

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特許公報(B2)

(11) 特許番号

特許第3569746号
(P3569746)

(45) 発行日 平成16年9月29日(2004.9.29)

(24) 登録日 平成16年7月2日(2004.7.2)

(51) Int. Cl.⁷

F I

C 1 2 N 15/09

C 1 2 N 15/00 Z N A A

C 1 2 Q 1/68

C 1 2 Q 1/68 A

G O 1 N 33/10

G O 1 N 33/10

請求項の数 5 (全 30 頁)

(21) 出願番号	特願2001-154200 (P2001-154200)	(73) 特許権者	501203344
(22) 出願日	平成13年5月23日 (2001.5.23)		独立行政法人農業・生物系特定産業技術研究機構
(65) 公開番号	特開2002-369688 (P2002-369688A)		茨城県つくば市観音台3-1-1
(43) 公開日	平成14年12月24日 (2002.12.24)	(74) 代理人	100091096
審査請求日	平成13年5月23日 (2001.5.23)		弁理士 平木 祐輔
		(74) 代理人	100096183
			弁理士 石井 貞次
		(72) 発明者	佐藤 宏之
			茨城県つくば市竹園3-15 106-406
		(72) 発明者	鈴木 保宏
			茨城県つくば市並木2-122-204
		(72) 発明者	井辺 時雄
			茨城県つくば市松代5-9 612-2
			最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種に特異的なDNA断片、プライマー及び品種識別方法

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項1】

配列番号1に示す塩基配列のうち、少なくとも27番目の塩基を含み、かつ連続する少なくとも20塩基からなる塩基配列を有するDNA断片。

【請求項2】

請求項1記載のDNA断片を含むプライマー。

【請求項3】

請求項1記載のDNA断片を含むプライマーを用い、識別対象の米のDNAに対してPCRを行い、得られる反応産物を分析することによって、低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種であるか否かを識別する方法。

【請求項4】

配列番号2に示す塩基配列を有するDNA断片を含むプライマーをさらに用いる、請求項3記載の方法。

【請求項5】

配列番号3に示す塩基配列のうち連続する少なくとも20塩基からなる塩基配列を有するDNA断片を含むプライマー、及び配列番号4に示す塩基配列のうち連続する少なくとも20塩基からなる塩基配列を有するDNA断片を含むプライマーをさらに用いる、請求項3又は4記載の方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種に特異的なDNA断片、プライマー及び品種識別方法に関する。

【0002】**【従来の技術】**

米は胚乳デンプンを構成するアミロースとアミロペクチンの含有割合によって「もち米」と「うるち米」に大別される。「もち米」ではデンプンがアミロペクチンのみで構成されているが、「うるち米」のデンプンは約20%のアミロースと約80%のアミロペクチンから構成されており、米の胚乳デンプンに占めるアミロース成分の割合、すなわちアミロース含量は、デンプン粒結合型のアミロース合成酵素をコードする構造遺伝子であるw x座の対立遺伝子によって決定される。w x座は、胚乳デンプンのもち性及びうるち性を支配し、うるち性遺伝子(W x)がもち性遺伝子(w x)遺伝子に対して優性である。この米のアミロース含量は、炊飯米の食味の良否に影響を与える重要な形質である。

10

【0003】

粘りの強い良食味米は、胚乳のアミロース含量を低減させることによって得ることができるので、近年、各種研究機関において、種々の低アミロース米品種が育成され、その作付面積は現在増加傾向にある。低アミロース米品種とは、通常のうるち米品種よりもアミロース含量が低い品種のことであり、具体的には、アミロース含量が0以上~15%未満の品種である。低アミロース品種としては、例えば、「コシヒカリ」に受精卵メチルニトロソウレア(MNU)処理を行い、アミロース含量に着目して選抜、育成された品種「ミルキークイーン」、低アミロース系統「74WX2N-1」に「レイメイ」を交配して育成された品種「スノーパール」、低アミロース由来系統「永系84271」に「キタアケ」を交配し、薬培養によって得られた植物体から選抜して育成された品種「彩」、低アミロース系統「探系2021」に「ニシホマレ」を交配して育成された「柔小町」、「研系2078」に「北陸127号」を交配して育成された品種「ソフト158」などがある。

20

【0004】

これら低アミロース米品種を通常のうるち米品種と識別する方法としては、1)低アミロース米品種の種子胚乳が白濁することに基づいた肉眼による識別法と、2)胚乳のアミロース含量を測定する方法の2つがある。しかしながら、胚乳の白濁度及びアミロース含量は、産地、生産年、栽培法及び収穫物の乾燥方法等によって変動するため、前記した2方法で低アミロース米品種と通常のうるち米品種の仕分けを確実に行うのは困難である。

30

【0005】

一方、遺伝子に着目した低アミロース米品種の識別方法が開発され、特定品種奥羽344号(現在の品種名はスノーパール)及び同品種と系譜が同じ品種をDNA配列に基づいて識別する方法が知られている(特開平12-201679号公報)。しかしながら、この方法は、奥羽344号を含む同系統における特異的な塩基配列に基づいた品種判別方法であるため、奥羽344号及び同系統品種と他品種とを識別することは可能であっても、奥羽344号以外の他系統の低アミロース米を識別することはできない。

【0006】

現在、米の品種等の農産物検査において、各品種に対する確実な検査方法の確立が望まれているが、未だ、低アミロース米品種のうち、ミルキークイーン及び同系統品種を他の低アミロース米及び通常のうるち米品種と識別する方法は報告されていない。このため、ミルキークイーン及び同系統品種の識別方法を確立するためには、前記の遺伝子に着目した低アミロース米品種の識別方法と同様に、ミルキークイーンに特異的な遺伝子を特定し、それに基づいた識別方法を開発する必要がある。しかしながら、ミルキークイーンはコシヒカリにMNU処理して育成された品種であるため、両者が非常に類似した特性及び遺伝子を有しており、ミルキークイーンとコシヒカリとの遺伝上の差異を明確にしなければ、ミルキークイーン及び同系統品種のみを特異的かつ効率的に他品種と識別することが困難であるため、コシヒカリと同品種の差別化が求められている。

40

【0007】

50

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種に特異的なDNA断片、プライマー及び品種識別方法を提供することを目的とする。

【0008】**【課題を解決するための手段】**

本発明者らは、前記課題を解決するため鋭意研究を行った結果、低アミロース米品種ミルキークイーンが保有するDNA塩基配列に着目し、ミルキークイーン及び同系統品種に特異的なDNA配列を見出し、本発明を完成するに至った。

すなわち、本発明は、低アミロース米品種ミルキークイーンに存在し、うるち米他品種に存在しない特異的塩基を含むDNA断片である。

10

【0009】

また、本発明は、低アミロース米品種ミルキークイーンに存在し、うるち米他品種に存在しない特異的塩基を含むDNA断片をPCRにより特異的に増幅することが可能な、低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種とうるち米他品種を識別し得るプライマーである。

【0010】

さらに、低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種とうるち米他品種を識別し得るプライマーを用い、識別対象の米のDNAに対してPCRを行い、得られる反応産物を分析することによって、低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種であるか否かを識別する方法である。

20

【0011】**【本発明の実施形態】**

本発明の低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種の識別方法についてさらに詳細に説明する。

本発明において識別の対象となる低アミロース米品種は、ミルキークイーン及び同系統品種である。本発明における低アミロース米品種ミルキークイーンは、1998年5月に第6385号として品種登録されている、コシヒカリに受精卵メチルニトロソウレア処理を行い、変異第2代でアミロース含量に着目した個体選抜を行って育成されたアミロース含量が通常のうるち米よりも低い品種である。具体的には、アミロース含量がコシヒカリの3/5程度の約10%である品種である。ここで、品種とは、重要な形質に係る特性の全部又は一部によって他の植物体の集合と区別することができ、かつ、その特性の全部を保持しつつ繁殖させることができる一の植物体の集合を意味する。

30

【0012】

また、同系統品種とは、ミルキークイーンを交配親に用いて育成され得る品種のことを意味する。例えば、ミルキークイーンの食味をそのままに栽培特性を改良した新系統「越南d190号」、「上育436号」等がある。

一方、うるち米他品種とは、上記のミルキークイーン及び同系統品種以外の品種を意味し、通常のコシヒカリ等のうるち米、並びに、ミルキークイーン及び同系統品種以外の低アミロース米を含む。

【0013】

品種識別対象となる米のDNAの採取源としては特に限定されるものではなく、植物体のいずれの組織からも抽出できるが、例えば、穂、葉、根、種子、精米、玄米、さらに炊飯米等からも抽出することができる。遺伝子を調製する方法としては、当業者に利用可能なものであればいずれの方法（例えば、CTAB法）をも利用できる。

40

本発明の品種識別には、低アミロース米品種ミルキークイーンにおけるアミロース合成酵素をコードする遺伝子の塩基配列と、通常のうるち米のアミロース合成酵素をコードする遺伝子の塩基配列の相違を利用する。

【0014】

コシヒカリ等の通常のうるち米品種は、w x座に優性のうるち遺伝子W xを保有していることが知られている（文献：奥野（1995）「米の科学」竹生新治郎編 朝倉書店P 6

50

1 - 76)。一方、ミルキークイーンの高アミロース性は、 $w \times$ 座の劣性遺伝子 $w \times - 1$ (t)によって支配されていることがわかった。この高アミロース米品種ミルキークイーンの高 $w \times - 1$ (t)の全塩基配列は、配列番号5に示すとおりである。 $w \times - 1$ (t)と $W \times$ のDNA配列を比較すると相違する特異的塩基はわずかに2塩基である。第1相違塩基は、 $W \times$ の第4エクソン中のコドン158部位のGがミルキークイーンの高 $w \times - 1$ (t)ではAであり、そのアミノ酸はアルギニンがヒスチジンに変化している。また、第2相違DNAは、 $W \times$ の第5エクソン中のコドン191部位のTが高 $w \times - 1$ (t)ではCであり、そのアミノ酸はチロシンがヒスチジンに変化している。

【0015】

本発明では、前記の高アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種とうるち米他品種を識別し得るプライマーを用い、識別対象の米のDNAに対してPCRを行い、得られる反応産物を分析することによって、高アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種であるか否かを識別することができる。

10

【0016】

本発明のPCRに用いるプライマーは、高アミロース米品種ミルキークイーンに存在し、通常のうるち米品種に存在しない特異的塩基を含むDNA断片をPCRにより増幅することが可能な、高アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種とうるち米他品種を識別し得るプライマーであれば任意に設計することができる。具体的には、前記DNA断片を増幅し得るプライマーを用いることができ、1)第1相違塩基のみを含むDNA配列を増幅し得るプライマー、2)第2相違塩基のみを含むDNA配列を増幅し得るプライマー、3)第1相違塩基及び第2相違塩基の両方を含むDNA配列を増幅し得るプライマー等が含まれる。これらプライマーは、通常の化学合成により得ることができ、その位置は適宜設定可能であるが、相違塩基を含むプライマーが好ましく、そのうち、変異遺伝子の検出感度を増すために、3'末端を識別目的の前記相違塩基となるように設計するのがさらに好ましい。また、そのサイズは20~30mer程度が適当である。なお、これらのプライマーのうち、1)のプライマーは、第1相違塩基部位と第2相違塩基部位が近接しているため、後述する電気泳動を行う際に支障をきたす可能性があり、また、2)のプライマーは、第2相違塩基部位付近のGC含量及びTm値の関係から、3'末端を識別目的にあわせて設計するのが難しいことから、3)のプライマーを利用するのが好適である。なお、3)の第1相違塩基及び第2相違塩基の両方を含むDNA配列を増幅し得るプライマーとしては次のプライマーセットがある。

20

30

【0017】

W1: 5' -GGTGAGGTTTTTCCATTGCTACAAGCA-3' (配列番号1)

W2: 5' -GCCCTGGTAGGAGATGTTGTGGAT-3' (配列番号2)

【0018】

また、プライマーは、上記の高アミロース米品種ミルキークイーンの高 $w \times - 1$ (t)に特異的なDNAマーカーを増幅し得るプライマーだけでなく、うるち米他品種と高アミロース米品種ミルキークイーンの高 $w \times - 1$ (t)とに共通なDNA領域を増幅し得るプライマーとを組み合わせ用いることができる。一例として、次のプライマーセットを上記W1及びW2と組みあわせて用いることができる。

40

【0019】

W3: 5' -CAAGTACGACGCAACCACGGTAAG-3' (配列番号3)

W4: 5' -GGTGGACTAGACGATCTGGGTTCAA-3' (配列番号4)

【0020】

高アミロース米品種ミルキークイーンに存在し、うるち米他品種に存在しない特異的塩基を含むDNAの検出は、基本的に前述のW1及びW2のプライマーセットのみの使用でも可能であるが、PCRの機種や反応条件によっては、うるち米他品種においてもW1及びW2のプライマーセットによる薄いバンドが得られることもあるので、うるち米他品種と

50

低アミロース米品種ミルキークイーンの $w \times - 1 (t)$ とに共通な DNA 領域を増幅し得る W3 及び W4 などのプライマーセットを用いて対照区を設定することによって、PCR 反応の成否を更に精度よく確認することができる。

【0021】

PCR の反応工程は、熱変性：93 ~ 95 で 30 ~ 60 秒、アニーリング：60 ~ 70 で 30 ~ 60 秒、伸長反応：72 で 60 ~ 300 秒で行う。好ましくは、熱変性：94 で 60 秒、アニーリング：69 で 60 秒、伸長反応：72 で 120 秒を 1 サイクルとし、これを 25 ~ 35 回、好ましくは 28 ~ 30 回行う。

【0022】

次に、この PCR によって得られた反応産物は、電気泳動及び分光光度計によって分析することができるが、このうち、電気泳動が好ましい。電気泳動分析は常法によって行えばよい。例えば、アガロースまたはポリアクリルアミドのゲル中で電圧をかけて電気泳動し、分離した DNA パターンを分析する。前記 W1 及び W2 のプライマーを用いて PCR を行った場合、電気泳動分析により、 $w \times - 1 (t)$ を保有するミルキークイーン及び同系統品種では 741 bp のバンドが出現するが、同遺伝子を保有しないコシヒカリ等の通常のうるち米品種ではバンドは出現しない。また、前記 W1 ~ W4 のプライマーを用いて PCR を行った場合、 $w \times - 1 (t)$ を保有するミルキークイーン及び同系統品種では 741 bp と 469 bp の 2 本のバンドが出現するが、同遺伝子を保有しないコシヒカリ等の通常のうるち米品種では 741 bp のバンドは出現せず、469 bp の 1 本のバンドのみが出現する。

【0023】

【実施例】

以下に実施例を示し、本発明を具体的に説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

[実施例1] $w \times - 1 (t)$ 遺伝子及び Wx 遺伝子の DNA 配列の決定

ミルキークイーン及び比較品種であるコシヒカリの出穂 14 日後の穂からそれぞれ RNA を抽出した。抽出には Qiagen 社の Rneasy plant mini kit を使用した。得られた RNA は、タカラ (株) の High fidelity RT-PCR キットを用いた逆転写反応に供し、 $w \times - 1 (t)$ 及び Wx 遺伝子の全長 cDNA をそれぞれ得た。

【0024】

逆転写反応に必要な機材には、タカラ (株) の PCR Thermal cycler MP を用いた。次に、得られた cDNA をそれぞれ Novagen 社のプラスミドベクター pT-7 blue-T vector に組み込み、シークエンスプライマーを用いた塩基配列の決定操作を行った。塩基配列の決定には ABI 社の 377 オートシーケンサーを用いて解析を行った。その結果、塩基配列 $w \times - 1 (t)$ (配列番号 5) 及び対応するアミノ酸配列 (配列番号 6)、並びに塩基配列 Wx (配列番号 7) 及び対応するアミノ酸配列 (配列番号 8) が得られた。

これらの DNA 配列を比較したところ、両配列の相違はわずか 2 塩基であることが判明した。すなわち、 $w \times - 1 (t)$ はこの相違部位に A と C を保有し、一方、Wx は G と T を保有することが分かった (図 1)。

【0025】

[実施例2] $w \times - 1 (t)$ 遺伝子に特異的な DNA 配列を利用した品種識別法

(1) プライマー

PCR を用いた品種識別を行うため、以下の 4 つのプライマーを設計した。

すなわち、W1 及び W2 は、ミルキークイーン及び同系統品種が保有する $w \times - 1 (t)$ 遺伝子に特異的な部位を増幅可能なプライマーであり、PCR により 741 bp の増幅産物が得られる。なお、W1 は $w \times - 1 (t)$ に特異的な第 1 相違塩基「A」を末端に含んでいるプライマーである。

また、W3 及び W4 は、ミルキークイーン及び同系統品種とコシヒカリ等の通常のうるち

10

20

30

40

50

米品種に共通の部位を増幅可能なプライマーであり、PCRにより469bpの増幅産物が得られる。

【0026】

W1; 5' -GGTGAGGTTTTTCCATTGCTACAAGCA-3' (配列番号1)

W2; 5' -GCCCTGGTAGGAGATGTTGTGGAT-3' (配列番号2)

W3; 5' -CAAGTACGACGCAACCACGGTAAG-3' (配列番号3)

W4; 5' -GGTGGACTAGACGATCTGGGTTCAA-3' (配列番号4)

【0027】

(2) PCR

パーキンエルマー社のAmplitaq 2.5U、Amplitaq に付属の10x Buffer 5 μ l、2mM dNTP 5 μ l、50ng DNA、W1、W2、W3及びW4プライマー各20pmolを含む最終容量50 μ lの反応液を調製した。PCR反応に必要な機材には前記したタカラ(株)のPCR Thermal cycler MPを用い、94 で1分間反応後、94 で1分間、69 で1分間及び72 で2分間の一連の反応を28回行い、最後に72 で4分間反応させた。

10

【0028】

(3) 電気泳動分析

反応液を5 μ l採り、0.8%アガロースゲルにローディングし、100Vで40分間電気泳動を行った。DNA分子量マーカーとしては、x174/HaeIIIを用いた。得られた結果を図2に示す。

20

【0029】

ミルキークイーンにおいては、W1、W2、W3及びW4の4つのプライマーの配列が全てwx-1(t)遺伝子の塩基配列に含まれるため、PCRにより741bpと469bpの2つのバンドが増幅した。一方、コシヒカリ等の通常のうるち米品種においては、W1プライマーのみ配列がwx遺伝子の塩基配列と異なり、PCRにより741bpのバンドは増幅せず469bpのバンドのみが増幅した。

【0030】

【発明の効果】

以上のことから、本発明の低アミロース米品種ミルキークイーン及び同系統品種と通常のうるち米品種を識別し得るプライマーを用いてPCRにより増幅したバンドを確認することによって、ミルキークイーン及び同系統品種とコシヒカリ等の通常のうるち米品種とを識別することが可能である。

30

【0031】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> National Agricultural Research Organization

<120> DNA fragment, primer and discrimination of Milky Queen of low amylose content of endosperm starches in rice

10

<130> P01-0172

<160> 8

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

20

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

30

<400> 1

ggtgagggtt ttccattgct acaagca

27

<210> 2

<211> 24

<212> DNA

40

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 2

gccctggtag gagatgttgt ggat

24

10

<210> 3

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

20

<400> 3

caagtagcac gcaaccacgg taag

24

<210> 4

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

30

<220>

<223> Synthetic DNA

40

<400> 4

ggtagactag acgatctggg ttaaa

25

<210> 5

<211> 1937

<212> DNA

<213> *Oryza sativa*

10

<220>

<221> CDS

<222> (25)..(1851)

<400> 5

cacagcaaca gctagacaac cacc atg tcg gct ctc acc acg tcc cag ctc 51

20

Met Ser Ala Leu Thr Thr Ser Gln Leu

1

5

gcc acc tcg gcc acc ggc ttc ggc atc gcc gac agg tcg gcg ccg tcg 99

Ala Thr Ser Ala Thr Gly Phe Gly Ile Ala Asp Arg Ser Ala Pro Ser

10

15

20

25

30

tcg ctg ctc cgc cac ggg ttc cag ggc ctc aag ccc cgc agc ccc gcc 147

Ser Leu Leu Arg His Gly Phe Gln Gly Leu Lys Pro Arg Ser Pro Ala

30

35

40

ggc ggc gac gcg acg tcg ctc agc gtg acg acc agc gcg cgc gcg acg 195

Gly Gly Asp Ala Thr Ser Leu Ser Val Thr Thr Ser Ala Arg Ala Thr

45

50

55

40

ccc aag cag cag cgg tcg gtg cag cgt ggc agc cgg agg ttc ccc tcc 243
 Pro Lys Gln Gln Arg Ser Val Gln Arg Gly Ser Arg Arg Phe Pro Ser
 60 65 70

gtc gtc gtg tac gcc acc ggc gcc ggc atg aac gtc gtg ttc gtc ggc 291
 Val Val Val Tyr Ala Thr Gly Ala Gly Met Asn Val Val Phe Val Gly
 75 80 85

10

gcc gag atg gcc ccc tgg agc aag acc ggc ggc ctc ggt gac gtc ctc 339
 Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu
 90 95 100 105

ggt ggc ctc ccc cct gcc atg gct gcg aat ggc cac agg gtc atg gtg 387
 Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met Ala Ala Asn Gly His Arg Val Met Val
 110 115 120

20

atc tct cct cgg tac gac cag tac aag gac gct tgg gat acc agc gtt 435
 Ile Ser Pro Arg Tyr Asp Gln Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val
 125 130 135

gtg gct gag atc aag gtt gca gac agg tac gag agg gtg agg ttt ttc 483
 Val Ala Glu Ile Lys Val Ala Asp Arg Tyr Glu Arg Val Arg Phe Phe
 140 145 150

30

cat tgc tac aag cat gga gtc gac cgt gtg ttc atc gac cat ccg tca 531
 His Cys Tyr Lys His Gly Val Asp Arg Val Phe Ile Asp His Pro Ser
 155 160 165

40

ttc ctg gag aag gtt tgg gga aag acc ggt gag aag atc tac gga cct 579

Phe Leu Glu Lys Val Trp Gly Lys Thr Gly Glu Lys Ile Tyr Gly Pro
 170 175 180 185

gac act gga gtt gat cac aaa gac aac cag atg cgt ttc agc ctt ctt 627
 Asp Thr Gly Val Asp His Lys Asp Asn Gln Met Arg Phe Ser Leu Leu
 190 195 200

tgc cag gca gca ctc gag gct cct agg atc cta aac ctc aac aac aac 675
 Cys Gln Ala Ala Leu Glu Ala Pro Arg Ile Leu Asn Leu Asn Asn Asn
 205 210 215

cca tac ttc aaa gga act tat ggt gag gat gtt gtg ttc gtc tgc aac 723
 Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Tyr Gly Glu Asp Val Val Phe Val Cys Asn
 220 225 230

gac tgg cac act ggc cca ctg gcg agc tac ctg aag aac aac tac cag 771
 Asp Trp His Thr Gly Pro Leu Ala Ser Tyr Leu Lys Asn Asn Tyr Gln
 235 240 245

ccc aat ggc atc tac agg aat gca aag gtt gct ttc tgc atc cac aac 819
 Pro Asn Gly Ile Tyr Arg Asn Ala Lys Val Ala Phe Cys Ile His Asn
 250 255 260 265

atc tcc tac cag ggc cgt ttc gct ttc gag gat tac cct gag ctg aac 867
 Ile Ser Tyr Gln Gly Arg Phe Ala Phe Glu Asp Tyr Pro Glu Leu Asn
 270 275 280

ctc tcc gag agg ttc agg tca tcc ttc gat ttc atc gac ggg tat gac 915
 Leu Ser Glu Arg Phe Arg Ser Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp

10

20

30

40

285	290	295		
acg ccg gtg gag ggc agg aag atc aac tgg atg aag gcc gga atc ctg			963	
Thr Pro Val Glu Gly Arg Lys Ile Asn Trp Met Lys Ala Gly Ile Leu				
300	305	310		
gaa gcc gac agg gtg ctc acc gtg agc ccg tac tac gcc gag gag ctc			1011	10
Glu Ala Asp Arg Val Leu Thr Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu Glu Leu				
315	320	325		
atc tcc ggc atc gcc agg gga tgc gag ctc gac aac atc atg cgg ctc			1059	
Ile Ser Gly Ile Ala Arg Gly Cys Glu Leu Asp Asn Ile Met Arg Leu				
330	335	340	345	
 				20
acc ggc atc acc ggc atc gtc aac ggc atg gac gtc agc gag tgg gat			1107	
Thr Gly Ile Thr Gly Ile Val Asn Gly Met Asp Val Ser Glu Trp Asp				
350	355	360		
cct agc aag gac aag tac atc acc gcc aag tac gac gca acc acg gca			1155	
Pro Ser Lys Asp Lys Tyr Ile Thr Ala Lys Tyr Asp Ala Thr Thr Ala				
365	370	375		30
atc gag gcg aag gcg ctg aac aag gag gcg ttg cag gcg gag gcg ggt			1203	
Ile Glu Ala Lys Ala Leu Asn Lys Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly				
380	385	390		
ctt ccg gtc gac agg aaa atc cca ctg atc gcg ttc atc ggc agg ctg			1251	
Leu Pro Val Asp Arg Lys Ile Pro Leu Ile Ala Phe Ile Gly Arg Leu				40
395	400	405		

gag gaa cag aag ggc cct gac gtc atg gcc gcc gcc atc ccg gag ctc	1299	
Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp Val Met Ala Ala Ala Ile Pro Glu Leu		
410	415	420 425
atg cag gag gac gtc cag atc gtt ctt ctg ggt act gga aag aag aag	1347	
Met Gln Glu Asp Val Gln Ile Val Leu Leu Gly Thr Gly Lys Lys Lys		10
	430	435 440
ttc gag aag ctg ctc aag agc atg gag gag aag tat ccg ggc aag gtg	1395	
Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser Met Glu Glu Lys Tyr Pro Gly Lys Val		
	445	450 455
agg gcc gtg gtg aag ttc aac gcg ccg ctt gct cat ctc atc atg gcc	1443	20
Arg Ala Val Val Lys Phe Asn Ala Pro Leu Ala His Leu Ile Met Ala		
	460	465 470
gga gcc gac gtg ctc gcc gtc ccc agc cgc ttc gag ccc tgt gga ctc	1491	
Gly Ala Asp Val Leu Ala Val Pro Ser Arg Phe Glu Pro Cys Gly Leu		
	475	480 485
atc cag ctg cag ggg atg aga tac gga acg ccc tgt gct tgc gcg tcc	1539	
Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg Tyr Gly Thr Pro Cys Ala Cys Ala Ser		
490	495	500 505
acc ggt ggg ctc gtg gac acg gtc atc gaa ggc aag act ggt ttc cac	1587	
Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr Val Ile Glu Gly Lys Thr Gly Phe His		
	510	515 520
		40

atg ggc cgt ctc agc gtc gac tgc aag gtg gtg gag cca agc gac gtg 1635
 Met Gly Arg Leu Ser Val Asp Cys Lys Val Val Glu Pro Ser Asp Val
 525 530 535

aag aag gtg gcg gcc acc ctg aag cgc gcc atc aag gtc gtc ggc acg 1683
 Lys Lys Val Ala Ala Thr Leu Lys Arg Ala Ile Lys Val Val Gly Thr
 540 545 550

10

ccg gcg tac gag gag atg gtc agg aac tgc atg aac cag gac ctc tcc 1731
 Pro Ala Tyr Glu Glu Met Val Arg Asn Cys Met Asn Gln Asp Leu Ser
 555 560 565

tgg aag ggg cct gcg aag aac tgg gag aat gtg ctc ctg ggc ctg ggc 1779
 Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn Trp Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Gly
 570 575 580 585

20

gtc gcc ggc agc gcg ccg ggg atc gaa ggc gac gag atc gcg ccg ctc 1827
 Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu
 590 595 600

gcc aag gag aac gtg gct gct cct tgaagagcct gagatctaca tatggagtga 1881
 Ala Lys Glu Asn Val Ala Ala Pro
 605

30

ttaattaata tagcagtata tggatgagag acgaatgaac cagtggaaac ggatcc 1937

<210> 6

<211> 609

40

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 6

Met Ser Ala Leu Thr Thr Ser Gln Leu Ala Thr Ser Ala Thr Gly Phe
1 5 10 15

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

Gln Gly Leu Lys Pro Arg Ser Pro Ala Gly Gly Asp Ala Thr Ser Leu
35 40 45

Ser Val Thr Thr Ser Ala Arg Ala Thr Pro Lys Gln Gln Arg Ser Val
50 55 60

Gln Arg Gly Ser Arg Arg Phe Pro Ser Val Val Val Tyr Ala Thr Gly
65 70 75 80

Ala Gly Met Asn Val Val Phe Val Gly Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser
85 90 95

Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met
100 105 110

Ala Ala Asn Gly His Arg Val Met Val Ile Ser Pro Arg Tyr Asp Gln
115 120 125

Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val Val Ala Glu Ile Lys Val Ala

10

20

30

40

130	135	140	
Asp Arg Tyr Glu Arg Val Arg Phe Phe His Cys Tyr Lys His Gly Val			
145	150	155	160
Asp Arg Val Phe Ile Asp His Pro Ser Phe Leu Glu Lys Val Trp Gly			
	165	170	175
			10
Lys Thr Gly Glu Lys Ile Tyr Gly Pro Asp Thr Gly Val Asp His Lys			
	180	185	190
Asp Asn Gln Met Arg Phe Ser Leu Leu Cys Gln Ala Ala Leu Glu Ala			
	195	200	205
			20
Pro Arg Ile Leu Asn Leu Asn Asn Asn Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Tyr			
	210	215	220
Gly Glu Asp Val Val Phe Val Cys Asn Asp Trp His Thr Gly Pro Leu			
225	230	235	240
Ala Ser Tyr Leu Lys Asn Asn Tyr Gln Pro Asn Gly Ile Tyr Arg Asn			
	245	250	255
			30
Ala Lys Val Ala Phe Cys Ile His Asn Ile Ser Tyr Gln Gly Arg Phe			
	260	265	270
Ala Phe Glu Asp Tyr Pro Glu Leu Asn Leu Ser Glu Arg Phe Arg Ser			
	275	280	285
			40

Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp Thr Pro Val Glu Gly Arg Lys
 290 295 300

Ile Asn Trp Met Lys Ala Gly Ile Leu Glu Ala Asp Arg Val Leu Thr
 305 310 315 320

Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu Glu Leu Ile Ser Gly Ile Ala Arg Gly
 325 330 335 10

Cys Glu Leu Asp Asn Ile Met Arg Leu Thr Gly Ile Thr Gly Ile Val
 340 345 350

Asn Gly Met Asp Val Ser Glu Trp Asp Pro Ser Lys Asp Lys Tyr Ile
 355 360 365 20

Thr Ala Lys Tyr Asp Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ala Lys Ala Leu Asn
 370 375 380

Lys Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly Leu Pro Val Asp Arg Lys Ile
 385 390 395 400

Pro Leu Ile Ala Phe Ile Gly Arg Leu Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp
 405 410 415 30

Val Met Ala Ala Ala Ile Pro Glu Leu Met Gln Glu Asp Val Gln Ile
 420 425 430

Val Leu Leu Gly Thr Gly Lys Lys Lys Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser
 435 440 445 40

Met Glu Glu Lys Tyr Pro Gly Lys Val Arg Ala Val Val Lys Phe Asn
 450 455 460

Ala Pro Leu Ala His Leu Ile Met Ala Gly Ala Asp Val Leu Ala Val
 465 470 475 480

Pro Ser Arg Phe Glu Pro Cys Gly Leu Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg
 485 490 495

Tyr Gly Thr Pro Cys Ala Cys Ala Ser Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr
 500 505 510

Val Ile Glu Gly Lys Thr Gly Phe His Met Gly Arg Leu Ser Val Asp
 515 520 525

Cys Lys Val Val Glu Pro Ser Asp Val Lys Lys Val Ala Ala Thr Leu
 530 535 540

Lys Arg Ala Ile Lys Val Val Gly Thr Pro Ala Tyr Glu Glu Met Val
 545 550 555 560

Arg Asn Cys Met Asn Gln Asp Leu Ser Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn
 565 570 575

Trp Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly
 580 585 590

Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys Glu Asn Val Ala Ala

10

20

30

40

595

600

605

Pro

<210> 7

<211> 1937

10

<212> DNA

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> CDS

<222> (25)..(1851)

20

<400> 7

cacagcaaca gctagacaac cacc atg tcg gct ctc acc acg tcc cag ctc 51

Met Ser Ala Leu Thr Thr Ser Gln Leu

1

5

gcc acc tcg gcc acc ggc ttc ggc atc gcc gac agg tcg gcg ccg tcg 99

Ala Thr Ser Ala Thr Gly Phe Gly Ile Ala Asp Arg Ser Ala Pro Ser

30

10

15

20

25

tcg ctg ctc cgc cac ggg ttc cag ggc ctc aag ccc cgc agc ccc gcc 147

Ser Leu Leu Arg His Gly Phe Gln Gly Leu Lys Pro Arg Ser Pro Ala

30

35

40

ggc ggc gac gcg acg tcg ctc agc gtg acg acc agc gcg cgc gcg acg 195

Gly Gly Asp Ala Thr Ser Leu Ser Val Thr Thr Ser Ala Arg Ala Thr

40

45	50	55		
ccc aag cag cag cgg tcg gtg cag cgt ggc agc cgg agg ttc ccc tcc			243	
Pro Lys Gln Gln Arg Ser Val Gln Arg Gly Ser Arg Arg Phe Pro Ser				
60	65	70		
gtc gtc gtg tac gcc acc ggc gcc ggc atg aac gtc gtg ttc gtc ggc			291	10
Val Val Val Tyr Ala Thr Gly Ala Gly Met Asn Val Val Phe Val Gly				
75	80	85		
gcc gag atg gcc ccc tgg agc aag acc ggc ggc ctc ggt gac gtc ctc			339	
Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu				
90	95	100	105	20
ggt ggc ctc ccc cct gcc atg gct gcg aat ggc cac agg gtc atg gtg			387	
Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met Ala Ala Asn Gly His Arg Val Met Val				
110	115	120		
atc tct cct cgg tac gac cag tac aag gac gct tgg gat acc agc gtt			435	
Ile Ser Pro Arg Tyr Asp Gln Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val				
125	130	135		30
gtg gct gag atc aag gtt gca gac agg tac gag agg gtg agg ttt ttc			483	
Val Ala Glu Ile Lys Val Ala Asp Arg Tyr Glu Arg Val Arg Phe Phe				
140	145	150		
cat tgc tac aag cgt gga gtc gac cgt gtg ttc atc gac cat ccg tca			531	
His Cys Tyr Lys Arg Gly Val Asp Arg Val Phe Ile Asp His Pro Ser				40
155	160	165		

ttc ctg gag aag gtt tgg gga aag acc ggt gag aag atc tac gga cct	579	
Phe Leu Glu Lys Val Trp Gly Lys Thr Gly Glu Lys Ile Tyr Gly Pro		
170	175	180
gac act gga gtt gat tac aaa gac aac cag atg cgt ttc agc ctt ctt	627	
Asp Thr Gly Val Asp Tyr Lys Asp Asn Gln Met Arg Phe Ser Leu Leu		10
	190	200
tgc cag gca gca ctc gag gct cct agg atc cta aac ctc aac aac aac	675	
Cys Gln Ala Ala Leu Glu Ala Pro Arg Ile Leu Asn Leu Asn Asn Asn		
	205	210
cca tac ttc aaa gga act tat ggt gag gat gtt gtg ttc gtc tgc aac	723	20
Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Tyr Gly Glu Asp Val Val Phe Val Cys Asn		
	220	230
gac tgg cac act ggc cca ctg gcg agc tac ctg aag aac aac tac cag	771	
Asp Trp His Thr Gly Pro Leu Ala Ser Tyr Leu Lys Asn Asn Tyr Gln		
	235	240
		245
ccc aat ggc atc tac agg aat gca aag gtt gct ttc tgc atc cac aac	819	
Pro Asn Gly Ile Tyr Arg Asn Ala Lys Val Ala Phe Cys Ile His Asn		
250	255	260
		265
atc tcc tac cag ggc cgt ttc gct ttc gag gat tac cct gag ctg aac	867	
Ile Ser Tyr Gln Gly Arg Phe Ala Phe Glu Asp Tyr Pro Glu Leu Asn		
	270	275
		280
		40

ctc tcc gag agg ttc agg tca tcc ttc gat ttc atc gac ggg tat gac	915	
Leu Ser Glu Arg Phe Arg Ser Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp		
285	290	295
acg ccg gtg gag ggc agg aag atc aac tgg atg aag gcc gga atc ctg	963	
Thr Pro Val Glu Gly Arg Lys Ile Asn Trp Met Lys Ala Gly Ile Leu		
300	305	310
gaa gcc gac agg gtg ctc acc gtg agc ccg tac tac gcc gag gag ctc	1011	
Glu Ala Asp Arg Val Leu Thr Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu Glu Leu		
315	320	325
atc tcc ggc atc gcc agg gga tgc gag ctc gac aac atc atg cgg ctc	1059	
Ile Ser Gly Ile Ala Arg Gly Cys Glu Leu Asp Asn Ile Met Arg Leu		20
330	335	340 345
acc ggc atc acc ggc atc gtc aac ggc atg gac gtc agc gag tgg gat	1107	
Thr Gly Ile Thr Gly Ile Val Asn Gly Met Asp Val Ser Glu Trp Asp		
350	355	360
cct agc aag gac aag tac atc acc gcc aag tac gac gca acc acg gca	1155	30
Pro Ser Lys Asp Lys Tyr Ile Thr Ala Lys Tyr Asp Ala Thr Thr Ala		
365	370	375
atc gag gcg aag gcg ctg aac aag gag gcg ttg cag gcg gag gcg ggt	1203	
Ile Glu Ala Lys Ala Leu Asn Lys Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly		
380	385	390
ctt ccg gtc gac agg aaa atc cca ctg atc gcg ttc atc ggc agg ctg	1251	40

Leu Pro Val Asp Arg Lys Ile Pro Leu Ile Ala Phe Ile Gly Arg Leu
 395 400 405

gag gaa cag aag ggc cct gac gtc atg gcc gcc gcc atc ccg gag ctc 1299
 Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp Val Met Ala Ala Ala Ile Pro Glu Leu
 410 415 420 425

atg cag gag gac gtc cag atc gtt ctt ctg ggt act gga aag aag aag 1347
 Met Gln Glu Asp Val Gln Ile Val Leu Leu Gly Thr Gly Lys Lys Lys
 430 435 440

ttc gag aag ctg ctc aag agc atg gag gag aag tat ccg ggc aag gtg 1395
 Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser Met Glu Glu Lys Tyr Pro Gly Lys Val
 445 450 455

agg gcc gtg gtg aag ttc aac gcg ccg ctt gct cat ctc atc atg gcc 1443
 Arg Ala Val Val Lys Phe Asn Ala Pro Leu Ala His Leu Ile Met Ala
 460 465 470

gga gcc gac gtg ctc gcc gtc ccc agc cgc ttc gag ccc tgt gga ctc 1491
 Gly Ala Asp Val Leu Ala Val Pro Ser Arg Phe Glu Pro Cys Gly Leu
 475 480 485

atc cag ctg cag ggg atg aga tac gga acg ccc tgt gct tgc gcg tcc 1539
 Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg Tyr Gly Thr Pro Cys Ala Cys Ala Ser
 490 495 500 505

acc ggt ggg ctc gtg gac acg gtc atc gaa ggc aag act ggt ttc cac 1587
 Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr Val Ile Glu Gly Lys Thr Gly Phe His

10

20

30

40

510	515	520	
atg ggc cgt ctc agc gtc gac tgc aag gtg gtg gag cca agc gac gtg			1635
Met Gly Arg Leu Ser Val Asp Cys Lys Val Val Glu Pro Ser Asp Val			
525	530	535	
aag aag gtg gcg gcc acc ctg aag cgc gcc atc aag gtc gtc ggc acg			1683
Lys Lys Val Ala Ala Thr Leu Lys Arg Ala Ile Lys Val Val Gly Thr			10
540	545	550	
ccg gcg tac gag gag atg gtc agg aac tgc atg aac cag gac ctc tcc			1731
Pro Ala Tyr Glu Glu Met Val Arg Asn Cys Met Asn Gln Asp Leu Ser			
555	560	565	
			20
tgg aag ggg cct gcg aag aac tgg gag aat gtg ctc ctg ggc ctg ggc			1779
Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn Trp Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Gly			
570	575	580	585
gtc gcc ggc agc gcg ccg ggg atc gaa ggc gac gag atc gcg ccg ctc			1827
Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu			
590	595	600	30
gcc aag gag aac gtg gct gct cct tgaagagcct gagatctaca tatggagtga			1881
Ala Lys Glu Asn Val Ala Ala Pro			
605			
ttaattaata tagcagtata tggatgagag acgaatgaac cagtggaatc ggatcc			1937
			40

<210> 8

<211> 609

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 8

Met Ser Ala Leu Thr Thr Ser Gln Leu Ala Thr Ser Ala Thr Gly Phe 10
 1 5 10 15

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

Gln Gly Leu Lys Pro Arg Ser Pro Ala Gly Gly Asp Ala Thr Ser Leu 20
 35 40 45

Ser Val Thr Thr Ser Ala Arg Ala Thr Pro Lys Gln Gln Arg Ser Val
 50 55 60

Gln Arg Gly Ser Arg Arg Phe Pro Ser Val Val Val Tyr Ala Thr Gly 30
 65 70 75 80

Ala Gly Met Asn Val Val Phe Val Gly Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser
 85 90 95

Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met
 100 105 110

Ala Ala Asn Gly His Arg Val Met Val Ile Ser Pro Arg Tyr Asp Gln 40
 115 120 125

Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val Val Ala Glu Ile Lys Val Ala
 130 135 140

Asp Arg Tyr Glu Arg Val Arg Phe Phe His Cys Tyr Lys Arg Gly Val
 145 150 155 160

Asp Arg Val Phe Ile Asp His Pro Ser Phe Leu Glu Lys Val Trp Gly
 165 170 175

Lys Thr Gly Glu Lys Ile Tyr Gly Pro Asp Thr Gly Val Asp Tyr Lys
 180 185 190

Asp Asn Gln Met Arg Phe Ser Leu Leu Cys Gln Ala Ala Leu Glu Ala
 195 200 205

Pro Arg Ile Leu Asn Leu Asn Asn Asn Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Tyr
 210 215 220

Gly Glu Asp Val Val Phe Val Cys Asn Asp Trp His Thr Gly Pro Leu
 225 230 235 240

Ala Ser Tyr Leu Lys Asn Asn Tyr Gln Pro Asn Gly Ile Tyr Arg Asn
 245 250 255

Ala Lys Val Ala Phe Cys Ile His Asn Ile Ser Tyr Gln Gly Arg Phe
 260 265 270

Ala Phe Glu Asp Tyr Pro Glu Leu Asn Leu Ser Glu Arg Phe Arg Ser

10

20

30

40

275	280	285	
Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp Thr Pro Val Glu Gly Arg Lys			
290	295	300	
Ile Asn Trp Met Lys Ala Gly Ile Leu Glu Ala Asp Arg Val Leu Thr			
305	310	315	10
Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu Glu Leu Ile Ser Gly Ile Ala Arg Gly			
325	330	335	
Cys Glu Leu Asp Asn Ile Met Arg Leu Thr Gly Ile Thr Gly Ile Val			
340	345	350	20
Asn Gly Met Asp Val Ser Glu Trp Asp Pro Ser Lys Asp Lys Tyr Ile			
355	360	365	
Thr Ala Lys Tyr Asp Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ala Lys Ala Leu Asn			
370	375	380	
Lys Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly Leu Pro Val Asp Arg Lys Ile			
385	390	395	30
Pro Leu Ile Ala Phe Ile Gly Arg Leu Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp			
405	410	415	
Val Met Ala Ala Ala Ile Pro Glu Leu Met Gln Glu Asp Val Gln Ile			
420	425	430	40

Val Leu Leu Gly Thr Gly Lys Lys Lys Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser
 435 440 445

Met Glu Glu Lys Tyr Pro Gly Lys Val Arg Ala Val Val Lys Phe Asn
 450 455 460

Ala Pro Leu Ala His Leu Ile Met Ala Gly Ala Asp Val Leu Ala Val
 465 470 475 480

10

Pro Ser Arg Phe Glu Pro Cys Gly Leu Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg
 485 490 495

Tyr Gly Thr Pro Cys Ala Cys Ala Ser Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr
 500 505 510

20

Val Ile Glu Gly Lys Thr Gly Phe His Met Gly Arg Leu Ser Val Asp
 515 520 525

Cys Lys Val Val Glu Pro Ser Asp Val Lys Lys Val Ala Ala Thr Leu
 530 535 540

30

Lys Arg Ala Ile Lys Val Val Gly Thr Pro Ala Tyr Glu Glu Met Val
 545 550 555 560

Arg Asn Cys Met Asn Gln Asp Leu Ser Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn
 565 570 575

Trp Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly
 580 585 590

40

Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys Glu Asn Val Ala Ala
 595 600 605

Pro

【 0 0 3 2 】

【 配列表フリーテキスト 】

10

配列番号 1 : 合成 D N A

配列番号 2 : 合成 D N A

配列番号 3 : 合成 D N A

配列番号 4 : 合成 D N A

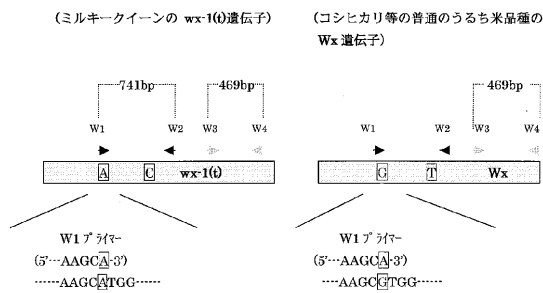
【 図面の簡単な説明 】

【 図 1 】 wx - 1 (t) 遺伝子に特異的な D N A 配列を検出し得るプライマー、W 1 ~ W 4 の配置図及び品種識別の原理を示す図である。

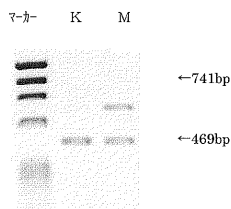
【 図 2 】 wx - 1 (t) 遺伝子に特異的な D N A 配列を検出し得るプライマーの一例を用いた P C R 反応結果を示す図である。 図中、 K はコシヒカリ、 M はミルキークイーンを示す。 また、 マーカーは x 1 7 4 / H a e I I I である。

20

【 図 1 】



【 図 2 】



フロントページの続き

(72)発明者 坂井 真
青森県十和田市大字相坂字相坂188-1 県公舎

審査官 高堀 栄二

(56)参考文献 特開平04-104791(JP,A)
特開平05-153981(JP,A)
特開2000-201679(JP,A)
関東東海農業の新技术, No.17(2001.Mar.)p.19-23

(58)調査した分野(Int.Cl.⁷, DB名)
BIOSIS/WPI(DIALOG)
CA(STN)
REGISTRY(STN)
JSTPlus(JOIS)
SwissProt/PIR/GeneSeq
GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq