(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局

(43) 国際公開日
2001 年1 月25 日 (25.01.2001)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 01/06006 A1

(51) 国際特許分類[7]: C12Q 1/68, C12N 15/29, C07K 14/415, 16/16, C12P 21/02, A01H 5/00

(21) 国際出願番号: PCT/JP00/04862

(22) 国際出願日: 2000 年7 月19 日 (19.07.2000)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願平11/235910 1999 年7 月19 日 (19.07.1999) JP
特願2000/85377 2000 年3 月24 日 (24.03.2000) JP

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 科学技術振興事業団 (JAPAN SCIENCE AND TECHNOLOGY CORPORATION) [JP/JP]; 〒332-0012 埼玉県川口市本町四丁目1番8号 Saitama (JP).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 山田晃世 (YAMADA, Akiyo) [JP/JP]; 〒192-0371 東京都八王子市南陽台二丁目18番12号 Tokyo (JP). 小関良宏 (OZEKI, Yoshihiro) [JP/JP]; 〒203-0011 東京都東久留米市大門町二丁目3番6号 302号室 Tokyo (JP). 齋藤丈夫 (SAITO, Takeo) [JP/JP]; 〒166-0012 東京都杉並区和田二丁目21番39号 Tokyo (JP).

(74) 代理人: 廣田雅紀 (HIROTA, Masanori); 〒107-0052 東京都港区赤坂二丁目8番11号 第11赤坂葵ビル502 Tokyo (JP).

(81) 指定国 (国内): CA, US.

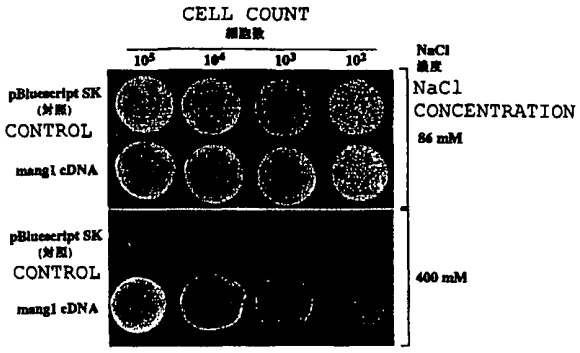
(84) 指定国 (広域): ヨーロッパ特許 (CH, DE, FR, GB).

添付公開書類:
— 国際調査報告書

[続葉有]

(54) Title: ENVIRONMENTAL STRESS RESISTANCE GENE

(54) 発明の名称: 環境ストレス耐性遺伝子



(57) Abstract: Resistance to environmental stress of various organisms, in particular higher plants, is elevated. A cDNA library originating in an organism highly resistant to stress (for example, mangrove) is expressed in *Escherichia coli* which is highly sensitive to stress and clones showing strengthened resistance to stress are selected. A gene thus obtained is expressed in various cells to thereby construct transformants having strengthened resistance to stress.

(57) 要約:

各種生物、特に高等植物の環境ストレスに対する耐性を向上させるものである。ストレス感受性の強い大腸菌にマングローブ等のストレス耐性の強い生物由来のｃＤＮＡライブラリーを発現させ、ストレス耐性が強化されたクローンを選抜する。この方法で得た遺伝子を各種細胞で発現させることで、ストレス耐性が強化された形質転換細胞を作出する。

WO 01/06006 A1

— 請求の範囲の補正の期限前の公開であり、補正書受領の際には再公開される。

２文字コード及び他の略語については、定期発行される各*PCT*ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

明　細　書

環境ストレス耐性遺伝子

技術分野

本発明は、塩ストレス等の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ及びそのスクリーニング方法や、塩ストレス等の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質や、トランスジェニック植物などのこれらＤＮＡやタンパク質の利用に関する。

背景技術

自然界に存在する生物は塩ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス等の種々の環境ストレスに曝されている。特に、塩ストレスは多くの高等植物の生育を阻害する大きな要因の１つである。高等植物の耐塩性強化は、農産物生産の増大につながるため、遺伝子導入により高等植物の耐塩性を強化させる試みが、近年、活発に進められている。

例えば、H. J. Bohnert らは大腸菌由来のマンニトール合成酵素をタバコに導入することで、タバコの耐塩性が強化された事を報告している（Science Vol.259, No.22, p508-510, 1993)。このような高等植物の耐塩性強化はプロリン合成系酵素（Plant Physiol Vol.108, p1387-1394, 1995）やグリシンベタイン合成系酵素を導入することでも同様な効果が得られることが示されている（Plant J Vol. 12, p133-142, 1997、Plant Mol Biol Vol.38, 1011-1019, 1998)。しかしながら、これらの酵素をコードする遺伝子の導入で得られる組み換え植物は、海水程度の塩水に対して十分に適応できるものではない。

一般に塩ストレス等の環境ストレスは複数の生体反応に対して悪影響をもたらす。つまり、塩濃度の高い環境で安定に生育できる遺伝子組み換え植物を作出するためには、複数の塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードする遺伝子群の利用が必要となる。これまでの環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードする遺伝子群を単離するための主たる手法は、「ストレスに対抗する機構はストレスがかけられたときに発現する」という前提条件に基づいている。具体的には、環境ストレスが植物にかかったときに、特異的に発現するタンパク質やｍＲＮＡを検出し、それに対する遺伝子を分子生物学的手法によって獲得し，これをストレスに弱い植物に遺伝子導入することで、環境ストレス耐性が見られるようになるかどうかを検討するという手法が用いられてきた。確かにこれまでこのような方法によって環境ストレス特異的に誘導される遺伝子が単離されてきたが、その遺伝子を環境ストレスに弱い植物に遺伝子導入することによって、環境ストレスに強い植物体が作出された例は稀である。例えば、高い塩濃度というストレス条件下で生育する植物において、耐塩性にかかわる遺伝子はストレスの有無にかかわらず発現しているのであれば、従来の方法でストレス耐性遺伝子を見い出すことは不可能である。また、近年ストレスに強い植物種のゲノム・プロジェクトが進められているが、塩基配列あるいはアミノ酸配列がわかったところで、他のゲノム・プロジェクトにおけると同様に、その機能が不明なものが多く、どのタンパク質が環境ストレス耐性にかかわっているのかは特定できないのが現状である。

一方、沿岸及び河口近くの高濃度の塩分を含む土壌に生息する樹木類にマングローブ植物がある。マングローブ植物は進化の過程で特殊な耐塩性機構を獲得したものと考えられることから、マングローブ植物の耐塩性に関わる遺伝子群を単離できれば、高等植物の耐塩性の強化への応

用が期待できる。しかしながら、マングローブ植物の耐塩性機構を遺伝子レベルで解析した例はこれまでに全く知られていない。かかる理由としては、このような樹木類から直接耐塩性に関与する遺伝子のｍＲＮＡを抽出することが極めて困難であったことが挙げられる。

近年、Mimuraらがマングローブ植物の一種であるBruguiera sexangulaの培養細胞系を確立した（J Res Vol.110, p25-29, 1997）。この培養細胞は懸濁培養が可能であり、また塩濃度１５０ｍＭ以上の環境下でも安定に生育することができるといった、他の植物培養細胞とは異なる極めて特異的な性質を有している（J. Plant Res Vol.110, p31-36, 1997）。しかしながら、この培養細胞を利用してマングローブ植物のｃＤＮＡライブラリーを構築し、マングローブ植物の耐塩性に関わる遺伝子群を探索しようとする試みさえも、これまで全く検討されていない。また、その他の塩生植物由来の遺伝子を導入することで高等植物の耐塩性を強化した例もほとんどなく、塩生植物の一種であるアイスプラント（Masembryanthenum crystallinum）由来のイノシトールメチルトランスフェラーゼ遺伝子をタバコに導入することで、形質転換細胞内に適合溶質の一種であるオノニトールの含有量を増大させ、これによりタバコの耐塩性を強化した例(Plant Physiol Vol. 115, p1221-1219, 1998）や、比較的耐塩性が高い大麦由来のストレス誘導性タンパク質（ＬＥＡタンパク質）をコードする遺伝子をイネに導入することで、イネの耐塩性をわずかに向上させた例（Plant Physiol Vol. 110, p249-257, 1996）が代表的な例であるといえる。このように、塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードする遺伝子群を効率よく単離する技術が確立されていないため、マングローブ植物群をはじめとした、多くの塩生植物の環境ストレス耐性遺伝子に関する研究が十分に行われてきたとは言い難いのが現状である。

また、塩ストレス耐性を向上させる活性を有するタンパク質をコードする遺伝子を人為的に改変することにより、タンパク質の塩ストレス耐性を向上させる機能を強化させることができれば、より強力な塩ストレス耐性植物を作出することが可能になる。大腸菌由来のコリンデヒドロゲナーゼを植物で発現させるときに、一部のコドンを改変することで、植物内でのコリンデヒドロゲナーゼ発現量を安定化させ、これによりコリンデヒドロゲナーゼの代謝産物であるグリシンベタイン（適合溶質の一種、植物の耐塩性を高める働きがある）レベルを安定化させる試みがなされている(Stress responses of photosynthesis organisms (ed. Satoh K., Murata N.) p115-131, Elsevier Science, Amsterdam) が、これはタンパク質のアミノ酸配列を変化させたものではない。アミノ酸配列を改変（改良）した塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質を導入することにより、高等植物の塩ストレス耐性を強化した例はこれまで報告されていない。そして、耐塩性に関与する遺伝子やその改変遺伝子は塩ストレスのみならず、その他の環境ストレス（熱、凍結、浸透圧、乾燥、紫外線）の全て、あるいはそれらのうちのいくつかのストレスに対する耐性を向上させる活性を有する可能性が期待できる。

発明の開示

本発明の課題は、各種生物の環境ストレスに対する耐性を強化する効果を有する遺伝子の効率のよいスクリーニング方法や、かかるスクリーニング方法により得られる環境ストレス耐性を向上させる活性を有するタンパク質（環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質）の遺伝子や、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質や、耐塩性が増強されたトランスジェニック植物等を提供することにある。

上記の課題を解決するため、本発明者らは塩生植物の一種であるマン

グローブに着目し、既に培養細胞系が確立されている Bruguiera sexangula の培養細胞の分与を得て、この細胞株を１００ｍＭのＮａＣｌ存在下で培養し、培養細胞から抽出したｍＲＮＡを基にｃＤＮＡライブラリーを作製し、この中からマングローブの耐塩性に関与する遺伝子の探索を試みた。通常、耐塩性関連遺伝子をスクリーニングする方法としては､ディファレンシャルスクリーニング法が広く利用されている(塩ストレスにより誘導される新規チオニン遺伝子に関する特開平１０－２９５３８０号公報参照)が、このスクリーニング方法で単離される遺伝子は、ストレス条件下で特異的に誘導される遺伝子であり、その遺伝子を他の細胞で発現させることでその細胞のストレス耐性を強化できるとは限らない。そこで、本発明者らはストレス耐性に関与する遺伝子の探索に大腸菌の遺伝子発現系を利用する方法を新たに開発した。

大腸菌の遺伝子発現系を利用して、耐塩性に関与する遺伝子をスクリーニングする場合、大腸菌自身の塩化ナトリウム（ＮａＣｌ）に対する防御機構が強く働くことが問題になる。現在、分子生物学の分野で広く利用されているＤＨ５α、ＨＢ１０１、ＪＭ１０９等の大腸菌は１０００ｍＭ以上のＮａＣｌを含む２ＹＴ寒天培地でもコロニー形成能を有する。これらの株を用いて上記のスクリーニングを行った場合、上記ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡの発現により耐塩性が強化されたクローンの他に、大腸菌自身の耐塩性機構が強力に働くことで耐塩性に全く関与しないｃＤＮＡが導入されたクローンも得られてしまうことになり、これら両者の明確な判別は極めて困難である。このような理由から、大腸菌の遺伝子発現系を利用して耐塩性関連遺伝子の選抜はこれまで全く行われていなかった。本発明者等は、他の大腸菌と比べ、耐塩性機構の働きが低下した大腸菌を見い出し、これを利用することで、初めて大腸菌を利用した耐塩性関連遺伝子のスクリーニングを行なうことに

成功した。

本発明者らによる上記方法で単離したマングローブ等の塩性植物由来の遺伝子（ｃＤＮＡ）群は、それぞれ大腸菌の耐塩性を強化する機能を有することが確認された。植物遺伝子を異種生物である大腸菌で発現させて、該大腸菌の耐塩性を向上させることができたため、これらの遺伝子群は、原核生物から真核生物にいたる幅広い生物群で、耐塩性を強化する機能を有するものと考えられた。実際、本発明者らは、ｍａｎｇ１遺伝子と命名した単離したストレス耐性に関与する遺伝子群の中の１つの遺伝子を導入することにより、酵母、植物細胞（タバコ培養細胞）、そして植物体（タバコ）の耐塩性を強化させることにも成功した。また、ｍａｎｇ１は耐塩性の他に、熱、浸透圧、凍結等の環境ストレスに対する耐性を強化する機能を有することも確認された。さらに、ｍａｎｇ１ｃＤＮＡにランダムな変異を導入し、この変異ｃＤＮＡを大腸菌に導入し、変異前の選択条件より厳しい条件下で選抜する工程を１又は２回以上繰り返すことにより、より強い耐塩性向上活性を有するタンパク質を得ることができることを見い出した。本発明はかかる一連の研究に基づいて完成するに至ったものである。

すなわち本発明は、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡをスクリーニングする方法であって、ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、得られた形質転換細胞を宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下で培養し、培養後に生育しているクローンを選択し、選択されたクローンから導入した候補ｃＤＮＡを単離することを特徴とするスクリーニング方法（請求項１）、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡをスクリーニングする方法であって、ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、得られた形質転換細胞を宿主細胞が実質的に生

できない環境条件下で培養し、培養後に生育しているクローンを選択し、選択されたクローンから導入した候補ｃＤＮＡを単離し、単離された候補ｃＤＮＡにランダムな変異を導入し、この変異ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、変異前のｃＤＮＡの選択条件より厳しい条件下で選抜する工程を１又は２回以上繰り返すことを特徴とするスクリーニング方法（請求項２）、環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレスであることを特徴とする請求項１又は２記載のスクリーニング方法（請求項３）、化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項３記載のスクリーニング方法（請求項４）、宿主細胞が、大腸菌であることを特徴とする請求項１～４のいずれか記載のスクリーニング方法（請求項５）、大腸菌が、ＳＯＬＲ株であることを特徴とする請求項５記載のスクリーニング方法（請求項６）、宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下が、３５０ｍＭ以上の塩濃度の条件下であることを特徴とする請求項１～６記載のスクリーニング方法（請求項７）に関する。

また本発明は、請求項１～７のいずれか記載のスクリーニング方法により得られることを特徴とする環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項８）、環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレスであることを特徴とする請求項８記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項９）、化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項９記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項１０）、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク

ドするＤＮＡ（請求項１０）、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質が、植物由来のタンパク質であることを特徴とする請求項８～１０のいずれか記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項１１）、植物が、オヒルギ（Bruguiera sexangla）、ヒルギダマシ（Avicennia marina）、シチメンソウ(Sueada japonica)、オカヒジキ（Salsola komarovii）又はアイスプラント(Mesembryanthemum crystallinum)であることを特徴とする請求項１１記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項１２）、以下の(ａ)～(ｃ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質、(ｃ)配列番号２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項１３）、配列番号１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項１４）、請求項１４記載のＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項１５）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項１６）、配列番号３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項１７）、請求項

１７記載のＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項１８）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失､置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項１９）、配列番号５に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項２０）、請求項２０記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項２１）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質､(ｂ)配列番号８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項２２）、配列番号７に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ(請求項２３)、請求項２３記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項２４）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号１０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号１０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項２５）、配列番号９に示される塩基配列若

しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項２６）、請求項２６記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項２７）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号１２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号１２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項２８）、配列番号１１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項２９）、請求項２９記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項３０）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号１４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号１４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項３１）、配列番号１３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項３２）、請求項３２記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項３３）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号１６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号１６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加され

たアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項３４）、配列番号１５に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項３５）、請求項３５記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項３６）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号１８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号１８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項３７）、配列番号１７に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項３８）、請求項３８記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項３９）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号２０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号２０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項４０）、配列番号１９に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項４１）、請求項４１記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項４２）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号２２に示されるアミノ酸

配列からなるタンパク質、(b)配列番号２２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項４３）、配列番号２１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項４４）、請求項４４記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項４５）、以下の(a)～(b)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(a)配列番号２４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(b)配列番号２４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項４６）、配列番号２３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項４７）、請求項４７記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項４８）、以下の(a)～(b)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(a)配列番号２６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(b)配列番号２６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質(請求項４９)、配列番号２５に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項５０）、請求項５０記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコ

ードするＤＮＡ（請求項５１）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号２８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号２８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項５２）、配列番号２７に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項５３）、請求項５３記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項５４）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号３０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号３０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項５５）、配列番号２９に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項５６）、請求項５６記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項５７）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号３２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号３２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項５８）、配列番号３１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項５９）、請求項５９記載の遺

伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項６０）、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号３４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号３４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり､かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質(請求項６１)、配列番号３３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項６２)、請求項６２記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項６３)、以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ(ａ)配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質、(ｂ)配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項６４)、配列番号３５，３７，３９，４１，４３，４５，４７，４９，５１，５３，５５，５７，５９，６１又は６３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ（請求項６５)、請求項６５記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ（請求項６６）に関する。

また本発明は、請求項８～６６のいずれか記載のＤＮＡを用いることを特徴とする環境ストレス耐性の向上方法（請求項６７）、環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレスであることを特徴とする請求項６７記載の環境ストレス耐性の向上方法（請求項６８）、化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項６８記載の環境ストレス耐性の向上方法（請求項６９）に関する。

また本発明は、配列番号２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項７０）、配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項７１）、配列番号２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項７２）、配列番号４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項７３）、配列番号４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項７４）、配列番号６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項７５）、配列番号６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項７６）、配列番号８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項７７）、配列番号８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタ

ンパク質（請求項７８）、配列番号１０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項７９）、配列番号１０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項８０）、配列番号１２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項８１）、配列番号１２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項８２）、配列番号１４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項８３）、配列番号１４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項８４）、配列番号１６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項８５）配列番号１６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項８６）、配列番号１８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項８７）、配列番号１８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項８８）、配列番号２０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項８９）、配列番号２０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項９０）、配列番号２２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項９１）、配列番号２２に示されるアミ

ノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項９２）、配列番号２４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項９３）、配列番号２４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項９４）、配列番号２６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項９５）、配列番号２６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項９６）、配列番号２８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項９７）、配列番号２８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項９８）、配列番号３０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項９９）、配列番号３０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項１００）、配列番号３２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項１０１）、配列番号３２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項１０２）、配列番号３４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項１０３）、配列番号３４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも

塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項１０４）、配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質（請求項１０５）、配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質（請求項１０６）に関する。

また本発明は、請求項７０～７２のいずれか記載のタンパク質に特異的に結合する抗体（請求項１０７）、請求項７３～１０４のいずれか記載のタンパク質に特異的に結合する抗体（請求項１０８）、請求項１０５又は１０６記載のタンパク質に特異的に結合する抗体（請求項１０９）、抗体がモノクローナル抗体であることを特徴とする請求項１０７～１０９のいずれか記載の抗体（請求項１１０）に関する。

また本発明は、請求項８～１２のいずれか記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを含むことを特徴とするベクター（請求項１１１）、請求項１３～１５のいずれか記載のＤＮＡを含むことを特徴とするベクター（請求項１１２）、請求項１６～６３のいずれか記載のＤＮＡを含むことを特徴とするベクター（請求項１１３）、請求項６４～６６のいずれか記載のＤＮＡを含むことを特徴とするベクター（請求項１１４）に関する。

また本発明は、請求項１１１～１１４のいずれか記載のベクターを宿主細胞に導入することにより得られることを特徴とする形質転換細胞（請求項１１５）、宿主細胞が、植物細胞であることを特徴とする請求項１１５記載の形質転換細胞（請求項１１６）、請求項１１５又は１１６記載の形質転換細胞を培養し、該形質転換細胞又はその培養液の上清

から組換えタンパク質を回収することを特徴とする環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質の製造方法（請求項１１７）に関する。

また、本発明は、請求項８～１２のいずれか記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物（請求項１１８）、請求項１３～１５のいずれか記載のＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物（請求項１１９）、請求項１６～６３のいずれか記載のＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物（請求項１２０）、請求項６４～６６のいずれか記載のＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物（請求項１２１）、請求項１１１～１１４のいずれか記載のベクターを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物（請求項１２２）、環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレスであることを特徴とする請求項１１８～１２２のいずれか記載のトランスジェニック植物(請求項１２３)、化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項１２３記載のトランスジェニック植物（請求項１２４）、請求項１１８～１２２のいずれか記載のトランスジェニック植物に由来することを特徴とする繁殖材料（請求項１２５）に関する。

図面の簡単な説明

第１図は、ｍａｎｇ１を導入された大腸菌（ＳＯＬＲ）の耐塩性を検出した結果を示す。検出は、コロニー形成を指標に行なった。対照としてベクターのみ（pBluescript SK）を用いた。２つの塩（ＮａＣｌ）濃度で検定を行なった。

第２図は、ｍａｎｇ１の各種部分配列を導入された大腸菌（ＳＯＬＲ）の耐塩性を検出した結果を示す。検出は、コロニー形成を指標に行なった。対照としてベクターのみ（pBluescript SK）を用いた。２つの塩（ＮａＣｌ）濃度で検定を行なった。カッコ内に示した数値はアミノ酸番号を示し、「＊」はコード領域および非コード領域を含んだｍａｎｇ１のｃＤＮＡを指す。

第３図は、ｍａｎｇ１を導入された酵母の高塩条件下における生育を経時的に計測した結果を示す図である。検出は細胞濃度を指標に行なった。対照としてベクターのみ（ｐＹＥＳ２）を用いた。２つの塩（ＮａＣｌ）濃度で検定を行なった。

第４図は、ｍａｎｇ１を導入されたタバコ培養細胞の高塩条件下における生育を検出した結果を示す図である。検出は湿重量を指標に行なった。対照としてベクターのみ（ＧＵＳ）を用いた。３つの塩（ＮａＣｌ）濃度で検定を行なった。

第５図は、ｍａｎｇ１を導入されたタバコ植物体の高塩条件（１５０ｍＭのＮａＣｌ）下における生育を検出した結果を示す図である。Ａ，Ｃは、対照としてベクターのみ（ＧＵＳ）を導入したタバコ、Ｂ，Ｄは、ｍａｎｇ１を導入したタバコを示す。

第６図は、ｍａｎｇ１を導入された大腸菌（ＳＯＬＲ）の熱ストレス耐性を検討した結果を示す。熱ストレス耐性は４０℃培養における生育曲線を指標に評価した。対照としてベクターのみ（pBluescript SK）を

導入したＳＯＬＲを用いた。

第７図は、ｍａｎｇ１を導入された大腸菌（ＳＯＬＲ）の浸透圧耐性を検討した結果を示す。浸透圧耐性は８００ｍＭのソルビトールを含む２ＹＴ寒天培地上における生育を指標に評価した。対照としてベクターのみ（pBluescript SK）を導入したＳＯＬＲを用いた。

第８図は、ｍａｎｇ１を導入された大腸菌（ＳＯＬＲ）の凍結ストレス耐性を検討した結果を示す。凍結ストレス耐性は凍結融解処理を施した菌体の２ＹＴ寒天培地上における生育で評価した。対照としてベクターのみ（pBluescript SK）を導入したＳＯＬＲを用いた。

第９図は、ｍａｎｇ１最小機能領域と考えられる領域（mangl core）、及びそれに変異を導入したクローンの塩基配列、アミノ酸配列を示す。塩基配列、及びアミノ酸配列中における反転文字は変異があった箇所を示す。

第１０図は、ｍａｎｇ１最小機能領域と考えられる領域及びそれに変異を導入したクローンの８５ｍＭ、３５０ｍＭ、５００ｍＭのＮａＣｌを含む寒天培地上における生育結果を示す。対照としてベクターのみ（pBluescript SK）を導入したＳＯＬＲを用いた。

発明を実施するための最良の形態

本発明の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡのスクリーニング方法としては、ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、得られた形質転換細胞を宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下で培養し、培養後に生育しているクローンを選択し、選択されたクローンから導入した候補ｃＤＮＡを単離するスクリーニング方法であれば、特に制限されるものではない。このスクリーニング方法はこの方法で得られた環境ストレス耐性向上活性を有す

るタンパク質の機能強化にも利用できる。すなわち、本発明の他の態様の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡをスクリーニングする方法として、ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、得られた形質転換細胞を宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下で培養し、培養後に生育しているクローンを選択し、選択されたクローンから導入した候補ｃＤＮＡを単離し、単離された候補ｃＤＮＡにランダムな変異を導入し、この変異ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、変異前のｃＤＮＡの選択条件より厳しい条件下で選抜する工程を１又は２回以上繰り返すことを特徴とするスクリーニング方法を挙げることができる。

上記の、一次スクリーニングの結果得られた遺伝子断片にランダムな変異を導入したものを作製し、この中からこの遺伝子がスクリーニングされた条件より厳しい条件で選抜することを繰り返すことで、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質の機能向上を図る方法における、任意の遺伝子断片に対してランダムな変異を導入する方法としては、ＰＣＲを利用する方法が一般的であり、例えば、ＰＣＲ反応溶液にマンガンを添加することで、fidelity を低下させる方法（A Journal of Methods in Cell and Molecular Biology Vol1, p11-15(1989)、Yeast Vol8, p79-82(1992)）が最も簡便である。また、この他のランダムミューテーションの方法として、DNA shuffling (Proc Natl Acad Sci USA, Vol . 91, p10747-10751, 1994 ）を用いることもできる。

上記環境ストレスとしては、環境要因に基づくストレスであればどのようなストレスでもよく、具体的に、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレス等を例示することができ、これら環境ストレスは、単独要因に基づくストレスであっても、複数の

要因に基づくストレスであってもよい。また、化学物質ストレスとしては、化学物質に起因するストレスであれば特に制限されるものではないが、塩ストレスや毒性物質ストレスを例示することができる。

上記ｃＤＮＡライブラリーとしては、環境ストレスに関与する遺伝子のｃＤＮＡが含まれるものであれば、植物・動物・微生物等由来する生物種など特に制限されるものではない。例えば、塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡをスクリーニングする場合、塩生植物、例えば、マングローブ（ハマザクロ、オヒルギ、メヒルギ、ヤエヤマヒルギ、ヒルギモドキ、ヒルギダマシ、ニッパヤシ）、マツバギク、シチメンソウ、ウラギク、アッケシソウ、マツナ、ハマアカザ等の生物種より調製したｃＤＮＡライブラリーを用いることができる。また、ｃＤＮＡライブラリーの調製方法としては、当業者に公知の方法であればどのような方法でもよい。例えば、実施例記載のように、細胞からの全ｍＲＮＡの抽出は、Ostrem らの方法（Plant Physiol Vol.84, p1270-1275, 1987）に従って調製することができ、また、調製したｍＲＮＡからのｐｏｌｙ（Ａ）＋ＲＮＡの精製は、Ｏｌｉｇｏｔｅｘ－ｄＴ３０＜ｓｕｐｅｒ＞（第一化学社）を用いて行なうことができる。ｃＤＮＡライブラリーは、精製したｐｏｌｙ（Ａ）＋ＲＮＡを基に、ZAP-cDNA/Gigapack Cloning Kit（Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ社）を利用して構築することができる。

上記ｃＤＮＡライブラリーに由来するスクリーニング対象となる候補ｃＤＮＡが導入される宿主細胞としては、細菌や酵母等の微生物細胞や、動植物細胞を例示することができるが、宿主－ベクター系に関する知見が確立している大腸菌、枯草菌、サッカロミセス・セルビッシェ、ＢＨＫ細胞等の動物細胞などが好ましく、中でもかかる知見が豊富で、生育が早く、取り扱いが容易な大腸菌が好ましい。また、宿主細胞としては、

ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡが導入された形質転換細胞は生育しうる環境条件下において、実質的に生育できない細胞、例えば塩感受性細胞や、熱塩感受性細胞等が好ましく、かかる細胞は野生株からのスクリーニングにより、あるいは野生株を変異処理することにより調製することができる。

次に、形質転換細胞は、上記宿主細胞へｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡを導入することによって行われるが、かかる導入方法としてはトランスフォーメーション法、エレクトロポレーション法など公知の遺伝子導入方法であれば特に制限されるものではない。そして、候補ｃＤＮＡが導入された形質転換細胞は、前記宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下、例えば、高塩濃度条件下、高温度条件下、乾燥条件下で培養される。続いて、培養後に生育しているクローンが公知の方法により選択され、選択されたクローンから導入した候補ｃＤＮＡが公知の方法により単離することができる。

本発明のスクリーニング方法を、以下、環境ストレスが塩ストレスであり、宿主細胞が大腸菌である場合を例に挙げてより具体的に説明する。宿主細胞として用いられる大腸菌としては、耐塩性機構の働きが低下した大腸菌が好ましく、塩に対する最小生育阻害濃度が低い大腸菌がより好ましい。例えば、７５０ｍＭ以上、好ましくは５００ｍＭ以上、より好ましくは３５０ｍＭ以上のＮａＣｌを含む培地中でコロニー形成が抑制される大腸菌を用いることが、耐塩性関連遺伝子のスクリーニング効率を向上させることができるので好ましい。かかるＮａＣｌ感受性の大腸菌として、低濃度の塩（３５０ｍＭ以上のＮａＣｌ）を含む寒天培地上でほとんど生育できないことが本発明者らにより見い出された大腸菌の一種であるＳＯＬＲ株（TOYOBO 社、Stratagene 社、理研ジーンバンク等から市販されている）を具体的に挙げることができる。このＳＯＬ

Ｒ株を用いる場合、候補ｃＤＮＡの導入は、前記 ZAP-cDNA/Gigapack Cloning Kit（Stratagene 社）に含まれているＳＯＬＲ株と ExAssist helper phage による in vivo excision system を利用することができ、これらの操作は全て上記のキットの手引き書に従うことで容易に行うことができる。

このようにして得られた候補ｃＤＮＡが導入されたＳＯＬＲ株を、約４００ｍＭのＮａＣｌを含む培地で培養を行ない、生育した細胞を選択することにより、耐塩性タンパク質をコードするＤＮＡで形質転換されたクローンを選抜することができる。かかるクローンの選抜は、例えば、寒天培地等で３７℃で８～２０時間培養し、寒天培地上に形成されるコロニーを選択すればよい。選抜されたクローンからのｃＤＮＡの単離は、例えば、文献（Current Protocols in Molecular Biology (Greene Publishing Associates and Wiley-Interscience (1987)）に示された方法により、プラスミドＤＮＡを抽出することにより行うことができる。

また、目的とする形質転換大腸菌を得るためのスクリーニングは、複数回繰り返して行なうこともできる。例えば、ｃＤＮＡライブラリーが導入された大腸菌を、まず、最小生育阻害濃度の塩を含む培地で培養して、この条件で生育するクローンを選抜する（一次スクリーニング）。次いで、選抜したクローンからｃＤＮＡを単離し、これを大腸菌に再度導入して、最小生育阻害濃度よりも高い塩を含む培地で該大腸菌を培養し、この条件で生育するクローンを選抜する（二次スクリーニング）。このようにスクリーニングを繰り返すことで、塩耐性関連遺伝子の単離の効率を高めることができる。また、前記のように、単離されたｃＤＮＡにランダムな変異を導入した変異ｃＤＮＡを用いて二次スクリーニングを行うこともできる。

本発明の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードする

ＤＮＡは、上記スクリーニング方法により得られるＤＮＡであれば特に制限されるものではなく、例えば、塩ストレス等の化学物質ストレス、熱ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスなどの１又は２以上のストレスに対する耐性を向上させる活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを挙げることができる。そして特に、塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡとしては、植物由来、好ましくはオヒルギ（Brugfuiera sexangula）等の塩性植物由来のＤＮＡを例示することができる。そして、マングローブ由来の塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡとしては、配列表の配列番号１，３，５，７，９，１１又は１３に示される塩基配列を有するＤＮＡを具体的に例示することができ、また、アイスプラント（Mesembryanthemum crystallinum）由来の塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡとしては、配列表の配列番号１５，１７，１９，３５，６３に示される塩基配列を有するＤＮＡを、シチメンソウ（Sueada japonica）由来の塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡとしては、配列表の配列番号２１，３７，３９，５１，５３，５７に示される塩基配列を有するＤＮＡを、オカヒジキ（Salsola komarovii）由来の塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡとしては、配列表の配列番号２３，２５，４１，４７，４９，５９，６１に示される塩基配列を有するＤＮＡを、ヒルギダマシ（マングローブの一種、Avicennia marina）由来の塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡとしては、配列表の配列番号２７，２９，３１，３３，４３，４３，５５に示される塩基配列を有するＤＮＡを、それぞれ具体的に例示することができる。

本発明のＤＮＡとしては、上記配列表の配列番号に示される塩基配列

若しくはそれらの相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡや、かかるＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ、少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡや、配列表の配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするＤＮＡや、配列表の配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡや、配列表の配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを挙げることができる。これらのＤＮＡを各種生物に導入することで耐塩性等が強化されたという報告はこれまでになく、本発明者等により初めて見出されたものである。

本発明のタンパク質としては、配列表の配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質や、配列表の配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質や、配列表の配列番号２，４，６，８，１

０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質を挙げることができる。

上記配列番号８，１４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示したアミノ酸配列は、タンパク質の全長をコードしたものではないと考えられるが、それ自体に塩ストレス耐性を強化させる活性が存在したため、それぞれの全長タンパク質の機能領域であるといえる。本発明は、上記のように、これら機能領域を含む全長タンパク質および該全長タンパク質をコードするＤＮＡを含むものである。そして、部分長ｃＤＮＡを基に全長ｃＤＮＡを単離する方法としては、例えば、Marathon cDNA Amplification Kit（Ｃｌｏｎｔｅｃｈ社）、3'-Full RACE Core Set(宝酒造社)、5'-Full RACE Core Set（宝酒造社）等のキットを用い、それらの手引き書に従うのが適当である。

上記のように、本発明には、配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質と機能的に同等なタンパク質をコードするＤＮＡが包含される。一般に、生理活性を有するタンパク質で、少数のアミノ酸が置換、欠失、挿入があっても、その生理活性が維持される場合があることはよく知られており、また、タンパク質中のアミノ酸を変異させる公知の種々の方法もよく知られている上に、既にいくつかのキットも市販されている。例えば、

変異を導入したプライマーを合成し、QuikChange Site-Directed Mutagenesis Kit（Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ社）を用いれば容易にタンパク質中のアミノ酸を変異させることが可能である。

また、上記のように、配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは複数のアミノ酸が置換、欠失、付加及び／又は挿入されたアミノ酸配列を有するタンパク質であっても、各種生物細胞（例えば、植物細胞、大腸菌、酵母など）の少なくとも塩ストレス耐性を含む環境ストレス耐性を強化する活性を有すれば、それらは全て本発明の範囲に含まれる。

また、配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質と機能的に同等なタンパク質をコードするＤＮＡは、ハイブリダイゼーション技術や遺伝子増幅技術（Molecular Cloning, a Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press(1989)）によっても調製することが可能である。例えば、配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする配列番号１，３，５，７，９，１１，１３，１５，１７，１９，２１，２３，２５，２７，２９，３１，３３，３５，３７，３９，４１，４３，４５，４７，４９，５１，５３，５５，５７，５９，６１又は６３に示される塩基配列の全部若しくは一部をプローブとして、各種生物

由来のＤＮＡライブラリーに対してストリンジェントな条件下でハイブリダイゼーションを行ない、該プローブにハイブリダイズするＤＮＡを単離することにより、目的とする少なくとも塩ストレス耐性を含む環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ等を得ることができる。

このようなＤＮＡを取得するためのハイブリダイゼーションの条件としては、例えば、４２℃でのハイブリダイゼーション、及び１×ＳＳＣ，０．１％のＳＤＳを含む洗浄バッファーによる４２℃での洗浄処理を挙げることができ、６５℃でのハイブリダイゼーション、及び０．１×ＳＳＣ，０．１％のＳＤＳを含む洗浄バッファーによる６５℃での洗浄処理をより好ましく挙げることができる。なお、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーに影響を与える要素としては、上記温度条件以外に種々の要素があり、当業者であれば、種々の要素を適宜組み合わせて、上記例示したハイブリダイゼーションのストリンジェンシーと同等のストリンジェンシーを実現することが可能である。

また、配列番号１，３，５，７，９，１１，１３，１５，１７，１９，２１，２３，２５，２７，２９，３１，３３，３５，３７，３９，４１，４３，４５，４７，４９，５１，５３，５５，５７，５９，６１又は６３に示される塩基配列の情報を基に調製したオリゴヌクレオチドをプライマーとして各種生物由来のＤＮＡ（またはＲＮＡ）を鋳型にポリメラーゼ連鎖反応を行なうことによっても、目的とする少なくとも塩ストレス耐性を含む環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ等を得ることができる。本発明には、各種生物細胞（例えば、植物細胞、大腸菌、酵母など）の少なくとも塩ストレス耐性を含む環境ストレス耐性を強化する活性を有する限り、このようなハイブリダイゼーション技術や遺伝子増幅技術を利用して単離しうるＤＮＡも含まれる。

上記配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質と機能的に同等なタンパク質は、上記配列番号に示されるアミノ酸配列とそのアミノ酸配列において高い相同性を有すると考えられる。高い相同性とは、７０％以上、好ましくは８０％以上、さらに好ましくは９０％以上（例えば、９５％以上）の配列の同一性をいう。本発明には、前記のように、このように上記配列番号に示されるアミノ酸配列とそのアミノ酸配列において高い相同性を有し、各種生物細胞（例えば、植物細胞、大腸菌、酵母など）の少なくとも塩ストレス耐性を強化する活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡが含まれる。例えば、配列番号２のアミノ酸配列は１から８６番目のアミノ酸を含む領域が塩ストレス耐性を強化する活性を有することから、例えばこの領域を含むアミノ酸配列をコードする遺伝子ＤＮＡは全て本発明の範囲に含まれる。配列の相同性は、例えば、遺伝情報処理ソフトウェアの GENETYX-MAC（ソフトウエア開発株式会社）のマルチアライン機能を利用することにより決定できる。

本発明の環境ストレス耐性の向上方法としては、上記本発明のＤＮＡ、すなわち塩ストレス等の化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上の環境ストレスに対する耐性を向上させる活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを用いる方法であれば特に制限されるものではなく、この環境ストレス耐性の向上方法により、植物・動物及びそれらの組織、器官、細胞並びに細菌、酵母、カビ等の微生物の環境ストレス耐性を向上させることができる。

本発明の塩ストレス等の化学物質ストレス、熱ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスなどの１又は２以上の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質に特異的に結合する抗体としては、前記本発明のタンパク質に特異的に結合する抗体であればどのようなものでもよく、かかる抗体としては、モノクローナル抗体、ポリクローナル抗体、キメラ抗体、一本鎖抗体、ヒト化抗体等の免疫特異的な抗体を具体的に挙げることができ、配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質や、配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質や、配列番号２，４，６，８，１０，１２，１４，１６，１８，２０，２２，２４，２６，２８，３０，３２，３４，３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質を抗原として用いて作製することができる。これら抗体は、例えば、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質の分子機構を明らかにする上で有用である。

上記環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質に対する抗体は、慣用のプロトコールを用いて、動物（好ましくはヒト以外）に該環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質又はエピトープを含む断片、類似体若しくは細胞を投与することにより産生され、例えばモノクローナル抗体の調製には、連続細胞系の培養物により産生される抗体をもたら

す、ハイブリドーマ技法（Nature 256, 495-497, 1975）、トリオーマ技法、ヒトＢ細胞ハイブリドーマ技法（Immunology Today 4, 72, 1983）及びＥＢＶ－ハイブリドーマ技法(MONOCLONAL ANTIBODIES AND CANCER THERAPY, pp.77-96, Alan R.Liss, Inc.,1985)など任意の技法を用いることができる。

本発明の上記環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質に対する一本鎖抗体をつくるために、一本鎖抗体の調製法（米国特許第 4,946,778 号）を適用することができる。また、ヒト化抗体を発現させるために、トランスジェニック植物又はトランスジェニック動物等を利用したり、上記抗体を用いて、その環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質を発現するクローンを単離・同定したり、アフィニティークロマトグラフィーでそのポリペプチドを精製することもできる。

本発明のベクターとしては、塩ストレス等の化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスなど前記環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを含むベクターであれば特に制限されるものではない。また、本発明の形質転換細胞としては、かかるベクターを植物細胞等の宿主細胞に導入することにより得られるものであれば特に制限されるものではない。そしてまた、本発明の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質の製造方法としては、上記本発明の形質転換細胞を培養し、該形質転換細胞又はその培養液の上清から組換えタンパク質を回収する方法であれば特に制限されるものではない。さらに、本発明のトランスジェニック植物としては、前記環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ又は前記ベクターを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られるものであれば特に制限されるものでは

ない。以下、上記本発明のベクター、形質転換細胞、環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質の製造方法、及びトランスジェニック植物について説明する。

上記のように、本発明のＤＮＡは組換えタンパク質の調製に利用することができる。組換えタンパク質の調製は、上記本発明のＤＮＡを適当な発現ベクターに挿入し、該ベクターを適当な宿主細胞に導入して、該ＤＮＡを発現させ、次いで、発現させたタンパク質を該形質転換細胞又はその培養上清から回収することにより行うことができる。組換えタンパク質の発現に用いられる宿主－ベクター系としては、例えば、IMPACT-CN System（宿主: E. coli strain ER2566、ベクター:pTYB1、pYB2、pYB11、pYB12（ＢｉｏＬａｂｓ社））、あるいは pET Expression System（宿主: Epicurian Coli BL21、ベクター:pET3 シリーズ(Ｎｏｖａｇｅｎ社)）が挙げられる。宿主細胞へのベクターの導入法としては、当業者に公知の方法、例えば、エレクトロポレーション法やヒートショック法が挙げられる（遺伝子ライブラリーの作製法、羊土社（１９９４）、植物細胞工学入門、学会出版センター（１９９８））。また、組換えタンパク質を発現させるための形質転換体の培養は、当業者に一般的に用いられている方法および条件にて行なうことができる。発現させたタンパク質は、例えば、IMPACT-CN System を利用した場合にはキチンビーズ(ＢｉｏＬａｂｓ社)で、pET Expression System を利用した場合には His Bind Resin（Ｎｏｖａｇｅｎ社）により精製できる。

上記本発明のＤＮＡは、また、少なくとも塩ストレス耐性が強化されたトランスジェニック生物の作出に利用できる。本発明のＤＮＡを用いてトランスジェニック生物を作出する生物種としては特に限定されるものではないが、用いる遺伝子がマングローブに由来する場合には、高等植物であることが好ましい。かかるトランスジェニック植物の作出は、

該ＤＮＡを植物細胞内でその発現を保証するベクターに挿入し、これを植物細胞に導入し、トランスジェニック植物を得るために該形質転換植物細胞を再生させることにより有利に行うことができる。

トランスジェニック植物の作出に用いられるベクターとしては、例えば、東洋紡から市販されているpBI101、あるいはpIG121Hm(Plant J, Vol 6, p271-282(1994)) を好適に用いることができる。ベクターを導入する植物細胞の種類に特に制限はないが、例えばイネ、小麦、トウモロコシ、大豆、タバコ、ニンジン等が考えられる。植物細胞の形態としては、例えば、プロトプラスト、カルス、植物体の部分(リーフディスク、ヒポコチル等)がある。宿主植物細胞へのベクターの導入法としては、アグロバクテリウム法が好適であるがその他にも、例えば、ポリエチレングリコール法、エレクトロポレーション法、パーティクルガン法などを用いることができる（モデル植物の実験プロトコール、秀潤社 (1996))。

ベクターの導入された植物細胞を植物体へ再生させる方法は、植物種により異なる。例えば、イネの場合、以下のようにして行なうことができる。完熟種子からカルス誘導を行い、これにｃＤＮＡを導入したアグロバクテリウムを感染させる。共存培養を経て、選抜培地に移し培養する。約３週間後カルスを再分化培地に移し、再分化するまで培養する。４、５日馴化させた後ポットに移すことで形質転換体を再生させる（モデル植物の実験プロトコール、秀潤社（1996））。また、ニンジン、タバコ等の再生の方法としては、それぞれ加藤、庄野博士等の方法（植物組織培養の技術 朝倉書店 (1983)) が適当である。

本発明のトランスジェニック植物に由来する繁殖材料としては、上記トランスジェニック植物体に由来する繁殖材料であればどのようなものでもよく、例えば、植物の種類に応じて、種子、塊根、切穂、メリクローン等の培養増殖材料を挙げることができる。また、かかる繁殖材料を

基に本発明のトランスジェニック植物を量産することが可能である。

以下、本発明を実施例に基づき具体的に説明するが、本発明は下記実施例に限定されるものではない。

実施例１　マングローブ及びその他の塩生植物のｃＤＮＡライブラリーの作製

マングローブ懸濁培養細胞は、Mimura らが確立した Bruguiera sexangula の懸濁培養細胞系（J Plant Res Vol.110, p25-29 (1997)）を用いた。この培養細胞は１００ｍＭのＮａＣｌを含むＡＡ培地を用い、５００ｍｌフラスコに１２０ｍｌの分量で、２６℃、暗所で往復振とう培養（７０ｒｐｍ）した。マングローブのｃＤＮＡライブラリーは、この懸濁培養細胞を用い、以下に示す手順で行った。まず、Ostrem らの方法（Plant Physiol Vol.84 p1270-1275(1987)）に従って全ｍＲＮＡを抽出し、ここから Oligotex-dT30〈super〉（第一化学社）を用いｐｏｌｙ（Ａ）＋ＲＮＡを精製した。精製したｐｏｌｙ（Ａ）＋ＲＮＡを基にｃＤＮＡを合成し、λＺａｐII（Stratagene 社）ラムダファージベクターに導入してｃＤＮＡライブラリーを構築した。λＺａｐII を用いたｃＤＮＡライブラリーの構築方法は周知の方法であり、実際の手順は Stratagene 社の手引き書に従った。その結果、10^6の独立クローンを含むマングローブｃＤＮＡライブラリーの構築に成功した。また、その他の塩生植物であるヒルギダマシ（マングローブの一種、Avicennia marina)、シチメンソウ(Sueada japonica)、オカヒジキ（Salsola komarovii)、アイスプラント（Mesembryanthemum crystallinum）のｃＤＮＡライブラリーを作成するための材料にはそれぞれの植物体の葉を用いた。ｃＤＮＡライブラリーの作成方法としては、上記マングローブにおける方法と同じ方法を用いた。得られたｃＤＮＡライブラリーは、それぞれ10^5から10^6の独立クローンを含んでいた。

実施例２　耐塩性に関与するｃＤＮＡのスクリーニング条件の決定

マングローブ及びその他の塩生植物のｃＤＮＡライブラリーの中から耐塩性に関与するｃＤＮＡのスクリーニング方法として、本発明者らは大腸菌の遺伝子発現系を利用した。即ち、大腸菌にマングローブ及びその他の塩生植物のｃＤＮＡを導入し、耐塩性が強化された形質転換大腸菌を選抜することで、耐塩性に関わるｃＤＮＡを獲得する新規な方法を開発した。耐塩性が強化された形質転換大腸菌の選抜には、適当な濃度のＮａＣｌを含む２ＹＴ寒天培地を用いた。このスクリーニングを開始するにあたり、本発明者らは、上記のスクリーニングに適した宿主大腸菌の選別を目的とし、各種大腸菌（ＤＨ５α，ＪＭ１０９，ＨＢ１０１，ＳＯＬＲ）のＮａＣｌに対する最小生育阻害濃度を決定した。これらの大腸菌は周知の株であり、TOYOBO 社や Stratagene 社等から市販されているものである。ＤＨ５α，ＪＭ１０９，及びＨＢ１０１は１２００ｍＭのＮａＣｌを含む２ＹＴ寒天培地上で、著しく生育が阻害されるものの、コロニー形成を行うことが可能であり、１５００ｍＭのＮａＣｌでその生育が完全に抑制される。これに対し、ＳＯＬＲは３００ｍＭのＮａＣｌで著しく生育が抑制され、４００ｍＭのＮａＣｌでその生育が完全に抑制される。この事から、ＳＯＬＲは塩感受性の高い株であり、他の大腸菌と異なり､強力な耐塩性機構を持たないことが明らかとなった。宿主大腸菌自身の耐塩性機構が強力に働かないことは、上記のスクリーニングを行う上で非常に有効である。よって、ｃＤＮＡライブラリーからの耐塩性に関与するｃＤＮＡのスクリーニングは、宿主大腸菌としてＳＯＬＲを用い、選択寒天培地のＮａＣｌ濃度を４００ｍＭに設定し、以下に示す手順でスクリーニングを行った。

実施例３　マングローブ及びその他の塩生植物ｃＤＮＡライブラリーからの耐塩性に関与するｃＤＮＡのスクリーニング

マングローブ及びその他の塩生植物のｃＤＮＡライブラリーを in vivo excision system（Stratagene 社）により、pBluescript SK に組み込んだ形でＳＯＬＲに導入した。遺伝子導入は、ZAP-cDNA /Gigapack Cloning Kit（Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ社）の手引き書に従って行なった。マングローブ及びその他の塩生植物のｃＤＮＡが導入されたＳＯＬＲの中から耐塩性関連のｃＤＮＡが導入されたＳＯＬＲを選抜するために本発明では以下に示す２段階スクリーニングを行った。一次スクリーニングは、マングローブ及びその他の塩生植物のｃＤＮＡが導入されたＳＯＬＲを４００ｍＭのＮａＣｌ、５０μｇ／ｍｌのカナマイシン、５０μｇ／ｍｌのアンピシリン、０．０５ｍＭのＩＰＴＧを含む２ＹＴ寒天培地に植菌し、２０時間、３７℃で培養した。この条件で得られたコロニー全てを再度、上記の寒天培地に植菌し、それらの生育を観察した。その結果、Bruguiera において、耐塩性が強化された１６８個のクローンを獲得した。その他の塩生植物のｃＤＮＡライブラリーが導入された形質転換大腸菌においてもほぼ同数の耐塩性が強化されたクローンの獲得に成功した。これらのクローンの中には何らかの原因で宿主大腸菌由来の耐塩性機構が強化されている可能性が考えられたため、以下に示す二次スクリーニングを行った。

一次スクリーニングで得た各クローンからプラスミドを抽出し、これらを全てＳＯＬＲに再導入した。新たに得られた形質転換体は、５０∫ｇ／ｍｌのカナマイシン、５０∫ｇ／ｍｌのアンピシリン、０．０５ｍＭのＩＰＴＧを含む２ＹＴ液体培地で対数増殖期になるまで培養し、これを２ＹＴ液体培地で希釈シリーズを作製し、上記の寒天選択培地に２５μｌずつスポットした。液体が乾くまで風乾した後、３７℃で一晩培養した。この結果、BruguieracＤＮＡライブラリーにおいては３０のクローンに明らかな耐塩性の向上が確認された。代表例として、配列番

号１に示したｃＤＮＡが導入された大腸菌のスポット実験の結果を図１に示す。次に、この３０クローンに導入されたｃＤＮＡの塩基配列をThermo Sequenase Cycle Sequencing Kit（Amersham 社）及びＤＮＡシーケンサーＬＩＣ－４０００Ｌ（ＬＩ－ＣＯＲ）を用い、製造者の手引き書に従って決定した。その結果、３０個のクローンから得られたBruguieracＤＮＡは７種類に分類できた。即ち、配列番号１に示したｃＤＮＡを２３個、配列番号３に示したｃＤＮＡを１個、配列番号５に示したｃＤＮＡを２個、配列番号７に示したｃＤＮＡを２個、配列番号９に示したｃＤＮＡを１個、配列番号１１に示したｃＤＮＡを１個、配列番号１３に示したｃＤＮＡを１個獲得した。

また同様にして、アイスプラントからは配列番号１５，１７，１９，３５，６３に示したｃＤＮＡを、シチメンソウからは配列番号２１，３７，３９，５１，５３，５７に示したｃＤＮＡを、オカヒジキからは配列番号２３，２５，４１，４７，４９，５９，６１に示したｃＤＮＡを、ヒルギダマシからは配列番号２７，２９，３１，３３，４３，４５，５５に示したｃＤＮＡを、それぞれ獲得した。

ＢＬＡＳＴ相同性検索プログラムを用い、これらのＤＮＡがコードするアミノ酸配列の相同性検索を行った。その結果、配列番号２に示されるアミノ酸配列は Swiss protein, ＰＩＲ等のデータベース中に相同性を有するタンパク質が登録されていないことから、新規のタンパク質と考えられた。そこで、本願発明者らはこのｃＤＮＡがコードする新規のタンパク質（総アミノ酸数、１４１）をマングリン（ｍａｎｇｒｉｎ）、この遺伝子をｍａｎｇ１と命名した。次に、マングリンの機能領域の決定を試みた。１６，４２，６５，８７，１０９，１４２番目のアミノ酸に終止コドン、また、１６，３５，４９番目のアミノ酸にメチオニン（その直前に終止コドンを導入）を導入したサブクローンを作製し、これを

ＳＯＬＲに導入して上記のスポット実験を行った結果、１７から８６番目のアミノ酸配列が耐塩性強化に関わる領域であることが明らかとなった（図２）。

配列番号４に示されるアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の t-complex polypeptide 1（pir JN0448）と約９０％の相同性を有した。配列番号６に示されるアミノ酸配列は、Ricinus communis の Metallothionein-like protein TYPE 2（EMBL L02306）と約８０％の相同性を有した。配列番号８に示されるアミノ酸配列は Homo sapiens の RubB-like DNA helicase（AB024301）と約６３％の相同性を有した。配列番号１０に示されるアミノ酸配列は Rattus norvegicus の Ribosomal protein S29（pir S30298）約４５％の相同性を有した。配列番号１２に示されるアミノ酸配列は Zea mays の Elongation factor eEF-1 alpha chain（pir S66339）と約９０％の相同性を有した。配列番号１４に示されるアミノ酸配列は Schizosaccharomyces pombe の cdc21（pir S26640）と約７０％の相同性を有した。配列番号２，４，６，８，１０，１２又は１４に示したタンパク質をそれぞれコードする配列番号１，３，５，７，９，１１又は１３に示されるｃＤＮＡは、実際に大腸菌の耐塩性を向上させる機能を有することから大腸菌等の原核生物から高等植物を含む幅広い生物群の耐塩性を強化する機能を有するものと考えられる。

また同様に、配列番号１６に示されるアイスプラント由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の F13O11.15 gene product（gp AC006193_15）と６８％の相同性を有した。配列番号１８に示されるアイスプラント由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の H+-transporting ATPase (EC 3.6.1.35) 14K chain（pir T01087）と７８％の相同性を有した。配列番号２０に示されるアイスプラント由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の 40S RIBOSOMAL PROTEIN S20

（pir T12992）と９１％の相同性を有した。配列番号２２に示されるシチメンソウ由来のアミノ酸配列は Atriplex canescens の ozone-inducible protein（prf 2316438B）と６３％の相同性を有した。配列番号２４に示されるオカヒジキ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の GIBBERELLIN-REGULATED PROTEIN 1 PRECURSOR（sp GAS1_ARATH）と５８％の相同性を有した。配列番号２６に示されるオカヒジキ由来のアミノ酸配列は Vigna unguiculata の ADP-ribosylation factor（gp AF022389_1）と９９％の相同性を有した。配列番号２８に示されるヒルギダマシ由来のアミノ酸配列は Solanum demissum の tuberization-induced protein（prf 2310431A）と５６％の相同性を有した。配列番号３０に示されるヒルギダマシ由来のアミノ酸配列は Medicago sativa の Enod93 protein（gp MSA248334_1）と６９％の相同性を有した。配列番号３２に示されるヒルギダマシ由来のアミノ酸配列は Oryza sativa の 40S RIBOSOMAL PROTEIN S21（pir S38357）と６９％の相同性を有した。配列番号３４に示されるヒルギダマシ由来のアミノ酸配列は Mesembryanthemum crystallinum の protein phosphotase 2C homolog (AF097667)と７９％の相同性を有した。Mesembryanthemum crystallinum の protein phosphotase 2C homolog (AF097667)と 79%の相同性を有した。

また、配列番号３６に示されるアイスプラント由来のアミノ酸配列は Ribes nigrum の pRIB5 protein（gp RNI7578_1）と５８％の相同性を有した。配列番号３８に示されるシチメンソウ由来のアミノ酸配列は Mesembryanthemum crystallinum の tonoplast intrinsic protein（pir T12439）と８４％の相同性を有した。配列番号４０に示されるシチメンソウ由来のアミノ酸配列は Spinacia oleracea の phosphoethanolamine N-methyltransferase（gp AF237633_1）と８

６％の相同性を有した。配列番号４２に示されるオカヒジキ由来のアミノ酸配列は Selenicereus wittii の phosphoenolpyruvate carboxylase（gpu SWI17843_1）と８３％の相同性を有した。配列番号４４に示されるヒルギダマシ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の putative chaperonin（gp ATAC021640_16）と８４％の相同性を有した。配列番号４６に示されるヒルギダマシ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の hypothetical protein T5F17.40（pir T10653）と８８％の相同性を有した。

また、配列番号４８に示されるオカヒジキ由来のアミノ酸配列は Glycine max の cysteine proteinase inhibitor（pir T07139）と６３％の相同性を有した。配列番号５０に示されるオカヒジキ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の nucleotide sugar epimerase-like protein（gp ATCHRIV73_7）と８７％の相同性を有した。配列番号５２に示されるシチメンソウ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の putative protein（gp ATT20K12_12）と５７％の相同性を有した。配列番号５４に示されるシチメンソウ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の putative WD-40 repeat protein（gp AC006569_14）と７８％の相同性を有した。配列番号５６に示されるヒルギダマシ由来のアミノ酸配列は Medicago sativa の cdc2MsE gene product（gp MSCDC2MSE_1）と７５％の相同性を有した。配列番号５８に示されるシチメンソウ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の putative protein（gp ATF17C15_9）と３９％の相同性を有した。配列番号６０に示されるオカヒジキ由来のアミノ酸配列は Nicotiana tabacum の transcription factor E2F（prf 2601241A）と６６％の相同性を有した。配列番号６２に示されるオカヒジキ由来のアミノ酸配列は Arabidopsis thaliana の hypothetical protein T26B15.5（pir T02548）

と３４％の相同性を有した。配列番号６４に示されるアイスプラント由来のアミノ酸配列はHomo sapiensのHomo sapiens cDNA FLJ10298 fis, clone NT2RM1001115, weakly similar to ENDOCHITINASE 2 PRECURSOR (EC 3.2.1.14)（pir T02548）と３０％の相同性を有した。

実施例４　酵母におけるマングローブｃＤＮＡの効果

配列番号１に示したｃＤＮＡがクローニングされたpBluescript SKを制限酵素EcoRI, NotIで切断し、これをアガロースゲル電気泳動した。ここで得られた約１ｋｂの断片を切り出し、GENECLEAN Kit（ＢＩＯ１０１社）で精製した。これをLigation Kit ver2（宝酒造）を用い、制限酵素EcoRI, NotIで切断した、酵母発現ベクターｐＹＥＳ２（Invitrogen）に導入した。次に、これをエレクトロポレーション法により酵母に導入した。酵母はSaccharomyces cereviciae YM4271（Ｃｌｏｎｔｅｃｈ社）を使用した。形質転換酵母の選択にはウラシルを含まないＳＤ寒天培地（以下、－ＵｒａＳＤ寒天培地）を用いた。形質転換酵母の耐塩性の評価は以下のように行った。対数増殖期後期まで－ＵｒａＳＤ培地で培養した形質転換酵母を１２００ｍＭのＮａＣｌを含む－ＵｒａＳＤ培地、及びＮａＣｌを含まない－ＵｒａＳＤ培地に植菌（初期濃度ＯＤ６００＝０．１）し、３０℃で振とう培養を開始した。２４時間ごとに細胞懸濁液を採取し、その吸光度を測定した。吸光度の測定には島津製作所のＵＶ－１２００を利用した。比較としてベクターであるｐＹＥＳ２のみを導入した酵母についても同様な検討を行った。その結果を図３に示した。図３からも明らかなように、スクリーニングの結果得られたｃＤＮＡは酵母においても、大腸菌の場合と同様に耐塩性を強化する機能を有することが確認された。

実施例５　タバコ培養細胞におけるマングローブｃＤＮＡの効果

配列番号１に示したｃＤＮＡがクローニングされているｐＢｌｕｅｓ

ｃｒｉｐｔＳＫを制限酵素Ｘｂａ１，Ｘｈｏ１で切断し、これをアガロースゲル電気泳動した。ここで得られた約１ｋｂの断片を切り出し、GENECLEAN Kit（ＢＩＯ１０１）で精製した。これをLigation Kit ver2（宝酒造社）を用い、植物発現ベクターｐＢＩ１０１（EMBOJ Vol6, p3901-3907(1987)）の制限酵素EcoRI, NotIサイトに導入した。得られたプラスミドをエレクトロポレーション法によりアグロバクテリウムに導入し、これをタバコ培養細胞(Nicotiana tabacum L. Cv. Bright Yellow 2）に感染させた。アグロバクテリウムを用いた植物細胞への遺伝子導入法は周知の方法である。ここでは、アグロバクテリウムにAgrobacterium tumefaciens EHA 101を用い、Anの方法（Plant Physiol Vol.79, p568-570(1985)）に従った。形質転換タバコ培養細胞の耐塩性の評価は以下にように行った。形質転換タバコ培養細胞のカルスを拾い、Ｌｉｎｓ－Ｍａｙｅｒ培地で対数増殖期後期まで培養した。これをＮａＣｌ濃度０，１００，及び１５０ｍＭとなるように調整した４５ｍｌのＬｉｎｓ－Ｍａｙｅｒ培地にそれぞれ１ｍｌの割合で植え継ぎ、２６℃で振とう培養を開始した。培養開始後、７日または１３日目の細胞懸濁液から細胞を回収し、その湿重量を測定した。比較として、マングローブｃＤＮＡのかわりに、ｐＢＩ１０１を用いてＧＵＳ遺伝子を導入したタバコ培養細胞についても同様な検討を行った。その結果を図４に示す。図４からも明らかなように、スクリーニングの結果得られたｃＤＮＡはタバコ培養細胞においても大腸菌の場合と同様に、耐塩性を強化する機能を有することが確認された。

実施例６　タバコ（植物体）におけるマングローブｃＤＮＡの効果

実施例５で得られたプラスミドをエレクトロポレーション法によりアグロバクテリウムに導入し、これをタバコリーフディスクに感染させた。アグロバクテリウムを用いたタバコリーフディスクへの遺伝子導入法は

周知の方法である。ここでは、アグロバクテリウムに Agrobacterium tumefaciens EHA 101 を用い、植物細胞工学入門（学会出版センター（１９９８））記載の方法に従った。形質転換タバコ（植物体）の耐塩性の評価は以下にように行った。形質転換タバコをＮａＣｌ濃度１５０ｍＭとなるように調整したＭＳ寒天培地に植え継ぎ、２６℃、明暗周期の光照射下（明：１６時間／暗：８時間）で培養した。培養開始３０日後の植物体の生育を観察し、その耐塩性を評価した。マングローブｃＤＮＡのかわりに、ｐＢＩ１０１を用いてＧＵＳ遺伝子を導入したタバコ培養細胞についても同様な検討を行った。その結果を図５に示す（参考写真参照）。図５からも明らかなように、スクリーニングの結果得られたｃＤＮＡを導入したタバコ植物体は、ＮａＣｌ存在下においても根、葉、茎の生長が良好であった。このことから、スクリーニングの結果得られたｃＤＮＡは植物体レベルにおいても耐塩性強化機能を有することが確認された。

実施例７　各種環境ストレスに対するマングローブｃＤＮＡの効果

（１）熱ストレス

配列番号１に示したｃＤＮＡがクローニングされている pBluescript SK が導入されたＳＯＬＲを５０μｇ／ｍｌのカナマイシン、５０μｇ／ｍｌのアンピシリン、０．０５ｍＭのＩＰＴＧを含む２ＹＴ液体培地で３７℃、および４０℃で培養した。対照としてベクターである pBluescript SK が導入されたＳＯＬＲについても同様な検討を行った。その結果を図６に示した。図６からも明らかなように、スクリーニングの結果得られたｃＤＮＡは耐熱性を強化する機能を有することが確認された。

（２）浸透圧ストレス

配列番号１に示したｃＤＮＡがクローニングされている pBluescript

SK が導入されたＳＯＬＲを５０μｇ／ｍｌのカナマイシン、５０μｇ／ｍｌのアンピシリン、０．０５ｍＭのＩＰＴＧを含む２ＹＴ液体培地で対数増殖期になるまで培養し、これを２ＹＴ液体培地で希釈シリーズを作製し、８００ｍＭの２ＹＴ寒天選択培地に２５μｌずつスポットした。液体が乾くまで風乾した後、３７℃で一晩培養した。その結果を図７に示した。図７からも明らかなように、スクリーニングの結果得られたｃＤＮＡは浸透圧耐性を強化する機能を有することが確認された。

（３）凍結ストレス

配列番号１に示したｃＤＮＡがクローニングされている pBluescript SK を導入したＳＯＬＲを５０μｇ／ｍｌのカナマイシン、５０μｇ／ｍｌのアンピシリン、０．０５ｍＭのＩＰＴＧを含む２ＹＴ液体培地で対数増殖期になるまで培養し、これを２ＹＴ液体培地で５０００ｃｅｌｌｓ／２５μｌになるように希釈した。これをプラスチックチューブに移し、３分間の液体窒素による凍結と３７℃、１０分間の融解を繰り返した。融解時の菌体懸濁液の一部（２５μｌ）を採取し、ＳＯＬＲを５０μｇ／ｍｌのカナマイシン、５０μｇ／ｍｌのアンピシリン、０．０５ｍＭのＩＰＴＧを含む２ＹＴ寒天培地にスポットした。比較としてベクターである pBluescript SK が導入されたＳＯＬＲについても同様な検討を行った。その結果を図８に示した。図８からも明らかなように、スクリーニングの結果得られたｃＤＮＡは凍結ストレスに対する耐性を強化する機能を有することが確認された。

実施例８　環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質の分子進化

図２に示した、マングリンｃＤＮＡの最小機能領域と考えられる領域（アミノ酸番号：１７－８６）がクローニングされたプラスミドを鋳型としたＰＣＲを行うことにより、マングリン最小機能領域と考えられる領域（mangrin core）にランダムな変異の導入を試みた。プライマーに

は、配列番号６５で示される5'－GCTCTGAGAACCGTCTAGACTTAGATGAAGGTG－3'及び配列番号６６で示される5'－TCTCTCGTTCATCTCGAGCTATTACAGCTC－3'を用いた。これらのプライマーは、mangrin core を開始コドン及び終止コドン、さらにその外側に制限酵素（Xbal, Xhol）サイトを付加したかたちで増幅できるように設計したものである。ＰＣＲには、ＤＮＡポリメラーゼとして、Takara Taq（Mg^{2+}free buffer）（宝酒造）を用いた。ＰＣＲ反応液は、添付のバッファーに対し、$MgCl_2$を１．０ｍＭ、$MnCl_2$を０．５ｍＭ、ｄＮＰＴ Mixture を０．２５ｍＭとなるように添加し、これに各プライマーをそれぞれ、２ｐｍｏｌ／１０μｌ、テンプレートＤＮＡを１０ｐｇ／１０μｌとなるように加えた。反応の温度条件は９２℃を３０秒、５０℃を３０秒、７２℃を９０秒とし、このサイクルを３０回繰り返すことで、mangrin core にランダムな変異が導入されたＤＮＡ断片を得た。得られたＤＮＡ断片を Xbal 及び Xhol で切断し、これをあらかじめ Xbal 及び Xhol で切断したベクター（pBluescript SK）にクローニングした。これをＳＯＬＲに導入し、４５０ｍＭのＮａＣｌを含む寒天培地上での生育を指標とした選抜を行い、塩基配列に変異が生じているにもかかわらず、耐塩性向上活性が維持、もしくは強化された変異 mangrin core を選抜した。得られたクローン一部について塩基配列の決定し、スポットテストにて耐塩性向上活性を評価した。その結果、図９に示すように、２クローン（ｃ－５２，ｃ－８０）の塩基配列に変異が生じていることが明らかになった。このうち、ｃ－８０はアミノ酸配列に変異が生じており、これが mangrin core の耐塩性強化機能を高める要因になっていると考えられた。また、塩ストレス耐性強化機能の比較を示す図１０からも明らかなように、環境ストレス耐性遺伝子の機能向上にも利用できることがわかった。

産業上の利用可能性

本発明は、各種生物の環境ストレスに対する耐性を強化する有効な手段になる。特に環境ストレス耐性が強化された植物はこれまで生育が困難であった塩害土壌、寒冷地、砂漠、海洋での生育が促進され、これにより、農地の拡大による農産物生産の増加が期待できる。また、環境ストレス耐性が強化された植物は、緑地環境の増大や砂漠緑化につながると同時に、地球規模においてＣＯ２濃度の増大による地球温暖化現象の抑制に貢献するものである。

請　求　の　範　囲

1．環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡをスクリーニングする方法であって、ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、得られた形質転換細胞を宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下で培養し、培養後に生育しているクローンを選択し、選択されたクローンから導入した候補ｃＤＮＡを単離することを特徴とするスクリーニング方法。

2．環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡをスクリーニングする方法であって、ｃＤＮＡライブラリー由来の候補ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、得られた形質転換細胞を宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下で培養し、培養後に生育しているクローンを選択し、選択されたクローンから導入した候補ｃＤＮＡを単離し、単離された候補ｃＤＮＡにランダムな変異を導入し、この変異ｃＤＮＡを宿主細胞に導入し、変異前のｃＤＮＡの選択条件より厳しい条件下で選抜する工程を１又は２回以上繰り返すことを特徴とするスクリーニング方法。

3．環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレスであることを特徴とする請求項１又は２記載のスクリーニング方法。

4．化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項３記載のスクリーニング方法。

5．宿主細胞が、大腸菌であることを特徴とする請求項１～４のいずれか記載のスクリーニング方法。

6．大腸菌が、ＳＯＬＲ株であることを特徴とする請求項５記載のスク

リーニング方法。

７．宿主細胞が実質的に生育できない環境条件下が、３５０ｍＭ以上の塩濃度の条件下であることを特徴とする請求項１～６記載のスクリーニング方法。

８．請求項１～７のいずれか記載のスクリーニング方法により得られることを特徴とする環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

９．環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレスであることを特徴とする請求項８記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

１０．化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項９記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

１１．環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質が、植物由来のタンパク質であることを特徴とする請求項８～１０のいずれか記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

１２．植物が、オヒルギ（Bruguiera sexangla）、ヒルギダマシ(Avicennia marina)、シチメンソウ(Sueada japonica)、オカヒジキ(Salsola komarovii)又はアイスプラント (Mesembryanthemum crystallinum)であることを特徴とする請求項１１記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

１３.以下の(ａ)～(ｃ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ

(ｂ)配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

(ｃ)配列番号２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

１４．配列番号１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

１５．請求項１４記載のＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

１６．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

１７．配列番号３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

１８．請求項１７記載のＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

１９．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のア

ミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

２０．配列番号５に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

２１．請求項２０記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

２２．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

２３．配列番号７に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

２４．請求項２３記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

２５．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号１０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号１０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

２６．配列番号９に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

２７．請求項２６記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

２８．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号１２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号１２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

２９．配列番号１１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

３０．請求項２９記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

３１．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号１４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号１４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

３２．配列番号１３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

３３．請求項３２記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

３４．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮ

Ａ。

(ａ)配列番号１６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号１６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

３５．配列番号１５に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

３６．請求項３５記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

３７．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号１８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号１８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

３８．配列番号１７に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

３９．請求項３８記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

４０．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号２０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号２０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ

少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

４１．配列番号１９に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

４２．請求項４１記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

４３．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号２２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号２２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

４４．配列番号２１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

４５．請求項４４記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

４６．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号２４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号２４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

４７．配列番号２３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

４８．請求項４７記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな

条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

４９．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号２６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号２６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

５０．配列番号２５に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

５１．請求項５０記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

５２．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号２８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号２８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

５３．配列番号２７に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

５４．請求項５３記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

５５．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号３０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号３０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

５６．配列番号２９に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

５７．請求項５６記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

５８．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号３２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号３２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

５９．配列番号３１に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

６０．請求項５９記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

６１．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号３４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号３４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

６２．配列番号３３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

６３．請求項６２記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

６４．以下の(ａ)～(ｂ)のいずれか記載のタンパク質をコードするＤＮＡ。

(ａ)配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(ｂ)配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質

６５．配列番号３５，３７，３９，４１，４３，４５，４７，４９，５１，５３，５５，５７，５９，６１又は６３に示される塩基配列若しくはその相補的配列又はこれらの配列の一部若しくは全部を含むＤＮＡ。

６６．請求項６５記載の遺伝子を構成するＤＮＡとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

６７．請求項８～６６のいずれか記載のＤＮＡを用いることを特徴とする環境ストレス耐性の向上方法。

６８．環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレス

であることを特徴とする請求項６７記載の環境ストレス耐性の向上方法。

６９．化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項６８記載の環境ストレス耐性の向上方法。

７０．配列番号２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

７１．配列番号２に示されるアミノ酸配列と相同性が７０％以上のアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

７２．配列番号２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

７３．配列番号４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

７４．配列番号４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

７５．配列番号６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

７６．配列番号６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

７７．配列番号８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

７８．配列番号８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

７９．配列番号１０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

８０．配列番号１０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

８１．配列番号１２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

８２．配列番号１２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

８３．配列番号１４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

８４．配列番号１４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

８５．配列番号１６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

８６．配列番号１６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

８７．配列番号１８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

８８．配列番号１８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

８９．配列番号２０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

９０．配列番号２０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

９１．配列番号２２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

９２．配列番号２２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

９３．配列番号２４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

９４．配列番号２４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個

のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

９５．配列番号２６に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

９６．配列番号２６に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

９７．配列番号２８に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

９８．配列番号２８に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

９９．配列番号３０に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

１００．配列番号３０に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

１０１．配列番号３２に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

１０２．配列番号３２に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

１０３．配列番号３４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

１０４．配列番号３４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

１０５．配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

１０６．配列番号３６，３８，４０，４２，４４，４６，４８，５０，

５２，５４，５６，５８，６０，６２又は６４に示されるアミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ少なくとも塩ストレス耐性向上活性を有するタンパク質。

１０７．請求項７０～７２のいずれか記載のタンパク質に特異的に結合する抗体。

１０８．請求項７３～１０４のいずれか記載のタンパク質に特異的に結合する抗体。

１０９．請求項１０５又は１０６記載のタンパク質に特異的に結合する抗体。

１１０．抗体がモノクローナル抗体であることを特徴とする請求項１０７～１０９のいずれか記載の抗体。

１１１．請求項８～１２のいずれか記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを含むことを特徴とするベクター。

１１２．請求項１３～１５のいずれか記載のＤＮＡを含むことを特徴とするベクター。

１１３．請求項１６～６３のいずれか記載のＤＮＡを含むことを特徴とするベクター。

１１４．請求項６４～６６のいずれか記載のＤＮＡを含むことを特徴とするベクター。

１１５．請求項１１１～１１４のいずれか記載のベクターを宿主細胞に導入することにより得られることを特徴とする形質転換細胞。

１１６．宿主細胞が、植物細胞であることを特徴とする請求項１１５記載の形質転換細胞。

１１７．請求項１１５又は１１６記載の形質転換細胞を培養し、該形質転換細胞又はその培養液の上清から組換えタンパク質を回収することを

特徴とする環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質の製造方法。

１１８．請求項８～１２のいずれか記載の環境ストレス耐性向上活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物。

１１９.請求項１３～１５のいずれか記載のＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物。

１２０.請求項１６～６３のいずれか記載のＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物。

１２１.請求項６４～６６のいずれか記載のＤＮＡを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物。

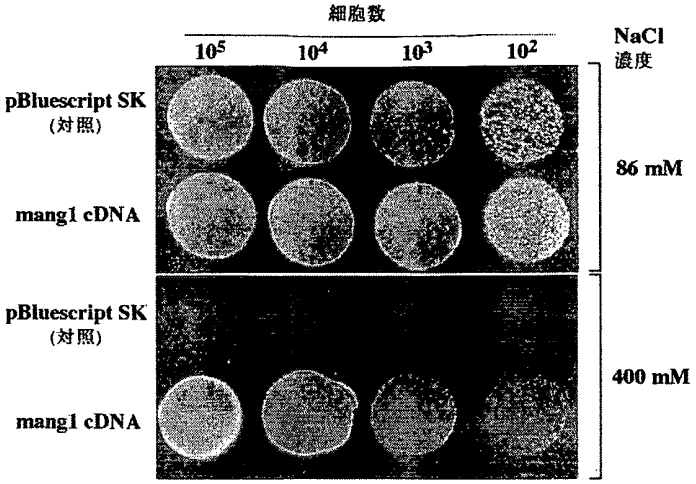
１２２．請求項１１１～１１４のいずれか記載のベクターを植物細胞に導入し、該植物細胞の分裂・増殖と再分化を行わせることにより得られることを特徴とするトランスジェニック植物。

１２３．環境ストレスが、化学物質ストレス、高温ストレス、低温ストレス、凍結ストレス、乾燥ストレス、オゾンストレス、紫外線ストレス、放射線ストレス、浸透圧ストレスから選ばれる１又は２以上のストレスであることを特徴とする請求項１１８～１２２のいずれか記載のトランスジェニック植物。

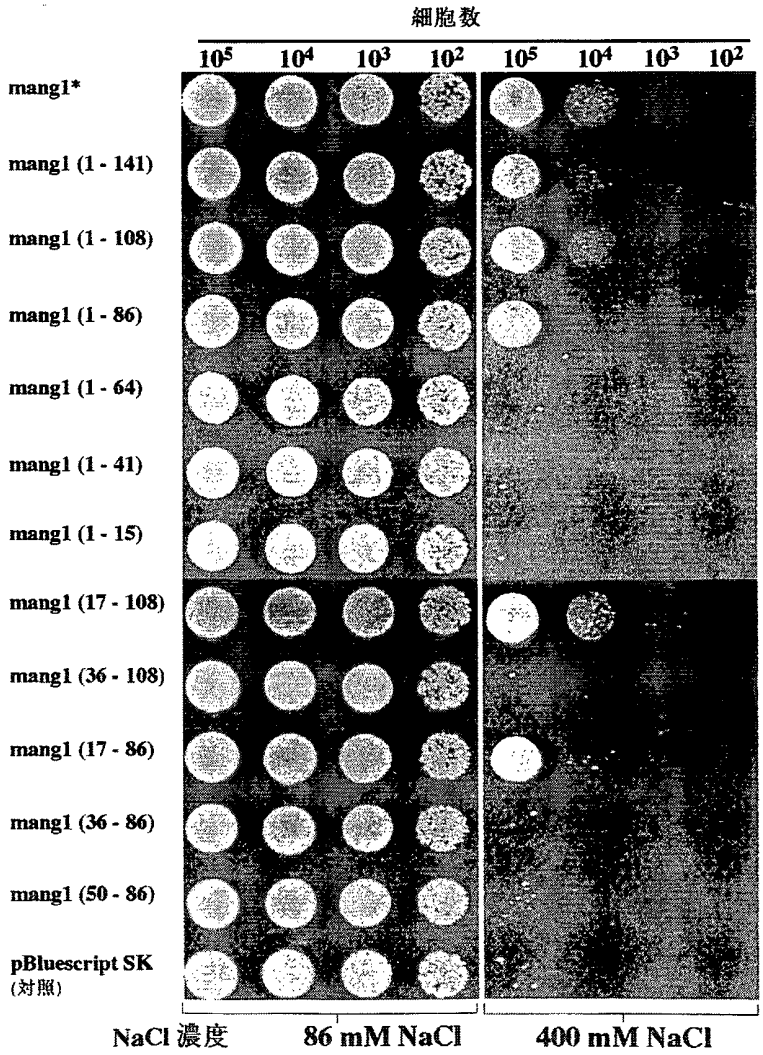
１２４．化学物質ストレスが、塩ストレスであることを特徴とする請求項１２３記載のトランスジェニック植物。

１２５．請求項１１８～１２２のいずれか記載のトランスジェニック植物に由来することを特徴とする繁殖材料。

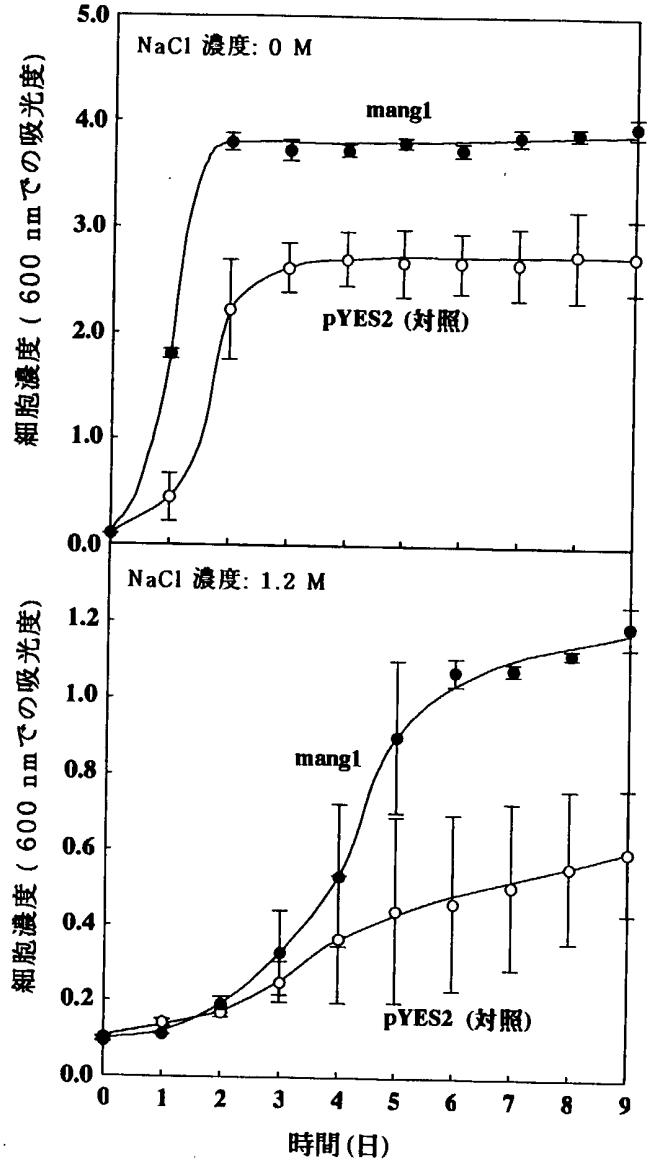
第 1 図


細胞数
10^5
10^4
10^3
10^2
NaCl
濃度
pBluescript SK
(対照)
mang1 cDNA
86 mM
pBluescript SK
(対照)
mang1 cDNA
400 mM

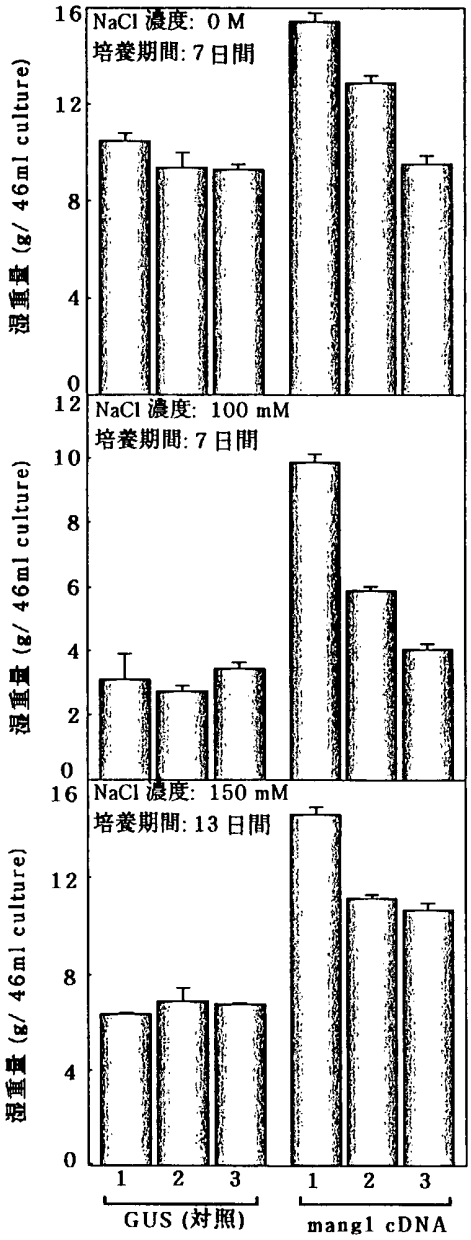
第 2 図


細胞数
10^5
10^4
10^3
10^2
10^5
10^4
10^3
10^2
mang1*
mang1 (1 - 141)
mang1 (1 - 108)
mang1 (1 - 86)
mang1 (1 - 64)
mang1 (1 - 41)
mang1 (1 - 15)
mang1 (17 - 108)
mang1 (36 - 108)
mang1 (17 - 86)
mang1 (36 - 86)
mang1 (50 - 86)
pBluescript SK
(対照)
NaCl 濃度
86 mM NaCl
400 mM NaCl

第 3 図


NaCl 濃度: 0 M
mang1
pYES2 (対照)
細胞濃度 (600 nmでの吸光度)
5.0
4.0
3.0
2.0
1.0
0.0
NaCl 濃度: 1.2 M
mang1
pYES2 (対照)
細胞濃度 (600 nmでの吸光度)
1.2
1.0
0.8
0.6
0.4
0.2
0.0
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9
時間 (日)

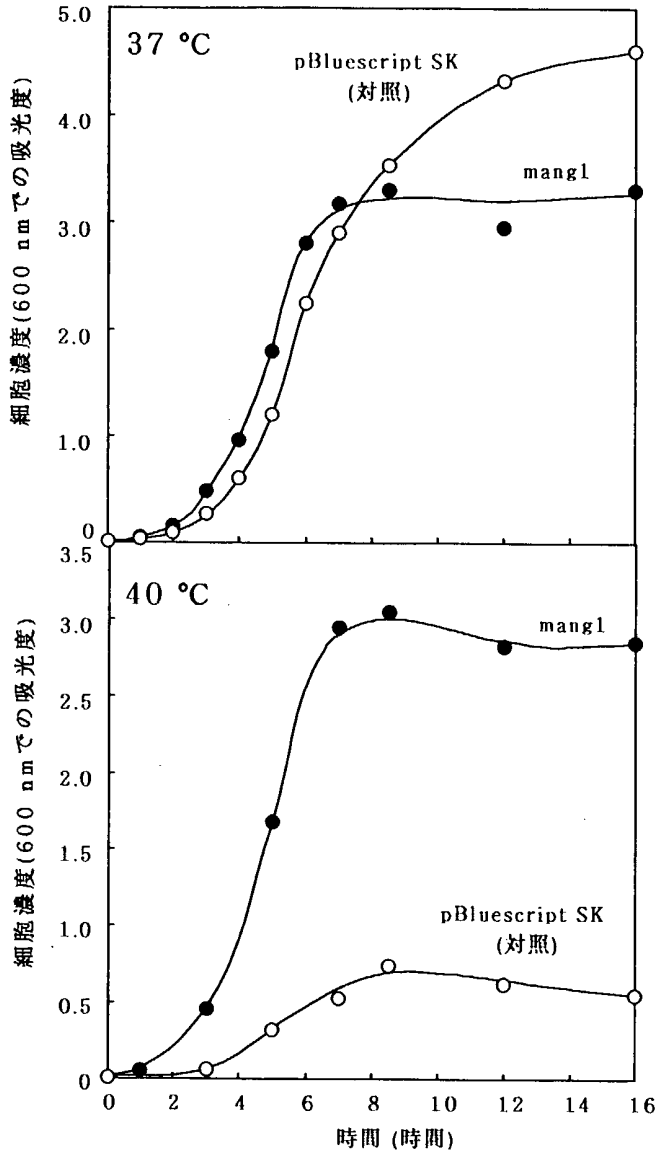
第 4 図


NaCl 濃度: 0 M
培養期間: 7日間
NaCl 濃度: 100 mM
培養期間: 7日間
NaCl 濃度: 150 mM
培養期間: 13日間
湿重量 (g/ 46ml culture)
0
4
8
12
16
2
6
10
1
2
3
GUS (対照)
mang1 cDNA

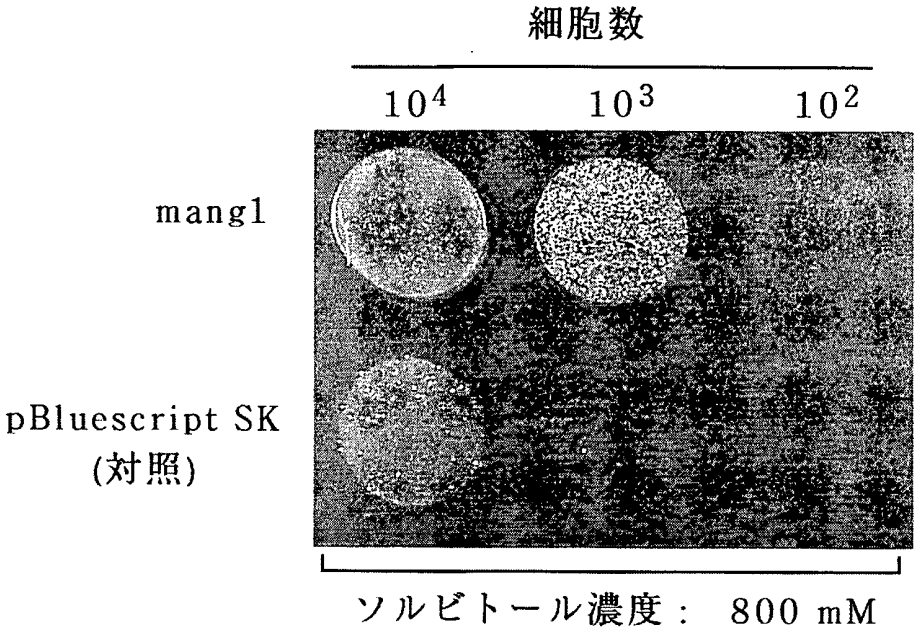
第 5 図



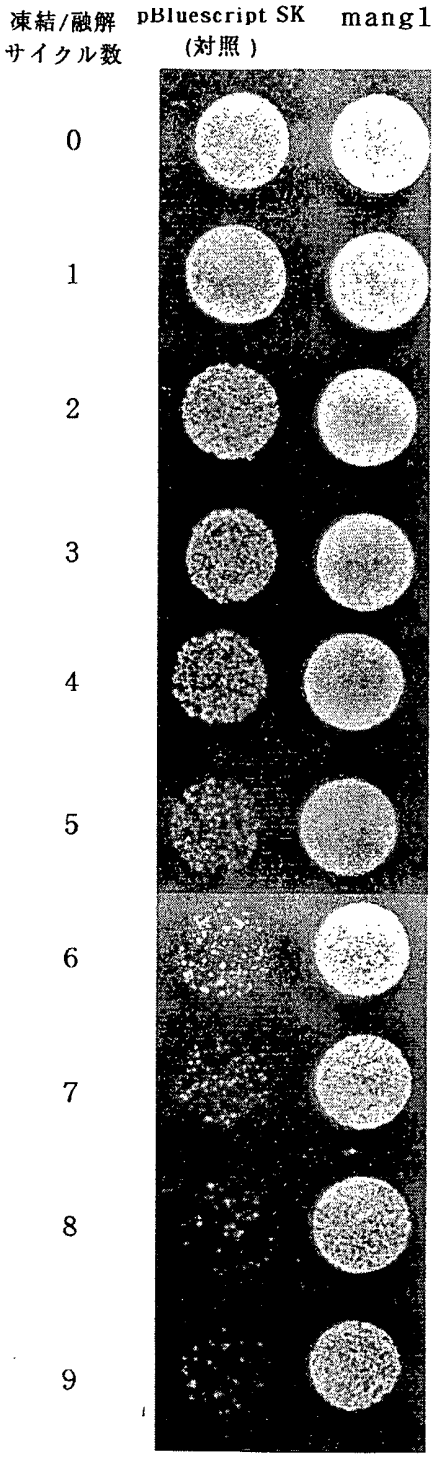
第 6 図


37 ℃
pBluescript SK
(対照)
mangl
細胞濃度(600 nmでの吸光度)
5.0
4.0
3.0
2.0
1.0
0
40 ℃
mangl
pBluescript SK
(対照)
細胞濃度(600 nmでの吸光度)
3.5
3.0
2.5
2.0
1.5
1.0
0.5
0
0 2 4 6 8 10 12 14 16
時間 (時間)

第 7 図



第 8 図



第 9 図

塩基配列の比較

```
mangrin core     1 ATGAAGGTGGTCGGCCCTGCAAGATCAAAGAGTGCTACTGTACCCACCCAAACAGTATTG   60
C-52             1 ATGAAGGTGGTCGGCCCTGCAAGATCAAAGAGTGCTACTGTACCCACCCAAACAGTATTG   60
C-80             1 ATGAAGGTGGTCGGCCCTGCAAGATCAAAGAGTGCTACTGTACCCACCCAAACAGTATTG   60

mangrin core    61 CCTTTCAAGTTCACAAACCCGTCGTTACTCACTCGATCGCTAAGCTTTTCATCAAAAGGT  120
C-52            61 CCTTTCAAGTTCACAAACCCGTCGTTACTCACTCGATCGCTAAGCTTTTCATCAAAAGGT  120
C-80            61 CCTTTCAAGTTCGCAAACCCGTCGTTACTCACTCGATCGCTAAGCTTTTCATCAAAAGGT  120

mangrin core   121 TCAAGCTTTGACAGCTTCTCTGTACCCAAAAGATCTTTTTCTTGCAGAAGCCAAGCCACT  180
C-52           121 TCAAGCTTTGACAGCTTCTCTGTACCCAAAAGATCTTTTTCTTGCAGAAGCCAAGCCACC  180
C-80           121 TCAAGCTTTGACAGCTTCTCTGTACCCAAAAGATCTTTTTCTTGCAGAAGCCAAGCCACT  180

mangrin core   181 CCATCTGATGATGCCTCAAGACCCACCAAAGTTCAAGAGCTGTAA                225
C-52           181 CCATCTGATGATGCCTCAAGACCCACCAAAGTTCAAGAGCTGTAA                225
C-80           181 CCATCTGATGATGCCTCAAGACCCACCAAAGTTCAAGAGCTGTAA                225
```

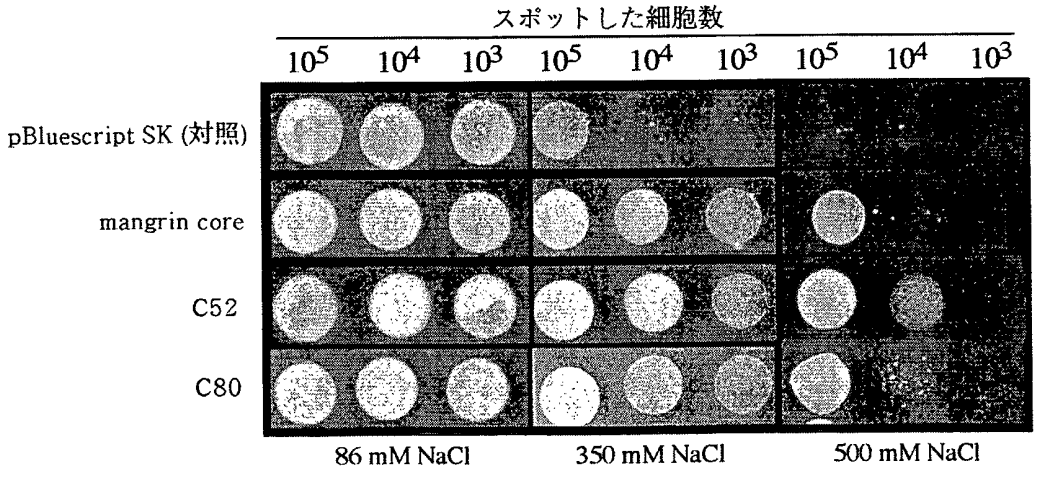
アミノ酸配列の比較

```
mangrin core    1 MKVVGPARSKSATVPTQTVLPFKFTNPSLLTRSLSFSSKGSSFDSFSVPKRSFSCRSQAT   60
C-52            1 MKVVGPARSKSATVPTQTVLPFKFTNPSLLTRSLSFSSKGSSFDSFSVPKRSFSCRSQAT   60
C-80            1 MKVVGPARSKSATVPTQTVLPFKFANPSLLTRSLSFSSKGSSFDSFSVPKRSFSCRSQAT   60

mangrin core   61 PSDDASRPTKVQEL                                                 74
C-52           61 PSDDASRPTKVQEL                                                 74
C-80           61 PSDDASRPTKVQEL                                                 74
```

第 10 図

塩ストレス耐性強化機能の比較



SEQUENCE LISTING

<110> JAPAN SCIENCE AND TECHNOLOGY CORPORATION

<120> Screening of genes to give tolerance against environmental stress and the apprications

<130> 12-130

<140>
<141>

<150> JP P1999-235910
<151> 1999-07-19

<150> JP P2000-85377
<151> 2000-03-24

<160> 66

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1
<211> 1018
<212> DNA
<213> Bruguiera sexangula

<220>
<221> CDS
<222> (42)..(464)

<400> 1
gtccaaacag ccagagagaa acgacaacat cgaccaagaa a atg gct ctt tca agc 56
Met Ala Leu Ser Ser
1 5

tct gct ctg aga acc gtc tct tct tct gtg aag gtg gtc ggc cct gca 104
Ser Ala Leu Arg Thr Val Ser Ser Ser Val Lys Val Val Gly Pro Ala
10 15 20

aga tca aag agt gct act gta ccc acc caa aca gta ttg cct ttc aag 152
Arg Ser Lys Ser Ala Thr Val Pro Thr Gln Thr Val Leu Pro Phe Lys
25 30 35

ttc aca aac ccg tcg tta ctc act cga tcg cta agc ttt tca tca aaa 200
Phe Thr Asn Pro Ser Leu Leu Thr Arg Ser Leu Ser Phe Ser Ser Lys

```
         40                  45                  50

ggt tca agc ttt gac agc ttc tct gta ccc aaa aga tct ttt tct tgc   248
Gly Ser Ser Phe Asp Ser Phe Ser Val Pro Lys Arg Ser Phe Ser Cys
     55                  60                  65

aga agc caa gcc act cca tct gat gat gcc tca aga ccc acc aaa gtt   296
Arg Ser Gln Ala Thr Pro Ser Asp Asp Ala Ser Arg Pro Thr Lys Val
 70                  75                  80                  85

caa gag ctg tgt gtg tat gag atg aac gag aga gat cgt gga agc cct   344
Gln Glu Leu Cys Val Tyr Glu Met Asn Glu Arg Asp Arg Gly Ser Pro
                 90                  95                 100

gct gtt ctc cgg ttg agc cag aaa cct gtt aat tct ctc ggc gat ctc   392
Ala Val Leu Arg Leu Ser Gln Lys Pro Val Asn Ser Leu Gly Asp Leu
            105                 110                 115

gtg cct ttc agt aac aaa gtt tac agc gga gac ctg cag aag cga att   440
Val Pro Phe Ser Asn Lys Val Tyr Ser Gly Asp Leu Gln Lys Arg Ile
        120                 125                 130

gga gta acc gca gaa tat gca tcc tgatccaaaa caagccagaa aaaaagggtg  494
Gly Val Thr Ala Glu Tyr Ala Ser
    135                 140

atcgctttga agcgatatat agcttttatt tcggtggcta tggtcacatt gctgtgcaag 554

gcgcatactt gacctacgag gacacgcacc ttgctgtgac gggcgggtcg ggcatatttg 614

aaggagtgtc tggtcaggtt aagctgcagc aactcgtgta ccctttcaag ctcttctaca 674

ctttctactt gcgaggcatc aaggacttgc cggaggagct tacgaagaag ccggttgagc 734

cccaccttc tgttgagccg atgccggcgg ccaaggcttg cgagccacat gccgttgttg 794

ctaatttcac cgattagtga ttaattgtcc ttttggggtt cggatgaact tgagttagct 854

tacagttgca caacgttatg gcgcgagaca cgagagggaa ccttagccat aagaaaatta 914

ataatctcac ggtgctttta ttttgattct tctattagtt gaatcgttaa tgaaagtgga 974

ccaaattggc tgttttacgt tttaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa                  1018
```

<210> 2

<211> 141
<212> PRT
<213> Bruguiera sexangula

<400> 2
Met Ala Leu Ser Ser Ser Ala Leu Arg Thr Val Ser Ser Ser Val Lys
1 5 10 15

Val Val Gly Pro Ala Arg Ser Lys Ser Ala Thr Val Pro Thr Gln Thr
20 25 30

Val Leu Pro Phe Lys Phe Thr Asn Pro Ser Leu Leu Thr Arg Ser Leu
35 40 45

Ser Phe Ser Ser Lys Gly Ser Ser Phe Asp Ser Phe Ser Val Pro Lys
50 55 60

Arg Ser Phe Ser Cys Arg Ser Gln Ala Thr Pro Ser Asp Asp Ala Ser
65 70 75 80

Arg Pro Thr Lys Val Gln Glu Leu Cys Val Tyr Glu Met Asn Glu Arg
85 90 95

Asp Arg Gly Ser Pro Ala Val Leu Arg Leu Ser Gln Lys Pro Val Asn
100 105 110

Ser Leu Gly Asp Leu Val Pro Phe Ser Asn Lys Val Tyr Ser Gly Asp
115 120 125

Leu Gln Lys Arg Ile Gly Val Thr Ala Glu Tyr Ala Ser
130 135 140

<210> 3
<211> 2060
<212> DNA
<213> Bruguiera sexangula

<220>
<221> CDS
<222> (81)..(1718)

<400> 3
cgaaattcct ctactaacaa taccagatcc agtctagcgt ttcgatttttc tgcttcacat 60

```
ttctgtttct ttgaccagaa atg gca atc gcg gct caa act ccg gac att ctc 113
                       Met Ala Ile Ala Ala Gln Thr Pro Asp Ile Leu
                         1               5                  10

ggc gaa cgt cag tcc ggc cag gac gtc cgc act caa aat gtg gtg gca  161
Gly Glu Arg Gln Ser Gly Gln Asp Val Arg Thr Gln Asn Val Val Ala
            15                  20                  25

tgt caa gcg gtt gcc aat att gtc aaa tct tca ctt ggt cct gtc gga  209
Cys Gln Ala Val Ala Asn Ile Val Lys Ser Ser Leu Gly Pro Val Gly
        30                  35                  40

ctc gac aag atg cta gtg gat gat att ggt gat gta aca att aca aat  257
Leu Asp Lys Met Leu Val Asp Asp Ile Gly Asp Val Thr Ile Thr Asn
    45                  50                  55

gat ggt gct acg att ctt aag atg tta gaa gta gag cat cct gca gca  305
Asp Gly Ala Thr Ile Leu Lys Met Leu Glu Val Glu His Pro Ala Ala
60                  65                  70                  75

aag gtg ctc gtg gag ttg gct gag ctt caa gac cga gaa gtt gga gat  353
Lys Val Leu Val Glu Leu Ala Glu Leu Gln Asp Arg Glu Val Gly Asp
                80                  85                  90

gga acc act tcg gtt gtc atc ata gca gct gag ttg ctc aag aga gca  401
Gly Thr Thr Ser Val Val Ile Ile Ala Ala Glu Leu Leu Lys Arg Ala
            95                  100                 105

aat gat ctc gtg agg aat aag atc cac cca aca tca ata atc agt gga  449
Asn Asp Leu Val Arg Asn Lys Ile His Pro Thr Ser Ile Ile Ser Gly
        110                 115                 120

tac agg ctt gct atg agg gaa gca tgc aag tat gtt gaa gag aaa ttg  497
Tyr Arg Leu Ala Met Arg Glu Ala Cys Lys Tyr Val Glu Glu Lys Leu
    125                 130                 135

tca atg aag gtt gaa aag ctt gga aaa gat tct cta gta aac tgt gca  545
Ser Met Lys Val Glu Lys Leu Gly Lys Asp Ser Leu Val Asn Cys Ala
140                 145                 150                 155

aag aca agc atg tcc tca aag ttg ata gct ggt gac agc gac ttc ttt  593
Lys Thr Ser Met Ser Ser Lys Leu Ile Ala Gly Asp Ser Asp Phe Phe
                160                 165                 170

gca aat ttg gtt gta gat gct gta caa gca gta aag atg acc aat gca  641
Ala Asn Leu Val Val Asp Ala Val Gln Ala Val Lys Met Thr Asn Ala
```

```
            175                 180                 185

cgg ggg gaa atc aaa tat cct atc aag agt ata aat att ttg aaa gct   689
Arg Gly Glu Ile Lys Tyr Pro Ile Lys Ser Ile Asn Ile Leu Lys Ala
        190                 195                 200

cat gga aaa agt gca aga gat agc tgc ctt ttg aat ggc tat gct ctc   737
His Gly Lys Ser Ala Arg Asp Ser Cys Leu Leu Asn Gly Tyr Ala Leu
    205                 210                 215

aat act ggt cgt gct gct caa ggg atg cct atg aga gtt gca cct gca   785
Asn Thr Gly Arg Ala Ala Gln Gly Met Pro Met Arg Val Ala Pro Ala
220                 225                 230                 235

agg att gct tgt ctt gac ttt aat ctt cag aaa acg aag atg caa ttg   833
Arg Ile Ala Cys Leu Asp Phe Asn Leu Gln Lys Thr Lys Met Gln Leu
                240                 245                 250

ggt gta caa gtc tta gtc act gat ccc agg gag ctt gaa aga att cgt   881
Gly Val Gln Val Leu Val Thr Asp Pro Arg Glu Leu Glu Arg Ile Arg
            255                 260                 265

caa aga gaa gct gat atg aca aag gaa cgg att gag aaa ctc ctg aaa   929
Gln Arg Glu Ala Asp Met Thr Lys Glu Arg Ile Glu Lys Leu Leu Lys
        270                 275                 280

gct gga gca aat gtt gtt cta acc aca aag gga att gat gac atg gca   977
Ala Gly Ala Asn Val Val Leu Thr Thr Lys Gly Ile Asp Asp Met Ala
    285                 290                 295

ctt aaa tat ttt gtg gag gct ggg gct att gct gtg aga cgt gtt cgg  1025
Leu Lys Tyr Phe Val Glu Ala Gly Ala Ile Ala Val Arg Arg Val Arg
300                 305                 310                 315

aaa gag gat atg cgc cat gtt gcc aag gca act ggt gca aca ctg gtt  1073
Lys Glu Asp Met Arg His Val Ala Lys Ala Thr Gly Ala Thr Leu Val
                320                 325                 330

tca aca ttt gct gac atg gaa gga gag gaa aca ttt gat tca tca ctg  1121
Ser Thr Phe Ala Asp Met Glu Gly Glu Glu Thr Phe Asp Ser Ser Leu
            335                 340                 345

ctt gga caa gct gaa gaa gtt gtg gag gag cgc att gct gat gac gat  1169
Leu Gly Gln Ala Glu Glu Val Val Glu Glu Arg Ile Ala Asp Asp Asp
        350                 355                 360
```

```
gtg att atg ata aaa ggg aca aag act aca agt gcg gtt tcc ttg att   1217
Val Ile Met Ile Lys Gly Thr Lys Thr Thr Ser Ala Val Ser Leu Ile
    365                 370                 375

ctt cgt ggt gca aat gac tat atg ctc gat gag atg gag cga gcc ctg   1265
Leu Arg Gly Ala Asn Asp Tyr Met Leu Asp Glu Met Glu Arg Ala Leu
380                 385                 390                 395

cat gat gct tta tgt att gtc aag aga acc ctt gaa tct aat aca gta   1313
His Asp Ala Leu Cys Ile Val Lys Arg Thr Leu Glu Ser Asn Thr Val
                400                 405                 410

gtt gca ggt gga ggt gct gtt gag gct gcc ttg tct gtg cac ttg gag   1361
Val Ala Gly Gly Gly Ala Val Glu Ala Ala Leu Ser Val His Leu Glu
            415                 420                 425

tac ctc gct aca act ctt ggg tca cga gag cag tta gca ata gca gag   1409
Tyr Leu Ala Thr Thr Leu Gly Ser Arg Glu Gln Leu Ala Ile Ala Glu
        430                 435                 440

ttt gca gaa tcc ttg ttg att ata cca aag gtt ctt gct gtc aat gct   1457
Phe Ala Glu Ser Leu Leu Ile Ile Pro Lys Val Leu Ala Val Asn Ala
    445                 450                 455

gcc aaa gat gcc act gaa tta gct gca aaa ctc cgg gct tac cac cat   1505
Ala Lys Asp Ala Thr Glu Leu Ala Ala Lys Leu Arg Ala Tyr His His
460                 465                 470                 475

aca gca caa aca aag gct gat aag aaa cat tta tca agc atg gga cta   1553
Thr Ala Gln Thr Lys Ala Asp Lys Lys His Leu Ser Ser Met Gly Leu
                480                 485                 490

gac ctt tca aag ggg acc atc cga aac aac tta gaa gct gga gtc att   1601
Asp Leu Ser Lys Gly Thr Ile Arg Asn Asn Leu Glu Ala Gly Val Ile
            495                 500                 505

gaa cct gca atg agc aaa ata aag ata att cag ttt gct act gaa gca   1649
Glu Pro Ala Met Ser Lys Ile Lys Ile Ile Gln Phe Ala Thr Glu Ala
        510                 515                 520

gcc ata aca att ctt cga att gat gac atg atc aag ctt gtc aag gat   1697
Ala Ile Thr Ile Leu Arg Ile Asp Asp Met Ile Lys Leu Val Lys Asp
    525                 530                 535

gag act cag aat gaa gag gaa tagatgcaga ctcttgtaag ctgcctccct     1748
Glu Thr Gln Asn Glu Glu Glu
```

540 545

tttgttttca aatttgtgtc ccttgcgagc tggaggaaag ggggggtgtt tatgtggtgt 1808

tttcagtggt tttaattttt caaggagctc gcggcctgtg tactttaggt tagagtccat 1868

ccaaggggtg tttattggat aatgcctaag ctgtttctcg tctattagta ggctggtagt 1928

tccactgagt tctcatccca attaaaagaa tgagatcaaa gggtcctaaa ttcgtactca 1988

ttggtgcacg atttgtttct gacaagcata agacttgacc ctctctatca caataaaaaa 2048

aaaaaaaaaa aa 2060

<210> 4
<211> 546
<212> PRT
<213> Bruguiera sexangula

<400> 4

Met Ala Ile Ala Ala Gln Thr Pro Asp Ile Leu Gly Glu Arg Gln Ser
1 5 10 15

Gly Gln Asp Val Arg Thr Gln Asn Val Val Ala Cys Gln Ala Val Ala
20 25 30

Asn Ile Val Lys Ser Ser Leu Gly Pro Val Gly Leu Asp Lys Met Leu
35 40 45

Val Asp Asp Ile Gly Asp Val Thr Ile Thr Asn Asp Gly Ala Thr Ile
50 55 60

Leu Lys Met Leu Glu Val Glu His Pro Ala Ala Lys Val Leu Val Glu
65 70 75 80

Leu Ala Glu Leu Gln Asp Arg Glu Val Gly Asp Gly Thr Thr Ser Val
85 90 95

Val Ile Ile Ala Ala Glu Leu Leu Lys Arg Ala Asn Asp Leu Val Arg
100 105 110

Asn Lys Ile His Pro Thr Ser Ile Ile Ser Gly Tyr Arg Leu Ala Met
115 120 125

Arg Glu Ala Cys Lys Tyr Val Glu Glu Lys Leu Ser Met Lys Val Glu

```
    130                 135                 140

Lys Leu Gly Lys Asp Ser Leu Val Asn Cys Ala Lys Thr Ser Met Ser
145                 150                 155                 160

Ser Lys Leu Ile Ala Gly Asp Ser Asp Phe Phe Ala Asn Leu Val Val
                165                 170                 175

Asp Ala Val Gln Ala Val Lys Met Thr Asn Ala Arg Gly Glu Ile Lys
            180                 185                 190

Tyr Pro Ile Lys Ser Ile Asn Ile Leu Lys Ala His Gly Lys Ser Ala
        195                 200                 205

Arg Asp Ser Cys Leu Leu Asn Gly Tyr Ala Leu Asn Thr Gly Arg Ala
    210                 215                 220

Ala Gln Gly Met Pro Met Arg Val Ala Pro Ala Arg Ile Ala Cys Leu
225                 230                 235                 240

Asp Phe Asn Leu Gln Lys Thr Lys Met Gln Leu Gly Val Gln Val Leu
                245                 250                 255

Val Thr Asp Pro Arg Glu Leu Glu Arg Ile Arg Gln Arg Glu Ala Asp
            260                 265                 270

Met Thr Lys Glu Arg Ile Glu Lys Leu Leu Lys Ala Gly Ala Asn Val
        275                 280                 285

Val Leu Thr Thr Lys Gly Ile Asp Asp Met Ala Leu Lys Tyr Phe Val
    290                 295                 300

Glu Ala Gly Ala Ile Ala Val Arg Arg Val Arg Lys Glu Asp Met Arg
305                 310                 315                 320

His Val Ala Lys Ala Thr Gly Ala Thr Leu Val Ser Thr Phe Ala Asp
                325                 330                 335

Met Glu Gly Glu Glu Thr Phe Asp Ser Ser Leu Leu Gly Gln Ala Glu
            340                 345                 350

Glu Val Val Glu Glu Arg Ile Ala Asp Asp Asp Val Ile Met Ile Lys
        355                 360                 365

Gly Thr Lys Thr Thr Ser Ala Val Ser Leu Ile Leu Arg Gly Ala Asn
    370                 375                 380
```

```
Asp Tyr Met Leu Asp Glu Met Glu Arg Ala Leu His Asp Ala Leu Cys
385                 390                 395                 400

Ile Val Lys Arg Thr Leu Glu Ser Asn Thr Val Val Ala Gly Gly Gly
                405                 410                 415

Ala Val Glu Ala Ala Leu Ser Val His Leu Glu Tyr Leu Ala Thr Thr
            420                 425                 430

Leu Gly Ser Arg Glu Gln Leu Ala Ile Ala Glu Phe Ala Glu Ser Leu
        435                 440                 445

Leu Ile Ile Pro Lys Val Leu Ala Val Asn Ala Ala Lys Asp Ala Thr
    450                 455                 460

Glu Leu Ala Ala Lys Leu Arg Ala Tyr His His Thr Ala Gln Thr Lys
465                 470                 475                 480

Ala Asp Lys Lys His Leu Ser Ser Met Gly Leu Asp Leu Ser Lys Gly
                485                 490                 495

Thr Ile Arg Asn Asn Leu Glu Ala Gly Val Ile Glu Pro Ala Met Ser
            500                 505                 510

Lys Ile Lys Ile Ile Gln Phe Ala Thr Glu Ala Ala Ile Thr Ile Leu
        515                 520                 525

Arg Ile Asp Asp Met Ile Lys Leu Val Lys Asp Glu Thr Gln Asn Glu
    530                 535                 540

Glu Glu
545
```

<210> 5
<211> 588
<212> DNA
<213> Bruguiera sexangula

<220>
<221> CDS
<222> (26)..(262)

<400> 5

```
gaaaaacaaa gcaatctcct gaagg atg tct tgc tgt ggt gga aac tgt ggc   52
                           Met Ser Cys Cys Gly Gly Asn Cys Gly
                             1               5

tgc gga gca agc tgc aat tgc ggc aac ggc tgt gga ggg tgc aag atg   100
Cys Gly Ala Ser Cys Asn Cys Gly Asn Gly Cys Gly Gly Cys Lys Met
 10                  15                  20                  25

tac cca gac atg ggc ttc gcc gag aag acc act acc gag act ctg gtt   148
Tyr Pro Asp Met Gly Phe Ala Glu Lys Thr Thr Thr Glu Thr Leu Val
                 30                  35                  40

ctc ggc gtg ggg cct gag agg gcc cac ttt gag gga gcc gag atg ggc   196
Leu Gly Val Gly Pro Glu Arg Ala His Phe Glu Gly Ala Glu Met Gly
             45                  50                  55

gtg ccg gcc gag aac gga ggc tgc aag tgc gga agt aac tgc acc tgc   244
Val Pro Ala Glu Asn Gly Gly Cys Lys Cys Gly Ser Asn Cys Thr Cys
         60                  65                  70

gac ccc tgc act tgt aaa tgaggggaaa gtgacaggga aggtccgatc          292
Asp Pro Cys Thr Cys Lys
     75

tattattagt ctatatgtgt gtgttgggag tcttgcttac aataaaccag tcatgcctig 352

cgtttcctcc atgcgcagat cttaggtttt aggatatctc tgtggtttct ccaagctatg 412

gattttcagt gtctagtttt cctgtattac aaggatagtt tataaccgta tatgcatggt 472

cggaatcctt ccaaccattt cgtttgtcta aatatatata tgtgtgtgtg tgtgtgtgtt 532

tgatgggaaa gtgagcttct ttatgtttta tgactaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa     588


<210> 6
<211> 79
<212> PRT
<213> Bruguiera sexangula

<400> 6
Met Ser Cys Cys Gly Gly Asn Cys Gly Cys Gly Ala Ser Cys Asn Cys
  1               5                  10                  15

Gly Asn Gly Cys Gly Gly Cys Lys Met Tyr Pro Asp Met Gly Phe Ala
             20                  25                  30
```

```
Glu Lys Thr Thr Thr Glu Thr Leu Val Leu Gly Val Gly Pro Glu Arg
        35                  40                  45

Ala His Phe Glu Gly Ala Glu Met Gly Val Pro Ala Glu Asn Gly Gly
    50                  55                  60

Cys Lys Cys Gly Ser Asn Cys Thr Cys Asp Pro Cys Thr Cys Lys
65                  70                  75
```

<210> 7
<211> 1280
<212> DNA
<213> Bruguiera sexangula

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1002)

<400> 7

```
att gaa ggg gaa gtg gtg gaa gtc caa att gat cgg ccg gcg gtg acc   48
Ile Glu Gly Glu Val Val Glu Val Gln Ile Asp Arg Pro Ala Val Thr
  1               5                  10                  15

ggc gcc gcg tcc aag acg ggg aaa ttg acg cta aag acg acg gag atg   96
Gly Ala Ala Ser Lys Thr Gly Lys Leu Thr Leu Lys Thr Thr Glu Met
            20                  25                  30

gag acg gtg tac gat ttg ggg gcg aaa atg ata gag gca ttg ggg aag   144
Glu Thr Val Tyr Asp Leu Gly Ala Lys Met Ile Glu Ala Leu Gly Lys
        35                  40                  45

gaa aag gtg cag agt ggg gat gtt att gca att gac aag gcg tcc ggc   192
Glu Lys Val Gln Ser Gly Asp Val Ile Ala Ile Asp Lys Ala Ser Gly
    50                  55                  60

aaa att aca aag ctt ggg cgt tca ttt tcg cgg tct agg gat tac gat   240
Lys Ile Thr Lys Leu Gly Arg Ser Phe Ser Arg Ser Arg Asp Tyr Asp
65                  70                  75                  80

gcc atg gga cca cag gtg aag ttt gtt cag tgc cct gat ggg gag ctg   288
Ala Met Gly Pro Gln Val Lys Phe Val Gln Cys Pro Asp Gly Glu Leu
                85                  90                  95
```

```
cag aag agg aaa gag gtc gtg cat tgt gtc tca ctg cac gag att gat   336
Gln Lys Arg Lys Glu Val Val His Cys Val Ser Leu His Glu Ile Asp
            100                 105                 110

gtt atc aat agc aga aca cag ggg ttt ctt gct ctt ttc acc ggg gat   384
Val Ile Asn Ser Arg Thr Gln Gly Phe Leu Ala Leu Phe Thr Gly Asp
        115                 120                 125

act ggt gaa atc cgt gcg gag gtg agg gaa caa att gac aca aag gtg   432
Thr Gly Glu Ile Arg Ala Glu Val Arg Glu Gln Ile Asp Thr Lys Val
    130                 135                 140

gct gaa tgg aga gag gaa ggg aaa gca gag att gtg cca ggt gtc ctc   480
Ala Glu Trp Arg Glu Glu Gly Lys Ala Glu Ile Val Pro Gly Val Leu
145                 150                 155                 160

ttt att gat gag gtc cac atg ctt gac att gag tgc ttc tca ttt ctg   528
Phe Ile Asp Glu Val His Met Leu Asp Ile Glu Cys Phe Ser Phe Leu
                165                 170                 175

aat cgt gct ctt gag aat gag atg gcg cca ata tta gtt gtt gct acc   576
Asn Arg Ala Leu Glu Asn Glu Met Ala Pro Ile Leu Val Val Ala Thr
            180                 185                 190

aac aga ggg atc acc aca atc aga ggc aca aat tac aaa tct cct cat   624
Asn Arg Gly Ile Thr Thr Ile Arg Gly Thr Asn Tyr Lys Ser Pro His
        195                 200                 205

ggg att cca ata gat ctc ctt gat cga cta ctc att atc aca act caa   672
Gly Ile Pro Ile Asp Leu Leu Asp Arg Leu Leu Ile Ile Thr Thr Gln
    210                 215                 220

cct tac aca aag gat gaa att cgt aag att ctg gat atc aga tgt cag   720
Pro Tyr Thr Lys Asp Glu Ile Arg Lys Ile Leu Asp Ile Arg Cys Gln
225                 230                 235                 240

gaa gaa gat gtg gag atg gct gaa gag gca aag gct ttg tta aca cat   768
Glu Glu Asp Val Glu Met Ala Glu Glu Ala Lys Ala Leu Leu Thr His
                245                 250                 255

att ggg gca gaa aca tcc ttg aga tat gcc atc cat ctc att act gct   816
Ile Gly Ala Glu Thr Ser Leu Arg Tyr Ala Ile His Leu Ile Thr Ala
            260                 265                 270

gca gca ttg gca tgc cag aag cga aag gga aag ctt gtg gaa act gag   864
Ala Ala Leu Ala Cys Gln Lys Arg Lys Gly Lys Leu Val Glu Thr Glu
```

```
        275                 280                 285

gac att agt cga gct tac aat ctg ttt ctt gat gta aag aga tct aca   912
Asp Ile Ser Arg Ala Tyr Asn Leu Phe Leu Asp Val Lys Arg Ser Thr
    290                 295                 300

cag tac cta ata gag tat cag aat cag tac atg ttt aat gag gca ccg   960
Gln Tyr Leu Ile Glu Tyr Gln Asn Gln Tyr Met Phe Asn Glu Ala Pro
305                 310                 315                 320

gta gga gaa ggg gac gaa gaa ggg gcc aat gcc atg ctt tct           1002
Val Gly Glu Gly Asp Glu Glu Gly Ala Asn Ala Met Leu Ser
                325                 330

tgaagggcca taagctatgg agtctttgtg aaaccctttct ccctactttta ttcgcagcac 1062

gagccctgaa atgaagaaca atggtagact tggatcccac cttggccctt atgtatgtct 1122

tctggaattg aaaaaagagt ccaagaaatt tgaatttcat gaaattggag aactgaactg 1182

tgcttactaa attgctactt tgcaagtaat gatagggcac tcacgcttga ctggctaagt 1242

atttatgttt ttatcatcaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa                          1280


<210> 8
<211> 334
<212> PRT
<213> Bruguiera sexangula

<400> 8
Ile Glu Gly Glu Val Val Glu Val Gln Ile Asp Arg Pro Ala Val Thr
  1               5                  10                  15

Gly Ala Ala Ser Lys Thr Gly Lys Leu Thr Leu Lys Thr Thr Glu Met
             20                  25                  30

Glu Thr Val Tyr Asp Leu Gly Ala Lys Met Ile Glu Ala Leu Gly Lys
         35                  40                  45

Glu Lys Val Gln Ser Gly Asp Val Ile Ala Ile Asp Lys Ala Ser Gly
     50                  55                  60

Lys Ile Thr Lys Leu Gly Arg Ser Phe Ser Arg Ser Arg Asp Tyr Asp
 65                  70                  75                  80
```

```
Ala Met Gly Pro Gln Val Lys Phe Val Gln Cys Pro Asp Gly Glu Leu
                85                  90                  95

Gln Lys Arg Lys Glu Val Val His Cys Val Ser Leu His Glu Ile Asp
            100                 105                 110

Val Ile Asn Ser Arg Thr Gln Gly Phe Leu Ala Leu Phe Thr Gly Asp
        115                 120                 125

Thr Gly Glu Ile Arg Ala Glu Val Arg Glu Gln Ile Asp Thr Lys Val
    130                 135                 140

Ala Glu Trp Arg Glu Glu Gly Lys Ala Glu Ile Val Pro Gly Val Leu
145                 150                 155                 160

Phe Ile Asp Glu Val His Met Leu Asp Ile Glu Cys Phe Ser Phe Leu
                165                 170                 175

Asn Arg Ala Leu Glu Asn Glu Met Ala Pro Ile Leu Val Val Ala Thr
            180                 185                 190

Asn Arg Gly Ile Thr Thr Ile Arg Gly Thr Asn Tyr Lys Ser Pro His
        195                 200                 205

Gly Ile Pro Ile Asp Leu Leu Asp Arg Leu Leu Ile Ile Thr Thr Gln
    210                 215                 220

Pro Tyr Thr Lys Asp Glu Ile Arg Lys Ile Leu Asp Ile Arg Cys Gln
225                 230                 235                 240

Glu Glu Asp Val Glu Met Ala Glu Glu Ala Lys Ala Leu Leu Thr His
                245                 250                 255

Ile Gly Ala Glu Thr Ser Leu Arg Tyr Ala Ile His Leu Ile Thr Ala
            260                 265                 270

Ala Ala Leu Ala Cys Gln Lys Arg Lys Gly Lys Leu Val Glu Thr Glu
        275                 280                 285

Asp Ile Ser Arg Ala Tyr Asn Leu Phe Leu Asp Val Lys Arg Ser Thr
    290                 295                 300

Gln Tyr Leu Ile Glu Tyr Gln Asn Gln Tyr Met Phe Asn Glu Ala Pro
305                 310                 315                 320

Val Gly Glu Gly Asp Glu Glu Gly Ala Asn Ala Met Leu Ser
```

325 330

<210> 9
<211> 420
<212> DNA
<213> Bruguiera sexangula

<220>
<221> CDS
<222> (27)..(194)

<400> 9
cgaaagtata aagtgatcgg cgagcg atg ggt cac tct aac gtc tgg aac tct 53
Met Gly His Ser Asn Val Trp Asn Ser
1 5

cac ccc aag aac tac ggc cct ggt tcc cgc gcc tgt cgg gtg tgt ggg 101
His Pro Lys Asn Tyr Gly Pro Gly Ser Arg Ala Cys Arg Val Cys Gly
10 15 20 25

aat ccg cac ggg ttg atc agg aag tac gga ctc atg tgc tgc aga cag 149
Asn Pro His Gly Leu Ile Arg Lys Tyr Gly Leu Met Cys Cys Arg Gln
30 35 40

tgc ttc cgt agc aat gcc aag gaa att ggc ttc att aag tac cgc 194
Cys Phe Arg Ser Asn Ala Lys Glu Ile Gly Phe Ile Lys Tyr Arg
45 50 55

tgaatgatat cgatatggcc cagaatggcc tgtggcggtg cgtgttcgat ttcagtagtt 254

cccctctttc ggatgagctt taggacaatg ttctctttag tttatgtatt gttgaacttg 314

gactgatgtt gaactaacga tattctggaa tcatttgata tttcgagagt ttattatttt 374

gatcatcatc ctcttgcttc tctgcttaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 420

<210> 10
<211> 56
<212> PRT
<213> Bruguiera sexangula

<400> 10
Met Gly His Ser Asn Val Trp Asn Ser His Pro Lys Asn Tyr Gly Pro

```
  1               5                  10                  15

Gly Ser Arg Ala Cys Arg Val Cys Gly Asn Pro His Gly Leu Ile Arg
            20                  25                  30

Lys Tyr Gly Leu Met Cys Cys Arg Gln Cys Phe Arg Ser Asn Ala Lys
        35                  40                  45

Glu Ile Gly Phe Ile Lys Tyr Arg
    50                  55
```

<210> 11
<211> 1664
<212> DNA
<213> Bruguiera sexangula

<220>
<221> CDS
<222> (34)..(1380)

<400> 11

```
tctctcttta caggttaaag ctaagacttt ata atg ggt aag gag aag att cac  54
                                      Met Gly Lys Glu Lys Ile His
                                        1               5

att aac att gtg gtt att ggc cat gtc gac tcc gga aag tca acc aca  102
Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr
        10                  15                  20

act ggc cac ttg att tac aag ctt gga ggt atc gac aag cgt gtg att  150
Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile
    25                  30                  35

gag agg ttt gag aag gaa gct gct gag atg aac aag agg tca ttc aag  198
Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys
 40                  45                  50                  55

tat gcc tgg gtg ctt gac aag ctg aag gct gag cgt gag cgt ggt atc  246
Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile
                60                  65                  70

acc att gat att gcc ttg tgg aag ttc gag aca acc aaa tat tac tgc  294
Thr Ile Asp Ile Ala Leu Trp Lys Phe Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Cys
            75                  80                  85
```

```
acg gtc att gat gct cct gga cat cgt gac ttt att aag aat atg atc   342
Thr Val Ile Asp Ala Pro Gly His Arg Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile
         90                  95                 100

acc ggg act tcc caa gct gac tgt gct gtc ctc atc att gac tct acc   390
Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala Val Leu Ile Ile Asp Ser Thr
    105                 110                 115

act ggt ggc ttt gag gct ggt atc tct aaa gat ggt cag acc cgc gag   438
Thr Gly Gly Phe Glu Ala Gly Ile Ser Lys Asp Gly Gln Thr Arg Glu
120                 125                 130                 135

cat gcc ctg ctt gcc ttc acc ctt ggt gtt aag caa atg att tgc tgc   486
His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly Val Lys Gln Met Ile Cys Cys
                140                 145                 150

tgc aac aag atg gat gct acc act tcc aag tat tct aag gca aga tat   534
Cys Asn Lys Met Asp Ala Thr Thr Ser Lys Tyr Ser Lys Ala Arg Tyr
            155                 160                 165

gat gaa att gtt aag gaa gtg tca tcc tac ttg aag aag gtt ggt tac   582
Asp Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ser Tyr Leu Lys Lys Val Gly Tyr
        170                 175                 180

aac cca gag aag att cct ttt gtc ccc ata tct gga ttt gag ggt gac   630
Asn Pro Glu Lys Ile Pro Phe Val Pro Ile Ser Gly Phe Glu Gly Asp
    185                 190                 195

aac atg att gag aga tcc acc aac ctt gac tgg tac aag ggc cca act   678
Asn Met Ile Glu Arg Ser Thr Asn Leu Asp Trp Tyr Lys Gly Pro Thr
200                 205                 210                 215

ctt ctt gag gcc ctg gac atg atc cag gag cca aag agg cca tca gat   726
Leu Leu Glu Ala Leu Asp Met Ile Gln Glu Pro Lys Arg Pro Ser Asp
                220                 225                 230

aag ccc ctc cgt ctc cca ctt cag gat gtg tac aag att ggt ggt att   774
Lys Pro Leu Arg Leu Pro Leu Gln Asp Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile
            235                 240                 245

ggg aca gtc cca gtg ggt cgt gtt gaa act ggt gtc ctg aag cct gga   822
Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu Thr Gly Val Leu Lys Pro Gly
        250                 255                 260

atg gtt gtt act ttt ggt ccc tca gga ctg acc act gaa gtt aag tct   870
```

```
Met Val Val Thr Phe Gly Pro Ser Gly Leu Thr Thr Glu Val Lys Ser
    265                 270                 275

gtg gag atg cac cat gaa gct ctc caa gag gct ctt ccc gga gac aac   918
Val Glu Met His His Glu Ala Leu Gln Glu Ala Leu Pro Gly Asp Asn
280                 285                 290                 295

gtt ggc ttc aat gtt aag aat gtt tcc gtg aag gat ctt aag cgg ggt   966
Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ser Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly
                300                 305                 310

tat gtt gcc tca aac tcc aag gat gat cct gcc aag gag gca tct agc   1014
Tyr Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp Pro Ala Lys Glu Ala Ser Ser
            315                 320                 325

ttc acc tcc caa gtt atc atc atg aac cac cct ggt cag att gga aat   1062
Phe Thr Ser Gln Val Ile Ile Met Asn His Pro Gly Gln Ile Gly Asn
        330                 335                 340

ggt tat gcc cct gtt ctg gat tgc cac acc tct cac att gct gtc aag   1110
Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His Thr Ser His Ile Ala Val Lys
    345                 350                 355

ttt tct gag atc ctc aca aag att gat agg cga tct ggc aag gag ctt   1158
Phe Ser Glu Ile Leu Thr Lys Ile Asp Arg Arg Ser Gly Lys Glu Leu
360                 365                 370                 375

gaa aag gag ccc aag ttc ttg aag aat ggt gat gct ggg ttc gtg aag   1206
Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn Gly Asp Ala Gly Phe Val Lys
                380                 385                 390

atg att ccg acc aag cct atg gtg gtg gaa act ttc tcc gag tat cct   1254
Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro
            395                 400                 405

ccg ctt ggt aga ttt gcc gtc agg gac atg cgc cag act gtt gca gtg   1302
Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp Met Arg Gln Thr Val Ala Val
        410                 415                 420

gga gtc atc aag agt gtc gag aaa aag gaa cct tct gga gct aag gtg   1350
Gly Val Ile Lys Ser Val Glu Lys Lys Glu Pro Ser Gly Ala Lys Val
    425                 430                 435

act aaa tct gct gcc aag aag ggt ggc aaa tgaaccgtgc aagtcagagt     1400
Thr Lys Ser Ala Ala Lys Lys Gly Gly Lys
440                 445
```

tgatgtagat gaaggctatt ggaagaataa agactgggcc ctggttagcg gtctaattat 1460

tggatgttca gcagttggtt tcgagaacta cagtttcaat tcagcgccat catcacggag 1520

ctgttgttcc cagaattggg ttcttgaccg tcggtggcat tggctgttgg tttgagtgac 1580

ttctttgtgt catgtttaga ctttatcgga tttgctattt cataaagcgg cttgggaatt 1640

ttaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1664

<210> 12
<211> 449
<212> PRT
<213> Bruguiera sexangula

<400> 12

```
Met Gly Lys Glu Lys Ile His Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val
  1               5                  10                  15

Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly
            20                  25                  30

Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu
        35                  40                  45

Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys
    50                  55                  60

Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile Thr Ile Asp Ile Ala Leu Trp Lys Phe
65                  70                  75                  80

Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Cys Thr Val Ile Asp Ala Pro Gly His Arg
                85                  90                  95

Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala
            100                 105                 110

Val Leu Ile Ile Asp Ser Thr Thr Gly Gly Phe Glu Ala Gly Ile Ser
        115                 120                 125

Lys Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly
    130                 135                 140

Val Lys Gln Met Ile Cys Cys Cys Asn Lys Met Asp Ala Thr Thr Ser
```

145 150 155 160

Lys Tyr Ser Lys Ala Arg Tyr Asp Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ser
165 170 175

Tyr Leu Lys Lys Val Gly Tyr Asn Pro Glu Lys Ile Pro Phe Val Pro
180 185 190

Ile Ser Gly Phe Glu Gly Asp Asn Met Ile Glu Arg Ser Thr Asn Leu
195 200 205

Asp Trp Tyr Lys Gly Pro Thr Leu Leu Glu Ala Leu Asp Met Ile Gln
210 215 220

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

Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu
245 250 255

Thr Gly Val Leu Lys Pro Gly Met Val Val Thr Phe Gly Pro Ser Gly
260 265 270

Leu Thr Thr Glu Val Lys Ser Val Glu Met His His Glu Ala Leu Gln
275 280 285

Glu Ala Leu Pro Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ser
290 295 300

Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly Tyr Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp
305 310 315 320

Pro Ala Lys Glu Ala Ser Ser Phe Thr Ser Gln Val Ile Ile Met Asn
325 330 335

His Pro Gly Gln Ile Gly Asn Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His
340 345 350

Thr Ser His Ile Ala Val Lys Phe Ser Glu Ile Leu Thr Lys Ile Asp
355 360 365

Arg Arg Ser Gly Lys Glu Leu Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn
370 375 380

Gly Asp Ala Gly Phe Val Lys Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val
385 390 395 400

```
Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp
                405                 410                 415

Met Arg Gln Thr Val Ala Val Gly Val Ile Lys Ser Val Glu Lys Lys
            420                 425                 430

Glu Pro Ser Gly Ala Lys Val Thr Lys Ser Ala Ala Lys Lys Gly Gly
        435                 440                 445

Lys
```

<210> 13
<211> 770
<212> DNA
<213> Bruguiera sexangula

<220>
<221> CDS
<222> (2)..(769)

<400> 13

```
c gat gat atg gac gag gcc aca ccc acc ttt gtt tgg ggc acc aat atc 49
  Asp Asp Met Asp Glu Ala Thr Pro Thr Phe Val Trp Gly Thr Asn Ile
    1               5                  10                  15

agc gtg cag gat gtc aag gcc gct att cag atg ttt ttg aag cac ttc   97
Ser Val Gln Asp Val Lys Ala Ala Ile Gln Met Phe Leu Lys His Phe
            20                  25                  30

agg gat agt aat cag agt caa agg aac gag att ttt gaa gaa ggg aag   145
Arg Asp Ser Asn Gln Ser Gln Arg Asn Glu Ile Phe Glu Glu Gly Lys
        35                  40                  45

tac gtg aaa gcg ata cat aag gtt ctt gaa gtt gaa gga gag tcg ctt   193
Tyr Val Lys Ala Ile His Lys Val Leu Glu Val Glu Gly Glu Ser Leu
    50                  55                  60

gat gtt gat gct cgt gat gtg ttt gat tat gat tct gat ttg tat gcc   241
Asp Val Asp Ala Arg Asp Val Phe Asp Tyr Asp Ser Asp Leu Tyr Ala
65                  70                  75                  80

aag atg att cgg tac cca ctt gag gtt ttg gcc att ttc gac att gtt   289
```

```
Lys Met Ile Arg Tyr Pro Leu Glu Val Leu Ala Ile Phe Asp Ile Val
                 85                  90                  95

ttg atg gat att gtg agt ttg atc aac cct ttg ttt gag aaa cat gta   337
Leu Met Asp Ile Val Ser Leu Ile Asn Pro Leu Phe Glu Lys His Val
            100                 105                 110

caa gtc agg att ttc aat ctt aag acc tcg att aca atg aga aat ctc   385
Gln Val Arg Ile Phe Asn Leu Lys Thr Ser Ile Thr Met Arg Asn Leu
        115                 120                 125

aac cct tct gat atc gaa aag atg gtg tca ttg aag gga atg ata att   433
Asn Pro Ser Asp Ile Glu Lys Met Val Ser Leu Lys Gly Met Ile Ile
    130                 135                 140

cgg tgt agt tcc ata ata ccg gag atc agg gaa gca gta ttt aga tgc   481
Arg Cys Ser Ser Ile Ile Pro Glu Ile Arg Glu Ala Val Phe Arg Cys
145                 150                 155                 160

ctt gtt tgt ggc tac ttc tct gat ccc atc gtt gtg gat aga gga cgg   529
Leu Val Cys Gly Tyr Phe Ser Asp Pro Ile Val Val Asp Arg Gly Arg
                165                 170                 175

ata agt gaa cct aaa gca tgc ttg aaa gag gaa tgt ctt act aag aac   577
Ile Ser Glu Pro Lys Ala Cys Leu Lys Glu Glu Cys Leu Thr Lys Asn
            180                 185                 190

tcc atg aca cta gtt cac aat cgt tgc agg ttt gct gat aag cag att   625
Ser Met Thr Leu Val His Asn Arg Cys Arg Phe Ala Asp Lys Gln Ile
        195                 200                 205

gtg agg ctc cag gag aca cct gac gag atc cct gaa gga gga aca cca   673
Val Arg Leu Gln Glu Thr Pro Asp Glu Ile Pro Glu Gly Gly Thr Pro
    210                 215                 220

cac acg gtg agc tta ttg atg cat gac aag ctg gta gat gct gga aag   721
His Thr Val Ser Leu Leu Met His Asp Lys Leu Val Asp Ala Gly Lys
225                 230                 235                 240

cca ggt gac agg gtt gag gtc act gga att tat agg gct atg agt gtt a 770
Pro Gly Asp Arg Val Glu Val Thr Gly Ile Tyr Arg Ala Met Ser Val
                245                 250                 255
```

<210> 14
<211> 256

<212> PRT
<213> Bruguiera sexangula

<400> 14

```
Asp Asp Met Asp Glu Ala Thr Pro Thr Phe Val Trp Gly Thr Asn Ile
  1               5                  10                  15

Ser Val Gln Asp Val Lys Ala Ala Ile Gln Met Phe Leu Lys His Phe
             20                  25                  30

Arg Asp Ser Asn Gln Ser Gln Arg Asn Glu Ile Phe Glu Glu Gly Lys
         35                  40                  45

Tyr Val Lys Ala Ile His Lys Val Leu Glu Val Glu Gly Glu Ser Leu
     50                  55                  60

Asp Val Asp Ala Arg Asp Val Phe Asp Tyr Asp Ser Asp Leu Tyr Ala
 65                  70                  75                  80

Lys Met Ile Arg Tyr Pro Leu Glu Val Leu Ala Ile Phe Asp Ile Val
                 85                  90                  95

Leu Met Asp Ile Val Ser Leu Ile Asn Pro Leu Phe Glu Lys His Val
            100                 105                 110

Gln Val Arg Ile Phe Asn Leu Lys Thr Ser Ile Thr Met Arg Asn Leu
        115                 120                 125

Asn Pro Ser Asp Ile Glu Lys Met Val Ser Leu Lys Gly Met Ile Ile
    130                 135                 140

Arg Cys Ser Ser Ile Ile Pro Glu Ile Arg Glu Ala Val Phe Arg Cys
145                 150                 155                 160

Leu Val Cys Gly Tyr Phe Ser Asp Pro Ile Val Val Asp Arg Gly Arg
                165                 170                 175

Ile Ser Glu Pro Lys Ala Cys Leu Lys Glu Glu Cys Leu Thr Lys Asn
            180                 185                 190

Ser Met Thr Leu Val His Asn Arg Cys Arg Phe Ala Asp Lys Gln Ile
        195                 200                 205

Val Arg Leu Gln Glu Thr Pro Asp Glu Ile Pro Glu Gly Gly Thr Pro
    210                 215                 220
```

```
His Thr Val Ser Leu Leu Met His Asp Lys Leu Val Asp Ala Gly Lys
225                 230                 235                 240

Pro Gly Asp Arg Val Glu Val Thr Gly Ile Tyr Arg Ala Met Ser Val
                245                 250                 255
```

<210> 15
<211> 846
<212> DNA
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<220>
<221> CDS
<222> (39)..(530)

<400> 15

```
caaattttct ttgctgaatc gaatctacaa aatacctg atg ggt cag gtt ctt gac 56
                                          Met Gly Gln Val Leu Asp
                                            1               5

aaa ttt caa cgt aag caa tgg aga caa aag caa atc cag aag ata aca  104
Lys Phe Gln Arg Lys Gln Trp Arg Gln Lys Gln Ile Gln Lys Ile Thr
            10                  15                  20

gat aag gta ttt gat cgt gtc aaa agt ccg acc gga aat ggc act ctt  152
Asp Lys Val Phe Asp Arg Val Lys Ser Pro Thr Gly Asn Gly Thr Leu
        25                  30                  35

aca ttt gaa gag ctg tat ata gct acc ctg att gtc tac aat gat ata  200
Thr Phe Glu Glu Leu Tyr Ile Ala Thr Leu Ile Val Tyr Asn Asp Ile
    40                  45                  50

aac aag tat ttg ccg ggg ccg cac ttt gat cct cca tcg aaa gac aaa  248
Asn Lys Tyr Leu Pro Gly Pro His Phe Asp Pro Pro Ser Lys Asp Lys
55                  60                  65                  70

atc aga gcc ttg atg cag gaa tgc gat atg gat gtc gat gga gaa ctt  296
Ile Arg Ala Leu Met Gln Glu Cys Asp Met Asp Val Asp Gly Glu Leu
                75                  80                  85

aac cgt gag gaa ttt gtg aag ttc atg cag aag gtg aca gcc gat aca  344
Asn Arg Glu Glu Phe Val Lys Phe Met Gln Lys Val Thr Ala Asp Thr
            90                  95                  100
```

ttc tct acg gtc agc cag gga ctg att atc tct ctg att ctg gcg cca 392
Phe Ser Thr Val Ser Gln Gly Leu Ile Ile Ser Leu Ile Leu Ala Pro
105 110 115

aca gtt gca ttg gcg acg aag agg gca aca gaa ggt gtt cca ggt gtg 440
Thr Val Ala Leu Ala Thr Lys Arg Ala Thr Glu Gly Val Pro Gly Val
120 125 130

ggg aaa gtg gtg caa aag gtg cct act tca att tat gca tcc ctg gtg 488
Gly Lys Val Val Gln Lys Val Pro Thr Ser Ile Tyr Ala Ser Leu Val
135 140 145 150

acc ctt gtt gtc gtt gca atc caa act gct agc gag gga tgc 530
Thr Leu Val Val Val Ala Ile Gln Thr Ala Ser Glu Gly Cys
155 160

tgattagagg ctttagttac ttgttcatga tacagaagga acagtcttgg tcaatttatt 590

tctttttaa taggacataa ggaagttgta tatctttctt ctttcttcta ccaggttttg 650

ggggaagttg gaaagaacat acaaatgatt tcaactgcgt attggctgat cctcccattt 710

attaaaactt gtcgtgtcta gcatgagcga ttcaatattt gcaatatgca atatttgtaa 770

tgatgtctac attcagtgat tagtgtgatt gtgcagtttg ttgggaaaaa aaaaaaaaaa 830

aaaaaaaaaa aaaaaa 846

<210> 16
<211> 164
<212> PRT
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<400> 16
Met Gly Gln Val Leu Asp Lys Phe Gln Arg Lys Gln Trp Arg Gln Lys
1 5 10 15

Gln Ile Gln Lys Ile Thr Asp Lys Val Phe Asp Arg Val Lys Ser Pro
20 25 30

Thr Gly Asn Gly Thr Leu Thr Phe Glu Glu Leu Tyr Ile Ala Thr Leu
35 40 45

Ile Val Tyr Asn Asp Ile Asn Lys Tyr Leu Pro Gly Pro His Phe Asp
50 55 60

```
Pro Pro Ser Lys Asp Lys Ile Arg Ala Leu Met Gln Glu Cys Asp Met
 65                  70                  75                  80

Asp Val Asp Gly Glu Leu Asn Arg Glu Glu Phe Val Lys Phe Met Gln
                85                  90                  95

Lys Val Thr Ala Asp Thr Phe Ser Thr Val Ser Gln Gly Leu Ile Ile
            100                 105                 110

Ser Leu Ile Leu Ala Pro Thr Val Ala Leu Ala Thr Lys Arg Ala Thr
        115                 120                 125

Glu Gly Val Pro Gly Val Gly Lys Val Val Gln Lys Val Pro Thr Ser
    130                 135                 140

Ile Tyr Ala Ser Leu Val Thr Leu Val Val Val Ala Ile Gln Thr Ala
145                 150                 155                 160

Ser Glu Gly Cys
```

<210> 17
<211> 872
<212> DNA
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<220>
<221> CDS
<222> (183)..(569)

<400> 17
aacaaaatgt ctctctcttt ctctttctct ttctctttct ctctcttcgt gggttgattg 60

agtaagctct gtccttttgc tctctgttga atgtactatc ttctgtgaac caaaggccaa 120

agattaacta ttggagattt ctctactcga aatttgtttt taggtgttga ccctgttgag 180

ct atg gcg aac aag ccc caa att cca acg aag aat tcg gcc ctc att 227
Met Ala Asn Lys Pro Gln Ile Pro Thr Lys Asn Ser Ala Leu Ile
 1   5   10   15

gct att atc gcg gat gag gat act gta act gga ttt ttg ctg gct gga 275
Ala Ile Ile Ala Asp Glu Asp Thr Val Thr Gly Phe Leu Leu Ala Gly

```
                20                  25                  30

gtt ggt aat gtt gat cta cga aga cag aca aat tac att att gtg gac   323
Val Gly Asn Val Asp Leu Arg Arg Gln Thr Asn Tyr Ile Ile Val Asp
            35                  40                  45

aat aaa aca acg atg aag caa atc gaa gat gca ttc aag gag ttc aca   371
Asn Lys Thr Thr Met Lys Gln Ile Glu Asp Ala Phe Lys Glu Phe Thr
        50                  55                  60

gca aga gag gac att gcg gtt gta cta atc agc caa tat gtt gca aat   419
Ala Arg Glu Asp Ile Ala Val Val Leu Ile Ser Gln Tyr Val Ala Asn
    65                  70                  75

atg ata aga gta ttg gtt gat agc tac aac aaa cca atc ccg gca att   467
Met Ile Arg Val Leu Val Asp Ser Tyr Asn Lys Pro Ile Pro Ala Ile
80                  85                  90                  95

ttg gag att cct tca aag gac cat cct tat gat cct aac cat gat tca   515
Leu Glu Ile Pro Ser Lys Asp His Pro Tyr Asp Pro Asn His Asp Ser
                100                 105                 110

gtc ctt tca agg gtt aaa tac ctg ttc tct tct gaa tcg gca tca agc   563
Val Leu Ser Arg Val Lys Tyr Leu Phe Ser Ser Glu Ser Ala Ser Ser
            115                 120                 125

aga ttt tagccatatg ctttgtaaag ttccctgctc ctgaatgttt ggtgattatg   619
Arg Phe

agtttaaact agaaccagtc acattctgac ttggtatttt gaggcactgt ttgttttatg 679

ttcttaaaat aaggagtgta attacgactc catgaatcgg gatatgactc catgaatcgc 739

atgtatttct ttccatctca tttgaaagag tcgagcagcc atatcattta gtttcttcct 799

cttgcgaatg agcttggaag aaatgttttg gctataaaag atttcaactc ttggtacaaa 859

aaaaaaaaaa aaa                                                   872


<210> 18
<211> 129
<212> PRT
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<400> 18
```

```
Met Ala Asn Lys Pro Gln Ile Pro Thr Lys Asn Ser Ala Leu Ile Ala
  1               5                  10                  15

Ile Ile Ala Asp Glu Asp Thr Val Thr Gly Phe Leu Leu Ala Gly Val
             20                  25                  30

Gly Asn Val Asp Leu Arg Arg Gln Thr Asn Tyr Ile Ile Val Asp Asn
         35                  40                  45

Lys Thr Thr Met Lys Gln Ile Glu Asp Ala Phe Lys Glu Phe Thr Ala
     50                  55                  60

Arg Glu Asp Ile Ala Val Val Leu Ile Ser Gln Tyr Val Ala Asn Met
 65                  70                  75                  80

Ile Arg Val Leu Val Asp Ser Tyr Asn Lys Pro Ile Pro Ala Ile Leu
                 85                  90                  95

Glu Ile Pro Ser Lys Asp His Pro Tyr Asp Pro Asn His Asp Ser Val
            100                 105                 110

Leu Ser Arg Val Lys Tyr Leu Phe Ser Ser Glu Ser Ala Ser Ser Arg
        115                 120                 125

Phe
```

<210> 19
<211> 647
<212> DNA
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<220>
<221> CDS
<222> (64)..(426)

<400> 19
cttgttttc tctctcctct ctctctctct tctccgcacc ctcaggcagt gaaggtagca 60

```
aca atg gcg tac gcg atg aag cca acg aag ccc ggg atg gag gaa tcc   108
    Met Ala Tyr Ala Met Lys Pro Thr Lys Pro Gly Met Glu Glu Ser
      1               5                  10                  15

cag gag cag att cac aag atc agg atc act ctt tct tct aag aac gtc   156
```

```
Gln Glu Gln Ile His Lys Ile Arg Ile Thr Leu Ser Ser Lys Asn Val
                20                  25                  30

aag aac ctt gag aaa gtg tgt gct gat ctt gta cgc ggt gca aag gac   204
Lys Asn Leu Glu Lys Val Cys Ala Asp Leu Val Arg Gly Ala Lys Asp
            35                  40                  45

aag cgc ctc agg gtt aag gga cca gtg agg atg ccc acc aag gtt ctg   252
Lys Arg Leu Arg Val Lys Gly Pro Val Arg Met Pro Thr Lys Val Leu
        50                  55                  60

aag atc aca aca agg aag tct ccc tgt ggt gaa gga acc aac acc ttt   300
Lys Ile Thr Thr Arg Lys Ser Pro Cys Gly Glu Gly Thr Asn Thr Phe
    65                  70                  75

gac aga ttt gag ttg cgt gtt cac aag aga gtc att gac ctc ttc agc   348
Asp Arg Phe Glu Leu Arg Val His Lys Arg Val Ile Asp Leu Phe Ser
80                  85                  90                  95

tcc cca gac gtg gtc aag cag atc acc tcc atc acc att gaa cct ggt   396
Ser Pro Asp Val Val Lys Gln Ile Thr Ser Ile Thr Ile Glu Pro Gly
                100                 105                 110

gtt gag gtt gag gtt aca ata gct gac tct tagacatgcc tgttgaagtt     446
Val Glu Val Glu Val Thr Ile Ala Asp Ser
            115                 120

gtcgtcgttg tagggctgtt gtagctgtct catatagtgg tgctatctca ctaagaattt 506

tgaagatact aaattgtttg tttgaaagag atgttttctt tagctgtaat gttatgtttt 566

tgaaggtgtt ggaacatgca ttatttgtta atgctttatc aatagaactt ccaatttgaa 626

tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                          647
```

<210> 20
<211> 121
<212> PRT
<213> Mesembryanthemum crystallinum

```
<400> 20
Met Ala Tyr Ala Met Lys Pro Thr Lys Pro Gly Met Glu Glu Ser Gln
  1               5                  10                  15

Glu Gln Ile His Lys Ile Arg Ile Thr Leu Ser Ser Lys Asn Val Lys
```

```
            20                  25                  30

Asn Leu Glu Lys Val Cys Ala Asp Leu Val Arg Gly Ala Lys Asp Lys
        35                  40                  45

Arg Leu Arg Val Lys Gly Pro Val Arg Met Pro Thr Lys Val Leu Lys
    50                  55                  60

Ile Thr Thr Arg Lys Ser Pro Cys Gly Glu Gly Thr Asn Thr Phe Asp
65                  70                  75                  80

Arg Phe Glu Leu Arg Val His Lys Arg Val Ile Asp Leu Phe Ser Ser
                85                  90                  95

Pro Asp Val Val Lys Gln Ile Thr Ser Ile Thr Ile Glu Pro Gly Val
            100                 105                 110

Glu Val Glu Val Thr Ile Ala Asp Ser
        115                 120
```

<210> 21
<211> 686
<212> DNA
<213> Sueada japonica

<220>
<221> CDS
<222> (62)..(493)

<400> 21
acaccattca caaaacacat taaaaaaaaa cactacttct ttctttctta gccacttgaa 60

```
a atg gcc tac tca aag gct gta ctc ctt gcc ctt atc ttt gct gtg act 109
  Met Ala Tyr Ser Lys Ala Val Leu Leu Ala Leu Ile Phe Ala Val Thr
    1               5                  10                  15

ctt gtc att gcc tct cag gtc tca gct cgt gaa ctt gct gag gag aca   157
Leu Val Ile Ala Ser Gln Val Ser Ala Arg Glu Leu Ala Glu Glu Thr
            20                  25                  30

caa tct gtg gag gag tct aag gga tac ggt ggt ggg cac gga ggt cac   205
Gln Ser Val Glu Glu Ser Lys Gly Tyr Gly Gly Gly His Gly Gly His
        35                  40                  45
```

tat ggt ggt ggt cac tat ggt ggt gga cac aga cac ggt ggc cat gga 253
Tyr Gly Gly Gly His Tyr Gly Gly Gly His Arg His Gly Gly His Gly
50 55 60

cac tac gca act gag gaa gca gag aac aag aat gaa gcc gta gaa cct 301
His Tyr Ala Thr Glu Glu Ala Glu Asn Lys Asn Glu Ala Val Glu Pro
65 70 75 80

caa ggc ggc tat ggt cac gga cac gga gga ggc tac gga cac ggt ggt 349
Gln Gly Gly Tyr Gly His Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly
85 90 95

ggc tac gga cac ggt gga ggc tac gga cac gga ggt ggc tac ggg cac 397
Gly Tyr Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His
100 105 110

ggt ggt ggc tac gga cat gga ggt ggt tat gga cac ggt gga cac ggt 445
Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly His Gly
115 120 125

gga cat ggt ggt cat ggt cac tac gcc aag act acc gag gaa caa aat 493
Gly His Gly Gly His Gly His Tyr Ala Lys Thr Thr Glu Glu Gln Asn
130 135 140

taagttatgg gttactaaaa cttaaattgt acgttgtcaa ataaaatgta ctttatgatt 553

ttacatgagt atgcatgtaa ttcatcataa gcttcaagga ctatcttgta ctctatgtta 613

tatacctata tgaaatggaa gcgtgacttt tattactgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 673

aaaaaaaaaa aaa 686

<210> 22
<211> 144
<212> PRT
<213> Sueada japonica

<400> 22
Met Ala Tyr Ser Lys Ala Val Leu Leu Ala Leu Ile Phe Ala Val Thr
1 5 10 15

Leu Val Ile Ala Ser Gln Val Ser Ala Arg Glu Leu Ala Glu Glu Thr
20 25 30

Gln Ser Val Glu Glu Ser Lys Gly Tyr Gly Gly Gly His Gly Gly His

```
         35                  40                  45

Tyr Gly Gly Gly His Tyr Gly Gly Gly His Arg His Gly Gly His Gly
     50                  55                  60

His Tyr Ala Thr Glu Glu Ala Glu Asn Lys Asn Glu Ala Val Glu Pro
 65                  70                  75                  80

Gln Gly Gly Tyr Gly His Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly
                85                  90                  95

Gly Tyr Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His
            100                 105                 110

Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly Gly Tyr Gly His Gly Gly His Gly
        115                 120                 125

Gly His Gly Gly His Gly His Tyr Ala Lys Thr Thr Glu Glu Gln Asn
    130                 135                 140
```

<210> 23
<211> 683
<212> DNA
<213> Salsola komarovii

<220>
<221> CDS
<222> (48)..(362)

<400> 23

```
gttaagatat tatattgcaa ctttacaaag catttctgca actaaat atg gcc ttt   56
                                                    Met Ala Phe
                                                      1

tcc aaa cct cta att gct tct cta ctt ctt tct ctc ttt gtt ctt cag   104
Ser Lys Pro Leu Ile Ala Ser Leu Leu Leu Ser Leu Phe Val Leu Gln
     5                  10                  15

ttt gtt cat gca gtt gaa cct att tca tcc tcc aat caa gtg ggt agc   152
Phe Val His Ala Val Glu Pro Ile Ser Ser Ser Asn Gln Val Gly Ser
 20                  25                  30                  35

aac act gga ggt acc tca gag agt aaa gtg gat tgt ggg gcg gca tgt   200
Asn Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser Lys Val Asp Cys Gly Ala Ala Cys
```

```
                40                  45                  50

acg gtg agg tgc agc gcc tcg aag agg cca aac cta tgc aac agg tca   248
Thr Val Arg Cys Ser Ala Ser Lys Arg Pro Asn Leu Cys Asn Arg Ser
            55                  60                  65

tgt ggc agt tgt tgc aag acg tgc aac tgc gtg cca cca ggc act tcc   296
Cys Gly Ser Cys Cys Lys Thr Cys Asn Cys Val Pro Pro Gly Thr Ser
        70                  75                  80

ggc aac tac gaa gcc tgc cct tgt tac gcc aac ttg acc acc cac ggc   344
Gly Asn Tyr Glu Ala Cys Pro Cys Tyr Ala Asn Leu Thr Thr His Gly
    85                  90                  95

aat cga cac aag tgc cct taattaacaa gaattgttta gttgtttatt          392
Asn Arg His Lys Cys Pro
100                 105

acatccgtac catgtaacgt actcctattt acactactag agtactagta ataaacattt 452

ttaggcacgg tccagttgtt catgtagcta gtggtatatt gagtcataaa tgagtgattg 512

aaaatgagat atgataaaag tgtattatct acattgtagt actgttttgt atcatagtgt 572

agtgatgttt atttttcgta cctttaattt gttactttgt attcccttc attctatcta 632

tttacaatcc ttttgtaagt ttatgtgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a          683


<210> 24
<211> 105
<212> PRT
<213> Salsola komarovii

<400> 24
Met Ala Phe Ser Lys Pro Leu Ile Ala Ser Leu Leu Leu Ser Leu Phe
  1               5                  10                  15

Val Leu Gln Phe Val His Ala Val Glu Pro Ile Ser Ser Ser Asn Gln
            20                  25                  30

Val Gly Ser Asn Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser Lys Val Asp Cys Gly
        35                  40                  45

Ala Ala Cys Thr Val Arg Cys Ser Ala Ser Lys Arg Pro Asn Leu Cys
    50                  55                  60
```

```
Asn Arg Ser Cys Gly Ser Cys Cys Lys Thr Cys Asn Cys Val Pro Pro
 65                  70                  75                  80

Gly Thr Ser Gly Asn Tyr Glu Ala Cys Pro Cys Tyr Ala Asn Leu Thr
                 85                  90                  95

Thr His Gly Asn Arg His Lys Cys Pro
            100                 105
```

<210> 25
<211> 803
<212> DNA
<213> Salsola komarovii

<220>
<221> CDS
<222> (51)..(593)

<400> 25

```
cgcagacgct tcagctcttt ctctctcttt ctctctcctc accgtgaaag atg ggg    56
                                                          Met Gly
                                                            1

ttg tca ttt acc aaa ttg ttt agc cgg ttg ttc gct aag aag gaa atg   104
Leu Ser Phe Thr Lys Leu Phe Ser Arg Leu Phe Ala Lys Lys Glu Met
          5                  10                  15

cgt atc ctt atg gtc ggt ctc gat gcc gct ggt aaa acc acc att ctc   152
Arg Ile Leu Met Val Gly Leu Asp Ala Ala Gly Lys Thr Thr Ile Leu
     20                  25                  30

tat aaa ctc aag ctg gga gag att gtc acc acc att cct acc att gga   200
Tyr Lys Leu Lys Leu Gly Glu Ile Val Thr Thr Ile Pro Thr Ile Gly
 35                  40                  45                  50

ttt aat gtg gag act gta gaa tac aag aac atc agc ttc act gtg tgg   248
Phe Asn Val Glu Thr Val Glu Tyr Lys Asn Ile Ser Phe Thr Val Trp
                 55                  60                  65

gat gtc ggg ggt caa gac aag att cgt cca ttg tgg aga cat tac ttc   296
Asp Val Gly Gly Gln Asp Lys Ile Arg Pro Leu Trp Arg His Tyr Phe
            70                  75                  80
```

caa aac acc caa ggt ctc atc ttt gtg gtt gac agt aat gat cgt gac 344
Gln Asn Thr Gln Gly Leu Ile Phe Val Val Asp Ser Asn Asp Arg Asp
85 90 95

cgt gtc gtt gag gca aga gat gaa ctg cat agg atg tta aat gag gat 392
Arg Val Val Glu Ala Arg Asp Glu Leu His Arg Met Leu Asn Glu Asp
100 105 110

gaa tta cga gat gca gtg ttg ttg gtg ttt gca aac aag caa gat ctt 440
Glu Leu Arg Asp Ala Val Leu Leu Val Phe Ala Asn Lys Gln Asp Leu
115 120 125 130

ccc aat gca atg aat gct gct gag atc act gat aag ctt ggt ctc cat 488
Pro Asn Ala Met Asn Ala Ala Glu Ile Thr Asp Lys Leu Gly Leu His
135 140 145

tct cta cgt caa cgc cat tgg tac ata caa agc aca tgt gcc acc tct 536
Ser Leu Arg Gln Arg His Trp Tyr Ile Gln Ser Thr Cys Ala Thr Ser
150 155 160

gga gaa ggg ctt tac gag ggt ctg gac tgg ctc tca aac aat atc gct 584
Gly Glu Gly Leu Tyr Glu Gly Leu Asp Trp Leu Ser Asn Asn Ile Ala
165 170 175

agc aag gct taaaagtaac agaacgagta aggttagctt tctcagagaa 633
Ser Lys Ala
180

gaagctggag tataggctga ggactatcgt tactgctagt gttacccttt ttatttttgc 693

catttatatg ttcacatttt tggttcctat cggacaagaa ttatttctg cgtttatgtt 753

gacttgttat aataccatac tttttagttg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 803

<210> 26
<211> 181
<212> PRT
<213> Salsola komarovii

<400> 26
Met Gly Leu Ser Phe Thr Lys Leu Phe Ser Arg Leu Phe Ala Lys Lys
1 5 10 15

Glu Met Arg Ile Leu Met Val Gly Leu Asp Ala Ala Gly Lys Thr Thr
20 25 30

```
Ile Leu Tyr Lys Leu Lys Leu Gly Glu Ile Val Thr Thr Ile Pro Thr
        35                  40                  45

Ile Gly Phe Asn Val Glu Thr Val Glu Tyr Lys Asn Ile Ser Phe Thr
    50                  55                  60

Val Trp Asp Val Gly Gly Gln Asp Lys Ile Arg Pro Leu Trp Arg His
65                  70                  75                  80

Tyr Phe Gln Asn Thr Gln Gly Leu Ile Phe Val Val Asp Ser Asn Asp
                85                  90                  95

Arg Asp Arg Val Val Glu Ala Arg Asp Glu Leu His Arg Met Leu Asn
            100                 105                 110

Glu Asp Glu Leu Arg Asp Ala Val Leu Leu Val Phe Ala Asn Lys Gln
        115                 120                 125

Asp Leu Pro Asn Ala Met Asn Ala Ala Glu Ile Thr Asp Lys Leu Gly
    130                 135                 140

Leu His Ser Leu Arg Gln Arg His Trp Tyr Ile Gln Ser Thr Cys Ala
145                 150                 155                 160

Thr Ser Gly Glu Gly Leu Tyr Glu Gly Leu Asp Trp Leu Ser Asn Asn
                165                 170                 175

Ile Ala Ser Lys Ala
            180
```

<210> 27
<211> 680
<212> DNA
<213> Avicennia marina

<220>
<221> CDS
<222> (161)..(454)

<400> 27
ctaaaagcca aaggcaagat aagaaacagg ttcctttagc tatcttcctc gtctcgctgc 60

tgcaaaagtt ccatccccag aagatcagga aaacccttct gcagcagcac tctaataatc 120

```
ctccaatttt gattcaagag aagaaacaaa ataaacagaa atg gct cgc tct ttc   175
                                          Met Ala Arg Ser Phe
                                            1               5

tcc aac gct aag acc gtc tct gct gtc att gcc aac gaa atc tca gct   223
Ser Asn Ala Lys Thr Val Ser Ala Val Ile Ala Asn Glu Ile Ser Ala
                10                  15                  20

ctt gtc acc agg agg ggt tat gct gct ctc gca cag ggc gtt gtt tcg   271
Leu Val Thr Arg Arg Gly Tyr Ala Ala Leu Ala Gln Gly Val Val Ser
            25                  30                  35

agc agc gcg aga agc ggc ggc gct ccg aac gtg atg ctg aag aaa gga   319
Ser Ser Ala Arg Ser Gly Gly Ala Pro Asn Val Met Leu Lys Lys Gly
        40                  45                  50

tcc gaa gaa tcc ggg aag aca gca tgg gtg ccc gac ccg gac acc ggc   367
Ser Glu Glu Ser Gly Lys Thr Ala Trp Val Pro Asp Pro Asp Thr Gly
    55                  60                  65

tac tac cga ccg gga aac gag gac aag gcc gcg ctg gac ccg gtc gag   415
Tyr Tyr Arg Pro Gly Asn Glu Asp Lys Ala Ala Leu Asp Pro Val Glu
70                  75                  80                  85

ctg cgg gag atg ctc atc aag aac aag ccc agc cga caa tgaatgaacc    464
Leu Arg Glu Met Leu Ile Lys Asn Lys Pro Ser Arg Gln
                90                  95

aagaattgtg ggattctcat taattcctcc cctgttctgg tccatcgtcg gaatctgaac 524

ctgttgttcg tctagaaatt cgttcccatg gaaatctatc aaagtctgta ttcttgccat 584

ggctcttcct gtcccatata tgtatgtcct caggtgtggc ctggggtggt ttgatagata 644

tataaaatgt ggtgaattta aaaaaaaaaa aaaaaa                           680
```

<210> 28
<211> 98
<212> PRT
<213> Avicennia marina

<400> 28

```
Met Ala Arg Ser Phe Ser Asn Ala Lys Thr Val Ser Ala Val Ile Ala
  1               5                  10                  15
```

```
Asn Glu Ile Ser Ala Leu Val Thr Arg Arg Gly Tyr Ala Ala Leu Ala
            20                  25                  30

Gln Gly Val Val Ser Ser Ser Ala Arg Ser Gly Gly Ala Pro Asn Val
        35                  40                  45

Met Leu Lys Lys Gly Ser Glu Glu Ser Gly Lys Thr Ala Trp Val Pro
    50                  55                  60

Asp Pro Asp Thr Gly Tyr Tyr Arg Pro Gly Asn Glu Asp Lys Ala Ala
65                  70                  75                  80

Leu Asp Pro Val Glu Leu Arg Glu Met Leu Ile Lys Asn Lys Pro Ser
                85                  90                  95

Arg Gln
```

<210> 29
<211> 490
<212> DNA
<213> Avicennia marina

<220>
<221> CDS
<222> (20)..(349)

<400> 29

```
tcggctgggc aaagaaggg atg gcg att cca tcg gaa att cgg gac ttt att  52
                   Met Ala Ile Pro Ser Glu Ile Arg Asp Phe Ile
                     1               5                  10

gct agc cgc aac aga tct ttg gtg atc gca tct cca aag gaa gat gag   100
Ala Ser Arg Asn Arg Ser Leu Val Ile Ala Ser Pro Lys Glu Asp Glu
            15                  20                  25

aaa att ctc cgc tca agg cag tgc acc gaa gaa ggg gcg cgt gca gga   148
Lys Ile Leu Arg Ser Arg Gln Cys Thr Glu Glu Gly Ala Arg Ala Gly
        30                  35                  40

gcc aaa gct gct gca gtt gct tgc gtt gcc agc gcc att ccc act ctg   196
Ala Lys Ala Ala Ala Val Ala Cys Val Ala Ser Ala Ile Pro Thr Leu
    45                  50                  55
```

```
gta gct gtt cga acg att ccg tgg gca aag gca aac ctc aac tat aca   244
Val Ala Val Arg Thr Ile Pro Trp Ala Lys Ala Asn Leu Asn Tyr Thr
 60                  65                  70                  75

gcc cag gca ctc att ata tct tct gca tcc ata gcg gca tac ttt atc   292
Ala Gln Ala Leu Ile Ile Ser Ser Ala Ser Ile Ala Ala Tyr Phe Ile
                 80                  85                  90

gct gct gac aaa acc atc tta gag tgc gca cgg aaa aat gca gag tac   340
Ala Ala Asp Lys Thr Ile Leu Glu Cys Ala Arg Lys Asn Ala Glu Tyr
             95                 100                 105

aaa tcg gct taagatgatg tgtaagacaa tgtgctcagc ttgcaatgct           389
Lys Ser Ala
        110

tgccatgact tgtgtttatg tgtatttcaa gtttctgaaa ctagcatttt gattttgtgt 449

tccaatgcaa tgagcattat ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                     490
```

<210> 30
<211> 110
<212> PRT
<213> Avicennia marina

<400> 30

```
Met Ala Ile Pro Ser Glu Ile Arg Asp Phe Ile Ala Ser Arg Asn Arg
  1               5                  10                  15

Ser Leu Val Ile Ala Ser Pro Lys Glu Asp Glu Lys Ile Leu Arg Ser
             20                  25                  30

Arg Gln Cys Thr Glu Glu Gly Ala Arg Ala Gly Ala Lys Ala Ala Ala
         35                  40                  45

Val Ala Cys Val Ala Ser Ala Ile Pro Thr Leu Val Ala Val Arg Thr
     50                  55                  60

Ile Pro Trp Ala Lys Ala Asn Leu Asn Tyr Thr Ala Gln Ala Leu Ile
 65                  70                  75                  80

Ile Ser Ser Ala Ser Ile Ala Ala Tyr Phe Ile Ala Ala Asp Lys Thr
                 85                  90                  95
```

```
Ile Leu Glu Cys Ala Arg Lys Asn Ala Glu Tyr Lys Ser Ala
           100                 105                 110
```

<210> 31
<211> 592
<212> DNA
<213> Avicennia marina

<220>
<221> CDS
<222> (75)..(320)

<400> 31
gcagtctcag ccttcctgct ctcctggtgc cttcaaattt gtgaatttct cgagtgctaa 60

```
aagattcagc caag atg cag aac gaa gag ggg caa aac atg gat ctc tac   110
               Met Gln Asn Glu Glu Gly Gln Asn Met Asp Leu Tyr
                 1               5                  10

atc ccc agg aaa tgc tct gcc acg aac agg ctg atc acc tcc aag gat   158
Ile Pro Arg Lys Cys Ser Ala Thr Asn Arg Leu Ile Thr Ser Lys Asp
        15                  20                  25

cat gct tct gtc cag atc aat gtt ggg cac ttg gat gag aat ggc cga   206
His Ala Ser Val Gln Ile Asn Val Gly His Leu Asp Glu Asn Gly Arg
     30                  35                  40

tac act ggc caa tac tct acc ttt gct ctt tgt gga ttc atc cgt gct   254
Tyr Thr Gly Gln Tyr Ser Thr Phe Ala Leu Cys Gly Phe Ile Arg Ala
 45                  50                  55                  60

cag ggt gat gct gac agt gct ctt gat agg ctc tgg cag aaa aag aaa   302
Gln Gly Asp Ala Asp Ser Ala Leu Asp Arg Leu Trp Gln Lys Lys Lys
                 65                  70                  75

gtc gaa acc agg cag cag tgatcctgct caattcagca gtgaaagttt          350
Val Glu Thr Arg Gln Gln
            80
```

```
tttgggtttt gttctgtgtt gtgttattta tgcttttcca gaatcaattt ctgtactgga 410

ttgagtatta aaaatgtgga gctaaaggtt gggagacctg atgcctttgt tactcgagta 470

atcacaagta gatactgggc ttgtaatagc gtgataattg tgccttgctc ttgcctcatt 530
```

gactacgaat cagttatgtg attagacaat gttaatctcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 590

aa 592

<210> 32
<211> 82
<212> PRT
<213> Avicennia marina

<400> 32
Met Gln Asn Glu Glu Gly Gln Asn Met Asp Leu Tyr Ile Pro Arg Lys
1 5 10 15

Cys Ser Ala Thr Asn Arg Leu Ile Thr Ser Lys Asp His Ala Ser Val
20 25 30

Gln Ile Asn Val Gly His Leu Asp Glu Asn Gly Arg Tyr Thr Gly Gln
35 40 45

Tyr Ser Thr Phe Ala Leu Cys Gly Phe Ile Arg Ala Gln Gly Asp Ala
50 55 60

Asp Ser Ala Leu Asp Arg Leu Trp Gln Lys Lys Lys Val Glu Thr Arg
65 70 75 80

Gln Gln

<210> 33
<211> 1806
<212> DNA
<213> Avicennia marina

<220>
<221> CDS
<222> (362)..(1552)

<400> 33
tgtgaaggta aagtctacag catatttcgc gccgctcgtt tgattacgtg ttgcttttat 60

ttgggaattt gatagcgctg agtagccgat gccgctggag ggtattgttg attttaggaa 120

```
tacgggtttg tttgattcgc agttttactg tctctagggt tgggccctga ggcttctggg 180

atttgggatt taatcgctga tcgaacagtt tcctggagaa aatactccta gtgcgcatat 240

atctgatttg ctgacgagaa attgatacac ggttatgcga ttgagttttg tttgcgccaa 300

agatactccg agtgctcgct agatgtggat aatccggagg gctgtttcga tgagatgagg 360

g atg tta tca ggg tta atg aac ttc ctg tgg gcc tgt ttt cgg cca agg 409
  Met Leu Ser Gly Leu Met Asn Phe Leu Trp Ala Cys Phe Arg Pro Arg
    1               5                  10                  15

gcg gat cga agt gtt cac acg ggt tca gat gca ggc ggt cgt cag gat   457
Ala Asp Arg Ser Val His Thr Gly Ser Asp Ala Gly Gly Arg Gln Asp
            20                  25                  30

ggg ctt tta tgg tat aag gac ttg ggg caa cat atc aat gga gag ttt   505
Gly Leu Leu Trp Tyr Lys Asp Leu Gly Gln His Ile Asn Gly Glu Phe
        35                  40                  45

tca atg gct gta gtt caa gca aat aac tta cta gag gat cag agt caa   553
Ser Met Ala Val Val Gln Ala Asn Asn Leu Leu Glu Asp Gln Ser Gln
    50                  55                  60

ctt gaa tct ggt tgc ctg agc ttg agt gat tca gga caa tat ggc act   601
Leu Glu Ser Gly Cys Leu Ser Leu Ser Asp Ser Gly Gln Tyr Gly Thr
65                  70                  75                  80

ttt gtg ggg att tat gat gga cat gga ggt cct gag acc tct cgg ttt   649
Phe Val Gly Ile Tyr Asp Gly His Gly Gly Pro Glu Thr Ser Arg Phe
                85                  90                  95

atc aat gac cat ctc ttc caa cat ata aag aga ttc aca gct gag cat   697
Ile Asn Asp His Leu Phe Gln His Ile Lys Arg Phe Thr Ala Glu His
            100                 105                 110

caa tca atg tca gct gag gtc att cac aag gcc att caa gcg act gaa   745
Gln Ser Met Ser Ala Glu Val Ile His Lys Ala Ile Gln Ala Thr Glu
        115                 120                 125

gaa ggt ttt ttc tcg gtt gtt agc aga caa tgg tcc atg caa cca cag   793
Glu Gly Phe Phe Ser Val Val Ser Arg Gln Trp Ser Met Gln Pro Gln
    130                 135                 140

att gca gca gtt ggc tct tgc tgc ctt gtt ggt gtc atc tgt agt ggc   841
Ile Ala Ala Val Gly Ser Cys Cys Leu Val Gly Val Ile Cys Ser Gly
```

```
145                 150                 155                 160

act ctt tat gtt tcc aac ctt ggt gat tcc cgt gct gtt ctt ggg acg   889
Thr Leu Tyr Val Ser Asn Leu Gly Asp Ser Arg Ala Val Leu Gly Thr
                165                 170                 175

ctt tcc aag gct aca ggg gaa gta cag gct act caa ctc tca aca gag   937
Leu Ser Lys Ala Thr Gly Glu Val Gln Ala Thr Gln Leu Ser Thr Glu
            180                 185                 190

cat aat gca agt ttt gag tct gtg aga cgg gaa ctg cag tct ctg cac   985
His Asn Ala Ser Phe Glu Ser Val Arg Arg Glu Leu Gln Ser Leu His
        195                 200                 205

cca gat gac tca cag att gtg gtt cta aag cat aat gta tgg cga gtg   1033
Pro Asp Asp Ser Gln Ile Val Val Leu Lys His Asn Val Trp Arg Val
    210                 215                 220

aag ggt ctt ata cag atc tca aga tca att gga gat gtg tat ttg aaa   1081
Lys Gly Leu Ile Gln Ile Ser Arg Ser Ile Gly Asp Val Tyr Leu Lys
225                 230                 235                 240

aag gct gaa ttc aac agg gag cct cta tat cag aaa ttt cga ctt cgt   1129
Lys Ala Glu Phe Asn Arg Glu Pro Leu Tyr Gln Lys Phe Arg Leu Arg
                245                 250                 255

gaa gct ttc aaa aga cca att ttg agc tca gaa cca gaa act act gtg   1177
Glu Ala Phe Lys Arg Pro Ile Leu Ser Ser Glu Pro Glu Thr Thr Val
            260                 265                 270

cac cag ctg ctg cct cat gat caa ttc att atc ttc gca tca gat ggc   1225
His Gln Leu Leu Pro His Asp Gln Phe Ile Ile Phe Ala Ser Asp Gly
        275                 280                 285

ctt tgg gag cac ctt tcc aac caa gaa gca gtt gat ctt gtt cag aaa   1273
Leu Trp Glu His Leu Ser Asn Gln Glu Ala Val Asp Leu Val Gln Lys
    290                 295                 300

cat cca cac aat ggg att gct aga aga tta gta aaa gca gct ttg caa   1321
His Pro His Asn Gly Ile Ala Arg Arg Leu Val Lys Ala Ala Leu Gln
305                 310                 315                 320

gag gca gca aag aaa agg gaa atg agg tac tcg gat ttg aag aaa att   1369
Glu Ala Ala Lys Lys Arg Glu Met Arg Tyr Ser Asp Leu Lys Lys Ile
                325                 330                 335
```

```
gac cgt ggg gtt cgc cgt cat ttc cat gat gac atc act gtt gtg gtg   1417
Asp Arg Gly Val Arg Arg His Phe His Asp Asp Ile Thr Val Val Val
            340                 345                 350

gtg ttt ctt gac tca cac ctt gtg agc cgg gct agc tca gtc cgg ggc   1465
Val Phe Leu Asp Ser His Leu Val Ser Arg Ala Ser Ser Val Arg Gly
        355                 360                 365

cca aac atc tcc gtg aaa ggt ggc ggc atc agt ctg cct ccc aat gct   1513
Pro Asn Ile Ser Val Lys Gly Gly Gly Ile Ser Leu Pro Pro Asn Ala
    370                 375                 380

ctt gca cct tgt gcc aca cca acg gag cca gtc cca aat tgatactgct    1562
Leu Ala Pro Cys Ala Thr Pro Thr Glu Pro Val Pro Asn
385                 390                 395

gtctcttcta atgttatttc ccgttagtcc tgttgtacta ttgttatgtg aatacaggta 1622

gcttcttaac ggataacagc ggcccttgaa ttctttaatc catactgtaa cttttaaccg 1682

gagactatta cttggcatag tttcaatgcc caagggatac atagactggg acaagccatc 1742

ttggcggtga caatcatcat agttaagttt tctgggcata tctttcaaaa aaaaaaaaaa 1802

aaaa                                                              1806
```

<210> 34
<211> 397
<212> PRT
<213> Avicennia marina

<400> 34

```
Met Leu Ser Gly Leu Met Asn Phe Leu Trp Ala Cys Phe Arg Pro Arg
  1               5                  10                  15

Ala Asp Arg Ser Val His Thr Gly Ser Asp Ala Gly Gly Arg Gln Asp
             20                  25                  30

Gly Leu Leu Trp Tyr Lys Asp Leu Gly Gln His Ile Asn Gly Glu Phe
         35                  40                  45

Ser Met Ala Val Val Gln Ala Asn Asn Leu Leu Glu Asp Gln Ser Gln
     50                  55                  60

Leu Glu Ser Gly Cys Leu Ser Leu Ser Asp Ser Gly Gln Tyr Gly Thr
```

```
 65                  70                  75                  80

Phe Val Gly Ile Tyr Asp Gly His Gly Gly Pro Glu Thr Ser Arg Phe
                85                  90                  95

Ile Asn Asp His Leu Phe Gln His Ile Lys Arg Phe Thr Ala Glu His
            100                 105                 110

Gln Ser Met Ser Ala Glu Val Ile His Lys Ala Ile Gln Ala Thr Glu
        115                 120                 125

Glu Gly Phe Phe Ser Val Val Ser Arg Gln Trp Ser Met Gln Pro Gln
    130                 135                 140

Ile Ala Ala Val Gly Ser Cys Cys Leu Val Gly Val Ile Cys Ser Gly
145                 150                 155                 160

Thr Leu Tyr Val Ser Asn Leu Gly Asp Ser Arg Ala Val Leu Gly Thr
                165                 170                 175

Leu Ser Lys Ala Thr Gly Glu Val Gln Ala Thr Gln Leu Ser Thr Glu
            180                 185                 190

His Asn Ala Ser Phe Glu Ser Val Arg Arg Glu Leu Gln Ser Leu His
        195                 200                 205

Pro Asp Asp Ser Gln Ile Val Val Leu Lys His Asn Val Trp Arg Val
    210                 215                 220

Lys Gly Leu Ile Gln Ile Ser Arg Ser Ile Gly Asp Val Tyr Leu Lys
225                 230                 235                 240

Lys Ala Glu Phe Asn Arg Glu Pro Leu Tyr Gln Lys Phe Arg Leu Arg
                245                 250                 255

Glu Ala Phe Lys Arg Pro Ile Leu Ser Ser Glu Pro Glu Thr Thr Val
            260                 265                 270

His Gln Leu Leu Pro His Asp Gln Phe Ile Ile Phe Ala Ser Asp Gly
        275                 280                 285

Leu Trp Glu His Leu Ser Asn Gln Glu Ala Val Asp Leu Val Gln Lys
    290                 295                 300

His Pro His Asn Gly Ile Ala Arg Arg Leu Val Lys Ala Ala Leu Gln
305                 310                 315                 320
```

```
Glu Ala Ala Lys Lys Arg Glu Met Arg Tyr Ser Asp Leu Lys Lys Ile
                325                 330                 335

Asp Arg Gly Val Arg Arg His Phe His Asp Asp Ile Thr Val Val Val
            340                 345                 350

Val Phe Leu Asp Ser His Leu Val Ser Arg Ala Ser Ser Val Arg Gly
        355                 360                 365

Pro Asn Ile Ser Val Lys Gly Gly Gly Ile Ser Leu Pro Pro Asn Ala
    370                 375                 380

Leu Ala Pro Cys Ala Thr Pro Thr Glu Pro Val Pro Asn
385                 390                 395
```

<210> 35
<211> 743
<212> DNA
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(420)

<400> 35

```
cct gag cta gca cct aaa gat ggg gat ttc cgt ttc aat atc tct gag   48
Pro Glu Leu Ala Pro Lys Asp Gly Asp Phe Arg Phe Asn Ile Ser Glu
  1               5                  10                  15

ctt gaa gct atg cta cca gct gga act gta gat cat gct gtt gaa agg   96
Leu Glu Ala Met Leu Pro Ala Gly Thr Val Asp His Ala Val Glu Arg
             20                  25                  30

att tat caa gag atg ccg cgg tgg gaa gag act gtt tta ggt tcc agg   144
Ile Tyr Gln Glu Met Pro Arg Trp Glu Glu Thr Val Leu Gly Ser Arg
         35                  40                  45

agc aga tat gag cat gtc att cag gca ctt gca gat aaa tac cct tca   192
Ser Arg Tyr Glu His Val Ile Gln Ala Leu Ala Asp Lys Tyr Pro Ser
     50                  55                  60

gaa aat ttg ttg cta gtt acg cat ggt gaa ggt gtt ggg act tca gtt   240
Glu Asn Leu Leu Leu Val Thr His Gly Glu Gly Val Gly Thr Ser Val
```

65 70 75 80

gca acg ttt ttg aaa ggc gct gtt gtt tat gaa gta aag tat tgt gct 288
Ala Thr Phe Leu Lys Gly Ala Val Val Tyr Glu Val Lys Tyr Cys Ala
85 90 95

tat tca caa gca aca aga cgc atc agc tat gga gaa ggc gag tca ttt 336
Tyr Ser Gln Ala Thr Arg Arg Ile Ser Tyr Gly Glu Gly Glu Ser Phe
100 105 110

act gct ggt acc ttt cag ttg gtc act gcc tca gac caa acc ggt att 384
Thr Ala Gly Thr Phe Gln Leu Val Thr Ala Ser Asp Gln Thr Gly Ile
115 120 125

ggt tac tac aca tct agc agc ttg tct gat ggt gta tgacttatcg 430
Gly Tyr Tyr Thr Ser Ser Ser Leu Ser Asp Gly Val
130 135 140

gaactcccga gtttctgcat tctgaaaggt gcttttttgat ttccgaataa ttcttcaaat 490

ccacatgtca gaagatccat tctttaggtc agatgtctat ctactgctcc cagccttgag 550

ctgctcatgg gtattggtgc ccttctattt ttaggtagag tctttgagta agccttgcca 610

catcaaggcc tcagattatt gaatgtacaa cagaataggt tgtagcttca ttggctagta 670

cagtgacctc tttcatgggt ctgaaacatc aatataaagg tttgaatggc aaaaaaaaaa 730

aaaaaaaaaa aaa 743

<210> 36
<211> 140
<212> PRT
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<400> 36
Pro Glu Leu Ala Pro Lys Asp Gly Asp Phe Arg Phe Asn Ile Ser Glu
1 5 10 15

Leu Glu Ala Met Leu Pro Ala Gly Thr Val Asp His Ala Val Glu Arg
20 25 30

Ile Tyr Gln Glu Met Pro Arg Trp Glu Glu Thr Val Leu Gly Ser Arg
35 40 45

```
Ser Arg Tyr Glu His Val Ile Gln Ala Leu Ala Asp Lys Tyr Pro Ser
     50                  55                  60

Glu Asn Leu Leu Leu Val Thr His Gly Glu Gly Val Gly Thr Ser Val
 65                  70                  75                  80

Ala Thr Phe Leu Lys Gly Ala Val Val Tyr Glu Val Lys Tyr Cys Ala
                 85                  90                  95

Tyr Ser Gln Ala Thr Arg Arg Ile Ser Tyr Gly Glu Gly Glu Ser Phe
            100                 105                 110

Thr Ala Gly Thr Phe Gln Leu Val Thr Ala Ser Asp Gln Thr Gly Ile
        115                 120                 125

Gly Tyr Tyr Thr Ser Ser Ser Leu Ser Asp Gly Val
    130                 135                 140
```

<210> 37
<211> 348
<212> DNA
<213> Sueada japonica

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(246)

<400> 37

```
atc att gct ccc cta gct att ggt ttg atc gtt ggt gcc aac atc tta   48
Ile Ile Ala Pro Leu Ala Ile Gly Leu Ile Val Gly Ala Asn Ile Leu
  1               5                  10                  15

gcc gga ggt gca ttt gat ggt gcc tca atg aac cct gcc gtc tct ttt   96
Ala Gly Gly Ala Phe Asp Gly Ala Ser Met Asn Pro Ala Val Ser Phe
             20                  25                  30

ggc ccc gcc gtg gtt agc tgg agc tgg gcc aac cac tgg gtc tac tgg   144
Gly Pro Ala Val Val Ser Trp Ser Trp Ala Asn His Trp Val Tyr Trp
         35                  40                  45

gca ggc cca ctc att ggt ggt gga ctt gct ggt ctc gtt tat gag ttt   192
Ala Gly Pro Leu Ile Gly Gly Gly Leu Ala Gly Leu Val Tyr Glu Phe
     50                  55                  60
```

atc ttt att ggt cac caa gag cca gct tcc gct gac tac cag aga ctc 240
Ile Phe Ile Gly His Gln Glu Pro Ala Ser Ala Asp Tyr Gln Arg Leu
65 70 75 80

tct gct taagaatttt aatictttgc cctagggaaa aatgtttcat gcatgtattt 296
Ser Ala

tggtattttg ttgggtctaa aattttatga agggaaaaaa aaaaaaaaaa aa 348

<210> 38
<211> 82
<212> PRT
<213> Sueada japonica

<400> 38
Ile Ile Ala Pro Leu Ala Ile Gly Leu Ile Val Gly Ala Asn Ile Leu
1 5 10 15

Ala Gly Gly Ala Phe Asp Gly Ala Ser Met Asn Pro Ala Val Ser Phe
20 25 30

Gly Pro Ala Val Val Ser Trp Ser Trp Ala Asn His Trp Val Tyr Trp
35 40 45

Ala Gly Pro Leu Ile Gly Gly Gly Leu Ala Gly Leu Val Tyr Glu Phe
50 55 60

Ile Phe Ile Gly His Gln Glu Pro Ala Ser Ala Asp Tyr Gln Arg Leu
65 70 75 80

Ser Ala

<210> 39
<211> 1602
<212> DNA
<213> Sueada japonica

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1419)

<400> 39

```
cac acc gtt gat tta acc att gaa gct atg atg ctc gat tct caa gct   48
His Thr Val Asp Leu Thr Ile Glu Ala Met Met Leu Asp Ser Gln Ala
  1               5                  10                  15

tct gat ctt gac aaa gaa gaa cgt cct gag att ctt tca atg ctt ccg   96
Ser Asp Leu Asp Lys Glu Glu Arg Pro Glu Ile Leu Ser Met Leu Pro
             20                  25                  30

cct ctt gaa gga aaa tgc ctc ttg gaa ctt ggg gct ggt att ggt cgt  144
Pro Leu Glu Gly Lys Cys Leu Leu Glu Leu Gly Ala Gly Ile Gly Arg
         35                  40                  45

ttt act ggt gaa ttg gct gag aaa gct ggc cag gtt att gct ctg gat  192
Phe Thr Gly Glu Leu Ala Glu Lys Ala Gly Gln Val Ile Ala Leu Asp
     50                  55                  60

ttc att gag agt gct atc aag aag aat gaa gta atc aat ggg cac tac  240
Phe Ile Glu Ser Ala Ile Lys Lys Asn Glu Val Ile Asn Gly His Tyr
 65                  70                  75                  80

aaa aat gtc aag ttt atg tgt gct gat gtg act tct ccc act ctc agt  288
Lys Asn Val Lys Phe Met Cys Ala Asp Val Thr Ser Pro Thr Leu Ser
                 85                  90                  95

ttc cca cca cat tca ttg gat gtg ata ttc tcc aat tgg tta ctc atg  336
Phe Pro Pro His Ser Leu Asp Val Ile Phe Ser Asn Trp Leu Leu Met
            100                 105                 110

tat ctt tct gat gaa gag gtg gaa aat ttg gtt gaa aga atg ttg aaa  384
Tyr Leu Ser Asp Glu Glu Val Glu Asn Leu Val Glu Arg Met Leu Lys
        115                 120                 125

tgg ttg aag cca ggg ggt tac att ttc ttc aga gaa tct tgt ttc cat  432
Trp Leu Lys Pro Gly Gly Tyr Ile Phe Phe Arg Glu Ser Cys Phe His
    130                 135                 140

caa tct ggg gat cac aaa cgc aaa agc aat ccc acc cac tac cgt gaa  480
Gln Ser Gly Asp His Lys Arg Lys Ser Asn Pro Thr His Tyr Arg Glu
145                 150                 155                 160

cct agg ttc tac act aag gcc ttc aaa gag tgt cat ttg caa gat gga  528
Pro Arg Phe Tyr Thr Lys Ala Phe Lys Glu Cys His Leu Gln Asp Gly
                165                 170                 175

tct gga aac tct tat gag ctc tcc cta ctt agc tgc aaa tgt att gga  576
Ser Gly Asn Ser Tyr Glu Leu Ser Leu Leu Ser Cys Lys Cys Ile Gly
```

```
            180                 185                 190

gct tat gtc aga aac aag aaa aac cag aac cag att agt tgg ttg tgg   624
Ala Tyr Val Arg Asn Lys Lys Asn Gln Asn Gln Ile Ser Trp Leu Trp
        195                 200                 205

caa aaa gtt gat tct aag gat gat aag ggg ttc cag cga ttt ctg gat   672
Gln Lys Val Asp Ser Lys Asp Asp Lys Gly Phe Gln Arg Phe Leu Asp
    210                 215                 220

act agc cag tac aag tgt aat agc att ctg cga tat gag cgt gta ttt   720
Thr Ser Gln Tyr Lys Cys Asn Ser Ile Leu Arg Tyr Glu Arg Val Phe
225                 230                 235                 240

ggc cct ggt tat gtt agc act gga gga tat gaa acc acc aaa gag ttt   768
Gly Pro Gly Tyr Val Ser Thr Gly Gly Tyr Glu Thr Thr Lys Glu Phe
                245                 250                 255

gtg tca atg ctg gac ttg aag cct ggc cag aag gtc ctg gat gtt ggt   816
Val Ser Met Leu Asp Leu Lys Pro Gly Gln Lys Val Leu Asp Val Gly
            260                 265                 270

tgt gga att ggt gga ggt gac ttt tac atg gcg gag acc ttt gat gtt   864
Cys Gly Ile Gly Gly Gly Asp Phe Tyr Met Ala Glu Thr Phe Asp Val
        275                 280                 285

gag gtt gtt gga ttt gat ctc tcc gtt aat atg att tcc ttt gcc ctt   912
Glu Val Val Gly Phe Asp Leu Ser Val Asn Met Ile Ser Phe Ala Leu
    290                 295                 300

gag cgt tct att ggg ctt aaa tgt gct gtt gag ttt gag gta gca gat   960
Glu Arg Ser Ile Gly Leu Lys Cys Ala Val Glu Phe Glu Val Ala Asp
305                 310                 315                 320

tgc acc aag ata aac tac cct gat aac tct ttt gat gtc atc tat agc  1008
Cys Thr Lys Ile Asn Tyr Pro Asp Asn Ser Phe Asp Val Ile Tyr Ser
                325                 330                 335

cgt gac acc att ctg cat att cag gac aag cct gcg ttg ttt aga tcc  1056
Arg Asp Thr Ile Leu His Ile Gln Asp Lys Pro Ala Leu Phe Arg Ser
            340                 345                 350

ttc tac aaa tgg ttg aag cca gga ggt aaa gtt cta atc agt gat tac  1104
Phe Tyr Lys Trp Leu Lys Pro Gly Gly Lys Val Leu Ile Ser Asp Tyr
        355                 360                 365
```

```
tgc aag aaa gct ggt cca ccc tca cct gaa ttc gcc gct tac att aag   1152
Cys Lys Lys Ala Gly Pro Pro Ser Pro Glu Phe Ala Ala Tyr Ile Lys
    370                 375                 380

cag agg gga tat gat ctc cat gat gta aag gaa tat ggg cag atg ctt   1200
Gln Arg Gly Tyr Asp Leu His Asp Val Lys Glu Tyr Gly Gln Met Leu
385                 390                 395                 400

aaa gat gct gga ttt gtt gat gtt ctt gcc gag gat aga act gag cag   1248
Lys Asp Ala Gly Phe Val Asp Val Leu Ala Glu Asp Arg Thr Glu Gln
                405                 410                 415

ttc att cga gtt cta cgg aag gaa cta gag act gtt gag aag gaa aag   1296
Phe Ile Arg Val Leu Arg Lys Glu Leu Glu Thr Val Glu Lys Glu Lys
            420                 425                 430

gat gtg ttc att agt gat ttc tct gag gag gat tac aat gac att gtt   1344
Asp Val Phe Ile Ser Asp Phe Ser Glu Glu Asp Tyr Asn Asp Ile Val
        435                 440                 445

gga ggt tgg aat gat aag ttg cgg agg act gcc aag ggt gag caa cga   1392
Gly Gly Trp Asn Asp Lys Leu Arg Arg Thr Ala Lys Gly Glu Gln Arg
    450                 455                 460

tgg ggt ctg ttc gtt gcc aag aag aag tgaagaatca gttgccgcac         1439
Trp Gly Leu Phe Val Ala Lys Lys Lys
465                 470

tggcactgtc gatttcctag tattaatctt caatgtttc atgtaatgta cttctacatg 1499

taaaattgcc aataagttgc atttcgcaga ctgtaagatg attaatcata ttttatcttt 1559

taattaatca tggatttatg caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa                   1602
```

<210> 40
<211> 473
<212> PRT
<213> Sueada japonica

<400> 40

```
His Thr Val Asp Leu Thr Ile Glu Ala Met Met Leu Asp Ser Gln Ala
  1               5                  10                  15

Ser Asp Leu Asp Lys Glu Glu Arg Pro Glu Ile Leu Ser Met Leu Pro
            20                  25                  30
```

```
Pro Leu Glu Gly Lys Cys Leu Leu Glu Leu Gly Ala Gly Ile Gly Arg
         35                  40                  45

Phe Thr Gly Glu Leu Ala Glu Lys Ala Gly Gln Val Ile Ala Leu Asp
     50                  55                  60

Phe Ile Glu Ser Ala Ile Lys Lys Asn Glu Val Ile Asn Gly His Tyr
 65                  70                  75                  80

Lys Asn Val Lys Phe Met Cys Ala Asp Val Thr Ser Pro Thr Leu Ser
                 85                  90                  95

Phe Pro Pro His Ser Leu Asp Val Ile Phe Ser Asn Trp Leu Leu Met
            100                 105                 110

Tyr Leu Ser Asp Glu Glu Val Glu Asn Leu Val Glu Arg Met Leu Lys
        115                 120                 125

Trp Leu Lys Pro Gly Gly Tyr Ile Phe Phe Arg Glu Ser Cys Phe His
    130                 135                 140

Gln Ser Gly Asp His Lys Arg Lys Ser Asn Pro Thr His Tyr Arg Glu
145                 150                 155                 160

Pro Arg Phe Tyr Thr Lys Ala Phe Lys Glu Cys His Leu Gln Asp Gly
                165                 170                 175

Ser Gly Asn Ser Tyr Glu Leu Ser Leu Leu Ser Cys Lys Cys Ile Gly
            180                 185                 190

Ala Tyr Val Arg Asn Lys Lys Asn Gln Asn Gln Ile Ser Trp Leu Trp
        195                 200                 205

Gln Lys Val Asp Ser Lys Asp Asp Lys Gly Phe Gln Arg Phe Leu Asp
    210                 215                 220

Thr Ser Gln Tyr Lys Cys Asn Ser Ile Leu Arg Tyr Glu Arg Val Phe
225                 230                 235                 240

Gly Pro Gly Tyr Val Ser Thr Gly Gly Tyr Glu Thr Thr Lys Glu Phe
                245                 250                 255

Val Ser Met Leu Asp Leu Lys Pro Gly Gln Lys Val Leu Asp Val Gly
            260                 265                 270
```

```
Cys Gly Ile Gly Gly Gly Asp Phe Tyr Met Ala Glu Thr Phe Asp Val
        275                 280                 285

Glu Val Val Gly Phe Asp Leu Ser Val Asn Met Ile Ser Phe Ala Leu
    290                 295                 300

Glu Arg Ser Ile Gly Leu Lys Cys Ala Val Glu Phe Glu Val Ala Asp
305                 310                 315                 320

Cys Thr Lys Ile Asn Tyr Pro Asp Asn Ser Phe Asp Val Ile Tyr Ser
                325                 330                 335

Arg Asp Thr Ile Leu His Ile Gln Asp Lys Pro Ala Leu Phe Arg Ser
            340                 345                 350

Phe Tyr Lys Trp Leu Lys Pro Gly Gly Lys Val Leu Ile Ser Asp Tyr
        355                 360                 365

Cys Lys Lys Ala Gly Pro Pro Ser Pro Glu Phe Ala Ala Tyr Ile Lys
    370                 375                 380

Gln Arg Gly Tyr Asp Leu His Asp Val Lys Glu Tyr Gly Gln Met Leu
385                 390                 395                 400

Lys Asp Ala Gly Phe Val Asp Val Leu Ala Glu Asp Arg Thr Glu Gln
                405                 410                 415

Phe Ile Arg Val Leu Arg Lys Glu Leu Glu Thr Val Glu Lys Glu Lys
            420                 425                 430

Asp Val Phe Ile Ser Asp Phe Ser Glu Glu Asp Tyr Asn Asp Ile Val
        435                 440                 445

Gly Gly Trp Asn Asp Lys Leu Arg Arg Thr Ala Lys Gly Glu Gln Arg
    450                 455                 460

Trp Gly Leu Phe Val Ala Lys Lys Lys
465                 470
```

<210> 41
<211> 1251
<212> DNA
<213> Salsola komarovii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(933)

<400> 41

```
cag cca ttt ggc aca att aat gga tca ctt cgt gtt act gta caa ggt   48
Gln Pro Phe Gly Thr Ile Asn Gly Ser Leu Arg Val Thr Val Gln Gly
  1               5                  10                  15

gag gtc att gaa caa tct ttt gga gag gag cac ttg tgt ttt aga aca   96
Glu Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Glu Glu His Leu Cys Phe Arg Thr
             20                  25                  30

tta cag cgg tac aca gct gcc aca ctt gag cat gga atg cat cca cca   144
Leu Gln Arg Tyr Thr Ala Ala Thr Leu Glu His Gly Met His Pro Pro
         35                  40                  45

atc tct cct aaa cca gaa tgg cgt gca ctt ttg gac gag atg gct gtt   192
Ile Ser Pro Lys Pro Glu Trp Arg Ala Leu Leu Asp Glu Met Ala Val
     50                  55                  60

gtt gcc acc aag gaa tac cgc tct gtt gtt ttt cat gag cct cgc ttt   240
Val Ala Thr Lys Glu Tyr Arg Ser Val Val Phe His Glu Pro Arg Phe
 65                  70                  75                  80

gtc gag tac ttc cgc agt gct aca cca gag aca gag tat ggg cgt atg   288
Val Glu Tyr Phe Arg Ser Ala Thr Pro Glu Thr Glu Tyr Gly Arg Met
                 85                  90                  95

aat att gga agc cgt cct gca aag aga aag cca gga gga gga att gaa   336
Asn Ile Gly Ser Arg Pro Ala Lys Arg Lys Pro Gly Gly Gly Ile Glu
            100                 105                 110

act ctg cgt gca att cct tgg ata ttt tcg tgg aca caa acc agg ttt   384
Thr Leu Arg Ala Ile Pro Trp Ile Phe Ser Trp Thr Gln Thr Arg Phe
        115                 120                 125

cat tta cct gtg tgg ctt ggg gtt gga gca gct ttt aag cat gcc ctt   432
His Leu Pro Val Trp Leu Gly Val Gly Ala Ala Phe Lys His Ala Leu
    130                 135                 140

gac aag gac att aag aat ctt tcg ata ctc aag gcc atg tat aat gag   480
Asp Lys Asp Ile Lys Asn Leu Ser Ile Leu Lys Ala Met Tyr Asn Glu
145                 150                 155                 160

tgg ccg ttc ttc aga gtg act att gat ctc tta gaa atg gtt ttc act   528
```

```
Trp Pro Phe Phe Arg Val Thr Ile Asp Leu Leu Glu Met Val Phe Thr
                165                 170                 175

aaa gga gac cct gga att gct gct tta tat gac aag ctt ctg gtg gca   576
Lys Gly Asp Pro Gly Ile Ala Ala Leu Tyr Asp Lys Leu Leu Val Ala
            180                 185                 190

gag gat ttg aag ccc ttt ggg gaa aag ttg agg aaa agt ttc gaa gat   624
Glu Asp Leu Lys Pro Phe Gly Glu Lys Leu Arg Lys Ser Phe Glu Asp
        195                 200                 205

acc aaa ctc ctt ctc ctt aag gtt gct ggg cac aag gag tta ctg gaa   672
Thr Lys Leu Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly His Lys Glu Leu Leu Glu
    210                 215                 220

gga gat cct tac ttg aaa cag aga ctc cga ctt cgt gat cct tac att   720
Gly Asp Pro Tyr Leu Lys Gln Arg Leu Arg Leu Arg Asp Pro Tyr Ile
225                 230                 235                 240

aca acc ctt aat gtt ttc caa gca tat act ctg aag cgg atc cgt gat   768
Thr Thr Leu Asn Val Phe Gln Ala Tyr Thr Leu Lys Arg Ile Arg Asp
                245                 250                 255

ccc aat ttc cat gta gct gaa ggg cca cac tta tcc aag gaa gta ttg   816
Pro Asn Phe His Val Ala Glu Gly Pro His Leu Ser Lys Glu Val Leu
            260                 265                 270

gaa tca aac aat gct gag ctt gtg aag ctc aat cct act agt gag tat   864
Glu Ser Asn Asn Ala Glu Leu Val Lys Leu Asn Pro Thr Ser Glu Tyr
        275                 280                 285

cct cct ggc ctt gag gac acc ctt atc ttg acc atg aag ggt att gct   912
Pro Pro Gly Leu Glu Asp Thr Leu Ile Leu Thr Met Lys Gly Ile Ala
    290                 295                 300

gct ggc atg cag aac acc ggt taactgacac gtgttgcacg tctattgcaa      963
Ala Gly Met Gln Asn Thr Gly
305                 310

ctattcctca actccttctg gtttggggat ccgggctcgg agatagccat cgttggtgat 1023

gtgctgtatg agcacctaat tgtattcaaa gtctgtattt caagtctatt gtatttgtat 1083

tttgttcttc tgtatgtttt tgttatttct acttatggtt gggttgtgtc acttgtgact 1143

aatacccgac tgtgtaataa atggttgttg tactgatgaa cagtttgttt tcttctacgt 1203
```

gagttatatt gatgagttta tcttttatta aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1251

<210> 42
<211> 311
<212> PRT
<213> Salsola komarovii

<400> 42
Gln Pro Phe Gly Thr Ile Asn Gly Ser Leu Arg Val Thr Val Gln Gly
1 5 10 15

Glu Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Glu Glu His Leu Cys Phe Arg Thr
20 25 30

Leu Gln Arg Tyr Thr Ala Ala Thr Leu Glu His Gly Met His Pro Pro
35 40 45

Ile Ser Pro Lys Pro Glu Trp Arg Ala Leu Leu Asp Glu Met Ala Val
50 55 60

Val Ala Thr Lys Glu Tyr Arg Ser Val Val Phe His Glu Pro Arg Phe
65 70 75 80

Val Glu Tyr Phe Arg Ser Ala Thr Pro Glu Thr Glu Tyr Gly Arg Met
85 90 95

Asn Ile Gly Ser Arg Pro Ala Lys Arg Lys Pro Gly Gly Gly Ile Glu
100 105 110

Thr Leu Arg Ala Ile Pro Trp Ile Phe Ser Trp Thr Gln Thr Arg Phe
115 120 125

His Leu Pro Val Trp Leu Gly Val Gly Ala Ala Phe Lys His Ala Leu
130 135 140

Asp Lys Asp Ile Lys Asn Leu Ser Ile Leu Lys Ala Met Tyr Asn Glu
145 150 155 160

Trp Pro Phe Phe Arg Val Thr Ile Asp Leu Leu Glu Met Val Phe Thr
165 170 175

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

```
Glu Asp Leu Lys Pro Phe Gly Glu Lys Leu Arg Lys Ser Phe Glu Asp
        195                 200                 205

Thr Lys Leu Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly His Lys Glu Leu Leu Glu
    210                 215                 220

Gly Asp Pro Tyr Leu Lys Gln Arg Leu Arg Leu Arg Asp Pro Tyr Ile
225                 230                 235                 240

Thr Thr Leu Asn Val Phe Gln Ala Tyr Thr Leu Lys Arg Ile Arg Asp
                245                 250                 255

Pro Asn Phe His Val Ala Glu Gly Pro His Leu Ser Lys Glu Val Leu
            260                 265                 270

Glu Ser Asn Asn Ala Glu Leu Val Lys Leu Asn Pro Thr Ser Glu Tyr
        275                 280                 285

Pro Pro Gly Leu Glu Asp Thr Leu Ile Leu Thr Met Lys Gly Ile Ala
    290                 295                 300

Ala Gly Met Gln Asn Thr Gly
305                 310
```

<210> 43
<211> 637
<212> DNA
<213> Avicennia marina

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(339)

<400> 43

```
caa tac ttg gta aat gaa gtg aag aaa act gtt cag ggg cgt gct caa   48
Gln Tyr Leu Val Asn Glu Val Lys Lys Thr Val Gln Gly Arg Ala Gln
  1               5                  10                  15

ctt ggt gtg gaa gca ttt gct gat gcg ctt ctt gtg gtt cca aag acg   96
Leu Gly Val Glu Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Val Val Pro Lys Thr
             20                  25                  30

ctt gcc gag aac tct ggc ctt gat acc cag gat ttg att att gaa ctt  144
Leu Ala Glu Asn Ser Gly Leu Asp Thr Gln Asp Leu Ile Ile Glu Leu
```

```
        35                  40                  45

acg gga gaa tat gaa aaa ggg aat gtg gta gga ctt aat cta cac aca   192
Thr Gly Glu Tyr Glu Lys Gly Asn Val Val Gly Leu Asn Leu His Thr
     50                  55                  60

gga gaa cct ata gat cct caa atg gag ggt atc ttt gac aat tat tcc   240
Gly Glu Pro Ile Asp Pro Gln Met Glu Gly Ile Phe Asp Asn Tyr Ser
 65                  70                  75                  80

gtg aag cgt cag atc ata aac tca ggc ccc gtt att gca tct cag ctg   288
Val Lys Arg Gln Ile Ile Asn Ser Gly Pro Val Ile Ala Ser Gln Leu
                85                  90                  95

cta ctt gtc gac gag gtt att cgt gct ggt cgt aac atg cgt aaa ccg   336
Leu Leu Val Asp Glu Val Ile Arg Ala Gly Arg Asn Met Arg Lys Pro
            100                 105                 110

aat tagctttcac cctagttttt gtgatgttgg tgaagatggt aattttattt       389
Asn

aggtagggtc atggttcctt ttgtttagcc taagcactat gtattcattg ccacttgaga 449

tttgaatttt gatcatcagg cggttgaact tttcgcctgt tacaaattgc accagaaatt 509

attcgaccat gggtatgcat ctacttgtgt tgtacctgac ttggctaagt tatttgaaga 569

tacactctgt gctcagcaaa gaattggaaa aaaaggaatt gatttcatca aaaaaaaaaa 629

aaaaaaaa                                                         637


<210> 44
<211> 113
<212> PRT
<213> Avicennia marina

<400> 44
Gln Tyr Leu Val Asn Glu Val Lys Lys Thr Val Gln Gly Arg Ala Gln
  1               5                  10                  15

Leu Gly Val Glu Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Val Val Pro Lys Thr
             20                  25                  30

Leu Ala Glu Asn Ser Gly Leu Asp Thr Gln Asp Leu Ile Ile Glu Leu
         35                  40                  45
```

```
Thr Gly Glu Tyr Glu Lys Gly Asn Val Val Gly Leu Asn Leu His Thr
     50                  55                  60

Gly Glu Pro Ile Asp Pro Gln Met Glu Gly Ile Phe Asp Asn Tyr Ser
 65                  70                  75                  80

Val Lys Arg Gln Ile Ile Asn Ser Gly Pro Val Ile Ala Ser Gln Leu
                85                  90                  95

Leu Leu Val Asp Glu Val Ile Arg Ala Gly Arg Asn Met Arg Lys Pro
            100                 105                 110

Asn
```

<210> 45
<211> 741
<212> DNA
<213> Avicennia marina

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(293)

<400> 45

```
aa gag atc aat tgt ctt gaa tgg gag aac ttt gct ttc cat ccc agc    47
   Glu Ile Asn Cys Leu Glu Trp Glu Asn Phe Ala Phe His Pro Ser
     1               5                  10                  15

cca ctc att gtt ctt gtt ttt gaa aga tac aac agg gca agt gat aac   95
Pro Leu Ile Val Leu Val Phe Glu Arg Tyr Asn Arg Ala Ser Asp Asn
                20                  25                  30

tgg aaa gct ttg aag gag ttg gaa aag gcg gca gaa gtt tac tgg aag   143
Trp Lys Ala Leu Lys Glu Leu Glu Lys Ala Ala Glu Val Tyr Trp Lys
            35                  40                  45

gca aaa gat cga ctg cct cct cgg acg gtc aag ata gat ata aac atc   191
Ala Lys Asp Arg Leu Pro Pro Arg Thr Val Lys Ile Asp Ile Asn Ile
        50                  55                  60

gaa agg gat tta gca tat gca ctc aag gtt aaa gaa tgc ccg cag ata   239
Glu Arg Asp Leu Ala Tyr Ala Leu Lys Val Lys Glu Cys Pro Gln Ile
```

65 70 75

ctg ttc tta cgc gga aac agg ata tta tac aga gag aaa ggt agc cca 287
Leu Phe Leu Arg Gly Asn Arg Ile Leu Tyr Arg Glu Lys Gly Ser Pro
80 85 90 95

ttt ctc tgatattgca tgtacatcag atctttcaat ctgcaccaga accaattgag 343
Phe Leu

tttaccatca tttccagaaa ttagatcatc ggatgaattg gttcagatga tcgcgcattt 403

ctattacaat gcaaaaaagc cttcgtgcat cgatgatgca gctttctctt caccacatca 463

ctgaaggtga ggttgtcaaa tggaatccag catcagtcat tagggaggac tgaagctgta 523

cggagggaag tggtttaaat tcagattgga tctttgaagt gggcagtggt gattgaaacg 583

ccaaaagttt ctgaggaata accttgttgg gattttgcag tgaactgtag taactttctc 643

gcatgtaaaa ctagactttc atcaatcaac caccaaccct tttatgtata tgaaacctat 703

gaggttgaaa tttctagtta aaaaaaaaaa aaaaaaaa 741

<210> 46
<211> 97
<212> PRT
<213> Avicennia marina

<400> 46
Glu Ile Asn Cys Leu Glu Trp Glu Asn Phe Ala Phe His Pro Ser Pro
1 5 10 15

Leu Ile Val Leu Val Phe Glu Arg Tyr Asn Arg Ala Ser Asp Asn Trp
20 25 30

Lys Ala Leu Lys Glu Leu Glu Lys Ala Ala Glu Val Tyr Trp Lys Ala
35 40 45

Lys Asp Arg Leu Pro Pro Arg Thr Val Lys Ile Asp Ile Asn Ile Glu
50 55 60

Arg Asp Leu Ala Tyr Ala Leu Lys Val Lys Glu Cys Pro Gln Ile Leu
65 70 75 80

Phe Leu Arg Gly Asn Arg Ile Leu Tyr Arg Glu Lys Gly Ser Pro Phe

85 90 95

Leu

<210> 47
<211> 983
<212> DNA
<213> Salsola komarovii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(762)

<400> 47

```
atg ttc ctt cat cac cac ttt tca tct tca tct tct tct ttt ctt ctt   48
Met Phe Leu His His His Phe Ser Ser Ser Ser Ser Ser Phe Leu Leu
  1               5                  10                  15

ctc ttc ttc tct ctc cta ata ttc ctt tca tct gct aat ctt tat cat   96
Leu Phe Phe Ser Leu Leu Ile Phe Leu Ser Ser Ala Asn Leu Tyr His
             20                  25                  30

cag aat caa gga tct tgt agt gac ttt gaa tca gaa cca tca atg gct   144
Gln Asn Gln Gly Ser Cys Ser Asp Phe Glu Ser Glu Pro Ser Met Ala
         35                  40                  45

act ctt ggt gga ttg cgc gaa tcc cat ggt gct tct aat gat gct gag   192
Thr Leu Gly Gly Leu Arg Glu Ser His Gly Ala Ser Asn Asp Ala Glu
     50                  55                  60

att gaa acc ctt gct cgc ttt gct gtt gat gaa cac aac aaa aaa gag   240
Ile Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Val Asp Glu His Asn Lys Lys Glu
 65                  70                  75                  80

aat gca ttg ttg gag ttt gca agg gtt gta aag gca aag gaa cag gtg   288
Asn Ala Leu Leu Glu Phe Ala Arg Val Val Lys Ala Lys Glu Gln Val
                 85                  90                  95

gtt gcg ggt aca ttg cat cac ttc act atc gaa gca att gaa gcg ggc   336
Val Ala Gly Thr Leu His His Phe Thr Ile Glu Ala Ile Glu Ala Gly
            100                 105                 110

aag aag aag ctc tac gaa gcg aag gtg tgg gtg aag cca tgg atg aac   384
```

```
Lys Lys Lys Leu Tyr Glu Ala Lys Val Trp Val Lys Pro Trp Met Asn
        115                 120                 125

ttt aag gag ctg cag gaa ttt aag cat gct gat gaa tcc cct tca atc   432
Phe Lys Glu Leu Gln Glu Phe Lys His Ala Asp Glu Ser Pro Ser Ile
    130                 135                 140

act cct tcc gac ctc ggc gct aat aga gaa ggg cat tct gga gga tgg   480
Thr Pro Ser Asp Leu Gly Ala Asn Arg Glu Gly His Ser Gly Gly Trp
145                 150                 155                 160

aaa gat gtg cct gtc cat gac cct gaa gtg caa aat gca gca aat cat   528
Lys Asp Val Pro Val His Asp Pro Glu Val Gln Asn Ala Ala Asn His
                165                 170                 175

gct ctt aag acc ttg caa caa aga tcc aac tcc tta ttt cct tat gaa   576
Ala Leu Lys Thr Leu Gln Gln Arg Ser Asn Ser Leu Phe Pro Tyr Glu
            180                 185                 190

ctg cag gaa gtt gct cat gct agg gct gag gtt ctg gaa gac act gcg   624
Leu Gln Glu Val Ala His Ala Arg Ala Glu Val Leu Glu Asp Thr Ala
        195                 200                 205

aag ttt aac ctg cac ctc aag gtg aag aga gga aac aag gat gag ttt   672
Lys Phe Asn Leu His Leu Lys Val Lys Arg Gly Asn Lys Asp Glu Phe
    210                 215                 220

ttc aat gtg gag gtg cac aaa aac agc gaa gga aac tac aac ctt aat   720
Phe Asn Val Glu Val His Lys Asn Ser Glu Gly Asn Tyr Asn Leu Asn
225                 230                 235                 240

cag atg ggg aac gtt gag ccc gag gtt gag aaa agt agt gtt           762
Gln Met Gly Asn Val Glu Pro Glu Val Glu Lys Ser Ser Val
                245                 250

tagactcgtt gagggtgttg taagtactcg ttcgtaactt ttctgatggt caggcaagta 822

tggagtaagg actagactac tagtactagt aagtacagct gacttggttt gagtaaaata 882

acctcgactt tggttgcacc atcatatctt gtatgtttat ggctttgtca atgtattgta 942

agtgaagatt gtttgcttga tctaaaaaaa aaaaaaaaaa a                      983
```

<210> 48
<211> 254

<212> PRT
<213> Salsola komarovii

<400> 48
Met Phe Leu His His His Phe Ser Ser Ser Ser Ser Ser Phe Leu Leu
1 5 10 15

Leu Phe Phe Ser Leu Leu Ile Phe Leu Ser Ser Ala Asn Leu Tyr His
20 25 30

Gln Asn Gln Gly Ser Cys Ser Asp Phe Glu Ser Glu Pro Ser Met Ala
35 40 45

Thr Leu Gly Gly Leu Arg Glu Ser His Gly Ala Ser Asn Asp Ala Glu
50 55 60

Ile Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Val Asp Glu His Asn Lys Lys Glu
65 70 75 80

Asn Ala Leu Leu Glu Phe Ala Arg Val Val Lys Ala Lys Glu Gln Val
85 90 95

Val Ala Gly Thr Leu His His Phe Thr Ile Glu Ala Ile Glu Ala Gly
100 105 110

Lys Lys Lys Leu Tyr Glu Ala Lys Val Trp Val Lys Pro Trp Met Asn
115 120 125

Phe Lys Glu Leu Gln Glu Phe Lys His Ala Asp Glu Ser Pro Ser Ile
130 135 140

Thr Pro Ser Asp Leu Gly Ala Asn Arg Glu Gly His Ser Gly Gly Trp
145 150 155 160

Lys Asp Val Pro Val His Asp Pro Glu Val Gln Asn Ala Ala Asn His
165 170 175

Ala Leu Lys Thr Leu Gln Gln Arg Ser Asn Ser Leu Phe Pro Tyr Glu
180 185 190

Leu Gln Glu Val Ala His Ala Arg Ala Glu Val Leu Glu Asp Thr Ala
195 200 205

Lys Phe Asn Leu His Leu Lys Val Lys Arg Gly Asn Lys Asp Glu Phe
210 215 220

```
Phe Asn Val Glu Val His Lys Asn Ser Glu Gly Asn Tyr Asn Leu Asn
225                 230                 235                 240

Gln Met Gly Asn Val Glu Pro Glu Val Glu Lys Ser Ser Val
                245                 250
```

<210> 49
<211> 543
<212> DNA
<213> Salsola komarovii

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(389)

<400> 49

```
aa aat aag gtt gac tta gct cga gat ttc acc ttc ata gac gac gtc    47
   Asn Lys Val Asp Leu Ala Arg Asp Phe Thr Phe Ile Asp Asp Val
     1               5                  10                  15

gta aag ggg tgc tta ggt tca ctg gat tct tcc ggt aag agt acc ggt   95
Val Lys Gly Cys Leu Gly Ser Leu Asp Ser Ser Gly Lys Ser Thr Gly
                20                  25                  30

agc ggc ggt aaa aaa cgt ggg ccc gct ccg tac aga atc tac aac ttg   143
Ser Gly Gly Lys Lys Arg Gly Pro Ala Pro Tyr Arg Ile Tyr Asn Leu
            35                  40                  45

ggg aac act caa ccg gtc act gta ccg aca ctt gtc ggt atc cta gag   191
Gly Asn Thr Gln Pro Val Thr Val Pro Thr Leu Val Gly Ile Leu Glu
        50                  55                  60

aag cat ctc aaa gtt aag gcc aag aag aat gtg gtt gag atg ccc gga   239
Lys His Leu Lys Val Lys Ala Lys Lys Asn Val Val Glu Met Pro Gly
    65                  70                  75

aat ggt gac gtg ccc ttc aca cat gcg aat atc tct ttg gcc cga aaa   287
Asn Gly Asp Val Pro Phe Thr His Ala Asn Ile Ser Leu Ala Arg Lys
80                  85                  90                  95

gat ttc ggg tat aaa ccc act acc gat ttg caa acc ggg ttg aaa aag   335
Asp Phe Gly Tyr Lys Pro Thr Thr Asp Leu Gln Thr Gly Leu Lys Lys
                100                 105                 110
```

ttt gtt aga tgg tat ctc act tat tac ggc tac aac aac ggc aag cct 383
Phe Val Arg Trp Tyr Leu Thr Tyr Tyr Gly Tyr Asn Asn Gly Lys Pro
115 120 125

gta aat taatatataa atataagtaa tatttttttt ctctttttt ataaattaca 439
Val Asn

gaattatttt ttttgggtgg tttatgaatt tigttggata atatggggat tctttttttc 499

taaatgggaa aaataagaat ccaaggaaaa aaaaaaaaaa aaaa 543

<210> 50
<211> 129
<212> PRT
<213> Salsola komarovii

<400> 50
Asn Lys Val Asp Leu Ala Arg Asp Phe Thr Phe Ile Asp Asp Val Val
1 5 10 15

Lys Gly Cys Leu Gly Ser Leu Asp Ser Ser Gly Lys Ser Thr Gly Ser
20 25 30

Gly Gly Lys Lys Arg Gly Pro Ala Pro Tyr Arg Ile Tyr Asn Leu Gly
35 40 45

Asn Thr Gln Pro Val Thr Val Pro Thr Leu Val Gly Ile Leu Glu Lys
50 55 60

His Leu Lys Val Lys Ala Lys Lys Asn Val Val Glu Met Pro Gly Asn
65 70 75 80

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

Phe Gly Tyr Lys Pro Thr Thr Asp Leu Gln Thr Gly Leu Lys Lys Phe
100 105 110

Val Arg Trp Tyr Leu Thr Tyr Tyr Gly Tyr Asn Asn Gly Lys Pro Val
115 120 125

Asn

<210> 51
<211> 1219
<212> DNA
<213> Sueada japonica

<220>
<221> CDS
<222> (2)..(871)

<400> 51
c aca gga gca aac aaa gga ata gga ctt gaa cta tgc aaa caa cta gct 49
Thr Gly Ala Asn Lys Gly Ile Gly Leu Glu Leu Cys Lys Gln Leu Ala
1 5 10 15

gct aaa gga gtt gta gta gtt ctc act tct aga gat gga aaa aga ggc 97
Ala Lys Gly Val Val Val Val Leu Thr Ser Arg Asp Gly Lys Arg Gly
20 25 30

tta caa gct cat gaa aat ctc att aaa tct gga att aat cct gaa aat 145
Leu Gln Ala His Glu Asn Leu Ile Lys Ser Gly Ile Asn Pro Glu Asn
35 40 45

ctt cac ttt cat cag ctc gat gtt act gac atc act agt att gct gct 193
Leu His Phe His Gln Leu Asp Val Thr Asp Ile Thr Ser Ile Ala Ala
50 55 60

att gct ggt ttc atc aat tcc aaa ttc ggc aaa ctt gat atc ctg gtg 241
Ile Ala Gly Phe Ile Asn Ser Lys Phe Gly Lys Leu Asp Ile Leu Val
65 70 75 80

aac aat gct gga att att gga gat atg gtt aac ttt gat gct tta ata 289
Asn Asn Ala Gly Ile Ile Gly Asp Met Val Asn Phe Asp Ala Leu Ile
85 90 95

gca gca gga ttt ggc act cca aga gaa cag atc aat ctt gag gac agt 337
Ala Ala Gly Phe Gly Thr Pro Arg Glu Gln Ile Asn Leu Glu Asp Ser
100 105 110

ccc ggg aca gta aca cag aca tat gag ctt acg aaa gaa tgc tta caa 385
Pro Gly Thr Val Thr Gln Thr Tyr Glu Leu Thr Lys Glu Cys Leu Gln
115 120 125

aca aat tat tat gga gcg aaa aga acc gtt gaa gct ttg ctt ccg ctt 433
Thr Asn Tyr Tyr Gly Ala Lys Arg Thr Val Glu Ala Leu Leu Pro Leu
130 135 140

```
ctc aag tta tcc gat tct cca agg att gtc aat gtc tcc tct ttt cta   481
Leu Lys Leu Ser Asp Ser Pro Arg Ile Val Asn Val Ser Ser Phe Leu
145                 150                 155                 160

gga agg ttg acg tat ata cca aat gag acg atc aga ggg gtc cta aga   529
Gly Arg Leu Thr Tyr Ile Pro Asn Glu Thr Ile Arg Gly Val Leu Arg
                165                 170                 175

gat gcc gag agc ctt aca gaa gaa cga ata gat gag att ctg aat gac   577
Asp Ala Glu Ser Leu Thr Glu Glu Arg Ile Asp Glu Ile Leu Asn Asp
            180                 185                 190

atg ctg agg gac ttc aaa gac tgt tca ttc aaa gag aag gga tgg cct   625
Met Leu Arg Asp Phe Lys Asp Cys Ser Phe Lys Glu Lys Gly Trp Pro
        195                 200                 205

aaa aat ctg gca gcc tat ata gtt tca aag gcg gcc ttg agt gca tac   673
Lys Asn Leu Ala Ala Tyr Ile Val Ser Lys Ala Ala Leu Ser Ala Tyr
    210                 215                 220

aca aga ata ctg gct aag aaa tac cca tca atc atg atc aac tgt att   721
Thr Arg Ile Leu Ala Lys Lys Tyr Pro Ser Ile Met Ile Asn Cys Ile
225                 230                 235                 240

tgc cct ggc ttt gtc aaa act gac atc aat gga aac aca gga cac ttg   769
Cys Pro Gly Phe Val Lys Thr Asp Ile Asn Gly Asn Thr Gly His Leu
                245                 250                 255

ccg gtt gaa gaa ggt gca gcg agt ctg gca agg tta gcg ttg atg ccc   817
Pro Val Glu Glu Gly Ala Ala Ser Leu Ala Arg Leu Ala Leu Met Pro
            260                 265                 270

caa att tta cct tct gga cta ttc ttt cag aga act gaa gtt tct tcg   865
Gln Ile Leu Pro Ser Gly Leu Phe Phe Gln Arg Thr Glu Val Ser Ser
        275                 280                 285

ttt gaa taaaacaatt tgcctattca aaccaacacc acatatctat gaagtttcca   921
Phe Glu
    290

tttgtaggca tctttacgaa aaaaataaga catctgcaat actgttactg gaaaatgcaa 981

tgtacttttt tcatgtatgc atggcgcagt tatttattct gactgcaaca ataagattct 1041

gtctttcaa ggcactctaa ggaatgctga tgtaccgttc tcaaacaagc agacaagtag 1101
```

acacgtttga ttgtcatgtc ttcattcgta caatcatttt gtgtttgtat gttgagcatg 1161

tttaactaat tacaagagtg taattaagat caacttttat aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1219

<210> 52
<211> 290
<212> PRT
<213> Sueada japonica

<400> 52

```
Thr Gly Ala Asn Lys Gly Ile Gly Leu Glu Leu Cys Lys Gln Leu Ala
  1               5                  10                  15

Ala Lys Gly Val Val Val Val Leu Thr Ser Arg Asp Gly Lys Arg Gly
             20                  25                  30

Leu Gln Ala His Glu Asn Leu Ile Lys Ser Gly Ile Asn Pro Glu Asn
         35                  40                  45

Leu His Phe His Gln Leu Asp Val Thr Asp Ile Thr Ser Ile Ala Ala
     50                  55                  60

Ile Ala Gly Phe Ile Asn Ser Lys Phe Gly Lys Leu Asp Ile Leu Val
 65                  70                  75                  80

Asn Asn Ala Gly Ile Ile Gly Asp Met Val Asn Phe Asp Ala Leu Ile
                 85                  90                  95

Ala Ala Gly Phe Gly Thr Pro Arg Glu Gln Ile Asn Leu Glu Asp Ser
            100                 105                 110

Pro Gly Thr Val Thr Gln Thr Tyr Glu Leu Thr Lys Glu Cys Leu Gln
        115                 120                 125

Thr Asn Tyr Tyr Gly Ala Lys Arg Thr Val Glu Ala Leu Leu Pro Leu
    130                 135                 140

Leu Lys Leu Ser Asp Ser Pro Arg Ile Val Asn Val Ser Ser Phe Leu
145                 150                 155                 160

Gly Arg Leu Thr Tyr Ile Pro Asn Glu Thr Ile Arg Gly Val Leu Arg
                165                 170                 175

Asp Ala Glu Ser Leu Thr Glu Glu Arg Ile Asp Glu Ile Leu Asn Asp
```

```
            180                 185                 190

Met Leu Arg Asp Phe Lys Asp Cys Ser Phe Lys Glu Lys Gly Trp Pro
        195                 200                 205

Lys Asn Leu Ala Ala Tyr Ile Val Ser Lys Ala Ala Leu Ser Ala Tyr
    210                 215                 220

Thr Arg Ile Leu Ala Lys Lys Tyr Pro Ser Ile Met Ile Asn Cys Ile
225                 230                 235                 240

Cys Pro Gly Phe Val Lys Thr Asp Ile Asn Gly Asn Thr Gly His Leu
                245                 250                 255

Pro Val Glu Glu Gly Ala Ala Ser Leu Ala Arg Leu Ala Leu Met Pro
            260                 265                 270

Gln Ile Leu Pro Ser Gly Leu Phe Phe Gln Arg Thr Glu Val Ser Ser
        275                 280                 285

Phe Glu
    290
```

<210> 53
<211> 1148
<212> DNA
<213> Sueada japonica

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(848)

<400> 53

```
ga agc agg ccg gat atc cat gtt gaa caa gct cat tca gat gat att    47
   Ser Arg Pro Asp Ile His Val Glu Gln Ala His Ser Asp Asp Ile
     1               5                  10                  15

act ggg ttg aaa ttc tca tgt gat ggt cgt cat ctg ttg tct aga agt   95
Thr Gly Leu Lys Phe Ser Cys Asp Gly Arg His Leu Leu Ser Arg Ser
                20                  25                  30

ttt gat tgc aca ctt aag gtt tgg gac ttg cgc caa atg aag cgg tct   143
Phe Asp Cys Thr Leu Lys Val Trp Asp Leu Arg Gln Met Lys Arg Ser
            35                  40                  45
```

```
ctt aag gtg ttt gat gaa tta cca aat cac tat gct caa acg aat gtc   191
Leu Lys Val Phe Asp Glu Leu Pro Asn His Tyr Ala Gln Thr Asn Val
         50                  55                  60

tca ttt agt cca gat gag cag ctc atc ttg act ggt aca tct gta gaa   239
Ser Phe Ser Pro Asp Glu Gln Leu Ile Leu Thr Gly Thr Ser Val Glu
     65                  70                  75

agg gat agc cca act gga gga ttg ttg tgc ttt tat gat cgg gaa aaa   287
Arg Asp Ser Pro Thr Gly Gly Leu Leu Cys Phe Tyr Asp Arg Glu Lys
 80                  85                  90                  95

ctt gaa cta gta tca aaa gtt ggc att tct cct act tgc agt gtt gtg   335
Leu Glu Leu Val Ser Lys Val Gly Ile Ser Pro Thr Cys Ser Val Val
                100                 105                 110

caa tgt gcc tgg cac cca agg ctg aat cag gtt ttt gcc act gct gga   383
Gln Cys Ala Trp His Pro Arg Leu Asn Gln Val Phe Ala Thr Ala Gly
            115                 120                 125

aat aaa agc caa gga ggt aca cat gta ctc tat gat cca acc atg agt   431
Asn Lys Ser Gln Gly Gly Thr His Val Leu Tyr Asp Pro Thr Met Ser
        130                 135                 140

gag aga ggt gct ctt gtg tgt gtt gct cgt gca cca agg atg aaa tca   479
Glu Arg Gly Ala Leu Val Cys Val Ala Arg Ala Pro Arg Met Lys Ser
    145                 150                 155

gtg gat gat ttt gag gtg cag ccg gtt ata cat aac cct cac gca ctt   527
Val Asp Asp Phe Glu Val Gln Pro Val Ile His Asn Pro His Ala Leu
160                 165                 170                 175

ccc ttg ttc aga gat cag cca agc cgc aaa cgt caa aga gag aag att   575
Pro Leu Phe Arg Asp Gln Pro Ser Arg Lys Arg Gln Arg Glu Lys Ile
                180                 185                 190

ctg aag gac cca ata aaa tcc cac aaa cca gag ctt cct atg tca gga   623
Leu Lys Asp Pro Ile Lys Ser His Lys Pro Glu Leu Pro Met Ser Gly
            195                 200                 205

cct ggc cat ggt ggc aga act ggt aca tca tcg ggt agt ttg tta aca   671
Pro Gly His Gly Gly Arg Thr Gly Thr Ser Ser Gly Ser Leu Leu Thr
        210                 215                 220

caa tat ctc ctc aag caa ggg ggc atg ttg aaa gag aca tgg atg gat   719
```

```
Gln Tyr Leu Leu Lys Gln Gly Gly Met Leu Lys Glu Thr Trp Met Asp
    225                 230                 235

gaa gat ccc aga gaa gct att ctc aag tat gct gat gct gca gaa aag   767
Glu Asp Pro Arg Glu Ala Ile Leu Lys Tyr Ala Asp Ala Ala Glu Lys
240                 245                 250                 255

gat cca aag ttt att gcc ccg gct tat gct gag act cag ccc aag cca   815
Asp Pro Lys Phe Ile Ala Pro Ala Tyr Ala Glu Thr Gln Pro Lys Pro
                260                 265                 270

gtc ttt gag gat tct gat aag gaa gat gaa gaa taattcatct tttgcagtgg 868
Val Phe Glu Asp Ser Asp Lys Glu Asp Glu Glu
            275                 280

ttggattaat ttaatttgag aatattatac tgtgtatatt aatagccaat ttttcaggcg 928

aatgatatgc ttctcacatt acatgctgag ttttatttgc tgctacagat tgtagatgaa 988

taggttaatg taaacacaag catagagatt agaatataga aatgattctg tatccaaaac 1048

acaattttat caccagatgg tatcaaaagc tgtattgact gttgagtaat gtcattaacc 1108

actttcactc cccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa                       1148
```

<210> 54
<211> 282
<212> PRT
<213> Sueada japonica

<400> 54

```
Ser Arg Pro Asp Ile His Val Glu Gln Ala His Ser Asp Asp Ile Thr
  1               5                  10                  15

Gly Leu Lys Phe Ser Cys Asp Gly Arg His Leu Leu Ser Arg Ser Phe
             20                  25                  30

Asp Cys Thr Leu Lys Val Trp Asp Leu Arg Gln Met Lys Arg Ser Leu
         35                  40                  45

Lys Val Phe Asp Glu Leu Pro Asn His Tyr Ala Gln Thr Asn Val Ser
     50                  55                  60

Phe Ser Pro Asp Glu Gln Leu Ile Leu Thr Gly Thr Ser Val Glu Arg
 65                  70                  75                  80
```

```
Asp Ser Pro Thr Gly Gly Leu Leu Cys Phe Tyr Asp Arg Glu Lys Leu
                85                  90                  95

Glu Leu Val Ser Lys Val Gly Ile Ser Pro Thr Cys Ser Val Val Gln
            100                 105                 110

Cys Ala Trp His Pro Arg Leu Asn Gln Val Phe Ala Thr Ala Gly Asn
        115                 120                 125

Lys Ser Gln Gly Gly Thr His Val Leu Tyr Asp Pro Thr Met Ser Glu
    130                 135                 140

Arg Gly Ala Leu Val Cys Val Ala Arg Ala Pro Arg Met Lys Ser Val
145                 150                 155                 160

Asp Asp Phe Glu Val Gln Pro Val Ile His Asn Pro His Ala Leu Pro
                165                 170                 175

Leu Phe Arg Asp Gln Pro Ser Arg Lys Arg Gln Arg Glu Lys Ile Leu
            180                 185                 190

Lys Asp Pro Ile Lys Ser His Lys Pro Glu Leu Pro Met Ser Gly Pro
        195                 200                 205

Gly His Gly Gly Arg Thr Gly Thr Ser Ser Gly Ser Leu Leu Thr Gln
    210                 215                 220

Tyr Leu Leu Lys Gln Gly Gly Met Leu Lys Glu Thr Trp Met Asp Glu
225                 230                 235                 240

Asp Pro Arg Glu Ala Ile Leu Lys Tyr Ala Asp Ala Ala Glu Lys Asp
                245                 250                 255

Pro Lys Phe Ile Ala Pro Ala Tyr Ala Glu Thr Gln Pro Lys Pro Val
            260                 265                 270

Phe Glu Asp Ser Asp Lys Glu Asp Glu Glu
        275                 280
```

<210> 55
<211> 1193
<212> DNA
<213> Avicennia marina

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(815)

<400> 55
gt gca cct gag tta ctt ctt gga gca aag cat tat aca agt gct gtt 47
Ala Pro Glu Leu Leu Leu Gly Ala Lys His Tyr Thr Ser Ala Val
1 5 10 15

gac atg tgg gct gtg ggc tgc att ttt gct gag ctt ctg act cta aag 95
Asp Met Trp Ala Val Gly Cys Ile Phe Ala Glu Leu Leu Thr Leu Lys
20 25 30

cca cta ttt caa ggg caa gaa gta aaa ggg act tct aat cca ttt cag 143
Pro Leu Phe Gln Gly Gln Glu Val Lys Gly Thr Ser Asn Pro Phe Gln
35 40 45

ctt gat caa ctt gac aaa atc ttt aag gtc cta ggt cat ccc acg caa 191
Leu Asp Gln Leu Asp Lys Ile Phe Lys Val Leu Gly His Pro Thr Gln
50 55 60

gaa aag tgg ccc aca cta gcg aat ctt cca cat tgg cag tct gat gtg 239
Glu Lys Trp Pro Thr Leu Ala Asn Leu Pro His Trp Gln Ser Asp Val
65 70 75

caa cgt atc caa ggg ctc aaa tac gac aat act gga ctt tac aat gtt 287
Gln Arg Ile Gln Gly Leu Lys Tyr Asp Asn Thr Gly Leu Tyr Asn Val
80 85 90 95

gtt cat ctc tcc ccc aaa aat cca gca tat gac ctt ctc tca aag atg 335
Val His Leu Ser Pro Lys Asn Pro Ala Tyr Asp Leu Leu Ser Lys Met
100 105 110

ctt gag tat gat cct aga aaa aga ata aca gct aca caa gct ctt gag 383
Leu Glu Tyr Asp Pro Arg Lys Arg Ile Thr Ala Thr Gln Ala Leu Glu
115 120 125

cat gag tat ttt cgc atg gaa cct ttg ccg gga cgc aac gct ctg gta 431
His Glu Tyr Phe Arg Met Glu Pro Leu Pro Gly Arg Asn Ala Leu Val
130 135 140

cca cca cag cct ggg gag aaa att gtg aac tac cca aca cga cca gtg 479
Pro Pro Gln Pro Gly Glu Lys Ile Val Asn Tyr Pro Thr Arg Pro Val
145 150 155

```
gac aca aat act gat att gaa gga aca atc agc ctc cag ccc tct caa   527
Asp Thr Asn Thr Asp Ile Glu Gly Thr Ile Ser Leu Gln Pro Ser Gln
160                 165                 170                 175

ccg gta tca tct ggg aat tct gtg tct ggg gcc cta gcc ggt cct cat   575
Pro Val Ser Ser Gly Asn Ser Val Ser Gly Ala Leu Ala Gly Pro His
                180                 185                 190

gta atg caa aat aga tcc atg cct cgg cca atg ccc atg gtt ggc gtg   623
Val Met Gln Asn Arg Ser Met Pro Arg Pro Met Pro Met Val Gly Val
            195                 200                 205

caa cgc atg caa cct cca ggg atc cca cac tat ggt ctt gct tct cag   671
Gln Arg Met Gln Pro Pro Gly Ile Pro His Tyr Gly Leu Ala Ser Gln
        210                 215                 220

gca gga atg ggt gga gta aat cct ggt ggc atc cca att cag cgg gga   719
Ala Gly Met Gly Gly Val Asn Pro Gly Gly Ile Pro Ile Gln Arg Gly
    225                 230                 235

gtt cct gct cag gct cat caa cag cag cag atg aga agg aaa gac cct   767
Val Pro Ala Gln Ala His Gln Gln Gln Gln Met Arg Arg Lys Asp Pro
240                 245                 250                 255

gga atg ggg atg act gga tat cct cca caa cag aaa tca agg cgc ttt   815
Gly Met Gly Met Thr Gly Tyr Pro Pro Gln Gln Lys Ser Arg Arg Phe
                260                 265                 270

tgagagtccg ggtggatttg gagcctaagt gggaggacaa atacacattc caatcaaatt 875

agaggaaacc ttaaattaat cttccagtca gctgaaacga caccagtgga accaaatgat 935

ctgaccccat ttccaggatt gcatgtattt attaggagga atacacgaat gaagattcga 995

gtctagtgcc aaattattct aacatacctt catcatttgt tcctactaca ttccgacgtt 1055

atatgtttca actagtggaa gggtttctgc agtccaccca tgtggcacaa acatgattca 1115

tagcatgcca agcaacactt tactggtgtg taccaaggca atttctctat ttccaagcca 1175

aaaaaaaaaa aaaaaaaa                                              1193
```

<210> 56
<211> 271
<212> PRT

<213> Avicennia marina

<400> 56

```
Ala Pro Glu Leu Leu Leu Gly Ala Lys His Tyr Thr Ser Ala Val Asp
  1               5                  10                  15

Met Trp Ala Val Gly Cys Ile Phe Ala Glu Leu Leu Thr Leu Lys Pro
             20                  25                  30

Leu Phe Gln Gly Gln Glu Val Lys Gly Thr Ser Asn Pro Phe Gln Leu
         35                  40                  45

Asp Gln Leu Asp Lys Ile Phe Lys Val Leu Gly His Pro Thr Gln Glu
     50                  55                  60

Lys Trp Pro Thr Leu Ala Asn Leu Pro His Trp Gln Ser Asp Val Gln
 65                  70                  75                  80

Arg Ile Gln Gly Leu Lys Tyr Asp Asn Thr Gly Leu Tyr Asn Val Val
                 85                  90                  95

His Leu Ser Pro Lys Asn Pro Ala Tyr Asp Leu Leu Ser Lys Met Leu
            100                 105                 110

Glu Tyr Asp Pro Arg Lys Arg Ile Thr Ala Thr Gln Ala Leu Glu His
        115                 120                 125

Glu Tyr Phe Arg Met Glu Pro Leu Pro Gly Arg Asn Ala Leu Val Pro
    130                 135                 140

Pro Gln Pro Gly Glu Lys Ile Val Asn Tyr Pro Thr Arg Pro Val Asp
145                 150                 155                 160

Thr Asn Thr Asp Ile Glu Gly Thr Ile Ser Leu Gln Pro Ser Gln Pro
                165                 170                 175

Val Ser Ser Gly Asn Ser Val Ser Gly Ala Leu Ala Gly Pro His Val
            180                 185                 190

Met Gln Asn Arg Ser Met Pro Arg Pro Met Pro Met Val Gly Val Gln
        195                 200                 205

Arg Met Gln Pro Pro Gly Ile Pro His Tyr Gly Leu Ala Ser Gln Ala
    210                 215                 220

Gly Met Gly Gly Val Asn Pro Gly Gly Ile Pro Ile Gln Arg Gly Val
```

```
225                 230                 235                 240

Pro Ala Gln Ala His Gln Gln Gln Gln Met Arg Arg Lys Asp Pro Gly
                245                 250                 255

Met Gly Met Thr Gly Tyr Pro Pro Gln Gln Lys Ser Arg Arg Phe
            260                 265                 270
```

<210> 57
<211> 1195
<212> DNA
<213> Sueada japonica

<220>
<221> CDS
<222> (116)..(1195)

<400> 57

```
gcaaaagtaa gagtgaaaga acacaaacca actttctatt ttcagctcaa atcaaattca 60

atagtggcaa aacaatagag ggcaaattct cattgcccaa ttcaaatttg gtaaa atg  118
                                                              Met
                                                                1

gct caa aag cat ttg aaa gaa ctt ctc aaa gaa gat caa gaa ccc ttt   166
Ala Gln Lys His Leu Lys Glu Leu Leu Lys Glu Asp Gln Glu Pro Phe
              5                  10                  15

cat tta aag gat tac att gca act aaa aaa tgt caa ctt ttg aag aag   214
His Leu Lys Asp Tyr Ile Ala Thr Lys Lys Cys Gln Leu Leu Lys Lys
          20                  25                  30

caa gaa tta gta gta ccc aaa tca aaa ctt caa ctc aaa aag cca aag   262
Gln Glu Leu Val Val Pro Lys Ser Lys Leu Gln Leu Lys Lys Pro Lys
      35                  40                  45

cca aaa cca att tca aaa agc act tca gtt ttg tgc aaa aat gct tgc   310
Pro Lys Pro Ile Ser Lys Ser Thr Ser Val Leu Cys Lys Asn Ala Cys
  50                  55                  60                  65

ttt tta tct tta caa gaa tcc cct gac ctc aga aaa tcc ccc aaa cta   358
Phe Leu Ser Leu Gln Glu Ser Pro Asp Leu Arg Lys Ser Pro Lys Leu
                70                  75                  80
```

```
ttt gat ttt cca cct tcc cct gtt tct aac aaa agc cca aac aga gta   406
Phe Asp Phe Pro Pro Ser Pro Val Ser Asn Lys Ser Pro Asn Arg Val
            85                  90                  95

ttc ctc aat gtt cct gct aaa act gct gct ctt ctt ctt gaa gct gct   454
Phe Leu Asn Val Pro Ala Lys Thr Ala Ala Leu Leu Leu Glu Ala Ala
        100                 105                 110

att cga att caa acc cac aaa tct aaa ccc aaa acc cag att aaa aat   502
Ile Arg Ile Gln Thr His Lys Ser Lys Pro Lys Thr Gln Ile Lys Asn
    115                 120                 125

tcg ggt ttt ggg cta ttc ggg tca atg tta aag cga tta aat ctt cga   550
Ser Gly Phe Gly Leu Phe Gly Ser Met Leu Lys Arg Leu Asn Leu Arg
130                 135                 140                 145

aat cgt acc caa aaa atc aag tca aaa aca gag gaa caa aac aga gga   598
Asn Arg Thr Gln Lys Ile Lys Ser Lys Thr Glu Glu Gln Asn Arg Gly
                150                 155                 160

tgc tct gtt ttg agg agt gtt gaa gaa gaa aaa act acc acc att tct   646
Cys Ser Val Leu Arg Ser Val Glu Glu Glu Lys Thr Thr Thr Ile Ser
            165                 170                 175

tct tct tca tct tca tct tct tca aca tca tcg tat tct tcg tgt tct   694
Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Ser Tyr Ser Ser Cys Ser
        180                 185                 190

tgc aat gag agg tta agt agt ttg gat ttg gag agt tct agc agt gga   742
Cys Asn Glu Arg Leu Ser Ser Leu Asp Leu Glu Ser Ser Ser Ser Gly
    195                 200                 205

aga tca tta cat gat gaa gat gaa gat gaa gat gaa gat gat gaa ttt   790
Arg Ser Leu His Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Asp Glu Phe
210                 215                 220                 225

gag ttt aca aat gtt tta aga gaa aat aat aat gat gat aaa aat gga   838
Glu Phe Thr Asn Val Leu Arg Glu Asn Asn Asn Asp Asp Lys Asn Gly
                230                 235                 240

ggt tat tat tca gga att tgc tta agt cct ttg agt cca ttt cgt ttt   886
Gly Tyr Tyr Ser Gly Ile Cys Leu Ser Pro Leu Ser Pro Phe Arg Phe
            245                 250                 255

gct ctt cat aaa aac tct tct cct gaa cgt tgc tct cct gct aaa tcc   934
Ala Leu His Lys Asn Ser Ser Pro Glu Arg Cys Ser Pro Ala Lys Ser
```

```
        260                 265                 270

cct gtt cgt tgc aaa ttt gag ggt aat gct aaa tat gaa caa gaa agc   982
Pro Val Arg Cys Lys Phe Glu Gly Asn Ala Lys Tyr Glu Gln Glu Ser
    275                 280                 285

tta ata aag ttt gaa gac gaa gat gaa gaa gac aaa gag caa aat agc   1030
Leu Ile Lys Phe Glu Asp Glu Asp Glu Glu Asp Lys Glu Gln Asn Ser
290                 295                 300                 305

cct gtt tcc gtg ctc gat cct cca ttc gag gat gat tac gat ggg cat   1078
Pro Val Ser Val Leu Asp Pro Pro Phe Glu Asp Asp Tyr Asp Gly His
                310                 315                 320

gag gag gat agc tac gag gac atc gaa tgc agc tat gct ttt gta caa   1126
Glu Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Glu Cys Ser Tyr Ala Phe Val Gln
            325                 330                 335

aga gca caa caa gag tta ttg cac aga ctt cac cgg ttc cag aag cta   1174
Arg Ala Gln Gln Glu Leu Leu His Arg Leu His Arg Phe Gln Lys Leu
        340                 345                 350

gcg gag ttg gac cca att gaa                                     1195
Ala Glu Leu Asp Pro Ile Glu
    355                 360
```

<210> 58
<211> 360
<212> PRT
<213> Sueada japonica

<400> 58

```
Met Ala Gln Lys His Leu Lys Glu Leu Leu Lys Glu Asp Gln Glu Pro
  1               5                  10                  15

Phe His Leu Lys Asp Tyr Ile Ala Thr Lys Lys Cys Gln Leu Leu Lys
             20                  25                  30

Lys Gln Glu Leu Val Val Pro Lys Ser Lys Leu Gln Leu Lys Lys Pro
         35                  40                  45

Lys Pro Lys Pro Ile Ser Lys Ser Thr Ser Val Leu Cys Lys Asn Ala
     50                  55                  60

Cys Phe Leu Ser Leu Gln Glu Ser Pro Asp Leu Arg Lys Ser Pro Lys
```

65 70 75 80

Leu Phe Asp Phe Pro Pro Ser Pro Val Ser Asn Lys Ser Pro Asn Arg
85 90 95

Val Phe Leu Asn Val Pro Ala Lys Thr Ala Ala Leu Leu Leu Glu Ala
100 105 110

Ala Ile Arg Ile Gln Thr His Lys Ser Lys Pro Lys Thr Gln Ile Lys
115 120 125

Asn Ser Gly Phe Gly Leu Phe Gly Ser Met Leu Lys Arg Leu Asn Leu
130 135 140

Arg Asn Arg Thr Gln Lys Ile Lys Ser Lys Thr Glu Glu Gln Asn Arg
145 150 155 160

Gly Cys Ser Val Leu Arg Ser Val Glu Glu Glu Lys Thr Thr Thr Ile
165 170 175

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Ser Tyr Ser Ser Cys
180 185 190

Ser Cys Asn Glu Arg Leu Ser Ser Leu Asp Leu Glu Ser Ser Ser Ser
195 200 205

Gly Arg Ser Leu His Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Asp Glu
210 215 220

Phe Glu Phe Thr Asn Val Leu Arg Glu Asn Asn Asn Asp Asp Lys Asn
225 230 235 240

Gly Gly Tyr Tyr Ser Gly Ile Cys Leu Ser Pro Leu Ser Pro Phe Arg
245 250 255

Phe Ala Leu His Lys Asn Ser Ser Pro Glu Arg Cys Ser Pro Ala Lys
260 265 270

Ser Pro Val Arg Cys Lys Phe Glu Gly Asn Ala Lys Tyr Glu Gln Glu
275 280 285

Ser Leu Ile Lys Phe Glu Asp Glu Asp Glu Glu Asp Lys Glu Gln Asn
290 295 300

Ser Pro Val Ser Val Leu Asp Pro Pro Phe Glu Asp Asp Tyr Asp Gly
305 310 315 320

```
His Glu Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Glu Cys Ser Tyr Ala Phe Val
                325                 330                 335

Gln Arg Ala Gln Gln Glu Leu Leu His Arg Leu His Arg Phe Gln Lys
            340                 345                 350

Leu Ala Glu Leu Asp Pro Ile Glu
        355                 360
```

<210> 59
<211> 1301
<212> DNA
<213> Salsola komarovii

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(815)

<400> 59

```
gt gag gtt gac gat agc gtt aat agt cta cag gca gat gtt gac aac    47
   Glu Val Asp Asp Ser Val Asn Ser Leu Gln Ala Asp Val Asp Asn
     1               5                  10                  15

ctt tca att gag gaa cgc aga ttg gat gaa cag ata agg gaa atg caa   95
Leu Ser Ile Glu Glu Arg Arg Leu Asp Glu Gln Ile Arg Glu Met Gln
                20                  25                  30

gaa aga ttg agg gaa atg agt gaa gat gat atc aat cag aag tgg ctt   143
Glu Arg Leu Arg Glu Met Ser Glu Asp Asp Ile Asn Gln Lys Trp Leu
            35                  40                  45

ttt gta act gaa gaa gac ata aag ggt tta cct tgt ttt cag aat gaa   191
Phe Val Thr Glu Glu Asp Ile Lys Gly Leu Pro Cys Phe Gln Asn Glu
        50                  55                  60

acc tta att gca att aaa gct cca cat gga aca act ttg gag gtt cca   239
Thr Leu Ile Ala Ile Lys Ala Pro His Gly Thr Thr Leu Glu Val Pro
    65                  70                  75

gat cca gat gag gct gtc gat tat cct caa aga aga tac aag ata gtt   287
Asp Pro Asp Glu Ala Val Asp Tyr Pro Gln Arg Arg Tyr Lys Ile Val
80                  85                  90                  95
```

```
ctt agg agc aca atg ggt cct att gat gta tat tta gtc agt caa ttt   335
Leu Arg Ser Thr Met Gly Pro Ile Asp Val Tyr Leu Val Ser Gln Phe
                100                 105                 110

gaa gag aag ttt gag gag atc agt ggt gct gac ggt cca cta agt ata   383
Glu Glu Lys Phe Glu Glu Ile Ser Gly Ala Asp Gly Pro Leu Ser Ile
            115                 120                 125

cca agt acc tca ggt gat gac aaa cac aca act gtt gca gct aag gaa   431
Pro Ser Thr Ser Gly Asp Asp Lys His Thr Thr Val Ala Ala Lys Glu
        130                 135                 140

gaa agc aat ggc aat gag att gaa ata gaa gga caa ggg acc cat aga   479
Glu Ser Asn Gly Asn Glu Ile Glu Ile Glu Gly Gln Gly Thr His Arg
    145                 150                 155

atc tgc tca gat tcc aac gct cag caa gac ttt gtg agt gga att atg   527
Ile Cys Ser Asp Ser Asn Ala Gln Gln Asp Phe Val Ser Gly Ile Met
160                 165                 170                 175

aag ata gtg cct gaa gtt gat agt gat gca gat tac tgg ttg cta tcg   575
Lys Ile Val Pro Glu Val Asp Ser Asp Ala Asp Tyr Trp Leu Leu Ser
                180                 185                 190

gat gct gat gtt agc att act gac atg tgg gga act gat tct gga gtt   623
Asp Ala Asp Val Ser Ile Thr Asp Met Trp Gly Thr Asp Ser Gly Val
            195                 200                 205

gaa tgg aat gaa tta ggg act ata cat gaa gac tat gcc gtg gct aat   671
Glu Trp Asn Glu Leu Gly Thr Ile His Glu Asp Tyr Ala Val Ala Asn
        210                 215                 220

gtt ggc act tca cag cca caa agt cca cca aca agt gca aca gaa gtg   719
Val Gly Thr Ser Gln Pro Gln Ser Pro Pro Thr Ser Ala Thr Glu Val
    225                 230                 235

ctt cca gct aac atg aca agc agg aga ttg aca tgg agt ttt gag aga   767
Leu Pro Ala Asn Met Thr Ser Arg Arg Leu Thr Trp Ser Phe Glu Arg
240                 245                 250                 255

att gcc aar att cat tca aat ggt cac tat tgc ttg gaa gtg agg ctc   815
Ile Ala Lys Ile His Ser Asn Gly His Tyr Cys Leu Glu Val Arg Leu
                260                 265                 270

taactttcta ttattcatcc tgggatttgg gtacgaaagt ctgccttgaa gatgctgtaa 875
```

catgttgtgt attacaactg tgtgaatcta gtaagttggt agggtgagat tgttcctgat 935

cttattgcac agccggttgg gagagattga tcgctcaaca actgacaaaa ttggggcatg 995

ttaacggata gtatgcagtt gtaattttgt acatcacatt tgttgatttt agtcagtaca 1055

tcataactag ctcttcctat acttcttcaa ttgtcaactg gaatagattt ttagattaat 1115

tagatctctc tttgtatgga aatgtttcag ggtaacaagc cagaaattaa aatggtttta 1175

tgtgtaaaaa tatatactta aattgtttgt aggaagtttc tgatgggttg ttggatggct 1235

tttaacaact acatcgtata aggaaattcg tatcacaaat tcacaatgaa aaaaaaaaaa 1295

aaaaaa 1301

<210> 60
<211> 271
<212> PRT
<213> Salsola komarovii

<400> 60

Glu Val Asp Asp Ser Val Asn Ser Leu Gln Ala Asp Val Asp Asn Leu
1 5 10 15

Ser Ile Glu Glu Arg Arg Leu Asp Glu Gln Ile Arg Glu Met Gln Glu
20 25 30

Arg Leu Arg Glu Met Ser Glu Asp Asp Ile Asn Gln Lys Trp Leu Phe
35 40 45

Val Thr Glu Glu Asp Ile Lys Gly Leu Pro Cys Phe Gln Asn Glu Thr
50 55 60

Leu Ile Ala Ile Lys Ala Pro His Gly Thr Thr Leu Glu Val Pro Asp
65 70 75 80

Pro Asp Glu Ala Val Asp Tyr Pro Gln Arg Arg Tyr Lys Ile Val Leu
85 90 95

Arg Ser Thr Met Gly Pro Ile Asp Val Tyr Leu Val Ser Gln Phe Glu
100 105 110

Glu Lys Phe Glu Glu Ile Ser Gly Ala Asp Gly Pro Leu Ser Ile Pro
115 120 125

```
Ser Thr Ser Gly Asp Asp Lys His Thr Thr Val Ala Ala Lys Glu Glu
    130                 135                 140

Ser Asn Gly Asn Glu Ile Glu Ile Glu Gly Gln Gly Thr His Arg Ile
145                 150                 155                 160

Cys Ser Asp Ser Asn Ala Gln Gln Asp Phe Val Ser Gly Ile Met Lys
                165                 170                 175

Ile Val Pro Glu Val Asp Ser Asp Ala Asp Tyr Trp Leu Leu Ser Asp
            180                 185                 190

Ala Asp Val Ser Ile Thr Asp Met Trp Gly Thr Asp Ser Gly Val Glu
        195                 200                 205

Trp Asn Glu Leu Gly Thr Ile His Glu Asp Tyr Ala Val Ala Asn Val
    210                 215                 220

Gly Thr Ser Gln Pro Gln Ser Pro Pro Thr Ser Ala Thr Glu Val Leu
225                 230                 235                 240

Pro Ala Asn Met Thr Ser Arg Arg Leu Thr Trp Ser Phe Glu Arg Ile
                245                 250                 255

Ala Lys Ile His Ser Asn Gly His Tyr Cys Leu Glu Val Arg Leu
            260                 265                 270
```

<210> 61
<211> 1032
<212> DNA
<213> Salsola komarovii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(732)

<400> 61

```
cca caa cga aga ccc gac ccg gtc ccg aac ctt cac ggt cag ctt ttt   48
Pro Gln Arg Arg Pro Asp Pro Val Pro Asn Leu His Gly Gln Leu Phe
  1               5                  10                  15

caa cac cga aat cca cac cac cgt gac ctc cac ccc tgc cgt agc ccg   96
Gln His Arg Asn Pro His His Arg Asp Leu His Pro Cys Arg Ser Pro
```

```
            20                  25                  30

gca atg ggt cca ctc cct ccg cag act cat ctg cgc tgg tat tcc ctc   144
Ala Met Gly Pro Leu Pro Pro Gln Thr His Leu Arg Trp Tyr Ser Leu
        35                  40                  45

tcg cgc tac tcc ccc gtg atc ggc ctc ggc gtc caa tgg aag ccc tcc   192
Ser Arg Tyr Ser Pro Val Ile Gly Leu Gly Val Gln Trp Lys Pro Ser
    50                  55                  60

tcc acc tca gct gcc act ctt caa ctc agc atc gac aaa aag tgc ctc   240
Ser Thr Ser Ala Ala Thr Leu Gln Leu Ser Ile Asp Lys Lys Cys Leu
65                  70                  75                  80

atc ttc caa ctc tcc cac tcc ccc gcc atc ccc gcc acc ctc cgc gac   288
Ile Phe Gln Leu Ser His Ser Pro Ala Ile Pro Ala Thr Leu Arg Asp
                85                  90                  95

ctc ctc ctc gac gat cgc gtc acc ttc ttt ggt gtc cac aac ggc cgt   336
Leu Leu Leu Asp Asp Arg Val Thr Phe Phe Gly Val His Asn Gly Arg
            100                 105                 110

gcc cgc gac ctc ctc caa ggg tcc cac cat gag ctc gac gtc aac aat   384
Ala Arg Asp Leu Leu Gln Gly Ser His His Glu Leu Asp Val Asn Asn
        115                 120                 125

ctg gtt gat ctt gcc gag gag gaa aat ggt cat tac ttg aag tgg tcc   432
Leu Val Asp Leu Ala Glu Glu Glu Asn Gly His Tyr Leu Lys Trp Ser
    130                 135                 140

atg gaa gac atg gct gaa gat gtg ttg ggc ttt tgt ggg gta cac aaa   480
Met Glu Asp Met Ala Glu Asp Val Leu Gly Phe Cys Gly Val His Lys
145                 150                 155                 160

ccc agg aag gtt atg tta agt ggt tgg gat cag tat tgc ttg tct aat   528
Pro Arg Lys Val Met Leu Ser Gly Trp Asp Gln Tyr Cys Leu Ser Asn
                165                 170                 175

gac cag gtt cag tat gct tgt gtt gat gct tac gtt tct ctt cgt ctt   576
Asp Gln Val Gln Tyr Ala Cys Val Asp Ala Tyr Val Ser Leu Arg Leu
            180                 185                 190

gct cga gct tat ggg tac cac cgt ctc gat cac gat gat gat tat gat   624
Ala Arg Ala Tyr Gly Tyr His Arg Leu Asp His Asp Asp Asp Tyr Asp
        195                 200                 205
```

```
gac cat gac gac gat gat aac gac cac acc gat gat gat tac gat gac   672
Asp His Asp Asp Asp Asp Asn Asp His Thr Asp Asp Asp Tyr Asp Asp
    210                 215                 220

gtt tac gac cgc aat ata ggc tct gat gat gat ggt tat gat gcc gat   720
Val Tyr Asp Arg Asn Ile Gly Ser Asp Asp Asp Gly Tyr Asp Ala Asp
225                 230                 235                 240

gat gat cga cga tgatcaattt ggactagact tcgttattgg aagggtccga       772
Asp Asp Arg Arg

tcatcatgcc agtctaatta caaagagaca agaaataaaa atgatgatca aaaaaagaag 832

tcaatccata tacgtaattt tcattgcaat atcaattttg aggtgtttta ttattggcct 892

gtaataatag ttttatttaa taatagcact atagatctca tcctaacctt tacttattgg 952

gcttatgcgc tgtatgtcca ataaccaagt ttaatttatt tcatgatctg atgattactg 1012

caaaaaaaaa aaaaaaaaaa                                           1032
```

<210> 62
<211> 244
<212> PRT
<213> Salsola komarovii

<400> 62

```
Pro Gln Arg Arg Pro Asp Pro Val Pro Asn Leu His Gly Gln Leu Phe
  1               5                  10                  15

Gln His Arg Asn Pro His His Arg Asp Leu His Pro Cys Arg Ser Pro
            20                  25                  30

Ala Met Gly Pro Leu Pro Pro Gln Thr His Leu Arg Trp Tyr Ser Leu
        35                  40                  45

Ser Arg Tyr Ser Pro Val Ile Gly Leu Gly Val Gln Trp Lys Pro Ser
    50                  55                  60

Ser Thr Ser Ala Ala Thr Leu Gln Leu Ser Ile Asp Lys Lys Cys Leu
65                  70                  75                  80

Ile Phe Gln Leu Ser His Ser Pro Ala Ile Pro Ala Thr Leu Arg Asp
                85                  90                  95
```

```
Leu Leu Leu Asp Asp Arg Val Thr Phe Phe Gly Val His Asn Gly Arg
            100                 105                 110

Ala Arg Asp Leu Leu Gln Gly Ser His His Glu Leu Asp Val Asn Asn
        115                 120                 125

Leu Val Asp Leu Ala Glu Glu Glu Asn Gly His Tyr Leu Lys Trp Ser
    130                 135                 140

Met Glu Asp Met Ala Glu Asp Val Leu Gly Phe Cys Gly Val His Lys
145                 150                 155                 160

Pro Arg Lys Val Met Leu Ser Gly Trp Asp Gln Tyr Cys Leu Ser Asn
                165                 170                 175

Asp Gln Val Gln Tyr Ala Cys Val Asp Ala Tyr Val Ser Leu Arg Leu
            180                 185                 190

Ala Arg Ala Tyr Gly Tyr His Arg Leu Asp His Asp Asp Asp Tyr Asp
        195                 200                 205

Asp His Asp Asp Asp Asp Asn Asp His Thr Asp Asp Asp Tyr Asp Asp
    210                 215                 220

Val Tyr Asp Arg Asn Ile Gly Ser Asp Asp Asp Gly Tyr Asp Ala Asp
225                 230                 235                 240

Asp Asp Arg Arg
```

<210> 63
<211> 1029
<212> DNA
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(824)

<400> 63
ca cat atc agc cac atc cac tta att ccc cac agt ctt agt ctc tta 47
  His Ile Ser His Ile His Leu Ile Pro His Ser Leu Ser Leu Leu
    1   5   10   15

```
gac acc cat ctt agt ctt aag cct ctc atg gcc acc gcg gta ttc tca   95
Asp Thr His Leu Ser Leu Lys Pro Leu Met Ala Thr Ala Val Phe Ser
                 20                  25                  30

cct tct gcc ctt cta tcc acc tcc aca tcc acc tca aca acc cct ctt  143
Pro Ser Ala Leu Leu Ser Thr Ser Thr Ser Thr Ser Thr Thr Pro Leu
            35                  40                  45

aaa gct ccc ccc ttg gcc tta acc aag acc cac gta acg atc cca tca  191
Lys Ala Pro Pro Leu Ala Leu Thr Lys Thr His Val Thr Ile Pro Ser
        50                  55                  60

tca tca aag cca ccc cta acc aat tta act acc agt tta act gct gtc  239
Ser Ser Lys Pro Pro Leu Thr Asn Leu Thr Thr Ser Leu Thr Ala Val
    65                  70                  75

gcc aca gct gct gcc ata atc ctg tcc aca acc cct cca tcg ttt gct  287
Ala Thr Ala Ala Ala Ile Ile Leu Ser Thr Thr Pro Pro Ser Phe Ala
80                  85                  90                  95

gat gat ttg cag aca aat gca tac aac att tac tac ggc act gct gca  335
Asp Asp Leu Gln Thr Asn Ala Tyr Asn Ile Tyr Tyr Gly Thr Ala Ala
                100                 105                 110

agt gca gcc aat tat gga ggc tac ggt ggc aat tcg aac aag aaa gat  383
Ser Ala Ala Asn Tyr Gly Gly Tyr Gly Gly Asn Ser Asn Lys Lys Asp
            115                 120                 125

tca gct gag tac ata tat gac gtc cct gca ggt tgg aaa gag aga cta  431
Ser Ala Glu Tyr Ile Tyr Asp Val Pro Ala Gly Trp Lys Glu Arg Leu
        130                 135                 140

gta tca aaa gtt gag aag ggt acc aat gga aca gat agt gag ttc ttc  479
Val Ser Lys Val Glu Lys Gly Thr Asn Gly Thr Asp Ser Glu Phe Phe
    145                 150                 155

aac ccc aag aag aag aca gag cga gag tac ctt acc tac ctt gct ggt  527
Asn Pro Lys Lys Lys Thr Glu Arg Glu Tyr Leu Thr Tyr Leu Ala Gly
160                 165                 170                 175

att agg caa cta ggt ccc aaa gaa gtg atc ctc aac aac tta gca ctc  575
Ile Arg Gln Leu Gly Pro Lys Glu Val Ile Leu Asn Asn Leu Ala Leu
                180                 185                 190

tca gat gtg aac ctg caa gat caa att tcc agt gca gac tct gtg aca  623
Ser Asp Val Asn Leu Gln Asp Gln Ile Ser Ser Ala Asp Ser Val Thr
```

```
           195                 200                 205

tca gaa gag agg aaa gat gac aag gga cag gtt tac tat gat tat gag   671
Ser Glu Glu Arg Lys Asp Asp Lys Gly Gln Val Tyr Tyr Asp Tyr Glu
        210                 215                 220

att gct gga gct ggt tca cac agt ttg ata tcg gta aca tgt gcc agg   719
Ile Ala Gly Ala Gly Ser His Ser Leu Ile Ser Val Thr Cys Ala Arg
    225                 230                 235

aac aag cta tat gcg cat ttt gtt agc gca cca aca ccc gaa tgg aat   767
Asn Lys Leu Tyr Ala His Phe Val Ser Ala Pro Thr Pro Glu Trp Asn
240                 245                 250                 255

cgg gat caa gat atg ctg agg cac atc cac aac tca ttt aca aca gtc   815
Arg Asp Gln Asp Met Leu Arg His Ile His Asn Ser Phe Thr Thr Val
                260                 265                 270

ggg tca ttc tagaaagtgt atatgataat catttataga gatgtcagag           864
Gly Ser Phe

aggcatacat ttgaatgtac ttctgatgag ctggacttct tgatctatgt aacattgtaa 924

cgaaaattct ttctgggtta tcagaaacct agtgagtgct tgaaacttgc aatgagaaac 984

tcttcaataa acaatgactt gtatcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa                 1029


<210> 64
<211> 274
<212> PRT
<213> Mesembryanthemum crystallinum

<400> 64
His Ile Ser His Ile His Leu Ile Pro His Ser Leu Ser Leu Leu Asp
  1               5                  10                  15

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

Ser Ala Leu Leu Ser Thr Ser Thr Ser Thr Ser Thr Thr Pro Leu Lys
         35                  40                  45

Ala Pro Pro Leu Ala Leu Thr Lys Thr His Val Thr Ile Pro Ser Ser
     50                  55                  60
```

```
Ser Lys Pro Pro Leu Thr Asn Leu Thr Thr Ser Leu Thr Ala Val Ala
 65                  70                  75                  80

Thr Ala Ala Ala Ile Ile Leu Ser Thr Thr Pro Pro Ser Phe Ala Asp
                 85                  90                  95

Asp Leu Gln Thr Asn Ala Tyr Asn Ile Tyr Tyr Gly Thr Ala Ala Ser
            100                 105                 110

Ala Ala Asn Tyr Gly Gly Tyr Gly Gly Asn Ser Asn Lys Lys Asp Ser
        115                 120                 125

Ala Glu Tyr Ile Tyr Asp Val Pro Ala Gly Trp Lys Glu Arg Leu Val
    130                 135                 140

Ser Lys Val Glu Lys Gly Thr Asn Gly Thr Asp Ser Glu Phe Phe Asn
145                 150                 155                 160

Pro Lys Lys Lys Thr Glu Arg Glu Tyr Leu Thr Tyr Leu Ala Gly Ile
                165                 170                 175

Arg Gln Leu Gly Pro Lys Glu Val Ile Leu Asn Asn Leu Ala Leu Ser
            180                 185                 190

Asp Val Asn Leu Gln Asp Gln Ile Ser Ser Ala Asp Ser Val Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Glu Arg Lys Asp Asp Lys Gly Gln Val Tyr Tyr Asp Tyr Glu Ile
    210                 215                 220

Ala Gly Ala Gly Ser His Ser Leu Ile Ser Val Thr Cys Ala Arg Asn
225                 230                 235                 240

Lys Leu Tyr Ala His Phe Val Ser Ala Pro Thr Pro Glu Trp Asn Arg
                245                 250                 255

Asp Gln Asp Met Leu Arg His Ile His Asn Ser Phe Thr Thr Val Gly
            260                 265                 270

Ser Phe
```

<210> 65
<211> 33

<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 65
gctctgagaa ccgtctagac ttagatgaag gtg 33

<210> 66
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 66
tctctcgttc atctcgagct attacagctc 30

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/JP00/04862

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
Int.Cl[7] C12Q 1/68, C12N 15/29, C07K 14/415, C07K 16/16, C12P 21/02, A01H 5/00

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.Cl[7] C12Q 1/68, C12N 15/29, C07K 14/415, C07K 16/16, C12P 21/02, A01H 5/00

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)
WPI, WPI/L, BIOSIS PREVIEWS, CAS ONLINE, DDBL/EMBL/GenBank/Geneseq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	Tetsuro Mimura et al., "NaCl-Dependent Growth, Ion Content and Regeneration of Calluses Initiated from the Mangrove Plant, Bruguiera sexangula" J.Plant.Res., Vol.110, No.1097 (1997) pp.31-36	1-125
A	Tetsuro Mimura et al., "Efficient Callus Initiated from Leaf of Mangrove Plant, Bruguiera sexangula in Amino Acid Medium: Effect of NaCl on Callus Initiation" J.Plant.Res., Vol.110, No.1097 (1997) pp.25-29	1-125
A	Elena Sheveleva et al., "Increased Salt and Drought Tolerance by D-Ononitol Production in Transgenic Nicotiana tabacum L", Plant.Physiol., Vol.115 (1998) pp.1211-1219	1-125
A	Deping Xu et al., "Expression of a Late Embryogenesis Abundant Protein Gene, HVA1, from Barley Confers Tolerance to Water Deficit and Salt Stress in Transgenic Rice" Plant.Physiol., Vol.110 (1996) pp.249-257	1-125

☐ 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	Date of mailing of the international search report
17 October, 2000 (17.10.00)	14 November, 2000 (14.11.00)
Name and mailing address of the ISA/ Japanese Patent Office	Authorized officer
Facsimile No.	Telephone No.

国際調査報告

国際出願番号　ＰＣＴ／ＪＰ００／０４８６２

Ａ．　発明の属する分野の分類（国際特許分類（ＩＰＣ））

Int Cl' C12Q 1/68, C12N 15/29, C07K 14/415, C07K 16/16, C12P 21/02, A01H 5/00

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' C12Q 1/68, C12N 15/29, C07K 14/415, C07K 16/16, C12P 21/02, A01H 5/00

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

国際調査で使用した電子データベース（データベースの名称、調査に使用した用語）

WPI, WPI/L, BIOSIS PREVIEWS, CAS ONLINE, DDBL/EMBL/GenBank/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	Tetsuro Mimura et al."NaCl-Dependent Growth, Ion Content and Regeneration of Calluses Initiated from the Mangrove Plant, Bruguiera sexangula" J.Plant.Res., 第110巻, 第1097号 (1997) p.31-36	1-125
A	Tetsuro Mimura et al."Efficient Callus Initiated from Leaf of Mangrove Plant, Bruguiera sexangula in Amino Acid Medium: Effect of NaCl on Callus Initiation" J.Plant.Res., 第110巻, 第1097号 (1997) p.25-29	1-125

☒ Ｃ欄の続きにも文献が列挙されている。　☐ 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」国際出願日前の出願または特許であるが、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の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っ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って、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って、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　17.10.00	国際調査報告の発送日　14.11.00
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）　4B　9050 加藤　浩 電話番号　０３－３５８１－１１０１　内線　３４４８

様式ＰＣＴ／ＩＳＡ／２１０（第２ページ）（１９９８年７月）

Ｃ（続き）．　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	Elena Sheveleva et al. "Increased Salt and Drought Tolerance by D-Ononitol Production in Transgenic Nicotiana tabacum L" Plant. Physiol., 第115巻 (1998) p. 1211-1219	1-125
A	Deping Xu et al. "Expression of a Late Embryogenesis Abundant Protein Gene, HVA1, from Barley Confers Tolerance to Water Deficit and Salt Stress in Transgenic Rice" Plant. Physiol., 第110巻 (1996) p. 249-257	1-125