



PCT

特許協力条約に基づいて公開された国際出願

<p>(51) 国際特許分類6 C12N 15/54, 9/10, A01H 1/00</p>	<p>A1</p>	<p>(11) 国際公開番号 WO99/05287</p> <p>(43) 国際公開日 1999年2月4日(04.02.99)</p>
<p>(21) 国際出願番号 PCT/JP98/03199</p> <p>(22) 国際出願日 1998年7月16日(16.07.98)</p> <p>(30) 優先権データ 特願平9/200571 1997年7月25日(25.07.97) JP</p> <p>(71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) サントリー株式会社(SUNTORY LIMITED)[JP/JP] 〒530-8203 大阪府大阪市北区堂島浜2丁目1番40号 Osaka, (JP)</p> <p>(72) 発明者 ; および</p> <p>(75) 発明者 / 出願人 (米国についてのみ)</p> <p>水谷正子(MIZUTANI, Masako)[JP/JP] 〒615-8083 京都府京都市西京区桂良町18-21 Kyoto, (JP)</p> <p>田中良和(TANAKA, Yoshikazu)[JP/JP] 〒520-0246 滋賀県大津市仰木の里2-7-4 Shiga, (JP)</p> <p>久住高章(KUSUMI, Takaaki)[JP/JP] 〒564-0073 大阪府吹田市山手町2-12-21-402 Osaka, (JP)</p> <p>斉藤和季(SAITO, Kazuki)[JP/JP] 〒289-1106 千葉県八街市榎戸663-86 Chiba, (JP)</p> <p>山崎真巳(YAMAZAKI, Mami)[JP/JP] 〒260-0045 千葉県千葉市中央区弁天4-12-6 Chiba, (JP)</p>	<p>鞆 志忠(GONG, Zhizhong)[CN/JP] 〒263-0031 千葉県千葉市稲毛区稲毛東3丁目12番5号 並木コーポ201 Chiba, (JP)</p> <p>(74) 代理人 弁理士 石田 敬, 外(ISHIDA, Takashi et al.) 〒105-8423 東京都港区虎ノ門三丁目5番1号 虎ノ門37森ビル 青和特許法律事務所 Tokyo, (JP)</p> <p>(81) 指定国 AU, CA, CN, JP, KR, NZ, US, 欧州特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>添付公開書類 国際調査報告書</p>	
<p>(54)Title: GENES ENCODING PROTEINS HAVING TRANSGLYCOSYLATION ACTIVITY</p> <p>(54)発明の名称 糖転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子</p> <p>(57) Abstract Genes encoding proteins each having an amino acid sequence represented by any of SEQ ID NOS: 7 to 10 and 12 and showing the activity of transferring a glycosyl group to the 5-position of a flavonoid; genes encoding proteins each having an amino acid sequence derived from any of the above amino acid sequences by modification and showing the activity of transferring a glycosyl group to the 5-position of a flavonoid; and a process for producing the above proteins with the use of these genes. These genes are usable in, for example, artificially improving plant colors.</p>		

(57)要約

配列番号：7～10又は12のいずれかに記載のアミノ酸配列を有しフラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子、及び上記アミノ酸配列に対して修飾されたアミノ酸配列を有し且つフラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子、並びに該遺伝子を用いる前記蛋白質の製造方法を提供する。この遺伝子は、植物の色の人工的改良等のために使用することができる。

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に掲載されたPCT加盟国を同定するために使用されるコード(参考情報)

AL	アルバニア	FI	フィンランド	LK	スリ・ランカ	SI	スロヴェニア
AM	アルメニア	FR	フランス	LR	リベリア	SK	スロヴァキア
AT	オーストリア	GA	ガボン	LS	レソト	SL	シエラ・レオネ
AU	オーストラリア	GB	英国	LT	リトアニア	SN	セネガル
AZ	アゼルバイジャン	GD	グレナダ	LU	ルクセンブルグ	SZ	スワジランド
BA	ボスニア・ヘルツェゴビナ	GE	グルジア	LV	ラトヴィア	TD	チャード
BB	バルバドス	GH	ガーナ	MC	モナコ	TG	トーゴ
BE	ベルギー	GM	ガンビア	MD	モルドヴァ	TJ	タジキスタン
BF	ブルキナ・ファソ	GN	ギニア	MG	マダガスカル	TM	トルクメニスタン
BG	ブルガリア	GW	ギニア・ビサウ	MK	マケドニア旧ユーゴスラヴィア	TR	トルコ
BJ	ベナン	GR	ギリシャ		共和国	TT	トリニダード・トバゴ
BR	ブラジル	HR	クロアチア	ML	マリ	UA	ウクライナ
BY	ベラルーシ	HU	ハンガリー	MN	モンゴル	UG	ウガンダ
CA	カナダ	ID	インドネシア	MR	モーリタニア	US	米国
CF	中央アフリカ	IE	アイルランド	MW	マラウイ	UZ	ウズベキスタン
CG	コンゴ	IL	イスラエル	MX	メキシコ	VN	ヴェトナム
CH	スイス	IN	インド	NE	ニジェール	YU	ユーゴスラビア
CI	コートジボアール	IS	アイスランド	NL	オランダ	ZW	ジンバブエ
CM	カメルーン	IT	イタリア	NO	ノルウェー		
CN	中国	JP	日本	NZ	ニュー・ジーランド		
CU	キューバ	KE	ケニア	PL	ポーランド		
CY	キプロス	KG	キルギスタン	PT	ポルトガル		
CZ	チェッコ	KP	北朝鮮	RO	ルーマニア		
DE	ドイツ	KR	韓国	RU	ロシア		
DK	デンマーク	KZ	カザフスタン	SD	スーダン		
EE	エストニア	LC	セントルシア	SE	スウェーデン		
ES	スペイン	LI	リヒテンシュタイン	SG	シンガポール		

明 細 書

糖転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子

技術分野

本発明は、フラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子及びその利用方法に関するものである。

背景技術

花産業は新規かつ種々の品種を開発することに努力している。新規な品種の育成のための有効な方法の一つとして花の色を変えることがあり、古典的な育種方法を用いて、ほとんどの商業的品種について広範囲な色を生成することに成功している。しかしながら、この方法では種ごとで遺伝子プールが制限されていることから、単一の種が広範囲の種類の着色品種を有することは稀である。

花の色は主として2つのタイプの色素、即ちフラボノイド及びカロチノイドに基づき、フラボノイドは黄色から赤ないし青色の範囲に寄与し、カロチノイドはオレンジ又は黄色の色調に寄与する。花色に主たる寄与をするフラボノイド分子はシアニジン、デルフィニジン、ペチュニジン、ペオニジン、マルビジン及びペラルゴニジンの配糖体であるアントシアンであり、異なるアントシアンが顕著な花の色の変化をもたらす。さらに花の色は無色のフラボノイドの補助発色、金属錯体形成、グルコシル化、アシル化、メチル化及び液胞のpHにより影響される (Forkmann, Plant Breeding, 106, 1, 1991)。

フェニルアラニンから始まるアントシアニンの生合成経路はよく理解されており (例えばPlant Cell, 7, 1071-1083, 1995)、生合

成に関わる遺伝子はほとんどクローニングされている。たとえば、シソのアントシアニンであるマロニルシソニン (3-O-(6-O-(p-クマロイル) - β -D-グルコシル) -5-O-(6-O-マロニル- β -D-グルコシル) - シアニジン) の生合成にかかわると考えられる遺伝子のうち、そのホモログが現在までに報告されていないものはフラボノイド-3'-ヒドロキシラーゼ、UDP-グルコース：アントシアニン (フラボノイド) 5-O-グルコシルトランスフェラーゼ (以下 5GT)、マロニル基転移酵素遺伝子のみである。

このうち、フラボノイド-3'-ヒドロキシラーゼはチトクローム P 450 遺伝子のファミリーに属することが知られており (Plant Cell, 7, 1071-1083, 1995) チトクローム P 450 遺伝子は互いに構造的な相同性を示すことが推察される。

一般に、フラボノイド分子の 3 位の水酸基はグルコースによって修飾されているが、グルコシル化をはじめとした糖による修飾は、アントシアニンの安定性と溶解性を増大させると考えられている (The Flavonoids, Chapman & Hall, 1994)。

この反応を触媒する UDP-グルコース：アントシアニジンあるいはフラボノイド 3-グルコシルトランスフェラーゼ (以下 3GT) をコードする遺伝子はトウモロコシ、大麦、金魚草、リンドウなどの多くの植物から得られており、アミノ酸配列はお互いに有意の相同性を示す。たとえば、単子葉植物のトウモロコシと双子葉植物のリンドウの 3GT のアミノ酸配列の相同性は 32%、単子葉植物のトウモロコシとオオムギの 3GT のアミノ酸配列の相同性は 73%、双子葉植物のリンドウとナスの 3GT では 46% である。

また、ペチュニアの UDP-ラムノース：アントシアニジン 3-グルコシドラムノシルトランスフェラーゼ (3RT) をコードする遺伝子もクローニングされている。

ところが、多くの植物のフラボノイドの5位の水酸基がグルコシル化されているのにも関わらず、この反応を触媒する酵素（5GT）の遺伝子は未だに得られていない。

また、ペチュニアやストックのアントシアニンの5位に糖を転移する反応を測定した例はある（Planta 160, 341-347, 1984、Planta, 168, 586-591, 1986）が、これらの報告は花卉の粗抽出液か部分精製したものを用いて、酵素学的性質を調べたに留まっており、この酵素を純粋な形にまで精製した例はない。また、一般に糖転移酵素は生化学的に不安定であり、酵素の精製は困難である。

フラボノイド分子に糖が付加されることによるその色調の変化はほとんどないが、色調に大きな影響を与える芳香族アシル基はアントシアニン内のグルコース分子やラムノース分子に転移するため、糖転移反応を制御することはアントシアニンの生合成を制御し、ひいては花の色を制御する上で重要である。なお糖転移酵素遺伝子の発現を調節して花の色を変えた例として、ペチュニアの3RTによる反応を形質転換ペチュニアにおいて制御し、花の色を修飾した例がある。

形質転換可能な植物としては、例えばバラ、キク、カーネーション、ガーベラ、ペチュニア、トレニア、トルコギキョウ、カランコエ、チューリップ、グラジオラスなどが知られている。

発明の開示

そこで、本発明者らは、フラボノイドの5位に糖を転移する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、本発明を完成した。

例えばキクのアントシアニン並びにバラおよびカーネーションのアントシアニンの一部は5位の水酸基がグルコシル化されていない

。本発明で得られた 5 G T 遺伝子をこれらの植物に導入する事により、アントシアニンの構造を変えることができる。

また、国際公開公報；W O 9 6 / 2 5 5 0 0 に記載されているアシル基転移酵素遺伝子を用いてフラボノイドをアシル化することにより、花色を変化させることや、フラボノイドを安定化させることが可能であるが、アシル基は直接フラボノイドと結合するのではなく、糖を介して結合するため、アシル基転移酵素遺伝子を導入しただけでは、花色の変化が十分でなかったり、安定化しない場合もある。

しかしながら、アシル基転移酵素遺伝子と同時に 5 G T 遺伝子を導入することにより、フラボノイドの 5 位に糖を転移させ、さらにそれをアシル化することができ、アントシアニンの構造が変わり、花の色は青くなることも期待される。

また、アントシアニンの 5 位がグルコシル化されている植物の 5 G T 遺伝子の発現をアンチセンス法やコサプレッション法などで抑制すれば、アントシアニンの生合成を阻害することができ、その結果花の色を変化させることができる。たとえば、リンドウやトルコギキョウで 5 G T 活性を抑制すれば、花の色は赤くなることが期待される。

本発明者は、遺伝子組換え技術を用いてシソ、トレニア、バーベナおよびペチュニアから 5 G T の c D N A を単離し、構造遺伝子の塩基配列を決定した。すなわち、これらの植物でアントシアニンの発現している組織に存在する 5 G T をコードしている D N A 配列を提供するものである。さらに、本酵素はアントシアン系色素の 5 位に糖を転移するため、花色の変化に利用することができ、アントシアニンの安定性を増すことができる。

発明の実施の形態

本発明の酵素をコードするDNAを得るには、例えばディファレンシャルディスプレイ (Differential display) 法を用いることができる。例えば、シソ (*Perilla frutescens*) においては、アントシアニンを蓄積する品種 (例えば紫薫) とアントシアニンを蓄積しない品種 (例えば青薫) があり、アントシアニンを蓄積する品種には存在するがアントシアニンを蓄積しない品種には存在しないDNAをクローニングすれば、本発明の酵素をコードするDNAが得られる可能性がある。

より具体的には、紫薫の葉及び青薫の葉からRNAを抽出し、常法に従ってcDNAを合成し、これを電気泳動により分離し、紫薫由来のcDNAライブラリー中に存在し、青薫由来のcDNAライブラリー中には存在しないcDNAを単離する。次にこうして得られたcDNAをプローブとして用いて、紫薫由来のcDNAライブラリーをスクリーニングし、本発明の酵素をコードするDNAを得る。

上記のようにして本発明の酵素をコードするcDNAが得られれば、このcDNA又はその断片をプローブとして用いて、他の植物からのcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、その植物由来の本発明の酵素をコードするDNAを得ることができる。

。

本発明においては、上記のスクリーニングの例として、ディファレンシャルディスプレイによりシソ由来の本発明の酵素をコードするDNAをクローニングし (実施例1)、次にこうして得られたDNAをプローブとしてバーベナ (*Verbena hybrida*) からのcDNAをスクリーニングすることによりバーベナ由来の本発明の酵素をコードするDNAを得 (実施例2)、さらに同様に

してトレニア由来の本発明の酵素をコードするDNAを得た（実施例3）。

そして、これらのDNAが、本発明の酵素の活性を有する蛋白質を発現することを確認した。

さらに、ペチュニア由来の本発明の酵素をコードするDNAを得た（実施例4）。

本発明のDNAとしては、例えば配列番号：7～10又は12のいずれか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、複数個のアミノ酸の付加、欠失及び／又は他のアミノ酸による置換により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維持することが知られている。従って本発明は、配列番号：7～10又は12のいずれかに記載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／又は他のアミノ酸により置換されている修飾されたアミノ酸配列を有し、なお、フラボノイドの5位に糖を転移する活性を維持している蛋白質をコードする遺伝子も本発明に属する。

本発明はまた、配列番号：1～4又は6のいずれかに記載の塩基配列もしくはそこに記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列又はそれらの部分、例えばコンセンサス領域の6個以上のアミノ酸をコードする部分に対して、例えば2ないし5×SSC、例えば5×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位に糖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。なお、最適なハイブリダイゼーション温度は塩基配列やその長さにより異なり、塩基配列が短くなるに従ってハイブリダイゼーション温度は低くするのが好ましく、例えばアミノ酸6個をコードする塩基配列（18塩基）の場合は、50℃以下の温度が好ましい。

このようなハイブリダイゼーションにより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、バーベナやトレニア由来の遺伝子が挙げられるが、他の植物、例えばペチュニア、バラ、カーネーション、ヒアシンズ等由来の遺伝子であってもよい。また、ハイブリダイゼーションにより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：7～10又は12のいずれかに記載のアミノ酸配列に対して30%以上、好ましくは50%以上、例えば60%又は70%以上、場合によっては90%以上の相同性を有するアミノ酸配列を有し、且つフラボノイドの5位に糖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。すなわち、実施例に示すごとく、本発明の酵素をコードするDNAは他の糖転移酵素遺伝子と比較して20～30%の相同性を示す。従って、本発明は、配列番号：7～10又は12に記載のアミノ酸配列と30%以上の相同性を示し、且つ糖転移活性を有する蛋白質をコードする遺伝子を含む。

また、実施例1～4の結果の比較から明らかな通り、本発明の酵素のアミノ酸配列は種によって異り、種間の相同性は50%以上（実施例3及び4参照のこと）、例えば60～70%（実施例2参照のこと）であり、さらに同一種由来の酵素のアミノ酸配列の相同性は90%以上（実施例1参照のこと）である。従って本発明は、配列番号：7～10又は12に記載のアミノ酸配列に対して、50%以上、例えば60～70%以上、場合によってはさらに90%以上の相同性を有するアミノ酸配列を有し、且つ本発明の糖転移酵素活性を維持している蛋白質をコードする遺伝子も本発明の範囲である。

生来の塩基配列を有するDNAは、実施例に具体的に記載するように、例えばcDNAライブラリーのスクリーニングにより得られ

る。

また、修飾されたアミノ酸配列を有する酵素をコードするDNAは、生来の塩基配列を有するDNAを基礎にして、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、修飾を導入したい部位を含むDNA断片を、上記により得られたcDNA又はゲノミックDNAの制限酵素消化により得、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定変異誘発又はPCR法を実施し、所望の修飾を導入したDNA断片を得、これを、目的とする酵素の他の部分をコードするDNAに連結すればよい。

あるいはまた、短縮されたアミノ酸配列を有する酵素をコードする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、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には、不足部分を合成DNAを連結することにより補えばよい。

また、このクローンを大腸菌及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、得られた遺伝子が糖転移酵素をコードしていることを確認し、フラボノイドの5位に糖を転移する糖転移酵素遺伝子の翻訳領域を明らかにすることにより本発明に係る糖転移酵素をコードする遺伝子が得られ、更に、当該遺伝子を発現させることにより遺伝子産物である目的のフラボノイドの5位に糖を転移する糖転移酵素蛋白質を得ることができる。

あるいはまた、配列番号7～10又は12のいずれかに記載のアミノ酸配列に対する抗体を用いても、前記蛋白質を得ることができる。

従って本発明はまた、前記のDNAを含んでなる組換えベクター

、特に発現ベクター、及び該ベクターにより形質転換された宿主に関する。宿主としては、原核生物又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 (E s c h e r i c h i a) 属に属する細菌、例えば大腸菌 (E s c h e r i c h i a c o l i)、バシルス (B a c i l l u s) 属微生物、例えばバシルス・ズブチリス (B a c i l l u s s u b t i l i s)、等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又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 (S a c c h a r o m y c e s) 属微生物、例えばサッカロミセス・セレビスエ (S a c c h a r o m y c e s c e r e v i s i a e) 等が挙げられ、また糸状菌としてはアスペルギルス (A s p e r g i l l u s) 属微生物、例えばアスペルギルス・オリゼ (A s p e r g i l l u s o r y z a e)、アスペルギルス・ニガー (A s p e r g i l l u s n i g e r)、ペニシリウム (P e n i c i l l i u m) 属微生物等が挙げられる。さらに、動物細胞又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、例えばカイコの細胞、又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及びターミネーター、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 *t r c* プロモーター、*t a c* プロモーター、*l a c* 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、例えばグリセロアルデヒド 3 リン酸デヒドロゲナーゼプロモーター、*P H 0 5* 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、*trp C*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法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。

前記蛋白質の製造方法においては、前記の発現ベクターにより形質転換された宿主を培養、栽培又は飼育し、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。

なお、本明細書においてはシソ、バーベナ、トレニアおよびペチュニア由来の、フラボノイドの5位に糖を転移する糖転移酵素（本発明において、単に「糖転移酵素」と言う場合がある）について述べているが、当該酵素の精製法をそのまま又は一部を改変して、他の植物の糖転移酵素を精製し、当該酵素に係るアミノ酸配列を決定することにより、当該酵素をコードする遺伝子をクローニングすることができる。更に、本発明に係るシソ由来の糖転移酵素のcDNAをプローブとして用いることにより、シソから別の糖転移酵素のcDNA、他の植物から別の糖転移酵素のcDNAを得ることができた。従って、糖転移酵素の遺伝子の一部または全部を用いると、他の糖転移酵素遺伝子を得ることができる。

また、本明細書において示したように、シソ、バーベナ、トレニアおよびペチュニア由来の糖転移酵素を精製し、常法に従って当該酵素に対する抗体を得ることにより、その抗体と反応する蛋白質を作るcDNA又は染色体DNAをクローニングすることができる。

従って、本発明はシソ、バーベナ、トレニアおよびペチュニア由来の糖転移酵素の遺伝子のみ限定されるものではなく、広く糖転移酵素に関するものである。

さらに本発明は、糖転移酵素の遺伝子を導入することにより、色が調節された植物もしくはその子孫又はそれらの組織に関するものであり、その形態は切花であってもよい。

また、本明細書においてはアントシアンを含むフラボノイドの糖転移反応において、糖の供与体としてUDP-グルコースが挙げられる。

実施例

以下に本発明を実施例に基づいて詳細に説明する。実験の手順は特に記述しない限りMolecular Cloning (Cold Spring Harbor, 1989)、新生物化学実験のてびき第3巻(化学同人1996)、国際公開公報; WO 96/25500に記載の方法に従った。

実施例 1. 赤シソで特異的に発現している遺伝子のクローニング

(1) ディファレンシャルディスプレイ

シソ (*Perilla frutescens*) には、葉にアントシアニンを蓄積する品種(例えば紫薫(サカタのタネ))とアントシアニンを蓄積しない品種(例えば、青薫(サカタのタネ))があり、主要なアントシアニンの構造はマロニルシソニン(3-O-(6-O-(p-クマロイル)- β -D-グルコシル)-5-O-(6-O-マロニル- β -D-グルコシル)-シアニジン)であることが報告されている(Agri. Biol. Chem. 53:197-198, 1989)。

ディファレンシャルディスプレイは、Science 257, 967-971 (1992)に報告された方法で、組織特異的に発現する遺伝子を得る事などに用いられている。

上記2種のシソの葉からホットフェノール法 (Plant Molecular Biology Manual, Kluwer Academic Publishers 1994 pp. D5/1-13) により全RNAを抽出した。得られた全RNAからmRNAセパレーターキット (Clontech社) を用いてポリA+RNAを精製した。0.9 μ g のポリA+RNAをアンカーを付加したオリゴdTプライマー (GenHunter社のH-T11G、H-T11A、H-T11C) を用いて反応液33 μ l で、逆転写し、一本鎖cDNAを得た。このcDNAを鋳型にし、同じアンカーを付加したオリゴdTプライマーと合成プライマー (GenHunter社のH-AP1 から8) をプライマーとし、PCRを行った。

PCRの反応液の体積は20 μ l で、2 μ l のcDNA溶液、0.2 μ M のH-T11G、H-T11A、H-T11Cのいずれかのプライマー、0.2 μ M のH-AP1 から8 のいずれかのプライマー、0.12 μ M dNTP、5あるいは10 μ Ciの[³²P]dCTP、10mM Tris-HCl (pH9.0)、50 mM KCl、0.01% Triton X-100、1.25 mM MgCl₂、1ユニットのTaqポリメラーゼを含んでいた。反応条件は、以下の通り。72°Cで20秒間保持した後、94°C30秒、40°C2分、72°C30秒を1サイクルとした反応を40サイクル繰り返し、72°Cで5分間保持した。

以上のようにして増幅したDNA断片をDNA塩基配列を決定する際のポリアクリルアミドゲル電気泳動で分離した。ゲルを乾燥後、X線フィルムに露光した。得られたバンド約2,600のうち、2種の品種のシソを比べ、紫薫でのみみられたバンドは36本であった。これらを乾燥したゲルから切り出し、100 μ lの水に溶出した。溶出したDNAをエタノール沈殿し、20 μ lの水に溶解した。この内半分量のDNAを鋳型にし、上記に述べたPCR反応をそれぞれ行い、33種のバンドについてDNA断片を増幅できた。このDNA断片を用いて、ライブラリーのスクリーニングとノザン解析を行

った。

(2) ノザン解析

以上の33種のDNAプローブを用いて以下の方法でノザン解析を行った。紫薫と青薫由来のポリA+RNAを1.2%アガロースを含むホルマリンゲルで分離後、ナイロン膜に転写した。この膜を5XSSPE、5Xデンハルト液、0.5% SDS、20 μ g/mlの変性鮭DNA存在下で65°Cで一晩、 32 Pで標識した上記DNAプローブとハイブリダイズさせた。ハイブリダイズした膜を1XSSPE、0.1%SDS溶液中で、65°Cで洗浄し、オートラジオグラフィーを得た。その結果、5種のプローブのみが紫薫で特異的に発現していた。これらのクローンはアントシアニンの生合成に関わる遺伝子であることが予想される。

(3) cDNAライブラリーのスクリーニング

紫薫の葉から得たポリA+RNAを用い、コンプリートラピッドクローニングシステム λ gt10(アマーシャム社)を用いて λ gt10をベクターとするcDNAライブラリーを作製した。このcDNAライブラリーを先に述べた5種のDNA断片を用いてスクリーニングし、それぞれに対応するcDNAを得た。このうち、3R5と名付けたクローンは、H-T11AとH-AP3のプライマーに由来するDNA断片を用いて、得られたもので、すでに報告されているトウモロコシのフラボノイド-3-O-糖転移酵素にアミノ酸レベルで約26%のホモロジーを示した。

また、同じプローブを用いたライブラリーのスクリーニングで3R4および3R6としたクローンが得られ、これらは3R5と非常に高いホモロジーを示した。3R4および3R6の全塩基配列と推定アミノ酸配列をそれぞれ配列表・配列番号1と配列番号2に示した。また3R4と3R6にコードされるタンパク質の推定アミノ酸

配列は 92% の相同性を示した。

8R6 と名付けたクローンは、H-T11G と H-AP8 のプライマーに由来する DNA 断片を用いて、得られたもので、今までに報告されている DNA 塩基配列とは有意のホモロジーを示さなかった。この配列を配列表・配列番号 5 に示した。8R6 は、アントシアニンの生合成に関わる遺伝子である可能性が強いが、その構造が今までに報告されている遺伝子と相同性がないことから、アントシアニン生合成に関わる新規遺伝子であることが予想される。

シソのアントシアニン（前述のマロニルシソニン）の構造を考慮すれば、本遺伝子はマロニル基転移酵素であることが予想される。これを証明するには、この遺伝子を酵母や大腸菌で発現させ、アントシアニンとマロニル CoA を基質として反応させればよい。このような実験は、例えば国際公開公報；WO 96 / 25500 に記載してある方法を用いて行うことができる。マロニル基転移酵素遺伝子もアントシアニンの構造を人為的に改変する上で、有用である。

（４）酵母における 3R4 の cDNA の発現

p3R4 の BstXI 切断部位を T4 DNA ポリメラーゼ（宝酒造）を用いて平滑化し、さらにアダプター内の BamHI 切断部位で切り出して得られる約 1.5kb の DNA 断片と、pYE22m の EcoRI 切断末端を平滑化し、さらに BamHI 消化して得られる約 8 kb の DNA 断片を連結して得られるプラスミドを pY3R4 とした。

なお、pYE22m を有する大腸菌 JM109 株は、*Escherichia coli* SBM335 と命名し、FERM BP-5435 として工業技術院生命工学工業技術研究所に寄託されている。pY3R4 において、糖転移酵素をコードしている cDNA は、酵母の構成的なプロモーターのひとつであるグリセロアルデヒド 3 リン酸脱水素酵素のプロモーターの下流に連結されており、同プロモーターによ

り転写が制御されている。

p Y 3 R 4 を用いて、酵母サッカロミセス・セレビスエー (*Saccharomyces cerevisiae*) G1315 (Ashikari et al.、Appl. Microbiol. Biotechnol. 30, 515-520, 1989) を伊藤らの方法 (Ito et al. J. Bacteriol., 153, 163-168, 1983) で形質転換した。形質転換された酵母はトリプトファンの合成能の回復により選択した。得られた形質転換株を10mlの、1%カザミノ酸 (Difco 社) を含むバークホルダー培地 (Burkholder, Amer. J. Bot. 30, 206-210) にて、30℃で24時間振盪培養した。

併せて、対照実験のために、トリプトファンの合成能を自然に回復した酵母も同様に培養した。これらを集菌後、懸濁バッファー (100 mM リン酸バッファー (pH 8.5)、0.1% (v/v)2-メルカプトエタノール、10 μ M APMSF、100 μ M UDP-グルコース) に懸濁し、ガラスビーズ (Glass Beads 425-600microns Acid-Wash、シグマ社) を加えて激しく振盪することにより磨砕した。これを15,000 rpm、20分遠心した上清を粗酵素液とし、以下の酵素活性測定に用いた。

(5) 酵素活性の測定

粗酵素液 20 μ l を含む50 μ l 反応液 (100 mM リン酸バッファー (pH 8.5)、670 μ M シアニジン-3- β -D-グルコシド、1 mM UDP-グルコース) を30℃、10分反応させた後、0.1% TFAを含む50% アセトニトリル溶液50 μ l を添加し反応を停止させた。15,000 rpm、5分遠心した上清をサンプルアップ LCR4(T)-LC (ミリポア社) を通して不溶物を除いた。これを液体高速クロマトグラフィー (HPLC) で分析した。分析は逆相カラム (Asahipak ODP-50, 4.6mm ϕ *250mm 昭和電気株式会社製) を用い移動相はA溶液は0.5% TFA/H₂O、B溶液は0.5% TFA 50%CH₃CN、流速は0.6 ml/min. で B20% →

B100 % (20min)の後B100% 5min保持のグラジエントで溶出した。

分析には反応溶液20 μ lを供した。検出にはA520 nm, AUFS 0.5 (島津SPD-10A)とフォトダイオードアレイ検出器(島津SPD-M6A)による600-250 nmの吸収を用いた。pY3R4を発現させた酵母の粗酵素液を反応させたものでは、基質シアニジン-3- β -グルコシド(展開時間17分)に加え、14.5分に展開される新たな物質が生成した。これは対照実験の酵母の粗酵素液を反応させたものでは見られないことから、pY3R4に由来するタンパク質の活性によって生じたものと考えられる。シアニジン-3,5- β -ジグルコシドとのコクロマトグラフィーの結果、この反応生成物の展開時間はシアニジン-3,5- β -ジグルコシドのものと一致し、また両者の吸収スペクトルも一致した。以上のことから、シソの3R4のcDNAは5GTをコードすることがわかった。

実施例 2. バーベナ(Verbena hybrida)の5GT遺伝子のクローニング

(1) cDNAライブラリーの作製

バーベナ品種花手鞠バイオレット(サントリー)から花卉を集め、液体窒素中で乳鉢で磨砕した。この磨砕物から、グアニジンチオシアネート/塩化セシウムを用いる方法によりRNAを抽出し、オリゴテックス(宝酒造)を用いて製造者が推奨する方法にてポリA+RNAを得た。グアニジンチオシアネート/塩化セシウムを用いる方法は、R. McGookin, Robert J. Slaterらの、Methods in Molecular Biology vol 2, (Humana Press Inc. 1984)に詳細に示されている方法に従った。

得られたポリA+RNAを鋳型とし、ストラタジーン社のZAP-cDNA合成キットを用いて2本鎖cDNAを合成し、さらにUni-ZAP XRクローニングキット(ストラタジーン社)を用いて、製造者の推奨

する方法で cDNA ライブラリーを作製した。

(2) 5GT の cDNA のクローニング

上記のようにして得られた λファージライブラリーをシソの p3R4 の cDNA をプローブとして以下のようにしてスクリーニングした。フィルターをハイブリダイゼーションバッファー (5X SSC, 30% ホルムアミド、50 mM リン酸ナトリウムバッファー (pH 7.0)、1% SDS、2% Blocking reagent (ベーリンガー社)、0.1% ラウロイルサルコシン、80 μg/ml サケ精子 DNA) 中で 42 °C で 1 時間保持した。DIG 標識したシソの 5GT 遺伝子、p3R4 の DNA 断片を、ハイブリダイゼーション液中に加え、さらに 16 時間のインキュベーションを行った。

洗浄液 (5 X SSC 50°C、1% SDS) でフィルターを洗浄した後、アルカリホスファターゼで標識された DIG 特異的な抗体による酵素免疫測定法 (ベーリンガー社) によって、5- ブロモ 4- クロロ 3- インドリルリン酸とニトロブルーテトラゾリウム塩の発色反応でプローブがハイブリダイズしたクローンを検出した。検出方法は使用説明書に従った。

この結果、7 個の陽性クローンが得られた。ストラタジーン社の推奨する方法で、これら cDNA をプラスミド pBluescript SK 上に回収した。アガロースゲル電気泳動で cDNA の長さを調べたところ、最長 2.0 kb の挿入が認められた。

(3) 塩基配列の決定

得られたクローンからプラスミドを抽出し、シーケンサー ABI 373A (パーキンエルマー社) を用い、同社の推奨する蛍光試薬によるダイデオキシ シーケンス法で、cDNA の 3' および 5' 末端付近側の塩基配列を決定した。その結果、これら 7 クローンのうち 5 個のクローンは、互いに同じ塩基配列を持っており、cDNA

の長さが異なるものと考えられた。このうち p S H G T 8 の全塩基配列を決定した。塩基配列の決定は、Kilo-Sequence 用 deletion キット（宝酒造）を用いて、一連の欠失クローンを得るか、もしくは p S H G T 8 の内部配列に特異的なオリゴプライマーを用いて、上述のように行った。

(4) 塩基配列とアミノ酸配列の比較

p S H G T 8 に挿入された c D N A は 2 0 6 2 b p でありその中に 1 3 8 6 b p（終止コドンを含む）からなるオープンリーディングフレーム（O R F）が見い出された。この配列を配列番号 3 に示す。この O R F のアミノ酸配列は、シソの p 3 R 4 にコードされる 5 G T のアミノ酸配列と 6 8 %、p 3 R 6 にコードされるものとは 6 4 % の相同性を示した。また、単子葉植物及び双子葉植物の 3 G T とは 2 2 ~ 2 5 %、ペチュニアの 3 R T とは 2 1 % の相同性を示した。

(5) 酵母における発現と酵素活性の測定

p S H G T 8 を BamHI/XhoI で消化して得られる約 2.0 kb の D N A 断片と p Y E 2 2 m を BamHI/SalI で消化して得られる約 8 kb の D N A 断片を連結して得られるプラスミドを p Y H G T 8 とした。実施例 1 同様にして、酵母菌体内で p Y H G T 8 を発現し、p S H G T 8 によってコードされるタンパク質の酵素活性について測定した。その結果、p Y H G T 8 を導入した酵母の粗酵素液を反応させたものでは、シアニジン-3,5-ジグルコシドと展開時間、スペクトル共に一致する生成物ができた。このことから、バーベナの p S H G T 8 の c D N A は 5 G T をコードすることがわかった。

実施例 3. トレニアの 5 G T 遺伝子のクローニング

(1) c D N A ライブラリーの作製

トレニア品種サマーウェーブブルー（サントリー（株））から花

弁を集め、液体窒素中で乳鉢で磨砕した。この磨砕物から、グアニジンチオシアネート／塩化セシウムを用いる方法によりRNAを抽出し、オリゴテックス（宝酒造（株））を用いて製造者が推奨する方法にてポリA＋RNAを得た。グアニジンチオシアネート／塩化セシウムを用いる方法は、R. McGookin, Robert J. Slater らの、Methods in Molecular Biology vol 2, (Humana Press Inc.1984) に詳細に示されている方法に従った。

得られたポリA＋RNAを鋳型とし、ストラタジーン社のZAP-cDNA合成キットを用いて2本鎖cDNAを合成し、さらにUni-ZAP XRクローニングキット（ストラタジーン社）を用いて、製造者の推奨する方法でcDNAライブラリーを作製した。

（2）5GTのcDNAのクローニング

上記のようにして得られたλファージライブラリーをシソのp3R4のcDNAをプローブとして実施例2と同様にしてスクリーニングした。この結果8個の陽性クローンが得られた。cDNAをプラスミドpBluescript SK上に回収したのち、アガロースゲル電気泳動でcDNAの長さを調べたところ、最長1.6 kbの挿入が認められた。

（3）塩基配列の決定

得られたクローンからプラスミドを抽出し、実施例2と同様にして両末端付近の塩基配列を決定した。その結果、これらのクローンのうち6個は互いに同じ塩基配列を持っており、cDNAの長さが異なるものと考えられた。この6クローンのうちpSTGT5の全塩基配列を決定した。

（4）塩基配列とアミノ酸配列の比較

pSTGT5に挿入されたcDNAは1671bpでありその中に1437bp（終止コドンを含む）からなるオープンリーディング

グフレーム (ORF) が見い出された。この配列を配列番号 4 に示す。この ORF のアミノ酸配列は、シソの p 3 R 4 にコードされる 5 G T のアミノ酸配列と 5 8 %、p 3 R 6 にコードされるものとは 5 7 %、バーベナの p S H G T 8 にコードされるものとは 5 7 % の相同性を示した。また、単子葉植物及び双子葉植物の 3 G T とは 1 9 ~ 2 3 %、ペチュニアの 3 R T とは 2 0 % の相同性を示した。

(5) 酵母における 5 G T 遺伝子の発現

p S T G T 5 を SmaI/KpnI で消化して得られる約 1.6 kb の DNA 断片と、p Y E 2 2 m の EcoRI 切断を平滑化し、さらに KpnI 消化して得られる約 8 kb の DNA 断片を連結して得られるプラスミドを p Y T G T 5 とした。実施例 1 と同様にして、酵母菌体内で p Y T G T 5 を発現し、p S T G T 5 にコードされるタンパク質の酵素活性について測定した。その結果、p Y T G T 5 を導入した酵母の粗酵素液を反応させたものでは、シアニジン-3,5-ジグルコシドと展開時間、スペクトル共に一致する生成物が得られた。このことから、トレニアの p S T G T 5 の cDNA は 5 G T をコードすることがわかった。

実施例 4. ペチュニアの 5 G T 遺伝子のクローニング

(1) cDNA ライブラリーの作製

ペチュニア品種 Old Glory Blue の花卉より抽出した RNA をもとに、T. Holton らの報告 (Plant Journal, 1993 4: 1003-1010) に詳細に記されているようにして、cDNA ライブラリーを作製した。

(2) 5 G T の cDNA のクローニング

前述のようにして得られたシソ、トレニア、バーベナの 5 G T cDNA をプローブとして実施例 2 と同様にしてスクリーニングした。この結果、得られた陽性クローンのうち 4 個をプラスミド pBlues

cript SK- 上に回収した。アガロース電気泳動で cDNA の長さを調べたところ、最長 2.0kb の cDNA が認められた。

(3) 塩基配列の決定

て 5' 末端付近の塩基配列を決定した。その結果これらのクローンのうち 2 つ、pSPGT1 は、これまで得られているシソ、トレニア、バーベナの 5GT と高い相同性を示すアミノ酸配列をコードすることが明らかとなった。そこで pSPGT1 の全塩基配列を決定した。

(4) 塩基配列とアミノ酸配列の比較

pSPGT1 に挿入された cDNA は 2105bp であり、その中に 1407bp (終始コドンを含む) からなる ORF が見出された。この配列を配列番号 6 に示す。この ORF のアミノ酸配列はシソの p3R4 にコードされる 5GT のアミノ酸配列と 57%、p3R6 にコードされるアミノ酸配列と 54%、バーベナの pSHGT8 にコードされるものとは 55%、トレニアの pTGT5 にコードされるものとは 51% の相同性を示した。また単子葉植物、双子葉植物の 3GT とは 20~29%、ペチュニアの 3RT とは 20% の相同性を示した。このことから、ペチュニアから得られた pSPGT1 の cDNA は 5GT をコードすると考えられる。

産業上の利用可能性

以上のようにシソ、バーベナ、トレニアおよびペチュニア由来のフラボノイドの 5 位に糖を転移する酵素をコードする cDNA のクローニングと塩基配列の決定を行った。また、酵母での活性発現を行うことにより、分離した cDNA が 5GT をコードすることを明らかにした。この cDNA を適当な植物発現ベクターに接続し、植物に導入し、5GT の活性を付与したり、増加させたり、減少させ

たりすることにより植物の花色調節に利用することが可能となった。また、本酵素活性を利用することにより、植物の中であるいは試験管内でアントシアンの構造を改変し、より安定なアントシアンを合成することができる。

配 列

配列 : 1

配列の長さ : 1 5 0 7

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

起源

生物名 : シソ (*Perilla frutescens*)

組織の種類 : 葉

直接の起源

ライブラリー名 : cDNA library

クローン名 : p 3 R 4

配列

GAAAATTTCC ACAAAA ATG GTC CGC CGC CGC GTG CTG CTA GCA ACG TTT	49
Met Val Arg Arg Arg Val Leu Leu Ala Thr Phe	
1 5 10	
CCT GCG CAA GGC CAC ATA AAT CCC GCC CTC CAA TTC GCC AAG AGA CTC	97
Pro Ala Gln Gly His Ile Asn Pro Ala Leu Gln Phe Ala Lys Arg Leu	
15 20 25	
CTA AAA GCC GGC ACT GAC GTC ACA TTT TTC ACG AGC GTT TAT GCA TGG	145
Leu Lys Ala Gly Thr Asp Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Trp	
30 35 40	
CGC CGC ATG GCC AAC ACA GCC TCC GCC GCT GCC GGA AAC CCA CCG GGC	193
Arg Arg Met Ala Asn Thr Ala Ser Ala Ala Ala Gly Asn Pro Pro Gly	
45 50 55	

TTG GTG AAC ACG TTT GAT GCG TTG GAG CCC GAT GCA CTC ACG GCT ATT 673
 Leu Val Asn Thr Phe Asp Ala Leu Glu Pro Asp Ala Leu Thr Ala Ile
 205 210 215
 GAT AGG TAT GAG TTG ATC GGG ATC GGG CCG TTG ATT CCC TCC GCC TTC 721
 Asp Arg Tyr Glu Leu Ile Gly Ile Gly Pro Leu Ile Pro Ser Ala Phe
 220 225 230 235
 TTG GAC GGC GGA GAT CCC TCC GAA ACG TCT TAC GGC GGC GAT CTT TTC 769
 Leu Asp Gly Gly Asp Pro Ser Glu Thr Ser Tyr Gly Gly Asp Leu Phe
 240 245 250
 GAA AAA TCG GAG GAG AAT AAC TGC GTG GAG TGG TTG GAC ACG AAG CCG 817
 Glu Lys Ser Glu Glu Asn Asn Cys Val Glu Trp Leu Asp Thr Lys Pro
 255 260 265
 AAA TCT TCG GTG GTG TAT GTG TCG TTT GGG AGC GTT TTG AGG TTT CCA 865
 Lys Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe Gly Ser Val Leu Arg Phe Pro
 270 275 280
 AAG GCA CAA ATG GAA GAG ATT GGG AAA GGG CTA TTA GCC TGC GGA AGG 913
 Lys Ala Gln Met Glu Glu Ile Gly Lys Gly Leu Leu Ala Cys Gly Arg
 285 290 295
 CCG TTT TTA TGG ATG ATA CGA GAA CAG AAG AAT GAC GAC GGC GAA GAA 961
 Pro Phe Leu Trp Met Ile Arg Glu Gln Lys Asn Asp Asp Gly Glu Glu
 300 305 310 315
 GAA GAA GAA GAG TTG AGT TGC ATT GGG GAA TTG AAA AAA ATG GGC AAA 1009
 Glu Glu Glu Glu Leu Ser Cys Ile Gly Glu Leu Lys Lys Met Gly Lys
 320 325 330
 ATA GTT TCG TGG TGC TCG CAG TTG GAG GTT CTG GCG CAC CCT GCG TTG 1057
 Ile Val Ser Trp Cys Ser Gln Leu Glu Val Leu Ala His Pro Ala Leu
 335 340 345

GGA TGT TTC GTG ACG CAT TGT GGG TGG AAC TCG GCT GTG GAG AGC TTG 1105
 Gly Cys Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Ala Val Glu Ser Leu
 350 355 360
 AGT TGC GGG GTT CCG GTG GTG GCG GTG CCG CAG TGG TTT GAT CAG ACG 1153
 Ser Cys Gly Val Pro Val Val Ala Val Pro Gln Trp Phe Asp Gln Thr
 365 370 375
 ACG AAT GCG AAG CTG ATT GAG GAT GCG TGG GGG ACA GGG GTG AGA GTG 1201
 Thr Asn Ala Lys Leu Ile Glu Asp Ala Trp Gly Thr Gly Val Arg Val
 380 385 390 395
 AGA ATG AAT GAA GGG GGT GGG GTT GAT GGA TCT GAG ATA GAG AGG TGT 1249
 Arg Met Asn Glu Gly Gly Gly Val Asp Gly Ser Glu Ile Glu Arg Cys
 400 405 410
 GTG GAG ATG GTG ATG GAT GGG GGT GAG AAG AGC AAA CTA GTG AGA GAA 1297
 Val Glu Met Val Met Asp Gly Gly Glu Lys Ser Lys Leu Val Arg Glu
 415 420 425
 AAT GCC ATA AAA TGG AAG ACT TTG GCC AGA GAA GCC ATG GGA GAG GAT 1345
 Asn Ala Ile Lys Trp Lys Thr Leu Ala Arg Glu Ala Met Gly Glu Asp
 430 435 440
 GGA TCT TCA CTC AAG AAT CTC AAC GCC TTT CTT CAT CAA GTT GCA CGT 1393
 Gly Ser Ser Leu Lys Asn Leu Asn Ala Phe Leu His Gln Val Ala Arg
 445 450 455
 GCT TAATACACAA AATGGCTTTC CACTTTTAAT CTA CTCAAAC ACCGGTTCAA 1446
 Ala
 460
 ATAAATATCC CCTTCCACTT CTTTCTATTT CACTATCACA TTTATAATTT TAGTAACAAA 1506
 A 1507
 配列 : 2

配列の長さ : 1 4 7 0

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

起源

生物名 : シソ (*Perilla frutescens*)

組織の種類 : 葉

直接の起源

ライブラリー名 : cDNA library

クローン名 : p 3 R 6

配列

ACCAAACCAA AACAAAATTT CCACAAAA ATG GTC CGC CGC CGC GTG CTG CTA	48
Met Val Arg Arg Arg Val Leu Leu	
1 5	
GCA ACG TTT CCG GCG CAA GGC CAC ATA AAT CCC GCC CTC CAA TTC GCC	96
Ala Thr Phe Pro Ala Gln Gly His Ile Asn Pro Ala Leu Gln Phe Ala	
10 15 20	
AAG AGA CTC CTA AAA GCC GGC ACT GAC GTC ACG TTT TTC ACG AGC GTT	144
Lys Arg Leu Leu Lys Ala Gly Thr Asp Val Thr Phe Phe Thr Ser Val	
25 30 35 40	
TAT GCA TGG CGC CGC ATG GCC AAC ACA GCC TCC GCC GCT GCC GGA AAC	192
Tyr Ala Trp Arg Arg Met Ala Asn Thr Ala Ser Ala Ala Ala Gly Asn	
45 50 55	
CCA CCG GGC CTC GAC TTC GTG GCG TTC TCC GAC GGC TAC GAC GAC GGG	240
Pro Pro Gly Leu Asp Phe Val Ala Phe Ser Asp Gly Tyr Asp Asp Gly	
60 65 70	

CTG AAG CCC GGC GGC GAC GGG AAG CGC TAC ATG TCC GAG ATG AAA GCC	288
Leu Lys Pro Gly Gly Asp Gly Lys Arg Tyr Met Ser Glu Met Lys Ala	
75 80 85	
CGC GGC TCC GAG GCC TTA AGA AAC CTC CTT CTC AAC AAC GAC GAC GTC	336
Arg Gly Ser Glu Ala Leu Arg Asn Leu Leu Leu Asn Asn Asp Asp Val	
90 95 100	
ACT TTC GTC GTC TAC TCC CAC CTC TTT GCA TGG GCG GCG GAG GTG GCG	384
Thr Phe Val Val Tyr Ser His Leu Phe Ala Trp Ala Ala Glu Val Ala	
105 110 115 120	
CGT TTG TCC CAC GTC CCG ACC GCC CTT CTC TGG GTC GAG CCC GCC ACC	432
Arg Leu Ser His Val Pro Thr Ala Leu Leu Trp Val Glu Pro Ala Thr	
125 130 135	
GTG CTG TGC ATA TAC CAC TTC TAC TTC AAC GGC TAC GCA GAC GAG ATC	480
Val Leu Cys Ile Tyr His Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Glu Ile	
140 145 150	
GAC GCC GGT TCC AAT GAA ATT CAG CTC CCT CGG CTT CCA TCC CTG GAG	528
Asp Ala Gly Ser Asn Glu Ile Gln Leu Pro Arg Leu Pro Ser Leu Glu	
155 160 165	
CAG CGC AGT CTT CCG ACG TTT CTG CTG CCT GCG ACG CCG GAG AGA TTC	576
Gln Arg Ser Leu Pro Thr Phe Leu Leu Pro Ala Thr Pro Glu Arg Phe	
170 175 180	
CGG TTG ATG ATG AAG GAG AAG CTG GAA ACT TTA GAC GGT GAA GAG AAG	624
Arg Leu Met Met Lys Glu Lys Leu Glu Thr Leu Asp Gly Glu Glu Lys	
185 190 195 200	
GCG AAA GTA TTG GTG AAC ACG TTT GAT GCG TTG GAG CCC GAT GCA CTC	672
Ala Lys Val Leu Val Asn Thr Phe Asp Ala Leu Glu Pro Asp Ala Leu	
205 210 215	

ACG GCT ATT GAT AGG TAT GAG TTG ATC GGG ATC GGG CCG TTG ATT CCC	720
Thr Ala Ile Asp Arg Tyr Glu Leu Ile Gly Ile Gly Pro Leu Ile Pro	
220 225 230	
TCC GCC TTC TTG GAC GGC GAA GAT CCC TCC GAA ACG TCT TAC GGC GGC	768
Ser Ala Phe Leu Asp Gly Glu Asp Pro Ser Glu Thr Ser Tyr Gly Gly	
235 240 245	
GAT CTT TTC GAA AAA TCG GAG GAG AAT AAC TGC GTG GAG TGG TTG AAC	816
Asp Leu Phe Glu Lys Ser Glu Glu Asn Asn Cys Val Glu Trp Leu Asn	
250 255 260	
TCG AAG CCG AAA TCT TCG GTG GTG TAT GTG TCG TTT GGG AGC GTT TTG	864
Ser Lys Pro Lys Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe Gly Ser Val Leu	
265 270 275 280	
AGG TTT CCA AAG GCA CAA ATG GAA GAG ATT GGG AAA GGG CTA TTA GCC	912
Arg Phe Pro Lys Ala Gln Met Glu Glu Ile Gly Lys Gly Leu Leu Ala	
285 290 295	
TGC GGA AGG CCC TTT TTA TGG ATG ATA CGA GAA CAG AAG AAT GAC GAC	960
Cys Gly Arg Pro Phe Leu Trp Met Ile Arg Glu Gln Lys Asn Asp Asp	
300 305 310	
GGC GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAG TTG AGT TGC ATT GGG GAA TTG	1008
Gly Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Leu Ser Cys Ile Gly Glu Leu	
315 320 325	
AAA AAA ATG GGG AAA ATA GTG TCG TGG TGC TCG CAG TTG GAG GTT CTG	1056
Lys Lys Met Gly Lys Ile Val Ser Trp Cys Ser Gln Leu Glu Val Leu	
330 335 340	
GCG CAC CCT GCG TTG GGA TGT TTC GTG ACG CAT TGT GGG TGG AAC TCG	1104
Ala His Pro Ala Leu Gly Cys Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser	
345 350 355 360	

組織の種類：花卉

直接の起源

ライブラリー名：cDNA library

クローン名：p S H G T 8

配列

ATTTTACCAA	AAAAATAAAA	AAAAA	ATG	AGC	AGA	GCT	CAC	GTC	CTC	TTG	GCC	52				
			Met	Ser	Arg	Ala	His	Val	Leu	Leu	Ala					
			1				5									
ACA	TTC	CCA	GCA	CAG	GGA	CAC	ATA	AAT	CCC	GCC	CTT	CAA	TTC	GCC	AAG	100
Thr	Phe	Pro	Ala	Gln	Gly	His	Ile	Asn	Pro	Ala	Leu	Gln	Phe	Ala	Lys	
10			15				20				25					
CGT	CTC	GCA	AAT	GCC	GAC	ATT	CAA	GTC	ACA	TTC	TTC	ACC	AGC	GTC	TAC	148
Arg	Leu	Ala	Asn	Ala	Asp	Ile	Gln	Val	Thr	Phe	Phe	Thr	Ser	Val	Tyr	
			30				35					40				
GCA	TGG	CGC	CGC	ATG	TCC	AGA	ACC	GCC	GCT	GGC	TCA	AAC	GGG	CTC	ATC	196
Ala	Trp	Arg	Arg	Met	Ser	Arg	Thr	Ala	Ala	Gly	Ser	Asn	Gly	Leu	Ile	
			45				50					55				
AAT	TTT	GTG	TCG	TTT	TCC	GAC	GGG	TAT	GAC	GAC	GGG	TTA	CAG	CCC	GGA	244
Asn	Phe	Val	Ser	Phe	Ser	Asp	Gly	Tyr	Asp	Asp	Gly	Leu	Gln	Pro	Gly	
			60				65					70				
GAC	GAT	GGG	AAG	AAC	TAC	ATG	TCG	GAG	ATG	AAA	AGC	AGA	GGT	ATA	AAA	292
Asp	Asp	Gly	Lys	Asn	Tyr	Met	Ser	Glu	Met	Lys	Ser	Arg	Gly	Ile	Lys	
			75				80					85				
GCC	TTG	AGC	GAT	ACT	CTT	GCA	GCC	AAT	AAT	GTC	GAT	CAA	AAA	AGC	AGC	340
Ala	Leu	Ser	Asp	Thr	Leu	Ala	Ala	Asn	Asn	Val	Asp	Gln	Lys	Ser	Ser	
			90				95				100				105	

AAA ATC ACG TTC GTG GTG TAC TCC CAC CTC TTT GCA TGG GCG GCC AAG 388
 Lys Ile Thr Phe Val Val Tyr Ser His Leu Phe Ala Trp Ala Ala Lys
 110 115 120
 GTG GCG CGT GAG TTC CAT CTC CGG AGC GCG CTA CTC TGG ATT GAG CCA 436
 Val Ala Arg Glu Phe His Leu Arg Ser Ala Leu Leu Trp Ile Glu Pro
 125 130 135
 GCT ACG GTG TTG GAT ATA TTT TAC TTT TAT TTC AAC GGC TAT AGC GAC 484
 Ala Thr Val Leu Asp Ile Phe Tyr Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ser Asp
 140 145 150
 GAA ATC GAT GCG GGT TCG GAT GCT ATT CAC TTG CCC GGA GGA CTC CCA 532
 Glu Ile Asp Ala Gly Ser Asp Ala Ile His Leu Pro Gly Gly Leu Pro
 155 160 165
 GTG CTG GCC CAG CGT GAT TTA CCG TCT TTC CTT CTT CCT TCC ACG CAT 580
 Val Leu Ala Gln Arg Asp Leu Pro Ser Phe Leu Leu Pro Ser Thr His
 170 175 180 185
 GAG AGA TTC CGT TCA CTG ATG AAG GAG AAA TTG GAA ACT TTA GAA GGT 628
 Glu Arg Phe Arg Ser Leu Met Lys Glu Lys Leu Glu Thr Leu Glu Gly
 190 195 200
 GAA GAA AAA CCT AAG GTC TTG GTG AAC AGC TTT GAT GCG TTG GAG CCT 676
 Glu Glu Lys Pro Lys Val Leu Val Asn Ser Phe Asp Ala Leu Glu Pro
 205 210 215
 GAT GCG CTC AAG GCC ATT GAT AAG TAC GAG ATG ATT GCA ATC GGG CCG 724
 Asp Ala Leu Lys Ala Ile Asp Lys Tyr Glu Met Ile Ala Ile Gly Pro
 220 225 230
 TTG ATT CCT TCC GCA TTC TTG GAC GGT AAA GAT CCT TCG GAC AGG TCT 772
 Leu Ile Pro Ser Ala Phe Leu Asp Gly Lys Asp Pro Ser Asp Arg Ser
 235 240 245

AGA GTG AGA GCT AAT GAG GAG GGT AGC GTC GTT GAT GGT GAT GAA ATT 1252
 Arg Val Arg Ala Asn Glu Glu Gly Ser Val Val Asp Gly Asp Glu Ile
 395 400 405

AGG AGA TGT ATT GAG GAG GTT ATG GAT GGG GGA GAA AAG AGT AGG AAA 1300
 Arg Arg Cys Ile Glu Glu Val Met Asp Gly Gly Glu Lys Ser Arg Lys
 410 415 420 425

CTT AGA GAG AGT GCT GGC AAG TGG AAG GAT TTG GCA AGA AAA GCT ATG 1348
 Leu Arg Glu Ser Ala Gly Lys Trp Lys Asp Leu Ala Arg Lys Ala Met
 430 435 440

GAG GAA GAT GGA TCT TCA GTT AAC AAC CTC AAG GTC TTT CTT GAT GAG 1396
 Glu Glu Asp Gly Ser Ser Val Asn Asn Leu Lys Val Phe Leu Asp Glu
 445 450 455

GTT GTA GGT ATC TAAAGACGTA AATGAGGTCC CCATAGGCAA AATTGCAAAT 1448
 Val Val Gly Ile
 460 461

TTCATCTCGT AAGTTGAATA CTTTTTGGCT TTAATTTTGT TCGAGTTTGT TTTTCAAAT 1508
 TTATCTTGTA ATTTTACATT GAGTGTAAT TTAGTCTGAT TTTAACTGGA AAAATATAAA 1568
 ATTCATTGTT GAGACTCTTC ATCAAAATCA TCTGATTTC TTTATTGTCT TGGTCAAAT 1628
 TCTCATATCA ATTGGAAAA ATAAATTTCA AAATCGTCCA ATTTTGAACC AAGAAAGAAG 1688
 TATAATTTGA CCAAATAAT AAAAGGATTC AAGTGATCTT GATGAAGTGT CTGAGCGACC 1748
 AGTTCTATAT TTTTCCACCG AATTTCTAAC GAGTTTTTGA ATTTTTTTTA GCCAAAATCG 1808
 GACTAACTTT GTACAAAATG AAAAGTTATA TGATGAAATT TTAAAAACA AACTCAGACA 1868
 ATAATAAAGC CCGAAAGTAG TAAAATTACC TGACGAAATT TGCAATTTTCG CCTCCTATTT 1928
 TAATTTTTTTT GGTGTGTTTA ATAAATCGGT TATTTTACTT TTAATTAATA TAAAAGTGAG 1988
 ATGCATGATA GCTTGGTGAG TATATATGAG TTGATGGTAA TGTACGATAT TTTCTAAAAA 2048
 AAAAAAAAAA AAAA 2062

配列 : 4

配列の長さ : 1 6 7 1

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

起源

生物名 : トレニア

組織の種類 : 花卉

直接の起源

ライブラリー名 : cDNA library

クローン名 : p S T G T 5

配列

AACACATAAA AAAAAAATAA AAGAAGAAAT AATTAATAAAA AAAA ATG GTT AAC 53

Met Val Asn

1

AAA CGC CAT ATT CTA CTA GCA ACA TTC CCA GCA CAA GGC CAC ATA AAC 101

Lys Arg His Ile Leu Leu Ala Thr Phe Pro Ala Gln Gly His Ile Asn

5

10

15

CCT TCT CTC GAG TTC GCC AAA AGG CTC CTC AAC ACC GGA TAC GTC GAC 149

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

20

25

30

35

CAA GTC ACA TTC TTC ACG AGT GTA TAC GCA TTG AGA CGC ATG CGC TTC 197

Gln Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Leu Arg Arg Met Arg Phe

40

45

50

GAA ACC GAT CCG AGC AGC AGA ATC GAT TTC GTG GCA TKT YCA GAT TCT 245

Glu Thr Asp Pro Ser Ser Arg Ile Asp Phe Val Ala X X Asp Ser

55

60

65

TAC GAT GAT GGC TTA AAG AAA GGC GAC GAT GGC AAA AAC TAC ATG TCG 293
 Tyr Asp Asp Gly Leu Lys Lys Gly Asp Asp Gly Lys Asn Tyr Met Ser
 70 75 80

GAG ATG AGA AAG CGC GGA ACG AAG GCC TTA AAG GAC ACT CTT ATT AAG 341
 Glu Met Arg Lys Arg Gly Thr Lys Ala Leu Lys Asp Thr Leu Ile Lys
 85 90 95

CTC AAC GAT GCT GCG ATG GGA AGT GAA TGT TAC AAT CGC GTG AGC TTT 389
 Leu Asn Asp Ala Ala Met Gly Ser Glu Cys Tyr Asn Arg Val Ser Phe
 100 105 110 115

GTG GTG TAC TCT CAT CTA TTT TCG TGG GCA GCT GAA GTG GCG CGT GAA 437
 Val Val Tyr Ser His Leu Phe Ser Trp Ala Ala Glu Val Ala Arg Glu
 120 125 130

GTC GAC GTG CCG AGT GCC CTT CTT TGG ATT GAA CCG GCT ACG GTT TTC 485
 Val Asp Val Pro Ser Ala Leu Leu Trp Ile Glu Pro Ala Thr Val Phe
 135 140 145

GAT GTG TAC TAT TTT TAC TTC AAT GGG TAT GCC GAT GAT ATC GAT GCG 533
 Asp Val Tyr Tyr Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Asp Ile Asp Ala
 150 155 160

GGC TCA GAT CAA ATC CAA CTG CCC AAT CTT CCG CAG CTC TCC AAG CAA 581
 Gly Ser Asp Gln Ile Gln Leu Pro Asn Leu Pro Gln Leu Ser Lys Gln
 165 170 175

GAT CTC CCC TCT TTC CTA CTC CCT TCG AGC CCC GCG AGA TTC CGA ACC 629
 Asp Leu Pro Ser Phe Leu Leu Pro Ser Ser Pro Ala Arg Phe Arg Thr
 180 185 190 195

CTA ATG AAA GAA AAG TTC GAC ACG CTC GAC AAA GAA CCG AAA GCG AAG 677
 Leu Met Lys Glu Lys Phe Asp Thr Leu Asp Lys Glu Pro Lys Ala Lys
 200 205 210

GTC TTG ATA AAC ACG TTC GAC GCA TTA GAA ACC GAA CAA CTC AAA GCC	725
Val Leu Ile Asn Thr Phe Asp Ala Leu Glu Thr Glu Gln Leu Lys Ala	
215 220 225	
ATC GAC AGG TAT GAA CTA ATA TCC ATC GGC CCA TTA ATC CCA TCA TCG	773
Ile Asp Arg Tyr Glu Leu Ile Ser Ile Gly Pro Leu Ile Pro Ser Ser	
230 235 240	
ATA TTC TCA GAT GGC AAC GAC CCC TCA TCA AGC AAC AAA TCC TAC GGT	821
Ile Phe Ser Asp Gly Asn Asp Pro Ser Ser Ser Asn Lys Ser Tyr Gly	
245 250 255	
GGA GAC CTC TTC AGA AAA GCC GAT GAA ACT TAC ATG GAC TGG CTA AAC	869
Gly Asp Leu Phe Arg Lys Ala Asp Glu Thr Tyr Met Asp Trp Leu Asn	
260 265 270 275	
TCA AAA CCC GAA TCA TCG GTC GTT TAC GTT TCG TTC GGG AGC CTC CTG	917
Ser Lys Pro Glu Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe Gly Ser Leu Leu	
280 285 290	
AGG CTC CCG AAA CCC CAA ATG GAA GAA ATA GCA ATA GGG CTT TCA GAC	965
Arg Leu Pro Lys Pro Gln Met Glu Glu Ile Ala Ile Gly Leu Ser Asp	
295 300 305	
ACC AAA TCG CCA GTT CTC TGG GTG ATA AGA AGA AAC GAA GAG GGC GAC	1013
Thr Lys Ser Pro Val Leu Trp Val Ile Arg Arg Asn Glu Glu Gly Asp	
310 315 320	
GAA CAA GAG CAA GCA GAA GAA GAA GAG AAG CTG CTG AGC TTC TTT GAT	1061
Glu Gln Glu Gln Ala Glu Glu Glu Glu Lys Leu Leu Ser Phe Phe Asp	
325 330 335	
CGT CAC GGA ACT GAA CGA CTC GGG AAA ATC GTG ACA TGG TGC TCA CAA	1109
Arg His Gly Thr Glu Arg Leu Gly Lys Ile Val Thr Trp Cys Ser Gln	
340 345 350 355	

TTG GAT GTT CTG ACG CAT AAG TCG GTG GGA TGC TTC GTG ACG CAT TGC 1157
 Leu Asp Val Leu Thr His Lys Ser Val Gly Cys Phe Val Thr His Cys
 360 365 370

GGT TGG AAT TCT GCT ATC GAG AGC CTG GCT TGT GGT GTG CCC GTG GTG 1205
 Gly Trp Asn Ser Ala Ile Glu Ser Leu Ala Cys Gly Val Pro Val Val
 375 380 385

TGC TTT CCT CAA TGG TTC GAT CAA GGG ACT AAT GCG AAG ATG ATC GAA 1253
 Cys Phe Pro Gln Trp Phe Asp Gln Gly Thr Asn Ala Lys Met Ile Glu
 390 395 400

GAT GTG TGG AGG AGT GGT GTG AGA GTC AGA GTG AAT GAG GAA GGC GGC 1301
 Asp Val Trp Arg Ser Gly Val Arg Val Arg Val Asn Glu Glu Gly Gly
 405 410 415

GTT GTT GAT AGG CGT GAG ATT AAG AGG TGC GTC TCG GAG GTT ATA AAG 1349
 Val Val Asp Arg Arg Glu Ile Lys Arg Cys Val Ser Glu Val Ile Lys
 420 425 430 435

AGT CGA GAG TTG AGA GAA AGC GCA ATG ATG TGG AAG GGT TTG GCT AAA 1397
 Ser Arg Glu Leu Arg Glu Ser Ala Met Met Trp Lys Gly Leu Ala Lys
 440 445 450

GAA GCT ATG GAT GAA GAA CGT GGA TCA TCA ATG AAC AAT CTG AAG AAT 1445
 Glu Ala Met Asp Glu Glu Arg Gly Ser Ser Met Asn Asn Leu Lys Asn
 455 460 465

TTT ATT ACT AGG ATT ATT AAT GAA AAT GCC TCA TAAGTTGTAC 1488
 Phe Ile Thr Arg Ile Ile Asn Glu Asn Ala Ser
 470 475 478

TATATATGTT ATTATTGTTG TTATGGACGT CGAATTAAGT ATTAGTTAAA TGATATGTAT 1548

TTAGAGGAAG GCCAAAACGG GCTACACCCG GCAGGCCACG GGTGAAAAA GCCCGCCATG 1608

ATTTAAAATA TATATTTTAA AATAAATATT TTCTACTATT AAATAAAAAA AAAAAAAAAA 1668

AAA

1671

配列 : 5

配列の長さ : 1 4 3 7

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

起源

生物名 : シソ (*Perilla frutescens*)

組織の種類 : 葉

直接の起源

ライブラリー名 : cDNA library

クローン名 : p 8 R 6

配列

TTCAAACTC ATAACGTGAT TGAGCTAATG TGCACATCTT CCTCTTCAA	GTCTACAGTG	60
TCATCCTACC AGCATCATCA TGATCAATCT CTTTATAATG AGGAGAATGG	AGTAACAAGG	120
AGTGGGTTTT GTTACTCAGC TTCAACCTAC GTACGTA	CTACTGACTC AACTCTCAAG	180
AGAATGAATA TAATATATAA TGGGCGATAG ATCTTTGTAG ATATGTAGGT	GTAGCCTGCA	240
GGTGGTTAAT TAATTTCCGG TGTGGGAAAA TAAATAAATA AATAAATATA	GCG ATG AGC	299
	Met Ser	
	1	
AGC AGC AGC AGC AGA AGG TGG AGA GAG AAT GAG GGG ATG CGA	AGG ACA	347
Ser Ser Ser Ser Arg Arg Trp Arg Glu Asn Glu Gly Met Arg Arg Thr		
5 10 15		
TTG CTG GGG TTG GGT TTG GGG CAG TTG GTT TCT TTC GAT TTG	GCT ATC	395
Leu Leu Gly Leu Gly Leu Gly Gln Leu Val Ser Phe Asp Leu Ala Ile		
20 25 30		
ATG ACC TTT TCT GCT TCT TTG GTT TCA ACC ACA GTG GAT GCA	CCA CTT	443

CTC AGC ACT GTT GGT CAG GAA TAC TGC GTG AAG AGG AAA GAT CGT ATT 875
 Leu Ser Thr Val Gly Gln Glu Tyr Cys Val Lys Arg Lys Asp Arg Ile
 180 185 190
 GAA GTA GTA GCA ATG ATC GGT GTA TTT GGT ATG CTC ATC AGT GCA ACC 923
 Glu Val Val Ala Met Ile Gly Val Phe Gly Met Leu Ile Ser Ala Thr
 195 200 205 210
 GAG ATT ACT GTG CTG GAG AGG AAT GCC CTC TCA TCA ATG CAG TGG TCT 971
 Glu Ile Thr Val Leu Glu Arg Asn Ala Leu Ser Ser Met Gln Trp Ser
 215 220 225
 ACT GGA CTT TTG GCA GCC TAT GTT GTT TAT GCA CTG TCC AGC TTC CTC 1019
 Thr Gly Leu Leu Ala Ala Tyr Val Val Tyr Ala Leu Ser Ser Phe Leu
 230 235 240
 TTC TGC ACA CTC ACC CCT TTT CTT CTC AAG ATG AGT GGC GCT GCA TTT 1067
 Phe Cys Thr Leu Thr Pro Phe Leu Leu Lys Met Ser Gly Ala Ala Phe
 245 250 255
 TTC AAT CTT TCC ATG CTT ACA TCT GAT ATG TGG GCT GTT GCA ATT AGG 1115
 Phe Asn Leu Ser Met Leu Thr Ser Asp Met Trp Ala Val Ala Ile Arg
 260 265 270
 ACA TTC ATA TAC AAC CAG GAG GTT GAT TGG TTA TAC TAT TTG GCC TTT 1163
 Thr Phe Ile Tyr Asn Gln Glu Val Asp Trp Leu Tyr Tyr Leu Ala Phe
 275 280 285 290
 TGT CTC GTT GTT GTT GGA ATA TTC ATA TAT ACA AAA ACA GAG AAG GAT 1211
 Cys Leu Val Val Val Gly Ile Phe Ile Tyr Thr Lys Thr Glu Lys Asp
 295 300 305
 CCT AAC AAT ACG AGA GCC CTT GAG AAT GGA AAC TTG GAT CAT GAA TAT 1259
 Pro Asn Asn Thr Arg Ala Leu Glu Asn Gly Asn Leu Asp His Glu Tyr
 310 315 320

AGT CTC CTT GAG GAT CAA GAT GAC ACA CCA AGA AAA CCA TAGCTAGCTT 1308

Ser Leu Leu Glu Asp Gln Asp Asp Thr Pro Arg Lys Pro

325

330

335

TGCCACAAT CTTTTCATCA ACAGTTTAA ATAATTCGTG AGGGGAGAG AGATCGAGAT 1368

ACTAATTAAT GGACGTCTAT TATATAGTTG GAGGTTTTTG TTTTATTAT TTATTTGAGT 1428

AAAAAAAAA 1437

配列 : 6

配列の長さ : 2 1 0 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

起源

生物名 : ペチュニア

組織の種類 : 花卉

直接の起源

ライブラリー名 : cDNA library

クローン名 : p S P G T 1

配列

AGTGAGCGCA ACGCAATTAA TGTGAGTTAG CTCACTCATT AGGCACCCCA GGCTTTACAC 60

TTTATGCTTC CGGCTCGTAT GTTGTGTGGA ATTGTGAGCG GATAACAATT TCACACAGGA 120

AACAGCTATG ACCATGATTA CGCCAAGCTC GAAATTAACC CTCACTAAAG GGAACAAAAG 180

CTGGAGCTCC ACGCGGTGGC GGCCGCTCTA GAACTAGTGG ATCCCCGGG CTGCAGGAAT 240

TCCGTTGCTG TCGCCACAAT TTACAAACCA AGAAATTAAG CATCCCTTTC CCCCCTTAA 300

AAAACATACA AGTTTTTAAT TTTTCACTAA GCAAGAAAAT ATG GTG CAG CCT CAT GTC 358

Met Val Gln Pro His Val

1

5

ATC TTA ACA ACA TTT CCA GCA CAA GGC CAT ATT AAT CCA GCA CTT CAA	406
Ile Leu Thr Thr Phe Pro Ala Gln Gly His Ile Asn Pro Ala Leu Gln	
10 15 20	
TTT GCC AAG AAT CTT GTC AAG ATG GGC ATA GAA GTG ACA TTT TCT ACA	454
Phe Ala Lys Asn Leu Val Lys Met Gly Ile Glu Val Thr Phe Ser Thr	
25 30 35	
AGC ATT TAT GCC CAA AGC CGT ATG GAT GAA AAA TCC ATT CTT AAT GCA	502
Ser Ile Tyr Ala Gln Ser Arg Met Asp Glu Lys Ser Ile Leu Asn Ala	
40 45 50	
CCA AAA GGA TTG AAT TTC ATT CCA TTT TCC GAT GGC TTT GAT GAA GGT	550
Pro Lys Gly Leu Asn Phe Ile Pro Phe Ser Asp Gly Phe Asp Glu Gly	
55 60 65 70	
TTT GAT CAT TCA AAA GAC CCT GTA TTT TAC ATG TCA CAA CTT CGT AAA	598
Phe Asp His Ser Lys Asp Pro Val Phe Tyr Met Ser Gln Leu Arg Lys	
75 80 85	
TGT GGA AGT GAA ACT GTC AAA AAA ATA ATT CTC ACT TGC TCT GAA AAT	646
Cys Gly Ser Glu Thr Val Lys Lys Ile Ile Leu Thr Cys Ser Glu Asn	
90 95 100	
GGA CAG CCT ATA ACT TGC CTA CTT TAC TCC ATT TTC CTT CCT TGG GCA	694
Gly Gln Pro Ile Thr Cys Leu Leu Tyr Ser Ile Phe Leu Pro Trp Ala	
105 110 115	
GCA GAG GTA GCA CGT GAA GTT CAC ATC CCT TCT GCT CTT CTT TGG AGT	742
Ala Glu Val Ala Arg Glu Val His Ile Pro Ser Ala Leu Leu Trp Ser	
120 125 130	
CAA CCA GCA ACA ATA TTG GAC ATA TAT TAC TTC AAC TTT CAT GGA TAT	790
Gln Pro Ala Thr Ile Leu Asp Ile Tyr Tyr Phe Asn Phe His Gly Tyr	
135 140 145 150	

GAA AAA GCT ATG GCT AAT GAA TCC AAT GAT CCA AAT TGG TCC ATT CAA	838
Glu Lys Ala Met Ala Asn Glu Ser Asn Asp Pro Asn Trp Ser Ile Gln	
155 160 165	
CTT CCC GGG CTT CCA CTA CTG GAA ACT CGA GAT CTT CCT TCA TTT TTA	886
Leu Pro Gly Leu Pro Leu Leu Glu Thr Arg Asp Leu Pro Ser Phe Leu	
170 175 180	
CTT CCT TAT GGT GCA AAA GGG AGT CTT CGA GTT GCA CTT CCA CCA TTC	934
Leu Pro Tyr Gly Ala Lys Gly Ser Leu Arg Val Ala Leu Pro Pro Phe	
185 190 195	
AAA GAA TTG ATA GAC ACA TTA GAT GCT GAA ACC ACT CCT AAG ATT CTT	982
Lys Glu Leu Ile Asp Thr Leu Asp Ala Glu Thr Thr Pro Lys Ile Leu	
200 205 210	
GTG AAT ACA TTT GAT GAA TTA GAG CCT GAG GCA CTC AAT GCA ATT GAA	1030
Val Asn Thr Phe Asp Glu Leu Glu Pro Glu Ala Leu Asn Ala Ile Glu	
215 220 225 230	
GGT TAT AAG TTT TAT GGA ATT GGA CCG TTG ATT CCT TCT GCT TTC TTG	1078
Gly Tyr Lys Phe Tyr Gly Ile Gly Pro Leu Ile Pro Ser Ala Phe Leu	
235 240 245	
GGT GGA AAT GAC CCT TTA GAT GCT TCA TTT GGT GGT GAT CTT TTT CAA	1126
Gly Gly Asn Asp Pro Leu Asp Ala Ser Phe Gly Gly Asp Leu Phe Gln	
250 255 260	
AAT TCA AAT GAC TAT ATG GAA TGG TTA AAC TCA AAG CCA AAT TCA TCA	1174
Asn Ser Asn Asp Tyr Met Glu Trp Leu Asn Ser Lys Pro Asn Ser Ser	
265 270 275	
GTT GTT TAT ATA TCT TTT GGG AGT CTA ATG AAT CCA TCT ATT AGC CAA	1222
Val Val Tyr Ile Ser Phe Gly Ser Leu Met Asn Pro Ser Ile Ser Gln	
280 285 290	

ATG GAG GAG ATA TCA AAA GGG TTG ATA GAC ATA GGA AGG CCG TTT TTA 1270
 Met Glu Glu Ile Ser Lys Gly Leu Ile Asp Ile Gly Arg Pro Phe Leu
 295 300 305 310
 TGG GTG ATA AAA GAA AAT GAA AAA GGC AAA GAA GAA GAG AAT AAA AAG 1318
 Trp Val Ile Lys Glu Asn Glu Lys Gly Lys Glu Glu Glu Asn Lys Lys
 315 320 325
 CTT GGT TGT ATT GAA GAA TTG GAA AAA ATA GGA AAA ATA GTT CCA TGG 1366
 Leu Gly Cys Ile Glu Glu Leu Glu Lys Ile Gly Lys Ile Val Pro Trp
 330 335 340
 TGT TCA CAA CTT GAA GTT CTA AAA CAT CCA TCT TTA GGA TGT TTT GTT 1414
 Cys Ser Gln Leu Glu Val Leu Lys His Pro Ser Leu Gly Cys Phe Val
 345 350 355
 TCT CAT TGT GGA TGG AAT TCA GCC TTA GAG AGT TTA GCT TGT GGA GTG 1462
 Ser His Cys Gly Trp Asn Ser Ala Leu Glu Ser Leu Ala Cys Gly Val
 360 365 370
 CCA GTT GTG GCA TTT CCT CAA TGG ACA GAT CAA ATG ACA AAT GCC AAA 1510
 Pro Val Val Ala Phe Pro Gln Trp Thr Asp Gln Met Thr Asn Ala Lys
 375 380 385 390
 CAA GTT GAA GAT GTG TGG AAA AGT GGA GTA AGA GTG AGA ATA AAT GAA 1558
 Gln Val Glu Asp Val Trp Lys Ser Gly Val Arg Val Arg Ile Asn Glu
 395 400 405
 GAT GGT GTT GTT GAA AGT GAG GAA ATC AAA AGG TGT ATT GAA TTG GTA 1606
 Asp Gly Val Val Glu Ser Glu Glu Ile Lys Arg Cys Ile Glu Leu Val
 410 415 420
 ATG GAT GGA GGA GAG AAA GGG GAA GAA TTG AGA AAG AAT GCT AAG AAA 1654
 Met Asp Gly Gly Glu Lys Gly Glu Glu Leu Arg Lys Asn Ala Lys Lys
 425 430 435

TGG AAA GAA TTG GCT AGA GAA GCT GTG AAG GAA GGT GGA TCT TCA CAC	1702
Trp Lys Glu Leu Ala Arg Glu Ala Val Lys Glu Gly Gly Ser Ser His	
440 445 450	
AAG AAT TTA AAG GCT TTT ATT GAT GAT GTT GCC AAA GGG TTT TAATATTTAC	1754
Lys Asn Leu Lys Ala Phe Ile Asp Asp Val Ala Lys Gly Phe	
455 460 465 468	
AGGCTTTTGC CGTGATATTA CTTCCCCTAG TTGGCGATTG ACTCTTTGTG GACTTGCTTG	1814
ACAAAAAACT GAGGGAATGT GCTAAGACAC GCTAATGCTT TAAGAAGTCA TTTCCAAGGC	1874
TTGAAGCCTG CTTTTAAAAC TTATTAGCCA GTAATCTATA GGGTTCTCTT CTATTTTCT	1934
CTGTCTCTCT TTTTAGCCTT TTTCTTTCCA AGGTTTAAGA ATAGCGTGAA CATAGCTTAG	1994
TACGTAGTCT TGGTATCTCT ATCTTACCAA GTGCAAGATT ATGCTTATGC TGTCCTCCTA	2054
AATTTCTTAA TAAAATGCAA GATGAAAAAG TACAAAAAAA AAAAAAAAAA A	2105

請 求 の 範 囲

1. フラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする遺伝子。
2. 配列番号7～10又は12のいずれかに記載のアミノ酸配列を有しフラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質、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／又は他のアミノ酸による置換により修飾されているアミノ酸配列を有し且つフラボノイドの5位に糖を転移する活性を維持している蛋白質をコードする請求項1記載の遺伝子。
3. 配列番号7～10又は12のいずれかに記載のアミノ酸配列に対して30%以上の相同性を有するアミノ酸配列を有し、且つフラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする請求項1記載の遺伝子。
4. 配列番号7～10又は12のいずれかに記載のアミノ酸配列に対して50%以上の相同性を有するアミノ酸配列を有し、且つフラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする請求項1記載の遺伝子。
5. 配列番号7～10又は12のいずれかに記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列の一部又は全部に対して、 $5 \times \text{SSC}$ 、 50°C の条件下でハイブリダイズすることができ、且つフラボノイドの5位に糖を転移する活性を有する蛋白質をコードする請求項1記載の遺伝子。
6. 請求項1～5のいずれか1項に記載の遺伝子を含んでなるベクター。
7. 請求項6に記載のベクターにより形質転換された宿主。
8. 請求項1～5のいずれか1項に記載の遺伝子によってコード

される蛋白質。

9. 請求項7に記載の宿主を培養し、又は成育させ、そして該宿主からフラボノイドの5位に糖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。

10. 請求項1～5のいずれか1項に記載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その子孫又はそれらの組織。

11. 請求項10に記載の植物又はこれと同じ性質を有するその子孫の切花。

配 列 表

SEQUENCE LISTING

< 1 1 0 > Suntory Limited
 < 1 2 0 > Gene Coding for Protein Having Sugar-Transfer Acti
 vity
 < 1 3 0 > STY-F846-PCT
 < 1 5 0 > JP PH9-200571
 < 1 5 1 > 1997-07-25
 < 1 6 0 > 1 1
 < 2 1 0 > 1
 < 2 1 1 > 1 5 0 7
 < 2 1 2 > DNA
 < 2 1 3 > *Perilla frutescens*
 < 4 0 0 > 1

gaaaatttcc acaaaa atg gtc cgc cgc cgc gtg ctg cta gca acg ttt 49
 Met Val Arg Arg Arg Val Leu Leu Ala Thr Phe
 1 5 10
 cct ggc caa ggc cac ata aat ccc gcc ctc caa ttc gcc aag aga ctc 97
 Pro Ala Gln Gly His Ile Asn Pro Ala Leu Gln Phe Ala Lys Arg Leu
 15 20 25
 cta aaa gcc ggc act gac gtc aca ttt ttc acg agc gtt tat gca tgg 145
 Leu Lys Ala Gly Thr Asp Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Trp
 30 35 40
 cgc cgc atg gcc aac aca gcc tcc gcc gct gcc gga aac cca ccg gcc 193
 Arg Arg Met Ala Asn Thr Ala Ser Ala Ala Ala Gly Asn Pro Pro Gly
 45 50 55

ctc gac ttc gtg gcg ttc tcc gac ggc tac gac gac ggg ctg aag ccc 241
 Leu Asp Phe Val Ala Phe Ser Asp Gly Tyr Asp Asp Gly Leu Lys Pro
 60 65 70 75
 tgc ggc gac ggg aag cgc tac atg tcc gag atg aaa gcc cgc ggc tcc 289
 Cys Gly Asp Gly Lys Arg Tyr Met Ser Glu Met Lys Ala Arg Gly Ser
 80 85 90
 gag gcc tta aga aac ctc ctt ctc aac aac cac gac gtc acg ttc gtc 337
 Glu Ala Leu Arg Asn Leu Leu Leu Asn Asn His Asp Val Thr Phe Val
 95 100 105
 gtc tac tcc cac ctc ttt gca tgg gcg gcg gag gtg gcg cgt gag tcc 385
 Val Tyr Ser His Leu Phe Ala Trp Ala Ala Glu Val Ala Arg Glu Ser
 110 115 120
 cag gtc ccg agc gcc ctt ctc tgg gtc gag ccc gcc acc gtg ctg tgc 433
 Gln Val Pro Ser Ala Leu Leu Trp Val Glu Pro Ala Thr Val Leu Cys
 125 130 135
 ata tat tac ttc tac ttc aac ggc tac gca gac gag atc gac gcc ggt 481
 Ile Tyr Tyr Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Glu Ile Asp Ala Gly
 140 145 150 155
 tcc gac gaa att cag ctc cct cgg ctt cca ccc ctg gag cag cgc agt 529
 Ser Asp Glu Ile Gln Leu Pro Arg Leu Pro Pro Leu Glu Gln Arg Ser
 160 165 170
 ctt ccg acc ttt ctg ctg ccg gag aca ccg gag aga ttc cgg ttg atg 577
 Leu Pro Thr Phe Leu Leu Pro Glu Thr Pro Glu Arg Phe Arg Leu Met
 175 180 185
 atg aag gag aag ctg gaa act tta gac ggt gaa gag aag gcg aaa gtg 625
 Met Lys Glu Lys Leu Glu Thr Leu Asp Gly Glu Glu Lys Ala Lys Val
 190 195 200

ttg gtg aac acg ttt gat gcg ttg gag ccc gat gca ctc acg gct att	673
Leu Val Asn Thr Phe Asp Ala Leu Glu Pro Asp Ala Leu Thr Ala Ile	
205 210 215	
gat agg tat gag ttg atc ggg atc ggg ccg ttg att ccc tcc gcc ttc	721
Asp Arg Tyr Glu Leu Ile Gly Ile Gly Pro Leu Ile Pro Ser Ala Phe	
220 225 230 235	
ttg gac ggc gga gat ccc tcc gaa acg tct tac ggc ggc gat ctt ttc	769
Leu Asp Gly Gly Asp Pro Ser Glu Thr Ser Tyr Gly Gly Asp Leu Phe	
240 245 250	
gaa aaa tcg gag gag aat aac tgc gtg gag tgg ttg gac acg aag ccg	817
Glu Lys Ser Glu Glu Asn Asn Cys Val Glu Trp Leu Asp Thr Lys Pro	
255 260 265	
aaa tct tcg gtg gtg tat gtg tcg ttt ggg agc gtt ttg agg ttt cca	865
Lys Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe Gly Ser Val Leu Arg Phe Pro	
270 275 280	
aag gca caa atg gaa gag att ggg aaa ggg cta tta gcc tgc gga agg	913
Lys Ala Gln Met Glu Glu Ile Gly Lys Gly Leu Leu Ala Cys Gly Arg	
285 290 295	
ccg ttt tta tgg atg ata cga gaa cag aag aat gac gac ggc gaa gaa	961
Pro Phe Leu Trp Met Ile Arg Glu Gln Lys Asn Asp Asp Gly Glu Glu	
300 305 310 315	
gaa gaa gaa gag ttg agt tgc att ggg gaa ttg aaa aaa atg ggg aaa	1009
Glu Glu Glu Glu Leu Ser Cys Ile Gly Glu Leu Lys Lys Met Gly Lys	
320 325 330	
ata gtt tcg tgg tgc tcg cag ttg gag gtt ctg gcg cac cct gcg ttg	1057
Ile Val Ser Trp Cys Ser Gln Leu Glu Val Leu Ala His Pro Ala Leu	
335 340 345	

gga tgt ttc gtg acg cat tgt ggg tgg aac tcg gct gtg gag agc ttg 1105
 Gly Cys Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Ala Val Glu Ser Leu
 350 355 360

agt tgc ggg gtt ccg gtg gtg gcg gtg ccg cag tgg ttt gat cag acg 1153
 Ser Cys Gly Val Pro Val Val Ala Val Pro Gln Trp Phe Asp Gln Thr
 365 370 375

acg aat gcg aag ctg att gag gat gcg tgg ggg aca ggg gtg aga gtg 1201
 Thr Asn Ala Lys Leu Ile Glu Asp Ala Trp Gly Thr Gly Val Arg Val
 380 385 390 395

aga atg aat gaa ggg ggt ggg gtt gat gga tct gag ata gag agg tgt 1249
 Arg Met Asn Glu Gly Gly Gly Val Asp Gly Ser Glu Ile Glu Arg Cys
 400 405 410

gtg gag atg gtg atg gat ggg ggt gag aag agc aaa cta gtg aga gaa 1297
 Val Glu Met Val Met Asp Gly Gly Glu Lys Ser Lys Leu Val Arg Glu
 415 420 425

aat gcc ata aaa tgg aag act ttg gcc aga gaa gcc atg gga gag gat 1345
 Asn Ala Ile Lys Trp Lys Thr Leu Ala Arg Glu Ala Met Gly Glu Asp
 430 435 440

gga tct tca ctc aag aat ctc aac gcc ttt ctt cat caa gtt gca cgt 1393
 Gly Ser Ser Leu Lys Asn Leu Asn Ala Phe Leu His Gln Val Ala Arg
 445 450 455

gct taatacaca aatggctttc cacttttaat ctactcaaac accggttcaa 1446
 Ala
 460

ataaatatcc ccttccactt ctttctatit cactatcaca tttataatit tagtaacaaa 1506
 a 1507

< 2 1 0 > 2

< 2 1 1 > 1 4 7 0

< 2 1 2 > D N A

< 2 1 3 > *Perilla frutescens*

< 4 0 0 > 2

accaaacc	aaacaaattt	ccacaaaa	atg gtc	cgc cgc	cgc gtc	ctg cta	48	
			Met Val	Arg Arg	Arg Val	Leu Leu		
			1		5			
gca acg	ttt ccg	gcg caa	ggc cac	ata aat	ccc gcc	ctc caa	ttc gcc	96
Ala Thr	Phe Pro	Ala Gln	Gly His	Ile Asn	Pro Ala	Leu Gln	Phe Ala	
	10		15		20			
aag aga	ctc cta	aaa gcc	ggc act	gac gtc	acg ttt	ttc acg	agc gtt	144
Lys Arg	Leu Leu	Lys Ala	Gly Thr	Asp Val	Thr Phe	Phe Thr	Ser Val	
	25		30		35		40	
tat gca	tgg cgc	cgc atg	gcc aac	aca gcc	tcc gcc	gct gcc	gga aac	192
Tyr Ala	Trp Arg	Arg Met	Ala Asn	Thr Ala	Ser Ala	Ala Ala	Gly Asn	
		45		50		55		
cca ccg	ggc ctc	gac ttc	gtg gcg	ttc tcc	gac ggc	tac gac	gac ggg	240
Pro Pro	Gly Leu	Asp Phe	Val Ala	Phe Ser	Asp Gly	Tyr Asp	Asp Gly	
	60		65		70			
ctg aag	ccc ggc	ggc gac	ggg aag	cgc tac	atg tcc	gag atg	aaa gcc	288
Leu Lys	Pro Gly	Gly Asp	Gly Lys	Arg Tyr	Met Ser	Glu Met	Lys Ala	
	75		80		85			
cgc ggc	tcc gag	gcc tta	aga aac	ctc ctt	ctc aac	aac gac	gac gtc	336
Arg Gly	Ser Glu	Ala Leu	Arg Asn	Leu Leu	Leu Asn	Asn Asp	Asp Val	
	90		95		100			

act ttc gtc gtc tac tcc cac ctc ttt gca tgg gcg gcg gag gtg gcg 384
 Thr Phe Val Val Tyr Ser His Leu Phe Ala Trp Ala Ala Glu Val Ala
 105 110 115 120
 cgt ttg tcc cac gtc ccg acc gcc ctt ctc tgg gtc gag ccc gcc acc 432
 Arg Leu Ser His Val Pro Thr Ala Leu Leu Trp Val Glu Pro Ala Thr
 125 130 135
 gtg ctg tgc ata tac cac ttc tac ttc aac ggc tac gca gac gag atc 480
 Val Leu Cys Ile Tyr His Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Glu Ile
 140 145 150
 gac gcc ggt tcc aat gaa att cag ctc cct cgg ctt cca tcc ctg gag 528
 Asp Ala Gly Ser Asn Glu Ile Gln Leu Pro Arg Leu Pro Ser Leu Glu
 155 160 165
 cag cgc agt ctt ccg acg ttt ctg ctg cct gcg acg ccg gag aga ttc 576
 Gln Arg Ser Leu Pro Thr Phe Leu Leu Pro Ala Thr Pro Glu Arg Phe
 170 175 180
 cgg ttg atg atg aag gag aag ctg gaa act tta gac ggt gaa gag aag 624
 Arg Leu Met Met Lys Glu Lys Leu Glu Thr Leu Asp Gly Glu Glu Lys
 185 190 195 200
 gcg aaa gta ttg gtg aac acg ttt gat gcg ttg gag ccc gat gca ctc 672
 Ala Lys Val Leu Val Asn Thr Phe Asp Ala Leu Glu Pro Asp Ala Leu
 205 210 215
 acg gct att gat agg tat gag ttg atc ggg atc ggg ccg ttg att ccc 720
 Thr Ala Ile Asp Arg Tyr Glu Leu Ile Gly Ile Gly Pro Leu Ile Pro
 220 225 230
 tcc gcc ttc ttg gac ggc gaa gat ccc tcc gaa acg tct tac ggc ggc 768
 Ser Ala Phe Leu Asp Gly Glu Asp Pro Ser Glu Thr Ser Tyr Gly Gly
 235 240 245

gat ctt ttc gaa aaa tcg gag gag aat aac tgc gtg gag tgg ttg aac	816
Asp Leu Phe Glu Lys Ser Glu Glu Asn Asn Cys Val Glu Trp Leu Asn	
250 255 260	
tcg aag ccg aaa tct tcg gtg gtg tat gtg tcg ttt ggg agc gtt ttg	864
Ser Lys Pro Lys Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe Gly Ser Val Leu	
265 270 275 280	
agg ttt cca aag gca caa atg gaa gag att ggg aaa ggg cta tta gcc	912
Arg Phe Pro Lys Ala Gln Met Glu Glu Ile Gly Lys Gly Leu Leu Ala	
285 290 295	
tgc gga agg ccc ttt tta tgg atg ata cga gaa cag aag aat gac gac	960
Cys Gly Arg Pro Phe Leu Trp Met Ile Arg Glu Gln Lys Asn Asp Asp	
300 305 310	
ggc gaa gaa gaa gaa gaa gaa gaa gag ttg agt tgc att ggg gaa ttg	1008
Gly Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Leu Ser Cys Ile Gly Glu Leu	
315 320 325	
aaa aaa atg ggg aaa ata gtg tcg tgg tgc tcg cag ttg gag gtt ctg	1056
Lys Lys Met Gly Lys Ile Val Ser Trp Cys Ser Gln Leu Glu Val Leu	
330 335 340	
gcg cac cct gcg ttg gga tgt ttc gtg acg cat tgt ggg tgg aac tcg	1104
Ala His Pro Ala Leu Gly Cys Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser	
345 350 355 360	
gct gtg gag agc ttg agt tgc ggg att ccg gtg gtg gcg gtg ccg cag	1152
Ala Val Glu Ser Leu Ser Cys Gly Ile Pro Val Val Ala Val Pro Gln	
365 370 375	
tgg ttt gat cag acg acg aat gcg aag ctg att gag gat gcg tgg ggg	1200
Trp Phe Asp Gln Thr Thr Asn Ala Lys Leu Ile Glu Asp Ala Trp Gly	
380 385 390	

aca ggg gtg aga gtg aga atg aat gaa ggg ggt ggg gtt gat gga tgt 1248
 Thr Gly Val Arg Val Arg Met Asn Glu Gly Gly Gly Val Asp Gly Cys
 395 400 405

gag ata gaa agg tgt gtg gag atg gtg atg gat ggg ggt gac aag acc 1296
 Glu Ile Glu Arg Cys Val Glu Met Val Met Asp Gly Gly Asp Lys Thr
 410 415 420

aaa cta gtg aga gaa aat gcc atc aaa tgg aag act ttg gcc aga caa 1344
 Lys Leu Val Arg Glu Asn Ala Ile Lys Trp Lys Thr Leu Ala Arg Gln
 425 430 435 440

gcc atg gga taggatggat cttcactcaa caatctcaac gcctttcttc 1393
 Ala Met Gly
 443

gtcaagttgc acacttttaa tctgctcaaa cagcggttca aataaatatc cccttccact 1453
 taaaaaaaa aaaaaaa 1470

< 2 1 0 > 3
 < 2 1 1 > 2 0 6 2
 < 2 1 2 > D N A
 < 2 1 3 > Verbena hybrida
 < 4 0 0 > 3

attttaccaa aaaaataaaa aaaaa atg agc aga gct cac gtc ctc ttg gcc 52
 Met Ser Arg Ala His Val Leu Leu Ala
 1 5

aca ttc cca gca cag gga cac ata aat ccc gcc ctt caa ttc gcc aag 100
 Thr Phe Pro Ala Gln Gly His Ile Asn Pro Ala Leu Gln Phe Ala Lys
 10 15 20 25

cgt ctc gca aat gcc gac att caa gtc aca ttc ttc acc agc gtc tac	148
Arg Leu Ala Asn Ala Asp Ile Gln Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr	
30 35 40	
gca tgg cgc cgc atg tcc aga acc gcc gct ggc tca aac ggg ctc atc	196
Ala Trp Arg Arg Met Ser Arg Thr Ala Ala Gly Ser Asn Gly Leu Ile	
45 50 55	
aat ttt gtg tcg ttt tcc gac ggg tat gac gac ggg tta cag ccc gga	244
Asn Phe Val Ser Phe Ser Asp Gly Tyr Asp Asp Gly Leu Gln Pro Gly	
60 65 70	
gac gat ggg aag aac tac atg tcg gag atg aaa agc aga ggt ata aaa	292
Asp Asp Gly Lys Asn Tyr Met Ser Glu Met Lys Ser Arg Gly Ile Lys	
75 80 85	
gcc ttg agc gat act ctt gca gcc aat aat gtc gat caa aaa agc agc	340
Ala Leu Ser Asp Thr Leu Ala Ala Asn Asn Val Asp Gln Lys Ser Ser	
90 95 100 105	
aaa atc acg ttc gtg gtg tac tcc cac ctc ttt gca tgg gcg gcc aag	388
Lys Ile Thr Phe Val Val Tyr Ser His Leu Phe Ala Trp Ala Ala Lys	
110 115 120	
gtg gcg cgt gag ttc cat ctc cgg agc gcg cta ctc tgg att gag cca	436
Val Ala Arg Glu Phe His Leu Arg Ser Ala Leu Leu Trp Ile Glu Pro	
125 130 135	
gct acg gtg ttg gat ata ttt tac ttt tat ttc aac ggc tat agc gac	484
Ala Thr Val Leu Asp Ile Phe Tyr Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ser Asp	
140 145 150	
gaa atc gat gcg ggt tcg gat gct att cac ttg ccc gga gga ctc cca	532
Glu Ile Asp Ala Gly Ser Asp Ala Ile His Leu Pro Gly Gly Leu Pro	
155 160 165	

gtg ctg gcc cag cgt gat tta ccg tct ttc ctt ctt cct tcc acg cat 580
 Val Leu Ala Gln Arg Asp Leu Pro Ser Phe Leu Leu Pro Ser Thr His
 170 175 180 185
 gag aga ttc cgt tca ctg atg aag gag aaa ttg gaa act tta gaa ggt 628
 Glu Arg Phe Arg Ser Leu Met Lys Glu Lys Leu Glu Thr Leu Glu Gly
 190 195 200
 gaa gaa aaa cct aag gtc ttg gtg aac agc ttt gat gcg ttg gag cct 676
 Glu Glu Lys Pro Lys Val Leu Val Asn Ser Phe Asp Ala Leu Glu Pro
 205 210 215
 gat gcg ctc aag gcc att gat aag tac gag atg att gca atc ggg ccg 724
 Asp Ala Leu Lys Ala Ile Asp Lys Tyr Glu Met Ile Ala Ile Gly Pro
 220 225 230
 ttg att cct tcc gca ttc ttg gac ggt aaa gat cct tcg gac agg tct 772
 Leu Ile Pro Ser Ala Phe Leu Asp Gly Lys Asp Pro Ser Asp Arg Ser
 235 240 245
 ttc ggc gga gat ttg ttc gag aaa ggg tcg aat gac gac gat tgc ctc 820
 Phe Gly Gly Asp Leu Phe Glu Lys Gly Ser Asn Asp Asp Asp Cys Leu
 250 255 260 265
 gaa tgg ttg agc acg aat cct cga tct tcg gtg gtt tac gtt tcg ttc 868
 Glu Trp Leu Ser Thr Asn Pro Arg Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe
 270 275 280
 gga agc ttc gtt aat acg acg aag tcg caa atg gaa gag ata gca aga 916
 Gly Ser Phe Val Asn Thr Thr Lys Ser Gln Met Glu Glu Ile Ala Arg
 285 290 295
 ggg ctg tta gat tgt ggg agg ccg ttt ttg tgg gtg gta aga gta aac 964
 Gly Leu Leu Asp Cys Gly Arg Pro Phe Leu Trp Val Val Arg Val Asn
 300 305 310

gaa gga gaa gag gta ttg ata agt tgc atg gag gag ttg aaa cga gtg 1012
 Glu Gly Glu Glu Val Leu Ile Ser Cys Met Glu Glu Leu Lys Arg Val
 315 320 325
 ggg aaa att gta tct tgg tgt tct caa ttg gaa gtc ctg acg cat ccc 1060
 Gly Lys Ile Val Ser Trp Cys Ser Gln Leu Glu Val Leu Thr His Pro
 330 335 340 345
 tcg ttg gga tgt ttc gtg aca cac tgc ggg tgg aat tcg act cta gag 1108
 Ser Leu Gly Cys Phe Val Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Thr Leu Glu
 350 355 360
 agt ata tct ttc ggg gtt ccg atg gtg gct ttt ccg cag tgg ttc gat 1156
 Ser Ile Ser Phe Gly Val Pro Met Val Ala Phe Pro Gln Trp Phe Asp
 365 370 375
 caa ggg acg aat gcg aag ctg atg gag gat gtg tgg agg acg ggt gtg 1204
 Gln Gly Thr Asn Ala Lys Leu Met Glu Asp Val Trp Arg Thr Gly Val
 380 385 390
 aga gtg aga gct aat gag gag ggt agc gtc gtt gat ggt gat gaa att 1252
 Arg Val Arg Ala Asn Glu Glu Gly Ser Val Val Asp Gly Asp Glu Ile
 395 400 405
 agg aga tgt att gag gag gtt atg gat ggg gga gaa aag agt agg aaa 1300
 Arg Arg Cys Ile Glu Glu Val Met Asp Gly Gly Glu Lys Ser Arg Lys
 410 415 420 425
 ctt aga gag agt gct ggc aag tgg aag gat ttg gca aga aaa gct atg 1348
 Leu Arg Glu Ser Ala Gly Lys Trp Lys Asp Leu Ala Arg Lys Ala Met
 430 435 440
 gag gaa gat gga tct tca gtt aac aac ctc aag gtc ttt ctt gat gag 1396
 Glu Glu Asp Gly Ser Ser Val Asn Asn Leu Lys Val Phe Leu Asp Glu
 445 450 455

gtt gta ggt atc taaagacgta aatgaggtcc ccataggcaa aattgcaaat 1448
 Val Val Gly Ile
 460 461
 ttcattctcgt aagttgaata ctttttggct ttaattttgt tcgagtttgt ttttcaaaat 1508
 ttatcttgta attttacatt gagtgtaaatt ttagtctgat ttttaactgga aaaatataaa 1568
 attcattggt gagactcttc atcaaaatca tctgatttcc tttattgtct tgggtcaaaat 1628
 tctcatatca attggaaaaa ataaatttca aaatcgcca attttgaacc aagaaagaag 1688
 tataatttga ccaaaataat aaaaggattc aagtgatctt gatgaagtgt ctgagcgacg 1748
 agttctatat ttttccaccg aatttctaac gagtttttga atttttttta gccaaaatcg 1808
 gactaacctt gtacaaaatg aaaagttata tgatgaaatt ttaaaaaaca aactcagaca 1868
 ataataaagc ccgaaagtag taaaattacc tgacgaaatt tgcaatttcg cctcctattt 1928
 taattttttt ggtgtgttta ataaatcggt tattttactt ttaattaaaa taaaagtgag 1988
 atgcatgata gcttggtgag tatatatgag ttgatggtaa tgtacgatat tttctaaaaa 2048
 aaaaaaaaaa aaaa 2062

< 2 1 0 > 4

< 2 1 1 > 1 6 7 1

< 2 1 2 > D N A

< 2 1 3 > Torenia hybrira

< 2 2 0 >

< 2 2 1 >

< 2 2 2 >

< 2 2 3 > Xaa (64) is Cys or Phe, Xaa (65) is Ser or Pro.

< 4 0 0 > 4

aacacataaa aaaaaataa aagaagaaat aattaaanaa aaaa atg gtt aac 53

Met Val Asn

1

aaa cgc cat att cta cta gca aca ttc cca gca caa ggc cac ata aac 101
 Lys Arg His Ile Leu Leu Ala Thr Phe Pro Ala Gln Gly His Ile Asn
 5 10 15
 cct tct ctc gag ttc gcc aaa agg ctc ctc aac acc gga tac gtc gac 149
 Pro Ser Leu Glu Phe Ala Lys Arg Leu Leu Asn Thr Gly Tyr Val Asp
 20 25 30 35
 caa gtc aca ttc ttc acg agt gta tac gca ttg aga cgc atg cgc ttc 197
 Gln Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Leu Arg Arg Met Arg Phe
 40 45 50
 gaa acc gat ccg agc agc aga atc gat ttc gtg gca tkt yca gat tct 245
 Glu Thr Asp Pro Ser Ser Arg Ile Asp Phe Val Ala Xaa Xaa Asp Ser
 55 60 65
 tac gat gat ggc tta aag aaa ggc gac gat ggc aaa aac tac atg tcg 293
 Tyr Asp Asp Gly Leu Lys Lys Gly Asp Asp Gly Lys Asn Tyr Met Ser
 70 75 80
 gag atg aga aag cgc gga acg aag gcc tta aag gac act ctt att aag 341
 Glu Met Arg Lys Arg Gly Thr Lys Ala Leu Lys Asp Thr Leu Ile Lys
 85 90 95
 ctc aac gat gct gcg atg gga agt gaa tgt tac aat cgc gtg agc ttt 389
 Leu Asn Asp Ala Ala Met Gly Ser Glu Cys Tyr Asn Arg Val Ser Phe
 100 105 110 115
 gtg gtg tac tct cat cta ttt tcg tgg gca gct gaa gtg gcg cgt gaa 437
 Val Val Tyr Ser His Leu Phe Ser Trp Ala Ala Glu Val Ala Arg Glu
 120 125 130
 gtc gac gtg ccg agt gcc ctt ctt tgg att gaa ccg gct acg gtt ttc 485
 Val Asp Val Pro Ser Ala Leu Leu Trp Ile Glu Pro Ala Thr Val Phe
 135 140 145

gat gtg tac tat ttt tac ttc aat ggg tat gcc gat gat atc gat gcg	533
Asp Val Tyr Tyr Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Asp Ile Asp Ala	
150 155 160	
ggc tca gat caa atc caa ctg ccc aat ctt ccg cag ctc tcc aag caa	581
Gly Ser Asp Gln Ile Gln Leu Pro Asn Leu Pro Gln Leu Ser Lys Gln	
165 170 175	
gat ctc ccc tct ttc cta ctc cct tcg agc ccc gcg aga ttc cga acc	629
Asp Leu Pro Ser Phe Leu Leu Pro Ser Ser Pro Ala Arg Phe Arg Thr	
180 185 190 195	
cta atg aaa gaa aag ttc gac acg ctc gac aaa gaa ccg aaa gcg aag	677
Leu Met Lys Glu Lys Phe Asp Thr Leu Asp Lys Glu Pro Lys Ala Lys	
200 205 210	
gtc ttg ata aac acg ttc gac gca tta gaa acc gaa caa ctc aaa gcc	725
Val Leu Ile Asn Thr Phe Asp Ala Leu Glu Thr Glu Gln Leu Lys Ala	
215 220 225	
atc gac agg tat gaa cta ata tcc atc ggc cca tta atc cca tca tcg	773
Ile Asp Arg Tyr Glu Leu Ile Ser Ile Gly Pro Leu Ile Pro Ser Ser	
230 235 240	
ata ttc tca gat ggc aac gac ccc tca tca agc aac aaa tcc tac ggt	821
Ile Phe Ser Asp Gly Asn Asp Pro Ser Ser Ser Asn Lys Ser Tyr Gly	
245 250 255	
gga gac ctc ttc aga aaa gcc gat gaa act tac atg gac tgg cta aac	869
Gly Asp Leu Phe Arg Lys Ala Asp Glu Thr Tyr Met Asp Trp Leu Asn	
260 265 270 275	
tca aaa ccc gaa tca tcg gtc gtt tac gtt tcg ttc ggg agc ctc ctg	917
Ser Lys Pro Glu Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe Gly Ser Leu Leu	
280 285 290	

agg ctc ccg aaa ccc caa atg gaa gaa ata gca ata ggg ctt tca gac 965
 Arg Leu Pro Lys Pro Gln Met Glu Glu Ile Ala Ile Gly Leu Ser Asp
 295 300 305

acc aaa tcg cca gtt ctc tgg gtg ata aga aga aac gaa gag ggc gac 1013
 Thr Lys Ser Pro Val Leu Trp Val Ile Arg Arg Asn Glu Glu Gly Asp
 310 315 320

gaa caa gag caa gca gaa gaa gaa gag aag ctg ctg agc ttc ttt gat 1061
 Glu Gln Glu Gln Ala Glu Glu Glu Glu Lys Leu Leu Ser Phe Phe Asp
 325 330 335

cgt cac gga act gaa cga ctc ggg aaa atc gtg aca tgg tgc tca caa 1109
 Arg His Gly Thr Glu Arg Leu Gly Lys Ile Val Thr Trp Cys Ser Gln
 340 345 350 355

ttg gat gtt ctg acg cat aag tcg gtg gga tgc ttc gtg acg cat tgc 1157
 Leu Asp Val Leu Thr His Lys Ser Val Gly Cys Phe Val Thr His Cys
 360 365 370

ggt tgg aat tct gct atc gag agc ctg gct tgt ggt gtg ccc gtg gtg 1205
 Gly Trp Asn Ser Ala Ile Glu Ser Leu Ala Cys Gly Val Pro Val Val
 375 380 385

tgc ttt cct caa tgg ttc gat caa ggg act aat gcg aag atg atc gaa 1253
 Cys Phe Pro Gln Trp Phe Asp Gln Gly Thr Asn Ala Lys Met Ile Glu
 390 395 400

gat gtg tgg agg agt ggt gtg aga gtc aga gtg aat gag gaa ggc ggc 1301
 Asp Val Trp Arg Ser Gly Val Arg Val Arg Val Asn Glu Glu Gly Gly
 405 410 415

gtt gtt gat agg cgt gag att aag agg tgc gtc tcg gag gtt ata aag 1349
 Val Val Asp Arg Arg Glu Ile Lys Arg Cys Val Ser Glu Val Ile Lys
 420 425 430 435

agt cga gag ttg aga gaa agc gca atg atg tgg aag ggt ttg gct aaa 1397
 Ser Arg Glu Leu Arg Glu Ser Ala Met Met Trp Lys Gly Leu Ala Lys
 440 445 450
 gaa gct atg gat gaa gaa cgt gga tca tca atg aac aat ctg aag aat 1445
 Glu Ala Met Asp Glu Glu Arg Gly Ser Ser Met Asn Asn Leu Lys Asn
 455 460 465
 ttt att act agg att att aat gaa aat gcc tca taagttgtac 1488
 Phe Ile Thr Arg Ile Ile Asn Glu Asn Ala Ser
 470 475 478
 tatatatgtt attattgttg ttatggacgt cgaattaagt attagttaa tgatatgtat 1548
 ttagaggaag gccaaaacgg gctacacccg gcaggccacg ggttggaaaa gcccgccatg 1608
 atttaaaata tatattttaa aataaatatt ttctactatt aaactaaaaa aaaaaaaaaa 1668
 aaa 1671

 < 2 1 0 > 5
 < 2 1 1 > 1 4 3 7
 < 2 1 2 > D N A
 < 2 1 3 > Perilla frutescens
 < 4 0 0 > 5

 ttcaaaactc ataacgtgat tgagctaagtg gcacatctt cctcttcaaa gtctacagtg 60
 tcatcctacc agcatcatca tgatcaatct ctttataatg aggagaaatgg agtaacaagg 120
 agtgggtttt gttactcagc ttcaacctac gtacgtacta ctactgactc aactctcaag 180
 agaatgaata taatatataa tgggcgatag atctttgtag atatgtaggt gtagcctgca 240
 ggtggttaat taatttccgg tgtgggaaaa taaataaata aataaatata gcg atg agc 299

Met Ser

agc agc agc agc aga agg tgg aga gag aat gag ggg atg cga agg aca 347
 Ser Ser Ser Ser Arg Arg Trp Arg Glu Asn Glu Gly Met Arg Arg Thr
 5 10 15
 ttg ctg ggg ttg ggt ttg ggg cag ttg gtt tct ttc gat ttg gct atc 395
 Leu Leu Gly Leu Gly Leu Gly Gln Leu Val Ser Phe Asp Leu Ala Ile
 20 25 30
 atg acc ttt tct gct tct ttg gtt tca acc aca gtg gat gca cca ctt 443
 Met Thr Phe Ser Ala Ser Leu Val Ser Thr Thr Val Asp Ala Pro Leu
 35 40 45 50
 act atg tcg ttc act aca tac act gtt gtg gcc ctg ctc tat gga acc 491
 Thr Met Ser Phe Thr Thr Tyr Thr Val Val Ala Leu Leu Tyr Gly Thr
 55 60 65
 atc ttg ctt tac cgc cgc cac aaa ttc ttg gtt cca tgg tac tgg tat 539
 Ile Leu Leu Tyr Arg Arg His Lys Phe Leu Val Pro Trp Tyr Trp Tyr
 70 75 80
 gct ctc ctg ggg ttc gtg gac gtc cac ggc aat tat ctt gtt aat aaa 587
 Ala Leu Leu Gly Phe Val Asp Val His Gly Asn Tyr Leu Val Asn Lys
 85 90 95
 gca ttc gag ttg aca tcg att acg agt gtg agc ata ctg gat tgt tgg 635
 Ala Phe Glu Leu Thr Ser Ile Thr Ser Val Ser Ile Leu Asp Cys Trp
 100 105 110
 aca atc gtg tgg tcc atc atc ttt aca tgg atg ttc cta ggc aca aaa 683
 Thr Ile Val Trp Ser Ile Ile Phe Thr Trp Met Phe Leu Gly Thr Lys
 115 120 125 130
 tac tct gta tac cag ttt gtc ggt gct gct att tgt gta gga ggc ctc 731
 Tyr Ser Val Tyr Gln Phe Val Gly Ala Ala Ile Cys Val Gly Gly Leu
 135 140 145

ctc ctc gtg ctt ctt tcc gac tca ggg gtc act gct gct ggt tcg aat 779
 Leu Leu Val Leu Leu Ser Asp Ser Gly Val Thr Ala Ala Gly Ser Asn
 150 155 160
 cct ctt ttg ggt gat ttt ctt gtc ata aca ggc tct att ttg ttc aca 827
 Pro Leu Leu Gly Asp Phe Leu Val Ile Thr Gly Ser Ile Leu Phe Thr
 165 170 175
 ctc agc act gtt ggt cag gaa tac tgc gtg aag agg aaa gat cgt att 875
 Leu Ser Thr Val Gly Gln Glu Tyr Cys Val Lys Arg Lys Asp Arg Ile
 180 185 190
 gaa gta gta gca atg atc ggt gta ttt ggt atg ctc atc agt gca acc 923
 Glu Val Val Ala Met Ile Gly Val Phe Gly Met Leu Ile Ser Ala Thr
 195 200 205 210
 gag att act gtg ctg gag agg aat gcc ctc tca tca atg cag tgg tct 971
 Glu Ile Thr Val Leu Glu Arg Asn Ala Leu Ser Ser Met Gln Trp Ser
 215 220 225
 act gga ctt ttg gca gcc tat gtt gtt tat gca ctg tcc agc ttc ctc 1019
 Thr Gly Leu Leu Ala Ala Tyr Val Val Tyr Ala Leu Ser Ser Phe Leu
 230 235 240
 ttc tgc aca ctc acc cct ttt ctt ctc aag atg agt ggc gct gca ttt 1067
 Phe Cys Thr Leu Thr Pro Phe Leu Leu Lys Met Ser Gly Ala Ala Phe
 245 250 255
 ttc aat ctt tcc atg ctt aca tct gat atg tgg gct gtt gca att agg 1115
 Phe Asn Leu Ser Met Leu Thr Ser Asp Met Trp Ala Val Ala Ile Arg
 260 265 270
 aca ttc ata tac aac cag gag gtt gat tgg tta tac tat ttg gcc ttt 1163
 Thr Phe Ile Tyr Asn Gln Glu Val Asp Trp Leu Tyr Tyr Leu Ala Phe
 275 280 285 290

atc tta aca aca ttt cca gca caa ggc cat att aat cca gca ctt caa 406
 Ile Leu Thr Thr Phe Pro Ala Gln Gly His Ile Asn Pro Ala Leu Gln
 10 15 20
 ttt gcc aag aat ctt gtc aag atg ggc ata gaa gtg aca ttt tct aca 454
 Phe Ala Lys Asn Leu Val Lys Met Gly Ile Glu Val Thr Phe Ser Thr
 25 30 35
 agc att tat gcc caa agc cgt atg gat gaa aaa tcc att ctt aat gca 502
 Ser Ile Tyr Ala Gln Ser Arg Met Asp Glu Lys Ser Ile Leu Asn Ala
 40 45 50
 cca aaa gga ttg aat ttc att cca ttt tcc gat ggc ttt gat gaa ggt 550
 Pro Lys Gly Leu Asn Phe Ile Pro Phe Ser Asp Gly Phe Asp Glu Gly
 55 60 65 70
 ttt gat cat tca aaa gac cct gta ttt tac atg tca caa ctt cgt aaa 598
 Phe Asp His Ser Lys Asp Pro Val Phe Tyr Met Ser Gln Leu Arg Lys
 75 80 85
 tgt gga agt gaa act gtc aaa aaa ata att ctc act tgc tct gaa aat 646
 Cys Gly Ser Glu Thr Val Lys Lys Ile Ile Leu Thr Cys Ser Glu Asn
 90 95 100
 gga cag cct ata act tgc cta ctt tac tcc att ttc ctt cct tgg gca 694
 Gly Gln Pro Ile Thr Cys Leu Leu Tyr Ser Ile Phe Leu Pro Trp Ala
 105 110 115
 gca gag gta gca cgt gaa gtt cac atc cct tct gct ctt ctt tgg agt 742
 Ala Glu Val Ala Arg Glu Val His Ile Pro Ser Ala Leu Leu Trp Ser
 120 125 130
 caa cca gca aca ata ttg gac ata tat tac ttc aac ttt cat gga tat 790
 Gln Pro Ala Thr Ile Leu Asp Ile Tyr Tyr Phe Asn Phe His Gly Tyr
 135 140 145 150

gaa aaa gct atg gct aat gaa tcc aat gat cca aat tgg tcc att caa	838
Glu Lys Ala Met Ala Asn Glu Ser Asn Asp Pro Asn Trp Ser Ile Gln	
155 160 165	
ctt ccc ggg ctt cca cta ctg gaa act cga gat ctt cct tca ttt tta	886
Leu Pro Gly Leu Pro Leu Leu Glu Thr Arg Asp Leu Pro Ser Phe Leu	
170 175 180	
ctt cct tat ggt gca aaa ggg agt ctt cga gtt gca ctt cca cca ttc	934
Leu Pro Tyr Gly Ala Lys Gly Ser Leu Arg Val Ala Leu Pro Pro Phe	
185 190 195	
aaa gaa ttg ata gac aca tta gat gct gaa acc act cct aag att ctt	982
Lys Glu Leu Ile Asp Thr Leu Asp Ala Glu Thr Thr Pro Lys Ile Leu	
200 205 210	
gtg aat aca ttt gat gaa tta gag cct gag gca ctc aat gca att gaa	1030
Val Asn Thr Phe Asp Glu Leu Glu Pro Glu Ala Leu Asn Ala Ile Glu	
215 220 225 230	
ggg tat aag ttt tat gga att gga ccg ttg att cct tct gct ttc ttg	1078
Gly Tyr Lys Phe Tyr Gly Ile Gly Pro Leu Ile Pro Ser Ala Phe Leu	
235 240 245	
ggg gga aat gac cct tta gat gct tca ttt ggt ggt gat ctt ttt caa	1126
Gly Gly Asn Asp Pro Leu Asp Ala Ser Phe Gly Gly Asp Leu Phe Gln	
250 255 260	
aat tca aat gac tat atg gaa tgg tta aac tca aag cca aat tca tca	1174
Asn Ser Asn Asp Tyr Met Glu Trp Leu Asn Ser Lys Pro Asn Ser Ser	
265 270 275	
ggt ggt tat ata tct ttt ggg agt cta atg aat cca tct att agc caa	1222
Val Val Tyr Ile Ser Phe Gly Ser Leu Met Asn Pro Ser Ile Ser Gln	
280 285 290	

atg gag gag ata tca aaa ggg ttg ata gac ata gga agg ccg ttt tta 1270
 Met Glu Glu Ile Ser Lys Gly Leu Ile Asp Ile Gly Arg Pro Phe Leu
 295 300 305 310
 tgg gtg ata aaa gaa aat gaa aaa ggc aaa gaa gaa gag aat aaa aag 1318
 Trp Val Ile Lys Glu Asn Glu Lys Gly Lys Glu Glu Glu Asn Lys Lys
 315 320 325
 ctt ggt tgt att gaa gaa ttg gaa aaa ata gga aaa ata gtt cca tgg 1366
 Leu Gly Cys Ile Glu Glu Leu Glu Lys Ile Gly Lys Ile Val Pro Trp
 330 335 340
 tgt tca caa ctt gaa gtt cta aaa cat cca tct tta gga tgt ttt gtt 1414
 Cys Ser Gln Leu Glu Val Leu Lys His Pro Ser Leu Gly Cys Phe Val
 345 350 355
 tct cat tgt gga tgg aat tca gcc tta gag agt tta gct tgt gga gtg 1462
 Ser His Cys Gly Trp Asn Ser Ala Leu Glu Ser Leu Ala Cys Gly Val
 360 365 370
 cca gtt gtg gca ttt cct caa tgg aca gat caa atg aca aat gcc aaa 1510
 Pro Val Val Ala Phe Pro Gln Trp Thr Asp Gln Met Thr Asn Ala Lys
 375 380 385 390
 caa gtt gaa gat gtg tgg aaa agt gga gta aga gtg aga ata aat gaa 1558
 Gln Val Glu Asp Val Trp Lys Ser Gly Val Arg Val Arg Ile Asn Glu
 395 400 405
 gat ggt gtt gtt gaa agt gag gaa atc aaa agg tgt att gaa ttg gta 1606
 Asp Gly Val Val Glu Ser Glu Glu Ile Lys Arg Cys Ile Glu Leu Val
 410 415 420
 atg gat gga gga gag aaa ggg gaa gaa ttg aga aag aat gct aag aaa 1654
 Met Asp Gly Gly Glu Lys Gly Glu Glu Leu Arg Lys Asn Ala Lys Lys
 425 430 435

tgg aaa gaa ttg gct aga gaa gct gtg aag gaa ggt gga tct tca cac 1702
 Trp Lys Glu Leu Ala Arg Glu Ala Val Lys Glu Gly Gly Ser Ser His
 440 445 450
 aag aat tta aag gct ttt att gat gat gtt gcc aaa ggg ttt taatattac 1754
 Lys Asn Leu Lys Ala Phe Ile Asp Asp Val Ala Lys Gly Phe
 455 460 465 468
 aggcttttgc cgtgatatta cttcccctag ttggcgattc actctttgtg gacttgcttg 1814
 acaaaaaact gagggaatgt gctaagacac gctaatgctt taagaagtca tttccaaggc 1874
 ttgaagcctg cttttaaacc ttattagcca gtaatctata gggttctctt ctatTTTTct 1934
 ctgtctctct ttttagcctt tttctttcca aggtttaaga atagcgtgaa catagcttag 1994
 tacgtagtct tggtagctct atcttaccaa gtgcaagatt atgcttatgc tgtcctccta 2054
 aatttcttaa taaatgcaa gatgaaaaag tacaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2105

< 2 1 0 > 7

< 2 1 1 > 4 6 0

< 2 1 2 > P R T

< 2 1 3 > *Perilla frutescens*

< 4 0 0 > 7

Met Val Arg Arg Arg Val Leu Leu Ala Thr Phe Pro Ala Gln Gly His
 1 5 10 15
 Ile Asn Pro Ala Leu Gln Phe Ala Lys Arg Leu Leu Lys Ala Gly Thr
 20 25 30
 Asp Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Trp Arg Arg Met Ala Asn
 35 40 45
 Thr Ala Ser Ala Ala Ala Gly Asn Pro Pro Gly Leu Asp Phe Val Ala
 50 55 60
 Phe Ser Asp Gly Tyr Asp Asp Gly Leu Lys Pro Cys Gly Asp Gly Lys
 65 70 75 80

Arg Tyr Met Ser Glu Met Lys Ala Arg Gly Ser Glu Ala Leu Arg Asn
 85 90 95

Leu Leu Leu Asn Asn His Asp Val Thr Phe Val Val Tyr Ser His Leu
 100 105 110

Phe Ala Trp Ala Ala Glu Val Ala Arg Glu Ser Gln Val Pro Ser Ala
 115 120 125

Leu Leu Trp Val Glu Pro Ala Thr Val Leu Cys Ile Tyr Tyr Phe Tyr
 130 135 140

Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Glu Ile Asp Ala Gly Ser Asp Glu Ile Gln
 145 150 155 160

Leu Pro Arg Leu Pro Pro Leu Glu Gln Arg Ser Leu Pro Thr Phe Leu
 165 170 175

Leu Pro Glu Thr Pro Glu Arg Phe Arg Leu Met Met Lys Glu Lys Leu
 180 185 190

Glu Thr Leu Asp Gly Glu Glu Lys Ala Lys Val Leu Val Asn Thr Phe
 195 200 205

Asp Ala Leu Glu Pro Asp Ala Leu Thr Ala Ile Asp Arg Tyr Glu Leu
 210 215 220

Ile Gly Ile Gly Pro Leu Ile Pro Ser Ala Phe Leu Asp Gly Gly Asp
 225 230 235 240

Pro Ser Glu Thr Ser Tyr Gly Gly Asp Leu Phe Glu Lys Ser Glu Glu
 245 250 255

Asn Asn Cys Val Glu Trp Leu Asp Thr Lys Pro Lys Ser Ser Val Val
 260 265 270

Tyr Val Ser Phe Gly Ser Val Leu Arg Phe Pro Lys Ala Gln Met Glu
 275 280 285

Glu Ile Gly Lys Gly Leu Leu Ala Cys Gly Arg Pro Phe Leu Trp Met

Met Val Arg Arg Arg Val Leu Leu Ala Thr Phe Pro Ala Gln Gly His
 1 5 10 15

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

Asp Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Trp Arg Arg Met Ala Asn
 35 40 45

Thr Ala Ser Ala Ala Ala Gly Asn Pro Pro Gly Leu Asp Phe Val Ala
 50 55 60

Phe Ser Asp Gly Tyr Asp Asp Gly Leu Lys Pro Gly Gly Asp Gly Lys
 65 70 75 80

Arg Tyr Met Ser Glu Met Lys Ala Arg Gly Ser Glu Ala Leu Arg Asn
 85 90 95

Leu Leu Leu Asn Asn Asp Asp Val Thr Phe Val Val Tyr Ser His Leu
 100 105 110

Phe Ala Trp Ala Ala Glu Val Ala Arg Leu Ser His Val Pro Thr Ala
 115 120 125

Leu Leu Trp Val Glu Pro Ala Thr Val Leu Cys Ile Tyr His Phe Tyr
 130 135 140

Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Glu Ile Asp Ala Gly Ser Asn Glu Ile Gln
 145 150 155 160

Leu Pro Arg Leu Pro Ser Leu Glu Gln Arg Ser Leu Pro Thr Phe Leu
 165 170 175

Leu Pro Ala Thr Pro Glu Arg Phe Arg Leu Met Met Lys Glu Lys Leu
 180 185 190

Glu Thr Leu Asp Gly Glu Glu Lys Ala Lys Val Leu Val Asn Thr Phe
 195 200 205

Val Met Asp Gly Gly Asp Lys Thr Lys Leu Val Arg Glu Asn Ala Ile

420

425

430

Lys Trp Lys Thr Leu Ala Arg Gln Ala Met Gly

435

440

443

< 2 1 0 > 9

< 2 1 1 > 4 6 1

< 2 1 2 > P R T

< 2 1 3 > Verbena hybrida

< 4 0 0 > 9

Met Ser Arg Ala His Val Leu Leu Ala Thr Phe Pro Ala Gln Gly His

1

5

10

15

Ile Asn Pro Ala Leu Gln Phe Ala Lys Arg Leu Ala Asn Ala Asp Ile

20

25

30

Gln Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Trp Arg Arg Met Ser Arg

35

40

45

Thr Ala Ala Gly Ser Asn Gly Leu Ile Asn Phe Val Ser Phe Ser Asp

50

55

60

Gly Tyr Asp Asp Gly Leu Gln Pro Gly Asp Asp Gly Lys Asn Tyr Met

65

70

75

80

Ser Glu Met Lys Ser Arg Gly Ile Lys Ala Leu Ser Asp Thr Leu Ala

85

90

95

Ala Asn Asn Val Asp Gln Lys Ser Ser Lys Ile Thr Phe Val Val Tyr

100

105

110

Ser His Leu Phe Ala Trp Ala Ala Lys Val Ala Arg Glu Phe His Leu

115

120

125

Arg Ser Ala Leu Leu Trp Ile Glu Pro Ala Thr Val Leu Asp Ile Phe

130

135

140

His Cys Gly Trp Asn Ser Thr Leu Glu Ser Ile Ser Phe Gly Val Pro

355

360

365

Met Val Ala Phe Pro Gln Trp Phe Asp Gln Gly Thr Asn Ala Lys Leu

370

375

380

Met Glu Asp Val Trp Arg Thr Gly Val Arg Val Arg Ala Asn Glu Glu

385

390

395

400

Gly Ser Val Val Asp Gly Asp Glu Ile Arg Arg Cys Ile Glu Glu Val

405

410

415

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

420

425

430

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

435

440

445

Asn Asn Leu Lys Val Phe Leu Asp Glu Val Val Gly Ile

450

455

460 461

< 2 1 0 > 1 0

< 2 1 1 > 4 7 8

< 2 1 2 > P R T

< 2 1 3 > *Torenia hybrida*

< 2 2 0 >

< 2 2 1 >

< 2 2 2 >

< 2 2 3 > Xaa (64) is Cys or Phe, Xaa (65) is Ser or Pro.

< 4 0 0 > 1 0

Met Val Asn Lys Arg His Ile Leu Leu Ala Thr Phe Pro Ala Gln Gly

1

5

10

15

His Ile Asn Pro Ser Leu Glu Phe Ala Lys Arg Leu Leu Asn Thr Gly

20

25

30

Tyr Val Asp Gln Val Thr Phe Phe Thr Ser Val Tyr Ala Leu Arg Arg
 35 40 45
 Met Arg Phe Glu Thr Asp Pro Ser Ser Arg Ile Asp Phe Val Ala Xaa
 50 55 60
 Xaa Asp Ser Tyr Asp Asp Gly Leu Lys Lys Gly Asp Asp Gly Lys Asn
 65 70 75 80
 Tyr Met Ser Glu Met Arg Lys Arg Gly Thr Lys Ala Leu Lys Asp Thr
 85 90 95
 Leu Ile Lys Leu Asn Asp Ala Ala Met Gly Ser Glu Cys Tyr Asn Arg
 100 105 110
 Val Ser Phe Val Val Tyr Ser His Leu Phe Ser Trp Ala Ala Glu Val
 115 120 125
 Ala Arg Glu Val Asp Val Pro Ser Ala Leu Leu Trp Ile Glu Pro Ala
 130 135 140
 Thr Val Phe Asp Val Tyr Tyr Phe Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Asp Asp
 145 150 155 160
 Ile Asp Ala Gly Ser Asp Gln Ile Gln Leu Pro Asn Leu Pro Gln Leu
 165 170 175
 Ser Lys Gln Asp Leu Pro Ser Phe Leu Leu Pro Ser Ser Pro Ala Arg
 180 185 190
 Phe Arg Thr Leu Met Lys Glu Lys Phe Asp Thr Leu Asp Lys Glu Pro
 195 200 205
 Lys Ala Lys Val Leu Ile Asn Thr Phe Asp Ala Leu Glu Thr Glu Gln
 210 215 220
 Leu Lys Ala Ile Asp Arg Tyr Glu Leu Ile Ser Ile Gly Pro Leu Ile
 225 230 235 240

Pro Ser Ser Ile Phe Ser Asp Gly Asn Asp Pro Ser Ser Ser Asn Lys
 245 250 255

Ser Tyr Gly Gly Asp Leu Phe Arg Lys Ala Asp Glu Thr Tyr Met Asp
 260 265 270

Trp Leu Asn Ser Lys Pro Glu Ser Ser Val Val Tyr Val Ser Phe Gly
 275 280 285

Ser Leu Leu Arg Leu Pro Lys Pro Gln Met Glu Glu Ile Ala Ile Gly
 290 295 300

Leu Ser Asp Thr Lys Ser Pro Val Leu Trp Val Ile Arg Arg Asn Glu
 305 310 315 320

Glu Gly Asp Glu Gln Glu Gln Ala Glu Glu Glu Glu Lys Leu Leu Ser
 325 330 335

Phe Phe Asp Arg His Gly Thr Glu Arg Leu Gly Lys Ile Val Thr Trp
 340 345 350

Cys Ser Gln Leu Asp Val Leu Thr His Lys Ser Val Gly Cys Phe Val
 355 360 365

Thr His Cys Gly Trp Asn Ser Ala Ile Glu Ser Leu Ala Cys Gly Val
 370 375 380

Pro Val Val Cys Phe Pro Gln Trp Phe Asp Gln Gly Thr Asn Ala Lys
 385 390 395 400

Met Ile Glu Asp Val Trp Arg Ser Gly Val Arg Val Arg Val Asn Glu
 405 410 415

Glu Gly Gly Val Val Asp Arg Arg Glu Ile Lys Arg Cys Val Ser Glu
 420 425 430

Val Ile Lys Ser Arg Glu Leu Arg Glu Ser Ala Met Met Trp Lys Gly
 435 440 445

Leu Ala Lys Glu Ala Met Asp Glu Glu Arg Gly Ser Ser Met Asn Asn
 450 455 460
 Leu Lys Asn Phe Ile Thr Arg Ile Ile Asn Glu Asn Ala Ser
 465 470 475 478
 < 2 1 0 > 1 1
 < 2 1 1 > 3 3 5
 < 2 1 2 > P R T
 < 2 1 3 > *Perilla frutescens*
 < 4 0 0 > 1 1
 Met Ser Ser Ser Ser Ser Arg Arg Trp Arg Glu Asn Glu Gly Met Arg
 1 5 10 15
 Arg Thr Leu Leu Gly Leu Gly Leu Gly Gln Leu Val Ser Phe Asp Leu
 20 25 30
 Ala Ile Met Thr Phe Ser Ala Ser Leu Val Ser Thr Thr Val Asp Ala
 35 40 45
 Pro Leu Thr Met Ser Phe Thr Thr Tyr Thr Val Val Ala Leu Leu Tyr
 50 55 60
 Gly Thr Ile Leu Leu Tyr Arg Arg His Lys Phe Leu Val Pro Trp Tyr
 65 70 75 80
 Trp Tyr Ala Leu Leu Gly Phe Val Asp Val His Gly Asn Tyr Leu Val
 85 90 95
 Asn Lys Ala Phe Glu Leu Thr Ser Ile Thr Ser Val Ser Ile Leu Asp
 100 105 110
 Cys Trp Thr Ile Val Trp Ser Ile Ile Phe Thr Trp Met Phe Leu Gly
 115 120 125
 Thr Lys Tyr Ser Val Tyr Gln Phe Val Gly Ala Ala Ile Cys Val Gly
 130 135 140

Gly Leu Leu Leu Val Leu Leu Ser Asp Ser Gly Val Thr Ala Ala Gly
 145 150 155 160
 Ser Asn Pro Leu Leu Gly Asp Phe Leu Val Ile Thr Gly Ser Ile Leu
 165 170 175
 Phe Thr Leu Ser Thr Val Gly Gln Glu Tyr Cys Val Lys Arg Lys Asp
 180 185 190
 Arg Ile Glu Val Val Ala Met Ile Gly Val Phe Gly Met Leu Ile Ser
 195 200 205
 Ala Thr Glu Ile Thr Val Leu Glu Arg Asn Ala Leu Ser Ser Met Gln
 210 215 220
 Trp Ser Thr Gly Leu Leu Ala Ala Tyr Val Val Tyr Ala Leu Ser Ser
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Cys Thr Leu Thr Pro Phe Leu Leu Lys Met Ser Gly Ala
 245 250 255
 Ala Phe Phe Asn Leu Ser Met Leu Thr Ser Asp Met Trp Ala Val Ala
 260 265 270
 Ile Arg Thr Phe Ile Tyr Asn Gln Glu Val Asp Trp Leu Tyr Tyr Leu
 275 280 285
 Ala Phe Cys Leu Val Val Val Gly Ile Phe Ile Tyr Thr Lys Thr Glu
 290 295 300
 Lys Asp Pro Asn Asn Thr Arg Ala Leu Glu Asn Gly Asn Leu Asp His
 305 310 315 320
 Glu Tyr Ser Leu Leu Glu Asp Gln Asp Asp Thr Pro Arg Lys Pro
 325 330 335
 < 2 1 0 > 1 2
 < 2 1 1 > 4 6 8
 < 2 1 2 > P R T

< 2 1 3 > Petunia hybrida

< 4 0 0 > 1 2

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

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

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

405

410

415

Arg Cys Ile Glu Leu Val Met Asp Gly Gly Glu Lys Gly Glu Glu Leu

420

425

430

Arg Lys Asn Ala Lys Lys Trp Lys Glu Leu Ala Arg Glu Ala Val Lys

435

440

445

Glu Gly Gly Ser Ser His Lys Asn Leu Lys Ala Phe Ile Asp Asp Val

450

455

460

Ala Lys Gly Phe

465

468

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP98/03199

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁶ C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁶ C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

SwissProt/PIR/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	EP, 771878, A1 (PLANT GENETIC SYSTEMS NV), 7 May, 1997 (07. 05. 97) & WO, 97/16559, A1	1-11
A	Science. Vol. 265 (1994) Szerszen, J.B et al., "iaglu, a gene from Zea mays involeved in conjugation of growth hormone indole-3-acetic acid." p.1699-1701	1-11
A	WO, 96/00291, A1 (RESEARCH CORP TECHNOLOGIES INC.), 4 January, 1996 (04. 01. 96)	1-11

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
 "E" earlier document but published on or after the international filing date
 "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
 "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
 "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
 "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
 "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
 "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
18 September, 1998 (18. 09. 98)Date of mailing of the international search report
29 September, 1998 (29. 09. 98)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC)) Int.Cl ⁶ C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00		
B. 調査を行った分野 調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC)) Int.Cl ⁶ C12N15/54, C12N9/10, A01H1/00		
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの		
国際調査で使用了電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語) SwissProt/PIR/GeneSeq		
C. 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	EP, 771878, A1 (PLANT GENETIC SYSTEMS NV) 7. 5月. 1997 (07. 05. 97) & WO, 97/16559, A1	1-11
A	Science. vol. 265 (1994) Szerszen, J. B et al. 「iaglu, a gene from Zea mays involeved in conjugation of growth hormone indole-3-acetic acid.」 p. 1699-1701	1-11
A	WO, 96/00291, A1 (RESEARCH CORP TECHNOLOGIES INC.) 4. 1月. 1996 (04. 01. 96)	1-11
<input type="checkbox"/> C欄の続きにも文献が列挙されている。 <input type="checkbox"/> パテントファミリーに関する別紙を参照。		
* 引用文献のカテゴリー 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの 「E」 先行文献ではあるが、国際出願日以後に公表されたもの 「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す) 「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願日の後に公表された文献 「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であつて出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの 「X」 特に関連のある文献であつて、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの 「Y」 特に関連のある文献であつて、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの 「&」 同一パテントファミリー文献		
国際調査を完了した日 18. 09. 98	国際調査報告の発送日 29.09.98	
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/JP) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 新見 浩一 印	4B 9162 電話番号 03-3581-1101 内線 3448