Flavone / Flavonol 7 MaT の各器官における活性測定) ; Archives of Biochemistry and Biophysics, 1983, 226, 206 - 217 (パセリの Flavonol 3 MaT と Flavone / Flavonol 7 MaT の単一標品への精製並びに 3 MaT 抗体の作成) ; Eur. J. Biochem. 1983, 133, 439 - 448 (パセリにはマロニル化された Apigenin 7 - O - glucoside が存在することを、NMR などで構造確認) ; Archives of Biochemistry and Biophysics, 198

40

50

4, 234, 513 - 521 (マメのイソフラボンに対する 7 Ma T の至適 pH、分子量及び Km の決定); *Phytochemistry*, 1993, 32, 1425 - 1426 (キク科植物の *Dendranthema morifolium* の花弁粗抽出液にシアニジン 3 - グルコシドに対する脂肪族アシル基転移酵素活性が存在することの確認); *Plant Science*, 1996, 118, 109 - 118 (*Ajuga reptans* の培養細胞の粗抽出液中のマロニル基転移酵素活性の確認); *Phytochemistry*, 1999, 52, 15 - 18 (ダリアの花弁由来マロニル基転移酵素の基質特異性の決定)) が、その蛋白質の一次構造を明らかにした例はなく、遺伝子クローニングの報告もない。

発明の開示

本発明では、アントシアニンの脂肪族アシル基転移酵素によるアシル化のうちマロニル化が花色に及ぼす影響を明らかにし、脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子、好ましくはアントシアニンに対して脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を得ることを課題とした。本発明で得られた脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を植物に導入し、発現させることで、花色を変換することが可能である。

前記のように、アントシアニンのマロニル化が花色に及ぼす影響については報告がない。その効果を明らかにするために、3 種のアントシアニンすなわちデルフィニジン 3, 5 - ジグルコシド、アワバニン (デルフィニジン 3 - (クマロイル) グルコシド - 5 - グルコシド)、マロニルアワバニン (デルフィニジン 3 - (クマロイル) グルコシド - 5 - (マロニル) グルコシド) の溶液の色を比較したところ、マロニルアワバニンの色がもっとも青く、マロニル化がアントシアニンの青色化に貢献していることが示された。

そこで、サルビアの花を材料として、マロニル基転移酵素の精製を試みた。そして、精製蛋白質の部分アミノ酸配列を決定し、その情報をもとに PCR により、サルビアのマロニル基転移酵素遺伝子の DNA 断片を増幅した。この DNA 断片をプローブとしてサルビア・グアラニティカ花 cDNA library をスクリーニングし、2 種類のマロニル基転移酵素遺伝子を得た。さらに、これらをプローブにして、サルビア・スプレンドゥス、シソ、ラベンダーからホモログを得た。

従って本発明は、配列番号: 2, 4, 6, 23, 25, 27 又は 29 に記載のアミノ酸配列を有し、フラボノイドの 5 位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子、あるいはそれらのアミノ酸配列に対して 1 個又は複数個のアミノ酸の付加、欠失及び/または他のアミノ酸による置換によって修飾されており、且つフラボノイドの 5 位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を提供する。

本発明はまた、配列番号: 2, 4, 6, 23, 25, 27 又は 29 に記載のアミノ酸配列に対して 50 % 以上の相同性を示すアミノ酸配列を有し、且つフラボノイドの 5 位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を提供する。

本発明はまた、配列番号: 2, 4, 6, 23, 25, 27 又は 29 に記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列の一部または全部に対して、5 x SSC、50 の条件下でハイブリダイズし、且つフラボノイドの 5 位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を提供する。

本発明はさらに前記の遺伝子を含んでなるベクターを提供する。

本発明はまた、前記ベクターにより形質転換された宿主を提供する。

本発明はまた、上記いずれかの遺伝子によってコードされる蛋白質を提供する。

本発明はまた前記の宿主を培養し、又は生育させ、そして該宿主からフラボノイドの 5 位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質を採取することによる該蛋白質の製造方法を提供する。

本発明はまた、上記の遺伝子が導入された植物もしくはこれと同じ性質を有する該植物の子孫またはそれらの組織を提供する。

本発明はさらに、上記の植物又はこれと同じ性質を有する該植物の子孫の切り花を提供す

10

20

30

40

50

る。

本発明はさらに、上記の遺伝子を用いて花の色を変える方法を提供する。

本発明はさらに、上記の遺伝子を用いて花の色を青くする方法を提供する。

発明の実施の形態

本発明の遺伝子としては、例えば配列番号：2、4、6、23、25、27又は29に記載するアミノ酸配列をコードするものが挙げられる。しかしながら、複数のアミノ酸の付加、欠失および/または他のアミノ酸による置換によって修飾されたアミノ酸配列を有する蛋白質も、もとの蛋白質と同様の酵素活性を有することが知られている。従って本発明は、フラボノイドの5位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有している蛋白質である限り、配列番号：2、4、6、23、25、27又は29に記載のアミノ酸配列に対して1個または複数のアミノ酸配列の付加、欠失および/または他のアミノ酸による置換によって修飾されたアミノ酸配列を有する蛋白質および該蛋白質をコードする遺伝子も本発明に属する。

10

本発明はまた、配列番号：2、4、6、23、25、27又は29に記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列、またはそれらの塩基配列の一部、好ましくはアミノ酸6個以上をコードする塩基配列、例えばコンセンサス領域の6個以上のアミノ酸配列をコードする塩基配列に対して、例えば5×SSC、50の条件下でハイブリダイズし、かつフラボノイドの5位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子に関するものである。なお、適切なハイブリダイゼーション温度は塩基配列やその塩基配列の長さによって異なり、例えばアミノ酸6個をコードする18塩基からなるDNAフラグメントをプローブとした場合には50以下の温度が好ましい。

20

このようなハイブリダイゼーションによって選択される遺伝子としては、天然由来のもの、例えば植物由来のもの、例えば、ペチュニアやトレニア由来の遺伝子が挙げられるが、植物以外の由来であってもよい。また、ハイブリダイゼーションによって選択される遺伝子はcDNAであってもよく、ゲノムDNAであってもよい。

本発明はさらに配列番号：2、4、6、23、25、27又は29に記載のアミノ酸配列に対して約50%以上、好ましくは60%または70%以上、あるいはさらに、80%又は90%以上、の相同性を有するアミノ酸配列を有し、かつフラボノイドの5位の糖に脂肪族アシル基を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子の花色変換への利用に関するものである。

30

生来の塩基配列を有する遺伝子は実施例に具体的に示すように、例えばcDNAライブラリーのスクリーニングによって得られる。また、修飾されたアミノ酸配列を有する蛋白質をコードするDNAは生来の塩基配列を有するDNAを基礎として、常用の部位特定変異誘発やPCR法を用いて合成することができる。例えば修飾を導入したいDNA断片を生来のcDNAまたはゲノムDNAの制限酵素処理によって得、これを鋳型にして、所望の変異を導入したプライマーを用いて部位特異的変異誘発またはPCR法を実施し、所望の修飾を導入したDNA断片を得る。その後、この変異を導入したDNA断片を目的とする蛋白質の他の部分をコードするDNA断片と連結すればよい。

あるいはまた、短縮されたアミノ酸配列からなる蛋白質をコードするDNAを得るには、例えば目的とするアミノ酸配列より長いアミノ酸配列、例えば全長アミノ酸配列をコードするDNAを所望の制限酵素により切断し、その結果得られたDNA断片が目的とするアミノ酸配列の全体をコードしていない場合は、不足部分の配列からなるDNA断片を合成し、連結すればよい。

40

また、得られた遺伝子を大腸菌および酵母での遺伝子発現系を用いて発現させ、酵素活性を測定することにより、得られた遺伝子が脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードすることを確認することができる。さらに、当該遺伝子を発現させることにより、遺伝子産物である脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質を得ることができる。あるいはまた、配列番号：2、4、6、23、25、27又は29に記載のアミノ酸配列に対する抗体を用いても、脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質を得ることができ、抗体を用いて他の生物由来の脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子をクローン化す

50

ることでもある。

従って本発明はまた、前述の遺伝子を含む組換えベクター、特に発現ベクター、及び当該ベクターによって形質転換された宿主に関するものである。宿主としては、原核生物または真核生物を用いることができる。原核生物としては細菌、例えばエシェリヒア (*Escherichia*) 属に属する細菌、例えば大腸菌 (*Escherichia coli*)、バシルス (*Bacillus*) 属微生物、例えばバシルス・サブチルス (*Bacillus subtilis*) など常用の宿主を用いることができる。真核性宿主としては、下等真核生物、例えば真核性微生物、例えば真菌である酵母または糸状菌が使用できる。

酵母としては例えばサッカロミセス (*Saccharomyces*) 属微生物、例えばサッカロミセス・セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*) 等が挙げられ、また糸状菌としてはアスペルギルス (*Aspergillus*) 属微生物、例えばアスペルギルス・オリゼ (*Aspergillus oryzae*)、アスペルギルス・ニガー (*Aspergillus niger*)、ペニシリウム (*Penicillium*) 属微生物が挙げられる。さらに動物細胞または植物細胞が使用でき、動物細胞としては、マウス、ハムスター、サル、ヒト等の細胞系が使用される。さらに昆虫細胞、例えばカイコ細胞、またはカイコの成虫それ自体も宿主として使用される。

本発明の発現ベクターはそれらを導入すべき宿主の種類に依存して発現制御領域、例えばプロモーターおよびターミネーター、複製起点等を含む。細菌用発現ベクターのプロモーターとしては、常用のプロモーター、例えば *trc* プロモーター、*tac* プロモーター、*lac* プロモーター等が使用され、酵母用プロモーターとしては、例えばグリセルアルデヒド3リン酸デヒドロゲナーゼプロモーター、*PHO5* プロモーター等が使用され、糸状菌用プロモーターとしては例えばアミラーゼプロモーター、*trpC* プロモーター等が使用される。また動物細胞宿主用プロモーターとしてはウイルス性プロモーター、例えば *SV40* アーリープロモーター、*SV40* レートプロモーター等が使用される。発現ベクターの作製は制限酵素、リガーゼ等を用いて常用に従って行うことができる。また、発現ベクターによる宿主の形質転換も常法に従って行うことができる。

前記の発現ベクターによって形質転換された宿主を培養、栽培または生育し、培養物等から常法に従って、例えば、濾過、遠心分離、細胞の破碎、ゲル濾過クロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィー等により目的とする蛋白質を回収、精製することができる。

本発明はサルビア由来の脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子のみに限定されるものではなく、脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子の利用に関するものである。脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質の起源としては、植物でも動物でも微生物であってもよく、脂肪族アシル基転移活性を持っていれば、同様に花色変換へ利用できる。さらに本発明は、脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を導入することにより、色合いが調節された植物もしくはその子孫又はこれらの組織に関するものであり、その形態は切り花であってもよい。

本発明で得た脂肪族アシル基転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を用いると、液胞内に蓄積しているアントシアニンをアシル化することで青くでき、結果として花の色を青くすることができる。現在の技術水準をもってすれば、植物に遺伝子を導入し、その遺伝子を構成的あるいは組織特異的に発現させることは可能であるし、またアンチセンス法やコサプレッション法によって目的の遺伝子の発現を抑制することも可能である。

形質転換可能な植物の例としては、バラ、キク、カーネーション、金魚草、シクラメン、ラン、トルコギキョウ、フリージア、ガーベラ、グラジオラス、カスミソウ、カランコエ、ユリ、ペラルゴニウム、ゼラニウム、ペチュニア、トレニア、チューリップ、イネ、オオムギ、小麦、ナタネ、ポテト、トマト、ポプラ、バナナ、ユーカリ、サツマイモ、タイズ、アルファルファ、ルービン、トウモロコシなどがあげられるがこれらに限定されるものではない。

実施例

10

20

30

40

50

以下実施例に従って、発明の詳細を述べる。分子生物学的手法はとくに断らない限り、Molecular Cloning (Sambrook et al., 1989) に依った。

実施例 1 . 種々のアントシアニンの pH による色彩変化

デルフィニジン 3, 5 - ジグルコシド、アワバニン (デルフィニジン 3 - (クマロイル) グルコシド - 5 - グルコシド)、マロニルアワバニン (デルフィニジン 3 - (クマロイル) グルコシド - 5 - (マロニル) グルコシド) をそれぞれ 0.1 mM、0.3 mM、0.5 mM の濃度でマックルベイン緩衝液 (pH 5.3, pH 5.6, pH 6.0) に溶解し、その溶液の色をカラーチャート (Royal Horticultural Society) で評価した。なお、デルフィニジン 3, 5 - ジグルコシドは、その 3, 5 - ジアセチルグルコシド体からアルカリ加水分解により、アセチル部分を除去することにより得られる (Tetrahedron, 48, 4313 - 4326, 1992)。

アワバニンは、マロニルアワバニンの 5 - マロニル部分を除去することにより得られる (Tetrahedron Lett, 24, 4863 - 4866, 1983)。また、マロニルアワバニンは、Tetrahedron Lett, 24, 4863 - 4866, 1983 に記載の方法により植物体から抽出して得られた。カラーチャートは数字が大きいほど青い色で、同じ数字の中では A がもっとも濃い。結果を表 1 にまとめた。いずれの濃度、pH においてもマロニルアワバニンがもっとも青く、マロニル基がアントシアニンの青色化に貢献していることが示された。

表 1

アントシアニン	濃 度	pH5.3 におけるカラーチャート番号	pH5.6 におけるカラーチャート番号	pH6 におけるカラーチャート番号
デルフィニジン 3,5-ジグルコシド	0.1mM	84C	84C	薄いので測定できず
デルフィニジン 3,5-ジグルコシド	0.3mM	85A	86D	88C
デルフィニジン 3,5-ジグルコシド	0.5mM	86D	90B	88B/C
アワバニン	0.1mM	85C	85A	91B
アワバニン	0.3mM	86D	実施せず	91A
マロニルアワバニン	0.1mM	85C	91B	91B
マロニルアワバニン	0.3mM	92A	93B	96C
マロニルアワバニン	0.5mM	93B	実施せず	96A

実施例 2 . サルビア・マロニル基転移酵素の活性測定

マロニル基転移酵素の活性測定は、反応液 100 μ l (終濃度 20 mM リン酸カリウム、pH 7.0 中に、0.01% トリフルオロ酢酸 (TFA) に溶解したシソニン 10 μ g、マロニル CoA 10 μ g、および測定する酵素標品を含む) を 30 で 20 分間反応させた後、氷冷 0.05% TFA 水溶液 200 μ l を添加することにより、反応を停止した。シソニンおよびマロニルシソニンの定量は Shodex Asahipak ODP-504E カラムを用いた逆相高速液体クロマトグラフィー (DYNAMAX HPLC システム) により、0.5% TFA 水溶液を A 液とし、0.5% TFA, 50% アセトニトリル水溶液を B 液として、分離開始から 0 分、3 分、17 分、18 分、23 分、24 分、30 分における B 液濃度がそれぞれ 45%, 45%, 55%, 100%, 100%, 45%, 45% になるよう直線濃度勾配で、毎分 0.7 ml の流速で 520 nm の吸収をモニ

ターしながら、反応液 50 μ l を用いて行った。

実施例 3 . サルビア・マロニル基転移酵素のタンパク精製

マロニル基転移酵素の精製はサルビア・スプレンドENS (*Salvia splendens*) の赤色花 2 , 6 6 4 g を材料として行った。サルビア花は開花直前までの萼を含む花全体を集め、実験に用いるまで - 8 0 度で保存しておいた。

サルビア花 5 0 0 g に対してポリビニルポリピロリドン (PVP) 1 0 0 g 、抽出緩衝液 (1 0 0 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 3 0 m M 2 - メルカプトエタノール、 5 m M EDTA) 3 L および終濃度 0 . 5 m M フェニルメチルスルホニルフルオリド (PMSF) を加え、HEAVY DUTY BLENDER (WARNING) にて破碎した。得られた破碎液を 7 , 5 0 0 $\times$ G 、 2 0 分間遠心分離した。上清を吸引ろ過 (ろ紙、Whatman 114) し、粗酵素液とした。2 , 6 6 4 g から 1 0 . 4 L の粗酵素液を得た。

次に硫酸アンモニウム 2 0 - 5 0 % 飽和画分の沈殿として回収し、緩衝液 A (1 0 0 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 3 0 m M 2 - メルカプトエタノール、 1 m M EDTA 、 0 . 1 m M PMSF) に溶解した (2 9 2 0 m l) 。これに Octyl Sepharose Fast Flow (アマシャム ファルマシア バイオテック株式会社) 2 8 0 m l を加え、静かに攪拌しながら、終濃度 3 0 % 飽和になるように硫酸アンモニウムを徐々に添加した。十分に攪拌した後、一晚静置した。上清にマロニル基転移酵素活性が残っていないことを確認した後、泥漿液中のゲルを吸引ろ過 (ろ紙、Whatman 114) により回収した。ゲルを緩衝液 B (2 0 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 3 0 m M 2 - メルカプトエタノール、 2 0 % 飽和硫酸アンモニウム) で吸引ろ過しながら十分に洗浄した。

ゲルに緩衝液 C { 2 0 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 1 5 m M 2 - メルカプトエタノール、 5 0 % エチレングリコール、 0 . 1 % 3 - [(3 - コラミドプロピル) ジメチルアンモニオ] - 1 - プロパンスルホン酸 (CHAPS) } 2 8 0 m l を加え、 3 0 分静かに攪拌した後、吸引ろ過にてマロニル基転移酵素活性画分を回収した。この緩衝液 C による溶出操作を 1 0 回繰り返し行い活性画分を集めた。Pellicon (Biomax 8 K , MILLIPORE CORPORATION) により濃縮した後、緩衝液 D (1 0 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 1 5 m M 2 - メルカプトエタノール、 0 . 0 3 % Triton X - 1 0 0) にて脱塩し、 1 5 5 m l の酵素液 1 を得た。

MIMETIC Yellow 2 (ナカライテスク株式会社) 1 0 0 m l をエコノカラム (ϕ 1 . 0 c m $\times$ 1 2 0 c m 、日本バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社) に充填し、緩衝液 D にて平衡化した。酵素液 1 全量をアプライ後、緩衝液 D にて洗浄したのち、緩衝液 E (2 0 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 3 0 m M 2 - メルカプトエタノール、 0 . 0 5 % CHAPS) により、カラムに結合した蛋白質を溶出した。活性画分を Pellicon および限外ろ過 (YM - 1 0 , MILLIPORE CORPORATION) により濃縮し、 3 2 m l の酵素液 2 を得た。

MIMETIC Red 3 (ナカライテスク株式会社) 5 0 m l をエコノカラム (ϕ 1 . 5 c m $\times$ 3 0 c m 、日本バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社) に充填し、緩衝液 F (5 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 1 5 m M 2 - メルカプトエタノール、 0 . 0 3 % Triton X - 1 0 0) にて平衡化した。酵素液 2 全量をアプライ後、緩衝液 F にて洗浄したのち、緩衝液 G (5 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 3 0 m M 2 - メルカプトエタノール、 0 . 0 3 % Triton X - 1 0 0 , 0 . 1 m M アセチル CoA) により、カラムに結合した蛋白質を溶出した。活性画分を Pellicon 、限外ろ過およびセントリコンにより濃縮した後、緩衝液 H (3 0 m M リン酸カリウム (pH 7 . 0) 、 3 0 m M 2 - メルカプトエタノール、 0 . 0 3 % Triton X - 1 0 0) にて脱塩し、 3 m l の酵素液 3 を得た。

MIMETIC Red 3 (ナカライテスク株式会社) 5 m l をエコノカラム (ϕ 1 . 0 c m $\times$ 1 0 c m 、日本バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社) に充填し、緩衝液 F にて平衡化した。酵素液 3 全量をアプライ後、緩衝液 F にて洗浄したのち、緩衝液 G

10

20

30

40

50

により、カラムに結合した蛋白質を溶出した。活性画分をセントリコンにより濃縮した後、1.5 mlの酵素液4を得た。

Mono Q 5 / 5 カラム (アマシャム ファルマシア バイオテック株式会社) を緩衝液 G で平衡化した後、酵素液 4 全量を流速 0.05 ml/min でアプライし、緩衝液 F で洗浄した (流速 0.05 ml/min、60 分)。緩衝液 I (20 mM リン酸カリウム (pH 7.0)、30 mM 2-メルカプトエタノール、0.03% Triton X-100、1 mM NaCl) の 0-100% 直線勾配 (流速 0.05 ml/min、400 分) により、カラムに結合した蛋白質を溶出し、活性画分をセントリコンにて濃縮し、0.8 ml の酵素液 5 を得た。

Phenyl Superose HR 5 / 5 (アマシャム ファルマシア バイオテック株式会社) を緩衝液 B で平衡化した後、終濃度 20% 飽和になるよう硫酸アンモニウムを添加した酵素液 5 を流速 0.02 ml/min でアプライした。緩衝液 B でカラムを洗浄後、緩衝液 C の 0-100% 直線勾配 (流速 0.02 ml/min、500 分) によりカラムに結合した蛋白質を溶出し、活性画分を得た。

さらに、調製用電気泳動システム (バイオ・フォレーシス III、アトー株式会社) にて分画し、得られたマロニル基転移酵素画分 3.2 ml を限外ろ過膜濃縮、0.02% SDS / 75 mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.8) 置換を行い 40 µl に濃縮した。その後、逆相カラム (Poros R2H、日本パーセプティブ株式会社) HPLC にて最終精製を行った。分離条件は、0.1% TFA のもと、60 分でアセトニトリル濃度が 8% から 80% の直線濃度勾配、毎分 0.1 ml の流速で 280 nm の吸収をモニターしながらピーク画分のみを分取した。最終的に得られた蛋白質は 47 kDa の単一バンドであったことから、マロニル基転移酵素の分子量は 47 kDa であることが判明した。

実施例 4 . サルビア・マロニル基転移酵素の部分アミノ酸配列の決定

実施例 3 で単一バンドとして回収した蛋白質に 2 pmol のトリプシン (プロメガ株式会社) を加えて 37 °C で 30 時間消化し、各ペプチド断片の構造決定を試みた。トリプシン消化液を逆相 HPLC (µRPC C2 / C18、アマシャム ファルマシア バイオテック株式会社) により各ペプチド断片を分離した。分離条件は、0.1% トリフルオロ酢酸のもと、60 分でアセトニトリル濃度が 8% から 80% の直線濃度勾配、毎分 0.1 ml の流速で 215 nm の吸収をモニターしながら吸収のピーク画分のみを分取した。

各ピーク画分をスピードバックで濃縮・乾固させ、37% アセトニトリル 30 µl に溶解させ、アミノ酸シーケンサー (PSQ-1、株式会社島津製作所) に供した。その結果、12 種のペプチドのアミノ酸シーケンスを判読することができた。以下にアミノ酸配列を示す。

10

20

30

MTT20: Tyr-Ala-Ala-Gly-Asp-Ser-Val-Pro-Val-Thr-Ile-Ala-Ala-Ser-Asn (配列番号 : 7)

MTT21-1: Leu-Leu-Phe-Tyr-His-His-Pro-Ser-Ser-Lys (配列番号 : 8)

MTT21-2: Ser-Gly-Asp-Lys-Ser-Asp-Glu-Asn-Ala-Pro-Glu-Leu-Phe-Ile-Ile-Pro-Ala-Asp-Ala (配列番号 : 9)

10

MTT22-1: Met-Ala-Ala-Phe-Glu-Glu-Val-Phe (配列番号 : 10)

MTT23: Trp-Leu-His-Tyr-His-Pro-Val (配列番号 : 11)

MTT26: Gly-Ala-Glu-Asn-Trp-Met-Ser-Asp-Ile-Phe-Lys (配列番号 : 12)

MTT27-2: Leu-Ala-Ala-Glu-Xaa-Gly-Phe-Ala-Val-Ala-Ala-Ala-Ala-Ile-Gly-Gly-Gly-Ile-Ile-Gly (配列番号 : 13)

20

MTT28: Ser-Phe-Ile-Asn-Asp-Pro-Asn-Lys-Ile-Asp-Ala-Ile-Phe (配列番号 : 14)

MTT141: Thr-Ala-Ser-Phe-Pro-Leu-Pro-Thr-Asn-Arg (配列番号 : 15)

MTT141-2: Phe-Pro-Gln-Leu-Arg (配列番号 : 16)

MT142: Ala-Asp-Phe-Gly-Trp-Gly-Lys (配列番号 : 17)

30

MTT291: Asp-Ala-Asp-Gln-Phe-Tyr-Asp-Leu-Leu-Pro-Pro-Ile-Pro-Pro (配列番号 : 18)

実施例 5 . サルビア・マロニル基転移酵素の遺伝子断片の増幅

実施例 4 で得られた部分アミノ酸配列 MTT20 と MT142 をもとにして以下のプライマーを作成した。

MTT20-1 : 5'- TA(T/C) GCI GCI GGI GA(T/C) TCI GTI CCI GT -3'
(I : イノシン) (配列番号 : 19)

40

MTT20-3 : 5'- GTI CCI GTI ACI AT(A/T/C) GCI GC -3' (配列番号 : 20)

ATCRr2 : 5'- (T/C)TT ICC CCA ICC (A/G)AA (A/G)TC IGC -3' (配列番号 : 21)

サルビア花から調製した cDNA を鋳型として総量 100 μ l として、以下の反応液組成で PCR を行った ; 1 $\times$ TAKARA PCR 緩衝液、200 mM dNTPs , サルビア cDNA 100 ng , MTT20-1 プライマー 1 pmol / μ l , ATCRr2 プ

50

ライマー 1 pmol / μ l, TAKARA rTaq 2.5 ユニット。反応は 96 °C で 1 分反応させた後、96 °C にて 1 分、42 °C にて 2 分、72 °C にて 3 分で 30 サイクル反応させ、さらに 72 °C で 7 分間反応させた。

この反応産物を鋳型として MTT20-3、ATCRr2 プライマーを用いて上記と同様の反応液組成で nested PCR を行った。反応は 96 °C で 1 分反応させた後、96 °C にて 1 分、50 °C にて 2 分、72 °C にて 3 分で 30 サイクル反応させ、さらに 72 °C で 7 分反応させた。得られた PCR 産物をサブクローニングしてシーケンスを行ったところ、約 900 bp の反応産物の推定アミノ酸配列内にプライマーの設計に用いたもの以外の部分アミノ酸配列 MTT141、MTT26、MTT27-2 (配列番号: 15, 12 及び 13) が見出されたことから、精製蛋白質をコードする遺伝子断片であることが明らかになった。

10

実施例 6 . サルビア・マロニル基転移酵素 cDNA の単離

サルビア・グアラニティカ (*Salvia guaranitica*) の花由来の cDNA ライブラリーを Stratagene 社の λ ZAP II directional cDNA synthesis kit を用い製造者の推奨する方法で構築した。このライブラリーの約 20 万個のクローンを実施例 3 で得られた 889 bp の DNA 断片をプローブとして洗浄条件 (5x SSC, 0.1% SDS, 37 °C) でスクリーニングし最終的に 10 クローンの陽性クローンを得た。それらは 3 種類のグループに分類できそれぞれのグループで最長のクローンを SgMaT1、SgMaT1' および SgMaT2 と名づけた。なおライブラリーのスクリーニングは、公知の方法 (例えば、Fujiwara et al., 1998, Plant. J. 16, 421) によった。

20

SgMaT1 および SgMaT1' は、それぞれ 1419 bp および 1471 bp で、どちらも開始メチオニンを欠いていた。SgMaT1 と SgMaT1' はアミノ酸レベルで 98% の相同性を示したことから同一の酵素遺伝子をコードする対立遺伝子であると考えられた。SgMaT1 の推定アミノ酸配列中に実施例 4 で明らかにした精製マロニル基転移酵素の部分アミノ酸配列が一部異なる部分もあったがすべて確認できた。一部の異なる部分は、使用したサルビアの種の違いによるものと思われる。

これらの結果から SgMaT1 及び SgMaT1' 遺伝子は、アントシアニンの 5 位の糖にマロニル基を転移する酵素をコードしていることが明らかになった。SgMaT2 は、1530 bp の cDNA を持ち、その中には 1260 bp からなるオープンリーディングフレームが存在し全長をコードしていた。アミノ酸レベルで、SgMaT1 は SgMaT2 に対して 52% の同一性を示した。また、いずれの遺伝子も他の植物のアシル基転移酵素と 37 ~ 47% の同一性を示した。

30

リンドウでは、同一品種内でも機能の異なるアシル基転移酵素は、35 - 40% 程度の同一性しか示さない (Yonekura-Sakakibara et al., 2000, Plant Cell Physiol. 41: 495 - 502)。よって、SgMaT1 と SgMaT2 における 55% という同一性は、同一品種由来の遺伝子であることを差し引いても、SgMaT1 と SgMaT2 が機能的に類似しており、SgMaT2 もアントシアニンへのマロニル基の転移反応を触媒することを示している。SgMaT1、SgMaT1' 及び SgMaT2 の塩基配列をそれぞれ配列番号: 1、3 及び 5 に示し、これらの塩基配列から推定されるアミノ酸配列をそれぞれ配列番号: 2、4 及び 6 に示す。

40

実施例 7 . 大腸菌でのマロニル基転移酵素活性の確認

終濃度 50 mg / L のアンピシリンを含有する LB 培地に、プラスミド pSgMaT1 (pBluescriptSK⁺ (Stratagene) の EcoRI, XhoI サイトに SgMaT1 遺伝子を含み、イソプロピルベータチオガラクトシド (IPTG) 添加によって SgMaT1 遺伝子産物を lacZ 蛋白質との融合蛋白質として発現できる) を導入した大腸菌のシングルコロニーを植菌し、37 °C で一晩しんとうしながら前培養した。その培養液 (2 ml) を 100 ml のアンピシリン含有 LB 培地に植菌し、30 °C で 600 nm の吸光度が 0.5 になるまで本培養した。その後、培養液に IPTG を終濃度で 1 mM となるように添加し、さらに 30 °C で IPTG 添加後 9 時間培養し集菌した。集菌し

50

た菌体を、緩衝液（0.1 M KPB, pH 7.0, 30 mM 2-メルカプトエタノール、1 mM EDTA, 0.1 mM PMSF, 0.1% Triton X-100）に懸濁し、氷冷しながら細胞を超音波破碎した。

遠心分離にて得た上清部分（可溶性画分）を用いて酵素活性を測定した。なお、コントロールとして pBluescript SK⁺ のみを含んだ大腸菌についても同様に処理した。活性測定は、シソニンを経質として用い、実施例 2 に従った。

pSgMaT1 遺伝子発現産物による反応産物には、シソニン（Rt 9.7 分）に加え、マロニルシソニン（Rt 12.2 分）が検出されたが、コントロールでは、シソニンのみしか検出されなかった。このことから SgMaT1 遺伝子は、マロニル基転移活性を有する酵素をコードしていることが確認された。

10

実施例 8 . サルビア由来のマロニル基転移酵素 cDNA の単離 (2)

サルビア (*Salvia splendens*) の花卉 cDNA ライブラリーを λZAPII (Stratagene 社) をベクターとする ZAP-cDNA Synthesis Kit (Stratagene 社) を用いて、製造者が推奨する方法により構築した。実施例 6 で得られた SgMaT1 をプローブとして実施例 6 に記載の方法でスクリーニングした。得られたクローンの中で最も cDNA の長かったクローンを SsMaT1 とした。この塩基配列を配列番号: 22 に示し、該塩基配列から推定されるアミノ酸配列を配列番号: 23 に示す。この cDNA は、その配列から、完全長ではないと考えられる。

SsMaT1 は、アミノ酸レベルで SgMaT1 に対して 92%、SgMaT2 に対して 52% の同一性を示した。

20

また同様に同じライブラリーを SgMaT2 でスクリーニングし、SsMaT2 を得た。この塩基配列を配列番号: 24 に示し、該塩基配列から推定されるアミノ酸配列を配列番号: 25 に示す。

SsMaT2 は、アミノ酸レベルで SgMaT1 に対して 53%、SgMaT2 に対して 96%、SsMaT1 に対して 52% の同一性を示した。

実施例 9 . シソ由来のマロニル基転移酵素 cDNA の単離

シソ (*Perilla frutescens*) から若い赤い葉を採集し、これをもとに cDNA ライブラリーを λZAPII (Stratagene 社) をベクターとする ZAP-cDNA Synthesis Kit (Stratagene 社) を用いて、製造者が推奨する方法により構築した。このライブラリーを実施例 8 と同様に SgMaT1 をプローブにしてスクリーニングし、得られたクローンの中で最も cDNA の長かったクローンを PfMaT1 とした。PfMaT1 の塩基配列を配列番号: 26 に示し、該塩基配列から推定されるアミノ酸配列を配列番号: 27 に示す。

30

PfMaT1 は、アミノ酸レベルで SgMaT1 に対して 67%、SgMaT2 に対して 57%、SsMaT1 に対して 65%、SsMaT2 に対して 57% の同一性を示した。

実施例 10 . ラベンダー由来のマロニル基転移酵素 cDNA の単離

ラベンダー (*Lavendula angustifolia*) の cDNA ライブラリーを λZAPII (Stratagene 社) をベクターとする ZAP-cDNA Synthesis Kit (Stratagene 社) を用いて、製造者が推奨する方法により構築した。このライブラリーを実施例 6 で得られた SgMaT2 をプローブとし、実施例 6 に記載の方法でスクリーニングし、LnMaT2 を得た。この塩基配列を配列番号: 28 に示し、該塩基配列から推定されるアミノ酸配列を配列番号: 29 に示す。

40

LnMaT2 は、アミノ酸レベルで SgMaT1 に対して 53%、SgMaT2 に対して 65%、SsMaT1 に対して 51%、SsMaT2 に対して 64%、PfMaT1 に対して 56% の同一性を示した。

実施例 11 . *S. splendens* MaT1 の発現

実施例 8 で得られた SsMaT1 遺伝子の 5' - 末端に BamHI サイトを導入するプライマー (Primer #1: 5' - GGA TCC ATC GAG GGA CGC ATG ACA ACA ACA ACA AC - 3' (配列番号: 30))、SsMaT1 遺伝子の 3' - 末端に BamHI サイトを導入するプライマー (Primer #2:

50

5' - GGA TCC TTA CAA TGG TTC GAC GAG CGC C
GG AGA - 3' (配列番号: 31))、および SsMaT1 遺伝子中の BamHI サ
イトを欠失させるプライマー (Primer #3: 5' - G GAC CCG CCG
ATA CCG GAA AAT TAC TTC - 3' (配列番号: 32)) を合成し
た。なお Primer #1 は SsMaT1 開始コドンのメチオニンの直前に Factor
Xa 切断サイト (Ile - Glu - Gly - Arg) をコードするよう設計した。

pBK - CMV ファージミドベクター (東洋紡績株式会社) のマルチクローニングサイト
(EcoRI、XhoI) に SsMaT1 cDNA が挿入されたプラスミド (pBK -
CMV - SsMaT1) を鋳型とし、Primer #2 および Primer #3 を用いた
一回目の PCR (反応液組成: pBK - CMV - SsMaT1 100 ng、1 × pfu
buffer (Stratagene 社)、200 μM dNTPs、1 μM Pri
mer #2、1 μM Primer #3、2.5 U pfu ポリメラーゼ (Strata
gene 社; 反応条件: 96 2 分間、(96 1 分、70 1 分、72 3 分) × 30
サイクル、72 7 分) を行ない、PCR 産物 (約 500 bp) を得た。

さらに、得られた PCR 産物である SsMaT1 の 2 本鎖 DNA 断片と Primer #1
を用いて、PCR (反応液組成: pBK - CMV - SsMaT1 100 ng、1 × pf
u 緩衝液、200 μM dNTPs、1 μM Primer #1、一回目の PCR 産物 1
00 ng、2.5 U pfu DNA ポリメラーゼ (Stratagene 社); 反応
条件: 96 7 分間、(96 2 分、70 1 分、72 7 分) × 30 サイクル、72 1
0 分) を行なった。

2 回目の PCR 産物は A - tail 付加 (2 回目の PCR 産物 100 ng、1 × Ex Ta
q 緩衝液、2 mM dATP、TaKaRa Ex Taq; 70 、30 分) をほどこし
た後、pCR2.1 - TOPO ベクター (クローンテック株式会社) にクローニングした
。その結果、完全長 SsMaT1 を挿入するプラスミド (pCR2.1 - SsMaT1)
を得た。DNA シークエンサーにより SsMaT1 遺伝子の DNA 配列に PCR 操作によ
る誤ったヌクレオチドの取り込みがないことを確認した。

pCR2.1 - SsMaT1 を BamHI で完全消化し、生成した約 1400 bp の DN
A 断片を回収した。この DNA 断片を大腸菌発現ベクター pQE - 30 (QIAGEN 社
) の BamHI サイトにサブクローニングし、pQE - 30 Xa - SsMaT1 とした。
pQE - 30 Xa - SsMaT1 を含む大腸菌での SsMaT1 発現は実施例 7 に記載の
方法に従った。また、酵素の活性測定は実施例 2 に記載の方法に従った。

SsMaT1 遺伝子を発現している大腸菌抽出物を用いて酵素活性を測定したところ、シ
ソニンに加え、マロニルシソニンの産生が確認できた。すなわち、SsMaT1 がフラボ
ノイドの 5 位の糖にマロニル基を転移する活性を有する蛋白質をコードしていることが確
認された。

また、基質としてマロニル CoA の代わりに、アセチル CoA、メチルマロニル CoA、
サクシニル CoA を用いた場合でも、シソニンに加え新しいピークが HPLC によるカラ
ムクロマトグラフィーで観察され、SsMaT1 はこれらの基質をシソニンへ転移する活
性を有することが判明した。

実施例 12. *P. frutescens* MaT1 の発現

実施例 7 と同様に、実施例 9 で得られた PfMaT1 遺伝子を LacZ 蛋白質との融合蛋
白質として発現できるように作製したプラスミドを用いて、実施例 7 と同様に大腸菌で発
現させ、活性測定に供した。酵素の活性測定は実施例 2 に記載の方法に従った。

PfMaT1 遺伝子を発現している大腸菌抽出物を用いて酵素活性を測定したところ、シ
ソニンに加え、マロニルシソニンの産生が確認できた。すなわち、PfMaT1 がフラボ
ノイドの 5 位の糖にマロニル基を転移する活性を有する蛋白質をコードしていることが確
認された。

産業上の利用可能性

本発明により、脂肪族アシル基転移酵素が花の色の制御に関わっていることがはじめて明
らかとなった。本蛋白質を花卉で発現させ、アントシアニンを修飾させることにより、花

10

20

30

40

50

の色を変化させることができる。脂肪族アシル基転移酵素としては、ここで述べたサルビア、シソ、ラベンダー由来のものだけでなく、他の生物の同様な酵素活性をもつ遺伝子を用いることができる。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> SUNTORY LIMITED

<120> Novel Aliphatic acyltransferase gene

10

<130> 1003551

<160>

<210> 1

<211> 1419

<212> DNA

<213> *Salvia guaranitica*

20

<230> Nucleotide sequence encoding malonyltransferase SgMaT1 of
Salvia guaranitica

<400> 1

ca aca aca aca ctc ctc gaa aca tgc cac att ccg ccg ccg ccg ccg 47

Thr Thr Thr Leu Leu Glu Thr Cys His Ile Pro Pro Pro Pro Pro

30

1 5 10 15

gcc aac gac ctc tca atc ccc ctc tcc ttc ttc gac atc aaa tgg ctc 95

Ala Asn Asp Leu Ser Ile Pro Leu Ser Phe Phe Asp Ile Lys Trp Leu

20 25 30

cac tac cac ccc gtc cgc cgc ctc ctc ttc tac cac cac cct tcc tcc 143

His Tyr His Pro Val Arg Arg Leu Leu Phe Tyr His His Pro Ser Ser

40

35 40 45

aaa tcc caa ttc ctc cac aca atc gtc cca cac ctc aaa caa tca ctc 191

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

50

55

60

tct ctc gct ctc aca cac tac ttc ccc gtc gcc ggc aac ctc ctc tac	239	
Ser Leu Ala Leu Thr His Tyr Phe Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu Tyr		
65 70 75		
ccg tcc aac ccc gaa aaa ttc ccc caa ctc cgc tat gcc gcc ggg gat	287	
Pro Ser Asn Pro Glu Lys Phe Pro Gln Leu Arg Tyr Ala Ala Gly Asp		
80 85 90 95		10
tcc gtc ccg gtg acg atc gcg gag tcc aat tcc gac ttc gaa agc ctc	335	
Ser Val Pro Val Thr Ile Ala Glu Ser Asn Ser Asp Phe Glu Ser Leu		
100 105 110		
acc gga aac cac acg cgc gac gcc gat caa ttc tac gat ctc ctc ccg	383	
Thr Gly Asn His Thr Arg Asp Ala Asp Gln Phe Tyr Asp Leu Leu Pro		
115 120 125		20
cct att cct ccg att gag gag gaa tcg gat tgg aaa ttg atc aac att	431	
Pro Ile Pro Pro Ile Glu Glu Glu Ser Asp Trp Lys Leu Ile Asn Ile		
130 135 140		
ttc gcg gtt cag atc act cta ttc ccc ggc gaa gga atc tgt gtc ggt	479	
Phe Ala Val Gln Ile Thr Leu Phe Pro Gly Glu Gly Ile Cys Val Gly		
145 150 155		30
ttc tcc aat cac cac tgc ctc ggc gac gcc aga tct atc gtc gga ttc	527	
Phe Ser Asn His His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Ile Val Gly Phe		
160 165 170 175		
atc tcc gct tgg ggt gaa atc aac gga atc gga gga tat gaa gga ttc	575	
Ile Ser Ala Trp Gly Glu Ile Asn Gly Ile Gly Gly Tyr Glu Gly Phe		
180 185 190		40
tta tcc aat cgc agt gat tct ctc tcc ctt ccg att ttc gat cga tcg	623	
Leu Ser Asn Arg Ser Asp Ser Leu Ser Leu Pro Ile Phe Asp Arg Ser		
195 200 205		

ttt att aac gat ccg aac aaa atc gac gct att ttc tgg aaa gtg atg	671	
Phe Ile Asn Asp Pro Asn Lys Ile Asp Ala Ile Phe Trp Lys Val Met		
210 215 220		
aga aac ata cct ttg aaa acg gcg tcg ttt ccg ctg cct acg aac aga	719	
Arg Asn Ile Pro Leu Lys Thr Ala Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg		
225 230 235		10
gtc aga tct aca ttc ctc ctc cgc aga tcc gac atc gag aag ctg aaa	767	
Val Arg Ser Thr Phe Leu Leu Arg Arg Ser Asp Ile Glu Lys Leu Lys		
240 245 250 255		
acc gcc acc aaa tcg ccg gcg tcg tcg ttc gtc gct gca gca gcg ttc	815	
Thr Ala Thr Lys Ser Pro Ala Ser Ser Phe Val Ala Ala Ala Ala Phe		
260 265 270		20
gtc tgg agc tgt atg gtg aaa tcc ggc gac aaa tcc aac gaa aat gcg	863	
Val Trp Ser Cys Met Val Lys Ser Gly Asp Lys Ser Asn Glu Asn Ala		
275 280 285		
ccg gag ctt ttc atc ata cct gcg gac gcc agg ggg agg att gat ccg	911	
Pro Glu Leu Phe Ile Ile Pro Ala Asp Ala Arg Gly Arg Ile Asp Pro		
290 295 300		30
ccg ata ccg gag aat tac ttc ggc aac tgc atc gtg agc tcg gtg gcg	959	
Pro Ile Pro Glu Asn Tyr Phe Gly Asn Cys Ile Val Ser Ser Val Ala		
305 310 315		
cgg gtg gag cgc ggg aag ctg ctg gcg gag gac gga ttc gcg gcg gcg	1007	
Arg Val Glu Arg Gly Lys Leu Leu Ala Glu Asp Gly Phe Ala Ala Ala		
320 325 330 335		40
gct gaa gca att agc ggg gag atc gag ggg aaa ttg aaa aac aga gat	1055	
Ala Glu Ala Ile Ser Gly Glu Ile Glu Gly Lys Leu Lys Asn Arg Asp		
340 345 350		

gag att ttg aga gga gcg gag aat tgg atg tcg gac ata ttc aaa tgc 1103

Glu Ile Leu Arg Gly Ala Glu Asn Trp Met Ser Asp Ile Phe Lys Cys

355

360

365

ttc ggg atg agc gtg ctc gga gtt tct gga tcg ccg aaa ttc gat ctg 1151

Phe Gly Met Ser Val Leu Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu

370

375

380

10

ttg aag gcg gat ttt gga tgg gga aag gcg agg aaa ttg gag gtg ctg 1199

Leu Lys Ala Asp Phe Gly Trp Gly Lys Ala Arg Lys Leu Glu Val Leu

385

390

395

tcg att gat gga gag aat cac tca atg tcg ctg tgt agc tcg agc gat 1247

Ser Ile Asp Gly Glu Asn His Ser Met Ser Leu Cys Ser Ser Ser Asp

400

405

410

415

20

ttc aat ggc gga ttg gag gtg ggt ttg tca ttg cct aga gag aga atg 1295

Phe Asn Gly Gly Leu Glu Val Gly Leu Ser Leu Pro Arg Glu Arg Met

420

425

430

gcg gca ttt gca gag gtg ttt act gat gga ctt gcc aat ctt 1337

Ala Ala Phe Ala Glu Val Phe Thr Asp Gly Leu Ala Asn Leu

435

440

445

30

tgaataattt tcattttata gttattaatt aaatatctta catccaatag taatatctta 1397

attatattcg atattccttc at 1419

<210> 2

<211> 445

<212> PRT

<213> *Salvia guaranitica*

40

<230> Amino acid sequence of malonyltransferase SgMaT1 of *Salvia guaranitica*

<400> 2

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

Ile Asn Asp Pro Asn Lys Ile Asp Ala Ile Phe Trp Lys Val Met Arg	
210	215
Asn Ile Pro Leu Lys Thr Ala Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg Val	
225	230
Arg Ser Thr Phe Leu Leu Arg Arg Ser Asp Ile Glu Lys Leu Lys Thr	
245	250
Ala Thr Lys Ser Pro Ala Ser Ser Phe Val Ala Ala Ala Ala Phe Val	10
260	265
Trp Ser Cys Met Val Lys Ser Gly Asp Lys Ser Asn Glu Asn Ala Pro	
275	280
Glu Leu Phe Ile Ile Pro Ala Asp Ala Arg Gly Arg Ile Asp Pro Pro	
290	295
Ile Pro Glu Asn Tyr Phe Gly Asn Cys Ile Val Ser Ser Val Ala Arg	20
305	310
Val Glu Arg Gly Lys Leu Leu Ala Glu Asp Gly Phe Ala Ala Ala Ala	
325	330
Glu Ala Ile Ser Gly Glu Ile Glu Gly Lys Leu Lys Asn Arg Asp Glu	
340	345
Ile Leu Arg Gly Ala Glu Asn Trp Met Ser Asp Ile Phe Lys Cys Phe	30
355	360
Gly Met Ser Val Leu Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Leu	
370	375
Lys Ala Asp Phe Gly Trp Gly Lys Ala Arg Lys Leu Glu Val Leu Ser	
385	390
Ile Asp Gly Glu Asn His Ser Met Ser Leu Cys Ser Ser Ser Asp Phe	40
405	410
	415

Asn Gly Gly Leu Glu Val Gly Leu Ser Leu Pro Arg Glu Arg Met Ala

420

425

430

Ala Phe Ala Glu Val Phe Thr Asp Gly Leu Ala Asn Leu

435

440

445

<210> 3

<211> 1471

10

<212> DNA

<213> *Salvia guaranitica*

<223> Nucleotide sequence encoding malonyltransferase SgMaT1' of
Salvia guaranitica

<400> 3

ca aca aca ctc ctc gaa aca tgc cac att ccg ccg ccg ccg ccg gcc 47 20

Thr Thr Leu Leu Glu Thr Cys His Ile Pro Pro Pro Pro Pro Ala

1

5

10

15

aac gac ctc tca atc ccc ctc tcc ttc ttc gac atc aaa tgg ctc cac 95

Asn Asp Leu Ser Ile Pro Leu Ser Phe Phe Asp Ile Lys Trp Leu His

20

25

30

tac cac ccc gtc cgc cgc ctc ctc ttc tac cac cac cct tcc tcc aaa 143 30

Tyr His Pro Val Arg Arg Leu Leu Phe Tyr His His Pro Ser Ser Lys

35

40

45

tcc caa ttc ctc cac aca atc gtt cca cac ctc aaa caa tca ctc tct 191

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

50

55

60

ctc gct ctc aca cac tac ctc ccc gtc gcc ggc aac ctc ctc tac ccg 239 40

Leu Ala Leu Thr His Tyr Leu Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu Tyr Pro

65

70

75

tcc aac ccc gaa aaa ttt ccc caa ctc cgc tat gcc gcc agg gat tcc	287	
Ser Asn Pro Glu Lys Phe Pro Gln Leu Arg Tyr Ala Ala Arg Asp Ser		
80 85 90 95		
gtc ccg gtg acg atc gcg gag tcc aat tcc gac ttc gaa agc ctc acc	335	
Val Pro Val Thr Ile Ala Glu Ser Asn Ser Asp Phe Glu Ser Leu Thr		
100 105 110		10
gga aac cac acg cgc gac gcc gat caa ttc tac gat ctc ctc ccg cct	383	
Gly Asn His Thr Arg Asp Ala Asp Gln Phe Tyr Asp Leu Leu Pro Pro		
115 120 125		
att cct ccg att gag gag gaa tcg gat tgg aaa ttg atc aac att ttc	431	
Ile Pro Pro Ile Glu Glu Glu Ser Asp Trp Lys Leu Ile Asn Ile Phe		
130 135 140		20
gcg gtt cag atc act cta ttc ccc ggc gaa gga atc tgc gtc ggt ttc	479	
Ala Val Gln Ile Thr Leu Phe Pro Gly Glu Gly Ile Cys Val Gly Phe		
145 150 155		
tcc aat cac cac tgc ctc ggc gac gcc aga tct atg gtc gga ttc atc	527	
Ser Asn His His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Met Val Gly Phe Ile		
160 165 170 175		30
tcc gct tgg ggt gaa atc aac gga atc gga gga tat gaa gga ttc tta	575	
Ser Ala Trp Gly Glu Ile Asn Gly Ile Gly Gly Tyr Glu Gly Phe Leu		
180 185 190		
tcc aat cac agt gat tct ctc tcc ctt ccg att ttc gat cga tcg ttt	623	
Ser Asn His Ser Asp Ser Leu Ser Leu Pro Ile Phe Asp Arg Ser Phe		
195 200 205		40
att aac gat ccg aac aaa atc gac gct att ttc tgg aaa gtg atg aga	671	
Ile Asn Asp Pro Asn Lys Ile Asp Ala Ile Phe Trp Lys Val Met Arg		
210 215 220		

aac ata cct ttg aaa acg gcg tgc ttt ccg ctg cct acg aac aga gtc	719	
Asn Ile Pro Leu Lys Thr Ala Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg Val		
225 230 235		
aga tct aca ttc ctc ctc cgc aga tcc gac atc gag aag ctg aaa acc	767	
Arg Ser Thr Phe Leu Leu Arg Arg Ser Asp Ile Glu Lys Leu Lys Thr		
240 245 250 255		10
gcc acc aaa tgc ccg gcg tgc tgc ttc gtc gcg gca gca gcg ttc gtc	815	
Ala Thr Lys Ser Pro Ala Ser Ser Phe Val Ala Ala Ala Ala Phe Val		
260 265 270		
tgg agc tgt atg gtg aaa tcc ggc gac aaa tcc gac gaa aat gcg ccg	863	
Trp Ser Cys Met Val Lys Ser Gly Asp Lys Ser Asp Glu Asn Ala Pro		
275 280 285		20
gag ctt ttc atc ata cct gcg gac gcc agg ggg agg att gat ccg ccg	911	
Glu Leu Phe Ile Ile Pro Ala Asp Ala Arg Gly Arg Ile Asp Pro Pro		
290 295 300		
ata ccg gag aat tac ttc ggc aac tgc atc gtg agc tgc gtg gcg ccg	959	
Ile Pro Glu Asn Tyr Phe Gly Asn Cys Ile Val Ser Ser Val Ala Arg		
305 310 315		30
gtg gag cgc ggg aag ctg ctg gcg gag gac gga ttc gcg gcg gcg gct	1007	
Val Glu Arg Gly Lys Leu Leu Ala Glu Asp Gly Phe Ala Ala Ala Ala		
320 325 330 335		
gaa gca att ggc ggg gag atc gag ggg aaa ttg aaa aac aga gat gag	1055	
Glu Ala Ile Gly Gly Glu Ile Glu Gly Lys Leu Lys Asn Arg Asp Glu		
340 345 350		40
att ttg aga gga gcg gag aat tgg atg tgc gac ata ttc aaa tgc ttc	1103	
Ile Leu Arg Gly Ala Glu Asn Trp Met Ser Asp Ile Phe Lys Cys Phe		
355 360 365		

ggg atg agc gtg ctc gga gtt tct gga tcg ccg aaa ttc gat ctg ttg 1151

Gly Met Ser Val Leu Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Leu

370

375

380

aag gca gat ttc gga tgg gga aag gcg agg aaa ttg gag gtg ctg tcg 1199

Lys Ala Asp Phe Gly Trp Gly Lys Ala Arg Lys Leu Glu Val Leu Ser

385

390

395

10

att gat gga gag aat cac tca atg tcg ctg tgt agc tcg agc gat ttc 1247

Ile Asp Gly Glu Asn His Ser Met Ser Leu Cys Ser Ser Ser Asp Phe

400

405

410

415

aat ggc gga ttg gag gtg ggt ttg tca ttg cct aga gag aga atg gcg 1295

Asn Gly Gly Leu Glu Val Gly Leu Ser Leu Pro Arg Glu Arg Met Ala

420

425

430

20

gca ttt gca gag gtg ttt act gat gga ctt gcc aat ctt tgaataatta 1344

Ala Phe Ala Glu Val Phe Thr Asp Gly Leu Ala Asn Leu

435

440

tcattttata gttattaatt aaatatcttg catcccgctcc aatagtaata tcttaattat 1404

attcgatatt ccttcataaa aatattgaca ttgaaataa taacaatcaa attaattaaa 1464

taaaagc 1471

30

<210> 4

<211> 444

<212> PRT

<213> Salvia guaranitica

<230> Amino acid sequence of malonyltransferase SgMaT1' of Salvia

guaranitica

40

<400> 4

Thr Thr Leu Leu Glu Thr Cys His Ile Pro Pro Pro Pro Pro Ala Asn

1

5

10

15

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

Ile	Pro	Leu	Lys	Thr	Ala	Ser	Phe	Pro	Leu	Pro	Thr	Asn	Arg	Val	Arg				
225					230					235					240				
Ser	Thr	Phe	Leu	Leu	Arg	Arg	Ser	Asp	Ile	Glu	Lys	Leu	Lys	Thr	Ala				
					245					250					255				
Thr	Lys	Ser	Pro	Ala	Ser	Ser	Phe	Val	Ala	Ala	Ala	Ala	Phe	Val	Trp				
					260					265					270				10
Ser	Cys	Met	Val	Lys	Ser	Gly	Asp	Lys	Ser	Asp	Glu	Asn	Ala	Pro	Glu				
					275					280					285				
Leu	Phe	Ile	Ile	Pro	Ala	Asp	Ala	Arg	Gly	Arg	Ile	Asp	Pro	Pro	Ile				
					290					295					300				
Pro	Glu	Asn	Tyr	Phe	Gly	Asn	Cys	Ile	Val	Ser	Ser	Val	Ala	Arg	Val				
305						310					315				320				20
Glu	Arg	Gly	Lys	Leu	Leu	Ala	Glu	Asp	Gly	Phe	Ala	Ala	Ala	Ala	Glu				
					325					330					335				
Ala	Ile	Gly	Gly	Glu	Ile	Glu	Gly	Lys	Leu	Lys	Asn	Arg	Asp	Glu	Ile				
					340					345					350				
Leu	Arg	Gly	Ala	Glu	Asn	Trp	Met	Ser	Asp	Ile	Phe	Lys	Cys	Phe	Gly				
					355					360					365				30
Met	Ser	Val	Leu	Gly	Val	Ser	Gly	Ser	Pro	Lys	Phe	Asp	Leu	Leu	Lys				
					370					375					380				
Ala	Asp	Phe	Gly	Trp	Gly	Lys	Ala	Arg	Lys	Leu	Glu	Val	Leu	Ser	Ile				
385						390					395				400				
Asp	Gly	Glu	Asn	His	Ser	Met	Ser	Leu	Cys	Ser	Ser	Ser	Asp	Phe	Asn				
					405					410					415				40
Gly	Gly	Leu	Glu	Val	Gly	Leu	Ser	Leu	Pro	Arg	Glu	Arg	Met	Ala	Ala				
					420					425					430				

Phe Ala Glu Val Phe Thr Asp Gly Leu Ala Asn Leu

435

440

<210> 5

<211> 1530

<212> DNA

<213> *Salvia guaranitica*

10

<230> Nucleotide sequence encoding malonyltransferase SgMat2 of
Salvia guaranitica

<400> 5

aaaatccaca actttttccc ctccaacctc aaatttccac agccacc atg tcc acc 56

Met Ser Thr

1

20

acc gtg ctc gaa acc tcc gcc atc tcc cct ccg ccg ggc tcc gcc gcc 104

Thr Val Leu Glu Thr Ser Ala Ile Ser Pro Pro Pro Gly Ser Ala Ala

5

10

15

gac ctc acc ctc ccc ctc tgc ttc ttc gac atc atc tgg ctc cat ttc 152

Asp Leu Thr Leu Pro Leu Cys Phe Phe Asp Ile Ile Trp Leu His Phe

20

25

30

35

30

cac ccc atc cgc cgc ctc atc ttc tac aac cac cct tgc acc gag gca 200

His Pro Ile Arg Arg Leu Ile Phe Tyr Asn His Pro Cys Thr Glu Ala

40

45

50

gaa ttc tcc tcc acc gtc gtc cca aac ctc aaa cac tcc ctc tct ctc 248

Glu Phe Ser Ser Thr Val Val Pro Asn Leu Lys His Ser Leu Ser Leu

55

60

65

40

acc ctc caa cac ttc ccc ccc gtc gcc ggc aac ctc ctc ttc cct gtc 296

Thr Leu Gln His Phe Pro Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu Phe Pro Val

70

75

80

gac acc gat aaa tcc cgc ccc ttc ctc cgc tac gtc tcc ggc gac acc	344	
Asp Thr Asp Lys Ser Arg Pro Phe Leu Arg Tyr Val Ser Gly Asp Thr		
85 90 95		
gcc ccc ctc act atc gca gtt tcc ggg cgc gac ttc gac gaa tta gtc	392	
Ala Pro Leu Thr Ile Ala Val Ser Gly Arg Asp Phe Asp Glu Leu Val		
100 105 110 115		10
gcc gga agc cac gcc cga gac tcc gac caa ttc tac gaa ttc ctc ccc	440	
Ala Gly Ser His Ala Arg Asp Ser Asp Gln Phe Tyr Glu Phe Leu Pro		
120 125 130		
ctg atg ccc ccg atc gcc gag gaa gaa aat tac aaa att gcc cct ctc	488	
Leu Met Pro Pro Ile Ala Glu Glu Glu Asn Tyr Lys Ile Ala Pro Leu		
135 140 145		20
atc gcg ctc cag gct acg ctc ttc ccc ggc cgt ggg atc tgc atc ggg	536	
Ile Ala Leu Gln Ala Thr Leu Phe Pro Gly Arg Gly Ile Cys Ile Gly		
150 155 160		
gtg agc aat cac cac tgc ctc ggc gac gcc agg tcg atc gtc gga ttc	584	
Val Ser Asn His His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Ile Val Gly Phe		
165 170 175		30
gtc tgg gcc tgg gcc gag act aac aga aac aac ggg gac gag cgg ctg	632	
Val Trp Ala Trp Ala Glu Thr Asn Arg Asn Asn Gly Asp Glu Arg Leu		
180 185 190 195		
aga aac cgc tcg ccc ctt ctg att tat gac agg tcg tta gtt ttt ggg	680	
Arg Asn Arg Ser Pro Leu Leu Ile Tyr Asp Arg Ser Leu Val Phe Gly		
200 205 210		40
gac acc caa aaa gct gac gaa aag tac tgg agc gtg atg aga aac atc	728	
Asp Thr Gln Lys Ala Asp Glu Lys Tyr Trp Ser Val Met Arg Asn Ile		
215 220 225		

cga cta acg tca tca agt ttt cct gtg cct cgt ggc agg gtc agg gcc	776	
Arg Leu Thr Ser Ser Ser Phe Pro Val Pro Arg Gly Arg Val Arg Ala		
230 235 240		
gcg ttc aca ctg cac cat tca gat att aaa aaa ctc aaa aat aag gtt	824	
Ala Phe Thr Leu His His Ser Asp Ile Lys Lys Leu Lys Asn Lys Val		
245 250 255		10
ttg tct aaa aat ccg gac cta gtt ttt gtc tcg tct ttt gca gtc acg	872	
Leu Ser Lys Asn Pro Asp Leu Val Phe Val Ser Ser Phe Ala Val Thr		
260 265 270 275		
gcg gcg tac acg tgg agc tct gtg gtg aag tcc gcg cgc gcg gcc ggg	920	
Ala Ala Tyr Thr Trp Ser Ser Val Val Lys Ser Ala Arg Ala Ala Gly		
280 285 290		20
gag gag gtg gat gac gat cga gac gag gtt ttc ttt ttt cct gcg gac	968	
Glu Glu Val Asp Asp Asp Arg Asp Glu Val Phe Phe Phe Pro Ala Asp		
295 300 305		
gcg agg ggc cgg ccg aac gct atg gtt gac cca ccc gtg ccg gtt aat	1016	
Ala Arg Gly Arg Pro Asn Ala Met Val Asp Pro Pro Val Pro Val Asn		
310 315 320		30
tac ttc ggg aac tgt tta ggc ggc ggg atg atc aag atg gag cat aag	1064	
Tyr Phe Gly Asn Cys Leu Gly Gly Gly Met Ile Lys Met Glu His Lys		
325 330 335		
aag gtg gcg gcg gag gaa gga ttc gtg gcg gcg gcg gag gcg att gct	1112	
Lys Val Ala Ala Glu Glu Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu Ala Ile Ala		
340 345 350 355		40
gat caa atc aat aat gtg gtg aat aac aag gag aat ttt ttg aaa gga	1160	
Asp Gln Ile Asn Asn Val Val Asn Asn Lys Glu Asn Phe Leu Lys Gly		
360 365 370		

gcg gat aat tgg ttg tgc gag atg ccg aaa ttt ggg gaa ttg agc act 1208

Ala Asp Asn Trp Leu Ser Glu Met Pro Lys Phe Gly Glu Leu Ser Thr

375

380

385

ttt ggc gtt tcc ggt tgc ccg aaa ttc gat ttg ttg aat tgc gat ttc 1256

Phe Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Leu Asn Ser Asp Phe

390

395

400

10

ggg tgg ggg acg ggg tgc agg ttg gag gtt ctg tgc atg gat aag gag 1304

Gly Trp Gly Thr Gly Ser Arg Leu Glu Val Leu Ser Met Asp Lys Glu

405

410

415

aag tat tgc atg tgc ttg tgt aat tgc tgc gat tct cct ggc ggt ttg 1352

Lys Tyr Ser Met Ser Leu Cys Asn Ser Ser Asp Ser Pro Gly Gly Leu

420

425

430

435

20

gtg gtg gga ttg tca ctt cct aag gag agg atg gac gct ttc gca act 1400

Val Val Gly Leu Ser Leu Pro Lys Glu Arg Met Asp Ala Phe Ala Thr

440

445

450

atc ttt gac gat ggt ctt aaa ttt tgagtgtttg attttgttat ttaatttttt 1454

Ile Phe Asp Asp Gly Leu Lys Phe

455

30

tttaaagttt tgttgcttca aggtataaaa atttaagtca ttgatatga tagattttat 1514

cacgtaagtt tttaac

1530

<210> 6

<211> 459

<212> PRT

<213> *Salvia guaranitica*

40

<223> Amino acid sequence of malonyltransferase SgMat2 of *Salvia guaranitica*

<400> 6

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

Val Phe Gly Asp Thr Gln Lys Ala Asp Glu Lys Tyr Trp Ser Val Met	
210 215 220	
Arg Asn Ile Arg Leu Thr Ser Ser Ser Phe Pro Val Pro Arg Gly Arg	
225 230 235 240	
Val Arg Ala Ala Phe Thr Leu His His Ser Asp Ile Lys Lys Leu Lys	
245 250 255	10
Asn Lys Val Leu Ser Lys Asn Pro Asp Leu Val Phe Val Ser Ser Phe	
260 265 270	
Ala Val Thr Ala Ala Tyr Thr Trp Ser Ser Val Val Lys Ser Ala Arg	
275 280 285	
Ala Ala Gly Glu Glu Val Asp Asp Asp Arg Asp Glu Val Phe Phe Phe	
290 295 300	20
Pro Ala Asp Ala Arg Gly Arg Pro Asn Ala Met Val Asp Pro Pro Val	
305 310 315 320	
Pro Val Asn Tyr Phe Gly Asn Cys Leu Gly Gly Gly Met Ile Lys Met	
325 330 335	
Glu His Lys Lys Val Ala Ala Glu Glu Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu	
340 345 350	30
Ala Ile Ala Asp Gln Ile Asn Asn Val Val Asn Asn Lys Glu Asn Phe	
355 360 365	
Leu Lys Gly Ala Asp Asn Trp Leu Ser Glu Met Pro Lys Phe Gly Glu	
370 375 380	
Leu Ser Thr Phe Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Leu Asn	
385 390 395 400	40
Ser Asp Phe Gly Trp Gly Thr Gly Ser Arg Leu Glu Val Leu Ser Met	
405 410 415	

Asp Lys Glu Lys Tyr Ser Met Ser Leu Cys Asn Ser Ser Asp Ser Pro

420

425

430

Gly Gly Leu Val Val Gly Leu Ser Leu Pro Lys Glu Arg Met Asp Ala

435

440

445

Phe Ala Thr Ile Phe Asp Asp Gly Leu Lys Phe

450

455

10

<210> 7

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

20

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 7

Tyr Ala Ala Gly Asp Ser Val Pro Val Thr Ile Ala Ala Ser Asn

1

5

10

15

<210> 8

30

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

40

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 8

Leu Leu Phe Tyr His His Pro Ser Ser Lys

1 5 10

<210> 9

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence 10

<220>

<221>

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 9

Ser Gly Asp Lys Ser Asp Glu Asn Ala Pro Glu Leu Phe Ile Ile Pro 20

1 5 10 15

Ala Asp Ala

<210> 10

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence 30

<220>

<221>

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 10

Met Ala Ala Phe Glu Glu Val Phe 40

1 5

<210> 11

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase 10

<400> 11

Trp Leu His Tyr His Pro Val

1 5

<210> 12

<211> 11

<212> PRT 20

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

<222>

<223> Particle amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 12 30

Gly Ala Glu Asn Trp Met Ser Asp Ile Phe Lys

1 5 10

<210> 13

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence 40

<220>

<221>

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 13

Leu Ala Ala Glu Xaa Gly Phe Ala Val Ala Ala Ala Ala Ile Gly Gly

1 5 10 15

Gly Ile Ile Gly

20

10

<210> 14

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

20

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 14

Ser Phe Ile Asn Asp Pro Asn Lys Ile Asp Ala Ile Phe

1 5 10

<210> 15

30

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

40

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 15

Thr Ala Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg

1 5 10

<210> 16

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence 10

<220>

<221>

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 16

Phe Pro Gln Leu Arg 20

1 5

<210> 17

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220> 30

<221>

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 17

Ala Asp Phe Gly Trp Gly Lys

1 5

<210> 18

<211> 14

<212> PRT

40

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

<222>

<223> Partial amino acid sequence of malonyltransferase

<400> 18

10

Asp Ala Asp Gln Phe Tyr Asp Leu Leu Pro Pro Ile Pro Pro

1

5

10

<210> 19

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

20

<220>

<221>

<222>

<223> Primer

<400> 19

taygcigcig gigaytcigt iccigt

26

30

<210> 20

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<221>

<222>

<223> Primer

<400> 20

40

gticcggtia ciathgcigc	20	
<210> 21		
<211> 21		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		10
<221>		
<222>		
<223> Primer		
<400> 21		
ytticcccai ccraartcig c	21	
<210> 22		20
<211> 1636		
<212> DNA		
<213> Salvia splendens		
<230> Nucleotide sequence encoding malonyltransferase SsMaT1 of Salvia splendens		
<400> 22		30
ca aca aca aca aca atc ctc gaa aca tgc cac att cca ccg ccg ccg	47	
Thr Thr Thr Thr Ile Leu Glu Thr Cys His Ile Pro Pro Pro Pro		
1 5 10 15		
gcg gcc aac gac ctc tca atc ccc ctc tcc ttc ttc gac atc aaa tgg	95	
Ala Ala Asn Asp Leu Ser Ile Pro Leu Ser Phe Phe Asp Ile Lys Trp		
20 25 30		40
ctc cac tac cac ccc gtc cgc cgc ctc ctc ttc tac cac cac cct tcc	143	
Leu His Tyr His Pro Val Arg Arg Leu Leu Phe Tyr His His Pro Ser		
35 40 45		

tcc aaa tcc caa ttc ctc cac aca atc gtt cca cac ctc aaa caa tca	191	
Ser Lys Ser Gln Phe Leu His Thr Ile Val Pro His Leu Lys Gln Ser		
50 55 60		
ctc tct ctc gct ctc aca cac tac ctc ccc gtc gcc ggc aac ctc ctc	239	
Leu Ser Leu Ala Leu Thr His Tyr Leu Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu		
65 70 75		10
tac ccg tcc aac acc gaa aaa ttc ccc caa ctc cgc tac gcc gcc ggg	287	
Tyr Pro Ser Asn Thr Glu Lys Phe Pro Gln Leu Arg Tyr Ala Ala Gly		
80 85 90 95		
gat tcc gtc ccg gtg acg atc gcg gag tcc aat tcc gac ttc gaa agc	335	
Asp Ser Val Pro Val Thr Ile Ala Glu Ser Asn Ser Asp Phe Glu Ser		
100 105 110		20
ctt acc gga aac cac acg cgc gac gcc gat caa ttc tac gat ctc ctc	383	
Leu Thr Gly Asn His Thr Arg Asp Ala Asp Gln Phe Tyr Asp Leu Leu		
115 120 125		
ccg cct att cct ccg att gag gag gaa tcg gat tgg aaa ttg atc aac	431	
Pro Pro Ile Pro Pro Ile Glu Glu Glu Ser Asp Trp Lys Leu Ile Asn		
130 135 140		30
att ttc gcg gtt cag atc act ctg ttc ccc ggc gaa gga atc tgc atc	479	
Ile Phe Ala Val Gln Ile Thr Leu Phe Pro Gly Glu Gly Ile Cys Ile		
145 150 155		
ggc ttc tcc aat cac cac tgc ctc ggc gac gcc aga tct atc gtc gga	527	
Gly Phe Ser Asn His His Cys Leu Gly Asp Ala Ser Ser Ile Val Gly		
160 165 170 175		40
ttc atc tcc gct tgg ggt gaa atc aac gga atc gga gga tat gaa gga	575	
Phe Ile Ser Ala Trp Gly Glu Ile Asn Gly Ile Gly Gly Tyr Glu Gly		
180 185 190		

ttc tta tcc aat cac agt gat tct ctc tcc ctt ccg att ttc gat cga	623	
Phe Leu Ser Asn His Ser Asp Ser Leu Ser Leu Pro Ile Phe Asp Arg		
195 200 205		
tcg ttt att aac gat ccg aac aaa atc gac gct att ttc tgg aaa gtg	671	
Ser Phe Ile Asn Asp Pro Asn Lys Ile Asp Ala Ile Phe Trp Lys Val		
210 215 220		10
ctg aga aac ata cca ttg aaa acg gcg tcg ttt ccg ctg cct acg aac	719	
Leu Ser Asn Met Pro Leu Lys Thr Ala Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn		
225 230 235		
aga gtc aga tct aca ttc ctc ctc cgc aga tcc gac atc gag aag ctg	767	
Ser Val Ser Ser Thr Phe Leu Leu Arg Ser Ser Asp Ile Glu Lys Leu		
240 245 250 255		20
aaa acc gcc act aaa tcg ccg gcg tcg tcg ttc gtc gcg gca gca gcg	815	
Lys Thr Ala Thr Lys Ser Pro Ala Ser Ser Phe Val Ala Ala Ala Ala		
260 265 270		
ttc gtc tgg agc tgt atg gtg aaa tcc ggc gac aaa tcc gac gaa aat	863	
Phe Val Trp Ser Cys Met Val Lys Ser Gly Asp Lys Ser Asp Glu Asn		
275 280 285		30
gcg cct gag ctt ttc atc ata cct gcg gac gcc agg ggg agg gtg gat	911	
Ala Pro Glu Leu Phe Ile Met Pro Ala Asp Ala Ser Gly Ser Val Asp		
290 295 300		
ccg ccg ata ccg gag aat tac ttc ggc aac tgc atc gtg agc tcg gtg	959	
Pro Pro Met Pro Glu Asn Tyr Phe Gly Asn Cys Ile Val Ser Ser Val		
305 310 315		40
gcg cag gtg gag cgc ggg aag ctg gcg gcg gag gat gga ttc gcg gtg	1007	
Ala Gln Val Glu Arg Gly Lys Leu Ala Ala Glu Asp Gly Phe Ala Val		
320 325 330 335		

gcg gct gaa gca att ggc ggg gag atc gag ggg aaa ttg aaa aac aga 1055
 Ala Ala Glu Ala Ile Gly Gly Glu Ile Glu Gly Lys Leu Lys Asn Ser
 340 345 350
 gat gag att ttg aga gga gcg gag aat tgg atg tcg gac ata ttc aaa 1103
 Asp Glu Ile Leu Ser Gly Ala Glu Asn Trp Met Ser Asp Met Phe Lys
 355 360 365 10
 tgc ttc ggg atg agc gtg ctc gga gtt tct gga tcg ccg aaa ttc gat 1151
 Cys Phe Gly Met Ser Val Leu Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp
 370 375 380
 ctg ttg aag gcg gat ttt gga tgg gga aag gcg agg aaa ttg gag gtg 1199
 Leu Leu Lys Ala Asp Phe Gly Trp Gly Lys Ala Ser Lys Leu Glu Val
 385 390 395 20
 ctg tcg att gat gga gag aat cac tca atg tcg ctg tgt agc tcg agc 1247
 Leu Ser Ile Asp Gly Glu Asn His Ser Met Ser Leu Cys Ser Ser Ser
 400 405 410 415
 gat ttc aat ggc gga ttg gag gtg ggt ttg tcg ttg ccc aga gag aga 1295
 Asp Phe Asn Gly Gly Leu Glu Val Gly Leu Ser Leu Pro Ser Glu Ser
 420 425 430 30
 atg gcg gca ttt gaa gag gtg ttt aga gca tcc ata atg gcg gcg agc 1343
 Met Ala Ala Phe Glu Glu Val Phe Ser Ala Ser Met Met Ala Ala Ser
 435 440 445
 gga ccg gct agg cga tct ccg gcg ctc gtc gaa cca ttg taaccggcga 1392
 Gly Pro Ala Ser Arg Ser Pro Ala Leu Val Glu Pro Leu
 450 455 460 40
 gcgccatttc ggcgaaaaaa tcggcgagcg caggccgatt cgcgagagcg ctgggcgatg 1452
 cgctcgccgc cattgcaggc tccggaccgg ggagcgatcg gcgagcaaaa ttttcttttt 1512
 cttttaattt tcgaaactct atatgtacgc gttttgcacg tcattttcat tcgcatcact 1572

tgttttaacg agtactctct ctaacttaat ttctatataa gatcaacaac gtgaaatgaa 1632

gaac

1636

<210> 23

<211> 460

<212> PRT

<213> Salvia splendens

10

<230> Amino acid sequence of malonyltransferase SsMatI of Salvia
splendens

<400> 23

Thr Thr Thr Thr Ile Leu Glu Thr Cys His Ile Pro Pro Pro Pro Ala

1

5

10

15

Ala Asn Asp Leu Ser Ile Pro Leu Ser Phe Phe Asp Ile Lys Trp Leu

20

20

25

30

His Tyr His Pro Val Arg Arg Leu Leu Phe Tyr His His Pro Ser Ser

35

40

45

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

50

55

60

Ser Leu Ala Leu Thr His Tyr Leu Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu Tyr

30

65

70

75

80

Pro Ser Asn Thr Glu Lys Phe Pro Gln Leu Arg Tyr Ala Ala Gly Asp

85

90

95

Ser Val Pro Val Thr Ile Ala Glu Ser Asn Ser Asp Phe Glu Ser Leu

100

105

110

Thr Gly Asn His Thr Arg Asp Ala Asp Gln Phe Tyr Asp Leu Leu Pro

40

115

120

125

Pro Ile Pro Pro Ile Glu Glu Glu Ser Asp Trp Lys Leu Ile Asn Ile

130

135

140

Phe	Ala	Val	Gln	Ile	Thr	Leu	Phe	Pro	Gly	Glu	Gly	Ile	Cys	Ile	Gly	
145						150					155				160	
Phe	Ser	Asn	His	His	Cys	Leu	Gly	Asp	Ala	Ser	Ser	Ile	Val	Gly	Phe	
					165				170					175		
Ile	Ser	Ala	Trp	Gly	Glu	Ile	Asn	Gly	Ile	Gly	Gly	Tyr	Glu	Gly	Phe	
		180						185					190			10
Leu	Ser	Asn	His	Ser	Asp	Ser	Leu	Ser	Leu	Pro	Ile	Phe	Asp	Arg	Ser	
		195					200					205				
Phe	Ile	Asn	Asp	Pro	Asn	Lys	Ile	Asp	Ala	Ile	Phe	Trp	Lys	Val	Leu	
	210					215					220					
Ser	Asn	Met	Pro	Leu	Lys	Thr	Ala	Ser	Phe	Pro	Leu	Pro	Thr	Asn	Ser	
225				230					235				240			20
Val	Ser	Ser	Thr	Phe	Leu	Leu	Arg	Ser	Ser	Asp	Ile	Glu	Lys	Leu	Lys	
			245					250					255			
Thr	Ala	Thr	Lys	Ser	Pro	Ala	Ser	Ser	Phe	Val	Ala	Ala	Ala	Ala	Phe	
		260					265					270				
Val	Trp	Ser	Cys	Met	Val	Lys	Ser	Gly	Asp	Lys	Ser	Asp	Glu	Asn	Ala	
		275				280						285				30
Pro	Glu	Leu	Phe	Ile	Met	Pro	Ala	Asp	Ala	Ser	Gly	Ser	Val	Asp	Pro	
	290					295					300					
Pro	Met	Pro	Glu	Asn	Tyr	Phe	Gly	Asn	Cys	Ile	Val	Ser	Ser	Val	Ala	
305				310					315				320			
Gln	Val	Glu	Arg	Gly	Lys	Leu	Ala	Ala	Glu	Asp	Gly	Phe	Ala	Val	Ala	
			325					330				335				40
Ala	Glu	Ala	Ile	Gly	Gly	Glu	Ile	Glu	Gly	Lys	Leu	Lys	Asn	Ser	Asp	
		340					345					350				

Glu Ile Leu Ser Gly Ala Glu Asn Trp Met Ser Asp Met Phe Lys Cys

355

360

365

Phe Gly Met Ser Val Leu Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu

370

375

380

Leu Lys Ala Asp Phe Gly Trp Gly Lys Ala Ser Lys Leu Glu Val Leu

385

390

395

400

10

Ser Ile Asp Gly Glu Asn His Ser Met Ser Leu Cys Ser Ser Ser Asp

405

410

415

Phe Asn Gly Gly Leu Glu Val Gly Leu Ser Leu Pro Ser Glu Ser Met

420

425

430

Ala Ala Phe Glu Glu Val Phe Ser Ala Ser Met Met Ala Ala Ser Gly

435

440

445

20

Pro Ala Ser Arg Ser Pro Ala Leu Val Glu Pro Leu

450

455

460

<210> 24

<211> 1498

<212> DNA

<213> *Salvia splendens*

30

<230> Nucleotide sequence encoding malonyltransferase SsMat2 of
Salvia splendens

<400> 24

gcaacttttt cccctccaac ctataatttc cacaaccacc atg acc acc acc 52

Met Thr Thr Thr

1

40

gtg ctc gaa acc tcc gcc atc tcc cct ccg ccg ggc tcc gcc gcc gac 100

Val Leu Glu Thr Ser Ala Ile Ser Pro Pro Pro Gly Ser Ala Ala Asp

5

10

15

20

ctc acc ctc ccc ctc tgc ttc ttc gac atc atc tgg ctc cat ttc cac	148	
Leu Thr Leu Pro Leu Cys Phe Phe Asp Ile Ile Trp Leu His Phe His		
25 30 35		
ccc atc cgc cgc ctc atc ttc tac aac cac cct tgc acc gag gcc gaa	196	
Pro Ile Arg Arg Leu Ile Phe Tyr Asn His Pro Cys Thr Glu Ala Glu		
40 45 50		10
ttc tcc tcc acc atc gtc cca aac ctc aaa cac tcc ctc tct ctc acc	244	
Phe Ser Ser Thr Ile Val Pro Asn Leu Lys His Ser Leu Ser Leu Thr		
55 60 65		
ctc caa cac ttc ccc ccc gtc gcc ggc aac ctc ctc ttc cct gtc gac	292	
Leu Gln His Phe Pro Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu Phe Pro Val Asp		
70 75 80		20
acc gat aaa tcc cgc ccc ttc ctc cgc tac gtc tcc ggc gac acc gcc	340	
Thr Asp Lys Ser Arg Pro Phe Leu Arg Tyr Val Ser Gly Asp Thr Ala		
85 90 95 100		
ccc ctc acg atc gcc gtc tcc ggg cgc gac ttc gac gaa tta gtc gct	388	
Pro Leu Thr Ile Ala Val Ser Gly Arg Asp Phe Asp Glu Leu Val Ala		
105 110 115		30
ggc agc cgc gcc cga gac tcc gac caa ttc tac gaa ttc ctc ccc ctg	436	
Gly Ser Arg Ala Arg Asp Ser Asp Gln Phe Tyr Glu Phe Leu Pro Leu		
120 125 130		
atg ccc ccg atc gcc gag gag gaa gat tac aaa att gcc cct ctc atc	484	
Met Pro Pro Ile Ala Glu Glu Glu Asp Tyr Lys Ile Ala Pro Leu Ile		
135 140 145		40
gcg ctc cag gcc acg ctc ttc ccc ggc cgc ggg atc tgc atc ggg gtg	532	
Ala Leu Gln Ala Thr Leu Phe Pro Gly Arg Gly Ile Cys Ile Gly Val		
150 155 160		

agc aat cac cac tgc ctc ggt gac gcc agg tcg atc gtt gca ttc gtc	580	
Ser Asn His His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Ile Val Ala Phe Val		
165 170 175 180		
tcg gcc tgg gcc gag acg aac aga aac agc ggg gac gag cgg ctg aga	628	
Ser Ala Trp Ala Glu Thr Asn Arg Asn Ser Gly Asp Glu Arg Leu Arg		
185 190 195		10
aac tgc acg ctc ccg ctg att tat gat agg tcg tca gtt ttt ggg gac	676	
Asn Cys Thr Leu Pro Leu Ile Tyr Asp Arg Ser Ser Val Phe Gly Asp		
200 205 210		
acc caa aaa gct gac gaa aag tac tgg agc gtg atg aga aac atc ccg	724	
Thr Gln Lys Ala Asp Glu Lys Tyr Trp Ser Val Met Arg Asn Ile Pro		
215 220 225		20
ctg aca tca tca agt ttt cct gtg cct agt ggc agg gtc agg gcc gcg	772	
Leu Thr Ser Ser Ser Phe Pro Val Pro Ser Gly Arg Val Arg Ala Ala		
230 235 240		
ttc aca ctg cac cag tca gat att aaa aac ctc aaa aat aag gtt ttg	820	
Phe Thr Leu His Gln Ser Asp Ile Lys Asn Leu Lys Asn Lys Val Leu		
245 250 255 260		30
tct aaa aat ccg gac cta gtt ttc gtc tcg tct ttt gcc gtc acg gcg	868	
Ser Lys Asn Pro Asp Leu Val Phe Val Ser Ser Phe Ala Val Thr Ala		
265 270 275		
gcg tac acg tgg agc tct gtg gtg aag tcc gcg cgc gcg gcc ggg gag	916	
Ala Tyr Thr Trp Ser Ser Val Val Lys Ser Ala Arg Ala Ala Gly Glu		
280 285 290		40
gag gtg gat gac gat cgt gac gag gtt ttc ttt ttt cct gcg gac gcg	964	
Glu Val Asp Asp Asp Arg Asp Glu Val Phe Phe Phe Pro Ala Asp Ala		
295 300 305		

agg ggt cgg ccg aac gct atg gtt gac ccg ccc gtg ccg gtt aat tac	1012	
Arg Gly Arg Pro Asn Ala Met Val Asp Pro Pro Val Pro Val Asn Tyr		
310 315 320		
ttc ggg aac tgt tta ggc ggc ggg atg atc aag atg gag cat aag aag	1060	
Phe Gly Asn Cys Leu Gly Gly Gly Met Ile Lys Met Glu His Lys Lys		
325 330 335 340		10
gtg gcg gcg gag gaa gga ttc gtg gcg gcg gcg gag gcg att gct gat	1108	
Val Ala Ala Glu Glu Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu Ala Ile Ala Asp		
345 350 355		
caa atc aat aat gtg gtg aat aac aag gat aat ttt ttg aaa gga gcg	1156	
Gln Ile Asn Asn Val Val Asn Asn Lys Asp Asn Phe Leu Lys Gly Ala		
360 365 370		20
gat aat tgg ttg tcg gag atg ccg aaa ttt ggg gaa ttg agc act ttt	1204	
Asp Asn Trp Leu Ser Glu Met Pro Lys Phe Gly Glu Leu Ser Thr Phe		
375 380 385		
ggc gtt tcc ggt tcg ccg aaa ttc gat ttg ttg aat tcg gat ttc ggg	1252	
Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Leu Asn Ser Asp Phe Gly		
390 395 400		30
tgg ggg acg ggg tcg agg ttg gag gtt ctg tcg atg gat aag gag aag	1300	
Trp Gly Thr Gly Ser Arg Leu Glu Val Leu Ser Met Asp Lys Glu Lys		
405 410 415 420		
tat tcg atg tcg ttg tgt aat tcg tcg gat tct cct ggc ggt ttg gtg	1348	
Tyr Ser Met Ser Leu Cys Asn Ser Ser Asp Ser Pro Gly Gly Leu Val		
425 430 435		40
gtc gga ttg tca ctt cct aag gag agg atg gat gct ttc gca act atc	1396	
Val Gly Leu Ser Leu Pro Lys Glu Arg Met Asp Ala Phe Ala Thr Ile		
440 445 450		

ttt gaa gat ggt ctt aaa ttt tgagtgtttg attttgttat ttaattttt 1447

Phe Glu Asp Gly Leu Lys Phe

455

tttaaagttt tgttgcttca aggggttaaaa atttaagtca ttgataatga t 1498

<210> 25

<211> 459

10

<212> PRT

<213> *Salvia splendens*

<230> Amino acid sequence of malonyltransferase SsMat2 of *Salvia splendens*

<400> 25

Met Thr Thr Thr Val Leu Glu Thr Ser Ala Ile Ser Pro Pro Pro Gly 20

1 5 10 15

Ser Ala Ala Asp Leu Thr Leu Pro Leu Cys Phe Phe Asp Ile Ile Trp

20 25 30

Leu His Phe His Pro Ile Arg Arg Leu Ile Phe Tyr Asn His Pro Cys

35 40 45

Thr Glu Ala Glu Phe Ser Ser Thr Ile Val Pro Asn Leu Lys His Ser 30

50 55 60

Leu Ser Leu Thr Leu Gln His Phe Pro Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu

65 70 75 80

Phe Pro Val Asp Thr Asp Lys Ser Arg Pro Phe Leu Arg Tyr Val Ser

85 90 95

Gly Asp Thr Ala Pro Leu Thr Ile Ala Val Ser Gly Arg Asp Phe Asp 40

100 105 110

Glu Leu Val Ala Gly Ser Arg Ala Arg Asp Ser Asp Gln Phe Tyr Glu

115 120 125

Phe Leu Pro Leu Met Pro Pro Ile Ala Glu Glu Glu Asp Tyr Lys Ile
 130 135 140
 Ala Pro Leu Ile Ala Leu Gln Ala Thr Leu Phe Pro Gly Arg Gly Ile
 145 150 155 160
 Cys Ile Gly Val Ser Asn His His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Ile
 165 170 175
 Val Ala Phe Val Ser Ala Trp Ala Glu Thr Asn Arg Asn Ser Gly Asp
 180 185 190
 Glu Arg Leu Arg Asn Cys Thr Leu Pro Leu Ile Tyr Asp Arg Ser Ser
 195 200 205
 Val Phe Gly Asp Thr Gln Lys Ala Asp Glu Lys Tyr Trp Ser Val Met
 210 215 220
 Arg Asn Ile Pro Leu Thr Ser Ser Ser Phe Pro Val Pro Ser Gly Arg
 225 230 235 240
 Val Arg Ala Ala Phe Thr Leu His Gln Ser Asp Ile Lys Asn Leu Lys
 245 250 255
 Asn Lys Val Leu Ser Lys Asn Pro Asp Leu Val Phe Val Ser Ser Phe
 260 265 270
 Ala Val Thr Ala Ala Tyr Thr Trp Ser Ser Val Val Lys Ser Ala Arg
 275 280 285
 Ala Ala Gly Glu Glu Val Asp Asp Asp Arg Asp Glu Val Phe Phe Phe
 290 295 300
 Pro Ala Asp Ala Arg Gly Arg Pro Asn Ala Met Val Asp Pro Pro Val
 305 310 315 320
 Pro Val Asn Tyr Phe Gly Asn Cys Leu Gly Gly Gly Met Ile Lys Met
 325 330 335

10

20

30

40

Glu His Lys Lys Val Ala Ala Glu Glu Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu

340

345

350

Ala Ile Ala Asp Gln Ile Asn Asn Val Val Asn Asn Lys Asp Asn Phe

355

360

365

Leu Lys Gly Ala Asp Asn Trp Leu Ser Glu Met Pro Lys Phe Gly Glu

370

375

380

10

Leu Ser Thr Phe Gly Val Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Leu Asn

385

390

395

400

Ser Asp Phe Gly Trp Gly Thr Gly Ser Arg Leu Glu Val Leu Ser Met

405

410

415

Asp Lys Glu Lys Tyr Ser Met Ser Leu Cys Asn Ser Ser Asp Ser Pro

420

425

430

20

Gly Gly Leu Val Val Gly Leu Ser Leu Pro Lys Glu Arg Met Asp Ala

435

440

445

Phe Ala Thr Ile Phe Glu Asp Gly Leu Lys Phe

450

455

<210> 26

<211> 1502

30

<212> DNA

<213> *Perilla frutescens*

<230> Nucleotide sequence encoding malonyltransferase SfMaT1 of

Perilla frutescens

<400> 26

aattaacata tatttatatt tagtcc atg aca aca aca ttg ctc gaa

47

40

Met Thr Thr Thr Leu Leu Glu

acc tgc cgg att ctg cca ccg ccg acc gac gag gtc tcg atc cct ctc	95	
Thr Cys Arg Ile Leu Pro Pro Pro Thr Asp Glu Val Ser Ile Pro Leu		
10 15 20		
tct ttc ttc gac atg aag tgg ctc cac ttc cac ccc ctc cgc cgt ctc	143	
Ser Phe Phe Asp Met Lys Trp Leu His Phe His Pro Leu Arg Arg Leu		
25 30 35		10
ctc ttc tac gac cac cct tgt tcc aag ccc caa ttc ttg gat gcc att	191	
Leu Phe Tyr Asp His Pro Cys Ser Lys Pro Gln Phe Leu Asp Ala Ile		
40 45 50 55		
gtt cca cac ctc aaa caa tct ctc tcc ctc act ctc aaa cac tac ctc	239	
Val Pro His Leu Lys Gln Ser Leu Ser Leu Thr Leu Lys His Tyr Leu		
60 65 70		20
ccc gtc gcc ggc aat ctg ctc tac cct tca tca aac acc gac caa aag	287	
Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu Tyr Pro Ser Ser Asn Thr Asp Gln Lys		
75 80 85		
ccc cga ctt cgc tgc gtc gcc ggg gat tca gtc ccg ctg acg atc gcg	335	
Pro Arg Leu Arg Cys Val Ala Gly Asp Ser Val Pro Leu Thr Ile Ala		
90 95 100		30
gag tcc acc acc gat ttc gac atg ctc acc gga aat cat gca aga gat	383	
Glu Ser Thr Thr Asp Phe Asp Met Leu Thr Gly Asn His Ala Arg Asp		
105 110 115		
gcc gat cag ttc tac gat ttc gtg gcg ccg atg cca cct att gca gag	431	
Ala Asp Gln Phe Tyr Asp Phe Val Ala Pro Met Pro Pro Ile Ala Glu		
120 125 130 135		40
gaa ttc gaa tgc aaa ata gtt ccc gtt ttc tcc ctg caa gtg acg ctg	479	
Glu Phe Glu Cys Lys Ile Val Pro Val Phe Ser Leu Gln Val Thr Leu		
140 145 150		

ttt cct ggg cgt gga att tgc atc ggt tta tcc aat cat cac tgc ctc	527	
Phe Pro Gly Arg Gly Ile Cys Ile Gly Leu Ser Asn His His Cys Leu		
155 160 165		
ggc gac gcc aga tcg gtg gtg gga ttc gtg ttg gcg tgg gct tcc atc	575	
Gly Asp Ala Arg Ser Val Val Gly Phe Val Leu Ala Trp Ala Ser Ile		
170 175 180		10
aat aaa ttc ggt ggt gat gag gag ttt ctg tcg gaa aac ggt gaa tct	623	
Asn Lys Phe Gly Gly Asp Glu Glu Phe Leu Ser Glu Asn Gly Glu Ser		
185 190 195		
ttg ccg att ttt gat cga tct ttg att aag gat cca ctc gaa atc gat	671	
Leu Pro Ile Phe Asp Arg Ser Leu Ile Lys Asp Pro Leu Glu Ile Asp		
200 205 210 215		20
act att ttc tgg aaa gta ttg aga aac ata cct ctg aag ccg tca tct	719	
Thr Ile Phe Trp Lys Val Leu Arg Asn Ile Pro Leu Lys Pro Ser Ser		
220 225 230		
ttt ccg tta ccc acc aac aga gtc aga gcc aca ttc gtt ctc agt caa	767	
Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg Val Arg Ala Thr Phe Val Leu Ser Gln		
235 240 245		30
tcc gac ata aaa agg cta aaa cat ttg gcg aat aac aac cta gtt caa	815	
Ser Asp Ile Lys Arg Leu Lys His Leu Ala Asn Asn Asn Leu Val Gln		
250 255 260		
ccg tcg tct ttc gtc gtc gcg gct gcg tat att tgg agc tgc atg gtg	863	
Pro Ser Ser Phe Val Val Ala Ala Ala Tyr Ile Trp Ser Cys Met Val		
265 270 275		40
aaa tcc ggc gac gga ggt gag gct aac gcg ccg gaa ttg ttc gtt att	911	
Lys Ser Gly Asp Gly Gly Glu Ala Asn Ala Pro Glu Leu Phe Val Ile		
280 285 290 295		

cca gcc gac gcg aga ggc cgg acg aat ccg ccg gtg ccg gcg aat tac	959	
Pro Ala Asp Ala Arg Gly Arg Thr Asn Pro Pro Val Pro Ala Asn Tyr		
300 305 310		
ttc ggg aat tgc ata gtt ggc ggg gta gta aaa gtg gag cac gaa aag	1007	
Phe Gly Asn Cys Ile Val Gly Gly Val Val Lys Val Glu His Glu Lys		
315 320 325		10
atg gcg gga aac gag gga ttt gtg att gct gca gaa gcc ata gct ggg	1055	
Met Ala Gly Asn Glu Gly Phe Val Ile Ala Ala Glu Ala Ile Ala Gly		
330 335 340		
gaa atc aag aac aag atg aat gat aaa gag gag att ttg aaa ggg gcg	1103	
Glu Ile Lys Asn Lys Met Asn Asp Lys Glu Glu Ile Leu Lys Gly Ala		
345 350 355		20
gag aat tgg ctg tcg gaa atc tgg aaa tgt atg ggg atg agc gtg ctc	1151	
Glu Asn Trp Leu Ser Glu Ile Trp Lys Cys Met Gly Met Ser Val Leu		
360 365 370 375		
gga att tct ggt tcg ccg aaa ttc gat tta tcg aat gca gat ttt gga	1199	
Gly Ile Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Ser Asn Ala Asp Phe Gly		
380 385 390		30
tgg gga aag gcg agg aaa ctg gaa gtt gtg tcg atc gat gga gag aag	1247	
Trp Gly Lys Ala Arg Lys Leu Glu Val Val Ser Ile Asp Gly Glu Lys		
395 400 405		
tat acg atg tcg ttg tgt aat tcc gac tgt ggg ttg gag gtt ggg ttg	1295	
Tyr Thr Met Ser Leu Cys Asn Ser Asp Cys Gly Leu Glu Val Gly Leu		
410 415 420		40
tcg ttg ccg gga gaa aga atg gaa gct ttt gca gcc ata ttt gcc gat	1343	
Ser Leu Pro Gly Glu Arg Met Glu Ala Phe Ala Ala Ile Phe Ala Asp		
425 430 435		

ggc cta gct aag cta gat agc tca tgattcatga ataatatata tatatatata 1395

Gly Leu Ala Lys Leu Asp Ser Ser

tatagagaga gagagagaat tgatatgccc atctttgtgg gcgcccgtga tcgtcatcac 1455

tttatttatt cttttttttt ttggtaattt tcgcttttct cccag 1502

<210> 27

<211> 447

10

<212> PRT

<213> *Perilla frutescens*

<230> Amino acid sequence of malonyltransferase SfMat1 of *Perilla frutescens*

<400> 27

Met Thr Thr Thr Leu Leu Glu Thr Cys Arg Ile Leu Pro Pro Pro Thr 20

1 5 10 15

Asp Glu Val Ser Ile Pro Leu Ser Phe Phe Asp Met Lys Trp Leu His

20 25 30

Phe His Pro Leu Arg Arg Leu Leu Phe Tyr Asp His Pro Cys Ser Lys

35 40 45

Pro Gln Phe Leu Asp Ala Ile Val Pro His Leu Lys Gln Ser Leu Ser 30

50 55 60

Leu Thr Leu Lys His Tyr Leu Pro Val Ala Gly Asn Leu Leu Tyr Pro

65 70 75 80

Ser Ser Asn Thr Asp Gln Lys Pro Arg Leu Arg Cys Val Ala Gly Asp

85 90 95

Ser Val Pro Leu Thr Ile Ala Glu Ser Thr Thr Asp Phe Asp Met Leu 40

100 105 110

Thr Gly Asn His Ala Arg Asp Ala Asp Gln Phe Tyr Asp Phe Val Ala

115 120 125

Pro Met Pro Pro Ile Ala Glu Glu Phe Glu Cys Lys Ile Val Pro Val	
130 135 140	
Phe Ser Leu Gln Val Thr Leu Phe Pro Gly Arg Gly Ile Cys Ile Gly	
145 150 155 160	
Leu Ser Asn His His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Val Val Gly Phe	
165 170 175	10
Val Leu Ala Trp Ala Ser Ile Asn Lys Phe Gly Gly Asp Glu Glu Phe	
180 185 190	
Leu Ser Glu Asn Gly Glu Ser Leu Pro Ile Phe Asp Arg Ser Leu Ile	
195 200 205	
Lys Asp Pro Leu Glu Ile Asp Thr Ile Phe Trp Lys Val Leu Arg Asn	
210 215 220	20
Ile Pro Leu Lys Pro Ser Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg Val Arg	
225 230 235 240	
Ala Thr Phe Val Leu Ser Gln Ser Asp Ile Lys Arg Leu Lys His Leu	
245 250 255	
Ala Asn Asn Asn Leu Val Gln Pro Ser Ser Phe Val Val Ala Ala Ala	
260 265 270	30
Tyr Ile Trp Ser Cys Met Val Lys Ser Gly Asp Gly Gly Glu Ala Asn	
275 280 285	
Ala Pro Glu Leu Phe Val Ile Pro Ala Asp Ala Arg Gly Arg Thr Asn	
290 295 300	
Pro Pro Val Pro Ala Asn Tyr Phe Gly Asn Cys Ile Val Gly Gly Val	
305 310 315 320	40
Val Lys Val Glu His Glu Lys Met Ala Gly Asn Glu Gly Phe Val Ile	
325 330 335	

Ala Ala Glu Ala Ile Ala Gly Glu Ile Lys Asn Lys Met Asn Asp Lys

340

345

350

Glu Glu Ile Leu Lys Gly Ala Glu Asn Trp Leu Ser Glu Ile Trp Lys

355

360

365

Cys Met Gly Met Ser Val Leu Gly Ile Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp

370

375

380

10

Leu Ser Asn Ala Asp Phe Gly Trp Gly Lys Ala Arg Lys Leu Glu Val

385

390

395

400

Val Ser Ile Asp Gly Glu Lys Tyr Thr Met Ser Leu Cys Asn Ser Asp

405

410

415

Cys Gly Leu Glu Val Gly Leu Ser Leu Pro Gly Glu Arg Met Glu Ala

420

425

430

20

Phe Ala Ala Ile Phe Ala Asp Gly Leu Ala Lys Leu Asp Ser Ser

435

440

445

<210> 28

<211> 1502

<212> DNA

<213> *Lavendula angustifolia*

30

<230> Nucleotide sequence encoding malonyltransferase LnMaT2 of
Lavendula angustifolia

<400> 28

ggc acg aga att aga acc gcc atg act acc acc gtg att gaa acc acg 48

Gly Thr Arg Ile Arg Thr Ala Met Thr Thr Thr Val Ile Glu Thr Thr

1

5

10

15

40

gga gtc cca cct ccg ccg ggc gcc gcc gcg gag cta acg gtg cca ctc 96

Gly Val Pro Pro Pro Pro Gly Ala Ala Ala Glu Leu Thr Val Pro Leu

20

25

30

tgt ttc atg gac ttc gtt tgg ctt cat ttc cac ccc atc cgc cgc ctt	144	
Cys Phe Met Asp Phe Val Trp Leu His Phe His Pro Ile Arg Arg Leu		
35 40 45		
att ttc tac gac cac cct tgc tct gaa tcc gac ttc cta aac gac gtc	192	
Ile Phe Tyr Asp His Pro Cys Ser Glu Ser Asp Phe Leu Asn Asp Val		
50 55 60		10
gtt ccg aag ctc aaa cac tca ctc tct ctc gct cta cag aac tat ctc	240	
Val Pro Lys Leu Lys His Ser Leu Ser Leu Ala Leu Gln Asn Tyr Leu		
65 70 75 80		
ccg gta gct gca aac tta ctc tac cct tca gat tta aac aca gac gag	288	
Pro Val Ala Ala Asn Leu Leu Tyr Pro Ser Asp Leu Asn Thr Asp Glu		
85 90 95		20
aag ccc cta atc cgt tac gtc tcc ggc gat ggg gtt ccg ctc acc gtc	336	
Lys Pro Leu Ile Arg Tyr Val Ser Gly Asp Gly Val Pro Leu Thr Val		
100 105 110		
gcc gtc tca gcc gcc gac ttc gac gag ctc acc gga ttt cac gtg aag	384	
Ala Val Ser Ala Ala Asp Phe Asp Glu Leu Thr Gly Phe His Val Lys		
115 120 125		30
gaa tca gat caa ttt tac gat ttc atg ccg gag atg ccg ccg gtg agg	432	
Glu Ser Asp Gln Phe Tyr Asp Phe Met Pro Glu Met Pro Pro Val Arg		
130 135 140		
gag gaa gct ggg tgc aat tac aaa att atc cct ctc atc gcc gtg cag	480	
Glu Glu Ala Gly Cys Asn Tyr Lys Ile Ile Pro Leu Ile Ala Val Gln		
145 150 155 160		40
gtg act ctc ttc ccc ggc cgc ggg att tgc gtc ggt tta tcc aac cac	528	
Val Thr Leu Phe Pro Gly Arg Gly Ile Cys Val Gly Leu Ser Asn His		
165 170 175		

cac tgc ctc ggc gac gcc aga tcc gtc gtc ggg ttc atg tgg cgg tgg	576	
His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Val Val Gly Phe Met Trp Arg Trp		
180 185 190		
gcg gag atc aac aaa tcc ggc ggg gac gag gat tct caa tcg caa aac	624	
Ala Glu Ile Asn Lys Ser Gly Gly Asp Glu Asp Ser Gln Ser Gln Asn		
195 200 205		10
ggc gag tcg ttg ccg ctt ttc gat cga tcg gtt ttc gga gat cgt gat	672	
Gly Glu Ser Leu Pro Leu Phe Asp Arg Ser Val Phe Gly Asp Arg Asp		
210 215 220		
aaa gtt aac aat atg ttt tgg gac gcg atg aag agg aaa ccg ttc gaa	720	
Lys Val Asn Asn Met Phe Trp Asp Ala Met Lys Arg Lys Pro Phe Glu		
225 230 235 240		20
gcg gcg tcg ttt ccg tta ccg acg aac aga gtg aga gga gcg ttc agc	768	
Ala Ala Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg Val Arg Gly Ala Phe Ser		
245 250 255		
ctc gac cca tcc gcc att aaa aag ctt aag aac cga gtt ttg tcc agt	816	
Leu Asp Pro Ser Ala Ile Lys Lys Leu Lys Asn Arg Val Leu Ser Ser		
260 265 270		30
aac caa acc cta tcc cac gtc tcc tcc ttc gtc gtg acg gct gcg tac	864	
Asn Gln Thr Leu Ser His Val Ser Ser Phe Val Val Thr Ala Ala Tyr		
275 280 285		
gtc tgg acc tcc gtg gtg aaa tcc gcc gac gcc gcc gga gag gaa gtc	912	
Val Trp Thr Ser Val Val Lys Ser Ala Asp Ala Ala Gly Glu Glu Val		
290 295 300		40
gcc gga gac gaa gcc gat att ttc ttc ttt ccg gcc gac ggc agg ggc	960	
Ala Gly Asp Glu Ala Asp Ile Phe Phe Phe Pro Ala Asp Gly Arg Gly		
305 310 315 320		

cgg ccg aac gcc atg gtt gac caa ccg gtg cca ctt aac tac ttc gga 1008
 Arg Pro Asn Ala Met Val Asp Gln Pro Val Pro Leu Asn Tyr Phe Gly
 325 330 335
 aac ttt ttg ggc ggc ggg atg gtc aag atg gag cat aaa aag gtg gcg 1056
 Asn Phe Leu Gly Gly Gly Met Val Lys Met Glu His Lys Lys Val Ala
 340 345 350
 gcg gag gac ggg ttt ctc gcg gtg gcg gag gcc atc tcc gat caa att 1104
 Ala Glu Asp Gly Phe Leu Ala Val Ala Glu Ala Ile Ser Asp Gln Ile
 355 360 365
 aag aac aat atc aac aat aaa gaa gtt ttc atg aaa ggt acg gaa aat 1152
 Lys Asn Asn Ile Asn Asn Lys Glu Val Phe Met Lys Gly Thr Glu Asn
 370 375 380
 tgg ttg tcg gaa atg gcg aaa gtt cct atg atg aga tca ttt gga gtt 1200
 Trp Leu Ser Glu Met Ala Lys Val Pro Met Met Arg Ser Phe Gly Val
 385 390 395 400
 tct ggt tcg ccc aaa ttc gat ttg tcg aaa gcc gat ttc gga tgg ggg 1248
 Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Ser Lys Ala Asp Phe Gly Trp Gly
 405 410 415
 aag gcg aga agg ctt gaa gtt ttg tcg atg gac gga gag aag tat tca 1296
 Lys Ala Arg Arg Leu Glu Val Leu Ser Met Asp Gly Glu Lys Tyr Ser
 420 425 430
 atg tcg ttg tgt aat tca tca agt agc gac ggt gga tta gtc gtc gga 1344
 Met Ser Leu Cys Asn Ser Ser Ser Ser Asp Gly Gly Leu Val Val Gly
 435 440 445
 gtt tcg ttg ccg gcg gta aga atg gag gct ttt gct tct ata ttt gaa 1392
 Val Ser Leu Pro Ala Val Arg Met Glu Ala Phe Ala Ser Ile Phe Glu
 450 455 460

10

20

30

40

gat ggg tta aaa tct taaattccgt tatttcgta ctgcacaag ttcaaactat 1447

Asp Gly Leu Lys Ser

465 469

ttcattgaata aaattacttc gatttgaaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1502

<210> 29

<211> 469

10

<212> PRT

<213> *Lavendula angustifolia*

<230> Amino acid sequence of malonyltransferase LnMaT2 of *Lavendula angustifolia*

<400> 29

Gly Thr Arg Ile Arg Thr Ala Met Thr Thr Thr Val Ile Glu Thr Thr 20

1 5 10 15

Gly Val Pro Pro Pro Pro Gly Ala Ala Ala Glu Leu Thr Val Pro Leu

20 25 30

Cys Phe Met Asp Phe Val Trp Leu His Phe His Pro Ile Arg Arg Leu

35 40 45

Ile Phe Tyr Asp His Pro Cys Ser Glu Ser Asp Phe Leu Asn Asp Val 30

50 55 60

Val Pro Lys Leu Lys His Ser Leu Ser Leu Ala Leu Gln Asn Tyr Leu

65 70 75 80

Pro Val Ala Ala Asn Leu Leu Tyr Pro Ser Asp Leu Asn Thr Asp Glu

85 90 95

Lys Pro Leu Ile Arg Tyr Val Ser Gly Asp Gly Val Pro Leu Thr Val 40

100 105 110

Ala Val Ser Ala Ala Asp Phe Asp Glu Leu Thr Gly Phe His Val Lys

115 120 125

Glu Ser Asp Gln Phe Tyr Asp Phe Met Pro Glu Met Pro Pro Val Arg										
130			135			140				
Glu Glu Ala Gly Cys Asn Tyr Lys Ile Ile Pro Leu Ile Ala Val Gln										
145			150			155			160	
Val Thr Leu Phe Pro Gly Arg Gly Ile Cys Val Gly Leu Ser Asn His										
165				170			175			10
His Cys Leu Gly Asp Ala Arg Ser Val Val Gly Phe Met Trp Arg Trp										
180			185			190				
Ala Glu Ile Asn Lys Ser Gly Gly Asp Glu Asp Ser Gln Ser Gln Asn										
195			200			205				
Gly Glu Ser Leu Pro Leu Phe Asp Arg Ser Val Phe Gly Asp Arg Asp										
210			215			220				20
Lys Val Asn Asn Met Phe Trp Asp Ala Met Lys Arg Lys Pro Phe Glu										
225			230			235			240	
Ala Ala Ser Phe Pro Leu Pro Thr Asn Arg Val Arg Gly Ala Phe Ser										
245			250			255				
Leu Asp Pro Ser Ala Ile Lys Lys Leu Lys Asn Arg Val Leu Ser Ser										
260			265			270				30
Asn Gln Thr Leu Ser His Val Ser Ser Phe Val Val Thr Ala Ala Tyr										
275			280			285				
Val Trp Thr Ser Val Val Lys Ser Ala Asp Ala Ala Gly Glu Glu Val										
290			295			300				
Ala Gly Asp Glu Ala Asp Ile Phe Phe Phe Pro Ala Asp Gly Arg Gly										
305			310			315			320	
Arg Pro Asn Ala Met Val Asp Gln Pro Val Pro Leu Asn Tyr Phe Gly										
325			330			335				40

Asn Phe Leu Gly Gly Gly Met Val Lys Met Glu His Lys Lys Val Ala
 340 345 350
 Ala Glu Asp Gly Phe Leu Ala Val Ala Glu Ala Ile Ser Asp Gln Ile
 355 360 365
 Lys Asn Asn Ile Asn Asn Lys Glu Val Phe Met Lys Gly Thr Glu Asn
 370 375 380 10
 Trp Leu Ser Glu Met Ala Lys Val Pro Met Met Arg Ser Phe Gly Val
 385 390 395 400
 Ser Gly Ser Pro Lys Phe Asp Leu Ser Lys Ala Asp Phe Gly Trp Gly
 405 410 415
 Lys Ala Arg Arg Leu Glu Val Leu Ser Met Asp Gly Glu Lys Tyr Ser
 420 425 430 20
 Met Ser Leu Cys Asn Ser Ser Ser Ser Asp Gly Gly Leu Val Val Gly
 435 440 445
 Val Ser Leu Pro Ala Val Arg Met Glu Ala Phe Ala Ser Ile Phe Glu
 450 455 460
 Asp Gly Leu Lys Ser
 465 469 30
 <210> 30
 <211> 35
 <212> DNA
 <213> Artificial sequence
 <220>
 <221> 40
 <222>
 <223> Primer No.1
 <400> 30

ggatccatcg agggacgcat gacaacaaca acaac

35

<210> 31

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

10

<221>

<222>

<223> Primer No.2

<400> 31

ggatccttac aatgggttcga cgagcgccgg aga

33

<210> 32

20

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<221>

<222>

30

<223> Primer No.3

<400> 32

ggacccgccg ataccgaaa attacttc

28

フロントページの続き

(74)代理人 100150810

弁理士 武居 良太郎

(72)発明者 ▲榊▼原 圭子

埼玉県和光市丸山台 3 - 1 5 - 1 2 - 6 0 5

(72)発明者 中山 亨

宮城県仙台市泉区北高森 2 - 1 エステート高森 3 0 5

(72)発明者 西野 徳三

宮城県仙台市青葉区南吉成 2 - 1 5 - 3

審査官 ▲高▼ 美葉子

(56)参考文献 国際公開第 9 6 / 0 2 5 5 0 0 (WO , A 1)

Plant J. (1998), Vol. 16, No. 14, p. 421-431

(58)調査した分野(Int.Cl. , D B 名)

C12N 15/00

A01H 5/00

C12N 9/00

JSTPlus/JMEDPlus/JST7580(JDreamII)

GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

UniProt/GeneSeq

BIOSIS/WPI (DIALOG)