

(19) 中华人民共和国国家知识产权局



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 101065491 B

(45) 授权公告日 2012.01.11

(21) 申请号 200580040821.7

WO 0129242 A, 2001.04.26, 说明书第 85 页

(22) 申请日 2005.09.28

第 28 行至第 86 页第 17 行、附图 18.

(30) 优先权数据

60/613,719 2004.09.29 US

VUORI K. CHARACTERIZATION OF THE  
HUMAN PRILYL 4-HYDROXYLASE TETRAMER  
AND ITS MULTIFUNCTIONAL PROTEIN  
DISULFIDE-ISOMERASES SUBUNIT SYNTHESIZED  
IN A BACULOCIRUS EXPRESSION SYSTEM.

(85) PCT 申请进入国家阶段日

2007.05.29

PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF  
SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA  
16. 1992, 89(16), 7467-7470.

(86) PCT 申请的申请数据

PCT/IL2005/001045 2005.09.28

审查员 李振鹏

(87) PCT 申请的公布数据

WO2006/035442 EN 2006.04.06

(73) 专利权人 胶原植物有限公司

地址 以色列谢莫纳村

(72) 发明人 O·肖塞约夫 H·斯泰恩

(74) 专利代理机构 中国专利代理(香港)有限公司

72001

代理人 权陆军 黄可峻

(51) Int. Cl.

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

(56) 对比文件

WO 0134647 A, 2001.05.17, 全文.

权利要求书 1 页 说明书 20 页

序列表 57 页 附图 10 页

(54) 发明名称

生产胶原的植物及其生成和使用方法

(57) 摘要

提供了在植物中生产胶原的方法和生产胶原的植物。该方法通过以能够使胶原  $\alpha$  链积聚在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中的方式，在植物中表达至少一种类型的胶原  $\alpha$  链来实现，从而在植物中生产胶原。

B

CN 101065491

1. 在植物或被分离的植物细胞中生产胶原的方法,其包括使至少一种类型的胶原  $\alpha$  链和哺乳动物脯氨酰 -4- 羟化酶 (P4H) 靶向所述植物或所述被分离的植物细胞的液泡,从而允许所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链由所述哺乳动物 P4H 羟基化,且不由内源性 P4H 羟基化,从而在所述植物或被分离的植物细胞中生产胶原。
2. 权利要求 1 的方法,其进一步包括在所述缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中表达外源性赖氨酰羟化酶 (LH3)。
3. 权利要求 1 的方法,其中所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链包括用于靶向液泡的信号肽。
4. 权利要求 1 的方法,其中所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链缺乏 ER 靶向序列或保留序列。
5. 权利要求 1 的方法,其中所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链表达于包含 DNA 的植物细胞器中。
6. 权利要求 1 的方法,其中所述外源性哺乳动物 P4H 包括用于靶向液泡的信号肽。
7. 权利要求 1 的方法,其中所述外源性哺乳动物 P4H 缺乏 ER 靶向序列或保留序列。
8. 权利要求 1 的方法,其中所述外源性哺乳动物 P4H 表达于包含 DNA 的植物细胞器中。
9. 权利要求 1 的方法,其中所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链是  $\alpha_1$  链。
10. 权利要求 1 的方法,其中所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链是  $\alpha_2$  链。
11. 权利要求 1 的方法,其中所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链包括 C- 末端和 / 或 N- 末端前肽。
12. 权利要求 1 的方法,其中所述植物选自烟草、玉米、苜蓿、稻、马铃薯、大豆、番茄、小麦、大麦、低芥酸菜子、胡萝卜和棉花。
13. 权利要求 1 的方法,其中所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链或所述外源性 P4H 只表达于所述植物的部分中。
14. 权利要求 13 的方法,其中所述植物的所述部分是叶、种子、根、块茎或茎。
15. 权利要求 1 的方法,其中所述外源性哺乳动物 P4H 能够使所述至少一种类型的所述胶原  $\alpha$  链的 Gly-X-Y 三联体的 Y 位置特异性羟基化。
16. 权利要求 14 的方法,其中所述外源性哺乳动物 P4H 是人 P4H。
17. 权利要求 1 的方法,其中对所述植物实施应激条件。
18. 权利要求 17 的方法,其中所述应激条件选自干旱、盐度、损伤、寒冷和喷射应激诱导化合物。
19. 核酸构建体,其包括置于在植物细胞中起作用的启动子的转录控制下、编码人 P4H 的多核苷酸,所述人 P4H 包括用于靶向液泡的信号肽。
20. 权利要求 19 的核酸构建体,其中所述启动子选自 CaMV 35S 启动子、遍在蛋白启动子、rbcS 启动子和 SVBV 启动子。

## 生产胶原的植物及其生成和使用方法

[0001] 发明领域和背景

[0002] 本发明涉及生产胶原的植物及其生成和使用方法。更具体而言，本发明涉及用于生成能够生产高水平羟基化胶原链的植物的新方法，所述胶原链能够形成天然的三股螺旋I型胶原纤维。

[0003] 胶原是负责脊椎动物和许多其他多细胞生物的结构完整性的主要结构蛋白。I型胶原代表原型的纤维胶原，并且是大多数组织中的主要胶原类型。

[0004] I型胶原是骨和腱中占优势的胶原组分，并且大量发现于皮肤、主动脉和肺中。I型胶原纤维提供极大的抗张强度和有限的伸长性。I型胶原的最丰富的分子形式是由2种不同的 $\alpha$ 链 [ $\alpha 1(I)$ ]<sub>2</sub> 和  $\alpha 2(I)$  组成的异源三聚体 (Inkinen, 2003)。所有纤维胶原分子都包含由重复的Gly-X-Y三联体构建的3种多肽链，其中X和Y可以是任何氨基酸，但通常是亚氨基酸脯氨酸和羟脯氨酸。

[0005] 形成原纤维的胶原作为包含球状N-和C-末端延伸前肽的前体前胶原而合成。前胶原的生物合成是牵涉多种不同的翻译后修饰的复杂过程，所述翻译后修饰包括脯氨酸和赖氨酸羟基化、N-连接的和O-连接的糖基化以及链内和链间二硫键的形成。执行这些修饰的酶以协同的方式起作用以确保正确排列和热稳定的三股螺旋分子的折叠和装配。

[0006] 每种前胶原分子由3种多肽链组成成分在粗面内质网内装配。因为多肽链共翻译地穿过内质网膜移位 (translocate)，所以脯氨酸和赖氨酸残基的羟基化发生在Gly-X-Y重复区域内。一旦多肽链完全移位到内质网腔内，C-前肽就折叠。3种前- $\alpha$ 链随后经由其C-前肽结合以形成三聚体分子，从而允许Gly-X-Y重复区域在其C-末端形成成核点，确保链的正确排列。Gly-X-Y区域随后在C-至-N方向折叠以形成三股螺旋。

[0007] 多肽链修饰和三股螺旋形成之间的时间关系是关键的，因为脯氨酸残基的羟基化是确保三股螺旋在体温下的稳定性必需的，一旦形成，三股螺旋就不再充当羟基化酶的底物。C-前肽（以及较少程度上的N-前肽）在前胶原通过细胞的过程中保持前胶原可溶 (Bulleid等人, 2000)。在前胶原分子分泌进入细胞外基质后或在这个过程中，通过前胶原N-和C-蛋白酶去除前肽，从而触发胶原分子自发地自身装配为原纤维 (Hulmes, 2002)。通过前胶原N-和C-蛋白酶去除前肽使前胶原的溶解性降低了>10000倍，并且是发动胶原自身装配成纤维所必需和充分的。对这个装配过程关键的是在三股螺旋结构域末端被称为端肽的短的非三股螺旋肽，它确保原纤维结构内的胶原分子的正确记录，并降低自身装配的临界浓度 (Bulleid等人, 2000)。在自然中，胶原的三股螺旋结构的稳定性需要由脯氨酰-4-羟化酶 (P4H) 对脯氨酸的羟基化，以在胶原链内形成羟脯氨酸残基。

[0008] 表达胶原链的植物是本领域已知的，参见例如，美国专利号6,617,431和(Merle等人, 2002, Ruggiero等人, 2000)。尽管植物能够合成包含羟脯氨酸的蛋白质，但与哺乳动物P4H相比，负责在植物细胞中合成羟脯氨酸的脯氨酰羟化酶显示出相对宽松的底物序列特异性，并因此只在Gly-X-Y三联体的Y位置包含羟脯氨酸的胶原生产需要植物共表达胶原和P4H基因 (Olson等人, 2003)。

[0009] 生产依赖于植物中天然存在的羟基化机制的人胶原的尝试得到了在脯氨酸羟基

化方面弱的胶原 (Merle 等人, 2002)。这种胶原在低于 30°C 的温度下熔解或失去其三股螺旋结构。胶原和脯氨酰 - 羟化酶的共表达产生稳定羟基化的胶原, 它在生物学上与体温时的应用相关 (Merle 等人, 2002)。

[0010] 赖氨酰羟化酶 (LH, EC 1.14.11.4)、半乳糖基转移酶 (EC2.4.1.50) 和葡糖基转移酶 (EC 2.4.1.66) 是在胶原翻译后修饰中牵涉的酶。它们序贯地将特定位置中的赖氨酰残基修饰为羟赖氨酰、半乳糖基羟赖氨酰和葡糖基半乳糖基羟赖氨酰残基。这些结构是胶原特有的并且是其功能活性必需的 (Wang 等人, 2002)。单独的人的酶, 赖氨酰羟化酶 3 (LH3) 可以催化羟赖氨酸连接的碳水化合物形成中的所有 3 个连续步骤 (Wang 等人, 2002)。

[0011] 烟草中表达的人胶原的羟赖氨酸形成少于 2% 的在牛胶原中发现的羟赖氨酸 (0.04% 残基 / 1.88% 残基)。这提示植物内源性的赖氨酰羟化酶不能充分地使胶原中的赖氨酸羟基化。

[0012] 在将本发明变为实践的同时, 本发明人揭示了胶原链的有效羟基化依赖于胶原链连同能够正确修饰这种多肽的酶的隔离。

### [0013] 发明概述

[0014] 根据本发明的一个方面, 提供了在植物或被分离的植物细胞中生产胶原的方法, 其包括在植物或被分离的植物细胞中, 以能够使至少一种类型的胶原  $\alpha$  链和外源性 P4H 积聚在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中的方式, 表达至少一种类型的胶原  $\alpha$  链和外源性 P4H, 从而在植物中生产胶原。

[0015] 根据本发明的一个另外的方面, 提供了

[0016] 根据下文描述的本发明的优选实施方案中进一步的特征, 该方法进一步包括在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中表达外源性 LH3。

[0017] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 至少一种类型的胶原  $\alpha$  链包括用于靶向质外体或液泡的信号肽。

[0018] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 至少一种类型的胶原  $\alpha$  链缺乏 ER 靶向序列或保留序列。

[0019] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 至少一种类型的胶原  $\alpha$  链表达于包含 DNA 的植物细胞器中。

[0020] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 外源性 P4H 包括用于靶向质外体或液泡的信号肽。

[0021] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 外源性 P4H 缺乏 ER 靶向序列或保留序列。

[0022] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 外源性 P4H 表达于包含 DNA 的植物细胞器中。

[0023] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 至少一种类型的胶原  $\alpha$  链是  $\alpha$  1 链。

[0024] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 至少一种类型的胶原  $\alpha$  链是  $\alpha$  2 链。

[0025] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 至少一种类型的胶原  $\alpha$  链包括 C- 末端和 / 或 N- 末端前肽。

[0026] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征, 植物选自烟草、玉米、苜蓿、稻、马铃薯、大豆、番茄、小麦、大麦、低芥酸菜子 (Canola) 和棉花。

[0027] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,至少一种类型的胶原  $\alpha$  链或外源性 P4H 只在植物的部分中表达。

[0028] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,植物的部分是叶、种子、根、块茎或茎。

[0029] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 能够使至少一种类型的胶原  $\alpha$  链的 Gly-X-Y 三联体的 Y 位置特异性羟基化。

[0030] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 是人 P4H。

[0031] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,对植物实施应激条件。

[0032] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,应激条件选自干旱、盐度、损伤、寒冷和喷射应激诱导化合物。

[0033] 根据本发明的另一方面,提供了基因修饰植物或被分离的植物细胞,其能够积聚具有羟基化模式的胶原  $\alpha$  链,所述羟基化模式与当胶原  $\alpha$  链表达于人细胞中时产生的模式相同。

[0034] 根据本发明的再一方面,提供了基因修饰植物或被分离的植物细胞,其能够在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中积聚胶原  $\alpha$  链。

[0035] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,基因修饰植物进一步包括外源性 P4H。

[0036] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,至少一种类型的胶原  $\alpha$  链包括用于靶向质外体或液泡的信号肽。

[0037] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,至少一种类型的胶原  $\alpha$  链缺乏 ER 靶向序列或保留序列。

[0038] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,至少一种类型的胶原  $\alpha$  链表达于包含 DNA 的植物细胞器中。

[0039] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 包括用于靶向质外体或液泡的信号肽。

[0040] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 缺乏 ER 靶向序列或保留序列。

[0041] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 表达于包含 DNA 的植物细胞器中。

[0042] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,胶原  $\alpha$  链是  $\alpha 1$  链。

[0043] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,胶原  $\alpha$  链是  $\alpha 2$  链。

[0044] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,胶原  $\alpha$  链包括 C- 末端和 / 或 N- 末端前肽。

[0045] 根据本发明的再一方面,提供了植物系统,其包括能够积聚胶原  $\alpha 1$  链的第一种基因修饰植物,和能够积聚胶原  $\alpha 2$  链的第二种基因修饰植物。

[0046] 根据本发明的再一方面,提供了植物系统,其包括能够积聚胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链的第一种基因修饰植物,以及能够积聚 P4H 的第二种基因修饰植物。

[0047] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,第一种基因修饰植物和第二种基因修饰植物中的至少一种进一步包括外源性 P4H。

[0048] 根据本发明的再一方面,提供了生产纤维胶原的方法,其包括:(a) 在第一种植物中表达胶原  $\alpha 1$  链;(b) 在第二种植物中表达胶原  $\alpha 2$  链;其中在第一种植物和第二种植物

中的表达被这样设置,从而使得胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链各自能够在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中积聚;和 (c) 使第一种植物与第二种植物杂交,并选择表达胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链的后代,从而生产纤维胶原。

[0049] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,该方法进一步包括在第一种植物和第二种植物的每一种中表达外源性 P4H。

[0050] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链中的每一种包括用于靶向质外体或液泡的信号肽。

[0051] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链中的每一种缺乏 ER 靶向序列或保留序列。

[0052] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,步骤 (a) 和 (b) 经由在包含 DNA 的植物细胞器中的表达来实现。

[0053] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 包括用于靶向质外体或液泡的信号肽。

[0054] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 缺乏 ER 靶向序列或保留序列。

[0055] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 表达于包含 DNA 的植物细胞器中。

[0056] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链中的每一种包括 C- 末端和 / 或 N- 末端前肽。

[0057] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 能够使至少一种类型的胶原  $\alpha$  链的 Gly-X-Y 三联体的 Y 位置特异性羟基化。

[0058] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,外源性 P4H 是人 P4H。

[0059] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,对第一种植物和第二种植物实施应激条件。

[0060] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,应激条件选自干旱、盐度、损伤、重金属毒性和寒冷应激。

[0061] 根据本发明的再一方面,提供了生产纤维胶原的方法,其包括:(a) 在第一种植物中表达胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链,其中在第一种植物中的表达被这样设置,从而使得胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链各自能够在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中积聚;(b) 在第二种植物中表达外源性 P4H,其能够在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中积聚;和 (c) 使第一种植物与第二种植物杂交,并选择表达胶原  $\alpha 1$  链、胶原  $\alpha 2$  链和 P4H 的后代,从而生产纤维胶原。

[0062] 根据本发明的再一方面,提供了核酸构建体,其包括置于在植物细胞中起作用的启动子的转录控制下、编码人 P4H 的多核苷酸。

[0063] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,启动子选自 CaMV 35S 启动子、遍在蛋白启动子、rbcS 启动子和 SVBV 启动子。

[0064] 根据本发明的再一方面,提供了基因修饰植物或被分离的植物细胞,其能够表达胶原  $\alpha 1$  链、胶原  $\alpha 2$  链、P4H、LH3 和蛋白酶 C 和 / 或蛋白酶 N。

[0065] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征,胶原  $\alpha 1$  链和胶原  $\alpha 2$  链各自能够在

缺乏内源性植物 P4H 活性的亚细胞区室中积聚。

[0066] 根据本发明的再一方面，提供了基因修饰植物或被分离的植物细胞，其能够积聚具有温度稳定性特征的胶原，所述温度稳定性特征与哺乳动物胶原的特征相同。

[0067] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征，胶原是 I 型胶原。

[0068] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征，哺乳动物胶原是人胶原。

[0069] 根据本发明的再一方面，提供了对于在植物中的表达进行最优化的胶原编码序列。

[0070] 根据所述优选实施方案中再进一步的特征，胶原编码序列为由 SEQ ID NO :1 所阐明的。

[0071] 本发明通过提供能够表达正确羟基化的胶原链成功地解决了目前已知构造的缺点，所述胶原链能够装配为具有与人胶原类似特性的胶原。

[0072] 除非另外定义，本文所使用的所有技术和科学术语具有与本发明所属领域普通技术人员通常理解相同的含义。尽管与本文所述那些相似或等同的方法和材料可以用于本发明的实践或测试中，但下文还是描述了适当的方法和材料。在冲突的情况下，以本专利说明书包括定义为准。此外，材料、方法和实施例仅是举例说明的，并不预期是限制性的。

[0073] 附图简述

[0074] 本发明在此处仅通过例子参考附图进行描述。现在特别详细地参考附图，要强调的是所显示的细节通过例子来进行并且仅用于本发明优选实施方案的举例说明性讨论的目的，并且为了提供被认为是本发明的原理和概念方面最有用和易于理解的描述而呈现。在这点上，不试图显示比基本理解本发明所需细节更多的本发明的结构细节，附图采用的描述使得本发明的几种形式如何能够在实践中体现对于本领域技术人员是显而易见的。

[0075] 在附图中：

[0076] 图 1a-d 举例说明了用于转化测试植物的各种表达盒和载体的构建。作为本研究的部分合成的所有编码序列对于烟草中的表达是最优化的。

[0077] 图 2 举例说明了各种共转化方法。每种表达盒由编码序列的短名表示。编码序列在表 1 中详细说明。每个共转化通过 2 个 pBINPLUS 二元载体来进行。每个长方形表示携带 1、2 或 3 个表达盒的单个 pBINPLUS 载体。启动子和终止子在实施例 1 中详细说明。

[0078] 图 3 是转化体的多重 PCR 筛选，显示出对于胶原 α 1 链 (324bp 片段) 或胶原 α 2 链 (537bp 片段) 或二者阳性的植物。

[0079] 图 4 是由共转化 2、3 和 4 产生的转基因植物的蛋白质印迹分析。

[0080] 从烟草共转化体 #2、#3 和 #4 中提取总可溶性蛋白，并用抗 - 胶原 I 抗体（来自 Chemicon Inc. 的 #AB745）进行检测。大小标记是来自 Fermentas Inc. 的 #SM0671。W. T. 是野生型烟草。阳性胶原条带在对于 I 型胶原 α 1 或 α 2 或二者为 PCR 阳性的植物中可见。来自人胎盘的 500ng I 型胶原（来自 Chemicon Inc. 的 #CC050，通过胃蛋白酶消化从人胎盘中提取）的阳性对照条带代表来自转基因植物的样品中的约 0.3% 总可溶性蛋白（约 150 μ g）。如通过 I 型胶原抗体的抗羧基末端前肽（来自 Chemicon Inc. 的 #MAB1913）所检测的，在人胶原样品中约 140kDa 的较大条带是含有其 C- 前肽的前胶原。在人胶原样品中约 120kDa 的较小条带是不含前肽的胶原。由于其罕见的组成，富含脯氨酸的蛋白质（包括胶原）作为具有高于预期的分子量的条带在聚丙烯酰胺凝胶上一致迁移。因此，分子量

约 95kDa、不含前肽的胶原链作为约 120kDa 的条带迁移。

[0081] 图 5 是由共转化 #8 (携带与胶原链翻译地融合的质外体 (appoplast) 信号) 产生的转基因植物的蛋白质印迹分析。从转基因烟草叶中提取总可溶性蛋白，并用抗 - 胶原 I 抗体 (来自 Chemicon Inc. 的 #AB745) 进行检测。阳性胶原  $\alpha$  2 条带在植物 8-141 中可见。来自人胎盘的 I 型胶原 (来自 Chemicon Inc. 的 #CC050) 充当对照。

[0082] 图 6a-b 举例说明根据热处理和胰蛋白酶或胃蛋白酶消化证实的胶原三股螺旋装配和热稳定性，在图 6a 中 – 对来自烟草 2-9 (只表达胶原  $\alpha$  1 且不表达 P4H) 和 3-5 (表达胶原  $\alpha$  1+2 以及人 P4H  $\alpha$  和  $\beta$  亚基) 的总可溶性蛋白实施热处理 (38°C 或 43°C 15 分钟)，随后为胰蛋白酶消化 (室温 20 分钟)，并用抗 - 胶原 I 抗体在蛋白质印迹方法中进行检测。阳性对照是 500ng 人胶原 I 样品 + 野生型烟草的总可溶性蛋白。在图 6b 中 – 从转基因烟草 13-6 (表达胶原 I  $\alpha$  1 和  $\alpha$  2 链 – 由箭标指出，人 P4H  $\alpha$  和  $\beta$  亚基以及人 LH3) 提取总可溶性蛋白，并实施热处理 (33°C、38°C 或 42°C 20 分钟)，立即在冰上冷却以防止三股螺旋重新装配，并于室温 (约 22°C) 与胃蛋白酶一起温育 30 分钟，随后在标准蛋白质印迹方法中用抗 - 胶原 I 抗体 (来自 Chemicon Inc. 的 #AB745) 进行检测。阳性对照是 ~ 50ng 人胶原 I 样品 (来自 Chemicon Inc. 的 #CC050，通过胃蛋白酶消化从人胎盘中提取)，将其加到从野生型烟草中提取的总可溶性蛋白中。

[0083] 图 7 举例说明了对野生型烟草进行的 RNA 印迹分析。印迹用烟草 P4HcDNA 进行探测。

[0084] 图 8 是由共转化 2,3 和 13 产生的转基因植物的蛋白质印迹分析。从烟草共转化体提取总可溶性蛋白，并用抗人 P4H  $\alpha$  和  $\beta$  以及抗胶原 I 抗体进行检测。

#### [0085] 优选实施方案的描述

[0086] 本发明是关于表达并积聚胶原的植物，所述植物可用于生产显示哺乳动物胶原特征的胶原和胶原纤维。

[0087] 参考附图和附加的描述可以更好地理解本发明的原理和操作。

[0088] 在详细解释本发明的至少一个实施方案之前，应当理解本发明在其应用方面不局限于下文描述中阐明或由实施例示例的细节。本发明能够是其他实施方案、或以各种方式加以实践或执行。同样，应当理解本文所采用的措辞和术语是用于描述的目的且不应被视为限制。

[0089] 生产胶原的植物是本领域已知的。尽管此类植物可以用于生产胶原链以及胶原，但此类链是不正确地羟基化的，并因此无论是在植物中还是不在植物中，其自身的装配导致内在不稳定的胶原。

[0090] 在将本发明变为实践的同时，本发明人设计了植物表达方法，它确保胶原链的正确羟基化并因此使得能够在植物中生产胶原，所述胶原紧密地模仿人 I 型胶原的特征 (例如，温度稳定性)。

[0091] 因此，根据本发明的一个方面，提供了基因修饰植物，它能够表达至少一种类型的胶原  $\alpha$  链，并将其积聚在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中。

[0092] 如本文所使用的，短语“基因修饰植物”指任何低等 (例如藓类) 或高等 (维管) 植物或组织或其被分离的细胞 (例如细胞悬浮液)，它用外源性多核苷酸序列稳定或瞬时转化。植物的例子包括烟草、玉米、苜蓿、稻、马铃薯、大豆、番茄、小麦、大麦、低芥酸菜子、棉

花、胡萝卜以及低等植物例如藓类。

[0093] 如本文所使用的，短语“胶原链”指胶原亚基，例如胶原纤维的  $\alpha 1$  或  $\alpha 2$  链，优选 I 型纤维。如本文所使用的，短语“胶原”指被装配的胶原三聚体，在 I 型胶原的情况下它包括 2 个  $\alpha 1$  链和 1 个  $\alpha 2$  链。胶原纤维是缺乏末端前肽 C 和 N 的胶原。

[0094] 如本文所使用的，短语“缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室”指细胞的任何被区室化的区域，它不包括植物 P4H 或具有植物样 P4H 活性的酶。此类亚细胞区室的例子包括液泡、质外体和细胞质，以及细胞器例如叶绿体、线粒体等。

[0095] 任何类型的胶原链都可以由本发明的基因修饰植物表达。例子包括形成原纤维的胶原 (I、II、III、V 和 XI 型)、形成网络的胶原 (IV、VIII 和 X 型)、与原纤维表面结合的胶原 (IX、XII 和 XIV 型)、作为跨膜蛋白存在的胶原 (XIII 和 XVII 型)、或形成 11nm 周期性珠状丝的胶原 (VI 型)。关于进一步的描述请参见 Hulmes, 2002。

[0096] 优选地，表达的胶原链是 I 型胶原  $\alpha 1$  和 / $\alpha 2$  链。表达的胶原  $\alpha$  链可以由来源于任何哺乳动物的任何多核苷酸序列编码。优选地，编码胶原  $\alpha$  链的序列是人的并且由 SEQ ID NO :1 和 4 阐明。

[0097] 一般地，在植物中表达的  $\alpha$  胶原链可以包括或不包括其末端前肽（即前肽 C 和前肽 N）。

[0098] Ruggiero 等人 (2000) 指出前胶原经由植物蛋白水解活性的处理不同于在人中的正常处理，并且前肽 C 通过植物蛋白水解活性去除，尽管切割位点不明。前肽 C 的切割可以在三聚体装配之前 (3 种 C- 前肽的结合是发动三聚体装配所必需的) 发生在前胶原肽上。

[0099] 经由植物蛋白水解活性的 N- 前肽切割发生在成熟植物中而不发生在小植物中。此类切割去除来自 N 端肽的 2 个氨基酸 (17 个中的 2 个)。

[0100] C- 前肽 (以及较少程度上的 N- 前肽) 在前胶原通过动物细胞的过程中保持前胶原可溶 (Bulleid 等人, 2000)，并且预期在植物细胞中有类似作用。在前胶原分子分泌进入细胞外基质后或在这个过程中，通过前胶原 N- 和 C- 蛋白酶去除前肽，从而触发胶原分子自发地自身装配为原纤维 (Hulmes, 2002)。通过前胶原 N- 和 C- 蛋白酶去除前肽使前胶原的溶解性降低了 > 10000 倍，并且是发动胶原自身装配成纤维所必需和充分的。对这个装配过程关键的是在三股螺旋结构域末端被称为端肽的短的非三股螺旋肽，它确保原纤维结构内的胶原分子的正确记录，并降低自身装配的临界浓度 (Bulleid 等人, 2000)。现有技术描述了在胶原生产过程中利用胃蛋白酶切割前肽 (Bulleid 等人 2000)。然而胃蛋白酶破坏端肽，并且因此，胃蛋白酶提取的胶原不能形成有序的原纤维结构 (Bulleid 等人 2000)。

[0101] 形成人 P4H  $\beta$  亚基的蛋白质二硫键异构酶 (PDI) 显示在三聚体装配之前与 C- 前肽结合，因此在链的装配过程中还充当分子伴侣 (Ruggiero 等人, 2000)。在不同植物中表达的人前胶原 I N- 蛋白酶和前胶原 C- 蛋白酶的使用可以产生更类似于天然的人胶原的胶原，并且可以形成有序的原纤维结构。

[0102] 在其中 N 或 C 前肽或二者包括在表达的胶原链中的情况下，本发明的基因修饰植物还可表达分别的蛋白酶 (即，C 或 N 或二者)。编码此类蛋白酶的多核苷酸序列由 SEQ ID NO :18 (蛋白酶 C) 和 20 (蛋白酶 N) 示例。此类蛋白酶可以被这样表达，从而使得它们在与胶原链相同的亚细胞区室中积聚。

[0103] 表达的胶原链在缺乏内源性 P4H 活性的亚细胞区室中的积聚可以经由几种方法

中的任何一种来实现。

[0104] 例如,表达的胶原链可以包括用于将表达的蛋白靶向亚细胞区室例如质外体或细胞器(例如叶绿体)的信号序列。适当的信号序列的例子包括叶绿体转运肽(包括在Swiss-Prot的登录号P07689中,氨基酸1-57)和线粒体转运肽(包括在Swiss-Prot的登录号P46643中,氨基酸1-28)。下文实施例部分提供了适当的信号序列的另外例子以及关于在植物细胞的胶原链表达中采用此类信号序列的指导方针。

[0105] 可替代地,当在植物中表达时,胶原链的序列可以以改变胶原细胞定位的方式进行修饰。

[0106] 如上文所提及的,植物的ER包括不能使胶原链正确羟基化的P4H。胶原 $\alpha$ 链天然地包括ER靶向序列,它指导表达的胶原进入ER,在其中它被翻译后修饰(包括不正确的羟基化)。因此,ER靶向序列的去除将导致缺乏翻译后修饰(包括任何羟基化)的胶原链的细胞质积聚。

[0107] 下文实施例部分的实施例1描述了缺乏ER序列的胶原序列的生产。

[0108] 再可替代地,胶原链可以被表达并积聚在包含DNA的细胞器例如叶绿体或线粒体中。叶绿体表达的进一步描述在下文中提供。

[0109] 如上文所提及的, $\alpha$ 链的羟基化是稳定的I型胶原装配所必需的。因为通过本发明基因修饰植物表达的 $\alpha$ 链积聚在缺乏内源性P4H活性的区室内,所以必须从植物、植物组织或细胞中分离此类链并在体外进行羟基化。此类羟基化可以通过Turpeenniemi-Hujanen和Myllyla(Concomitant hydroxylation of proline and lysine residues in collagen using purified enzymes in vitro. Biochim Biophys Acta. 1984 Jul 16;800(1):59-65)所述方法实现。

[0110] 尽管此类体外羟基化可以产生正确羟基化的胶原链,但它的实现是困难且代价高的。

[0111] 为了克服体外羟基化的局限,本发明的基因修饰植物优选还共表达P4H,它能使胶原 $\alpha$ 链正确羟基化[即只在Gly-X-Y三联体的脯氨酸(Y)位置上羟基化]。P4H是由2个亚基 $\alpha$ 和 $\beta$ 组成的酶。二者都是形成活性酶所必需的,而 $\beta$ 亚基还具有伴侣功能。

[0112] 通过本发明的基因修饰植物表达的P4H优选是人P4H,它由例如SEQ ID NO:12和14编码。此外,还可使用显示增强的底物特异性的P4H突变体或P4H同源物。

[0113] 适当的P4H同源物由NCBI编号NP\_179363鉴定的鼠耳芥属(*Arabidopsis*)氧化还原酶示例。由本发明人进行的这种蛋白质序列和人P4H $\alpha$ 亚基的逐对比对揭示了任何已知的植物P4H同源物的功能结构域之间的最高同源性。

[0114] 因为P4H需要与表达的胶原链共积聚,所以其编码序列优选相应地进行修饰(加入信号序列、可能阻止ER靶向的缺失,等等)。

[0115] 在哺乳动物细胞中,胶原还通过赖氨酰羟化酶、半乳糖基转移酶和葡糖基转移酶进行修饰。这些酶序贯地将特定位置的赖氨酰残基修饰为羟赖氨酰、半乳糖基羟赖氨酰和葡糖基半乳糖基羟赖氨酰残基。单独的人的酶,赖氨酰羟化酶3(LH3)可以催化羟赖氨酸连接的碳水化合物形成中的所有3个连续步骤。

[0116] 因此,本发明的基因修饰植物还优选表达哺乳动物LH3。编码LH3的序列例如SEQ ID NO:22所阐明的那些可以用于此类用途。

[0117] 上文描述的胶原链和修饰酶可以由稳定整合或瞬时表达的核酸构建体进行表达，所述核酸构建体包括编码  $\alpha$  链和 / 或修饰酶（例如 P4H 和 LH3）、置于植物功能启动子的转录控制下的多核苷酸序列。此类核酸构建体（它在本文中也被称为表达构建体）可以被设置为在遍及完整植物、限定的植物组织或限定的植物细胞、或在植物的限定发育阶段进行表达。此类构建体还可包括选择标记（例如抗生素抗性）、增强子元件和用于细菌复制的复制起点。

[0118] 应当理解包括 2 种可表达的插入片段（例如 2 个  $\alpha$  链类型、或  $\alpha$  链和 P4H）的构建体优选包括适合于每种插入片段的单独启动子，或可替代地，此类构建体可以表达包括来自单个启动子的 2 个插入序列的单个转录物嵌合体。在这种情况下，嵌合转录物包括在 2 个插入序列之间的 IRES 序列，从而使得下游插入片段可以从那里被翻译。

[0119] 本发明的构建体可以采用众多植物功能表达启动子和增强子，它们可以是组织特异性、发育特异性、组成型或诱导型的，下文提供了一些例子。

[0120] 如本说明书此处和随后的权利要求部分所使用的，短语“植物启动子”或“启动子”包括可以指导植物细胞（包括包含 DNA 的细胞器）中的基因表达的启动子。此类启动子可以来源于植物、细菌、病毒、真菌或动物来源。此类启动子可以是组成型的，即能够指导在多个植物组织中的高水平基因表达，组织特异性的，即能够指导在一种或多种特定植物组织中的基因表达，诱导型的，即能够在刺激下指导基因表达，或嵌合的，即由至少 2 个不同的启动子部分形成。

[0121] 因此，所使用的植物启动子可以是组成型启动子、组织特异性启动子、诱导型启动子或嵌合启动子。

[0122] 组成型植物启动子的例子包括，但不限于，CaMV35S 和 CaMV19S 启动子、FMV34S 启动子、甘蔗杆状病毒 (sugarcane bacilliformbadnavirus) 启动子、CsVMV 启动子、鼠耳芥 ACT2/ACT8 肌动蛋白启动子、鼠耳芥遍在蛋白 UBQ1 启动子、大麦叶硫素 BTH6 启动子和稻肌动蛋白启动子。

[0123] 组织特异性启动子的例子包括，但不限于，豆菜豆蛋白贮存蛋白启动子、DLEC 启动子、PHS 启动子、玉米醇溶蛋白贮存蛋白启动子、来自大豆的羽扇豆球蛋白  $\gamma$  启动子、AT2S1 基因启动子、来自鼠耳芥的 ACT11 肌动蛋白启动子、来自欧洲油菜 (Brassica napus) 的 napA 启动子和马铃薯 patatin 基因启动子。

[0124] 诱导型启动子是由特异性的刺激例如应激条件（包括例如光、温度、化学制剂、干旱、高盐度、渗透压休克）、氧化剂条件或在致病性的情况下诱导的启动子，并且包括，但不限于，来源于豌豆 rbcS 基因的光诱导型启动子，来自苜蓿 rbcS 基因的启动子，在干旱时活化的启动子 DRE、MYC 和 MYB；在高盐度和渗透压应激下活化的启动子 INT、INPS、prxEa、Ha hsp17.7G4 和 RD21，以及在致病性应激下活化的启动子 hsr203J 和 str246C。

[0125] 优选地，本发明使用的启动子是强组成型启动子，从而使得构建体插入片段的超表达在植物转化后实现。

[0126] 应当理解，本发明所使用的任何构建体类型都可以利用每种构建体类型中相同或不同的选择标记共转化到相同的植物中。可替代地，第一种构建体类型可以导入第一种植物中，而第二种构建体类型可以导入第二种等基因植物中，之后由此产生的转基因植物可以进行杂交并选择双重转化体的后代。此类后代的进一步自交可以用于产生 2 种构建体的

纯合系。

[0127] 存在将核酸构建体导入单子叶植物和双子叶植物的各种方法 (Potrykus, I., Annu. Rev. Plant. Physiol., Plant. Mol. Biol. (1991) 42 :205-225; Shimamoto 等人, Nature (1989) 338 :274-276)。此类方法依赖于核酸构建体或其部分稳定整合到植物基因组中, 或在其中这些序列不由植物后代遗传的情况下依赖于核酸构建体的瞬时表达。

[0128] 此外, 存在可以将核酸构建体直接导入包含 DNA 的细胞器例如叶绿体的 DNA 中的几种方法。

[0129] 存在实现外源序列例如包括在本发明的核酸构建体内的那些稳定地基因组整合到植物基因组中的 2 种基本方法 :

[0130] (i) 土壤杆菌属 (*Agrobacterium*) - 介导的基因转移 :Klee 等人 (1987) Annu. Rev. Plant Physiol. 38 :467-486; Klee 和 Rogers, Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants, 第 6 卷, Molecular Biology of Plant Nuclear Genes, eds. Schell, J., 和 Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) 第 2-25 页; Gatenby, Plant Biotechnology, eds. Kung, S. 和 Arntzen, C. J., Butterworth Publishers, Boston, Mass. (1989) 第 93-112 页。

[0131] (ii) DNA 直接摄取 :Paszkowski 等人, Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants, 第 6 卷, Molecular Biology of Plant Nuclear Genes eds. Schell, J., 和 Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) 第 52-68 页; 包括用于将 DNA 直接摄入原生质体中的方法, Toriyama, K. 等人 (1988) Bio/Technology 6 :1072-1074。通过植物细胞短暂电休克诱导的 DNA 摄取 :Zhang 等人 Plant Cell Rep. (1988) 7 :379-384. Fromm 等人 Nature (1986) 319 :791-793。通过粒子轰击, Klein 等人 Bio/Technology (1988) 6 :559-563; McCabe 等人 Bio/Technology (1988) 6 :923-926; Sanford, Physiol. Plant. (1990) 79 :206-209; 通过使用微量移液管系统, Neuhaus 等人, Theor. Appl. Genet. (1987) 75 :30-36; Neuhaus 和 Spangenberg, Physiol. Plant. (1990) 79 :213-217; 或通过将 DNA 与发芽的花粉直接温育, DeWet 等人 Experimental Manipulation of Ovule Tissue, eds. Chapman, G. P. 和 Mantell, S. H. 和 Daniels, W. Longman, London, (1985) 第 197-209 页; 和 Ohta, Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1986) 83 :715-719, 将 DNA 注射到植物细胞或组织中。

[0132] 土壤杆菌属系统包括质粒载体的使用, 所述质粒载体包含整合到植物基因组 DNA 中的限定的 DNA 片段。植物组织的接种方法依赖于植物物种和土壤杆菌属送递系统而变。广泛使用的方法是叶盘法, 它可以由任何组织外植体来进行, 所述外植体提供用于发动整个植物分化的良好来源。Horsch 等人 Plant Molecular Biology Manual A5, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (1988) 第 1-9 页。补充方法采用与真空渗透组合的土壤杆菌属送递系统。土壤杆菌属系统在转基因双子叶植物的制备中尤其可行。

[0133] 存在直接将 DNA 转移到植物细胞中的各种方法。在电穿孔中, 使原生质体短暂地暴露在强电场中。在显微注射中, 利用极小的微量移液管将 DNA 机械地直接注射到细胞中。在微粒轰击中, DNA 吸附在微粒例如硫酸镁晶体、钨颗粒或金颗粒上, 并且微粒物理加速进入细胞或植物组织中。

[0134] 转化后进行植物繁殖。最常见的植物繁殖法是通过种子。然而通过种子繁殖的

再生具有由于杂合性而在农作物中缺少一致性的缺陷,因为根据孟德尔定律决定的遗传变异,种子通过植物产生。基本上,每个种子在遗传上不同并且每个将伴随其自身的特殊性状生长。因此,优选被转化的植物被这样生产,从而使得再生的植物具有与亲本转基因植物相同的性状和特征。因此,优选被转化的植物通过微繁殖 (micropropagation) 进行再生,所述微繁殖提供被转化植物的快速、一致的生殖。

[0135] 可以用于瞬时表达包括在本发明的核酸构建体内的被分离核酸的瞬时表达法包括,但不限于,如上所述的显微注射和轰击,但在有利于瞬时表达的条件下,和病毒介导的表达,其中包括核酸构建体的被包装或未包装的重组病毒载体用于感染植物组织或细胞,从而使得其中确立的繁殖的重组病毒表达非病毒的核酸序列。

[0136] 已显示对于植物宿主转化有用的病毒包括 CaMV、TMV 和 BV。利用植物病毒的植物转化描述于美国专利号 4,855,237(BGV)、EP-A67,553(TMV)、日本公开申请号 63-14693(TMV)、EPA 194,809(BV)、EPA 278,667(BV); 和 Gluzman, Y. 等人, Communications in Molecular Biology :Viral Vectors, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, pp. 172-189(1988) 中。用于在多种宿主包括植物中表达外来 DNA 的假病毒颗粒描述于 WO 87/06261 中。

[0137] 用于在植物中导入和表达非病毒性外源核酸序列的植物 RNA 病毒的构建由上述参考文献以及 Dawson, W. O. 等人, Virology (1989) 172 :285-292; Takamatsu 等人 EMBOJ. (1987) 6 :307-311; French 等人 Science (1986) 231 :1294-1297; 和 Takamatsu 等人 FEBS Letters (1990) 269 :73-76 证实。

[0138] 当病毒是 DNA 病毒时,可以对病毒自身进行构建。可替代地,病毒可以首先克隆到细菌质粒中以用于容易地构建含有外来 DNA 的所需病毒载体。病毒随后可以从质粒中切除。如果病毒是 DNA 病毒,则可以将细菌的复制起点附着在病毒 DNA 上,所述病毒 DNA 随后通过细菌进行复制。这种 DNA 的转录和翻译将产生外壳蛋白,它将使病毒 DNA 壳体化。如果病毒是 RNA 病毒,则该病毒通常作为 cDNA 被克隆并插入质粒中。质粒随后用于制备所有构建体。RNA 病毒随后通过转录质粒的病毒序列并翻译病毒基因以产生使病毒 RNA 壳体化的外壳蛋白来产生。

[0139] 用于在植物中导入和表达非病毒性外源核酸序列的植物 RNA 病毒的构建由上述参考文献以及美国专利号 5,316,931 证实,所述外源核酸序列例如本发明构建体中包括的那些。

[0140] 在一个实施方案中,提供了植物病毒性核酸,其中天然的外壳蛋白编码序列已从病毒核酸中缺失,已插入非天然的植物病毒外壳蛋白的编码序列和非天然的启动子,优选非天然的外壳蛋白编码序列的亚基因组启动子,其能够在植物宿主中表达,包装重组的植物病毒核酸,并确保通过重组的植物病毒核酸全身地感染宿主。可替代地,外壳蛋白基因可以通过在其中插入非天然的核酸序列来灭活,从而产生蛋白质。重组的植物病毒核酸可以包含一个或多个另外的非天然的亚基因组启动子。每个非天然的亚基因组启动子都能够在植物宿主中转录或表达邻近基因或核酸序列,并且不能互相重组以及与天然的亚基因组启动子重组。如果包括超过一个的核酸序列,则插入的非天然(外来)核酸序列可以邻近天然的植物病毒亚基因组启动子、或邻近天然的和非天然的植物病毒亚基因组启动子。非天然的核酸序列在亚基因组启动子控制下在宿主植物中被转录或表达,以生产所需产品。

[0141] 在第二个实施方案中,提供的重组的植物病毒核酸与第一个实施方案中的一样,只是除了将天然的外壳蛋白编码序列置于邻近一个非天然的外壳蛋白亚基因组启动子而不是非天然的外壳蛋白编码序列。

[0142] 在第三个实施方案中,提供重组的植物病毒核酸,其中天然外壳蛋白的基因邻近其亚基因组启动子,且一个或多个非天然亚基因组启动子已插入到病毒核酸中。插入的非天然的亚基因组启动子能够在植物宿主中转录或表达邻近基因,并且不能互相重组及与天然的亚基因组启动子重组。插入的非天然的核酸序列可以邻近非天然的亚基因组植物病毒启动子,从而使得所述序列在亚基因组启动子控制下在宿主植物中被转录或表达,以生产所需产品。

[0143] 在第四个实施方案中,提供的重组的植物病毒核酸与第三个实施方案中的一样,只是除了天然的外壳蛋白编码序列由非天然的外壳蛋白编码序列替代。

[0144] 病毒载体通过由重组的植物病毒核酸编码的外壳蛋白进行壳体化,以生产重组的植物病毒。重组的植物病毒核酸或重组的植物病毒用于感染适当的宿主植物。重组的植物病毒核酸能够在宿主中复制、在宿主中全身地扩散、并且在宿主中转录或表达外来基因(被分离的核酸),以生产所需蛋白。

[0145] 用于将外源核酸序列导入叶绿体基因组的技术是已知的。这种技术包括下列过程。首先,植物细胞被化学处理以便将每个细胞的叶绿体数目减少至约一个。随后,外源核酸经由粒子轰击导入细胞中以用于将至少一种外源核酸分子导入叶绿体中。选择外源核酸从而使得它能够经由同源重组整合到叶绿体基因组中,所述同源重组易于通过叶绿体固有的酶来实现。为此,外源核酸除了目的基因之外还包括至少一个核酸段,它来源于叶绿体基因组。此外,外源核酸包括选择标记,它通过序贯选择过程以用于确定所有或基本上所有的叶绿体基因组拷贝在此类选择后将包括外源核酸。关于这种技术的进一步的细节在美国专利号 4,945,050 和 5,693,507 中找到,所述专利引入本文作为参考。因此多肽可以通过叶绿体的蛋白质表达系统来生产并且变得整合到叶绿体内膜中。

[0146] 上述转化方法可以用于在任何物种的植物、或植物组织或来源于那里的被分离的植物细胞中生产胶原链和 / 或修饰酶以及被装配的胶原(含或不含前肽)。

[0147] 优选的植物是能够积聚大量本文描述的胶原链、胶原和 / 或加工酶的那些。还可根据其对应激条件的抗性和其中表达的组分或被装配的胶原可以被提取的容易性来选择此类植物。优选的植物的例子包括烟草、玉米、苜蓿、稻、马铃薯、大豆、番茄、小麦、大麦、低芥酸菜子和棉花。

[0148] 胶原纤维广泛地用于食物和化妆品工业中。因此,尽管由植物表达的胶原纤维组分( $\alpha$  链)和修饰酶在胶原的工业合成中找到功用,但由于其简单性和成本效率,优选在植物中生产完整的胶原。

[0149] 几种方法可以用于在植物中生成 I 型胶原。例如可以从表达胶原  $\alpha$  1 和 P4H(和任选的 LH3)的植物中分离胶原  $\alpha$  1 链并且将其与胶原  $\alpha$  2 链混合,所述胶原  $\alpha$  2 链从表达胶原  $\alpha$  2 和 P4H(和任选的 LH3 以及蛋白酶 C 和 / 或 N)的植物中分离。因为胶原  $\alpha$  1 链自动地自身装配为三股螺旋,所以在混合之前可能必须使此类同源三聚体变性,且与胶原  $\alpha$  2 链一起复性。

[0150] 优选地,表达胶原  $\alpha$  1 和 P4H(和任选的 LH3 以及蛋白酶 C 和 / 或 N)的第一种植

物可以与表达胶原  $\alpha$  2 的第二种（且优选等基因的）植物杂交，或可替代地，表达 2 种  $\alpha$  链的第一种植物可以与表达 P4H 和任选的 LH3 以及蛋白酶 C 和 / 或 N 的第二种植物杂交。  
[0151] 应当指出尽管上述植物育种方法使用 2 种单独转化的植物，但使用 3 种或更多种单独转化的植物的方法也可采用，所述植物各自表达 1 种或 2 种组分。

[0152] 本领域的普通技术人员知道各种植物育种技术并且因此本文不提供此类技术的进一步描述。

[0153] 尽管植物育种方法是优选的，但应当指出表达胶原  $\alpha$  1 和 2、P4H 和 LH3（和任选的蛋白酶 C 和 / 或 N）的单个植物可以经由数个转化事件产生，每个所述转化事件被设计用于将再一个可表达的组分导入细胞中。在这种情况下，每个转化事件的稳定性可以利用特异性的选择标记进行验证。

[0154] 在任何情况下，转化和植物育种方法都可以用于生成表达任何数目的组分的任何植物。目前优选的是表达胶原  $\alpha$  1 和 2 链、P4H、LH3 和至少一种蛋白酶（例如蛋白酶 C 和 / 或 N）的植物。如下文实施例部分将进一步描述的，此类植物积聚在最高达 42°C 的温度下显示出稳定性的胶原。

[0155] 由育种产生的后代，或可替代地，多重转化的植物可以通过使用核酸或蛋白质探针（例如抗体）证实外源 mRNA 和 / 或多肽的存在来选择。后面的方法是优选的，因为它能够定位所表达的多肽组分（通过例如，探测分级分离的植物提取物），并因此同样证实了用于正确加工和装配的潜力。适当的探针的例子在下文实施例部分提供。

[0156] 一旦表达胶原的后代被鉴别，此类植物就进一步在使胶原链以及修饰酶最大化表达的条件下进一步培育。

[0157] 因为游离的脯氨酸积聚可以促进不同的富含脯氨酸的蛋白质的过度生产，所述蛋白质包括由本发明的基因修饰植物表达的胶原链，所以优选的培育条件是增加被培育植物中游离脯氨酸积聚的那些。

[0158] 游离脯氨酸响应于广泛的环境应激而在多种植物中积聚，所述环境应激包括剥夺、盐化、低温、高温、病原体感染、重金属毒性、无氧生活、养分缺乏、大气污染和紫外线照射 (Hare 和 Cress, 1997)。

[0159] 游离脯氨酸还可响应于经由化合物例如 ABA，或应激诱导化合物例如铜盐、百草枯 (paraquat)、水杨酸等处理植物或土壤而积聚。

[0160] 因此，表达胶原的后代可以在不同的应激条件（例如 50mM- 最高达 250mM 的不同的 NaCl 浓度）下生长。为了进一步增强胶原的生产，将检查各种应激条件对胶原表达的作用，并关于植物生活力、生物量和胶原积聚进行最优化。

[0161] 植物组织 / 细胞优选在成熟期进行收获，并且利用众所周知的现有技术的提取方法分离胶原纤维，下文描述了一种此类方法。

[0162] 转基因植物的叶子在液氮下被磨成粉末，并且于 4°C 在包含 0.2MNaCl 的 0.5M 乙酸中提取匀浆物 60 小时。通过离心去除不溶的材料。包含重组胶原的上清液在 0.4M 和 0.7M NaCl 下进行盐分级分离。包含重组的异源三聚体胶原的 0.7M NaCl 沉淀物溶解于 0.1M 乙酸中并针对其进行透析，并储存于 -20°C（根据 Ruggiero 等人, 2000）。

[0163] 在检查下列实施例后本发明的其他目的、优点和新型特征对于本领域的普通技术人员而言将是显而易见的，所述实施例不预期是限制性的。另外，如上文所描绘的和下文权

利要求部分所请求保护的本发明的各种实施方案和方面中的每一个在下列实施例中都能找到实验支持。

[0164] 实施例

[0165] 现在参考下列实施例,所述实施例与上述说明书一起以非限制性的方式举例说明本发明。

[0166] 一般地,本文所使用的术语和本发明中使用的实验程序包括分子、生物化学、微生物学和重组DNA技术。此类技术在文献中得到充分说明。参见,例如“Molecular Cloning :A laboratory Manual”Sambrook等人(1989);“Current Protocols in Molecular Biology”第I-III卷Ausubel, R. M. , ed. (1994);Ausubel等人,“CurrentProtocols in Molecular Biology”,John Wiley 和 Sons,Baltimore,Maryland(1989);Perbal,“A Practical Guide to MolecularCloning”, John Wiley&Sons, New York(1988);Watson等人,“Recombinant DNA”, Scientific American Books, New York;Birren 等人(eds),“Genome Analysis : A Laboratory Manual Series”,第1-4卷, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York(1998);美国专利号4,666,828;4,683,202;4,801,531;5,192,659 和 5,272,057 中所阐明的方法;“Cell Biology :A Laboratory Handbook”, 第 I-III 卷 Cellis, J. E. , ed. (1994);“Current Protocols in Immunology”第 I-III 卷 Coligan J. E. ,ed. (1994); Stites 等人(eds),“Basic and ClinicalImmunology”(第 8 版), Appleton&Lange, Norwalk, CT(1994);Mishell 和 Shiigi(eds),“Selected Methods in Cellular Immunology”, W. H. Freeman and Co. , New York(1980);可用的免疫测定广泛描述于专利和科学文献中,参见,例如,美国专利号3,791,932;3,839,153;3,850,752;3,850,578;3,853,987;3,867,517;3,879,262;3,901,654;3,935,074;3,984,533;3,996,345;4,034,074;4,098,876;4,879,219;5,011,771 和 5,281,521;“Oligonucleotide Synthesis”Gait, M. J. , ed. (1984);“Nucleic Acid Hybridization”Hames, B. D. , 和 Higgins S. J. , eds. (1985);“Transcription and Translation”Hames, B. D. , 和 Higgins S. J. , Eds. (1984);“Animal Cell Culture”Freshney, R. I, ed. (1986);“Immobilized Cells and Enzymes”IRL Press, (1986);“A Practical Guide to Molecular Cloning”Perbal, B. , (1984) 和“Methods in Enzymology” 第 1-317 卷, Academic Press;“PCRProtocols :A Guide To Methods And Applications”, Academic Press, San Diego, CA(1990);Marshak 等人,“Strategies for ProteinPurification and Characterization-A Laboratory Course Manual”CSHL Press(1996);所有这些都如本文完全阐明的那样引入本文作为参考。这个文件自始至终提供了其他的一般参考文献。其中的程序被认为是本领域众所周知的并且为了读者的方便而提供。其中包含的所有信息都引入本文作为参考。

[0167] 实施例 1

[0168] 构建体和转化方案

[0169] 图 1a-d 中举例说明了在这项工作中使用的表达盒和载体的构建。这项工作中的所有编码序列都对于在烟草中的表达进行最优化,并与所需侧翼区 (SEQ ID NO:1、4、7、12、14、16、18、20、22) 一起进行化学合成。图 1a- 编码与液泡信号或质外体信号 (由 SEQ IDNO: 7 编码) 融合的、或不含信号的 Col1 和 Col2 的合成基因 (SEQ ID1、4) 在由菊花 rbcS1 启

动子和 5' UTR (SEQ ID NO :10) 以及菊花 rbcS13' UTR 和终止子 (SEQ ID NO :11) 组成的表达盒中进行克隆。将完整的表达盒克隆到 pBINPLUS 植物转化载体的多克隆位点中 (van Engelen 等人, 1995, Transgenic Res 4 :288-290)。图 1b- 编码与液泡信号或质外体信号 (由 SEQ ID NO :7 编码) 融合的、或不含信号的 P4H  $\beta$ - 人、P4H  $\alpha$ - 人和 P4H- 植物 (SEQ ID NO :12、14 和 16) 的合成基因在由载体 pJD330 携带的 CaMV 35S 启动子和 TMV  $\omega$  序列和土壤杆菌属胭脂碱合成酶 (NOS) 终止子组成的表达盒中进行克隆 (Galili 等人, 1987, Nucleic Acids Res 15 :3257-3273)。将完整的表达盒克隆到携带 Co11 或 Co12 表达盒的 pBINPLUS 载体的多克隆位点中。图 1c- 编码与液泡信号或质外体信号 (由 SEQ ID NO :7 编码) 融合的蛋白酶 C 和蛋白酶 N (SEQ ID NO :18、20) 的合成基因在由菊花 rbcS1 启动子和 5' UTR (SEQ ID NO :10) 以及菊花 rbcS13' UTR 和终止子 (SEQ ID NO :11) 组成的表达盒中进行克隆。将完整的表达盒克隆到 pBINPLUS 植物转化载体的多克隆位点中。图 1d- 编码与液泡信号或质外体信号 (由 SEQ ID NO :7 编码) 融合的、或不含信号的、具有侧翼的草莓镶脉病毒 (SVBV) 启动子 (NCBI 编号 AF331666REGION :623..950 版本 AF331666.1GI :13345788) 并由土壤杆菌属章鱼碱 (octopin) 合酶 (OCS) 终止子 (NCBI 编号 Z37515REGION :1344..1538 版本 Z37515.1GI :886843) 终止的 LH3 的合成基因 (SEQ ID NO :22) 在携带 Co11 和 P4H  $\beta$  表达盒的 pBINPLUS 载体的多克隆位点中进行克隆。

[0170] 在图 2 中举例说明了利用图 1 中描述的表达盒进入宿主植物的共转化方案。每个表达盒插入片段由编码序列的短名表示。编码序列和相关的 SEQ ID NO 描述于表 1 中。每次共转化由 2 个 pBINPLUS 二元载体来进行。每个长方形表示携带 1、2 或 3 个表达盒的单个 pBINPLUS 载体。启动子和终止子在图 1 中详细说明。

[0171] 实施例 2

[0172] 植物胶原表达

[0173] 下表 1 中列出的编码蛋白质的合成的多核苷酸序列对于在烟草植物中的表达进行设计和最优化。

[0174] 表 1- 表达的蛋白质的列表

[0175]

名称 :	SwissProt 编号	氨基 酸	剪接同工 型	缺失	名称	包 括 在 S E Q ID NO 中	由 SEQ ID NO 编码
胶原 $\alpha$ 1(I) 链 [前体]	p02452	1442	一种形式	ER 信号	Co11	3	1
胶原 $\alpha$ 2(I) 链 [前体]	p08123 在 p08123 中进 行 2 种改变： D549A 和 N249I	1342	一种形式	ER 信号	Co12	6	4
脯氨酸 4- 羟化 酶 $\beta$ 亚基	p07237	487	一种形式	ER 信号, KDEL	P4H $\beta$ 人	13	12

脯氨酰 4- 羟化酶 α 1 亚基	p13674	517	P13674-1	ER 信号	P4H α 人	15	14
脯氨酰 4- 羟化酶植物	没有记入 SwissProt。NCBI 编号 :gi : 15227885	252	一种形式	线粒体信号 预期为 : 氨基酸 1-39	P4H 植物	17	16
前胶原 C- 蛋白酶	p13497	866	P13497-1 BMP1-3	ER 信号, 前肽	蛋白酶 C	19	18
前胶原 I N- 蛋白酶	o95450	958	095450-1 LpNPI	ER 信号, 前肽	蛋白酶 N	21	20
赖氨酰羟化酶 3	o60568	714	一种形式	ER 信号	LH3	23	22

[0176] 信号肽

[0177] (i) 用于巯基蛋白酶 aleurain 前体 (NCBI 编号 P05167GI :113603) 的大麦基因的液泡信号序列

[0178] MAHARVLLALAVLATAAVAVASSSSFADSNPIRPVTDRAASTLA (SEQ IDNO :24)。

[0179] (ii) 鼠耳芥 (Arabidopsis thaliana) 内切 -1,4- β - 葡聚糖酶的质外体信号 (Cell, NCBI 编号 CAA67156.1GI :2440033) ;SEQ ID NO. 9, 由 SEQ ID NO. 7 编码。

[0180] 质粒的构建

[0181] 如实施例 1 所教导的构建植物表达载体, 每种被构建的表达载体的组成经由限制酶切分析和测序进行确认。

[0182] 构建包括下列表达盒的表达载体 :

[0183] 1. 胶原 α 1

[0184] 2. 胶原 α 1+ 人 P4H β 亚基

[0185] 3. 胶原 α 1+ 人 P4H β 亚基 + 人 LH3

[0186] 4. 胶原 α 2

[0187] 5. 胶原 α 2+ 人 P4H α 亚基

[0188] 6. 胶原 α 2+ 鼠耳芥 P4H

[0189] 7. 人 P4H β 亚基 + 人 LH3

[0190] 8. 人 P4H α 亚基

[0191] 上述编码序列中的每一种都与液泡转运肽或质外体转运肽翻译地融合, 或在其中预期细胞质积聚的情况下, 缺乏任何转运肽序列。

[0192] 植物转化和 PCR 筛选

[0193] 烟草植物 (烟草 (Nicotiana tabacum), Samsun NN) 根据图 2 中教导的转化方案由上述表达载体进行转化。

[0194] 所得的转基因植物经由多重 PCR 利用 4 种引物进行筛选, 所述引物被设计为能够扩增胶原 α 1 的 324bp 片段和胶原 α 2 的 537bp 片段 (表 2)。图 3 举例说明了多重 PCR 筛选的结果。

[0195] 表 2- 用于扩增胶原  $\alpha$  1 的 324bp 片段和胶原  $\alpha$  2 的 537bp 片段的多重 PCR 的引物列表

[0196]

Col1 正向 引物 (24- 聚体) :	5' ATCACCCAGGAGAACAGGGACCATC 3'	SEQ ID 25
Col1 反向 引物 (29- 聚体) :	5' TCCACTTCCAATCTCTATCCCTAACAC 3'	SEQ ID 26
Col2 正向 引物 (23- 聚体) :	5' AGGCATTAGAGGCGATAAGGGAG 3'	SEQ ID 27
Col2 反向 引物 (27- 聚体) :	5' TCAATCCAATAATGCCACTTGACCAC 3'	SEQ ID 28

[0197] 实施例 3

[0198] 在转基因烟草植物中的人胶原的检测

[0199] 通过在 0.5ml 50mM Tris-HCl pH = 7.5 中与“完整的”蛋白酶抑制剂混合物（来自 Roche Diagnostics GmbH 的产品 #1836145, 1 片剂 /50ml 缓冲液）一起磨碎 500mg 叶子, 从烟草转化体 2,3 和 4 中提取总可溶性蛋白。粗提取物与 250  $\mu$  l 包含 10%  $\beta$ -巯基乙醇和 8% SDS 的 4 $\times$  样品应用缓冲液混合, 将样品煮沸 7 分钟并在 13000rpm 下离心 8 分钟。将 20  $\mu$  l 上清液加载到 10% 聚丙烯酰胺凝胶中并在标准蛋白质印迹程序中用抗 - 胶原 I (变性的) 抗体 (来自 Chemicon Inc. 的 #AB745) 进行测试 (图 4)。W.T. 是野生型烟草。在对于 I 型胶原  $\alpha$  1 或  $\alpha$  2 或二者 PCR 阳性的植物中可见阳性胶原条带。来自人胎盘的 500ng I 型胶原 (来自 Chemicon Inc. 的 #CC050) 的阳性对照条带代表来自转基因植物的样品中的约 0.3% 总可溶性蛋白 (约 150  $\mu$  g)。

[0200] 当胶原靶向液泡时, 检测到表达预期分子量的、最高达~ 1% 总可溶性蛋白的胶原的植物 (图 4)。成功地实现了全长胶原亚细胞靶向质外体 (图 5)。在细胞质中表达胶原 (即没有靶向肽) 的植物没有将胶原积聚至可检测的水平, 从而显示在植物中的胶原亚细胞靶向作用对于成功是关键的。

[0201] 此外, 与显示对缺少 N- 前肽的胶原实施重要的蛋白质水解作用的 Ruggiero 等人 2000 和 Merle 等人 2002 研究相反, 使用本方法, 含有 C- 前肽和 N- 前肽的全长胶原蛋白质以高水平积聚在亚细胞区室中。

[0202] 现在的数据还清晰地显示各自表达不同胶原链类型的 2 种植物杂交是有利的, 因为它使得能够选择表达最佳水平的每种链类型的植物和后续的植物杂交, 以获得所需生产胶原的植物。

[0203] 由本发明的植物生产的胶原包括天然的前肽, 并因此预期形成比通过蛋白质水解纯化的人对照大的蛋白质。计算出的不含羟基化或糖基化的胶原  $\alpha$  1 和  $\alpha$  2 链分子量如

下 : 含有前肽的 Co11-136kDa, 不含前肽的 Co11-95kDa、含有前肽的 Co12-127kDa、不含前肽的 Co12-92kDa。

[0204] 如图 4 中可见的, 转化体 3-5 和 3-49 中的 Co11 条带看起来比其他植物中的 Co11 条带大。这提示胶原链中通过由  $\alpha$  和  $\beta$  亚基组成的人脯氨酸 4- 羟化酶全酶进行脯氨酸羟基化, 所述  $\alpha$  和  $\beta$  亚基在这些植物中共表达并靶向与人胶原链相同的亚细胞区室 (例如液泡)。

[0205] 实施例 4

[0206] 在转基因植物中的胶原三股螺旋装配和热稳定性

[0207] 通过转基因植物的总粗蛋白提取物的热变性、随后为胰蛋白酶或胃蛋白酶消化, 来测试在转基因植物中的胶原三股螺旋的装配和螺旋的热稳定性 (图 6a-b)。

[0208] 在第一个实验中, 来自烟草 2-9 (只表达胶原  $\alpha$  1, 且不表达 P4H) 和 3-5 (表达胶原  $\alpha$  1+2 和 P4H) 的总可溶性蛋白通过下列操作提取 : 在 0.5ml 50 mM Tris-HCl pH = 7.5 中磨碎 500mg 叶子, 在 13000rpm 下离心 10 分钟, 并收集上清液。对 50  $\mu$  l 上清液实施热处理 (于 33°C 或 43°C 15 分钟), 并随后立即置于冰上。通过向每种样品加入 6  $\mu$  l 溶于 50mM Tris-HCl pH = 7.5 的 1mg/ml 胰蛋白酶开始胰蛋白酶消化。样品在室温 (约 22°C) 下温育 20 分钟。通过加入 20  $\mu$  l 包含 10%  $\beta$  疏基乙醇和 8% SDS 的 4 $\times$  样品应用缓冲液来终止消化, 将样品煮沸 7 分钟并在 13000rpm 下离心 7 分钟。将 50  $\mu$  l 上清液加载到 10% 聚丙烯酰胺凝胶上并利用标准蛋白质印迹程序经由抗 - 胶原 I 抗体 (来自 Chemicon Inc. 的 #AB745) 进行测试。阳性对照是 ~ 500ng 人胶原 I 样品 (来自 Chemicon Inc. 的 #CC050, 通过胃蛋白酶消化从人胎盘中提取), 将其加入从野生型烟草中提取的 50  $\mu$  l 总可溶性蛋白中。

[0209] 如图 6a 中所示, 在植物 #3-5 中形成的胶原三股螺旋以及对照人胶原在 33°C 对变性有抗性。相反, 由植物 #2-9 形成的胶原在 33°C 变性。这种热稳定性方面的差异提示在转化体 #3-5 中的成功的三股螺旋装配和翻译后的脯氨酸羟基化, 所述转化体 #3-5 表达胶原  $\alpha$  1 和胶原  $\alpha$  2 以及 P4H  $\beta$  和  $\alpha$  亚基。

[0210] 转化体 #2-9 中的 2 个条带可以表示二聚体或三聚体, 它们在与 SDS 和疏基乙醇一起煮沸 7 分钟后是稳定的。类似的条带在人胶原 (上面的图) 和转化体 #3-5 中可见。可能的解释是不同三股螺旋中的 2 种肽之间的共价键 (交联), 所述共价键在 2 个赖氨酸通过赖氨酸氧化酶氧化脱氨后形成。

[0211] 在第二个实验中, 来自转基因烟草 13-6 (表达胶原 I  $\alpha$  1 和  $\alpha$  2 链 - 由箭标指出, 人 P4H  $\alpha$  和  $\beta$  亚基以及人 LH3) 的总可溶性蛋白通过下列操作提取 : 在 0.5ml 100 mM Tris-HCl pH = 7.5 和 300mM NaCl 中磨碎 500mg 叶子, 在 10000rpm 下离心 7 分钟, 并收集上清液。对 50  $\mu$  l 上清液实施热处理 (于 33°C、38°C 或 42°C 20 分钟), 并随后立即置于冰上。通过向每种样品加入溶于 10mM 乙酸的 4.5  $\mu$  l 0.1M HCl 和 4  $\mu$  l 2.5mg/ml 胃蛋白酶开始胃蛋白酶消化。样品在室温 (约 22°C) 下温育 30 分钟。通过加入 5  $\mu$  l 无缓冲的 1M Tris 来终止消化。每种样品与 22  $\mu$  l 包含 10%  $\beta$  疏基乙醇和 8% SDS 的 4 $\times$  样品应用缓冲液混合, 煮沸 7 分钟并在 13000rpm 下离心 7 分钟。将 40  $\mu$  l 上清液加载到 10% 聚丙烯酰胺凝胶上并在标准蛋白质印迹程序中用抗 - 胶原 I 抗体 (来自 Chemicon Inc. 的 #AB745) 进行测试。阳性对照是加入从野生型烟草中提取的总可溶性蛋白中的 ~ 50ng 人胶原 I (来

自 Chemicon Inc. 的 #CC050, 通过胃蛋白酶消化从人胎盘中提取)。

[0212] 如图 6b 中举例说明的, 在植物 #13-6 中形成的胶原三股螺旋在 42°C 对变性有抗性。前肽的切割首先在 33°C 可见, 并且当温度升至 38°C 并再升至 42°C 时效力逐渐增加。被切割的胶原三股螺旋结构域在凝胶上显示出的迁移与胃蛋白酶处理的人胶原的迁移相似。在这个实验中使用的人胶原通过胃蛋白酶的蛋白水解作用从人胎盘中提取出来, 并且因此缺少前肽和某些端肽。

[0213] 实施例 5

[0214] 植物 P4H 表达

[0215] 天然的植物 P4H 的诱导

[0216] 烟草 P4H cDNA 被克隆并用作探针以测定将诱导内源性 P4H 表达的条件和处理。RNA 印迹分析(图 7)清晰地显示, P4H 以相对高的水平表达于苗端并以低水平表达于叶中。P4H 水平在磨损处理(在下面的图中的“创伤”)后 4 小时在叶中被显著诱导。利用其他应激条件达到类似结果(未显示)。

[0217] 转基因烟草植物中入 P4H $\alpha$  和  $\beta$  亚基以及胶原  $\alpha$  1 和  $\alpha$  2 链的检测

[0218] 使用抗人 P4H $\alpha$  亚基抗体(来自 ICN Biomedicals Inc. 的 #63-163)、抗人 P4H $\beta$  亚基抗体(来自 Chemicon Inc. 的 #MAB2701) 和抗胶原 I 抗体(来自 Chemicon Inc. 的 #AB745) 实现转基因烟草植物中人 P4H $\alpha$  和  $\beta$  亚基以及 I 型胶原  $\alpha$  1 和  $\alpha$  2 链的检测。用这些抗体探测的蛋白质印迹结果显示于图 8 中。

[0219] 在植物 13-6(还转化有人 LH3) 中确认 P4H $\alpha$ 、P4H $\beta$  和胶原 I $\alpha$  1 和  $\alpha$  2 条带的表达。计算出的包括液泡信号肽的 P4H $\alpha$  和  $\beta$  的分子量分别为 65.5kDa 和 53.4kDa。计算出的含有前肽、不含羟基化或糖基化的胶原  $\alpha$  1 和  $\alpha$  2 链的分子量分别为 136kDa 和 127kDa。

[0220] 应当理解本发明的某些特征还可与单个实施方案组合提供, 所述特征为了清晰起见在分开的实施方案的背景中进行描述。相反地, 本发明的各种特征还可分开或以任何适当的亚组合提供, 所述特征为了简短起见在单个实施方案的背景中进行描述。

[0221] 尽管本发明已结合其具体实施方案进行了描述, 但明显的是, 多种替代方案、修饰和改变对于本领域技术人员将是显而易见的。因此, 它预期包含落在附加权利要求的精神和广泛范围内的所有此类替代方案、修饰和改变。本说明书中提到的所有公开出版物、专利和专利申请以及 GenBank 编号都整体引入本说明书作为参考, 其程度相当于每个单独的公开出版物、专利或专利申请或 GenBank 编号被具体地和单独地说明引入本文作为参考。此外, 本申请中的任何参考文献的引用或鉴定不应被解释为承认此类参考文献可作为本发明的现有技术。

[0222] 参考文献

[0223] (其他参考文献在文件中引用)

[0224] 1. Bulleid NJ, John DC, Kadler KE. Recombinant expression systems for the production of collagen. Biochem Soc Trans. 2000;28(4):350-3. Review. PMID: 10961917 [PubMed-indexed for MEDLINE]

[0225] 2. Hare PD, Cress WA. Metabolic implications of stress-induced proline accumulation in plants. Plant Growth Regulation 1997;21:79-102.

[0226] 3. Hieta R, Myllyharju J. Cloning and characterization of a low

molecularweight prolyl 4-hydroxylase from *Arabidopsis thaliana*. Effective hydroxylation of proline-rich, collagen-like, and hypoxia-inducible transcription factor alpha-like peptides. *J Biol Chem.* 2002 Jun 28;277(26):23965-71. Epub 2002 Apr 25. PMID: 11976332 [PubMed-indexed for MEDLINE]

[0227] 4. Hulmes DJ. Building collagen molecules, fibrils, and suprafibrillar structures. *J Struct Biol.* 2002 Jan-Feb;137(1-2):2-10. Review. PMID: 12064927 [PubMed-indexed for MEDLINE]

[0228] 5. Inkinen K. Connective tissue formation in wound healing. An experimental study. Academic Dissertation, September 2003. University of Helsinki, Faculty of Science, Department of Biosciences, Division of Biochemistry (ISBN 952-10-1313-3) <http://ethesis.helsinki.fi/iulkaisut/mat/bioti/vk/inkinen/>

[0229] 6. Merle C, Perret S, Lacour T, Jonval V, Hudaverdian S, Garrone R, Ruggiero F, Theisen M. Hydroxylated human homotrimeric collagen I in Agrobacterium tumefaciens-mediated transient expression and in transgenic tobacco plant. *FEBS Lett.* 2002 Mar 27;515(1-3):114-8. PMID: 11943205 [PubMed-indexed for MEDLINE]

[0230] 7. Olsen D, Yang C, Bodo M, Chang R, Leigh S, Baez J, Carmichael D, Perala M, Hamalainen ER, Jarvinen M, Polarek J. Recombinant collagen and gelatin for drug delivery. *Adv Drug Deliv Rev.* 2003 Nov 28;55(12):1547-67. PMID: 14623401 [PubMed-in process]

[0231] 8. Ruggiero F, Exposito JY, Boumat P, Gruber V, Perret S, Comte J, Olagnier B, Garrone R, Theisen M.

[0232] Triple helix assembly and processing of human collagen produced in transgenic tobacco plants. *FEBS Lett.* 2000 Mar 3;469(1):132-6. PMID: 10708770 [PubMed-indexed for MEDLINE]

[0233] 9. Tanaka M, Sato K, Uchida T. Plant prolyl hydroxylase recognizes poly(L-proline) II helix. *J Biol Chem.* 1981 Nov 25;256(22):11397-400. PMID: 6271746 [PubMed-indexed for MEDLINE]

[0234] 10. Wang C, Luosujarvi H, Heikkinen J, Risteli M, Uitto L, Myllyla R. The third activity for lysyl hydroxylase 3: galactosylation of hydroxylysyl residues in collagen in vitro. *Matrix Biol.* 2002 Nov;21(7):559-66. PMID: 12475640 [PubMed-indexed for MEDLINE]

序列表

<110>CollPlant Ltd.

## 〈120〉生产胶原的植物及其生成和使用方法

<130>CPCH0761218P

<160>28

<170>PatentIn version 3.3

〈210〉1

〈211〉4662

<212>DNA

〈213〉人工序列

220

〈223〉含有与人胶原 $\alpha$ 1(I)链融合的大麦巯基蛋白酶 aleurain 前体基因的维管信号序列

## 编码区和侧翼区的合成序列

〈400〉1

gcgatgcatg taatgtcatg agccacatga tccaatggcc acaggaacgt aagaatgtag 60  
atagattga ttttgtccgt tagatagcaa acaacattat aaaagggtgt tatcaatacg 120  
aactaattca ctcattggat tcatagaagt ccattcctcc taagtatcta aaccatggct 180  
cacgctcgtg ttctcctcct cgctctcgct gtttggcaa cagctgctgt ggctgtggct 240  
tctagttctt cttttgctga ttcaaaacctt attagacctg ttactgatag agcagcttcc 300  
actttggctc aattgcaaga ggagggccag gttgagggcc aagatgagga tatccctcca 360  
attacatgcg tgcaaaaatgg cttgcgttac cacgataggg atgtgtggaa acctgaacct 420  
tgtcgttatct gtgtgtgtga taacggcaag gtgcctcgat atgatgttat ctgcgtatgag 480  
acaaaaaatt gccctggcgc tgaaggccct gagggcgcgat gttgccctgt gtgccctgat 540  
ggttccgagtc ccccaactga tcagggaaact actggcggtt agggccccaaa aggagatact 600  
ggtccacgtg gtccttagggg tccagcaggat cctccaggta gagatggtat tccaggccag 660  
cctggattgc caggaccacc aggcccaccc gccccaccag gacccctgg tcttgggtgg 720  
aatttcgctc cacaactctc ttatggctat gatgagaagt caacaggtgg tatttcgctt 780  
ccaggtccta tgggaccatc cggaccaaga ggtctccctgg gtcctccagg tgctcctgg 840  
cctcaaggct ttcaaggacc tccaggcgaa ccaggagaac caggcgcttc tggaccaatg 900  
ggcccaaggg gaccacgtgg cccaccagga aaaaatggcg atgatggcga agctggaaag 960

cctggtcgtc ctggagagag aggtccctcct ggccccacagg gtgcaagagg cttgccagga	1020
actgctggct tgcctggaat gaagggacat agggggcttct ccggccctcgta tggcgctaag	1080
ggtgatgctg gccctgctgg accaaaggc gagccagggtt cccctggaga aaacggtgct	1140
cctggacaaa tgggtcctcg tggacttcca ggagaaaagggtt gtcgtccagg cgctccagga	1200
ccagcagggtt ctagggaaa cgtatggtca acaggcgctg ctggccctcc tggcccaact	1260
ggtcctgctg gccctccagg attcccaggc gcagttggag ctaaaggaga agcaggacca	1320
cagggcccta ggggttctga aggacctcag ggtgttagag gtgaaccagg tcctccaggc	1380
ccagctggag cagctggtcc agcaggaaat ccaggtgctg atggtaacc tggagctaag	1440
ggcgctaattt ggcaccagg tatcgcaggc gcaccagggtt ttccctggcgc tagaggccca	1500
agtggtcctc aaggaccagg tggaccacca ggtccaaaag gcaattctgg cgaacctggc	1560
gctccagggtt ctaaaggaga tactggtgct aaaggcgaac caggacctgt tgggtttcag	1620
ggtcctcctg gtcctgctgg agaagaagga aaaagagggtt ctcgtggaga accaggacca	1680
actggacttc ctggacactcc tggtaaacgt ggcggacactg gctcaagggg ttccctggaa	1740
gctgatggag tggcagggtcc aaaaggccct gctggagaga gaggttccacc aggtccagct	1800
ggtcctaagg gctcccctgg tgaagcaggt agaccaggcg aagcaggatt gccaggcgca	1860
aagggattga caggctctcc tggttagtcct ggcccagatg gaaaaaacagg cccaccagg	1920
ccagcaggac aagatggacg tccaggccca ccaggtcctc ctggagcaag gggacaagct	1980
ggcgatatgg gttttccagg acctaaaggt gctgctggag agccaggaaa ggcagggtgaa	2040
agaggagttc ctggccacc aggacagtg ggtcctgctg gcaaagatgg tgaagctggaa	2100
gcacaggggcc ctccaggccc tgctggccca gctggcgaac gtggagaaca aggcccagct	2160
ggttagtccag gatttcaagg attgcctggc cctgctggcc ctccaggaga agcaggaaaa	2220
cctggagaac aaggagttcc tggtgatttgg ggagcacctg gacccaggcgg agcacgttgtt	2280
gaaagaggct tccctggcga gagggtgtt caaggccac caggtccagc aggacctaga	2340
ggtgctaattt ggcgtctgg caacgatggc gcaaaagggtt atgctggcgc tectggcgc	2400
cctggaaatgc aggggtctcc tggattgcaaa ggaatgcctg gagagagggg tgctgctggc	2460
ttgccaggcc caaaggcga taggggtgat gctggaccaa aaggtgctga tggatccccaa	2520
gaaaaagatg gagttcgtgg tcttactggc ccaatcgac ctccaggccc tgctggcgct	2580
ccaggtgata agggcgaaat tggccaaat ggacactgctg gacctactgg tgcttagaggt	2640
gcacctgggtt ataggggtga acctggacca cctggccatg ctggtttgc tggtcctctt	2700
ggagctgatg gacaacactgg cgcaaagggtt gaaccagggtt atgctggcgc aaaggagat	2760
gctggccac ctggacactgc tggtccagca ggccccctgg ggccaatcgg taatgttggaa	2820
gcaccagggtt ctaaggggaccc taggggttcc gctggccac ctggagcaac aggatttcca	2880
ggcgctgctg gtagagttgg cccaccaggc ccatccggaa acgcaggccc tcctggctt	2940
ccaggtcctg ctggcaagga gggtggcaaa ggaccaagggtt gcaactgg ccctgctgg	3000
agacctggcg aagttggccc tcctggacca ccaggtccag caggagaaaa aggttccccaa	3060
ggagctgatg gcccagctgg tgctccaggactccaggcc ctcaaggat tgcgtggacag	3120
agaggcgtt gggactccc tggtcaaagg ggagagagag gattccagg ctggccaggaa	3180
cctagtgatg aacctggaaa acaaggccca tcaggcgcta gtggagagcg tggacactct	3240
ggccctatgg gacctcctgg attggctggc ccacctggcg aatcaggtcg tgaaggcgca	3300

ccaggcgcag aaggatcacc tggaagagat ggatccctg gtgctaaagg cgatcgtgga	3360
gaaaactggtc cagcaggccc accaggcgca ccaggtgcac ctggcgctcc aggacctgtg	3420
ggaccagctg gaaaatccgg agatagggc gagacaggcc cagcaggacc agctggacct	3480
gttggccctg ctggcgctcg tggaccagca ggacctaag gaccaagggg agataaggga	3540
gaaacaggcg aacaaggcgta tagggcatt aagggtcata ggggttttag tggcctccag	3600
ggtcctcctg gcccacctgg atcaccagga gaacaggac catctggtgc ttccggccca	3660
gctggtccaa gaggacctcc aggtcagct ggtgcacctg gaaaagatgg tcttaacgg	3720
ctcccaggac caatcgcccc tccaggaccc agaggaagaa caggagatgc tggccctgtt	3780
ggccctccag gacctctgg tccaccagg ccacctggc ctccatcagc tggattcgat	3840
ttttcatttc ttccacagcc accacaagag aaagctcact atggcggcag atattaccgt	3900
gctgatgatg ctaacgttgt tagggataga gatttggaaag tggatacaac ttgaaatcc	3960
ctctcccagc aaattgaaaa cattagatct ccagaaggaa cacgtaaaaa cccagctaga	4020
acatgtcgtg atttgaaaat gtgtcactcc gattggaaaa gtggtaata ctggattgtat	4080
ccaaatcagg gctgtaatct cgatgtatc aaagtttct gtaacatggaa aacaggcgaa	4140
acatgcgtt atcctactca acctccgtg gctcagaaaa attggtacat ctcaaaaaat	4200
cctaaagata agaggcacgt ttgggtcggt gaaagtatga ctgatggatt tcaattttag	4260
tacggcggc aaggtagtga tccagctgat gtggctattt aactcacatt ttgcgtt	4320
atgtccacag aggcacatcaca aaacatcact taccactgca aaaacagtgt ggcttatatg	4380
gatcaacaaa cagggaaacct taagaaggct ttcttttga agggctaaaa cgagatttag	4440
attagagcag agggcaactc aaggttact tattcagtta ctgttcatgg ctgcacttca	4500
catactggcg cttgggtaa aacagttatc gagtataaga ctacaaaaac atcaagactc	4560
ccaatcattt atgttgctcc ttcgtatgtt ggccgtcctg atcaagagtt cggtttgtat	4620
gtggcccaag ttgtttcct ctaatgagct cgccggccgca tc	4662

&lt;210&gt;2

&lt;211&gt;4662

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;与人胶原 α 1(I) 链融合的大麦巯基蛋白酶 aleurain 前体基因的维管信号序列和侧翼区的合成序列

翼区的合成序列

&lt;220&gt;

&lt;221&gt;CDS

&lt;222&gt;(175)..(4644)

&lt;400&gt;2

gcgatgcatg taatgtcatg agccacatga tccaatggcc acaggaacgt aagaatgttag		60
atagatttga ttttgtccgt tagatagcaa acaacattat aaaagggtgt tatcaatacg		120
aactaattca ctcattggat tcatagaagt ccattcctcc taagtatcta aacc atg		177
	Met	
	1	
gct cac gct cgt gtt ctc ctc gct ctc gct gtt ttg gca aca gct		225
Ala His Ala Arg Val Leu Leu Leu Ala Leu Ala Val Leu Ala Thr Ala		
5	10	15
gct gtg gct gtg gct tct agt tct ttt gct gat tca aac cct att		273
Ala Val Ala Val Ala Ser Ser Ser Ser Phe Ala Asp Ser Asn Pro Ile		
20	25	30
aga cct gtt act gat aga gca gct tcc act ttg gct caa ttg caa gag		321
Arg Pro Val Thr Asp Arg Ala Ala Ser Thr Leu Ala Gln Leu Gln Glu		
35	40	45
gag ggc cag gtt gag ggc caa gat gag gat atc cct cca att aca tgc		369
Glu Gly Gln Val Glu Gly Gln Asp Glu Asp Ile Pro Pro Ile Thr Cys		
50	55	60
55	60	65
gtg caa aat ggc ttg cgt tac cac gat agg gat gtg tgg aaa cct gaa		417
Val Gln Asn Gly Leu Arg Tyr His Asp Arg Asp Val Trp Lys Pro Glu		
70	75	80
cct tgt cgt atc tgt gtg tgt gat aac ggc aag gtg ctc tgc gat gat		465
Pro Cys Arg Ile Cys Val Cys Asp Asn Gly Lys Val Leu Cys Asp Asp		
85	90	95
gtt atc tgc gat gag aca aaa aat tgc cct ggc gct gaa gtt cct gag		513
Val Ile Cys Asp Glu Thr Lys Asn Cys Pro Gly Ala Glu Val Pro Glu		
100	105	110
ggc gag tgt tgc cct gtg tgc cct gat ggt tcc gag tcc cca act gat		561
Gly Glu Cys Cys Pro Val Cys Pro Asp Gly Ser Glu Ser Pro Thr Asp		
115	120	125
cag gaa act act ggc gtg gag ggc cca aaa gga gat act ggt cca cgt		609
Gln Glu Thr Thr Gly Val Glu Gly Pro Lys Gly Asp Thr Gly Pro Arg		
130	135	140
135	140	145
ggt cct agg ggt cca gca ggt cct cca ggt aga gat ggt att cca ggc		657
Gly Pro Arg Gly Pro Ala Gly Pro Pro Gly Arg Asp Gly Ile Pro Gly		
150	155	160
155	160	165
cag cct gga ttg cca gga cca cca ggc cca cct ggc cca cca gga cct		705
Gln Pro Gly Leu Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro		
165	170	175
cct ggt ctt ggt gga aat ttc gct cca caa ctc tct tat ggc tat gat		753

Pro	Gly	Leu	Gly	Gly	Asn	Phe	Ala	Pro	Gln	Leu	Ser	Tyr	Gly	Tyr	Asp	
180						185						190				
gag	aag	tca	aca	ggt	ggt	att	tcc	gtt	cca	ggt	cct	atg	gga	cca	tcc	801
Glu	Lys	Ser	Thr	Gly	Gly	Ile	Ser	Val	Pro	Gly	Pro	Met	Gly	Pro	Ser	
195						200						205				
gga	cca	aga	ggt	ctc	cca	ggt	cct	cca	ggt	gct	cct	gga	cct	caa	ggc	849
Gly	Pro	Arg	Gly	Leu	Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Ala	Pro	Gly	Pro	Gln	Gly	
210						215						220				225
ttt	caa	gga	cct	cca	ggc	gaa	cca	gga	gaa	cca	ggc	gct	tct	gga	cca	897
Phe	Gln	Gly	Pro	Pro	Gly	Glu	Pro	Gly	Glu	Pro	Gly	Ala	Ser	Gly	Pro	
						230						235				240
atg	ggc	cca	agg	gga	cca	cct	ggc	cca	cca	gga	aaa	aat	ggc	gat	gat	945
Met	Gly	Pro	Arg	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Lys	Asn	Gly	Asp	Asp	
245						250						255				
ggc	gaa	gct	gga	aag	cct	ggt	cgt	cct	gga	gag	aga	ggt	cct	cct	ggc	993
Gly	Glu	Ala	Gly	Lys	Pro	Gly	Arg	Pro	Gly	Glu	Arg	Gly	Pro	Pro	Gly	
260						265						270				
cca	cag	ggt	gca	aga	ggc	ttg	cca	gga	act	gct	ggc	ttg	cct	gga	atg	1041
Pro	Gln	Gly	Ala	Arg	Gly	Leu	Pro	Gly	Thr	Ala	Gly	Leu	Pro	Gly	Met	
275						280						285				
aag	gga	cat	agg	ggc	ttc	tcc	ggc	ctc	gat	ggc	gct	aag	ggt	gat	gct	1089
Lys	Gly	His	Arg	Gly	Phe	Ser	Gly	Leu	Asp	Gly	Ala	Lys	Gly	Asp	Ala	
290						295						300				305
ggc	cct	gct	gga	cca	aag	ggc	gag	cca	ggt	tcc	cct	gga	gaa	aac	ggt	1137
Gly	Pro	Ala	Gly	Pro	Lys	Gly	Glu	Pro	Gly	Ser	Pro	Gly	Glu	Asn	Gly	
310						315						320				
gct	cct	gga	caa	atg	ggt	cct	cgt	gga	ctt	cca	gga	gaa	agg	ggt	cgt	1185
Ala	Pro	Gly	Gln	Met	Gly	Pro	Arg	Gly	Leu	Pro	Gly	Glu	Arg	Gly	Arg	
325						330						335				
cca	ggc	gct	cca	gga	cca	gca	ggt	gct	agg	gga	aac	gat	ggt	gca	aca	1233
Pro	Gly	Ala	Pro	Gly	Pro	Ala	Gly	Ala	Arg	Gly	Asn	Asp	Gly	Ala	Thr	
340						345						350				
ggc	gct	ggt	ggc	cct	cct	ggc	cca	act	ggt	cct	gct	ggc	cct	cca	gga	1281
Gly	Ala	Ala	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Thr	Gly	Pro	Ala	Gly	Pro	Pro	Gly	
355						360						365				
ttc	cca	ggc	gca	gtt	gga	gct	aaa	gga	gaa	gca	gga	cca	cag	ggc	cct	1329
Phe	Pro	Gly	Ala	Val	Gly	Ala	Lys	Gly	Glu	Ala	Gly	Pro	Gln	Gly	Pro	
370						375						380				385
agg	ggt	tct	gaa	gga	cct	cag	ggt	gtt	aga	ggt	gaa	cca	ggt	cct	cca	1377

Arg	Gly	Ser	Glu	Gly	Pro	Gln	Gly	Val	Arg	Gly	Glu	Pro	Gly	Pro	Pro	
390									395							400
ggc	cca	gct	gga	gca	gct	ggt	cca	gca	gga	aat	cca	ggt	gct	gat	ggt	1425
Gly	Pro	Ala	Gly	Ala	Ala	Gly	Pro	Ala	Gly	Asn	Pro	Gly	Ala	Asp	Gly	
405									410							415
caa	cct	gga	gct	aag	ggc	gct	aat	ggc	gca	cca	ggt	atc	gca	ggc	gca	1473
Gln	Pro	Gly	Ala	Lys	Gly	Ala	Asn	Gly	Ala	Pro	Gly	Ile	Ala	Gly	Ala	
420									425							430
cca	ggt	ttt	cct	ggc	gct	aga	ggc	cca	agt	ggt	cct	caa	gga	cca	ggt	1521
Pro	Gly	Phe	Pro	Gly	Ala	Arg	Gly	Pro	Ser	Gly	Pro	Gln	Gly	Pro	Gly	
435									440							445
gga	cca	cca	ggt	cca	aaa	ggc	aat	tct	ggc	gaa	cct	ggc	gct	cca	ggt	1569
Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Lys	Gly	Asn	Ser	Gly	Glu	Pro	Gly	Ala	Pro	Gly	
450									455							465
tct	aaa	gga	gat	act	ggt	gct	aaa	ggc	gaa	cca	gga	cct	gtt	ggt	gtt	1617
Ser	Lys	Gly	Asp	Thr	Gly	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Gly	Pro	Val	Gly	Val	
470									475							480
cag	ggt	cct	cct	ggt	cct	gct	gga	gaa	gaa	gga	aaa	aga	ggt	gct	cgt	1665
Gln	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Ala	Gly	Glu	Glu	Gly	Lys	Arg	Gly	Ala	Arg	
485									490							495
gga	gaa	cca	gga	cca	act	gga	ctt	cct	gga	cct	cct	ggt	gaa	cgt	ggc	1713
Gly	Glu	Pro	Gly	Pro	Thr	Gly	Leu	Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Glu	Arg	Gly	
500									505							510
gga	cct	ggc	tca	agg	ggt	ttc	cct	gga	gct	gat	gga	gtg	gca	ggt	cca	1761
Gly	Pro	Gly	Ser	Arg	Gly	Phe	Pro	Gly	Ala	Asp	Gly	Val	Ala	Gly	Pro	
515									520							525
aaa	ggc	cct	gct	gga	gag	aga	ggt	tca	cca	ggt	cca	gct	ggt	cct	aag	1809
Lys	Gly	Pro	Ala	Gly	Glu	Arg	Gly	Ser	Pro	Gly	Pro	Ala	Gly	Pro	Lys	
530									535							545
ggc	tcc	cct	ggt	gaa	gca	ggt	aga	cca	ggc	gaa	gca	gga	ttg	cca	ggc	1857
Gly	Ser	Pro	Gly	Glu	Ala	Gly	Arg	Pro	Gly	Glu	Ala	Gly	Leu	Pro	Gly	
550									555							560
gca	aag	gga	ttg	aca	ggc	tct	cct	ggt	agt	cct	ggc	cca	gat	gga	aaa	1905
Ala	Lys	Gly	Leu	Thr	Gly	Ser	Pro	Gly	Ser	Pro	Gly	Pro	Asp	Gly	Lys	
565									570							575
aca	ggc	cca	cca	ggt	cca	gca	gga	caa	gat	gga	cgt	cca	ggc	cca	cca	1953
Thr	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Ala	Gly	Gln	Asp	Gly	Arg	Pro	Gly	Pro	Pro	
580									585							590
ggt	cct	cct	gga	gca	agg	gga	caa	gct	ggc	gtt	atg	ggt	ttt	cca	gga	2001

Gly Pro Pro Gly Ala Arg Gly Gln Ala Gly Val Met Gly Phe Pro Gly			
595	600	605	
cct aaa ggt gct gct gga gag cca gga aag gca ggt gaa aga gga gtt			2049
Pro Lys Gly Ala Ala Gly Glu Pro Gly Lys Ala Gly Glu Arg Gly Val			
610	615	620	625
cct ggt cca cca gga gca gtg ggt cct gct ggc aaa gat ggt gaa gct			2097
Pro Gly Pro Pro Gly Ala Val Gly Pro Ala Gly Lys Asp Gly Glu Ala			
630	635	640	
gga gca cag ggc cct cca ggc cct gct ggc cca gct ggc gaa cgt gga			2145
Gly Ala Gln Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Pro Ala Gly Glu Arg Gly			
645	650	655	
gaa caa ggc cca gct ggt agt cca gga ttt caa gga ttg cct ggc cct			2193
Glu Gln Gly Pro Ala Gly Ser Pro Gly Phe Gln Gly Leu Pro Gly Pro			
660	665	670	
gct ggc cct cca gga gaa gca gga aaa cct gga gaa caa gga gtt cct			2241
Ala Gly Pro Pro Gly Glu Ala Gly Lys Pro Gly Glu Gln Gly Val Pro			
675	680	685	
ggt gat ttg gga gca cct gga cct tca gga gca cgt ggt gaa aga ggc			2289
Gly Asp Leu Gly Ala Pro Gly Pro Ser Gly Ala Arg Gly Glu Arg Gly			
690	695	700	705
ttc cct ggc gag agg ggt gtt caa ggt cca cca ggt cca gca gga cct			2337
Phe Pro Gly Glu Arg Gly Val Gln Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Pro			
710	715	720	
aga ggt gct aat ggc gct cct ggc aac gat gga gca aaa ggt gat gct			2385
Arg Gly Ala Asn Gly Ala Pro Gly Asn Asp Gly Ala Lys Gly Asp Ala			
725	730	735	
ggt gct cct ggc gca cct gga agt cag ggt gct cct gga ttg caa gga			2433
Gly Ala Pro Gly Ala Pro Gly Ser Gln Gly Ala Pro Gly Leu Gln Gly			
740	745	750	
atg cct gga gag agg ggt gct gct ggc ttg cca ggc cca aag ggc gat			2481
Met Pro Gly Glu Arg Gly Ala Ala Gly Leu Pro Gly Pro Lys Gly Asp			
755	760	765	
agg ggt gat gct gga cca aaa ggt gct gat gga tcc cca gga aaa gat			2529
Arg Gly Asp Ala Gly Pro Lys Gly Ala Asp Gly Ser Pro Gly Lys Asp			
770	775	780	785
gga gtt cgt ggt ctt act ggc cca atc gga cct cca ggc cct gct ggc			2577
Gly Val Arg Gly Leu Thr Gly Pro Ile Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly			
790	795	800	
gct cca ggt gat aag ggc gaa agt ggc cca agt gga cct gct gga cct			2625

Ala Pro Gly Asp Lys Gly Glu Ser Gly Pro Ser Gly Pro Ala Gly Pro			
805	810	815	
act ggt gct aga ggt gca cct ggt gat agg ggt gaa cct gga cca cct			2673
Thr Gly Ala Arg Gly Ala Pro Gly Asp Arg Gly Glu Pro Gly Pro Pro			
820	825	830	
ggt cca gct ggt ttt gct ggt cct cct gga gct gat gga caa cct ggc			2721
Gly Pro Ala Gly Phe Ala Gly Pro Pro Gly Ala Asp Gly Gln Pro Gly			
835	840	845	
gca aag ggt gaa cca ggt gat gct ggc gca aag gga gat gct ggt cca			2769
Ala Lys Gly Glu Pro Gly Asp Ala Gly Ala Lys Gly Asp Ala Gly Pro			
850	855	860	865
cct gga cct gct ggt cca gca ggc ccc cct ggg cca atc ggt aat gtt			2817
Pro Gly Pro Ala Gly Pro Ala Gly Pro Pro Gly Pro Pro Ile Gly Asn Val			
870	875	880	
gga gca cca ggt gct aag gga gct agg ggt tcc gct ggt cca cct gga			2865
Gly Ala Pro Gly Ala Lys Gly Ala Arg Gly Ser Ala Gly Pro Pro Gly			
885	890	895	
gca aca gga ttt cca ggc gct gct ggt aga gtt ggc cca cca ggc cca			2913
Ala Thr Gly Phe Pro Gly Ala Ala Gly Arg Val Gly Pro Pro Gly Pro			
900	905	910	
tcc gga aac gca ggc cct cct ggt cct cca ggt cct gct ggc aag gag			2961
Ser Gly Asn Ala Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Lys Glu			
915	920	925	
ggt ggc aaa gga cca agg ggc gaa act ggc cct gct ggt aga cct ggc			3009
Gly Gly Lys Gly Pro Arg Gly Glu Thr Gly Pro Ala Gly Arg Pro Gly			
930	935	940	945
gaa gtt ggc cct cct gga cca cca ggt cca gca gga gaa aaa ggt tcc			3057
Glu Val Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Glu Lys Gly Ser			
950	955	960	
cca gga gct gat ggc cca gct ggt gct cca gga act cca ggc cct caa			3105
Pro Gly Ala Asp Gly Pro Ala Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Pro Gln			
965	970	975	
ggt att gct gga cag aga ggc gtt gtg gga ctc cct ggt caa agg gga			3153
Gly Ile Ala Gly Gln Arg Gly Val Val Gly Leu Pro Gly Gln Arg Gly			
980	985	990	
gag aga gga ttt cca ggc ttg cca gga cct agt gga gaa cct gga aaa			3201
Glu Arg Gly Phe Pro Gly Leu Pro Gly Pro Ser Gly Glu Pro Gly Lys			
995	1000	1005	
caa ggc cca tca ggc gct agt gga gag cgt gga cct cct ggc cct			3246

Gln	Gly	Pro	Ser	Gly	Ala	Ser	Gly	Glu	Arg	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro
1010		1015						1020						
atg	gga	cct	cct	gga	ttg	gct	ggc	cca	cct	ggc	gaa	tca	ggt	cgt
Met	Gly	Pro	Pro	Gly	Leu	Ala	Gly	Pro	Pro	Gly	Glu	Ser	Gly	Arg
1025		1030						1035						
gaa	ggc	gca	cca	ggc	gca	gaa	gga	tca	cct	gga	aga	gat	gga	tcc
Glu	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Glu	Gly	Ser	Pro	Gly	Arg	Asp	Gly	Ser
1040		1045						1050						
cct	ggt	gct	aaa	ggc	gat	cgt	gga	gaa	act	ggt	cca	gca	ggc	cca
Pro	Gly	Ala	Lys	Gly	Asp	Arg	Gly	Glu	Thr	Gly	Pro	Ala	Gly	Pro
1055		1060						1065						
cca	ggc	gca	cca	ggt	gca	cct	ggc	gct	cca	gga	cct	gtg	gga	cca
Pro	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Pro	Gly	Pro	Val	Gly	Pro
1070		1075						1080						
gct	gga	aaa	tcc	gga	gat	agg	ggc	gag	aca	ggc	cca	gca	gga	cca
Ala	Gly	Lys	Ser	Gly	Asp	Arg	Gly	Glu	Thr	Gly	Pro	Ala	Gly	Pro
1085		1090						1095						
gct	gga	cct	gtt	ggc	cct	gct	ggc	gct	cgt	gga	cca	gca	gga	cct
Ala	Gly	Pro	Val	Gly	Pro	Ala	Gly	Ala	Arg	Gly	Pro	Ala	Gly	Pro
1100		1105						1110						
caa	gga	cca	agg	gga	gat	aag	gga	gaa	aca	ggc	gaa	caa	ggc	gat
Gln	Gly	Pro	Arg	Gly	Asp	Lys	Gly	Glu	Thr	Gly	Glu	Gln	Gly	Asp
1115		1120						1125						
agg	ggc	att	aag	ggt	cat	agg	ggt	ttt	agt	ggc	ctc	cag	ggt	cct
Arg	Gly	Ile	Lys	Gly	His	Arg	Gly	Phe	Ser	Gly	Leu	Gln	Gly	Pro
1130		1135						1140						
cct	ggc	cca	cct	gga	tca	cca	gga	gaa	cag	gga	cca	tct	ggt	gct
Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Ser	Pro	Gly	Glu	Gln	Gly	Pro	Ser	Gly	Ala
1145		1150						1155						
tcc	ggc	cca	gct	ggt	cca	aga	gga	cct	cca	gga	tca	gct	ggt	gca
Ser	Gly	Pro	Ala	Gly	Pro	Arg	Gly	Pro	Pro	Gly	Ser	Ala	Gly	Ala
1160		1165						1170						
cct	gga	aaa	gat	ggt	ctt	aac	ggt	ctc	cca	gga	cca	atc	ggc	cct
Pro	Gly	Lys	Asp	Gly	Leu	Asn	Gly	Leu	Pro	Gly	Pro	Ile	Gly	Pro
1175		1180						1185						
cca	gga	cct	aga	gga	aga	aca	gga	gat	gct	ggc	cct	gtt	ggc	cct
Pro	Gly	Pro	Arg	Gly	Arg	Thr	Gly	Asp	Ala	Gly	Pro	Val	Gly	Pro
1190		1195						1200						
cca	gga	cct	cct	ggt	cca	cca	ggt	cca	cct	ggt	cct	cca	tca	gct

Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Pro	Ser	Ala
1205		1210			1215									
gga	tcc	gat	ttt	tca	ttt	ctt	cca	cag	cca	caa	gag	aaa	gct	3876
Gly	Phe	Asp	Phe	Ser	Phe	Leu	Pro	Gln	Pro	Pro	Gln	Glu	Lys	Ala
1220		1225			1230									
cac	gat	ggc	ggc	aga	tat	tac	cgt	gct	gat	gat	gct	aac	gtt	3921
His	Asp	Gly	Gly	Arg	Tyr	Tyr	Arg	Ala	Asp	Asp	Ala	Asn	Val	Val
1235		1240			1245									
agg	gat	aga	gat	ttg	gaa	gtg	gat	aca	act	ttg	aaa	tcc	ctc	3966
Arg	Asp	Arg	Asp	Leu	Glu	Val	Asp	Thr	Thr	Leu	Lys	Ser	Leu	Ser
1250		1255			1260									
cag	caa	att	gaa	aac	att	aga	tct	cca	gaa	ggt	tca	cgt	aaa	aac
Gln	Gln	Ile	Glu	Asn	Ile	Arg	Ser	Pro	Glu	Gly	Ser	Arg	Lys	Asn
1265		1270			1275									
cca	gct	aga	aca	tgt	cgt	gat	ttg	aaa	atg	tgt	cac	tcc	gat	4056
Pro	Ala	Arg	Thr	Cys	Arg	Asp	Leu	Lys	Met	Cys	His	Ser	Asp	Trp
1280		1285			1290									
aaa	agt	ggt	gaa	tac	tgg	att	gat	cca	aat	cag	ggc	tgt	aat	ctc
Lys	Ser	Gly	Glu	Tyr	Trp	Ile	Asp	Pro	Asn	Gln	Gly	Cys	Asn	Leu
1295		1300			1305									
gat	gct	atc	aaa	gtt	ttc	tgt	aac	atg	gaa	aca	ggc	gaa	aca	tgc
Asp	Ala	Ile	Lys	Val	Phe	Cys	Asn	Met	Glu	Thr	Gly	Glu	Thr	Cys
1310		1315			1320									
gtt	tat	cct	act	caa	cct	tcc	gtg	gct	cag	aaa	aat	tgg	tac	4146
Val	Tyr	Pro	Thr	Gln	Pro	Ser	Val	Ala	Gln	Lys	Asn	Trp	Tyr	Ile
1325		1330			1335									
tca	aaa	aat	cct	aaa	gat	aag	agg	cac	gtt	tgg	ttc	ggt	gaa	agt
Ser	Lys	Asn	Pro	Lys	Asp	Lys	Arg	His	Val	Trp	Phe	Gly	Glu	Ser
1340		1345			1350									
atg	act	gat	gga	ttt	caa	ttt	gag	tac	ggc	ggt	caa	ggt	agt	4281
Met	Thr	Asp	Gly	Phe	Gln	Phe	Glu	Tyr	Gly	Gly	Gln	Gly	Ser	Asp
1355		1360			1365									
cca	gct	gat	gtg	gct	att	caa	ctc	aca	ttt	ttg	cgt	ctt	atg	4326
Pro	Ala	Asp	Val	Ala	Ile	Gln	Leu	Thr	Phe	Leu	Arg	Leu	Met	Ser
1370		1375			1380									
aca	gag	gca	tca	caa	aac	atc	act	tac	cac	tgc	aaa	aac	agt	4371
Thr	Glu	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Thr	Tyr	His	Cys	Lys	Asn	Ser	Val
1385		1390			1395									
gct	tat	atg	gat	caa	caa	aca	gga	aac	ctt	aag	aag	gct	ctt	4416

Ala Tyr Met Asp Gln Gln Thr Gly Asn Leu Lys Lys Ala Leu Leu			
1400	1405	1410	
ttg aag ggc tca aac gag att gag att aga gca gag ggc aac tca			4461
Leu Lys Gly Ser Asn Glu Ile Glu Ile Arg Ala Glu Gly Asn Ser			
1415	1420	1425	
agg ttt act tat tca gtt act gtt gat ggc tgc act tca cat act			4506
Arg Phe Thr Tyr Ser Val Thr Val Asp Gly Cys Thr Ser His Thr			
1430	1435	1440	
ggc gct tgg ggt aaa aca gtt atc gag tat aag act aca aaa aca			4551
Gly Ala Trp Gly Lys Thr Val Ile Glu Tyr Lys Thr Thr Lys Thr			
1445	1450	1455	
tca aga ctc cca atc att gat gtt gct cct ctc gat gtt ggc gct			4596
Ser Arg Leu Pro Ile Ile Asp Val Ala Pro Leu Asp Val Gly Ala			
1460	1465	1470	
cct gat caa gag ttc ggt ttt gat gtg ggc cca gtt tgt ttc ctc			4641
Pro Asp Gln Glu Phe Gly Phe Asp Val Gly Pro Val Cys Phe Leu			
1475	1480	1485	
taa tgagctcgcg gccgcatt			4662

&lt;210&gt;3

&lt;211&gt;1489

&lt;212&gt;PRT

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

<223> 与人胶原 α 1(I) 链融合的大麦巯基蛋白酶 aleurain 前体基因的维管信号序列和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;3

Met Ala His Ala Arg Val Leu Leu Leu Ala Leu Ala Val Leu Ala Thr			
1	5	10	15
Ala Ala Val Ala Val Ala Ser Ser Ser Ser Phe Ala Asp Ser Asn Pro			
20	25	30	
Ile Arg Pro Val Thr Asp Arg Ala Ala Ser Thr Leu Ala Gln Leu Gln			
35	40	45	
Glu Glu Gly Gln Val Glu Gly Gln Asp Glu Asp Ile Pro Pro Ile Thr			
50	55	60	

Cys Val Gln Asn Gly Leu Arg Tyr His Asp Arg Asp Val Trp Lys Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Pro Cys Arg Ile Cys Val Cys Asp Asn Gly Lys Val Leu Cys Asp  
 85 90 95  
 Asp Val Ile Cys Asp Glu Thr Lys Asn Cys Pro Gly Ala Glu Val Pro  
 100 105 110  
 Glu Gly Glu Cys Cys Pro Val Cys Pro Asp Gly Ser Glu Ser Pro Thr  
 115 120 125  
 Asp Gln Glu Thr Thr Gly Val Glu Gly Pro Lys Gly Asp Thr Gly Pro  
 130 135 140  
 Arg Gly Pro Arg Gly Pro Ala Gly Pro Pro Gly Arg Asp Gly Ile Pro  
 145 150 155 160  
 Gly Gln Pro Gly Leu Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly  
 165 170 175  
 Pro Pro Gly Leu Gly Gly Asn Phe Ala Pro Gln Leu Ser Tyr Gly Tyr  
 180 185 190  
 Asp Glu Lys Ser Thr Gly Gly Ile Ser Val Pro Gly Pro Met Gly Pro  
 195 200 205  
 Ser Gly Pro Arg Gly Leu Pro Gly Pro Pro Gly Ala Pro Gly Pro Gln  
 210 215 220  
 Gly Phe Gln Gly Pro Pro Gly Glu Pro Gly Glu Pro Gly Ala Ser Gly  
 225 230 235 240  
 Pro Met Gly Pro Arg Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Lys Asn Gly Asp  
 245 250 255  
 Asp Gly Glu Ala Gly Lys Pro Gly Arg Pro Gly Glu Arg Gly Pro Pro  
 260 265 270  
 Gly Pro Gln Gly Ala Arg Gly Leu Pro Gly Thr Ala Gly Leu Pro Gly  
 275 280 285  
 Met Lys Gly His Arg Gly Phe Ser Gly Leu Asp Gly Ala Lys Gly Asp  
 290 295 300  
 Ala Gly Pro Ala Gly Pro Lys Gly Glu Pro Gly Ser Pro Gly Glu Asn  
 305 310 315 320  
 Gly Ala Pro Gly Gln Met Gly Pro Arg Gly Leu Pro Gly Glu Arg Gly  
 325 330 335  
 Arg Pro Gly Ala Pro Gly Pro Ala Gly Ala Arg Gly Asn Asp Gly Ala  
 340 345 350  
 Thr Gly Ala Ala Gly Pro Pro Gly Pro Thr Gly Pro Ala Gly Pro Pro  
 355 360 365  
 Gly Phe Pro Gly Ala Val Gly Ala Lys Gly Glu Ala Gly Pro Gln Gly

370	375	380
Pro Arg Gly Ser Glu Gly Pro Gln Gly Val Arg Gly Glu Pro Gly Pro		
385	390	395
Pro Gly Pro Ala Gly Ala Ala Gly Pro Ala Gly Asn Pro Gly Ala Asp		
405	410	415
Gly Gln Pro Gly Ala Lys Gly Ala Asn Gly Ala Pro Gly Ile Ala Gly		
420	425	430
Ala Pro Gly Phe Pro Gly Ala Arg Gly Pro Ser Gly Pro Gln Gly Pro		
435	440	445
Gly Gly Pro Pro Gly Pro Lys Gly Asn Ser Gly Glu Pro Gly Ala Pro		
450	455	460
Gly Ser Lys Gly Asp Thr Gly Ala Lys Gly Glu Pro Gly Pro Val Gly		
465	470	475
Val Gln Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Glu Glu Gly Lys Arg Gly Ala		
485	490	495
Arg Gly Glu Pro Gly Pro Thr Gly Leu Pro Gly Pro Pro Gly Glu Arg		
500	505	510
Gly Gly Pro Gly Ser Arg Gly Phe Pro Gly Ala Asp Gly Val Ala Gly		
515	520	525
Pro Lys Gly Pro Ala Gly Glu Arg Gly Ser Pro Gly Pro Ala Gly Pro		
530	535	540
Lys Gly Ser Pro Gly Glu Ala Gly Arg Pro Gly Glu Ala Gly Leu Pro		
545	550	555
Gly Ala Lys Gly Leu Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Gly Pro Asp Gly		
565	570	575
Lys Thr Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Gln Asp Gly Arg Pro Gly Pro		
580	585	590
Pro Gly Pro Pro Gly Ala Arg Gly Gln Ala Gly Val Met Gly Phe Pro		
595	600	605
Gly Pro Lys Gly Ala Ala Gly Glu Pro Gly Lys Ala Gly Glu Arg Gly		
610	615	620
Val Pro Gly Pro Pro Gly Ala Val Gly Pro Ala Gly Lys Asp Gly Glu		
625	630	635
Ala Gly Ala Gln Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Pro Ala Gly Glu Arg		
645	650	655
Gly Glu Gln Gly Pro Ala Gly Ser Pro Gly Phe Gln Gly Leu Pro Gly		
660	665	670
Pro Ala Gly Pro Pro Gly Glu Ala Gly Lys Pro Gly Glu Gln Gly Val		
675	680	685

Pro Gly Asp Leu Gly Ala Pro Gly Pro Ser Gly Ala Arg Gly Glu Arg  
 690 695 700  
 Gly Phe Pro Gly Glu Arg Gly Val Gln Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly  
 705 710 715 720  
 Pro Arg Gly Ala Asn Gly Ala Pro Gly Asn Asp Gly Ala Lys Gly Asp  
 725 730 735  
 Ala Gly Ala Pro Gly Ala Pro Gly Ser Gln Gly Ala Pro Gly Leu Gln  
 740 745 750  
 Gly Met Pro Gly Glu Arg Gly Ala Ala Gly Leu Pro Gly Pro Lys Gly  
 755 760 765  
 Asp Arg Gly Asp Ala Gly Pro Lys Gly Ala Asp Gly Ser Pro Gly Lys  
 770 775 780  
 Asp Gly Val Arg Gly Leu Thr Gly Pro Ile Gly Pro Pro Gly Pro Ala  
 785 790 795 800  
 Gly Ala Pro Gly Asp Lys Gly Glu Ser Gly Pro Ser Gly Pro Ala Gly  
 805 810 815  
 Pro Thr Gly Ala Arg Gly Ala Pro Gly Asp Arg Gly Glu Pro Gly Pro  
 820 825 830  
 Pro Gly Pro Ala Gly Phe Ala Gly Pro Pro Gly Ala Asp Gly Gln Pro  
 835 840 845  
 Gly Ala Lys Gly Glu Pro Gly Asp Ala Gly Ala Lys Gly Asp Ala Gly  
 850 855 860  
 Pro Pro Gly Pro Ala Gly Pro Ala Gly Pro Pro Gly Pro Ile Gly Asn  
 865 870 875 880  
 Val Gly Ala Pro Gly Ala Lys Gly Ala Arg Gly Ser Ala Gly Pro Pro  
 885 890 895  
 Gly Ala Thr Gly Phe Pro Gly Ala Ala Gly Arg Val Gly Pro Pro Gly  
 900 905 910  
 Pro Ser Gly Asn Ala Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Lys  
 915 920 925  
 Glu Gly Gly Lys Gly Pro Arg Gly Glu Thr Gly Pro Ala Gly Arg Pro  
 930 935 940  
 Gly Glu Val Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Glu Lys Gly  
 945 950 955 960  
 Ser Pro Gly Ala Asp Gly Pro Ala Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Pro  
 965 970 975  
 Gln Gly Ile Ala Gly Gln Arg Gly Val Val Gly Leu Pro Gly Gln Arg  
 980 985 990  
 Gly Glu Arg Gly Phe Pro Gly Leu Pro Gly Pro Ser Gly Glu Pro Gly

995	1000	1005
Lys Gln Gly Pro Ser Gly Ala Ser Gly Glu Arg Gly Pro Pro Gly		
1010	1015	1020
Pro Met Gly Pro Pro Gly Leu Ala Gly Pro Pro Gly Glu Ser Gly		
1025	1030	1035
Arg Glu Gly Ala Pro Gly Ala Glu Gly Ser Pro Gly Arg Asp Gly		
1040	1045	1050
Ser Pro Gly Ala Lys Gly Asp Arg Gly Glu Thr Gly Pro Ala Gly		
1055	1060	1065
Pro Pro Gly Ala Pro Gly Ala Pro Gly Ala Pro Gly Pro Val Gly		
1070	1075	1080
Pro Ala Gly Lys Ser Gly Asp Arg Gly Glu Thr Gly Pro Ala Gly		
1085	1090	1095
Pro Ala Gly Pro Val Gly Pro Ala Gly Ala Arg Gly Pro Ala Gly		
1100	1105	1110
Pro Gln Gly Pro Arg Gly Asp Lys Gly Glu Thr Gly Glu Gln Gly		
1115	1120	1125
Asp Arg Gly Ile Lys Gly His Arg Gly Phe Ser Gly Leu Gln Gly		
1130	1135	1140
Pro Pro Gly Pro Pro Gly Ser Pro Gly Glu Gln Gly Pro Ser Gly		
1145	1150	1155
Ala Ser Gly Pro Ala Gly Pro Arg Gly Pro Pro Gly Ser Ala Gly		
1160	1165	1170
Ala Pro Gly Lys Asp Gly Leu Asn Gly Leu Pro Gly Pro Ile Gly		
1175	1180	1185
Pro Pro Gly Pro Arg Gly Arg Thr Gly Asp Ala Gly Pro Val Gly		
1190	1195	1200
Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Ser		
1205	1210	1215
Ala Gly Phe Asp Phe Ser Phe Leu Pro Gln Pro Pro Gln Glu Lys		
1220	1225	1230
Ala His Asp Gly Gly Arg Tyr Tyr Arg Ala Asp Asp Ala Asn Val		
1235	1240	1245
Val Arg Asp Arg Asp Leu Glu Val Asp Thr Thr Leu Lys Ser Leu		
1250	1255	1260
Ser Gln Gln Ile Glu Asn Ile Arg Ser Pro Glu Gly Ser Arg Lys		
1265	1270	1275
Asn Pro Ala Arg Thr Cys Arg Asp Leu Lys Met Cys His Ser Asp		
1280	1285	1290

Trp Lys Ser Gly Glu Tyr Trp Ile Asp Pro Asn Gln Gly Cys Asn  
 1295 1300 1305  
 Leu Asp Ala Ile Lys Val Phe Cys Asn Met Glu Thr Gly Glu Thr  
 1310 1315 1320  
 Cys Val Tyr Pro Thr Gln Pro Ser Val Ala Gln Lys Asn Trp Tyr  
 1325 1330 1335  
 Ile Ser Lys Asn Pro Lys Asp Lys Arg His Val Trp Phe Gly Glu  
 1340 1345 1350  
 Ser Met Thr Asp Gly Phe Gln Phe Glu Tyr Gly Gly Gln Gly Ser  
 1355 1360 1365  
 Asp Pro Ala Asp Val Ala Ile Gln Leu Thr Phe Leu Arg Leu Met  
 1370 1375 1380  
 Ser Thr Glu Ala Ser Gln Asn Ile Thr Tyr His Cys Lys Asn Ser  
 1385 1390 1395  
 Val Ala Tyr Met Asp Gln Gln Thr Gly Asn Leu Lys Lys Ala Leu  
 1400 1405 1410  
 Leu Leu Lys Gly Ser Asn Glu Ile Glu Ile Arg Ala Glu Gly Asn  
 1415 1420 1425  
 Ser Arg Phe Thr Tyr Ser Val Thr Val Asp Gly Cys Thr Ser His  
 1430 1435 1440  
 Thr Gly Ala Trp Gly Lys Thr Val Ile Glu Tyr Lys Thr Thr Lys  
 1445 1450 1455  
 Thr Ser Arg Leu Pro Ile Ile Asp Val Ala Pro Leu Asp Val Gly  
 1460 1465 1470  
 Ala Pro Asp Gln Glu Phe Gly Phe Asp Val Gly Pro Val Cys Phe  
 1475 1480 1485  
 Leu

&lt;210&gt;4

&lt;211&gt;4362

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

<223>含有与人胶原 α 2(I) 链融合的大麦巯基蛋白酶 aleurain 前体基因的维管信号序列

编码区和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;4

gcgatgcatt	taatgtcatg	agccacatga	tccaaatggcc	acaggaacgt	aagaatgttag	60
atagatttga	ttttgtccgt	tagatagcaa	acaacattat	aaaagggtgt	tatcaatacg	120
aactaattca	ctcattggat	tcatagaagt	ccattcctcc	taagtatcta	aaccatggct	180
cacgctcgta	ttctcctccct	cgctctcgct	gttttggcaa	cagctgctgt	ggctgtggct	240
tcaagttcta	gttttgctga	ttccaaccca	attcgtccag	ttactgtatag	agcagcttcc	300
actttggctc	aattgcttca	agaagaaaact	gtgaggaagg	gccctgctgg	cgataggggc	360
cctagggcg	aaaggggtcc	accaggacct	ccaggcaggg	atggcgaaga	tggtccaact	420
ggccctctg	gaccccttgg	ccctccagg	ccacccggct	tggcggaaa	cttcgcagct	480
caatacgt	gcaagggtgt	tggtcttgg	cctggccta	tggcgtttag	gggacctaga	540
ggcccacctg	gtgctgctgg	tgctcctgga	ccacagggtt	ttcagggacc	agctggcgag	600
ccaggagagc	caggccaaac	aggaccagct	ggtgcaaggg	gacctgctgg	accccttgg	660
aaagctgg	aaagatggtca	cccaggcaaa	ccaggacgtc	ctggcgaag	aggtgttgg	720
ggaccacaag	gchgctagggg	attccaggt	acacctggat	tgccaggttt	taagggcatt	780
cgtggtcata	acggcctcg	tggattgaag	ggacagcctg	gchgcacctgg	cgttaagggt	840
gaacctggag	caccaggtga	aaacggtaact	cctggccaga	ctggcgaag	aggactccca	900
ggtgaaagg	gtagagttgg	tgctcctgga	cctgctggag	ctagggttag	tgtgttagt	960
gttggcctg	tggccctgc	tggccaatc	ggttccgctg	gcccacctgg	attcccaggc	1020
gctccaggac	ctaaaggaga	aatcggtgt	gtggtaacg	caggtcctac	tggccagca	1080
ggtcctcg	gagaagtgg	attgccagga	ctttctggc	cagtggcccc	tccaggcaac	1140
cctggagcta	acggcttgac	aggagctaaa	ggcgcagcag	gactccctgg	agtggctggc	1200
gcaccaggat	tgcctggtcc	aagggttata	ccaggccctg	ttggcgcagc	tggagctact	1260
ggtgcacgt	gacttgttgg	cgaaccaggc	cctgctggat	caaaaggcga	gtctggaaat	1320
aagggagaac	ctgggtctgc	tggacctaa	ggtcctcctg	gaccttctgg	agaagaagga	1380
aaaaggggac	caaatggcga	ggctggatca	gcaggtccac	caggaccacc	tggacttcgt	1440
ggatcccctg	gttagtagagg	acttcaggc	gctgatggta	gagcaggcgt	tatgggacca	1500
ccaggaagta	gaggagcatc	cggccagca	ggagtttaggg	gtcctaacgg	agatgctgg	1560
agaccagg	aaccagg	tatggccca	agggccctcc	caggtatcc	aggaaatata	1620
ggccctcg	gaaaagaagg	ccctgttgg	cttccaggta	ttgatggacg	tcctggccct	1680
attggccctg	caggtcgaag	aggagaac	ggcaatattg	gattccagg	accaaagggt	1740
ccaacaggcg	atcctggaaa	aaatggagat	aagggtcatg	ctggattggc	aggcgcaagg	1800
ggcgctcctg	gtccagatgg	aaacaacggc	gcacagggtc	cacctggccc	tcagggtgtt	1860
caaggccgaa	aaggcgaaca	aggcccagct	ggaccaccag	gtttcaagg	cttgcaggaa	1920
ccaagtgg	cagcagg	atgtggcaag	ccaggcagc	gtggacttca	tggcgagtt	1980
ggactccctg	gaccagg	accaagggt	gaaagaggcc	ctcctggaga	gagtggcgct	2040
gctggacca	caggccaaat	cggtagt	ggtccttagt	gaccccttgg	cccagatgg	2100
aataagggt	aaccagg	tgtggcgct	gttggacag	ctggccttc	aggaccatca	2160
ggactccc	gcgagagagg	cgctgtggc	attcctggag	gaaaagggt	aaaaggcgaa	2220
cctggcctcc	gtggcgaaat	cggaaatct	ggacgtatg	gtgctgtgg	tgcacacggc	2280
gctgtggcg	ctccaggccc	tgctgggtct	actgggtata	gaggagaggc	tggcgagct	2340

ggcccagcag gtcctgctgg cccaagggtt agtcctggta aaagaggcga agttggacct	2400
gctggcccta acggcttgc tggccctgct ggagcagcag gtcaacctgg cgctaaaggt	2460
gaaaggggcg gaaaggggccc aaaaggtgaa aatggcggtt tggtccaggat	2520
ggcgcaagctg gacctgctgg tccaaatggta ccaccaggac cagcaggtag tagaggagat	2580
ggtggacactc caggaatgac aggtttcca ggtgctgctg gttagaacagg acctcctgtt	2640
cctagtggtt tttctggtcc accaggacca ccaggtcctg ctggaaaaga aggattgagg	2700
ggtccacgtg gtgatcaagg accagtggc agaactggta aagttggcgc agtggacca	2760
cctgggtttt ctggagaaaaa gggcccttct ggagaggcag gaacagctgg tcctcctgtt	2820
acacctggac ctcaaggact tttgggtgca cctggatttc tcggattgcc aggaagtagg	2880
ggcgaacgtg gacttcctgg cgtggcagga gcagttggag aacctggccc tctcgaaatc	2940
gcaggcccac caggcgcac aggaccacca ggagctgtt gatcaccagg cgtaatgg	3000
gcacctggcg aggctggtcg ttagggaaac ccaggaaatg atggccacc aggaagagat	3060
ggtcaacctg gacacaaagg cgagagggc tacccaggaa atattggccc agttgggtct	3120
gctggcgcac caggcccaca cggtccagtt ggaccaggag gaaaacacgg taatcggtgc	3180
gaaacaggcc cttcaggccc agtggacact gctgggtctg ttggcccaag aggaccatct	3240
ggacctaag gcatttagagg cgataaggga gagcctggcg aaaaaggacc tagaggctt	3300
cctgggtttt aaggcaccaa cggtctccaa ggacttccag gtatcgctt tcattcatgg	3360
gatcagggtt ctcctggatc agtgggtcca gcaggcccta gagggccagc aggcccttcc	3420
ggtccagcag gaaaggatgg acgtactggc cacccctggaa ctgtggccccc tgctggatt	3480
agaggtcctc aaggcatca gggccctgct ggccctccag gtccaccagg tcctccaggc	3540
ccaccaggag tttcaggtgg tggttacgt tttggttacg atggtgattt ttaccgtct	3600
gatcaacctt gaagtgcctt ttctctccgt cctaaagatt atgaagtttga tgctacttt	3660
aaatcactt acaaccagat tgagactttt ctcacacctg agggatcaag aaagaatcca	3720
gcacgtacat gccgtgatct cagacttagt cacccagagt ggtcaagtgg ctattattgg	3780
attgatccta atcagggttg tacaatggag gctatcaaag tttactgttga ttttccaact	3840
ggagagacat gtattaggc acaacctgag aacattccag ctaaaaattt gtatcggttcc	3900
tctaaagata agaaacatgt ttggctcgga gagactatta acgctggttc tcagttcgag	3960
tataatgtt agggcgttac ttctaaagag atggcaactc agctcgctt tatgagattt	4020
ctcgctaact acgcatcccc aaacatcaact tatcaactgca aaaattccat tgcatatatgt	4080
gatgaggaga caggaaattt gaagaaagca gttattctcc aaggttagtaa cgatgtttag	4140
cttgggtctg agggaaatag tagattcaact tacacagttt tggtggatgg atgctcaaag	4200
aaaactaatg agtggggcaa gacaatcatt gagtacaaga caaataagcc ttcttaggctc	4260
ccatttctcg atattgcacc tcttgatatc ggaggagctg atcacgagtt ttttgttgc	4320
atcggacactg tttgtttaa gtaatgagct cgccggccgca tc	4362

&lt;210&gt;5

&lt;211&gt;4362

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;与人胶原 α 2(I) 链融合的大麦巯基蛋白酶 aleurain 前体基因的维管信号序列和侧翼区的合成序列

&lt;220&gt;

&lt;221&gt;CDS

&lt;222&gt;(175)..(4344)

&lt;400&gt;5

gcgatgcatt	taatgtcatg	agccacatga	tccaatggcc	acaggaacgt	aagaatgtag	60
atagatttga	ttttgtccgt	tagatagcaa	acaacattat	aaaaggtgtg	tatcaatacg	120
aactaattca	ctcattggat	tcatagaagt	ccattcctcc	taagtatcta	aacc atg	177
					Met	
					1	
gct cac gct cgt gtt ctc ctc gct ctc gct gtt ttg	gca aca gct					225
Ala His Ala Arg Val Leu Leu Leu Ala Leu Ala Val Leu Ala Thr Ala						
5	10	15				
gct gtg gct gtg gct tca agt tct agt ttt gct gat tcc	aac cca att					273
Ala Val Ala Val Ala Ser Ser Ser Phe Ala Asp Ser Asn Pro Ile						
20	25	30				
cgt cca gtt act gat aga gca gct tcc act ttg gct caa ttg ctt caa						321
Arg Pro Val Thr Asp Arg Ala Ala Ser Thr Leu Ala Gln Leu Leu Gln						
35	40	45				
gaa gaa act gtg agg aag ggc cct gct ggc gat agg ggc cct agg ggc						369
Glu Glu Thr Val Arg Lys Gly Pro Ala Gly Asp Arg Gly Pro Arg Gly						
50	55	60	65			
gaa agg ggt cca cca gga cct cca ggc agg gat ggc gaa gat ggt cca						417
Glu Arg Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Arg Asp Gly Glu Asp Gly Pro						
70	75	80				
act ggc cct cct gga cct cct ggc cct cca ggg cca ccc ggc ttg ggc						465
Thr Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Leu Gly						
85	90	95				
gga aac ttc gca gct caa tac gat ggc aag ggt gtt ggt ctt ggt cct						513
Gly Asn Phe Ala Ala Gln Tyr Asp Gly Lys Gly Val Gly Leu Gly Pro						
100	105	110				
ggt cct atg ggc ttg atg gga cct aga ggc cca cct ggt gct gct ggt						561
Gly Pro Met Gly Leu Met Gly Pro Arg Gly Pro Pro Gly Ala Ala Gly						

115	120	125	
gct cct gga cca cag ggt ttt cag gga cca gct ggc gag cca gga gag			609
Ala Pro Gly Pro Gln Gly Phe Gln Gly Pro Ala Gly Glu Pro Gly Glu			
130	135	140	145
cca ggc caa aca gga cca gct ggt gca agg gga cct gct gga cct cct			657
Pro Gly Gln Thr Gly Pro Ala Gly Ala Arg Gly Pro Ala Gly Pro Pro			
150	155	160	
gga aaa gct ggt gaa gat ggt cac cca ggc aaa cca gga cgt cct ggc			705
Gly Lys Ala Gly Glu Asp Gly His Pro Gly Lys Pro Gly Arg Pro Gly			
165	170	175	
gaa aga ggt gtt gtt gga cca caa ggc gct agg gga ttt cca ggt aca			753
Glu Arg Gly Val Val Gly Pro Gln Gly Ala Arg Gly Phe Pro Gly Thr			
180	185	190	
cct gga ttg cca ggt ttt aag ggc att cgt ggt cat aac ggc ctc gat			801
Pro Gly Leu Pro Gly Phe Lys Gly Ile Arg Gly His Asn Gly Leu Asp			
195	200	205	
gga ttg aag gga cag cct ggc gca cct ggc gtt aag ggt gaa cct gga			849
Gly Leu Lys Gly Gln Pro Gly Ala Pro Gly Val Lys Gly Glu Pro Gly			
210	215	220	225
gca cca ggt gaa aac ggt act cct ggc cag act ggt gca aga gga ctc			897
Ala Pro Gly Glu Asn Gly Thr Pro Gly Gln Thr Gly Ala Arg Gly Leu			
230	235	240	
cca ggt gaa agg ggt aga gtt ggt gct cct gga cct gct gga gct agg			945
Pro Gly Glu Arg Gly Arg Val Gly Ala Pro Gly Pro Ala Gly Ala Arg			
245	250	255	
ggt agt gat ggt agt gtt ggt cct gtg ggc cct gct ggt cca atc ggt			993
Gly Ser Asp Gly Ser Val Gly Pro Val Gly Pro Ala Gly Pro Ile Gly			
260	265	270	
tcc gct ggc cca cct gga ttc cca ggc gct cca gga cct aaa gga gaa			1041
Ser Ala Gly Pro Pro Gly Phe Pro Gly Ala Pro Gly Pro Lys Gly Glu			
275	280	285	
atc ggt gct gtg ggt aac gca ggt cct act ggt cca gca ggt cct cgt			1089
Ile Gly Ala Val Gly Asn Ala Gly Pro Thr Gly Pro Ala Gly Pro Arg			
290	295	300	305
gga gaa gtg gga ttg cca gga ctt tct ggt cca gtg ggc cct cca ggc			1137
Gly Glu Val Gly Leu Pro Gly Leu Ser Gly Pro Val Gly Pro Pro Gly			
310	315	320	
aac cct gga gct aac ggc ttg aca gga gct aaa ggc gca gca gga ctc			1185
Asn Pro Gly Ala Asn Gly Leu Thr Gly Ala Lys Gly Ala Ala Gly Leu			

325	330	335	
cct gga gtg gct ggc gca cca gga ttg cct ggt cca agg ggt atc cca			1233
Pro Gly Val Ala Gly Ala Pro Gly Leu Pro Gly Pro Arg Gly Ile Pro			
340	345	350	
ggc cct gtt ggc gca gct gga gct act ggt gca cgt gga ctt gtt ggc			1281
Gly Pro Val Gly Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ala Arg Gly Leu Val Gly			
355	360	365	
gaa cca ggc cct gct gga tca aaa ggc gag tct gga aat aag gga gaa			1329
Glu Pro Gly Pro Ala Gly Ser Lys Gly Glu Ser Gly Asn Lys Gly Glu			
370	375	380	385
cct ggt tct gct gga cct caa ggt cct cct gga cct tct gga gaa gaa			1377
Pro Gly Ser Ala Gly Pro Gln Gly Pro Pro Gly Pro Ser Gly Glu Glu			
390	395	400	
gga aaa agg gga cca aat ggc gag gct gga tca gca ggt cca cca gga			1425
Gly Lys Arg Gly Pro Asn Gly Glu Ala Gly Ser Ala Gly Pro Pro Gly			
405	410	415	
cca cct gga ctt cgt gga tcc cct ggt agt aga gga ctt cca ggc gct			1473
Pro Pro Gly Leu Arg Gly Ser Pro Gly Ser Arg Gly Leu Pro Gly Ala			
420	425	430	
gat ggt aga gca ggc gtt atg gga cca cca gga agt aga gga gca tcc			1521
Asp Gly Arg Ala Gly Val Met Gly Pro Pro Gly Ser Arg Gly Ala Ser			
435	440	445	
ggt cca gca gga gtt agg ggt cct aac gga gat gct ggt aga cca ggt			1569
Gly Pro Ala Gly Val Arg Gly Pro Asn Gly Asp Ala Gly Arg Pro Gly			
450	455	460	465
gaa cca ggt ctt atg ggc cca agg ggc ctc cca ggt agt cca gga aat			1617
Glu Pro Gly Leu Met Gly Pro Arg Gly Leu Pro Gly Ser Pro Gly Asn			
470	475	480	
atc ggc cct gct gga aaa gaa ggc cct gtt gga ctt cca ggt att gat			1665
Ile Gly Pro Ala Gly Lys Glu Gly Pro Val Gly Leu Pro Gly Ile Asp			
485	490	495	
gga cgt cct ggc cct att ggc cca gca ggt gca aga gga gaa cct ggc			1713
Gly Arg Pro Gly Pro Ile Gly Pro Ala Gly Ala Arg Gly Glu Pro Gly			
500	505	510	
aat att gga ttt cca gga cca aag ggt cca aca ggc gat cct gga aaa			1761
Asn Ile Gly Phe Pro Gly Pro Lys Gly Pro Thr Gly Asp Pro Gly Lys			
515	520	525	
aat gga gat aag ggt cat gct gga gca ggc gca agg ggc gct cct			1809
Asn Gly Asp Lys Gly His Ala Gly Leu Ala Gly Ala Arg Gly Ala Pro			

530	535	540	545	
ggt cca gat gga aac aac ggc gca cag ggt cca cct ggc cct cag ggt				1857
Gly Pro Asp Gly Asn Asn Gly Ala Gln Gly Pro Pro Gly Pro Gln Gly				
550	555	560		
gtt caa ggc gga aaa ggc gaa caa ggc cca gct gga cca cca ggc ttt				1905
Val Gln Gly Gly Lys Gly Glu Gln Gly Pro Ala Gly Pro Pro Gly Phe				
565	570	575		
caa ggc ttg cca gga cca agt ggt cca gca ggt gaa gtt ggc aag cca				1953
Gln Gly Leu Pro Gly Pro Ser Gly Pro Ala Gly Glu Val Gly Lys Pro				
580	585	590		
ggc gag cgt gga ctt cat ggc gag ttt gga ctc cct gga cca gca gga				2001
Gly Glu Arg Gly Leu His Gly Glu Phe Gly Leu Pro Gly Pro Ala Gly				
595	600	605		
cca agg ggt gaa aga ggc cct cct gga gag agt ggc gct gct gga cca				2049
Pro Arg Gly Glu Arg Gly Pro Pro Gly Glu Ser Gly Ala Ala Gly Pro				
610	615	620	625	
aca ggc cca atc ggt agt aga ggt cct agt gga cct cca ggc cca gat				2097
Thr Gly Pro Ile Gly Ser Arg Gly Pro Ser Gly Pro Pro Gly Pro Asp				
630	635	640		
gga aat aag ggt gaa cca gga gtt gtg ggc gct gtt gga aca gct ggt				2145
Gly Asn Lys Gly Glu Pro Gly Val Val Gly Ala Val Gly Thr Ala Gly				
645	650	655		
cct tca gga cca tca gga ctc cca ggc gag aga ggc gct gct ggc att				2193
Pro Ser Gly Pro Ser Gly Leu Pro Gly Glu Arg Gly Ala Ala Gly Ile				
660	665	670		
cct gga gga aaa ggt gaa aaa ggc gaa cct ggc ctc cgt ggc gaa atc				2241
Pro Gly Gly Lys Gly Glu Lys Gly Glu Pro Gly Leu Arg Gly Glu Ile				
675	680	685		
gga aat cct gga cgt gat ggt gct cgt ggt gca cac ggc gct gtg ggc				2289
Gly Asn Pro Gly Arg Asp Gly Ala Arg Gly Ala His Gly Ala Val Gly				
690	695	700	705	
gct cca ggc cct gct ggt gct act ggt gat aga gga gag gct ggc gca				2337
Ala Pro Gly Pro Ala Gly Ala Thr Gly Asp Arg Gly Glu Ala Gly Ala				
710	715	720		
gct ggc cca gca ggt cct gct ggc cca agg ggt agt cct ggt gaa aga				2385
Ala Gly Pro Ala Gly Pro Ala Gly Pro Arg Gly Ser Pro Gly Glu Arg				
725	730	735		
ggc gaa gtt gga cct gct ggc cct aac ggc ttt gct ggc cct gct gga				2433
Gly Glu Val Gly Pro Ala Gly Pro Asn Gly Phe Ala Gly Pro Ala Gly				

740	745	750	
gca gca ggt caa cct ggc gct aaa ggt gaa agg ggc gga aag ggc cca Ala Ala Gly Gln Pro Gly Ala Lys Gly Glu Arg Gly Gly Lys Gly Pro			2481
755	760	765	
aaa ggt gaa aat ggc gtt gtg gga cca act ggt cca gtg ggc gca gct Lys Gly Glu Asn Gly Val Val Gly Pro Thr Gly Pro Val Gly Ala Ala			2529
770	775	780	785
gga cct gct ggt cca aat gga cca gga cca gca ggt agt aga gga Gly Pro Ala Gly Pro Asn Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Ser Arg Gly			2577
790	795	800	
gat ggt gga cct cca gga atg aca ggt ttt cca ggt gct gct ggt aga Asp Gly Gly Pro Pro Gly Met Thr Gly Phe Pro Gly Ala Ala Gly Arg			2625
805	810	815	
aca gga cct cct ggt cct agt ggt att tct ggt cca cca gga cca cca Thr Gly Pro Pro Gly Pro Ser Gly Ile Ser Gly Pro Pro Gly Pro Pro			2673
820	825	830	
ggt cct gct gga aaa gaa gga ttg agg ggt cca cgt ggt gat caa gga Gly Pro Ala Gly Lys Glu Gly Leu Arg Gly Pro Arg Gly Asp Gln Gly			2721
835	840	845	
cca gtg ggc aga act ggt gaa gtt ggc gca gtg gga cca cct ggt ttt Pro Val Gly Arg Thr Gly Glu Val Gly Ala Val Gly Pro Pro Gly Phe			2769
850	855	860	865
gct gga gaa aag ggc cct tct gga gag gca gga aca gct ggt cct cct Ala Gly Glu Lys Gly Pro Ser Gly Glu Ala Gly Thr Ala Gly Pro Pro			2817
870	875	880	
ggt aca cct gga cct caa gga ctt ttg ggt gca cct ggt att ctc gga Gly Thr Pro Gly Pro Gln Gly Leu Leu Gly Ala Pro Gly Ile Leu Gly			2865
885	890	895	
ttg cca gga agt agg ggc gaa cgt gga ctt cct ggc gtg gca gga gca Leu Pro Gly Ser Arg Gly Glu Arg Gly Leu Pro Gly Val Ala Gly Ala			2913
900	905	910	
gtt gga gaa cct ggc cct ctc gga atc gca ggc cca cca ggc gca aga Val Gly Glu Pro Gly Pro Leu Gly Ile Ala Gly Pro Pro Gly Ala Arg			2961
915	920	925	
gga cca cca gga gct gtt gga tca cca ggc gtg aat ggt gca cct ggc Gly Pro Pro Gly Ala Val Gly Ser Pro Gly Val Asn Gly Ala Pro Gly			3009
930	935	940	945
gag gct ggt cgt gat gga aac cca gga aat gat ggc cca cca gga aga Glu Ala Gly Arg Asp Gly Asn Pro Gly Asn Asp Gly Pro Pro Gly Arg			3057

950	955	960	
gat ggt caa cct gga cac aaa ggc gag agg ggc tac cca gga aat att			3105
Asp Gly Gln Pro Gly His Lys Gly Glu Arg Gly Tyr Pro Gly Asn Ile			
965	970	975	
ggc cca gtt ggt gct ggc gca cca ggc cca cac ggt cca gtt gga			3153
Gly Pro Val Gly Ala Ala Gly Ala Pro Gly Pro His Gly Pro Val Gly			
980	985	990	
cca gca gga aaa cac ggt aat cgt ggc gaa aca ggc cct tca ggc cca			3201
Pro Ala Gly Lys His Gly Asn Arg Gly Glu Thr Gly Pro Ser Gly Pro			
995	1000	1005	
gtg gga cct gct ggt gct gtt ggc cca aga gga cca tct gga cct			3246
Val Gly Pro Ala Gly Ala Val Gly Pro Arg Gly Pro Ser Gly Pro			
1010	1015	1020	
caa ggc att aga ggc gat aag gga gag cct ggc gaa aaa gga cct			3291
Gln Gly Ile Arg Gly Asp Lys Gly Glu Pro Gly Glu Lys Gly Pro			
1025	1030	1035	
aga ggc ttg cct ggt ttt aaa gga cac aac ggt ctc caa gga ctt			3336
Arg Gly Leu Pro Gly Phe Lys Gly His Asn Gly Leu Gln Gly Leu			
1040	1045	1050	
cca ggt atc gct ggt cat cat gga gat cag ggt gct cct gga tca			3381
Pro Gly Ile Ala Gly His His Gly Asp Gln Gly Ala Pro Gly Ser			
1055	1060	1065	
gtg ggt cca gca ggt cct aga ggc cca gca ggc cct tcc ggt cca			3426
Val Gly Pro Ala Gly Pro Arg Gly Pro Ala Gly Pro Ser Gly Pro			
1070	1075	1080	
gca gga aag gat gga cgt act ggc cac cct gga act gtg ggc cct			3471
Ala Gly Lys Asp Gly Arg Thr Gly His Pro Gly Thr Val Gly Pro			
1085	1090	1095	
gct gga att aga ggt cct caa ggt cat cag ggc cct gct ggc cct			3516
Ala Gly Ile Arg Gly Pro Gln Gly His Gln Gly Pro Ala Gly Pro			
1100	1105	1110	
cca ggt cca cca ggt cct cca ggc cca cca gga gtt tca ggt ggt			3561
Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Val Ser Gly Gly			
1115	1120	1125	
ggt tac gat ttt ggt tac gat ggt gat ttt tac cgt gct gat caa			3606
Gly Tyr Asp Phe Gly Tyr Asp Gly Asp Phe Tyr Arg Ala Asp Gln			
1130	1135	1140	
cct aga agt gct cct tct ctc cgt cct aaa gat tat gaa gtt gat			3651
Pro Arg Ser Ala Pro Ser Leu Arg Pro Lys Asp Tyr Glu Val Asp			

1145	1150	1155	
gct act ttg aaa tca ctt aac aac cag att gag act ctt ctc aca			3696
Ala Thr Leu Lys Ser Leu Asn Asn Gln Ile Glu Thr Leu Leu Thr			
1160	1165	1170	
cct gag gga tca aga aag aat cca gca cgt aca tgc cgt gat ctc			3741
Pro Glu Gly Ser Arg Lys Asn Pro Ala Arg Thr Cys Arg Asp Leu			
1175	1180	1185	
aga ctt agt cac cca gag tgg tca agt ggc tat tat tgg att gat			3786
Arg Leu Ser His Pro Glu Trp Ser Ser Gly Tyr Tyr Trp Ile Asp			
1190	1195	1200	
cct aat cag ggt tgt aca atg gag gct atc aaa gtt tac tgt gat			3831
Pro Asn Gln Gly Cys Thr Met Glu Ala Ile Lys Val Tyr Cys Asp			
1205	1210	1215	
ttt cca act gga gag aca tgt att agg gca caa cct gag aac att			3876
Phe Pro Thr Gly Glu Thr Cys Ile Arg Ala Gln Pro Glu Asn Ile			
1220	1225	1230	
cca gct aaa aat tgg tat cgt tcc tct aaa gat aag aaa cat gtt			3921
Pro Ala Lys Asn Trp Tyr Arg Ser Ser Lys Asp Lys Lys His Val			
1235	1240	1245	
tgg ctc gga gag act att aac gct ggt tct cag ttc gag tat aat			3966
Trp Leu Gly Glu Thr Ile Asn Ala Gly Ser Gln Phe Glu Tyr Asn			
1250	1255	1260	
gtt gag ggc gtt act tct aaa gag atg gca act cag ctc gct ttt			4011
Val Glu Gly Val Thr Ser Lys Glu Met Ala Thr Gln Leu Ala Phe			
1265	1270	1275	
atg aga ttg ctc gct aac tac gca tcc caa aac atc act tat cac			4056
Met Arg Leu Leu Ala Asn Tyr Ala Ser Gln Asn Ile Thr Tyr His			
1280	1285	1290	
tgc aaa aat tcc att gca tat atg gat gag gag aca gga aat ttg			4101
Cys Lys Asn Ser Ile Ala Tyr Met Asp Glu Glu Thr Gly Asn Leu			
1295	1300	1305	
aag aaa gca gtt att ctc caa ggt agt aac gat gtt gag ctt gtg			4146
Lys Lys Ala Val Ile Leu Gln Gly Ser Asn Asp Val Glu Leu Val			
1310	1315	1320	
gct gag gga aat agt aga ttc act tac aca gtt ttg gtg gat gga			4191
Ala Glu Gly Asn Ser Arg Phe Thr Tyr Thr Val Leu Val Asp Gly			
1325	1330	1335	
tgc tca aag aaa act aat gag tgg ggc aag aca atc att gag tac			4236
Cys Ser Lys Lys Thr Asn Glu Trp Gly Lys Thr Ile Ile Glu Tyr			

1340	1345	1350
aag aca aat aag cct tct agg ctc cca ttt ctc gat att gca cct	4281	
Lys Thr Asn Lys Pro Ser Arg Leu Pro Phe Leu Asp Ile Ala Pro		
1355	1360	1365
cct gat atc gga gga gct gat cac gag ttt ttt gtt gat atc gga	4326	
Leu Asp Ile Gly Gly Ala Asp His Glu Phe Phe Val Asp Ile Gly		
1370	1375	1380
cct gtt tgt ttt aag taa tgagctcgcg gccgcac		4362
Pro Val Cys Phe Lys		
1385		

&lt;210&gt;6

&lt;211&gt;1389

&lt;212&gt;PRT

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

<223> 含有与人胶原  $\alpha$  2(I) 链融合的大麦巯基蛋白酶 aleurain 前体基因的维管信号序列

编码区和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;6

Met Ala His Ala Arg Val Leu Leu Leu Ala Leu Ala Val Leu Ala Thr			
1	5	10	15
Ala Ala Val Ala Val Ala Ser Ser Ser Ser Phe Ala Asp Ser Asn Pro			
20	25	30	
Ile Arg Pro Val Thr Asp Arg Ala Ala Ser Thr Leu Ala Gln Leu Leu			
35	40	45	
Gln Glu Glu Thr Val Arg Lys Gly Pro Ala Gly Asp Arg Gly Pro Arg			
50	55	60	
Gly Glu Arg Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Arg Asp Gly Glu Asp Gly			
65	70	75	80
Pro Thr Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Leu			
85	90	95	
Gly Gly Asn Phe Ala Ala Gln Tyr Asp Gly Lys Gly Val Gly Leu Gly			
100	105	110	
Pro Gly Pro Met Gly Leu Met Gly Pro Arg Gly Pro Pro Gly Ala Ala			
115	120	125	

Gly Ala Pro Gly Pro Gln Gly Phe Gln Gly Pro Ala Gly Glu Pro Gly  
 130 135 140

Glu Pro Gly Gln Thr Gly Pro Ala Gly Ala Arg Gly Pro Ala Gly Pro  
 145 150 155 160

Pro Gly Lys Ala Gly Glu Asp Gly His Pro Gly Lys Pro Gly Arg Pro  
 165 170 175

Gly Glu Arg Gly Val Val Gly Pro Gln Gly Ala Arg Gly Phe Pro Gly  
 180 185 190

Thr Pro Gly Leu Pro Gly Phe Lys Gly Ile Arg Gly His Asn Gly Leu  
 195 200 205

Asp Gly Leu Lys Gly Gln Pro Gly Ala Pro Gly Val Lys Gly Glu Pro  
 210 215 220

Gly Ala Pro Gly Glu Asn Gly Thr Pro Gly Gln Thr Gly Ala Arg Gly  
 225 230 235 240

Leu Pro Gly Glu Arg Gly Arg Val Gly Ala Pro Gly Pro Ala Gly Ala  
 245 250 255

Arg Gly Ser Asp Gly Ser Val Gly Pro Val Gly Pro Ala Gly Pro Ile  
 260 265 270

Gly Ser Ala Gly Pro Pro Gly Phe Pro Gly Ala Pro Gly Pro Lys Gly  
 275 280 285

Glu Ile Gly Ala Val Gly Asn Ala Gly Pro Thr Gly Pro Ala Gly Pro  
 290 295 300

Arg Gly Glu Val Gly Leu Pro Gly Leu Ser Gly Pro Val Gly Pro Pro  
 305 310 315 320

Gly Asn Pro Gly Ala Asn Gly Leu Thr Gly Ala Lys Gly Ala Ala Gly  
 325 330 335

Leu Pro Gly Val Ala Gly Ala Pro Gly Leu Pro Gly Pro Arg Gly Ile  
 340 345 350

Pro Gly Pro Val Gly Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ala Arg Gly Leu Val  
 355 360 365

Gly Glu Pro Gly Pro Ala Gly Ser Lys Gly Glu Ser Gly Asn Lys Gly  
 370 375 380

Glu Pro Gly Ser Ala Gly Pro Gln Gly Pro Pro Gly Pro Ser Gly Glu  
 385 390 395 400

Glu Gly Lys Arg Gly Pro Asn Gly Glu Ala Gly Ser Ala Gly Pro Pro  
 405 410 415

Gly Pro Pro Gly Leu Arg Gly Ser Pro Gly Ser Arg Gly Leu Pro Gly  
 420 425 430

Ala Asp Gly Arg Ala Gly Val Met Gly Pro Pro Gly Ser Arg Gly Ala

435	440	445
Ser Gly Pro Ala Gly Val Arg Gly Pro Asn Gly Asp Ala Gly Arg Pro		
450	455	460
Gly Glu Pro Gly Leu Met Gly Pro Arg Gly Leu Pro Gly Ser Pro Gly		
465	470	475
Asn Ile Gly Pro Ala Gly Lys Glu Gly Pro Val Gly Leu Pro Gly Ile		
485	490	495
Asp Gly Arg Pro Gly Pro Ile Gly Pro Ala Gly Ala Arg Gly Glu Pro		
500	505	510
Gly Asn Ile Gly Phe Pro Gly Pro Lys Gly Pro Thr Gly Asp Pro Gly		
515	520	525
Lys Asn Gly Asp Lys Gly His Ala Gly Leu Ala Gly Ala Arg Gly Ala		
530	535	540
Pro Gly Pro Asp Gly Asn Asn Gly Ala Gln Gly Pro Pro Gly Pro Gln		
545	550	555
Gly Val Gln Gly Gly Lys Gly Glu Gln Gly Pro Ala Gly Pro Pro Gly		
565	570	575
Phe Gln Gly Leu Pro Gly Pro Ser Gly Pro Ala Gly Glu Val Gly Lys		
580	585	590
Pro Gly Glu Arg Gly Leu His Gly Glu Phe Gly Leu Pro Gly Pro Ala		
595	600	605
Gly Pro Arg Gly Glu Arg Gly Pro Pro Gly Glu Ser Gly Ala Ala Gly		
610	615	620
Pro Thr Gly Pro Ile Gly Ser Arg Gly Pro Ser Gly Pro Pro Gly Pro		
625	630	635
Asp Gly Asn Lys Gly Glu Pro Gly Val Val Gly Ala Val Gly Thr Ala		
645	650	655
Gly Pro Ser Gly Pro Ser Gly Leu Pro Gly Glu Arg Gly Ala Ala Gly		
660	665	670
Ile Pro Gly Gly Lys Gly Glu Lys Gly Glu Pro Gly Leu Arg Gly Glu		
675	680	685
Ile Gly Asn Pro Gly Arg Asp Gly Ala Arg Gly Ala His Gly Ala Val		
690	695	700
Gly Ala Pro Gly Pro Ala Gly Ala Thr Gly Asp Arg Gly Glu Ala Gly		
705	710	715
Ala Ala Gly Pro Ala Gly Pro Ala Gly Pro Arg Gly Ser Pro Gly Glu		
725	730	735
Arg Gly Glu Val Gly Pro Ala Gly Pro Asn Gly Phe Ala Gly Pro Ala		
740	745	750

Gly Ala Ala Gly Gln Pro Gly Ala Lys Gly Glu Arg Gly Gly Lys Gly  
 755 760 765  
 Pro Lys Gly Glu Asn Gly Val Val Gly Pro Thr Gly Pro Val Gly Ala  
 770 775 780  
 Ala Gly Pro Ala Gly Pro Asn Gly Pro Pro Gly Pro Ala Gly Ser Arg  
 785 790 795 800  
 Gly Asp Gly Gly Pro Pro Gly Met Thr Gly Phe Pro Gly Ala Ala Gly  
 805 810 815  
 Arg Thr Gly Pro Pro Gly Pro Ser Gly Ile Ser Gly Pro Pro Gly Pro  
 820 825 830  
 Pro Gly Pro Ala Gly Lys Glu Gly Leu Arg Gly Pro Arg Gly Asp Gln  
 835 840 845  
 Gly Pro Val Gly Arg Thr Gly Glu Val Gly Ala Val Gly Pro Pro Gly  
 850 855 860  
 Phe Ala Gly Glu Lys Gly Pro Ser Gly Glu Ala Gly Thr Ala Gly Pro  
 865 870 875 880  
 Pro Gly Thr Pro Gly Pro Gln Gly Leu Leu Gly Ala Pro Gly Ile Leu  
 885 890 895  
 Gly Leu Pro Gly Ser Arg Gly Glu Arg Gly Leu Pro Gly Val Ala Gly  
 900 905 910  
 Ala Val Gly Glu Pro Gly Pro Leu Gly Ile Ala Gly Pro Pro Gly Ala  
 915 920 925  
 Arg Gly Pro Pro Gly Ala Val Gly Ser Pro Gly Val Asn Gly Ala Pro  
 930 935 940  
 Gly Glu Ala Gly Arg Asp Gly Asn Pro Gly Asn Asp Gly Pro Pro Gly  
 945 950 955 960  
 Arg Asp Gly Gln Pro Gly His Lys Gly Glu Arg Gly Tyr Pro Gly Asn  
 965 970 975  
 Ile Gly Pro Val Gly Ala Ala Gly Ala Pro Gly Pro His Gly Pro Val  
 980 985 990  
 Gly Pro Ala Gly Lys His Gly Asn Arg Gly Glu Thr Gly Pro Ser Gly  
 995 1000 1005  
 Pro Val Gly Pro Ala Gly Ala Val Gly Pro Arg Gly Pro Ser Gly  
 1010 1015 1020  
 Pro Gln Gly Ile Arg Gly Asp Lys Gly Glu Pro Gly Glu Lys Gly  
 1025 1030 1035  
 Pro Arg Gly Leu Pro Gly Phe Lys Gly His Asn Gly Leu Gln Gly  
 1040 1045 1050  
 Leu Pro Gly Ile Ala Gly His His Gly Asp Gln Gly Ala Pro Gly

1055	1060	1065
Ser Val Gly Pro Ala Gly Pro Arg Gly Pro Ala Gly Pro Ser Gly		
1070	1075	1080
Pro Ala Gly Lys Asp Gly Arg Thr Gly His Pro Gly Thr Val Gly		
1085	1090	1095
Pro Ala Gly Ile Arg Gly Pro Gln Gly His Gln Gly Pro Ala Gly		
1100	1105	1110
Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Val Ser Gly		
1115	1120	1125
Gly Gly Tyr Asp Phe Gly Tyr Asp Gly Asp Phe Tyr Arg Ala Asp		
1130	1135	1140
Gln Pro Arg Ser Ala Pro Ser Leu Arg Pro Lys Asp Tyr Glu Val		
1145	1150	1155
Asp Ala Thr Leu Lys Ser Leu Asn Asn Gln Ile Glu Thr Leu Leu		
1160	1165	1170
Thr Pro Glu Gly Ser Arg Lys Asn Pro Ala Arg Thr Cys Arg Asp		
1175	1180	1185
Leu Arg Leu Ser His Pro Glu Trp Ser Ser Gly Tyr Tyr Trp Ile		
1190	1195	1200
Asp Pro Asn Gln Gly Cys Thr Met Glu Ala Ile Lys Val Tyr Cys		
1205	1210	1215
Asp Phe Pro Thr Gly Glu Thr Cys Ile Arg Ala Gln Pro Glu Asn		
1220	1225	1230
Ile Pro Ala Lys Asn Trp Tyr Arg Ser Ser Lys Asp Lys Lys His		
1235	1240	1245
Val Trp Leu Gly Glu Thr Ile Asn Ala Gly Ser Gln Phe Glu Tyr		
1250	1255	1260
Asn Val Glu Gly Val Thr Ser Lys Glu Met Ala Thr Gln Leu Ala		
1265	1270	1275
Phe Met Arg Leu Leu Ala Asn Tyr Ala Ser Gln Asn Ile Thr Tyr		
1280	1285	1290
His Cys Lys Asn Ser Ile Ala Tyr Met Asp Glu Glu Thr Gly Asn		
1295	1300	1305
Leu Lys Lys Ala Val Ile Leu Gln Gly Ser Asn Asp Val Glu Leu		
1310	1315	1320
Val Ala Glu Gly Asn Ser Arg Phe Thr Tyr Thr Val Leu Val Asp		
1325	1330	1335
Gly Cys Ser Lys Lys Thr Asn Glu Trp Gly Lys Thr Ile Ile Glu		
1340	1345	1350

Tyr Lys Thr Asn Lys Pro Ser Arg Leu Pro Phe Leu Asp Ile Ala  
 1355 1360 1365  
 Pro Leu Asp Ile Gly Gly Ala Asp His Glu Phe Phe Val Asp Ile  
 1370 1375 1380  
 Gly Pro Val Cys Phe Lys  
 1385

&lt;210&gt;7

&lt;211&gt;127

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

<223>含有拟南芥内切-1,4- $\beta$ -葡聚糖酶的质外体信号编码区和侧翼区的合成序列  
<400>7

gccccatggcta	ggaagtcttt	gattttccca	gtgattcttc	ttgctgtgct	tcttttctct	60
ccacaccttattt	actctgctgg	acacgattat	agggatgctc	tttaggaagtc	atctatggct	120
					caatttgc	127

&lt;210&gt;8

&lt;211&gt;127

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

<223>拟南芥内切-1,4- $\beta$ -葡聚糖酶的质外体信号和侧翼区的合成序列

&lt;220&gt;

&lt;221&gt;CDS

&lt;222&gt;(10)..(120)

&lt;400&gt;8

gccccatggct	agg aag tct ttg att ttc cca gtg att ctt ctt gct gtg ctt	51
-------------	---	----

Arg	Lys	Ser	Leu	Ile	Phe	Pro	Val	Ile	Leu	Leu	Ala	Val	Leu
1		5		10									

ctt ttc tct cca cct att tac tct gct gga cac gat tat agg gat gct	99
---	----

Leu	Phe	Ser	Pro	Pro	Ile	Tyr	Ser	Ala	Gly	His	Asp	Tyr	Arg	Asp	Ala
15		20		25		30									

ctt agg aag tca tct atg gct caatttgc	127
--------------------------------------	-----

Leu Arg Lys Ser Ser Met Ala

35

<210>9

<211>37

<212>PRT

<213> 人工序列

<220>

<223> 拟南芥内切 -1,4- $\beta$  - 葡聚糖酶的质外体信号和侧翼区的合成序列

<400>9

Arg Lys Ser Leu Ile Phe Pro Val Ile Leu Leu Ala Val Leu Leu Phe

1 5 10 15

Ser Pro Pro Ile Tyr Ser Ala Gly His Asp Tyr Arg Asp Ala Leu Arg

20 25 30

Lys Ser Ser Met Ala

35

<210>10

<211>1037

<212>DNA

<213> 人工序列

<220>

<223> 菊花 rbcS1 启动子和 5' UTR

<400>10

aaatggcgcc ccaagcttag acaaacaccc ctgttatac aaagaatttc gctttacaaa 60

atcaaattcg agaaaataat atatgcacta aataagatca ttccgatcca atctaacc 120

ttacgatacg ctgggtac acttgatttt tgttcagta gttacatata tcttgttta 180

tatgctatct ttaaggatct tcactcaaag actattttt gatgttctt atggggctcg 240

gaagatttga tatgatacac tctaattttt aggagatacc agccaggatt atattcagta 300

agacaatcaa attttacgtt ttcaaactcg ttatctttc atttaatgga tgagccagaa 360

tctctataga atgattgcaa tcgagaatat gttcgccga tatccctttt ttggcttcaa 420

tattctacat atcacacaag aatcgaccgt attgtaccct ctgttccatata aggaacacac 480

agtatgcaga tgctttttc ccacatgcag taacataggt attcaaaaaat ggctaaaaga 540

agttggataa caaattgaca actatttcca ttctgttat ataaatttca caacacacaa 600

aagccccgtaa tcaagagtct gcccatgtac gaaataactt ctattatgg gtattggcc 660

taagcccagc tcagagtacg tgggggtacc acatatacggaa aggttacaaa atactgcaag	720
atagccccat aacgtaccag cctctcccta ccacgaagag ataagatata agacccaccc	780
tgccacgtgt cacatcgta tggtggtaa tgataaggaa ttacatcctt ctatgttgt	840
ggacatgatg catgtaatgt catgagccac atgatccaat ggccacagga acgtaagaat	900
gtagatagat ttgattttgt ccgttagata gcaaacaaca ttataaaagg tgtgtatcaa	960
tacgaactaa ttcactcatt ggattcatag aagtccattc ctcctaagta tctaaacata	1020
tgcaattgtc gactaaa	1037

&lt;210&gt;11

&lt;211&gt;975

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;菊花 rbcS13' UTR 和终止子

&lt;400&gt;11

aaaaggatcc gcggccgcatt aagtttact atttaccaag actttgaat attaaccc	60
ttgttaacgag tcggtaaat ttgattgtt agggtttgtt attattttt tttggcttt	120
taattcatca cttaattcc ctaattgtct gttcattcg ttgttgtt ccggatcgat	180
aatgaaatgt aagagatatc atatataaat aataaattgt cgttcatat ttgcaatett	240
tttttacaaa ccttaattta attgtatgtt tgacatttc ttcttgat attaggggaa	300
aataatgtt aataaaaagta caaaataaac tacagtacat cgtactgaat aaattaccta	360
gc当地aaagt acacccccc atatactcc tacatgaagg catttcaac atttcaaatt	420
aaggaatgct acaaccgcatt aataacatcc acaaattttt ttataaaata acatgtcaga	480
cagtgattga aagattttat tatagttcg ttatcttctt ttctcattaa gcgaatcact	540
acctaacacg tcattttgtt aaatattttt tgaatgttt tatatagtt tagcattcct	600
cttttcaaat tagggtttgtt ttgagatagc atttcagccg gttcatacaa cttaaaagca	660
tactctaattt ctggaaaaaaa gactaaaaaa tcttgtaatg tagcgcagaa tattgaccca	720
aatttatatac acacatgacc ccatatagag actaattaca cttaaccat ctaataatta	780
ttactgtatt ataacatcta ctaattaaac ttgtgatgtt ttgcttagat tattatcata	840
tataactaaaa ggcaggaaacg caaacattgc cccggactg tagcaactac ggttagacgca	900
ttaattgtct atagtgacg cattaattaa ccaaaaccgc ctcttcccc ttcttcttga	960
agttgagct ctttt	975

&lt;210&gt;12

&lt;211&gt;1633

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

<223>含有与人脯氨酰4-羟化酶β亚基融合的大麦疏基蛋白酶aleurain前体基因的  
维管

信号序列编码区和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;12

ctcgagtaaa ccatggctca tgctagggtt ttgctttgg ctcttgctgt tcttgctact	60
gctgctgttg ctgtggcttc ttcttcatct ttgcgtgatt ctaacccaat taggccagt	120
actgatagag ctgcttctac tcttgctcaa ttggtcgaca tggatgctcc agaagaggag	180
gatcacgttc ttgtgcttag gaagtctaac ttgcgtgaag ctcttgctgc tcacaagtac	240
cttcttgtgg agttttatgc tccttggtgc ggacattgca aagctttgc tccagagtat	300
gctaaggctg ctggaaagtt gaaggctgag gatatctgaaa ttaggcttgc taaagtggat	360
gctactgagg agtctgatct tgctcaacag tacggagttt gggataccc aactattaag	420
ttcttcagga acggagatac tgcttctcca aaggagtata ctgctggaag ggaggctgat	480
gatattgtga actggcttaa gaagagaact ggaccagctg ctactactct tccagatgga	540
gctgctgctg aatctttgtt ggagtcatct gaggtggcag tgattggatt cttcaaggat	600
gtggagtctg attctgctaa gcagttcctt caagctgctg aggctattga tgatattcca	660
ttcggaaatta cttcttaactc tgatgtgttc tctaagtacc agcttgataa ggatggagtg	720
gtgctttca agaaattcga tgagggagg aacaattcg agggagaggt gacaaaggag	780
aaccttcttg atttcattaa gcacaaccag cttccacttg tgattgagtt cactgagcag	840
actgctccaa agatttcgg aggagagatt aagactcaca ttcttcttt cttccaaag	900
tctgtgtctg attacgatgg aaagtgtct aactcaaga ctgctgctga gtcttcaag	960
ggaaagattt ctttcatttt cattgattct gatcacactg ataaccagag gattctttag	1020
ttcttcggac ttaagaagga agagtccccaa gctgttaggc ttattactct tgaggaggag	1080
atgactaagt acaagccaga gtctgaagaa cttactgctg agaggattac tgagttctgc	1140
cacagattcc ttgagggaaa gattaagcca caccttatgt ctcaagagct tccagaggat	1200
tgggataagc agccagttaa ggtgttggtg ggtaaaaact tcgaggatgt ggctttcgat	1260
gagaagaaga acgtgttcgt ggagttctac gcaccttgggt gtggtcactg taagcagett	1320
gctccaattt gggataagtt gggagagact tacaaggatc acgagaacat tgtgattgct	1380
aagatggatt ctactgctaa cgaggtggag gctgttaagg ttcacttctt cccaaacttt	1440
aagttcttcc cagcttctgc tgataggact gtgattgatt acaacggaga aaggactctt	1500
gatggattca agaagttcct tgagcttgaa ggacaagatg gagctggaga tgatgatgat	1560
cttgaggatt tggaaagaagc tgaggagcca gatatggagg aggatgatga tcagaaggct	1620
gtgtgatgag ctc	1633

&lt;210&gt;13

&lt;211&gt;537

&lt;212&gt;PRT

<213>人工序列

<220>

<223>含有与人脯氨酰4-羟化酶β亚基融合的大麦疏基蛋白酶aleurain前体基因的  
维管

信号序列和侧翼区的合成序列

<400>13

Met	Ala	His	Ala	Arg	Val	Leu	Leu	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Ala	Thr
1				5					10				15		
Ala	Ala	Val	Ala	Val	Ala	Ser	Ser	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Ser	Asn	Pro
					20				25				30		
Ile	Arg	Pro	Val	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Ser	Thr	Leu	Ala	Gln	Leu	Val
					35				40				45		
Asp	Met	Asp	Ala	Pro	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Val	Leu	Val	Leu	Arg	Lys
					50				55				60		
Ser	Asn	Phe	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Ala	His	Lys	Tyr	Leu	Leu	Val	Glu
					65				70			75			80
Phe	Tyr	Ala	Pro	Trp	Cys	Gly	His	Cys	Lys	Ala	Leu	Ala	Pro	Glu	Tyr
					85				90				95		
Ala	Lys	Ala	Ala	Gly	Lys	Leu	Lys	Ala	Glu	Gly	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu
					100				105				110		
Ala	Lys	Val	Asp	Ala	Thr	Glu	Glu	Ser	Asp	Leu	Ala	Gln	Gln	Tyr	Gly
					115				120				125		
Val	Arg	Gly	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Phe	Phe	Arg	Asn	Gly	Asp	Thr	Ala
					130				135				140		
Ser	Pro	Lys	Glu	Tyr	Thr	Ala	Gly	Arg	Glu	Ala	Asp	Asp	Ile	Val	Asn
					145				150				155		160
Trp	Leu	Lys	Lys	Arg	Thr	Gly	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Leu	Pro	Asp	Gly
					165				170				175		
Ala	Ala	Ala	Glu	Ser	Leu	Val	Glu	Ser	Ser	Glu	Val	Ala	Val	Ile	Gly
					180				185				190		
Phe	Phe	Lys	Asp	Val	Glu	Ser	Asp	Ser	Ala	Lys	Gln	Phe	Leu	Gln	Ala
					195				200				205		
Ala	Glu	Ala	Ile	Asp	Asp	Ile	Pro	Phe	Gly	Ile	Thr	Ser	Asn	Ser	Asp
					210				215				220		
Val	Phe	Ser	Lys	Tyr	Gln	Leu	Asp	Lys	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Phe	Lys
					225				230				235		240

Lys Phe Asp Glu Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu  
                  245                     250                     255  
 Asn Leu Leu Asp Phe Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu  
                  260                     265                     270  
 Phe Thr Glu Gln Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr  
                  275                     280                     285  
 His Ile Leu Leu Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys  
                  290                     295                     300  
 Leu Ser Asn Phe Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu  
                  305                     310                     315                     320  
 Phe Ile Phe Ile Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu  
                  325                     330                     335  
 Phe Phe Gly Leu Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr  
                  340                     345                     350  
 Leu Glu Glu Glu Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr  
                  355                     360                     365  
 Ala Glu Arg Ile Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile  
                  370                     375                     380  
 Lys Pro His Leu Met Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln  
                  385                     390                     395                     400  
 Pro Val Lys Val Leu Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp  
                  405                     410                     415  
 Glu Lys Lys Asn Val Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His  
                  420                     425                     430  
 Cys Lys Gln Leu Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys  
                  435                     440                     445  
 Asp His Glu Asn Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu  
                  450                     455                     460  
 Val Glu Ala Val Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro  
                  465                     470                     475                     480  
 Ala Ser Ala Asp Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu  
                  485                     490                     495  
 Asp Gly Phe Lys Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly  
                  500                     505                     510  
 Asp Asp Asp Asp Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met  
                  515                     520                     525  
 Glu Glu Asp Asp Asp Gln Lys Ala Val  
                  530                     535

&lt;210&gt;14

&lt;211&gt;1723

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;含有与人脯氨酰4-羟化酶α-1亚基融合的大麦疏基蛋白酶aleurain前体基因的维

管信号序列编码区和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;14

ctcgagtaaa ccatggctca tgctagggtt ttgctttgg ctcttgctgt tcttgctact	60
gctgctgttg ctgtggcttc ttcttcatct ttgcgtgatt ctaacccaat taggccagt	120
actgatagag ctgcttctac tcttgctcaa ttgggtcgaca tgcacccagg attcttca	180
tctattggac agatgactga tcttattcac actgagaagg atcttgtgac ttctcttaag	240
gattacatta aggctgagga ggataagttt gagcagatggc agaagtgggc tgagaagttt	300
gataggctta cttctactgc tacaaaagat ccagaggat tcgttggtca tccagtgaac	360
gctttcaagt ttagtggatgg gcttaacact gagttggatggc agcttgagaa ctttgtgctt	420
aaggatatgt ctgatggatt catttctaacc ttactattc agaggcagta cttcccaaatt	480
gatgaggatc aagtgggagc tgcttaaggctt cttcttaggc ttcaaggatac ttacaacctt	540
gatactgata caatttctaa gggaaacctt ccaggaggta agcacaagtc tttccttact	600
gctgaggatt gcttcgagct tggaaagggtt gcatacactg aggctgatta ctaccacact	660
gagctttgga tggaaacaaggc tcttaggcaa cttgtatgagg gagagatttc tactattgt	720
aagggtgtcag tgcttgatcca cttttcttac gctgtgtacc agcagggtga tcttgataag	780
gctctttgc ttactaagaa gttgttggat cttgtatccag aacatcagag ggctaacggg	840
aaccttaagt acttcgagta cattatggct aaggaaaagg atgtgaacaa gtctgcttct	900
gatgatcagt ctgatcaaaa gactactcca aagaagaagg gagttggctgt tgattatctt	960
cctgagaggc agaagtatga gatgttggatggggagagg gtattaagat gactccaagg	1020
aggcagaaga agttgttctg caggtatcac gatggaaacca ggaacccaaa gttcatttt	1080
gctccagcta agcaagaaga tgagtggat aagccaaggaa ttatttagtt ccacgatatt	1140
atttctgtatg ctgagattga gattgtgaag gatcttgcta agccaagact taggaggct	1200
actatttcta accctattac tggtgtatcc gagaactgtgc actacaggat ttctaagtct	1260
gcttggctt ctggatacga gaacccaggatg gtgtcttagga ttaacatgag gattcaggat	1320
cttactggac ttgtatgtgc tactgtctgag gagttcaag ttgcttaacta cggagttgg	1380
ggacaatatg agccacactt cgatttcgct aggaaggatg agccagatgc ttttaaggag	1440
cttgaaactg gaaacaggat tgctacttgg cttttctaca tgtctgtatgt ttctgctgg	1500
ggagctactg tttcccaga agtgggagct tctgtttggc caaagaaggg aactgctgt	1560
ttctgttaca accttttcgc ttctggagag ggagattact ctactaggca tgctgcttgc	1620
ccagttcttgc ttggaaacaa gtgggtgtca aacaagtggc ttcattgagag gggacaagag	1680

tttagaaggc catgcactct ttctgagctt gagtgatgag ctc 1723

<210>15

<211>567

<212>PRT

<213>人工序列

<220>

<223>含有与人脯氨酰4-羟化酶 $\alpha$ -1亚基融合的大麦疏基蛋白酶aleurain前体基因的维

管信号序列和侧翼区的合成序列

<400>15

Met Ala His Ala Arg Val Leu Leu Leu Ala Leu Ala Val Leu Ala Thr

1 5 10 15

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

Ile Arg Pro Val Thr Asp Arg Ala Ala Ser Thr Leu Ala Gln Leu Val  
35 40 45

Asp Met His Pro Gly Phe Phe Thr Ser Ile Gly Gln Met Thr Asp Leu  
50 55 60

Ile His Thr Glu Lys Asp Leu Val Thr Ser Leu Lys Asp Tyr Ile Lys  
65 70 75 80

Ala Glu Glu Asp Lys Leu Glu Gln Ile Lys Lys Trp Ala Glu Lys Leu  
85 90 95

Asp Arg Leu Thr Ser Thr Ala Thr Lys Asp Pro Glu Gly Phe Val Gly  
100 105 110

His Pro Val Asn Ala Phe Lys Leu Met Lys Arg Leu Asn Thr Glu Trp  
115 120 125

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

Ser Asn Leu Thr Ile Gln Arg Gln Tyr Phe Pro Asn Asp Glu Asp Gln  
145 150 155 160

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

Asp Thr Asp Thr Ile Ser Lys Gly Asn Leu Pro Gly Val Lys His Lys  
180 185 190

Ser Phe Leu Thr Ala Glu Asp Cys Phe Glu Leu Gly Lys Val Ala Tyr  
195 200 205

Thr Glu Ala Asp Tyr Tyr His Thr Glu Leu Trp Met Glu Gln Ala Leu  
 210 215 220  
 Arg Gln Leu Asp Glu Gly Glu Ile Ser Thr Ile Asp Lys Val Ser Val  
 225 230 235 240  
 Leu Asp Tyr Leu Ser Tyr Ala Val Tyr Gln Gln Gly Asp Leu Asp Lys  
 245 250 255  
 Ala Leu Leu Leu Thr Lys Lys Leu Leu Glu Leu Asp Pro Glu His Gln  
 260 265 270  
 Arg Ala Asn Gly Asn Leu Lys Tyr Phe Glu Tyr Ile Met Ala Lys Glu  
 275 280 285  
 Lys Asp Val Asn Lys Ser Ala Ser Asp Asp Gln Ser Asp Gln Lys Thr  
 290 295 300  
 Thr Pro Lys Lys Gly Val Ala Val Asp Tyr Leu Pro Glu Arg Gln  
 305 310 315 320  
 Lys Tyr Glu Met Leu Cys Arg Gly Glu Gly Ile Lys Met Thr Pro Arg  
 325 330 335  
 Arg Gln Lys Lys Leu Phe Cys Arg Tyr His Asp Gly Asn Arg Asn Pro  
 340 345 350  
 Lys Phe Ile Leu Ala Pro Ala Lys Gln Glu Asp Glu Trp Asp Lys Pro  
 355 360 365  
 Arg Ile Ile Arg Phe His Asp Ile Ile Ser Asp Ala Glu Ile Glu Ile  
 370 375 380  
 Val Lys Asp Leu Ala Lys Pro Arg Leu Arg Arg Ala Thr Ile Ser Asn  
 385 390 395 400  
 Pro Ile Thr Gly Asp Leu Glu Thr Val His Tyr Arg Ile Ser Lys Ser  
 405 410 415  
 Ala Trp Leu Ser Gly Tyr Glu Asn Pro Val Val Ser Arg Ile Asn Met  
 420 425 430  
 Arg Ile Gln Asp Leu Thr Gly Leu Asp Val Ser Thr Ala Glu Glu Leu  
 435 440 445  
 Gln Val Ala Asn Tyr Gly Val Gly Gly Gln Tyr Glu Pro His Phe Asp  
 450 455 460  
 Phe Ala Arg Lys Asp Glu Pro Asp Ala Phe Lys Glu Leu Gly Thr Gly  
 465 470 475 480  
 Asn Arg Ile Ala Thr Trp Leu Phe Tyr Met Ser Asp Val Ser Ala Gly  
 485 490 495  
 Gly Ala Thr Val Phe Pro Glu Val Gly Ala Ser Val Trp Pro Lys Lys  
 500 505 510  
 Gly Thr Ala Val Phe Trp Tyr Asn Leu Phe Ala Ser Gly Glu Gly Asp

515	520	525
Tyr Ser Thr Arg His Ala Ala Cys Pro Val Leu Val Gly Asn Lys Trp		
530	535	540
Val Ser Asn Lys Trp Leu His Glu Arg Gly Gln Glu Phe Arg Arg Pro		
545	550	555
Cys Thr Leu Ser Glu Leu Glu		
565		

<210>16

<211>928

<212>DNA

<213>人工序列

<220>

<223>含有与植物脯氨酰 4- 羟化酶植物融合的大麦巯基蛋白酶 aleurain 前体基因的  
维管

信号序列编码区和侧翼区的合成序列

<400>16

ctcgagtaaa ccatggctca tgctagggtt ttgctttgg ctcttgctgt tcttgctact	60
gctgctgtt ctgtggcttc ttcttcatct ttgcgtgatt ctaacccaat taggccagt	120
actgatagag ctgcttctac tcttgctcaa ttgggtcgaca tgcttggtat tctttcttt	180
ccaaacgcta acaggaactc ttctaagact aacgatctta ctaacattgt gaggaagt	240
gagacttctt ctggagatga ggagggaaat ggagaaagat ggggtggaagt gatttcttgg	300
gagccaaggg ctgttgttta ccacaacttc cttaactatg aggagtgcga gcaccttatt	360
tctcttgcta agccatctat ggtgaagtct actgtgggtt atgagaaaac tggaggatct	420
aaggattcaa gagtgaggac ttcatctggt actttcctta ggaggggaca ttagtgaagtt	480
gtggaagtta ttgagaagag gatttctgat ttcactttca ttccagtggaa gaacggagaa	540
ggacttcaag ttcttcacta ccaagtggga caaaaagtacg agccacacta cgattactc	600
cttgatgagt tcaacactaa gaacggagga cagaggattt ctactgtgt tatgtacatt	660
tcttgatgtgg atgatggagg agagactgtt ttccagctg ctaggggaaa catttctgt	720
gttcccttgg ggaacgagct ttcttaagtgt ggaaaggagg gactttctgt gcttccaaag	780
aaaagggatg ctttctttt ctggaacatg aggccagatg cttcttttga tccatcttct	840
cttcatggag gatgccagtttgttaaggaa aacaagtggt catctactaa gtggttccac	900
gtgcacgagt tcaaggtgtatgagctc	928

<210>17

<211>302

<212>PRT

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

<223>含有与植物脯氨酰 4- 羟化酶植物融合的大麦疏基蛋白酶 aleurain 前体基因的  
维管

信号序列和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;17

Met	Ala	His	Ala	Arg	Val	Leu	Leu	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Ala	Thr
1				5					10						15
Ala	Ala	Val	Ala	Val	Ala	Ser	Ser	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Ser	Asn	Pro
					20				25						30
Ile	Arg	Pro	Val	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Ser	Thr	Leu	Ala	Gln	Leu	Val
					35				40						45
Asp	Met	Leu	Gly	Ile	Leu	Ser	Leu	Pro	Asn	Ala	Asn	Arg	Asn	Ser	Ser
					50			55							60
Lys	Thr	Asn	Asp	Leu	Thr	Asn	Ile	Val	Arg	Lys	Ser	Glu	Thr	Ser	Ser
					65			70			75				80
Gly	Asp	Glu	Glu	Gly	Asn	Gly	Glu	Arg	Trp	Val	Glu	Val	Ile	Ser	Trp
					85			90							95
Glu	Pro	Arg	Ala	Val	Val	Tyr	His	Asn	Phe	Leu	Thr	Asn	Glu	Glu	Cys
					100			105							110
Glu	His	Leu	Ile	Ser	Leu	Ala	Lys	Pro	Ser	Met	Val	Lys	Ser	Thr	Val
					115			120							125
Val	Asp	Glu	Lys	Thr	Gly	Gly	Ser	Lys	Asp	Ser	Arg	Val	Arg	Thr	Ser
					130			135							140
Ser	Gly	Thr	Phe	Leu	Arg	Arg	Gly	His	Asp	Glu	Val	Val	Glu	Val	Ile
					145			150			155				160
Glu	Lys	Arg	Ile	Ser	Asp	Phe	Thr	Phe	Ile	Pro	Val	Glu	Asn	Gly	Glu
					165			170							175
Gly	Leu	Gln	Val	Leu	His	Tyr	Gln	Val	Gly	Gln	Lys	Tyr	Glu	Pro	His
					180			185							190
Tyr	Asp	Tyr	Phe	Leu	Asp	Glu	Phe	Asn	Thr	Lys	Asn	Gly	Gly	Gln	Arg
					195			200							205
Ile	Ala	Thr	Val	Leu	Met	Tyr	Leu	Ser	Asp	Val	Asp	Asp	Gly	Gly	Glu
					210			215							220
Thr	Val	Phe	Pro	Ala	Ala	Arg	Gly	Asn	Ile	Ser	Ala	Val	Pro	Trp	Trp
					225			230			235				240

Asn Glu Leu Ser Lys Cys Gly Lys Glu Gly Leu Ser Val Leu Pro Lys		
245	250	255
Lys Arg Asp Ala Leu Leu Phe Trp Asn Met Arg Pro Asp Ala Ser Leu		
260	265	270
Asp Pro Ser Ser Leu His Gly Gly Cys Pro Val Val Lys Gly Asn Lys		
275	280	285
Trp Ser Ser Thr Lys Trp Phe His Val His Glu Phe Lys Val		
290	295	300

&lt;210&gt;18

&lt;211&gt;2689

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;含有人前胶原 C- 蛋白酶编码区和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;18

agatctatcg atgcatgccca tggtaccgcg ccatggctca attggctgca acatcaaggc	60
ctgaaagagt ttggccagat ggtgttattc ct当地ttat tggtggaaac tttactggat	120
ctcagagagc agttagtaga caagctatga gacattggaa aaagcacact tgtgtgacat	180
tc当地ttaag gactgatgaa gattctata ttgtgttac ataccgtcca tgtggatgt	240
gctcatatgt tggtagaagg ggaggaggc cacaagcaat ttctattgaa aaaaactgcg	300
ataagttcgg aattgtggtg catgaattgg gacatgttgt tggtttctgg cacgaacaca	360
caaggccaga tagggatagg cacgtgtcta ttgtgagggaa aacatttcg ccaggtcaag	420
agtacaattt tcttaagatg gaacctcaag aggtggaatc tctcggagag acttacgact	480
tcgactccat catgcactac gcaaggaata ct当地cagcag gggcatcttc ttggatacca	540
ttgtgcctaa gtacgaggtg aacggcgta agccacctat tggtcaaagg actaggctct	600
ctaagggtga tattgcacag gcttaggaagc tctacaaatg tccagcatgc ggagaaactc	660
ttcaggattc cactggcaac ttctcatctc cagagtaccc aaacggatac tctgctcata	720
tgcactgtgt ttggaggate tcagtgaactc ct当地gagagaa gatcatcctc aacttcactt	780
ccctcgatct ctatcggtttctt aggctctgtt ggtacgacta tgtggaagtg agagatggct	840
tctggagaaaa ggctccactt agaggaaggt tctgcggatc taaacttcct gagccaatcg	900
tgtctactga ttccagattt tgggtggagt tcaggtcctc ttcttaattgg gttggcaagg	960
gctttttgc tgtgtacgag gctatttgtg gc当地gcacgt gaaaaaggac tacggacata	1020
ttcaaagtcc aaattaccca gatgattacc gtc当地tcaaa agtgtgtatt tggaggattc	1080
aagtgagtga gggtttccat gttggattga cattccaatc tttc当地aaatt gagagacacg	1140
attcatgcgc atacgattat ttggaagtga gagatggaca ctctgaatct tctacactta	1200
ttggaaggta ctgc当地gttat gagaaacctg atgatattaa gtctacttct agtaggtgt	1260

ggcttaaatt tgcgtcagat ggttctatta acaaggctgg tttcgcatgt aacttcttca	1320
aggaagtgga tgaatgctca agacctaaca gaggaggatg tgagcaaaga tgccttaaca	1380
ctttggaaag ttacaagtgt tcttcgatc ctggatacga gttggctcct gataagagaa	1440
gatgcgaagc tgcttcgggt ggtttttga caaaaattgaa cgatcttatt acttctccctg	1500
gatggccaaa agagtaccac cctaataaga attgcatttg gcagctgtt gcacctactc	1560
agtaccgtat ttcattgcaa ttgcatttt tcgagactga gggtaatgat gtgtcaagt	1620
acgatttcgt ggaagtgaga tcaggtctta ctgctgatag taaattgcac ggaaagttct	1680
gcggatctga aaaaccagaa gtgattacat cacagtacaa caatatgagg gtggagttca	1740
aatctgataa tactgtttct aaaaaaggaa ttaaggcaca tttctttct gataaggacg	1800
agtgcctaa agataatggt ggttgcgcgc aggattgcgt gaacacattc ggttcatatg	1860
agtgcctaa agataatggt ggttgcgcgc aggattgcgt gaacacattc ggttcatatg	1920
gttgcgatca caaggtgaca tctacttcag gtactatcac atctccaaac tggcctgata	1980
agtatccctc aaaaaaaagaa tgtacatggg caatttcttc tacaccaggt catagggta	2040
agttgacatt catggagatg gatattgaga gtcaaccaga gtgcgttat gatcatcttgc	2100
aggtgttcga tggaaaggat gctaaggctc ctgttcttgg tagattctgt ggttagaaaa	2160
agccagaacc atgtgttgca acaggatcta ggtatgttccct tagattctac tctgataact	2220
cagttcagag gaaaggattc caagctagtc acgcaactga atgcggtgaa caagtttagag	2280
cagatgttaa gactaaggat cttaactcac acgcacaggat cggagataac aactaccctg	2340
gaggagttga ttgcgagtgg gttattgtgg ctgaagaggg atacggagtt gagcttgg	2400
tccagacatt cgaggtggag gaggaaactg attgcggta cgattatatg gaacttttg	2460
atggatacga tagtactgct ccaagacttg gaaggtattg tgtagtggt ccaccagaag	2520
aggtgtactc agctggagat agtgttcttgc ttaagttcca cagtgtatgat acaattacta	2580
agaaggattt ccatcttaga tatacttcaa ctaagttca ggatactttt cattctagga	2640
agtaatgagc tcgcggccgc atccaagctt ctgcagacgc gtcgacg	2689

&lt;210&gt;19

&lt;211&gt;870

&lt;212&gt;PRT

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;含有人前胶原 C- 蛋白酶和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;19

Met Ala Gln Leu Ala Ala Thr Ser Arg Pro Glu Arg Val Trp Pro Asp

1 5 10 15

Gly Val Ile Pro Phe Val Ile Gly Gly Asn Phe Thr Gly Ser Gln Arg

20 25 30

Ala Val Phe Arg Gln Ala Met Arg His Trp Glu Lys His Thr Cys Val  
                  35                        40                        45  
 Thr Phe Leu Glu Arg Thr Asp Glu Asp Ser Tyr Ile Val Phe Thr Tyr  
                  50                        55                        60  
 Arg Pro Cys Gly Cys Cys Ser Tyr Val Gly Arg Arg Gly Gly Pro  
                  65                        70                        75                        80  
 Gln Ala Ile Ser Ile Gly Lys Asn Cys Asp Lys Phe Gly Ile Val Val  
                  85                        90                        95  
 His Glu Leu Gly His Val Val Gly Phe Trp His Glu His Thr Arg Pro  
                  100                       105                       110  
 Asp Arg Asp Arg His Val Ser Ile Val Arg Glu Asn Ile Gln Pro Gly  
                  115                       120                       125  
 Gln Glu Tyr Asn Phe Leu Lys Met Glu Pro Gln Glu Val Glu Ser Leu  
                  130                       135                       140  
 Gly Glu Thr Tyr Asp Phe Asp Ser Ile Met His Tyr Ala Arg Asn Thr  
                  145                       150                       155                       160  
 Phe Ser Arg Gly Ile Phe Leu Asp Thr Ile Val Pro Lys Tyr Glu Val  
                  165                       170                       175  
 Asn Gly Val Lys Pro Pro Ile Gly Gln Arg Thr Arg Leu Ser Lys Gly  
                  180                       185                       190  
 Asp Ile Ala Gln Ala Arg Lys Leu Tyr Lys Cys Pro Ala Cys Gly Glu  
                  195                       200                       205  
 Thr Leu Gln Asp Ser Thr Gly Asn Phe Ser Ser Pro Glu Tyr Pro Asn  
                  210                       215                       220  
 Gly Tyr Ser Ala His Met His Cys Val Trp Arg Ile Ser Val Thr Pro  
                  225                       230                       235                       240  
 Gly Glu Lys Ile Ile Leu Asn Phe Thr Ser Leu Asp Leu Tyr Arg Ser  
                  245                       250                       255  
 Arg Leu Cys Trp Tyr Asp Tyr Val Glu Val Arg Asp Gly Phe Trp Arg  
                  260                       265                       270  
 Lys Ala Pro Leu Arg Gly Arg Phe Cys Gly Ser Lys Leu Pro Glu Pro  
                  275                       280                       285  
 Ile Val Ser Thr Asp Ser Arg Leu Trp Val Glu Phe Arg Ser Ser Ser  
                  290                       295                       300  
 Asn Trp Val Gly Lys Gly Phe Phe Ala Val Tyr Glu Ala Ile Cys Gly  
                  305                       310                       315                       320  
 Gly Asp Val Lys Lys Asp Tyr Gly His Ile Gln Ser Pro Asn Tyr Pro  
                  325                       330                       335  
 Asp Asp Tyr Arg Pro Ser Lys Val Cys Ile Trp Arg Ile Gln Val Ser

	340	345	350
Glu Gly Phe His Val Gly Leu Thr Phe Gln Ser Phe Glu Ile Glu Arg			
355	360	365	
His Asp Ser Cys Ala Tyr Asp Tyr Leu Glu Val Arg Asp Gly His Ser			
370	375	380	
Glu Ser Ser Thr Leu Ile Gly Arg Tyr Cys Gly Tyr Glu Lys Pro Asp			
385	390	395	400
Asp Ile Lys Ser Thr Ser Ser Arg Leu Trp Leu Lys Phe Val Ser Asp			
405	410	415	
Gly Ser Ile Asn Lys Ala Gly Phe Ala Val Asn Phe Phe Lys Glu Val			
420	425	430	
Asp Glu Cys Ser Arg Pro Asn Arg Gly Gly Cys Glu Gln Arg Cys Leu			
435	440	445	
Asn Thr Leu Gly Ser Tyr Lys Cys Ser Cys Asp Pro Gly Tyr Glu Leu			
450	455	460	
Ala Pro Asp Lys Arg Arg Cys Glu Ala Ala Cys Gly Gly Phe Leu Thr			
465	470	475	480
Lys Leu Asn Gly Ser Ile Thr Ser Pro Gly Trp Pro Lys Glu Tyr Pro			
485	490	495	
Pro Asn Lys Asn Cys Ile Trp Gln Leu Val Ala Pro Thr Gln Tyr Arg			
500	505	510	
Ile Ser Leu Gln Phe Asp Phe Phe Glu Thr Glu Gly Asn Asp Val Cys			
515	520	525	
Lys Tyr Asp Phe Val Glu Val Arg Ser Gly Leu Thr Ala Asp Ser Lys			
530	535	540	
Leu His Gly Lys Phe Cys Gly Ser Glu Lys Pro Glu Val Ile Thr Ser			
545	550	555	560
Gln Tyr Asn Asn Met Arg Val Glu Phe Lys Ser Asp Asn Thr Val Ser			
565	570	575	
Lys Lys Gly Phe Lys Ala His Phe Phe Ser Asp Lys Asp Glu Cys Ser			
580	585	590	
Lys Asp Asn Gly Gly Cys Gln Gln Asp Cys Val Asn Thr Phe Gly Ser			
595	600	605	
Tyr Glu Cys Gln Cys Arg Ser Gly Phe Val Leu His Asp Asn Lys His			
610	615	620	
Asp Cys Lys Glu Ala Gly Cys Asp His Lys Val Thr Ser Thr Ser Gly			
625	630	635	640
Thr Ile Thr Ser Pro Asn Trp Pro Asp Lys Tyr Pro Ser Lys Lys Glu			
645	650	655	

Cys Thr Trp Ala Ile Ser Ser Thr Pro Gly His Arg Val Lys Leu Thr  
                  660                       665                       670  
 Phe Met Glu Met Asp Ile Glu Ser Gln Pro Glu Cys Ala Tyr Asp His  
                  675                       680                       685  
 Leu Glu Val Phe Asp Gly Arg Asp Ala Lys Ala Pro Val Leu Gly Arg  
                  690                       695                       700  
 Phe Cys Gly Ser Lys Lys Pro Glu Pro Val Leu Ala Thr Gly Ser Arg  
                  705                       710                       715                       720  
 Met Phe Leu Arg Phe Tyr Ser Asp Asn Ser Val Gln Arg Lys Gly Phe  
                  725                       730                       735  
 Gln Ala Ser His Ala Thr Glu Cys Gly Gly Gln Val Arg Ala Asp Val  
                  740                       745                       750  
 Lys Thr Lys Asp Leu Tyr Ser His Ala Gln Phe Gly Asp Asn Asn Tyr  
                  755                       760                       765  
 Pro Gly Gly Val Asp Cys Glu Trp Val Ile Val Ala Glu Glu Gly Tyr  
                  770                       775                       780  
 Gly Val Glu Leu Val Phe Gln Thr Phe Glu Val Glu Glu Glu Thr Asp  
                  785                       790                       795                       800  
 Cys Gly Tyr Asp Tyr Met Glu Leu Phe Asp Gly Tyr Asp Ser Thr Ala  
                  805                       810                       815  
 Pro Arg Leu Gly Arg Tyr Cys Gly Ser Gly Pro Pro Glu Glu Val Tyr  
                  820                       825                       830  
 Ser Ala Gly Asp Ser Val Leu Val Lys Phe His Ser Asp Asp Thr Ile  
                  835                       840                       845  
 Thr Lys Lys Gly Phe His Leu Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Phe Gln Asp  
                  850                       855                       860  
 Thr Leu His Ser Arg Lys  
                  865                       870

&lt;210&gt;20

&lt;211&gt;2912

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;含有人前胶原 I N- 蛋白酶编码区和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;20

gcgccatggc tcaattgagg agaagggcta ggagacacgc agctgtatgtt gattacaaca      60

ttgaagtttt gcttggtgtt gatgatagtg tggtgcattt ccacggaaaa gagcatgttc	120
agaaaatatct tttgacactt atgaatattt tgaacgaaat ctaccatgtt gagtcattttgg	180
gagcacacat taacgtggtt cttgtgagga ttattcttctt ttcatacggtt aaatctatgtt	240
cacttatttttta gattggaaac ccttcactt ctcttgagaa tgtgtgcaga tggcatacc	300
ttcaacagaa gcctgatact ggacacgatg agtacacgatc tcacgttattt ttcatttacaa	360
ggcaggattt cggccaagt ggaatgcaag gatatgctcc tgttactgtt atgtgccacc	420
ctgttaggtc ttgtacactt aaccacgagg atggtttttc atctgttttgcgttggctc	480
atgagacagg tcatgttttggaaatggacatgatggaca gggtaataga tgtggagatg	540
aagttagact tggttcaattt atggcttcctc ttgttcaagc tgcttttcat aggttccact	600
ggagtaggtt ttcacagcaa gagttgagta gatacatttca ttcttacgt tgcttgctt	660
atgatccattt tgctcatgtt tggccagctt tgcctcaactt tcctggattt cactactcta	720
tgaacgagca gtgcagattt gatttcggc ttggtttacat gatgtgcaca gcttcagga	780
ctttcgatcc atgcaaaacag ttgtgggtt cacacccaga taacccatattt tctgtaaaa	840
caaaaaaaaaagg tccaccactt gatggtacta tgcgcgcacc tgaaaagcac tgcttcaagg	900
gacactgcat ttggcttactt cctgtatattt taaaaggaa tggatcatgg ggagcttgg	960
ctccatttcgg aagttgctca agaacttgcg gaacagggtt taagttttaga actaggcagt	1020
gcgataatcc acaccctgctt aatggtggta gaacttgcctc tggacttgc tacgattttc	1080
agttgttgc taggcaagat tgccctgata gtcttgcgtt tttagagaa gagcaatgtt	1140
gacagtggaa tctttactttt gggcacggcg acgctcagca ccactggctt ccacacgagc	1200
atagagatgc aaaagaaagg tgtcacctt attgcgagag tagagagact ggagaggtgg	1260
tgtcaatgaa gagaatggtg cacgtggta caaggtgttc ttataaggat gcattcttt	1320
tgtgtgttgc gggagattgc aggaaagtgg gttgtgttgc agtgatttgg tctagtaagc	1380
aagaagataa gtgcggagtgt tgccggaggataactctca ttgcagggtt gtggaaaggaa	1440
cttttacaag atcaccaaaa aaacacgggtt acattaagat gttcgaaattt cctgctggag	1500
caaggcattt gcttatttcgg aagttggatg caacatctca ccacttggca gtggaaaaacc	1560
ttgagactgg aaaatttattt ttgaacgagg agaacgtgt tgatgtcatct agtaagactt	1620
tcattgcaat ggggtttgaa tgggagttt gggatgagga tggaaggaa acacttcaaa	1680
caatgggtcc tcttcatgg acaattactt tggtggatgat tccagggtt gataacaagg	1740
tgtcattgttgc atacaagtat atgatttcacg aggtatgtt taacgttgc gataacaacg	1800
ttttggaaaga agattctgtt gtttacgagt gggctttaa gaaatggtca ctttgcctta	1860
agccatgtgg tggaggaagt cagttcaacta agtatgggtt taggaggagg cttgtatcata	1920
agatgggtca taggggattt tgccgcaccc ttgttgcgtt aaaggcaattt aggagggttt	1980
gttaccctca agaatgctca caaccagttt ggggtgacagg agagtggag ccatgttcc	2040
aaacatgcgg aagaacttggaa atgcaagttt gatcgtttagt atgcatttca ctttgcatt	2100
ataacactac aagaagtgtt cacgcaaaac actgttacgt tgcttaggtt gaggttagaa	2160
gagcttgcctc tagggaaattt tgccctggta gatggaggcagg aggaccttgg agtcaatgtt	2220
ctgtgacatg tgaaacgggtt actcaggaaa gacctgttcc atgttagact gctgtatgtt	2280
gtttcgaaat ttgtcaggag gaaaggccag aaacagctttagt gacttgcgtt cttggaccc	2340
gtccttaggaa tattttctgtt cctgtaaaaa aatcatacgat ggtcaatgg ttgttgcgtt	2400

cagatccaga ttcaccaatt aggaagattt cttcaaaagg acactgccag ggtgataaga	2460
gtattttctg cagaatggaa gttcttagta ggtactgttc tattccaggt tataacaaac	2520
tttcttgtaa gagttgcaac ttgtataaca atcttactaa cgtggagggt agaattgaac	2580
ctccaccagg aaagcacaac gatattgatg tgtttatgcc tactcttcct gtgccaacag	2640
ttgcaatgga agttagacct tctccatcta ctccacttga ggtgccactt aatgcataa	2700
gtactaacgc tactgaggat cacccagaga ctaacgcagt tgatgagcct tataagattc	2760
acggacttga ggatgagggtt cagccaccaa accttattcc taggaggcca agtccttacg	2820
aaaaaaactag aaatcagagg attcaggagc ttattgatga gatgaggaaa aaggagatgc	2880
ttggaaagtt ctaatgagct cgcgccgca tc	2912

<210>21

<211>962

<212>PRT

<213> 人工序列

<220>

<223> 含有人前胶原 I N- 蛋白酶和侧翼区的合成序列

<400>21

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

145	150	155	160
Thr Gly His Val Leu Gly Met Glu His Asp Gly Gln Gly Asn Arg Cys			
165	170	175	
Gly Asp Glu Val Arg Leu Gly Ser Ile Met Ala Pro Leu Val Gln Ala			
180	185	190	
Ala Phe His Arg Phe His Trp Ser Arg Cys Ser Gln Gln Glu Leu Ser			
195	200	205	
Arg Tyr Leu His Ser Tyr Asp Cys Leu Leu Asp Asp Pro Phe Ala His			
210	215	220	
Asp Trp Pro Ala Leu Pro Gln Leu Pro Gly Leu His Tyr Ser Met Asn			
225	230	235	240
Glu Gln Cys Arg Phe Asp Phe Gly Leu Gly Tyr Met Met Cys Thr Ala			
245	250	255	
Phe Arg Thr Phe Asp Pro Cys Lys Gln Leu Trp Cys Ser His Pro Asp			
260	265	270	
Asn Pro Tyr Phe Cys Lys Thr Lys Lys Gly Pro Pro Leu Asp Gly Thr			
275	280	285	
Met Cys Ala Pro Gly Lys His Cys Phe Lys Gly His Cys Ile Trp Leu			
290	295	300	
Thr Pro Asp Ile Leu Lys Arg Asp Gly Ser Trp Gly Ala Trp Ser Pro			
305	310	315	320
Phe Gly Ser Cys Ser Arg Thr Cys Gly Thr Gly Val Lys Phe Arg Thr			
325	330	335	
Arg Gln Cys Asp Asn Pro His Pro Ala Asn Gly Gly Arg Thr Cys Ser			
340	345	350	
Gly Leu Ala Tyr Asp Phe Gln Leu Cys Ser Arg Gln Asp Cys Pro Asp			
355	360	365	
Ser Leu Ala Asp Phe Arg Glu Glu Gln Cys Arg Gln Trp Asp Leu Tyr			
370	375	380	
Phe Glu His Gly Asp Ala Gln His His Trp Leu Pro His Glu His Arg			
385	390	395	400
Asp Ala Lys Glu Arg Cys His Leu Tyr Cys Glu Ser Arg Glu Thr Gly			
405	410	415	
Glu Val Val Ser Met Lys Arg Met Val His Asp Gly Thr Arg Cys Ser			
420	425	430	
Tyr Lys Asp Ala Phe Ser Leu Cys Val Arg Gly Asp Cys Arg Lys Val			
435	440	445	
Gly Cys Asp Gly Val Ile Gly Ser Ser Lys Gln Glu Asp Lys Cys Gly			
450	455	460	

Val Cys Gly Gly Asp Asn Ser His Cys Lys Val Val Lys Gly Thr Phe  
 465 470 475 480  
 Thr Arg Ser Pro Lys Lys His Gly Tyr Ile Lys Met Phe Glu Ile Pro  
 485 490 495  
 Ala Gly Ala Arg His Leu Leu Ile Gln Glu Val Asp Ala Thr Ser His  
 500 505 510  
 His Leu Ala Val Lys Asn Leu Glu Thr Gly Lys Phe Ile Leu Asn Glu  
 515 520 525  
 Glu Asn Asp Val Asp Ala Ser Ser Lys Thr Phe Ile Ala Met Gly Val  
 530 535 540  
 Glu Trp Glu Tyr Arg Asp Glu Asp Gly Arg Glu Thr Leu Gln Thr Met  
 545 550 555 560  
 Gly Pro Leu His Gly Thr Ile Thr Val Leu Val Ile Pro Val Gly Asp  
 565 570 575  
 Thr Arg Val Ser Leu Thr Tyr Lys Tyr Met Ile His Glu Asp Ser Leu  
 580 585 590  
 Asn Val Asp Asp Asn Asn Val Leu Glu Glu Asp Ser Val Val Tyr Glu  
 595 600 605  
 Trp Ala Leu Lys Lys Trp Ser Pro Cys Ser Lys Pro Cys Gly Gly  
 610 615 620  
 Ser Gln Phe Thr Lys Tyr Gly Cys Arg Arg Arg Leu Asp His Lys Met  
 625 630 635 640  
 Val His Arg Gly Phe Cys Ala Ala Leu Ser Lys Pro Lys Ala Ile Arg  
 645 650 655  
 Arg Ala Cys Asn Pro Gln Glu Cys Ser Gln Pro Val Trp Val Thr Gly  
 660 665 670  
 Glu Trp Glu Pro Cys Ser Gln Thr Cys Gly Arg Thr Gly Met Gln Val  
 675 680 685  
 Arg Ser Val Arg Cys Ile Gln Pro Leu His Asp Asn Thr Thr Arg Ser  
 690 695 700  
 Val His Ala Lys His Cys Asn Asp Ala Arg Pro Glu Ser Arg Arg Ala  
 705 710 715 720  
 Cys Ser Arg Glu Leu Cys Pro Gly Arg Trp Arg Ala Gly Pro Trp Ser  
 725 730 735  
 Gln Cys Ser Val Thr Cys Gly Asn Gly Thr Gln Glu Arg Pro Val Pro  
 740 745 750  
 Cys Arg Thr Ala Asp Asp Ser Phe Gly Ile Cys Gln Glu Glu Arg Pro  
 755 760 765  
 Glu Thr Ala Arg Thr Cys Arg Leu Gly Pro Cys Pro Arg Asn Ile Ser

770	775	780
Asp Pro Ser Lys Lys Ser Tyr Val Val Gln Trp Leu Ser Arg Pro Asp		
785	790	795
Pro Asp Ser Pro Ile Arg Lys Ile Ser Ser Lys Gly His Cys Gln Gly		800
805	810	815
Asp Lys Ser Ile Phe Cys Arg Met Glu Val Leu Ser Arg Tyr Cys Ser		
820	825	830
Ile Pro Gly Tyr Asn Lys Leu Ser Cys Lys Ser Cys Asn Leu Tyr Asn		
835	840	845
Asn Leu Thr Asn Val Glu Gly Arg Ile Glu Pro Pro Pro Gly Lys His		
850	855	860
Asn Asp Ile Asp Val Phe Met Pro Thr Leu Pro Val Pro Thr Val Ala		
865	870	875
Met Glu Val Arg Pro Ser Pro Ser Thr Pro Leu Glu Val Pro Leu Asn		880
885	890	895
Ala Ser Ser Thr Asn Ala Thr Glu Asp His Pro Glu Thr Asn Ala Val		
900	905	910
Asp Glu Pro Tyr Lys Ile His Gly Leu Glu Asp Glu Val Gln Pro Pro		
915	920	925
Asn Leu Ile Pro Arg Arg Pro Ser Pro Tyr Glu Lys Thr Arg Asn Gln		
930	935	940
Arg Ile Gln Glu Leu Ile Asp Glu Met Arg Lys Lys Glu Met Leu Gly		
945	950	955
Lys Phe		960

&lt;210&gt;22

&lt;211&gt;2888

&lt;212&gt;DNA

&lt;213&gt;人工序列

&lt;220&gt;

<223>含有与人赖氨酰羟化酶3融合的大麦疏基蛋白酶aleurain前体基因的维管信号序列

编码区和侧翼区的合成序列

&lt;400&gt;22

gcgaattcgc tagcttatcac taaaaagaca gcaagacaat ggtgtctcga tgcaccagaa	60
ccacatctt gcagcagatg tgaaggcagcc agagtggtcc acaagacgca ctcagaaaag	120
gcatttctta ccgacacaga aaaagacaac cacagctcat catccaacat gtagactgtc	180

gttatgcgtc ggctgaagat aagactgacc ccaggccagc actaaagaag aaataatgca	240
agtggtccta gctccacttt agcttaata attatgttc attattattc tctgcttttg	300
ctctctatat aaagagctt tatttcatt tgaaggcaga ggcgaacaca cacacagaac	360
ctcccgtt accaaaccaga tcttaaacca tggctcagc tagggtttg cttcttgctc	420
ttgctgtct tgctactgct gctgttgctg tggcttcttc aagttttc gctgattcta	480
acccaattag gccagtgact gatagagctg ctctactct tgctcaattg agatctatgt	540
ctgatagacc aaggggagg gatccagttt atccagagaa gttgcttgcg attactgtgg	600
ctactgctga gactgaagga taccttagat tccttaggag tgctgatc ttcaactaca	660
ctgtgaggac tcttggactt ggagaagaat ggaggggagg agatgttgct agaactgttg	720
gaggaggaca gaaagtgaga tggcttaaga aagagatgga gaagtacgct gataggagg	780
atatgattat tatgttcgtg gattcttacg atgtgattct tgctggatct ccaactgagc	840
ttttgaagaa attcggtttagt tctggatcta ggcttcttt ctctgctgag tctttttgtt	900
ggccagaatg gggacttgct gagcaatatac cagaagtggg aactggaaag agattcctt	960
actctggagg attcatttgg ttcgctacta ctattcacca gattgtgagg cagtgaaat	1020
acaaggatga cgatgtatgat cagctttct acacttaggtt ttaccttgcg ccaggactt	1080
gggagaagtt gtctcttaac cttgatcaca agtctaggat tttccagaac cttAACGGTG	1140
ctcttgcgtt ggttgtgctt aagttcgata ggaacagagt gaggattagg aacgtggctt	1200
acgatactct tcctatttgcgtt gtgcattggaa acggaccaac aaaactccag cttactacc	1260
ttaggaaacta cgttccaaac ggatggactc cagaaggagg atgtggattc tgcaatcagg	1320
ataggagaac tcttccagga ggacaaccac caccaagagt tttccttgct gtgtcggtt	1380
aacagccaaac tccattcctt ccaagattcc ttcagaggct tcttcctttt gattaccac	1440
cagatagggt gacacttttc cttcacaaca acgagggtt ccacgagcca cacattgtg	1500
attcttggcc acagcttcag gatcatttct ctgctgtgaa gttgggttgtt ccagaagaag	1560
ctctttctcc aggagaagct agggatatgg ctagggattt gtgcaggcag gatccagagt	1620
gcggatctca cttctcttctt gatgtgtatg ctgtgcttac taaccttcag actcttagga	1680
ttcttatttgcgtt ggagaacagg aaagtgttgcgtt ctccaatgtt ttcttaggcac ggaaagttgt	1740
ggtctaattt ctgggggtgtt cttctcctt atgagttacta cgctagatca gaggactacg	1800
tggagcttgcgtt tcagagaaag agagtggag tttggaaacgt tccttatatt tctcaggcgtt	1860
acgtgatttgcgtt gggagatact cttaggttgcgtt agcttccaca gagggatgtt ttctctggat	1920
ctgatacttgcgtt tccagatatg gctttcttgcgtt agtctttcag ggataaggaa atttccctt	1980
acctttctaa ccagcatgag ttcggaaatg tgcttgcgtt ttcaagatac gatactgagc	2040
accttcattcc ttagttttgg cagattttcg ataacccagt ggatttggaa gagcagtgaca	2100
ttcacgagaa ctactctagg gctcttgcgtt gagaaggaaat tttggagcaa ccatgcccag	2160
atgtttacttgcgtt gttcccactt cttctgagc aaatgtgcgtt tgagttgtt gctgagatgg	2220
agcattacgg acaatggagt ggaggttagac atgaggattc taggcttgcgtt ggaggatacg	2280
agaacgttcc aactgtggat attcacatga agcaagtggg atacgaggat caatggcttcc	2340
agcttcttag gacttatgtt ggaccaatga ctgagtctt tttcccgaggaa taccacacta	2400
aggcttagggc ttttatgttgcgtt ggtatcgatcc agatgagcaa ccatcttta	2460
ggccacacca cgattttctt actttcactc ttaacgtggc tcttaaccac aaggacttgcgtt	2520

attatgaggg aggaggatgc cgttccctta gatacgattt cgtgatttct tcaccaagaa	2580
agggatggc tcttcttcat ccaggaaggc ttactcatta ccacgaggga cttccaaacta	2640
cttgggaac tagatatatt atggtgttct tcgtggatcc atgactgctt taatgagata	2700
tgcgagacgc ctatgatcgc atgatattt cttcaattc tggtgtgcac gttgtaaaaa	2760
acctgagcat gtgttagctca gatccttacc gccggttcg gttcattcta atgaatata	2820
caccgttac tattgttattt ttatgaataa tattctccgt tcaatttact gattgtccag	2880
aattcgcg	2888

<210>23

<211>764

<212>PRT

<213>人工序列

<220>

<223>含有与人赖氨酰羟化酶3融合的大麦疏基蛋白酶aleurain前体基因的维管信号序列

和侧翼区的合成序列

<400>23

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

145	150	155	160
Arg Leu Leu Phe Ser Ala Glu Ser Phe Cys Trp Pro Glu Trp Gly Leu			
165	170	175	
Ala Glu Gln Tyr Pro Glu Val Gly Thr Gly Lys Arg Phe Leu Asn Ser			
180	185	190	
Gly Gly Phe Ile Gly Phe Ala Thr Thr Ile His Gln Ile Val Arg Gln			
195	200	205	
Trp Lys Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Gln Leu Phe Tyr Thr Arg Leu			
210	215	220	
Tyr Leu Asp Pro Gly Leu Arg Glu Lys Leu Ser Leu Asn Leu Asp His			
225	230	235	240
Lys Ser Arg Ile Phe Gln Asn Leu Asn Gly Ala Leu Asp Glu Val Val			
245	250	255	
Leu Lys Phe Asp Arg Asn Arg Val Arg Ile Arg Asn Val Ala Tyr Asp			
260	265	270	
Thr Leu Pro Ile Val Val His Gly Asn Gly Pro Thr Lys Leu Gln Leu			
275	280	285	
Asn Tyr Leu Gly Asn Tyr Val Pro Asn Gly Trp Thr Pro Glu Gly Gly			
290	295	300	
Cys Gly Phe Cys Asn Gln Asp Arg Arg Thr Leu Pro Gly Gly Gln Pro			
305	310	315	320
Pro Pro Arg Val Phe Leu Ala Val Phe Val Glu Gln Pro Thr Pro Phe			
325	330	335	
Leu Pro Arg Phe Leu Gln Arg Leu Leu Leu Asp Tyr Pro Pro Asp			
340	345	350	
Arg Val Thr Leu Phe Leu His Asn Asn Glu Val Phe His Glu Pro His			
355	360	365	
Ile Ala Asp Ser Trp Pro Gln Leu Gln Asp His Phe Ser Ala Val Lys			
370	375	380	
Leu Val Gly Pro Glu Glu Ala Leu Ser Pro Gly Glu Ala Arg Asp Met			
385	390	395	400
Ala Met Asp Leu Cys Arg Gln Asp Pro Glu Cys Glu Phe Tyr Phe Ser			
405	410	415	
Leu Asp Ala Asp Ala Val Leu Thr Asn Leu Gln Thr Leu Arg Ile Leu			
420	425	430	
Ile Glu Glu Asn Arg Lys Val Ile Ala Pro Met Leu Ser Arg His Gly			
435	440	445	
Lys Leu Trp Ser Asn Phe Trp Gly Ala Leu Ser Pro Asp Glu Tyr Tyr			
450	455	460	

Ala Arg Ser Glu Asp Tyr Val Glu Leu Val Gln Arg Lys Arg Val Gly  
 465 470 475 480  
 Val Trp Asn Val Pro Tyr Ile Ser Gln Ala Tyr Val Ile Arg Gly Asp  
 485 490 495  
 Thr Leu Arg Met Glu Leu Pro Gln Arg Asp Val Phe Ser Gly Ser Asp  
 500 505 510  
 Thr Asp Pro Asp Met Ala Phe Cys Lys Ser Phe Arg Asp Lys Gly Ile  
 515 520 525  
 Phe Leu His Leu Ser Asn Gln His Glu Phe Gly Arg Leu Leu Ala Thr  
 530 535 540  
 Ser Arg Tyr Asp Thr Glu His Leu His Pro Asp Leu Trp Gln Ile Phe  
 545 550 555 560  
 Asp Asn Pro Val Asp Trp Lys Glu Gln Tyr Ile His Glu Asn Tyr Ser  
 565 570 575  
 Arg Ala Leu Glu Gly Glu Gly Ile Val Glu Gln Pro Cys Pro Asp Val  
 580 585 590  
 Tyr Trp Phe Pro Leu Leu Ser Glu Gln Met Cys Asp Glu Leu Val Ala  
 595 600 605  
 Glu Met Glu His Tyr Gly Gln Trp Ser Gly Gly Arg His Glu Asp Ser  
 610 615 620  
 Arg Leu Ala Gly Gly Tyr Glu Asn Val Pro Thr Val Asp Ile His Met  
 625 630 635 640  
 Lys Gln Val Gly Tyr Glu Asp Gln Trp Leu Gln Leu Leu Arg Thr Tyr  
 645 650 655  
 Val Gly Pro Met Thr Glu Ser Leu Phe Pro Gly Tyr His Thr Lys Ala  
 660 665 670  
 Arg Ala Val Met Asn Phe Val Val Arg Tyr Arg Pro Asp Glu Gln Pro  
 675 680 685  
 Ser Leu Arg Pro His His Asp Ser Ser Thr Phe Thr Leu Asn Val Ala  
 690 695 700  
 Leu Asn His Lys Gly Leu Asp Tyr Glu Gly Gly Cys Arg Phe Leu  
 705 710 715 720  
 Arg Tyr Asp Cys Val Ile Ser Ser Pro Arg Lys Gly Trp Ala Leu Leu  
 725 730 735  
 His Pro Gly Arg Leu Thr His Tyr His Glu Gly Leu Pro Thr Thr Trp  
 740 745 750  
 Gly Thr Arg Tyr Ile Met Val Ser Phe Val Asp Pro  
 755 760

24

211>45

<212>PRT

〈213〉人工序列

220

## 〈223〉大麦疏基蛋白酶 aleurain 前体基因的液泡信号序列

〈400〉24

Met	Ala	His	Ala	Arg	Val	Leu	Leu	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Ala	Thr
1					5					10					15
Ala	Ala	Val	Ala	Val	Ala	Ser	Ser	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Ser	Asn	Pro
					20					25					30
Ile	Arg	Pro	Val	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Ser	Thr	Leu	Ala			
					35					40					45

〈210〉25

〈211〉24

<212>DNA

〈213〉人工序列

220

〈223〉 单

25

atcaccagga gaacaggac catc

24

〈210〉26

〈211〉29

<212>DNA

〈213〉人工序列

220

〈223〉单链 DNA 寡核苷酸

<400>26

tccacttcca aatctctatc cctaacaac

29

〈210〉27

<211>23

<212>DNA

<213> 人工序列

<220>

<223> 单链 DNA 寡核苷酸

<400>27

aggcattaga ggcgataagg gag 23

<210>28

<211>27

<212>DNA

<213> 人工序列

<220>

<223> 单链 DNA 寡核苷酸

<400>28

tcaatccaat aatagccact tgaccac 27

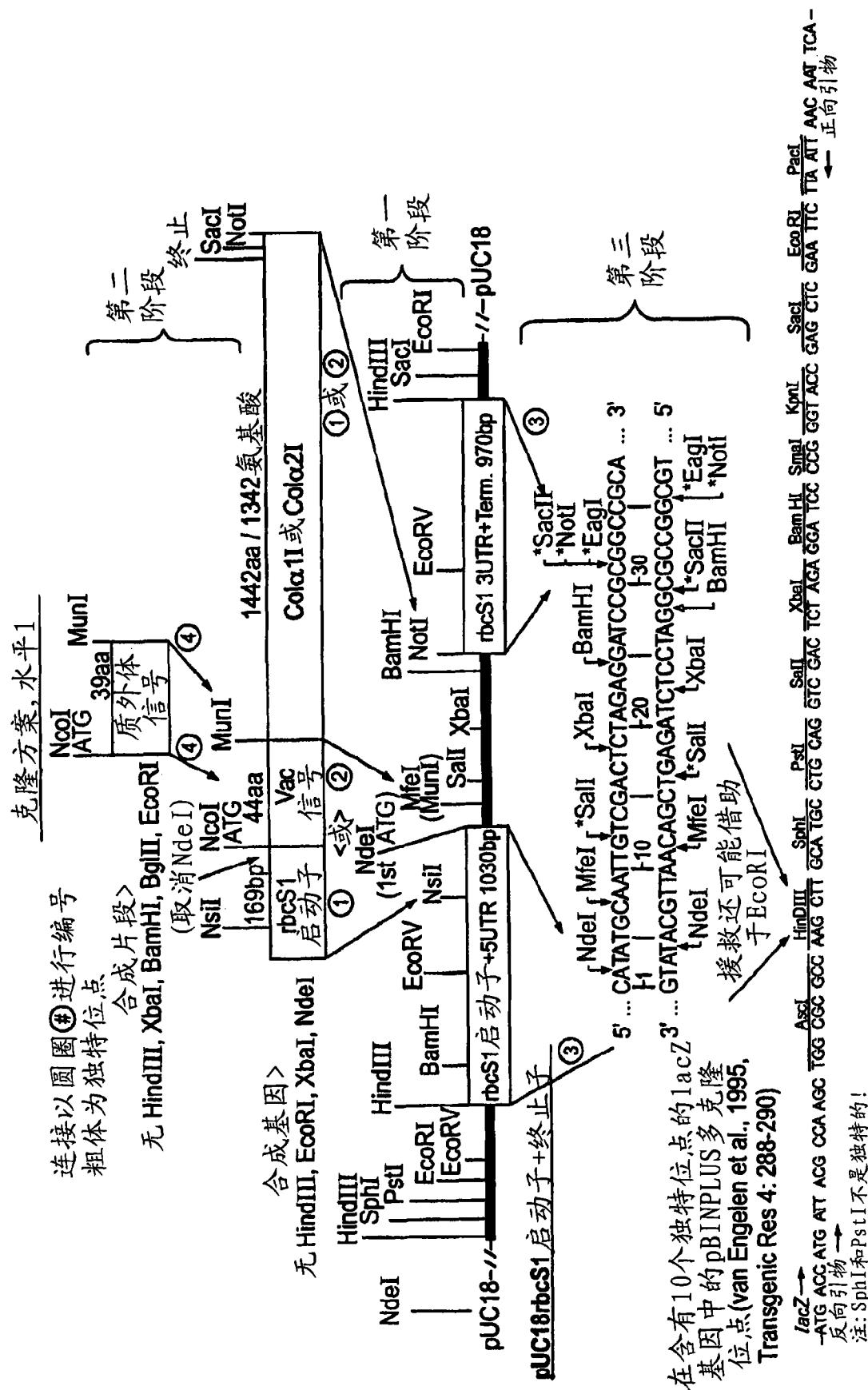
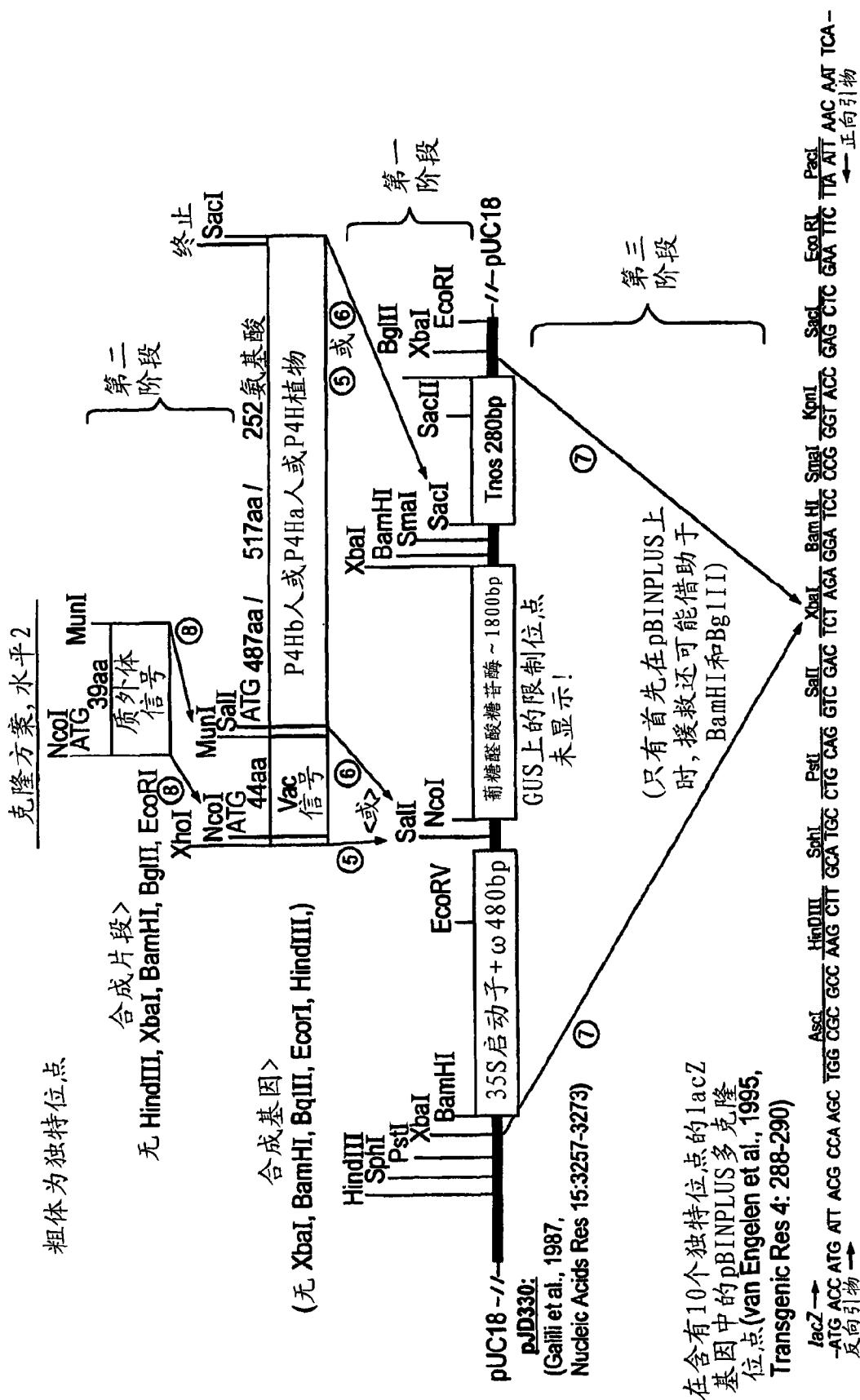
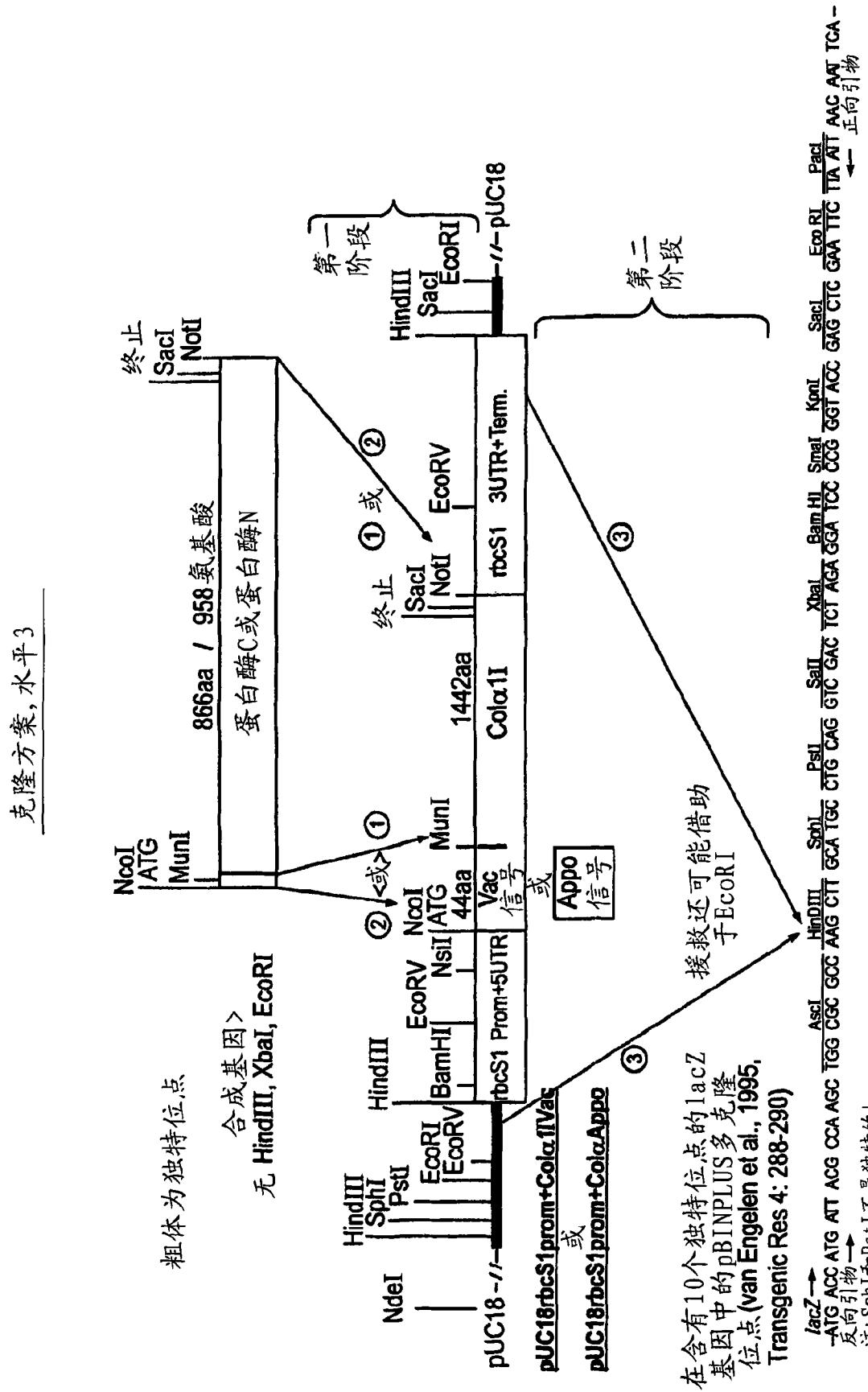


图 1a

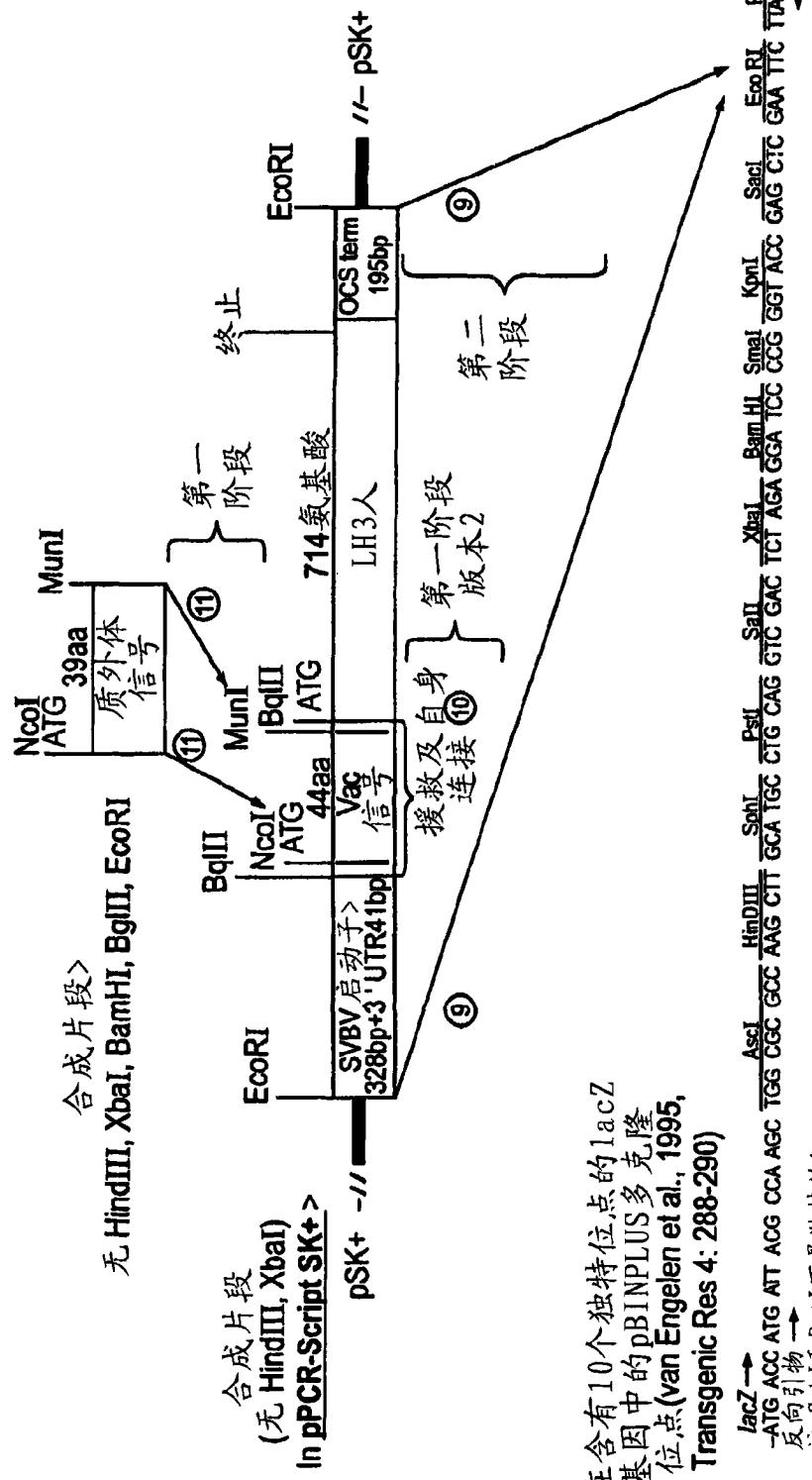




10

克隆方案，水平4

粗体为独特位点



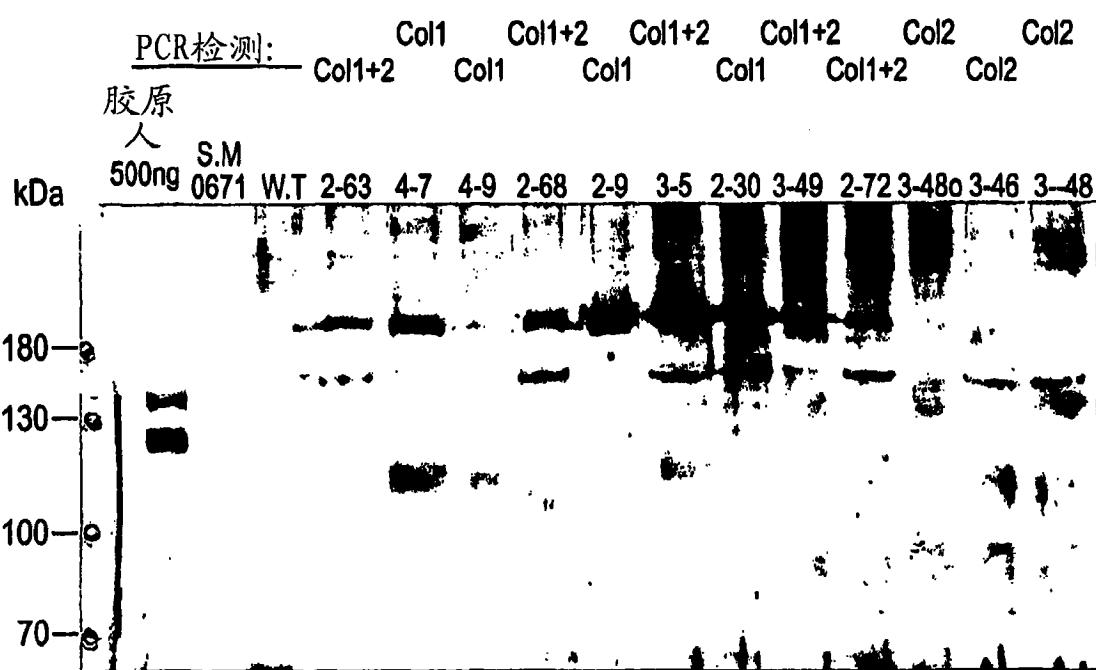
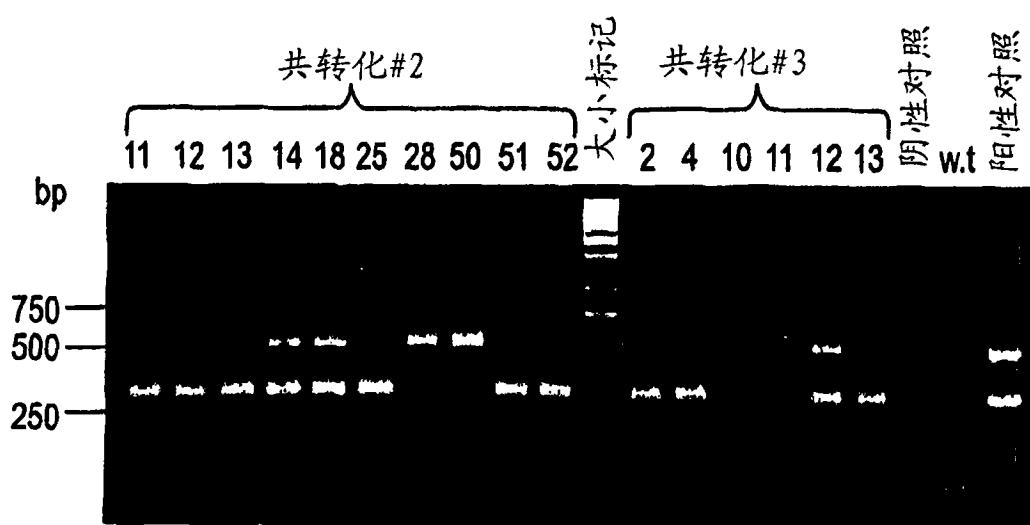
在含有10个独特位点的lacZ  
基因中的pBINPLUS多克隆  
位点(van Engelen et al., 1995,  
Transgenic Res 4: 288-290)

*lacZ* → ATG ACC ATG ATT ACG CCA AGC TGCG CGC GCC AAG CTG GCA TGC CTG CAG GTC GAC TCT AGA GGA TCC CCC GGT ACC GAG CTC GAA TTC TTA ATT AAC ATT TCA -  
反向引物 →  
注: SphI和PstI不是独特的!

图 1d

液泡	细胞质	质外体
Cole a1(I) Cole a2(I)	Cole a1(I) Cole a2(I)	7 Cole a1(I) Cole a2(I)
2	1	
Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4Ha	Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4Ha	8 Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4Ha
3	5	
Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4Ha	Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4Ha	9 Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4Hb
4	6	
Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4H植物	Cole a1(I) P4Hb Cole a2(I) P4H植物	10 蛋白酶C 蛋白酶N
10	11	
蛋白酶C 蛋白酶N	蛋白酶C 蛋白酶N	12 蛋白酶C 蛋白酶N
12	13	
Cole a1(I) P4Hb LH3 Cole a2(I) P4Ha	Cole a1(I) P4Hb LH3 Cole a2(I) P4Ha	14 Cole a1(I) P4Hb LH3 Cole a2(I) P4Ha
13	14	
P4Hb LH3 P4Ha	P4Hb LH3 P4Ha	15 Cole a1(I) P4Hb LH3 Cole a2(I) P4Ha
20	21	
P4Hb LH3 P4Ha	P4Hb LH3 P4Ha	21 P4Hb LH3 P4Ha

图 2



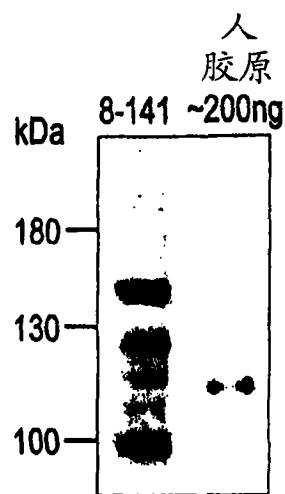


图 5

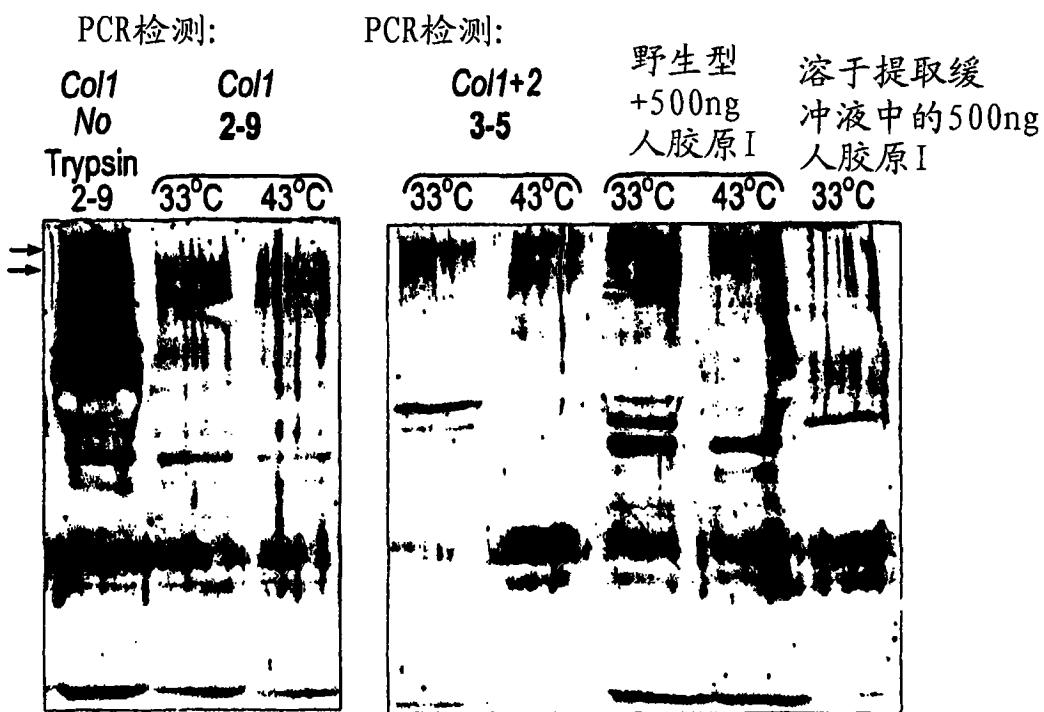


图 6a

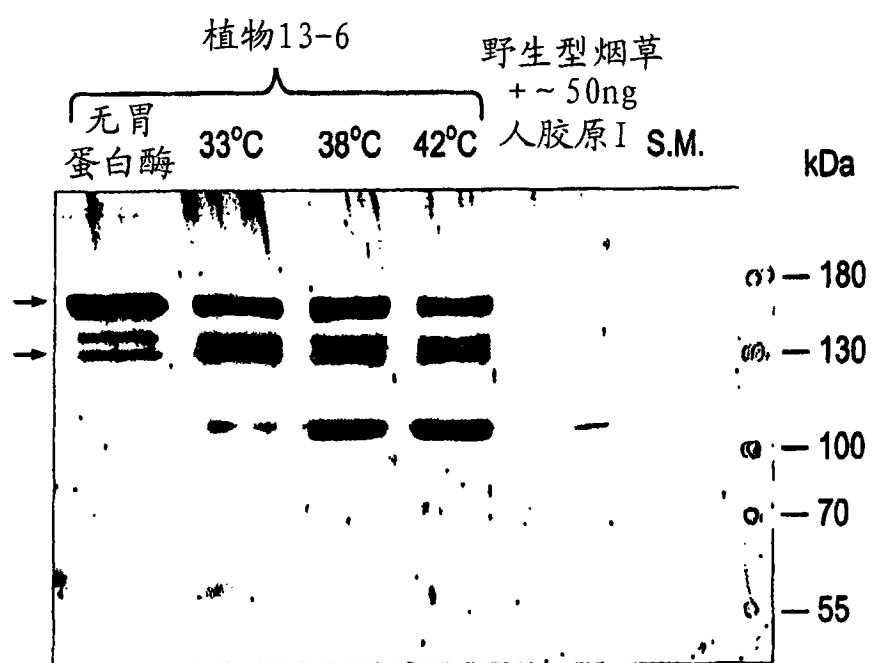


图 6b

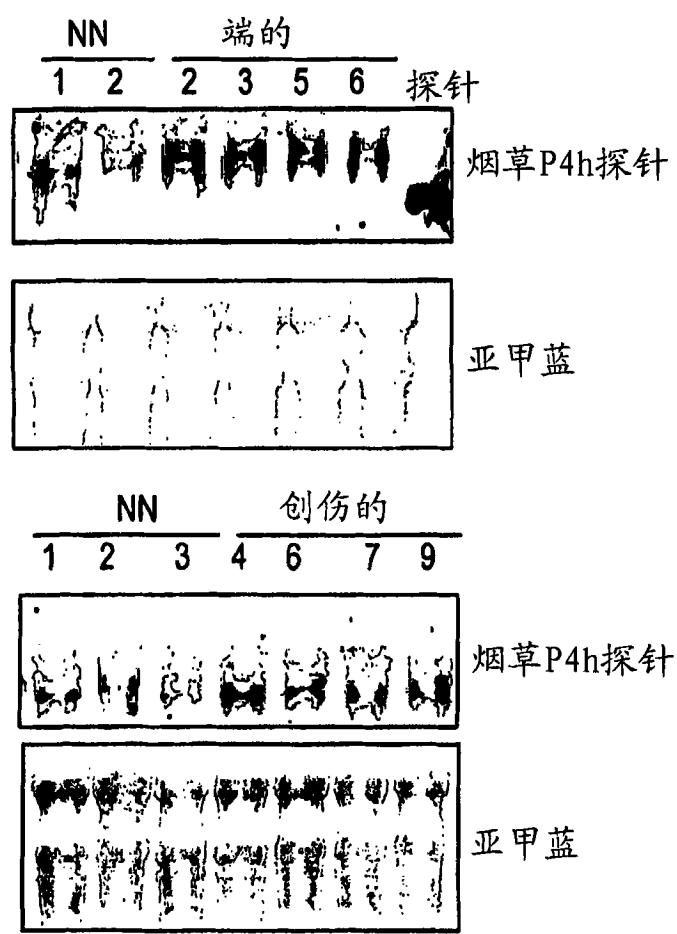


图 7

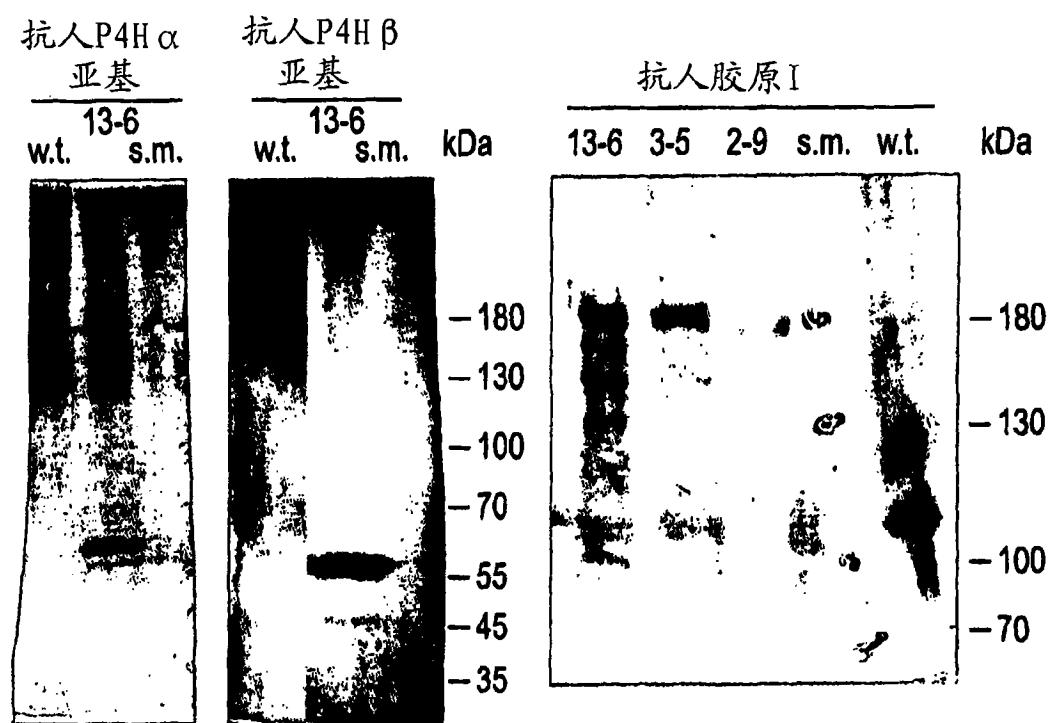


图 8