

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載

【部門区分】第1部門第1区分

【発行日】平成18年10月19日(2006.10.19)

【公表番号】特表2006-507840(P2006-507840A)

【公表日】平成18年3月9日(2006.3.9)

【年通号数】公開・登録公報2006-010

【出願番号】特願2004-569994(P2004-569994)

【国際特許分類】

C 12 N 15/09 (2006.01)

A 01 H 5/00 (2006.01)

C 12 N 5/10 (2006.01)

【F I】

C 12 N 15/00 Z N A A

A 01 H 5/00 A

C 12 N 5/00 C

【誤訳訂正書】

【提出日】平成18年9月1日(2006.9.1)

【誤訳訂正1】

【訂正対象書類名】特許請求の範囲

【訂正対象項目名】全文

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項1】

(a) 配列番号7に示される配列を含む核酸分子、

(b) 配列番号8に示されるアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする核酸分子、

(c) 配列番号7に示される配列に対して少なくとも95%配列同一性を有し、植物に対して耐病性を与えるポリペプチドをコードするヌクレオチド配列を含む核酸分子、

(d) 植物に対して耐病性を与える能力を保持し、かつ配列番号8の少なくとも40個の隣接したアミノ酸を含む、配列番号8のアミノ酸配列を含むポリペプチドのフラグメントをコードする核酸分子、および

(e) ストリンジェントな条件下でa)またはb)の配列にハイブリダイズし、植物に対して耐病性を与えるポリペプチドをコードする核酸分子であって、該ストリンジェントな条件は、50%ホルムアミド、1M NaCl、1% SDS中の37%でのハイブリダイゼーション、および0.1×SSCで60~65%での洗浄を含む、核酸分子、からなる群から選択される単離された核酸分子。

【請求項2】

前記核酸分子が、植物に対してBlast耐性を与えるポリペプチドをコードする、請求項1記載の核酸分子。

【請求項3】

植物細胞中での発現を駆動するプロモーターに作動可能に結合する請求項1または2記載のヌクレオチド配列を含むDNA構築物。

【請求項4】

請求項1記載の核酸分子を含むベクター。

【請求項5】

請求項3記載のDNA構築物をゲノムに安定的に組み込んだ植物細胞。

【請求項6】

請求項3記載のDNA構築物をゲノムに安定的に組み込んだ植物。

【請求項 7】

植物中で耐病性を生成または増強するための方法であって、該方法は、核酸分子を含むDNA構築物で該植物を形質転換することと、該植物中で該核酸分子を発現させることとを含み、該核酸分子が

- (a) 配列番号7に示される配列を含む核酸分子、
- (b) 配列番号8に示されるアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする核酸分子、
- (c) 配列番号7に示される配列に対して少なくとも95%配列同一性を有し、植物に対して耐病性を与えるポリペプチドをコードするヌクレオチド配列を含む核酸分子、
- (d) 植物に対して耐病性を与える能力を保持し、かつ配列番号8の少なくとも40個の隣接したアミノ酸を含む、配列番号8のアミノ酸配列を含むポリペプチドのフラグメントをコードする核酸分子、および
- (e) ストリンジエントな条件下でa)またはb)の配列の相補体にハイブリダイズし、植物に対して耐病性を与えるポリペプチドをコードする核酸分子であって、該ストリンジエントな条件は、50%ホルムアミド、1M NaCl、1% SDS中の37でのハイブリダイゼーション、および0.1×SSCで60～65での洗浄を含む、核酸分子、

からなる群から選択される、方法。

【請求項 8】

前記核酸分子が、植物に対してBlast耐性を与えるポリペプチドをコードする、請求項7記載の方法。

【請求項 9】

前記植物が双子葉類である、請求項7または8記載の方法。

【請求項 10】

前記植物が单子葉類である、請求項7または8記載の方法。

【請求項 11】

前記单子葉類がトウモロコシ、モロコシ、オオムギ、イネ、およびコムギからなる群から選択される、請求項10記載の方法。

【請求項 12】

前記プロモーターが構成性プロモーターである、請求項7または8記載の方法。

【請求項 13】

前記プロモーターが誘導性プロモーターである、請求項7または8記載の方法。

【請求項 14】

植物細胞中でのコード配列の発現を駆動するプロモーターに作動可能に結合する核酸分子を含むDNA構築物で安定的に形質転換される植物であって、前記核酸分子が

- (a) 配列番号7に示される配列、またはその相補体を含む核酸分子、
- (b) 配列番号8に示されるアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする核酸分子、
- (c) 配列番号7に示される配列に対して少なくとも95%配列同一性を有し、植物に対して耐病性を与えるポリペプチドをコードするヌクレオチド配列を含む核酸分子、
- (d) 植物に対して耐病性を与える能力を保持し、かつ配列番号8の少なくとも40個の隣接したアミノ酸を含む、配列番号8のアミノ酸配列を含むポリペプチドのフラグメントをコードする核酸分子、および
- (e) ストリンジエントな条件下でa)またはb)の配列にハイブリダイズし、植物に対して耐病性を与えるポリペプチドをコードする核酸分子であって、該ストリンジエントな条件は、50%ホルムアミド、1M NaCl、1% SDS中の37でのハイブリダイゼーション、および0.1×SSCで60～65での洗浄を含む、核酸分子、

からなる群から選択される、植物。

【請求項 15】

前記核酸分子が、植物に対してBlast耐性を与えるポリペプチドをコードする、請求項14記載の植物。

【請求項 16】

前記植物が双子葉類である、請求項1 4または1 5記載の植物。

【請求項 1 7】

前記植物が单子葉類である、請求項1 4または1 5記載の植物。

【請求項 1 8】

前記单子葉類がトウモロコシ、モロコシ、オオムギ、イネ、およびコムギからなる群から選択される、請求項1 7記載の植物。

【請求項 1 9】

前記プロモーターが構成性プロモーターである、請求項1 4または1 5記載の植物。

【請求項 2 0】

前記プロモーターが誘導性プロモーターである、請求項1 4または1 5記載の植物。

【請求項 2 1】

請求項1 4、1 5、1 6、1 7または1 8記載の植物のトランスジェニック種子。

【請求項 2 2】

B 1 a s t 菌に感受性の植物またはその一部のゲノムにおける P i 2 遺伝子座を検出する方法であって、該方法は、

a) 該植物または該植物の一部に由来する配列番号1 3に示される DNA フラグメントを増幅する工程であって、該 DNA フラグメントは、配列番号7のゲノム配列に連結される特定の領域を増幅する、工程；および

b) 該 B 1 a s t 菌に対する耐性を有する植物を同定する工程を包含する、方法。

【請求項 2 3】

前記 DNA フラグメントが、配列番号1 3のヌクレオチド 5 4 2 0 3 ~ 6 7 3 1 9 である、請求項2 2記載の方法。

【請求項 2 4】

前記 DNA フラグメントが、配列番号1 3のヌクレオチド 5 4 2 0 3 ~ 5 6 2 1 6 である、請求項2 2記載の方法。

【請求項 2 5】

前記 DNA フラグメントが、配列番号2 0または配列番号2 1に示される配列を含む一対のプライマーを用いて増幅される、請求項2 4記載の方法。

【請求項 2 6】

前記 DNA フラグメントが、配列番号2 2または配列番号2 3に示される配列を含む一対のプライマーを用いて増幅される、請求項2 4記載の方法。

【請求項 2 7】

前記植物がイネである、請求項2 2記載の方法。

【誤訳訂正 2】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 0 6

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 0 6】

(発明の要旨)

病虫害に対する耐性を生成または強化するための組成物および方法を提供する。組成物は、イネからクローニングされた新規 P i 2 様耐病性遺伝子ホモログのヌクレオチド配列であり、それによってコードされるタンパク質もしくは部分的長さのタンパク質またはポリペプチドのアミノ酸配列である。本発明の方法は、植物細胞内のヌクレオチド・コード配列の発現を駆動することができるプロモーターに作動可能に結合したこれらの新規耐病性 P i 2 様遺伝子ホモログの1つによって、植物を安定的に形質転換することに関する。新規ヌクレオチド配列の発現は、侵入植物病原菌によって植物体内に放出された相補的な植物病原体非病原性遺伝子産物と相互作用することによって、耐病性が植物に与えられ

る。本発明の方法は、菌類病原体、ウイルス、線虫、昆虫等を含む病虫害の抑制に用途が見いだされる。

【誤訳訂正3】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0009

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0009】

本発明は、配列番号1、3、6、7、9、および11として、NBS1～NBS6のそれぞれの核酸配列を開示する。本発明は、また配列番号2、4、6、8、10、および12として、NBS1～6のそれぞれに対応するアミノ酸配列も開示する。配列番号13は、実施例3で得られたPi2領域にある99,090bpの連続した配列を開示する。配列番号14および15は、それぞれ実施例6のcDNA-45およびcDNA-21に対応、すなわち終止コドンを過ぎてのびるNBS4の部分的にシークエンシングされた2つの3'フラグメントに対応し、NBS4遺伝子の3'末端に隣接するDNAフラグメントが含まれる。

【誤訳訂正4】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0010

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0010】

本発明は、単離または実質的に精製された核酸またはタンパク質組成物を含む。「単離(isolated)」または「精製(purified)」された核酸分子またはタンパク質、あるいはその生物学的活性のあるタンパク質は、その天然に生ずる環境で見いだされる核酸分子またはタンパク質と通常伴うまたは相互作用する構成要素を実質的にまたは本質的に含まない。したがって、単離または精製された核酸分子もしくはタンパク質が、組換え技術によって生産された場合、他の細胞物質、あるいは培地を実質的に含まないか、あるいは化学的に合成された他の化学物質または化学物質前駆体を実質的に含まない。好ましくは、「単離」された核酸は、その核酸が由来する生物のゲノムDNAにおいてその核酸に天然に隣接する配列(すなわち、その核酸の5'および3'末端に位置した配列)を含まず、その核酸は、好ましくは、タンパク質コード配列である。例えば、種々の実施形態では、単離された核酸分子は、その核酸が由来する生物のゲノムDNAにおいてその核酸に天然に隣接するヌクレオチド配列の約5kb、4kb、3kb、2kb、1kb、0.5kb、または0.1kb未満の核酸を含むことができる。細胞物質を実質的に含まないタンパク質として、約30%、20%、10%、5%、または1%(乾燥重量あたり)未満の混入タンパク質を含むタンパク質の製剤が挙げられる。本発明のタンパク質またはその生物学的に活性のあるタンパク質が組換え的に生成された場合、好ましくは、培地は約30%、20%、10%、5%、または1%(乾燥重量あたり)の化学的前駆体または目的とする非タンパク質化学物質を表す。

【誤訳訂正5】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0040

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0040】

これらの数学的アルゴリズムのコンピューター・インプリメンテーションを配列の比較

のために用いて、配列同一性を決定することができる。そのようなインプリメンテーションとしては、限定はされないが、P C / G e n e プログラム中のC L U S T A L (I n t e l l i g e n e t i c s , M o u n t a i n V i e w , C a l i f r n i a から入手可能) ; A L I G N プログラム (バージョン 2 . 0) 、ならびに W i s c o n s i n G e n e t i c s ソフトウェア・パッケージ・バージョン 8 中の G A P 、 B E S T F I T 、 B L A S T 、 F A S T A 、および T F A S T A (Genetics Computer Group (G C G) , 5 7 5 S c i e n c e D r i v e , M a d i s o n , W i s c o n s i n , U S A から入手可能) が挙げられる。これらのプログラムを使用するアラインメントを、デフォルト・パラメータを用いて実行することができる。C L U S T A L プログラムについては、 H i g g i n s e t a l . (1 9 8 8) G e n e 7 3 : 2 3 7 - 2 4 4 (1 9 8 8) ; H i g g i n s e t a l . (1 9 8 9) C A B I O S 5 : 1 5 1 - 1 5 3 ; C o r p e t e t a l . (1 9 8 8) N u c l e i c A c i d s R e s . 1 6 : 1 0 8 8 1 - 9 0 ; H u a n g e t a l . (1 9 9 2) C A B I O S 8 : 1 5 5 - 6 5 ; および P e a r s o n e t a l . (1 9 9 4) M e t h . M o l . B i o l . 2 4 : 3 0 7 - 3 3 1 によって十分に記載されている。A L I G N プログラムは、 M y e r s a n d M i l l e r (1 9 8 8) (上掲) のアルゴリズムにもとづく。アミノ酸配列を比較する際、 P A M 1 2 0 加重値留数テーブル、 1 2 のギャップ長さペナルティ、および 4 のギャップ・ペナルティを A L I G N プログラムとともに用いることができる。 A l t s c h u l e t a l (1 9 9 0) J . M o l . B i o l . 2 1 5 : 4 0 3 の B L A S T プログラムは、 K a r l i n a n d A l t s c h u l (1 9 9 0) (上掲) のアルゴリズムにもとづく。 B L A S T ヌクレオチド検索を、 B L A S T N プログラム、スコア = 1 0 0 、ワード長さ = 1 2 で実行して、本発明のタンパク質をコードするヌクレオチド配列に相異なるヌクレオチド配列を得ることができる。 B L A S T タンパク質検索を、 B L A S T X プログラム、スコア = 5 0 、ワード長さ = 3 で実行して、本発明のタンパク質またはポリペプチドに相異なるアミノ酸配列を得ることができる。比較目的のためにギャップがあるアラインメントを得るために、 G a p p e d B L A S T (B L A S T 2 . 0 中の) を、 A l t s c h u l e t a l . (1 9 9 7) N u c l e i c A c i d s R e s . 2 5 : 3 3 8 9 に記載されるように用いることができる。または、 P S I - B L A S T (B L A S T 2 . 0 中の) を用いて、分子間の隔たった関係を検出する反復検索を実行することができる。 A l t s c h u l e t a l . (1 9 9 7) (上掲) を参照せよ。 B L A S T 、 G a p p e d B L A S T 、 P S I - B L A S T を用いる際、それぞれのプログラムのデフォルト・パラメータ (例えば、ヌクレオチド配列に対しては B L A S T N 、タンパク質に対しては B L A S T X) を用いることができる。検査によって、アラインメントを手動で実行することも可能である。

【誤訳訂正 6】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0 0 8 5

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0 0 8 5】

【表1】

表 1. Pi2マッピングに用いたプライマー配列

マーカー	名称	配列	参照
RG6	431	GTT GTT TGA GCT CTC CAA TGC CTG TTC	Yu et al. 1991
	432	CTG CAG TGC AAT GTA CGG CCA GG	
NBS1	pi9-p5	AGA GGA AGT GAA TAC ACA CC	
	pi9-p6	GCA AAC TGA GCT GGA GAA G	
NBS2	pi9-p9	TCT ATA GAA GTG CAA ACA GC	
	pi9-p10	TTA GGT ACG AAG ATG AGT AG	
NBS4	NBS6-F1	GGT TTC CCA CTC TCT TAC A	
	pi9-p12	TCT GTT GCT TCC ACT TCA AC	

Pi9領域のゲノム配列にもとづいて、5つのプライマー対 (RG64 [431 : 配列番号17、および432 : 配列番号18]、NBS1 [pi9-p5 : 配列番号19、およびpi9-p6 : 配列番号20]、NBS2 [pi9-p9 : 配列番号21、およびpi9-p10 : 配列番号22]、NBS4 [NBS6-F1 : 配列番号23、およびNBS4 pi9-p12 : 配列番号24]、およびNBS6) (表1) を設計した。初めに、これらのプライマーを用いて、C101A51とCO39との間の多型をスクリーニングした。NBS1およびNBS6プライマーは、CO39からの特異的なバンドを増幅できず、一方で、NBS2プライマーは、C101A51からの特異的なバンドを増幅できただけであった。NBS4プライマーは、C101A51およびCO39両方からのバンドを増幅したが、PCR産物は異なるサイズであった。RG64プライマーについては、多型は、制限酵素HaeIIIでのPCR産物の消化後のみに2つの親間で認められた (Hittelmani et al. (1995) Theor. Appl. Genet. 100: 1121-1128)。したがって、我々は、NBS2、NBS4、およびRG64プライマーを用いて、合計505個の感受性植物をスクリーニングした。15個の組み換え体がRG64遺伝子座で見出され、これは、該マーカーとPi2遺伝子との間の2.8cM距離のRFLPマッピング結果に整合している (Yu et al. (1991) Theor. Appl. Genet. 81: 471-476)。RFLPマーカーR2131間の別の426個のF2植物中で、8つの組み換え体を同定し、Pi2遺伝子からの2.7cMの距離が示された。505個の感受性植物中のPi2とNBS2またはNBS4マーカーとの間で見出された組み換え体はなかった。これらの結果は、Pi2がNBS2およびNBS4両方に高度に連鎖することを示す。

【誤訳訂正7】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0094

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0094】

【表3】

表3. NBS2およびNBS4のcDNAクローニングに用いたプライマー配列

BAC84F1	TTG AAA GCG AAG AAG ACA TT	配列番号25
BAC84R1	GAC GAC CAC ATT TAT TTA CA	配列番号26
NBS2-p1	AAC GAA TCC ATG GCG GAG AC	配列番号27
NBS2-p2	TGA TAT CAT GAA TTC GAC AAG	配列番号28
NBS2-p3	AGT TCA GGA AAA CAC TCG CC	配列番号29
NBS2-p4	CCA TAC CTG TTT TGC AGG AC	配列番号30
NBS2-p5	GGA GCA TTA TTC GAT CAT TAG	配列番号31

(実施例7：より多くのマークーを持つPi2領域の精密なマッピング)

NBS/LRR遺伝子アラインメント中の相違がPi2とPi9領域との間で見出された(図4)。Pi2遺伝子マッピングのために用いた、NBS4から設計したプライマーは、Pi2中のNBS3に一致することが確認された。Pi9由来の別のマークーBAC3R末端もPi2中の同じNBS3遺伝子に一致した。Pi2領域中には、Pi9との相違であるNBS3遺伝子の1つのみのコピーがある。PCR法を用いて、505個の感受性植物中のNBS2またはNBS3とPi2との間で組み換え体は見出されなかつた。ハイブリダイゼーション法を用いて、1つの組み換え体が別の426個のF2植物中のNBS3とPi2との間で見出された。NBS3へのPi2の方向を決定するために、NBS1ないしNBS6領域由来の配列にもとづいて、より多くのPCRプライマー対を設計した。BAC6フォワード末端由来の配列にもとづいて設計されたプライマー対を用いて505個の感受性植物をスクリーニングした際、3つの組み換え体を同定した。したがって、BAC6フォワード末端は、NBS3に対して下流であるので、Pi2遺伝子は、NBS3に対する上流にあるべきである。NBS1に対して上流の領域に多型が見出されなかつたという先の結果とまとめると、これらの結果は、Pi2が、Pi2領域中のNIPとNBS3との間の唯一の2つの遺伝子であるNBS1またはNBS2のいずれかであるということを確立した(図2A)。

【誤訳訂正8】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0096

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0096】

【表4】

表4. C101A51の突然変異系統の分析のためのプライマー配列

遺伝子座	名称	配列	
Nip	pi9-p4	CAC TGA ATA ACG ACT ACA TC	配列番号32
	pi9-p15	ATT GGT GGT TGG GCA TCT AG	配列番号33
Nbs2	pi9-p9	TCT ATA GAA GTG CAA ACA GC	配列番号34
	pi9-p10	TTA GGT ACG AAC ATG AGT AG	配列番号35
BAC6F	BAC6F-1	TCA TTA AGA TTA AGG AGC CC	配列番号36
	BAC6F-2	CAT GGT TGC TAT ATT TTA GG	配列番号37
Nbs1	NBS-LRR-F2	CAC TGT TGT AGC GGA GGA GA	配列番号38
	pi2-p2	TTC GAT GGC GTT CAC CAA G	配列番号39
Nbs2-5'	pi2-p8	CCA ATG TCT GCA TAC TCT TC	配列番号40
	pi2-p5	ATT CCA ACC TGC AGC AAG AG	配列番号41
Nbs2-3'	BAC84F	TTG AAA GCG AAG AAG ACA TT	配列番号42
	pi2-p5	GGA GCA TTA TTC GAT CAT TAG	配列番号43

連続のDNAプローブをハイブリダイゼーション分析のために用いて、C101A51の感受性突然変異系統中の欠失領域を決定した(表4)。1つの領域は、NBS1の3末端からNBS2のプロモーター領域へとまたがる42361bpないし45301bp由来のフラグメントを含有する(図2B)。PCR分析に用いた突然変異植物の同じセットをサザン分析で用いた。NBS1フラグメントをプローブとして用いた際、全ての感受性突然変異体および耐性突然変異体は、野生型耐性植物C101A51と同じハイブリダイゼーション・パターンを示した。2つのハイブリダイジング・バンドのサイズは、配列の制限マップから決定されたものと同一であった。しかし、53221bpおよび54023bp由来のNBS2遺伝子の3領域は、全ての感受性M2植物で欠失していたが、耐性植物では欠失していなかった(図2B)。51894bpおよび54023bp由來の別のNBS2プローブを用いて、NBS2遺伝子領域での欠失部位を決定した(図2B)

)。野生型耐性植物 C 101A51 および突然変異系統由来の耐性植物両方は、同じハイブリダイゼーション・パターンを示した。すなわち、配列の制限マップから決定されたものとサイズで同一のハイブリダイジング・バンドである。突然変異系統由来の感受性植物は、野生型植物 C 101A51 中の 2.8 kb のバンド外で、1.6 kb のより小さなバンドを示した。NBS2 遺伝子中の欠失部位が 52891 bp ないし 55674 bp に局在し、これが 2.8 kb のバンドが 1.6 kb になることの理由であることが推定された。インバース PCR を用いて、欠失領域にまたがるフラグメントもクローニングした。欠失接合部の配列から、欠失領域が NBS2 遺伝子の中央で始まることが確認された。PCR 分析結果とまとめると、既知の突然変異体の欠失領域が NBS2 と BAC6 フォワード末端との間にあり、NBS1 が全ての感受性突然変異植物中でインタクトであったため Pi2 候補遺伝子の 1 つではないことが推定された。

【誤訳訂正 9】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】0130

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【0130】

【図 1】図 1 は、Pi2 遺伝子座の物理的 地図を示す。TAC および BAC クローンが棒で示されている。BAC70、TAC40、および TAC10 クローンを、シークエンシングに用いた。対応する BAC および TAC クローン上でのプライマー NIP、NBS2、NBS4、および BAC6F を上記 BAC / TAC コンティグの上に示す。

【図 2】図 2 の A および B は、Pi2 遺伝子座の遺伝的 地図および物理的 地図を示す。A. Pi2 遺伝子のマッピングで使用されるマーカーをボックス内に示す。これらを、対応するゲノム配列に矢印を用いて一致させている。対応するマーカーと Pi2 との遺伝的距離を上記マーカーの上に示す。B. Pi2 領域内の NBS / LRR 遺伝子クラスター。NBS / LRR 遺伝子クラスターに対して上流にある NIP 遺伝子を、陰影をつけた最も左側のボックスに示す。6つの NBS / LRR 遺伝子 (NBS1 ~ NBS6) の命名を、ゲノム配列でのそれらの出現順によっておこなった。それぞれ、数字が付けられた NBS1 ~ NBS6 の 6 つのボックスとして示されている。これらの遺伝子の各々の転写方向を、遺伝子名の下の矢印で示す。遺伝子 NBS1 ~ NBS6 のエクソンを軽く陰影を付けた箱として示す。すなわち、NBS3 遺伝子の左側部分にある暗く陰影を付けたボックスは、この遺伝子のレトロポゾン・インサートを表す。

【図 3】図 3 は、NBS2 の完全なコード配列 (CDS) をクローニングするための構成図である。

【図 4】図 4 は、Pi9 および Pi2 遺伝子座の両方にある NBS / LRR 遺伝子のアラインメントを示す。ゲノム配列は、太いストリングで特定し、また NBS / LRR 遺伝子はベタ塗りの円によって特定する。Pi2 と Pi9 との間のオルソロガスな遺伝子を、両方向矢印で示す。

【図 5 - 1】図 5 は、NBS1 (配列番号 2)、NBS2 (配列番号 4)、NBS4 (配列番号 8)、NBS6 (配列番号 12)、および クローン化いもち耐性遺伝子 Pi b (配列番号 16) の予測アミノ酸配列間のマルチプル・タンパク質アラインメントを示す。

【図 5 - 2】図 5 は、NBS1 (配列番号 2)、NBS2 (配列番号 4)、NBS4 (配列番号 8)、NBS6 (配列番号 12)、および クローン化いもち耐性遺伝子 Pi b (配列番号 16) の予測アミノ酸配列間のマルチプル・タンパク質アラインメントを示す。

【図 5 - 3】図 5 は、NBS1 (配列番号 2)、NBS2 (配列番号 4)、NBS4 (配列番号 8)、NBS6 (配列番号 12)、および クローン化いもち耐性遺伝子 Pi b (配列番号 16) の予測アミノ酸配列間のマルチプル・タンパク質アラインメントを示す。

【図 6】図 6 は、NBS2 (Pi2) 遺伝子内の保守的 NB - ARC および LRR ドメインを示す。NB - ARC ドメインはこの遺伝子内で約アミノ酸 144 から約アミノ酸 46

5までに存在し、一方LRRドメインはこの遺伝子内で約アミノ酸534から約アミノ酸951に存在する。

【誤訳訂正10】

【訂正対象書類名】明細書

【訂正対象項目名】配列表

【訂正方法】変更

【訂正の内容】

【配列表】

2006507840000001.app