(19)日本国特許庁(JP)　(12)特　許　公　報(B2)　(11)特許番号

特許第5155875号
(P5155875)

(45)発行日　平成25年3月6日(2013.3.6)　(24)登録日　平成24年12月14日(2012.12.14)

(51)Int.Cl.		F I		
C12N 15/09	(2006.01)	C12N	15/00	ZNAA
C07K 14/415	(2006.01)	C07K	14/415	
C12N 5/10	(2006.01)	C12N	5/00	103
A01H 5/00	(2006.01)	A01H	5/00	A
A01H 1/00	(2006.01)	A01H	1/00	A

請求項の数 18　(全 114 頁)

(21)出願番号　特願2008-544433 (P2008-544433)
(86)(22)出願日　平成18年12月6日 (2006.12.6)
(65)公表番号　特表2009-519015 (P2009-519015A)
(43)公表日　平成21年5月14日 (2009.5.14)
(86)国際出願番号　PCT/US2006/046369
(87)国際公開番号　WO2007/067525
(87)国際公開日　平成19年6月14日 (2007.6.14)
審査請求日　平成21年8月17日 (2009.8.17)
(31)優先権主張番号　60/742,926
(32)優先日　平成17年12月6日 (2005.12.6)
(33)優先権主張国　米国(US)

(73)特許権者　505450722
アーバージェン　インコーポレイテッド
アメリカ合衆国　サウスカロライナ州　リッジビル　ブロードバンク　コート　２０１１
(74)代理人　100102978
弁理士　清水　初志
(74)代理人　100119507
弁理士　刑部　俊
(74)代理人　100128048
弁理士　新見　浩一
(74)代理人　100129506
弁理士　小林　智彦
(74)代理人　100130845
弁理士　渡邊　伸一

最終頁に続く

(54)【発明の名称】木質部および細胞壁の遺伝子マイクロアレイ

(57)【特許請求の範囲】
【請求項１】
SEQ ID NO:8の核酸配列を含む、単離されたポリヌクレオチド。
【請求項２】
該ポリヌクレオチドが、植物における細胞壁の発達を制御するポリペプチドをコードする、請求項1記載の単離されたポリヌクレオチド。
【請求項３】
構成的プロモーター、強いプロモーターまたは誘導性プロモーターにセンスの配向で機能的に連結されている請求項1記載の単離されたポリヌクレオチドを含むDNA構築物。
【請求項４】
該プロモーターが、創傷、メチルジャスモン酸またはサリチル酸のいずれか１つにより制御される誘導性プロモーターである、請求項３記載のDNA構築物。
【請求項５】
該単離されたポリヌクレオチドが、RNA転写産物を産生する、請求項3記載のDNA構築物。
【請求項６】
該RNA転写産物が、SEQ ID NO: 8の核酸配列のRNA干渉を誘導する、請求項5記載のDNA構築物。
【請求項７】
請求項3乃至6のいずれか一項記載のDNA構築物で形質転換された、植物細胞。

【請求項８】
請求項7記載の植物細胞を含むトランスジェニック植物。
【請求項９】
該トランスジェニック植物が、該DNA構築物で形質転換されていない同じ種の植物と比較して、繊維収量、細胞分裂または細胞発生の少なくとも１つにおける相違によって特徴付けられる表現型を有する、請求項8記載のトランスジェニック植物。
【請求項１０】
該トランスジェニック植物が、木本である、請求項8または9記載のトランスジェニック植物。
【請求項１１】
該トランスジェニック植物が、樹木である、請求項10記載のトランスジェニック植物。
【請求項１２】
請求項8乃至11のいずれか一項記載のトランスジェニック植物から得られる木材。
【請求項１３】
請求項8乃至11のいずれか一項記載のトランスジェニック植物から得られる木材パルプ。
【請求項１４】
(a)請求項3乃至6のいずれか一項記載のDNA構築物で植物細胞を形質転換する段階、
(b)該形質転換された植物細胞を、植物の成長を促進する条件下で培養する段階；および
(c)該DNA構築物で形質転換されていない同じ種の植物と異なる表現型を示すトランスジェニック植物を選択する段階、
を含む、トランスジェニック植物を作製する方法。
【請求項１５】
該トランスジェニック植物が、SEQ ID NO:8の核酸配列を含むポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチドを発現し、且つ該トランスジェニック植物の表現型が、該DNA構築物で形質転換されていない同じ種の植物と比較して、繊維収量、細胞分裂または細胞発生の少なくとも１つにおける相違によって特徴付けられる、請求項14記載の方法。
【請求項１６】
(a)請求項3乃至6のいずれか一項記載のDNA構築物で植物を形質転換する段階、
(b)該形質転換された植物を、植物の成長を促進する条件下で培養する段階；および
(c)該植物から木材を得る段階、
を含む、木材を作製する方法。
【請求項１７】
(a)請求項3乃至6のいずれか一項記載のDNA構築物で植物を形質転換する段階、
(b)該形質転換された植物を、植物の成長を促進する条件下で培養する段階；および
(c)該植物から木材パルプを得る段階、
を含む、木材パルプを作製する方法。
【請求項１８】
請求項1記載の単離されたポリヌクレオチドによりコードされる単離されたポリペプチド。
【発明の詳細な説明】
【技術分野】
【０００１】
発明の分野
本発明は、木質部(wood)および細胞壁のタンパク質をコードする植物から単離されたポリヌクレオチド配列に関する。特に、本発明は、ユーカリ属(Eucalyptus)およびマツ属(Pinus)から単離されたポリヌクレオチド配列およびポリペプチド配列、ならびに細胞壁生合成および木質部発達を制御するためのそのような配列の使用に関する。
【背景技術】

【０００２】
発明の背景
動物細胞と違って植物細胞は、比較的薄いが機械的に強い細胞壁により囲まれている。植物細胞壁は、植物生理学および植物発育における多くの過程に必須である。その頑丈な外側被覆のために、植物細胞壁は、細胞形状を調節する細胞外骨格を与え、高膨圧を可能にする。
【０００３】
植物細胞壁は、共有結合および非共有結合により連結されたネットワークへ組織化される多糖および他のポリマーの複雑な混合物で構成される。植物細胞壁はまた、構造タンパク質、酵素、フェノール化合物、ならびに壁の化学的および物理的構造を改変できる他の物質を含む。細胞壁の外見および構造は、異なる細胞型の間で大きく変わるが、細胞壁は一般的に以下の2つの主要な型へ分類される：一次壁および二次壁。
【０００４】
一次細胞壁は、増殖細胞により形成され、一般的に、分化していない。一次細胞壁は、多様な細胞型に渡って存在する、類似した構造および組成を有する；一般的には、一次壁は、約25%セルロース、25%ヘミセルロース、35%ペクチン、および約10%構造タンパク質で構成される。一次細胞壁において、壁の強度に寄与するセルロースミクロフィブリルは、マトリックスに組み込まれている。ミクロフィブリルを構成する個々のセルロース鎖は、近接して並び、酵素消化に対して比較的隔絶されている結晶構造を形成する。従って、セルロースは非常に安定であり、器官脱離および老化などの特定の発育段階中のみ分解する。細胞壁マトリックスは、2つの多糖型、ヘミセルロースおよびペクチンで、少濃度の構造タンパク質と共に、構成される。マトリックスは一般的に、十分水和しており、マトリックス水和状態は、壁の物理的性質を決定する。
【０００５】
二次細胞壁は、細胞増殖および拡大の停止後、形成される。一次細胞壁と違って、二次細胞壁は、高度に分化した構造および組成を採用することができる。例えば、木質部に見出されるものなどの木部細胞は、リグニンにより強化されている肥厚した二次壁を有する。
【０００６】
最近、いくつかの植物細胞壁タンパク質が同定された。例えば、以下の植物細胞壁タンパク質をコードするポリヌクレオチド配列が同定されている：α-アミラーゼ、アラビノガラクタン、ブラシノステロイド制御性タンパク質前駆体、β-1,3-エンドグルカナーゼ、β-1,3-グルカナーゼ、β-D-グルカンエキソヒドロラーゼ、β-グルコシダーゼ、β-キシロシダーゼ、カルネキシン、カルレティキュリン、セルラーゼ、セルロースシンターゼ、キチナーゼ、ディリジェント(Dirigent)、エクスパンシン、エクステンシン、ガラクツラン(Galacturan)、1,4-α-ガラクツロニダーゼ(galacturonidase)、グルコース-1-リン酸アデニルトランスフェラーゼ、グリコシルトランスフェラーゼ、グリコシルヒドロラーゼ、グリコシドヒドロラーゼ、ヘキソースピロホスホリラーゼ、ヒドロキシプロリンリッチタンパク質、マンノース-6-リン酸イソメラーゼ、マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼ、ヌクレオチジルトランスフェラーゼ、ペクチン、ペクチンメチルエステラーゼ、ホスホマンノムターゼ、植物病害抵抗性応答タンパク質、ポリガラクツロナーゼ、花粉アレルゲン/エクスパンシン、デンプン分枝酵素、デンプンシンターゼ、スクロースリン酸シンターゼ、スクロースシンターゼ、シリンゴライド誘導性タンパク質、UTP-グルコース-1-リン酸ウリジリルトランスフェラーゼ、キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ、キシログルカンシンターゼ、キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ、およびイールディン(Yieldin)。
【０００７】
様々な細胞壁タンパク質の構造および代謝制御について多く知られているが、それらの機能および細胞間相互作用についてはほとんど知られていない。さらに、植物表現型の多重遺伝子性調節は、所定の表現型の原因となる遺伝子を決定することに困難をもたらす。

植物において表現型に寄与する遺伝子および遺伝子発現差を同定するための一つの大きな障害は、一握りより多い遺伝子の発現を同時に研究できることの困難性である。植物表現型に寄与する、遺伝子発現および遺伝子の相互関係を同定かつ理解するにおけるもう一つの困難は、植物が示す環境因子に対する高感受性である。

【０００８】

ゲノムワイドな発現プロファイリングを用いて最近、進歩があった。特に、DNAマイクロアレイの使用は、単一の実験において多数の遺伝子の発現を調べるために有用である。発育および環境刺激に対する植物遺伝子応答のいくつかの研究は、発現プロファイリングを用いて行われている。例えば、マイクロアレイ分析は、イチゴにおける果実の熟成中(Aharoni et al., Plant Physiol. 129:1019-1031 (2002)（非特許文献1）)、シロイヌナズナ(Arabidopsis)における傷害応答中(Cheong et al., Plant Physiol. 129:661-7 (2002)（非特許文献2）)、シロイヌナズナにおける病原体応答中(Schenk et al., Proc. Nat'l Acad. Sci. 97:11655-60 (2000)（非特許文献3）)、およびダイズにおけるオーキシン応答中(Thibaud-Nissen et al., Plant Physiol. 132:118（非特許文献4）)の遺伝子発現を研究するために用いられた。Whetten et al., Plant Mol. Biol. 47:275-91 (2001)（非特許文献5）は、cDNAプローブを用いてピヌス・テーダ L.(Pinus taeda L.)における細胞壁生合成遺伝子の発現プロファイリングを開示している。Whettenらは、分化幼若と成熟二次木部の間で異なって発現する遺伝子を調べた。さらに、特定の環境刺激の遺伝子発現への効果を測定するために、圧縮あて材における遺伝子発現を正常材と比較した。調べられた2300個のエレメントのうちの合計156個が示差的な発現を示した。Whetten、前記、285において。幼若材の成熟材との比較により、188個のエレメントが異なって発現していることが示された。同上、286において。

【０００９】

発現プロファイリング、および特に、DNAマイクロアレイは、ゲノムワイドな発現分析のための便利なツールを提供するが、それらの使用は、完全なゲノム配列または大きなcDNAコレクションが入手できる生物体に限定されている。Hertzberg et al., Proc. Nat'l Acad. Sci. 98:14732-7 (2001a)（非特許文献6）, Hertzberg et al., Plant J., 25:585 (2001b)（非特許文献7）参照。例えば、Whetten, 前記は、「この興味ある問題のより完全な分析は、マツおよびポプラのESTの両方のより大きなセットの完成を待っている」と述べている。Whetten et al., 286において。さらに、cDNAまたはESTプローブを含むマイクロアレイは、遺伝子間の配列類似性のため、同じファミリーの遺伝子を区別することができない可能性がある。すなわち、cDNAまたはESTは、マイクロアレイプローブとして用いられる場合、同じファミリーの1つより多い遺伝子に結合する可能性がある。

【００１０】

より望ましい表現型を有する植物を生じるように遺伝子発現を操作する方法は、様々な型の植物組織における、異なる植物発育段階での、および異なる環境的合図による刺激での細胞壁遺伝子発現のより良い理解によって促進されると思われる。植物構造および農学的に重要な特質を調節する能力は、どのようにして細胞壁の発達が植物細胞発生および形態をもたらすのかというより良い理解によって向上すると思われる。

【００１１】

従って、植物細胞壁合成および発達を制御する遺伝子を効率的に同定する必要性が存在している。

【００１２】

【非特許文献１】Aharoni et al., Plant Physiol. 129:1019-1031 (2002)
【非特許文献２】Cheong et al., Plant Physiol. 129:661-7 (2002)
【非特許文献３】Schenk et al., Proc. Nat'l Acad. Sci. 97:11655-60 (2000)
【非特許文献４】Thibaud-Nissen et al., Plant Physiol. 132:118
【非特許文献５】Whetten et al., Plant Mol. Biol. 47:275-91 (2001)
【非特許文献６】Hertzberg et al., Proc. Nat'l Acad. Sci. 98:14732-7 (2001a)
【非特許文献７】Hertzberg et al., Plant J., 25:585 (2001b)

【発明の開示】
【００１３】
発明の概要
一つの態様において、本発明は、細胞壁の発達を制御するポリペプチドをコードする核酸配列を含む単離されたポリヌクレオチドに関する。他の態様において、単離されたポリヌクレオチドは植物細胞において機能する、または単離されたポリヌクレオチドは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列を含む。SEQ ID NO:1～230について、ポリヌクレオチドは、通常、ユーカリ属またはマツ属の種に発現している。他の態様において、ユーカリ属はユーカリプタス・グランディス(Eucalyptus grandis)であり、マツ属は、ピヌス・ラジアータ(Pinus radiata)である。
【００１４】
他の態様において、本発明のポリヌクレオチドは、通常、球果植物の種に発現している。他の態様において、球果植物は、ストローブマツ(Eastern white pine)、ウエスタンホワイト(Western white)、サトウマツ(Sugar pine)、アカマツ(Red pine)、リギダマツ(Pitch pine)、バンクスマツ(Jack pine)、ダイオウショウマツ(Longleaf pine)、ショートリーフマツ(Shortleaf pine)、テーダマツ(Loblolly pine)、スラッシュマツ(Slash pine)、バージニアマツ(Virginia pine)、ポンデローサマツ(Ponderosa pine)、ジェフリーマツ(Jeffrey pine)、およびヨレハマツ(Lodgepole pine)、ラジアータマツ(Radiata pine)、およびそれらの雑種からなる群より選択されうる。他の態様において、球果植物は、アビーズ・フィルマ(Abies firma)、セドルス・デオダラ(Cedrus deodara)、セドルス・デオダラ「アルボスピカ」(Cedrus deodara 'Albospica')、セドルス・デオダラ「オーレア」(Cedrus deodara 'Aurea')、セドルス・デオダラ「カシミール」(Cedrus deodara 'Kashmir')、セドルス・デオダラ「シャリマール」(Cedrus deodara 'Shalimar')、セドルス・デオダラ「シルバーミスト」(Cedrus deodara 'Silver Mist')、セドルス・デオダラ「ホワイトインプ」(Cedrus deodara 'White Imp')、セドルス・リバニ(ssp.アトランティカ)グラウカ(Cedrus libani (ssp. atlantica) glauca)、セドルス・リバニ(ssp.アトランティカ)グラウカ・ペンデュラ(Cedrus libani(ssp. atlantica)glauca pendula)、セドルス・リバニ「ナナ」(Cedrus libani 'Nana')、セドルス・リバニ・ペンデュラ(Cedrus libani pendula)、セドルス・リバニ・ブレビフォリア(Cedrus libani brevifolia)、セドルス・リバニ・変種ステナコマ(Cedrus libani var. stenacoma)、カメシパリス・ラウソニアナ(Chamaecyparis lawsoniana)、カメシパリス・ノーツカテンシス「ペンデュラ」(Chamaecyparis nootkatensis 'Pendula')、カメシパリス・オブツサ「クリプシー」(Chamaecyaparis obtusa 'Crippsii')、カメシパリス・ピシフェラ「ボウレバルド」(Chamaecyparis pisifera 'Boulevard')、カメシパリス・ピシフェラ「フィリフェラオーレア」(Chamaecyparis pisifera 'Filifera Aurea')、カメシパリス・チュオイデス「ブルースポーツ」(Chamaecyparis thyoides 'Blue Sport')、クリプトメリア・ジャポニカ「セッカンスギ」(Cryptomeria japonica 'Sekkan Sugi')、クリプトメリア・ジャポニカ「ビルモリニアナ」(Cryptomeria japonia 'Vilmoriniana')、クニングハミア・ランセオラタ「グラウカ」(Cunninghamia lanceolata 'Glauca')、クップレスス・アリゾニカ・変種グラブラ「ブルーアイス」(Cuppressus arizonica var. glabra 'Blue Ice')、クップレスス・アリゾニカ「ブルーサファイア」(Cuppressus arizonica 'Blue Sapphire')、ギンコウ・ビロバ(Ginkgo biloba)、ギンコウ・ビロバ「オータムゴールド」(Ginkgo biloba 'Autumn Gold')、グリプトストローブス・ペンシリス(Glyptostrobus pensilis)、ジュニペルス・チネンシス「トルロサ」(Juniperus chinensis 'Torulosa')、ジュニペルス・スコプロルム「トーレソンス」(Juniperus scopulorum 'Tollesons')、ジュニペルス・ビルジニアナ(Juniperus virginiana)、ラリックス・ケンフェリ(Larix kaempferi)、メタセコイア・グリプトストロボイデス(Metasequoia glyptostroboides)、ピセア・アビーズ(Picea abies)、ピセア・アビーズ・ペンデュラ(Picea abies Pendula)、ピセア・アビーズ「レモンティー」(Picea abies 'Remontii')、ピセア・グラウカ「サンダースブルー」(Picea glauca 'Sanders Blue')、ピヌスxハッコーデンシス(Pinus x hakkodensis)、ピヌス・ニ

グラ・変種ニグラ(Pinus nigra var. nigra)、ピセア・オモリカ(Picea omorika)、ピヌス・デンシフローラ「ウンブラキュリフェラ」(Pinus densiflora 'Umbraculifera')、ピヌス・エリオッティー(Pinus elliottii)、ピヌス・フレッキシリス「バンデルウルフピラミッド」(Pinus flexilis 'Vanderwolf Pyramid')、ピヌス・ピネア(Pinus pinea)、ピヌス・マッソニアナ(Pinus massoniana)、ピヌス・ストローブス(Pinus strobus)、ピヌス・ストローブス「ペンデュラ」(Pinus strobus 'Pendula')、ピヌス・シルベストリス「フレンチブルー」(Pinus sylvestris 'French Blue')、ピヌス・シルベストリス「ミッチウィーピング」(Pinus sylvestris 'Mitsch Weeping')、ピヌス・テーダ(Pinus taeda)、ピヌス・ラジアータ(Pinus radiata)、ピヌス・ピナセル(Pinus Pinascer)、ピヌス・サンベルギアナ(Pinus thunbergiana)、ピヌス・ビルジニアナ(Pinus virginiana)、シュードツガ・メンジーシー(Pseudotsuga menziesii)、シュードラリックス・アマビリス(Pseudolarix amabilis)、セコイア・セムペルビレンス(Sequoia sempervirens)、タキソジウム・アセンデンス(Taxodium ascendens)、タキソジウム・ジスティチュム(Taxodium distichum)、ツジャ・オシデンタリス「フィリフォルミス」(Thuja occidentalis 'Filiformis')、ツガ・カナデンシス「ゴールデンスプレンダー」(Tsuga Canadensis 'Golden Splendor')、xクップレッソシパリス・レイランジー(x Cuppressocyparis leylandii)、xクップレソシパリス・レイランジー「ポストセンティナル」(x Cuppressocyparis leylandii 'Post Sentinal')、xクップレソシパリス・レイランジー「カスレウェラン」(x Cuppressocyparis leylandii 'Caslewellan')、xクップレソシパリス・レイランジー「ネイラーズブルー」(x Cuppressocyparis leylandii 'Naylors Blue')、およびそれらの雑種からなる群より選択されうる。

【００１５】

本発明のもう一つの態様において、球果植物は、サザンイエローパインツリー(Southern Yellow pine tree)である。さらなる態様において、サザンイエローパインは、ピヌス・テーダ、ピヌス・セロチナ(Pinus serotina)、ピヌス・パルストリス(Pinus palustris)、およびピヌス・エリオッティー、ならびに雑種からなる群より選択される。

【００１６】

他の態様において、本発明の単離されたポリヌクレオチドは、通常、クリ(chestnut)、トネリコ(ash)、ブナ(beech)、シナノキ(basswood)、カバ(birch)、セイヨウサクラ(black cherry)、クログルミ(black walnut)/バタグルミ(butternut)、チンカピングリ(chinkapin)、ハコヤナギ(cottonwood)、ニレ(elm)、ユーカリ(eucalyptus)、エノキ(hackberry)、ヒッコリー(hickory)、ホリー(holly)、ハリエンジュ(locust)、モクレン(magnolia)、カエデ(maple)、オーク(oak)、ポプラ(poplar)、アカシア(acacia)、アスペン(aspen)、チーク(teak)、レッドオールダー(red alder)、キリ(royal paulownia)、サッサフラス(sassafras)、モミジバフウ(sweetgum)、スズカケノキ(sycamore)、ニッサ(tupelo)、ヤナギ(willow)、およびユリノキ(yellow-poplar)、ならびにそれらの種内雑種および種間雑種からなる群より選択される樹木に発現している。

【００１７】

他の態様において、本発明の単離されたポリヌクレオチドは、通常、裸子植物または被子植物で発現している。

【００１８】

他の態様において、本発明の単離されたポリヌクレオチドは、単子葉植物において細胞壁合成を制御する能力を有するポリペプチドを発現する。さらなる態様において、単子葉植物は、芝草、コムギ、トウモロコシ、イネ、カラスムギ、オオムギ、ラン、アヤメ、ユリ、タマネギ、サトウキビ、およびソルガムからなる群より選択される。他の態様において、芝草は、アグロスティスspp.(Agrostis spp.)、ポア・プラテンシス(Poa pratensis)、ロリウムspp.(Lolium spp.)、ケンタッキー・ブルーグラスとペレニアル・ライグラスの混合(Kentucky Bluegrass And Perennial Ryegrass Mix)；フェストゥーカ・アルンジナセ(Festuca arundinacea)、フェストゥーカ・ルブラ・コミュタータ(Festuca rubra commutata)、シノドン・ダチロン(Cynodon dactylon)、ペンニセツム・クランデスチヌム(P

ennisetum clandestinum)、ステノタフルム・セキュンダツム(Stenotaphrum secundatum)、ゾイシア・ジャポニカ(Zoysia japonica)、およびジコンドラ・ミクランタ(Dichondra micrantha)からなる群より選択される。

【００１９】

他の態様において、本発明の単離されたポリヌクレオチドは、双子葉植物において細胞壁合成を制御する能力を有するポリペプチドを発現する。さらなる態様において、双子葉植物は、ワタ、タバコ、シロイヌナズナ、トマト、ジャガイモ、アスペン、ユーカリ、モミジバフウ、アカシア、ポプラ、ヤナギ、チーク、マホガニー、クリ、ニレ、テンサイ、ブロッコリー、キャッサバ、サツマイモ、コショウ、ポインセチア、マメ科植物、アルファルファ、ダイズ、ニンジン、イチゴ、レタス、オーク、カエデ、クルミ、バラ、ミント、カボチャ、ヒナギク、ゼラニウム、およびサボテンからなる群より選択される。

【００２０】

他の態様において、本発明の単離されたポリヌクレオチドは、植物において細胞壁生合成を上方制御または下方制御する能力を有する。さらなる態様において、ポリヌクレオチドは、植物ゲノムに対して内因性である遺伝子由来である。他の態様において、少なくとも1個の細胞において単離されたポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、細胞のいずれにおいても単離されたポリヌクレオチドを発現しない同じ種の植物の表現型と異なる。他の態様において、単離されたポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、単離されたポリヌクレオチドを発現しない同じ種の植物と比較したリグニン質(lignin quality)における違いを含む。他の態様において、リグニン質における違いは、リグニン分子の構造における変化により特徴付けられる。他の態様において、単離されたポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、単離されたポリヌクレオチドを発現しない同じ種の植物と比較した木質部組成における違いを含む。他の態様において、単離されたポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、単離されたポリヌクレオチドを発現しない同じ種の植物と比較した繊維組成における違いを含む。他の態様において、単離されたポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、単離されたポリヌクレオチドを発現しない同じ種の植物と比較した植物細胞分裂における違いを含む。他の態様において、単離されたポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、単離されたポリヌクレオチドを発現しない同じ種の植物と比較した植物細胞発生における違いを含む。他の態様において、単離されたポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、単離されたポリヌクレオチドを発現しない同じ種の植物と比較した高さ、体積、または収量における違いを含む。

【００２１】

他の態様において、本発明の単離されたポリヌクレオチドは、SEQ ID NO:1～230またはそれらの変異体のいずれか1つの配列を含む。他の態様において、変異体は、植物において細胞壁の発達を制御する能力を有するポリヌクレオチドをコードする。他の態様において、変異体は、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの配列と99%、98%、97%、96%、95%、94%、93%、92%、91%、90%、89%、88%、87%、86%、85%、84%、83%、82%、81%、80%、79%、78%、77%、76%、75%、74%、73%、72%、71%、70%、69%、68%、67%、66%、65%、64%、63%、62%、61%、または60%以上の配列同一性を有する。

【００２２】

他の態様において、本発明の植物細胞壁タンパク質は、SEQ ID NO:1～230またはそれらの変異体のいずれか1つのアミノ酸配列を含み、該細胞壁タンパク質は、植物において細胞壁の発達を制御する能力を有する。他の態様において、変異体は、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの配列と99%、98%、97%、96%、95%、94%、93%、92%、91%、90%、89%、88%、87%、86%、85%、84%、83%、82%、81%、80%、79%、78%、77%、76%、75%、74%、73%、72%、71%、70%、69%、68%、67%、66%、65%、64%、63%、62%、61%、または60%以上の配列同一性を有する。

【００２３】

他の態様において、本発明のDNA構築物は、(i)SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの配列を有する少なくとも1つのポリヌクレオチド、および(ii)プロモーターを含み、該プロモ

ーターおよび該ポリヌクレオチドは機能的に連結されている。他の態様において、プロモーターは、構成的プロモーター、強いプロモーター、または誘導性プロモーターからなる群より選択される。他の態様において、誘導性プロモーターは、創傷、メチルジャスモン酸、またはサリチル酸のいずれか1つにより制御される。他の態様において、ポリヌクレオチドはRNA転写産物を産生する。他の態様において、RNA転写産物は、植物細胞に対して内因性である遺伝子のアンチセンス配列を有する、またはRNA転写産物は、通常、植物細胞に発現している遺伝子のRNA干渉を誘導する。

【００２４】

もう一つの態様において、本発明の植物細胞は、(i)SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの配列を有する少なくとも1つのポリヌクレオチド、および(ii)プロモーターを含むDNA構築物を含み、該ポリヌクレオチドが細胞壁の発達を制御するタンパク質をコードし、かつ該プロモーターおよび該ポリヌクレオチドが機能的に連結されている。もう一つの態様において、本発明は、そのような植物細胞を含むトランスジェニック植物に関する。

【００２５】

他の態様において、本発明の植物細胞は、(i)SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの配列を有する少なくとも1つのポリヌクレオチド、および(ii)プロモーターを含むDNA構築物を含み、該ポリヌクレオチドが木質部発達を制御するタンパク質をコードし、かつ該プロモーターおよび該ポリヌクレオチドが機能的に連結されている。もう一つの態様において、本発明は、そのような植物細胞を含むトランスジェニック植物に関する。

【００２６】

他の態様において、本発明は、(a)(i)SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの配列を有する少なくとも1つのポリヌクレオチド、および(ii)プロモーターを含むDNA構築物であって、該ポリヌクレオチドが細胞壁の発達を制御するタンパク質をコードするDNA構築物を植物細胞に形質転換する段階；(b)該形質転換植物細胞を植物の成長を促進する条件下で培養する段階、ならびに(c)該DNA構築物を含まない同じ種の植物と異なる表現型を示すトランスジェニック植物を選択する段階を含む、トランスジェニック植物を作製するための方法に関する。他の態様において、そのポリヌクレオチドおよび所望の核酸を発現する植物の表現型は、DNA構築物を含まない同じ種の植物と比較してリグニン質における違いにより特徴付けられる。他の態様において、リグニン質における違いは、リグニン分子の構造における変化により特徴付けられる。本方法の他の態様において、そのポリヌクレオチドおよび所望の核酸を発現する植物の表現型は、DNA構築物を含まない同じ種の植物と比較して木質部組成における違いにより特徴付けられる。本方法の他の態様において、そのポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、DNA構築物を含まない同じ種の植物と比較して繊維収量における違いにより特徴付けられる。本方法、すなわち請求項44の方法、の他の態様において、そのポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、DNA構築物を含まない同じ種の植物と比較して植物細胞分裂における違いにより特徴付けられる。本方法の他の態様において、そのポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、DNA構築物を含まない同じ種の植物と比較して植物細胞発生における違いにより特徴付けられる。他の態様において、そのポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、DNA構築物を含まない同じ種の植物と比較してデンプン合成における違いにより特徴付けられる。他の態様において、そのポリヌクレオチドを発現する植物の表現型は、DNA構築物を含まない同じ種の植物と比較して、高さ、体積、または収量における違いにより特徴付けられる。

【００２７】

もう一つの態様において、本発明は、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つのアミノ酸配列を含むポリペプチドを発現するトランスジェニック樹木から得られる木材パルプに関する。

【００２８】

もう一つの態様において、本発明のトランスジェニック植物は、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つのアミノ酸配列を含むポリペプチドを発現し、該アミノ酸は、乾燥耐性の増加、高さの低下または増加、体積の低下または増加、分枝の低下または増加、耐寒性および

耐凍結性の増強、活力の向上、色の増強、健康的および栄養学的特性の増強、保存性の向上、収量の増強、耐塩性の増強、重金属耐性の増強、耐病性の増加、耐虫性の増加、水ストレス耐性の増加、甘味の増強、食味の向上、質感の向上、リン酸塩含有量の減少、発芽の増加、微量栄養素取り込みの増加、デンプン組成の向上、花の寿命の向上、および新規のタンパク質またはペプチドの産生からなる群より選択される特質を植物に与える。

【００２９】

他の態様において、本発明は、同じ種の野生型植物と比較して幼若期間の減少または増加がある、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つのアミノ酸配列を含むポリペプチドを発現するトランスジェニック植物に関する。

【００３０】

他の態様において、本発明は、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つのアミノ酸配列を含むポリペプチドを発現するトランスジェニック植物であって、該植物が自己脱離性分枝(self-absicing branch)を有する、トランスジェニック植物に関する。

【００３１】

他の態様において、本発明は、SEQ ID NO:1～230のいずれかのヌクレオチド配列、およびSEQ ID NO:1～230のヌクレオチド配列と60%配列同一性を有し、かつ植物細胞壁の発達を制御する能力を有するヌクレオチド配列を有する、単離されたヌクレオチド配列に関する。

【００３２】

他の態様において、本発明は、SEQ ID NO:1～230のいずれかのヌクレオチド配列、およびSEQ ID NO:1～230のヌクレオチド配列のいずれかと65%配列同一性を有し、かつ木質部発達に関与するヌクレオチド配列を有する、単離されたヌクレオチド配列に関する。

【００３３】

他の態様において、本発明は、SEQ ID NO:1～230のいずれかのヌクレオチド配列、およびSEQ ID NO:1～230のヌクレオチド配列のいずれかと70%配列同一性を有し、かつ細胞壁生合成を制御するヌクレオチド配列を有する、単離されたヌクレオチド配列に関する。

【００３４】

他の態様において、本発明は、以下の段階を含む、2つの異なる試料におけるポリヌクレオチド発現を相関させる方法に関する：

第一試料において、SEQ ID NO:1～230およびそれらの保存的変異体からなる群より選択される核酸配列によりコードされる産物をコードする1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルを検出する段階；

第二試料において、1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルを検出する段階；

第一試料における1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルを第二試料における1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルと比較する段階；ならびに

第一試料と第二試料の間の1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルにおける差を相関させる段階。

他の態様において、第一試料および第二試料は、それぞれ、異なる型の植物組織由来である。他の態様において、第一試料および第二試料は、同じ組織由来であり、かつ第一試料および第二試料は、それぞれ、一年の異なる季節中に採取されている。他の態様において、第一試料および第二試料は、異なる発育段階における植物から得られる。

【００３５】

他の態様において、本発明は、以下の段階を含む、植物表現型の所有を、1つまたは複数のポリヌクレオチドの植物におけるポリヌクレオチド発現レベルと相関させる方法に関する：

表現型を有する第一植物において、SEQ ID NO:1～230およびそれらの保存的変異体からなる群より選択される核酸配列によりコードされる産物をコードする1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルを検出する段階；

その表現型を欠く第二植物において、1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルを検出する段階；

第一植物における1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルを第二植物における1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルと比較する段階；ならびに
第一植物と第二植物の間の1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現レベルにおける差を表現型の所有と相関させる段階。他の態様において、第一試料および第二試料は、両方とも、維管束組織、頂端分裂組織、維管束形成層、木部、師部、根、花、球果、果実、および種子からなる群より選択される植物組織から得られる。他の態様において、第一試料および第二試料の植物組織は、それぞれ、異なる型の組織から得られる。他の態様において、第一試料および第二試料は、それぞれ、異なる発育段階における植物組織から得られる。他の態様において、第一および第二の両方の植物または植物細胞は、ユーカリ種およびマツ種から選択される同じ種である。他の態様において、第一および第二の植物または植物細胞は、ユーカリプタス・グランディスまたはピヌス・ラジアータから選択される種である。他の態様において、検出段階は、標準ハイブリダイゼーション条件下でSEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列にハイブリダイズする能力を有する1つまたは複数のポリヌクレオチドを用いて実施される。他の態様において、検出段階は、標準ハイブリダイゼーション条件下でSEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列によりコードされるポリヌクレオチド発現産物にハイブリダイズする能力を有する1つまたは複数のポリヌクレオチドを用いて実施される。他の態様において、検出段階は、標識核酸へのハイブリダイゼーションにより実施される。他の態様において、1つまたは複数のポリヌクレオチドは検出可能な標識で標識される。他の態様において、1つまたは複数のポリヌクレオチドの少なくとも1つは、1つまたは複数のポリヌクレオチドの1つの3'非翻訳領域にハイブリダイズする。他の態様において、1つまたは複数のポリヌクレオチドの少なくとも1つは、1つまたは複数のポリヌクレオチドの1つの3'非翻訳領域にハイブリダイズする。他の態様において、1つまたは複数のポリヌクレオチドは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列を含む。他の態様において、1つまたは複数のポリヌクレオチドは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列を含む。他の態様において、1つまたは複数のポリヌクレオチドは、DNAおよびRNAからなる群より選択される。他の態様において、検出段階の前に、第一および第二の植物または植物細胞において1つまたは複数のポリヌクレオチドを増幅する段階が供給される。他の態様において、検出段階の前に、第一および第二の植物または植物細胞において1つまたは複数のポリヌクレオチドを検出可能な標識で標識する段階が供給される。

【００３６】

他の態様において、本発明は、2つ以上のオリゴヌクレオチドを含む、1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現を検出するための組み合わせであって、各オリゴヌクレオチドがSEQ ID NO:461～690からなる群より選択される核酸配列にハイブリダイズする能力を有する、組み合わせに関する。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列の異なる1つにハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列の3'非翻訳領域にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、約100個未満のヌクレオチド塩基で構成される。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:461～690からなる群より選択される核酸配列を含む。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、α-アミラーゼ、アラビノガラクタン、カルネキシン、カルレティキュリン、セルロースシンターゼ、ディリジェント、エクスパンシン、エクステンシン、ガラクツラン、1,4-β-ガラクツロニダーゼ、グルコース-1-リン酸アデニルトランスフェラーゼ、グリコシルトランスフェラーゼ、グリコシルヒドロラーゼ、グリコシドヒドロラーゼ、ヒドロキシプロリンリッチタンパク質、マンノース-6-リン酸イソメラーゼ、マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼ、ヌクレオチジルトランスフェラーゼ、ペクチン、ペクチンメチルエステラーゼ、ホスホマンノムターゼ、植物病害抵抗性応答タンパク質、ポリガラクツロナーゼ、花粉アレルゲン/エクスパンシン、デンプン分枝酵素、デンプンシンターゼ、スクロースリン酸シンターゼ、スクロースシンターゼ、UT

P-グルコース-1-リン酸ウリジリルトランスフェラーゼ、キシログルカンシンターゼ、キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ、およびイールディンからなる群より選択されるタンパク質をコードする遺伝子にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、タンパク質の異なる1つをコードする遺伝子にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、異なる遺伝子にハイブリダイズする。他の態様において、組み合わせは、2つ以上のオリゴヌクレオチドのうちの約2個から約5000個までを含む。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、検出可能な標識で標識される。

【００３７】

他の態様において、本発明は、2つ以上のオリゴヌクレオチドを含む、1つまたは複数のポリヌクレオチドの発現を検出するための組み合わせであって、各オリゴヌクレオチドがSEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列によりコードされるポリヌクレオチド発現産物にハイブリダイズする能力を有する、組み合わせに関する。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列の異なる1つによりコードされるヌクレオチド配列にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列の3'非翻訳領域に相補的である核酸配列にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、約100個未満のヌクレオチド塩基で構成される。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:461～690からなる群より選択される核酸配列を含む。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、α-アミラーゼ、アラビノガラクタン、カルネキシン、カルレティキュリン、セルロースシンターゼ、ディリジェント、エクスパンシン、エクステンシン、ガラクツラン、1,4-β-ガラクツロニダーゼ、グルコース-1-リン酸アデニルトランスフェラーゼ、グリコシルトランスフェラーゼ、グリコシルヒドロラーゼ、グリコシドヒドロラーゼ、ヒドロキシプロリンリッチタンパク質、マンノース-6-リン酸イソメラーゼ、マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼ、ヌクレオチジルトランスフェラーゼ、ペクチン、ペクチンメチルエステラーゼ、ホスホマンノムターゼ、植物病害抵抗性応答タンパク質、ポリガラクツロナーゼ、花粉アレルゲン/エクスパンシン、デンプン分枝酵素、デンプンシンターゼ、スクロースリン酸シンターゼ、スクロースシンターゼ、UTP-グルコース-1-リン酸ウリジリルトランスフェラーゼ、キシログルカンシンターゼ、キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ、およびイールディンからなる群より選択されるタンパク質をコードする遺伝子によりコードされる核酸配列にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、タンパク質の異なる1つをコードする遺伝子によりコードされる核酸配列にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、異なる遺伝子によりコードされる核酸配列にハイブリダイズする。他の態様において、組み合わせは、2つ以上のオリゴヌクレオチドのうちの約2個から約5000個までを含む。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、検出可能な標識で標識される。

【００３８】

他の態様において、本発明は、固体支持体上に供給された上記の組み合わせを含むマイクロアレイであって、該2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれが、該固体支持体上の固有の位置を占めている、マイクロアレイに関する。他の態様において、本発明は、上記のマイクロアレイを、ヌクレオチドハイブリダイゼーション反応のための1つもしくは複数の緩衝液または試薬と共に含む、遺伝子発現を検出するためのキットに関する。

【００３９】

他の態様において、本発明は、以下の段階を含む、試料において1つまたは複数のポリヌクレオチドを検出するための方法に関する：

試料を2つ以上のオリゴヌクレオチドと接触させる段階であって、各オリゴヌクレオチドが、標準ハイブリダイゼーション条件下でSEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列を含む遺伝子にハイブリダイズする能力を有する、段階；および

1つまたは複数のオリゴヌクレオチドにハイブリダイズしている、対象となる1つまたは複数のポリヌクレオチドを検出する段階。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列の異なる1つを含む遺伝子にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列を含む遺伝子の3'非翻訳領域にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、約100個未満のヌクレオチド塩基で構成される。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:461～690からなる群より選択される核酸配列を含む。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、α-アミラーゼ、アラビノガラクタン、カルネキシン、カルレティキュリン、セルロースシンターゼ、ディリジェント、エクスパンシン、エクステンシン、ガラクツラン、1,4-β-ガラクツロニダーゼ、グルコース-1-リン酸アデニルトランスフェラーゼ、グリコシルトランスフェラーゼ、グリコシルヒドロラーゼ、グリコシドヒドロラーゼ、ヒドロキシプロリンリッチタンパク質、マンノース-6-リン酸イソメラーゼ、マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼ、ヌクレオチジルトランスフェラーゼ、ペクチン、ペクチンメチルエステラーゼ、ホスホマンノムターゼ、植物病害抵抗性応答タンパク質、ポリガラクツロナーゼ、花粉アレルゲン/エクスパンシン、デンプン分枝酵素、デンプンシンターゼ、スクロースリン酸シンターゼ、スクロースシンターゼ、UTP-グルコース-1-リン酸ウリジリルトランスフェラーゼ、キシログルカンシンターゼ、キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ、およびイールディンからなる群より選択されるタンパク質をコードする遺伝子にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、タンパク質の異なる1つをコードする遺伝子にハイブリダイズする。もう一つの態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドは、固体支持体上に供給され、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれが、固体支持体上の固有の位置を占める。他の態様において、固体支持体は、2つ以上のオリゴヌクレオチドのうちの約2個から約5000個までを含む。他の態様において、本方法はさらに、接触段階の前に、試料において1つもしくは複数のポリヌクレオチドまたは核酸配列を増幅する段階を含む。他の態様において、本方法はさらに、接触段階の前に、試料における1つもしくは複数のポリヌクレオチドまたは核酸配列を検出可能な標識で標識する段階を含む。

【００４０】

他の態様において、本発明は、以下の段階を含む、試料において1つまたは複数のポリヌクレオチドによりコードされる1つまたは複数の核酸配列を検出するための方法に関する：

試料を2つ以上のオリゴヌクレオチドと接触させる段階であって、各オリゴヌクレオチドが、標準ハイブリダイゼーション条件下でSEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列を含む遺伝子によりコードされる核酸配列にハイブリダイズする能力を有する、段階；および

1つまたは複数のオリゴヌクレオチドにハイブリダイズしている1つまたは複数の核酸配列を検出する段階。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列の異なる1つを含む遺伝子によりコードされる核酸配列にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:1～230からなる群より選択される核酸配列を含む遺伝子の3'非翻訳領域に相補的である核酸配列にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、約100個未満のヌクレオチド塩基で構成される。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドの少なくとも1つは、SEQ ID NO:461～690からなる群より選択される核酸配列を含む。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、α-アミラーゼ、アラビノガラクタン、カルネキシン、カルレティキュリン、セルロースシンターゼ、ディリジェント、エクスパンシン、エクステンシン、ガラクツラン、1,4-β-ガラクツロニダーゼ、グルコース-1-リン酸アデニルトランスフェラーゼ、グリコシルトランスフェラーゼ、グリコシルヒドロラーゼ、グリコシドヒド

ロラーゼ、ヒドロキシプロリンリッチタンパク質、マンノース-6-リン酸イソメラーゼ、マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼ、ヌクレオチジルトランスフェラーゼ、ペクチン、ペクチンメチルエステラーゼ、ホスホマンノムターゼ、植物病害抵抗性応答タンパク質、ポリガラクツロナーゼ、花粉アレルゲン/エクスパンシン、デンプン分枝酵素、デンプンシンターゼ、スクロースリン酸シンターゼ、スクロースシンターゼ、UTP-グルコース-1-リン酸ウリジリルトランスフェラーゼ、キシログルカンシンターゼ、キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ、およびイールディンからなる群より選択されるタンパク質をコードする遺伝子によりコードされる核酸配列にハイブリダイズする。他の態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、タンパク質の異なる1つをコードする遺伝子によりコードされる核酸配列にハイブリダイズする。もう一つの態様において、2つ以上のオリゴヌクレオチドは、固体支持体上に供給され、2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれが、固体支持体上の固有の位置を占める。他の態様において、固体支持体は、2つ以上のオリゴヌクレオチドのうちの約2個から約5000個までを含む。他の態様において、本方法はさらに、接触段階の前に、試料において1つもしくは複数のポリヌクレオチドまたは核酸配列を増幅する段階を含む。他の態様において、本方法はさらに、接触段階の前に、試料における1つもしくは複数のポリヌクレオチドまたは核酸配列を検出可能な標識で標識する段階を含む。

【００４１】

発明の詳細な説明

本発明は、木質部および細胞壁のタンパク質をコードする単離されたポリヌクレオチドを提供する。

【００４２】

木質部および/または細胞壁の発達に関与するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列での植物の形質転換は、セルロース合成、リグニン沈着、木質部発達の局面、花の発生、根の発生、分枝、分裂組織同一性における光および低温調節などの季節的応答、ならびに耐病性などの性質を改変するために用いられうる。この目的を達成するために、本発明は、植物細胞壁合成および/または発達における機能を有するポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド配列を提供する。本発明はまた、ポリヌクレオチド配列に機能的に連結されたプロモーターを有するDNA構築物であって、該ポリヌクレオチド配列が植物細胞壁の発達に関与するタンパク質をコードする、DNA構築物を提供する。さらに、本発明は、植物細胞壁の発達に関与するタンパク質の発現をアッセイする方法、植物において成長、木質部発達、および/または繊維組成を改変するために植物細胞壁タンパク質を用いる方法を提供する。

【００４３】

本発明は、当業者に周知である用語および句を用いる。他に規定がない限り、本明細書に用いられるすべての技術的および科学的用語は、当業者により一般的に理解されているのと同じ意味を有する。一般的に、本明細書に用いられる名称ならびに、本明細書に記載された細胞培養、分子遺伝学、ならびに核酸化学およびハイブリダイゼーションにおける実験手順は、周知のものであり、当技術分野において一般に用いられている。組換え核酸方法、ポリヌクレオチド合成、微生物培養、細胞培養、組織培養、形質転換、トランスフェクション、形質導入、分析化学、有機合成化学、化学合成、化学分析、ならびに薬学的製剤および送達についての標準技術が用いられる。一般的に、酵素反応、ならびに精製および/または単離段階は、製造会社の仕様書に従って行われる。技術および手順は、一般的に、通常の方法に従って行われる(Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 3rd. edition, Sambrook & Russel Cold Spring Harbor Laboratoy Pressによる編集, Cold Spring Harbor, NY, 2001)。

【００４４】

A. 植物の木質部および細胞壁の遺伝子ならびにタンパク質

α-アミラーゼ：α-アミラーゼは、主要なデンプン加水分解酵素として機能し、α-1,4-グルカン結合を加水分解する。α-アミラーゼ転写は、様々なホルモンの、代謝の、およ

び環境のシグナルに応答して生じる。クローニングされたα-アミラーゼの配列分析により、これらは2つの主要なクラスおよび3つのサブファミリーに分類されることが明らかにされ、Mitsui and Itoh, Trends in Plant Science 2(7), 255-261 (1997)により概説されているが、それらは、胚に栄養分を供給するための発芽中の胚乳貯蔵化合物の動員において重要である。

【００４５】

アグロバクテリウム：当技術分野において周知であるように、植物細胞を形質転換するために用いられるアグロバクテリアは、無毒化され、通常、ベクターを含む、アグロバクテリウム・ツメファシエンス(Agrobacterium tumefaciens)またはアグロバクテリウム・リゾゲネス(Agrobacterium rhizogenes)の毒性誘導体である。ベクターは、典型的には、T-DNAの境界間に位置する所望のポリヌクレオチドを含む。

【００４６】

被子植物：子房で包まれた種子を有する維管束植物。被子植物は、果実を生じる花を生成する種子植物である。被子植物は、双子葉および単子葉植物に分けられる。

【００４７】

アラビノガラクタン：アラビノガラクタンタンパク質(AGP)は、グリコシル化ヒドロキシプロリンリッチな糖タンパク質であり、植物成長および発育の様々な局面に重要な役割を有すると考えられている細胞壁タンパク質のファミリーである。Showalter, A.M. Cell Mol Life Sci. 58(10):1399-417 (2001)により概説されている。具体的には、AGPは、栄養性、生殖性、および細胞性生長ならびに発達、加えてプログラム細胞死および細胞シグナル伝達中に関与している。

【００４８】

ブラシノステロイド制御性タンパク質：ブラシノステロイドは、植物成長および発育を制御するステロイドホルモンのクラスである。ブラシノステロイド制御性タンパク質(BRU)は、キシログルカンエンドトランスフェラーゼ(XET)として機能するブラシノステロイド誘導性タンパク質である。Zurek, D.M. and Clouse, S.D. Plant Physiol. 104(1) 161-170 (1994)。その後、類似したブラシノライド誘導性XETが、シロイヌナズナ(Xu et al., Plant J 9, 879-889(1996))、イネ(Uozu et al., Plant Physiol. 122, 853-859(2000))、およびトマト(Koka et al., Plant Physiol. 122, 85-98(2000))において特徴付けられており、XETの誘導が、ブラシノライド誘導性成長中の細胞壁ゆるみと相関することを実証している。

【００４９】

β-1,3-エンドグルカナーゼ：β-1,3-エンドグルカナーゼ(EC 3.2.1.39)は、植物における発現がしばしば、病原体攻撃の際に誘導されるため、病原性関連(PR)タンパク質として特徴付けられる。それらは、病原体細胞壁におけるβ-1,3/1,6-グルカンの分解を通して直接的に、または追加の植物防御を誘導するオリゴ糖エリシターを放出することにより間接的にのいずれかで、植物防御における重要な役割を有する(Kauffmann et al. (1987) The Embo Journal 6(11) 3209-3212, Bowles et al. (1990) Annu. Rev. Biochem. 59, 873-907, Rose et al. (2002) The Plant Cell 14, 1329-1345)。β-1,3-エンドグルカナーゼの過剰発現は、タバコにおけるダイズβ-1,3-エンドグルカナーゼの形質転換により実証されているように、病原体に対する植物の保護に有用であることが示されている(Borkowska M et al. Z Naturforsch [C]. (1998) 53(11-12):1012-10166)。β-1,3-エンドグルカナーゼにおける主な関心は、植物保護におけるそれらの役割から生じているが、それらはまた、細胞分裂、小胞子生成、花粉発芽および花粉管伸長、受精、胚形成、果実の熟成、種子発芽、穀物の胚乳における貯蔵蓄積の動員、芽休眠、ならびに創傷、低温、オゾン、UV Bに対する応答を含む、非感染植物におけるいくつかの生理学的および発生的過程に関与している(概説として、Leubner-Metzer and Meins in Pathogensis-related proteins in plants. Datta and Muthukrishnan (eds) CRC Press LLC, Boco Raton, Florida, pp 49-76 (1999)参照)。

【００５０】

β-1,3-グルカナーゼ：β-1,3-エンドグルカナーゼ(EC 3.2.1.39)についての別名。

【００５１】

β-D-グルカンエキソヒドロラーゼ：酵母および糸状菌間に広く分布している。β-1,3-エンドグルカナーゼのように、エキソ-1,3-β-グルカナーゼ(EC 3.2.1.58)は、1,3-β-結合型グルカンの0-グリコシド結合を加水分解する。β-1,3-エンドグルカナーゼは内部の1,3-β-結合を多糖鎖に沿ったランダムな位置で切断して、短いオリゴ糖を遊離するが、エキソ-1,3-β-グルカナーゼは、1,3-β-D-グルカンの非還元末端からα-グルコース残基を連続的に遊離する。サッカロミセス・セレビシエ(Saccharomyces cerevisiae)において、それらが細胞壁修飾または胞子形成に関与することを示唆する証拠がある(Muthukumar et al. (1993) Journal of Bacteriology 175(2) 386-396)。

【００５２】

β-グルコシダーゼ：(EC 3.2.1.21)、β-D-グルコースの遊離を伴う末端の非還元β-D-グルコース残基の加水分解を担う。その酵素は、植物、動物、細菌、および真菌に見出されている。植物において、β-グルコシダーゼは、植物ホルモン代謝(Smith and van Staden (1978) J. Exp. Bot. 29:1067-1073)、病原体および草食性生物に対する防御(Poulton (1990) Plant Physiol. 94:401-405 (1990), Li et al. (2005) Acta Biochim Biophys Sin (Shanghai). Jun;37(6):363-70)、ならびに木化(Hahlbrock and Grsebach (1979) An n. Rev. Plant Physiol. 30:105-130)において機能することが報告されている。

【００５３】

β-キシロシダーゼ：(EC 3.2.1.37)、キシラン1,4-β-キシロシダーゼとしても知られている、1,4-β-D-キシランの加水分解を触媒して、非還元末端から連続的なD-キシロース残基を遊離する。それらは、微生物、真菌、動物に、および最近になって、植物において、広く存在することが報告されている。シロイヌナズナにおいて、β-キシロシダーゼが二次細胞壁代謝および植物発育に役割を有することが提案されている(Goujon et al. (2003) Plant J 33:677-690, Minic et al. (2005) Plant Physiology 135:867-878)。

【００５４】

カルネキシン：カルネキシンは、小胞体膜結合分子である。カルネキシンは、モノグリコシル化N結合型グリカンに特異的に結合し、細胞壁生合成に役割を果たすと考えられている。カルネキシンは細胞壁生合成および発達に必要とされることが酵母において実証されている。例えば、S. セレビシエのカルネキシン株(CNE1⁻と名付けられた)は、異常な細胞壁の発達を示す。従って、カルネキシンはタンパク質分泌および細胞壁合成の両方において役割を果たすことが示唆されている。

【００５５】

カルレティキュリン：カルレティキュリンは、大部分の真核細胞の小胞体に見出される多機能性カルシウム結合タンパク質である。哺乳動物細胞において、グルコースのトリミングは、2つのレクチン様シャペロン、カルネキシンおよびカルレティキュリンを含む分子シャペロンサイクルと関係している。カルネキシンと同様に、カルレティキュリンは、細胞壁生合成に役割を果たすと考えられている。

【００５６】

セルラーゼ：セルラーゼは、セルロースまたはリグノセルロース物質の切断を触媒する任意の全ての酵素を指す。セルラーゼをコードする様々な遺伝子もまた、単離および特徴付けされている。例えば、真菌トリコデルマ・リーセイ(Trichoderma reesei)由来のエンドグルカナーゼをコードする遺伝子が知られており、酵母に組み入れられて、発現することに成功している。Pentilla et al. Yeast 3:175-185 (1987)。セルラーゼは、それらがセルロース鎖末端からの切断を触媒する(エキソセルラーゼ)かどうか、またはそれらがセルロース鎖の中央における切断を触媒する(エンドセルラーゼ)かどうかに基づいて、2つの大きなサブグループへ分類される。

【００５７】

セルロースシンターゼ：セルロースシンターゼは、ロゼットと呼ばれるマルチサブユニット複合体として原形質膜に存在すると考えられており、β-1,4-グルカンを細胞外マト

リックスへ押し出す。ロゼット複合体におけるサブユニットの近接性が、おそらく、個々のグルカン鎖の水素結合を促進し、特有の直径のセルロースミクロフィブリルの密な束状構造を構築する。

【００５８】

高等植物は、セルロースシンターゼの触媒成分をコードする、多数の密接に関連した遺伝子、CesAファミリーを含む。他のポリペプチドが活性セルロースシンターゼを形成するために必要とされるかどうかは知られておらず、その活性の制御についてほとんど知られていない。しかしながら、セルロースミクロフィブリルの沈着が、典型的には、細胞伸長軸に対して配向されるため、セルロースシンターゼと表層細胞骨格の間の相互作用が提案されている。CesA遺伝子の1つ、rsw1における温度感受性突然変異は、細胞の膨圧媒介性伸長に抵抗する、または膨圧媒介性伸長を指示する能力の欠如を反映すると考えられている膨張細胞により特徴付けられる突然変異体表現型へ導く。Sugimoto K, Williamson RE, Wasteneys GO. Protoplasma. 215(1-4):172-83 (2001)。類似した表現型は、セルロース生合成の化学的インヒビターを用いて発生しており、一次細胞壁におけるセルロースが正常な成長に必要とされることを示している。(Delmer, D.P., and Amor. Y. (1995). Plant Cell 7, 987-1000; Scheible, W.R., Eshed, R., Richmond, T., Delmer, D., and Somerville, C.R. (2001). Proc. Natl. Acad. Sci. USA 98, 10079-10084)。

【００５９】

キチナーゼ：キチナーゼは、キチンにおけるN-アセチル-β-D-グルコサミニドの1,4-β-結合の加水分解を触媒する。キチンは植物の成分ではないが、多くの植物がキチナーゼを合成する。これらのキチナーゼは、真菌細胞壁の一般的な成分であるキチンを加水分解することにより病原体に対する植物抵抗性に役割を果たす。これはまた、植物におけるキチナーゼの発現が病原体により引き起こされる損傷の低減へ導いたことを示す研究により支持されている(Broglie et al. (1991) Science 254:1194-1197)。キチナーゼは植物発育および成長に役割を有することも示唆されており、概説として、Kasprzewska, A (2003)(Cellular & Molecular Biology Letters 8:809-824)を参照されたい。

【００６０】

所望のポリヌクレオチド：本発明の所望のポリヌクレオチドは、ゲノム内に所望のポリヌクレオチドを含む形質転換細胞において転写および/または翻訳されるプロモーター、エンハンサー、もしくはターミネーター、または遺伝子もしくはポリヌクレオチドなどの遺伝エレメントである。所望のポリヌクレオチドが、タンパク質産物をコードする配列を含む場合には、コード領域は、会合したメッセンジャーRNA転写産物および/または所望のポリヌクレオチドによりコードされるタンパク質産物の発現をもたらす、プロモーターおよびターミネーターなどの制御エレメントに機能的に連結されうる。従って、「所望のポリヌクレオチド」は、5'から3'への配向で機能的に連結されている遺伝子、プロモーター、タンパク質をコードする遺伝子、およびターミネーターを含みうる。または、所望のポリヌクレオチドは、遺伝子またはその断片を「センス」または「アンチセンス」の配向で含み、その転写は、植物細胞における内因性遺伝子の発現に影響を及ぼしうる核酸を産生する。所望のポリヌクレオチドはまた、所望のポリヌクレオチドが会合している遺伝子のRNA干渉を惹起する二本鎖RNA産物を転写の際に、生じうる。本発明の所望のポリヌクレオチドは、左および右のT-DNA境界配列が、所望のポリヌクレオチドに隣接する、または所望のポリヌクレオチドの両側にあるように、T-DNA内に位置しうる。本発明は、1つまたは複数の所望のポリヌクレオチドの、少なくとも1個の植物細胞のゲノムへの安定な組込みを企図する。所望のポリヌクレオチドは、突然変異している、またはその野生型配列の変異体でありうる。所望のポリヌクレオチドの全部または一部が、植物のゲノムへ組み込まれうることは理解されている。「所望のポリヌクレオチド」という用語は、そのようなポリヌクレオチドの1つまたは複数を含むこともまた理解されている。従って、本発明のT-DNAは、1個、2個、3個、4個、5個、6個、7個、8個、9個、10個、またはそれ以上の所望のポリヌクレオチドを含みうる。

【００６１】

双子葉(dicotyledonous)植物(双子葉(dicot))：胚が、2つの種子葉(seed halves)または子葉(cotyledons)、分岐した葉脈、および4または5の倍数単位での花部を有する顕花植物。双子葉の例には、限定されるわけではないが、ユーカリ、ポプラ、フウ、アカシア、チーク、マホガニー、ワタ、タバコ、シロイヌナズナ、トマト、ジャガイモ、テンサイ、ブロッコリー、キャッサバ、サツマイモ、コショウ、ポインセチア、マメ、アルファルファ、ダイズ、ニンジン、イチゴ、レタス、オーク、カエデ、クルミ、バラ、ミント、スカッシュ、ヒナギク、ゼラニウム、アボカド、およびサボテンが挙げられる。

【００６２】

ディリジェント：ディリジェントタンパク質は、リグニン形成および木化中にフリーラジカル結合を調節する植物タンパク質の固有のクラスである。Gang, D.R. et al. Chem Biol. 6(3):143-51 (1999)。木化は、非常に精密な過程であり、細胞の外壁から原形質膜へと内向きに移動し、外壁における木化部位がディリジェントタンパク質を収容することが示されている。Davin, N.B. and N.G. Lewis. Plant Physiol. 123(2):453-62 (2000)。ディリジェント免疫学的局在決定研究により、木化細胞壁の特定の領域との交差反応が明らかにされ、これらは、リグニン沈着の公知の開始部位と一致している。Burlat, V. et al. Phytochemistry 57(6):883-97 (2001)。

【００６３】

内因性とは、植物ゲノムに天然に存在する遺伝子を指す。

【００６４】

エクスパンシン：エクスパンシンは、成長中に細胞壁伸展を制御するタンパク質のクラスである。McQueen-Mason et al. Plant Cell 4:1425-1433 (1992)。壁ゆるみ中のそれらの役割に加えて、エクスパンシンは、細胞壁伸展、受粉、および果実の熟成において役割を果たすと考えられている。Cosgrove, D.J. Proc Natl Acad Sci USA. 27;94(11):5504-5 (1997)。エクスパンシンは、一般的に、数個の遺伝子ファミリーによりコードされ、2つのサブファミリー、すなわちα-エクスパンシンおよびβ-エクスパンシンへ古典的に分けられている。α-エクスパンシンは、細胞壁分解および細胞分離を含む細胞壁拡大および他の発生過程を調節すると仮定されているタンパク質の高度に保存された群である。以前には1群花粉アレルゲンとして知られていたβ-エクスパンシンは、花粉により分泌され、草細胞壁へ壁ゆるみ効果を与える。β-エクスパンシンは、非花粉組織に見出され、壁ゆるみにおいて発達的役割を果たしている可能性がある。

【００６５】

エクステンシン：エクステンシンは、高等植物の細胞壁に見出されるヒドロキシプロリンリッチな糖タンパク質のクラスを指す。エクステンシンは、分子間および分子内相互作用により細胞壁を強化すると考えられている。Merkouropoulos, G. et al. Planta 208(2):212-9 (1999)。エクステンシンは、通常、根に発現しており、葉においては沈黙している；しかしながら、創傷はこのパターンを逆転させ、葉においてその遺伝子を作動させ、根においてはそれを抑圧する。同上。エクステンシンは、創傷、メチルジャスモン酸、サリチル酸、およびアブシジン酸を含む、いくつかのストレス誘導性シグナルにより活性化され、エクステンシンは、細胞壁を強化し、強くすることにより防御の役割を果たすと考えられる。

【００６６】

繊維組成：本明細書に用いられる場合、繊維組成は、繊維の構造、外観、または使用を変化させるために改変されうる形質を指す。非限定的に、繊維組成を決定する形質には、繊維の長さ、きめの粗さ、強度、色、断面、および繊維密度が挙げられる。例えば、繊維の長さは強度を与え、繊維のきめの粗さは質感および柔軟性を決定する。

【００６７】

外来：核酸に関しての「外来」とは、その核酸が、非植物生物体由来である、または形質転換されるべき植物と同じ種ではない植物由来である、または形質転換されるべき植物と交配できない、標的植物の種に属さない植物由来でないことを意味する。本発明に従って、外来DNAまたはRNAは、真菌、細菌、ウイルス、哺乳動物、魚、または鳥の遺伝子構造

において自然発生しているが、形質転換される植物においては自然発生していない核酸を表す。従って、外来核酸は、例えば、形質転換植物により天然では産生されないポリペプチドをコードするものである。外来核酸はタンパク質産物をコードする必要はない。

【００６８】

ガラクツラン1,4-α-ガラクツロニダーゼ：ガラクツラン1,4-α-ガラクツロニダーゼ(エキソポリガラクツロナーゼまたはExoPGとも呼ばれる)は、ペクチン分解酵素である。ExoPGは、ペクチンのポリガラクツロネート鎖成分からガラクツロネートモノマーを除去することによりペクチンを分解する。免疫化学法およびインサイチューハイブリダイゼーションを用いて、花粉における存在に加えて、ExoPGはまた、タペート細胞および葉肉細胞などの胞子体組織にも存在する。Dubald, M. et al. Plant J. 4(5):781-91 (1993)。ExoPGはまた、真菌性病理の発生中に役割を果たすと考えられている；例えば、新規なExoPGは、トマト植物における基部クラウンおよび根腐れ病に関与する原因物質として同定された。De las Heras, A. J Appl Microbiol. 94(5):856-64 (2003)。これらの結果は、細胞壁分解におけるExoPGについての一般的な機能を示唆する。

【００６９】

遺伝子：遺伝子は、コード配列および非コード配列の両方を含む、産物、ポリペプチド鎖、またはRNA分子の合成に必要とされる全情報を含むDNA分子のセグメントである。

【００７０】

遺伝エレメント：「遺伝エレメント」は、限定されるわけではないが、プロモーター、遺伝子、ターミネーター、イントロン、エンハンサー、スペーサー、5'-非翻訳領域、3'-非翻訳領域、またはリコンビナーゼ認識部位などの任意の別々のヌクレオチド配列である。

【００７１】

遺伝子改変：分子生物学および細胞生物学における方法を適用することによる特定の生物体のゲノムへのDNAの安定な導入。

【００７２】

グルコース-1-リン酸アデニルトランスフェラーゼ：グルコース-1-リン酸アデニルトランスフェラーゼ(AGP)は、デンプン生合成経路における最初の関与段階の1つ、グルコース-1-リン酸およびATPからADP-グルコースの生成を触媒する。AGP突然変異体はデンプン蓄積を減少させたため、AGPはデンプン蓄積を制御する。Wang S-M, Chu B, Lue W-L, Yu T-S, Eimert K, Chen J (1997). Plant J 11:1121-1126。

【００７３】

グリコシドヒドロラーゼ：グリコシドヒドロラーゼは、糖質活性酵素の2つの主要なクラス、グリコシドヒドロラーゼおよびグリコシルトランスフェラーゼのうちの1つである。それらは、しばしば、以下のモジュラー構造を示す：グリコシドを分解する加水分解反応に関与する触媒ドメイン、および触媒活性を欠くが、酵素の不溶性結晶セルロース上への吸着を促進するセルロース結合性モジュール。それらは、キチナーゼおよびコンカナバリンAと構造的に関連している。Bernard Henrissat and Gideon J. Davies。グリコシドヒドロラーゼおよびグリコシルトランスフェラーゼ。ファミリー、モジュール、およびゲノミクスの示唆。Plant Physiol, December 2000, Vol. 124, pp. 1515-1519。

【００７４】

グリコシルヒドロラーゼ：グリコシルヒドロラーゼは、糖部分間の結合を切断する酵素の一般的なクラスである。このクラスは、α-アミラーゼ、α-ガラクトシダーゼ、エンドおよびエキソ-β-グルカナーゼなどを含む。

【００７５】

グリコシルトランスフェラーゼ：グリコシルトランスフェラーゼは、糖質活性酵素の2つの主要なクラス、グリコシドヒドロラーゼおよびグリコシルトランスフェラーゼのうちの1つである。それらは、しばしば、以下のモジュラー構造を示す：グリコシド部分を付加する反応に関与する触媒ドメイン、および触媒活性を欠くが、酵素の不溶性結晶セルロース上への吸着を促進するセルロース結合性モジュール。それらは、キチンシンターゼと

構造的に関連している。Bernard Henrissat and Gideon J. Davies。グリコシドヒドロラーゼおよびグリコシルトランスフェラーゼ。ファミリー、モジュール、およびゲノミクスの示唆。Plant Physiol, December 2000, Vol. 124, pp. 1515-1519。

【００７６】

裸子植物：本明細書に用いられる場合、子房なしで種子を生じる種子植物を指す。裸子植物の例には、球果植物、ソテツ、イチョウ、およびマオウが挙げられる。

【００７７】

ヘキソースピロホスホリラーゼ：ヘキソースピロホスホリラーゼ(EC 2.7.7.28)は、リン含有基を転移させるトランスフェラーゼ活性を有する酵素のクラスである。それらは以下の反応を触媒する：ヘキソース1-リン酸＋ヌクレオシド三リン酸＝NDP-ヘキソース＋二リン酸塩(Verachtert et al. (1966) Journal Biol. Chem. 241(9) 2007-2013)。

【００７８】

ヒドロキシプロリンリッチタンパク質：ヒドロキシプロリンリッチタンパク質(HRGP)は、植物細胞壁タンパク質の大きなクラスであり、最もよく研究されている細胞壁タンパク質である。HRGPの正確な機能は依然として未知のままであるが、HRGPは、創傷および病原体感染により誘導され、細胞壁を強化し、強めることにおける役割を示唆している。さらに、HRGPはまた、二次壁形成中の木化のための核形成部位を提供している可能性がある。Vignols, F. Plant Mol Biol. 39(5):945-52 (1999)。

【００７９】

導入：本明細書に用いられる場合、感染、トランスフェクション、形質転換、または形質導入を含む方法による核酸配列の細胞への挿入を指す。

【００８０】

幼若性：若木と成木の間の生理学的違いを記載する。本発明において、幼若性は、若木と成木の間の、ミクロフィブリル傾角、木質部密度、セルロース収率、再生可能性、および生殖能力における違いを指す。例えば、植物組織が成熟するにつれて、組織は再生する能力を失う。

【００８１】

リグニン：本明細書に用いられる場合、コニフェリルアルコール、クマリルアルコール、およびシナピルアルコールなどのモノリグノールの重合誘導体を含む、フェニルプロパノイド単位で構成されるポリマー組成物を指す。リグニンの質は、リグニン組成物の、細胞壁マトリックスへ強さを与える、水の輸送を助ける、および/または細胞壁多糖の分解を妨げる能力を指す。リグニン組成またはリグニン構造は、モノリグノールのそれぞれの相対量を変化させることにより、またはリグニンの型を変化させることにより、変化しうる。例えば、グアイアシルリグニン(主にフェルラ酸由来)は軟材種において顕著であるが、グアイアシル-シリンジルリグニン(フェルラ酸およびシナピン酸の両方に由来)は、硬材種の特徴である。マツなど軟材由来のリグニンの分解は、硬材からのリグニンの除去と比較して、実質的によりアルカリ性およびより長いインキュベーションを必要とする。さらに、リグニン組成は、リグニン生合成に関与する酵素の上方制御または下方制御のいずれかにより制御されうる。例えば、重要なリグニン生合成酵素には、4-クマリン酸：補酵素Aリガーゼ(4CL)、桂皮アルコールデヒドロゲナーゼ(CAD)、およびシナピンアルコールデヒドロゲナーゼ(SAD)が挙げられる。

【００８２】

マンノース-6-リン酸イソメラーゼ：マンノース-6-リン酸イソメラーゼは、マンノース-6-リン酸のフルクトース-6-リン酸への相互変換を触媒する。多くの植物において同定されていないため、植物マンノース-6-リン酸イソメラーゼに関する文献は明らかに欠如している。

【００８３】

マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼ：マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼは、GDP-マンノースのマンノース-6-リン酸からの生合成を触媒し、細胞壁生合成において役割を果たす。具体的には、マンノース-1-リン酸グアニリルトラ

ンスフェラーゼは、細胞壁生合成のための前駆体であるすべての植物のグアノシン含有糖ヌクレオチドの形成において最初の関与段階を示すと考えられている。例えば、アラビドプシス(Arabidopsis)cyt1突然変異体は、マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼを欠損し、細胞壁生合成に著しい欠陥を示す。Lukowitz, N. et al. Proc Natl Acad Sci USA.; 98(5):2262-7 (2001)。顕著には、cyt1突然変異体は、異所性カロース蓄積、不完全な細胞壁、およびセルロース含有量における5分の1への減少を示す。同上。

【００８４】

単子葉植物(monocotyledonous plant)(単子葉植物(monocot))：1つの子葉(cotyledon)または子葉(seed leaf)を有する胚、平行葉脈、および3の倍数単位の花部を有する顕花植物。単子葉植物の例には、限定されるわけではないが、芝草、トウモロコシ、イネ、エンバク、コムビ、オオムギ、ソルガム、ラン、アヤメ、ユリ、タマネギ、およびヤシが挙げられる。芝草の例には、限定されるわけではないが、アグロスティスspp.(コロニアルベントグラス(colonial bentgrass)およびコヌカグサ(creeping bentgrasses)を含むベントグラス種)、ポア・プラテンシス(ケンタッキー・ブルーグラス)、ロリウムspp.(一年生ライグラスおよびペレニアルライグラスを含むライグラス種)、フェストゥーカ・アルンジナセ(ヒロハノウシノケグサ)、フェストゥーカ・ルブラ・コミュタータ(ファインフェスク(fine fescue))、シノドン・ダチロン(ティフグリーン(Tifgreen)、ティフウェイII(Tifway II)、およびサンタアナ(Santa Ana)、加えてそれらの雑種を含む一般的なバミューダグラス変種)、ペンニセツム・クランデスチヌム(キクユグラス(kikuyugrass))、ステノタフルム・セキュンダツム(st. オーガスチングラス(st. augustinegrass))、ゾイシア・ジャポニカ(ゾイシアグラス)、およびジコンドラ・ミクランタが挙げられる。

【００８５】

ヌクレオチジルトランスフェラーゼ：[EC 2.7.7]ヌクレオシド二リン酸または三リン酸ドナー群由来のヌクオチジル基の受容体群への転移を触媒するトランスフェラーゼクラスの酵素のサブ-サブクラスの任意のメンバー。ヌクレオチジルトランスフェラーゼは、複製および修復、転写、RNAプロセシングおよびウイルス複製を含む様々な生物学的過程に関与している(Aravind and Koonin (1999) Nucleic Acid Research 27(7) 1609-1618)。

【００８６】

機能的に連結される：共同して植物細胞で適切に機能するような様式で2つ以上の分子を組み合わせること。例えば、プロモーターは、プロモーターが構造遺伝子の転写を調節する場合、構造遺伝子に機能的に連結されている。

【００８７】

ペクチン：ペクチンは、複雑なポリマーであり、細胞壁多孔度の決定、ならびに細胞壁pHおよびイオンバランスを調節するための荷電表面を供給することなどの多くの機能を行うと考えられている。さらに、ペクチンは、発育カスケードにおいて、化合物を認識し、その後、応答をリレーすることにより細胞シグナル伝達に役割を果たしている可能性がある。

【００８８】

ペクチンメチルエステラーゼ：ペクチンメチルエステラーゼは、ペクチンのペクチン酸およびメタノールへの加水分解を触媒し、果実の熟成中に重要な役割を果たす。具体的には、ペクチンメチルエステラーゼは、細胞壁代謝において役割を果たすと考えられている。さらに、いくつかの植物病原体は、ペクチンエステラーゼを用いて、植物組織を解離し、軟腐敗させる。シロイヌナズナゲノムは、少なくとも12個のペクチンメチルエステラーゼ関連遺伝子を含む。Micheli et al. Gene 5;220(1-2):13-20 (1998)。

【００８９】

表現型：表現型は、植物の際立った特徴または特性であり、1つもしくは複数の「所望のポリヌクレオチド」および/またはスクリーニング可能/選択可能なマーカーを形質転換植物の少なくとも1つの植物細胞のゲノムへ組み込むことにより、本発明に従って変化しうる。「所望のポリヌクレオチド」および/またはマーカーは、形質転換された植物細胞または全体としての植物のいくつかの遺伝学的、分子的、生化学的、生理学的、形態学的

、または作物学的特性または性質のいずれか1つを改変することにより、形質転換された植物の表現型における変化を与えうる。従って、植物ゲノムにおける1つまたは複数の安定的に組み込まれた所望のポリヌクレオチドの発現は、限定されるわけではないが、乾燥耐性の増加、耐寒性および耐凍結性の増強、活力の向上、色の増強、健康的および栄養学的特性の増強、保存性の向上、収量の増強、耐塩性の増強、重金属耐性の増強、耐病性の増加、耐虫性の増加、水ストレス耐性の増加、甘味の増強、活力の向上、食味の向上、質感の向上、リン酸塩含有量の減少、発芽の増加、微量栄養素取り込みの増加、デンプン組成の向上、および花の寿命の向上からなる群より選択される表現型を生じうる。

【００９０】

ホスホマンノムターゼ：ホスホマンノムターゼ2は、マンノース6-リン酸のマンノース1-リン酸への異性化を触媒する。Popova TN, Matasova LV, Lapot'ko AA。トウモロコシ葉由来のホスホグルコムターゼおよびホスホマンノムターゼの精製、分離、ならびに特徴付け。Biochem Mol Biol Int. 1998 Oct;46(3):461-70。

【００９１】

植物病害抵抗性応答タンパク質：植物病害抵抗性遺伝子は、それらの構造的構成、配列進化、およびゲノム分布に関して徹底的に調べられている。これは、Lehmann P J Appl Genet.;43(4):403-14 (2002)に十分概説されている。大部分の植物病害抵抗性(R)タンパク質は、一連のロイシンリッチリピート(leucine-rich repeat)(LRR)、ヌクレオチド結合部位(NBS)、および推定アミノ末端シグナル伝達ドメインを含む。それらは、NBS-LRRタンパク質と名付けられている。多くの生物体由来の幅広い種類のタンパク質のLRRは、タンパク質相互作用プラットフォームとして、およびタンパク質活性化の制御性モジュールとして機能する。遺伝学的には、植物Rタンパク質のLRRは、応答特異性の決定因子であり、それらの作用は、よく知られた過敏感応答(HR)の形をとる植物細胞死へ導きうる。Rタンパク質のパートナーは、まだはっきりしないままであるが、現在の知識は、Belkhadir Y, et al, Curr Opin Plant Biol. 7(4):391-9 (2004)に概説されている。

【００９２】

植物組織：「植物」は、特徴として、胚を生じる、葉緑体を含む、およびセルロース細胞壁を有する、植物界の様々な光合成的真核生物の多細胞生物体のいずれかである。植物の部分、すなわち、「植物組織」は、トランスジェニック植物を作製するために本発明の方法に従って処理されうる。多くの適した植物組織は、本発明に従って形質転換されることができ、限定されるわけではないが、体細胞胚、花粉、葉、茎、カルス、走根、マイクロチューバー、およびシュートを含む。従って、本発明は、芝草、コムギ、トウモロコシ、イネ、オオムギ、カラスムギ、テンサイ、ジャガイモ、トマト、タバコ、アルファルファ、レタス、ニンジン、イチゴ、キャッサバ、サツマイモ、ゼラニウム、ダイズ、オーク、マツ、モミ、アカシア、ユーカリ、クルミ、およびヤシなどの被子植物および裸子植物の形質転換を構想する。本発明により、「植物組織」はまた植物細胞を含む。植物細胞には、培養物、カルス、胚、分裂組織領域、カルス組織、葉、シュート、配偶体、胞子体、花粉、種子、および小胞子が挙げられる。植物組織は、成熟の様々な段階であることができ、液体もしくは固体培養において、またはポット、温室、もしくは畑における土壌もしくは適切な媒体において、増殖しうる。植物組織はまた、有性生殖的に発生したか無性生殖的に発生したかにかかわらず、そのような植物の任意のクローン、種子、後代、および挿し木または種子などのこれらのいずれかの子孫も指す。特に関心対象となるのは、マツ、モミ、およびトウヒなどの球果植物、ケンタッキーブルーグラス、コヌカグサ、トウモロコシ、およびコムギなどの単子葉植物、ならびにワタ、トマト、レタス、シロイヌナズナ、タバコ、およびゼラニウムなどの双子葉植物である。

【００９３】

植物形質転換および細胞培養：広義には、植物細胞が遺伝子改変され、維持、さらなる増殖、および/またはさらなる発生のために適切な植物培地へ移される過程を指す。そのような方法は当業者に周知である。

【００９４】

ポリガラクツロナーゼ：ポリガラクツロナーゼ(ペクチンデポリメラーゼ、ペクチナーゼ、PG)は、ペクチンを脱重合することにより植物細胞壁を分解する。ポリガラクツロナーゼは、受粉および果実の熟成を含む様々な発生過程中にペクチンを脱重合する。さらに、多くの植物病原体は、宿主感染中にポリガラクツロナーゼを分泌し、それにより、宿主細胞壁を分解する。

【００９５】

後代：トランスジェニック植物の後代などの本発明の「後代」は、植物もしくはトランスジェニック植物から生まれる、植物もしくはトランスジェニック植物により生じる、または植物もしくはトランスジェニック植物に由来するものである。従って、「後代」植物、すなわち、「F1」世代植物は、発明の方法により作製されたトランスジェニック植物の子孫(offspring)または子孫(descendant)である。トランスジェニック植物の後代は、本明細書に記載された方法により親のトランスジェニック植物の細胞へ組み込まれた所望のポリヌクレオチドをその細胞ゲノムの少なくとも1つ、一部、または全部に含まれうる。従って、所望のポリヌクレオチドは、後代植物により「伝達される」または「受け継がれる」。後代植物においてそのように受け継がれている所望のポリヌクレオチドは、その親から後代植物により受け継がれているT-DNA構築物内に存在しうる。本明細書に用いられる場合の用語「後代」はまた、一群の植物の子孫(offspring)または子孫(descendant)であるとみなされうる。

【００９６】

プロモーター：プロモーターは、RNAポリメラーゼおよび/または転写制御エレメントを結合する核酸、好ましくはDNAを意味するよう意図される。いかなるプロモーターとも同様に、本発明のプロモーターは、プロモーターに機能的に連結されている核酸分子からmRNA分子を生成するようにDNAまたはRNAの転写を促進または調節する。前述のように、生成されたRNAは、タンパク質もしくはポリペプチドをコードしうる、またはRNA干渉もしくはアンチセンス分子をコードしうる。

【００９７】

植物プロモーターは、その起源が植物細胞であるかどうかにかかわらず、植物細胞において転写を開始する能力を有するプロモーターである。例示的な植物プロモーターには、限定されるわけではないが、植物細胞において発現する遺伝子を含む植物、植物ウイルス、アグロバクテリウム属またはリゾビウム属などの細菌から得られるものが挙げられる。発生調節下のプロモーターの例には、木部、葉、根、または種子などの特定の組織において転写を優先的に開始するプロモーターが挙げられる。そのようなプロモーターは、組織優先的プロモーターと呼ばれる。特定の組織においてのみ転写を開始するプロモーターは、組織特異的プロモーターと呼ばれる。細胞型特異的プロモーターは、主として、1つまたは複数の器官における特定の細胞型、例えば、根または葉における維管束細胞において、発現を作動させる。誘導性または抑制性プロモーターは、環境調節下であるプロモーターである。誘導性プロモーターにより転写をもたらされうる環境条件の例には、嫌気状態または光の存在が挙げられる。組織特異的、組織優先的、細胞型特異的、および誘導性プロモーターは、非構成的プロモーターのクラスを構成する。構成的プロモーターは、大部分の環境条件下で、かつ大部分の植物部分において、活性なプロモーターである。

【００９８】

花粉アレルゲン/エクスパンシン：I群アレルゲンは、花粉の主要なアレルゲンであり、それらは、エクスパンシンに構造的に関連していることが示されている(Cosgrove DJ et al, Proc Natl Acad Sci USA. 1997 Jun 10;94(12):6559-64)。エクスパンシンは、成長中の壁伸展の重要な制御因子であることが現在一般的に認められている。それらの正確な機能様式は、不明であるが、植物において、エクスパンシンは、おそらく、壁分解中の壁ポリマーの可溶化を増加させる。エクスパンシンは、細胞壁ゆるみを媒介することにより成長を増強する(Choi D, Lee Y, Cho HT, Kende H Plant Cell. 2003 Jun;15(6):1386-98)、植物形態形成に役割を有する(Pien S, Wyrzykowska J, McQueen-Mason S, Smart C, Fleming A. Proc Natl Acad Sci USA. 2001 Sep 25;98(20):11812-7)、ならびに果実の熟

成、受粉、発芽、および器官離脱などの過程における細胞壁分解または軟化に重要である(Li Y, Jones L, McQueen-Mason S, Curr Opin Plant Biol. 2003 Dec;6(6):603-10)証拠がある。

【００９９】

ポリヌクレオチドは、遺伝子コード配列またはその断片(少なくとも15個の連続したヌクレオチド；好ましくは少なくとも30個の連続したヌクレオチド、およびより好ましくは少なくとも50個の連続したヌクレオチドを含む)、プロモーター、イントロン、エンハンサー領域、ポリアデニル化部位、翻訳開始部位、5'または3'非翻訳領域、レポーター遺伝子、選択マーカーなどを含むヌクレオチド配列である。ポリヌクレオチドは、一本鎖もしくは二本鎖DNAまたはRNAを含みうる。ポリヌクレオチドは、修飾塩基または修飾バックボーンを含みうる。ポリヌクレオチドは、ゲノム配列、RNA転写産物(mRNAなどの)配列、またはプロセシングされたヌクレオチド配列(cDNAなどの)でありうる。ポリヌクレオチドは、センス配向またはアンチセンス配向のいずれかの配列を含みうる。

【０１００】

単離されたポリヌクレオチドは、その自然状態においてではないポリヌクレオチド配列である、例えば、ポリヌクレオチドは、天然で見出されないヌクレオチド配列で構成されている、またはポリヌクレオチドは、それが典型的には近接しているヌクレオチド配列から分離されている、もしくはそれが典型的には近接していないヌクレオチド配列に隣接している。

【０１０１】

再生可能性：本明細書に用いられる場合、脱分化した組織から再分化する植物の能力を指す。

【０１０２】

種子：「種子」は、胚を含む成熟した植物胚珠、および塊茎または胞子としての植物の伝播性部分とみなされうる。種子は、例えば、発芽を促進するために、アグロバクテリウム媒介性形質転換の前に、暗闇中でインキュベートされうる。種子はまた、漂白剤での短時間処理によるなど、インキュベーション前に滅菌されうる。結果として生じる実生は、その後、アグロバクテリウムの所望の菌株に曝されうる。

【０１０３】

選択可能/スクリーニング可能なマーカー：植物または植物組織に発現している場合、その遺伝子を発現していない他の植物または植物組織からそれらを区別することを可能にする遺伝子。スクリーニング手順は、スクリーニング可能なマーカー遺伝子によりコードされるタンパク質の発現についてのアッセイを必要としうる。そのようなマーカーの例には、βグルクロニダーゼ(GUS)遺伝子およびルシフェラーゼ(LUX)遺伝子が挙げられる。選択可能なマーカーの例には、カナマイシンおよびジェネテシン耐性をコードするネオマイシンホスホトランスフェラーゼ(NPTII)遺伝子、ハイグロマイシンに対する耐性をコードするハイグロマイシンホスホトランスフェラーゼ(HPTまたはAPHIV)遺伝子、スルホニル尿素型除草剤に対する耐性をコードするアセト乳酸シンターゼ(als)遺伝子、ホスフィノトリシン(LibertyまたはBasta)などのグルタミンシンターゼの作用を阻害するように作用する除草剤に対する耐性をコードする遺伝子(BARおよび/またはPAT)、または当技術分野において公知の他の類似した遺伝子が挙げられる。

【０１０４】

配列同一性：本明細書に用いられる場合、2つの核酸またはポリペプチド配列との関連における「配列同一性」または「同一性」は、特定された領域に対して最大一致のために整列した場合、同じである2つの配列における残基への言及を含む。配列同一性比率がタンパク質に関して用いられる場合、同一ではない残基位置がしばしば、保存的アミノ酸置換によって異なることは認識されており、アミノ酸残基が、類似した化学的性質(例えば、電荷または疎水性)を有する他のアミノ酸残基の代わりに用いられ、それゆえに、分子の機能的性質を変化させない。配列が保存的置換の点で異なる場合、パーセント配列同一性は、置換の保存的性質を補正するように上方調整されうる。そのような保存的置換によ

って異なる配列は、「配列類似性」または「類似性」を有すると言われる。この調整を行うための手段は、当業者に周知である。典型的には、これは、保存的置換を完全ミスマッチよりむしろ部分的ミスマッチとしてスコアリングし、それにより配列同一性比率を増加させることを含む。従って、例えば、同一アミノ酸は1のスコアを与えられ、非保存的置換はゼロのスコアを与えられ、保存的置換はゼロと1の間のスコアを与えられる。保存的置換のスコアリングは、例えば、プログラムPC/GENE (Intelligenetics, Mountain View, California, USA)において実行されているように、例えば、Meyers and Miller, Computer Applic. Biol. Sci., 4:11-17 (1988)のアルゴリズムに従って、計算される。

【０１０５】

本明細書に用いられる場合、配列同一性比率は、比較ウィンドウに対して2つの最適に整列した配列を比較することにより決定された値を意味し、比較ウィンドウにおけるポリヌクレオチド配列の部分は、参照配列(付加または欠失を含まない)と比較して、2つの配列の最適なアラインメントのために付加または欠失(すなわち、ギャップ)を含みうる。比率は、同一の核酸塩基またはアミノ酸残基が両方の配列に存在している位置の数を測定して、一致した位置の数を得、その一致した位置の数を比較のウィンドウにおける位置の総数で割り、その結果に100を掛けて、配列同一性比率を得ることにより計算される。

【０１０６】

「配列同一性」は、技術分野で認識されている意味を有し、公開された技術を用いて計算されうる。COMPUTATIONAL MOLECULAR BIOLOGY, Lesk, ed. (Oxford University Press, 1988), BIOCOMPUTING: IMFORMATICS AND GENOME PROJECTS, Smith, ed. (Academic Press, 1993), COMPUTER ANALYSIS OF SEQUENCE DATA, PART I, Griffin & Griffin, eds., (Humana Press, 1994), SEQUENCE ANALYSIS IN MOLECULAR BIOLOGY, Von Heinje ed., Academic Press (1987), SEQUENCE ANALYSIS PRIMER, Gribskov & Devereux, eds. (Macmillan Stockton Press, 1991)、およびCarillo & Lipton, SIAM J. Applied Math. 48:1073 (1988)参照。2つの配列間の同一性または類似性を決定するために一般的に用いられる方法には、限定されるわけではないが、GUIDE TO HUGE COMPUTERS, Bishop, ed., (Academic Press, 1994)およびCarillo & Lipton, 前記に開示されたものが挙げられる。同一性および類似性を決定するための方法は、コンピュータープログラムに体系化される。2つの配列間の同一性および類似性を決定するための好ましいコンピュータープログラム方法には、限定されるわけではないが、GCGプログラムパッケージ(Devereux et al., Nucleic Acids Research 12:387 (1984))、BLASTP、BLASTN、FASTA(Atschul et al., J. Mol. Biol. 215:403 (1990))、およびFASTDB(Brutlag et al., Comp. App. Biosci. 6:237 (1990))が挙げられる。

【０１０７】

デンプン：デンプンは、ほとんど全部の植物に存在する不溶性の安定な炭水化物貯蔵である。デンプンは、カルビン回路から生成されるトリオースリン酸から合成され、デンプン合成は葉緑体で起きる。デンプンポリマーは、2つの異なる型のグルカンポリマー、アミロースおよびアミロペクチンで構成される。

【０１０８】

デンプン分枝酵素：デンプン分枝酵素(SBE)は、デンプン合成に関与する重要な酵素の1つである。SBEは、α-1,6 グルカン分枝を導入し、アミロペクチン構造に影響すると考えられている。すべての高等植物は、SBEの2つのクラスを有し、それはトウモロコシ、イネ、コムギ、およびオオムギにおいてBEIおよびBEIIと呼ばれ、エンドウ、インゲンマメ、およびジャガイモにおいてB型およびA型と呼ばれる。トウモロコシに関する生化学的分析により、BEIは優先的に、アミロース型のより少ない分枝のポリグルカンを枝分かれさせ、一方、BEIIは、アミロペクチン型の高度に枝分かれしたα-グルカンを枝分かれさせる、より高い能力を有することが明らかにされた。Guan, H.P and Preiss, J. Plant Physiol 102:1269-1273 (1993)。これらのデータは、BEIおよびBEIIがアミロペクチン合成において別個の役割を果たすことを強く示唆している。Nakamura, Y. Plant Cell Physiol 43:718-725 (2002)。

【０１０９】
デンプンシンターゼ：デンプンシンターゼは、アミラーゼおよびアミロペクチンポリマーの両方を、ADP-グルコース分子を新生ポリマーへ付加することにより、伸長すると考えられている。デンプンシンターゼは、2つの異なる形：可溶性デンプンシンターゼおよび顆粒結合性デンプンシンターゼで存在する。デンプンシンターゼタンパク質は、共通のKXGGモチーフを共有し、それはADP-グルコース結合部位を提供すると考えられている。Knight, M.E. et al. Plant J 14(5):613-22 (1998)。

【０１１０】
スクロースシンターゼ：スクロースシンターゼは、スクロースを細胞壁生合成と解糖の間で分配する重要な役割を果たす。いくつかの報告は、スクロースシンターゼが、スクロース由来のグルコースを、増大するセルロース鎖へ転移するための代謝性チャネルとして作用することを実証している。例えば、コムギの根(Triticum aestivum L. cv. Alcedoroot)において、上昇した糖含有量は、二次壁肥厚のためにセルロースを合成するのに用いられる。Albrecht, G. and Mustoph, A. Planta 217(2):252-60 (2003)。ワタの胚珠表皮におけるスクロースシンターゼ遺伝子(Sus)の抑制は、繊維のない表現型へ導いた。Ruan et al. Plant Cell 15(4):952-64 (2003)。Sus抑制のレベルは、繊維形成および伸長の阻害の程度と強く相関した。Ruan et al. Plant Cell 15(4):952-64 (2003)。さらに、ニンジン(Daucus carota L.)におけるスクロースシンターゼのアンチセンス抑圧は、スクロース分配よりむしろ成長に影響を及ぼすことが示されている。Tang GQ and Sturm A. Plant Mol Biol. 41(4):465-79 (1999)。

【０１１１】
スクロースリン酸シンターゼ(SPS)は、フルクトース-6-リン酸(Fru6P)およびUDPグルコース(UDPG1c)からスクロース-6-リン酸の形成である、スクロース合成の経路における可逆性反応を触媒し、スクロース合成のための主要な律速酵素である。さらに、スクロースリン酸シンターゼは、細胞増殖中に役割を果たす。例えば、イネ(Oryza sativa L.)における草高を調節する量的形質遺伝子座(QTL)の根底にある遺伝子は、推定上のスクロースリン酸シンターゼ遺伝子が、より多い量のスクロースを葉に転位置するのを可能にすることにより、草高を調節することを示唆している。Ishimaru et al. Planta 218(3):388-95 (2004)。対照植物のSPS活性の約3倍を有し、かつ対照植物より有意に高い、トウモロコシSPS遺伝子を有するトランスジェニックイネ植物。同上。

【０１１２】
いくつかの研究は、SPSが植物において光合成的分配を制御することを実証している。例えば、トウモロコシSPSを発現するトマト植物は、SPS活性における2～3倍の増加、光合成産物のスクロースへの分配の増加、および最高58%まで高い光合成の最大速度を示した。Lunn, J.E. et al. J Exp Bot. 54(381):223-37 (2003)。SPS発現の増加は、シュート：根の乾燥重量比の変化と相関し、シュートに有利に働いた。Galtier, N. Plant Physiol. 101(2):535-543 (1993)。従って、SPS発現を制御することは、好ましくない状態の中で、光合成速度の増加を可能にしうる。同上。

【０１１３】
シリンゴライド誘導性タンパク質：シリンゴライドは、細菌性植物病原体シュードモナス・シリンゲ(Pseudomonas syringae)により産生され、受動拡散を通して植物に侵入すると考えられている(Ji et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:3306-3311)。ダイズ葉組織において、それは、Rpg4-特異的過敏感細胞死を誘導するが、シリンゴライド/ダイズ系におけるシグナル伝達についてはほとんど知られていない。

【０１１４】
転写因子：転写因子は、遺伝子コード配列に関連した1つもしくは複数のヌクレオチド配列に直接的に結合することによるか、または遺伝子コード配列に関連した1つもしくは複数のヌクレオチド配列に直接的に結合するもう一つのポリペプチドの活性に間接的に影響を及ぼすことによるかのいずれかで、 遺伝子の発現を制御するポリペプチド配列を指す。転写因子は、遺伝子の発現を活性化(上方制御)しうる、または抑圧(下方制御)しうる

。転写因子は、DNA結合ドメイン、活性化ドメイン、またはタンパク質-タンパク質相互作用についてのドメインを含みうる。本発明において、転写因子は、(1)核酸配列に結合すること、または(2)植物において遺伝子の発現を制御することの少なくとも1つの能力を有する。さらに、発明のポリヌクレオチド配列および対応するポリペプチド配列は、被子植物および裸子植物を含む任意の植物種において転写因子として機能する。

【０１１５】

転写および翻訳ターミネーター：本発明の発現DNA構築物は、典型的には、転写開始制御領域と反対の末端に転写終結領域を有する。転写終結領域は、発現を増強するためのmRNAの安定性のために、および/または遺伝子転写産物に付加されるポリアデニル化テールの付加のために、選択されうる。新生ポリペプチドの翻訳は、3つの鎖終結コドンのいずれかがリボソーム上のA部位に入る時、終結を起こす。翻訳終結コドンはUAA、UAG、およびUGAである。

【０１１６】

トランスファーDNA(T-DNA)：アグロバクテリウムT-DNAは、その境界内に含まれるヌクレオチド配列をもう一つのゲノムへ組み込む能力を有するエレメントとして周知である遺伝的エレメントである。この点において、T-DNAは、典型的には、2つの「境界」配列に隣接している。本発明の所望のポリヌクレオチドおよび選択可能マーカーは、T-DNAの左境界様配列と右境界様配列の間に位置しうる。T-DNA内に含まれる所望のポリヌクレオチドおよび選択可能マーカーは、その発現、すなわち、所望のポリヌクレオチドまたは選択可能マーカーによりコードされるDNA配列の転写および/または翻訳、を促進するプロモーターおよびターミネーターの制御エレメントのような、様々の異なる植物特異的(すなわち、天然の)または外来の核酸に機能的に連結されうる。

【０１１７】

植物細胞の形質転換：核酸が植物細胞のゲノムへ安定的に挿入される過程。形質転換は、当技術分野において周知の様々な方法を用いて自然条件または人工的条件下で起こりうる。形質転換は、アグロバクテリウム媒介性形質転換プロトコル、ウイルス感染、ウィスカー、エレクトロポレーション、マイクロインジェクション、ポリエチレングリコール処理、熱ショック、リポフェクション、および微粒子銃を含む、原核生物または真核生物宿主細胞への核酸配列の挿入についての任意の公知の方法に頼りうる。

【０１１８】

トランスジェニック植物：本発明のトランスジェニック植物は、外因性核酸が安定的に組み込まれている少なくとも1つの細胞ゲノムを含むものである。本発明に従って、トランスジェニック植物は、遺伝子改変した細胞および細胞ゲノムを1個のみ含む植物、または遺伝子改変細胞をいくつか含む植物、または細胞の全部が遺伝子改変されている植物である。本発明のトランスジェニック植物は、植物の特定部分のみにおいて、所望のポリヌクレオチド、すなわち外因性核酸の発現を含むものでありうる。従って、トランスジェニック植物は、その構造の特定部分においてのみ遺伝子改変細胞を含みうる。

【０１１９】

UTP-グルコース-1-リン酸ウリジリルトランスフェラーゼ：UTP-グルコース-1-リン酸ウリジリルトランスフェラーゼ(UGP)は、α-D-グルコース-1-リン酸およびUTPの二リン酸およびUDP-グルコースへの変換を触媒する。UDP-グルコースは、多糖生合成の主要な構成要素であり、スクロース合成についてD-フルクトースと結合しうる。

【０１２０】

変異体：本明細書に用いられる場合の「変異体」は、特定の遺伝子またはタンパク質の標準もしくは所定のヌクレオチドまたはアミノ酸配列から逸脱するヌクレオチド配列またはアミノ酸配列を意味すると理解される。「アイソフォーム」、「アイソタイプ」、および「類似体」という用語もまた、ヌクレオチド配列またはアミノ酸配列の「変異体」型を指す。1つもしくは複数のアミノ酸の付加、除去、もしくは置換、またはヌクレオチド配列における変化によって変化するアミノ酸配列は、「変異体」配列とみなされうる。変異体は、置換アミノ酸が類似した構造的または化学的性質を有する「保存的」変化を有する

場合があり、それは例えば、ロイシンのイソロイシンとの置換である。変異体は、「非保存的」変化を有する場合があり、それは例えば、グリシンのトリプトファンとの置換である。類似的な小さな変異はまた、アミノ酸の欠失もしくは挿入、または両方を含みうる。どのアミノ酸残基が置換、挿入、または除去されているかを決定する指標は、Vector NTI Suite (InforMax, MD)ソフトウェアなどの当技術分野において周知のコンピュータープログラムを用いて見出されうる。「変異体」はまた、Maxygenに譲渡された特許に記載されたものなどの「シャッフル化遺伝子(shuffled gene)」を指す場合がある。例えば、本発明の変異体は、参照により本明細書に組み入れられている、米国特許第6,132,970号に開示された方法および原理に従って改変される、配列および所望のポリヌクレオチドの変異体を含みうる。

【０１２１】

本明細書に用いられる場合の木質部組成は、木質部の構造、外観、または使用を変化させるために改変されうる特質を指す。非限定的であるが、木質部組成を決定する特質には、細胞壁の厚さ、細胞長、細胞密度、ミクロフィブリル傾角、抗張力、木質部の色、ならびに細胞分裂の期間および頻度が挙げられる。

【０１２２】

木材パルプは、様々な精製度合いを有する木質部から生成された繊維を指す。木材パルプは、紙、板紙、および化学製品を製造するために用いられうる。

【０１２３】

本発明は、本発明の構築物で形質転換した植物から木材、木材パルプ、紙、および油を得る方法を提供する。形質転換の方法およびトランスジェニック植物の選択の方法は当技術分野において公知である。例えば、マツは、米国特許出願公開第2002/0100083号に記載されているように、栽培され、成長しうる。ユーカリは、例えば、Mechanization in Short Rotation, Intensive Culture Forestry Conference, Mobile, AL, 1994で発表された、Rydelius, et al., Growing Eucalyptus for Pulp and Energyにおいてのように、栽培され、成長しうる。木材、木材パルプ、紙、および油は、当技術分野において公知の任意の手段により、植物から得ることができる。

【０１２４】

上記のように、本発明に従って得られた木材および木材パルプは、限定されるわけではないが、リグニン組成、リグニン構造、木質部組成、セルロース重合、繊維寸法、繊維対他の植物成分の比、植物細胞分裂、植物細胞発生、単位面積あたりの細胞数、細胞サイズ、細胞の形、細胞壁組成、木質部形成速度、木質部の美的外観、幹の欠陥の形成、成長速度、根形成速度、根対分枝の栄養発育の比、葉面積指数、および葉の形の任意の1つまたは複数を含む向上した特性を示すことができ、それらには、リグニン含有量の増加または減少、リグニンの化学的処理への利便性の増加、リグニンの反応性の向上、セルロース含有量の増加または減少、寸法安定性の増加、抗張力の増加、剪断強度の増加、圧縮応力の増加、衝撃抵抗の増加、剛性の増加、硬度の増加または減少、傾斜度の減少、収縮の減少、ならびに重量、密度、および比重における違いが挙げられる。

【０１２５】

表現型は、任意の適した手段により評価されうる。植物は、それらの一般的形態に基づいて評価されうる。トランスジェニック植物は、肉眼で観察されうる、重量を計られうる、およびそれらの高さを測定されうる。植物は、植物組織の個々の層、すなわち、師部、およびさらに分裂組織細胞へ区分される形成層、初期伸長、後期伸長、二次壁形成、および後期細胞成熟を単離することにより調べられうる。例えば、Hertzberg, 前記、参照。植物はまた、顕微鏡的分析または化学的分析を用いて評価されうる。

【０１２６】

顕微鏡的分析は、細胞型、発育段階、ならびに組織および細胞による染色取り込みを調べることを含む。繊維壁の厚さおよび木材パルプ繊維のミクロフィブリル傾角などの繊維形態が、例えば、顕微鏡透過偏光解析法を用いて観察されうる。Ye and Sundstrom, Tappi J., 80:181 (1997)参照。湿った木質部および立っている樹木における木質部強度、密

度、および木目傾斜は、多変量解析と併せて可視および近赤外スペクトルデータを測定することにより決定されうる。米国特許出願公開第2002/0107644号および第2002/0113212号参照。内腔サイズは、走査型電子顕微鏡を用いて測定されうる。リグニン構造および化学的性質は、Marita et al., J. Chem. Soc., Perkin Trans. I 2939 (2001)に記載されているように核磁気共鳴分光法を用いて観察されうる。

【０１２７】

リグニン、セルロース、糖質、および他の植物抽出物の生化学的特性は、分光測光法、蛍光分光法、HPLC、質量分析法、および組織染色方法を含む任意の公知の標準分析方法により評価されうる。

【０１２８】

キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ：キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ(XET)は、キシログルカン(XG)鎖を切断および再結合することができ、それに従って、細胞壁生合成の多くの局面に関与している。それは、細胞増殖の制御における重要な作用物質であると考えられ(Darley et al. (2001) Plant Mol. Biol. 47:179-195, Wu et al. (2005) Planta. 220(4):593-601)、植物の生長中に起こる果実の熟成、破生通気組織、器官離脱、および壁強化に必要とされる壁分解に関与している(Nishitani (1997) Int. Rev. Cytol. 173:157-206およびCampbell and Braam (1999) Trends Plant Sci. 4:361-366により概説されている)。

【０１２９】

いくつかの研究は、細胞壁形成中におけるXETの役割を実証している。例えば、XET活性は、ヒカゲノカズラ、シダ、裸子植物、単子葉植物、および双子葉植物を含む、数々の多様な維管束植物において細胞壁形成中に示されている。Vissenberg, K. et al. J. Exp Bot 54(381):335-44 (2003)。一次細胞壁形成中のその役割に加えて、ポプラの幹におけるインサイチューXET活性アッセイは、二次壁形成中の木部および師部繊維におけるXET活性を実証している。Borquin, N. Plant Cell 14(12):3073-88 (2002)。

【０１３０】

キシログルカンシンターゼ：キシログルカンシンターゼは、キシログルカン4-グルコシルトランスフェラーゼおよびキシログルカン6-キシロシルトランスフェラーゼの酵素系である。キシログルカンシンターゼは、UDP-キシロースおよびUDP-グルコースからのキシログルカンの形成を触媒し、グルコースおよびキシロースの同時転移はこの合成に必要である。キシログルカン6-キシロシルトランスフェラーゼは、UDP-D-キシロース由来のα-D-キシロシル残基をキシログルカンにおけるグルコース残基へ転移させ、α-1,6-D-キシロシル-D-グルコース結合を形成する。キシログルカン4-グルコシルトランスフェラーゼは、UDP-グルコース由来のβ-D-グルコシル残基をキシログルカンにおけるグルコース残基へ転移させ、β-1,4-D-グルコシル-D-グルコース結合を形成する(Hayashi, T. and Matsuda, K. J. Biol. Chem. 256(1981) 11117-11122, Hayashi, T. and Matsuda, K. Plant Cell Physiol. 22(1981) 517-523)。

【０１３１】

イールディンは、細胞壁の収量閾値を制御する細胞壁タンパク質である。Okamoto-Nakazato A. Plant Res. 115(4):309-13 (2002)。イールディンは、伸長成長中の細胞壁収量の制御に役割を果たすと考えられている。例えば、イールディンは黄化したササゲ実生において細胞伸長中に異なって発現している；イールディンは伸長の領域に局在し、細胞伸長の停止と共に消失することが示されている。Okamoto-Nakazato A et al. Plant Cell Physiol. 42(9):952-8 (2001)。

【０１３２】

本発明は、本明細書に記載された、特定の方法、プロトコル、ベクター、および試薬などには、これらがさ様々でありうるため、限定されないと理解されている。本明細書に用いられる専門用語は、特定の態様のみを記載する目的で用いられ、本発明の範囲を限定することを意図されないことも理解されているはずである。本明細書および添付の特許請求の範囲に用いられる場合、単数形「1つの(a)」、「1つの(an)」、および「その(the)」は

、文脈が明らかに他に規定しない限り、複数形の言及を含む。従って、例えば、「1つの遺伝子」への言及は、1つまたは複数の遺伝子への言及であり、当業者に公知のその等価物などを含む。実際、当業者は、任意の天然遺伝子(現在または後で知られた)を植物宿主系において発現するために本明細書に記載された方法を用いることができる。

【０１３３】

ポリヌクレオチド配列

本発明は、SEQ ID NO:1～230のポリヌクレオチド配列のいずれかからなる群より選択される配列を有するポリヌクレオチドを含む単離された核酸分子に関する。本発明はまた、SEQ ID NO:1～230のポリヌクレオチド配列の機能性断片を提供する。本発明はさらに、SEQ ID NO:1～230のポリヌクレオチド配列のいずれかに相補的な核酸、またはそれらの断片、およびSEQ ID NO:1～230のポリヌクレオチド配列のいずれかにハイブリダイズする少なくとも15個の連続した塩基を含む核酸を提供する。

【０１３４】

本発明は、SEQ ID NO:231～460のポリペプチド配列のいずれかからなる群より選択される配列を有するポリペプチドを含む、単離されたポリペプチド配列に関する。本発明はまた、SEQ ID NO:231～460のポリペプチド配列の機能性断片を提供する。

【０１３５】

「単離された」核酸分子とは、その天然環境から離された核酸分子、DNAまたはRNAを意味する。例えば、DNA構築物に含まれる組換えDNA分子は、本発明の目的のために単離されているとみなされる。単離されたDNA分子のさらなる例には、異種性宿主細胞に維持される組換えDNA分子、または溶液中の精製された(部分的にまたは実質的に)DNA分子が挙げられる。単離されたRNA分子には、本発明のDNA分子のインビトロRNA転写産物が挙げられる。本発明による単離された核酸分子には、さらに、合成的に作製されたそのような分子が挙げられる。

【０１３６】

本発明の核酸分子は、mRNAなどのRNAの形をとりうる、または、例えば、クローニングにより得られたかもしくは合成的に作製されたcDNAおよびゲノムDNAを含む、DNAの形をとりうる。DNAまたはRNAは二本鎖または一本鎖でありうる。一本鎖DNAは、センス鎖としても知られているコード鎖でありうる、またはそれは、アンチセンス鎖とも呼ばれる非コード鎖でありうる。

【０１３７】

他に規定がない限り、本明細書でDNA分子をシーケンシングすることにより決定されたすべてのヌクレオチド配列は、自動DNAシーケンサー(Applied Biosystems, Inc.製のModel 373など)を用いて決定され、本明細書で決定されたDNA分子によりコードされるポリペプチドのすべてのアミノ酸配列は、上記のように決定されたDNA配列の翻訳により予想された。それゆえに、この自動アプローチにより決定された任意のDNA配列について当技術分野において知られているように、本明細書で決定された任意のヌクレオチド配列はいくつかのエラーを含みうる。自動により決定されたヌクレオチド配列は、典型的には、シーケンシングされたDNA分子の実際のヌクレオチド配列と少なくとも約95%同一、より典型的には少なくとも約96%～少なくとも約99.9%同一である。実際の配列は、当技術分野において周知の、手作業のDNAシーケンシング方法を含む他のアプローチにより、より正確に決定されうる。当技術分野においてまた知られているように、実際の配列と比較した、決定されたヌクレオチド配列における単一の挿入または欠失は、決定されたヌクレオチド配列によりコードされる推定アミノ酸配列が、そのような挿入または欠失の地点から始まるシーケシングされたDNA分子により実際にコードされるアミノ酸配列と完全に異なりうるように、ヌクレオチド配列の翻訳においてフレームシフトを引き起こす。

【０１３８】

本明細書に示された各「ヌクレオチド配列」は、デオキシリボヌクレオチド(A、G、C、およびTと略される)の配列として提示される。しかしながら、核酸分子またはポリヌクレオチドの「ヌクレオチド配列」とは、DNA分子またはポリヌクレオチドについてデオキシ

リボヌクレオチドの配列、およびRNA分子またはポリヌクレオチドについて、特定されたデオキシヌクレオチド配列における各チミジンデオキシヌクレオチド(T)はリボヌクレオチドウリジン(U)に取って代わる、リボヌクレオチド(A、G、C、およびU)の対応する配列を意味する。

【０１３９】

本発明は、本明細書に記載される単離された核酸分子の断片も対象とする。SEQ ID NO:461～690に示されたポリヌクレオチド配列を有する単離されたDNA分子の断片とは、少なくとも15ヌクレオチド長、およびより好ましくは少なくとも20ヌクレオチド長、さらにより好ましくは少なくとも30ヌクレオチド長のDNA断片を意味し、診断用プローブおよびプライマーとして有用であることは以下でより詳細に考察されている。当然、本発明の核酸の全長までのより大きな核酸断片もまた、例えば、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 第3版, Sambrook & Russel編集, (2001), Cold Spring Harbor Laboratory Press(その開示の全体は参照により本明細書に組み入れられている)に記載されているように、通常のハイブリダイゼーション技術によりプローブとして、またはポリメラーゼ連鎖反応(PCR)による標的配列の増幅のためのプライマーとして、診断上有用である。例えば少なくとも20ヌクレオチド長の、断片とは、SEQ ID NO:1～230のヌクレオチド配列由来の20個またはそれ以上の連続した塩基を含む断片を意味する。SEQ ID NO:1～230に列挙されたヌクレオチド配列を含む核酸は、当業者にとって日常的であるDNA合成の通常の方法を用いて作製されうる。例えば、制限エンドヌクレアーゼ切断または超音波処理による剪断は、様々なサイズの断片を生成するために容易に用いられうる。または、本発明のDNA断片は、公知の技術に従って合成的に作製されうる。

【０１４０】

もう一つの局面において、本発明は、ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件下で上記の本発明の核酸分子におけるポリヌクレオチドの一部にハイブリダイズするポリヌクレオチドを含む単離された核酸分子を提供する。ポリヌクレオチドの「一部」にハイブリダイズするポリヌクレオチドとは、参照ポリヌクレオチドのうちの少なくとも約15ヌクレオチド、およびより好ましくは少なくとも約20ヌクレオチド、およびさらにより好ましくは少なくとも約30ヌクレオチド、およびよりいっそう好ましくは30個より多いヌクレオチドにハイブリダイズするポリヌクレオチド(DNAかRNAのいずれか)を意味する。参照断片にハイブリダイズするこれらの断片は、診断用プローブおよびプライマーとして有用である。本明細書に用いられる場合、プローブは、SEQ ID NO:1～230に示された核酸配列の1つの少なくとも約100個の連続した塩基として定義される。本発明の目的のために、2つの配列は、6X SSC、0.5%SDS、5Xデンハルト溶液、および100μgの非特異的担体DNAのハイブリダイゼーション溶液中に二本鎖複合体を形成する場合、ハイブリダイズする。Ausubel et al., section 2.9, supplement 27 (1994)参照。配列は、6X SSC、0.5%SDS、5Xデンハルト溶液、および100μgの非特異的担体DNAのハイブリダイゼーション溶液中の60℃の温度として定義される「中程度のストリンジェンシー」でハイブリダイズしうる。「高ストリンジェンシー」ハイブリダイゼーションについて、温度は68℃まで増加する。中程度のストリンジェンシーハイブリダイゼーション反応後、ヌクレオチドは、2X SSCプラス0.05%SDSの溶液中、室温で5回、洗浄され、その後、0.1X SSCプラス0.1%SDSで60℃、1h、洗浄される。高ストリンジェンシーについて、洗浄温度は68℃まで増加する。本発明の目的のために、ハイブリダイズしたヌクレオチドは、10,000cpm/ngの比放射能を有する1ngの放射標識プローブを用いて検出されるものであり、ハイブリダイズしたヌクレオチドは、-70℃でわずか72時間のX線フィルムへの曝露後、明確に視認できる。

【０１４１】

本出願は、SEQ ID NO:1～230に記載された核酸配列と少なくとも60%、65%、70%、75%、80%、85%、90%、95%、96%、97%、98%、99%、または100%同一であるそのような核酸分子に向けられる。しかしながら、好ましいのは、SEQ ID NO:1～230に示された核酸配列と少なくとも95%、96%、97%、98%、99%、または100%同一である核酸分子である。2つの核酸配列間の違いは、参照ヌクレオチドの5'もしくは3'末端位置で、またはそれらの末端位置の間

のどこでも、参照配列におけるヌクレオチド間に個々にまたは参照配列内の1つもしくは複数の連続した群で散在して、存在しうる。

【０１４２】

実際問題として、任意の特定の核酸分子が参照ヌクレオチド配列と少なくとも95%、96%、97%、98%、または99%同一であるかどうかは、当技術分野において周知の標準アルゴリズムを用いて2つの分子間でなされた比較を参照し、BLASTNアルゴリズムなどの公的に利用可能なコンピュータープログラムを用いて通常的に決定されうる。Altschul et al., Nucleic Acids Res. 25:3389-3402 (1997)参照。

【０１４３】

ポリヌクレオチドは、BLASTXアルゴリズムを用いて分析されることができ、それは、ヌクレオチド質問配列(両鎖)の6フレームの概念的翻訳産物をタンパク質配列データベースに対して比較する。ポリペプチド配列の類似性は、BLASTPアルゴリズムを用いて調べられうる。BLASTN、BLASTX、およびBLASTPプログラムは、National Center for Biotechnology Information (NCBI) National Library of Medicine, Building 38A, Room 8N805, Bethesda, MD 20894, USAから入手できる。BLASTNアルゴリズムバージョン2.0.4[Feb-24-1998]およびバージョン2.0.6[Sept-16-1998]は、説明書に記載され、かつアルゴリズムと共に配信されるデフォルトパラメーターに設定されており、本発明によるポリヌクレオチド変異体の決定に用いるのに好ましい。BLASTPアルゴリズムは、本発明によるポリペプチド変異体の決定に用いるのに好ましい。コンピューターアルゴリズムFASTAは、David Hudson, Assistance Provost for Research, University of Virginia, PO Box 9025, Charlottesville, VAと連絡をとることによりUniversity of Virginiaから利用可能である。バージョン2.0u4[February 1996]は、説明書に記載され、かつアルゴリズムと共に配信されるデフォルトパラメーターに設定されており、本発明による変異体の決定に用いられうる。FASTAアルゴリズムの使用は、Pearson and Lipman, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:2444-2448, 1988;およびPearson, Methods in Enzymol. 183:63-98, 1990に記載されている。

【０１４４】

以下の実行パラメーターは、ポリヌクレオチド配列についてのE値および同一性比率に寄与するBLASTNを用いてのアラインメントおよび類似性の決定に好ましい：Unix実行コマンド：blastall -p blastn -d embldb -e 10 -G 0 -E 0 -r 1 -v 30 -b 30 -i 質問配列 -o 結果；パラメーターは以下である：-p プログラム名[文字列]；-d データベース[文字列]；-e 期待値(E)[実数]；-G ギャップ開始コスト(ゼロはデフォルト行動を呼び出す)[整数]；-E ギャップ伸長コスト(ゼロはデフォルト行動を呼び出す)[整数]；-r ヌクレオチド一致の報酬(blastnのみ)[整数]；-v 1行記載の数(V)[整数]；-b 示されるアラインメントの数(B)[整数]；-i 質問ファイル[ファイルイン]；および-o BLAST報告出力ファイル[ファイルアウト]任意。

【０１４５】

以下の実行パラメーターは、ポリペプチド配列のE値および同一性比率に寄与するBLASTPを用いてのアラインメントおよび類似性の決定に好ましい：blastall -p blastp -d swissprotdb -e 10 -G 0 -E 0 -v 30 -b 30 -i 質問配列 -o 結果；パラメーターは以下である：-p プログラム名[文字列]；-d データベース[文字列]；-e 期待値(E)[実数]；-G ギャップ開始コスト(ゼロはデフォルト行動を呼び出す)[整数]；-E ギャップ伸長コスト(ゼロはデフォルト行動を呼び出す)[整数]；-v 1行記載の数(V)[整数]；-b 示されるアラインメントの数(b)[整数]；-I 質問ファイル[ファイルイン]；および-o BLAST報告出力ファイル[ファイルアウト]任意。

【０１４６】

BLASTN、FASTA、BLASTP、または類似したアルゴリズムにより生じた、質問配列による1つまたは複数のデータベース配列に対する「ヒット」は、配列の類似した部分を整列させ、同定する。ヒットは、類似性の程度および配列重複の長さの順に並べられる。データベース配列に対するヒットは、一般的に、質問配列の配列長のわずかな部分のみに対する重

複を表す。

【０１４７】

BLASTN、FASTA、およびBLASTPアルゴリズムはまた、アラインメントについて「期待」値を生じる。期待値(E)は、特定のサイズのデータベースを検索する場合、特定の数の連続した配列に対して偶然見ることを「期待」できるヒットの数を示す。期待値は、好ましいEMBLデータベースなどのデータベースに対するヒットが真の類似性を示すかどうかを決定するための有意な閾値として用いられる。例えば、ポリヌクレオチドヒットに割り当てられた0.1のE値は、EMBLデータベースのサイズのデータベースにおいて、単に偶然により類似したスコアを有する配列の整列した部分に対して0.1の一致を見ることを期待するという意味と解釈される。この基準により、ポリヌクレオチド配列の整列し、かつ一致した部分は、その時、同一であることについて90%の確率を有する。整列し、かつ一致した部分に対して0.01またはそれ未満のE値を有する配列について、EMBLデータベースにおいて偶然に一致する確率は、BLASTNまたはFASTAアルゴリズムを用いて1%またはそれ未満である。

【０１４８】

一つの態様により、本発明のポリヌクレオチドおよびポリペプチドのそれぞれに関する「変異体」ポリヌクレオチドおよびポリペプチドは、好ましくは、本発明のポリヌクレオチドまたはポリペプチドのそれぞれより同じ数もしくはそれ未満の核酸またはアミノ酸を有し、かつ本発明のポリヌクレオチドまたはポリペプチドと比較した場合、0.01以下のE値を生じる配列を含む。すなわち、変異体ポリヌクレオチドまたはポリペプチドは、上記のパラメーターに設定されたBLASTN、FASTA、またはBLASTPアルゴリズムを用いて0.01以下のE値を有すると測定される、本発明のポリヌクレオチドまたはポリペプチドと同一であることについて少なくとも99%の確率を有する任意の配列である。

【０１４９】

または、本発明の変異体ポリヌクレオチドは、SEQ ID NO:1～230に列挙されたポリヌクレオチド配列、またはそれらの配列の、相補体、逆配列、もしくは逆相補体に、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズする。

【０１５０】

本発明はまた、開示された配列と異なるが、遺伝暗号の縮重の結果として、本発明のポリヌクレオチドによりコードされるものと同じであるポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを含む。従って、SEQ ID NO:1～230に列挙されたポリヌクレオチド配列と異なる配列を含むポリヌクレオチド；または、保存的置換の結果としての、それらの相補体、逆配列、もしくは逆相補体が本発明により企図され、かつ本発明内に含まれる。さらに、SEQ ID NO:1～230に列挙されたポリヌクレオチド配列と異なる配列を含むポリヌクレオチド、または、合計で全配列長の10%未満となる欠失および/もしくは挿入の結果としての、それらの相補体、逆相補体、もしくは逆配列もまた、本発明により企図され、かつ本発明内に含まれる。同様に、合計で全配列長の10%未満となる置換、挿入、および/もしくは欠失の結果として、SEQ ID NO:231～460に列挙されたポリペプチド配列と異なる配列を含むポリペプチドが、本発明により企図され、かつ本発明内に含まれる。特定の態様において、発明のポリペプチドの変異体は、発明のポリペプチドのものと同じまたは類似している生物活性を有する。そのような変異体ポリペプチドは、細胞壁生合成および発達、ならびに/または木質部発達中に機能する。

【０１５１】

発明のポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列との特定された同一性比率を有することに加えて、変異体ポリヌクレオチドおよびポリペプチドは、好ましくは、発明のポリヌクレオチドまたはポリペプチドと共通した追加の構造的および/または機能的特徴を有する。本発明のポリペプチドとの特定された同一度を有するポリペプチドは、それらの一次構造において高い類似度を共有し、実質的に類似した機能的性質を有する。本発明のポリヌクレオチドとのそれらの一次構造において高い類似度を共有することに加えて、発明のポリヌクレオチドとの特定された同一度を有する、または発明のポリヌクレオチドにハイ

ブリダイズする能力を有するポリヌクレオチドは、好ましくは、以下の特徴の少なくとも1つを有する：(i)それらは、発明のポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチドと同じ機能的性質を実質的に有するポリペプチドをコードするオープンリーディングフレームもしくは部分的オープンリーディングフレームを含む；または(ii)それらは共通したドメインを有する。

【０１５２】

プロモーター

本発明のポリヌクレオチドは、植物の組織においてポリペプチドまたはタンパク質の発現を特異的に指示するために用いられうる。本発明の核酸はまた、植物の組織において、ターゲットされた遺伝子の発現を阻害するまたは完全にブロックするのに有用でありうる、アンチセンスRNA、または低分子干渉RNA(siRNA)などのRNA干渉(RNAi)に関与するRNAの発現を特異的に指示するために用いられうる。本明細書に用いられる場合、維管束植物組織は、木部、師部、または維管束形成層組織を指す。好ましくは、本発明のプロモーターは、「木部優先」、「形成層優先」、または「師部優先」のいずれかであり、それぞれ、木部、形成層、または師部において機能的に連結された核酸セグメントの発現を指示する。本明細書に用いられる場合、「コード生成物」は、プロモーターに機能的に連結されている核酸の最終生成物を意味するよう意図される。例えば、タンパク質またはポリペプチドはコード生成物であり、同様に、アンチセンスRNAまたはsiRNAは、アンチセンスRNAをコードする核酸の最終生成物である。コード生成物はまた、非翻訳mRNAでありうる。ポリペプチドおよびタンパク質という用語は、本明細書で交換可能に用いられる。例えば、木部優先は、本発明の核酸分子が任意の他の植物組織においてより木部において活性がより高いことを意味するよう意図される。より好ましくは、本発明の核酸は、木部、形成層、または師部において特異的に活性があるプロモーターであり、プロモーターが、それぞれ、植物の木部、形成層、または師部組織においてのみ活性があることを意味する。換言すれば、例えば、「木部特異的」プロモーターは、検出可能なレベルのコード産物が、植物の木部組織においてのみ発現するようにコード産物の発現を作動させる。しかしながら、植物における溶質輸送のため、木部、師部、または形成層に特異的に発現しているコード産物は、植物のどこでも見出されることができ、従って、その存在は、必ずしも木部組織に限局しているとは限らない。他方、維管束優先プロモーターは、木部、師部、もしくは形成層組織のいずれかにおいて、またはその3つの組織型の少なくとも2つにおいて優先的に活性でありうる。維管束特異的プロモーターは、木部、師部、もしくは形成層のいずれかにおいて、またはその3つの少なくとも2つにおいて、特異的に活性である。

【０１５３】

本明細書に用いられる場合、プロモーターは、RNAポリメラーゼおよび/または他の転写制御エレメントを結合する核酸、好ましくはDNA、を意味するよう意図される。いかなるプロモーターとも同様に、本発明のプロモーターは、プロモーターに機能的に連結されている核酸分子からmRNA分子を生成するようにDNAまたはRNAの転写を促進または調節する。RNAは、タンパク質もしくはポリペプチドをコードしうる、またはRNA干渉もしくはアンチセンス分子をコードしうる。本明細書に用いられる場合、「機能的に連結された」とは、プロモーター-核酸配列組み合わせが、核酸配列がRNAセグメントへ転写されるために適切な配向で形成されるようなDNAの化学的融合、ライゲーション、または合成を指すように意図される。本発明のプロモーターはまた、その結果として生じるmRNA転写産物の5'非翻訳領域(5'UTR)の一部または全部を含みうる。他方、本発明のプロモーターは、必ずしも5'UTRのいずれかを有する必要はない。

【０１５４】

本明細書に用いられる場合、プロモーターはまた、制御エレメントを含みうる。逆に、制御エレメントはまた、プロモーターから分離しうる。制御エレメントは、プロモーター領域にいくつかの重要な特性を与える。いくつかのエレメントは、機能的に連結された核酸の転写速度を増強する転写因子を結合する。他のエレメントは、転写活性を阻害するリプレッサーを結合する。転写因子のプロモーター活性への効果は、プロモーター活性が高

いか低いか、すなわち、プロモーターが「強い」か「弱い」かを決定しうる。

【０１５５】

もう一つの態様において、構成的プロモーターが、発明のポリヌクレオチド配列を発現するために用いられうる。細胞壁または木質部の生合成遺伝子を発現するのに有用でありうる構成的植物プロモーターの例：大部分の植物組織において恒常的な高レベル発現を与える、カリフラワーモザイクウイルス(CaMV)35Sプロモーター(Odel et al. Nature 313:810 (1985))；ノパリンシンターゼプロモーター(An et al. Plant Physiol. 88:547 (1988))；およびオクトピンシンターゼプロモーター(Fromm et al., Plant Cell 1:977 (1989))。

【０１５６】

もう一つの態様において、様々な誘導性植物遺伝子プロモーターが、発明のポリヌクレオチド配列を発現するために用いられうる。誘導性プロモーターは、環境的シグナル、ホルモンシグナル、または化学的シグナルに応答して遺伝子発現を制御する。ホルモン誘導性プロモーターの例には、オーキシン誘導性プロモーター(Baumann et al. Plant Cell 11:323-334 (1999))、サイトカイン誘導性プロモーター(Guevara-Garcia Plant Mol. Biol. 38:743-753 (1998))、およびジベレリン応答性プロモーター(Shi et al. Plant Mol. Biol. 38:1053-1060 (1998))が挙げられる。または、熱、光、創傷、病原体抵抗性、およびメチルジャスモン酸またはサリチル酸などの化学物質に応答性のプロモーターが、発明のポリヌクレオチド配列を発現するために用いられうる。

【０１５７】

DNA構築物

本発明は、本発明の単離された核酸分子を含むDNA構築物およびポリペプチド配列を提供する。一つの態様において、本発明のDNA構築物は、A. ツメファシエンス(A. tumefaciens)由来のTi-プラスミドである。

【０１５８】

本発明の核酸構築物の開発において、構築物またはその断片の様々な構成要素が、通常には、好都合なクローニングベクター、例えば、細菌宿主、例えば、大腸菌(E. coli)、において複製の能力を有するプラスミド、へ挿入される。文献に記載されている多数のベクターが存在し、それらの多くは、市販されている。各クローニング後、所望の挿入断片を含むクローニングベクターが単離され、所望の配列の構成要素を仕立てるために、制限消化、新しい断片またはヌクレオチドの挿入、ライゲーション、除去、突然変異、切除などのさらなる操作にかけられうる。いったん構築物が完成すると、それは続いて、宿主細胞の形質転換の様式に従ってさらなる操作のために適切なベクターへ移入されうる。

【０１５９】

本発明の組換えDNA分子は、典型的には、形質転換された細胞が容易に同定され、非形質転換細胞から選択されうるように、選択可能マーカーを含む。そのようなマーカーの例には、限定されるわけではないが、カナマイシン耐性を与える、ネオマイシンホスホトランスフェラーゼ(nptII)遺伝子(Potrykus et al., Mol. Gen. Genet. 199:183-188 (1985))が挙げられる。nptII遺伝子を発現する細胞は、カナマイシンまたはG418などの適切な抗生物質を用いて選択されうる。他の一般的に用いられる選択可能マーカーには、ビアラホス耐性を与えるbar遺伝子；グリホセート耐性を与える突然変異体EPSPシンターゼ遺伝子(Hinchee et al., Bio/Technology 6:915-922 (1988))；およびイミダゾリノンまたはスルホニル尿素耐性を与える突然変異体アセト乳酸シンターゼ遺伝子(ALS)(欧州特許出願第154,204号、1985)が挙げられる。

【０１６０】

さらに、ベクターは、特定の宿主細胞についての複製起点(レプリコン)を含みうる。様々な原核生物レプリコンが当業者に公知であり、原核生物宿主細胞において組換え分子の自律増殖および維持を誘導するように機能する。

【０１６１】

ベクターは、好ましくは、植物細胞における選択のための選択可能マーカーを含む。ト

ランスフェクションされた植物細胞を選択するのに用いる多数の選択可能マーカーは、限定されるわけではないが、大腸菌、A. ツメファシエンス、および他の細菌における培養について、カナマイシン、グリホセート耐性遺伝子、およびテトラサイクリンまたはアンピシリン耐性を含む。

【０１６２】

小胞体の内腔、細胞膜周辺腔へ、または細胞外環境への翻訳されたタンパク質の分泌のために、適切な分泌シグナルが、発現したポリペプチドへ組み入れられうる。シグナルは、ポリペプチドに対して内因性でありうる、またはそれらは異種シグナルでありうる。

【０１６３】

一つの態様において、本発明のDNA構築物は、本明細書に記載されたポリヌクレオチド配列が組織特異的プロモーターに機能的に連結されているような様式で設計される。好ましくは、ポリヌクレオチドは、木質部または細胞壁生合成に関与するポリペプチドをコードする。木質部または細胞壁生合成に関与する酵素の多くをコードするポリヌクレオチドには、限定されるわけではないが、桂皮アルコールデヒドロゲナーゼ(CAD)、桂皮酸4-ヒドロキシラーゼ(C4H)、クマリン酸3-ヒドロキシラーゼ(C3H)、フェノラーゼ(PNL)、O-メチルトランスフェラーゼ(OMT)、シンナモイル-CoAレダクターゼ(CCR)、フェニルアラニンアンモニアリアーゼ(PAL)、4-クマリン酸：CoAリガーゼ(4CL)、およびマツ由来のペルオキシダーゼ(POX)が挙げられる。米国特許第6,204,434号。他の酵素には、コニフェリンβ-グルコシダーゼ(CBG)およびコーヒー酸3-O-メチルトランスフェラーゼ(COMT)が挙げられる。米国特許第5,451,514号、WO 94/23044、およびDharmawardhana et al., Plant Mol. Biol. 40:365-72 (1999)。

【０１６４】

もう一つの態様において、プロモーターに機能的に連結されたコード配列は、木質部もしくは細胞壁の生合成に関与する酵素の発現または活性を阻害する遺伝子産物をコードしうる。例えば、リグニン生合成の調節において特に関心対象となるのは、4CL、CAD、LIM、TED2、またはCOMTをコードするアンチセンス遺伝子である。

【０１６５】

さらなる態様において、本発明のDNA構築物は、本発明のポリヌクレオチド配列が、対象となるポリペプチドをコードする遺伝子に対応するアンチセンスRNAまたは干渉RNAをコードするDNAまたはRNAに機能的に連結されて、結果としてターゲットされた遺伝子産物の発現の減少を生じるように設計される。好ましくは、抑制のためにターゲットされる遺伝子産物は、リグニン生合成に関与する酵素である。遺伝子発現のRNAi阻害の使用は、米国特許第6,506,559号に記載されており、植物において遺伝子発現を阻害するためのRNAiの使用は、特に、WO 99/61631に記載されており、両方の特許は参照により本明細書に組み入れられている。

【０１６６】

特定の植物遺伝子の発現を低減または阻害するためのアンチセンス技術の使用は、例えば、欧州特許出願公開第271988号に記載されている。遺伝子発現の低減は、全体の目に見える表現型の違いのレベルで、例えば、赤色果実よりむしろ黄色果実の産生へをもたらすトマトの果実におけるリコピン合成の欠損、またはより微妙な生化学的レベルで、例えば、トマト果実熟成中のポリガラクツロナーゼの量の変化およびペクチンの脱重合の低下、のいずれかでの植物の表現型の変化へ導く(Smith et. al., Nature, 334:724-726 (1988); Smith et. al., Plant Mol. Biol., 14:369-379 (1990))。このように、アンチセンスRNAは、植物において遺伝子発現の低減を達成するのに有用であることが実証されている。

【０１６７】

一つの態様において、植物の内側で転写され、アンチセンスRNA転写産物を生じる能力を有する発明のポリヌクレオチド配列は、植物へ、例えば、植物細胞へ、導入される。発明のポリヌクレオチドは、例えば、遺伝子配列のそのプロモーターに対しての配向を逆転させることにより、調製されうる。植物細胞における外因性DNAの転写は、その遺伝子に関して「アンチセンス」である細胞内RNA転写産物を生じる。

【０１６８】
本発明はまた、本発明のDNA構築物を含む宿主細胞を提供する。本明細書に用いられる場合、宿主細胞は、コード産物が最終的に発現する細胞を指す。従って、宿主細胞は、個々の細胞、細胞培養物、または生物体の一部としての細胞でありうる。宿主細胞はまた、胚、胚乳、精子もしくは卵子、または受精卵の一部でありうる。
【０１６９】
従って、本発明はまた、本発明のDNA構築物を含む植物または植物細胞を提供する。好ましくは、植物は、被子植物または裸子植物である。本発明の発現構築物は、単子葉植物(例えば、イネ科植物、トウモロコシ、穀物植物、カラスムギ、コムギ、およびオオムギ)、双子葉植物(例えば、シロイヌナズナ、タバコ、マメ科植物、アルファルファ、オーク、ユーカリ、カエデ)、および裸子植物(例えば、ヨーロッパアカマツ；Aronen, Finnish Forest Res. Papaers, Vol. 595, 1996)のどれでも、シロトウヒ(Ellis et al., Biotechnology 11:84-89, 1993)、ならびにカラマツ(Huang et al., In Vitro Cell 27:201-207, 1991)などの様々な植物を形質転換するために用いられうる。
【０１７０】
好ましい態様において、発明の発現ベクターは、幹が何年も生存し、木質組織の追加により直径が毎年増加する樹木または低木として本明細書で定義される木本を形質転換するために用いられる。好ましくは、標的植物は、ユーカリ種およびマツ種からなる群より、最も好ましくは、ユーカリプタス・グランディスおよびその雑種、ならびにピヌス・テーダからなる群より選択される。また好ましいのは、標的植物は、ピヌス・バンクシアナ(Pinus banksiana)、ピヌス・ブルチア(Pinus brutia)、ピヌス・カリバエ(Pinus caribaea)、ピヌス・クラスサ(Pinus clasusa)、ピヌス・コントルタ(Pinus contorta)、ピヌス・コールテリ(Pinus coulteri)、ピヌス・エチナタ(Pinus echinata)、ピヌス・エルダリカ(Pinus eldarica)、ピヌス・エリオッティー(Pinus ellioti)、ピヌス・ジェフレイ(Pinus jeffreyi)、ピヌス・ランベルチアナ(Pinus lambertiana)、ピヌス・マッソニアナ(Pinus massoniana)、ピヌス・モンチコーラ(Pinus monticola)、ピヌス・ニグラ(Pinus nigra)、ピヌス・パルストルス(Pinus palustrus)、ピヌス・ピナスター(pinus pinaster)、ピヌス・ポンデロサ(Pinus ponderosa)、ピヌス・ラジアータ(Pinus radiata)、ピヌス・レシノサ(Pinus resinosa)、ピヌス・リギダ(Pinus rigida)、ピヌス・セロチナ(Pinus serotina)、ピヌス・ストローブス(Pinus strobus)、ピヌス・シルベストリス(Pinus sylvestris)、ピヌス・テーダ(Pinus taeda)、ピヌス・ビルジニアナ(Pinus virginiana)、アビーズ・アマビリス(Abies amabilis)、アビーズ・バルサメア(Abies balsamea)、アビーズ・コンコロル(Abies concolor)、アビーズ・グランディス(Abies grandis)、アビーズ・ラシオカルパ(Abies lasiocarpa)、アビーズ・マグニフィカ(Abies magnifica)、アビーズ・プロセラ(Abies procera)、カメシパリス・ラウソニオナ(Chamaecyparis lawsoniona)、カメシパリス・ノーツカテンシス(Chamaecyparis nootkatensis)、カメシパリス・チュオイデス(Chamaecyparis thyoides)、ジュニペルス・ビルジニアナ(Juniperus virginiana)、ラリックス・デシデュア(Larix decidua)、ラリックス・ラリシナ(Larix laricina)、ラリックス・レプトレピス(Larix leptolepis)、ラリックス・オシデンタリス(Larix occidentalis)、ラリックス・シベリカ(Larix siberica)、リボセドルス・デクレンス(Libocedrus decurrens)、ピセア・アビーズ(Picea abies)、ピセア・エンゲルマンニ(Picea engelmanni)、ピセア・グラウカ(Picea glauca)、ピセア・マリアナ(Picea mariana)、ピセア・プンゲンス(Picea pungens)、ピセア・ルベンス(Picea rubens)、ピセア・シトチェンシス(Picea sitchensis)、シュードツガ・メンチーシー(Pseudotsuga menziesii)、セコイア・ギガンテア(Sequoia gigantea)、セコイア・セムペルビレンス(Sequoia sempervirens)、タキソジウム・ディスティチューム(Taxodium distichum)、ツガ・カナデンシス(Tsuga canadensis)、ツガ・ヘテロフィラ(Tsuga heterophylla)、ツガ・メルテンシアナ(Tsuga mertensiana)、ツージャ・オシデンタリス(Thuja occidentalis)、ツージャ・プリカタ(Thuja plicata)、ユーカリプタス・アルバ(Eucalyptus alba)、ユーカリプタス・バンクロフティー(Eucalyptus bancroftii)、ユーカリプタス・ボトリオイデス(Eu

calyptus botryoides)、ユーカリプタス・ブリッジシアナ(Eucalyptus bridgesiana)、ユーカリプタス・カロフィラ(Eucalyptus calophylla)、ユーカリプタス・カマルデュレンシス(Eucalyptus camaldulensis)、ユーカリプタス・シトリオドラ(Eucalyptus citriodora)、ユーカリプタス・クラドカリックス(Eucalyptus cladocalyx)、ユーカリプタス・コシフェラ(Eucalyptus coccifera)、ユーカリプタス・クルチシー(Eucalyptus curtisii)、ユーカリプタス・ダルリムプレアナ(Eucalyptus dalrympleana)、ユーカリプタス・デグルプタ(Eucalyptus deglupta)、ユーカリプタス・デラガテンシス(Eucalyptus delagatensis)、ユーカリプタス・ジベルシコロル(Eucalyptus diversicolor)、ユーカリプタス・デュンニー(Eucalyptus dunnii)、ユーカリプタス・フィシフォリア(Eucalyptus ficifolia)、ユーカリプタス・グロブルス(Eucalyptus globulus)、ユーカリプタス・ゴムフォセファラ(Eucalyptus gomphocephala)、ユーカリプタス・グンニー(Eucalyptus gunnii)、ユーカリプタス・ヘンリ(Eucalyptus henryi)、ユーカリプタス・ラエボピネア(Eucalyptus laevopinea)、ユーカリプタス・マカルスリー(Eucalyptus macarthurii)、ユーカリプタス・マクロリンカ(Eucalyptus macrorhyncha)、ユーカリプタス・マクラタ(Eucalyptus maculata)、ユーカリプタス・マルジナタ(Eucalyptus marginata)、ユーカリプタス・メガカルパ(Eucalyptus megacarpa)、ユーカリプタス・メリオドラ(Eucalyptus melliodora)、ユーカリプタス・ニコリー(Eucalyptus nicholii)、ユーカリプタス・ニテンス(Eucalyptus nitens)、ユーカリプタス・ノバ-アンゼリカ(Eucalyptus nova-angelica)、ユーカリプタス・オブリクア(Eucalyptus obliqua)、ユーカリプタス・オシデンタリス(Eucalyptus occidentalis)、ユーカリプタス・オブツシフロラ(Eucalyptus obtusiflora)、ユーカリプタス・オレアデス(Eucalyptus oreades)、ユーカリプタス・パウシフロラ(Eucalyptus pauciflora)、ユーカリプタス・ポリブラクテア(Eucalyptus polybractea)、ユーカリプタス・レグナンス(Eucalyptus regnans)、ユーカリプタス・レシニフェラ(Eucalyptus resinifera)、ユーカリプタス・ロブスタ(Eucalyptus robusta)、ユーカリプタス・ルディス(Eucalyptus rudis)、ユーカリプタス・サリグナ(Eucalyptus saligna)、ユーカリプタス・シデロキシロン(Eucalyptus sideroxylon)、ユーカリプタス・スツアルチアナ(Eucalyptus stuartiana))、ユーカリプタス・テレチコルニス(Eucalyptus tereticornis)、ユーカリプタス・トレリアナ(Eucalyptus torelliana)、ユーカリプタス・ウルニゲラ(Eucalyptus urnigera)、ユーカリプタス・ウロフィラ(Eucalyptus urophylla)、ユーカリプタス・ビミナリス(Eucalyptus viminalis)、ユーカリプタス・ビリディス(Eucalyptus viridis)、ユーカリプタス・ワンドー(Eucalyptus wandoo)、およびユーカリプタス・ヨウマンニ(Eucalyptus youmanni)からなる群より選択される。

【０１７１】

特に、トランスジェニック植物は、種のユーカリプタス・グランディスまたはその雑種、ピヌス・ラジアータ、ピヌス・テーダL(テーダマツ)、ポプルス・ニグラ(Populus nigra)、ポプルス・デルトイデス(Populus deltoides)、ポプルス・アルバ(Populus alba)、またはポプラ属の雑種、アカシア・マンジウム(Acacia mangium)、またはリクイダンバー・スチラシフルア(Liquidamber styraciflua)でありうる。「植物」という用語は、植物の通常の意味を越えて、植物の果実、種子、花、円錐体なども意味するように意図される。本発明の植物は、DNA構築物が植物へ、例えばアグロバクテリウムを通して、直接導入されたことを意味する、直接のトランスフェクタントでありうる、または植物は、トランスフェクションされた植物の後代でありうる。第二世代または次の世代の植物は、有性生殖、すなわち、受精により産生されてもよいし、受精でなくてもよい。さらに、植物は、配偶体(単相期)または胞子体(複相期)でありうる。

【０１７２】

一つの態様において、本発明は、細胞壁生合成に関与する植物木質部および細胞壁タンパク質をコードする、または部分的にコードする、単離されたポリヌクレオチドを提供する。本発明のポリヌクレオチドは、ユーカリプタス・グランディスおよびピヌス・ラジアータから単離されたが、任意の植物種から単離されてもよい、または通常の合成技術を用いて合成されてもよい。

【０１７３】
特定の態様において、本発明の単離されたポリヌクレオチドは、その用語が本明細書に記載されている場合、SEQ ID NO:1～230として同定された配列；SEQ ID NO:1～230として同定された配列の相補体；SEQ ID NO:1～230として同定された配列の逆相補体；SEQ ID NO:1～230として同定された配列の逆配列；上記のポリヌクレオチドのいずれかのうちの少なくとも特定された数の連続した残基(x-mer)を含む配列；上記のポリヌクレオチドのいずれかに対応する拡張配列；上記のポリヌクレオチドのいずれかに対応するアンチセンス配列；および上記のポリヌクレオチドのいずれかの変異体からなる群より選択される配列を含む。

【０１７４】
もう一つの局面において、本発明は、SEQ ID NO:231～460のポリヌクレオチドによりコードされる単離されたポリペプチドを提供する。

【０１７５】
ユーカリプタス・グランディスおよびピヌス・ラジアータcDNA発現ライブラリーは、成熟シュート芽(shoot bud)、早材師部、花組織、葉組織、細根、構造根、木部、または早材木部から調製された。挿入断片を含む陽性クローン由来のcDNA配列は、当技術分野において公知の方法を用いて得られた。決定されたcDNA配列は、コンピューターアルゴリズムFASTAおよび/またはBLASTNを用いて公開データベース(EMBL)における既知の配列と比較された。重複性配列の多重アラインメントが、信頼できるコンセンサス配列を構築するために用いられた。決定されたcDNA配列は、SEQ ID NO:1～230に提供されている。推定のポリペプチド配列は、SEQ ID NO:231～460に提供されている。

【０１７６】
他の植物種由来の既知の配列との類似性に基づいて、単離されたポリヌクレオチド配列は、表1および2に列挙されているように、木質部および細胞壁タンパク質をコードすると同定された。ポリペプチド配列は、公的に利用可能なアノテーションソフトウェアで分析された。EMBLの公的に利用可能な「InterPro Scan」が本ポリペプチド配列においてモチーフおよびドメインを同定するために用いられた。InterProは、既知のタンパク質に見出された同定可能な特徴が未知のタンパク質配列に適用されうる、タンパク質ファミリー、ドメイン、および機能性部位のデータベースである。Mulder, N.J. et al. 2003, Nucl Acid Res. 31:315-318。

【０１７７】
表1および2に示されているように、本発明のポリヌクレオチドは、木質部および細胞壁のタンパク質をコードする。これらのポリヌクレオチドは、細胞壁の生合成および発達を制御するために用いられうる。

【０１７８】
（表１）P. ラジアータから単離された細胞壁タンパク質

タンパク質ファミリー	ポリヌクレオチド SEQ ID NO	ポリペプチド SEQ ID NO
1,3-β-D-グルカナーゼ	3-29	233-259
α-エクスパンシン	111-130	341-360
カルネキシン	1-2	231-232
ディリジェント	91-110	321-340
エンド-1,4-β-キシラナーゼ	30	260
エキソ-1,4-β-キシラナーゼ	31-37	261-267
グルカン1,3-β-グルコシダーゼ	38-44	268-274
リケニナーゼ (Licheninase)	45-52	275-282
マンノース-6-リン酸 イソメラーゼ	58	288
マンノース-1-リン酸 グアニリルトランスフェラーゼ	53-57	283-287
スクロースリン酸シンターゼ	59-60	289-290
キシログルカン：キシログルコシル トランスフェラーゼ	61-90	291-320
イールディン	131	361

【０１７９】

（表２）E. グランディスから単離された木質部および細胞壁のタンパク質

タンパク質ファミリー	ポリヌクレオチド SEQ ID NO	ポリペプチド SEQ ID NO
1,3-β-D-グルカナーゼ	142-158	372-388
α-エクスパンシン	217-228	447-458
カルネキシン	132-136	362-366
ディリジェント	208-216	438-446
エンド-1,4-β-キシラナーゼ	159-161	389-391
エキソ-1,4-β-キシラナーゼ	162-165	392-395
グルカン1,3-β-グルコシダーゼ	166-172	396-402
リケニナーゼ	173-179	403-409
マンノース-6-リン酸 イソメラーゼ	183	413
マンノース-1-リン酸 グアニリルトランスフェラーゼ	180-182	410-412
スクロースリン酸シンターゼ	184-186	414-416
スクロースシンターゼ	137-141	367-371
キシログルカン：キシログルコシル トランスフェラーゼ	187-207	417-437
イールディン	229-230	459-460

【０１８０】

本発明のポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチドは、発現し、それらの生物活性を測定するために様々なアッセイに用いられうる。そのようなポリペプチドは、抗体を産生するために、対応する相互作用タンパク質または他の化合物を単離するために、および相互作用タンパク質または他の化合物のレベルを定量的に測定するために、用いられうる。

【０１８１】

植物の形質転換および再生

本ポリヌクレオチドおよびポリペプチドは、標的宿主細胞へ組換え配列を導入するための当技術分野において公知の標準手順により宿主植物細胞へ導入されうる。そのような手順には、限定されるわけではないが、トランスフェクション、感染、形質転換、自然取り込み、エレクトロポレーション、微粒子銃、およびアグロバクテリウムが挙げられる。外来遺伝子を植物へ導入するための方法は、当技術分野において公知であり、本発明の構築物を植物宿主へ挿入するために用いられることができ、生物学的および物理的植物形質転換プロトコルを含む。例えば、Miki et al., 1993, 「Procedure for Introducing Foreign DNA into Plants」, Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Glick and Thompson, eds., CRC Press, Inc., Boca Raton, 67-88頁参照。選択される方法は、宿主植物によって異なり、リン酸カルシウムなどの化学的トランスフェクション方法、アグロバクテリウムなどの微生物媒介性遺伝子移入(Horsch et al., Science 227:1229-31, 1985)、エレクトロポレーション、マイクロインジェクション、および微粒子銃を含む。

【０１８２】

従って、本発明はまた、本発明のポリヌクレオチドまたはポリペプチドを含む植物または植物細胞を提供する。一つの態様において、植物は、被子植物または裸子植物である。もう一つの態様において、植物は、ユーカリ種およびマツ種から選択される。特に、トラ

ンスジェニック植物は、ユーカリプタス・グランディス種および雑種、ピヌス・ラジアータ、ピヌス・テーダL(テーダマツ)、ポプルス・ニグラ、ポプルス・デルトイデス、またはリクイダンバー・スチラシフルアの種でありうる。「植物」という用語は、植物の通常の意味を越えて、植物の果実、種子、花、円錐体なども意味するように意図される。本発明の植物は、ベクターが植物へ、例えばアグロバクテリウムを通して、直接、導入されたことを意味する、直接のトランスフェクタントでありうる、または植物は、トランスフェクションされた植物の後代でありうる。後代はまた、トランスフェクションされた植物の無性生殖により得られうる。第二世代または次の世代の植物は、有性生殖、すなわち、受精により産生されてもよいし、受精でなくてもよい。さらに、植物は、配偶体(単相期)または胞子体(複相期)でありうる。

【０１８３】

樹種を形質転換するための方法は、当技術分野において周知である。非限定的に、外植片は、形質転換のための標的である植物組織を指し、インビボおよび/またはインビトロで成長した植物から採取された葉、葉柄、花、および節間組織を含みうる。例えば、樹木は、以下のように形質転換されうる。形質転換効率の増加のために、樹木外植片が採取され、形質転換前に前培養培地で培養されうる。表3に示されているように、前培養培地は、植物外植片がアグロバクテリウムでの形質転換前に培養される栄養培地であり、形質転換効率および植物再生を増加させるために必要とされる。前培養培地は、アセトシリンゴンなどのアグロバクテリウム誘導物質を含む。前培養培地は、任意で、オーキシンおよびサイトカインを含む植物成長レギュレーターを含みうる。または、他の前培養培地および培養時間が用いられうる。

【０１８４】

（表３）植物前培養培地

培地	1リットルあたりの量
WPM塩	1パッケージ(Sigma)
$Ca(NO_3)_2\ 4H_2O$	3.7 g
$MgSO_4\ 4H_2O$	0.37 g
ニコチン酸	0.5 mg
チアミンHCl	0.5 mg
ピリドキシンHCl	0.5 mg
D-パントテン酸	1.0 mg
ミオ-イノシトール	0.1 g
BA	0.1 – 1 mg
Bacto-寒天	5 – 8 g
アセトシリンゴン	5-200 mg
NAA	0.2-3 mg
ゼアチン	1-6 mg

【０１８５】

本発明において、植物外植片を、表3に示された前培養培地で暗闇中、4日間、前培養した。木質部植物培地(WPM:Woody Plant Medium)塩(Loyd and McCown, 1980)を、本前培養培地に用いた；しかしながら、MS培地(Murashige and Skoog 1962)またはLepoivre培地などの他の塩培地を用いてもよい。本前培養培地はアセトシリンゴンを含むが、他のアグロ

バクテリウム誘導物質を用いてもよい。任意で、本前培養培地は、オーキシンおよびサイトカインの両方を含んだ。他の前培養培地および他の培養時間を用いてもよい。

【０１８６】

誘導されたアグロバクテリウム培地を、当技術分野において公知の方法により調製した。誘導培地をピペットにより各外植片上へ滴下した。すべての縁が確実に細菌溶液で覆われることを保証するために、十分なアグロバクテリウム培地を滴下した。または、外植片を、減圧浸透、花浸漬、およびアグロバクテリウム媒介性形質転換の他の方法により形質転換してもよい。形質転換後、アグロバクテリウム培地で覆われた外植片を、4日間の共培養として暗闇中に置いた。または、外植片を、光条件下でアグロバクテリウムと共培養してもよい。さらに、外植片を、光または暗闇条件下で2～10日間、好ましくは4日間、アグロバクテリウムと共培養してもよい。共培養後、外植片を、400mg/ltimentinを含む再生培地(表4)へ移動させた。外植片を洗浄する必要はない。外植片を、選択培地への移動の前に4日間、この培地で培養した。本例において、選択培地は、timentinおよび除草剤選択剤の両方を追加した再生培地である。

【０１８７】

（表４）再生培地

培地	グラム
1リットルの成分	
KNO_3	1
$NH_4H_2PO_4$	0.25
$MgSO_4 \cdot 7H_2O$	0.25
$CaCl_2.2H_2O$	0.10
$FeSO_4.7H_2O$	0.0139
$Na_2EDTA.2H_2O$	0.01865
MES (Duchefa m1501)	600.0
MSマイクロ(1/2強度)	
$MnSO_4.H_2O$	0.00845
$ZnSO_4.7H_2O$	0.0043
$CuSO_4.5H_2O$	0.0000125
$CoCl_2.6H_2O$	0.0000125
KI	0.000415
H_3BO_3	0.0031
$Na_2MoO_4.2H_2O$	0.000125
ゼアチン	
NAA(ナフタレン酢酸)	
グルコース/スクロース	20.0
ミオ-イノシトール	0.100
ニコチン酸	0.010
チアミン	0.010
パントテン酸Ca	0.001
ピリドキシン	0.001
ビオチン	0.00001
アスコルビン酸	0.050
L-グルタミン	0.1
アルギニン	0.0258
グリシン	0.00199
リシン	0.0508
メチオニン	0.0132
フェニルアラニン	0.0257
セリン	0.00904
スレオニン	0.00852
トリプトファン	0.0122
チロシン	0.0127
ゲルライト	3.0

【０１８８】

選択で残ったシュート集団を、除草剤およびtimentinを含む再生培地で維持し、シュートが増殖し、最初に伸長するまでに3週間ごとに移行させる。GUSなどのレポーター遺伝子を用いる形質転換実験について、再生したシュート由来の葉および茎組織を、シュートが発生するとすぐに、GUS発現について染色する。GFPまたはルシフェラーゼなどの任意のレポーター遺伝子を用いてもよいが、本発明においてGUS発現を当技術分野において公知の

方法によりアッセイした。

【０１８９】

GUS染色を、アグロバクテリウム感染の頻度をモニターするために、および選択されたシュートが逸脱またはキメラではないことを保証するために、行った。再生シュート由来の葉および茎組織を、シュート発生直後にGUS発現について染色した。GUS活性を測定するために、外植片を、100mMリン酸緩衝液(pH7.0)、0.05%ジメチルスルホキシド、0.05%Triton X-100、10mM EDTA、0.5mMフェロシアン化カリウム、および1.5mg/ml 5-ブロモ-4-クロロ-3-インドリル-β-D-グルクロニド(X-gluc)を含む基質においてインキュベートした。移植片を、37℃での一晩のインキュベーション前に10分間の減圧にかけた。一晩のインキュベーション後、GUS細胞増殖巣を数えた。

【０１９０】

B. 植物細胞壁ポリヌクレオチドの発現プロファイリング

本発明はまた、植物細胞壁ポリヌクレオチドの発現プロファイリングを行うための方法およびツールを提供する。発現プロファイリングは、ポリヌクレオチドが転写または翻訳されているかどうかを決定する、異なる組織における特定のポリヌクレオチドについての転写産物レベルを比較する、遺伝子型を特定する、DNAコピー数を推定する、系統のアイデンティティを決定する、mRNA減衰率を測定する、タンパク質結合部位を同定する；遺伝子産物の細胞下局在を決定する、ポリヌクレオチド発現を表現型または他の現象と相関させる、および特定の遺伝子の操作の他のポリヌクレオチドへの効果を決定するのに、有用である。発現プロファイリングは、複雑な多重遺伝子の事象におけるポリヌクレオチド発現を同定するために特に有用である。このため、発現プロファイリングは、ポリヌクレオチド発現を植物表現型および植物の形成に相関させるのに有用である。

【０１９１】

植物のゲノムの遺伝子のわずかな割合のみが所定の組織試料において所定の時間に発現し、かつ発現した遺伝子の全部が植物表現型に影響を及ぼすとは限らない。対象となる表現型に影響を及ぼす能力を有するポリヌクレオチドを同定するために、本発明は、例えば、植物発育における所定の時点でのポリヌクレオチド発現プロファイル、および所定の組織試料における遺伝子発現プロファイルを測定するための方法ならびにツールを提供する。発明はまた、発現が、植物表現型を変化させるために、または他の転写および翻訳産物の生物活性を変化させるために操作されうる、発明のポリヌクレオチドについての方法およびツールを提供する。これらの方法の支援として、本発明はまた、同じファミリーの異なるポリヌクレオチドの発現を区別する方法およびツールを提供する。

【０１９２】

本明細書に用いられる場合、「ポリヌクレオチド発現」は、DNA配列のRNA配列への転写、続いてRNAのタンパク質への翻訳の過程を指し、翻訳後プロセシングを起こす場合も起こさない場合もある。従って、表現型および/または発育段階とポリヌクレオチド発現の間の関係は、RNAまたはタンパク質のレベルにおける変化を定量的にまたは定性的に検出することにより観察されうる。本明細書に用いられる場合、「生物活性」という用語は、限定されるわけではないが、酵素活性を含むタンパク質遺伝子産物の活性を含む。

【０１９３】

本発明は、これらの発現プロファイリング方法において有用であるオリゴヌクレオチドを提供する。各オリゴヌクレオチドは、所定の一組の条件下で細胞壁もしくは木質部ポリヌクレオチドまたはポリヌクレオチド産物にハイブリダイズする能力を有する。本発明の一つの局面において、複数のオリゴヌクレオチドが提供され、各オリゴヌクレオチドは、所定の一組の条件下で異なる細胞周期遺伝子産物にハイブリダイズする。本発明のオリゴヌクレオチドの例には、SEQ ID NO:461～690が挙げられる。SEQ ID NO:461～690のオリゴのそれぞれは、標準条件下でSEQ ID NO:1～230の1つの異なる遺伝子産物にハイブリダイズする。本発明のオリゴヌクレオチドは、上記の方法のいずれかにおいて1つまたは複数の細胞周期遺伝子の発現を測定するのに有用である。

【０１９４】

1．細胞、組織、核酸、およびタンパク質試料

本発明の方法に用いる試料は、植物組織由来でありうる。適した植物組織には、限定されるわけではないが、体細胞胚、花粉、葉、茎、カルス、走根、マイクロチューバー、シュート、木部、雄円錐体、花粉錐、維管束組織、頂端分裂組織、維管束形成層、木部、根、花、および種子が挙げられる。

【０１９５】

本発明により、「植物組織」は、本明細書で前に記載されているように用いられる。植物組織は、前記の植物型または種のいずれかから得られうる。

【０１９６】

本発明の一つの局面に従って、試料は、異なる発育段階における植物組織から、一年の様々な時点における(例えば、春対夏)植物組織から、異なる環境条件(例えば、光および温度におけるバリエーション)を受けた植物組織から、ならびに/または異なる型の植物組織および細胞から得られうる。一つの態様に従って、植物組織は、様々な成熟段階中に、および一年の異なる季節中に得られる。例えば、植物組織は、茎分裂細胞、分化中の木部、初期発達中の木質部細胞、分化した初期木質部細胞、および分化した後期木質部細胞から収集されうる。もう一つの例として、発達中木質部を有する植物から得られた試料におけるポリヌクレオチド発現は、発達中木質部を有しない植物から得られた試料における遺伝子発現と比較されうる。

【０１９７】

分化中の木部は、圧縮あて材、側面材、および普通の鉛直木部から得られる試料を含む。マツおよびユーカリから発現プロファイリングのために試料を得る方法は公知である。例えば、Allona et al., Proc. Nat'l Acad. Sci. 95:9693-8 (1998)およびWhetton et al., Plant Mol. Biol. 47:275-91およびKirst et al., INT'L UNION OF FORESTRY RESEARCH ORGANIZATIONS BIENNIAL CONFERENCE, S6.8(June 2003, Umea, Sweden)参照。

【０１９８】

発明の一つの態様において、1つの型の組織におけるポリヌクレオチド発現は、異なる型の組織におけるポリヌクレオチド発現と、または異なる発育段階における同じ型の組織でのポリヌクレオチド発現と比較される。ポリヌクレオチド発現はまた、一年間の様々な時点(異なる季節)で試料採取される1つの型の組織において比較されうる。例えば、幼若二次木部におけるポリヌクレオチド発現は、成熟二次木部におけるポリヌクレオチド発現と比較されうる。同様に、形成層におけるポリヌクレオチド発現は、木部におけるポリヌクレオチド発現と比較されうる。さらに、頂端分裂組織における遺伝子発現は、形成層における遺伝子発現と比較されうる。

【０１９９】

本発明のもう一つの態様において、試料は、特定の表現型を有する植物から得られ、その試料におけるポリヌクレオチド発現が、その表現型を有しない同じ種の植物から得られる試料と比較される。例えば、試料を、速い成長速度を示す植物から得ることができ、遺伝子発現を、普通の、または遅い成長速度を示す植物から得られた試料のそれと比較できる。そのような比較から同定された異なって発現するポリヌクレオチドは、成長速度と相関することができ、それゆえに、成長速度を操作するために有用でありうる。

【０２００】

さらなる態様において、試料は、クローン的に増殖した植物から得られる。一つの態様において、クローン的に増殖した植物は、マツ種またはユーカリ種である。同じ遺伝子型由来の個々のラミートは、一年の異なる時点で犠牲にされうる。従って、任意の遺伝子型について、季節の初期および季節の後期に、犠牲になる少なくとも2つの遺伝学的に同一の樹木がありうる。これらの樹木のそれぞれは、幼若試料(先端)から成熟試料(根元)まで分けられうる。さらに、組織試料は、少なくとも5つの剥離層において、例えば、師部から木部まで分けられうる。これらの試料のそれぞれは、表現型およびポリヌクレオチド発現について評価されうる。

【０２０１】

細胞成分が、ハイブリダイゼーションアッセイ、酵素アッセイ、リガンド結合アッセイ、または生物活性アッセイなどの分析技術に干渉しうる場合、そのような細胞成分からポリヌクレオチド発現産物を単離することが望ましくありうる。核酸およびアミノ酸遺伝子産物を含むポリヌクレオチド発現産物は、当技術分野において公知の任意の方法により細胞断片または可溶化物から単離されうる。

【０２０２】

本発明に従って用いられる核酸は、任意の利用可能な方法もしくは過程により、または当技術分野において公知になっている他の過程により、調製されうる。核酸を単離するための通常の技術は、例えば、Tijssen, LABORATORY TECHNIQUES IN BIOCHEMISTRY AND MOLECULAR BIOLOGY: HYBRIDIZATION WITH NUCLEIC ACID PROBES, chapter 3 (Elsevier Press, 1993), Berger and Kimmel, Methods Enzymol. 152:1 (1987)およびGIBCO BRL & LIFE TECHNOLOGIES TRIZOL RNA ISOLATION PROTOCOL, Form No. 3786 (2000)に詳述されている。核酸試料を調製する、ならびにマツおよびユーカリ由来のポリヌクレオチドをシーケンシングするための技術は公知である。例えば、Allona et al., 前記、およびWhetton et al., 前記、および米国特許出願第60/476,222号参照。

【０２０３】

適した核酸試料は、細胞壁もしくは木質部の遺伝子の転写産物またはポリペプチド由来の核酸の任意の型、すなわち、RNAもしくはその部分配列、または細胞壁もしくは木質部遺伝子から転写されたmRNAが鋳型としての役割を果たした核酸、を含みうる。適した核酸には、転写産物から逆転写されたcDNA、そのcDNAから転写されたRNA、cDNAから増幅されたDNA、および増幅DNAから転写されたRNAが挙げられる。そのような産物または誘導された産物の検出は、試料における転写産物の存在および/または量を示す。従って、適した試料には、限定されるわけではないが、遺伝子またはポリヌクレオチドの転写産物、転写産物から逆転写されたcDNA、cDNAから転写されたcRNA、遺伝子から増幅されたDNA、および増幅されたDNAから転写されたRNAが挙げられる。本明細書に用いられる場合、「転写産物」のカテゴリーには、限定されるわけではないが、プレmRNA新生転写産物、転写産物プロセシング中間体、ならびに成熟mRNAおよびそれらの分解産物を含む。

【０２０４】

本発明を実施するために転写産物のすべての型をモニターする必要はない。例えば、本発明の発現プロファイリング方法は、成熟mRNAレベルのみなどの転写産物の1つの型のみを検出することにより行われうる。

【０２０５】

本発明の一つの局面において、染色体DNAまたはcDNAライブラリー(例えば、全細胞mRNAから合成された蛍光標識cDNAを含む)が、当技術分野で認められた方法によるハイブリダイゼーション方法に用いるのに調製される。Sambrook et al., 前記、参照。

【０２０６】

本発明のもう一つの局面において、mRNAは、例えば、MessageAmpキット(Ambion)を用いて増幅される。さらなる局面において、mRNAは検出可能な標識で標識される。例えば、mRNAは、CyDye(Amersham Biosciences)などの蛍光発色団で標識されうる。

【０２０７】

いくつかの適用において、ハイブリダイゼーション技術での使用の前に、ホモジネートまたは可溶化液にしばしば存在するRNアーゼを阻害または破壊することが望ましくありうる。ヌクレアーゼを阻害または破壊する方法は、周知である。本発明の一つの態様において、細胞または組織は、ヌクレアーゼを阻害しうるカオトロピック剤の存在下でホモジナイズされる。もう一つの態様において、RNアーゼは、熱処理、続いてプロテイナーゼ処理により阻害または破壊される。

【０２０８】

タンパク質試料は、当技術分野において公知の任意の手段により得られうる。本発明の方法に有用なタンパク質試料には、粗細胞可溶化物および粗組織ホモジネートが挙げられる。または、タンパク質試料は精製されうる。当技術分野において周知のタンパク質精製

の様々な方法は、Marshak et al., STRATEGIES FOR PROTEIN PURIFICATION AND CHARACTERIZATION: A LABORATORY COURSE MANUAL (Cold Spring Harbor Laboratory Press 1996)に見出されうる。

【０２０９】

2．ポリヌクレオチド発現のレベルの検出

ポリヌクレオチド発現のレベルを検出する段階を含む本発明の方法について、ポリヌクレオチド発現を観察するための任意の方法は、非限定的に用いられうる。そのような方法には、伝統的な核酸ハイブリダイゼーション技術、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)に基づいた方法、およびタンパク質測定が挙げられる。本発明は、固体支持体に基づいたアッセイ形式を用いる検出方法、および溶液に基づいたアッセイ形式を用いるものを含む。

【０２１０】

発現レベルの絶対測定は、行われてもよいが、行われる必要はない。本発明は、試料間の発現レベルの差の比較を含む方法を含む。発現レベルの比較は、視覚的に、もしくは手作業で行われうる、または、例えば光学的検出手段を用いて、機械により自動化および実施されうる。Subrahmanyam et al., Blood. 97:2457 (2001); Prashar et al., Methods Enzymol. 303:258 (1999)。遺伝子の示差的発現を分析するためのハードウェアおよびソフトウェアが利用可能であり、本発明を実施するのに用いられうる。例えば、GenStatソフトウェアおよびGeneExpress(登録商標)GX Explorer(商標)トレーニングマニュアル、前記；Baxevanis & Francis-Ouellette, 前記、参照。

【０２１１】

本発明の一つの態様に従って、核酸ハイブリダイゼーション技術は、ポリヌクレオチド発現を観察するために用いられる。例示的なハイブリダイゼーション技術には、ノーザンブロッティング、サザンブロッティング、溶液ハイブリダイゼーション、およびS1ヌクレアーゼプロテクションアッセイが挙げられる。

【０２１２】

核酸ハイブリダイゼーションは、典型的には、オリゴヌクレオチドプローブおよび核酸を含む試料を、その相補的核酸と、相補的塩基対形成を通して、プローブが安定なハイブリッド二重鎖を形成できる条件下で、接触させる段階を含む。例えば、PCT出願WO 99/32660; Berger & Kimmel, Methods Enzymol. 152:1 (1987)参照。続いて、ハイブリッド二重鎖を形成しない核酸を洗い流して、典型的には、付着した検出可能な標識の検出を通して検出される、ハイブリダイズした核酸を残す。検出可能な標識は、プローブ上、または核酸試料上に存在しうる。一つの態様において、試料の核酸は、植物組織に存在するmRNA転写産物を表す検出可能に標識されたポリヌクレオチドである(例えば、cDNAライブラリー)。検出可能な標識は、一般的には、放射性標識または蛍光標識であるが、検出可能な任意の標識を用いることができる。標識は、例えば、WO 99/32660, 前記に記載されたいくつかのアプローチにより組み入れられうる。一つの局面において、RNAは、アミノアリル-UTPおよび遊離UTPを添加して、MessageAmpキット(Ambion)を用いて増幅されうる。増幅されたRNAへ組み入れられたアミノアリル基は、CyDye(Amersham Biosciences)などの蛍光発色団と反応しうる。

【０２１３】

核酸の二重鎖は、温度を増加させる、または核酸を含む緩衝液の塩濃度を減少させることにより不安定する。低ストリンジェントな条件(例えば、低温および/または高塩)下で、ハイブリッド二重鎖(例えば、DNA:DNA、RNA:RNA、またはRNA:DNA)は、アニールされる配列が完全には相補的ではない場合でさえも形成する。従って、ハイブリダイゼーションの特異性は、より低いストリンジェンシーで低下する。逆に、より高いストリンジェンシー(例えば、より高い温度および/またはより低い塩および/または不安定化試薬の存在下で)で、ハイブリダイゼーションが許容するミスマッチはより少ない。

【０２１４】

典型的には、短いプローブ(例えば、10～50ヌクレオチド塩基)についてのストリンジェントな条件は、塩濃度がpH7.0～8.3において少なくとも約0.01～1.0Mであり、かつ温度が

少なくとも約30℃であるものである。ストリンジェントな条件はまた、ホルムアミドなどの不安定化剤の添加で達成されうる。

【０２１５】

いくつかの状況下で、ハイブリダイゼーションを保証するために、低ストリンジェンシーの条件、例えば、37℃で6x SSPE-T(0.9M NaCl、60mM NaH_2PO_4、pH7.6、6mM EDTA、0.005%Triton)、でハイブリダイゼーションを行うことが望ましくありうる。その後の洗浄は、ミスマッチハイブリッド二重鎖を除去するために、より高いストリンジェンシー(例えば、37℃で1xSSPE-T)で行われうる。連続的洗浄は、ハイブリダイゼーション特異性の所望のレベルが得られるまで、より高く増加するストリンジェンシー(例えば、37℃～50℃で低くも0.25xSSPE-Tまで下げて)で行われうる。

【０２１６】

一般的に、ハイブリダイゼーションについての標準条件は、ストリンジェンシー(ハイブリダイゼーション特異性)とシグナル強度の間の妥協である。従って、本発明の一つの態様において、ハイブリダイズした核酸は、連続的により高くなるストリンジェンシー条件で洗浄され、各洗浄の間に読み取られる。この様式で生じたデータセットの分析により、ハイブリダイゼーションパターンが感知できるほどには変化せず、かつ対象となる特定のオリゴヌクレオチドプローブについての十分なシグナルを供給する、上記の洗浄ストリンジェンシーが明らかにされる。例えば、最終洗浄は、一貫した結果を生じる、かつバックグラウンド強度の約10%より大きいシグナル強度を供給する最高ストリンジェンシーの洗浄として選択されうる。

【０２１７】

a．オリゴヌクレオチドプローブ

本発明に用いられる核酸ハイブリダイゼーション技術に有用なオリゴヌクレオチドプローブは、1つまたは複数の型の化学結合を通して、通常には、水素結合形成による相補的塩基対形成を通して、相補的配列の核酸に結合する能力を有する。プローブは、天然の塩基(すなわち、A、G、U、C、またはT)または修飾塩基(7-デアザグアノシン、イノシンなど)を含みうる。さらに、プローブにおけるヌクレオチド塩基は、ハイブリダイゼーションに干渉しない限り、ホスホジエステル結合以外の結合により連結されうる。従って、プローブは、構成要素塩基がホスホジエステル結合ではなくペプチド結合により連結されているペプチド核酸でありうる。

【０２１８】

オリゴヌクレオチドプローブは、当技術分野において公知の任意の手段により調製されうる。本発明に有用なプローブは、SEQ ID NO:1～230の1つなどの細胞壁生合成遺伝子のヌクレオチド産物にハイブリダイズする能力を有する。本発明に有用なプローブは、SEQ ID NO:1～230に開示されたヌクレオチド配列を用いて作製されうる。本発明は、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの対応する連続配列の少なくとも2個、10個、15個、20個、30個、35個、40個、45個、50個、55個、60個、65個、70個、75個、80個、85個、または100個のヌクレオチド断片を有するオリゴヌクレオチドプローブを含む。本発明は、長さが2、1、0.5、0.1、または0.05kb未満のオリゴヌクレオチドを含む。一つの態様において、オリゴヌクレオチドは60ヌクレオチド長である。

【０２１９】

オリゴヌクレオチドプローブは、当技術分野において公知の任意の手段により設計されうる。Li and Stormo, Bioinformatics 17:1067-76 (2001)参照。オリゴヌクレオチドプローブ設計は、ソフトウェアを用いて行われうる。例示的なソフトウェアには、ArrayDesigner、GeneScan、およびProbeSelectが挙げられる。確定した核酸配列に相補的なプローブは、化学的に合成されうる、制限酵素を用いてより長いヌクレオチドから作製されうる、またはポリメラーゼ連鎖反応(PCR)などの技術を用いて得られうる。PCR方法は周知であり、例えば、Innis et al. eds., PCR PROTOCOLS: A GUIDE TO METHODS AND APPLICATIONS, Academic Press Inc. San Diego, Calif. (1990)に記載されている。プローブは、例えば、放射性タグ、ビオチン化タグ、または蛍光タグで標識されうる。最適には、試料に

おける核酸が標識され、プローブは標識されない。上記方法により作製されたオリゴヌクレオチドプローブは、溶液または固体支持体に基づいた方法に用いられうる。

【０２２０】

本発明は、木質部もしくは細胞壁のポリヌクレオチドのコード領域または3'非翻訳領域(3'UTR)の産物にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドプローブを含む。一つの態様において、オリゴヌクレオチドプローブは、SEQ ID NO:1～230のいずれか1つの3'UTRにハイブリダイズする。3'UTRは、一般的に、同じファミリーのメンバー間でさえ、遺伝子の固有の領域である。それゆえに、3'UTRの産物にハイブリダイズする能力を有するプローブは、遺伝子のコード領域が高度に相同的である可能性が高いファミリー内で個々の遺伝子の発現を区別するのに有用でありうる。これは、それぞれが単一の遺伝子に固有に結合する能力を有する、複数のオリゴヌクレオチドのメンバーとして用いられうるオリゴヌクレオチドプローブの設計を可能にする。もう一つの態様において、オリゴヌクレオチドプローブは、SEQ ID NO:461～591のいずれか1つを含む。もう一つの態様において、オリゴヌクレオチドプローブはSEQ ID NO:592～690のいずれか1つからなる。

【０２２１】

b. オリゴヌクレオチドアレイ方法

本発明の一つの態様は、SEQ ID NO:1～230の遺伝子などの1つもしくは複数の木質部または細胞壁ポリヌクレオチドの発現のレベルを検出するために組み合わせた2つ以上のオリゴヌクレオチドプローブを用いる。この態様の一つの局面において、2つ以上の異なるポリヌクレオチドの発現のレベルが検出される。2つ以上のポリヌクレオチドは、上記で考察された同じもしくは異なる木質部または細胞壁遺伝子ファミリー由来でありうる。2つ以上のオリゴヌクレオチドのそれぞれは、ポリヌクレオチドの異なる1つにハイブリダイズしうる。

【０２２２】

本発明の一つの態様は、2つ以上のオリゴヌクレオチドプローブを用い、それぞれがSEQ ID NO:1～230により提供されるポリヌクレオチドの転写産物由来のポリヌクレオチドに特異的にハイブリダイズする。もう一つの態様は、2つ以上のオリゴヌクレオチドプローブを用い、それらの少なくとも1つがSEQ ID NO:461～690の核酸配列を含む。もう一つの態様は、2つ以上のオリゴヌクレオチドプローブを用い、それらの少なくとも1つがSEQ ID NO:461～690からなる。

【０２２３】

オリゴヌクレオチドプローブは、約15個から約60個までのヌクレオチド塩基を含む、約5個から約60個まで、または約60個から約100個までのヌクレオチド塩基などの約5個から約500個までのヌクレオチド塩基を含みうる。

【０２２４】

本発明の一つの態様は、遺伝子発現を検出するために固体支持体に基づいたオリゴヌクレオチドハイブリダイゼーション方法を用いる。本発明を実施するのに適した固体支持体に基づいた方法は、広く知られており、例えば、PCT出願WO 95/11755; Huber et al., Anal. Biochem. 299:24 (2001); Meiyanto et al., Biotechniques. 31:406 (2001); Relogio et al., Nucleic Acids Res. 30:e51 (2002)に記載されている。オリゴヌクレオチドが共有結合的にまたは非共有結合的に結合できる任意の固体表面が用いられうる。そのような固体支持体には、フィルター、ポリ塩化ビニル皿、シリコンまたはガラスでできたチップなどが挙げられる。

【０２２５】

一つの態様は、いくつかのポリヌクレオチド、遺伝子、または遺伝子産物の発現を同時に観察するために用いられうる、オリゴヌクレオチドアレイ、すなわち、マイクロアレイ、を用いる。オリゴヌクレオチドアレイは、固体支持体上に提供される2つ以上のオリゴヌクレオチドプローブを含み、各プローブが支持体上の固有の位置を占める。各プローブの位置は、所定の位置における検出可能シグナルの検出が既知のアイデンティティのオリゴヌクレオチドプローブへのハイブリダイゼーションを示すように、あらかじめ決定され

うる。それぞれのあらかじめ決定された位置は、1つより多いプローブの分子を含みうるが、あらかじめ決定された位置内の各分子は、同一配列を有する。そのようにあらかじめ決定された位置は、フィーチャー(feature)と呼ばれる。単一の固体支持体上に、例えば、2個、10個、100個、1,000個、2,000個、もしくは5,000個またはそれ以上のそのようなフィーチャーがありうる。一つの態様において、各オリゴヌクレオチドは、アレイ上の固有の位置に、少なくとも2倍、少なくとも3倍、少なくとも4倍、少なくとも5倍、少なくとも6倍、または少なくとも10倍、位置している。

【０２２６】

遺伝子発現を検出するためのオリゴヌクレオチドプローブアレイが作製され、例えば、Lockhart et al., Nat'l Biotech. 14:1675 (1996), McGall et al., Proc. Nat'l Acad. Sci. USA 93:13555 (1996)およびHughes et al., Nature Biotechnol. 19:342 (2001)に記載された通常の技術に従って用いられうる。様々なオリゴヌクレオチドアレイ設計が、本発明の実施に適している。

【０２２７】

一つの態様において、1つまたは複数のオリゴヌクレオチドは、それぞれ、特定の組織型に発現した異なるポリヌクレオチドにハイブリダイズする複数のオリゴヌクレオチドを含む。例えば、組織は発育中の木質部でありうる。

【０２２８】

一つの態様において、植物から得られた核酸試料は、増幅され、任意で、検出可能な標識で標識されうる。そのような目的に適した、核酸増幅および任意の検出可能な標識の任意の方法が用いられうる。例えば、増幅反応は、例えば、「アンチセンス」RNAまたは「aRNA」(試料組織から抽出されたRNAに対して核酸配列において相補的な)を生じるAmbionのMessageAmpを用いて、行われうる。RNAは、任意で、CyDye蛍光標識を用いて標識されうる。増幅段階中に、aaUTPが結果として生じたaRNAへ取り込まれている。CyDye蛍光標識を、非酵素反応においてaaUTPに結合させる。増幅および標識段階の後に、標識された増幅アンチセンスRNAを、沈殿させ、適切な緩衝液で洗浄し、その後、純度についてアッセイする。例えば、純度は、NanoDrop分光光度計を用いてアッセイされうる。核酸試料を、その後、固体支持体に付着した、試料に存在する可能性がある対象となる核酸にハイブリダイズする能力を有するオリゴヌクレオチド試料プローブを有するオリゴヌクレオチドアレイ(「マイクロアレイスライド」)と接触させる。接触段階は、ハイブリダイゼーションが対象となる核酸とアレイ上に存在するオリゴヌクレオチドプローブとの間で起こりうる条件下で行われる。アレイを、その後、非特異的に結合した核酸を除去するために洗浄し、固体支持体上のオリゴヌクレオチドプローブにハイブリダイズしたままである標識分子からのシグナルを検出する。検出の段階は、用いられる標識の型に適切な任意の方法を用いて達成されうる。例えば、検出段階は、レーザースキャナーおよび検出器を用いて達成されうる。例えば、任意でマイクロアレイスライド上のシグナルの位置を分析するためにGene Pix Proソフトウェアを用いる、Axonスキャナーを用いうる。

【０２２９】

1つまたは複数のマイクロアレイスライドからのデータは、当技術分野において公知の任意の適切な方法により分析されうる。

【０２３０】

マイクロアレイ技術を含む本発明の方法に用いられるオリゴヌクレオチドプローブは、PCRを用いて作製されうる。プローブを作製するのに用いるPCRプライマーは、例えば、SEQ ID NO:1～230の配列に基づいて、結果として、木質部または細胞壁ポリヌクレオチドの固有の断片(すなわち、標準ハイブリダイゼーション条件下でSEQ ID NO:1～230の任意の1つの1つのポリヌクレオチドのみにハイブリダイズする断片)の増幅を生じるように選択される。コンピュータープログラムは、必要とされる特異性および最適なハイブリダイゼーション性質を有するプライマーの設計に有用である。例えば、Li and Stormo, 前記, p1075は、遺伝子配列全体、および同時に探索されうる他の遺伝子配列に基づいて最適なオリゴヌクレオチドプローブを選択するProbeSelectを用いるプローブ選択の方法を考察して

いる。

【０２３１】

一つの態様において、オリゴヌクレオチド対照プローブもまた用いられる。例示的な対照プローブは、本明細書で(1)正規化対照、(2)発現レベル対照、および(3)陰性対照と呼ばれる3つのカテゴリーの少なくとも1つに分類されうる。マイクロアレイ方法において、これらの対照プローブの1つまたは複数は、本発明の、木質部または細胞壁に関連するオリゴヌクレオチドを有するアレイ上に供給されうる。

【０２３２】

正規化対照は、色素バイアス、組織バイアス、ダスト、スライド不規則性(slide irregularity)、奇形のスライドスポット(malformed slide spot)などについて補正する。正規化対照は、スクリーニングされるべき核酸試料に添加される標識参照オリゴヌクレオチドまたは他の核酸配列に相補的であるオリゴヌクレオチドまたは他の核酸プローブである。ハイブリダイゼーション後、正規化対照から得られるシグナルは、ハイブリダイゼーション条件、標識強度、読み取り効率、および完全なハイブリダイゼーションのシグナルをアレイ間で異ならせうる他の因子における変動についての調節を提供する。一つの態様において、本方法に用いられたすべての他のプローブから読み取られるシグナル(例えば、蛍光強度および放射能)を、対照プローブからのシグナルで割り、それにより、測定値を正規化する。

【０２３３】

事実上、任意のプローブが正規化対照としての役割を果たすことができる。しかしながら、ハイブリダイゼーション効率は、塩基組成およびプローブ長によって変化する。好ましい正規化プローブは、用いられる他のプローブの平均の長さを反映するように選択されるが、それらはまた、長さの範囲を網羅するように選択されうる。さらに、正規化対照は、用いられる他のプローブの平均塩基組成を反映するように選択されうる。一つの態様において、1個のみまたはいくつかの正規化プローブが用いられ、それらは、それらが十分にハイブリダイズし(すなわち、二次構造を形成することなく)、かついずれの試験プローブにも一致しないように選択される。一つの態様において、正規化対照は哺乳動物遺伝子である。

【０２３４】

発現レベル対照プローブは、生物学的試料に存在する構成的に発現する遺伝子と特異的にハイブリダイズする。事実上、任意の構成的に発現する遺伝子が、発現レベル対照プローブについての適切な標的を提供する。典型的には、発現レベル対照プローブは、限定されるわけではないが、特定の光合成遺伝子を含む、構成的に発現する「ハウスキーピング遺伝子」の部分配列と相補的な配列を有する。

【０２３５】

「陰性対照」プローブは、試験オリゴヌクレオチド(すなわち、本発明の、木質部または細胞壁に関連するオリゴヌクレオチド)、正規化対照、または発現対照のいずれにも相補的でない。一つの態様において、陰性対照は、試料におけるいかなる他の配列にも相補的でない哺乳動物遺伝子である。

【０２３６】

「バックグラウンド」および「バックグラウンドシグナル強度」という用語は、標識標的核酸(すなわち、生物学的試料に存在するmRNA)とオリゴヌクレオチドアレイの構成要素との間の非特異的結合または他の相互作用に起因するハイブリダイゼーションシグナルを指す。バックグラウンドシグナルはまた、アレイ構成要素自身の内因性蛍光により生じうる。

【０２３７】

単一のバックグラウンドシグナルは、アレイ全体について計算されうる、または異なるバックグラウンドシグナルが各標的核酸について計算されうる。一つの態様において、バックグラウンドは、用いられるオリゴヌクレオチドプローブの最低5～10パーセントについて、または異なるバックグラウンドシグナルが各標的遺伝子について計算される場合、

各遺伝子についてのプローブの最低5～10パーセントについての平均ハイブリダイゼーションシグナル強度として計算される。特定の細胞壁生合成または木質部発達遺伝子に対応するオリゴヌクレオチドプローブが十分にハイブリダイズし、このゆえに、標的配列へ特異的に結合するように思われる場合、それらは、バックグラウンドシグナル計算に用いられるべきではない。または、バックグラウンドは、試料に見出される任意の配列に相補的でないプローブ(例えば、逆センスの核酸に、または試料において見出されない遺伝子に向けられるプローブ)へのハイブリダイゼーションにより生じる平均ハイブリダイゼーションシグナル強度として計算されうる。マイクロアレイ方法において、バックグラウンドは、いかなるオリゴヌクレオチドプローブも全く欠くアレイの領域により生じる平均シグナル強度として計算されうる。

【０２３８】

c．PCRに基づいた方法

もう一つの態様において、PCRに基づいた方法がポリヌクレオチド発現を検出するために用いられる。これらの方法は、リアルタイムおよび終点定量的逆転写酵素媒介性ポリメラーゼ連鎖反応(Q-RTPCR)を含む逆転写酵素媒介性ポリメラーゼ連鎖反応(RT-PCR)を含む。これらの方法は、当技術分野において周知である。例えば、定量的PCRの方法は、例えば、Applied BioSystemsおよびStratagene(登録商標)、から市販されているキットおよび方法を用いて行われうる。Kochanowski, QUANTITATIVE PCR PROTOCOLS (Humana Press, 1999); Innis et al., 前記; Vandesompele et al., Genome Biol. 3:RESEARCH0034 (2002); Stein Cell Mol. Life Sci. 59:1235 (2002)も参照。

【０２３９】

ポリヌクレオチド発現はまた、Q-RTPCRを用いて溶液中で観察されうる。Q-RTPCRは、PCR産物の増幅中に比例的に生じる蛍光シグナルの検出に頼る。Innis et al., 前記、参照。伝統的PCR方法と同様に、この技術は、逆鎖で対象となるDNA領域に隣接する領域にハイブリダイズする、典型的には15～30塩基長の、PCRオリゴヌクレオチドプライマーを用いる。さらに、プローブ(例えば、TaqMan(登録商標)、Applied Biosystems)は、PCR技術に伝統的に用いられるフォワードプライマーとリバースプライマーの間の標的配列にハイブリダイズするように設計される。プローブは、6-カルボキシフルオレセイン(6-FAM)などのレポーター蛍光体、および6-カルボキシ-テトラメチル-ローダミン(TAMRA)などのクエンチャー蛍光体で5'末端に標識される。プローブが無傷である限り、結果として、クエンチング蛍光体によるレポーター蛍光体の蛍光放射の吸収を生じる蛍光エネルギー移動が起こる。しかしながら、Taqポリメラーゼがプライマーを伸長させると、Taqの内因性5'から3'へのヌクレアーゼ活性がプローブを分解し、レポーター蛍光体を遊離する。増幅サイクル中に検出される蛍光シグナルは、各サイクルに生成された産物の量に比例する。

【０２４０】

フォワードおよびリバース増幅プライマーならびに内部ハイブリダイゼーションプローブは、標的遺伝子の転写産物に由来する1つのヌクレオチドと特異的かつ一意的にハイブリダイズするように設計される。一つの態様において、プライマーおよびプローブ配列についての選択基準は、TaqMan(登録商標)要件に適応するようにヌクレオチド含有量およびサイズに関する制約を取り入れる。

【０２４１】

SYBR Green(登録商標)は、上記で考察されたTaqman(登録商標)型アッセイの代わりとなるプローブのないQ-RTPCRとして用いられうる。ABI PRISM(登録商標)7900 SEQUENCE DETECTION SYSTEM USER GUIDE APPLIED BIOSYSTEMS, chap. 1-8, App. A-F. (2002)。

【０２４２】

装置は、PCR増幅中の蛍光放射強度における変化を測定する。測定は「リアルタイム」で、すなわち、増幅産物が反応に蓄積するに伴い、行われる。プローブ消化に起因する蛍光における変化を測定するために他の方法が用いられうる。例えば、蛍光偏光は、分子反転頻度(molecular tumbling)に基づいて大分子と小分子を区別できる(米国特許第5,593,867号参照)。

【０２４３】
d．タンパク質検出方法
タンパク質は、免疫学的方法、酵素アッセイ、およびタンパク質アレイ/プロテオミクス技術を含む、当技術分野において公知の任意の手段により観察されうる。
【０２４４】
翻訳状態の測定は、いくつかのタンパク質方法により行われうる。例えば、タンパク質の全ゲノムモニタリング--「プロテオーム」--は、結合部位が、SEQ ID NO:231～460のいずれかのアミノ酸配列を有する複数のタンパク質、またはSEQ ID NO:1～230のポリヌクレオチドもしくはそれらの保存的変異体によりコードされるタンパク質に特異的な固定化された、好ましくはモノクローナルの、抗体を含むマイクロアレイを構築することにより行われうる。Wildt et al., Nature Biotechnol. 18:989 (2000)参照。ポリクローナルおよびモノクローナル抗体を作製するための方法は、例えば、Harlow & Lane, ANTIBODIES: A LABORATORY MANUAL (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1988)に記載されているように、周知である。
【０２４５】
または、タンパク質は、2次元ゲル電気泳動システムにより分離されうる。2次元ゲル電気泳動は当技術分野において周知であり、典型的には、第一次元に沿った等電点電気泳動、続いて第二次元に沿ったSDS-PAGE電気泳動を含む。例えば、Hames et al., GEL ELECTROPHORESIS OF PROTEINS: A PRACTICAL APPROACH (IRL Press, 1990)参照。結果として生じる電気泳動図は、質量分光学的技術、ポリクローナルおよびモノクローナル抗体を用いるウェスタンブロッティングおよびイムノブロット分析、ならびに内部およびN末端マイクロシーケンシングを含む多数の技術により分析されうる。
【０２４６】
3．遺伝子発現と表現型および組織発達との相関
上記で考察されているように、本発明は、細胞壁ポリヌクレオチドを植物表現型と相関させるための方法およびツールを提供する。ポリヌクレオチド発現は、対象となる表現型を有する植物において調べられ、その表現型を有しない、または異なる表現型を有する植物と比較されうる。そのような表現型には、限定されるわけではないが、乾燥耐性の増加、除草剤抵抗性、高さの低下または増加、分枝の低下または増加、耐寒性および耐凍結性の増強、活力の向上、色の増強、健康的および栄養学的特性の増強、保存性の向上、収量の増強、耐塩性の増強、木質部の腐朽抵抗性の増強、真菌病抵抗性の増強、害虫誘引性の変化、重金属耐性の増強、耐病性の増加、耐虫性の増加、水ストレス耐性の増加、甘味の増強、質感の向上、リン酸塩含有量の減少、発芽の増加、微量栄養素取り込みの増加、デンプン組成の向上、花の寿命の向上、新規の樹脂の産生、および新規のタンパク質またはペプチドの産生が挙げられる。
【０２４７】
もう一つの態様において、表現型は、以下の特質の1つまたは複数を含む：あて材を形成する性質、幼若期間の低減、幼若期間の増加、自己脱離性分枝、生殖器官発生の加速、または生殖器官発生の遅延。
【０２４８】
さらなる態様において、植物比較における違いである表現型は、以下の1つまたは複数を含む：リグニン質、リグニン構造、木質部組成、木質部外観、木質部密度、木質部強度、木質部剛性、セルロース重合、繊維寸法、内腔サイズ、他の植物成分、植物細胞分裂、植物細胞発生、単位面積あたりの細胞数、細胞サイズ、細胞の形、細胞壁組成、木質部形成速度、木質部の美的外観、幹の欠陥の形成、平均ミクロフィブリル傾角、S2細胞壁層の幅、成長速度、根形成速度、根対分枝の栄養発育の比、葉面積指数、および葉の形。
【０２４９】
表現型は、上記で考察されているように、任意の適切な手段により評価されうる。
【０２５０】
さらなる態様において、ポリヌクレオチド発現を、細胞周期における所定の時点と、植

物発育における所定の時点と、および所定の組織試料において、相関させうる。植物組織は、細胞周期の異なる段階において、異なる発育段階における植物組織から、一年の様々な時点における(例えば、春対夏)植物組織から、異なる環境条件(例えば、光および温度におけるバリエーション)を受けた植物組織から、ならびに/または異なる型の植物組織および細胞から、調べられうる。一つの態様に従って、植物組織は、様々な成熟段階中に、および一年の異なる季節中に得られる。例えば、植物組織は、茎分裂細胞、分化中の木部、初期発達中の木質部細胞、分化した春の木質部細胞、分化した夏の木質部細胞から収集されうる。

【０２５１】

様々な改変および変化は、本発明の精神または範囲から逸脱することなく、本発明の方法および組成物においてなされうる。従って、本発明は、その発明の改変および変化を、それらが添付された特許請求の範囲およびそれらの等価物の範囲内に入るという条件で、網羅することが意図される。

【０２５２】

以下の実施例は本発明を例証するために示される。しかしながら、本発明がこれらの実施例に記載された特定の条件または詳細に限定されるものではないことが理解されるべきである。本明細書を通して、米国特許を含む公的に入手可能な文書へのありとあらゆる言及は、全体として参照により明確に組み入れられている。

【０２５３】

実施例1

ユーカリプタス・グランディスからのcDNAクローンの単離および特徴付け

以下のとおり、ユーカリプタス・グランディスcDNA発現ライブラリーを、成熟シュート芽、早材師部、花組織、葉組織(2つの独立したライブラリ)、細根、構造的根、木部、または早材木部から調製し、構築し、スクリーニングした。

【０２５４】

全RNAを、Chang et al.(Plant Molecular Biology Reporter 11:113-116 (1993))のプロトコルを用いて植物組織から抽出した。mRNAを、Poly(A) Quik mRNA Isolation Kit(Stratagene, La Jolla, CA)またはDynal Beads Oligo $(dT)_{25}$ (Dynal, Skogen, Norway)のいずれかを用いて全RNA調製物から単離した。cDNA発現ライブラリーを精製mRNAから逆転写酵素合成により構築し、続いて、ZAP Express cDNA Synthesis Kit (Stratagene)を用いて製造会社のプロトコルに従い、結果として生じたcDNAクローンをλZAPにおいて挿入した。結果として生じたcDNAを、ライブラリーに依存して5μlのライゲーション反応からのアリコート(1～5αl)を用いてGigapack II Packaging Extract (Stratagene)を使ってパッケージングした。ライブラリーのマスエキサイション(mass excision)を、ExAssistヘルパーファージ(Stratagene)でXL1-Blue MRF細胞およびXLOLR細胞(Stratagene)を用いて行った。エキサイションされたファージミドをNZYブロス(Gibco BRL, Gaithersburg, MD)で希釈し、X-galおよびイソプロピルチオ-β-ガラクトシド(IPTG)を含むLB-カナマイシン寒天プレート上に蒔いた。

【０２５５】

蒔かれ、DNAミニプレップのために選択されたコロニーのうち、99%がシーケンシングに適した挿入断片を含んだ。陽性コロニーを、カナマイシンを含むNZYブロスにおいて培養し、cDNAを、アルカリ溶解およびポリエチレングリコール(PEG)沈殿の手段により精製した。1%でのアガロースゲルを用いて、シーケンシング鋳型を染色体混入についてスクリーニングした。色素プライマー配列を、Turbo Catalyst 800装置(Perkin Elmer/Applied Biosystems Division, Foster City, CA)を用いて、製造会社のプロトコルに従い、調製した。

【０２５６】

陽性クローンについてのDNA配列を、Perkin Elmer/Applied Biosystems Division Prism 377シーケンサーを用いて得た。cDNAクローンを、最初、5'末端から、場合によっては3'末端からでも、シーケンシングした。いくつかのクローンについて、内部配列は、エキ

ソヌクレアーゼIII欠失分析を用いて、pBK-CMVにおける異なるサイズのサブクローンのライブラリーを生じることで得られたか、または対象となる遺伝子の領域を同定するように設計された遺伝子特異的プライマーを用いる直接シーケンシングによって得られたかのいずれかであった。

【０２５７】

決定されたcDNA配列を、コンピューターアルゴリズムFASTAおよび/またはBLASTNを用いてEMBLデータベースにおける既知の配列と比較した。重複性配列の多重アラインメントを用いて、信頼度が高いコンセンサス配列を構築した。決定されたcDNA配列は、SEQ ID NO:1～230に提供されている。他の植物種由来の既知の配列との類似性に基づいて、単離されたポリヌクレオチド配列は、表1および2に列挙されているように、木質部および細胞壁タンパク質をコードすると同定された。SEQ ID NO:132～230のポリヌクレオチド配列に対応する推定のポリペプチド配列は、SEQ ID NO:362～460に提供されている。

【０２５８】

実施例2

ピヌス・ラジアータからのcDNAクローンの単離および特徴付け

上の実施例1に記載されているように、ピヌス・ラジアータcDNA発現ライブラリー(シュート芽組織、懸濁培養細胞、早材師部(2つの独立したライブラリー)、維管束分裂組織、雄錐、根(未知の系統)、細根、構造的根、雌錐、球果原基、雌迎接突起、および木部(2つの独立したライブラリーのいずれかから調製された)を構築し、スクリーニングした。

【０２５９】

陽性クローンについてのDNA配列は、Perkin Elmer/Applied Biosystems Division Prism 377シーケンサーにおいてフォワードおよびリバースプライマーを用いて得られ、決定された配列は、上記のように、データベースにおける既知の配列と比較された。

【０２６０】

他の植物種由来の既知の配列との類似性に基づいて、単離されたポリヌクレオチド配列は、上の表1に示されているように、木質部および細胞壁タンパク質をコードすると同定された。SEQ ID NO:1～131のポリヌクレオチド配列に対応する推定のポリペプチド配列は、SEQ ID NO:231～361に提供されている。

【０２６１】

実施例3

5'RACE単離

cDNAライブラリーにおいて部分的cDNA配列の5'側または3'側の追加の配列を同定するために、cDNA末端の5'および3'迅速増幅(RACE)を行った。SMART RACE cDNA増幅キット(Clontech Laboratories, Palo Alto, Calif.)を用いること。一般的に、方法は、最初に、ポリ(A) mRNAを単離すること、第一および第二鎖cDNA合成を行って二本鎖cDNAを生成すること、cDNA末端を平滑末端化すること、ならびにその後、SMART RACEのライゲーションを必要とする。アダプター連結ds cDNAのライブラリーを形成するためのcDNAへのアダプター。遺伝子特異的プライマーを、5'および3'RACE反応の両方のためにアダプター特異的プライマーと共に用いられるように設計した。5'および3'RACE反応を用いて、5'および3'RACE断片を得て、シーケンシングし、クローニングした。その過程は、完全長遺伝子の5'および3'末端が同定されるまで繰り返されうる。完全長cDNAは、末端間PCRによる遺伝子の5'末端および3'末端に特異的なプライマーを用いるPCRにより生成されてもよい。

【０２６２】

例えば、第一鎖cDNAから欠損する遺伝子の5'領域を増幅するために、プライマーを、鋳型配列の逆鎖から、および鋳型配列の～100bpから200bpまでの間の領域から、5'→3'に設計した。増幅の成功は、鋳型の5'末端とPCR産物の間の～100bpのDNA配列の重複を与えるはずである。

【０２６３】

RNAを、Concert Reagent Protocol (Invitrogen, Carlsbad, CA)ならびに標準単離および抽出手順を用いて、4つのマツ組織、すなわち、実生、木部、師部、および構造的根か

ら抽出した。結果として生じたRNAを、その後、10U/ul DNアーゼI(Roche Diagnostics, Basel, Switzerland)を用いて、DNアーゼで処理した。100μgのRNAについて、9μl 10x DNアーゼ緩衝液(Invitrogen, Carlsbad, CA)、10μlのRoche DNアーゼI、および90μlのRNアーゼを含まない水が用いられた。RNAを、その後、室温で15分間、インキュベートし、1/10容積の25mM EDTAを加えた。RNeasy mini kit(Qiagen, Venlo, The Netherlands)が、製造会社のプロトコルに従って、RNA精製のために用いられた。

【０２６４】

cDNAを合成するために、木部、師部、実生、および根から抽出されたRNAを用い、SMART RACE cDNA増幅キット(Clontech Laboratories Inc, Palo Alto, CA)に製造会社のプロトコルにより従った。RACE PCRのために、4つの組織型由来のcDNAを混合した。PCRのためのマスター混合物を、木部、師部、根、および実生の組織由来のcDNAの等容積を混合することにより作製した。PCR反応を、プライマー希釈プレート(10mM)から対応するウェル位置への1μlのプライマーを含む96ウェルPCRプレート中で行った。49μlのマスター混合物を、プライマーを含むPCRプレート中へ等分する。温度サイクリングは、GeneAmp 9700(Applied Biosystems, Foster City, CA)上で以下のパラメーターで開始した：

94℃(5 sec)、
72℃(3 min)、5サイクル；
94℃(5 sec)、
70℃(10 sec)、
72℃(3 min)、5サイクル；
94℃(5 sec)、
68℃(10 sec)、
72℃(3 min)、25サイクル。

【０２６５】

cDNAを、標準手順に従ってアガロースゲル上で分離した。ゲル断片を切除し、Qiagen 96-well Gel Elutionキットを用いることにより、製造会社の使用説明書に従って、ゲルから溶出した。

【０２６６】

PCR産物を、pGEMTeasy(Promega, Madison, WI)へ96ウェルプレート中、一晩、以下の仕様：水で10μlまで満たされた、60～80ngのDNA、5μl 2X 迅速ライゲーション緩衝液、0.5μl pGEMTeasyベクター、0.1μl DNAリガーゼ、によりライゲーションし、一晩、インキュベートした。

【０２６７】

各クローンを、標準手順に従って大腸菌(E. coli)へ形質転換し、DNAを、標準プロトコルに従うことにより採取された12個のクローンから抽出した。DNA抽出およびDNA品質を、1%アガロースゲル上で検証した。各クローンにおける正しいサイズの挿入断片の存在を、制限エンドヌクレアーゼEcoRIを用いる制限消化およびゲル電気泳動により標準実験室手順に従って測定した。

【０２６８】

実施例4

EST配列のキュレーション

cDNAライブラリーの作製中、最初の転写産物またはそれらのDNA対応物は、それらが機能性タンパク質をコードできないようにする特徴を有する可能性がある。挿入、欠失、塩基置換、またはスプライスされていない、もしくは不適切にスプライスされたイントロンがある可能性がある。そのような特徴が存在する場合には、それらを同定することはしばしば可能であり、それによって、それらを変化させることができる。同様のキュレーションを、公開データベースにおける配列と相同性を有する任意の配列に行った。

【０２６９】

以下は、どのようにして配列がキュレートされたかの一般的な例である。DNA配列の決定後、BLAST分析により、それが公的に入手可能なシロイヌナズナゲノム配列上のシロイ

ヌナズナ遺伝子に関連していることが示された。しかしながら、約240アミノ酸のポリペプチドをコードする代わりに、キュレートされる配列が、157アミノ酸残基のみの産物をコードすることが予想され、DNA配列におけるエラーを示唆した。真のコード領域がどこにあるかを同定するために、各ESTの末端までのDNA配列を、3つのリーディングフレームのそれぞれにおいて翻訳し、推定配列をシロイヌナズナ遺伝子のアミノ酸配列と整列させた。ESTの1つの部分におけるDNAセグメントがシロイヌナズナ遺伝子のカルボキシル末端との類似性を有する配列をコードすることが見出された。それゆえに、スプライスされていないイントロンがESTに存在したように思われる。

【０２７０】

スプライスされていないイントロンは、対象となる遺伝子の過剰発現のためにクローニングされた配列の使用に関して比較的ささいな問題である。cDNAの転写から生じるRNAは、イントロンを除去するように正常なプロセシングを起こすことを期待されうる。アンチセンスおよびRNAi構築物もまた、対象となる遺伝子を抑制するように機能することを期待される。他の場合において、イントロンの正確な境界を同定することが、それが除去されうるために、望ましい場合がある。問題の配列が、高度に類似している公開された配列を有する場合、2つの配列を整列させ、配列同一性が低下する位置を同定することによりイントロンを見出すことが可能でありえ、イントロンが配列GTから始まり、配列AGで終わるという知識が助けとなる。

【０２７１】

高度に類似した配列が入手できないためにイントロンの部位についていくらかの疑いがあった場合、イントロン位置を実験的に検証した。例えば、予想されるイントロンが位置している領域に隣接するDNAオリゴマーを合成した。供給源の種であるマツ種かまたはユーカリ種のいずれか由来のRNAを単離し、逆転写酵素を用いてcDNAを作製するための鋳型として用いた。選択されたプライマーを、その後、cDNAの集団から正しくスプライスされたDNAセグメント(最初のコンセンサスの対応するセグメントより約350bp小さい、推定サイズ)を増幅するためにPCR反応に用いた。増幅セグメントを、その後、配列分析に供し、違いを同定するためにコンセンサス配列と比較した。

【０２７２】

代替的なスプライシング事象（部分的なイントロンの残存、またはエキソンの部分的欠損）が疑われた場合、同一の手順が用いられた。少数の塩基の挿入または欠失のようにESTの変化が小さいと、誤ったサイズの翻訳産物が予測された場合、または明らかなフレームシフトがあった場合、EST配列のコンピュータ分析はなおその位置を示すことができた。真の配列の検証は、上記したように、プライマーの合成、新規sDNAの産生、およびPCR増幅によって行われた。

【０２７３】

実施例5

ユーカリのコンピューター内でのデータ

コンピューター内での遺伝子発現を用いて、コンセンサスESTライブラリーの帰属関係を決定した。各ライブラリーについて、コンセンサスは、任意の組織クラスにおけるESTの数をクラス内のESTの総数で割り、1000を掛けた数から決定された。これらの値は、ライブラリーからのシーケンシングの程度によって偏らない正規化値を提供する。生殖器官、芽生生殖器官、芽生栄養器官、果実、葉、師部、形成層、木部、根、茎、樹液栄養器官、植物全体のライブラリーを含むいくつかのライブラリーをコンセンサス値のためにサンプリングした。

【０２７４】

下に示されているように、いくつかの発明の配列は、維管束優先発現を示し(データベースがランダムに検索された場合にこれらの配列によるヒットの50%より多くが、発達中の維管束組織から作製されたライブラリー中にある)、従って、木質部関連の発達過程に関与している可能性が高い。残りの木質部および細胞タンパク質の多くは、葉発育過程および光合成関連過程における発現を示唆する栄養優先発現、または根発達過程における発

現ならびに水および栄養素取り込みを示唆する根優先発現を示す。データは表5に示されている。

【０２７５】

（表５）ユーカリ属のコンピューター内での発現プロファイル

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
132	ユーカリ属Spp_002590	カルネキシン	0.48	0.08	2.08	0.15	3.76	3.52	3.01					5.63
133	ユーカリ属Spp_003495	カルネキシン	0.72	0.17	0.71	0.38		0.22	1.06	0.31		0.47		4.01
134	ユーカリ属Spp_013577	カルネキシン							0.04	0.08				0.12
135	ユーカリ属Spp_033927	カルネキシン								0.04				
136	ユーカリ属Spp_039632	カルネキシン				0.08								
137	ユーカリ属Spp_006372	スクロースシンターゼ		0.08	1.56	0.31	0.85	0.50	0.15	0.82		1.19		2.91
138	ユーカリ属Spp_006373	スクロースシンターゼ				0.23	0.84	0.17	0.04	0.43		1.19		3.81
139	ユーカリ属Spp_006549	スクロースシンターゼ		0.08	2.02	0.23	4.19	0.28	0.15	0.28		1.90		10.95

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
140	ユーカリ属Spp_019813	スクロースシンターゼ								0.23				
141	ユーカリ属Spp_033523	スクロースシンターゼ								0.55				
142	ユーカリ属Spp_001430	β-グルコシダーゼ												0.74
143	ユーカリ属Spp_001556	β-グルコシダーゼ	3.38	0.08	0.60		0.35	0.17	0.30	0.16			0.25	1.44
144	ユーカリ属Spp_003619	β-グルコシダーゼ		0.17	0.18	0.15	0.17	0.17		0.04				2.29
145	ユーカリ属Spp_006486	β-グルコシダーゼ	0.48	0.34	0.19									
146	ユーカリ属Spp_006939	β-グルコシダーゼ		0.93				0.06	0.15	0.08				3.13
147	ユーカリ属Spp_006955	β-グルコシダーゼ		0.08	1.53		3.32	0.17	0.04	0.28				0.70
148	ユーカリ属Spp_007432	β-グルコシダーゼ			1.70			0.11	0.91	0.04				0.33

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
149	ユーカリ属Spp_007745	β-グルコシダーゼ			0.19			0.06						6.23
150	ユーカリ属Spp_007776	β-グルコシダーゼ			1.12		0.50	0.11	0.15					0.68
151	ユーカリ属Spp_008889	β-グルコシダーゼ			1.08		1.49	0.39		0.04				0.21
152	ユーカリ属Spp_009271	β-グルコシダーゼ		0.51	2.34									
153	ユーカリ属Spp_010369	β-グルコシダーゼ	0.48					0.72						
154	ユーカリ属Spp_010420	β-グルコシダーゼ						0.06		0.04				
155	ユーカリ属Spp_010726	β-グルコシダーゼ				0.08		0.17	0.76	0.59				
156	ユーカリ属Spp_011679	β-グルコシダーゼ					0.52	0.06						
157	ユーカリ属Spp_036289	β-グルコシダーゼ						0.17		0.12				

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
158	ユーカリ属Spp_037751	β-グルコシダーゼ								0.24				
159	ユーカリ属Spp_011491	β-グルコシダーゼ			0.49	0.08	0.17			0.24				6.01
160	ユーカリ属Spp_016710	β-グルコシダーゼ												0.33
161	ユーカリ属Spp_017035	β-グルコシダーゼ					0.50							0.36
162	ユーカリ属Spp_000843	β-グルコシダーゼ			1.08			0.61	0.15	0.04				1.13
163	ユーカリ属Spp_005983	β-グルコシダーゼ				0.08		0.22	0.41					2.07
164	ユーカリ属Spp_008977	β-グルコシダーゼ			0.09		0.17	0.39						1.59
165	ユーカリ属Spp_023461	β-グルコシダーゼ					0.83	0.06	4.45					0.17
166	ユーカリ属Spp_009517	β-グルコシダーゼ			0.90			0.11		0.04				0.13

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
167	ユーカリ属Spp_019373	β-グルコシダーゼ								0.24				
168	ユーカリ属Spp_021302	β-グルコシダーゼ		0.59		0.92		0.17	0.04					
169	ユーカリ属Spp_021738	β-グルコシダーゼ		0.59		0.92		0.17	0.04					
170	ユーカリ属Spp_024123	β-グルコシダーゼ		0.59		0.92		0.17	0.04					
171	ユーカリ属Spp_033744	β-グルコシダーゼ								0.12				
172	ユーカリ属Spp_041352	β-グルコシダーゼ					0.52							
173	ユーカリ属Spp_006312	β-グルコシダーゼ		0.08	2.98	0.23	0.17	0.50	0.04	0.04				2.30
174	ユーカリ属Spp_006494	β-グルコシダーゼ		0.08		0.15		0.17						
175	ユーカリ属Spp_008515	β-グルコシダーゼ			1.04					0.08				0.61

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
176	ユーカリ属Spp_011678	β-グルコシダーゼ					1.40	0.61						
177	ユーカリ属Spp_016980	β-グルコシダーゼ		0.68		0.38	1.16		0.04	0.20				
178	ユーカリ属Spp_020029	β-グルコシダーゼ								0.60				
179	ユーカリ属Spp_021882	β-グルコシダーゼ										0.71		0.13
180	ユーカリ属Spp_000640	ヘキソースピロホスホリラーゼ		0.34			1.57	0.73		0.08				0.26
181	ユーカリ属Spp_012471	ヘキソースピロホスホリラーゼ					0.70	0.06						0.25
182	ユーカリ属Spp_028949	ヘキソースピロホスホリラーゼ							0.22					
183	ユーカリ属Spp_010858	マンノースイソメラーゼ			0.98			0.06		0.08				0.26
184	ユーカリ属Spp_001308	スクロースリン酸シンターゼ		1.35		0.08	0.17	0.61	0.74	2.01				

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
185	ユーカリ属Spp_034568	スクロースリン酸シンターゼ								0.39				
186	ユーカリ属Spp_038142	スクロースリン酸シンターゼ								0.52				
187	ユーカリ属Spp_002364	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ					0.50							
188	ユーカリ属Spp_003103	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ		0.76		0.15	0.17							
189	ユーカリ属Spp_003487	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ								0.28				
190	ユーカリ属Spp_003488	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ	0.24			0.31				0.43				
191	ユーカリ属Spp_003492	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ	0.48						0.11	0.20				0.68
192	ユーカリ属Spp_003494	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ								0.04				0.50
193	ユーカリ属Spp_004062	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ			0.27			0.11		0.04				1.35

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
194	ユーカリ属Spp_004063	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ				0.08			0.37					0.74
195	ユーカリ属Spp_005148	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ			0.54									0.37
196	ユーカリ属Spp_007619	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ			2.46									1.00
197	ユーカリ属Spp_010673	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ					0.17	0.06	1.06	0.04				
198	ユーカリ属Spp_010807	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ					0.17	0.44		0.28				3.62
199	ユーカリ属Spp_011549	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ						0.06						0.23
200	ユーカリ属Spp_012168	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ						0.77		0.04				0.49
201	ユーカリ属Spp_012541	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ					1.05	0.06						0.38
202	ユーカリ属Spp_012905	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ												0.68

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
203	ユーカリ属Spp_017386	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ			0.16	1.15				0.24				6.20
204	ユーカリ属Spp_022385	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ						0.06						5.11
205	ユーカリ属Spp_033851	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ								0.35				
206	ユーカリ属Spp_034061	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ							0.30	0.20				
207	ユーカリ属Spp_036012	キシログルカンエンドトランスグリコシラーゼ								0.16				
208	ユーカリ属Spp_002298	ディリジェント						0.06						6.38
209	ユーカリ属Spp_002439	ディリジェント				0.54		0.11						3.54
210	ユーカリ属Spp_008836	ディリジェント			0.09		0.17	2.28						0.84
211	ユーカリ属Spp_009914	ディリジェント			0.18			0.39						0.45

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
212	ユーカリ属Spp_009915	ディリジェント			0.16			0.50		0.20				1.23
213	ユーカリ属Spp_010326	ディリジェント						0.50						
214	ユーカリ属Spp_017008	ディリジェント				0.46	0.83							
215	ユーカリ属Spp_017185	ディリジェント				0.77	0.33		0.30					
216	ユーカリ属Spp_019645	ディリジェント								0.43				0.28
217	ユーカリ属Spp_002197	エクスパンシン						0.44		0.04				0.78
218	ユーカリ属Spp_002399	エクスパンシン			1.49			0.61	0.15					3.60
219	ユーカリ属Spp_002532	エクスパンシン		0.08	1.04		0.52	2.44	0.91	0.12				3.53
220	ユーカリ属Spp_006932	エクスパンシン		0.08			0.17			0.12				

SEQ ID	コンセンサスID	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
221	ユーカリ属Spp_013492	エクスパンシン							0.56					
222	ユーカリ属Spp_014985	エクスパンシン				0.62	0.17		0.37					0.13
223	ユーカリ属Spp_014986	エクスパンシン							0.07					
224	ユーカリ属Spp_015104	エクスパンシン					0.17		0.04					
225	ユーカリ属Spp_018610	エクスパンシン								0.36				
226	ユーカリ属Spp_020260	エクスパンシン				0.08				0.44				
227	ユーカリ属Spp_028458	エクスパンシン						0.55						
228	ユーカリ属Spp_031108	エクスパンシン	1.69	0.08						0.08				
229	ユーカリ属Spp_010481	イールデイン					2.62			0.08				0.12
230	ユーカリ属Spp_019062	イールデイン				0.46				0.43				

表において、以下の数1～12は以下の組織を表す：1は芽生生殖器官である；2は芽生栄養器官である；3は形成層である；4は果実である；5は葉である；6は師部である；7は生殖器官である；8は根である；9は樹液栄養器官である；10は幹である；11は全体である；および12は木部である。

【０２７６】

実施例6

マツのコンピューター内でのデータ

コンピューター内での遺伝子発現を用いて、コンセンサスESTライブラリーの帰属関係を決定した。各ライブラリーについて、コンセンサスは、任意の組織クラスにおけるESTの数をクラス内のESTの総数で割り、1000を掛けた数から決定された。これらの値は、ライブラリーからのシーケンシングの程度によって偏らない正規化値を提供する。生殖器官、芽生生殖器官、芽生栄養器官、果実、葉、師部、形成層、木部、根、茎、樹液栄養器官、植物全体のライブラリーを含むいくつかのライブラリーをコンセンサス値のためにサンプリングした。

【０２７７】

下に示されているように、いくつかの発明の配列は、維管束優先発現を示し(データベースがランダムに検索された場合にこれらの配列によるヒットの50%より多くが、発達中の維管束組織から作製されたライブラリー中にある)、従って、木質部関連の発達過程に関与している可能性が高い。残りの木質部および細胞壁タンパク質の多くは、葉発育過程および光合成関連過程における発現を示唆する栄養優先発現、または根発達過程における発現ならびに水および栄養素取り込みを示唆する根優先発現を示す。データは表6に示されている。

【０２７８】

（表６）マツ属のコンピューター内での発現プロファイル

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	000420	カルネキシン	0.16	0.42	0.22	1.16	0.27	2.20	0.96	0.93	0.60	0.90	7.03	6.88
2	009128	カルネキシン			0.22	1.38	0.16	0.13		0.15	0.22		1.52	0.95
3	000082	β-グルコシダーゼ		0.14	0.33	0.24		0.56	0.34	0.07	0.36	0.18	1.23	0.93
4	000808	β-グルコシダーゼ	0.31		0.11	0.59	0.16	0.53	0.97	0.55	0.76		2.15	2.66
5	002641	β-グルコシダーゼ			0.22	0.29		0.45	0.15			0.36	0.20	
6	003151	β-グルコシダーゼ				10.45		0.34					0.10	0.85
7	003170	β-グルコシダーゼ								0.14	0.07		0.43	0.70
8	003171	β-グルコシダーゼ	0.16			0.46	0.16	0.17		0.15	0.07	0.18	1.46	1.25
9	005830	β-グルコシダーゼ		0.14						0.27			0.05	
10	006138	β-グルコシダーゼ			0.33									
11	006141	β-グルコシダーゼ			0.22	0.05	0.05	0.96	0.39	0.14	0.15		0.41	11.87
12	008153	β-グルコシダーゼ			0.33			0.46			0.18		0.39	2.75
13	008677	β-グルコシダーゼ			0.11	5.03		1.28	0.80		0.22		0.43	2.72
14	008688	β-グルコシダーゼ											0.05	
15	008701	β-グルコシダーゼ						0.44						0.14
16	010276	β-グルコシダーゼ				0.63		0.13		0.14			0.42	0.32

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
17	012343	β-グルコシダーゼ						0.28						
18	013199	β-グルコシダーゼ						0.48			0.39		0.23	0.17
19	014339	β-グルコシダーゼ	0.47			0.19		0.56						0.15
20	014357	β-グルコシダーゼ	0.16			0.25							0.10	1.28
21	014389	β-グルコシダーゼ	0.16						0.19					
22	015733	β-グルコシダーゼ								0.36			4.77	
23	015734	β-グルコシダーゼ											0.10	
24	019348	β-グルコシダーゼ											0.14	
25	020304	β-グルコシダーゼ											0.35	0.87
26	020305	β-グルコシダーゼ						0.13						
27	021499	β-グルコシダーゼ				0.60		0.15	0.26					0.72
28	021803	β-グルコシダーゼ					0.11	0.27	1.95					
29	024199	β-グルコシダーゼ									0.31			0.82
30	024166	β-グルコシダーゼ									0.08			
31	000560	β-グルコシダーゼ				0.63		0.13			0.25	0.36		2.85
32	008324	β-グルコシダーゼ			0.44			0.13					0.24	1.07
33	008526	β-グルコシダーゼ											0.15	0.57

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
34	013209	β-グルコシダーゼ											0.18	0.56
35	013210	β-グルコシダーゼ				0.30			0.58		0.04		0.67	0.57
36	018923	β-グルコシダーゼ				0.41							0.05	
37	022167	β-グルコシダーゼ					0.05	0.56	0.11					0.46
38	005555	β-グルコシダーゼ											0.55	
39	006798	β-グルコシダーゼ								0.14			0.05	7.44
40	006799	β-グルコシダーゼ				0.43	0.11	0.43			0.20		0.14	0.88
41	006802	β-グルコシダーゼ				0.21				0.14	0.04		2.72	
42	006803	β-グルコシダーゼ	0.16	0.28	0.11	0.40		0.47	0.41	0.14	0.04		0.75	3.68
43	013555	β-グルコシダーゼ						1.25			0.65			
44	014884	β-グルコシダーゼ								0.73			21.39	
45	001975	β-グルコシダーゼ	0.16		0.11	0.14		0.19	0.11					1.80
46	003684	β-グルコシダーゼ					0.05	0.33		0.15		0.18	0.05	
47	008566	β-グルコシダーゼ			0.22				0.15				2.41	
48	013146	β-グルコシダーゼ								0.58	0.04		2.53	
49	014358	β-グルコシダーゼ	0.16			0.05		0.13	0.29				0.16	1.19
50	014570	β-グルコシダーゼ	0.16							0.07				

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
51	014985	β-グルコシダーゼ								1.45			31.72	0.17
52	023047	β-グルコシダーゼ						0.41						0.46
53	006216	ヘキソース ピロホスホリラーゼ	0.47	0.14		0.43		0.36	0.22	0.55			1.35	2.27
54	013260	ヘキソース ピロホスホリラーゼ	0.16				0.11	0.31	0.11	0.07			0.67	1.45
55	014596	ヘキソース ピロホスホリラーゼ	0.16			0.65				0.14			0.21	0.17
56	021340	ヘキソース ピロホスホリラーゼ				0.64								1.73
57	022975	ヘキソース ピロホスホリラーゼ						0.69	0.15		0.36			0.34
58	007714	マンノースイソメラーゼ			0.11			0.19		0.07	0.07		0.67	0.83
59	013469	スクロースリン酸 シンターゼ						0.06					0.05	
60	016491	スクロースリン酸 シンターゼ									0.07		0.23	0.16

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
61	001007	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ		0.28		3.54		0.17	0.29		0.80	1.79	0.44	4.35
62	001008	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.97					0.20		0.17	2.09
63	001184	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ								0.07			0.47	
64	001186	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ		0.14		0.97						0.18	0.29	0.19
65	001187	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.39				0.15			1.80	
66	001191	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.19								
67	001197	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ											0.05	
68	001603	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.24		0.19	0.11	0.07		0.36	0.63	1.00
69	001604	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ	0.16											

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・テダータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
70	002148	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ									0.04	0.54	0.33	
71	005260	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ				0.05	0.05				0.04		0.82	2.02
72	005658	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ			0.11					0.07			4.05	
73	005659	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ	0.16			0.59	0.44	0.27	0.15	0.07	0.26		2.32	0.31
74	005715	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ												0.16
75	005718	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ			0.11			0.15			0.04			1.72
76	006166	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ		0.14			0.05		0.11	0.14				
77	008291	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ			0.44	0.39					0.04		0.25	
78	008343	キシログルカン エンドトランス グリコシラーゼ			0.33	0.43								

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
79	010682	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.69		0.11						1.56
80	011081	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.24		39.12					1.28	
81	011726	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ						0.62			0.04			
82	013444	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ					0.11	0.19	0.19	0.42	0.07		1.27	0.51
83	014144	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ	0.16										0.19	
84	014539	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ	0.16											0.20
85	015716	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ					0.33						0.09	
86	016453	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ								0.22			0.04	
87	017884	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ						0.13					0.19	

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・テダータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
88	023707	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.21		0.14						
89	023708	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ											0.18	
90	027337	キシログルカン エンドトランスグリコシラーゼ				0.10							0.18	0.15
91	001609	ディリジェント				0.19					0.08	0.18		3.96
92	004488	ディリジェント							0.19		0.04		0.19	
93	004489	ディリジェント		0.14		1.04		0.61	0.63					3.36
94	005049	ディリジェント	0.47	0.28					0.31				0.92	
95	005790	ディリジェント	0.16	0.14			0.16		0.15					
96	005791	ディリジェント			0.11			0.33			0.23		0.29	0.41
97	006230	ディリジェント							0.11	0.14			1.81	
98	006231	ディリジェント								0.29			4.39	
99	009358	ディリジェント			0.11			0.06					1.14	
100	011003	ディリジェント				0.43								0.75
101	014809	ディリジェント								0.29			0.65	

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
102	014810	ディリジェント											2.18	
103	018046	ディリジェント											0.10	
104	018129	ディリジェント											0.14	0.14
105	019464	ディリジェント					0.27				0.07		0.05	
106	019641	ディリジェント											0.32	
107	020854	ディリジェント											0.11	
108	022079	ディリジェント					0.16			0.22				
109	026378	ディリジェント									0.07			
110	027112	ディリジェント												1.62
111	000134	エクスパンシン		0.42		0.43		0.11	0.11	0.27	0.04		0.19	0.75
112	003894	エクスパンシン		0.56				0.98	0.31	0.27	0.32	0.36	0.41	3.90
113	005134	エクスパンシン						0.82						
114	005738	エクスパンシン	0.16	0.28			0.16		0.26				0.05	
115	006938	エクスパンシン	0.16	0.14		0.35		0.41	1.04		0.62		1.92	3.63
116	007527	エクスパンシン		0.14							0.68		0.50	
117	008477	エクスパンシン				0.05								
118	008478	エクスパンシン											0.24	

DNA SEQ ID	コンセンサスID ピヌス・ラジアータ	ファミリー	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
119	008479	エクスパンシン											0.77	
120	008480	エクスパンシン			0.11								0.19	0.33
121	008481	エクスパンシン											0.05	
122	009863	エクスパンシン												2.86
123	009864	エクスパンシン	0.16			0.05		0.14					0.99	0.75
124	011105	エクスパンシン				0.59		0.13			0.04			
125	012207	エクスパンシン						0.40						
126	015481	エクスパンシン								0.15	0.69		2.46	1.13
127	015617	エクスパンシン					0.05						1.37	
128	015619	エクスパンシン								0.29			1.93	
129	016977	エクスパンシン											0.39	
130	021768	エクスパンシン					0.11				0.07			
131	026140	イールディン									0.07			

表において、以下の数1～12は以下の組織を表す：1は芽生生殖器官である；2は芽生栄養器官である；3はカルスである；4は形成層である；5は分裂組織栄養器官である；6は師部である；7は生殖器官雌である；8は生殖器官雄である；9は根である；10は維管束である；11は全体である；および12は木部である。

【０２７９】

実施例7

この実施例は、どのようにしてP. ラジアータにおける木質部発達に重要なポリヌクレオチドが決定されたか、およびどのようにしてそれらの遺伝子に一意的に結合するオリゴヌクレオチドがマイクロアレイ上に用いるために設計および合成されたかを例証する。

【０２８０】

樹齢約16年の放任受粉樹木が、テーダマツについて米国において、およびラジアータマツについてニュージーランドにおいて、植林地成長立地から選択された。樹木を春および夏の季節中に伐採して、これらの異なる木質部形成発達段階と関連した遺伝子の発現を比較した。樹木を個々に伐採し、幹切片を、底面から約1～2メートルの根元領域から、および目下の樹冠より下へ1～2メートル内で、採取した。幹の基底端から採取された切片は成熟材を含んだ。目下の樹冠より下から採取された切片は幼若材を含んだ。春の季節中に収集された試料は、早材または春材と呼ばれ、一方、夏の季節中に収集された試料は、晩材または夏材とみなされる(Larson et al., Gen. Tech. Rep. FPL-GTR-129. Madison, WI: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Forest Products Laboratory. 42p.)。

【０２８１】

組織を、師部、形成層、発達中の木部、および成熟中の木部が採取されるように、幹切片から単離した。これらの組織を、当年の年輪からのみ収集した。いずれの場合の組織採取においても、物質を、核酸および他の成分を保護するために液体窒素中へすぐに漬けた。樹皮を切片から剥がし、師部組織を、樹皮の内面からかみそりの刃で解体することにより採取した。形成層組織を、樹皮を剥がされた切片の外面から表面の穏やかな剥離により単離した。発達中の木部および木化中の木部を、残りの組織のより力強い剥離を連続的に行うことにより単離した。組織を、RNA抽出およびその後の分析を行うまでの-70℃での長期保存のための容器へ液体窒素から移した。

【０２８２】

実施例8

この実施例は、RNA抽出および精製のための手順を例証し、特に、球果植物の針状葉、木部、形成層、および師部から得られるRNAについて有用である。

【０２８３】

組織を、球果植物の針状葉、木部、形成層、または師部から得た。組織を液体窒素中で凍結させ、すりつぶした。全RNAを、Concept Plant RNA試薬(Invitrogen)を用いて抽出した。結果として生じたRNA試料をフェノール：クロロホルムへ抽出し、DNアーゼで処理した。RNAをその後、65℃で2分間、インキュベートし、続いて4℃で30分間、遠心分離した。遠心分離後、RNAを、夾雑物を除去するために少なくとも10回、フェノールへ抽出した。

【０２８４】

RNAをさらに、RNeasyカラム(Qiagen)を用いて浄化した。精製されたRNAをRiboGreen試薬(Molecular Probes)を用いて定量し、純度をゲル電気泳動により評価した。

【０２８５】

RNAをその後、MessageAmp(Ambion)を用いて増幅した。アミノアリル-UTPおよび遊離UTPを、精製RNAのインビトロ転写へ、4:1のアミノアリル-UTP対UTPの比で加えた。アミノアリル-UTPは、新しいRNA鎖へと、それが転写される時に取り込まれた。その後、アミノアリル基を、RNAとの使用のために改変されたAmersham手順を用いて、Cy色素と反応させ、結果として生じた増幅RNAに比色標識を付着させた。取り込まれていない色素をエタノール沈殿により除去した。標識RNAを分光測定で定量した(NanoDrop)。標識RNAを、Hughes et al., Nature Biotechol. 19:342 (2001)に記載されているように、95℃まで加熱することにより断片化した。

【０２８６】

実施例9

この実施例は、どのようにしてP. ラジアータにおける木質部発達に重要な遺伝子が決定されたか、およびどのようにしてそれらの遺伝子に一意的に結合するオリゴヌクレオチ

ドがマイクロアレイ上に用いるために設計および合成されたかを例証する。

【０２８７】

P. ラジアータ種のマツの木を、自然光条件下で成長させた。組織試料を、例えば、Sterky et al., Proc. Nat'l Acad. Sci. 95:13330 (1998)に記載されているように調製した。具体的には、組織試料を、5メートルの高さを有する森林の樹木から収集した。森林樹木の組織試料を、幹の形成層領域を通って接線方向切片を取ることにより調製した。幹を、幼若(先端)から成熟(根元)までの範囲の切片へと水平に切断した。発達段階により分離された幹切片をさらに、師部、分化中の師部、形成層、分化中の木部、発達中の木部、および成熟木部の切片へと剥ぐことにより5層へ分離した。葉、芽、シュート、および根を含む組織試料もまた、P. ラジアータ種の実生から調製した。

【０２８８】

実施例1またはSterky et al., 前記に記載されているように、RNAを単離し、ESTを作製した。発達中の木質部を含む試料由来のESTの核酸配列を、多糖合成に関与することが知られている遺伝子の核酸配列と比較した。発達中の木質部を含まない試料由来のESTもまた、植物細胞周期に関与することが知られている遺伝子の配列と比較した。コンピューター内でのハイブリダイゼーション分析を、以下のとおり、BLAST(NCBI)を用いて行った。

【０２８９】

実施例10

発達中の木質部を含む試料から生成されたESTへのコンピューター内でのハイブリダイゼーションを示すが、発達中の木質部を含まない試料由来のESTにハイブリダイズしない配列を、さらなる実験のために選択した。

【０２９０】

木質部優先発現を示す遺伝子にハイブリダイズする配列を含むcDNAクローンを、分子生物学分野で周知の技術を用いてcDNAライブラリーから選択した。配列情報を用いて、各オリゴヌクレオチドがライブラリーにおける1つのcDNA配列のみに特異的であるように、オリゴヌクレオチドを設計した。オリゴヌクレオチド配列は表5に提供されている。60-merオリゴヌクレオチドプローブを、Li and Stormo, 前記の方法を用いて、またはArrayDesigner、GeneScan、およびProbeSelectなどのソフトウェアを用いて、設計した。

【０２９１】

その後、オリゴヌクレオチドを、Hughes et al., Nature Biotechnol. 19:324 (2002)に記載されているように、またはKane et al., Nucleic Acids Res. 28:4552 (2002)に記載されているように、インサイチューで合成し、5'アミノリンカーを用いて活性化スライドグラス(Sigma-Genosis, The Woodlands, TX)へ付着させた。スライド上の各オリゴヌクレオチドの位置は既知であった。

【０２９２】

実施例11

この実施例は、上記のように調製されたオリゴヌクレオチドマイクロアレイを用いて木質部形成に重要である本出願のピヌス・ラジアータ遺伝子の発現を検出する方法を例証する。これは、成熟相師部(P)、形成層(C)、形成層より下の層に見出される拡大中の木部(X1)、および同じ年輪のより深くで見出される木化中の木部細胞(X2)から調製されたRNA試料を用いて行われる、釣り合い型不完備ブロック計画実験の例である。この実施例において、細胞周期遺伝子発現を、4つの試料、すなわち、P、C、X1、およびX2の間で比較した。

【０２９３】

夏において、ピヌス・ラジアータ種の植物を伐採し、幹の樹皮をすぐに、師部および木部を現すように穏やかに引き離した。その後、師部および木部を外科用メスで剥ぎ、液体窒素の別々の容器へ入れた。樹木からの針状葉(葉)および芽もまた、外科用メスで採取し、液体窒素の別々の容器へ入れた。RNAを、その後、実施例1に記載されているように、凍結組織試料から単離した。等マイクログラム量の全RNAを、RNeasy Miniカラム(Qiagen, Valencia, CA)を用いて製造会社の使用説明書に従い、各試料から精製した。

【０２９４】
増幅反応を、P、C、X1、およびX2組織試料のそれぞれについて行った。増幅反応は、T7に基づいた増幅手順であるAmbionのMessageAmpキットを用い、標識aaUTPを増幅段階中に試薬混合物へ添加することを除き、製造会社の使用説明書に従って行われた。aaUTPは、この段階中に形成される結果として生じたアンチセンスRNAへ取り込まれた。実施例8に記載されているように、CyDye蛍光標識を非酵素反応でaaUTPへ結合させた。標識された増幅アンチセンスRNAを沈殿させ、洗浄し、NanoDrop分光光度計を用いて純度についてアッセイした。P、C、X1、およびX2組織試料から単離されたRNAに対応するこれらの標識アンチセンスRNAは、試料核酸を構成し、P、C、X1、およびX2試料と呼ばれた。
【０２９５】
既知の核酸の正規化対照試料を、シグナルの定量化のために、500、200、100、50、25、および10pg/μlの希釈系列における各試料に加えた。ハウスキーピング遺伝子などのマツの全組織において発現を示す特定の遺伝子に対応する陽性対照もまた、植物試料へ加えた。
【０２９６】
4つのマイクロアレイスライドのそれぞれを、125μLのP、C、X1、またはX2試料と、カバースリップ下で42℃、16～18時間、インキュベートした。アレイを、1x SSC、0.1%SDS中で10分間、その後、0.1x SSC、0.1%SDS中で10分間、洗浄し、乾燥させた。
【０２９７】
アレイスライドをAxonレーザースキャナーを用いてスキャンし、GenePix Proソフトウェアを用いて分析した。マイクロアレイスライドからのデータを、GenStat SASまたはSpotfireソフトウェアを用いるマイクロアレイデータ分析にかけた。アウトライアーを除去し、データセットのそれぞれについてのレシオメトリックデータを、示差的な色素の偏りおよび空間的効果を補正するために適用される三次スプライン適合を用いる大域的正規化(global normalization)を用いて正規化した。対照シグナル比を平均$\log^2=0$(すなわち、1:1比)に適合させるように二次変換を行った。その後、正規化データを分散分析にかけた。
【０２９８】
マイクロアレイスライド上の任意の所定の位置における各シグナルの平均シグナル強度を、P、C、X1、およびX2試料マイクロアレイスライドのうちの3つのそれぞれについて測定した。この平均シグナル/プローブ位置を、平均を計算するのに用いられなかった試料スライド上の同じ位置におけるシグナルと比較した。例えば、所定の位置における平均シグナルをP、C、およびX1について測定し、X2マイクロアレイスライドのその位置におけるシグナルを、P、C、およびX1平均シグナル値と比較した。
【０２９９】
その後、シグナルデータを、RT-PCRで検証し、プローブにおける固有のオリゴヌクレオチドに対応する遺伝子の標的組織における遺伝子発現を確認した。
【０３００】
実施例12
この実施例は、どのようにして、複数のマツ種、この場合、P．ラジアータおよびテーダマツ、P．テーダ、の両方の樹木由来の組織のRNAが、実施例4に記載されたP．ラジアータcDNA配列由来のマイクロアレイを用いる樹木の幼若材および成熟材形成切片における木質部発達に関連した遺伝子発現のパターンの分析のために選択されるかを例証する。
【０３０１】
樹齢約16年の放任受粉樹木が、テーダマツについて米国において、およびラジアータマツについてニュージーランドにおいて、植林地成長立地から選択された。樹木を春および夏の季節中に伐採して、これらの異なる木質部形成発達段階と関連した遺伝子の発現を比較した。樹木を個々に伐採し、幹切片を、底面から約1～2メートルの根元領域から、および目下の樹冠より下へ1～2メートル内で、採取した。幹の基底端から採取された切片は成熟材を含んだ。目下の樹冠より下から採取された切片は幼若材を含んだ。春の季節中に収

集された試料は、早材または春材と呼ばれ、一方、夏の季節中に収集された試料は、晩材または夏材とみなされた。Larson et al., Gen. Tech. Rep. FPL-GTR-129. Madison, WI: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Forest Products Laboratory. p.42。

【０３０２】

組織を、師部、形成層、発達中の木部、および成熟中の木部が採取されるように、幹切片から単離した。これらの組織を、当年の年輪からのみ収集した。いずれの場合の組織採取においても、物質を、核酸および他の成分を保護するために液体窒素中へすぐに漬けた。樹皮を切片から剥がし、師部組織を、樹皮の内面からかみそりの刃で解体することにより採取した。形成層組織を、樹皮を剥がされた切片の外面から表面の穏やかな剥離により単離した。発達中の木部および木化中の木部を、残りの組織のより力強い剥離を連続的に行うことにより単離した。組織を、RNA抽出およびその後の分析を行うまでの-70℃での長期保存のための容器へ液体窒素から移した。

【０３０３】

実施例13

この実施例は、RNA抽出および精製のための、特に木本の様々な組織から得られたRNAについて有用な、上の実施例に用いられたものの代替となる手順、ならびに実施例7および9に記載されたアレイを用いるハイブリダイゼーションおよびデータ分析のための代替手順を例証する。

【０３０４】

RNAを、Chang et al., Plant Mol. Biol. Rep. 11:113のプロトコルに従って単離した。DNAを、DNアーゼI(Invitrogen, Carlsbad, CA)を用い、製造会社の推奨に従って採取した。RNA試料の完全性を、Agilent 2100 Bioanalyzer(Agilent Technologies, USA)を用いて測定した。

【０３０５】

各組織由来の10μgの全RNAを、公知の方法を用いてcDNAへ逆転写した。

【０３０６】

ピヌス・ラジアータ師部組織の場合において、通常の標識手順のための十分な量の全RNAを抽出することは困難でありうる。前に記載されているように、全RNAを抽出して、処理し、100ngの全RNAを、NuGEN(商標)(NuGEN, CA, USA)からのOvation(商標)Nanosample RNA Amplificationシステムを用いて増幅した。Ambionにより製造されたものなど類似した増幅キットを代わりに用いてもよい。上記のように、増幅RNAをcDNAへ逆転写し、標識した。

【０３０７】

ハイブリダイゼーションおよびストリンジェンシー洗浄は、「マイクロアレイ分析のためにcDNAを標識およびハイブリダイズするための方法ならびにキット」についての米国特許出願(前記)に記載されているプロトコルを用いて42℃で行われた。アレイ(スライド)は、ScanArray 4000 Microarray Analysis System(GSI Lumonics, Ottawa, ON, Canada)を用いてスキャンされた。生の非正規化強度値は、QUANTARRAYソフトウェア(GSI Lumonics, Ottawa, ON, Canada)を用いて作成された。

【０３０８】

分析データから最大統計学的推論を可能にするアレイ実験を設計するために、完全釣り合い型不完備ブロック実験計画(Kerr and Churchill, Gen. Res. 123:123, 2001)を用いた。

【０３０９】

遺伝子発現データは、SAS(登録商標)Microarray Solutionソフトウェアパッケージ(The SAS Institute, Cary, NC, USA)を用いて分析された。結果として生じたデータは、その後、JMP(登録商標)(The SAS Institute, Cary, NC, USA)を用いて可視化された。

【０３１０】

この実験について行われた分析は、混合モデル仕様でのANOVAアプローチであった(Wolf

inger et al., J. Comp. Biol. 8:625-637)。線形混合モデルの2段階が適用された。第一のもの、正規化モデルがスライドレベルにおける大域的正規化のために適用された。第二のもの、遺伝子モデルは、各遺伝子に関して厳密な統計学的推論を行うために適用された。両方のモデルは、モデル(1)および(2)において示されている。

$$\log_2(Y_{ijkls}) = \theta_{ij} + D_k + S_l + DS_{kl} + \omega_{ijkls} \quad (1)$$

$$R^{(g)}_{ijkls} = \mu^{(g)}_{ij} + D^{(g)}_k + S^{(g)}_l + DS^{(g)}_{kl} + SS^{(g)}_{ls} + \varepsilon^{(g)}_{ijkls} \quad (2)$$

【０３１１】

Y_{ijkls}は、i番目の細胞系についてj番目の処理を施すk番目の色素でのl番目のスライドにおけるs番目のスポットの強度を表す。θ_{ij}、D_k、S_l、およびD_{Skl}は、i番目の細胞系におけるj番目の処理の平均効果、k番目の色素効果、l番目のスライド変量効果、およびl番目のスライドにおけるk番目の色素のランダムな相互作用効果を表す。ω_{ijkls}は確率的誤差項である。$R^{(g)}_{ijkls}$は、モデル(1)からのg番目の遺伝子の残余を表す。$\mu^{(g)}_{ij}$、$D^{(g)}_k$、$S^{(g)}_l$、および$DS^{(g)}_{kl}$は、それらがg番目の遺伝子に特異的であることを除き、θ_{ij}、D_k、S_l、およびDS_{kl}と類似した役割を表す。$SS^{(g)}_{ls}$は、g番目の遺伝子についてのスライド変量効果によるスポットを表す。$\varepsilon^{(g)}_{ijkls}$は確率的誤差項を表す。すべての変量項は、各モデル内で、正規分布し、かつお互いに独立していると仮定される。

【０３１２】

上記の分析に従って、特定のcDNAは、それらの一部は表7に示されており、遺伝子発現または転写産物安定性における違いに対応しうるRNAの異なる定常状態レベルに対応することが見出された。

【０３１３】

（表７）異なる定常状態RNAに対応するマツ属cDNA

SEQ ID	オリゴID	遺伝子ファミリー	定常状態RNA
8	Pra_003171_O_1	1,3-β-D-グルカナーゼ	形成層と比較して 後期発達中の木部において有意に高い転写産物
56	Pra_021340_O_1	マンノース-1-リン酸 グアニリルトランスフェラーゼ(GDP)	形成層と比較して 初期発達中の木部において有意に高い転写産物
61	Pra_001007_O_1	キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ	後期発達中の木部と比較して 初期発達中の木部において有意に高い転写産物
69	Pra_001604_O_1	キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ	師部および発達中の木部と比較して 形成層において有意に高い転写産物
68	Pra_001603_O_1	キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ	
15	Pra_008701_O_1	1,3-β-D-グルカナーゼ	発達中の木部と比較して 形成層において有意に高い転写産物 (違いの程度が高い順)
13	Pra_008677_O_1	1,3-β-D-グルカナーゼ	
96	Pra_005791_O_1	ディリジェント	
74	Pra_005715_O_2	キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ	
93	Pra_004489_O_1	ディリジェント	
17	Pra_012343_O_2	1,3-β-D-グルカナーゼ	形成層と比較して師部において有意に高い転写産物
65	Pra_001187_O_1	キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ	形成層と比較して師部において有意に低い転写産物
69	Pra_001604_O_1	キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ	(違いの程度が高い順)
35	Pra_013210_O_2	エキソ-1,4-β-キシラナーゼ	
68	Pra_001603_O_1	キシログルカン：キシログルコシルトランスフェラーゼ	

【０３１４】

木質部発達におけるこれらの特定の遺伝子の関与は、木質部発達の特定の段階に対する遺伝子の上方制御または下方制御の関連を通して推論される。特定の季節および木の幹の位置における切片に渡る木質部発達の空間的連続体(師部、形成層、発達中の木部、熟成中の木部)、ならびに季節および木の幹の位置の関係の両方が、遺伝子発現を木質部発達における関与へ結びつける場合、考慮される。

【０３１５】
実施例14
この実施例は、どのようにして多糖遺伝子発現を、密度、剛性、強度、分枝間の距離、および繊維傾斜度などの農学的に重要な木質部表現型と相関させることができるかを実証する。
【０３１６】
成熟のクローン的に増殖したマツの木を、優秀な成長特性および重要な真菌病に対する抵抗性について既知の親の樹木の後代の中から選択した。樹皮を接線方向切片から除去し、樹木を、胸高での5年輪目における平均木質部密度、木質部の剛性および強度、ならびに繊維傾斜度について調べた。樹木をまた、それらの高さ、主要分枝間の平均距離、樹冠サイズ、および分岐によっても特徴付けた。
【０３１７】
密度、剛性、強度、分枝間の距離、繊維傾斜度、およびこれらの特性に影響を及ぼす遺伝子のいずれかと結びつけられうる他の特性に影響を及ぼす主要な遺伝子について分離している実生ファミリーを得るために、共通の親を欠く樹木を、密度、剛性、強度、分枝間の距離、および繊維傾斜度基準に関してお互いとの最も広い変動をそれらが示すという基準で特定の雑種について選択した。従って、高密度、主要分枝間の低い平均距離、および高い繊維傾斜度を示す樹木由来の花粉を、最低密度、主要分枝間の最高平均距離、および最低繊維傾斜度を示す選抜の中の非関連精英樹由来の球果に授粉するために用いた。「精英樹」は、例えば、高密度を示す精英樹由来の花粉が高密度を示すもう一つの精英樹由来の発達中の球果に授粉するために用いられる、および主要分枝間の低い平均距離を示す精英樹由来の花粉が主要分枝間の低い平均距離を示すもう一つの精英樹由来の発達中の球果に授粉するために用いられるように、交雑させられたことに留意することは有用である。
【０３１８】
種子を、これらの調節受粉から収集し、親のアイデンティティが各種子について維持されるように成長させ、各遺伝子型が複数のラミートにより表されるように栄養繁殖に用いた。栄養繁殖は、微細繁殖法、接ぎ木、または挿し木を用いて達成された。各遺伝子型のラミートを貯蔵し、各遺伝子型の栄養珠芽を、野外植え付けの確立に十分なサイズまで成長させた。遺伝子型を、複製設計において整列させ、野外条件下で成長させ、そこでの毎日の温度および降雨量を測定し、記録した。
【０３１９】
樹木を、密度、剛性、強度、分枝間の距離、繊維傾斜度、およびこれらの特性に影響を及ぼす遺伝子のいずれかと連結されうる任意の他の観察可能な特性を決定するために様々な樹齢において測定した。試料を、セルロース含有量、リグニン含有量、セルロースミクロフィブリル傾角、密度、強度、剛性、仮導管形態、年輪幅などの特徴付けのために採取した。その後、RNAを、生育習性において他の点ではできる限り類似した遺伝子型由来の、多岐にわたる剛性および密度、または他の特性を示す樹木の複製試料から、早材および晩材発達をアッセイするために春および秋において、収集した。これらの試料を、下の表8に示されているのと同様に、遺伝子発現について調べた。
【０３２０】
（表８）木質部表現型を与えるマツ属遺伝子

SEQ ID	遺伝子ファミリー	コンセンサスID	発現
61	キシログルカン： キシログルコシル トランスフェラーゼ	ピヌス・ラジアータ_001007	成熟木部に対して 幼若木部において上昇*
62	キシログルカン： キシログルコシル トランスフェラーゼ	ピヌス・ラジアータ_001008	成熟木部に対して 幼若木部において上昇*
対照	リボヌクレオシド 二リン酸レダクターゼ	ピヌス・ラジアータ_000218	後期発達中の木部 に対して 初期発達中の木部 において 上昇
対照	亜硝酸トランスポーター	ピヌス・ラジアータ_016801	幼若形成層に対して 成熟形成層において 上昇

【０３２１】

各遺伝子型のラミートを、これらの特性について樹齢：樹齢相関を確立するために異なる樹齢における同じ遺伝子型のラミートと比較した。

【０３２２】

実施例15

この実施例は、どのようにして、光および季節などの環境条件に対する応答が、植物表現型を変化させ、マイクロアレイを用いて多糖合成遺伝子発現と関連づけられうるかを実証する。特に、木質部密度と関連した遺伝子発現における変化を調べる。

【０３２３】

3つの異なるクローン的に増殖したE．グランディス雑種遺伝子型の樹木を、毎日の温度および降雨量を測定する気象観測所のある立地で成長させた。春および次の夏の間、3つの異なる遺伝子型の遺伝学的に同一のラミートを、最初、植物の幼若および成熟部分の樹皮特性を示すのに十分な解像度での写真撮影を用いて、北-南方位マークと共に写真を撮り、その後、伐採した。樹齢は、種まき記録により決定され、年輪の数により確認された。これらの樹木のそれぞれにおいて、成熟材は胸高より下の樹木の最外年輪として、幼若材は胸高より上の樹木の最内年輪として、定義された。各樹木は、従って、以下のとおり扇形に分割される。

NM　－北側成熟
SM　－南側成熟
NT　－北側遷移
ST　－南側遷移
NJ　－北側幼若
SJ　－南側幼若

【０３２４】

組織を、植物幹から、ならびに幼若型および成熟型葉から採取する。試料を、植物形態および生化学的特性を含む表現型分析、ならびに遺伝子発現分析のために同時に調製する。各セクターが採られた点における樹木の高さおよび直径を記録し、樹木のふもとからの土壌試料を、化学的アッセイのために採取する。遺伝子発現分析のために調製された試料の重さを測定し、その後のマイクロアレイ実験に用いるRNA試料の調製のために液体窒素中へ置く。組織は以下のとおり表される。

P　－師部
C　－形成層
X1　－拡大中の木部
X2　－分化および木化中の木部

【０３２５】
幹のセクターのそれぞれからの接線方向および放射断面の薄片を、解剖学的検査および木質部発達段階の確認のために、Ruzin, PLANT MICROTECHNIQUE AND MICROSCOPY, Oxford University Press, Inc., New York, NY (1999)に記載されているように固定する。ミクロフィブリル傾角が、木質部の異なる発達段階、例えば、ユーカリプタス・グランディス木質部の幼若相、遷移相、および成熟相、において調べられる。調べられる他の特性は、各セクターにおける、繊維対導管要素の比、および放射組織である。さらに、試料は、繊維形態、内腔サイズ、およびS2(最厚)細胞壁層の幅などの、幼若材と成熟材の間で、および春材と夏材の間で変化する特性について調べられる。試料はさらに、木質部アッセイの当業者に周知の技術を用いて、5年輪目における密度の測定、および弾性率の測定について調べられる。例えば、Wang, et al., Non-destructive Evaluations of Trees, EXPERIMENTAL TECHNIQUES, pp. 28-30 (2000)参照。

【０３２６】
生化学的分析について、採取された試料のそれぞれからの50グラムを凍結乾燥し、単糖、アミノ酸、脂質、他の抽出物、リグニンおよびセルロースの量についての植物生化学の当業者に周知の生化学的アッセイを用いて分析する。例えば、Pettersen & Schwandt, J. Wood Chem. & Technol. 11:495 (1991)参照。

【０３２７】
本実施例において、比較のために選択された表現型は、高い密度木質部、平均密度木質部、および低い密度木質部である。核酸試料は、春および夏に採取された木質部から、実施例1～2に記載されているように調製される。ハイブリダイゼーションによる遺伝子発現プロファイリングおよびデータ分析は上記のように行われる。

【０３２８】
同様の技術およびクローン的に増殖した個体を用いて、強度、剛性、および傾斜度などの他の複雑な木質部特性に関連しているため、多糖遺伝子発現を調べうる。

【０３２９】
実施例16
この実施例は、どのようにして、本出願の遺伝子が組織優先プロモーターと連結され、マツにおいて発現し、結果として、木質部密度の増加を有する植物を生じるかを実証する。

【０３３０】
早春の間により高く発現していることが前の実施例の方法により見出されている本出願の遺伝子は、DNA構築物へクローニングされ、そのDNA構築物は、プロモーターに機能的に連結された密度関連ポリペプチドを有し、本明細書に記載された方法を用いて、適切なバイナリーベクターへ配置され、マツへ形質転換される。マツ植物を、本明細書に記載されているように形質転換し、トランスジェニックのマツ植物を用いて、森林植林を確立する。密度関連DNA構築物を形質転換されていない対照マツ植物と比較して、春材(早材)においてさえも密度の増加が、トランスジェニックのマツ植物に観察される。

【０３３１】
実施例17
この実施例は、どのようにして、遺伝子発現分析を用いて、所望の表現型を有する成熟植物に存在する遺伝子変異体を見出すことができるかを実証する。そのような変異体の存在または非存在は、成熟植物の表現型を予測するために用いられることができ、実生段階で植物のスクリーニングを可能にする。この実施例はユーカリを用いるが、本明細書に用いられる方法はまた、マツおよび他の樹木種についての繁殖計画においても有用である。

【０３３２】
推定密度関連遺伝子の配列は、木質部表現型の検査において記載されているように、密度が異なるユーカリ属から単離されたゲノムDNAを探索するために用いられる。一つの雑種は高木質部密度を示し、もう一つの雑種はより低い木質部密度を示す。高密度遺伝子変異体をより低い密度遺伝子変異体から区別する、コード領域の3'部分における分子マーカ

ーが見出される。

【０３３３】

この分子マーカーは、樹木育種者が、樹木がまだ実生段階であるうちに可能性が高い密度プロファイルについて非トランスジェニックのユーカリ属雑種をアッセイするのを可能にするが、マーカーの非存在においては、樹木育種者は、収穫期における密度を高い信頼性をもって予想できる前の多数年の間、樹木が成長するまで待たなければならない。これは、高価な選別操作および結果として生じる間伐期における腐食よりむしろ、実生段階における最良樹木の選択的外部植え付けを可能にする。この分子マーカーはさらに、どの親が高密度異系交配雑種後代を生じるかを決定する繁殖計画において有用である。

【０３３４】

より高いまたはより低い木質部密度非トランスジェニックのユーカリ雑種樹木により頻繁に見られる変異体に対応しない遺伝子のコード領域の3'部分に見出される分子マーカーもまた有用である。これらのマーカーは、繁殖計画および植え付けにおけるアイデンティティ追跡に用いる、ユーカリの異なる遺伝子型をフィンガープリントするのに有用であることが見出されている。

【０３３５】

実施例18

この実施例は、本出願の遺伝子の1つに機能的に連結された維管束優先プロモーターの使用を実証する。

【０３３６】

2003年11月7日に出願された米国特許出願第10/703,091号におけるもののいずれかなどの維管束優先プロモーターを、その後、本出願における遺伝子の1つに連結し、樹木種を形質転換するために用いる。形質転換体の木部における候補遺伝子の高められた転写レベルは、結果として、木部バイオマス表現型の増加を生じる。

【０３３７】

もう一つの例において、2003年11月21日に出願された米国特許出願第10/717,897号、または2003年11月7日に出願された米国特許出願第10/703,091号(両方とも参照により組み入れられている)に開示されたもののいずれかなどの維管束優先プロモーター。例えば、維管束優先プロモーターを、本出願における遺伝子の1つ由来の配列を含むRNAi構築物に連結し、その遺伝子が単離された属の樹木を形質転換するために用いられる。形質転換体の木部における候補遺伝子の転写レベルの低下は、結果として、木部バイオマス表現型の増加を生じる。

【０３３８】

実施例19

この実施例は、本出願の遺伝子の1つに機能的に連結された維管束優先プロモーターの使用を実証する。

【０３３９】

プラスミドpOX16を以下の段階を用いてクローニングした。35SプロモーターGUS配列をP. テーダ由来の4CLプロモーター(米国特許第6,252,135号)と置換され、かつNPTII遺伝子を作動させるNOSプロモーターをシロイヌナズナ由来のUBQ10プロモーター(Sun, C.W & Callis, J (1997) Plant J., 11:101-111)と置換されたpBI121(Clontech laboratories, Palo Alto CA)由来のプラスミドである、プラスミドpWVK223(図225、SEQ ID NO:691)を最初に作製した。多重クローニング部位を、合成相補的オリゴヌクレオチドMCSIおよびMCSIIを用いることによりHindIIIおよびClaI部位に追加した。

MCSI AGCTCTACAATTGGCTAGCAAAGTACTTAAAGCTTCCAT

MCSII GATGTTAACCGATCGTTTCATGAATTTCGAAGGTAGC

【０３４０】

pWVK223を、その後、NOSターミネーターをモミジバフウ(Liquidambar styraciflua)由来のAGAMOUSターミネーター(LSAGter)(米国特許第6,444,877号)と置換することにより中

間体プラスミドpOX1(図226およびSEQ ID NO:692)を作製するためのバックボーンとして用いた。その後、pOX1プラスミドにおけるNheIおよびScaI制限部位を用いて、実施例2からの適切なcDNAクローンから単離したSEQ ID 8の遺伝子を付加し、プラスミドpOX16を作製した(図227およびSEQ ID NO:693)。

【０３４１】

対照DNA構築物pOX2を、プラスミドpOX1をバックボーンとして用いることにより設計した。GUS INT遺伝子(Vancanneyt et. al., Mol. Gen. Genet. 220:245-250, 1990)をpOX1プラスミドのHindIIIおよびSmaI部位に付加し、プラスミドpOX2(図228およびSEQ ID NO:694)を作製した。

【０３４２】

実施例20

この実施例は、ハコヤナギ(Populus deltoides)の形質転換および増殖を実証する。構築物pOX16およびpOX2を、前述の実施例に記載されているように作製し、標準技術によりアグロバクテリウム培養物へ接種した。

【０３４３】

ポプルス・デルトイデス(Populus deltoides)母株培養物を、ホルモンを含まないBTM(Chalupa, Communicationes Instituti Forestalis Checosloveniae 13:7-39, 1983、Sigma/Aldrichから市販されている)またはWPM培地(木本培地(Woody Plant Medium - Lloyd, G., and McCown, B., 1981. Woody plant medium. Proc. Intern. Plant Prop. Soc. 30:421、Sigma/Aldrichから市販されている)で16h明期のある栽培室において維持した。形質転換について、採取後すぐに、葉柄を母株から鋭い外科用メスを用いて無菌的に切除し、4～6mm長さへ切断し、1mg/ml BAPおよび1mg/ml NAAを含むDKW培地(Driver and Kuniyuki, 1984, McGranahan et al. 1987、Sigma/Aldrichから市販されている)へ置き、暗闇栽培箱において(28℃)24時間、インキュベートした。

【０３４４】

pOX16構築物を含むアグロバクテリウム培養物を、0.8～1.0AのOD600により示される対数期まで増殖させ、その後、ペレット化し、等容積のアグロバクテリウム誘導培地(AIM)(5g/lでのグルコース、250μMアセトシリンゴン、2mMリン酸緩衝液、および0.05M MES、pH5.8を含むWPM塩)に再懸濁した。ペレットはボルテックスにより再懸濁した。細菌細胞を、環境チャンバーにおいて28℃でこの培地で1時間、100rpmで振盪しながら、インキュベートした。

【０３４５】

誘導期間後、ポプルス・デルトイデス植物を、アグロバクテリウム混合物に15分間、曝露した。外植片を、その後、滅菌ペーパータオル上で軽く吸い取り、同じ植物培地上へ戻し、18～20℃で暗闇中、培養した。3日間の共培養期間後、外植片を、NAA濃度が0.1ug/mlまで低下し、かつアグロバクテリウムを撲滅するために400mg/L timentinを添加されたDKW培地へ移した。

【０３４６】

撲滅培地上での4日間後、外植片を、timentin(400mg/L)および選択剤geneticin(50mg/L)を追加した同じ培地を含む小さな赤紫色の箱へ移した。外植片を、2週間ごとに新鮮な選択培地へ移した。選択の存在下で成長したカルスを、3週間ごとに、単離し、新鮮な選択培地へ継代した。カルスは、不定シュートの生成が観察された。

【０３４７】

不定シュートは、通常、形質転換の開始から2ヶ月以内に観察された。これらのシュートクラスターを、NAAが添加されておらず、かつBAP濃度が0.5mg/mlまで低下したDKW培地へ、シュート伸長のために、典型的には、約14週間、移した。伸長したシュートを切除し、20g/lスクロースおよび5g/l活性炭を含むpH5.8のホルモンを含まないWPMまたはBTM培地へ移した。下の表9参照。

【０３４８】

（表９） ポプルス・デルトイデスの発根培地

BTM-1培地成分		mg/L	
[0566]	NH_4NO_3	[0567]	412
[0568]	KNO_3	[0569]	475
[0570]	$Ca(NO_3)_2.4H_2O$	[0571]	640
[0572]	$CaCl_2.2H_2O$	[0573]	440*
[0574]	$MgSO_4.7H_2O$	[0575]	370
[0576]	KH_2PO_4	[0577]	170
[0578]	$MnSO_4.H_2O$	[0579]	2.3
[0580]	$ZnSO_4.7H_2O$	[0581]	8.6
[0582]	$CuSO_4.5H_2O$	[0583]	0.25
[0584]	$CoCl_2.6H_2O$	[0585]	0.02
[0586]	KI	[0587]	0.15
[0588]	H_3BO_3	[0589]	6.2
[0590]	$Na_2MoO_4.2H_2O$	[0591]	0.25
[0592]	$FeSO_4.7H_2O$	[0593]	27.8
[0594]	$Na_2EDTA.2H_2O$	[0595]	37.3
[0596]	ミオ-イノシトール	[0597]	100
[0598]	ニコチン酸	[0599]	0.5
[0600]	ピリドキシンHCl	[0601]	0.5
[0602]	チアミンHCl	[0603]	1
[0604]	グリシン	[0605]	2
		[0607]	
[0606]	スクロース	20000	
[0608]	活性炭	[0609]	5000

【０３４９】

根の発生後、典型的には4週間後、トランスジェニック植物を、挿し木苗方法により温室で繁殖させた、または増殖したシュートを分離し、根誘導培地へ移した後、11.4uMゼアチンを含むDKW培地上で4週間、インビトロで腋芽誘導を通して繁殖させた。根をおろした植物を、温室および野外条件における成長の評価のために土壌へ移した。

【０３５０】

実施例21

この実施例は、実施例19からの構築物を樹木に形質転換する効果を実証する。

【０３５１】

実施例20に記載されているようにプラスミドpOX16およびpOX2を形質転換されたポプルス・デルトイデス植物を、温室において、Ray Leach supercells C10 "Cone-tainers"(商標)で成長させた。5ヶ月後、植物を、高さ、太さ、および体積について測定した。高さ測定は、各植物のsupercell頸領の首から頂端分裂組織までを測定することにより最近cmまでとった。植物の太さは、最近0.01mmまでデジタルカリパス(Mitutoyo - Aurora, Illinois)を用いて測定した。太さ測定は、supercell頸領の首の真上の幹の最も不要なものがない領域(すなわち、分枝、こぶ、または隆起無し)でとられた。体積指数は、以下の式：体

積＝(半径)^2*3.1415926*高さを用いて計算された。

【０３５２】

pOX2のGUS対照植物と比較した場合、SEQ ID 8の遺伝子を形質転換されたpOX16植物は、より大きい高さ、太さ、および体積を有した。pOX16のすべての5つのトランスラインから生成されたすべての65個のラミートをpOX2対照のすべての3つのトランスラインから生成されたすべての26個のラミートと比較した場合、高さ平均値は、対照より126%大きい、太さ平均値は対照より134%大きい、および体積指数平均値は対照より227%大きいことが観察された。

【０３５３】

（表１０）各プラスミドについてのトランスジェニック植物測定

プラスミド	ラミートの数 (n)	体積指数 平均値	高さ 平均値	太さ 平均値
pOX16	65	32.40	88.19	6.84
pOX2	26	14.28	69.85	5.10

【０３５４】

個々のトランスラインを比較した場合、高さ、太さ、および体積における増加が、よりいっそう大きくありえ、例えば、pOX16を形質転換された植物のTDL003979は、pOX2対照と比較した場合、高さ、太さ、および体積における最大増加を示した(表11参照)。

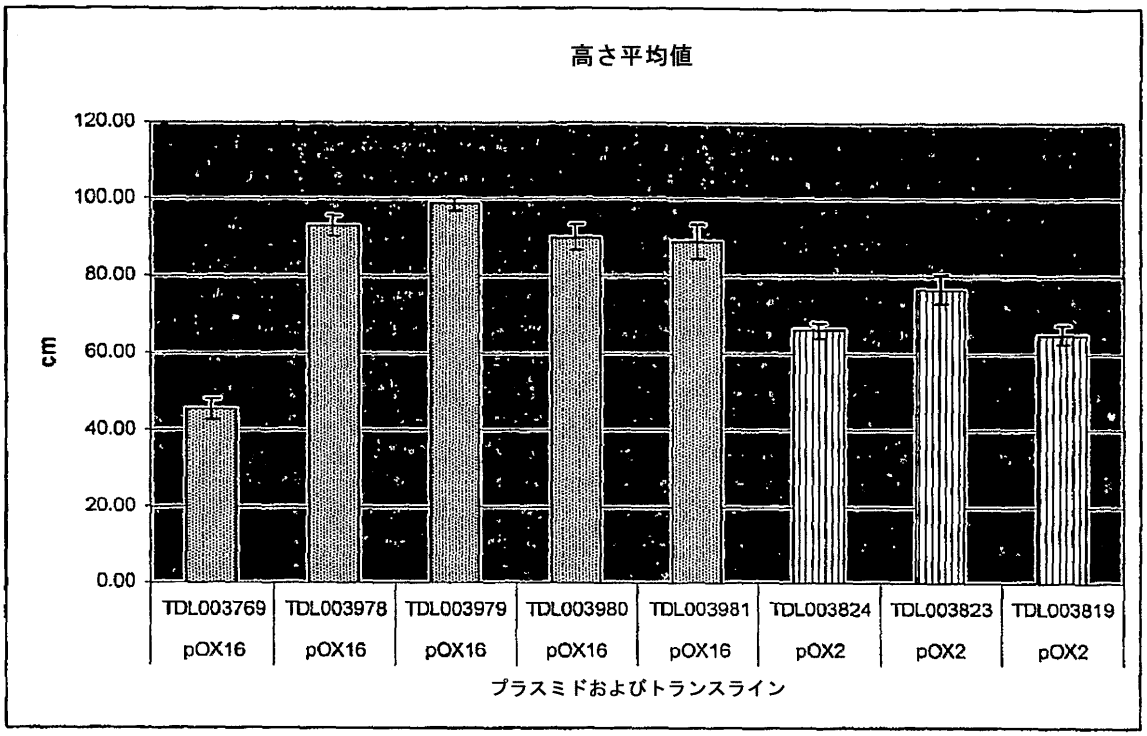
【０３５５】

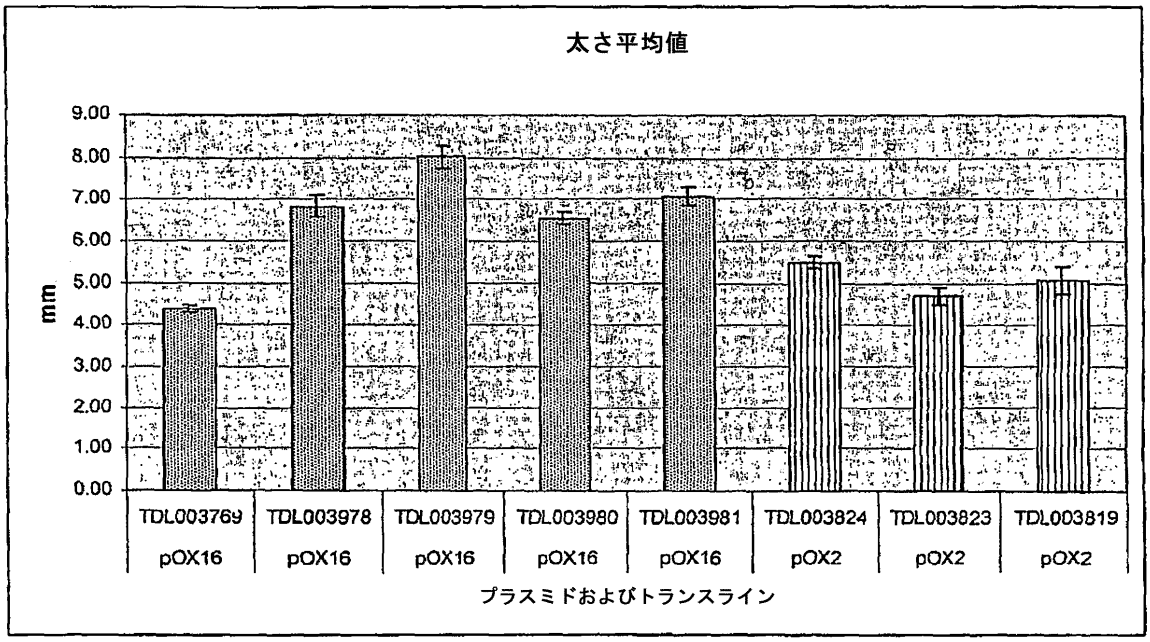
（表１１）各トランスラインについてのトランスジェニック植物測定

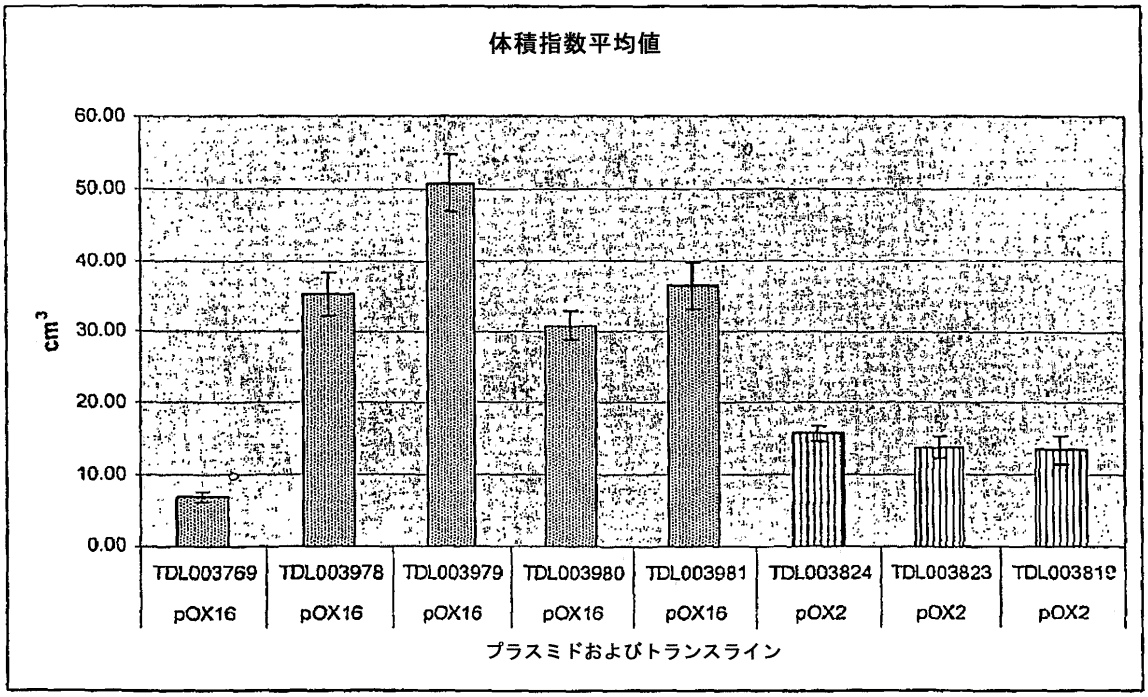
プラスミド	トランスライン	ラミートの数 (n)	体積指数 平均値 (cm^3)	高さ 平均値 (cm)	太さ 平均値 (mm)
pOX16	TDL003769	6	6.82	45.00	4.37
pOX16	TDL003978	15	35.15	92.97	6.81
pOX16	TDL003979	14	50.89	98.61	8.02
pOX16	TDL003980	15	30.82	90.07	6.54
pOX16	TDL003981	15	36.45	89.14	7.07
pOX2	TDL003824	11	15.73	65.91	5.49
pOX2	TDL003823	10	13.81	76.70	4.69
pOX2	TDL003819	5	13.38	64.80	5.07

【０３５６】

各トランスラインを別々に分析した場合、5つのpOX16トランスラインのうちの4つが、対照と比較して、高さ、太さ、および体積における有意な増加を有することが観察された。これは、以下のグラフにおいて容易に観察することができる。


高さ平均値
120.00
100.00
80.00
60.00
40.00
20.00
0.00
cm
TDL003769
pOX16
TDL003978
pOX16
TDL003979
pOX16
TDL003980
pOX16
TDL003981
pOX16
TDL003824
pOX2
TDL003823
pOX2
TDL003819
pOX2
プラスミドおよびトランスライン





【図面の簡単な説明】

【０３５７】

【図１】SEQ ID NO:231の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図２】SEQ ID NO:232の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図３】SEQ ID NO:234の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図４】SEQ ID NO:235の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図５】SEQ ID NO:236の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図６】SEQ ID NO:237の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図７】SEQ ID NO:238の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図８】SEQ ID NO:239の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図９】SEQ ID NO:240の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図１０】SEQ ID NO:241の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図１１】SEQ ID NO:242の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図１２】SEQ ID NO:243の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３】SEQ ID NO:244の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４】SEQ ID NO:245の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５】SEQ ID NO:246の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６】SEQ ID NO:248の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７】SEQ ID NO:249の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８】SEQ ID NO:250の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９】SEQ ID NO:251の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０】SEQ ID NO:252の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１】SEQ ID NO:253の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２２】SEQ ID NO:254の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２３】SEQ ID NO:255の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２４】SEQ ID NO:256の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２５】SEQ ID NO:257の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２６】SEQ ID NO:259の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２７】SEQ ID NO:260の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２８】SEQ ID NO:261の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２９】SEQ ID NO:262の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３０】SEQ ID NO:263の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３１】SEQ ID NO:264の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３２】SEQ ID NO:265の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３３】SEQ ID NO:266の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３４】SEQ ID NO:267の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３５】SEQ ID NO:268の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３６】SEQ ID NO:269の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３７】SEQ ID NO:270の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３８】SEQ ID NO:271の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図３９】SEQ ID NO:272の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４０】SEQ ID NO:273の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４１】SEQ ID NO:274の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４２】SEQ ID NO:275の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４３】SEQ ID NO:276の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４４】SEQ ID NO:277の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４５】SEQ ID NO:278の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４６】SEQ ID NO:279の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４７】SEQ ID NO:280の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４８】SEQ ID NO:281の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図４９】SEQ ID NO:282の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５０】SEQ ID NO:283の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５１】SEQ ID NO:284の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５２】SEQ ID NO:285の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５３】SEQ ID NO:286の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５４】SEQ ID NO:287の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５５】SEQ ID NO:288の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５６】SEQ ID NO:289の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５７】SEQ ID NO:290の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５８】SEQ ID NO:291の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図５９】SEQ ID NO:292の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６０】SEQ ID NO:293の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６１】SEQ ID NO:294の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図６２】SEQ ID NO:295の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６３】SEQ ID NO:296の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６４】SEQ ID NO:297の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６５】SEQ ID NO:298の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６６】SEQ ID NO:299の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６７】SEQ ID NO:300の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６８】SEQ ID NO:301の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図６９】SEQ ID NO:302の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７０】SEQ ID NO:303の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７１】SEQ ID NO:304の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７２】SEQ ID NO:305の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７３】SEQ ID NO:306の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７４】SEQ ID NO:307の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７５】SEQ ID NO:308の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７６】SEQ ID NO:309の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７７】SEQ ID NO:310の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７８】SEQ ID NO:311の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図７９】SEQ ID NO:312の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８０】SEQ ID NO:313の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８１】SEQ ID NO:314の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８２】SEQ ID NO:315の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８３】SEQ ID NO:316の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８４】SEQ ID NO:317の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８５】SEQ ID NO:318の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８６】SEQ ID NO:319の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８７】SEQ ID NO:320の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８８】SEQ ID NO:321の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図８９】SEQ ID NO:322の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９０】SEQ ID NO:323の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９１】SEQ ID NO:324の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９２】SEQ ID NO:325の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９３】SEQ ID NO:326の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９４】SEQ ID NO:327の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９５】SEQ ID NO:328の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９６】SEQ ID NO:329の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９７】SEQ ID NO:330の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９８】SEQ ID NO:331の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図９９】SEQ ID NO:332の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１００】SEQ ID NO:333の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０１】SEQ ID NO:334の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０２】SEQ ID NO:335の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０３】SEQ ID NO:336の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０４】SEQ ID NO:337の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０５】SEQ ID NO:338の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０６】SEQ ID NO:339の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０７】SEQ ID NO:340の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０８】SEQ ID NO:341の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１０９】SEQ ID NO:342の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１０】SEQ ID NO:343の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１１】SEQ ID NO:344の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図１１２】SEQ ID NO:345の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１３】SEQ ID NO:346の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１４】SEQ ID NO:347の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１５】SEQ ID NO:348の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１６】SEQ ID NO:349の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１７】SEQ ID NO:350の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１８】SEQ ID NO:351の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１１９】SEQ ID NO:352の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２０】SEQ ID NO:353の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２１】SEQ ID NO:354の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２２】SEQ ID NO:355の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２３】SEQ ID NO:356の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２４】SEQ ID NO:357の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２５】SEQ ID NO:358の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２６】SEQ ID NO:359の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２７】SEQ ID NO:360の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２８】SEQ ID NO:361の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１２９】SEQ ID NO:362の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３０】SEQ ID NO:363の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３１】SEQ ID NO:364の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３２】SEQ ID NO:365の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３３】SEQ ID NO:366の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３４】SEQ ID NO:367の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３５】SEQ ID NO:368の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３６】SEQ ID NO:369の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３７】SEQ ID NO:370の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３８】SEQ ID NO:371の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１３９】SEQ ID NO:372の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４０】SEQ ID NO:373の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４１】SEQ ID NO:374の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４２】SEQ ID NO:375の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４３】SEQ ID NO:376の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４４】SEQ ID NO:377の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４５】SEQ ID NO:378の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４６】SEQ ID NO:380の注釈付きアミノ酸配列を示す。ファミリー17シグネチャーは太字である。
【図１４７】SEQ ID NO:381の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４８】SEQ ID NO:382の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１４９】SEQ ID NO:383の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５０】SEQ ID NO:384の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５１】SEQ ID NO:385の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５２】SEQ ID NO:386の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５３】SEQ ID NO:387の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５４】SEQ ID NO:388の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５５】SEQ ID NO:389の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５６】SEQ ID NO:390の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５７】SEQ ID NO:391の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５８】SEQ ID NO:392の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１５９】SEQ ID NO:393の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６０】SEQ ID NO:394の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図１６１】SEQ ID NO:395の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６２】SEQ ID NO:396の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６３】SEQ ID NO:397の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６４】SEQ ID NO:398の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６５】SEQ ID NO:399の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６６】SEQ ID NO:400の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６７】SEQ ID NO:401の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６８】SEQ ID NO:402の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１６９】SEQ ID NO:403の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７０】SEQ ID NO:404の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７１】SEQ ID NO:405の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７２】SEQ ID NO:406の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７３】SEQ ID NO:407の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７４】SEQ ID NO:408の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７５】SEQ ID NO:409の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７６】SEQ ID NO:410の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７７】SEQ ID NO:411の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７８】SEQ ID NO:412の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１７９】SEQ ID NO:413の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８０】SEQ ID NO:414の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８１】SEQ ID NO:415の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８２】SEQ ID NO:416の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８３】SEQ ID NO:417の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８４】SEQ ID NO:418の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８５】SEQ ID NO:419の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８６】SEQ ID NO:420の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８７】SEQ ID NO:421の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８８】SEQ ID NO:422の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１８９】SEQ ID NO:423の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９０】SEQ ID NO:424の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９１】SEQ ID NO:425の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９２】SEQ ID NO:426の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９３】SEQ ID NO:427の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９４】SEQ ID NO:428の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９５】SEQ ID NO:429の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９６】SEQ ID NO:430の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９７】SEQ ID NO:431の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９８】SEQ ID NO:432の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図１９９】SEQ ID NO:433の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２００】SEQ ID NO:434の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０１】SEQ ID NO:435の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０２】SEQ ID NO:436の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０３】SEQ ID NO:437の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０４】SEQ ID NO:438の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０５】SEQ ID NO:439の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０６】SEQ ID NO:440の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０７】SEQ ID NO:441の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０８】SEQ ID NO:442の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２０９】SEQ ID NO:443の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１０】SEQ ID NO:444の注釈付きアミノ酸配列を示す。

【図２１１】SEQ ID NO:445の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１２】SEQ ID NO:446の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１３】SEQ ID NO:447の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１４】SEQ ID NO:448の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１５】SEQ ID NO:449の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１６】SEQ ID NO:450の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１７】SEQ ID NO:451の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１８】SEQ ID NO:452の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２１９】SEQ ID NO:453の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２２０】SEQ ID NO:454の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２２１】SEQ ID NO:455の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２２２】SEQ ID NO:458の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２２３】SEQ ID NO:459の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２２４】SEQ ID NO:460の注釈付きアミノ酸配列を示す。
【図２２５】pWVK223の概略図を示す。
【図２２６】p0X1の概略図を示す。
【図２２７】p0X16の概略図を示す。
【図２２８】p0X2の概略図を示す。

10

【図１】

231のアミノ酸配列。保存されたカルレティキュリンドメインは下線が引かれている。
カルレティキュリンファミリーシグネチャー1および2はイタリック体であり、
カルレティキュリンファミリー反復モチーフシグネチャーは太字である。

MVSMDRRWIPLLLALLCLMSPLNALVSASESTFYESFDESFEGRWIVSQKEDYKGVWKYEK
SKGHEDYGLLVSEVAKKYAIVRELPETIDPKDGSLVLQYEVRLQNGLECGGAYLKYLRPQEA
GWKPAEFDNESPYSIMFGPDKCGATNKVHFIYKHKNPKSGFYVEHHLKYPPSIPSDKKTHVY
SAILTPDNQVRLIDGEEKKKANLLSADDFEPALIPPKTIPDPEDKKPEDWDERAKIPDPDAEK
PEDWDEDAPMEIEDLEAVKPEGWLDDEPEEVDDPEATKPDDWDDEEDGEWEAPKVSNPK
CDEAPGCGEWTRPMKSNPDYKGKWYAPMIDNPNYKGIWKPQQIPNPEYFELEKPDLEPIAAI
GIEIWTMQDGILFDNILITHDEKVAEEYRKNTWKAKFSNEKEEEDVDSPLPGELSGFQKKIFDV
LYKIANIPFLEAYKLKIIDLIEQGEKKPNLTIGILVAVLVVLLTTIYKLLFGGKKQPVQKVELKSQP
EQDASASENNKEDSDIAAENEKSDAAEKEKSGDENEIEGEDAAPRQRRVRRET

【図２】

232のアミノ酸配列。保存されたカルレティキュリンドメインは下線が引かれている。
カルレティキュリンファミリーシグネチャー1および2はイタリック体であり、
カルレティキュリンファミリー反復モチーフシグネチャーは太字である。

MAGRRSLLYAVFLLLFATLVSAEVFEEERFDDSWESRWVQSDWKKDESLAGDWVHTAGKW
NGDPNDKGIQTHTDYRFFAISAAYPEFSNKDKTLVLQFSVKHEQKLDCGGGYVKLLSGEIDQ
KNFSGETPYSIMFGPDICGYSTKKVHTILSYKGKNHPIKKDVPCETDQLTHVYTFILRPDATYSI
LIDNTDKQSGSLYKDWDLLPPKTIKDPNAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPD
ATKPEDWNDEEDGEWTAPTIANPEYKGPWKPKKIKNPNYKGKWKAPMIDNPDFKDDPELY
VFPNLKYLGIELWQVKSGTLFDNILISDDPEYAKKLAEETWAKHKDAEKEAFDEAEKKKEEEE
KEKESDDEEDTDEKEEKSDDEDADELDDEHKEADKKEHELDSEHKEEDKKEHDEL

【図３】

234のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MGRAGLRTSLLCILIFLSGLALSNAQSKISSSTTGINYGQVADDLPSPELVVGLLQTNSINKVKL
YSVNETVLKAFANTGIELIVGMGNENVGNMTDPTKATEWVNENIRAYLPATKITGIAVGNEVY
TGTDTQLMANLVPAMKNIHSALVSIGADTMNIKVTTPHSLAVLGNSFPPSAGSFASNVKSLMKP
LLDLLSQIGSPFFINAYPYFAYKGDPSQISLAYVLFEPNTGVIDPNNNVHYNNMLYAQIDAVYS
ALSALGYANIEVTVSETGWPSKGDANEAGATLQNAQTYNGNLLQLLAQNQGTPLRPKLVLQ
AYLFALFNEDMKPGPASERNYGLFKPDGTAVYNLGLSGTLSTGSPSTGSTSTGSFTTGTPPP
AAYPSTTDSSYSYVSSAKETYSVISFYNHLLLLGLSTFFVVPLFLP

【図４】

235のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシルヒドロラーゼドメインは
下線が引かれている。

MGASVMGSGDLRMFCLLALVLLSGLVLSNSASSTSSSATGINYGQVADNLPSPEVVVGLLQT
RNINKVKIFSANETVLKAFANTGIELIVAIGNENVGNMTDPTKATEWVNENIQAYLPATKITCIA
VGNEVYTGTDTQLMENLVPAMKNIHSALVSIGADTDIKISTPHSLGVLGNSYPPSAGSFTSDL
TSLMKPLLDFLSQIDSPFFVNVYPFFAYKANPSQISLDYVLFRPNAGVVDPNNNISYNNMLYA
QVDAVYSALSALGYPNLEVTVSETGWPSMGDADEAGATLQNAQTYNGNLLQLLAQNQGTP
LRPKVVLQAYLFALFNEDMKTGPTSERNYGLYKPDGTAVYSLGSTGTLSTGSTRTVATASYP
TAADGPSSSAKETYSVVSFYNHLQLLGLSTFFVFLLFRP

【図５】

236のアミノ酸配列。保存されたファミリー17グリコシルヒドロラーゼドメインは
下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼファミリー17シグネチャーは太字である。

MVFGISCRMAMVFIVWALMAFLSVGLEDSKALAITGSTVGINYGQIADNLPPPAKVAELLKALK
VTKVKLYDWNPAILKAFANSDVELVVGIGNGFVAGLMDTQAALSWVTQNIQPYLSSTKVTGF
SVGNEVYTGDDAALKANLVPAMRSIHTALVSLGLDSAIKISTAHSLSVLTSSYPPSAGAFDPAI
MQLLREHLDFLAVTGAPFWINAYPFFAYKDNAGKISLDYALLKPNPGTDDPNTHLHYDNMLY
AMVDAVYSALGAMGYGNLEVRISETGWPSKGDADELGASIQNAATYNRNLLQRLLKNGGTP
MKPNSALQAYIFALFNEDLKNGPTSERNYGLFKPDESMVYNIGLEGGLTVEFSAYASSAQI

【図６】

237のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MEIIVRVSAITILLPLFIHCIRCGESIGRSRTLVEHSPALGVNYGQMADNLPSPSGVAKLVQSTT
ISKLRIYGADPAILQAFANTGIGLLVGISNDQIPSLNQLAVAQNWVKSNIVPFVPATDIIGISVGN
EVLFSGDRVLISQLLPALQNLHTALVEVSLDQQIKVSTPHSMAILSASAPPSAGRFSGSFDMK
ALLDFLQKIGAPFMINPYPYFAYKSDPTDRTLAYALFEPNQGSYDTNTGLKYTNMFDAQLDAV
YSAMKYLGYTDIDIVVAETGWPSAGDPSETGASLQNAIAYNGNLIKHVTSMAGTPMMPNRSI
EIYIFGLFNEDLKPGPTSERNFGLFKTDMTMAYDVGLLRSQSASPSPAAPRTGGPVVAPPTA
KVWCIAKPGVDEKSLKQNLDYACGQGIDCKPIQQGGPCYLPNTMASHAAYAMNAYYQSAG
RNSLNCDFAQTGTVTSKDPSYGGCVYSTVNS

【図７】

238のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MEMIVKATTITILLPVILCCIPCGESGSGGRSLAQRLPALGVDYGQTADNLPPPSAVAKLVQST
SISKLRLYGADPAILQAFANTGIGLVVGIGNDQIPSLNQLAVAQNWIKNNIVPFVPATDIIGISVG
NEVLFSGDGSLISQLLPALQNLHTALVEVSLDQQIKVSTPHSLAILSTSVPPSAGRFNESFDMK
SLLDFLQKIGAPLMINPYPYFAYKSNPTDQTLAYALFEPNPGFYDTNSGLTYTNMFDAQLDAV
YSAMKYLGYPGVDIVVAETGWPAVGDPTETGVSLQNAIAYNGNLIKHVTSMTGTPLRPNRYI
QTYIFALFNEDLKPGPTSERNYGLFKVDMTMAYDVGLLQSPSAAPSPPAPRTGGPVTTPPTG
KVWCIAKPGAEEQTLEANLNYVCGQGIDCRPIQPGGPCYSPNTVAGHAAYAMNAYYQTAGR
NNWNCDFAQTGTLTSTDPSYGACVYPTV

【図８】

239のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAASKDQMKILLLGCVAIYCYSIIAGGDKIGVNNGMVGDNLPPADQVVALMKQNNIGKYRIFQ
GSPEVLPAFANSGIDVIVGIETNRLQEMSSSQDAADSWVKTNIVPFYPATNIKYIAVGNEVVKV
KENVSYLLPAMKNIQTALQNANPQNKIKVSTTHASESVIGNALIPPSKGVFLDDVKDTMSSVL
KFLSDNEAPFMANVYPFFSYVNENWRNISLEYALFKSTSPVMQDGDHSYINLFDAIVDTIISA
MENLGYQDFPLIITESGWPSAGLNVATVDNAQAYNNNLIKHVLSNAGTPKRPGRSIETYIFAIF
NENQKPGAETERHFGLFNPDKTPVYSVNFSPY

【図９】

240のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MEAKTRPTAELDLRRGMGFRWAFILLLSVASIQSTEGFSVTGTVGINYGQIANNLPPPSQVVE
LLQASNLTNVRIYDANPQILNALRNTSVEIVVSLGNEYVATMSARPDKARQWVKKNVAAYIPA
GTNITGVLVGNEVYAGNDTVLKNNLMGALKNIHSALVSLGLDNTVKVSTAHSFDVFVSSFPPS
SGAFSDKSVTYMKQLLDFLSATHAPFLVNVYPYFAYKGDPSNVPLDYALFRPSNGVVDSKTN
LHYDNLFYAQIDAAYSALAALGYGKVEVRVSETGWPSKGDDDELGATPENAKTYNGNLLER
LHKKEGTPLKPNVSVQAFIFALFNENLKSGPTSERNYGLFKPDGTETYDLGLKGLKRIVSSLP
PPPTVATGNSSNSTPTTAITSLTAPSPSVSTGDGTNSSSDSSSAKGMHSLVFISFYLQILALSS
FISVLILEH

【図１０】

241のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MEAKTRPTAELDLRRGMGFRWAFILLLSVASIQSTEGFSVTGTVGINYGQIANNLPPPSQVVE
LLQASNLTNVRIYDANPQILNALRNTSVEIVVSLGNEYVATMSARPDKARQWVKKNVAAYIPA
GTNITGVLVGNEVYAGNDTVLKNNLMGALKNIHSALVSLGLDNTVKVSTAHSFDVFVSSFPPS
SCAFSDKSVTYMKQLLDFLSATHAPFLVNVYPYFAYKGDPSNVPLDYALFRPSNGVVDSKTN
LHYDNLFYAQIDAAYSALAALGYGKVEVRVSETGWPSKGDDDELGATPENAKTYNGNLLER
LHKKEGTPLKPNVSVQAFIFALFNENLKSGPTSERNYGLFKPDGTETYDLGLKGLKRIVSSLP
PPPTVATGNSSNSTPTTAITSLTAPSPSVSTGDGTNSSSDSSSAKVVL

【図１１】

242のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MPTPKPKIFWLLLLILGLTIHAYAEDYTIGVAYGQYGDNLPSVQESIDLIQRLKVGRVKIYSTNP
VILKALSNTGIKVSVMVRNEDIAGLSASQSVADKWVNDNIVPFYPATEINILVGNEILTDYSNK
QTWYQLVPAMQSIWQALVNYNLDHINVGTPLAMDMLGSSVPISAFPPSAGTFRDDIAETVMK
PMLEFLHRTNSYFFMDVYSYFPYLFDPEDISLEYANFGENDKKYTDPNGLVYTNMLDQQLDA
VYAAMSKMGYDDIKLAIAETGWPNAGDISQLGANINYAALYNRRVIRRMVADPPLGTPRRPN
QFIPTYIFLLYDEDKKSGPGTERHWGFVYPNGTLMYEIDLTGKLQDSDYGPLPPPPPPYKGK
LWCVADPTADVYALPSAIDSACSQGDSTCDAIQPGEPCYEPNTVIDHASYAFNSNWQRSKN
FYSGCDFNKTAKLVTEDPSHGNCIYEFVDCVQKSVLC

【図１２】

243のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MGEKLGSRGLLILLAFVLCISFTAEAIGVNYGRMGDDLPPPSEVAKFLQTTIIDKVKLFDADPG
VLQAFANTNIGVVVAVANDQIAALNKLPAAQDWVKKNVAPFVPATNIIAISVGNEILSTGDKVLI
SQLVPAMQNLHTALVGASLDKQIKVSTPHSLGILSASEPPSIGRFRRGYDRVILKPLLNFLRTT
GAPFMINPYPYFGYTDKTLNYALFKPNQGVFDNNTGITYTNMFDAQLDAVYSAMKLLGFSDV
DIVVAETGWPSVGDPDQTAVNVENALSYNGNLIKLVNTNAGTPLMPNKTFDTYIFSLFNEDLK
PGPTAERNFGLFKPDMTMVYDVGLMKSESATPAPISTAPVTPATPAPISTAPVTPTTPAPIST
APVTPTTPAPVTGTDKSWCVAKPDADPNVLQDNIDYACGQGVDCSAIQAGGQCFTPNTVVA
HATYAMNSYYQLTGRHSYDCDFAQTGFLTQEDPSYGTCVYPTI

【図１３】

244のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MDGMHGSKVCRYSRMQRTVPMLCTLLVAALGHLVILSAAANSGVFPPFYTRALGINYGRVA
DNLPSPSSAVALIKNLQAGYVKIYDADPQVLSALSNTALQVTITVRNQDISNISSSPTVAEQWV
QANVLPHYPATLITAIMVGNEVLSDYQNQATWLLLPAMANIHASLLNHGLADSIKVTTSLAM
DVLSSSYPPSEGTFRSDVASPVLQPLLDFANRTGSFLFLDIYPFFAWSANPANVSLDYATLSL
DRNTAFFQDAGLSYSNMLDAQLDAVLAAMDRLGFPSVNVVIGETGWPTKGDDNQPGTNVP
NATLYNQQLVQKALADPPRGTPRRPGAFIPTYIFSLFNEDQKPGPTTERNWGLFYPNGTPVY
PIVLSNDAPVLSHISVPSQNNAPFPSTPPGPVAAVQWCVVSPVAVAQVDETSLQAALDYACG
AGADCSLIEPGEPCYLPNTLVSHASYAFNSYWQKNKAAGATCDFNGSAVLSSSDPSVGDCV
FDHM

【図１４】

245のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MGLMWVMFVCSLVLHIAGANEPEASPQPNPGIGVNYGTEGNNLPSPKQVAKMLGKTIVNRV
KIYNSEPSILQAFANTGIAVVVGLENEKVQRISESPTAGQAWVAQRIAPYYPSTLIILITVGNEV
LTNSDGSLDSALVPAIQNIHSGLVALGLDDKIKVSTPHSMAILSSSFPPSASTFATSLLPIMKPL
LKFLDDTGAPFMVNAYPYFAYRDNPKEVSLDYVLFQQSPGVSDPKGFTYNNMLDAQIDSIYS
AMAALGHNDTIPVTVSETGWPSKGDPDDIGVNPDNARNYNTRVIKHVTSNAGTPMRPNRVIE
TFIFALFNENHKPGPTTERNFGLLNPDGSKVYDVDLSCGWCASPPPPYSPPASPPPSPISLF
SGPPKGSRGGLGFAVYCIAKPSSDPSVLQESLDFSCGLGGADCASIRQGGPCYNPNTVHAH
ASYAMNSYYQIHGRNYWNCDFKSTGLVTFTDPSYGSCHYPQE

【図１５】

246のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAMEGPRSGLALIISNFIFFLLSGSARTGTASNATIGINYGQIADNLPSPQRVAGLLRSINIIKKV
KLYDANREVLEAFANTGIEFVVGLSNEYVGNMTDQAAAVDWVKENVQGYLPGTNITCIAVGN
EVFTSNNTLWMSNLVPAMQNIHSALVSLGLQDSVNVTTAHSSFVLATSYPPSAGAFKPELTA
FLRPLLDFLSQTTSPFLINAYPYFAYKDNADQIPLDYVLFQPNAGTVDPGTNLHYSNMLHAQI
DAVYSALSALGYSAMEIKVSETGWPSKGDSDEVGATPENARIYNGNLLQLLAQNQGTPMRP
SVRLESYVFALFNEDQKPGKTSERNYGLFKSDGSPAYDVGLHGSLSGASANPILYSKVVVSS
LCSLFLLFFLGL

【図１６】

248のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MGVSLMGRGSLGMSCLWALVLLSGLALSNALSSTSATTTGINYGQVADDLPPPELVVGLLQT
SNIGRIKLYTVNATVLKAFANTGIELIVGVANDIIGNLTDSNSATEWVNENIQTYLPATKIIGIAVG
NEVYTGTDTQLMANLVPAMQNIHSALVSIGADTDIIISTPHSLGVLATSYPPSAGSFQPGLESL
LEQLLALLSQIGSPFFINAYPYFPYEAQPSQIPLDYVLLEPNSAVVDQNNNVVYKNMLYAQV
DAVYSALSALGYPNIEVIVTETGWPSNGDADEAGATLQNAQTYNGNLLQLLAQNKGTPLRPN
VVLQAYLFALFNEDMKPGPTSERNYGLFGPNGVEVYNVGLTGSLSIGNKKAVSVGSPTGSA
DTPYYNTASAKETCTDISFYNHLQVLALSSFLVLLLFLP

【図１７】

249のアミノ酸配列。保存されたグリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MGMLYWTMDKLLLLFWVLLLMLAQSPGLTRGSTVGVCYGREGDDLPTPDKVAQLVKSIALK
NIIIYDSNVQVLQAFAHTGIELIIGIPNSDLLGFSQYQSTADTWVTNNLLPYYPATMIKYIAVGTE
VTESTINVTSLVVPAMRNLQTALKKAGLDQKIKVSSTHALSILSRSFPPSAGAFDSKYAFFLSP
LLQFLAQTQSPFMINVYPYYAYRDSPRKVSLDYALFRPNDGVIDQNTGLVYTNMFDAQLDAL
FFALEALNFRSLRVMVTETGWPSKGGSKEPAATPDNAATYNGNLVRHVINNTGTPSRPGQE
IDTYVFALFNENRKPGLESERNWGLFYPDETKVYNVDISGTGLPYVATGGNLTSVDGTSWCV
ASPSAKESDLQKALDWACGSGNVDCSPIQPGQPCYEPDNLASHASYAFNSYYQKNGASSV
ACNFGGTGNITTINPSYESCVYTTSRNGLANTTSTLSSSGVDSIASFSWLIGWVTTLFLVHLLT
ILKWL

【図１８】

250のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MTFLFWVLVIFVLVGWVQGLGVNWGTQASHPLPPDAVVEMLKDNGITKVKLFDADEHTMKA
LANSGIQVMVGIPNDQLQVMATSTKDAANWVETNVTEFNLDGGVDIGYVAVGNEPFLKAYN
GTFIQYTFPALQNIQNALNKAGLKNIKATVPLNADVYQGDTPSEGQFRPDINDLMIQICQFLAS
NGAPFTVNIYPFLSLYTNENFPVDFAFFDGTGQPVIDGNIQYTNVFDAALDTLFWALKRAGFP
DLPVLVGEVGWPTDGDKHANINFAQRFNQGLLKHIMNGRGTPLRPQNIETYLFSLVDEDAKS
IAPGNFERHWGIFQYDGTPKYALDLSGQTQNTALVSAKGVKYLPRRWCVFNPSASPSVLTQ
LPDSITYACTHGDCTSLGFGSSCNSLDYQGNASYAFNSYYQVNNQQNGACGFSSLAIVTES
DPSQGTCKFEIQIAVSAASNTMNSYLYSLISVAGAVAVVLLSVL

【図１９】

251のアミノ酸配列。保存されたグリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MNDKMPLYLLYVFYCLAIFVIPTEAGREWNSIGINYVRAGKNLLSPAEAVSLMKALKIGRVKLY
DSDPEVLTALANSGLSVVIAVKNEEIPTVASSILNADEWVKQSVLAHYPATRINAITVGNEILTD
YNNQDRWSKLVPAMQNIHSSLVRWNLNKRIKVTTTVAMDALNSSSAPSLARIRDDIAESVMK
PLLRFMSNSKSFYFVNAYPYFAWAANANKVPVDYAIFGAAKEAVQDGGLKYTDMLSAQLDA
NLAAMEKLGYPHVKIAISETGWPASGGPGANVDLAATYNRRVVRMLANPPLGTPRRPRTF
VPTYLFALFDADNNKHGTTRNWGMLYPNGSQVYPVDMTDKLTDLEFESLKSIRPFPARPTPI
RSSISRSSPLTGSYPSPVPSYYSGPPTLVNPPAASPSTDNIPFSSPIPSVHPNPHPTINVPPYS
PSPISTSPPTFSPPIVNYPPHCMPYPPTTPITTPPFAPYPPSNPTVPYTPNPPSTTPYSPYPPS
TPSTPSSQSLWCVAKPTVPNSVLQQAMNYACGAGADCKSIQPNGLCFSPDTMVAHASFAF
NSYWQKNKGIGGTCDFGGTAMLITMDPSYEGCHFGLI

【図２０】

252のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAASNEQMKRIVIGLIAVFCCAIVTDGDKIGVNYGMQGDNLPPADQVVTLLNGHNIGKMKLFN
PDGGALNAFANSGIDVIVGVSNNDLQAISSSQDSANGWVNDNIVRYSSTSIKYIAVGNEVLPS
TQYVSYLVPAMNNIQTAIQNANLQNIKVSTPHAFNVIGVSSPPSHGAFSDDVKDTMSSILKFLS
DNGAPFMANVYPYFSYAGDTTDIHLDYALFQPTATPVTDGDHSYKNLFDAMVDSIFSAMEAL
GYSNVPLIVTESGWPSAGADAATTENAQAYNNNLIQHVLSNSGTPKRPGTNIETYIFALFNED
QKTGDEIERHFGLFNPDQSPAYSVNFSP

【図２１】

253のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAASNEQMKRILIGFIAIFCCSIVTDGDKIGVNYGMLGDNLPPADQVVTLLNGNNIGKVKLFDP
DGGALNAFANSGIDVIVGVSNSDLQAISSSQDSANGWVNDNIVPYSSTSIKYIAVGNEVLPST
QYVSYLVPAMNNIQTAIQNANLQNIKVSTPHAFSVIGNSYPPSKGAFSDDVKDTISSILKFLSD
NGAPFMVNVYPYFSYVGNDIHLDYALFQSKSPVVESYTNLFDAIVDTIISAMENLGYDNIPLIVT
ESGWPSGGNINVATIEYARTYNNNLIRHVLSNAGTPKRPGRSIETYIFALFNEDKPSQDDTER
HYGLFYPNKSPVYAVNFSP

【図２２】

254のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAAMKITLIGCIAILCSILADAAQIGVNNGMVGNNLPHADEVVTLLKEHNIGKYRIFQGSPGVLK
AFENSGIEVIVGIETNRLQQISSSQEAANGWVKDNIVPFYPATNIKYIAVGNEVFKSNENVQYL
VPAMKNIQTALNMANLQNKIKVSTTHASESVIGNSYPPSKGAFTDEVKDTMRSVLQFLSDNE
APFMANVYPFFSYVNNWKNIKLDYALFQSKSPVVESYTNLFDAIVDTIISAMENLGYDNIPLIVT
ESGWPSGGNINVATIEYARTYNNNLIRHVLSNAGTPKRPGRSIETYIFALFNEDKPSQDDTER
HYGLFYPNKSPVYAVNFSP

【図２３】

255のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAASKEQAKIILVGFIAIFWGSILTDGDKIGINYGIQGSDLPPADEAVSLMKKNNIGKARIFKAQ
KDALKALADSGIDIVIGVATEDLQGISSSQHSADAWVNDNIVAFYPATNIKYIAVGNLILCSPQ
YISYLLPAMTNIQTALQNANLQNSIKVSTTHNMSVIAGIDFPVSNGANGDNVKDTTRSLLNFLI
AHNSAPSQGTFSDDVKDSMRSILEFLSYHGSPYMANVYPYFIFTGGSSGSMSLDYALFKPTSPL
VDGVRRYTNLFDAMVDTIISAMENLGYPDVPLIVTESGWPSFGEDVATVENAQTYNNNLIKH
VLSNAGTPKRPGTSIETYIFALFRENLKSGPTTEHDFGLFNRDQTPAYTVNFSPLL

【図２４】

256のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAASTEQAKIILVGFIAIFWGSILTDGDKIGVNYGIQGSNLPPADEAVSLMKKNNIGKCRILKAN
RDELKALANSGIDVIVGVGTEELQAISSSQDSADAWVNDNIVAFYPATNIKYIAVGNLILCSPQ
YISYLLPAMTNIQTALQNANLQNSIKVSTTHNMSVIAGIDFPVSNGANGDNVKGTTRSLLNFLI
AHNSAHSQGTFSDDVKDSMRSILEFLSYHGSPYMANVYPYFIFTGGSSGSISLDYALFKPTSPL
VDGVRRYTNLFDAMVDTIISAMENLGYPDVPLIVTESGWPSFGEDVATVENAQTYNNNLIKH
VLSNEGTPKRPGTSIETYIFALFRENLKSGPTTEQDFGLFNRDQTPAYTLNFSP

【図２５】

257のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MERQWFAILIICALGSMVCAVEGLGVNWGTMALHQLPPDIVVQMLKDNGIKKVKLFDADSNT
LQALANTDIEVMVAIPNNMLQRFSDSYKAAEKWVDKNVTRYNFSGGVNIKYVAVGNEPFLSA
YNGSYLNNTFPALQNIHKALVKAGLADQIKVTVPLNADVYNSPTDNAVPSAGDFRADIHDLMS
EIVTFLNDNGSPFTVNIYPFLSLYADENFPTDFAYFDGDSQPLVDGNIQYTNVFDANLDTLVW
SLKKAGVPNMTIIVGEVGWPTDGDKHATAAAAQRFNQGLLKHITSNQGTPMRPGNIEAYLFG
LLDEDAKSVAPGNFERHWGIFGYDGQPKYELDLSGPLQNGGLVPAKNVQYLPPKWCVFKT
NATDQSKILDSIKYACTYSDCTAMGYGSSCNNLDLYGNASYAFNMYFQVMNQYEINCDFTGL
AMITEQNASQGTCKFPIGIAYGAAERSIKIHSILAAVLLGVVTFILSFL

【図２６】

259のアミノ酸配列。保存されたファミリー17グリコシドヒドロラーゼドメインは
下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼファミリー17シグネチャーは太字である。

MEIIVRVSAITILLPLFIHCIRCGESIGRSRTLVEHSPALGVNYGQMADNLPSPSGVAKLVQSTT
ISKLRIYGADPAILQAFANTGIGLLVGISNDQIPSLNQLAVAQNWVKSNIVPFVPATDIIGISVGN
EVLFSGDRVLISQLLPALQNLHTALVEVSLDQQIKVSTPHSMAILSASAPPSAGRFSGSFDMK
ALVDFLQKTGAPFMINPYPYFAYKSDPTDRTLAYALFEPNQGSYDTNTGLKYTNMFDAQLDA
VYSAMKYLGYTDIDIVVAETGWPSAGDPSETGASLQNAIAYNGNLIKHVTSMAGTPMMPNRS
IEIYIFGLFNEDLKPGPTSERNFGLFKTDMTMAYDVGLLRSQSASPSPAAPRTGGPVVAPPTA
KVWCIAKPGVDEKSLKQNLDYACGQGIDCKPIQQGGPCYLPNTMASHAAYAMNAYYQSAG
RNSLNCDFAQTGTVTSKDPSYGGCVYSTVNS

【図２７】

260のアミノ酸配列。保存されたファミリー10グリコシドヒドロラーゼドメインは
下線が引かれている。

MHFTTAALVSALAATPVVYGQLDSKFKAKGKKYFGTCSDSGLLSVSQNANIIKSDFGALTPEN
SAKWDSIEPSRNGFNFGGFDTLVNFAQSNGKLVRGHTFVWHSQLPSWVSSIGDAATLTTVI
QNHITTIATRYKGKIYGWDVVNEIFNEDGSLRSSIFSQRLGENFVSIAFKAARAADSNAKLYIN
DYNLDSVNSKVNGLVALVNRQKSAGTPIDGIGSQTHLSAGGSGGVQAAIQKLATFGCDVAIT
ELDIASAPTSDYVAVVKACLNTPKCVGITVWGISDKDSWRTGANPLLFDSNYQKKAAYNSIIS
ALA

【図２８】

261のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MENFVLVLFCIGIGVFFNGGSLVQSAGSFPCDPSTGLSSFPFCNTSLPIGDRVKDLVGRLTLQ
EKVEQLVDQTTAIPRLGIPVYLWWSEALHGVSNVGHGTKFGGSIPGATSFPQVILTAASFNTS
LWKEIGQVVSTEARAMYNAGQAGLTFWSPNVNIFRDPRWGRGQETPGEDPLVASLYATNY
VQGLQETNGADTNRLKVAACCKHYTAYDLDNWNGFQRYTFDAIVSQQDLEDTYDVPFKSC
VLNGNVASVMCSYNKVNGVPTCADPKLLNGIIRGQWKLNGYIASDCDSAVLYNTQHWTT
PERAVADIMESGLDVNCGNFLADHGEAAVKVGKVKEALINRALINSFTVRMRLGVFDGNPAQ
TQPFGNLGPRDVCSEQHQQLALEAAREGIVLLKNNGVLPLAKNISSLAVIGPNANVTKTMIGN
YAGIPCRYTTPRQGLSAYTQTLYAPGCANVACISNDSLIAEAVQTASSADATVLIVGGDLSLEA
ESLDRTSLLLPGQQQQLVTQVADASKGPVILVIMSGGPFDISFAKNSDKISGILWVGYPGQAG
GAAIADVIFGEYNPGGRLPVTWYPEEFSINVNMTNMTMRADPATGYPGRTYRFYTGQTVFE
FGYGMSYTSFNITVVHAPELISVPLDEKYTCSPTQSESCETISLTNTKCDNMSLQVDVDVNNI
GNRDGSHVLFLFSTAPSNNVDAPNKQLIDFKKVYVEAGATERVIFTPDVCKDLSIVDKTGTRM
LPVGSRLLYIGDLEHSVSLQISS

【図２９】

262のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MGLMENLVFVFVFCIVVFLKEGSLAQSVGNFPCSGQSSFPFCSTSLPIGDRVKDLVGRLTLP
EKVQQLVNTASAIPRLGIPKYEWWSEALHGVSNLGPGTRFGGSVPGATSFPQVIGTAASFNT
SLWQAIGQVVSTEARAMYNAGLAGLTYWSPNVNIFRDPRWGRGQETPGEDPVLASKYASN
YVRGLQDTDGGDPNRLKVAACCKHYTAYDVDNWSGVQRYTFNAIVTQQDLEDTYNPPFQS
CVADGNVASVMCSYNKVNGIPTCADKNLLAGTIRGKWNLNGYIVSDCDSVKVLFESQHYTPT
PEDAAADAILAGLDLNCGDFLGLHTEAAVKAGKLPESAVDAALVNIFTVLMRLGWFDGDPTK
QPYGNLGPKDVCTAEHQQLALEAARQGIVLLKNDGPLPLAANKVHSLAVIGPNANVTKTMIG
NYAGIPCKYTTPLQGLSAYTRTLYAAGCADVLCSGNNLLGAAVQTAGNADATVLIVGGDQTL
EKESLDRMDLLLPGQQQQLISQVAAASKGPVILVIMSGGPFDISFAKDNNKISGILWVGYPGQ
AGGAAIADVIFGAYNPGGRLPVTWYPQDFAAKIPMTNMNMRPDPATGYPGRTYRFYTGKTV
YMFGDGLSYTNFKHTLVHAPKLISLPMDGKHSCSHKSSNSCEAIRVTHTKCQNLFEVHVEV
SNVGRREGGHVLFLFSSPPSKHHAPKKQLLGFRKLHLQAGAMEKVHFTLNVCKDLSIVDKTG
TRKLPVGSHLLHIGDVQHSVSLQISS

【図３０】

263のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MKSLWWLVNIVMMMVLGAIAEEPPFACDSRNPATRSYAFCDSSKPITVRVEDLISRLSLVEKV
EQLTNNASAVQRLGIPKYEWWSEALHGVSQWGRGIHFNGPIHTATSFPQVILTAASFDVKLW
YHIAQAIGIEARAIYNAGQASGLTFWTPNINIFRDPRWGRGQETPGEDPLLSSRYSVAYVRGL
QGDPLSSSSKTNVRSSTHLRASACCKHFTAYDMDNWEGHTRFSFDAMVTKQDLLDTYQPP
FKSCVELGRASGIMCSYNSVNGVPTCGDFNLLTSTARRDWGFQGYITADCDAVATIYTSHRY
TPTAEDAVADVLKAGMDVDCGNYLGKYTMSAIAKRKVNESDIDRALRNLFSVRMRLGLFDG
DLNHQLEGKLKMRVVCSAEHQRLALQAARQGIVLLKNSRKHLPLSKTRTKSLAVIGPNANNA
TTLLGNYYGLPCHTITPLQGLQRYVRDTLYYSGCEDLACISNNLFGEAVEIAKKVDEVVVVVG
LDQTQEKEERDRIKLTLPGQQEKLVQVSHAAKRPVVLVILSGGPVDVSFAVNDPQISSIIWA
GYPGQAGGQALAEIIFGDYNPGGRLPVTWYPQDFVKIPMTDMNMRPNHHTGYPGRTYRFY
TGKKVFDFGQGLSYSAYSYEFSSTTIKKIDLNVTMEHVETLGDTGKAHVRVENSPCRKLKFR
CSILVRNHDNMDGRHAVLLYSKSPATHKGAPQKQLIGFRSVHVPGKQTTNITFVVKPCDHFS
TVEENGQRLLAIGSHSLIVGDTQYSVSLVTKHSNRNP

【図３１】

264のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MGPLAIAIADLLLWMLFLCCGIHGQPMFPCDSRIPNAANYPFCRTTLPIKDRVNDLIGRLTLKE
KAQHLVSRSGAVSRLGIPVYEWWSEALHGVSNVGPGTHFDPRSVPAATSFPQVILTAASFN
TALWEVIGQAVSTEARAMYNAGLAGLTYWSPNVNIFRDPRWGRGQETPGEDPLLSSKYATY
YVRGLQSPDGRNPNRLKVAACCKHYTAYDLDNWNGVDRFHFDAKVSQQDLEDTYNPPFKS
CVIDGHVASVMCSYNKINGVPSCADPKLLNGVIRGEWGLNGYIASDCDSVDVLYNTQHWTS
TPERAVADVINAGLDIDCGTFLGDHAEAAVRVGKLRESLIDEALSHSLTVQMRLGLFDGNPA
MQHYGNLGPRDICTNQHQQLALEAARQGIVLLKNNRVLPLSATRIRSLAVIGPNADATNAMI
GNYAGIPCRYSTPLHALGKYTATIYKPGCENVACNRNLPLIHAAAQAASRADATVIIVGADQSI
EAEALDRVNLLLPGEQQQMVIETAAFSRGPVILVVMSGGPMDISFAKYNSKISSILWVGYPGE
AGGDALADIIYGHHNPGGRLPVTWYPQDFVAKAPMTNMNMRPDRATGYPGRTYRFYTGRT
VYPFGYGLSYTTFSHTLVNAPELVSLSLHDSPLMPYNGTNNSCTSVHVENTKCQGLLFDIHM
DVHNTGNRDGGHAVLLFFSPPTIHRSPQKSLMDFRKVHVGAGATERVQFSIDVCKDLSIVDEI
GVKKLALGSHILHVGDVQHSLNLQIE

【図３２】

265のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MGPKAISNIAGLILWMLFLCCGIHGQPNFPCDSRIPNAASYPFCKTSLPIRARVSDLIGRLTLKE
KVQQLVSKSAGVPRLGIPSYEWWSEALHGVSNIGPGTQFAAGSVPAATSFPQVILTAASFNT
SLWEAIGQAVSTEARAMYNAGLAGLTYWSPNVNIFRDPRWGRGQETPGEDPLVVGRYGTY
YVRGLQSTGGKNRNRLKVAACCKHYTAYDLDNWNGFDRFHFDAKVTQQDLEDTYNPPFKS
CVMDGHVASVMCSYNKVNGVPTCADPKLLNGIIRGQWKLNGYIASDCDSADVLYNTQHWTT
TPERAVADVLGAGLDVNCGTFLGDHAEAAVKVGKVKEALINRALINSFTVRMRLGVFDGNPA
TQPFGNLGPRDVCSEQHQQLALEAAREGIVLLKNNNRVLPLFKTRTRTLAVIGPNADVTNVMI
GNYAGIPCRYTTPRQGLSAYTQTLYAPGCQNVACQRNPTLIHDASQAASQADATVIIVGADQQ
SVEREGLDRGSLLLPGQQEQMVLEVTAASRGPVILVVMSGGPMDISFARDSNKISSILWVGY
PGQAGGDALADIIFGHHNPGGRLPVTWYPQDFVTRVPMTNMNMRPDRATGYPGRTYRFYT
GKAVYPFGYGLSYTTFSHSLVHAPEMVSLSLHENQLLSCHGTNNSCNSVNVENTKCEGLLL
DVHLDVQNTGSRDGGHAVLLFSSPPAVHGAPQKNMVGFRKVHVGAGTTERVHFSIDVCKD
LSIADESGAKKLLLGSHLLHAGDVQHSLNLQIE

【図３３】

266のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MRLLTVMSRQIQALCISIVLSLSIVIVISDSTDYACKEHDVNSVSYGFCNTSLPIKERVEDLIRR
MTLEEKVGQLSNGASDVQRLGIPRYEWWSEALHGIATNGPGVNFDGPITAATVFPQIILSAAS
FNSTLWFRTAQAIAVEARAMYNVGQAGLTFWAPNINIFRDPRWGRGQETPGEDPLLTSEFA
VAFVRGFQGENESHDTMEKSQRSRARRELKMEGLNSLQTEPSRLMLSACCKHFTAYDLDS
WQGHARYTFNAVVSEQDLKDTFQPPFQRCVQDGHASCMMCSYNQLNGVPVCANYDLLTQ
MTRNDWGLEGYITSDCDAVAIISEDQHYATCAEDAVTDVLKAGMDINCGTYLLRNTMSAIKQ
GKLHESVIDQSLFNLFSIRMRLGLFDGDPKQQEYGHLGPDHVCTNEHWQLALEGSRQGIVLL
KNIGNALPVSKNKINSIAVIGPNANATEEMLGDYIGIPCNPVTPFVALQNYIGNVSFSKGCENV
ACSSNAKFGEAVDIAAKADAVVIVVGLDLTQETEDHDRVNLTLPGQQQRLVSEVAVASKGPV
VLVLMCGGPVDVSFAKDDPRISSILWVGYPGEAGGQALAEIIFGDYNPGGRLPMTWYPQKFI
NVPMTDMNMRPNSSTGYPGRTYRFYTGETVFQFGEGLSYSNYSYKFSSKDGHIILPFSSPS
YGEWVSDYIDIDDIPCESFKFTTKLTVQNHGSMDGSHVVLLFSRYGGNFRGAPHEQLIDFKR
VHIVAGKTTDVSFLVNPCKHFGMVMEDGRRVLAIGNHELMVGDTRLSVSLKTSFLSRK

【図３４】

267のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MGASAVPIAGLILWILFFRCGIHGELMFACDSRIPNAANYPFCSTALPIKDRVNDLIGRLTLEEK
IQQLVSKAAGVPRLGIPGYDWWSEALHGVSNVGPGTQFAAGSVPAATSFPQVILTAASFNIS
LWDAIGQAVSTEARAMYNTGLAGLTYWSPNVNIFRDPRWGRGQETPGEDPLLVSQYAANY
VRGLQLTDSLDTNRLKVAACCKHYTAYDLDNWNGADRFHFDAQVTQQDLEDTYNPPFKNC
VIDGQAASVMCSYNKVNGVPTCADPKLLNGVIRGEWGLNGYIVSDCDSAEVMYNTQHWTST
PERAVADIMESGLDVNCGNFLADHGEAAVKVGKLKETFIDTALFNSFTVQMRLGLFDGNPAF
QPYGNLGPGDVCSEQHQQLALEAARQGIVLLKNNNGALPLSPTQIRSLAVVGPNADVTNVMI
GNYAGIPCRYTTPLQGLGKYTATIHKLGCENVACQSNSILLSEASEAATQADATVIIVGADQTV
EAEMLDRVSLSLPGQQEQLVLDTADAARGTVILVVMSGGPMDISFARDNPKICGILWVGYPG
QAGGDALADILFGQHNPGGRLPVTWYPEEFAIKVPMTNMNMRPDPATGYPGRTYRFYTGN
SVYPFGYGLSYTTFSHSLVRAPKLVSLSLHESLLKSCRGMNNSCASVEVENTKCQGLLFDLH
AEVHNTGSRDGDHVLLLFASPPAIQGIPQKRLMGFRKVHVGAGGTERVHFSIDVCKDMSIVD
GNGVKQLLLGSHLLHVGDTKHTLRVEIE

【図３５】

268のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー5のドメインは
下線が引かれている。

MGHICSCKWQFLILLCFVFFPFAAPTEGRRLAQTPKVRGVNLGGWLVVEGWIKPSLFDDIKD
NDLLDGTKVQFKSAKLNTYVSAENGGQNAVVNRDNASTWETFKMWVRSDGMYQLRVFS
GQFLTAENGGGGNMSAEADSPADWETFHIIRHHKHPNRVHIRVFNGMYMQAQSQEQLTAD
YQGDPGWHDNSATFQMIIVANDLHGDYQLANGYGRDKAKKVYHRHRSSFITDKDFKFLSRN
GINTVRIPVGWWIAYDPNPPAPFVGGSLQSLDNAFKWADHYGLQVIVDLHAAPGSQNGMEH
SASRDGSADWSNSSDHISQSLTVIDFLASRYSNNSMLLGIELLNEPLATTVPVDVLASYYSNG
YQTVRKYSATTYVIMCQRIGNADPHELYQINDAFSNIVVDVHYYNLFDDYFDNKTAQDNIDFIS
KNREPQVEALNSTNGPLIFVGEWTNEWKVQGASRSEYQQFGDAQLQAYEKASFGWSYWT
LKNEEKHWDFEWNIKHNYLRLGNSRATSNKSISWRIYAFLLIFGCIYV

【図３６】

269のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MVSRMNSGWYVFLCVVILCKCAGAIGYARYKDPSQPIDARVKDLLSRMTLEEKIGQMTQIER
TDATADVMKHYYIGSVLSGGGSVPAPKASPATWINMVDELQKGAMSTRLQIPMIYGIDAVHG
HNNVYGATIFPHNIGLGATRDPDLARRIGAATALEIRSTGIQYTFAPCVAVCRDPRWGRCYE
SYSEDPKIVKAMTEIIVGLQGNPPANSTKGGPFIAGQSNVAACAKHFVGDGGTTKGIDENNTV
INYQGLFNIHMTPYFDAIAKGVSTIMVSYSSWNGQKMHANHFLVSQVLKKQLGFKGFVISDW
QGIDRITSPPDANYSLSVLDGVGAGIDMVMVPDNFTDFISDLTSQVKGGFISMSRINDAVQRIL
RVKFTMGLFEHPMADPSLANQLGSKEHRELARAEAVRKSLVLLKNGKSASQPLLPLDKNAPKI
LVAGTHPDNLGYQCGGWTIEWQGLSGNSTIGTTILEAIKFAVSPSTDVVYQQNPDANYVKGQ
GFSYAIVVVGEAPYTEMFGDNLNLTIPLGGGDTINNVCGSLKCLVILISGRPLVIEPYLPLVDAFV
AAWLPGTEGQGVTDVIFGDHGFQGKLPRTWFKSVDQLPMNVGDKHYDPLFPLGFGLT

【図３７】

270のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MDSIWCLFLFLVAFGKCADAAQYTLYKDPSQPVSARVDDLLARMSLEEKIGQMTQTERSVAT
PDVMTNYYIGSVLSGGGSAPAPQASPATWMNMVDGLQKGAMATRLQIPMIYGIDAVHGHNN
VYGATIFPHNVGLGATRDPDLVKRIGAATALEIRSTGIQYTFAPCVAVCRDPRWGRCYESYS
EDPTIVKAMTEIIYGLQGQPPANSTKGVPYVAGQSNVAACAKHFVGDGGTTQGVDESNTVT
DYKQLVNIHMTPYFDAIAKGVSTIMVSYSSWNGHKMHANRFLISHVLKKQLSFKGFVISDWQ
GIDRITSPPNANYSLSVLESVGAGIDMVMVPFNFADFINDLTSQVKGGFIPMSRINDAVQRILT
VKFTMGLFEHPMGDPSLANQLGSKEHRDLAREAVRKSLVLLKNGKSASQPLLPLNKNAPKIL
VAGTHPDNIGYQCGGWTIEWQGLSGNITIGTTILSAIQSAVSSSTEVVYQQNPDANYVKEQG
FSYAIVVVGEPPYTEMFGDNLNLTIPLGGGDTINNVCGSLKCLVILISGRPLVIEPYLPLVDAFV
AAWLPGTEGQGVTDVIFGDYSSQGKLSRTWFKSADQLPMNAGDQHYDPQFPLGFGLTTTV
AENISSSFGVL

【図３８】

271のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MANRMDSGWCLLLFVVVLCRCAEAVEYAKYKDSSQPIDARVDDLLARMTLEEKIGQMTQIERTVATADVMKNYYIGSVLSGGGSAPAPKASPATWMNMVDELQKGAMSTRLGIPMIYGIDAVHGHNNVYGATIFPHNIGLGATRDPDLVRRIGAATALEVRATGIQYAFAPCIAVCRDPRWGRCYESYSEDPKIVKTMTEIIFGLQGQPPANSTKGVPFLAGQSNVAACAKHFVGDGGTTEGINENNTVISYKGLVHIHMAAYFDAIAKGVSTVMVSYSSWNGGKMHANRFLVSRVLKKQLGFKGFVISDWQGIDRITSPAGANYSLSVFDGVSAGIDMVMIPYNFKDFINDLSSQVKSGLIPMTRINDAVRRILRVKFTMGLFEHPMANPSLANQLGSKAHRELAREAVRKSLVLLKNGKSDSKPLVPLDKNATKILVAGTHPDNLGYQCGGWTITWQGLSGNTTKGTTILEAIQSAVSPSTEVVYQENPDANYVKGQGFSYAIVVVGEAPYAETFGDNLNLTIPLGGGDTINNVCGSVKCLVILVSGRPLVIEPYLPLVDAFVAAWLPGTEGQGVTDVIFGDYGFQGKLSRTWFKSVDQLPMNVGDKHYDPLFPFGFGLTTTVAKNL

【図３９】

272のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼ、ファミリー3の
保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MDSGWYLLLFVVVLCRCAEATEYAKYKDPSQSITARVDDLLARMTLEEKIGQMTQIERTVATADVMKNYYIGSVLSGGGSAPAPKASPATWMNMVDELQKGAMSTRLGIPMIYGIDAVHGHNNVYGATIFPHNVGLGATRDPDLARRIGVATALEVRATGIQYAFAPCIAVCRDPRWGRCYESYSEDPKIVKTMTEIIFGLQGQPPANSTKGVPFLAGQSNVAACAKHFVGDGGTTEGINENNTVISYKGLVHIHMAAYFDAIAKGVSTVMVSYSSWNGGKMHANRFLVSRVLKKQLGFKGFVISDWQGIDRITSPAGANYSLSVFDGVSAGIDMVMIPYNFKDFINDLSSQVKSGLIPMTRINDAVRRILRVKFTMGLFEHPLGNPSLANQLGSKEHRELAREAVRKSLVLLKNGKSANKPLLPLEKNASKVLVAGTHPDNLGYQCGGWTMEWQGLSGNITVGTTILEAIKLAVSPSTEVVYEQNPDANYVKGQGFSYAIVVVGEAPYAETFGDNLNLTIPLGGGDTIKTVCGSLKCLVILISGRPLVIEPYLPLVDAFVAAWLPGTEGQGVTDVIFGDYRFQGKLARTWFKSVDQLPMNIGDQHYDPLFPLGFGLV

【図４０】

273のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー5のドメインは
下線が引かれている。

MAACINIHARNCPQGCFKFVILVLITSCLAYGSEASEVRRLTIGTQKYHSVALGGWLVIEGWIKPSLFDGIPDNDLLDGTQIQLKSMKLGTYIVAENGGQGKVAVNRTNPLKWETFRIWVRDGYQLRVFNKQFLGADNGGGGVVKAVATTPRSWETFQIIRNNADRNRVHLKALNGMYLQANSKDQLTADFKGEPAWDGNNAATFEMSFTGHMQGEFQISNGYGPERAAQVLKEHRSTFIREDDFVFLSKQGISAVRIPVGWWIASDPKPPAPFVGGSLECLDKAFSWAQNHGIKVIIDLHAAPGSQNGDEHGGGRDGYIEWADSQKNIDTTLSTIDFLASRYAAHPALLGIELLNEPRSSGISLNNLTAYYTQGGYNVRKYSSSAYVIMCNRIGPVDPKELFQINNGLFRTVVDVHYYNLFDDSTFKHMTVQQNIDYIKNTRAQTLQSLVSANGPLIFVGEWVAEWFVQNATQSDYERYGDAQFQVVGTASFGWTYWTLRNIGNRHWDFQWMVNNQYLRLPSIQI

【図４１】

274のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー5のドメインは
下線が引かれている。

MAAYIDVHAKKLSQRCFGFVITLLVFTSSLAYGRKILEARRLTNDTQKYHSVNLGGWLVIEGWIKPSLFDGIPDKDLLDGTQIQLKSMKLGTYVVAEDGGGTIMAVNRTNPSGWETFSLWRARDGYYQFRVFNKQFVGADNGGGGIVEAVATTPNSSETFQIIRNPANSNSVHIKVFNGMYMQAQSKDQLTADFEGEPGWDDNNAATFEMTIVRTLQGEFQISNGYGPEKATQVLNEHRSTFITEDDFVFMSKNGISAVRIPVGWWIASDPYPAPFVGGSLACLDKAFSWAQNHDIKVIIDLHAAPGSQNGDEHSGTRDGFIEWPESQENIDKSLSVIDFLAARYAAHPALLGIELLNEPRSPAVSLNNVTDYYSRGYDIVRKYSSSAYVIMCNRIGPADPKELFQMNNGLSRTVVDVHYYNLYDDATFKNMTVQQNIDYIKTTRAQTLQSLVSANGPLIFVGEWVAEWFVQNATQSDYGRYGDAQLQVVGEASFGWAYWTLRNIGSRHWDLEWMVQNQYLLLPASNQS

【図４２】

275のアミノ酸配列。保存されたファミリー17グリコシドヒドロラーゼドメインは
下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼファミリー17シグネチャーは太字である。

MGFIHTMAIPESKVFWLLLAIVGGVIHAYAEDYTIGIDYGQLGDNLPSTEEAIHLIQRMKVGRVKIYDTNPEILKALAHTGIKVSVMVKNEVIANVSANQSFADKWVKNNVVYFYPATKINIVLVGNEILSDYSNNQTWYQLVPAMLRIRRALVRYKLHHIKVGTPSAMDVLNTSFPPSSGAFRDDVAETVMKPMLEFLTRTRSYFFIDVYPYFAWSSDPTNISLEYASFGDHDKNYTDPNGLVYTNLLDQQLDAVVAAMSKLGYEDIRLIIAETGWPNAGDLNQLGANIFNSAHYNRRLIRRMLADPPLGTPRRPNQFIPTYIFSLFNEDQKSGPGTERHWGLLYPNGTRVYEIDLTGEELQDSEYKPLPPPPPPYTGKLWCVVDANANVSSLPSAINYACSQGNNTCASIQPGKPCYQPNTVIDHASYAFNSYWQQFKNSGGTCYFNGAATLVTQDPSRGSCTYPFT

【図４３】

276のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MRRRMGLLFSVLVMFVWVGWVRGLGVNWGTQASHPLPPDILVGLLKDNGIKKVKLFDAEERAMRALAKSGIEVMAGIPNDQLQRMANSQKAAANWVEANATEFSLDGGVDIRYVAVGNEPFLKAYNGTFIQYTFPALQNIQNALNKAGLKNIKATVPLNADVYQGDTPSEGQFRPDINDLMIQICQFLASNGAPFTVNIYPFLSLYTNENFPVDFAFFDGTGQPVIDGNIQYTNVFDAALDTLFWALKRAGFPDLPVLVGEVGWPTDGDKHANINFAQRFNQGLLKHIMNGRGTPLRPQNIETYLFSLVDEDAKSIAPGNFERHWGIFQYDGTPKYAIDLSGQTQNTALVSAKGVKVLPRWCVFNPSASPSVLTQLPDSITYACTHGDCTSLGFGSSCNSLDYQGNASYAFNSYYQVNNQQNGACGFSSLAIVTESDPSQGTCKFEIQIAVSAASNTMNSYL

【図４４】

277のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MATNIILIVCIAIFCCSILAESAQIGVNYGMLGTSLPPAGQVVTLMKSNNIGKMKIFQADKDALKAFANSGIEVIVGVGNNELQLISSSQDAANGWVNDNIRPFYPATNIKYIAVGNEVLIKTTYGSYLVPAMRNIQTALQNANLQNNIKVSTTHSSDVSEGYPPSNGVFKDEVKDTMKSVLQFLLDHGSPFMGNIYPYFSYINNRAQITLDYALFKSTSTVVPDKGRSYKYLFDALVDTLVSAMEALGYPNIPLIVTESGWPSAEADVATVDNARTYNNNLIRHVLSNEGTPKRPGKSIETYIFALFNENKKNPGTEQHFGLFYPNQQHVYPVNFSP

【図４５】

278のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MATFKDQSRIFLIGCVAIFCCSVLADGDKIGVDYGMTADNLPSPDEVVTLMKSNNIGKTRIYQENDVVLQAFANSGIDVIVGVANEELKNISSSQDSANRWVNEHIVPFYPATNVKYIAVGNEVLITLDNVQYVPYLVPAMNNIQTAIQNAKLQDSIKVSTTHRPDVSSGYPPSKGVFVDAVKDTMSQILNFLSQNGGPFMADVYPYFSYIGNTKDISLDYALFKSTSTVVQDGDHSYTNLFDAMVDTLLSAMEASGYPNIPIVITESGWPSAGAEVATIENAQTYNNNLIKHVLSNAGTPKRPGMSIDTYVFALFNEDLKPGDETEKHFGLFDPNTKQPVYSVNFSP

【図４６】

279のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MKILSRFLLLLLLIASFSEVALGGPFVGVNIGTDVSNMPSASAVVALLKNQGITHVRLYDADRQMLTALANTGIEVVVSVPNNQLLGVGQSRSTAANWVNKNVAAYLPNTNITAIAVGSEVLTTIPNAALVLVPAMRFLHSALVAANLDQQVKVSTSHHPAELILDSFPPSQAFFNSSWNSVMIPLLAFLRDTKSYLMLNVYPYYVYMQGNGVVPLDYALFRPLPPNKEAVDPNTLLHYTNVFDAVVDAAYYAMASLNFTNIPVVVTETGWPSMGDANEPDATVDNADTYNSNLVRHVLNSTGTPKLPGVAVNTFIYELFNEDLRPGGTSEENWGLFSANSTPVYVLHLNGAGSPLGNDTSAQTFCVALSGADNQLLQAALDWACGPGQADCSAIQAGQSCYTPDTVADHASYAFDSYYHKMNMAPGSCDFNGVGTITNTDPSHGSCIFQGSVSANGTSSVNGTVLGNETFPLTGTNITSLNSSAPHLQSQIHPILFPLVALPILFWNLPIL

【図４７】

280のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MGSLNRSMVCSMLISVFFCFVFGALHMVSADFANKQALGINYGQVANNLPSPAIAVQLMKSINVGYVKIYDADSQVLTALANTSLPLVITVANEDIPNIASGSSNADQWVQKNVLPYYPATQIFMIMVGNEVLSNPQIQSTWSQLVPAMENLQASLVKHNLDDSIKVTTSVAMDALASSYPPSNGSFKADIAASIMQPMLSFLNRTDSYFFVDAYPYFAWSSNPVNISLNYVLFGVSTTEILDGGLQYSNMLDAQLDAVVAAMADLGFPQVKLAVSETGWPTKGAADEPGANVANAAKYNRRLVSRFSASPPVGTPRRPGAFIPVFVFALFNEDQKTGPVTERNWGVFYPNGTPVYNIDLSGGGNQGSAYTPIIRSGTNNNTFSAPAGAPASAAAPIPTAAPITTAAAPIPTAAPITTAAPTPSTLQQWCVAKSGVNNMTAVQQALDYACGAGADCSAIQAGNACYQPNTVEAHASYAFNSYWQSTKSNGGTCYFNGVAALTTSDPSFQGCSFPFQ

【図４８】

281のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MASSNKVGVCYGMVANNLPLPDQVANLIRSRNIGKVRLFQAHHEAQRALQNSGGIEVIVGVGNDELQKIASDQAAANGWVNDNIRQFYPATNIKYIAVGNEVFSSENRQHLPYLVPAMRNIQTAVQNANLQSSIKVSTTHATSVLGNSYPPSQGEFADELKSSMSDVLNFLAENGSPFMANVYPYFSYIYNQAQISLDYALFKSADPVVSDEGRLYKSSLFDALVDSLISAMEKSGHPDIPIVITESGWPSAGNEAATVENAQTYNNNLIKHVLSNAGTPKRPGQHIDTYIFALFNENLKGGDEPERHFGLFYPDQNLVYPVNFSP

【図４９】

282のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MWVLPLLLLLLFLFCPFILGARVNGGAFVGVNIATDLSNMPSPSQVVSLLQTQQIKHVRLYDVERDMLLALANTSIQVVISIPNNQVLAIGESNSSAANWVKKNVADYLPNTNITGIVVGNEVLTTLPNAALVLVSAMKFLQSALVAANLDQQVKISSSHSSDIILDAFPPSQAIFNQSFNDIIGPMLEFLQDTGSYFMMNLYPYYTFMEGKGKVPLDYALFEPLTPDKEAVDPNTLLHYTNVFDALVDAAYYSMGNLNYTNIPVVVAETGWPSDGDATEPYATINNADTYNSNLVIHVLNITGTPKRPTIPVNTYIYELYNEDLRPGPLSEQNWGLFFANSSPVYVLHLTDAGEFLANDTTNQTFCIAKPGADLKLLQAALDWACGPGEANCTAIQGGEDCFNPDTVEAHSSYAFDSYYHNTGMAAGSCDFKGVAIITTTDPSHGSCVYPGSGGANQTSASKNNTSVSGSMDMGHMDNSVLMMLHILLLFLWF

【図５０】

283のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼは下線が引かれている。

MKALILVGGFGTRLRPLTLSVPKPLVDFANKPMILHQIEALKAIGVDEVVLAINYQPEVMLSFLKAFETKLGIKITCSQETEPMGTAGPLALARDKLIDGSGDPFFVLNSDVISEYPLKQMIDFHTKHGGEASIMVTKVDEPSKYGVVILDEETGRVDRFVEKPKVFVGNKINAGIYLLNPSVLDRIELRPTSIEKEVFPKIASKKQLYAMILPGFWMDIGQPKDYISCLRLYLDSLRRNLPKKLSFGAHIIGNVIVDETAQIGEGCLIGPDVAIGPGCVIEAGVRLSRCTVMRGVRIKKHACVSGSIIGWHCTVGQWAERVENMTVLGEDVHVCDEVYSNGGVVLPHKEIKSSITKPEIVM

【図５１】

284のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼは下線が引かれている。

MSIGDRKSVAVIMVGGPTKGTRFRPLSLNLAKPLFPLAGQPMVHHPILACKKIPNLAHIYLIGFYEERFALYVSSISNELKIPVRYLREDKPHGSAGGLYHFKDLIMEDDPANIFLLNCDVCCSFPLADMLEAHCKYGGMGTILVIKVSAESANQFGELVADSVTGELLHYAEKPETFVSDRINCGVYVFTPDIFLGIQDVSTQRKDRATMRRVVSSFEALQSATKALPTDFVRLDQDILTPLAGKKKLYTYETSDFWEQIKTPGMSLRCSSLYLSQYRLTSPELLAKSNGGRTATIVGDVYIHPSAKVHPTAKIGPNVSISANARIGAGVRLIGCIILDDVELKENSIVMHSIVGWKSSIGRWSRVQGEANYTSKLGITILGEDVTVEDEVVVANGIVLPHKMLNMSVQEEIL

【図５２】

285のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼは下線が引かれている。

MKALILVGGFGTRLRPLTLSVPKPLVDFANKPMILHQIEALKAIGVDEVVLAINYQPEVMLSFLKEFEAKVGIKITCSQETEPMGTAGPLALARDKLDDGSGEPFFVLNSDVICEYPLKQMLEFHKKHGGEASIMVTKVDEPSKYGVVILDEETGRVDRFVEKPKIFVGNKINAGIYLLNPSVLNMIELRPTSIEKEVFPKIASKKQLYAMILPGFWMDIGQPKDYISCLRLYLDSLRRNLPKKLSFGAHIIGNVIVDETAQIGEGCLIGPDVAIGPGCVIEAGVRLSRCTVMRGVRIKKHACVSGSIIGWHCTVGQWAERVENMTVLGEDVHVCDEVYSNGGVVLPHKEIKSSITKPEIVM

【図５３】

286のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼファミリードメインは
下線が引かれている。

MAGEGKVIAVIMVGGPTKGTRFRPLSLNIAKPLFPLAGFPMVHHPILACKKIPNLAHIYLIGFYD
ERLFSLYLSNVSSELKIPVRYLCEDKPHGSAGALFKFHDLLMEDNPKEIFVMHCDICCSFPLV
DMQMAHRNYGGIGTMLVKKVSTEATGKFGELVADPLTKELLHFAEKPETHVSDYINCGVYIF
TPDIFVTMQTLTPTRKERGIFRRLSSFESLEFSSPSVQKDVIRLDEDLFTPLVGKKMIYTFETS
DFWEQIKTPGMSLRCSSLYLKQYHMKTPELLSSADAIMTVNIIGDVYIHPSSKIHPTAKIGPNV
SISANARIGPGVRLRDCIILDDVEVQDNAIVMHAIIGWKASIGKWARVQGERNYGAKNGISILG
EAVTVEDEVVVLSSTVLPHKALNQSVQGEIIL

【図５４】

287のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼファミリードメインは
下線が引かれている。

MKALILVGGFGTRLRPLTLSLPKPLVDFANKPMILHQIEALKEAGVDDVILAVNYQPESMMKFL
TEFEAKLGIRIQCSREIEPLGTAGPLALAKDKLIDGSGQPIFVLNSDVICEFPLKEMLEFHKSCG
AEASVMVTRVDEPSKYGVVVLDEETGRVKRFVEKPQMFVGNKINAGIYLLNPSVLDRIELKPT
SIEKDIFPRIAEENQLYAMVLPGFWMDIGQPRDYLTGLRLYLDYLRTKSDVLASGSQFQGNVL
IDESVQIGEGCLIGPDVSIGPGCIIEAGVRLSNCAIMSGVRIKKHACVSWSIVGWHSTVGQWA
RAENMTILGEDVHISDEIYSNGGVVLPHKEIKSNILKPEIVM

【図５５】

288のアミノ酸配列。保存された真核生物のホスホマンノムターゼドメインは
下線が引かれている。

MDCRKAGVLALFDVDGTLTPARKVVSQEMLEFMQELRKVVAVGVVGGSDLAKITEQLGKTVI
SDYDYVFSENGLVAHKGSKAIGNQSFKAFLGDEKLKELINFTLHYIADLDIPVKRGTFIEFRSG
MLNVSPIGRNCSQEERDEFERYDKVHGIRTKMVEVLREKFAPLNLTYSIGGQISFDVFPQGWD
KTYCLRYVENDFQEIHFFGDKTYKGGNDHEIFESSKTIGHTVTSPEDTRRQCTELFFQ

【図５６】

289のアミノ酸配列。保存された1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは
下線が引かれている。

MAGNEWMNGYLEAILDGGGVGDDNDYTRQKKESSVKSGVTVIPQLGAFNPARYFIDEVVHG
TDETDIHHFWVKVTATKNPEERNTRLENLCWRIWHISRRKKKGKLEQSKRLQKLRQERERG
RRDVTEDMSEDLSEGEKLGGDGQGLKFSESHYNLELLTEQSLKGKRLYVIMISLHGLVRGEN
MELGRDSDTGGQVKYVVEFAKALAKMPEVYRVDLLTRQICSPDLDSSYGEPTEMLTSDQDD
DILESGGAYIVRIPCGCKEKYIQKELLWPYIPEFVDGALGHILNISKALGDLIGEDTPVWPHVIH
GHYADAGDAACLLSGALNVPMVLTGHSLGRNKLEQLLKQGLHSKEDINATYKIMRRIEAEEL
CLDSAELVVTSTRQEIEEQWGLYDGFDLELNRKLRQRAKRGVHSYGRYMPRMSVIPPGMDF
SNVVVHDENSDNDLDNDSVQLPESPLWGEIPRFLNNPSKPIILALARPDPKKNMATLVKAFG
ECIKLRKLANLMLIMGNRDDIDQMPAASANVLTTVLKLIDKYDLYGEVAYPKHHKQSEVADIYR
IAAKTKGVFINPALVEPFGLTLIEAAAHGLPMVATKNGGPVDIQRTLNNGLLVDPHNDKEIAAA
LYRLVVDKNLWVECRQNGLQNIHLYSWPQHCRTYLSRISQCRMRHPQWQSENDQNENMD
SESDSGSFKDAPDTSLRLSLDAQRPSRSSSVNSPFDLDKLLQNEENVGGISEHIRMIIEKTKD
NQSKLGDTNDVNSQEKQSIEHSNSLGSSGKHLLRRRKRLFVIAVDCYDASGEPLLSRQAIIIQ
EIMNAVCSAGNFSSPGFILSTALTVPETISMLQSIGIKVSAFDALICSSGSQLLYTAGDNPDSPI
YPDPDYDSHIDYRWGAEGLRKSMKKLRGPENSRFLAEDAEASNFHCLAYQVKNISTAPKAD
ELRRQLRMRGLRCHVIYTQNCSRLRVLPLHASRSQALRYLYVRWGLDIANMYVFLGEKGDT
GYEELIGGMHKTLILKGTVVDGSEKMLRS

【図５７】

290のアミノ酸配列。保存された1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは
下線が引かれている。

MAGNDWINGYLEAILDAGAGFTEAETRPALTVADGGGFNPTKYFVEEVVTGFDESDLHRTWI
KVVAMRNSLERNNRLENMCWRIWHLARRQKQIEWDDAQRLAKRRIEREQGRRDATEDMSE
DLSEGEKADVATPRATPKRAFSRNFSDLQVWSDDNKGKRLYIVLISLHGLVRGENMELGRD
SDTGGQVKYVVELARALSMMPGVYRVDLLTRQISSPDVDWSYGEPTEMLSSGSYDVDGHG
GGESSGAYIIRIPCGPRDKYIPKELLWPYIQEFVDGALGHILNMSKVLGDQAGKGDPVWPYVI
HGHYADAGDSAALLSGALNVPMVLTGHSLGRNKLEQLLKQGRQSKEDINATYKIMRRIEAEE
LSLDAAELVITSTKQEIVEQWGLYDGFDVRLEKILRARAKRQVSCHGRFMPRMVVIPPGMDF
SNVVVADQEPAEADGDLAALINGDVNLSPKALPPIWSEVMRFFTNRHKPMILALSRPDPKKN
LTTLVKAFGECRPLKELANLTLVMGNRDDIDEMSGGGNAAVLTTVLKLIDKYDLYGQVAYPKHH
KQSDVPDIYRLAAKTKGVFINPALVEPFGLTLIEAAAYGLPMVATKNGGPVDIHSTLTNGLLVD
PHDQKAIANALLELVADKNLWNECRRNGLRNIHLFSWPEHCRKYLSRVAVCRMRHPQWQT
DTLMDTTMDEESMGDSLKDVQDMSLRLSVDGEKYSVNGSLDNSAEVDKLLAAKGDPETYN
QVKRILDKLKKGPPSSITQETEPKPDVNEPRAPANNVSVSNKYLALRKKRKLFVIAVDCYDDT
GNVSPRMLEIIQEIIKAVRSDATAARFAGLVLSTALTVDEILGMLNSGNILPHEFDALICSSGSE
LYYPTIPAYPDDGSNKKLCPDPDYDSHIDYRWGGEGLRKTMSLLTASERDGQEKQERVIFED
AKHSNAHCLAYVVKDSTRVRKVDEFRQRLRMRGLRCHPMFCRNSTQLHVIPLLASRSQALR
YLFVRWGLDVANMHVFVGETGDTDYEEMLAGLHK

【図５８】

291のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDTPLHLLFLLLASSAALASANFYNDVDITWGNDRAKILDNGQQLQLTLDRSSGCGIQSKQE
YLFAKIDIQMKLVPGNSAGTVTTFYLSSQGPKHDEIDFEFLGNLSGDPYILHTNVFAQGLGGR
EQQFYLWFDPTLDFHTYSVLWTSNQIIFSVDGSPVRVFKNRETELGKVDSNYHYPKTQAMR
VYSSLWNADDWATRGGLVKTDWTKAPFVASLRNFNAAATSSFDAAAEEVALESNQEQRQR
LQWVRKNYMIYDYCADTKRFPQGPPPECK

【図５９】

292のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDTPLHLLFLLLASSAALASANFYNDVDITWGNDRAKIIDNGQELQLTLDRSSGCGIQSKQEY
LFAKIDIQIKLVPGNSAGTVTTFYLSSQGPKHDEIDFEFLGNLSGDPYILHTNVFAQGLGGREQ
QFYLWFDPTLDFHTYSVLWTSNQIIFSVDGSPIRVFKNRETEMGKVDNNYHYPKSQAMSVYS
SLWNADDWATRGGLVKTDWTKAPFVASFRNFSAATASSFDAAAEEAALESNQEQRLEWVR
KNYMIYDYCGDTKRFPQGPPPECK

【図６０】

293のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MEMGKPLLFLFLLISSSLLLIVSANFYNDVDVTWGNGRGQILDNGQQLQLTLDPTSGSGFQS
KKEYLFAKIDMQIKLVPGNSAGTVTAYYLSSQGPKHDEIDYEFLGNLSGDPYIMHTNIFAQGL
GNREQQFYLWFDPTLDFHTYSVLWTPNQITLSVDGIPVRVFKNRETELAKVDSNYHYPKSQA
MRVYSSLWNADDWATRGGLVKTDWTKAPFVASFSDFNAATSSSNFAGEGALDSNQGQKL
QWVRNKYMIYDYCADTNRFPQGLPAECK

【図６１】

294のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDTPLLFLLLLISSTLLLTVSANFYNDVDITWGNDRAKILDNGQQLQLTLDRTSGCGFQSKEE
HLFAKIDMQIKLVPGNSAGTVTAYYLSSQGPKHDEIDFEFLGNLSGDPYIMHTNVFAQGLGNR
EQQFYLWFDPTLDFHTYSVLWTSNQIIFSVDETPVRVFKNRETELGKVDSNYHYPNSQAMR
VYSSLWNADDWATRGGLVKTDWTKAPFVASFSDFNAATSSSNFDGEDVLDSNEEQKLQWV
RKNYMIYDYCADTKRFPQGLPAECK

【図６２】

295のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDTGTPLLFLFLLITSSSLLVIVSANFYNDVDITWGDGRGKILDNGQQLQLTLDRTSGSGFQS
KNEYLFAKVDMQIKLVPGNSAGTVTAYYLSSQGPKHDEIDYEFLGNLSGDPYIMHTNIFAQGL
GNREQQFYLWFDPTLAFHTYSVLWTPNQITFSVDETPVRVFKNRETELGKVDSNYHYPKSQ
AMRVYSSLWNADDWATRGGLVKTDWTKAPFVASFRNFSAATSSSNFAAEEALDSNQEQKL
QWVRNNYMIYDYCADTKRFPQGLPAECK

【図６３】

296のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MQTHHSESSLLLLVLAFEIALFFLIFNRLLSIIITDMDTPLLFISLLSLASLVVTVSANFYNDFDIT
WGNDHAQILDNGNQLQLTLDHTSGCGCQSKEEYLFAKIDMQIKLVPGNSAGTVTTYYLSSQ
GPKHDEIDFEFLGNLSGDPYVMHTNIFAQGLGNREQQFYLWFDPTLDFHTYSVLWTPNQIIF
SVDGTPVRVFKNREKELGNNFHFPNSQAMRIYSSLWNADDWATRGGLIKSDWSKAPFVAYF
SNFSAVISSSNFVIEEDLDSNQEQKLQWVRNNYMIYDYCADTKRFPQGLPPECK

【図６４】

297のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDMGMPLLFLFLLITSSSLLVTVSANFYNDVDITWGNGRGKILDNGQQLQLTLDRTSGCGFQ
SKNEYLFAKIDMQIKLVPGNSAGTVTAYYLSSQGSEHDEIDYEFLGNLSGDPYIMHTNIFAQG
LGNREQQFYLWFDPTLDFHTYSVLWTPNQIFSVDGIPVRVFKNRETELGKIDSNYHYPKSQA
MRIYSSLWNADDWATRGGLVKTDWTKAPFVASFSNFSAATSSSNFAGEEALDSNQEQKLQ
WVRKNYMVYDYCADTKRFPHGLPAECK

【図６５】

298のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MMLAVALVCIWVCGLFSQPGSAVGSSRPRLAGKLVTENFAGLQFEEAYTSLFGDENVKVAE
DGKTVMLSLDKRTGSGLLSQDMYLYGLFSASMKLPDDYTAGVVAAFYTSNGDMFPGTHDEL
DFEFLGNIRGKEWRIQTNVYGNGSTAYGREERYTLWFDPTEDFHQYTILWTEKSTVFFVDDV
PIREIPRTDAMGAHYPGKPMSVYATVWDGSDWATKGGRYRVNYKYSPFVVTLANLILEGCA
VDPLEQFPAVSCSADTTSSASLSKLAELSEDQKALMEWFRGKYISYSYCDDAVRYPSNPSD
CPPRDPHKKIATAHVKFGHHQRHHKKNRKSRRSSSSSAASAAVSL

【図６６】

299のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MMLAVALVCIWVCGLFSQPGSAVGSSRPRLAGKLVTENFAGLQFEEAYTSLFGDENVKVAE
DGKTVMLSLDKRTGSGLLSQDMYLYGLFSASMKLPDDYTAGVVAAFYVSNGDMFPGTHDEL
DFEFLGNIRGKEWRIQTNVYGNGSTAYGREERYTLWFDPTEDFHQYTILWTEKSTVFFVDDV
PIREIPRTDAMGAHYPGKPMSVYATVWDGSDWATKGGRYRVNYKYSPFVVTLANLILEGCA
VDPLEQFPAVSCSADTTSSASLSKLAELSEDQKALMEWFRGKYISYSYCDDAVRYPSNPSD
CPPRDPHKKIATAHVKFGHHQRHHKKNRKSRRSSSSSAASAAVSL

【図６７】

300のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MARIIPIVLASAILLVASLQSEVNAANQIFNADFQILFASDHVKTSDDGQIWELMLDKKSGSGF
QTKNSYRFGFFTMKLKLVAGDSAGVVTTYYMASKDFETRDELDFEFLGNVSGQPYALQTNIY
VNGVGGREQRNELWFDPTADFHTYSFLWNDHQLIFFVDLVPLRVHRHTNVTDNVYPKNRP
MSLLSSIWNADNWATRGGLDKTNWSYAPFISSYQNFNADACMWEDFPACVSTTGENWW
DKPPAWTLTDAQKLDYAWARRNFLIYDYCQDTKRFNGTLPVECSVGPW

【図６８】

301のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MGLVGRMMHWPCVLGSIVVLCSLIVGSQCAAFNDFFYPSWALDHVMYEGELLKLKLDNTSG
AGFASKSTYIFGKVNVQIKLVPEDSAGTVTAFYMSSQGDQHDEFDFEFLGNTSGEPYAVQTN
VFSKGVGKREQRIFLWFDPTTDFHSYSFLWNRQQVVFFVDDVPIRVFKGNNEKVGVPYPQS
QPMGVYSSIWNADDWATQGGLVKTDWSHAPFVSTYTNFSIDACDYSLKTTCSSVWVDEPAY
ASLDAKQRLKLKWVQEKYMTYDYCKDSARFPTPPPECSA

【図６９】

302のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MCLQRICWVRAMLIKMVPKLLLVLLVAAMAAMAASPPKPVDVPFPKNYVPTWAADHIKYING
GNFVQLSLDKWTGTGFQSKGTYLFGHFSMQIKMVPGDSAGTVTAFYLSSQNAEHDEIDFEFF
LGNRSGQPYILQTNVFSGGKGNREQRIYLWFDPTKDYHAYSVLWNMHQIVFFVDDVPIRVFK
NSRDLGVRYPFNQPMKIYSSLWNADDWATRGGLEKTDWSKAPFVASYKGFHVDGCEASMPHSACPTLGRR
WWDQKAFDDLDGQQWRKLKWVRDRYTIYNYCTDRVRYPKMSPECTRDRDI

【図７０】

303のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MLINMVPNVLLFLLVAAMAATATPPPKPVDVPFQKNYVPTWASDHIKYINGGNEAQLSLDKW
TGTGFQSKGSYLFGHFSMQIKMVPGDSAGVVTAFYLSSQNSEHDEIDFEFLGNRSGQPYILQ
TNVFSGGKGDREQRVYLWFDPTKDYHSYTVLWNMHQIVFFVDDVPIRVFKNSKDLGVRYPF
NQPMKIYSSLWNADDWATRGGLEKTDWSKAPFVASYKGFHVDGCEASMPHSACPTLGRR
WWDQKAFDDLDGQQWRKLKWVRDRYTIYNYCTDRVRYPKMSPECTRDRDI

【図７１】

304のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MGGTWRTVGLSFLFLVFSSLIASVCSQSQGDDSSAKVFDDNFQIMWAEDHFRTSENGQVWHLVLDQNSGSGFKSKYKYRFGWFSMKLKLVPGDSAGVVTAYYMSSNTDMNRDELDFEFLGNRSGEPYALQTNIYAKGVGGREQRHILWFDPTTQFHTYSILWNAHQIVFFVDQVPLRVHRHTEATSDVFPKEQGMYMFSSIWNADNWATRGGLEKTNWTAAPFVSSYKKFHGLGCKWGDDNTTLLPCANDKNASASHWWDEAVAWTLTKKQRENYRWVNSKYLLYDYCNDQSRYSIKPVECSVAPWD

【図７２】

305のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MGRTWRAMGMSFLVLVLIGLIACVSCQSDGDDSSPKVFDDNFQILWAQDHFRTSENGQVWHLVLDQNSGSGFKSKNKYRFGWFSMKLKLVPGDSAGVVTAYYMSSDTDMNRDELDFEFLGNRSGQPYGLQTNIYSNGVGGREQRHILWFDPTTEFHTYSILWNAHQIVFFVDQVPLRVHRHTKATRHVFPRKQGMYMFSSIWNGDNWATRGGLEKTNWAAAPFVSSYKKFHGLGCKWEDQNTTQSSCAHSNNASARHWWDKPEARTLTKKQREYYRWVNSKYLTYDYCHDQPRYPIKPVECSVAPWD

【図７３】

306のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MAGQRNWFKRIEFIVIFVVCLNSVSARPASFAEDFKVTWADDHVKTRSDNNSIDLILDQNSGAGFASKNQYMFGLVSMNIKLVAGDSAGTVTAFYMSSDKEEVRDELDFEFLGNRSGQPYTVQTNVFALGKGGREQRVNLWFDPSLEFHRYSILWNHYHIVFSVDDIPIRVYKNNEARGVPFPKNQSMGIFSTLWEADNWATRGGLEKIDWSKAPFVASYRGFEIESCQYPGNASCVVNTSNWWEGLSYSGLRPNQARLYKWVRTNYMIYDYCKDTPRYPVLPTECNAGI

【図７４】

307のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MEVSSASCLRGYVHFLLTAIICTAISPTVYADIYSDIDVTWGENNAWVLNNGQGLQLSLTNYSGSGFQSYKEFLFGSVDISMKLVPGNSAGTVTTYYLSSTGEGHDEIDMEFLGNVSGEPYILHTNIYVNCSADKEQQFYLWFDPTADFHNYSILWNPQQIAIFVDGLPIRVFANNENIGVPYPNEQAMRVFSSIWNGDQWATQGGRVKIDWSSPFVASYMNFNTDVCEWNGNGSTSQCWATNWWNQNNLNYGQQGQLQWVRSNYLIYDYCKDYARFNYQLPAECAQQPQ

【図７５】

308のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MCSEAMKTAQFLGLFLILLLHSAAMAATPKPVSVPFGKNYGASWGSDHIKEFHGGRKVELLLNKQYGAGFESKGTYLFGHFSMQIKLVPGDSAGTVTAFYLSSQTAEHDEIDFEFLGNRSGQPYILQTNVFTGGKGEREHRIYLWFDPTKDYHSYAVLWNMYQIVFFVDSVPIRVFKNCKNLGIRFPFNQPMKIYSSLWNADNWATRGGLEKTDWSKAPFTASYKQFHVDACEASVSESVCATQGRRWWDQVEFRDLDGRQWRFLKWVRKHYTIYNYCTDAARNKKMPPECVRDRDNI

【図８１】

314のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MGTSGTSSQYSSSAFLQPRSCMNIIAVLIIFTLLNSIIPVHGESEKHIPVTSRFQTINFYNGYSNLWGPQHQQVSEDESSTTIWLDSSSGSGFKSLEAYKSGFFSAAIKLQAGYTAGVIAALYLSNNQEYPGHHDEIDIEFLGTTPGKPYTLQTNVYINGTGDGQVLTGRELKFHLWFDPTEDFHNYSLLWTPSYIIFYVDDIAIRKYPRRISSTYPLRPLWVYGSIWDASSWATENGKYRADYRYQPFVAKFSKFILSGCPVSDSTCSATFSNSLISTGTGGLTSQERSRMKSIQTNNLVYNYCKDRERYPTRLPECGKRYAPSLINGND

【図８２】

315のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MAFVGCQEGGRVMHCALLCIFVTLCNLLVSSQCASFDDFFYPSWAVDHVMSQGELLQLKLDNISGAGFASKSTYIFGKANVQIKLVPGDSAGTVTAFYMSSQGDQHDEFDFEFLGNTSGEPYAVQTNVYSKGVGNREQRIFLWFDPTADFHSYSFLWNRQQVVFFVDDVPVRIFSNNEKRGVPYPQTQPMGVYSSIWNADDWATQGGLVKTNWSHAPFISTYKNFSIDACQYSSKTNCSSWWDQPGYASLDAKQRLKLKWVHEKYMTYDYCKDSARFPTPPAECE

【図８３】

316のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MASTGSQDDSAYRYTTIIRKQGHYQKHGSRHHLSASTGIQVVMVMAFFLVSSSSAARISSRPLLRDQNRTATTVDFDQNYDITWGNQLVKFLDNRRSVELRMDQSSGSGFASKNKYLFGYFSTRIKLVPGDSSGTVTAFYLSTQQTSKHDEMDFEFLGNKPGKPHYLSTNVFVNGVGNRESRIRLWFDPTADFHTYSLLWNRHQILFMVSGVVVRVFKNSETSLGVPYPSSKPMQVIASLWNGENWATDGGKSKINWKQSPFIATFEGFDIEGHKCEGDSESSPFCPSSPSSEWWEDLGSKGLSAEQMRQLRWVRRNYMDYDYCTDKTRFPKPPPECALNTI

【図８４】

317のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MLREAMKTAQFLGLFLILLLHSAAMAATPRTPVSVPFGNNYVASWGADHIKEFHGGRKVELLLNKQYGAGFESKGTYLFGHFSMQIKLVPGDSAGTVTAYYLSSQTAEHDEIDFEFLGNRSGKPYILQTNVFTGGKGEREHRIYLWFDPTKDYHSYAVLWNMYQIVFFVDSVPIRVFKNCKDLGVRYPFNQPMKLVSSLWNADDWATRGGLEKTDWSKAPFLASYEQFHVDACEASAPQSACATQGRRWWDQEEFRDLDGRQWRYLKWVRKQYTIYNYCTDISRNAKMPPECVRDRDNE

【図８５】

318のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MKRRAKLLGFGINWRKIVYISSVVNLILSSVESSSFNDNFDISWGTVQLLNNGQTAQLTMDKASGSGFQSKDEYLFGSLSMSIKLVSGNSAGTVTSYYMSSDAASHDELDYEFLGNLPGNPYTLQTNVFANGVGNREQRLNLWFDPTADFHNYSILWNHNQIVFWVDSIPIRVFKNNEETAGIPYPNSRPMRILSTLWNGENWATDGGRVKIDWSKAPFVASYQSFEVNACSAPSNSSLPCANNWWEQPEFQSLDESQLGKLDWVRKNYMTYDYCHDTSGRFSTTPAECAFNA

【図７６】

309のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MYDCKRQNTIKPFTGHFHALLVLAFVLIVSVCPNADHVRVSEAARRGHKGRYPRASQFPTVAFNRGFHVLWGPQHQTIWNDQSGITIWLDRNSGSGFKSLRPYKSGYFSAAIKLQAGYTAGVNTAFYLSNNEAHPDYHDEIDIEFLGNIPGRPYTLQTNIYVRAGNAGRGRIITGREQQIHLWFDPTKDFHRYSILWTPLKIIFFVDDIPIRKYRRTNPYTFPARPMWLYGSIWDASPWATDNGKYKVDYSYQPFVAQYRGFVLA

【図７７】

310のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MAGYEGRRICIYWWVITVMLCRLVVGSQCAAFNDLFYASWAADHVMSQGDLLQLKLDHTSGAGFASKSTYLFGKVNVQIKLVPGDSAGTVTAFYMSSQGDQHDEFDFEFLGNTSGEPYVVQTNVYSNGVGNREQRIYLWFDPTANFHSYSFLWNRHQSVFFVDDVPIRVFSNNEKRGVPFPQTRPMGVYSSIWNADDWATQGGRVKTDWSHAPFISTYTSFNIDACKYSPGSSCTSWWDQPAYASLTAKQRMQLKWVHEKYMIYDYCKDPVRFGTPPAECTA

【図７８】

311のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MSTNGAYLWALVWASVISAGLGLGNGNFDDDFYIMWAPDHVTRLYNGHGVQISMDRQSGSGFATKKQYLFGKFEMQIKLPPGNSAGTVVAVYLYSNQPNRDEIDIEFLGNVDGKDIIMQTNVFANGYDDREQRIKLWFDPTADFHTYTIFWNRYHIVFLVDGFPIRVHQNNAVRGIPFPRMQPMSLYTTIWNGESWATNGGKTKITWEPYPFVAQFRNFYIDGCEWNGNPRFCKGGSTQNWWNKRTYAYFNAGDRLKLHWVRKHYLVYDYCNDKVRFKVAPEECRYHI

【図７９】

312のアミノ酸配列。保存されたファミリー16のグリコシドヒドロラーゼドメインは下線が引かれている。

MAFIRKLPLLVLAFMLVLSVAHIQVSEAAGRPQSSHGTAYPLRSQLSAVKFNQAFDVLWGPQHEQVSNDESGITIWLDRNSGSGFKSQRAYDSGYFSAAIKLQAGYTAGVNTAFYLSNNEVHPDSHDEIDIEFLGTIPGQPYTLQTNIYVRAANGGTERIITGREQQIHLPFDPTSDFHRYSILWTPSKIVFSVDNVPIRKYSRTGSAFPTRPMWLYGSIWDASSWATDNGKYKVDYNYQPFVARYTDFILTDCTQSRAAECS

【図８０】

313のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MEAPNLSGYLHLVLMIVIIWSTGIYPTVHANFYNDIDIAWGYNNVNIFDNGEELQLSLNNASGSAFQSKAQFLFGSVDMFMKLVPKNSAGTVTTFYLSSTGDRHDEIDLEFLGNVSGQPYILHTNIYTNGSGNREQEFYLWFDPTSEFHNYSILWNPQQIVLFVDGLPIRVFGNNEDIGVPYANGQAMRAYSSIWDGDSWATQGGRVKIDWSYSPFVASYRNFTADVCEWTGSGSSSQCWANIPSNWWNQAAYESLTYAQQGQLQWVRNNFLVYDYCKDPARFNNQLPAECYRQP

【図８１】

314のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MGTSGTSSQYSSSAFLQPRSCMNIIAVLIIFTLLNSIIPVHGESEKHIPVTSRFQTINFYNGYSNLWGPQHQQVSEDESSTTIWLDSSSGSGFKSLEAYKSGFFSAAIKLQAGYTAGVIAALYLSNNQEYPGHHDEIDIEFLGTTPGKPYTLQTNVYINGTGDGQVLTGRELKFHLWFDPTEDFHNYSLLWTPSYIIFYVDDIAIRKYPRRISSTYPLRPLWVYGSIWDASSWATENGKYRADYRYQPFVAKFSKFILSGCPVSDSTCSATFSNSLISTGTGGLTSQERSRMKSIQTNNLVYNYCKDRERYPTRLPECGKRYAPSLINGND

【図８２】

315のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MAFVGCQEGGRVMHCALLCIFVTLCNLLVSSQCASFDDFFYPSWAVDHVMSQGELLQLKLDNISGAGFASKSTYIFGKANVQIKLVPGDSAGTVTAFYMSSQGDQHDEFDFEFLGNTSGEPYAVQTNVYSKGVGNREQRIFLWFDPTADFHSYSFLWNRQQVVFFVDDVPVRIFSNNEKRGVPYPQTQPMGVYSSIWNADDWATQGGLVKTNWSHAPFISTYKNFSIDACQYSSKTNCSSWWDQPGYASLDAKQRLKLKWVHEKYMTYDYCKDSARFPTPPAECE

【図８３】

316のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MASTGSQDDSAYRYTTIIRKQGHYQKHGSRHHLSASTGIQVVMVMAFFLVSSSSAARISSRPLLRDQNRTATTVDFDQNYDITWGNQLVKFLDNRRSVELRMDQSSGSGFASKNKYLFGYFSTRIKLVPGDSSGTVTAFYLSTQQTSKHDEMDFEFLGNKPGKPHYLSTNVFVNGVGNRESRIRLWFDPTADFHTYSLLWNRHQILFMVSGVVVRVFKNSETSLGVPYPSSKPMQVIASLWNGENWATDGGKSKINWKQSPFIATFEGFDIEGHKCEGDSESSPFCPSSPSSEWWEDLGSKGLSAEQMRQLRWVRRNYMDYDYCTDKTRFPKPPPECALNTI

【図８４】

317のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MLREAMKTAQFLGLFLILLLHSAAMAATPRTPVSVPFGNNYVASWGADHIKEFHGGRKVELLLNKQYGAGFESKGTYLFGHFSMQIKLVPGDSAGTVTAYYLSSQTAEHDEIDFEFLGNRSGKPYILQTNVFTGGKGEREHRIYLWFDPTKDYHSYAVLWNMYQIVFFVDSVPIRVFKNCKDLGVRYPFNQPMKLVSSLWNADDWATRGGLEKTDWSKAPFLASYEQFHVDACEASAPQSACATQGRRWWDQEEFRDLDGRQWRYLKWVRKQYTIYNYCTDISRNAKMPPECVRDRDNE

【図８５】

318のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MKRRAKLLGFGINWRKIVYISSVVNLILSSVESSSFNDNFDISWGTVQLLNNGQTAQLTMDKASGSGFQSKDEYLFGSLSMSIKLVSGNSAGTVTSYYMSSDAASHDELDYEFLGNLPGNPYTLQTNVFANGVGNREQRLNLWFDPTADFHNYSILWNHNQIVFWVDSIPIRVFKNNEETAGIPYPNSRPMRILSTLWNGENWATDGGRVKIDWSKAPFVASYQSFEVNACSAPSNSSLPCANNWWEQPEFQSLDESQLGKLDWVRKNYMTYDYCHDTSGRFSTTPAECAFNA

【図８６】

319のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MKSHISLLGSRRSSPELVYLSLLIILNLCTVKATFSDNFEISWGNVRLLNNGQTVQLTMDKASGSGFQSKMDYLFGSLSMRIKLISGDSAGTVTSYYMSSEASQHDELDYEFLGNLPGQPYTMQTNVFASGIGNREQRLKLWFDPTADFHNYSILWNQKQIVFWIDSIPIRVFKNNEAAGVPYPDQRPMKIISTLWNGEDWATDGGRVKIDWNDAPFIASYQSFEVDACSSSPCVNDWWDQSTFQSLNQQQLTQLDWVRKNYMTYDYCNDASRYPTPPRECALNP

【図８７】

320のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれている。

MATSFSFYKLVLVVALLLTNGANVVVMLVSADQSLQPPLPSQPVTRYFKTMAFDEGFSNIWSPDHQNVSQDRNSVTLKIDRYSGAGFKSKKTYLYGFFNAALKLQAGYTAGIVTTFYLSNSDVYPDLHDELDFEFLGTIPGEPYTLHTNIYGNGSGDGNITSRIGREQRFHLWFDPTQEFHNYTILWTPHQIMFFVDSIPIRQFRKLKSVRKQYPGKPMSIYATVWDGSDWATDGGKHRANYSYEPFLSTYTNFIISGCTAGQPDCKPGRLDHRFPPILSKAQKEDLHFVRKNYMIYDYCHDTSRYPKGLPECPRSFPRRSPVFRPRHV

【図８８】

321のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MAAPKSSNLSLLALIILLMGGTHHAVGMDLKKTEIEFYMHDVVTASKNFTTMKVAHSPEFGMIRVIDNALTEDLQQNSKELGRARGMYVQDSFSGVNLLMVLTVIFQAGEHSGSTLCLQGQDGRKQREISVVGGTGHFRHATGHAILEKQLSMGENAILNFNVTVLHRSELAE

【図８９】

322のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MATKGFLETTIAVSAVLLLVCLHIAEAEVKTKLGREKISHLHFYFHDVVTGKNATAVQVASAPTTKYSPTGFGAVVVMDDCLTAGPEATSKLVGRAQGIYVSSGQEDFHLLMATTFVFESGMYNGSTLAMIGKNAPLEEVREMPIVGGSGLFRFARGYALAHTHSIDGTTAVVKYNVTVLHY

【図９０】

323のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MANKGYSAATITVAAVLLLSLFYLEAEAFAEAKLKLGREKISHLHFYFHDLVAGKNVTAVKVASAPTTNSSATLFGAVMVMDDWLTEGPEATSKMVGRAQGIYVSSSQEDFHLLMATTFVFESGKYNGSTLAMIGKNAALEQVREMPIVGGSGLFRFARGYALARTHAFELNTGNAVVEYNVTVLHY

【図９１】

324のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MGPRFLFLAIIANVLLMFAAGEGEVNMVFYLHDNLTGTNVTAVPVAGLNGSSSNAGKFGTVV
TISDVITRRPEISESDSDNIIGRAQGMYVDTNPVTGLDFLMVFTLIFEDKKYRGSTLEFQGTDR
FAQPRREFAVVGGTGKFRFARGYAVANTESLSGVNAIIKFNGTIRTD

【図９２】

325のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MKGFSAVNTAMAAVVLLVCLYLAVAEAKVKLGPEKISHLHFYFHDLVDGTNVTAVEVASAPTT
DSYFTQFGLVRVMDDPLTEEPKATSKMVGRAQGIYVSSCQHRVQLLMATTFIFESGKYNGS
TLAMVGKNAVFDDVREMPILGGSGLFRLARGYALARTHSLDLKTGNAVVEYDVTVVHY

【図９３】

326のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MAIKGYSSVNITVAVYCYWFVLYLAAAEAEEKIGHGKISHLHFYFHDLVGGKNVTAVEVASAP
TTDSYFTQFGLVRVMDDRLTKGPKVTSKMVGRAQGIYVSSCQHRLQLLMATTFVFESGKYN
GSTLAMVGKNAVFDEVREMPIVGGSGFFRLARGYALARTHSFDLNTGNAIVEYNVTVLHY

【図９４】

327のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MAIKKYNRDVHLCFVCLVLFTVMLQTSNGHRWKKHSLPKPCRNLVLYFHDVIYNGSNAKNAT
STLVGAPQGANLTLLAGKDNHFGDLAVFDDPITLDNNFHSPPVGRAQGFYFYDMKNTFSSW
LGFTFVLNSTDYRGTITFSGADPILTKHRDISVVGGTGDFLMTRGIATISTDAYEGDVYFRLCV
NITLYECY

【図９５】

328のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MAIKNHNTAVHLGFIWLVVFSAMLLQSSDAHSYMKRPLPKPCRNLVLYFHDVIYNGLNAMNA
TSTLVGAPQGANLTLLAGRDNHFGDLAVFDDPITLDNNFHSPPVGRAQGFYFYDMKNTFSS
WLGLTFVLNSTDYKGTITFSGADPILKKYRDISVVGGTGDFLMARGIATISTDAYEGDVYFRLC
VNITLYECY

【図９６】

329のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MGSRVLLPAMATATIVIFLLHAAAGERETNLVFYMHDNVSGNNVTAFTVAGLNGTSSDPGKF
GTIVVNWDAATKGAQATGTADPDNIVGRIQGMYYVNTNLVTGLDFLMLFTVIFEDMEYKGSTL
EFHGTDKFFAPHRELAVVGGTGKFRFARGYAILTTEVLSGPNAVVKFNTTLRY

【図９７】

330のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MRKFNDNARSNINNIAVAAAATTFLFWVALTIFERHEMKEKTSYLQFYFHDIVSGKNVTAVEV
ASSPTTGSSFTEFGLVRVMDDWLTEGPEPTSKMLGRAQGIYVSSCQEKVHLLMTLTFVFDS
GKYNGSTLAVVGKNAVFDEVREMPIVGGSGFFRFARGYALARTHSLDLTTGNAIVKYNVTVF
HY

【図９８】

331のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MAIENNNRAVYLCFVWLLLFTVLLQASDGHGWNKDPFRRPSRNLVLYFHDVIYDGTNAKNAT
ATLVGAPHGANLTHLTAKDNHFGDLAVFDDPITLDNNFHSPPVGRAQGFYFYNMKNTFNAW
LGFTFVLNSTHYKGTITFAGADPILTKYRDISVVGGTGDFLMARGIATISTDAYEGDVYFRLRV
NITLYEWY

【図９９】

332のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MAIKNNNRAVYLCFLIWLLVFTLSLRSSDGHGWNKYPFRRPSRNLVFYFHDVIYDGTNAKNA
TSTLVGAPHGAKLTHLAAKDNHFGDLAVFDDPITLDNNFHSPPVGRAQGFYFYDMKNTFSA
WLGFTFVLNSTDYKGTITFAGADPILTKYRDTSVVGGTGDFLMARGIATISTDAYEGDVYFRL
RVNITLYEWY

【図１００】

333のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MAKLSAGVASNVNSIAVAATLLLLLLALTAEAKEGYDSKVEEKTSDLHFYFHDTVSGKNVTTM
QVARASGTNSSPTLFGLAVVLDDIVTKGPEPASQLLGRMQGLYTLSGLEERAMQMVVTLVFS
SGQYNGSTLSLVGINRIYHPVREIPIVGGSGLFRLARGYVLARTHSLVQNGNAVVECNVTVLH
Y

【図１０１】

334のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MAGKNYSTATIAVAVVLLFVCLHIAAVQAKVKLGNEKISHLHFYFHDLLVGKNVTAVQVASAP
TTNNYFTQFGMVRVMDDWLTEGPEGTSKMLGRAQGIYVSACQEKFQLLMATTFVFESGRY
NGSTLAMVGKNAVLEQVREMPIVGGSGFFRFARGYALAHTHSIDFKTGNAVVEYNVTVLHY

【図１０２】

335のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MASRCLFATLATATLVMAAAGEGVLNMAFYMHDHLNRNKDQTAFPVAGVNGSSSEASKFG
TLVVISDMVTKRPQITEYDTENILGRAQGTYVNTNPVTGLDFLMVFSLIFQNAEYNGSTLEIQG
TERFDQPHREYAVVGGTGKLRFARGYAVGTTVSTSGENAVLKINATFCTV

【図１０３】

336のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MASGILFPVMAIIVIVSLQPAAGESEMNMVFYLHDNLSGTNVTSFPVAGLNGSSSDAGKFGTL
VVTSDVKTKGPNSGSDNIAGRAQGTYVNTNMVNGLDFSMVFTLIFEDMEYGGSTLVIRGTDR
FDQPQCEYALVGGTGKFRFARGYAVVTTESVSAPNAVLKFNTTFLIPS

【図１０４】

337のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MAGFKFLFPAMAVTILVVFLKKAAAAAIEGEMNMVFYMHDNVKGNNVTAIPVAGTNGSSSPP
GHFGTVVVISDVITKFPDVAESESQNIVGRAQGMYINTNLDTRRDFLMVFTVIFNNMEYNGST
LEVQGTDRFDQTQREYAVIGGTGKFRFARGYAVVTTESLSGQNSVLKFNTTLSTL

【図１０５】

338のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MAIKSGRALHLSFVWLVLSTALLQTSDVYSWKKKPLRKPYRNLVLYFHDVIYDGTNADNATS
TLVGAPHWANLTHLTAKDHQFGDLAVFDDPITLDNNFHSPPVGRAQGFYFYDMKNTFSAWL
GFTFVLNSTDHRGTITFAGADPILTKYRDISVVGGTGDFLMARGIATISTDAYEGDVYFRLCVN
ISLYE

【図１０６】

339のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは下線が引かれている。

MGSGVLFSAVAKTTLVLVFVQAAAGISETNMVLYMHDNLTGRNVTSFPVAGLNGSSSDPGK
FGTVVIMSDPITKQPEVTDSDGNNYLGRAQGAYINTNPHTGMEFLMVFAITFESMEYNGSTL
QIQGIERFDQPQREYFVVGGTGQFRYARGYVVCTMEYVSGENAVLRLNTTFRTD

【図１０７】

340のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MPVKPSSRELVHLCILWLLVSTVLLQVTDGFVWKKREYEKPNWNKVFYFHDVLYNGNNAEN
ATSAIVAAPQGANLTSLTDNNHFGDLVVFDDPITLDNDMHSPPVGRAQGFYFYDMKNTFSA
WLGFTFVLNSTEHRGTITFAGADPILTKYRDISVVGGTGDFLMARGIATISTDAYEGDVYFRLR
VNTTLYECYNCLLSASASHDNQ

【図１０８】

341のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol pIファミリードメインは下線が引かれている。

MKIFNNPLLFAVWALSMVSAALSCDRCLRKSKVASFARANINGACGYGNSATSLTARGGLV
MASASAKIYRDGVGCGACYQIRCTDPGVCTKSGVKVLVTDFTKSTQTDFVLSARSFSKLAVA
SKAAQFLKMGTVDIDYKRIPCDYGSQNMTVKVDKSSKYPDYLAVQFLYQGGQTDITAVDIDR
VGSSGWQYMTHKNGAIWGIQNPPIGSLSFRLLVTGGYDGSWVWPTRNLLPAIWRPGSVYD
SGVQITEIAQEGCSPCETGNWTDTRTP

【図１０９】

342のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、エクスパンシン/Lol pIファミリードメインは太字である。

MAFLWLVSLGLLSMLRAAHGSGWTSAHATFYGGGDATGTMGGACGYGNLYSQGYGTNTA
ALSTALFNNGFSCGACYEIQCNDDLQWCLPGSIVVTATNFCPPNNALPNDNGGWCNPPLEH
FDLSEPVFQHIAKFRAGIVPVQYRRVPCQRKGGIRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGDVEAVSV
KGAKTGWQPMSRNWGQNWQSNSYLDGQSLSFKVTTSDGKTVTSYNVASSNWQFGQTFA
GEQMN

【図１１０】

343のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol pIファミリードメインは下線が引かれている。

MRRTVGLQWPLVPNVCVNVTAFCFVLLLLFSCKEAALGLEHTELNRDDLEWRPATATWYGS
PDGDGSDGGACGYGGLVDQKPLRARVGAVSPVLFKGGEGCGACYKVKCMEKGLCSEKPV
TVVITDECPGGYCAFGRTHFDLSGAAFGRMATNGKTPALLNTGELPVLYRRTLCEYPGKNIT
FHVTEGSTAYWFSILIEYEDGDGDVGAMHLKQADSDAWMEMNHVWGANWCLLGGTPLKAP
FSVRVTTLTSKRTLSARNVIPDHWYPNATYKARLNFED

【図１１１】

344のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、エクスパンシン/Lol pIファミリードメインは太字である。

MGALGFLVVGLLLVTTRATMASSWISAHATFYGGSDASGTMSGACGYGNLYSQGYGANTA
ALSTALFNNGLSCGACFQVMCNDDPQWCLRGSVVVTATNFCPPGGWCNPPLRHFDLSRPV
FLKIAKYKAGVVPILYRRVPCHKKGGIRFTINGHSYFNLVLISNVGGAGDVHGVWIKGSRTGW
QPMSRNWGQNWQSNSYLNGQSLSFKVTTSDGRSVTSYNVASVNWQFGQTFSGAQFH

【図１１２】

345のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、エクスパンシン/Lol pIファミリードメインは太字である。

MGFLAFIGLFVFNFLSMARFAHGWTNAHATFYGGGDASGTMGGACGYGNLYSQGYGTSTA
ALSTALFNNGLSCGACFAIRCNDDPQWCLPGAIVVTATNFCPPNNALPNNAGGWCNPPLQH
FDLSEPVFQHIAKFRAGIVPVMYQRVPCHRSGGIRFTVNGHSYFNLVLITNVGGAGDVHAVSI
KGSRTGWQPMSRNWGQNWQSNSYLNGQSLSFKVTTSDGRTVTSYNAAPSNWQFGQTFA
GAQIR

【図１１３】

346のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol pIファミリードメインは下線が引かれている。

MATRTPNFFLFCSLGFMLIVTVPSPVLSCSSCVYQSKLAYYAYSGAVNVGACGYGSFAAKLY
GGNVGAASSDLYRNGVGCSACYQIRCTDPKLCNKSGTTIVVADFTQNNQTYFVVSRSTFSS
LAIADKGSQLIKGGIIDIEYKRVPCQYKDQNLVVRVDGSSQYPHYLAVQFLYQGGQTDIVSVD
VAQVGTSGWHYMTRNHGAVWEIQKPPGGALQFRFVVTSGYDGKWLWAKKAVLPSDWKSE
GLYDSGIQISDVALENCNPCNENNSGWADSSWIYV

【図１１４】

347のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MATVKLATIFGLWWIASTAYALDYGWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGYGTN
TAALSTALFNNGATCGACYQMKCNQQSDPQWCLPGTVTVTATNLCPPNSALPNDNGGWC
NPPLQHFDMAQPAFQQIAIYRSGIVPIMFRRVPCVRKGGVRFAINGHSYFNLVLITNVGGAG
DVEAVSIKGSNTGWQAMSRNWGQNWQSNSYLNGQTLSFQVTTSDGRTITSYNVASANWQ
FGQTFEGLQF

【図１１５】

348のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MAPVKLATIFGLLWIVGTAYALDYGWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGYGTN
TAALSTALFNNGATCGACYQMKCNQQSDPQWCLPGTVTVTATNLCPPNCWNVNSNCRLR
GQRRTWATMDSNSLPARISSQRPPRNHRSKPQNQPVSYRTTLQRKVVSVQRAPMQLGAD
NCPPSDAGMTSATDTHRKVSLG

【図１１６】

349のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MNSGRSLHSDHLFGCKMAPVKLVTMFSFLWVAGAAYALDSGWQSAHATFYGGSDASGTM
GGACGYGNLYSQGYGTNTAALSTALFNNGATCGACYQMKCNHHSDPQWCLPGTVTVTAT
NLCPPNSALPNDNGGWCNPPLQHFDMAQPAFQHIAIYRSGIVPIIFRRVPCVRKGGVRFTING
HSYFNLVLITNVGGAGDVEAVSIKGSNTGWQAMSRNWGQNWQSNSYLNGQALSFQVTTS
DGRTITSYNVAPANWQFGQTFEGLQF

【図１１７】

350のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MAPLKLATMFSFLWIAGTAYAQDSGWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGYGT
NTAALSTALFNNGATCGACYEMKCNDQSDSQWCLPGTVTVTATNLCPPNSALPNDNGGWC
NPPLQHFDMAQPAFQQIAIYRSGIVPIMFRRIPCVREGGVRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGD
VEAVSIKGSNTGWQTMSRNWGQNWQSNSYLNGQTLSFQVTTSDGRIITSYNVAPANWQF
GHTFEGLQF

【図１１８】

351のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MAPLKLATMFSFLWIAGTAYAQDSGWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGYGT
NTAALSTALFNNGATCGACYEMKCNDQSDSQWCLPGTVTVTATNLCPPNSALPNDNGGWC
NPPLQHFDMAQPAFQQIAIYRSGIVPIMFRRIPCVREGGVRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGD
VEAVSIKGSNTGWQTMSRNWGQNWQSNSYLNGQTLSFQVSTSDGRIITSYNVAPANWQF
GQTFEGVQF

【図１１９】

352のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol plファミリードメインは
下線が引かれている。

MKRFRCMSPCKFSAWLVIGAVSVFLCVKASWALEEEELEWHPATATWYGSPDGDGSDGGA
CGYGNLVDVKPYRKRVGAVSPVLFKGGEGCGACYKVKCTDERMCAKRAVTFVVTDECPGG
PCAFGKTHFDLSGSAFGRMAIADKTTTILNSGEIPVLYRRTLCEFPRKNVTFHVNEGSTAYWF
SILIEYEDGDGDVGAVHLREADSDEWMAMQHSWGANWCLLGGPMKAPFSLRVTTLSSNRT
LSARNIIPQNWYPTASYRSRLNFDR

【図１２０】

353のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol plファミリードメインは
下線が引かれている。

MKRFRCMSPCKFSAWLVIGAVSVFLCVKASWALEEEELEWHPATATWYGSPDGDGSDGGA
CGYGNLVDVKPYRKRVGAVSPVLFKGGEGCGACYKVKCTDERMCAKRAVTFVVTDECPGG
PCAFGKTHFDLSGSAFGRMAIADKTTTILNSGEIPVLYRRTLCEFPRKNVTFHVNEGSTAYWF
SILIEYEDGDGDVGAVHLREADSDEWMAMQHSWGANWCLLGGPMKAPFSLRVTTLSSNRT
LSARNIIPQNWYPTASYRSRLNFDR

【図１２１】

354のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MQTRRGSWVAYLLLLLLNLGWWKQLIIMPTSAAYANDGWKYAFATFYSESDALGTMAGAC
GFGDLYRQGYGVNTAALSSVLYNGGQACGACFELRCVEDPLYCHPGTSIVVTATNFCPPNY
GLPGEDGGWCNPPRQHFVLPVTAFEKIAMIWKIGTMNVQYRRVRCAKVGGMRFAINGKDFF
LTVLISNVAGDGAVSGVKVKGSKTGWLSMGTNWGQNWHVNADYRGQALSFEVTTSDGKT
VTSYNVAPSDWQFGHTYKGKQFS

【図１２２】

355のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MLTSGFVLVAVAIIFANKFVSAHDYNGGWYYAHATFYGGADASGTMQGACGYGNLYSQGY
GTNTAALSTVLFNSGASCGSCFEIKCVDDPQWCLPGSPSIVVTATNFCPPNYALPNDNGGW
CNPPREHFDMAMPAFEQIGIWKAGIVPVQYRRVACVKEGGMRFTINGNYYFYLILVTNVGGD
GVVADVKVKGSNTGWLPLSRNWGQNWQCNTILKGQALSFRVTSSGGRTVTSYNVAPSH
WQFGQTFEGNQF

【図１２３】

356のアミノ酸配列。保存された花粉アレルゲン/エクスパンシンファミリーC末端ドメインは
下線が引かれている。

MATQTPVVFVLYCILGVNLLIVFPSLALGCTSCVHQSKLAYYAYPGAVDVGACGYGSFAETLY
GGNVGGSSRDLYRNGVACGACYQMRCTDSKLCTKSGTTIVVTDFTESSQTDFVVTRSTFSS
MALPDHGDQLLKAGIIDIEYKRVPCQYKNQNMSVKVDKLSRYPNYLAVQFLYQGGQTDIVSV
DVEQVGSSEKHDLKRNYGAVWDIENPPEGALQFGFVIVSGYNGKRVWPTKSVLPSDWKVG
GVYDSGLQTNDVSLEKCSPCDHNDRGWGDSRIP

【図１２４】

357のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MISMTSMVRVKSVALVSMSTIIWLITRAHGYGDWESAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLN
SQGYGTNTAALSTALFNDGLSCGACYEMQCNDDAQWCLPGTVTVTATNFCPPNNALPNDN
GGWCNPPLQHFDMAEPAFQQIAKYKGGIVPILYRRVPCVRKGGIRFTVNGHSYFNLVLITNV
GGPGDVHAVSIKGSRTGWQPMSRNWGQNWQSNSYLNGQSLSFQVTTSDGKTFVSYNAA
PSSWQFGQTFEGCQV

【図１２５】

358のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MRSMELVKSIALASLLTFIWLLTGAHGYGGWESAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQ
GYGTNTAALSTALFNDGLSCGACYEMRCNDDPQWCLPGTVTVTATNFCPPNNALPNDNGG
WCNPPLQHFDMAEPAFLKIAKYRGGIVPILYTRVPCLRKGGIRFTVNGHSYFNLVLITNVGGA
GDVHAVSIKGSRSGWQPMSRNWGQNWQSNSYLNGQSLSFQVTTSDGRTVVSNNVAPSN
WQFGQTFEGSQV

【図１２６】

359のアミノ酸配列。保存された花粉アレルゲン/エクスパンシンファミリーC末端ドメインは
下線が引かれている。

MAIGIIERQAASLVKGFVIALVFSISVAEGSGYTSSGWTSGHATFYGGSDASGTMGGACGYG
DLYSTGYGTKTAALSTALFNSGATCGACFQIQCDISKDPQWCLPGPKSITITATNFCPPNYAL
PSNDGGWCNPPLMHFDMAQPAWEQIAIYSGGIVPVQFRRVPCTPVGGVRFTINGRSYFELV
LLSNVGGAGDISAVSIKGSNTGWQPMSRNWGVNWQSNSYLSGQSLSFQVTTSDGNSITFY
NVAPSNWQFGQTFATSQQFN

【図１２７】

360のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、
エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MQSPLKSRVRYVLMVLAIIFAQTLAAADDCDGDWNSAHATLYGGGDAAGIMAGACGYGNLY
SQGYGTNTAALSAILFDSGAACGACFEIKCVDDSQWCLPGSPSVVITATNFCPPNYALSNDN
GGWCNPPREHFDMAMPAFEQIAIWKAGIVPVQYRRVRCAKGGIRFTIHGNRYFYLILITNV
GGDGDVAEVMVKGSNTDWLPLTRNWGQNWQSNTNLQGQALSFQVSSSSGHTITSYNVA
PSDWQFGQTFQGNQF

【図１２８】

361のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、
糖質結合WSCドメインは太字である。

MFSTKFFAAAAATFSLIRFSTAVYDPSSQRNLAMYWGSGSDQLDLAHFCDETNVDIIPIGFINF
FPPQANGLVAETFGDQCWDGNYTGPGYDGTNNPNDNFLYEQCPNLQRDLYYCQQNTNKKI
LLSLGGAVGNYYLNGPSDGEYLAEFLWGAYGPYNESWTGVRPLDRGYYNTNLTEHIDFDGF
DFDIEQTTPDQQAGYIACIKRLRQLFIEHKAVNPCSKDYIISGAPQCPLDEPYMSTAIAGAQFD
VLWIQFYNNGANGCTARNYTDSKALGKTSGFNYDSWVTKVNGGASAGAKLYIGLLAGQAAS
EFSPNDYIDGPAIQTLVSQYHSHPQFGGIMLYEATVAENNAQFYNTVKGILNDTALAGTVTSS
AKVCSSTTSTSSKTSSTSTSTTSTSSKVTTTSSSTSSKASTTSSSSSTSSSSSTSSTSSSKTS
SSSSSSSSTKTSTSSSVSSTSTTSSSSSSSSSSSLSSSSSSSSTSAYPTTSSSSVISSTTSAS
STSSSSSSSSFISSSTSVSSTSSETPTSTPTPTTVPSVGSCTYLGCYTEATTTRALSGAVYDN
YTLMSVEICAGFCTGFTYFGVEYGGECYCGNEFGEGSVVSPPIDCSMTCAGTPTELCGAGD
RLDVYSCAGSATTTSSSVSGSSTSSIESSTSSSVSISSSSSVVSTSSSSVVSSTSSEVTPTTS
STSSSVSSTSSLSSTSVYSDSSSSVTSTSTSSLSSSSSVSETLTSTSSSSIYSPTITSTAYTNS
SSAIVTPTSSLYTNSSSVITTSSSSSSSKSVCTRKTHTSSGSVSITSSYSVSGTATSISSSYSVSS
GSSSSSASGIISTPSSSLSGSATSSAQGTATSASTTQYTTSTVYTTSVHTITSCAATVTNCPAR
STVLTTETIALYTTVCPVTATETGKGVPTTSSPVKPTSSGSGSGETTSYTTSTVYATSVYTITS
CAPTVTNCPARIGSVTTETIALYTTVCPVTATETGKVAPSSTPSASSPVLPGKGGKSSSSAAG
YPVSGTESVKHTTISSTT

【図１２９】

362のアミノ酸配列。保存されたカルレティキュリンドメインは下線が引かれており、
カルレティキュリンファミリーシグネチャー1および2はイタリック体であり、
カルレティキュリンファミリー反復モチーフシグネチャーは太字である。

MAMAGSTGRRQQQLLLLALALSSLAAIASAAVLFEERFEDGWETRWVKSDWKKDENMAGE
WNYTSGKWNGDSDDKGIQTSEDYRFYAISAEYPEFSNKDKTLVFQFSVKHEQKLDCGGGY
MKLLSGDVDQKKFGGDTPYSIMFSGPDICGYSTKKVHAILTYNGTNQLDGKGCSLTDQLTHVY
TFVLRPDATYTILIDNVEKQTGSLYSDWDLLPPKQIKDPEAKKPEDWDDKEYIPDPEDKKPEG
YDDIPKEIPDSDAKKPEDWDDEEDGEWTAPTIANPEYKGEPWNPKKIKNPNYQGKWVKAPMID
NPDFKDDPELYVFPKLKYVGIEFLWGVKSGTLFDNVLICDDPEYAKKVAEETWGKNKDAEKAA
FDEAEKKREEEEAKDEPVDSDIEDEDDDADADDAEDDSDSVIKAEADESAESADSKDEVKD
EL

【図１３０】

363のアミノ酸配列。保存されたカルレティキュリンドメインは下線が引かれており、
カルレティキュリンファミリーシグネチャー1および2はイタリック体であり、
カルレティキュリンファミリー反復モチーフシグネチャーは太字である。

MMEGRRIRLLARALTVLLLSFQICASDVIFHESFDESFEGRWVVSEKEEYQGVWKHSKSEGH
DDYGLLVSEKARKYAIVKELDDVVSLKDGTVVLQYEVRLQDGLECGGAYLKYLRPQDAGWK
VKEFDNESPYTIMFGPDKCGATNKVHFIFKHKNPKTGEYVEHHLKHPASVPYDKLSHVYTAV
LKPDNELRILIDGEEKKKANFLSAEDFEPALIPPKTIPDPDDKKPEDWDERAKIPDSDAVKPDD
WDEDAPMEIVDEDAVKPEGWLDDEPEEIDDPEATKPEDWDDEEDGEWEAPKIDNPKCETA
PGCGEWKRPTKSNPAYKGKWHAPLIDNPNYKGIWKPQEIPNPDYFELERPNFEPIAAIGIEIW
TMQDGILFDNVLIASDEKVAESYRETAWKPKFEVEKEKQKEEDKATGSDGLSAIHKKVFDVL
YKVADVSFLEPYKPKILELIEKAEEKPNIAIGVLGSIVVVILTVFFKILFGGKKPVANVPEPRREA
AAETSNNQGSQGDKEDEDEKEDAGDAAAAAAPRKRPNRREI

【図１３１】

364のアミノ酸配列。保存されたカルレティキュリンドメインは下線が引かれており、
カルレティキュリンファミリーシグネチャー1および2はイタリック体であり、
カルレティキュリンファミリー反復モチーフシグネチャーは太字である。

MEGSRIPRLVPALALVLISFAFLQIRASDVIFYDSFDQPFVGRWVVSVKDDYTGEWKHSKSEG
HDDYGLLVSEKARKYAIVKELDEIVSLKDGTIALQYEVRLQNGLECGGAYLKYLRPQDAGWK
VKEFDNDSPYTIMFGPDKCGSTNKVHFIFKHKNPKTGEYVEHHLKFPPSVPYDKLSHVYTAV
LKPDNELRILIDGEEKKKANFLSAEDFEPPLIPPKTIPDPDDKKPEDWDEQEKIPDPDAVKPD
DWDEDAPMEIVDEDAVKPEGWLDDEPEEIDDPEATKPEDWDDEEDGEWEAPKIDNPKCEL
APGCGEWKRPMKRNPAYKGKWHAPLIDNPNYKGIWKPQEIPNPDYFELERPQFDPIAAIGIEI
WTMQDGILFDNILIASDEKVAETYRETTWKPKFEVEKEKQKEEDKDSDSPGLSAVHKKAFDV
LYMIADVPFLDPYKPKILDLIEKAEKQPNITIGVLVSIVVIILTLFFKILFGGKKPAVNVPEPRSEA
APETSDGPGSSGDKEDEDEDEDEDEKEETAAAPRRRSIRREA

【図１３２】

365のアミノ酸配列。保存されたカルレティキュリンドメインは下線が引かれている。

MKALLFLSFVLFVAVATATVHFQEEFDAGWEKRWVYSTADDASGSAGKFTATPGQYYGDA
QKDSGVQTSTDARFYKASAQFPKFSNKDKPLVLQYSVKNEQELDCGGAYLKLSPPGVDQKS
LTGETPYNIMFGPDVCGYSTRRVHFIFNYKGTNHLIKKTVAPSSDKLTHLYTAIINPDQTYEIRI
DNEKKESGKLVDDWDFLPPKEINDPSISKPADWVEEKEIPDPEDKKPEGYDDIPKEIPDPDAK
KPEDWDSELDGEWEPPTIPNPEYKGEWHPKLIPNPAYKGPWVHPQIPNPDYHYDDSIYAFE
HEFVAFEIWQVKSGTIFDHILVTDSLEEAEAFATGHFAAQQKAEKAMYDKQEEEKQEKEKAE
REAEKQKLEEEGKKEDDEDEDEEEEEDEGKGHSHDEL

【図１３３】

366のアミノ酸配列。保存されたカルレティキュリンドメインは下線が引かれており、
カルレティキュリンファミリーシグネチャー1および2は太字である。

MAGTERRQQLLFLLPTSPLCLALLLLLSSLARLALSEVIFEERFLDGWKRRWVVSDWKKSEG
KAGTFKYTAGKWPGDPDDKGIQTIKDAAHSAISAKLPEFSNKNRTLVLQYSIKFEQEIECGGG
YIKLLSGFVNQKKFGGDTPYSLMFGPDICGTQTKKLHVILSYQGQNYPIKKELECETGKLTHF
YTFILRPDATYSILVDNRERDSGSMYTDWDILPPRRIKDVNAKKPADWDDREYIEDPNEVKPE
GYDSIPSEIPDPKAKEPDNWDEEADGWWKPPKVPNPAFKGPWKRKKIKNPNYKGKWKIPWI
NNPEFEDDPDLYVMKPIQYVGIEVWQVKAGAIFDNVLICDDPEYAKQVVEEVFANREAEKEA
FEEAEKVRKAQEEEEARRAREEGERRRRERGYDRRYRDRYRDKYRRHDRRDYMDDYHDE
L

【図１３４】

367のアミノ酸配列。保存されたスクロースシンターゼドメインは下線が引かれている。
保存された1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは太字である。

MAAPKLGRIPSIRDRVEDTLAAHRNELVSLLSRYVAQGKGILQPHHLLDELENIISFDEGKSSL
SDGPFSEVLKSAQEAIVLPPFVAIAVRPRPGVWEYVRVNVHELSVEQLTVSEYLGFKEELVD
GKSEDSFVLELDFEPFNASFPRPNRSSSIGNGVQFLNRHLSSIMFRNKDCLEPLLNFLRAHKY
KGHTLMLNDRIPSISRLQSALAKAEEYLSKLPTDTPYSEFEYMLQGLGFERGWGDTAERVLE
MIHLLLDILQAPDPSTLETFLGRIPMVFNVVILSPHGYFGQANVLGLPDTGGQVVYILDQVRAL
ENEMLLRIQKQGLDIAPKILIVTRLIPDSKGTTCNQRLERVSGTEHSHILRVPFRSDQGILRKWI
SRFDVWPYLETFALDAAHEITAELQGFPDFIIGNYSDGNLVASLLAYKMGVTQCTIAHALEKTK
YPDSDIYWKKFDEKYHFSCQFTADLLAMNNADFIITSTYQEIAGTKNTVGQYESHTAFTLPGL
YRVVHGIDVFDPKFNIVSPGADMCIYFPYSEKQKRLTALHGSIEKLLYDPEQNDEHIGSLSDR
SKPMIFSMARLDKVKNMTGLVECYAKNSKLRELANLVVVAGYIDVKKSKDREEIAEIEKMH
ELMKEYNLDGQFRWMAAQTNRARNGELYRYIADTKGVFVQPAFYEAFGLTVVEAMTCGL
PTFATCHGGPAEIIEHGVSGYHIDPYHPDQAATLLADFFEQSKRDPNHWTKISAAGLQRIYE
RYTWKIYSERLMTLAGVYGFWKYVSKLERRETRRYLEMFYILKFRELVKTVPVAADEPH

【図１３５】

368のアミノ酸配列。保存されたスクロースシンターゼファミリードメインは下線が引かれており、
1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは太字である。

MAAPKLGRIPSIRDRVEDTLAAHRNELVSLLSRYVAQGKGILQPHHLLDELENIISFDEGKSSL
SDGPFSEVLKSAQEAIVLPPFVAIAVRPRPGVWEYVRVNVHELSVEQLTVSEYLGFKEELVD
GKSEDSFVLELDFEPFNASFPRPNRSSSIGNGVQFLNRHLSSIMFRNKDCLEPLLNFLRAHKY
KGHTLMLNDRIPSISRLQSALAKAEEYLSKLPTDTPYSEFEYMLQGLGFERGWGDTAERVLE
MIHLLLDILQAPDPSTLETFLGRIPMVFNVVILSPHGYFGQANVLGLPDTGGQVVYILDQVRAL
ENEMLLRIQKQGLDIAPKILIVTRLIPDSKGTTCNQRLERVSGTEHSHILRVPFRSDQGILRKWI
SRFDVWPYLETFALDAAHEITAELQGFPDFIIGNYSDGNLVASLLAYKMGVTQCTIAHALEKTK
YPDSDIYWKKFDEKYHFSCQFTADLLAMNNADFIITSTYQEIAGTKNTVGQYESHTAFTLPGL
YRVVHGIDVFDPKFNIVSPGADMCIYFPYSEKQKRLTALHGSIEKLLYDPEQNDEHIGSLSDR
SKPMIFSMARLDKVKNMTGLVECYAKNSKLRELANLVVVAGYIDVKKSKDREEIAEIEKMH
ELMKEYNLDGQFRWMAAQTNRARNGELYRYIADTKGVFVQPAFYEAFGLTVVEAMTCGL
PTFATCHGGPAEIIEHGVSGYHIDPYHPDQAATLLADFFEQSKRDPNHWTKISAAGLQRIYE
RYTWKIYSERLMTLAGVYGFWKYVSKLERRETRRYLEMFYILKFRELVKTVPVAADEPH

【図１３６】

369のアミノ酸配列。保存されたスクロースシンターゼドメインは下線が引かれている。
保存された1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは太字である。

MAERLLTRVHSLRERLDETLLAHRNDILAFLTRIEAKGKGILQHHQLIAEFEAISEEHRKKLSEG
AFGEILRSSQEAIILPPWIALAVRPRPGVWEYIRVNIHALVVEELQVTEFLHFKEELVNGNLNG
NFVLELDFEPFTAQFPRPTLSKSIGNGVEFLNRHLSAKLFHDKESLHPLLEFLQVHCYKGKNM
MVNTRIQNVFSLQHVLRKAEEYLSALKPETPYSQFEHKFQEIGLERGWGDTAERVLEMIRLLL
DLLEAPDPCTLENFLGRIPMVFNVVIMSPHGYFAQDDVLGYPDTGGQVVYILDQVRALESEM
LHRIKQQGLDITPRILIVTRLLPDAVGTTCNQRLEKVFGTEYSHILRVPFRTEKGMVRKWISRF
EVWPYLETYTEDVANEIAGELQGKPDLIIGNYSDGNIVASLLAHKLGVTQCTIAHALEKTKYPE
SDIYWKKFEEKYHFSCQFTADLIAMNHTDFIITSTFQEIAGSKDTVGQYESHTAFTLPGLYRVV
HGIDVFDPKFNIVSPGADMSIYFSYTEEKLRLKSFHAEIEELLFSDVENKEHLCVLKDRNKPIL
FTMARLDRVKNLTGLVEWYGKNTRLRELVNLVVVGGDRRKESKDLEEQAEMKKMYGLIET
YNLNGQFRWISSQMNRVRNGELYRYICDMRGAFVQPALYEAFGLTVVEAMTCGLFTATC
KGGPAEIIVHGKSGFHIDPYHGDQAAETLANFFEKCKVDPSHWDKISQGAMQRIKDKYTWQ
IYSERLLNLTAVYGFWKHVSNLDRLESRRYLEMFYALKYRKLAESVPLAVE

【図１３７】

370のアミノ酸配列。保存されたスクロースシンターゼドメインは下線が引かれており、
グリコシルトランスフェラーゼ、1群のドメインは太字である。

MDSSPALKTTEPVPDSMPEAPSQSRYHMKRCFAKYMEKGRRIMKFHHLMDELESAIDAKTE
RELVLGSDLGYILCYTQEALVVPPHMAFAVRRSPGNWEYVKVSSDSLSVEGMSAADYLKFK
AMIYDEEWAKDENALEVDFGALDFSVPHLTLSSSIGNGVDFISKYLSSKLSGTPDSAQPLVDF
LASINYQGENLMINETLDTAPKLQMALIVAEASLASVPKDTPFQDFEMRFKEWGLEKGWGDT
AEKVKDTIRWLSEVLQAPDPTNMEKFFSRLPMIFNVVIFSPHGYFGQSDVLGLPDTGGQVVYI
LDQVRALEEELLLRIKEQGINAKPQILVVTRLIPDARGTKCNQELEPIIGTKHSNILRVPFRTEK
GVLRQWVSRFDIYPYLERFTQDATIKILDLQEGKPDLIIGNYSDGNLVASLMASKLGTTQGTIA
HALEKTKYEHSDVKWKELDPKYHFSCQFIADTIAMNATDFIITSTFQEIAGSHDRPGQYESHA
AFTLPGLCRVVSGINVFDPKFNIAAPGADQSVYFPYSEKQKRLTQLNRAIEELLYSRVDNDEH
IGYLADKKKPIIFSMARLDTVKNITGLVEWYGKNARLRSLVNLVIVGGFFDSSKSKDREEMA
EIRKMHDLIAKYKLKDQIRWIAAQTDRYRNGELYRWIADTRGAFVQPALYEAFGLTVIEAMN
CGLPTIATNQGGPAEIIVDGVSGFHIDPNHGEESSNKIADFFEKCKVDNEYWNKISAGGLKRI
NECYTWKIYANKMLNMGCIYTFWRQLNKEQKQAKQRYIQMFYSLQLRNSMKTVPIKTDEPE
QAAPKPPPKVQPTMSTRRTQSRIHK

【図１３８】

371のアミノ酸配列。保存されたスクロースシンターゼファミリードメインは下線が引かれており、
1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは太字である。

MADRVLNRSHSPRERLDEALFADRNDCLVFLSRLKAKGKGILQRHQILAVFEAIPEESRARLL
DGAFGKVLKSTQEAIVSSPWVALAVRARPGVWEHIRVNVHALLLEHFQVDEYLHFKEALVDG
SLNPDSEPLTATFGRPTLSTSIGNGVECIRRSLSDKLFPDKESLHPLLEFLQVHSYKGKNMMV
NARVQNVSSLQPVLRQAEEYLNTLKPETPFPKFEHKLQEIGLEQGWGDTAERVLEDMIQDLL
DLIMVPNPGALEKFLGRIPMVFDVVIVSPHGYFAQDNVLGYPDTGGQVIYILDQVRALETEML
HRIKQQGLDITPRILIITRLLPDAVGTTCGQRLEKVFRTKHSRILRIPFRDKKGIVSEWISRFKV
WPYLERFAEDVAKELRGELQRNPDLIIGNYSDGNIVAYSLAKKLGVTQCTIAHALEKGKYPGS
DIYWKKFDNEYHLSCQFTADLLTMNYTDFIIASTSEFIAGSKDTVGQYESYTNSTLPGLYRVV
HGINVFDPKFNIVSPGADMSIYFPYTEQKRRLKSFHPEIKELLFSDVENKEHLCVLKDKNKPII
FTMARLDRVKNLTGLVEWYGKNPKLREVANLVVVGGDRRKDSKDLEEQSEMKTMYDLIE
KYKLNGQFRWISSQTNQVRNGELYRYICDTKGVFVQPAIYEAFGLTVVEAMTCGLPTFATC
NGGPAEIIVHGKSGYHIDPYHGDQAAELLVEFFEKCKVDKSHWDKISKGAMQRIEEKYTWKI
YSERLLNLTAVYGFWKHVTSLDRRESRRYLEMFHALVYRPLAQSVPPAVE

【図１３９】

372のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAASFLSNPSSLSFLLLLLLLHASRLAFSQSFVGVNYGQVADNLPPPESTAKLLQSTTIGKVR
LYGADPAIIKALANTGIGIVIGAANGDIPSLAADPNAAGQWVGANILPFYPASKITLVTVGNEVF
MSNDENLMSQLLPAMQNMQRAITAAGLGGKVKVSSVHAMSLLSQSDPPSSGRFHPSFEAR
MRDVLQFQRENGSPLPINPYPFFAYQSDPRPETLAFCLFQPNAGRVDSGTGIKYMNMFDAQ
VDAVYSALKALGYKDIEIMVAETGWPYNGDSNEVGTSVENAKAYNGNLIAHLRSLVGTPLMP
GKSVDTYIFALYDEDLKPGPTSERSFGMYKPDLTMTYDIGLAKSSQTPASPKAPVTPTPVTPT
PKPTGPGWCVPKSGVSDAQLQASLDYACSNNIDCSPIQPGGACFDPNTIASHAAFAMNLYY
QTLGRNPWNCDFSQTATLTTNNPSYNGCVYPGGST

【図１４０】

373のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MASSSSLLRALFLLLSLSDSATQILGLEFGINYGQIADDLPSPSRVATLLQSLNVSRVKLYDAD
PNVLQAFSNSNVDFIIGIGNDNLQNMTILANAQDWIQQHVQPYIGQTQISCIVVGNEVLNSSN
NQWMPYLVPAMKTVYSALSNLGLNKQVAVTTAHSLNILATSYPPSAGSFWPNLAQYLQPLLN
FQAQINTPFLINAYPYFAYKGSPSEVSLNYVLFQPNEGLTDPVTNLHYDNMLYAQIDAVYSAIK
AMGHTDITVRISETGWPSKGDDDEAGATLENAHIYNENLLQRIEQKQGTPAKPSVPIDIYVFA
LFNENLKPGPTSERNYGLIYYPDGTPVYSLGLQGYLPELYSATGTRPGLYSATGTRVLPFSVV
LVSIMTFLMNI

【図１４１】

374のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシドヒドロラーゼドメインは
下線が引かれている。

MASSALPPSNLLLLLLLLLISGLACVAAMAAPIGVNYGQIANNLPSPDHAVTLVKSIGATRVKLY
DADSRVLCAFAHTGVEFTVGLGNEFLVQMKDPKNALSWVKSNVQSFLPDTNITTIAVGNEVF
TSNDTSLRDLLMPAMKNVHDALASLGLDKQVTVTTAHSLAILETSYPPSTGRFRRDVASRVS
QVLDFQCQTGSSFLINAYPYFAYKANPKQVPLDFVLFQASQGITDPSTGLNYENMLFAQIDAV
HSALAAVGYANMTVHVSETGWPSRGDDDEVGATPENAKKYNGNLIKIVKQKKGTPMKPNSD
LNIYVFALFNENMKPGPMSERNYGLFKPDGTPSYTLSSGGGGGGGGGGTSNGTSSGGFGG
GGGGGGSASDGTPPAPIGYLSVSSGANELRSLGAACLMLALFLIKLVF

【図１４２】

375のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシルヒドロラーゼドメインは下線が引かれており、
グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MAKSSPFAADSLSIPSMLLFALMVFTILHRTAAQTGVCYGMLGNNLPSAQEVVALYKQNNIPT
MRIYDPNPQALQALGGSNIELVLGLANPDLQSIASSQANASAWVQNNIKNHGNVRFKYVAVG
NEVKPSDSFAQFLVPAMRNIRTALAGAGLEQIKVSTSVDTGVLSESFPPSSGTFAMTLLPTMTSIVQ
FLADTGAPFMINAYPYFAYRDNPSSVDLEYALLGNKTTVRDPKGVYTNMLDAQIDAVRSAIG
ALGFGNRSIEITVSESGWPSKGEDGDKAATPENARTYNTRLIERAQANRGTPMRKEERVEIF
VFALFNENKKEGGVAERNFGLFAGDGSKAYDVDLSCQFCSGGVSGFGEKAAGSSGVALRG
PSVWCVAKPHAEEGVLQAVVDFCCGAGGVDCREVYEGGDCYAPEKVHAHASYAMNAYYQ
MHGRNYWNCDFKGTGLVTFGDPSYGRCRYSQQ

【図１４３】

376のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシルヒドロラーゼドメインは
下線が引かれている。

MANPHLPPLSLLLLLLLLGSAHGVSAVGVNYGTIGNNLLPPKKVAQLLQSTLIDRVKIYDSNPD
ILDAFSNTGIDLVVAVENPLVANLSKDPSAAAEWLASRVAPFLPATSVVSVAVGNEVLTSGDD
KLEPNDVVQAMQNLHAALVARGLDRKIKVSTPHSMAVLAASFPPSSSTFAMTLLPTMTSIVQ
FLADTGAPFMINAYPYFAYRDNPSSVDLEYALLGNKTTVRDPKGVYTNMLDAQIDAVRSAIG
ALGFGNRSIEITVSESGWPSKGEDGDKAATPENARTYNTRLIERAQANRGTPMRKEERVEIF
VFALFNENKKEGGVAERNFGLFAGDGSKAYDVDLSCQFCSGGVSGFGEKAAGSSGVALRG
PSVWCVAKPHAEEGVLQAVVDFCCGAGGVDCREVYEGGDCYAPEKVHAHASYAMNAYYQ
MHGRNYWNCDFKGTGLVTFGDPSYGRCRYSQQ

【図１４４】

377のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシルヒドロラーゼドメインは
下線が引かれている。

MQMGLLHLLVFSSLLLALCSAEILSKVGVNYGQLGNNLPSPTRSVWLIKHQLKAQRVKIYDAN
PSILRALKHTGIQVSVMVPNELINAIAVNQTLADSWVGSNVVPFHPATKIRYLLVGNEILSSAD
NTTWFNLVPAMRKVKKALKRHKVHIHKVKVGTPLAMDVLATSYPPSSGSFRPDVSDRVMKP
MLQFLNRTKSFFFIDVYPYFAWSSDPKTIDLNYALFESKNVTVKDPGTGLVYTNLFDQMVDA
VTFAMKKLGYPNIPIWIAETGWPNAGDYDQIGANIYNAATYNRNVVKKLSARPAIGTPARPG
WVLPSFMFALYNENQKTGPGTERHFGLLYPNDSFVYDIDLSGETPDTEYGKLPAPTNNEPYE
GKIWCVVAKRANRSALASALSYACSQGNATCGPIQPGKACHRKGSLVRQASYAFSSYWAQ
FRKTGGSCYFNGLATQTIEDPSYGSCEFPAVTL

【図１４５】

378のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MMGERGLGRILLLLLPFLPIALGAFVGINIGTDVTNLPEASDIVAVLKSNEITHVRLYNADAHML
KALANSGINVMVGVTNEEVLGIGEYPATAAAWINKNVAAYLPATNITAIAVGSEVLTAIPHAAP
VLVPAMNNLHKALVASNLNFVVKVSTPQSTDVIPKPFPPSAAAFNSSWNSTLYQLLQFLKNT
NSSYMLNAYPYYGYTQGNGIFPLDYALFRSLPSVKQIVDPNTLFHYSSMFDAMVDATYYSIFA
MNFSGIPVMVTETGWPWFGGSNEPDATAENAQTFNNNLIKRVLNGSGPPSQSDVPINTYIYE
LFNEDKRPGPVSEKNWGVFFTNGTSVYPLSLGTSGRITGNSSGIFCVAKQDADSDKLQDGL
NWACGQGHANCAAIQEGQPCYSPNTVANHASYAYNDYYQKMQGVGGTCDFQGTAMTTTV
DPSYGSCKFTGSSNSSSTVTTPVASAPFSPIGGGSPTSAVLASKLKYVICTISVVLTLL

【図１４６】

380のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシルヒドロラーゼドメインは下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MAISKLAPLLFLALVFLSIAEPGEPSLFADIKQGQDPDKEPYVGVNVGTDVSHLLSPPNLVSFL
QVQKITHVRVYDADPDLLKALAKTKIRVIIGVPNNQLIAIGSSNATAASWVGRNVVAYYPETSII
GIAVGDEVLTTVPSSAPLLVPAIESLYSALVAANLHTQIKVSTPHAASIILDSFPPSQAYFNQSL
VSVMLPLLQFLSRTGSPLMMNLYPYYVFMQNKGVVPLDNALFKPLTPAKEMVDPNTLLHYTN
VLDAMIDATYVSMKNLNVTDVVVLVSESGWPSKGDSKEPYATVDNADTYNSNLIKHVLDRT
GTPLHPELTSSVYIYELFNEDLRSPPMSEANWGLFYGNSTAVYLLHVSGSGGFLANDTTNQT
YCIAMDNVDSRTLQTALDWACGQGQANCSEIQPGEDCYQPSNVKNHASYAFDSYYQKEGK
AAGSCDFKGVAMITTTDPSHGSCIFPGSKKVSNATKQVVNSTVSSGATESSRFFIFSSNRRT
AIDKALGSVFSVLFSFFLAVALWTPI

【図１４７】

381のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは下線が引かれている。

MEHLPLAFFFLLLSVLSLADGGSIGVNYGRVADNLPPATKVVQLIKSQGVQKVKIYDADPAVL
HAFAGTGIRLTVDLPNEKLFAAARSLSFSLDWVQQNVADYPTTQIEAIAVGNEVFVDTHNTTR
FLVPAMKNIHTALVKHNLHNAIKISSPIALSALQASYPSSAGSFRPELIEPVFKPMLEFLRQTGS
YLMVNAYPFFAYESNSDVISLDYALFRENPGVVDAGNGLRYFNLFDAQIDAVFAAMSALKYD
DIKMVVTETGWPSKGDENEVGASKDNAAAYNGNLVRRILTGGGTPLRRQADLTVYLFALFN
ENKKPGPSSEQNYGLFYPNQDKVYDVPLTVEGLKNYHDTGKSAPAGGGQRGVAAPVKGGR
GGVSKSSSANTWCVAKGEAGKEKLQAALDFACGEGGADCRPIQRGSTCYDPNTLEAHASY
AFNSYYQMKGRAFWTCDFGGAASIVSQPPKYGKCDFPTGY

【図１４８】

382のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは下線が引かれている。

MITEMSKIIPRMLSDSVFDIVFLLLSSSFFMQGARAGIGVNYGTVADNLPPPAQVAHFLLESTTI
DRIRLFDADPDILKAFANTGIAVTVTVPNDLIPQLAKLSNAQDWVRTNVEPYVPATDIVRILVG
NEVLATANRLLLGNLVMSMRMLHAALANASLDGRIKVSTPHSLGILSSSSPPSSGKFRLGYD
VHILRPLLNFLRETGSPFLVNPYPFFGFSKDTLDYALFRPNAGVMDENSKLVYTNMLDGQLD
AVYSAMKVLGFTDIEVVIAETGWPSLCDSTQVGVDAKTAAEYNSNLIRHVSSGAGTPLMPKR
TFETYIFALFNENLKPGPTCERNFGLFRPDMTPVYDAGILRPTARSSVPIDIPAPSSMTPPTS
PASMSPPKGTQWCLPKTGADPDALQRNIDYVCGLGLECRPIEEGGACFLPNTVRAHAAYAM
NAYYQAMGGNNYDCDFKGTGAVTAIDPSYGKCTYHG

【図１４９】

383のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシドヒドロラーゼドメインは下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MANLFPLATAVFFLSVACPHLSRAAYTIGVNYGTVADNLPPPSQVATFLKTKTAIDRVKLFDA
NPDILRAFAGTGIAVTVTVGNGDIISLSKLPAAQAWVSANILPFIPDDGLKNWAGRGCKIVLHDSM
LIARLLPAMKALHSALQLVNVTNVQVTTPHSLGILSSSEPPSTGRFRRGYDRAIFAPILDFHRQ
TKSAFMVNPYPFFGFTAKTLNYALFKPNAGIFDAATGKNYTNMFDAQMDAVYSAMKKVGYE
DVEIVVGETGWPSVGDANQPDVNMANAVSYNGNLVRHVNAGKGTPLMPNRKFETYVFALF
NEDLKPSTSERNYGLFKPDLTPVYDVGILRNEPAGGPAPASPSPTAQPSPTAPPTSSGKKW
CVPRSDASDQALQANIDYVCSAQVDCKPIQTGGACFDPNTVRSHAAYAMNAYYQSMGQHD
YDCDFDKTGVVTAVDPSTSSSIPCF

【図１５０】

384のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは下線が引かれている。

MLQPRTKVATFSLLLVLSSSFPAAEPAIGVNWGTISFHRLRPSTVVDLLQQNKIQKVKLFDAD
PGALKALEGSGIEVMVGIPNEMLTVLGSSSVASDLWVRQNVSSFVGKGGVAIRYVAVGNEPF
LSSYAGQFQNYVMPALLNLQQSLAKANLAGVVKLVVPCNADAYEADLPSQGAFRPELTQIVT
QLVSFLNSNGSPFVVNIYPFLSLYGSTDFPQDYAFFGGTTHAVTDGANVYTNAFDGNFDTLV
AALTKLGYGQGMPIVIGEVGWPTDGALNANLTAARAFNQGLINHVLSNRGTPLRPGVPPMDVY
LFSLLDEGAKSVLPGNFERHWGIFSFDGQAKYALNLGLGNRLLKDARNVQYLPSRWCVADP
SKDLSAVMNHMKLACSVADCTTLNYGGSCNGIGAKGNISYAFNSYYQLQMQNSQSCDFDG
LGMVTFLDPSVGECRFLVGVTESTSAAVETYWRGVIVWVLVMWSVWVFEV

【図１５１】

385のアミノ酸配列。保存されたファミリー17グリコシドヒドロラーゼドメインは下線が引かれている。

MAIPPLATLVLLVVLSQASCFANSQSFIGVNYGQVADNLPQPSATAKLLQSTSIEKVRLYGTD
PAIIGVLANTGIGIVIGAANGDIPALANQPNFAKNWVNANVVPFYPSSKIILITVGNEVMTSGDH
NLMTQLLPAMQNMQNALNAVSLGGKIKVSSVHSMAVLKSSEPPSSGSFDPSDEMKGILGFN
NATGSPFAINPYPYFAYRSDPRPETLAFCLFQPNAGRLDTKTGIKYTNMFDAQVDAVRSALN
SFGYKNVEIVVAETGWPYKGDSNEVGPSIENAKAYNGNLIAHLRSLVGTPLMPGISVDTYLFA
LYDEDLKPGPTSERAFGLFKSDLSMNYDIGLSKSSQTPAAPKMPAAPSPNATVTPSPNATVT
PSPKPDKANWCIPKSGVSDAQLQANLDYACGQGIDCRPIQPGGACFEPNTLAAHAAYAMNL
YYQNSNRSPTNCDFSQSATFSSNNPSYNGCVYPSGKS

【図１５２】

386のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは下線が引かれている。

MAESISHYPFPTLGLIVLCFMTMFSIGSSVGVNWGTQSNHQLPPEKVVKMLKENGIKKLKLFE
YDEKILGALAGSKIEVMLAVPNYMLEIMSVDPSFAASWVDTNVTSYRYTGGVNIKYIAVGNEP
FLQSYNHKYVRQVLPALRNIHEALHRARLSSKVKVTVPFNADVYYSPPPNEYPSSGDFRPEV
RDAAIEIIHFLYINDSPFTVNIYPFLSLYQNQNFPVDFAFFDGTTEPVKDGDRVYTNVFDANFDI
LVSALTKAGYSDMEIIVGEIGWPTDGDKFANIKNAQRFNQGLLKHALSGDGTPARKGVINVYL
FSLIDEDTKNIDPGNFERHWGLFEYDGKPKYELDLSGSEKDTRVPVMGVSYMPRRWCILNP
ELNDLTDLGENIDYACKSSDCTALGYGSSCNNLSSQGNASYAFNRYYQMNDQRIMACDFQG
LAVVTENDPSTEGCQFPLMIASGDSMSWNQGLLHTSFRFYLWFLVFVWVIL

【図１５３】

387のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは下線が引かれている。

MEKFDLFKWVLCGSIVLFGVGCGRVDGLGVNWGTLATRKLPPKTVVQMLKDNGIQKVKLFD
ADRKTMSALAGSGIEVMVAIPNDQLAVMGSYDRAQEWVKKNVTAYNFTGGVNVKYVAVGN
EPFLKSYNGSFVNTTLPALQNIQKALNEAGLGDTVKATVPLNADVYESPEDNPLPSAGTFRS
DISDVMTQIVKFMAENNAPFTVNIYPFLSLYGNNDFPFNYAFFDGATPIVDKGIEYTNVFDANF
DTLVSALKAVGHGNMTIIGEVGWPTEGDINANNGNAYFNQGLFTKLGANRGTPLRPGYIEV
YLFGLIDEDAKSVAPGNFERHWGLFRYDGQPKFLIDLTGRGQNKLLIPAQNVEYQPQKWCTF
NAGAKDVSKLVDNINFACTYADCTTLGYGSSCNSLDANGNASYAFNAYFQTQNQDPDSCNF
QGLATVTTKNISQGSCNFTIQLVASSTSILRPLIVLTVISMAYTFLLQ

【図１５４】

388のアミノ酸配列。保存されたファミリー17グリコシドヒドロラーゼドメインは下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MASLFPLTAAVVFLSVACPHLSRAAYTIGINYGTIADNLPPPSKVATFLKTKTTIDRVKIFHASP
DILRAFAGTGIAVTVSVGNEDIVSLSKLPAAKSWVSANILPFIPDDGLKNWAGRGCKIVLHDSM
ANLLLPAMKALHSALQLANVTNVQVTTPNSLGILASSYPPSNGSFRSGFDRTIFAPILKFHRQT
NSSFMVNPYPFFAITPENVNSLLNYSLFKPIPSSTFDAATGKNYTNMFDAQMDAVYSAMKKVG
GYEDVEIVVGETGWPSVGDPNQPGVSMANAESYNSNLVRHVNSGKGTPLMPNRKFETYIFA
LFNENKKPSTSERNYGLFKPDLTPVYDVGILRNSVNAVPLHLLG

【図１５５】

389のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー10のドメインは下線が引かれており、糖質結合CenC様ドメインは太字である。

MRRVCACFLTSPAKTPPKHGTQRVSKQTAGNQKSESASNNSEVMANSSGSQGTNIIQNHNF
SGGLHSWHPNCCESWVVSAESGDCYAMVTNRKECWQGLEQDITSRVTPGSTYSVSACVG
VSGSLQGSADVLATLRLEHQDSAATYKRIGITSVSKERWDKVEGSFSLSSMPNRVVFYLEG
PSSGIDLLIKSVVITCQSANGKERVDREHIAAGDENIILNPIFDDGLKNWAGRGCKIVLHDSM
ADGKIVPQSGKYFVSATERTQTWNGIQQEVTGRLQRKLAYEVTALVRIFGNNVSSTDVRITL
WTQTPDLREQYIGVANVQATDKDWTQMQGKFLLNGSPSKVIIYIEGPPAGTDILVNSLTVKH
AAKAAPSPPPVIQNPAFGVNIIGNSDLDNGTNEWFPLGNCTLSVRAGSPHILPSSARDSLGP
HEPLSGSYILVTNRTQTWMGPAQMITDKLKLFLTYQVSAWVRIGSGASGPQNINVALGVDN
QWVNGGQVEANDDRWHELSGSFRIEKQPSKVMVYIQGPAPGVDLMVAGVQIFPVDRQAR
FNHLKHLTDKLRKRDVVLKFSGADSSSLVGATVIVKQTQNSFPFGSCISRTNIDNEDFVDFFV
KNFNWTVFGNELKWYWTEPQQGNFNYRDADEMLDLCKSHGIETRGHCIFWEVESTVQAW
VQSLNNNDLMSAVQNRLNGLLSRYKGKFSHYDVNNEMLHGSFYQGRLGKDIRANMFKTAN
QLDPSATLFVNDYHVEDGCDTKSCPEGYIEHILGLQEQGAPVGGIGIQGHIDNPVGPIINSAID
KLGILGLPIWFTELDVSSVNEYVRADDLEVMLREAFAHPAVDGIMLWGFWELFMSRDNAHLV
NAEGDVNEAGKRYLALRKEWSSHAHGHVNEQGEYTFRGFHGTYDVLIVTSSKRTTKSIVVD
KGESPLVVPISL

【図１５６】

390のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー10のドメインは下線が引かれている。

MTMILPGFSRTAPIAGAMRTSPGFNMFLFLSLAFALLSLGSAISGQIMQTVFDDYYDSSATTQ
CLAEPGSLMYGGGVILNPEFIHGTSGWTVLGEGATEVRISHTNNRFMVARDRKRPTDSFSQ
KVQLEKGMFYAFSAWVQASQGSETVAVVFRTRDGKFVRGGSVVAKQGCWSLLKGGIAANS
SSPADVLFESKNTSTEIWVDNVALQSFSKKQWRTHQEESIEKVTRKRKSTVRFQITSANERG
LGVGGANVLIKQIKPGFPFGCGMNFHILESADYQNWFASRFRYATFTNAMKWYSTEKEQGQ
EDYSVADAMLKFVQDNNISIRGHNVFWDDPKYQPDWVRTLSPDDLRKAAEKRINSVVSRYA
GELIAWDVVNENLHFSFFEDNLGENASSMYYSMAYKLDPTRMFLNEYNTIEYSGDEKVSP
GNYKKRFQEIFTYPGNEDIPAGIGVQGHFGAGQPNSAYMRSGLDILATTGLPIWLTEVSVAP
GANQQYLEEVLREAYSHPGVEGIIMFAGPAYAGFNSTALADMNFDNTPTGDVVDQLIQEWR
FKDLAARADDEGFFSTKLLHGEYEITITDPISNSSSTSRFQVTKDSFKIIYHFHM

【図１５７】

391のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー10のドメインは下線が引かれている。

MKDASAFISFLVFFLLLCSPWIAASLDDPQYDHTAYTKCKEEPEKPLYNGGILEPHQLPQFAS
SSPALLLHNLTASTKYSFSSWVKIESSDSDSALVTASLRTNHETYDCIGTVAAKSGCWSFLKG
GFTLDLPSNSATLSFESSDGRYIAIAISSTSLQPFTDQQWRRNQQDMINKVRKRAVMIHVSNH
NGDRLQGVEINVKQVYKDFPFGSAIAKTILGNEAYQNWFVERFNAAVFENELKWYATEPYPG
QINYTIADEMLEFIRANRIVTRGHNIFWEDPKYNPEWVQNLSGPQLESAVDTRIQSLMSRYRE
EFVHWDVSNEMLHFDFYERRLGPNATLHFFQTAHESDPLATLFMNEFNVLETCSDANSTVD
SYISRMRDLKRGGVSMDGIGLEGHFTVPNLPLMRAILDKLGTLRLPMWLTEVDISSTLSKESQ
ALHLEEVLREGFSHPSLNGIMLWTALHPNGCYQMCLTDADFRNLPAGDVADSLLGEWRTKE
VNGKTNEHGSYSFEGFLGEYEVSVMHGDQTANSTFALSQGVETRHVTILL

【図１５８】

392のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MMTPAQNRAPKVSSVLLCLCCIHAFFSCAVRLVAGQTPKPVFACDVDGNPSLAAFGFCNTS
WGVEARVADLVQRLTLQEKVGFLVSGAGNVDRLGIPKYEWWSEALHGVSYVGPGTKFSSL
VPGATSFPQVILTAASFNATLFETIGKVVSTEARAMHNVGLAGLTFWSPNVNIFRDPRWGRG
QETPGEDPLLSSKYAAGYVRGLQKSDDGNADRLKVAACCKHYTAYDVDNWKGVNRLTFNA
VVTQQDLDDTFQPPFKSCVLDGNVASVMCSYNQVNGKPTCADPDLLAGTIRGKWKLNGYIV
SDCDSVEVLYDKQHYTKTPEEAAAKAILAGLDLNCGSFLGQHTEAAVKGGLLNESAVDKAIS
NNFATLMRLGFFDGDPRKQLYGKLGPDDVCTPSNQELARAEAARQGIVLLKNTAGSLPLSSTA
IKSLAVIGPNANVTKTMIGNYEGTPCKYVTPLQGLAAIVSTMYVAGCADVGCSTAQTDDAKKA
AASADATVLVMGADQSIEREDFDRVNLNLPGQQSLLVSEVANVSKGPVVLVIMSGGGMDVS
FAKDNAKITSILWVGYPGEAGGAAMADVIFGDHNPSGRLPMTWYPQSYVDAVPMTNMNMR
PDPATGYPGRTYRFYTGPTVYSFGDGLSYSSVSHGQVQAPQLVSVPLDEGHICHSSACESL
EAKSETCSNLVFDVHLNVKNVGRFSGSHTVFLFSSPPSVHRSPQKHLLGFEKVFLASQSEAQ
VQFKVDVCKDLSVVDELGGRKVALGTHVLHVGDLKHALSVQIGSSGLSLSPPRHF

【図１５９】

393のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の保存されたN末端およびC末端ドメインは下線が引かれている。

MMTPAQNRAPKVSSVLLCLCCIHAFFSCAVRLVAGQTPKPVFACDVDGNPSLAAFGFCNTS
WGVEARVADLVQRLTLQEKVGFLVSGAGNVDRLGIPKYEWWSEALHGVSYVGPGTKFSSL
VPGATSFPQVILTAASFNATLFETIGKVVSTEARAMHNVGLAGLTFWSPNVNIFRDPRWGRG
QETPGEDPLLSSKYAAGYVRGLQKSDDGNADRLKVAACCKHYTAYDVDNWKGVNRLTFNA
VVTQQDLDDTFQPPFKSCVLDGNVASVMCSYNQVNGKPTCADPDLLAGTIRGKWKLNGYIV
SDCDSVEVLYDKQHYTKTPEEAAAKAILAGLDLNCGSFLGQHTEAAVKGGLLNESAVDKAIS
NNFATLMRLGFFDGDPRKQLYGKLGPDDVCTPSNQELARAEAARQGIVLLKNTAGSLPLSSTA
IKSLAVIGPNANVTKTMIGNYEGTPCKYVTPLQGLAAIVSTMYVAGCADVGCSTAQTDDAKKA
AASADATVLVMGADQSIEREDFDRVNLNLPGQQSLLVSEVANVSKGPVVLVIMSGGGMDVS
FAKDNAKITSILWVGYPGEAGGAAMADVIFGDHNPSGRLPMTWYPQSYVDAVPMTNMNMR
PDPATGYPGRTYRFYTGPTVYSFGDGLSYSSVSHGQVQAPQLVSVPLDEGHICHSSACESL
EAKSETCSNLVFDVHLNVKNVGRFSGSHTVFLFSSPPSVHRSPQKHLLGFEKVFLASQSEAQ
VQFKVDVCKDLSVVDELGGRKVALGTHVLHVGDLKHALSVQIGSSGLSLSPPRHF

【図１６０】

394のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼ、ファミリー3の保存されたN末端および
C末端ドメインは下線が引かれている。

MXGTALPAAAAGTATLLLLLLISGGIGRLAVGAREPFACDPKDERTRGFPFCQAASPVPERA
RDLVGRLTLQEKAKLLGNDAAAVPRLGIKGYEWWSEALHGVSNVGPGTRFGGDFPGATSFP
QVITTAASFNASLWEAIGQVVSDEARAMYNGGMGGLTYWSPNINILRDPRWGRGQETPGED
PVVVGQYAASYVRGLQGADGNGGGRLKVAACCKHFTAYDLDNWNGVDRYHFNARVSKQD
MEDTFSVPFRMCVMEGKVASVMCSYNQVNGIPTCADPNLLRKTVRGAWRLDGYVVSDCDS
VGVFYGNQHYTSTPQQAVADAIKAGLDLDCGPFLGKHTEEAVRGGLMNEADIDGALLNTLAV
QMRLGMFDGEPSAQPYGTLGPKDVCTPAHQELALEAARQGIVLLKNQGPALPLSPRRHRAV
AIIGPNSDVTVTMIGNYAGVACGYTTPLQGIGKYTKTIHQQGCADVACSDDKLFEGAIKAARG
ADATVLVMGLDQSIEAEFKDRDSLLLPGRQQELVSKVAMASKGPTVLVLMSGGPVDISFAKN
DPRVAAILWAGYPGQAGGTAIADILFGATNPGGKLPMTWYPQDYLASVPMTVMDMRPTRSN
LYPGRTYRFYGGPVVYPFGHGLSYTHFVHTLASAPSTVVVPLAGRRPANATMGPGKAVRVT
HARCARLSLRVQLDVQNAGARDGAHTVLVFSTPPEDGGARWAPPRSQLVGFQRVHVAAGA
RERVGINIHVCKSLSVVDGAGVRRIPMGEHRLQIGDVVHSVSLQAEPLRVI

【図１６１】

395のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼ、ファミリー3の保存されたN末端ドメインは
下線が引かれており、グリコシドヒドロラーゼ、ファミリー3の保存されたC末端ドメインは
太字である。

MRNRQVQILSLLITFASAATLLSTPAAAQPPPFSCDPSSPSTKSFPFCKASLPISKRAQDLVSR
LTLDEKISQLVSSTPAIPRLGVPAYEWWSESLHGVSNAGRGIHFDGTIKSATSFPQVILTAASF
DADLWYRIGQVIGTEARAVYNAGQATGMTFWAPNINIFRDPRWGRGQETPGEDPLVTGKYA
VSYVRGVQGDRPQGGGKSRGGLQASACCKHFTAYDLDRWKGVDRYDFDAQVTAQDMAD
TFQPPFQKCIQDGKASGIMCAYNRVNGVPSCADYNLLSNIARRQWSFHGYITSDCDAVSIMY
DNQKYAKTPEDAVADALKAGMDVNCGTYLQNHTKSAVEQRKVSVSEIDRALHNLFSVRMRL
GLFNGDPKKQPFGNIGPDQVCSQKHQDLALEAARSGIVLLKNKEKHLPLQRSKSASLAVIG
PNANKASNLLGNYAGPPCKSVTLLQALQSYVKDTRYQPGCDDVVCSSPQIAQAVEVAKAA
DHVVLIMGLDQTQEREDFDRVDLVLPGRQQEFITTVAQAAKKPVILVILCGGPVDIRFARDD
QNIGSILWAGYPGEAGGMALSEIIFGEHNPGGRLPVTWYPQEFTRVPMTDMRMRPEPSTG
YPGRTYRFYQGQSIFEYGHGLSYTEYSYKFISVTRELFYLSQSAKSQPDEASDASPRYRLVS
DLGADFCKKSNFVATVKVKNHGDMVGKHPVLLFVRHAKPSSGSPMKQLVAFQSVELKGGE
TMKVQLALNPCDHLSRANENGVMILEEGWRFLEVGDQEYPINVMA

【図１６２】

396のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼ、ファミリー3の保存されたN末端およびC末端ドメインは
下線が引かれている。

MSVMGRYSVPIKAFLLICCLAAVTTEAEYVKYRDAKQPMGARVRDLMRRMTLAEKIGQMTQI
ERSVATPDVMKNYFIGSVLSGGGSVPAPKASPETWVNAVNEIQKAALSTRLGIPMIYGIDAVH
GHNNVYNATIFPHNVGLGVTRDPVLLKKIGDATALEVRATGIPYAFAPCIAVCRDPRWGRCY
ESYSEDHRIVRMLTEIIPGLQGDLPANSPKGVPFVAGKNKVAACAKHFVGDGGTTKGINENN
TVVDYNGLLSIHMPAYLDAIRKGVATVMVSYSSWNGKKMHANGDLVTGFLKNKLKFKGFVIS
DWEGIDRITSPPHANYSYSVQAGVGAGIDMVMVPYKVTEFLDDLTKQVQNNVIPMSRIDDAV
KRILRVKFVMGLFDNPLADNSLANQVGSPEHRELAREAVRKSLVLLKNGKSSGKPLIPLPKKA
QKILVAGSHADNLGNQCGGWTIAWQGLNGNDLTTGTTILNAVKSTVHPDTQVVYNENPDAN
FVKSNNFAYAIVVVGEPPYAETFGDSLNLTIPEPGPSTIRNVCGSVKCVVVISGRPVVIEPYVV
SNIDALVAAWLPGTEGQGVADVLFGDYGFTGKLARTWFRSVDQLPMNVGDPHYDPLYPFGF
GLTTKGTKESDPTYS

【図１６３】

397のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー5のドメインは
下線が引かれている。

MAHCRHHPLVLLCSLFVFLPSILAQTADFNLPLRAINLGNWLVTEGWMMPSRFDGLIGQLLD
GAQVQFKSTQLKKFLCAEGANIVINRDRAAGWETFRLWRISDTKFNIRAFNKNFVGLKDKKIVI
AEVYGTPSASETFEIIRNPNPRNVRLRASNELFLQAKTLTSVTADYNGDTNWNDNDPSIFDI
NIVGGLQGEYQITNGYGPSTAPQLLRDHWNNYITEQDFRFMATNNVTAVRIPVGWWIAYDPT
PPKPFVGGSLYALDRAFTWAENYRMKVIVDLHAAPGSQNAESHSATRDGFVEWGDSYIQET
VKVIEFLAARYCNRSALVAIELMNEPRAPDVKLNDLIDYYRLGYEAVRRYTMDAYVILSNRLG
PADPLELFQFVRGLSRVVIDVHYYNLYDPKFKQWNLQQNIGYIYVDRENDLSKITQKRGPLSF
VGEWTSALDFDGATKEDSGRFAKAQQDVYRQATFGWAYRSYKCHYDTWSLFQMIEDGLIKI
VA

【図１６４】

398のアミノ酸配列。保存された、グリコシドヒドロラーゼ、ファミリー3、N末端ドメインは
下線が引かれており、グリコシドヒドロラーゼ、ファミリー3、C末端ドメインは太字である。

MGSAEDARCVYKDPNAAIEDRVNDLLSRMTLQEKVGQMTQIERRVATPSVLSGLSIGSILSA
GGSGPFGVIGSESSKQALSSDWADMVDGFQKAALESRLGIPLIYGIDAVHGNNSIYGATIFPH
NIGLGATRDAELVRRIGVATALEVRASGIPYTFAPCVAVLKDPRWGRSYESYSEDTDIVRKMT
PIVAGLQGQPPQGHPKGYPFVAGRNNVIACAKHFVGDGGTERGVNEGNTVTSYEDLERIHM
APYLDCISQGVCTVMASYSSWNGRRLHSDYFLLTEVLKDKLGFKGFVISDWEGLDRLSQPH
GSNYRQSISLAVNAGIDMIMVPFRHEQFAEDLTALAESGEVPMSRIDDAVQRILRVKFVSGLF
EHPFSDRSLLQIVGCKSHRELAREAVRKSLVLLKNGKDPMKPFLPLDKNAKKILVAGSHAD
DLGYQCGGWTATWHGSSGRITIGTTILDAIKEAVGGNTEVIYEQNPSPSTLASHDYTFAIVA
VGEGPYAETLGDNPELAIPFNGTDVIKSVAERIPTLVLVVSGRPLVIEPHVLEKIDALVAAWL
PGSEGTGITDVVFGDYDFEGQLPISWFRTVEQVPMDHKANSYDPLFPLGFGLKCKKEA

【図１６５】

399のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の保存されたN末端および
C末端ドメインは下線が引かれている。

MGSAEDARCVYKDPNAAIEDRVNDLLSRMTLQEKVGQMTQIERRVATPSVLSGLSIGSVLSG
GGSGPLGLAESASSERALLSDWTDMVDGFQKAALESRLGIPLIYGIDAVHGNNNIYGATIFPH
NIGLGATRDAELVRRIGVATALEVRASGIPYTFAPCVAVLKDPRWGRSYESYSEDTDIVKKMT
AIVTGLQGQPPQGHPKGYPFVAGRNNVIACAKHFVGDGGTERGVNEGNTVTSYEDLERIHM
APYLDCISQGVCTVMASYSSCNGRRLHTDYFLLTEVLKNKLGFKGFVISDWEGLDRLSQPHG
SNYRQSISLAVNAGIDMIMVPFRHEQFAEDLIALAESGEVPISRIDDAVQRILRVKFVSGLFEH
PFSDRSLLQIVGCKSHRELAREAVRKSLVLLKNGKEPTKPFLPLDKNAKKILVAGSHADDLGY
QCGGWTVAWHGSSGRITIGTTILDAIKEAVGGNTEVIYEQNPSPSTLASHDYTFAIVAVGEGP
YAETLGDNAELAIPFNGTDVIKSVAERIPTLVLVVSGRPLVIEPHVLEKIDALVAAWLPGSEGT
GITDVVFGDYDFEGQLPVSWFRTVEQLPMDHKANSYDPLFPLGFGLKCKKEA

【図１６６】

400のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の保存されたN末端および
C末端ドメインは下線が引かれている。

MGSAEDARCVYKDPNAAIEDRVNDLLSRMTLQEKVGQMTQIERRVATPSVLSGLSIGSVLSG
GGSGPLGLAESASSERALLSDWTDMVDGFQKAALESRLGIPLIYGIDAVHGNNNIYGATIFPH
NIGLGATRDAELVRRIGVATALEVRASGIPYTFAPCVAVLKDPRWGRSYESYSEDTDIVKKMT
AIVTGLQGQPPQGHPKGYPFVAGRNNVIACAKHFVGDGGTERGVNEGNTVTSYEDLERIHM
APYLDCISQGVCTVMASYSSWNGRRLHTDYFLLTEVLKNKLGFKGFVISDWEGLDRLSQPH
GSNCRQSISLAVNAGIDMIMVPFRHEQFAEDLIALAESGEVPISRIDDAVQRILRVKFVSGLFE
HPFSDRSLLQIVGCKSHRELAREAVRKSLVLLKNGKEPMKPFLPLDKNAKKILVAGSHADDLG
YQCGGWTVAWHGSSGRITIGTTILDAIKEAVGGNTEVIYEQNPSPSTLASHDYTFAIVAVGEG
PYAETLGDNPELAIPFNGTDVIKSVAERIPTLVLVVSGRPLVIEPHVLEKIDALVAAWLPGSEGT
GITDVVFGDYDFEGQLPISWFRTVEQVPMDHKANSYDPLFPLGFGLKCKKEAR

【図１６７】

401のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の保存されたN末端および
C末端ドメインは下線が引かれている。

MKKNGESSHLYGGILVLCCFSGVTRAEYLKYKDPKQPLNTRINDLLSRMSLEEKIGQMTQIER
SVASFEVMKKYYIGSVLSGGGSVPAPQASAETWIDMVNDFQNGSLSTRLGIPMIYGIDAVHG
HNNVYRATIFPHNVGLGATRDPALVKRIGAATALEVRATGIPYVFAPCIAVCRDPRWGRCYE
SYSEDPKIVQAMTEIIPGLQGDLPAGSRKGVPYVAGKNVAACSKHYVGDGGTTNGVNENN
TVTDMHGLLSIHMPGYYTSIIKGVSTVMVSYSSWNGVKMHANGNLVTGFLKNKLRFRGFVIS
DWEGIDRITSPPHANYSYSIQAGISAGIDMVMVPSNFTEFIDGLTFQVKNKIIPMSRIDDAVRRI
LRVKFTMGLFEDPLADTSLVNQLGSQEHRELAREAVRRSLVLLKNGEGADAPLLPLPKKAPKI
LVAGSHADNLGYQCGGWTIQWQGLSGNNLTSGTTILSAIKNTVDPKTKVVYEENPDTDTVKS
GKFSYAIVVVGEHPYAETFGDSSNLTIADPGTSTIGNVCGAVKCVVVISGRPVVIQPYVAVMD
AIVAAWLPGTEGQGVADVLFGDYGFTGKLPRTWFKTVDQLPLNVGDPHYDPLFPFGFGLTT
APVKRN

【図１６８】

402のアミノ酸配列。グリコシドヒドロラーゼのファミリー3の保存されたN末端および
C末端ドメインは下線が引かれている。

MGGAFLRTLGVLTLWWFVASVMAQSADYVAYKDPKQPVAARVKDLLSRMTLEEKIGQMTQI
DRMVATDDFMKTYSIGSVLSGGGSTFPLPEASAEDWVNMINGYQKGALSSRLGIPMIYGIDAV
HGHNNVYNATIFPHNIGLGATRDPKLVKKIGAATALEVRATGIPYVFAPCIAVCRDPRWGRCY
ESYSENEDIVRQMTEIIPGLQGDIPSGSRKGVPYVDGKNKVAACAKHFVGDGGTSKGINEDN
TVVDMHGLLSIHMPAYTDAIIKGVSTVMVSYSSWNGEKMHANRDLVTGFLKNTLKFKGFVIS
DWQGIDRITSPPHANYTYSVEAGILAGIDMVMVPENFTEFINDLTYLVKEKVIPMDRIDDAVGR
ILFVKFTMGLFENPLADLSLVNELGSQAHRELAREAVRNSLVLLKNGKNETDPLLPLPKKPKKI
LVAGSHADNLGYQCGGWTITWQGFSGNNYTRGTTILSAINSTVDLSTEVVYQENPDKDFVK
STDFDYAIVVVGEHPYAETAGDSTTLTMADPGPTTITNVCEAMKCVVIVVSGRPLVIEPYISSI
DALVAAWLPGTEGQGVADVLFGDYGFSGKLPRTWFKSVDQLPMNFGDLHYDPLFPFDFGL
KTESVPGLVARATSHGADGGPRLLMVTACLAISLYVTGYRWRASKF

【図１６９】

403のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシルヒドロラーゼドメインは下線が引かれており、
グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MASPAFSCLLLLVSIFALAESGSVGLNWGRVANDLPPPAKVVELLKSQGITLVKLYDTYDGAL
TALAGSGISVVVALPNEQLSSAASAQSFTDSWVQSNISKYYPSTKIVAIAVGNEVFVDPNNTT
DFLVPAMNNVHASLVKYNLSDISVSSPIALSALQTSYPTSSGSFKSDLVEPVIKPMLEFLRKTG
SYLMVNVYPFFAYTANSDQISLDYALLKQNPGVVDSGNGLKYNSLFDAQVDAVYAAMSALQ
YNDLKLVVTETGWPSKGDANEVGAGTQNAAAYNGNLVRRALTGTGTPLRPNNTVDVYLFA
LFNENQKTGPTSERNYGLFYPDEQKVYSIPLTLEQLASDPNNASKAQVPTAPVGQTWCVAN
GKAGEKKLQAALDYACGKGGADCQPIQQGSACYNPNTLEAHASYAFNSYYQKNARGAGTC
NFGGAAFVVTQVPEYGECDFPTGY

【図１７０】

404のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAASFLSNPSSLSFLLLLLLLHASRLAFSQSFVGVNYGQVADNLPPPESTAKLLQSTTIGKVR
LYGADPAIIKALANTGIGIVIGAANGDIPSLAADPNAAGQWVGANILPFYPASKITLVTVGNEVF
MSNDENLMSQLLPAMQNMQKAITAAGLGGKVKVSSVHAMSLLSQSDPPSSGRFHPSFEAR
MRDVLQFQRENGSPLPINPYPFFAYQSDPRPETLAFCLFQPNAGRVDSGTGIKYMNMFDAQ
VDAVYSALKALGYKDIEIVVAETGWPYNGDSNEVGPSVENAKAYNGNLIAHLRSLVGTPLMP
GKSVDTYIFALYDEDLKTGPTSERSFGMYKPDLTMSYDIGLAKSSQTPVTPTPKPTGPGWCV
PKSGVSDAQLQAASLDYACSHNIDCGPIQPGGACFDPNTVASHAAFAMNLYYQTSGRNPWN
CDFSQTATLTTNNPSYNGCVYPGGST

【図１７１】

405のアミノ酸配列。保存されたファミリー17グリコシドヒドロラーゼドメインは下線が引かれており、
グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MAVPPFVLLLLLVGCASTVKSDQEPFIGVNIGTDLSDMPHPTQVVALLKAQNIRHIRLYNTDR
GILAALANTGIQVIVSVPNEQLLGIGQSNSTAANWVSQNIIVHYPATNITGISVGSEVLTALPNA
APILVNALKFIHSALVASNLDRQIKVSTPLSSSVILESPPSQAFFNKSLNPVLVPMLNFLQSSG
SYLMLNVYPYYDYMQSNGVIPLDYALFKPLPSNKEAVDANTLLHYSNVFDATVDAAYFAMAF
LNFTNIPVVVTETGWPSKGDSNEPDATVDNANTYNSNLIRHVLNKTGTPKHPGITVSTYIYEL
YNEDTKAGPLSFKNWGLFDASGSPIYILHLTGSGSVLANDTTNQTYCTAKEGADPKMLQAAL
DWACGVGKVDCSPMLQGESCYEPDTLSAHATYAFDTYYHQMGKAPGTCDFNGVAAITTTD
PSHGTCIFSGSLGRNATSVNVTAPSMNSTTSGSGPALNYYNQHVLLLVVDESSGLECLVLVEW
YISR

【図１７２】

406のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MAESISHYPFPTLGLIVLCFMTMFSIGSSVGVNWGTQSNHQLPPEKVVKMLKENGIKKLKLFE
YDEKILGALAGSKIEVMLAVPNYMLEIMSVDPSFAASWVDTNVTSYRYTGGVNIKYIAVGNEP
FLQSYNHKYVRQVLPALRNIHEALHRARLSSKVKVTVPFNADVYYSPPPNEYPSSGDFRPEV
RDAAIEIIHFLYINDSPFTVNIYPFLSLYQNQNFPVDFAFFDGTTEPVKDGDRVYTNVFDANFDI
LVSALTKAGYSDMEILVGEIGWPTDGDKFANIKNAQRFNQGLLKHALSGDGTPARKGVIDVY
LFSLIDEDTKNIDPGNFERHWGLFEYDGKPKYELDLSGSEKDTRLVPVMGVSYMPRRWCILN
PELNDLTDLGENIDYACKSSDCTALGYGSSCNNLSSQGNASYAFNRYYQMNDQRIMACDFQ
GLAEVTENDPSTEECQFPLMLASGDSMSWNQGSLHTSFRFYLWFLVFWVIL

【図１７３】

407のアミノ酸配列。保存されたファミリー17のグリコシドヒドロラーゼドメインは
下線が引かれており、グリコシルヒドロラーゼ、ファミリー17シグネチャーは太字である。

MAKIISMASGCSSAPAVCLLGLLIASFCTAGVQSIGVCYGMLGNNLPSASEVVALYKSRGITQ
MRLYDPSQPALQALRGSNIELILGVPNSELQALASNPANANSWVQRNVKNYSPGVRFRYIAV
GNEVSPVNGGTAQFAREVLPAMRNIQAALRSSGLQNQIKVSTAIDMTLIGNSYPPSQGAFRG
DVRSYLDPIISFLVNNNSPLLANIYTYFSYVGNPKDISLPYALFTSPSVVVRDGAHEYRNLFDA
MLDALYSALERAGGASLRVVVSESGWPSAGAFAATVDNARTYNGNLIKHVKGGTPKRPNG
AIETYIFALFDENQKQPELEKHFGLFFPNKQPKYPLSFAQGRIWDVYDNVTGPLKSDM

【図１７４】

408のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MGFFKFIAFSRLCVALLFLAELVTSVGGIGVNWGTQTTHPLPPATVVRMLKDNGFQKVKFFD
ANSSYLSALSKSGLQVMLGIPNDMLSSLASNVEAAENWVAQNLSTYVSSNGVDIRHIAVGNE
PFLSTYNGTYLNTTLPALQNVQAAVVKAGLSTQVKVTIPLNADVLESSTNLPSDGDFRSDIRD
LMLEIVKFLSDNGAPFTINIYPFISLYNDPNFPAEFAFFDSSSSPLNDKGTIYTNVLDANHDMLV
WALQKNGYGNMSITVGEIGWPTDGDKNANAKSAQRFNQGFMTQYSAGKGTPLRPGQMDA
YLFSLIDEDAKSIQPGNFERHWGLFSFDGQPKYQLNLGSTSSNGLVAARDVKYLAKKWVCVM
SQSASLQDSQVAPSVSYACANADCTSLGYGNSCSNLTAQGNISYAFNSYYQQHDQLDTAC
QFPNLSVITDNDPSVGDCKFFIMIQSQSMSLVGSDGSRGRGIVPAILVSSLLYMILWMP

【図１７５】

409のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー17のドメインは
下線が引かれている。

MALLLLFLLLFPVSLASADEGPFIGVNIGTDLSNMPSPTQVVALLKAQNIRHVRLYDTDHAMLL
ALANSGIRVTVSVPNDQLLGIGQSNATAAYWVARNIVAHVPATNITVIAVGSEVLTTLQNAAPV
LVSAMKFIHSALVASNLDSRIKVSTPHSSLIIDSFPPSQAFFNRTWDPVMVPLLKFLQSTGSV
LMLNVYPYYDYMQSNGAIPLDYALFRPLPPNKEAVDSNTLLHYNNVFDAVVDAAYFAMSYLN
FTNVPIVVTESGWPSKGDSSEADATLENANTYNSNLIKHVLNNTGTPKHPGVAVSTYIYELYN
EDQRPGSVSEKNWGLFDANGVPIYILHLTGAGTVLANDTTNQTFCVGKDGADKKMLQAALD
WACGPGKVDCSLLLQGQACYEPDNVVAHATYAFNAYYQKMGKALGTCDFKGVATVTTTNP
SHGSCIFPGSGGRNGTSVNGTILAPSSNSTTSGCPPQYFFDVGSITSSLIITILHLALVLL

【図１７６】

410のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼファミリードメインは
下線が引かれている。

MGSAEERVVAVIMVGGPTKGTRFRPLSLNIPKPLFPLAGQPMVHHPISACKRIPNLAQIYLVG
EYEERFALYVSSISNELKVPVRYLKEDKPHGSAGGLYNFRDLIMEDSPSHIFLLNCDVCCSF
PLPEMLEAHISYGAMGTLLVIKVSAESASQFGELIAQPSTKELLHYTEKPETFVSDLINCGVYIF
TPEIFSAIRNVSTQRKDFANLKRVSSFEALQPATRNLPTDFMRLDQDILSPLAGKRQLYTYET
MDFWEQIKTPGMSLKCSGLYLAQFRSTSPHLLASGDGTKGATIIGDVYIHPSAKVHPTAKIGP
NVSIGANARVGAGARLMNCIILDDVEIKENAVVTHSIIGWKSSIGKWSRAQGGGDYNAKLGITI
LGEAVTVEDEVVVINSIVLPNKTMNISVQEEIIL

【図１７７】

411のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼドメインは
下線が引かれている。

MENSGEMEKVVAVIMVGGPTKGTRFRPLSFNTPKPLFPLAGQPMVHHPISACKRIPNLAQIFL
IGFYDEKEFALYVSSISNELRVPVRYLKEDKPHGSAGGLYHFRNLIMEDSPSHIFLLNCDVCC
NFPLPDMLEAHKRYGGMGTMLVVKVSAESANQFDVFSAIEDVSNDREDRANLRRLSSIDIST
STRTNIPTDFVRLDQDILSPLSGKKQLYTYETMDYWEQIKTPGISLKCSGLYLAQFRLTSPHLL
ASGDGTRSATVVGDVFVHPSAKVHPTAKIGPNVSISANVRVGPGVRLISCIILDDVELEDNAIVI
NSIVGWKSSLGRWSRVQADGDYNSKLGITILGESVVVEQEVVVVNSIVLPNKILNVSVQDEIIL

【図１７８】

412のアミノ酸配列。保存されたヌクレオチジルトランスフェラーゼは下線が
引かれている。

MKALILVGGFGTRLRPLTLSVPKPLVDFANKPMILHQIEALKAIGVSEVVLAINYQPEIMLNFLK
GFEAKLGIKITCSQETEPLGTAGPLALARDKLLDDSGEPFFVLNSDVISEYPLKEMIQFHKAHG
GEASIMVTKVDEPSKYGVVIMEESTGQVEKFVEKPKIFVGNKINAGIYLLNPSVLDRIQLRPTSI
EKEVFPKIAAEKQLFAMVLPGFWMDIGQPRDYITGLRLYLDSIRKKSSEKLATGPHVIGNVLV
DETAKIGEGCLIGPDVAIGPGCVVESGVRLSRCTVMRGVRIKKHACISSSIIGWHSTVGQWAR
VENMTILGEDVHVGDEIYSNGGVVLPHKEIKSSILKPEIVM

【図１７９】

413のアミノ酸配列。保存されたマンノース-6-リン酸イソメラーゼファミリードメイン(I型)は
下線が引かれており、ホスホマンノースイソメラーゼシグネチャー1(I型)は太字であり、
ホスホマンノースイソメラーゼシグネチャー2(I型)はイタリック体である。

METRSSPKLRRLRCSVQKYDWGRRGAESRVAKLFALNSGAEADPDRPYAEFWMGTHGSG
PSFLLPAGCGNGGHKVSPDVTLKAWISSNPDVLGDKVVAEWGCDLPFLFKVLSIAKPLSIQA
HPDKELARALHKARPDVYKDANHKPEMALALTKFEAICGFISMEELKQVLCDVPEIAELVGST
DVEKFIKLGEQEVEKAKCLLQSIFTKLMSASADIVALAVSQINSRLELESQVRPLTDKEDLVLR
LEKQYPADVGVISAFFLNYVRLNPGEALYLGANEPHAYVSGECIECMATSDNVVRAGLTPKT
KDIQTLCSMLTYKQGFPDILKGVPLKTYITRYIPPFDFEFVDRCVLPKGSSAVFSAVLGPSIFLV
TDGEGTINVGSVKQDVVAEGYVLFVPANVEIHVTSVTELHVYRAGVNDRFLKSRELENGKKSQI

【図１８０】

414のアミノ酸配列。保存された1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは
下線が引かれている。

MAGNDWINSYLEAILDVGPALDDKKSSLLLRERGRFSPTRYFVEEVITGFDETDLYRSWVKA
QATRSPQERNTRLENMCWRIWNLARQKKQLEGEEAQRKSKRRLERERGRREATADMSED
LSEGEKGDAVSDISTHGDSNRGRLPRISSVDAMETWVGQQKGKKLYLVLISLHGLIRGENME
LGRDSDTGGQVKYVVELARALGSMPGVYRVDLLTRQISSPDVDWSYGEPTEMLSPRNSEG
LSDEMGESSGAYIVRIPFGPRDKYVPKELLWPHIREFVDGALSHVIQMSKVLGEQVGGGQPV
WPVAIHGHYADAGDSAALLSGALNVPMLFTGHSLGRDKLEQLLKQGRLSRDEINTTYKIMRRI
EAEELSLDSSEIVITSTRQEIDEQWRLYDAFDPILEKKLRARIKRNVSCYGRFMPRMAIPPGM
EFHNIAPQDGDMDGEMEGNDDHPTTQDPPIWTEIMRFFNNPRKPMILALARPDPKKNITTLV
KAFGECRPLQELANLTLIMGNRDIDEMSSTSSSVLLSVLKLIDKYDLYGQVAYPKHHKQSDV
PDIYRLAAKTKGVFINPAFIEPFGLTLIEAAAHGLPMVATKNGGPVDIHRVLDNGLLIDPHDQR
SIADALLKLVADKHLWARCRQNGLKNIHLFSWPEHCKTYLSRIASCKPRHPQWQRSEDGLG
NSESDSPSDSLRDIQDLSLNLKFSLDGEKNDASGNENSVGSEENSADRKNKLENAVMTWSK
GVLKDKKTGLVEKSDPNANSSKFPPLRRRKHIFVLAVDCDSLTDLLEIIQKVFSSVENERNEG
SIGFILSTSLTMSEVHSFLVSGGLSPNDFDAFICNSGSDLYYPSLNSENRPFVIDFYYHSHIEY
RWGGEGLRKTLVRWATNINDKRAENEAQIVTLAEKLSTDYCYTFKVEKLGMVPPVKEVRKM
MRIQALRSHAVYCQNWTRLNVIPVLASRAQALRYLYVRWGVDLSKMVVFVGECGDTDYEGL
LGGLHKSVILKGVCGSASNQFHANRNYPLSDV

【図１８１】

415のアミノ酸配列。保存された1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは
下線が引かれている。

MAGNEWINGYLEAILDAGRYNVKRRGDGKIGGGGKGGVVATEFDGNEREGSLFSPTRYFVE
EVVNSFDESDLHKTWIKVIATRNTRERNNRLENMCWRIWHLARKKKQIAWDDAQRLAKRRL
EREQGRSEAADDLSELSEGEKEKGDGSHSPEPAKDKIARINSDLQAWSDDEKPRQLYIVLIS
MHGLVRGENMELGRDSDTGGQVKYVVELARALASTKGVYRVDLLTRQITSHEVDSSYGEPT
EMLSCPADAGDGCGAYIIRMPCGPSNEYIPKESLWPHVPEFVDGALNHIVNMARVLGEQIDG
KPVWPYVIHGHYADAAEAAALLSGVLNVPMVLTGHSLGRNKFEQLLKQGRLSREDINTTYKI
MRRIEAEELGLDAAEMVVTSTRQEIEEQWGLYDGFDLKLERKLRVRRRRGVSCYGRYMPR
MVVIPPGMDFSNVKVEDSTESESDLKSLISSDKTPNKRHLPRIWSEVMRFFSNPHKPMILALS
RPDPKKNVTTLLKAFGECQHLRELANLTLILGNRDDIEEMPEGSSSVVLTNVLKLIDKYNLYGQ
VAYPKHHKQSDVPEIYRLAAKTKGVFINPALVEPFGLTLIEAAAYGLPIVATRNGGPVDILKALN
NGLLIDPHDQKAIADALLKLVADKSLWAECRKNGLKNIHCFSWTEHCHNYLSQVDHCRNRHP
TSRFQIMPIPEEPLSESLRDVEDLSLKFSIDGELKANGELDLATRQKELIEALTRKVHPNGGSP
SISLSSRRQKIFAIALDPYDSGGLFTNIFRVTIKNIMKVARGYSGLNRVGFVLLTGATLQETLNA
FKGSDINVEEFEALSCNSGSSIYYPGRDFIADVDYEGHLEYRWPGDNVRSMVLRLAKAEDG
MEDDIEELKAGCNSRCFAFSIKPGGKVRRIDDLRQALRMRGFRCHIVYSCAGTRLSVMPLFA
SRIQALRYLSIRWGIDFADSVVFVGDKGDTDYEQLLGGLHKTIILNGTVECGSEKLLRSEENFK
RVDVVALNSPRIRIVEDGSEEDISRA

【図１８２】

416のアミノ酸配列。保存された1群グリコシルトランスフェラーゼドメインは
下線が引かれている。

MAGNEWVNSYLEAILDVGPALDDPKSSSLLLRERGRFSPTRYFVEQVITGFDETDLHRSWLR
AAATRSPQERNTRLENMCWRIWNLARKKKQLEGEEAQRIAKRRLEHERGRREATADMSED
LSSEGEKGDSATDISSQGGERMPRTGSVDIMDKWASRQKDCKLYLVLISLHGLVRGENLEL
GRDSDTGGQVKYVVELARALGTIPGVYRVDLLTRQISAPDVDWSYGEPTEMLRTRNSEFPL
QEIGESSGSYIIRIPCGPRNKYVQKELLWPHIPEFVDGALSHITQMSKVLGEQIGGGRPVWPA
AIHGHYADAGDAAALLSGALNVPMLFTGHSLGRDKLEQLLKQGRLAEEINTAYKIRRRIEAEE
LSLDTSEIIITSTRQEIEQQWRLYDGFDPVLERKLRARIKRGVSCHGRYMPRFVVIPPGMEFR
NIVPHDGDMNGEVEKNPPIWPEIMRFFSNPRKPMILALARPDPKKNITTLVKAYGECHQLREL
ANLTLIMGNRDDLDEMSTTNAAVLLSILKLIDKYNLYGQVSYPKHHKQSDVPDIYRLAAKTKG
VFINPALIEPFGLTLIEAAAYGLPVVATKNGGPVDILRVLDNGQLVDPHDQHAIANALLKLVSDK
QLWSRCRENGLKNIHLFSWPEHCRTYLSRIISCKPRGPQWQNNDDKLDKSESDSPGDSLRD
IQDISLNLKFTLDGEKSEGNATFLEENADDAKSNVENTVLTLAKGVLRGIAKGTSTEKANEDIG
AGDFSTFRRRKWIYVIAVDCDATADYIDIIKRIMEATRKENAAGFILSTALTILEVHSLLTSGGLN
LTDFDAFICSSGSDLLYPSSSSDDGPSGLPFVIDLDYRSHIEYRWGGEGLRKTLVRWAASIND
KKDGENIVAEDESGSSSYCFSFKVEDYDIIPPVKELRKLMRIQALRCHVVCCQNGRKLNVIPV
LASRVQALRYLFVRWGMDLSKFVVFVGECGDTDYEGLIGGVHKTVILKGLGCESRKLHAHR
GYPLEHVVPYDSPNVAEAEGSD

【図１８３】

417のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MASPAWALFLGLVLMASGAMGAAPRKPVAVPFGRNYMPTWAFDHIKYFNGGSEIQLSLDKY
TGTGFQSKGSYLFGHFSMDIKLVAGDSAGTVTAFYLSSQNSEHDEIDFEFLGNRSGQPYIVQ
TNVFTGGKGDREQRIYLWFDPTAAYHSYSVLWNMYQIVFFVDDVPIRVFKNSKDLGVKFPFN
QPMKLYSSLWNADDWATRGGLEKTDWSKAPFVASYRGFHIDGCEASVEAKFCATQGQRW
WDQKEFQDLDAFQYRRLRWVRSKYTIYNYCADRKRYPAMSPECRRDRDV

【図１８４】

418のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、
β-グルカナーゼドメインは太字である。

MAFQGVLSNKMAMALVALGLLVAAAAASGNFNKDFDITWGDGRAQIPSSGQLLTLSLDKTS
GSGFRSKKQYLFGKIDMQLKLVPGNSAGTVTAYYLSSLGSAHDEIDFEFLGNLSGDPYTLHT
NVFTQGKGNREQQFHLWFDPTKDFHTYSILWNPQSIIFSVDGTPIREFKNLESKGVAFPKSQ
AMWIYSSLWNADDWATRGGLVKTDWTQAPFTASYRGFNDAGCAVGSSGSSSCSSSSGDK
SWLSQSLDATGQQRIKWVQKNYMIYNYCADTKRFSQGFPPECSLS

【図１８５】

419のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、
β-グルカナーゼドメインは太字である。

MASPSAPSLCITTLLLVVVSWATSASARNFYQDFDITWGDGRAQILNNGDLLTLSLDKASGS
GFQSKNEYLFGKIDMQLKLVPGNSAGTVTAYYLSSNGSTWDEIDFEFLGNLSGDPYILHTNV
FSQGKGNREQQFYLWFDPTADFHTYSILWNPQRIIFSVDGTPIREFKNAESIGVPFPKAQPM
RIFSSLWNADDWATRGGLVKTDWTQAPFTASYSNFNADNACVWSSGSSSCTSSSSSSDGN
AWLSEELDSTSQERLKWVQSNYMIYNYCTDAKRFPQGLPRECAMS

【図１８６】

420のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、
β-グルカナーゼドメインは太字である。

MASRSTSSLCRAALLLMVVSWATSASARNFYQDFDITWGDGRGQILNNGDLLTLSLDKASG
SGFQSKNEYLFGKIDMQLKLVPGNSAGTVTAYYLSSNGSTWDEIDFEFLGNLSGDPYILHTN
VFSQGKGNREQQFYLWFDPTADFHTYSILWNPQRIIFSVDGTPIREFKNAESIGVPFPKAQP
MRIFSSLWNADDWATRGGLVKTDWTQAPFTASYSNFNADNACVWSSGSSSCTSSSSSSDG
NAWLSEELDSTSQERLKWVQSNYMIYNYCTDAKRFPQGFPPECSMS

【図１８７】

421のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、
β-グルカナーゼドメインは太字である。

MASRSTSSLCTTALLLLVVSWAASAFARNFYQDFDITWGDGRAQILNSGDLLTLSLDKASGS
GFQSKNEYLFGKIDMQLKLVPGNSAGTVTAYYLSSNGSTWDEIDFEFLGNLSGDPYILHTNV
FSQGKGNREQQFYLWFDPTADFHTYSILWNPQRIIFSVDGTPIREFKNAESIGVPFPKAQPM
RIFSSLWNADDWATRGGLVKTDWTQAPFTASYRNFNADNACVWSSGSSSCTSSSSSSDGN
AWLSEELDSTSQERLKWVQSNYMIYNYCTDAKRFPQGVPPECTMS

【図１８８】

422のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MASLSTSSLCIATLLLVVVSWGTFASARNFYQDFDITWGDGRAQILNNGDLLTLSLDKASGSG
FQSKNEYLFGKIDMQLKLVPGNSAGTVTAYYLSSNGSAWDEIDFEFLGNLSGDPYILHTNVFS
QGKGNREQQFYLWFDPTADFHTYSILWNPQRIIFSVDGTPIREFKNAESVGVPFPKAQPMRI
FSSLWNADDWATRGGLVKTDWTQAPFTASYRNFNADNACVWSSGSASCTSSSSSSDGNA

【図１８９】

423のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、β-グルカナーゼドメインは太字である。

MAHEGGGPSASSMVVFVSLLLMAAASPAAGNFYQDFDLTWGGSDRAKIFSGGQLLSLSLDR
VSGSGFRSKKEYLFGRIDMQLKLVAGNSAGTVTAYYLSSQGPTHDEIDFEFLGNLSGDPYIL
HTNVFTQGKGNREQQFYLWFDPTRNFHTYSVIWKPQHIIFLVDNIPIRVFKNGESIGVPFPKN
QPMKIYSSLWNADDWATRGGLIKTDWSKAPFTAYYRKFQATACTWSTGSSSCEIGRPASYS
GSTWKINELDAYGRRRLRWVQKYFMIYDYCADGKRFPQGIPAECKRSRF

【図１９０】

424のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、β-グルカナーゼドメインは太字である。

MAHEGGGPSASSMVVLVSLLLMAAASPAAGNFYQDFDLTWGGSDRAKIFSGGQLLSLSLDR
VSGSGFRSKKEYLFGRIDMQLKLVAGNSAGTVTAYYLSSQGPTHDEIDFEFLGNLSGDPYIL
HTNVFTQGKGNREQQFYLWFDPTRNFHTYSVIWKPQHIIFLVDNIPIRVFKNGESIGVPFPKN
QPMKIYSSLWNADDWATRGGLIKTDWSKAPFTAYYRKFQATACTWSTGSSSCEIGRPASYS
GSTWKINELDAYGRRRLRWVQKYFMIYDYCADGKRFPQGIPAECKRSRF

【図１９１】

425のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、β-グルカナーゼドメインは太字である。

MAVPVFSKVSVSFGLFVGLALLVGLVAGARFEELYQPGWAMDHFVYEGEVLKLKLDNYSGA
GFGSKSKYMFGKVTIQIKLVEGDSAGTVTAFYMSSDGPNHNEFDFEFLGNTTGEPYLVQTN
VYVNGVGNREQRLGLWFDPTTDFHSYSVLWNQRQVVFLVDETPIRVHTNLEHRGIPYPKDQ
PMGVYSSIWNADDWATQGGRIKTDWTHAPFITSYRNFEIDACECPATMAAADNAKRCSSAG
RERRYWWDEPTVSELSLHQNHQLKWVQAHHMVYDYCKDTARFPVMPAECEHHRH

【図１９２】

426のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、β-グルカナーゼドメインは太字である。

MASAALAMILFTSVLLKSLMVASAGNLNQEFDITWGDGRAQILNNGDLLTLSLDKASGSGFQ
SKNEYLFGKIDMQLKLVPGNSAGTVTAYYLSSKGSTWDEIDFEFLGNLSGDPYILHTNVFSQ
GKGNREQQFYLWFDPTADFHTYSILWNPQRIIFSVDGTPIREFKNAESSGVPFPKSQPMRIY
SSLWNADDWATRGGLVKTDWSRAPFTASYRNFNADACVWSSGSSSCGSGAASSDGSSWL
TQELDTTSQQRLKWVQQNYMIYNYCSDSKRFPQGPPPECNLS

【図１９３】

427のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは下線が引かれており、β-グルカナーゼドメインは太字である。

MQDSRMEKMVSPLSILLCISLVLLAEPRSSDAAPQSKGSFVDNFDIMWSEEHFKTSADGQIW
YLSLDKETGCGFQTKQRYRFGWFSMKLKLVGGDSAGVVTAYYMCSENGAGPERDELDFEF
LGNRSGQPYLIQTNVYKNGTGSREMRHMLWFDPTEDFHSYSILWNSHQIVFFVDQVPVRVF
KNNGEANNFFPNEKPMYLFSSIWNADDWATRGGLEKTDWTKAPFVSTYKDFSFDGCQWED
PFPACVSTTTKNWWDQYSAWHLSEDQKKDYAWVQRNLVIYDYCKDTQRFPTLPWECSLSP
WD

【図１９９】

433のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MPTSISSYSFPRTTMLVVCAILIGSSVVALAGNFYQDFDVTFGDGRVKVLDNGQLVTLSLDKA
SGSGFKSKNQYLYGKFDMQIKLVPGNSAGTVTTLYLHSDGSTWDEIDLEFLGNLSGDPYILH
TNLYSQGKGNREQQFYLWFDPTADFHTYSVLWNPVHVVYYVDGIPIREFKNLNAAGVPYPK
SQPMTLYSTLWDAEDWATRGGLVKTDWSQAPFTASFSGFNASACVWSNGASTCLSSSAAS
AKYPWFSQQLDAASLQTMKSVQQKYMIYDYCKDTKRFPQGLPLECTLKTKS

【図２００】

434のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MALLQENTLFFSLLFLLCMAISVSSHNRPYSPPDVPRLTDLFPHVAVDQGFSKFFGAQNVRLL
NNGSYANLALDKSSGSGLVSRSKYHYGFFSAAVKLPAGLSSGVVVAFYLSNADAFPHSHDEI
DIELLGHDKRNDWVLQTNIYSNGSVSTGREEKFYFWFDPTQEHHYYSIIWNSHHIVFFVDNIP
VREFPSSGVFSSTYPSKPMSVYATIWDASDWATSGGRYKVNYKYAPFVAEFKDLVLQGCPVDPI
SNPRQQPLSSCSNQSTSSGSDPVEGQDFAALSQQQITAMQWARSKLMFYSYCKDTSRFKV
MPPECK

【図２０１】

435のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDPLRRLVSLAVTTSSSSSSSSSLTLLLALLFYAASAAAAFDIVPITFDEAYAPLFGDSNVVRS
GDGKSVRLLLDRFSGSGFISSNLYKYGFFSARIKLPSDYTAGIVVAFYTSNGDVFEKTHDELDI
EFLGNIKGKKWRFQTNVYGNGSTSRGREERYTLWFDPTRAFHRYSILWTANNIIFYVDEVPIR
EIIRNDAMGGDFPAKPMALYATIWDASDWATSGGRYKVNYKYAPFVAEFKDLVLQGCPVDPI
DQYSSGHCYDKLALLEAQDFATVTAQRHAAMRRFRQNYMYYSYCYDTVRYAIPPPECVILQ
SEKERFKDTGRLKFGGSHKKRSRRRGHRIPLVSEEQPVM

【図２０２】

436のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDRHPPPHSRRFSLYQPPSYFSLSLLSIFIFSCFLSTSDAAFDVTPISFDEGYRPLFGDGNVV
RSPAGDGVRILLDRFTGSGFISSDMYQHGFFSAKIKLPSDYTAGVVVAFYTSNGDVFEKTHD
ELDIEFLGNIRGKPWRFQTNVYGNGSTSRGREERYTLWFDPTKEYHRYSILWTANKIIFYVDE
VPIREIVKSEAMGGDFPSKPMSLYATIWDASDWATSGGRYKVNYKYAPFVAEFKDLVLEGC
MADPIRQLPASGCHAKDAQLEARDFATITSSQRRAMRRFRERYMYYSYCYDTLRYPVPPPE
CMIIPSEKARFKDTGRLKFGGSHKRRSRRRERIPAASVSDNQASM

【図２０３】

437のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MSHPRTQMAISKRRSPSCSLIALTMMVWLWSSHVVPRVAGCDGFDELFQPNWAPEHFECE
GDQTKLTLDSSSGCGFGSRKAYLFGLTSVQIKLVQGDSAGTVTAFYMSSDGPNHDELDFEF
LGNLSGEPYLVQTNVYVNGTGDREQRHSLWFDPTTDFHTYSLFWNRRYITFLVDGIPIRVFA
NKEESHGVPYPKNQPMRVLGSVWNADDWATQGGRVKTNWSHAPFVSSFRAFDIDACELS
PETADVTTKCGQLGRYWWDRPSFNELGRRQSRQLKWVCKKYLVYDYCEDKPRFSELPKEC
VG

【図１９４】

428のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MLHSHLGLLSLTCFAVLLVLASGSSPNLPIISFDEGYTQLFGDNNLALHGDGQSVHLALDERT
GSGFASQDLYLHGFFSASIKLPADYTAGVVVAFYMSNGDMYEKNHDEIDFEFLGNIREKNWR
IQTNIYGNGSTSVGREERYGLWFDPSDDFHQYGILWTDSQIIFYVDNVPIREFKRTEAMGGQ
FPSKPMSLYATIWDGSDWATNGGKYRVNYKYAPYVAKFSDLVLHGCAVDPIEHQLSCNDVP
SHKAIPQGISPRQRTKMEYFRKKHMTYSYCYDRARYKVPPPECVINPGEAEHLRVFDPVTFG
DGRHHRPKRHRQSRTSRADASI

【図１９５】

429のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MSASWSVTSCLFFASCALLVVLAVGSPENSNSELPVVSFDEGYAHLFGDDNLVIHGDGKSV
HLTLDERTGSGFVSQDLYLHGFFSASIKLPADYTAGVVVAFYMSNGDMFEKTHDEIDFEFLG
NIRGKEWRVQTNVYGNGSVGVGREERYNLWFDPSDDFHQYSILWTDSLIVFYVDNVPIREV
KRTKAMGGDFPSKPMTLYATIWDGSSWATNGGKYRVSYKYAPYIVEFSDLVLHGCAVDPME
HSSACDAVLPSGSIPTAITREQRVQMESFRKRHMTYSYCYDRARYKIPPPECILSVKEAKHLR
SFDPVTFGQGKRHFAKRRHRRVSATSM

【図１９６】

430のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MALLYLSLLLVLLMLPICPGNAQWPPAPGYWPSSRFRSMSFYQGFKNLWGPQHQRVDQSA
LTIWLDSTSGSGFKSVKPFRSGYFGASIKLQPGYTAGVITSFYLSNGEAHPGFHDEVDIEFLG
TTFGKPYTLQTNVYIRGSGDGRIIGREMKFHLWFDPTQAFHHYAILWRPNELIFLVDDIPIRRY
PRKSAATFPMRPMWLYGSIWDASSWATEDGKYKADYRYQPFIARYTNFKASGCSAYSPAW
CRPVSASPYRSGGLTRQQYRVMRWVQAHHMVYNYCRDSRRDHSLTPECRI

【図１９７】

431のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MKYLRSFLVIVSVLNLVCVSFSSVVSTGNFNKDFFVMWSPDHVNTSADGRTRSMVLDQESG
AGFSSNDMFLFGQIDMKIKLISGHSAGTVVAFYLTSDQPNRDEIDFEFLGNVSGQPYILQTNV
YADGFDNREERIYLWFDPTQDFHNYSILWNLHQIVFFVDSIPIRTYRNHADKGVAFPRWQPM
GVKATLWNGDSWATRGGHDKIDWSKGPFVASFGDYKMDACVWKGNPRFCRAESPTNWW
NNEDFSSLTSTQRRWFKWVRRYHMIYDYCQDNARFQNNLPKECSLPKY

【図１９８】

432のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MTSPSTRLCVCLFHLAAISALASAGNFYKDFDITWGDHRSQILNGGQELTLSLDQASGSGFK
SKNEYLFGRIDMEIKLVEGNSAGTVNAYYLSSQGPTHDEIDFEFLGNLSGNPYTLHTNVFSQ
GKGNREQQFHLWFDPTKAFHTYSIVWNTRRIIFLVDNSPIRVFNNLESIGVPFPSNQPMRIYS
SLWNADDWATMGGRVKTDWTKAPFTASFRNFNANACVVSGSSSCGSKSTNNLQTSAWQ
EQSLNAAGRNRLRWVQQKYMIYNYCSDSKRFPQGLPPECKRSRFL

【図１９９】

433のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MPTSISSYSFPRTTMLVVCAILIGSSVVALAGNFYQDFDVTFGDGRVKVLDNGQLVTLSLDKA
SGSGFKSKNQYLYGKFDMQIKLVPGNSAGTVTTLYLHSDGSTWDEIDLEFLGNLSGDPYILH
TNLYSQGKGNREQQFYLWFDPTADFHTYSVLWNPVHVVYYVDGIPIREFKNLNAAGVPYPK
SQPMTLYSTLWDAEDWATRGGLVKTDWSQAPFTASFSGFNASACVWSNGASTCLSSSAAS
AKYPWFSQQLDAASLQTMKSVQQKYMIYDYCKDTKRFPQGLPLECTLKTKS

【図２００】

434のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MALLQENTLFFSLLFLLCMAISVSSHNRPYSPPDVPRLTDLFPHVAVDQGFSKFFGAQNVRLL
NNGSYANLALDKSSGSGLVSRSKYHYGFFSAAVKLPAGLSSGVVVAFYLSNADAFPHSHDEI
DIELLGHDKRNDWVLQTNIYSNGSVSTGREEKFYFWFDPTQEHHYYSIIWNSHHIVFFVDNIP
VREFPSSGVFSSTYPSKPMSVYATIWDGSQWATHGGKYPVNYKYAPFVVSLAETEMVGCV
SNPRQQPLSSCSNQSTSSGSDPVEGQDFAALSQQQITAMQWARSKLMFYSYCKDTSRFKV
MPPECK

【図２０１】

435のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDPLRRLVSLAVTTSSSSSSSSSLTLLLALLFYAASAAAAFDIVPITFDEAYAPLFGDSNVVRS
GDGKSVRLLLDRFSGSGFISSNLYKYGFFSARIKLPSDYTAGIVVAFYTSNGDVFEKTHDELDI
EFLGNIKGKKWRFQTNVYGNGSTSRGREERYTLWFDPTRAFHRYSILWTANNIIFYVDEVPIR
EIIRNDAMGGDFPAKPMALYATIWDASDWATSGGRYKVNYKYAPFVAEFKDLVLQGCPVDPI
DQYSSGHCYDKLALLEAQDFATVTAQRHAAMRRFRQNYMYYSYCYDTVRYAIPPPECVILQ
SEKERFKDTGRLKFGGSHKKRSRRRGHRIPLVSEEQPVM

【図２０２】

436のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MDRHPPPHSRRFSLYQPPSYFSLSLLSIFIFSCFLSTSDAAFDVTPISFDEGYRPLFGDGNVV
RSPAGDGVRILLDRFTGSGFISSDMYQHGFFSAKIKLPSDYTAGVVVAFYTSNGDVFEKTHD
ELDIEFLGNIRGKPWRFQTNVYGNGSTSRGREERYTLWFDPTKEYHRYSILWTANKIIFYVDE
VPIREIVKSEAMGGDFPSKPMSLYATIWDASDWATSGGRYKVNYKYAPFVAEFKDLVLEGC
MADPIRQLPASGCHAKDAQLEARDFATITSSQRRAMRRFRERYMYYSYCYDTLRYPVPPPE
CMIIPSEKARFKDTGRLKFGGSHKRRSRRRERIPAASVSDNQASM

【図２０３】

437のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー16のドメインは
下線が引かれている。

MSHPRTQMAISKRRSPSCSLIALTMMVWLWSSHVVPRVAGCDGFDELFQPNWAPEHFECE
GDQTKLTLDSSSGCGFGSRKAYLFGLTSVQIKLVQGDSAGTVTAFYMSSDGPNHDELDFEF
LGNLSGEPYLVQTNVYVNGTGDREQRHSLWFDPTTDFHTYSLFWNRRYITFLVDGIPIRVFA
NKEESHGVPYPKNQPMRVLGSVWNADDWATQGGRVKTNWSHAPFVSSFRAFDIDACELS
PETADVTTKCGQLGRYWWDRPSFNELGRRQSRQLKWVCKKYLVYDYCEDKPRFSELPKEC
VG

【図２０４】

438のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは
下線が引かれている。

MAKPGLTAMVVAALALVVAMVATLAHAEADDPKKVDAWFNGLSHADRKTTRLHFYFHDTLS
GRNPTAVRVAEATMTEKSPTLFGVVNMIDDPLTEGPEPESPLVGRAQGFYGSVGLESMALH
MNMNLVFTTPEYNGSTLSILGHNPALETYREMPIVGGTGVFRLASGVVTAKTYFLNLTTGDA
VVEYKVIALHY

【図２０５】

439のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは
下線が引かれている。

MAKPGLTAMVVAAVALVVAAVALVVAMVAKHAHAEADDPEKVDAWFNGLSHADRKTTRLHF
YFHDTLSGSNPTAVRIAEAKSPTGFGVVNMIDDPLTKGPEPESPLVGRAQGFYGSVGLESTA
LHMSMNLVFTTPEYHGSTLSILGRNPALETYREMPIVGGTGVFRLASGVVTAKTYFLNLTTGD
AVVEYKVIALHY

【図２０６】

440のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは
下線が引かれている。

MGARVIVSLLFLFLIFGSNADAANKRIRNRRPCKRLVFFFHDVLYNGNNAKNATSAIIGAPAWA
NQTILAGQSHFGDLVVFDDPITLDNNLHSKPVGRAQGFYIYDKKDIFTAWLGFSFVFNSTQHT
GSLNFAGADPLMNKTRDISVIGGTGDFFMARGVATLMTDSFEGEVYFRLRTDIKLYECW

【図２０７】

441のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ドメインは
下線が引かれている。

MATLSPISSLLLLLLLLSSGSPTLASAFATALDPSLMGINLGKEKLSHFRFYWHDVQSGPHPS
SVTVVPPPSNSSATFFGLINMIDNPLTLRPDPGSELVGRAQGLYSSASQEEVGLLMIMNFAFV
AGKYNGSGITVLGRNPVLQKVREMPVISGCGLFRFARGYAQATTHTFDRKTGDAVVEYNVYV
VLHY

【図２０８】

442のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは
下線が引かれている。

MATLIPISSLLLLVLLSSAAPAPASAFATALDPSLMGVHLGKEKLSHFRFYWHDVLSGPNPSS
VRVTTPPSNASATGFGLVNVIDNPLTLLPDPASELVGRAQGLYSSASQEEVALLMIMNFAFVS
GKYNGSGITVMGRNPVFHKVREMPVISGCGVLRFARGYAQASTHTFDLKTGNAVVEYNVYV
LHY

【図２０９】

443のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは
下線が引かれている。

MVKPGLTAMVVAALALATAVALACAEVDDPEKVNAWFNRLSHAEHKTTHLHFYFHDTLSG
KNPTAVRIAEATMTEKSPTLFGVVNMIDDPLTEGPEPESPLIGRAQGFYGSVGLESALHMNV
NLVFTTPEYNGSTLSILGRNPALETYREMPIVGGTGVFRLASGVATAKTYFFNLTTGDAVVEY
KVIAMHY

【図２１０】

444のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MALISAPKMLTATTFSQLLLLSTYSILMHSYSSKATVQHPHTTKLVLYFQDIIAGPNANDIPVVG
IPGKLWSFSQFGTVFVADEPITETPDPNSAMVGRAQGMYVISSLDGSNVKTVFSIVFTNQAY
NGSTLELQGAGKQLQRVLEFAVVGGTGKFRFARGYTTLETISFSQGHGVIQFNVTVRHD

【図２１１】

445のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MRNLVAHKSCFLVLFLLLLFTSQFSSATKKTFNRDQPCKRFVLYFHDILFGGNDVANATSAAV
ANETGLGNFKFGKLFVFDDPMTKDKNYLSPAVARAQGFYFYDMKNDYNAWFAYSLVFNSTE
HKGTLNIMGADIMAAQTRDLSIVGGTGDFFMARGIATFETDLFQGAKYFRIKMDIKLYECY

【図２１２】

446のアミノ酸配列。保存された植物病害抵抗性応答タンパク質ファミリードメインは下線が引かれている。

MAVHIAKLVAFSLLCMSTVFVAANSHTFARSLLPQELGLKKEKLSHLHFYFHDIVSGRNPTAV
RVAEAKMTNSSATGFGAVVMIDDPLTEGPEMSSKEVGRAQGIYALSSQNDVGLLMVQNYVF
TEGKYNGSTLSVLGRNAVFSGVREMSIVGGSGLFRFARGYAQAKTHTMDRKTGDTVVNYN
VYVFHY

【図２１３】

447のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol plファミリードメインは下線が引かれており、花粉アレルゲン/エクスパンシンドメインのC末端は太字である。

MASVSRVVGLVSLILFSTLAEARIPGVYTGGPWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYS
QGYGVNTAALSTALFNNGFSCGACFEIKCANEPQWCHSGSPSILVTATNFCPPNYALPNDN
GGWCNPPRPHFDLAMPMFLKIAEYRAGIVPVSYRRVPCRKQGGIRFTINGFRYFNLVLVTNV
AGAGDINKLWVKGSKTGWMSMSRNWGQNWQSNSVLAGQSLSFRVTAGDRRTSTSWNIV
PSNWQFGQTFTGKNFRV

【図２１４】

448のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol plファミリードメインは下線が引かれており、花粉アレルゲン/エクスパンシンドメインのC末端は太字である。

MAAARVMALALAFLGVALSATRMAEARIPGIYTGGPWQSAHATFYGGADASGTMGGACGY
GNLYSQGYGVNTAALSTALFNNGFSCGACFEIKCANDPQWCHSGSSSIFVTATNFCPPNYA
QPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPMFLKIAEYRAGIVPVAYRRVPCRKRGGIRFTINGFRYFNLV
LISNVAGAGDIVRVSVKGSRTGWMSMSHNWGQNWQSNSVLVGQSLSFRVTGSDRRTSTS
WNIVPAGWQFGQTFTGKNFRV

【図２１５】

449のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol plファミリードメインは下線が引かれており、花粉アレルゲン/エクスパンシンドメインのC末端は太字である。

MTRASVVFAASLISFSLMWLADARIPGVYSGGPWQTAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNL
YSQGYGVNTAALSTALFNNGLSCGACFEIKCANDPTWCHSGSPSIFVTATNFCPPNFAQPSD
NGGWCNPPRPHFDLAMPMFLKIAEYRAGIVPVSFRRVPCRKRGGMRFTINGFRYFNLVLISN
VAGAGDIVRVSVKGARTGWMSMSRNWGQNWQSNAVLAGQALSFRVTASDRRSSTSWN
MVPAGWQFGQTFTGKNFRV

【図２１６】

450のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol plファミリードメインは下線が引かれており、花粉アレルゲン/エクスパンシンファミリーC末端ドメインは太字である。

MQQRRRGSPSSSSSAAALLLGRLWLLLVLGAATTSASAQVKKRVPNARWKPATATWYGSP
DGDGSDGGACGYGSMVDVRPLRARVGAVSPVLFKNGEGCGACYKVKCLDRGICSRRAVTII
VTDECPGGYCSGGNTHFDLSGAAFGRMAIAGEAGPLRNRGVLPVQYRRTPCKYPGKNIAFH
VNEGSTDYWLSLLVEFEDGDGDVGSMHIRPASSSEWIEMKHLWGANWCITGGPLQGPFSV
KLTSLSTNRTLSARDVIPGNWSPKATYTSRLNFF

【図２１７】

451のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメインは下線が引かれており、エクスパンシン/Lol plファミリードメインは太字である。

MANFAAISAVALVFLCLKSAFGDYGGWEGGHATFYGGGDASGTMGGACGYGNLYSQGYG
TNTAALSTALFNNGLSCGACYEMRCNDDPRWCLPGTIMVTATNFCPPNLALSNDNGGWCN
PPLQHFDLMAEPAFLQIAQYKAGIVPVSFRRVPCVKKGGVRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGD
VHSVSIKGSRTGWQAMSRNWGQNWQSNAYMNGQALSFQVTTSDGRTVTSYNAAPANWQ
FGQTFEGSQF

【図２１８】

452のアミノ酸配列。保存された花粉アレルゲン/エクスパンシンファミリーC末端ドメインは下線が引かれている。

MAVVGLLLVGCLAMWVCSVDGYGGGGWINAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGY
GTNTAALSTALFNNGLSCGSCYEIRCVNDRQWCLPASIVVTATNFCPPNNALPSNAGGWCN
PPLQHFDLSEPVFEHIARYRAGIVPVAYRRVPCRRRGGIRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGDV
HAVSVKGSRTGWMSMSRNWGQNWQSNNYLNGQSLSFKVTTSDGRSVMSYNAAPAHWSF
GQTFSGVQFR

【図２１９】

453のアミノ酸配列。保存された花粉アレルゲン/エクスパンシンC末端ドメインは下線が引かれている。

MAVVGLLLVGCLAMWVCSVDGYGGGGWINAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGY
GTNTAALSTALFNNGLSCGSCYEIRCVNDRQWCLPASIVVTATNFCPPNNALPSNAGGWCN
PPLQHFDLSEPVFEHIARYRAGIVPVAYRRYVHCNARPSFFGRVKKLGACVKHMNSLVRLVN
LQCPVWGTFCRVPCRRRGGIRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGDVHAVSVKGSRTGWMSMS
RNWGQNWQSNNYLNGQSLSFKVTTSDGRSVMSYNAAPAHWSFGQTFSGAQFR

【図２２０】

454のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシン/Lol plファミリードメインは下線が引かれている。

MALLLCFLLSLFISSATACDRCVHQSKAAYFSKASALSSGACGYGSLAVGLNSGFLAAAIPSL
YKDGAGCGACFQIRCKNANLCTKGGTRVIVTDLNRNNNTDFVLSSRAFAAMARQGMSQDIL
RQGIVDVEYKRVPCDYKDRNLAVRVEESSRKPNYLAIKVLYQGGQTEIVAMDVAQVGSSYW
TYMSRNHGAVWNTSRVPDGALQFRFVVTPGYDGKWIWAKSVLPADWQNGVVYDSGVQIT
DIAQEGCSQCDDGSW

【図２２１】

455のアミノ酸配列。保存された花粉アレルゲン/エクスパンシンC末端ドメインは下線が引かれている。

MALLQSPSICFPLALLLALLINSSHCFNPKSLNISKVQSNGDWSPAGATWYGSPNGAGSDGG
ACGYGSGVDQAPFSSMVSAGGPSLFKSGKGCGACYQVKCTENAACSGNPVTVVITDECPG
GPCVAESAHFDLSGTAFGAMASSGKADELRNAGVLQIQYQKVKCNFPGAKVAFHVDSGSN
PNYFAALIEYEDGDGELGAVNLKQALDSDSWLPMQQSWGAVWKLDGAGQLRAPFSIKLTSL
DSGKTLVANNVIPAGWQPGQTYRSVVNFAV

【図２２２】

458のアミノ酸配列。保存されたエクスパンシンドメイン領域は太字であり、保存された花粉アレルゲン/エクスパンシンファミリーC末端ドメインは下線が引かれている。

MVPLGFLVVGLLSQFVPVSRAYGYYGGWTNAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGY
GTNTAALSTALFNNGLSCGACFELRCVNDPQWCLPGAIVVTATNFCPPGGWCDPPQLHFD
LSQPVFQHIAQYRAGIVPVAYRRVRCRRSGGIRFTVNGHSYFNLVLITNVGGAGDVHSVAIK
GSRTRWQPMSRNWGQNWQSNSDLNGQSLSFLVTASDGRSVVSYNVAPSGWSFGQTYTG
GQFRY

【図２２３】

459のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー18のドメインは下線が引かれている。

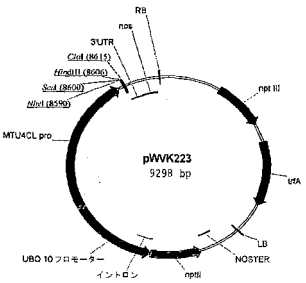
MASKSSTSPAFLFSMILALVVGINGGGIAIYWGQNGNEGTLAEACASGNYKFVNLAFLNVFG
NGQTPMINVAGHCDPSSGGCTGLSSEIKSCQARGVKVMLSIGGGVGSYYLPSAEDARYVAT
YLWDNFLGGQSSSRPLGDAVLDGIDFVIATGTNQHWDDLARYLSAYSISGKKVYLAAAPQCP
YPDAWVGGALQTGLYDYVWVQFYGNPPCEYSSGNMGNLEDAWNQWTSIPAGEIFLGLPAS
ADASSGFIPASNLTSIVLPTIKGSAKYGGVMLWSRTVFPSSRASGHDSHVYARDGFPDSPIR
RFPIRRFSVSIQLGYVMIVDGSSSQLLLKRRRLAIPDPMEAEPAKVLSLSLSHSIFSMLMLGL

【図２２４】

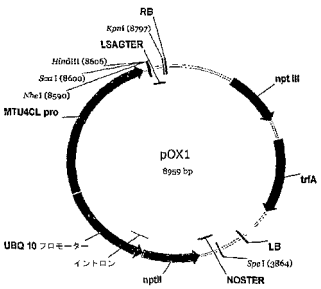
460のアミノ酸配列。保存されたグリコシドヒドロラーゼ、ファミリー18のドメインは下線が引かれており、キチナーゼファミリー18の活性部位は太字である。

MPSPPPSKPSLSLLLLLFSSSLIRASHGGGIAIYWGQNGNEGTLASTCATGKYAYVNLAFLYK
FGGGQTPQINLAGHCDPTSGGCTSTSNGIRSCQNQGIKVMLSLGGGVGSYSLASQADARNV
ANYLWNNFLGGTSSSRPLGDAVLDGIDFDIELGSTKYWDDLARYLSDYSKQGKKVYLTAAP
QCPYPDSHMGAALNTGLFDYVWVQFYNNPPCQYSSGDISKLTSSWSKWVASINAGKMFVG
LPASTEAAGSGYVPPNVLTSQILPVIKKSAKYGGIMLWSKYYDDKNGYSDSVKSSV

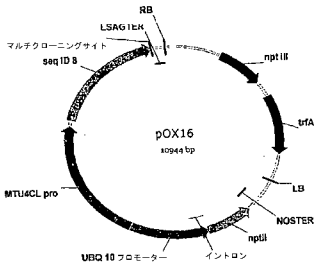
【図２２５】



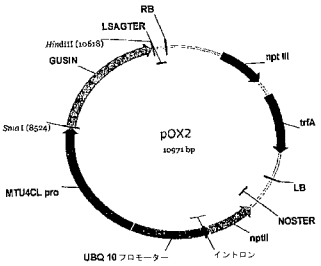
【図２２６】



【図２２７】



【図２２８】



【配列表】

0005155875000001.app

フロントページの続き

(74)代理人 100142929
弁理士 井上 隆一
(74)代理人 100114340
弁理士 大関 雅人
(72)発明者 ブロクスバーグ レオナルド エヌ.
ニュージーランド国 パーネル ワン フォックス ストリート ジェネシス リサーチ アンド ディベロップメント コーポレイション リミテッド
(72)発明者 フロスト ミカエル ジェイ.
ニュージーランド国 パーネル ワン フォックス ストリート ジェネシス リサーチ アンド ディベロップメント コーポレイション リミテッド
(72)発明者 フォスター リチャード エル.
ニュージーランド国 パーネル ワン フォックス ストリート ジェネシス リサーチ アンド ディベロップメント コーポレイション リミテッド
(72)発明者 ヒギンス コリーン
ニュージーランド国 パーネル ワン フォックス ストリート ジェネシス リサーチ アンド ディベロップメント コーポレイション リミテッド
(72)発明者 ロットマン ウィリアム エイチ.
アメリカ合衆国 サウスカロライナ州 サマービル ウェストバコ ロード １８０ アーバージェン リミテッド ライアビリティ カンパニー ピー. オー. ボックス ８４０００１
(72)発明者 ノリスーカネダ キム
アメリカ合衆国 サウスカロライナ州 サマービル ウェストバコ ロード １８０ アーバージェン リミテッド ライアビリティ カンパニー ピー. オー. ボックス ８４０００１

審査官 幸田 俊希

(56)参考文献 国際公開第２００４／０４８５９５（WO, Ａ１）
特表２００６－５１５５０９（ＪＰ, Ａ）
EHTESHAM,N.Z. et al., Calnexin from Pisum sativum: cloning of the cDNA and characterization of the encoded protein., DNA Cell Biol., １９９９年１１月, Vol.18, No.11, pp.853-62

(58)調査した分野(Int.Cl., ＤＢ名)
C12N 15/09
GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq
SwissProt/PIR/GeneSeq
PubMed