

(19)日本国特許庁 (J P)

(12) 特 許 公 報 (B 2)

(11)特許番号

特許第3448610号
(P3448610)

(45)発行日 平成15年9月22日(2003.9.22)

(24)登録日 平成15年7月11日(2003.7.11)

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	
C 1 2 N 15/09	Z N A	C 0 7 K 14/415	
C 0 7 K 14/415		A 0 1 H 5/00	
// A 0 1 H 5/00		C 1 2 N 15/00	Z N A A

請求項の数4(全 10 頁)

(21)出願番号	特願2000-71655(P2000-71655)
(22)出願日	平成12年3月15日(2000.3.15)
(65)公開番号	特開2001-252084(P2001-252084A)
(43)公開日	平成13年9月18日(2001.9.18)
審査請求日	平成12年3月15日(2000.3.15)

(73)特許権者	598169457 奈良先端科学技術大学院大学長 奈良県生駒市高山町8916-5
(72)発明者	佐野 浩 奈良県生駒市鹿之台西2-7-15
(72)発明者	草野 友延 奈良県奈良市富雄元町2-7-12-203
(74)代理人	100072051 弁理士 杉村 興作

審査官 七條 里美

(56)参考文献	Mol Gen Genet, Feb. 2000, Vol. 263, p. 30-37 蛋白質 核酸 酵素, 1999, Vol. 44, No. 15, p. 2353-2359
----------	--

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 ストレスにより発現が誘導される遺伝子

(57)【特許請求の範囲】

【請求項1】 以下の(a)または(b)に示すアミノ酸配列からなることを特徴とする、ポリペプチド。

(a) 配列表の配列番号1に示す、アミノ酸番号1-308で示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする、ポリペプチド。

(b) (a)のアミノ酸配列の一部が欠失、置換若しくは付加された、浸透圧ストレスに対する耐性を付与することができる、ポリペプチド。

【請求項2】 請求項1記載のポリペプチドをコードする、遺伝子。

【請求項3】 請求項1記載のポリペプチドをコードし、配列表の配列番号2に示す、塩基番号1-927で示される塩基配列からなることを特徴とする、遺伝子。

【請求項4】 以下の(c)または(d)に示す塩基配

列からなることを特徴とし、タバコに由来する、遺伝子。

(c) 配列表の配列番号3に示す、塩基番号1-1210で示される塩基配列からなることを特徴とする、遺伝子。

(d) (c)の塩基配列の一部が欠失、置換若しくは付加された、浸透圧ストレスに対する耐性を付与することができるポリペプチドをコードする、遺伝子。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】本発明は、傷害、浸透圧、塩又は低温ストレスに応答して発現し、レセプター様蛋白質をコードする、新規遺伝子であるC7遺伝子に関する。

【0002】

【従来の技術】将来の食糧危機が予想される事から、農業において効率良く作物を生産するための技術開発が求められている。食物生産において、種々の環境ストレスにより生産量が減少する事は大きな問題であり、環境ストレスに強い植物を作出することが求められている。

【0003】その様な目的のためには、植物のストレスに対する自己防御機構に関する検討が必須である。自己防御機構は、大まかに(1)ストレスの認識、(2)ストレスの情報の伝達、(3)ストレスに対する対応、の3つの段階に分けられる。第二の情報の伝達の過程や第三の対応の過程については研究が進んでおり、それらの過程に関与する因子の同定が行われているが、第一のストレス認識過程や、その過程と情報伝達とのつながりについての知見は少ない。一般的に情報伝達の経路において、上流因子が複数の下流因子を制御していることが知られている。よって、上流であるこの認識過程を解析することにより、ストレス防御機構の下流に位置する伝達の経路や対応の経路において、一度に複数の因子を効率良く制御できる方法が得られる可能性が考えられる。

【0004】

【発明が解決しようとする課題】そこで本発明者らは、植物のストレス認識の過程に作用する因子を用いて、植物にストレス耐性を付与できないかと考えて検討を行った。即ち、ストレスの初期に応答する遺伝子の単離を目指し、その機能の解析を行う事が本発明の課題である。

【0005】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、タバコ(*Nicotiana tabacum* cv. Xanthi nc)を用いて傷害ストレス、浸透圧ストレス、塩ストレス及び低温ストレス(4)を与えることにより、誘導される遺伝子を探索した。その結果、それらのストレスにより早期に、かつ一過性に誘導されるC7遺伝子を得た。即ち、傷害45分後のタバコ葉よりRNAを抽出し、cDNAライブラリーを調製し、遺伝子断片C7-1をプローブとして陽性シグナルを得、本発明のC7遺伝子を単離して、C7遺伝子の全長の塩基配列を決定した。C7遺伝子の発現応答から考えて、当該遺伝子の産物は外部ストレスを認識するセンサーであり、下流のストレス応答遺伝子の発現制御に関与している可能性があり、植物に導入することにより傷害、浸透圧、塩ストレス又は低温ストレスに強い植物を作出することが期待される。

【0006】

【発明の実施の形態】本発明は、配列表の配列番号3に示す、塩基番号1-1210で示される塩基配列からなることを特徴とする、タバコ由来のC7遺伝子である。C7遺伝子は、傷害ストレス、浸透圧ストレス、塩ストレス又は低温ストレスにより発現が誘導されるという性質を有する。C7遺伝子において、蛋白質をコードしているオープンリーディングフレームに相当する部分の塩

基配列を、配列表の配列番号2に示す。配列表の配列番号2記載の塩基配列からなる遺伝子もまた、本発明の範囲内である。

【0007】遺伝子組み換え技術によれば、基本となるDNAの特定の部位に、当該DNAの基本的な特性を変化させることなく、あるいはその特性を改善する様に、人為的に変異を起こすことができる。本発明により提供される天然の塩基配列を有する遺伝子、あるいは天然のものとは異なる塩基配列を有する遺伝子に関しても、同様に人為的に挿入、欠失、置換を行う事により、天然の遺伝子と同等のあるいは改善された特性を有するものとする事が可能であり、本発明はそのような変異遺伝子を含むものである。即ち、配列表の配列番号3に示す遺伝子の一部が欠失、置換若しくは付加された遺伝子とは、配列番号3に示す塩基配列と60%以上、好ましくは70%以上、更に好ましくは80%以上の相同性を有する遺伝子である。その様な遺伝子も、上述したストレスにより誘導されるというC7遺伝子の特徴を有する限り、本発明の範囲内である。

【0008】更に本発明は、配列表の配列番号1に示す、アミノ酸番号1-308で示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする、タバコ由来のC7ポリペプチドである。当該ポリペプチドは、配列表の配列番号2記載の塩基配列によりコードされるポリペプチドである。配列番号1に示すポリペプチドの一部が欠失、置換若しくは付加されたポリペプチドとは、配列番号1に示すアミノ酸配列と60%以上、好ましくは70%以上、更に好ましくは80%以上の相同性を有するポリペプチドである。その様なポリペプチドも、傷害ストレス、浸透圧ストレス、塩ストレス又は低温ストレスにより誘導されるというC7ポリペプチドの特徴を有する限り、本発明の範囲内である。

【0009】C7遺伝子を植物に導入して形質転換を行う方法、当該C7遺伝子を導入して得た形質転換した植物もまた、本発明の範囲内である。本発明のC7遺伝子は、上述した様に傷害ストレス、塩ストレス、浸透圧ストレス又は低温ストレスにより誘導される遺伝子であり、植物の自己防御に関与している。そのために、当該遺伝子を植物に導入する事により、それらのストレスに対する耐性を付与する事ができる。本発明のストレス誘導遺伝子を導入する植物の例としては、ユリ、イネ、トウモロコシ、アスパラガス、コムギ等の単子葉植物、またシロイヌナズナ、タバコ、ニンジン、ダイズ、トマト、ジャガイモ等の双子葉植物が挙げられる。

【0010】形質転換体の作製方法としては、本技術分野において知られている通常の方法を用いる事ができる。本発明において使用可能なベクターはプラスミドベクターであり、例えば実施例で使用したpBI121及びpBI221等が挙げられるが、それらに限定されるものではない。そのようなベクターを、例えばアグロバ

クテリウム菌に導入して、カルス又は幼植物に感染させることにより、形質転換植物を作製する事が可能であり、更に、そのような形質転換植物に由来する種子を得る事が可能である。本発明の植物遺伝子を植物に導入する形質転換法はアグロバクテリウム法に限定されるものではなく、パーティクルガン法、電気穿孔法等の方法を用いる事も可能である。

【0011】

【実施例】(C7遺伝子断片の単離) 蛍光ディファレンシャルディスプレイ(FDD)法を用いて、傷害ストレスの初期応答に関与する遺伝子の単離を行った。FDDにより、傷害初期に一過性に発現する遺伝子断片C7が得られた。C7遺伝子断片のバンドをゲルから切り出して溶出し、PCR法により再増幅させてpGEM-Teasyベクター(プロメガ)にクローニングし、クローンC7-1を得た。その様にして得られたクローン(C7-1)をプローブに、サザンハイブリダイゼーションを行った。FDDのバンドに結合していることから、上記クローン(C7-1)がC7断片であることが分かった。DNAシーケンシングにより、その断片338塩基対の配列を決定した。

【0012】(サザンハイブリダイゼーション) 上述した方法により得られたクローン(C7-1)をプローブとして用いて、サザンハイブリダイゼーションを行った。PCR法により増幅したDNA断片を、1%アガロース/0.5×TBEを用いてゲル電気泳動を行った。エチジウムブロマイド水溶液で染色し、トランスイルミネーター上で反応生成物の確認を行った。DNA断片の回収は、Prep-A-Gene-DNA精製キット(バイオラッド)のプロトコールに従って回収した。BcBESTラベリングキット(タカラ)を用いてDNA断片の放射標識を行い、標識DNAプローブを作成した。メンブレンを容器に入れてハイブリダイゼーション溶液を加え、65℃、1時間以上ハイブリダイゼーションを行った。容器に作成した標識DNAプローブを用いて、65℃で16時間以上ハイブリダイゼーションを行い、洗浄後バイオイメージアナライザーで解析を行った。

【0013】(ノーザンハイブリダイゼーション) メンブレンを容器に入れてハイブリダイゼーション溶液を加え、42℃、1時間以上ハイブリダイゼーションを行った。容器に作成した放射標識DNAプローブを用いて、42℃で16時間以上ハイブリダイゼーションを行い、洗浄後バイオイメージアナライザーで解析を行った。

【0014】(cDNAライブラリーの作成)(RNAの抽出) 酸性グアニジウムチオシアネート/フェノール/クロロフォルム法(AGPC法)により、傷害ストレス45分後のタバコ葉よりRNAの抽出を行った。健全タバコ葉をハサミで切って5cm²の切片と

し、蒸留水の上に浮かべた。45分後に葉切片を回収し、液体窒素で凍らせた。1g相当量のタバコ葉組織を乳鉢に入れ、液体窒素で凍らせながら乳鉢で粉末状になるまで良く磨碎した。ディネイチャリングバッファと2-メルカプトエタノールの入ったチューブに粉末を入れ、ポリトロンでホモジェネートした。2M NaOAc(pH4.0)1mlを加え攪拌後、酸性フェノール10mlを加え攪拌した。次に、クロロフォルム/イソアミルアルコール(IAA)(49:1)2mlを加え攪拌し、氷上で15分間静置した。遠心して水層を移し、イソプロパノール10mlを加え、10分間室温で静置した。遠心し、ジエチルピロカーボネート(DEPC)処理水600μlで溶解し、遠心チューブに移した。フェノール/クロロフォルム/IAA(25:24:1)600μlを加え攪拌し、遠心した後、水層を回収した。この操作を2回繰り返した。8M LiCl200μlを加え、4℃、4時間静置した。遠心し、上清を除いた。70%エタノール1mlを加え、遠心し上清を除き、スピードバックで乾燥させた。沈殿物をDEPC処理水50μlに溶解し、全RNA抽出物とした。

【0015】(mRNAの精製) mRNA精製キット(ファルマシア)のプロトコールに従って精製した。全RNA抽出物溶出バッファ1mlに再溶解した。カラムを再懸濁し、ファルコンチューブを垂直に立て高塩バッファ1mlを重力のまま溶出させた。この操作を2回繰り返した。全RNAサンプルを65℃、5分間熱変性させた後、直ちに氷冷した。サンプルバッファ0.2mlをカラムにアプライし重力のまま溶出させた後、遠心した。高塩バッファを250μlアプライし、遠心した。この操作を3回繰り返した。低塩バッファを250μlアプライし、遠心した。この操作を3回繰り返した。ファルコンチューブからカラムを取り出し、溶出物を除いた。再度カラムを垂直に立て、65℃に保温しておいた溶出バッファ250μlをアプライし、遠心してmRNA画分を回収した。この操作を4回繰り返した。上記スパンカラムクロマトグラフィーの操作を2回繰り返した。回収したmRNA画分にサンプルバッファ100μl、グリコーゲン溶液10μl、氷冷100%エタノール2.5mlを加え、-20℃、2時間以上静置した。遠心し上清を取り除き、溶出バッファ1mlに溶解し、これを精製mRNAサンプルとした。

【0016】(ファーストストランドの合成) 精製mRNAサンプル5μg分をDEPC処理水11μlに溶解し、リンカープライマー2μlを加え70℃、5分間保温後、直ちに氷冷した。5×ファーストストランドバッファ10μl、ファーストストランドメチルヌクレオチド混合液3μl、0.1M DTT 5μl、RNaseプロックリボヌクレオチドインヒビター1μl、DEPC処理水12μlを順番に加え混ぜ37℃、2分間保温した。SUPERSCRIPT IIリバーストラ

ンスクリプターゼを加え混ぜ、1時間反応させた後、氷冷した。

【0017】(セカンドストランドの合成) ZAP - cDNA合成キット(ストラタジーン)のプロトコールに従った。ファーストストランド反応液50 μ lに、10 \times セカンドストランドバッファー20 μ l、セカンドストランドヌクレオチド混合液6 μ l、蒸留水111 μ l、RNaseH 2 μ l、DNAポリメラーゼI 12 μ lを順番に加え混ぜ、16、2.5時間反応させた後、氷冷した。

【0018】(cDNA末端の平滑末端化)セカンドストランドバッファー反応液200 μ lに、Blunting dNTP混合液23 μ l、クローン化したPfu DNA Polymerase 2 μ lを加え、72、30分間反応させた。フェノール/クロロフォルム200 μ lを加えて攪拌し、遠心して水層を回収した。クロロフォルム200 μ lを加えて攪拌し、遠心して水層を回収した。3M酢酸ナトリウム20 μ lと100%エタノール400 μ lを加え、-20 $^{\circ}$ Cで一晩放置した。遠心し、上清を除き、70%エタノール400 μ lを加えた。遠心し上清を除き、スピードバックで乾燥させた。沈殿物をEcoRIアダプター溶液9 μ lに溶解し、そのうち1 μ lを2nd Strand合成確認用に-20 $^{\circ}$ Cで保存した。

【0019】(EcoRIアダプターのライゲーション)上記で残った反応液8 μ lに、10 \times リガーゼバッファー1 μ l、10mMrATP1 μ l、T4 DNAリガーゼ1 μ lを加え混ぜ、8、2日間反応させた。

【0020】(EcoRI末端のリン酸化)上記反応物11 μ lを70、30分間保温した後、室温に5分間放置した。10 \times リガーゼバッファー1 μ l、10mMrATP 2 μ l、蒸留水6 μ l、T4ポリヌクレオチドキナーゼ0.7 μ lを加え混ぜ、37、30分間反応させた。70、30分間保温した後、室温に5分間放置した

【0021】(XhoI切断)上記反応物20.7 μ lに、XhoIバッファー28 μ l、XhoI 3 μ lを加え混ぜ、37、1.5時間反応させた。室温で冷却し、10 \times STEバッファー(1M NaCl、200mM Tris-HCl pH7.5、100mM EDTA)5 μ lを加え混ぜた。

【0022】(サイズ分解)cDNA Spun Columns SizeSep 400 SpunColumns(ファルマシア)のプロトコールに従った。カラムをSTEバッファー2mlで再懸濁し、溶出させた。この操作を2回行った。ファルコンチューブを垂直に立てて、遠心した。溶出液を回収するための遠心チューブをファルコンチューブ内にセットし、cDNAサンプルをカラムの中心にアプライした。遠心し、cDNA分画液56.7 μ lを回収した。STEバッファーで全

体量を200 μ lにした。フェノール/クロロフォルム200 μ lを加えて攪拌し、遠心して水層を新しい遠心チューブに回収した。クロロフォルム200 μ lを加えて攪拌し、遠心して水層を新しい遠心チューブに回収した。100%エタノール400 μ lを加え、-20 $^{\circ}$ C、一晩放置した。遠心し、上清を除き、スピードバックで乾燥させた。蒸留水5 μ lに溶解し、cDNAサンプル(10ng/ μ l)とした。

【0023】(cDNAのUni-ZAP XRベクターアームへのライゲーション)上記cDNAサンプル2.5 μ lに、10 \times リガーゼバッファー0.5 μ l、10mMrATP0.5 μ l、Uni-ZAP XRベクター1 μ l、T4DNAリガーゼ0.5 μ lを加え混ぜ、4、2日間反応させた。

【0024】(パッケージング)MaxPlax Lambda Packaging Extract kit(EPICENTRE TECHNOLOGIES)のプロトコールに従った。上記ライゲーションサンプル5 μ lを65、15分間保温した後、室温、5分間放置した。パッケージングエクストラクトを融解し、ライゲーションサンプル5 μ lを加え混ぜ、21.9、110分間保温した。SMバッファー(5.8g NaCl、2.0g硫酸マグネシウム7水和物、50ml Tris-HCl pH7.5、2%ゼラチン5ml)500 μ l、クロロフォルム25 μ lを穏やかに混ぜ、遠心し、上清450 μ lをパッケージング産物として4で保存した。

【0025】(C7全長鎖のスクリーニング)(プレーティング)LB-Tet(12.5 μ g/ml)プレートにストリークしておいた宿主大腸菌XL1-Blue MRFをLBプレート3mlでOD₆₀₀=0.5まで37 $^{\circ}$ Cで震盪培養した。パッケージング産物100 μ lと、宿主菌100 μ lを混ぜ、37、15分間培養した。48 $^{\circ}$ Cに保温しておいたLBトップアガー(液体LB培地に0.7%アガロースを加える)3mlに混合培養液を入れ混ぜた後、直ちにLBプレートにプレーティングした。37 $^{\circ}$ Cで一晩培養した。

【0026】(一次スクリーニング)上記プレートを、30分間風乾した。プレートを氷上で冷やしながらいロンメンブレン(ハイボンド-N⁺、アマシャム)をはりつけ、2分間放置した。メンブレンをはがし、変性バッファー(0.5M水酸化ナトリウム、1.5M塩化ナトリウム)に2分間浸した。更に、中和バッファー(0.5M Tris-HCl pH7.5、1.5M NaCl)に5分間浸した。20 \times SSCバッファー(175.3g塩化ナトリウム、88.2gクエン酸ナトリウム)に30秒間浸した後、キムタオル上で風乾させた。UVクロスリンカーで70000 μ J/cm²にてDNAをメンブレンにクロスリンクさせた。前述のノーザンハイブリダイゼーションと同様にプレハイブリダ

イゼーション、遺伝子断片C7-1をプローブとしたハイブリダイゼーション、洗浄及びシグナルの検出を行った。

【0027】(二次スクリーニング)一次スクリーニングで得られた陽性ブランクをチップを付けたピペットで打ち抜き、SMバッファ500 μ lに懸濁し、クロロフォルム25 μ lを加えて攪拌した。前述の通り、プレティング、メンブレンへのクロスリンク、プレハイブリダイゼーション、遺伝子断片C7-1をプローブとしたハイブリダイゼーション、洗浄及びシグナルの検出を行った。

【0028】(インビボイクシジョン)前述した大腸菌XL1-BlueMRFと、LB-Km(50ng/ml)プレートにストリークしておいた大腸菌SOLRをLB3mlで37 $^{\circ}$ Cで一晩振盪培養した。二次スクリーニングで得られた目的のブランクを前述同様に打ち抜き、SMバッファに懸濁した。クロロフォルム20 μ lを加えて攪拌し、時々攪拌させながら1~2時間室温に放置した。これを、ファージストック1とした。大腸菌XL1-BlueMRF株100 μ l、ファージストック150 μ l、ExAssist helper phage 1 μ lを試験管内で混合し、37 $^{\circ}$ C、15分間放置した。LB 1mlを加え、37 $^{\circ}$ C、2~3時

コロニーPCRの条件

95 1分

94 30秒、55 30秒、72 2分 2サイクル

72 7分、4 、無限大

【0030】(アルカリミニプレップ法によるプラスミドの調製)LB-Amp 3mlに単一コロニーを植菌し、37 $^{\circ}$ Cで一晩培養した。1.5mlチューブに培養液を入れ、遠心して集菌した。上清を除いて菌体を溶液I(50mMグルコース、20mM Tris-HCl pH8.0、10mMEDTA pH8.0)100 μ lに懸濁した。溶液II(0.2N NaOH、1% SDS)200 μ lを加え緩やかに混ぜ、氷上、5分間静置した。溶液III(3M酢酸カリウム、pH4.8)150 μ lを加え緩やかに混ぜ、氷上、5分間静置した。遠心し、上清を新しい1.5mlチューブに回収した。フェノール/クロロフォルム 450 μ lを加え5分間振り混ぜた。遠心し、水層を新しい1.5ml遠心チューブに回収した。100%エタノール900 μ lを加え、室温、3分間放置した。遠心し、上清を除いた。70%エタノール900 μ lを加え、上清を除き、スピードバックで乾燥させた。TE50 μ lに溶解し、RNase(1mg/ml)を1 μ l加え、30分間放置した。以下、アルカリプレップ法によるプラスミドの調製は、上記の方法で行った。

【0031】(制限酵素処理によるインサートの確認)調製プラスミド溶液2 μ l、ユニバーサルバッファH(タカラ、2 μ l)、EcoRI(タカラ、0.1 μ

間振盪培養した。混合培養液を1.5ml遠心チューブに移し、70 $^{\circ}$ C、20分間保温した後、室温に戻した。遠心し上清を回収し、ファージストック2とした。1.5ml遠心チューブで大腸菌SOLR株200 μ l、ファージストック250 μ lを混合し、15分間放置した。50 μ lをLB-Amp(50 μ g/ml)プレートにプレティングし、37 $^{\circ}$ Cで一晩培養した。

【0029】(プラスミドの確認)コロニーのプラスミドの確認は、コロニーPCR法を用いて行った。T3プライマー(20mer、5'-AATTAACCCCTACTAAAGGG-3'、3.2 μ M、1.5 μ l)、T7プライマー(22mer、5'-GTAATACGACTCACTATAGGGC-3'、3.2 μ M、1.5 μ l)、dNTPs(2.5mM、1.6 μ l)、10 \times PCRバッファ2 μ l、DNAポリメラーゼ(タカラTaq、5U/ μ l、0.1 μ l)、蒸留水13.3 μ l、及び爪楊枝で突いたコロニーを0.2mlPCRチューブに入れ、タッピングで良く混ぜた。PCR装置で増幅反応を行った。反応後、1%アガロース/0.5 \times TBEゲルを用いて電気泳動を行った。エチジウムブロマイド水溶液で染色し、トランスイルミネーター上で反応生成物の確認を行った。以下、コロニーPCR法は場合に応じてプライマー、伸長反応時間を変更して行った。

1)、XhoI(タカラ、0.1 μ l)、蒸留水15.8 μ lを遠心チューブに入れ、37 $^{\circ}$ C、1時間反応させた。反応後、1%アガロース/0.5 \times TBEを用いてゲル電気泳動を行った。エチジウムブロマイド水溶液で染色し、トランスイルミネーター上で反応生成物の確認を行った。以下、制限酵素処理によるインサートの確認は場合に応じて制限酵素を変更し、上記の方法で行った。

【0032】(PEGによるプラスミドの調製)アルカリミニプレップ法によって調製したプラスミド溶液50 μ lに、PEG/NaCl[1.6M/13%(w/v)]50 μ lを加え混ぜ、4 $^{\circ}$ Cで一晩静置した。遠心(15000rpm、20分、4 $^{\circ}$ C)し上清を除き、70%エタノール250 μ lを加え遠心した。上清を除き、スピードバックで乾燥させ、TE40 μ lに溶解した。以下、PEGによるプラスミドの調製は上記の方法で行った。

【0033】(C7全長鎖cDNA塩基配列の決定)0.2ml PCRチューブにBigDye Terminator Ready Reaction Mixture(PEアプライドシステム、8 μ l)、T7あるいはT3プライマー(3.2 μ M、1 μ l)、PEGによって調製したプラスミド(約500ng分)を入

れ、全量が20 μ lになるように蒸留水を加えた。PCR装置で反応させた後、1.5ml遠心チューブに全量を移し、3M NaOAc (pH5.2) 2 μ l、氷冷100%エタノール50 μ lを加え、-80 で20分間以上放置した。遠心し上清を除き、70%エタノール

PCRの条件

96 10秒、50 5秒、60
4、無限大

【0034】更に、蛍光キャピラリーシークエンサー (ABI PRISM 310 Genetic Analyzer, PEアブライドシステム)により塩基配列を決定した。シークエンスに用いたプライマーは以下のものである。

C7F1: (29mer, 5'-GCTCCTATCAATTCGTCACAGTATATTCC-3', 3.2 μ M, 1 μ l)

C7F2: (25mer, 5'-CCAGGCATTTTCATCAACAAGTTCG-3', 3.2 μ M, 1 μ l)

C7R1: (22mer, 5'-CTCCACCTATTCTATACCGCC-3', 3.2 μ M, 1 μ l)

C7R2: (26mer, 5'-GCACTCACCCACGACTCCGGTCGC-3', 3.2 μ M, 1 μ l)

【0035】(C7遺伝子産物の機能解析) C7遺伝子の全長の配列を決定したところ、全長は1210bpであり、308個のアミノ酸をコードしていた(図1)。BLASTでホモロジーサーチを行ったところ、C7のアミノ酸配列はレセプター様蛋白質と有意な相同性を示した。また、C7タンパク質の細胞内局在をPSORTで予測した。その結果、24番目のアミノ酸で開裂する疎水性シグナル、ヘリックスを持った単一の膜貫通領域、親水性の細胞質領域を有していた。C7遺伝子産物の予測される機能領域と、疎水性プロファイルを図2に示す。

【0036】(C7蛋白質とレセプター様キナーゼとの相同性) 上述した様に、ホモロジーサーチ及び構造予測により、C7遺伝子がコードする蛋白質は、膜貫通型の蛋白質であることが示唆された。更に、データベース検索を行ったところ、C7蛋白質はレセプター様キナーゼ(RLK)と有意な相同性を有している事が示された。コムギLr10耐病遺伝子座産物であるLRK10と相同性のある領域のアミノ酸アラインメントを、図3に示す。図3において、3つの蛋白質のアミノ酸が一致している部分を四角で囲み、相同性が高い部分を黒抜きで示す。

【0037】(植物細胞内での局在)更に、C7-GFP (Green Fluorescent Protein) 融合蛋白質を用いて植物細胞内での局在を調べた。C7/GFPプラスミドを金粒子にコーティングし、植物組織(タマネギ)にパーティクルガン法により導入した。一晚インキュベートをした後に蛍光顕微鏡を用いて観察したところ、C7-GFP融合蛋白質が原形

250 μ l加え、遠心した。スピードバックで乾燥させた後、Templete Suppression Reagent (TSR, PEアブライドシステム) 12 μ lに溶解した。95、3分間変性させた後、直ちに氷冷した。

4分 25サイクル

質膜上に局在することがわかった(図4)。図4において、タマネギ表皮細胞で一過的に発現したGFP(左)と、C7-GFP融合蛋白質の蛍光シグナルを示す。

【0038】これまで述べたC7蛋白質の特徴より、タイプI型の膜貫通型蛋白質であることが示唆された。しかし、レセプター様キナーゼと相同性を有するのに関わらず、C7蛋白質にはキナーゼ配列を持つ細胞質領域は存在していなかった。現在知られているストレスセンサーが二量体を形成し、他の蛋白質と相互作用して細胞内の下流に情報を伝達していることから、C7蛋白質は二量体を形成する浸透圧センサーで、細胞内にある何らかの標的蛋白質と相互作用することにより情報を伝達し、下流に存在するその他のストレス応答遺伝子の発現制御に関与する、という可能性が考えられる。

【0039】(ストレス応答におけるC7遺伝子発現の特性) ストレス応答に対するC7遺伝子の発現の特性を、ノーザンハイブリダイゼーションにより調べた。傷害を受けた葉においてC7遺伝子発現の経時変化を検討したところ、C7遺伝子は10分程度で発現し始め、30分で発現が最大となり、4時間後には発現がなくなるという、一過性の発現を示した(図5)。図5の下段に、構成的に発現するコントロールであるアクチンの結果を示す。このように、C7遺伝子は傷害ストレス応答の初期段階において、早期にかつ一過性に発現しており、これは植物にとって重要な遺伝子であることを示している。

【0040】C7遺伝子の発現に対する、細胞内の水環境の影響を検討した。そこで、1.2% NaCl溶液で塩ストレスを、500mMマンニトール溶液で浸透圧ストレスを与えて、それらの影響を検討した。C7遺伝子の発現が機械的な傷ストレスに影響されないように、健全葉を植物体から切り離して4時間水に付けた後、それぞれのストレス溶液に浸け直した。その結果、塩ストレス、浸透圧ストレス共に、ストレス処理後45分で一過的な発現があった。ノーザンハイブリダイゼーションにより検出した、1.2% NaCl処理の塩ストレスによるmRNAレベルの変化を図6に、500mMマンニトール溶液処理の浸透圧ストレスによるmRNAレベルの変化を図7に、それぞれ示す。図6及び図7において、構成的に発現しているコントロールである、rRNAとアクチンの検出を行った結果を、それぞれ下段に示す。即ち、水分環境ストレスに対しても、C7遺伝子の発現

増加が認められた。更に、C7遺伝子の乾燥や低温に対する応答を調べた。塩、浸透圧ストレスと同様に健全葉を植物体から切り離して4時間水に付けた後、4で低温ストレスを与えた。C7遺伝子は低温ストレスにより誘導されたが、乾燥ストレスによりC7遺伝子の発現の誘導は見られなかった。

【0041】

< 1 1 0 > 出願人氏名：奈良先端科学技術大学院大学長

< 1 2 0 > 発明の名称：ストレスにより発現が誘導される遺伝子

< 1 6 0 > 配列の数：3

< 2 1 0 > 配列番号：1

< 2 1 1 > 配列の長さ：308

< 2 1 2 > 配列の型：アミノ酸

< 2 1 3 > 起源：Nicotiana tabacum cv. Xanthin c 葉

< 4 0 0 > 配列

```
MLTRGLLFAC VLLLVTLISS SKAQDISQCV PSSCGDIQIK PPFRLRTDPE HCGRRGYELD 60
CQNNQTVFNY KSRIFDVQEI NYRSYSIRLL DPGLNDQREN CTVFPNHRAS YDAMTSQIFE 120
WVRVNDINYN VNCLAPINSS QYIPTSFCFSK NSTGFSYLV I REILQASDLA GGCRVETVAW 180
SSAPGISSNK SSTLSSTHQG LAYGFELSWK RNLLCRNCDR SRGGECTIEE NSDRATCRYW 240
CKEDIHVSKL TFRCKVEYYS VYVLFEGGIG IGGVLAXRFL LGIPILIAAV VWQCKRRNLH 300
TSSDEQNC 308
```

< 2 1 0 > 配列番号：2

< 2 1 1 > 配列の長さ：927

< 2 1 2 > 配列の型：核酸

< 2 1 3 > 起源：Nicotiana tabacum cv. Xanthin c 葉

< 4 0 0 > 配列

```
ATGTTGACAA GAGGGCTGCT TTTTCGCTTGT GTTTTGTAC TTGTGACT CATAAGCAGT 60
TCTAAAGCGC AGGATATTC TCAATGTGTC CCTTCTCCT GCGGTGATAT TCAAATAAAA 120
TTTCCCTTCC GACTGAGGAC TGATCCCGAG CATTGTGGTA GACGCGGATA TGAGCTCGAT 180
TGCCAGAACA ACCAAACCGT GTTCAATTAC AAATCCAGAA TTTTCGACGT ACAGGAAATT 240
AACTACAGAA GCTACTCAAT AAGGCTACTT GATCCTGGCC TAAATGATCA GAGAGAAAAT 300
TGCACAGTTT TTCCAAATCA CAGGGCAAGT TATGATGCCA TACTAGCCA AATCTTTGAA 360
TGGGTTCTGT TTAACAATGA TATCAACTAT GTCAACTGTC TAGCTCCTAT CAATTCGTCA 420
CAGTATATTC CTACAAGTTT TTGTAGCAAA AATTCAACGG GTTTTAGCTA CCTTGTGATA 480
AGAGAAATAT TGCAAGCTTC GGATTTGGCT GCGGCTGTA GGGTTGAAAC TGTTGCATGG 540
TCCTCTGCTC CAGGCATTC ATCAACAAG TCGTCTACGT TATCAAGCAC ACATCAAGGC 600
CTGGCTTATG GGTGAGCT TTCTTGAAG CGTAATCTGT TATGTAGAAA TTGCGACCGG 660
AGTCGTGGGG GTGAGTGAC TATTGAAGAA AACAGCGACA GAGCTACTTG TCGTTATTGG 720
TGCAAAGAGG ACATTCACGT TTCGAAGCTT ACGTTCCGAT GCAAAGTCGA TACTATTCT 780
GTTTATGTAT TGTTCTTTGG CGGTATAGGA ATAGGTGGAG TTTTGGCGCT AAGATTTCTA 840
CTAGGAATTC CAATCTTGAT CGCAGCAGTG GTGTGGCAGT GCAAAGACG GAATTTGCAT 900
ACATCCTCCG ATGAACAGAA CTGTTAA 927
```

< 2 1 0 > 配列番号：3

< 2 1 1 > 配列の長さ：1210

< 2 1 2 > 配列の型：核酸

< 2 1 3 > 起源：Nicotiana tabacum cv. Xanthin c 葉

< 4 0 0 > 配列

【発明の効果】本発明により、傷害、浸透圧、塩又は低温ストレスに反応して発現し、レセプター様蛋白質をコードする、新規遺伝子であるC7遺伝子、及び当該遺伝子がコードするポリペプチドが与えられた。

【0042】

【配列表】

TATATTCAAT TGAAAACATG TTGACAAGAG GGCTGCTTTT CGCTTGTGTT TTGTTACTTG 60
 TGACTCAT AAGCAGTTCT AAAGCGCAGG ATATTTCTCA ATGTGTCCCT TCTTCCTGCG 120
 GTGATATTCA AATAAAATTT CCCTTCCGAC TGAGGACTGA TCCCGAGCAT TGTGGTAGAC 180
 GCGGATATGA GCTCGATTGC CAGAACAACC AAACCGTGT CAATTACAAA TCCAGAATTT 240
 TCGACGTACA GGAATTAAC TACAGAAGCT ACTCAATAAG GCTACTTGAT CCTGGCCTAA 300
 ATGATCAGAG AGAAAATTGC ACAGTTTTTC CAAATCACAG GGCAAGTTAT GATGCCATGA 360
 CTAGCCAAAT CTTTGAATGG GTTCGTGTTA ACAATGATAT CAACTATGTC AACTGTCTAG 420
 CTCCTATCAA TTGTCACAG TATATTCCTA CAAGTTTTTG TAGCAAAAAT TCAACGGGTT 480
 TTAGCTACCT TGTCATAAGA GAAATATTGC AAGCTTCGGA TTTGGCTGGC GGCTGTAGGG 540
 TTGAAACTGT TGCATGGTCC TCTGCTCCAG GCATTTTCATC AAACAAGTCG TCTACGTTAT 600
 CAAGCACACA TCAAGGCCTG GCTTATGGGT TTGAGCTTTC TTGGAAGCGT AATCTGTTAT 660
 GTAGAAATTG CGACCGGAGT CGTGGGGGTG AGTGCCTAT TGAAGAAAAC AGCGACAGAG 720
 CTACTTGTGC TTATTGGTGC AAAGAGGACA TTCACGTTTC GAAGCTTACG TTCCGATGCA 780
 AAGTCAGTA CTATTCTGTT TATGTATTGT TCTTTGCCGG TATAGGAATA GGTGGAGTTT 840
 TGGCGTAAG ATTTCTACTA GGAATTCCAA TCTTGATCGC AGCAGTGGTG TGGCAGTGCA 900
 AAAGACGGAA TTTGCATACA TCCTCCGATG AACAGAACTG TTAAGATTTT TGCTAGTCAA 960
 GCTATTTTAA CAGAAGTTTG TGTATTTTTT TCAGAAAATC TAGGACAAGG TCAACCTGTG 1020
 CTGGCGATTA ATTACTAGGA TTTTCTTTTC CAGTTTAGTC CTGTATTTTA TTTGATATTC 1080
 TTACCTATTT GATTGTGTAT GATTTTTTTC CTAAAAATTT TATAATTTTC CTAATTCTTG 1140
 TAAGTAATTG AATGGATATT TGTACTTTCT GTCAATAATA GAACAAGACA TTCGCAAAAA 1200
 AAAAAAAAAA 1210

A 【図面の簡単な説明】

【図1】図1は、C7遺伝子の全塩基配列及び推定アミノ酸配列を示す図である。

【図2】図2は、C7遺伝子産物の予想される機能領域と疎水性プロファイルを示すグラフである。

【図3】図3は、レセプター様蛋白質であるLRK10と相同性のある領域のアミノ酸アラインメントを示す図である。

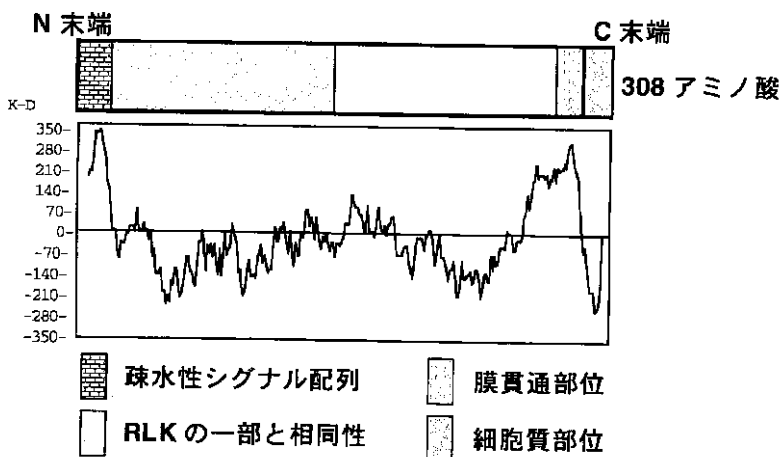
【図4】図4は、C7-GFP融合蛋白質の細胞表面における発現を示す写真である。

【図5】図5は、C7遺伝子mRNAの発現レベルの、傷害処理後の経時変化をノーザンブロッティングにより検出した写真である。

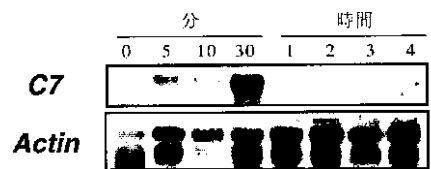
【図6】図6は、C7遺伝子mRNAの発現レベルの、塩ストレス処理後の経時変化をノーザンブロッティングにより検出した写真である。

【図7】図7は、C7遺伝子mRNAの発現レベルの、浸透圧ストレス処理後の経時変化をノーザンブロッティングにより検出した写真である。

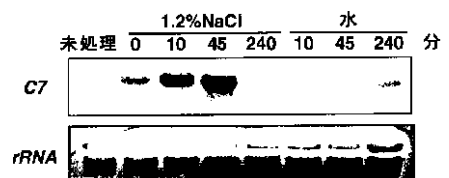
【図2】



【図5】



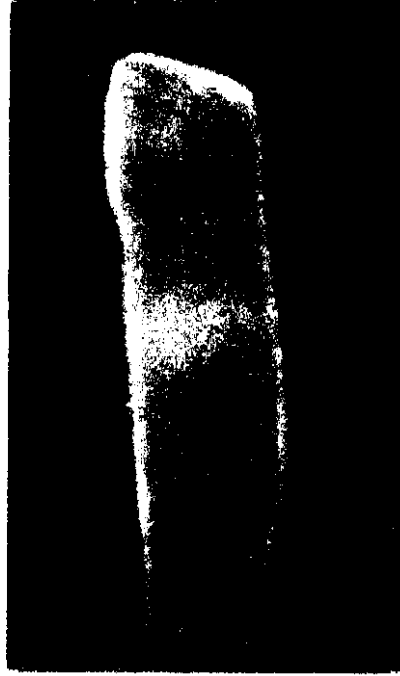
【図6】



TATATTCAAT TGA AACATG TTGACAAGAG GGCTGCTTTT CGCTTGCTTT TTGTTACTTG TGACACTCAT AAGCAGTTCT AAAGCCGAGG 90
 M L T R G L L F A C V L L L V T L I S S S K A Q D
 ATATTTCTCA ATGTGTCCTT TCTTCTCGG GTGATATTCA AATAAAATTT CCCTTCCGAC TGAGGACTGA TCCCGAGCAT TGTGGTAGAC 180
 I S Q C V P S S C G D I Q I K F P F R L R T D P E H C G R R
 GCGGATATGA GCTCGATTGC CAGAACAAC AAACCGTGT CAATTACAAA TCCAGAATTT TCGACGTACA GGAATTAAC TACAGAAGCT 270
 G Y E L D C Q N N Q T V F N Y K S R I F D V Q E I N Y R S Y
 ACTCAATAAG GCTACTTGAT CCTGGCCTAA ATGATCAGAG AGAAAATTC CAATCACAG GGCAGATTAT GATGCCATGA 360
 S I R L L D P G L N D Q R E N C T V F P N H R A S Y D A M T
 CTAGCCAAAT CTTTGAATGG GTTCGTGTTA ACAATGATAT CAACTATGTC AACCTGTCTAG CTCCTACAA TTCGTACAG TATATTCCTA 450
 S Q I F E W V R V N N D I N Y V N C L A P I N S S Q Y I P T
 CAAGTTTTTG TAGCAAAAAT TCAACGGGTT TTAGCTACCT TGTCAAGA GAAATATTC AAGCTCCGA TTTGGCTGGC GGCTGTAGGG 540
 S F C S K N S T G F S Y L V I R E I L Q A S D L A G G C R V
 TTGAAACTGT TGCATGGTCC TCTGCTCCAG GCATTTTCATC AAACAAGTCG TCTACGTTAT CAGCACACA TCAAGGCCCTG GCTTATGGGT 630
 E T V A W S S A P G I S S N K S S T L S S T H Q G L A Y G F
 TTGAGCTTTC TTGGAAGCGT AATCTGTTAT GTAGAAAATG CGACCGGAGT CGTGGGGGTG AGTGCACTAT TGAAGAAAAC AGCGACAGAG 720
 E L S W K R N L L C R N C D R S R G G E C T I E E N S D R A
 CTACTTGTGG TTATTGGTGC AAGAGGACA TTCACGTTTC GAAGCTTACG TTCGATGCA AAGTCGATA CTATTTCTGTT TATGTATTGT 810
 T C R Y W C K E D I H V S K L T F R C K V E Y Y S V Y V L F
 TCTTTGGCGG TATAGGAATA GGTGGAGTTT TGGCGCTAAG ATTCTACTA GGAATTCGAA TCTTGATCGC AGCAGTGGTG TGGCAGTGCA 900
 F G G I G I G V L A L R F L L G I P I L I A A V V W Q C K
 AAAGACGGAA TTTCATACA TCCTCCGATG AACAGAACTG TTAAGATTTT TGCTAGTCAA GCTATTTTAA CAGAAGTTTG TGTATTTTTT 990
 R N L H T S S D E Q N C *
 TCAGAAAATC TAGGACAAGG TCAACTGTG CTGGCGATTA ATTACTAGGA TTTTTCTTC CAGTTTAGTC CTGTATTTTA TTTGATATTC 1080
 TTACCTATTT GATTGTGTAT GATTTTTTTC CTTAAAATTT TATAATTTTC CTAATTTCTG TAAGTAATG AATGGATATT TGTACTTTCT 1170
 GTCAATAATA GAACAAGACA TTCGCAAAAA AAAAAAAAAA 1210

【図1】

【図4】



C7-GFP



GFP

【図3】

```

C7          SSKAADDISQC MPSSC--GDI QIKFPPRLRT DPEHCGRRGY ELDCONNCT-
LRK10 homolog 1 SDEADFFRNC FPSRCSSDGP DLKFPFRLES SSSSCGAPGM QLSGSGODTL
LRK10 homolog 2 SDEADFFRNC FPSRCSSDGP DLKFPFRLES SSSSCGAPGM QLSGSGODTL

```

```

C7          VFNYKSRIFD VQETINY---R SYSLRLLDP- ---GLN---D QRENCIVFPN
LRK10 homolog 1 LLHHVLGLSK VTGIDYIYGV INIVFLAESW SQCALQKIIS ANYSTSVYKQ
LRK10 homolog 2 LLHHVLGLSK VTGIDYIYGV INIVFLAESW SQCALQKIIS ANYSTSVYKQ

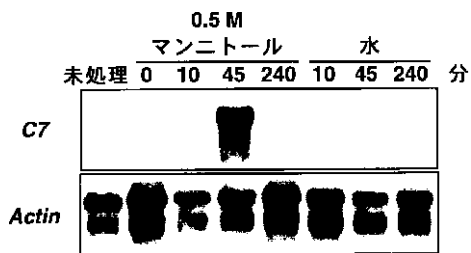
```

```

C7          HRASYDAMT- -SQIFFEWVRV NNDINYVNCI APINSSQVI- -PTSECS
LRK10 homolog 1 YGFQYASLVS CSEFFIWDST DSIFGPISCI SNASCSLYLV APYAEMS
LRK10 homolog 2 YGFQYASLVS CSEFFIWDST DSIFGPISCI SNASCSLYLV APYAEMS

```

【図7】



フロントページの続き

(58)調査した分野(Int.Cl.7, DB名)

C12N 15/09

C12N 15/29

C07K 14/415

A01H 5/00

SwissProt/PIR/Genes

eq

GenBank/EMBL/DDBJ/G

eneSeq

BIOSIS/WPI(DIALOG)

PubMed