

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特 許 公 報(B2)

(11) 特許番号

特許第4219711号
(P4219711)

(45) 発行日 平成21年2月4日(2009.2.4)

(24) 登録日 平成20年11月21日(2008.11.21)

(51) Int.Cl. F I
AO1H 5/00 (2006.01) AO1H 5/00 Z N A A
C12N 15/09 (2006.01) C12N 15/00 A

請求項の数 2 (全 92 頁)

(21) 出願番号	特願2003-71082 (P2003-71082)	(73) 特許権者	501174550 独立行政法人国際農林水産業研究センター 茨城県つくば市大わし1-1
(22) 出願日	平成15年3月14日(2003.3.14)	(73) 特許権者	000253503 キリンホールディングス株式会社 東京都中央区新川二丁目10番1号
(65) 公開番号	特開2004-275081 (P2004-275081A)	(74) 代理人	100091096 弁理士 平木 祐輔
(43) 公開日	平成16年10月7日(2004.10.7)	(74) 代理人	100118773 弁理士 藤田 節
審査請求日	平成17年10月31日(2005.10.31)	(74) 代理人	100096183 弁理士 石井 貞次
		(74) 代理人	100111741 弁理士 田中 夏夫

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 ストレス耐性遺伝子を用いた発根率や切花の花持ちが改善された植物の製造

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項1】

ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含み、ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーターおよびkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択され、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A 遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである、発根率が向上された、および/または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法。

【請求項2】

ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A 遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列

において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A 遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも94%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A 遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNAからなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項1に記載の形質転換植物を作成する方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子で植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および/または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法ならびにストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および/または切花の花持ちが延長された形質転換植物に関する。

【0002】

本発明は、さらに発根率が向上された、および/または切花の花持ちが延長された植物を作成するための乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAをストレス応答性プロモーターの下流に連結した遺伝子(ストレス耐性遺伝子)の使用に関する。

【0003】

【従来の技術】

栽培植物は、種子繁殖や球根などの植物本来の機構による増殖と、挿し木(挿し芽、挿し穂)、組織培養などのクローン技術によって増殖が行われている。特に3大切花であるキク、カーネーション、バラは優良品種が作出されると、その枝や穂を挿し木(挿し芽・挿し穂)で増やし切花生産やその植物体の維持に使われている。この増殖の生産性を高めるためには、挿し木増殖の効率を上げる必要があり、最も製品率を上げるためには挿し木の発根性を上げる必要がある。これを解決するため商品名ルートン等に代表されるオーキシ

ン類による薬剤処理が行われるが決して十分ではなく、コストや手間がかかるのが現状である。一方、切花において花持ちという性質は大変重要な形質であることはいうまでもない。花持ちに関する生化学的な検討がされ、老化ホルモンであるエチレンを物理的に吸収するなどの手法がとられている。しかしこの方法においても、エチレンで制御される花持ちは、切花の本体的な改善ではなく、部分的な改善に過ぎない。またエチレンの吸収や発生の抑制で改善される植物は限られた品種であり、もっとより広範囲かつ植物自体の状態の改善が望まれていた。しかも発根性と切花延命性を同時に向上させるような手段は知られていなかった。

【0004】

これまで、人為的にクローン増殖性や花持ちが改善された植物を作出する場合、それぞれ

10

20

30

40

50

に優良な形質を示す系統の選抜や交配などの手法が用いられてきたが、選抜法には多くの時間が必要であり、一方、交配法は限られた種間にしか用いることができないため、挿し木増殖効率および花持ちが改善された植物の作出は困難であった。

【0005】

近年のバイオテクノロジーの進歩に伴い、植物に異種生物由来の特定の遺伝子を導入する形質転換技術などの手法を用いて、様々な植物の作出が試みられている。これまでに、発根促進についてはroIC遺伝子を導入したカーネーションの例があるが、roIC遺伝子自身さまざまな植物で矮化や分枝性をあげることが知られており実用性は難しいと考えられる [J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126: 13-18(2001)]。遺伝子組換えによるエチレン発生の抑制やエチレン受容機構に不感受性にするなどの試みがされており、作出された植物が、部分的な花持ちの向上(花弁等の老化の抑制)につながった報告も見られる [HortScience 30: 970-972(1995), Mol.Breed. 5: 301-308(1999)]。

10

【0006】

一方、植物は、自然界において、乾燥、高温、低温又は塩などの様々な環境ストレスに曝されて生息している。植物は、動物のように移動によってストレスから身を守る行動をとることができないため、進化の過程で、様々なストレス耐性機構を獲得してきた。例えば、低温耐性植物(シロイヌナズナ、ハウレンソウ、レタス、エンドウ、オオムギ、テンサイなど)は、低温感受性植物(トウモロコシ、イネ、カボチャ、キュウリ、バナナ、トマトなど)よりも、生体膜脂質中の不飽和脂肪酸の含有割合が低く、そのため、低温に曝されても、生体膜脂質の相転移が起こりにくく、低温障害が生じにくい。これまで、人為的に環境ストレス耐性植物を作出する場合、乾燥、低温又は耐塩性の系統の選抜や交配などの手法が用いられてきたが、選抜法には多くの時間が必要であり、一方、交配法は限られた種間にしか用いることができないため、高い環境ストレス耐性を有する植物の作出は困難であった。

20

【0007】

近年のバイオテクノロジーの進歩に伴い、植物に異種生物由来の特定の遺伝子を導入する形質転換技術などの手法を用いて、乾燥、低温、塩などに耐性の植物の作出が試みられている。もっとも実用性の高いとされる植物としてはストレス応答性プロモーターの下流に乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNA(DREB遺伝子という)が連結された遺伝子を導入することにより作出した、環境ストレス耐性の形質転換植物がある [特許第3178672号公報と特許第3183458号公報]。本方法により環境ストレス(乾燥ストレス、低温ストレス、塩ストレスなど)に対する耐性が向上し且つ矮化の起こらない形質転換植物が作出されている。しかしこれらストレス耐性の付与は特殊な条件下(継続的に砂漠地域、塩害地域、低温地域等)で栽培されることを想定した場合やあくまで植物が極度の環境ストレスに一時的に晒された場合の話であり、通常の栽培形態である挿し木増殖の発根率や通常の商品流通や消費形態である切り花にした際の花持ち(切花延命性)に好影響を与えるという報告はなかった。

30

【0008】

【特許文献1】

特許第3178672号公報

【特許文献2】

特許第3183458号公報

【非特許文献1】

J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126: 13-18(2001)

【非特許文献2】

HortScience 30: 970-972(1995), Mol.Breed. 5: 301-308(1999)

【非特許文献3】

Mol.Breed. 5: 301-308(1999)

【0009】

40

50

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ちが改善された植物を提供することを目的とする。

【0010】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、上記課題を解決するため鋭意検討を重ねた実験を行っていた。ストレス耐性付与の目的で作成された特許第3178672号公報の実施例5に記載されている植物プラスミドpBI29AP:DREB1Aで形質転換したキクを得て、これをクローン増殖後に、切花を生産し、その花持ちを検定したところ、遺伝子導入前の品種と比較し、発根率、挿し木増殖性、花持ち（切花延命性）において明らかな優位性を見出し、本発明を完成するに至った。すなわち、本発明は以下の通りである。

10

【0011】

(1) ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および/または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法、

(2) ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである(1)の形質転換植物を作成する方法、

20

(3) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(4) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

30

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

40

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNAからなる群から選択される少なくとも一つのDNAである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(5) ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、r

50

d22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(6) ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および/または切花の花持ちが延長された形質転換植物、

(7) ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである(6)の形質転換植物、

(8) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである(6)の形質転換植物、

(9) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNAからなる群から選択される少なくとも1つのDNAである(6)の形質転換植物、ならびに

10

20

30

40

50

(1 0) ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも一つのDNAである(6)の形質転換植物。さらに、上記(4)および(9)のDNAには、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAと実質的に同等の活性を有するDNAが、上記(5)および(10)のDNAには、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAと実質的に同等の活性を有するDNAが含まれる。

【0012】

【発明の実施の形態】

本発明の形質転換植物は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれる乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNA(DREB遺伝子という)が連結された遺伝子(本明細書においてストレス耐性遺伝子と呼ぶこともある)を導入することにより作出した、発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ち(切花延命性)が向上された植物である。一例として、rd29Aプロモーターを用いた構成の遺伝子を示す(図1)。

【0013】

(1) DREB遺伝子

本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子があり、これらを適宜使用することができる。DREB1A遺伝子は、DREB1A遺伝子[Kazuko Yamaguchi-Shinozaki and Kazuo Shinozaki: Plant Cell 6: 251-264(1994)]のcDNA領域を、逆転写ポリメラーゼ連鎖反応(RT-PCRともいう)を行い、増幅することにより得ることができる。ここでPCRに用いることができる鋳型mRNAとしては、シロイヌナズナでMS培地[Murashige and Skoog: Physiol. Plant. 15: 473-497 (1962)]などの固体培地に播種し、無菌条件下で生育させた植物体を乾燥ストレス(例えば、脱水状態にする)に曝露した状態から調製したmRNAが挙げられる。

【0014】

またこれらの遺伝子は、特許第3178672号公報に記載されており、同公報の記載に従って取得することができる。また、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝

子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子、およびDREB2H遺伝子の塩基配列をそれぞれ配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25および27に示す。また、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子、およびDREB2H遺伝子がコードするタンパク質のアミノ酸配列をそれぞれ配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26および28に示す。さらに、DREB1A又はDREB2A遺伝子を含む組換えベクターは、大腸菌K-12株に導入され、DREB1A遺伝子を含む大腸菌は、受託番号FERM P-16936として、DREB2A遺伝子を含む大腸菌は、受託番号FERM P-16937として、独立行政法人 産業技術総合研究所 特許生物寄託センター(日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1中央第6)に、平成10年8月11日付けで寄託されている。さらに、DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図2に、DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図3に、DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図4に、DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図5に示した。このアラインメントは解析ソフトウェアとしてGENETYX-MAC version 12.0.0を用いた。また、DREB1DからDREB1FおよびDREB2CからDREB2Hの塩基配列およびアミノ酸配列ならびにそれらの発現解析については Biochem.Biophys.Res.Comm, 290: 998-1009(2002)に記載されており、本願発明のDREB遺伝子を得るに当たって該文献を参照することもできる。

【0015】

図2のDREB1A遺伝子からDREB1F遺伝子の塩基配列レベルでの配列比較より、DREB1AとDREB1BからDREB1Fの間の相同性は最も低くて54.7%である。また、DREB1BからDREB1Fの間で相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eとの間で51.2%である。さらに、DREB1AからDREB1Fの間ではDREB1Aの約100位の塩基から約400位の塩基までの配列に相当する配列部分に共通配列が多く、DREB1Aの100位から400位の間の塩基配列に相当する部分の相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eの間で約65%である。

【0016】

従って、DREB1AからDREB1Fのいずれかの塩基配列と50%以上の相同性を有する塩基配列からなり、DREB1ファミリーの遺伝子のDNAであるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB1Aの第100位から第400位の塩基配列部分またはDREB1BからDREB1Fの塩基配列のうち上記方法によりDREB1Aの塩基配列とアラインメントさせたときにDREB1Aの第100位から第400位の塩基配列部分に相当する塩基配列部分と相同性の高い塩基配列部分を有するDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB1AからDREB1Fの何れかとの相同性が少なくとも60%、好ましくは65%以上のDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記塩基配列部分を含むDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

【0017】

図2のDREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列レベルでの配列比較より、DREB1AとDREB1BからDREB1Fの間の相同性は最も低くて43.9%である。また、DREB1BからDREB1Fの間で相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eとの間で41.9%である。

【0018】

従って、DREB1AからDREB1Fのいずれかのアミノ酸配列と40%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなるDREB1ファミリーに属するタンパク質をコードするDNAは本発明の乾燥ス

10

20

30

40

50

レス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB1Aタンパク質の約31番目のアミノ酸から約120番目のアミノ酸配列部分またはDREB1Bタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列のうち上記方法によりDREB1Aタンパク質のアミノ酸配列とアラインメントさせたときにDREB1Aの31番目のアミノ酸から120番目のアミノ酸配列部分に相当するアミノ酸配列部分と相同性の高いアミノ酸配列部分を有するタンパク質をコードするDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB1AからDREB1Fの何れかとの相同性が少なくとも60%、好ましくは70%以上のタンパク質をコードするDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記アミノ酸配列部分を含むタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、DREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列のうち、DREB1Aタンパク質の85番目から93番目のアミノ酸配列(MAARAHVA)および95番目から105番目のアミノ酸配列(ALRGRSACLNF)はDREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質に共通であり、この共通配列部分のすべてまたは一個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失または付加された配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

10

【 0 0 1 9 】

20

図4のDREB2A遺伝子からDREB2H遺伝子の塩基配列レベルでの配列比較より、DREB2AとDREB2BからDREB2Hの間の相同性は最も低くて39.4%である。また、DREB2BからDREB2Hの間で相同性が最も低いのはDREB2GとDREB2Hとの間で38.4%である。さらに、DREB2AからDREB2Hの間では約180位の塩基から約400位の塩基までの配列部分に共通配列が多い。

【 0 0 2 0 】

従って、DREB2AからDREB2Hのいずれかの塩基配列と50%以上の相同性を有する塩基配列からなり、DREB2ファミリーの遺伝子のDNAであるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB2Aの第180位から第400位の塩基配列部分またはDREB2BからDREB2Hの塩基配列のうち上記方法によりDREB2Aの塩基配列とアラインメントさせたときにDREB2Aの第180位から第400位の塩基配列部分に相当する塩基配列部分と相同性の高い塩基配列部分を有するDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB2AからDREB2Hの何れかとの相同性が少なくとも40%、好ましくは50%以上のDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記塩基配列部分を含むDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

30

【 0 0 2 1 】

図5のDREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミノ酸配列レベルでの配列比較より、DREB2AとDREB2BからDREB2Hの間の相同性は最も低くて26.1%である。また、DREB2BからDREB2Hの間で相同性が最も低いのはDREB2FとDREB2Gとの間で21.5%である。

40

【 0 0 2 2 】

従って、DREB2AからDREB2Hのいずれかのアミノ酸配列と20%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなるDREB2ファミリーに属するタンパク質をコードするDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB2Aタンパク質の約61番目のアミノ酸から約130番目のアミノ酸配列部分またはDREB2Bタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミノ酸配列のうち上記方法によりDREB2Aタンパク質のアミノ酸配列とアラインメントさせたときにDREB2Aの61番目のアミノ酸から130番目のアミノ

50

酸配列部分に相当するアミノ酸配列部分と相同性の高いアミノ酸配列部分を有するタンパク質をコードするDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB2AからDREB2Hの何れかとの相同性が少なくとも20%、好ましくは30%以上のタンパク質をコードするDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記アミノ酸配列部分を含むタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、DREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミノ酸配列のうち、DREB2Aタンパク質の88番目から98番目のアミノ酸配列(WGKWWAE IREP)はDREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質に共通であり、この共通配列部分のすべてまたは一個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失または付加された配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

10

【0023】

なお、ファミリーとはDREB1A~FおよびDREB2A~Hと分子系統的に関連がありアミノ酸配列レベルで一定の相同性を有する分子群に属する分子をいい、DREB1A~FおよびDREB2A~H以外のものを含む。

【0024】

また、図6にDREB1Aを基軸としたDREB1BからDREB1Fとの塩基配列レベルでのアラインメントを、図7にDREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを、図8にDREB1Aを基軸とした場合のDREB1BからDREB1Fとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを、図9にDREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントをそれぞれ示した。上記のようなDREB1AやDREB2Aを基軸とした場合の各共通塩基配列、当該配列の縮重異性体、当該配列との相同性が80%以上のもの、当該配列に相補的なDNAからなるDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズするものうちのいずれからなるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。また、上記のようなDREB1AやDREB2Aを基軸とした場合の共通アミノ酸配列、当該配列において1個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失、付加もしくは挿入された配列のいずれかのアミノ酸配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント(DRE)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

20

30

【0025】

以下に、DREB1A~1Fの間のアミノ酸レベルでの共通配列、DREB2A~2Hの間のアミノ酸レベルでの共通配列、DREB1A~1Fの間の塩基レベルでの共通配列、DREB2A~2Hの間の塩基配列レベルでの共通配列を示す。

【0026】

* DREB1A~1F アミノ酸レベル:

DREB1A の 30 番目のアミノ酸が A であり、34~36 番目のアミノ酸が P、K、K であり、38~40 番目のアミノ酸が A、G、R であり、43 番目のアミノ酸が F であり、45~49 番目のアミノ酸が E、T、R、H、P であり、51~53 番目のアミノ酸が V、R、G であり、55 番目のアミノ酸が R であり、57 番目のアミノ酸が R であり、61~63 番目のアミノ酸が K、W、V であり、65 番目のアミノ酸が E であり、67~69 番目のアミノ酸が R、E、P であり、74 番目のアミノ酸が R であり、76~79 番目のアミノ酸が W、L、G、T であり、82 番目のアミノ酸が T であり、85~93 番目のアミノ酸が M、A、A、R、A、H、D、V、A であり、96~106 番目のアミノ酸が A、L、R、G、R、S、A、C、L、N、F であり、108~113 番目のアミノ酸が D、S、A、W、R、L であり、116 番目のアミノ酸が P であり、124 番目のアミノ酸が I であり、128 番目のアミノ酸が A であり、130~132 番目のアミノ酸が E、

A、Aであり、135番目のアミノ酸がFであり、186と187番目のアミノ酸がAとEであり、190番目のアミノ酸がLであり、194番目のアミノ酸がPであり、212～215番目のアミノ酸がS、L、W、Sである。

* DREB2A～2Hアミノ酸レベル:

DREB2Aの63と64番目のアミノ酸がKとGであり、68～71番目のアミノ酸がG、K、G、Gであり、72番目のアミノ酸がPであり、74番目のアミノ酸がNであり、77番目がCであり、81～85番目のアミノ酸がG、V、R、O、Rであり、87～97番目のアミノ酸がW、G、K、W、V、A、E、I、R、E、Pであり、103～106番目のアミノ酸がL、W、L、Gであり、108番目のアミノ酸がFであり、114と115番目のアミノ酸がAとAであり、117～119番目のアミノ酸がA、Y、Dであり、121番目のアミノ酸がAであり、126と127番目のアミノ酸がYとGであり、130番目のアミノ酸がAであり、132と133番目のアミノ酸がLとNである。

* DREB1A～1F塩基レベル:

DREB1Aの71番目の塩基がAであり、82番目の塩基がAであり、86番目の塩基がTであり、88と89番目の塩基がGとCであり、94番目の塩基がAであり、100と101番目の塩基が共にCであり、108～107番目の塩基がA、A、G、A、Aであり、109番目の塩基がCであり、112と113番目の塩基がGとCであり、115と116番目の塩基が共にGであり、119番目の塩基がGであり、121番目の塩基がAであり、127と128番目の塩基が共にTであり、133～137番目の塩基がG、A、G、A、Cであり、139～143番目の塩基がC、G、T、C、Aであり、145と146番目の塩基が共にCであり、149番目の塩基がTであり、151～158番目の塩基がT、A、C、A、G、A、G、Gであり、161番目の塩基がTであり、164番目の塩基がGであり、166番目の塩基がCであり、169と170番目の塩基がAとGであり、173番目の塩基がAであり、178番目の塩基がGであり、181と182番目の塩基が共にAであり、184～188番目の塩基がT、G、G、G、Tであり、190番目の塩基がTであり、193と194番目の塩基がGとAであり、197番目の塩基がTであり、200番目の塩基がGであり、202と203番目の塩基がGとAであり、205と206番目の塩基が共にCであり、208番目の塩基がAであり、212番目の塩基がAであり、215番目の塩基がAであり、221番目の塩基がGであり、224番目の塩基がTであり、226～228番目の塩基がT、G、Gであり、230番目の塩基がTであり、232と233番目の塩基が共にGであり、235と236番目の塩基がAとCであり、238番目の塩基がTであり、241番目の塩基がCであり、244と245番目の塩基がAとCであり、247番目の塩基がGであり、250と251番目の塩基がGとAであり、253～257番目の塩基がA、T、G、G、Cであり、259と260番目の塩基がGとCであり、262と263番目の塩基がCとGであり、265と266番目の塩基がGとCであり、268と269番目の塩基がCとAであり、271と272番目の

10

20

30

40

塩基が G と A であり、274 と 275 番目の塩基が G と T であり、277 と 278 番目の塩基が G と C であり、280 番目の塩基が G であり、284 番目の塩基が T であり、286 と 287 番目の塩基が G と C であり、289 と 290 番目の塩基が C と T であり、292 と 293 番目の塩基が C と G であり、295 と 296 番目の塩基が共に G であり、299 番目の塩基が G であり、301 と 302 番目の塩基が T と C であり、304 と 305 番目の塩基が G と C であり、307～309 番目の塩基が T、G、T であり、311 番目の塩基が T であり、313 と 314 番目の塩基が共に A であり、316～318 番目の塩基が T、T、C であり、320 番目の塩基が C であり、322 と 323 番目の塩基が G と A であり、325 と 326 番目の塩基が T と C であり、328～333 番目の塩基が G、C、T、T、G、G であり、335 番目の塩基が G であり、338 番目の塩基が T であり、340 番目の塩基が C であり、344 番目の塩基が T であり、346 と 347 番目の塩基が共に C であり、349 番目の塩基が G であり、353 番目の塩基が C であり、355 番目の塩基が A であり、362 番目の塩基が C であり、365 番目の塩基が A であり、370 と 371 番目の塩基が A と T であり、382 と 383 番目の塩基が G と C であり、386 番目の塩基が C であり、388～392 番目の塩基が G、A、A、G、C であり、394 と 395 番目の塩基が G と C であり、399 番目の塩基が G であり、403 と 404 番目の塩基が共に T であり、412 番目の塩基が G であり、428 と 429 番目の塩基が C と G であり、439 番目の塩基が G であり、445 番目の塩基が G であり、462 番目の塩基が G であり、483 と 484 番目の塩基が共に G であり、529 番目の塩基が G であり、533 番目の塩基が T であり、536 番目の塩基が C であり、545 番目の塩基が T であり、550 番目の塩基が A であり、554 番目の塩基が T であり、556 と 557 番目の塩基が G と C であり、559 と 560 番目の塩基が G と A であり、562 番目の塩基が G であり、569 番目の塩基が T であり、572 番目の塩基が T であり、575 と 576 番目の塩基が C と G であり、580 と 581 番目の塩基が共に C であり、582 番目の塩基が G であり、586 と 587 番目の塩基が G と T であり、593 番目の塩基が T であり、599 と 600 番目の塩基が G と A であり、602 番目の塩基が A であり、608 番目の塩基が A であり、613 と 614 番目の塩基が G と A であり、616 番目の塩基が G であり、619 番目の塩基が G であり、625 と 626 番目の塩基が G と A であり、628 番目の塩基が G であり、632 番目の塩基が T であり、634 と 635 番目の塩基が T と C であり、638 番目の塩基が T であり、640～644 番目の塩基が T、G、G、A、G であり、646 番目の塩基が T である。

* DREB2A～2H 塩基レベル :

DREB2A の 181 番目の塩基が T であり、184 番目の塩基が A であり、187 と 188 番目の塩基が共に A であり、190～192 番目の塩基が G、G、T であり、202 と 203 番目の塩基が共に G であり、205～209 番目の塩基が A、A、A、G、G であり、211 と 212 番目の塩基が共に G であり、214 と 215 番目の塩基が共に C であり、218 番目の塩基が A であり、220 と 221 番目の塩基が共に A であり、229 番目の塩基が T であり、230 番目の塩基が G であり、235 番目の塩基が T であり、241 と 242 番目の塩基が共に G であり、244 と 245

10

20

30

40

番目の G と T であり、248 番目の塩基が G であり、250 と 251 番目の塩基が C と A であり、254 番目の塩基が G であり、259～263 番目の塩基が T、G、G、G、G であり、265～272 番目の塩基が A、A、A、T、G、G、G、T であり、274 と 275 番目の塩基が G と C であり、277～281 番目の塩基が G、A、G、A、T であり、284 番目の塩基が G であり、286 と 287 番目の塩基が G と A であり、289 と 290 番目の塩基が共に C であり、299 番目の塩基が G であり、308 番目の塩基が T であり、310～314 番目の塩基が T、G、G、C、T であり、316 と 317 番目の塩基が共に G であり、320 番目の塩基が C であり、322 と 323 番目の塩基が共に T であり、328 番目の塩基が A であり、332 番目の塩基が C であり、338 番目の塩基が A であり、340 と 341 番目の塩基が G と C であり、348 と 344 番目の塩基が G と C であり、349～353 番目の塩基が G、C、T、T、A であり、355 と 356 番目の塩基が G と A であり、361 と 362 番目の塩基が G と C であり、365 番目の塩基が C であり、374 番目の塩基が T であり、376 と 377 番目の塩基が T と A であり、379 と 380 番目の塩基が共に G であり、388 と 389 番目の塩基が G と C であり、395 番目の塩基が T であり、397 と 398 番目の塩基が共に A であり、401 番目の塩基が A であり、554 番目の塩基が A であり、572 番目の塩基が T である。

10

【 0 0 2 7 】

20

上記各種遺伝子をコードするアミノ酸配列からなるタンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、当該アミノ酸配列において少なくとも1個またはそれ以上（複数個、数個）のアミノ酸に欠失、置換、付加などの変異が生じたタンパク質をコードするDREB1かDREB2のファミリー以外の変異型遺伝子は各々の遺伝子と同等のものとして本発明に用いることができる。

【 0 0 2 8 】

例えば、これらのアミノ酸配列の少なくとも1個、好ましくは1～160個、さらに好ましくは1～40個、さらにより好ましくは1～20個、最も好ましくは1～5個のアミノ酸が他のアミノ酸に置換したタンパク質をコードする遺伝子も、当該タンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、本発明に用いることができる。

30

【 0 0 2 9 】

また、上記各種遺伝子のDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAも、当該DNAがコードするタンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、各々の遺伝子と同等のものとして本発明に用いることができる。ストリンジェントな条件とは、例えばナトリウム濃度が、10mM～300mM、好ましくは20～100mMであり、温度が25～70℃、好ましくは42～55℃での条件をいう[Molecular Cloning (Sambrookら編集(1989)Cold Spring Harbor Lab. Press, New York)]。

【 0 0 3 0 】

40

なお、変異型遺伝子は、Kunkel法や Gapped duplex法などの公知の手法又はこれに準ずる方法により、例えば部位特異的突然変異誘発法を利用した変異導入用キット（例えばMutant-K(TAKARA社製)やMutant-G(TAKARA社製)など）を用いて、あるいは、TAKARA社のLA PCR in vitro Mutagenesis シリーズキットを用いて作製することができる。上記突然変異誘発法については、DREB遺伝子の塩基配列を参照すれば、Molecular Cloning (Sambrookら編集(1989) 15 Site-directed Mutagenesis of Cloned DNA, 15.3～15.113 Cold Spring Harbor Lab. Press, New York) 等の文献の記載に従って当業者であれば格別の困難性なしに選択し実施することにより、上記変異型遺伝子を製造することができることは明らかである。さらに当業者であれば、DREB遺伝子の塩基配列を基にして、当該塩基配列から1以上（1または数個以上）の塩基の置換、欠失、挿入又は付加を人為的に行う技術（部位

50

特異的突然変異誘発)については、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81(1984)5662-5666、WO 85/00817、Nature 316(1985)601-605、Gene 34(1985)315-323、Nucleic Acids Res. 13(1985)4431-4442、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79(1982)6409-6413、Science 224(1984)1431-1433等に記載の技術に従って変異体を取得し、これを利用することができる。

【0031】

さらに、本発明のDREB遺伝子には、DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、上記のDREB各遺伝子の塩基配列やそれらの各共通塩基配列と80%以上、好ましくは90%以上、より好ましくは94%以上、最も好ましくは99%以上の相同性を有する塩基配列(変異体)も含まれる。ここで、このような相同性の数値は、塩基配列比較用プログラム:例えばGENETYX-MAC version 12.0.0を用いて、デフォルト(初期設定)のパラメーターにより算出されるものである。

10

【0032】

このようなDREB遺伝子の塩基配列を含むDNA又はその部分の変異体は、DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性を有していればよく、その活性の高さは特に限定されないが、それぞれ、該塩基配列を含むDNA又はその部分のDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性と同等の活性を実質的に有することが好ましい。ここで、これらのDNA又はその部分の「DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性と同等の活性を実質的に有する」とは、該活性を利用した実際の使用態様において、これらのDNA又はその部分と、同一の条件でほぼ同様の利用が可能な程度の活性が維持されていることをいう。また、ここでいう該活性は、例えば植物細胞や植物体、好ましくは双子葉植物の細胞や植物体における活性、より好ましくはキク植物の細胞や植物体における活性、最も好ましくはキク栽培品種リネカー(*Chrysanthemum morifolium* cv. Lineker又は*Dendranthema grandiflorum* cv. Lineker)植物の細胞や植物体における活性をいう。これらの活性の測定は、特許第3178672号公報記載の方法に従って行うことができる。

20

【0033】

一旦DREB遺伝子の塩基配列が確定されると、その後は化学合成によって、又は本遺伝子のcDNAもしくはゲノムDNAを鋳型としたPCRによって、あるいは該塩基配列を有するDNA断片をプローブとしてハイブリダイズさせることにより、DREB遺伝子を得ることができる。

【0034】

DREB遺伝子は、転写を活性化するタンパク質をコードする遺伝子であるため、該遺伝子を導入した植物は、発現されたDREBタンパク質の作用で種々の遺伝子が活性化され、それに伴うエネルギー消費の増大や代謝の活性化により植物自身の生育が抑制される場合がある。これを防止するため、ストレス負荷時にのみDREB遺伝子が発現されるように、ストレス応答性プロモーターをDREB遺伝子上流に連結することが考えられる。例えば、そのようなプロモーターとしては、例えば以下のものが挙げられる。

30

rd29A遺伝子プロモーター[Yamaguchi-Shinozaki, K. et al.: Plant Cell, 6:251-264 (1994)]、rd29B遺伝子プロモーター[Yamaguchi-Shinozaki, K. et al.: Plant Cell, 6:251-264 (1994)]、rd17遺伝子プロモーター[Iwasaki, T. et al.: Plant Physiol., 115:1287(1997)]、rd22遺伝子プロモーター[Iwasaki, T. et al.: Mol. Gen. Genet., 247:391-398(1995)]、DREB1A遺伝子プロモーター[Shinwari, Z.K. et al.: Biochem. Biophys. Res. Com. 250:161-170(1998)]、cor6.6遺伝子プロモーター[Wang, H. et al.: Plant Mol. Biol. 28:619-634(1995)]、cor15a遺伝子プロモーター[Baker, S.S. et al.: Plant Mol. Biol. 24:701-713(1994)]、erd1遺伝子プロモーター[Nakashima K. et al.: Plant J. 12:851-861(1997)]、およびkin1遺伝子プロモーター[Wang, H. et al.: Plant Mol. Biol. 28:605-617(1995)]である。

40

【0035】

但し、ストレス応答性であり、且つ植物細胞や植物体内で機能するものであれば、上記プロモーターに限定されるものではない。なお、これらのプロモーターは、該プロモーターを含むDNAの塩基配列に基づいて設計したプライマーを用いて、ゲノムDNAを鋳型として、PCRによる増幅反応によって得ることができる。具体的には、乾燥ストレス耐性遺伝子の

50

1つであるrd29A遺伝子[Kazuko Yamaguchi-Shinozaki and Kazuo Shinozaki : Plant Cell 6 : 251-264(1994)]のプロモーター領域(rd29A遺伝子の翻訳開始点から-215~-145の領域)を、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)を行い、増幅することにより得ることができる。ここでPCRに用いることができる鋳型DNAとしては、例えばシロイヌナズナのゲノムDNAが挙げられるが、何等これに限定されるものではない。

【0036】

本発明に使用されるストレス応答性プロモーターにDREB遺伝子が連結した遺伝子として例えばrd29A-DREB1Aが挙げられるが、該遺伝子は特許第3178672号公報の実施例5に記載されている植物プラスミドpBI29AP:DREB1Aに由来するもので Kasugaらの報告[Nature Biotech., 17 287-291(1999)]でも報告されているストレス耐性遺伝子である。

10

【0037】

このようなプロモーターについても上記DREB遺伝子同様、プロモーター活性を有する限りにおいて種々の変異体のものを用いることができる。該変異体の作成は、上記DREB遺伝子の記載同様、上記各種プロモーターに関わる文献に記載の塩基配列を参照すれば、当業者であれば格別の困難性なしに実施できる。上記のように取得した変異体がプロモーターとしての活性を有するか否か、さらには、プロモーターを含むDNA又はその部分のプロモーター活性を実質的に保持するか否かは、以下の実施例の記載に従って有用なDREB遺伝子を繋いで宿主細胞内で発現させることにより、各種バイオアッセイ(耐塩性、発根性、切花延命性等)により確かめることができ、このような方法は当業者であれば適宜行うことができる。

20

【0038】

従って各種の植物細胞や植物体での使用目的に応じて、上記の各種ストレス応答性プロモーターや各種DREB遺伝子を適宜組合わせて選択使用し活性確認することができる。

【0039】

また、必要に応じて転写終結を指令するターミネーターをDREB遺伝子の下流に連結することもできる。ターミネーターとしては、カリフラワーモザイクウイルス由来やノパリン合成酵素遺伝子ターミネーターなどが挙げられる。但し、植物体内で機能することが知られているターミネーターであればこれに限定されるものではない。

【0040】

また、必要に応じてプロモーター配列とDREB遺伝子の間に、遺伝子の発現を増強させる機能を持つイントロン配列、例えばトウモロコシのアルコールデヒドロゲナーゼ(Adh1)のイントロン[Genes & Development 1:1183-1200(1987)]を導入することができる。

30

【0041】

(2) 形質転換植物を作成するためのDNA鎖

本発明の形質転換植物を作成するために、本発明のストレス応答性プロモーターとDREB遺伝子が連結したDNAを含んでなるDNA鎖が用いられる。本発明によるDNA鎖の具体的形態は、例えばプラスミド又はファージDNA中の構成要素の一部として、本発明のストレス応答性プロモーターとDREB遺伝子が連結したDNAが挿入された形態であってよい。

【0042】

本発明のDNA鎖はさらに、翻訳エンハンサー、翻訳終止コドン、ターミネーター等の構成要素を含むことができる。翻訳エンハンサー、翻訳終止コドン及びターミネーターとしては、公知のものを適宜組み合わせ用いることができる。ウイルス起源の翻訳エンハンサーとしては、例えば、タバコモザイクウイルス、アルファルファモザイクウイルスRNA 4、プロモモザイクウイルスRNA 3、ポテトウイルスX、タバコエッチウイルスなどの配列が挙げられる[Gallieら、Nuc. Acids Res., 15 (1987) 8693-8711]。また、植物起源の翻訳エンハンサーとして、ダイズの - 1, 3 グルカナーゼ (Glu) 由来の配列[石田功、三沢典彦著、講談社サイエンティフィック編、細胞工学実験操作入門、講談社、p.119、1992]やタバコのフェレドキシン結合性サブユニット (PsaDb) 由来の配列[Yamamotoら、J. Bio I. Chem., 270 (1995) 12466-12470]などが挙げられる。翻訳終止コドンとしてはTAA, TAG, TGAなどの配列が挙げられる[Molecular Cloning 前出等の記載]。ターミネーターとし

40

50

ては、例えば、nos遺伝子のターミネーター、ocs遺伝子のターミネーターなどが挙げられる[Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 44 (1993) 985-994、"Plant genetic transformation and gene expression; a laboratory manual"前出]。また、プロモーター中の転写エンハンサーとして、35Sのエンハンサー部分が同定され、それらを複数個並べて繋げることににより、活性を高めることが報告されており[Plant Cell, 1 (1989) 141-150]、この部分をDNA鎖の一部として用いることも可能である。これらの各種構成要素は、その性質に応じて、それぞれが機能し得る形でDNA鎖中に組み込まれることが好ましい。そのような操作は、当業者であれば適切に行うことができる。

【0043】

上記DNA鎖は、遺伝子工学の分野で慣用されている手法を用いることにより、当業者であれば容易に製造することができる。また、本発明のDNA鎖は、天然の供給源から単離されたものに限定されるものではなく、上記のような構造を有するものであれば、人工的な構築物であってもよい。該DNA鎖は、周知慣用されている核酸合成の方法に従って合成する事により、得ることができる。

【0044】

(3) 植物の形質転換

上記(1)において得られた遺伝子によって宿主を形質転換し、得られる形質転換体を培養又は栽培することにより、ストレス応答性エレメント下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質を発現することができ、植物苗の増殖効率および切花の花持ちが改善された形質転換植物体を作製することができる。

【0045】

形質転換後の本発明の前記DNA鎖は、プラスミド、ファージ又はゲノムDNAの中に挿入された形で、微生物(特に細菌)、ファージ粒子又は植物の中に存在することができる。ここで、細菌としては、典型的には、大腸菌、アグロバクテリウム等が挙げられるが、これらに限定されるものではない。

【0046】

本発明の好ましい実施形態では、本発明のDNA鎖は、タンパク質を発現させようとしている構造遺伝子が、植物体中で安定に発現し得るように、本発明のDNA(プロモーター)、翻訳エンハンサー、構造遺伝子DNA、翻訳終止コドン、及びターミネーター等とが一体に結合して、これがゲノムに挿入された形態で植物中に存在する。

【0047】

宿主の好ましい例としては、イネ、ムギ、トウモロコシ、ネギ、ユリ、ラン等の単子葉植物、ダイズ、ナタネ、トマト、バレイショ、キク、バラ、カーネーション、ペチュニア、カスミソウ、シクラメン等の双子葉植物などの細胞が挙げられ、特に好ましい具体例としては、世界での生産流通消費数量が多い3大切花であるキク、カーネーション、バラや近年栄養系でも世界的に生産流通消費量が飛躍的に伸びているペチュニア等の植物細胞などが挙げられる。また、具体的な植物材料としては、例えば、生長点、苗条原基、分裂組織、葉片、茎片、根片、塊茎片、葉柄片、プロトプラスト、カルス、薬、花粉、花粉管、花柄片、花茎片、花弁、がく片等が挙げられる。

【0048】

宿主に外来遺伝子を導入する方法としては、既に報告され、確立されている種々の方法を適宜利用することができる。その好ましい例として、例えば、生物学的方法としては、ウイルス、アグロバクテリウムのTiプラスミド、Riプラスミド等をベクターとして用いる方法が挙げられ、物理学的方法としては、エレクトロポレーション、ポリエチレングリコール、パーティクルガン、マイクロインジェクション["Plant genetic transformation and gene expression; a laboratory manual"前出]、シリコンニトリドウイスキー、シリコンカーバイドウイスキー[Euphytica 85(1995)75-80、In Vitro Cell. Dev. Biol. 31(1995) 101-104、Plant Science 132(1998)31-43]によって遺伝子を導入する方法等が挙げられる。該導入方法については、当業者であれば適宜選択し、使用することができる。

【0049】

さらに、本発明のDNA鎖で形質転換された植物細胞を再生させることにより、導入された遺伝子とその細胞内で発現する形質転換植物を作成することができる。このような操作は、植物細胞から植物体への再生方法として一般的に知られている方法により、当業者であれば容易に行うことができる。植物細胞から植物体への再生については、例えば、[植物細胞培養マニュアル]や[山田康之編著、講談社サイエンティフィック、1984]等の文献を参照されたい。

【0050】

一般に、植物に導入した遺伝子は、宿主植物のゲノム中に組み込まれるが、その場合、導入されるゲノム上での位置が異なることにより導入遺伝子の発現が異なるポジションフェクトと呼ばれる現象が見られる。導入遺伝子がより強く発現している形質転換体は、導入遺伝子のDNA断片をプローブとして用いるノーザン法により宿主植物中に発現しているmRNAレベルを検定することによって選抜することができる。

10

【0051】

本発明に用いる遺伝子を導入した形質転換体植物に目的の遺伝子が組み込まれていることの確認は、これらの細胞及び組織から常法に従ってDNAを抽出し、公知のPCR法又はサザン分析を用いて導入した遺伝子を検出することにより行うことができる。

【0052】

(4) 本発明の形質転換植物

本発明は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモータに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および/または切花の花持ちが延長された形質転換植物体を提供する。イネ、ムギ、トウモロコシ、ネギ、ユリ、ラン等の単子葉植物、ダイズ、ナタネ、トマト、パレイショ、キク、バラ、カーネーション、ペチュニア、カスミソウ、シクラメン等の双子葉植物が挙げられ、特に好ましい具体例としては、世界での生産流通消費数量が多い3大切花であるキク、カーネーション、バラや近年栄養系でも世界的に生産流通消費量が飛躍的に伸びているペチュニア等がある。本発明は増殖効率および発根率が非形質転換植物に比較して向上した上記植物の形質転換植物体の挿し穂、ならびに花持ち(切花延命性)が非形質転換植物に比較して向上した上記植物の形質転換植物体の切り花をも提供する。ここで、「挿し穂」とは挿木の目的で、植物体から切り取って挿すようにした枝、梢、茎および葉等をいい、「切花」とは枝、茎をつけたまま切り取った花をいう。

20

30

【0053】

(5) 挿し穂増殖効率および花持ち試験

本発明の形質転換植物は、挿し穂増殖効率、発根率および花持(切花延命性)が非形質転換植物に比較して向上している。

形質転換体植物の挿し穂増殖効率、発根率および花持ち(切花延命性)の評価は、植物生産の状態と同じ条件で効率を測定することによって評価することができる。例えば、キクにおける挿し穂増殖効率や発根率は、挿し穂を挿し穂用土に挿し2~4週間後の生育状態を調べることで、またその後鉢上げをしその成長は茎長などを測ることにより評価することができる。花持ちについては、鉢上げ後約4週間長日栽培し、その後約8週短日栽培を行い開花させる。キクを刈り取り1日暗所に放置後、水に生けその後の状態を観察することにより評価することができる。キクの一般的栽培法は、船越桂市編[切り花栽培の新技术改訂キク1989誠文堂新光社]を参照されたい。

40

【0054】

【実施例】

以下に本発明を実施例によって説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

〔実施例1〕 DREB1A遺伝子を発現するキク植物体の作製

Kasugaらの報告[Nature Biotech., 17 (1999) 287-291]に記述されているrd29A-DREB1A発現ベクターを図1に記述する。このベクターをエレクトロポレーション法により、アグロバクテリウム・ツメファシエンスAGL0株に導入した。rd29A-DREB1Aを含むアグロバクテリ

50

ウム・ツメファシエンスAGLO株を下記のYEB-Km培地 3 ml に接種し、28 ℃ で16時間、暗所で培養した後、遠心により集菌し、下記の感染培地10mlに懸濁して、これを感染液とした。YEB-Km培地及び感染培地の培地組成は、以下の通りである。

【 0 0 5 5 】

YEB-Km 培地 ; 5g/l ビーフエキス、1g/l 酵母エキス、5g/l ペプトン、5g/l スクロース、2mM 硫酸マグネシウム (pH7. 2)、50mg/l カナマイシン (Km)。

感染培地 ; 1/2 濃度の MS [Murashige & Skoog, *Physiol. Plant.*, 15 (1962) 473-497] 培地の無機塩及びビタミン類、15g/l スクロース、10g/l グルコース、10mM MES (pH5. 4)。

10

【 0 0 5 6 】

キクの栽培品種である、リネカー (*Chrysanthemum morifolium* cv. Lineker又は*Dendranthema grandiflorum* cv. Lineker) の無菌個体の葉を5-7mm角に切断し、rd29A-DREB1A発現ベクターを導入したアグロバクテリウム感染液に10分間浸し、過剰な感染液を濾紙上で拭き取った後、下記の共存培地に移植して25 ℃ の暗所で培養した。3日間培養した後、下記の選択培地に移植して3週間培養することにより、Km耐性のカルスを得た。選択培地での培養は25 ℃、16時間照明 (光密度32 $\mu\text{E}/\text{m}^2 \text{s}$) / 8時間無照明の条件下で行った。

【 0 0 5 7 】

共存培地 ; MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、1mg/l ナフタレン酢酸、2mg/l ベンジルアデニン、8g/l 寒天、5mM MES (pH5. 8)、200 μM アセトシリゴン。

選択培地 ; MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、1mg/l ナフタレン酢酸、2mg/l ベンジルアデニン、8g/l 寒天、5mM MES (pH5. 8)、25mg/l カナマイシン (Km)、300mg/l セフトキシム。

20

30

【 0 0 5 8 】

得られたKm耐性のカルスからKmを含む選択培地で、植物体を再生させた。さらに、発根を促進するために、選択培地から植物生長調節物質 (ナフタレン酢酸、ベンジルアデニン) を除いた発根促進培地で生長させた。

【 0 0 5 9 】

生長した植物体の中からDREB遺伝子を含有する個体を、PCRを行うことによって検出し、該再分化植物体が形質転換体であることを確認した。ここで、DREB遺伝子特有の配列を特異的に増幅するプライマーとして、GAGTCTTCGGTTTCCTCA (配列番号29)、及びCGATACGT CGTCATCATC (配列番号30) を用いた。PCRの反応条件は、94 ℃ で5分間の加熱後、94 ℃ (30秒) - 55 ℃ (1分) - 72 ℃ (1分) のサイクルを30回行い、最後に72 ℃ で10分間反応させた。この反応では、酵素としてTaqポリメラーゼ (宝酒造社製) を用いた。

40

これにより、同遺伝子が導入されたキク13系統が取得できた。

【 0 0 6 0 】

〔実施例2〕 耐塩性試験

非形質転換体リネカーと実施例1で得られた形質転換体リネカーすべてを下記 (in vitro) の生育培地にNaClを0.1, 0.2, 0.4M添加したものに2-3枚の展開した葉をもつ頂芽を置床し2週間後の発根を観察した。rd29A-DREB1A遺伝子を導入していないものは0.2Mで発根が見られなくなったが、DREB遺伝子を導入したものは、系統14を除きすべて0.2Mで発根が認められ系統9では0.4Mでも発根が認められた。非形質転換体、系統番号9、系統番号10

50

について以下の表 1 に示す。

【 0 0 6 1 】

生育培地；MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、5mM MES (pH5.8)

【 0 0 6 2 】

【表 1】

耐塩性試験

系統番号	添加塩濃度(M)			
	0	0.1	0.2	0.4
9	+	+	+	+
10	+	+	+	-
非形質転換体	+	+	-	-

10

【 0 0 6 3 】

〔実施例 3〕 挿し穂増殖およびその後の成長試験

非形質転換体リネカーと〔実施例 1〕で得られた形質転換体リネカーのうち系統 9 と系統 10 を温室で馴化し、挿し穂をとるための母株を作成した。それぞれから 20 本ずつの挿し穂をとり、十分湿らせた発根用土（赤玉土：鹿沼土 = 1：1）に挿して通気性のある保湿カバーをし温室内で栽培した。21 日後、発根用土から根を痛めないように回収し発根状態を観察した。発根が認められないもの（無）、発根量の大きいものから少なく小さいものを順に（大・中・小）で分類しその数を記述した結果を以下の表 2 と図 10 に示す。驚くべきことに rd29A-DREB1A 遺伝子の導入された系統 9 と系統 10 については非形質転換体リネカーに比べ、発根性が著しく向上した。

20

【 0 0 6 4 】

【表 2】

挿し穂生産時の発根性試験

系統番号	発根状態（個体数）				計
	大	中	小	無	
9	4	10	5	1	20
10	6	7	6	1	20
非形質転換体	1	8	7	4	20

30

40

【 0 0 6 5 】

また、別に上記と同様の方法で挿し穂を 18-20 個体取得し、そのうち発根が良好なもの（上記区分で大と中）から 10 個体を選びピニールポットに定植した。その後の成長を検討するために茎長をはかることで記録したものが図 11 である。この図からもわかるように、rd29A-DREB1A 遺伝子の導入された系統 9 と系統 10 については非形質転換体リネカーに比べ、発根性がよいだけでなくその後の生育も良好であることが示された。

【 0 0 6 6 】

〔実施例 4〕 花持ち試験

実施例 3 で得られた非形質転換体リネカーと形質転換体リネカーの系統 9 と系統 10 のそれぞれ 10 個体を、その後、長日（明期 18 時間暗期 6 時間）条件で 4 週間長日栽培し、その

50

後短日条件（明期10時間暗期14時間）で開花させた。先端の4-5輪開花した後、地上部を切断した。2時間30分、水道水の入ったバケツに挿し冷暗所に保存した。その後、17時間出荷用のダンボールにいれ室温で放置したのち水道水で生け、花持ち試験を行った。条件は11時間30分間、室内の蛍光灯を連続点灯した場所に放置し、2-3日ごとに生けている水道水を交換した。

【0067】

花持ち試験開始、約2週間においては、非形質転換体リネカーと形質転換体リネカーでは差は認められなかったが、16日後に両形質転換系統では、切口の数センチ上部の茎より発根を認め、22日後では、非形質転換系統では全く見られなかった発根が、形質転換系統の大部分の個体で発根が観察できた（図12、表3）。それに従い、発根した個体は発根していない個体と比較して明らかに植物の状態（花や茎・葉における勢い・しおれ）が良く花持ちの延長が見られた（表4）。

10

【0068】

【表3】

花持ち試験時の発根状態

系統番号	発根個体数			計	
	開始後（日）	1	16		22
9		0	8	8	10
10		0	2	9	10
非形質転換体		0	0	0	10

20

【0069】

【表4】

花持ち試験開始22日目での切り花の状態（個体数）

系統番号	花の状態*1		茎・葉の状態*2		計
	良好	不良	良好	不良	
9	8	2	8	2	10
10	9	1	9	1	10
非形質転換体	0	10	0	10	10

30

いずれも良好な状態を示した個体は発根していた。

【0070】

【発明の効果】

実施例に示すように、乾燥ストレス応答性エレメント(DRE ; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAをストレス応答性プロモーターの下流に連結した遺伝子（ストレス耐性遺伝子）を用いて形質転換を行った植物は、非形質転換植物に比較して発根率が向上し、および/または切花の花持ちが延長されている。また、該形質転換植物は発根後の生長も良好である。従って、本発明のDREB遺伝子を植物に導入する方法は、挿し木増殖での効率や発根率を高め、切花の花持ちが延長された植物の開発に有用である。

40

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Kirin Beer Kabushiki Kaisha; Japan International Research Center for Agricultural Sciences

<120> A production of plants having improved rooting efficiency and vase life by using environmental stress-resistant gene

10

<130> P02-0988

<140>

<141>

<160> 30

20

<210> 1

<211> 933

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

30

<222> (119)..(766)

<400> 1

cctgaactag aacagaaaga gagagaaact attatttcag caaacatac caacaaaaaa 60

gacagagatc ttttagttac cttatccagt ttcttgaaac agagtactct tctgatca 118

atg aac tca ttt tct gct ttt tct gaa atg ttt ggc tcc gat tac gag 166

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu

40

1

5

10

15

tct tcg gtt tcc tca ggc ggt gat tat att ccg acg ctt gcg agc agc	214	
Ser Ser Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ile Pro Thr Leu Ala Ser Ser		
20 25 30		
tgc ccc aag aaa ccg gcg ggt cgt aag aag ttt cgt gag act cgt cac	262	
Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His		
35 40 45		
cca ata tac aga gga gtt cgt cgg aga aac tcc ggt aag tgg gtt tgt	310	10
Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Arg Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Cys		
50 55 60		
gag gtt aga gaa cca aac aag aaa aca agg att tgg ctc gga aca ttt	358	
Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe		
65 70 75 80		
caa acc gct gag atg gca gct cga gct cac gac gtt gcc gct tta gcc	406	
Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala		20
85 90 95		
ctt cgt ggc cga tca gcc tgt ctc aat ttc gct gac tcg gct tgg aga	454	
Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg		
100 105 110		
ctc cga atc ccg gaa tca act tgc gct aag gac atc caa aag gcg gcg	502	
Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala		
115 120 125		30
gct gaa gct gcg ttg gcg ttt cag gat gag atg tgt gat gcg acg acg	550	
Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Met Cys Asp Ala Thr Thr		
130 135 140		
gat cat ggc ttc gac atg gag gag acg ttg gtg gag gct att tac acg	598	
Asp His Gly Phe Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr Thr		
145 150 155 160		
gcg gaa cag agc gaa aat gcg ttt tat atg cac gat gag gcg atg ttt	646	40
Ala Glu Gln Ser Glu Asn Ala Phe Tyr Met His Asp Glu Ala Met Phe		

	165	170	175	
gag atg ccg agt ttg ttg gct aat atg gca gaa ggg atg ctt ttg ccg				694
Glu Met Pro Ser Leu Leu Ala Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro				
	180	185	190	
ctt ccg tcc gta cag tgg aat cat aat cat gaa gtc gac ggc gat gat				742
Leu Pro Ser Val Gln Trp Asn His Asn His Glu Val Asp Gly Asp Asp				
	195	200	205	
gac gac gta tcg tta tgg agt tat taaaactcag attattattt ccatttttag				796
Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr				
	210	215		
tacgatactt tttattttat tattattttt agatcctttt ttagaatgga atcttcatta				856
tgtttgtaaa actgagaaac gagtgtaaat taaattgatt cagtttcagt ataaaaaaaa				916
aaaaaaaaaa aaaaaaa				933

10

20

- <210> 2
- <211> 216
- <212> PRT
- <213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

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

30

40

65		70		75		80	
Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala							
		85		90		95	
Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg							
		100		105		110	
Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala							
		115		120		125	
Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Met Cys Asp Ala Thr Thr							
		130		135		140	
Asp His Gly Phe Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr Thr							
		145		150		155	
Ala Glu Gln Ser Glu Asn Ala Phe Tyr Met His Asp Glu Ala Met Phe							
		165		170		175	
Glu Met Pro Ser Leu Leu Ala Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro							
		180		185		190	
Leu Pro Ser Val Gln Trp Asn His Asn His Glu Val Asp Gly Asp Asp							
		195		200		205	
Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr							
		210		215			

10

20

<210> 3

30

<211> 1437

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> CDS

<222> (167)..(1171)

40

<400> 3

gctgtctgat aaaaagaaga ggaaaactcg aaaaagctac acacaagaag aagaagaaaa	60	
gatacgagca agaagactaa acacgaaagc gatttatcaa ctggaaggaa gagacttga	120	
ttttcaaatt tcgtccccta tagatttgtt tgtttctggg aaggag atg gca gtt	175	
		Met Ala Val
		1
tat gat cag agt gga gat aga aac aga aca caa att gat aca tcg agg	223	10
Tyr Asp Gln Ser Gly Asp Arg Asn Arg Thr Gln Ile Asp Thr Ser Arg		
5 10 15		
aaa agg aaa tct aga agt aga ggt gac ggt act act gig gct gag aga	271	
Lys Arg Lys Ser Arg Ser Arg Gly Asp Gly Thr Thr Val Ala Glu Arg		
20 25 30 35		
tta aag aga tgg aaa gag tat aac gag acc gta gaa gaa gtt tct acc	319	
Leu Lys Arg Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Thr Val Glu Glu Val Ser Thr		20
40 45 50		
aag aag agg aaa gta cct gcg aaa ggg tcg aag aag ggt tgt atg aaa	367	
Lys Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys Met Lys		
55 60 65		
ggt aaa gga gga cca gag aat agc cga tgt agt ttc aga gga gtt agg	415	
Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ser Arg Cys Ser Phe Arg Gly Val Arg		30
70 75 80		
caa agg att tgg ggt aaa tgg gtt gct gag atc aga gag cct aat cga	463	
Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asn Arg		
85 90 95		
ggt agc agg ctt tgg ctt ggt act ttc cct act gct caa gaa gct gct	511	
Gly Ser Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Gln Glu Ala Ala		
100 105 110 115		
tct gct tat gat gag gct gct aaa gct atg tat ggt cct ttg gct cgt	559	40
Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Lys Ala Met Tyr Gly Pro Leu Ala Arg		

	120	125	130	
ctt aat ttc cct cgg tct gat gcg tct gag gtt acg agt acc tca agt				607
Leu Asn Phe Pro Arg Ser Asp Ala Ser Glu Val Thr Ser Thr Ser Ser				
	135	140	145	
cag tct gag gtg tgt act gtt gag act cct ggt tgt gtt cat gtg aaa				655
Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Thr Pro Gly Cys Val His Val Lys				
	150	155	160	10
aca gag gat cca gat tgt gaa tct aaa ccc ttc tcc ggt gga gtg gag				703
Thr Glu Asp Pro Asp Cys Glu Ser Lys Pro Phe Ser Gly Gly Val Glu				
	165	170	175	
ccg atg tat tgt ctg gag aat ggt gcg gaa gag atg aag aga ggt gtt				751
Pro Met Tyr Cys Leu Glu Asn Gly Ala Glu Glu Met Lys Arg Gly Val				
	180	185	190	195
aaa gcg gat aag cat tgg ctg agc gag ttt gaa cat aac tat tgg agt				799
Lys Ala Asp Lys His Trp Leu Ser Glu Phe Glu His Asn Tyr Trp Ser				20
	200	205	210	
gat att ctg aaa gag aaa gag aaa cag aag gag caa ggg att gta gaa				847
Asp Ile Leu Lys Glu Lys Glu Lys Gln Lys Glu Gln Gly Ile Val Glu				
	215	220	225	
acc tgt cag caa caa cag cag gat tcg cta tct gtt gca gac tat ggt				895
Thr Cys Gln Gln Gln Gln Gln Asp Ser Leu Ser Val Ala Asp Tyr Gly				30
	230	235	240	
tgg ccc aat gat gtg gat cag agt cac ttg gat tct tca gac atg ttt				943
Trp Pro Asn Asp Val Asp Gln Ser His Leu Asp Ser Ser Asp Met Phe				
	245	250	255	
gat gtc gat gag ctt cta cgt gac cta aat ggc gac gat gtg ttt gca				991
Asp Val Asp Glu Leu Leu Arg Asp Leu Asn Gly Asp Asp Val Phe Ala				
	260	265	270	275
ggc tta aat cag gac cgg tac ccg ggg aac agt gtt gcc aac ggt tca				1039
				40

Gly Leu Asn Gln Asp Arg Tyr Pro Gly Asn Ser Val Ala Asn Gly Ser
 280 285 290
 tac agg ccc gag agt caa caa agt ggt ttt gat ccg cta caa agc ctc 1087
 Tyr Arg Pro Glu Ser Gln Gln Ser Gly Phe Asp Pro Leu Gln Ser Leu
 295 300 305
 aac tac gga ata cct ccg ttt cag ctc gag gga aag gat ggt aat gga 1135
 Asn Tyr Gly Ile Pro Pro Phe Gln Leu Glu Gly Lys Asp Gly Asn Gly 10
 310 315 320
 ttc ttc gac gac ttg agt tac ttg gat ctg gag aac taaacaaaac 1181
 Phe Phe Asp Asp Leu Ser Tyr Leu Asp Leu Glu Asn
 325 330 335
 aatatgaagc ttttggatt tgatatttgc cttaatccca caacgactgt tgattctcta 1241
 tccgagtttt agtgatatag agaactacag aacacgtttt tcttggttat aaaggatgaac 1301
 tgtatataac gaaacagtga tatgacaata gagaagacaa ctatagtttg ttagtctgct 1361 20
 tctcttaagt tgttcttttag atatgtttta tgitttgitaa caacaggaat gaataataca 1421
 cacttgtaaa aaaaaa 1437

<210> 4

<211> 335

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana 30

<400> 4

Met Ala Val Tyr Asp Gln Ser Gly Asp Arg Asn Arg Thr Gln Ile Asp
 1 5 10 15
 Thr Ser Arg Lys Arg Lys Ser Arg Ser Arg Gly Asp Gly Thr Thr Val
 20 25 30
 Ala Glu Arg Leu Lys Arg Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Thr Val Glu Glu 40
 35 40 45

Val	Ser	Thr	Lys	Lys	Arg	Lys	Val	Pro	Ala	Lys	Gly	Ser	Lys	Lys	Gly	
	50					55					60					
Cys	Met	Lys	Gly	Lys	Gly	Gly	Pro	Glu	Asn	Ser	Arg	Cys	Ser	Phe	Arg	
	65				70					75					80	
Gly	Val	Arg	Gln	Arg	Ile	Trp	Gly	Lys	Trp	Val	Ala	Glu	Ile	Arg	Glu	
				85					90						95	
Pro	Asn	Arg	Gly	Ser	Arg	Leu	Trp	Leu	Gly	Thr	Phe	Pro	Thr	Ala	Gln	10
			100					105					110			
Glu	Ala	Ala	Ser	Ala	Tyr	Asp	Glu	Ala	Ala	Lys	Ala	Met	Tyr	Gly	Pro	
			115				120					125				
Leu	Ala	Arg	Leu	Asn	Phe	Pro	Arg	Ser	Asp	Ala	Ser	Glu	Val	Thr	Ser	
			130				135					140				
Thr	Ser	Ser	Gln	Ser	Glu	Val	Cys	Thr	Val	Glu	Thr	Pro	Gly	Cys	Val	
					150					155					160	20
His	Val	Lys	Thr	Glu	Asp	Pro	Asp	Cys	Glu	Ser	Lys	Pro	Phe	Ser	Gly	
				165					170						175	
Gly	Val	Glu	Pro	Met	Tyr	Cys	Leu	Glu	Asn	Gly	Ala	Glu	Glu	Met	Lys	
			180						185					190		
Arg	Gly	Val	Lys	Ala	Asp	Lys	His	Trp	Leu	Ser	Glu	Phe	Glu	His	Asn	
			195					200					205			
Tyr	Trp	Ser	Asp	Ile	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Lys	Gln	Lys	Glu	Gln	Gly	30
						215						220				
Ile	Val	Glu	Thr	Cys	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Asp	Ser	Leu	Ser	Val	Ala	
					230					235					240	
Asp	Tyr	Gly	Trp	Pro	Asn	Asp	Val	Asp	Gln	Ser	His	Leu	Asp	Ser	Ser	
					245				250						255	
Asp	Met	Phe	Asp	Val	Asp	Glu	Leu	Leu	Arg	Asp	Leu	Asn	Gly	Asp	Asp	
				260					265						270	40
Val	Phe	Ala	Gly	Leu	Asn	Gln	Asp	Arg	Tyr	Pro	Gly	Asn	Ser	Val	Ala	

	275		280		285	
Asn	Gly Ser Tyr Arg Pro Glu Ser Gln Gln Ser Gly Phe Asp Pro Leu					
	290		295		300	
Gln Ser Leu Asn Tyr Gly Ile Pro Pro Phe Gln Leu Glu Gly Lys Asp						
305		310		315		320
Gly Asn Gly Phe Phe Asp Asp Leu Ser Tyr Leu Asp Leu Glu Asn						
	325		330		335	

10

<210> 5

<211> 937

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

20

<220>

<221> CDS

<222> (164)..(802)

<400> 5

cttgaaaaag aatctacctg aaaagaaaaa aaagagagag agatataaat agctttacca	60
agacagatat actatctttt attaatccaa aaagactgag aactctagta actacgtact	120
acttaaacct tatccagttt cttgaaacag agtactctga tca atg aac tca ttt	175
	Met Asn Ser Phe

30

1

tca gct ttt tct gaa atg ttt ggc tcc gat tac gag cct caa ggc gga	223		
Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu Pro Gln Gly Gly			
5	10	15	20
gat tat tgt ccg acg ttg gcc acg agt tgt ccg aag aaa ccg gcg ggc	271		
Asp Tyr Cys Pro Thr Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly			

40

	25	30	35		
cgt aag aag ttt cgt gag act cgt cac cca att tac aga gga gtt cgt				319	
Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg					
	40	45	50		
caa aga aac tcc ggt aag tgg gtt tct gaa gtg aga gag cca aac aag				367	
Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Ser Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys					
	55	60	65		10
aaa acc agg att tgg ctc ggg act ttc caa acc gct gag atg gca gct				415	
Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala					
	70	75	80		
cgt gct cac gac gtc gct gca tta gcc ctc cgt ggc cga tca gca tgt				463	
Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys					
	85	90	95	100	
ctc aac ttc gct gac tcg gct tgg cgg cta cga atc ccg gag tca aca				511	20
Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr					
	105	110	115		
tgc gcc aag gat atc caa aaa gcg gct gct gaa gcg gcg ttg gct ttt				559	
Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe					
	120	125	130		
caa gat gag acg tgt gat acg acg acc acg aat cat ggc ctg gac atg				607	
Gln Asp Glu Thr Cys Asp Thr Thr Thr Thr Asn His Gly Leu Asp Met					30
	135	140	145		
gag gag acg atg gtg gaa gct att tat aca ccg gaa cag agc gaa ggt				655	
Glu Glu Thr Met Val Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu Gln Ser Glu Gly					
	150	155	160		
gcg ttt tat atg gat gag gag aca atg ttt ggg atg ccg act ttg ttg				703	
Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Thr Met Phe Gly Met Pro Thr Leu Leu					40
	165	170	175	180	
gat aat atg gct gaa ggc atg ctt tta ccg ccg ccg tct gtt caa tgg				751	

Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro Ser Val Gln Trp
185 190 195
aat cat aat tat gac ggc gaa gga gat ggt gac gtg tgc ctt tgg agt 799
Asn His Asn Tyr Asp Gly Glu Gly Asp Gly Asp Val Ser Leu Trp Ser
200 205 210
tac taatattcga tagtcgtttc catttttgta ctatagtttg aaaatattct 852
Tyr 10
agttcccttt tttagaatgg ttccttcatt ttatittatt ttattgttgt agaaacgagt 912
ggaaaataat tcaatacaaa aaaaa 937

<210> 6

<211> 213

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

20

<400> 6

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

30

40

100 105 110
 Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala
 115 120 125
 Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Thr Cys Asp Thr Thr Thr Thr Asn His
 130 135 140
 Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Met Val Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu
 145 150 155 160
 Gln Ser Glu Gly Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Thr Met Phe Gly Met
 165 170 175
 Pro Thr Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro
 180 185 190
 Ser Val Gln Trp Asn His Asn Tyr Asp Gly Glu Gly Asp Gly Asp Val
 195 200 205
 Ser Leu Trp Ser Tyr 20
 210

<210> 7
 <211> 944
 <212> DNA
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> CDS
 <222> (135)..(782)

<400> 7
 cctgaattag aaaagaaaga tagatagaga aataaatatt ttatcatacc atacaaaaaa 60
 agacagagat ctctacttta ctctactctc ataaacctta tccagtttct tgaaacagag 120
 tactcttctg atca atg aac tca ttt tct gcc ttt tct gaa atg ttt ggc 170

10

20

30

40

gag gct att tat acg ccg gaa cag agc caa gat gcg ttt tat atg gat	650	
Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu Gln Ser Gln Asp Ala Phe Tyr Met Asp		
160 165 170		
gaa gag gcg atg ttg ggg atg tct agt ttg ttg gat aac atg gcc gaa	698	
Glu Glu Ala Met Leu Gly Met Ser Ser Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu		
175 180 185		
ggg atg ctt tta ccg tcg ccg tcg gtt caa tgg aac tat aat ttt gat	746	10
Gly Met Leu Leu Pro Ser Pro Ser Val Gln Trp Asn Tyr Asn Phe Asp		
190 195 200		
gtc gag gga gat gat gac gtg tcc tta tgg agc tat taaaattcga	792	
Val Glu Gly Asp Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr		
205 210 215		
ttttatttc catttttggg attatagctt ttatacatt tgatcctttt ttagaatgga	852	
tcttcttctt tttttgggtg tgagaaacga atgtaaatgg taaaagtigt tgtcaaatgc	912	20
aaatgttttt gagtgcagaa tatataatct tt	944	

<210> 8

<211> 216

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

30

<400> 8

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu		
1 5 10 15		
Ser Pro Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Pro Lys Leu Ala Thr Ser		
20 25 30		
Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His		
35 40 45		40
Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Cys		

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

<210> 9

<211> 1513

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> CDS

40

<222> (183)..(1172)

<220>

<221> misc_feature

<222> (1443), (1444), (1447), (1450), (1459), (1472), (1495), (1508), (1510)

<223> n is A, C, G or T

10

<400> 9

gagacgctag aaagaacgcg aaagcttgcg aagaagattt gcttttgatc gacittaacac 60
 gaacaacaaa caacatctgc gtgataaaga agagattttt gcctaaataa agaagagatt 120
 cgactctaatt cctggagtta tcattcacga tagattctta gattgcgact ataaagaaga 180
 ag atg gct gta tat gaa caa acc gga acc gag cag ccg aag aaa agg 227

Met Ala Val Tyr Glu Gln Thr Gly Thr Glu Gln Pro Lys Lys Arg

20

1 5 10 15

aaa tct agg gct cga gca ggt ggt tta acg gtg gct gat agg cta aag 275
 Lys Ser Arg Ala Arg Ala Gly Gly Leu Thr Val Ala Asp Arg Leu Lys

20 25 30

aag tgg aaa gag tac aac gag att gtt gaa gct tcg gct gtt aaa gaa 323
 Lys Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Ile Val Glu Ala Ser Ala Val Lys Glu

35 40 45

30

gga gag aaa ccg aaa cgc aaa gtt cct gcg aaa ggg tcg aag aaa ggt 371
 Gly Glu Lys Pro Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly

50 55 60

tgt atg aag ggt aaa gga gga cca gat aat tct cac tgt agt ttt aga 419
 Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Asp Asn Ser His Cys Ser Phe Arg

65 70 75

gga gtt aga caa agg att tgg ggt aaa tgg gtt gca gag att cga gaa 467
 Gly Val Arg Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu

40

80	85	90	95		
ccg aaa ata gga act aga ctt tgg ctt ggt act ttt cct acc gcg gaa				515	
Pro Lys Ile Gly Thr Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Glu					
	100	105	110		
aaa gct gct tcc gct tat gat gaa gcg gct acc gct atg tac ggt tca				563	
Lys Ala Ala Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Thr Ala Met Tyr Gly Ser					
	115	120	125		10
ttg gct cgt ctt aac ttc cct cag tct gtt ggg tct gag ttt act agt				611	
Leu Ala Arg Leu Asn Phe Pro Gln Ser Val Gly Ser Glu Phe Thr Ser					
	130	135	140		
acg tct agt caa tct gag gtg tgt acg gtt gaa aat aag gcg gtt gtt				659	
Thr Ser Ser Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Asn Lys Ala Val Val					
	145	150	155		
tgt ggt gat gtt tgt gtg aag cat gaa gat act gat tgt gaa tct aat				707	20
Cys Gly Asp Val Cys Val Lys His Glu Asp Thr Asp Cys Glu Ser Asn					
	160	165	170	175	
cca ttt agt cag att tta gat gtt aga gaa gag tct tgt gga acc agg				755	
Pro Phe Ser Gln Ile Leu Asp Val Arg Glu Glu Ser Cys Gly Thr Arg					
	180	185	190		
ccg gac agt tgc acg gtt gga cat caa gat atg aat tct tcg ctg aat				803	
Pro Asp Ser Cys Thr Val Gly His Gln Asp Met Asn Ser Ser Leu Asn					30
	195	200	205		
tac gat ttg ctg tta gag ttt gag cag cag tat tgg ggc caa gtt ttg				851	
Tyr Asp Leu Leu Leu Glu Phe Glu Gln Gln Tyr Trp Gly Gln Val Leu					
	210	215	220		
cag gag aaa gag aaa ccg aag cag gaa gaa gag gag ata cag caa cag				899	
Gln Glu Lys Glu Lys Pro Lys Gln Glu Glu Glu Glu Ile Gln Gln Gln					
	225	230	235		40
caa cag gaa cag caa cag caa cag ctg caa ccg gat ttg ctt act gtt				947	

Gln Gln Glu Gln Gln Gln Gln Gln Leu Gln Pro Asp Leu Leu Thr Val	
240	245
250	255
gca gat tac ggt tgg cct tgg tct aat gat att gta aat gat cag act	995
Ala Asp Tyr Gly Trp Pro Trp Ser Asn Asp Ile Val Asn Asp Gln Thr	
260	265
270	
tct tgg gat cct aat gag tgc ttt gat att aat gaa ctc ctt gga gat	1043
Ser Trp Asp Pro Asn Glu Cys Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Asp	10
275	280
285	
ttg aat gaa cct ggt ccc cat cag agc caa gac caa aac cac gta aat	1091
Leu Asn Glu Pro Gly Pro His Gln Ser Gln Asp Gln Asn His Val Asn	
290	295
300	
tct ggt agt tat gat ttg cat ccg ctt cat ctc gag cca cac gat ggt	1139
Ser Gly Ser Tyr Asp Leu His Pro Leu His Leu Glu Pro His Asp Gly	20
305	310
315	
cac gag ttc aat ggt ttg agt tct ctg gat att tgagagttct gaggcaatgg	1192
His Glu Phe Asn Gly Leu Ser Ser Leu Asp Ile	
320	325
330	
tcctacaaga ctacaacata atctttggat tgatcatagg agaaacaaga aataggigt 1252	
aatgatciga ttacacaatga aaaaatattt aataactcta tagtttttgt tctttccttg 1312	
gatcatgaac tgttgcttct catctattga gttaatatag cgaatagcag agtttctctc 1372	
tttcttctct ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaayh sakmabgcar 1432	30
sresdvsnaa nntnratnar sarchentrr agrctrascn csrcaash tskbabarak 1492	
aantamaysa kmasrngnga c	1513

<210> 10

<211> 330

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

40

<400> 10

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

Glu	Lys	Glu	Lys	Pro	Lys	Gln	Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Gln	Gln	Gln	Gln				
225					230				235						240				
Gln	Glu	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Leu	Gln	Pro	Asp	Leu	Leu	Thr	Val	Ala				
			245						250						255				
Asp	Tyr	Gly	Trp	Pro	Trp	Ser	Asn	Asp	Ile	Val	Asn	Asp	Gln	Thr	Ser				
		260						265						270					
Trp	Asp	Pro	Asn	Glu	Cys	Phe	Asp	Ile	Asn	Glu	Leu	Leu	Gly	Asp	Leu				
		275					280						285						10
Asn	Glu	Pro	Gly	Pro	His	Gln	Ser	Gln	Asp	Gln	Asn	His	Val	Asn	Ser				
		290				295							300						
Gly	Ser	Tyr	Asp	Leu	His	Pro	Leu	His	Leu	Glu	Pro	His	Asp	Gly	His				
305					310					315					320				
Glu	Phe	Asn	Gly	Leu	Ser	Ser	Leu	Asp	Ile										
			325						330										20

<210> 11

<211> 675

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 11

atgaatccat	tttactctac	atcccagac	tcgtttctct	caatctccga	tcatagatct	60
ccggtttcag	acagtagtga	ggttcacca	aagttagctt	caagttgtcc	aaagaaacga	120
gctgggagga	agaagtttcg	tgagacacgt	catccgattt	acagaggagt	tcgtcagagg	180
aattciggta	aatgggtttg	igaagttaga	gagcctaata	agaaatctag	gatttggtta	240
ggtacttttc	cgacggttga	aatggctgct	cggtctcatg	atgttgctgc	tttagctctt	300
cgtaggtcgt	ctgcttgtct	caatttcgct	gattctgctt	ggcggcttcg	tattcctgag	360
actacttgtc	ctaaggagat	tcagaaagct	gcgtctgaag	ctgcaatggc	gtttcagaat	420
gagactacga	cggagggatc	taaaactgcg	gcggaggcag	aggaggcggc	aggggagggg	480

30

40

gtgaggaggagg gggagaggag ggcggaggag cagaatgggtg gtgtgtttta tatggatgat 540
 gaggcgcitt tggggatgcc caactttttt gagaatatgg cggaggggat gcttttgccg 600
 ccgccggaag ttggctggaa tcataacgac ttigacggag tgggtgacgt gtcactctgg 660
 agttttgacg agtaa 675

<210> 12 10
 <211> 224
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 12

Met Asn Pro Phe Tyr Ser Thr Phe Pro Asp Ser Phe Leu Ser Ile Ser 20
 1 5 10 15

Asp His Arg Ser Pro Val Ser Asp Ser Ser Glu Cys Ser Pro Lys Leu
 20 25 30

Ala Ser Ser Cys Pro Lys Lys Arg Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu 30
 35 40 45

Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys
 50 55 60

Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Ser Arg Ile Trp Leu
 65 70 75 80

Gly Thr Phe Pro Thr Val Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala 40
 85 90 95

Ala Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser
 100 105 110

Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Thr Thr Cys Pro Lys Glu Ile Gln
 115 120 125

10

Lys Ala Ala Ser Glu Ala Ala Met Ala Phe Gln Asn Glu Thr Thr Thr
 130 135 140

Glu Gly Ser Lys Thr Ala Ala Glu Ala Glu Glu Ala Ala Gly Glu Gly
 145 150 155 160

Val Arg Glu Gly Glu Arg Arg Ala Glu Glu Gln Asn Gly Gly Val Phe
 165 170 175

20

Tyr Met Asp Asp Glu Ala Leu Leu Gly Met Pro Asn Phe Phe Glu Asn
 180 185 190

Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro Glu Val Gly Trp Asn His
 195 200 205

30

Asn Asp Phe Asp Gly Val Gly Asp Val Ser Leu Trp Ser Phe Asp Glu
 210 215 220

<210> 13

<211> 546

<212> DNA

40

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 13

atggaaaacg acgatatac cgiggcggag atgaagccaa agaagcgigc tggacggagg 60
 attttcaagg agacacgtca cccaatctac agaggcgtgc ggcgtagggg cggcgacaaa 120
 tgggtatgcg aagtcctga accgattcat cagcgtcgag tctggctcgg aacittatecg 180
 acggcagata tggccgcacg tgctcagac gtggcggttc ttgctctgcg cgggagatcc 240
 gcgtgtttga atttctccga ttctgcttgg aggttgccgg tgccggcacc cacigatccg 300
 gacacgatca ggcgcacggc ggccgaagca gccgagatgt tcaggccgcc ggagtttagt 360
 acaggaatta cggttttacc ctacagccagt gagtttgaca cgtcggatga aggagtcgct 420
 ggaatgatga tgaggctcgc ggaggagccg ttgatgtcgc cgccaagatc gtacattgat 480
 atgaatacga gtgtgtacgt ggacgaagaa atgtgttacg aagatttgc actttggagt 540
 tactaa 546

10

20

<210> 14

<211> 181

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 14

Met Glu Asn Asp Asp Ile Thr Val Ala Glu Met Lys Pro Lys Lys Arg
 1 5 10 15

Ala Gly Arg Arg Ile Phe Lys Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly
 20 25 30

Val Arg Arg Arg Asp Gly Asp Lys Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro
 35 40 45

30

40

Ile His Gln Arg Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Pro Thr Ala Asp Met
 50 55 60

Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Val Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser
 65 70 75 80

10

Ala Cys Leu Asn Phe Ser Asp Ser Ala Trp Arg Leu Pro Val Pro Ala
 85 90 95

Ser Thr Asp Pro Asp Thr Ile Arg Arg Thr Ala Ala Glu Ala Ala Glu
 100 105 110

Met Phe Arg Pro Pro Glu Phe Ser Thr Gly Ile Thr Val Leu Pro Ser
 115 120 125

20

Ala Ser Glu Phe Asp Thr Ser Asp Glu Gly Val Ala Gly Met Met Met
 130 135 140

Arg Leu Ala Glu Glu Pro Leu Met Ser Pro Pro Arg Ser Tyr Ile Asp
 145 150 155 160

30

Met Asn Thr Ser Val Tyr Val Asp Glu Glu Met Cys Tyr Glu Asp Leu
 165 170 175

Ser Leu Trp Ser Tyr
 180

40

<210> 15
 <211> 630
 <212> DNA
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 15

atgaataatg atgatattat tctggcggag atgaggccta agaagcgtgc ggggaaggaga	60	10
gtgtttaagg agacacgtca cccagtttac agaggcataa ggccggaggaa cggigacaaa	120	
tgggtctgcg aagtcagaga accgacgcac caacgccgca ttggctcgg gacttatccc	180	
acagcagata tggcagcgcg tgcacacgac gtggcggitt tagctctgcg tgggagatcc	240	
gcatgttga atttcgccga ctccgcttgg cggcttcgg tcccggaatc caatgatccg	300	
gatgtgataa gaagagtgc ggccggaagct gcggagatgt ttaggccggt ggatttagaa	360	
agtggaatta cggttttgcc ttgtgcggga gatgatgtgg atttgggitt tggttcgggt	420	
tccggctctg gttcgggac ggaggagagg aattcttctt cgtatggatt tggagactac	480	20
gaagaagict caacgacgat gatgagactc gcggaggggc cactaatgtc gccgccgca	540	
tctataatgg aagacatgac tctactaat gtttacacgg aagaagagat gtgittatgaa	600	
gatatgtcat tgtggagtta cagatattaa	630	

<210> 16
 <211> 209
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 16

Met Asn Asn Asp Asp Ile Ile Leu Ala Glu Met Arg Pro Lys Lys Arg		30
1 5 10 15		
Ala Gly Arg Arg Val Phe Lys Glu Thr Arg His Pro Val Tyr Arg Gly		40

	20		25		30	
Ile Arg Arg Arg Asn Gly Asp Lys Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro						
	35		40		45	
Thr His Gln Arg Arg Ile Trp Leu Gly Thr Tyr Pro Thr Ala Asp Met						
	50		55		60	10
Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Val Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser						
	65		70		75	80
Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Pro Val Pro Glu						
		85		90		95
						20
Ser Asn Asp Pro Asp Val Ile Arg Arg Val Ala Ala Glu Ala Ala Glu						
	100		105		110	
Met Phe Arg Pro Val Asp Leu Glu Ser Gly Ile Thr Val Leu Pro Cys						
	115		120		125	
Ala Gly Asp Asp Val Asp Leu Gly Phe Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly						
	130		135		140	30
Ser Gly Ser Glu Glu Arg Asn Ser Ser Ser Tyr Gly Phe Gly Asp Tyr						
	145		150		155	160
Glu Glu Val Ser Thr Thr Met Met Arg Leu Ala Glu Gly Pro Leu Met						
		165		170		175
						40

Ser Pro Pro Arg Ser Tyr Met Glu Asp Met Thr Pro Thr Asn Val Tyr
 180 185 190

Thr Glu Glu Glu Met Cys Tyr Glu Asp Met Ser Leu Trp Ser Tyr Arg
 195 200 205

Tyr

10

<210> 17

<211> 1026

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

20

<400> 17

atgccgtcgg agattgttga caggaaaagg aagtcctcgtg gaacacgaga ttagctgag 60
 attctaaggc aatggagaga gtacaatgag cagattgagg cagaatcttg tategatggt 120
 ggtgggtccaa aatcaatccg aaagccctct ccaaaagggti cgaggaaggg ttgtatgaaa 180
 ggtaaagggtg gacctgaaaa cgggatttgt gactatagag gagttagaca gaggagatgg 240
 ggtaaatggg ttgctgagat ccgtgagcca gacggagggtg ctaggttgtg gctcgggtact 300
 ttctccagtt catatgaagc tgcattggct tatgacgagg cggccaaagc tatatatggt 360
 cagtcigcca gactcaatct tcccagatc acaaatcgct ctctctcgac tgcigccact 420
 gccactgigt caggctcggg tactgcattt tctgatgaat ctgaagtittg tgcacgtgag 480
 gatacaaatg caagttcagg ttttgggtcag gigaactag aggatitgtag cgatgaatat 540
 gttctcttag atagtctca gtgtattaaa gaggagctga aaggaaaaga ggaagtgagg 600
 gaagaacata acttggctgt tggttttgga atiggacagg actcgaaaag ggagactttg 660
 gatgcttggg tgatgggaaa tggcaatgaa caagaacat tggagtttgg tgtggatgaa 720
 acgtttgata ttaatgagct attgggtata ttaaacgaca acaatgtgtc tggicaagag 780

30

40

acaatgcagt atcaagtgga tagacacca aatticagtt accaaacgca gtticcaaat 840
 tctaacttgc tgggagcct caaccctatg gagattgctc aaccaggagt tgattatgga 900
 tgtccttatg tgcagcccag tgatatggag aactatggta ttgatttaga ccatcgcagg 960
 ttcaatgata ttgacataca ggacttggat ttiggaggag acaaagatgt tcatggatct 1020
 acataa 1026

10

<210> 18

<211> 341

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 18

Met Pro Ser Glu Ile Val Asp Arg Lys Arg Lys Ser Arg Gly Thr Arg 20
 1 5 10 15

Asp Val Ala Glu Ile Leu Arg Gln Trp Arg Glu Tyr Asn Glu Gln Ile
 20 25 30

Glu Ala Glu Ser Cys Ile Asp Gly Gly Gly Pro Lys Ser Ile Arg Lys 30
 35 40 45

Pro Pro Pro Lys Gly Ser Arg Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly
 50 55 60

Pro Glu Asn Gly Ile Cys Asp Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Arg Trp
 65 70 75 80

40

Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asp Gly Gly Ala Arg Leu

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

Thr Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Ile Leu Asn Asp Asn Asn Val
 245 250 255

Ser Gly Gln Glu Thr Met Gln Tyr Gln Val Asp Arg His Pro Asn Phe
 260 265 270

Ser Tyr Gln Thr Gln Phe Pro Asn Ser Asn Leu Leu Gly Ser Leu Asn
 275 280 285

10

Pro Met Glu Ile Ala Gln Pro Gly Val Asp Tyr Gly Cys Pro Tyr Val
 290 295 300

Gln Pro Ser Asp Met Glu Asn Tyr Gly Ile Asp Leu Asp His Arg Arg
 305 310 315 320

20

Phe Asn Asp Leu Asp Ile Gln Asp Leu Asp Phe Gly Gly Asp Lys Asp
 325 330 335

Val His Gly Ser Thr
 340

30

<210> 19

<211> 621

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 19

40

atgcatcca tagagccaaa agtaatgatg gtiggigcta ataagaaaca acgaaccgtc 60

caagctagtt cgaggaaagg ttgtatgaga ggaaaagggtg gacccgataa cgcgtcttgc 120
 acttaciaaag gtgttagaca acgcacttgg ggcaaatggg tcgctgagat ccgcgagcct 180
 aaccgaggag ctctcttttg gctcgggtacc ttgcacacct cccgtgaagc tgccttggct 240
 tatgactccg cagctcgtaa gctctatggg ccigaggctc atctcaacct cccigagtec 300
 ttaagaagtt accctaaaac ggcgtcgtct ccggcgtccc agactacacc aagcagcaac 360
 accggitggaa aaagcagcag cgactctgag tcgccgtgtt catccaacga gatgtcatca 420
 tgtggaagag tgacagagga gatatcatgg gagcatataa acgtggattt gccggtaatg 480
 gatgattctt caatatggga agaagctaca atgtcgttag gatttccatg ggttcatgaa 540
 ggagataatg atatttctcg gtttgatact tgtatttccg gtggctattc taattgggat 600
 tcttttcatt ccccactttg a 621

10

<210> 20

<211> 206

20

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 20

Met Ser Ser Ile Glu Pro Lys Val Met Met Val Gly Ala Asn Lys Lys
 1 5 10 15

30

Gln Arg Thr Val Gln Ala Ser Ser Arg Lys Gly Cys Met Arg Gly Lys
 20 25 30

Gly Gly Pro Asp Asn Ala Ser Cys Thr Tyr Lys Gly Val Arg Gln Arg
 35 40 45

Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asn Arg Gly Ala
 50 55 60

40

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

Tyr Asp Ser Ala Ala Arg Lys Leu Tyr Gly Pro Glu Ala His Leu Asn
 85 90 95

10

Leu Pro Glu Ser Leu Arg Ser Tyr Pro Lys Thr Ala Ser Ser Pro Ala
 100 105 110

Ser Gln Thr Thr Pro Ser Ser Asn Thr Gly Gly Lys Ser Ser Ser Asp
 115 120 125

Ser Glu Ser Pro Cys Ser Ser Asn Glu Met Ser Ser Cys Gly Arg Val
 130 135 140

20

Thr Glu Glu Ile Ser Trp Glu His Ile Asn Val Asp Leu Pro Val Met
 145 150 155 160

Asp Asp Ser Ser Ile Trp Glu Glu Ala Thr Met Ser Leu Gly Phe Pro
 165 170 175

30

Trp Val His Glu Gly Asp Asn Asp Ile Ser Arg Phe Asp Thr Cys Ile
 180 185 190

Ser Gly Gly Tyr Ser Asn Trp Asp Ser Phe His Ser Pro Leu
 195 200 205

40

(210) 21
 (211) 975
 (212) DNA
 (213) *Arabidopsis thaliana*

(400) 21

atggaaaagg aagataacgg atcgaacag agctcctctg cttctgttgt atcctcgaga	60	10
agacgaagaa gagtggttga gccagtggaa gcgacgttac agagatggga ggaagaagga	120	
ttggcgagag ctctgtaggt tcaagccaaa ggttcgaaga aaggttgtat gagaggaaaa	180	
ggtagaccag agaatcctgt ttgtcggitt agagggttgc gacaaagggg ttgggggaaa	240	
tgggttgcct agatacgtga accagtgagt caccgtggtg caaaccttag tcttagtaaa	300	
cggctttggc ttggcacgtt tgctactgca gcitgaagctg ctttggccta cgacagagct	360	
gctagtgtca tgtacggacc ctatgccagg ttaaatttcc cggaagattt gggtagggga	420	
aggaagaagg acgaggaggc ggaaggttcg ggaggctatt ggttggaaac taacaaagcc	480	20
ggtaatggcg tgattgaaac ggaaggtaga aaagactatg tagcttacia tgaagacgct	540	
attgagcttg gccatgacaa gactcagaat cctgacatgt ttgatgtcga tgagcttcta	600	
cgtgacctaa atggcgacga tgtgtttgca ggcatgactg ataatgaaat agtgaacca	660	
gcagttaaat caggaccggt acccggggaa cagtgttggc aacggttcat acaggccccg	720	
gagttgaaat cagaggaagg ttacagctat gatcgattca aattggcaac aaagtggttt	780	
tgatecgcta caaagcctca actacggaat acctccgttt cagctcataa cggattgttg	840	
tataatgaac ctcaaagctc cagttatcac gagggaaagg atggtaatgg attcttcgac	900	30
gacttgagtt acttggatct ggagaactaa caggaggtg gattcgattc atattttgag	960	
tatttcagat tctag	975	

(210) 22
 (211) 244
 (212) PRT
 (213) *Arabidopsis thaliana*

40

<400> 22

Met Glu Lys Glu Asp Asn Gly Ser Lys Gln Ser Ser Ser Ala Ser Val
 1 5 10 15

Val Ser Ser Arg Arg Arg Arg Arg Val Val Glu Pro Val Glu Ala Thr
 20 25 30

10

Leu Gln Arg Trp Glu Glu Glu Gly Leu Ala Arg Ala Arg Arg Val Gln
 35 40 45

Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys Met Arg Gly Lys Gly Gly Pro Glu
 50 55 60

20

Asn Pro Val Cys Arg Phe Arg Gly Val Arg Gln Arg Val Trp Gly Lys
 65 70 75 80

Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Val Ser His Arg Gly Ala Asn Ser
 85 90 95

Ser Arg Ser Lys Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Ala Thr Ala Ala Glu
 100 105 110

30

Ala Ala Leu Ala Tyr Asp Arg Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Pro Tyr
 115 120 125

Ala Arg Leu Asn Phe Pro Glu Asp Leu Gly Gly Gly Arg Lys Lys Asp
 130 135 140

40

Glu Glu Ala Glu Ser Ser Gly Gly Tyr Trp Leu Glu Thr Asn Lys Ala
 145 150 155 160

Gly Asn Gly Val Ile Glu Thr Glu Gly Gly Lys Asp Tyr Val Val Tyr
 165 170 175

Asn Glu Asp Ala Ile Glu Leu Gly His Asp Lys Thr Gln Asn Pro Met
 180 185 190

10

Thr Asp Asn Glu Ile Val Asn Pro Ala Val Lys Ser Glu Glu Gly Tyr
 195 200 205

Ser Tyr Asp Arg Phe Lys Leu Asp Asn Gly Leu Leu Tyr Asn Glu Pro
 210 215 220

20

Gln Ser Ser Ser Tyr His Gln Gly Gly Gly Phe Asp Ser Tyr Phe Glu
 225 230 235 240

Tyr Phe Arg Phe

30

<210> 23

<211> 834

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 23

40

atggagaaat catcctcaat gaaacaatgg aagaagggtc ctgctcgggg taaaggcgt 60

ccacaaaacg ctcittgtca gtaccgtgga gtcaggcaaa ggacttgggg caaatgggtg 120
gctgagatca gagagcccaa gaagagggca agactttggc ttggctcttt cgctacagct 180
gaagaagcag ctatggctta tgatgaggct gccttgaaac tctatgggca cgacgcatac 240
ctcaacttac ctcattctca gcggaataca agacctctc tgagtaactc tcagaggctc 300
aaatgggtac ctccaaggaa gtttatact atgtttcctt catgtggtat gctaaacgtg 360
aatgctcagc ctagtgttca cataatccag caaagactag aagaactcaa gaaaactgga 420
cttttatctc aatcctattc ttctagtctt tctctaccg aatcaaaaac taatactagc 480
ttctttgatg agaagaccag caagggagaa acagacaata tgttcgaagg tgggatcag 540
aagaaaccag agatcgacct gaccgagitt cticagcaac taggaatctt gaaggatgaa 600
aatgaagcag aaccaagtga ggtagcagag tgcattccc ctccaccatg gaacgagcaa 660
gaagaaactg gaagtccttt cagaactgag aatttcagct gggataacct gatcgagatg 720
ccaagaagtg aaaccacaac tatgcaattt gactccagca acttcggaag ctatgatttt 780
gaggatgatg tatecttccc ttccatctgg gactactacg gaagcttaga tga 834

10

20

<210> 24

<211> 277

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 24

30

Met Glu Lys Ser Ser Ser Met Lys Gln Trp Lys Lys Gly Pro Ala Arg
1 5 10 15

Gly Lys Gly Gly Pro Gln Asn Ala Leu Cys Gln Tyr Arg Gly Val Arg
20 25 30

Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Lys Lys
35 40 45

40

Arg Ala Arg Leu Trp Leu Gly Ser Phe Ala Thr Ala Glu Glu Ala Ala
 50 55 60

Met Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Leu Lys Leu Tyr Gly His Asp Ala Tyr
 65 70 75 80

10

Leu Asn Leu Pro His Leu Gln Arg Asn Thr Arg Pro Ser Leu Ser Asn
 85 90 95

Ser Gln Arg Phe Lys Trp Val Pro Ser Arg Lys Phe Ile Ser Met Phe
 100 105 110

Pro Ser Cys Gly Met Leu Asn Val Asn Ala Gln Pro Ser Val His Ile
 115 120 125

20

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

Ser Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Glu Ser Lys Thr Asn Thr Ser
 145 150 155 160

30

Phe Leu Asp Glu Lys Thr Ser Lys Gly Glu Thr Asp Asn Met Phe Glu
 165 170 175

Gly Gly Asp Gln Lys Lys Pro Glu Ile Asp Leu Thr Glu Phe Leu Gln
 180 185 190

40

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

195	200	205	
Ala Glu Cys His Ser Pro Pro Pro Trp Asn Glu Gln Glu Glu Thr Gly			
210	215	220	
Ser Pro Phe Arg Thr Glu Asn Phe Ser Trp Asp Thr Leu Ile Glu Met			
225	230	235	10
Pro Arg Ser Glu Thr Thr Thr Met Gln Phe Asp Ser Ser Asn Phe Gly			
	245	250	255
Ser Tyr Asp Phe Glu Asp Asp Val Ser Phe Pro Ser Ile Trp Asp Tyr			
	260	265	270
			20
Tyr Gly Ser Leu Asp			
275			

<210> 25

<211> 924

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 25

```

atggaagaag agcaaccicc ggccaagaaa cgaaacatgg ggagatctag aaaagggtgc 60
atgaaaggta aaggcgggcc agagaacgcc acgtgtactt tccgtggagt taggcaacgg 120
acttggggta aatgggtggc tgagatccgt gaccctaacc gttggactcg tcctcggctc 180
ggcacgttta atacctcggc cgaggccgcc atggcttacg atgaagccgc taagaaactc 240
tatggacacg aggctaaact caacttggig cacccacaac aacaacaaca agtagtagtg 300

```

30

40

aacagaaact tgccttttc tggccacggg tcgggttctt gggcttataa taagaagctc 360
 gatatggttc atgggttggg ccttggcttc ggcaggcaa gttgttcacg aggttccttc 420
 tcagagagat cgagttttct acaagaagat gatgatcata gtcataatcg atgttcgtct 480
 tcaagtgggt cgaatctttg ttggttatta cctaaacaaa gtgattcaca agatcaagag 540
 accgttaatg ctacgactag ttatggcggg gaaggcggg gtggctctac gttaacgttt 600
 tcgaccaatt tgaaaccaaa gaatttgatg agtcagaatt atggattata caatggagct 660
 tggcttaggt ttcttgtggg gcaagaaaag aagacggaac atgacgtgic atcgtcgtgt 720
 ggatcgtcgg acaacaagga gagtatgttg gtccctagtt gcggcggaga gaggatgcat 780
 aggccggagt tggaagagcg aacaggatat ttggaaatgg atgatctttt ggagattgat 840
 gatttaggtt tgttgattgg caaaaatgga gatticaaga attgggtgtg tgaagagttt 900
 caacatccat ggaattgggt ctga 924

10

<210> 26

20

<211> 306

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 26

Glu Glu Glu Gln Pro Pro Ala Lys Lys Arg Asn Met Gly Arg Ser Arg
 1 5 10 15

30

Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ala Thr Cys Thr
 20 25 30

Phe Arg Gly Val Arg Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile
 35 40 45

40

Arg Glu Pro Asn Arg Gly Thr Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Asn Thr

50																				
Ser	Val	Glu	Ala	Ala	Met	Ala	Tyr	Asp	Glu	Ala	Ala	Lys	Lys	Leu	Tyr					
65					70					75				80						
Gly	His	Glu	Ala	Lys	Leu	Asn	Leu	Val	His	Pro	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln					10
				85				90						95						
Val	Val	Val	Asn	Arg	Asn	Leu	Ser	Phe	Ser	Gly	His	Gly	Ser	Gly	Ser					
			100					105						110						
Trp	Ala	Tyr	Asn	Lys	Lys	Leu	Asp	Met	Val	His	Gly	Leu	Asp	Leu	Gly					20
			115					120						125						
Leu	Gly	Gln	Ala	Ser	Cys	Ser	Arg	Gly	Ser	Cys	Ser	Glu	Arg	Ser	Ser					
			130					135						140						
Phe	Leu	Gln	Glu	Asp	Asp	Asp	His	Ser	His	Asn	Arg	Cys	Ser	Ser	Ser					
145								150						155	160					
Ser	Gly	Ser	Asn	Leu	Cys	Trp	Leu	Leu	Pro	Lys	Gln	Ser	Asp	Ser	Gln					30
				165						170					175					
Asp	Gln	Glu	Thr	Val	Asn	Ala	Thr	Thr	Ser	Tyr	Gly	Gly	Glu	Gly	Gly					
				180						185					190					
Gly	Gly	Ser	Thr	Leu	Thr	Phe	Ser	Thr	Asn	Leu	Lys	Pro	Lys	Asn	Leu					40
				195						200					205					

Met Ser Gln Asn Tyr Gly Leu Tyr Asn Gly Ala Trp Ser Arg Phe Leu	
210	215
225	230
235	240
Ser Ser Asp Asn Lys Glu Ser Met Leu Val Pro Ser Cys Gly Gly Glu	10
245	250
255	
Arg Met His Arg Pro Glu Leu Glu Glu Arg Thr Gly Tyr Leu Glu Met	
260	265
270	
Asp Asp Leu Leu Glu Ile Asp Asp Leu Gly Leu Leu Ile Gly Lys Asn	20
275	280
285	
Gly Asp Phe Lys Asn Trp Cys Cys Glu Glu Phe Gln His Pro Trp Asn	
290	295
300	
Trp Phe	
305	30
<210> 27	
<211> 534	
<212> DNA	
<213> Arabidopsis thaliana	
<400> 27	40
atgcccgagga aacggaagtc tctgiggaaca cgagatgtag ctgagattct aaggaaatgg 60	

agagagtaca atgagcagac cgaggcagat tcttgcacgc atgggtgggg ttcaaaacca 120
 atccgaaagg ctctccaaa acgttcgagg aagggttgta tgaaggtaa aggtggacct 180
 gaaaatggga ttgtgacta tacaggagtt agacagagga catggggtaa atgggttgct 240
 gagatccgtg agccaggccg aggtgctaag ttatggctcg gtactttctc tagttcatat 300
 gaagctgcat tggcttatga tgaggcttcc aaagctatit acggtcagtc tgcccgactc 360
 aatcttccac tgcctccact gtgtcaggct cggttactgc atttctgat gaatctgaag 420
 ttgtgcacg tgaggataca aatgcaagat ctggttttgg tcagatctct aactctcgc 480
 atttccaaaa tgttaagtc aataactgca ttggtaagt tggggcgita ctac 534

10

<210> 28

<211> 177

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

20

<400> 28

Met Pro Arg Lys Arg Lys Ser Arg Gly Thr Arg Asp Val Ala Glu Ile
 1 5 10 15

Leu Arg Lys Trp Arg Glu Tyr Asn Glu Gln Thr Glu Ala Asp Ser Cys
 20 25 30

30

Ile Asp Gly Gly Gly Ser Lys Pro Ile Arg Lys Ala Pro Pro Lys Arg
 35 40 45

Ser Arg Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Gly Ile
 50 55 60

40

Cys Asp Tyr Thr Gly Val Arg Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala

65 70 75 80

Glu Ile Arg Glu Pro Gly Arg Gly Ala Lys Leu Trp Leu Gly Thr Phe

85 90 95

Ser Ser Ser Tyr Glu Ala Ala Leu Ala Tyr Asp Glu Ala Ser Lys Ala

100 105 110

10

Ile Tyr Gly Gln Ser Ala Arg Leu Asn Leu Pro Leu Leu Pro Leu Cys

115 120 125

Gln Ala Arg Leu Leu His Phe Leu Met Asn Leu Lys Phe Val His Val

130 135 140

20

Arg Ile Gln Met Gln Asp Leu Val Leu Val Arg Ser Leu Thr Ser Arg

145 150 155 160

Ile Ser Lys Met Leu Ser Pro Ile Thr Ala Leu Val Lys Leu Gly Arg

165 170 175

Tyr

30

<210> 29

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

40

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer

<400> 29

gagtccttcgg tttcctca

18

<210> 30

<211> 18

10

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer

<400> 30

20

cgatacgtcgc tcaatcgc

18

【配列表フリーテキスト】

配列番号 29 : プライマー

配列番号 30 : プライマー

【図面の簡単な説明】

【図 1】 ベクター rd29A-DREB1A の RB から LB 間の構造を示す図である。

【図 2 - 1】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である。

【図 2 - 2】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 1 の続き)。

30

【図 2 - 3】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 2 の続き)。

【図 2 - 4】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 3 の続き)。

【図 2 - 5】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 4 の続き)。

【図 2 - 6】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 5 の続き)。

【図 2 - 7】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 6 の続き)。

40

【図 2 - 8】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 7 の続き)。

【図 2 - 9】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 8 の続き)。

【図 2 - 10】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 9 の続き)。

【図 2 - 11】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である (図 2 - 10 の続き)。

【図 2 - 12】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベル

50

。 【図5 - 19】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図5 - 18の続き）

。 【図5 - 20】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図5 - 19の続き）

。 【図6】 DREB1Aを基軸としたDREB1BからDREB1Fとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である。

【図7 - 1】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である（DREB2Aの第518位まで）。

10

【図7 - 2】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である（DREB2Aの第519位から）。

【図8】 DREB1Aを基軸とした場合のDREB1BからDREB1Fとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを示す図である。

【図9】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを示す図である。

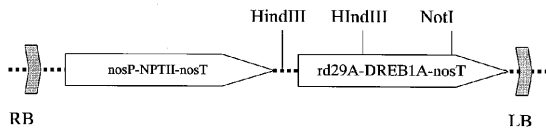
【図10】 挿し穂生産時の発根性試験の非形質転換体と系統9と系統10の発根性を示す写真である。

【図11】 定植後の非形質転換体と系統9と系統10の茎長を示すグラフである。

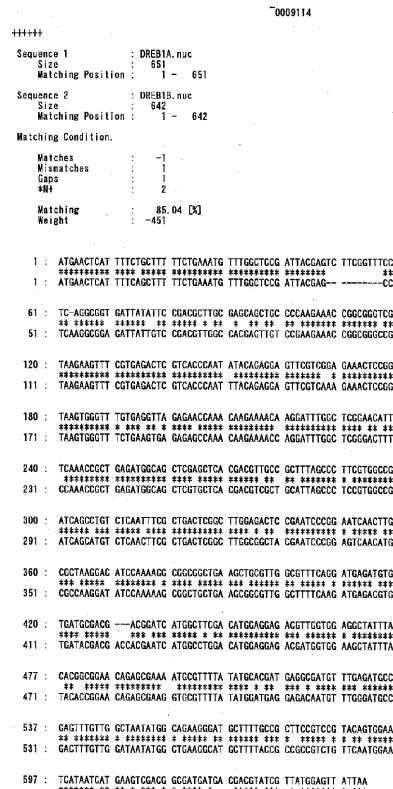
20

【図12】 花持ち試験開始後22日の非形質転換体と系統9と系統10の切口の近傍を示す写真である。

【図1】



【図2 - 1】



【 2 - 2 】

```

          "0009114
591: TCATAATAT GACGCGAAG GAGATGTT---CAGCTGTCC CTTCGAGTT ACTAA

+++++
Sequence 1 : DREB1A.nuc
Size       : 651
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1C.nuc
Size       : 651
Matching Position : 1 - 651

Matching Condition.
Matches     : -1
Mismatches : 1
Gaps       : 1
#N#       : 2

Matching Weight : 86.70 [X]
              : -476

1 : ATGAAGTCAT TTTCTGCTT TCTGAATG TTGCGTCCG ATTACGAGTC TTGGTTC
#####
1 : ATGAAGTCAT TTTCTGCTT TCTGAATG TTGCGTCCG ATTACGAGTC TCGGTTCC

61 : TCAGCGCGTG ATTATATTC GAGCTTGGG AGCAGCTCC CCAAGAAAC GGGCGGTCGT
#####
61 : TCAGCGCGTG ATTAGATCC GAAGCTTGG ACAGCTCCG CCAAGAAAC AGCGGAAAG

121 : AAGAAGTTC GTGACTGTC TCACCAATA TACAGAGAG TTGCTGGAG AACTCCGGT
#####
121 : AAGAAGTTC GTGACTGTC TCACCAATT TACAGAGAG TTGCTGAAG AACTCCGGT

181 : AAGTGGTTT GTGAGTTAG AGACCAAC AGAAAACA GAATTGGCT CGGACATTT
#####
181 : AAGTGGTTT GTGAGTTAG AGAGCAAC AGAAAACA GAATTGGCT CGGACATTT

241 : CAAGCCGTC AGATGCGAC TCGACTCAG GAGTTCCGC CTTAGCCCT TCGTGGCGA
#####
241 : CAAGCCGTC AGATGCGAC TCGCTCAGC GAGTCCGC CATTAGCTCT CGTGGCGA

301 : TCAGCTGTG TCAATTTCC TCACTCGCT TCGAGCTGC GAATCCCGA ATCAACTTC
#####
301 : TCAGCTGTG TCAATTTCC TCACTCGCT TCGAGCTGC GAATCCCGA ATCAACTCT

361 : GCTAAGACA TCCAAAGCC GGGCCTGGA CCTCCCTGG CTTTCAGGA TGAATGTCT
#####
361 : GCTAAGAAA TCCAAAGCC GGGCCTGGA GCGCGCTGA ATTTTCAAG TGAATGTCT

421 : GATCGACGA CGGA---TCA TGCTTCGAC ATGAGGAGA CCTTGTGGA GCCTATTAC
#####
421 : CATATGACA CAGATGTCA TGCTTTCAC ATGAGGAGA CCTTGTGGA GCCTATTAT

478 : AGCGGCGAG AGAGCGAAA TCGCTTTAT ATGCACATG ACCGATGTT TGAGATGCG
#####
478 : ACCGCGAAC AGAGCCAAA TCGCTTTAT ATGCACGAG ACCGATGTT TGAGATGCT

538 : ACTTTGTGG CTAATATGC ABAAGGATG CTTTCGCGC TTCGCCTGC ACAGTGAAAT
#####
541 : ACTTTGTGG ATACATGCG CAAAGGATG CTTTACGCT CCGCTCGCT TCAATGAGAC

```

【 2 - 3 】

```

          "0009114
598: CATAATATG AATGCGCGG GAGATGTC GAGTATGCT TATGAGTTA TTA
####
601: TATAATTTG ATGCGAGG AGATGAT---GAGTGTCT TATGAGTTA TTA

+++++
Sequence 1 : DREB1A.nuc
Size       : 651
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1D.nuc
Size       : 675
Matching Position : 1 - 675

Matching Condition.
Matches     : -1
Mismatches : 1
Gaps       : 1
#N#       : 2

Matching Weight : 68.72 [X]
              : -233

1 : ATGAAGTCAT TT---TCTG TTTTCTGAA ATGTTT---GGTCCGA TTAGAGTCT
#####
1 : ATGAAGTCAT TTACTCTAC ATTCCGACG TGTGTTCTT CAATCTCCGA TCAATAGAT

52 : TCGTTCCTC GAGGCGTGA TTTATATTC ACCCTCCGA GCGTCCGCG CAAGAACGG
#####
61 : CCGTTTCAG ACAGTAGTA GTTTCACA AAGTAGCTT CAAGTGTCC AAAGAAACA

112 : GCGGTGCTA AGACTTCC TCGACTGCT CAGCAATAT ACAGAGAT TGGTGGAGA
#####
121 : CCGTGGAGA ABAAGTTCC TCGACAGCT CAGCTCATT ACAGAGAG TCGTACAGG

172 : AACTCGGTA AGTGTGTTG TCGATTAGA GAACAAACA AGAAAACA GATTGCGTC
#####
181 : AATTCTGTA AATGGTTTG TCGATTAGA GAGCTAATA ABAAGTAG GATTGGTA

232 : GGACATTTA AAGGCGTGA GATCGAGCT CGAGCTCAG ACCTCCGCG TTAGGCGTT
#####
241 : GCGATTTTC CAGCGTGA ATGCGCTCT CCGTCTGAT GTATGCTCG TTAGGCTGT

292 : CCGGCGCCT GAGCTGTCT CAACTTGCT GACTGCGTT GGAAGTCCG AATCCGAAA
#####
301 : CCGTGTGCT GTGCTGTCT CAACTTGCT GATTGCTT GCGGCGTCT TATCGTAGG

352 : TCAACTTGG CTAAGACAT CCAAAAGCC GCGGTGAAG CTGCGTCCG GTTCAGGAT
#####
361 : ACTACTGTC CTAAGAGAT TCAAAAGCT CCGTCTGAG CCGAATGCG GTTCAGAT

412 : GAGA---TGTGTAT---GGCAGC AGGA-TCA-TGCTTGAC A-TGAGGAG
#####
421 : GAGACTAGA CCGAGGACT TAAACTCGC GCGGCGAC AGAGCGCGC ABAAGAGG

457 : ACCTGTGAG AAGCTATTA CAGCGGGA CAGACGAAA ATGCTTTTA TATCAGCAT
#####
481 : GTAGGAGAG CCGAGAGAG CCGGCGCAG CAACTGCTG GTGTGTTTA TATGATGAT

517 : GAGCGGATG TCGAGTCC GACTTTGTT GCTAATGCG CAGAGGAT GCTTTCCGC
#####
541 : GAGCGGCTT TGGGATGCC CAACITTTT GAGATATCG CCGAGGAT GCTTTCCGC

```

【 2 - 4 】

```

          "0009114
577: CTTCCGCGC TACAGTGAA TCAATATC GAGTGCAGC GCGATGATGA CGAGTATCG
###
601: CCGCCGAGG TCGCTGAGA TCA---AG GACTTCGCG GAG-TG-GG TCAGCTGTA

637: TTATGAGTT-----ATA A
#####
655: CTTCTGAGTT TTACGAGTA A

+++++
Sequence 1 : DREB1A.nuc
Size       : 651
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1E.nuc
Size       : 546
Matching Position : 1 - 546

Matching Condition.
Matches     : -1
Mismatches : 1
Gaps       : 1
#N#       : 2

Matching Weight : 54.70 [X]
              : 0

1 : ATGAAGTCAT TTTCTGCTT TCTGAATG TTGCGTCCG ATTACGAGTC TTGGTTC
#####
1 : ATG-----ATG-----AGCA-----CGATATCA

60 : CTCAGCGCGT GATTATATC GAGCTTGGG GAGAGCTGC CCAAGAAAC CCGCGGTCGT
#####
20 : CCGTGGCGA GAT-----GAG-----CCAAGAGCG GTCTGTGAGC

120 : TAAAGATTTT CCGTAGACTG GTACCCCAAT ATACAGAGCA GTTGTCCGA GAAAGTCCG
#####
57 : GAGGATTTTC AAGGAGCAC GTACCCCAAT CTACAGAGCG GTCCGCCGA GGGAGCGCGA

180 : TANGTGGTT TGTGAGTTA GAGAGAAA CAAGAAAACA ABAAGTTGCT TCGAGATTA
#####
117 : CAATGGGTA TCGAGTCC GTAAAGCCT TCAATGAGCT GACTGCTGG TCGAGACTTA

240 : TCAAGCGCT GAGATGCGA GTGAGCTCA CAGCTTGGG CTTTACGCC TTGCTGGCG
#####
177 : TCGAGCGGA GATATGCGC CAGCTGTCA CAGTGGG GTTCTGCTC TCGCGGCGG

300 : ATGACGCTC CTAATATGC GTAGCTCCG TCGAGACTG CCAATCGCG AATCAACTG
#####
237 : ATCCGCTGT TTGATTTCT CCAATTTCTG TTGAGTGTG CCGTCCGCG CAGCTACT---

360 : CCGTAGAGC ATCAAAAGG-----CGCGC CTAGACTGC GTTGTCCCT CAGGTG-AG
#####
295 : -GATGCGAG A-CGATCAG CCGAGCGCG CAGAGCACG GAGATG-TT CAGCGCGCG

415 : ATGTGTGAT CCAACGAGA TACTGCTTC CAGATGAGG ABAAGTGGT GGAAGTATT
#####
352 : GAG-TTAGT --AC-AGAA TTAGCTTT ACCT---C AGCC---AGT -GAG---TT

475 : TACAGCGCGC AAGAGGAGA AATCGCTT TATATCAGC ATGAGCGAT GTTGAATG

```

【 2 - 5 】

```

          "0009114
397: GAGAGCTGC A-TGA---A GAGTCCGCT GA-ATG-ATG ATAGGCG-T CCGCGAGG

535: CCGAGTTGT TG---GCTAT ATGCGAGA-A GGAATGCTT TCGCCCTTC CTGCTACAG
#####
448: CCGTGTGCT CCGCGCGAG ATCCTACAT TATATG-AT -ACG---A GTGCTAC-G

592 : TCGATCATA ATCATGAGT CAGCGCGAT GATGAGGAGC TATCTTATG GAGTATTA
#####
500 : TCGAGCGGA A-ATG-----TGT TAGGAGATT TGTCACTTTC GAGTACTAAT

+++++
Sequence 1 : DREB1A.nuc
Size       : 651
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1F.nuc
Size       : 630
Matching Position : 1 - 630

Matching Condition.
Matches     : -1
Mismatches : 1
Gaps       : 1
#N#       : 2

Matching Weight : 54.81 [X]
              : -21

1 : ATGAAGTCAT TTTCTGCTT TCTGAATG TTGCGTCCG ATTACGAGTC TTGGTTC
#####
1 : ATGA-----TAATG AT-----G AT-----ATTAT

61 : TCAGCGCGTG ATTATATTC GAGCTTGGG AGCAGCTCC CCAAGAAAC GGGCGGTCGT
#####
21 : TCGCGCGAG AT-----C A-----CGC CTAAGAGCG TCGCGGAGG

121 : AAGAAGTTC GTGACTGTC TCACCAATA TACAGAGAG TTGCTGGAG AACTCCGGT
#####
58 : ABAAGTCTA ABAAGAGAG CACCTGAGCT TACAGAGCA TAAGCGCGG ABAAGAGAG

181 : AAGTGGTTT GTGAGTTAG AGACCAAC AGAAAACA GAATTGGCT CGGACATTT
#####
118 : AATGGCTCT CCAAGCTAG AGACCGAGC CCAAGAAAC CCAATTTCT CCGGACTAT

241 : CAAGCCGTC AGATGCGAC TCGACTCAG GAGTTCCGC CTTAGCCCT TCGTGGCGA
#####
178 : CCGACGAGC ATATGCGGC GCGTCCAGC GAGTCCGCG TTTAGCTCT CCGTGGCGA

301 : TCAGCTGTG TCAATTTCC TCACTCGCT TCGAGACTG GAATCCCGA ATCAACTTC
#####
238 : TCGCATGTT TCAATTTCC CACTCGCT TCGGCGTTC CCGTGGCGA ATCAACTAT

361 : CTAAGACA TCCAAAGCC GGGCCTGGA CCGTGGTTC CTTTCAGGA TG-AGATG
#####
298 : CCGAGTGA TAAGABAGT TCGCGGGA GCTCCGAGA TGTTT-AGC CCGTGGATTT

419 : -GTGA-TGCG ABAAGAGTC ATGCTT---CGCATG ABAAGACTT GGTGAGGCT
#####
357 : ABAAGAGTA ATTACG-TT TTGCTTGT CCGAGATA TGTGATTTG GTTGTGTT

```

【 2 - 6】

0009114

```

472 : ATTTACAGC G-----GGACACA-G CGA-MATCC GT-TTATAT GCAGCATGAG
      *** *
416 : CCGGTTCCCG CTCTGGTTC GCATCGCGAG ACAAGCATTCT TTCTGGTAT GGATTGGAG

520 : CGDAGTTTG AGATGGCAG TTGTGTGGCT AATATGGCAG AAGGGATGCT TTTCGCCCTT
      * * * * *
476 : ACTAGC-AAG AAGTGTCAAG GACGATGATG AGACTCCCGC AGGGGCCACT AATGTCCCGC

580 : C-CGTCCCT AGAATGSAA-----TCA TAAATGAT--AGTCCAGC--CGATG--
      *** * * * *
535 : CCGDAGTCTG ATA-TGSAAG ACATGACTCC TACTAAATCTT TACACGGAAG AAGCAGTGTG

623 : --ATGACGAC GTATCGTTAT CGAGT-----TATTA
      *****
594 : TTATGAGAT ATGTGATTTG GAGATTACAG ATATTTA

+++++
Sequence 1       : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

Sequence 2       : DREB1C.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

Matching Condition.
Matches         : -1
Mismatchches    : 1
Gaps           : 1
#M             : 2

Matching Weight : 86.33 [X]
                  -471

1 : ATGAATCAT TTTCAGCTTT TTCTGAAATG TTTCGCTCGC ATTACGAGCC TC-----
      ***** ** * * *****
1 : ATGAATCAT TTTCAGCTTT TTCTGAAATG TTTCGCTCGC ATTACGAGCC TC-----

53 : -AAGCAGCAG ATTATTTCCG GAGCTGCGC ACAAGAACCC GCGGGCCCGT
      ***** ** * * *****
61 : TCAGCCGCTG ATTACGAGCT GAGCTGCGC ACAAGAACCC GCGGGCCCGT

112 : AAGAGTTTC GTAGCATCC TCACCACATT TACAGCAGAC TTGTCAAAG AAATCCCGT
      ***** ** * * *****
121 : AAGAGTTTC GTAGCATCC TCACCACATT TACAGCAGAC TTGTCAAAG AAATCCCGT

172 : AAGTGGCTTT CTAAGTAGG AGAGCAAC AAAGAACCA GAAATGGCT CCGGACTTC
      ***** ** * * *****
181 : AAGTGGCTTT CTAAGTAGG AGAGCAAC AAAGAACCA GAAATGGCT CCGGACTTC

232 : CAAGCCGCTG AGATGGCAGC TCCTGTCTAC GAGTCCCTGT CATTAGCCCT CCGTGGCCGA
      ***** ** * * *****
241 : CAAGCCGCTG AGATGGCAGC TCCTGTCTAC GAGTCCCTGT CATTAGCCCT CCGTGGCCGA

292 : TCAGCAGTGT TCAATTTCCG TCAGTCCCTG TTGCCTGAC GAATCCCGGA GTCAGCATG
      ***** ** * * *****
301 : TCAGCAGTGT TCAATTTCCG TCAGTCCCTG TTGCCTGAC GAATCCCGGA GTCAGCATG

352 : GCGAAGGATA TCCAAAAGC GCGTCTGAA CCGCGCTTGC CTITTCAGA TGACAGCTGT
      ***** ** * * *****

```

【 2 - 8】

0009114

```

343 : TCAACATGCG CCAAGGATAT CCAAAAAGCG CCGCTGCGAG CCGGTTCCCG TTTTCAGAT
      *** * * * *
361 : ACTACTTTTC CTAGAGGAT TCAAGAGGT CCGTCTGAG CCGCAGCCG GTTTCAGAT

403 : GAGAC-----CTGTGA--TACAGCAGC AC-GATCA- TGCCCTGAG A-TGAGCAG
      *** * * * *
421 : GAGACTAGA CCGAGGATC TAAAAGTCCG GCGAGGACG ACGAGCCCG AGGGAGGGG

451 : ACGATGGTGT ACGTATTTA TACAGCCGA CAAGCAGGAG GTGCTTTTA TATGCAATG
      * * * *
481 : GTACGGGAG GCGAGAGAG GCGCAGAGAG CAGATGCTG GTCTTTTTA TATGATGAT

511 : GAGCAGATGT TTGGATGCC GACTTTGTT GATATATGT CTGAAGGACT GCCTTTACG
      *** * * * *
541 : GAGGCTGTTT TTGGATGCC GACTTTTGT GATATATGT CCGAGGAGAT GCCTTTACG

571 : CCGCGCTGTG TTCAATGGA TCAATAATTAT GAGCGGAGG GAGATGTTGA CGTGTGCTT
      ***** * * * *
601 : CCGCGGAGG TTGCTGGA TCAATA--AC GACTTTGAGG AGTGTGGTGA CGTGTGCTT

631 : TCGAGTT-----ACTAA
      *****
658 : TCGAGTTTTC ACGACTAA

+++++
Sequence 1       : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

Sequence 2       : DREB1E.nuc
Size            : 546
Matching Position : 1 - 546

Matching Condition.
Matches         : -1
Mismatchches    : 1
Gaps           : 1
#M             : 2

Matching Weight : 53.38 [X]
                  2

1 : ATGAATCAT TTTCAGCTTT TTCTGAAATG TTTCGCTCGC ATTACGAGCC TCAAGCGGA
      ***** * * * *
1 : ATG-----GAAA-----AGACCG AT-----ATCA CCGTCCCGGA

51 : GATTATTGTC CAGCTTGGC CAGGATGTT CCGAGAAC CCGCGGCGCC TAAAGATTT
      *** *
30 : CAT-----CA-----AG-----CG CCGAGGAGCG GAGATTTTC

121 : CCGTGTACTC GTACCCCAT TTACAGAGCA GTTCTGAAA CAACTCCGCG TAAATGCTT
      ***** ** * *
67 : AAGGAGACG GTACCCCAT TTACAGAGCG GTTCTGAAA CAACTCCGCG TAAATGCTT

181 : TCTGAGTGA GAGGCCAA CAAGAACG AGATTTGGC TTGCAGTTT CCAAAACCTT
      * * * *
127 : TCGAGATTC GTACCCCAT TTACAGAGCG GTTCTGAAA CAACTCCGCG TAAATGCTT

241 : GAGATGGAC CTCTGTCTA CCACTCCCT GATTAGCC CCGTGGCCG ATCAGCATG
      * * * *
187 : GATATGGCC CAGTGTCTA CCACTCCCT GATTAGCC CCGTGGCCG ATCAGCATG

```

【 2 - 7】

0009114

```

381 : GCGAAGAAA TCCAAAAGC GCGCGTGA CCGCGTTGA ATTTTCAGA TGAGATGTGT

412 : GATACGACA CGCAGATCA TTGCCTGAC ATTGAGAGA CGATGTTGA AGCTATTTAT
      *** * * * *
421 : CATTAGCAG CCGATCTCA TTCTTTCAG ATTGAGAGA CGCTGTTGA AGCTATTTAT

472 : ACACCGGAG AGAGGAGAG TTGCTTTAT ATGCATGAG ACACATTTT TGGATGTCC
      ***** ** * *
481 : ACACCGGAG AGAGGAGAG TTGCTTTAT ATGCATGAG AGGATGTTT TGGATGTCC

532 : ACTTTTGGG ATATATGCG TGAAGCATG CTTTTACCG CCGCTGCTG TCAATGAAAT
      * * * * *
541 : ACTTTTGGG ATATATGCG TGAAGCATG CTTTTACCG CCGCTGCTG TCAATGAAAT

592 : CATAATGAG AGAGGAGAG AGATGTTAG GTTGTCTTT GGATTTACTA A
      ***** ** * *
601 : TATAATTTG ATGCGAGCG AGATGTTAG GTTGTCTTT GGATTTACTA A

+++++
Sequence 1       : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

Sequence 2       : DREB1D.nuc
Size            : 673
Matching Position : 1 - 673

Matching Condition.
Matches         : -1
Mismatchches    : 1
Gaps           : 1
#M             : 2

Matching Weight : 68.88 [X]
                  -234

1 : ATGAATCAT TT--TCAGC TTTTCTGAA ATGTT-----GCGTCCA TTA-CGAC-
      ***** ** * * **
1 : ATGAATCAT TTACTCTAC ATTCGACAG TCGTTTCTT CAATCTGAGTGTGTGTTGTT

50 : -----CTC AAGCGGAGA TTATTTCCG ACGTGTGCGA CAGTTTCCG GAAGAACCG
      * * * *
61 : CCGTGTTCAG ACGATGTTGA GTTTTCCCA AAGTTACTT CAGTTTCCG AAGAACCGA

103 : CCGCGCGTA AAGATTTTC TGACATGCT CACCGAATT ACGAGAGACT TCGTGAAGA
      *** * *
121 : CCGCGGAGA AAGATTTTC TGACATGCT CACCGAATT ACGAGAGACT TCGTGAAGA

183 : ACTTCCGTA AAGTGGTTC TGAAGTAGA GAGCCAAACA AAGAACGAG GATTTGGCT
      *** * *
181 : AATTGTTCA AATGGTTC TGAAGTAGA GAGCCAAACA AAGAACGAG GATTTGGCT

223 : GCGACTTCC AAACCCGTA GATGCGACT CGTGTCCAG ACGTGTGTC ATTACGCTC
      ** * * *
241 : GCGACTTCC AAACCCGTA AATGCGCT CGTGTCCAG ACGTGTGTC ATTACGCTC

283 : CCGTCCGTA AAGTGGTTC CAATTTCCG GATGCTGTT CCGCGCTAC AATCCCGGAG
      ***** ** * *
301 : CCGTCCGTA AAGTGGTTC CAATTTCCG GATGCTGTT CCGCGCTAC AATCCCGGAG

```

【 2 - 9】

0009114

```

301 : CTCAGTCCG CAGCTGCGC TTGGCGCTA CCAATCCGCG AGTCAAC-A TGCGCAAG
      * * * *
247 : TTGAATTTT CCGATTTTC TTGGAGGTT CCGTCCCGCG CCGTCACTGA TCGGCACAG

359 : AT-ATCAAA AGCCGCTGC TGAAGCGCG TTGCTTTTC AGATG-AGA CCGTGTGAC
      * * * *
307 : ATCAAGCGCA-----CGGCCG CAGCAGCG--GAGATGTC ACGCCCGCG AGTTTAGTAC

417 : GAGCAGCAG AATCATGCC T-GGACATG AG--GAGC GATGTGGA GCAATTTATA
      * * * *
363 : AGGATTTAG--GTTTACCG TCAGCAGCTG AATTGACAG GTCGAGTGA G-----GAGT

473 : CACGCGAGA GAGCGAGCT GCGTTTATA TCGATGAGA GCAATTTTC GCGTCCGGA
      * * * *
417 : CCGTGGAA-----TGAATG GAG--GC TCGCGAGA GCGCTTATG TCGCGCGAA

533 : CTITTTGTA TAATATGCT GAAGCATGC TTTFACCCG CCGCTGCTT CAGTCAATC
      * * * *
467 : GATCTACTT TGAATA--T GAA-----TAC-----CAGTGTGA C-GTGACGA

599 : ATAATATGA CCGCGAGA GATGTTGAG TTGCGTTTC GAGTACTAA
      * * * *
507 : AGAATGTC- TTACCA-----GATT TGTACTTTG GAGTACTAA

+++++
Sequence 1       : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

Sequence 2       : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630

Matching Condition.
Matches         : -1
Mismatchches    : 1
Gaps           : 1
#M             : 2

Matching Weight : 56.23 [X]
                  -34

1 : ATGAATCAT TTTCAGCTTT TTCTGAAATG TTTCGCTCGC ATTACGAGCC TCAAGCGGA
      ***** * * * *
1 : ATGA--TAT GATGATATA TTT-----GCGGA

61 : GATTATTGTC CAGCTTGGC CAGGATGTT CCGAGAAC CCGCGGCGCC TAAAGATTT
      *** *
30 : CAT-----CA-----AG-----CG CCGAGGAGCG GAGATTTTC

121 : CCGTGTACTC GTACCCCAT TTACAGAGCA GTTCTGAAA CAACTCCGCG TAAATGCTT
      ***** ** * *
67 : AAGGAGACG GTACCCCAT TTACAGAGCG GTTCTGAAA CAACTCCGCG TAAATGCTT

181 : TCTGAGTGA GAGGCCAA CAAGAACG AGATTTGGC TTGCAGTTT CCAAAACCTT
      * * * *
127 : TCGAGATTC GTACCCCAT TTACAGAGCG GTTCTGAAA CAACTCCGCG TAAATGCTT

241 : GAGATGGAC CTCTGTCTA CCACTCCCT GATTAGCC CCGTGGCCG ATCAGCATG

```


【 2 - 1 4 】

0009114

1 : ATGATCCAT TTTACTCTAC ATTCCGACG TGGTTCCTT CAATCTCGA TCATAGATCT
 1 : ATG-----GA-----T-----ATCA

61 : CGGTTCAG ACAGTAGTA GTGTTCACCA AAGTAGCTT CAAGTTGTC AAGAAGACA
 20 : CC-CTGGCG A-----GA-----GAAG-----CC AAGAAGCGT

121 : GCTGGAGCA AGAAGTTTC TGAGACAGT CATCCGATT ACAGAGAGT TCGTCAGAG
 49 : GCTGGAGCA GATTTTAA GAGACAGT CACCCATC ACAGAGAGT CCGGCGTAG

181 : AATTCTGTA AATGGTTTC TGAAGTACA GAGCTAATA AGAATCTAG GATTGGTTA
 109 : GAGGAGTAC AATGGTATC GAGAGTCTT GAGGAGTAC AATGGTATC GAGGAGTAC

241 : GGTACTTTC GAGGAGTAC AATGGTCTT GAGGAGTAC AATGGTCTT TTTAGTCTT
 169 : GAGGAGTAC GAGGAGTAC AATGGTCTT GAGGAGTAC AATGGTCTT TTTAGTCTT

301 : GGTGGTCTT GGTGGTCTT CAATTGGCT GATTCTGCT GGGGCTTCG TATTCTGAG
 229 : GGGGAGAT GGGGAGT GATTCTGCT GATTCTGCT GGGGAGT GGGGAGT

361 : ACTACTGTC CTAGAGGAT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT
 289 : TCCACTGTC CTAGAGGAT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT

421 : GAGACTGTC CTAGAGGAT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT
 345 : -----GCTGGAGT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT

481 : GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT
 393 : GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT

541 : GGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT
 605 : GGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT

601 : GGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT
 494 : -----TGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT

661 : AGTTTGGC AGTAA
 538 : AGT-----ACTAA

+++++

Sequence 1 : DREB1D.nuc
 Size : 675
 Matching Position : 1 - 675

Sequence 2 : DREB1F.nuc
 Size : 630
 Matching Position : 1 - 630

Matching Condition.

【 2 - 1 6 】

0009114

Matching Position : 1 - 546

Sequence 2 : DREB1F.nuc
 Size : 630
 Matching Position : 1 - 630

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2

Matching Weight : 89.26 [X]
 Weight : -221

1 : ATGAAAGC ACATATCAC CTTGGCGAG ATCAAGCA AGAGCGCTC TGGAGGAG
 1 : ATGAAAGC ACATATCAT TTTGGCGAG ATCAAGCA AGAGCGCTC TGGAGGAG

61 : ATTTTCAAG ACAGAGTCA CCAATCTAC AGAGCGCTC GGGTACGCA CCGGCAAAA
 61 : ATTTTCAAG ACAGAGTCA CCAATCTAC AGAGCGCTC GGGTACGCA CCGGCAAAA

121 : TGGGATGCG AAGTCTGTA ACCATCTAC CAGGCTGAG TCGGCTGCG AACTTATCC
 121 : TGGGATGCG AAGTCTGTA ACCATCTAC CAGGCTGAG TCGGCTGCG AACTTATCC

181 : AGGGAGATA TGGGCGAGC TGTCTACAC GTGGCGCTT TTTCTGCG CCGGAGATCC
 181 : AGGGAGATA TGGGCGAGC TGTCTACAC GTGGCGCTT TTTCTGCG CCGGAGATCC

241 : GGTGGTTCG AATTTCCCA TTTCTGCG AAGTCTGAG TGGGCTGCG AACTTATCC
 241 : GGTGGTTCG AATTTCCCA TTTCTGCG AAGTCTGAG TGGGCTGCG AACTTATCC

301 : GAGGAGTCA GGGGAGTCC GGGGAGTCA GGGGAGTCC TCAAGCGCC GAGTATTAG
 301 : GAGGAGTCA GGGGAGTCC GGGGAGTCA GGGGAGTCC TCAAGCGCC GAGTATTAG

369 : TACAGAAAT ACGGTTTTC CTGTGCGG CAGGAGTCT GATTGGCTT TTTGTTGCG
 369 : AAGTGAAT ACGGTTTTC CTGTGCGG CAGGAGTCT GATTGGCTT TTTGTTGCG

397 : -----GACA-----GCT-CCGAT-----
 420 : TTTGGCTCT GATTGGAT GGGGAGTCA CAATCTCT TCTATGAT TTTGAGATA

409 : -GAGGAGTCT GGTGGAGT TGTATGCT CCGGAGTCC CCGTGTAT CCGGCGAAG
 480 : GAGGAGTCT TCAAGAGTCA TGTATGCT CCGGAGTCC CCGTGTAT CCGGCGAAG

468 : ATGATAT-TCATATCA-----ATACAG TGTGTACT GAGGAGAA TGTGTATCA
 540 : ATGATATCA GAGGAGTCA CTTCTACTA TTTTACTCA GAGGAGAA TGTGTATCA

522 : AGATTTGTC CTTTGGAT AC-----TA A
 600 : AGATATGTC TTTTGGAT AGCATATTA A

【 2 - 1 5 】

0009114

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2

Matching Weight : 54.92 [X]
 Weight : -24

1 : ATGATCCAT TTTACTCTAC ATTCCGACG TGGTTCCTT CAATCTCGA TCATAGATCT
 1 : ATGAT-----AAT-----GA TATATATT

61 : CGGTTCAG ACAGTAGTA GTGTTCACCA AAGTAGCTT CAAGTTGTC AAGAAGACA
 22 : CTGG-----CGG AGA-----TGA-----GGCC TAAAGAGCT

121 : GCTGGAGCA AGAAGTTTC TGAGACAGT CATCCGATT ACAGAGAGT TCGTCAGAG
 49 : GCTGGAGCA GATTTTAA GAGACAGT CACCCATC ACAGAGAGT CCGGCGTAG

181 : AATTCTGTA AATGGTTTC TGAAGTACA GAGCTAATA AGAATCTAG GATTGGTTA
 109 : AAGGAGTAC AATGGTATC GAGAGTCTT GAGGAGTAC AATGGTATC GAGGAGTAC

241 : GGTACTTTC GAGGAGTAC AATGGTCTT GAGGAGTAC AATGGTCTT TTTAGTCTT
 169 : GAGGAGTAC GAGGAGTAC AATGGTCTT GAGGAGTAC AATGGTCTT TTTAGTCTT

301 : GGTGGTCTT GGTGGTCTT CAATTGGCT GATTCTGCT GGGGCTTCG TATTCTGAG
 229 : GGGGAGAT GGGGAGT GATTCTGCT GATTCTGCT GGGGAGT GGGGAGT

361 : ACTACTGTC CTAGAGGAT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT
 169 : GGGACTTTC CTAGAGGAT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT

421 : GAGACTGTC CTAGAGGAT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT
 345 : -----GCTGGAGT TCAGAAAGT GGTGGTCTG CTGAGAGT GTTTCTGAT

481 : GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT
 393 : GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT GGTGGAGT

541 : GGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT
 605 : GGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT

601 : GGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT
 494 : -----TGGGCTTT TGGGCTTC CAATTGCT GAGGAGT GGGGCTTT GGGGCTTT

661 : AGTTTGGC AGTAA
 538 : AGT-----ACTAA

+++++

Sequence 1 : DREB1E.nuc
 Size : 546

【 3 - 1 】

0046368

[GENETYX-MAC: Maximum Matching]
 Date : 2003.03.03

+++++

Sequence 1 : DREB1A.a
 Size : 216
 Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREB1B.a
 Size : 214
 Matching Position : 1 - 214

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2

Matching Weight : 85.78 [X]
 Weight : -148

1 : MMSFAFSEM FGSVSESSV SGGDYIPLA SSCPKPKR KFRRETRPI YRVRNRNSG
 1 : MMSFAFSEM FGSVSESSV SGGDYIPLA SSCPKPKR KFRRETRPI YRVRNRNSG

61 : KWVEVREP KTRIVLGF QTAEMARAH DVALALRGR SACLNFADA WRLRPESTC
 58 : KWVEVREP KTRIVLGF QTAEMARAH DVALALRGR SACLNFADA WRLRPESTC

121 : AKDIQAAAE ALAFQDQEC D-ATTNFDG MEETLVEAVI TQSGSEAFY WDETFMFP
 118 : AKDIQAAAE ALAFQDQEC D-ATTNFDG MEETLVEAVI TQSGSEAFY WDETFMFP

180 : SLLNMAEGL LPLPSVQRN HNHVEQDGD DYSLSEY-
 178 : TLLNMAEGL LPLPSVQRN HNHVEQDGD DYSLSEY

+++++

Sequence 1 : DREB1A.a
 Size : 216
 Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREB1C.a
 Size : 212
 Matching Position : 1 - 212

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2

Matching Weight : 85.70 [X]
 Weight : -154

1 : MMSFAFSEM FGSVSESSV SGGDYIPLA SSCPKPKR KFRRETRPI YRVRNRNSG
 1 : MMSFAFSEM FGSVSESSV SGGDYIPLA SSCPKPKR KFRRETRPI YRVRNRNSG

61 : KWVEVREP KTRIVLGF QTAEMARAH DVALALRGR SACLNFADA WRLRPESTC
 58 : KWVEVREP KTRIVLGF QTAEMARAH DVALALRGR SACLNFADA WRLRPESTC

【 3 - 2 】

0046368

61 : KWVCEVREPN KXTRINLGTIF QTAEAMARAH DVAALALRGR SACLNPFADSA WRLRIPESTC
 121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC DATTO-HGFD MEETVEAYI TAESEGFAYI HDEAFWEPNS
 121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC HMTTDAHGLD MEETVEAYI TPEQSDAFY HDEAFWEPNS

180 : SLLDMWAEGL LPLSPVQWNI HNEVDGDD DVLSLWS-
 181 : SLLDMWAEGL LPLSPVQWNI YNFVQEG-DD DVLSLWSY

++++

Sequence 1 : DREBIA.aa
 Size : 216
 Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREBID.aa
 Size : 224
 Matching Position : 1 - 224

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2
 Matching : 65.04 [%]
 Weight : -56

1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYEP QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI HPIYGVQROR
 1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYEP QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI HPIYGVQROR

58 : NSGKWVCEVR EPNKKXTRINL GTIFQTAEAMA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE
 61 : NSGKWVCEVR EPNKKXTRINL GTIFQTAEAMA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE

118 : STCAKDIOKA AEAALAFQD ENCDDATTING FDMEEVLV-- --AIYTA QSENAFYWID
 121 : TTPCKEIQKA ASEAMAFON ETTEGSKTA AEAEEAAGEG VREGEENRAE QNGCVFYMD

173 : EAMFEMPSLL ANMAEGMLLP LPSVQWNIH VEGDDDDVS LWS-Y
 181 : EALLQWPNFF ENMAEGMLLP PPEVQWNIH -DFVQGVDS LWSFDE

++++

Sequence 1 : DREBIA.aa
 Size : 216
 Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREBIE.aa
 Size : 181
 Matching Position : 1 - 181

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2
 Matching : 45.87 [%]
 Weight : 32

【 3 - 3 】

0046368

1 : MNSFSAFSEM FGSQYESSYS QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVQRORNSG
 1 : M-----ENDDI-TVA EMCKPKRAGR RIFKRETRHPI YGVQRORNSG

61 : KWVCEVREPN KXTRINLGTIF QTAEAMARAH DVAALALRGR SACLNPFADSA WRLRIPESTC
 40 : KWVCEVREPT HQRVILGTIY PTAEMARAH DVAALALRGR SACLNPFADSA WRLRIPASTD

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC DATTOHGFDM EETVEAYIY AEGSEAFYH HDEAFWEPNS
 100 : PDTIRRTAAE AA-----EM-----FRP PE--FSTGIT VLPSAEFDT SDEGVAGMMH

181 : LLAEMAEGL LPLSPVQWNI HNEVD--GDD DVLSLWSY
 145 : RLA-EEPLMS PPSYIDMNT SVYDQEMCY EDLSLWSY

++++

Sequence 1 : DREBIA.aa
 Size : 216
 Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREBIF.aa
 Size : 209
 Matching Position : 1 - 209

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2
 Matching : 43.81 [%]
 Weight : 42

1 : MNSFSAFSEM FGSQYESSYS QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVQRORNSG
 1 : M-----ENDDI-LA EMCKPKRAGR RIFKRETRHPI YGVQRORNSG

61 : KWVCEVREPN KXTRINLGTIF QTAEAMARAH DVAALALRGR SACLNPFADSA WRLRIPESTC
 40 : KWVCEVREPT HQRVILGTIY PTAEMARAH DVAALALRGR SACLNPFADSA WRLRIPESND

121 : AKDIQKAAAE AALAF--QDE MCDAT--TDH GFDMEEVLV AITYAEQSE--WAFYWDEA
 100 : PDVIRVIAAE AAEERFDVL ESGITVLPDA QDDVLDGFS GSSSSGSEE RNSSSYGFQD

175 : MFEPSLLAN MAEGMLLP-----SVQW HNEVDGDD DVLSLWS-Y
 180 : YEEVSTNMR LAEGPLSPP RSYNEMTPT NYVTEEMCY EDLSLWSY

++++

Sequence 1 : DREBIB.aa
 Size : 213
 Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREBIC.aa
 Size : 217
 Matching Position : 1 - 217

【 3 - 4 】

0046368

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2
 Matching : 86.18 [%]
 Weight : -153

1 : MNSFSAFSEM FGSQYESSYS QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVQRORNSG
 1 : MNSFSAFSEM FGSQYESSYS QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVQRORNSG

58 : KWVCEVREPN KXTRINLGTIF QTAEAMARAH DVAALALRGR SACLNPFADSA WRLRIPESTC
 61 : KWVCEVREPN KXTRINLGTIF QTAEAMARAH DVAALALRGR SACLNPFADSA WRLRIPESTC

118 : AKDIQKAAAE AALAFQDETC DITTTNGLD MEETVEAYI TPEQSEGFAYI HDEAFWEPNS
 121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC HMTTDAHGLD MEETVEAYI TPEQSDAFY HDEAFWEPNS

178 : TLLDMWAEGL LPLSPVQWNI HNEVDGDD DVLSLWS-
 181 : SLLDMWAEGL LPLSPVQWNI YNFVQEG-DD DVLSLWSY

++++

Sequence 1 : DREBIB.aa
 Size : 213
 Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREBID.aa
 Size : 224
 Matching Position : 1 - 224

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2
 Matching : 65.93 [%]
 Weight : -56

1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYEP QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI HPIYGVQROR
 1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYEP QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI HPIYGVQROR

55 : NSGKWVCEVR EPNKKXTRINL GTIFQTAEAMA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE
 61 : NSGKWVCEVR EPNKKXTRINL GTIFQTAEAMA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE

115 : STCAKDIOKA AEAALAFQD ETQDITTTN CLMEE--Y WVE--AIYTP QSEGAFYWID
 121 : TTPCKEIQKA ASEAMAFON ET-TTEGSKT AEAEEAAGEG VREGEENRAE EONGCVFYMD

170 : EETN-DMPTL LDMWAEGL LPLSPVQWNIH VEGDDDDVS LWS-Y
 180 : DEALLQWPNFF ENMAEGMLLP PPEVQWNIH -DFVQGVDS LWSFDE

【 3 - 5 】

0046368

++++

Sequence 1 : DREBIB.aa
 Size : 213
 Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREBIE.aa
 Size : 181
 Matching Position : 1 - 181

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2
 Matching : 44.95 [%]
 Weight : 34

1 : MNSFSAFSEM FGSQYEPQGG DYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVQRORNSG
 1 : M-----E NDDI-TVAEMCK PKRAGR RIFKRETRHPI YGVQRORNSG

61 : SEVREPKKKT RIVLGTIYFTA EMAARAHVA ALALRGRSAC LNFA DSANRL RIPESTCAKO
 43 : CEVREPKRQR RVILGTIYFTA DMAARAHVA VIALRGRSAC LNFA DSANRL PVPASTDPTD

121 : IQKAAEAAL AFQDQDITTT TTNGLDNEE TWVEAYIYTP QSEGAFYWIDE ETNFWPTLL
 103 : IRRITAAEAE MFRPPEFSTG IT-----VLPS ASE--FDTSD EGVAGMMHRL

181 : DWAEMAEGL PPSVQWNIH --YQEG-DD DVLSLWSY
 147 : --AEPLMS PPSYIDMNT SVYDQEMCY EDLSLWSY

++++

Sequence 1 : DREBIB.aa
 Size : 213
 Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREBIF.aa
 Size : 209
 Matching Position : 1 - 209

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #M : 2
 Matching : 43.72 [%]
 Weight : 43

1 : MNSFSAFSEM FGSQYEPQGG DYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVQRORNSG
 1 : M-----NDDI-LAEMCK PKRAGR RIFKRETRHPI YGVQRORNSG

61 : SEVREPKKKT RIVLGTIYFTA EMAARAHVA ALALRGRSAC LNFA DSANRL RIPESTCAKO
 43 : CEVREPKRQR RIVLGTIYFTA DMAARAHVA VIALRGRSAC LNFA DSANRL PVPESNDPV

121 : IQKAAEAAL AF--QDQTC DITTTNGLD MEETVEAYI TPEQSE-- --GAFYWIDE

【 3 - 6 】

```

0046368
103 : IRIYVAEAE MFRPVDLGS ITVLPCAGD VDLGFGSSG SSGSSEERS SSVYGFQDYE
172 : TFGMPTLLD MNAEGMLLP P-----SVC MHNRYDGE-G GDVLSLMS-Y
163 : VSTWMLR-----ASGLMSP PASYNMEDPT TWNYTEENC YEDWLSVSR Y

```

```

+++++
Sequence 1      : DREB1C.aa
Size           : 216
Matching Position : 1 - 216
Sequence 2      : DREB1D.aa
Size           : 224
Matching Position : 1 - 224

```

```

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N#          : 2
Matching      : 65.33 [X]
Weight       : -59

```

```

1 : MNSF-SAF-- SEMFGDYES PVSSGDYSP KLATSKPKR GRKRFRETR HPYRGVRQR
  * * * * *
1 : MNPYSTFPD SFLSISDHRG PVSSDSECP KLASSCKKR GRKRFRETR HPYRGVRQR

```

```

58 : NSCKWYCELR EPNKRIRIWL GTFQAEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
  * * * * *
61 : NSCKWYCEVR EPNKRIRIWL GTFPTVEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE

```

```

118 : STCAKEIQA AEAALNFQ--DEKHWI TDAGLWEE TLVEAIYTP EQSDAFYMD
  * * * * *
121 : TTPCKEIQKA ASEAMAFON ETTEGSKTA AEAEEAAGEG VREGERRAE QNGVYFMD

```

```

174 : EAMLGMSSLL DNMAEGMLP SPVSNYVNF DYEGDDVSL MS-Y
  * * * * *
181 : EALLGMNFF ENMAEGMLP PVEGVNHN--DFDGVGVSL NSFDE

```

```

+++++
Sequence 1      : DREB1C.aa
Size           : 216
Matching Position : 1 - 216
Sequence 2      : DREB1E.aa
Size           : 181
Matching Position : 1 - 181

```

```

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N#          : 2
Matching      : 43.24 [X]
Weight       : 42

```

【 3 - 8 】

```

Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N#          : 2
Matching      : 42.17 [X]
Weight       : 50

```

```

1 : MNPYSTFPD SFLSISDHRG PVSSDSECP KLASSCKKR GRKRFRETR HPYRGVRQR
  * * * * *
1 : MENDDIT-----LAEMPKKR GRKRFRETR HPYRGVRQR

```

```

61 : NSCKWYCEVR EPNKRIRIWL GTFPTVEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
  * * * * *
37 : DGCKWYCEVR EPTIQRRIWL GTPYADAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLPIPA

```

```

121 : TTPCKEIQKA ASEAMAFON ETTEGSKTA AEAEEAAGEG VREGERRAE QNGVYFMD
  * * * * *
97 : STDPTIRRT AEAALNFQ-----RPPSTGIT V-LPSASE-----FDTSD

```

```

181 : EALLGMNFF ENMAEGMLP PVEGVNHN--DFDGVGVSL NSFDE
  * * * * *
137 : EGVAQM--M MRLAEPLMS PPKSYIDNT SVYDEENCY EDLSLMS-Y

```

```

+++++
Sequence 1      : DREB1D.aa
Size           : 224
Matching Position : 1 - 224
Sequence 2      : DREB1F.aa
Size           : 209
Matching Position : 1 - 209

```

```

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N#          : 2
Matching      : 42.13 [X]
Weight       : 49

```

```

1 : MNPYSTFPD SFLSISDHRG PVSSDSECP KLASSCKKR GRKRFRETR HPYRGVRQR
  * * * * *
1 : MN-----NDI ILAEMPKKR GRKRFRETR HPYRGVRQR

```

```

61 : NSCKWYCEVR EPNKRIRIWL GTFPTVEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
  * * * * *
37 : NSCKWYCEVR EPTIQRRIWL GTPYADAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLPIPE

```

```

121 : TTPCKEIQKA ASEAMAFON ETTEG--SK TAAGEAAGEG EGVRG-ERR AEEQNGVYF
  * * * * *
97 : SMDPVIHVR AEAALNFQ VLESIGITVL PCAGDVLG FGSOGSSG SEERNSSYG

```

```

178 : MDEALLGMN PPNENMAGN LLPPP-----E VGVNHN--DFDGVGVSL NSFDE
  * * * * *
157 : FGD--YEEVS TTMRLAEGP LMSPPRSYME DMTPTNYTTE EEMCYEDMSL NSYR

```

+++++

【 3 - 7 】

```

0046368
1 : M-HSFAFSE MFGDYESPV SSGDYSPKL ATSCPKRAG RKRFRRETRP IYRGVRRMS
  * * * * *
1 : MENDDITAE-----MFKKRRG RRIKFRTRP IYRGVRRAG

```

```

60 : DKWYCELR EPNKRIRIWL GTFQAEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
  * * * * *
39 : DKWYCEVR EPNKRIRIWL GTFQAEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLPIPA

```

```

120 : CAKEIQA AEAALNFQ--DEKHWI TDAGLWEE TLVEAIYTP EQSDAFYMD
  * * * * *
99 : DPTIRRTAA EAA-----EM FRPPEFSTG-----ITVLPASEP DTSDEGVAGM

```

```

180 : SLLDNMAEG MLPSVSNVW NYNFVDED-----DVLSL SY
  * * * * *
143 : MNML--AEE PLMSPRSYYI DMNTSVYDE EEMCYEDMSL SY

```

```

+++++
Sequence 1      : DREB1C.aa
Size           : 216
Matching Position : 1 - 216
Sequence 2      : DREB1F.aa
Size           : 209
Matching Position : 1 - 209

```

```

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N#          : 2
Matching      : 41.88 [X]
Weight       : 52

```

```

1 : MNSFSAFSEM FGSDYSPV SGGDYSPKLA TSCPKRAG RKRFRRETRP IYRGVRRMS
  * * * * *
1 : MN-----MDDILLA EMRPKRGR RKRFRRETRP YRGVRRAG

```

```

61 : KWYCELR EPNKRIRIWL GTFQAEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
  * * * * *
40 : KWYCEVR EPNKRIRIWL GTFQAEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLPIPA

```

```

121 : AKEIQA AEAALNFQ--DEKHWI TDAGLWEE TLVEAIYTP EQSDAFYMD
  * * * * *
100 : POVIRVAE AEMFRPVDLGS ITVLPCAGD VDLGFGSSG SSGSSEERS RNSVYGFQD

```

```

172 : DEEALGMSS LLDNMAEGMLPSP-----SVQNYVNF YEGDDVSL MS-Y
  * * * * *
160 : YEEVSTWMLR-----ASGLMSP PASYNMEDPT TWNYTEENC YEDWLSVSR Y

```

```

+++++
Sequence 1      : DREB1D.aa
Size           : 224
Matching Position : 1 - 224
Sequence 2      : DREB1E.aa
Size           : 181
Matching Position : 1 - 181

```

```

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N#          : 2
Matching      : 69.38 [X]
Weight       : -71

```

```

1 : MENDDITAE MFKKRRG RKRFRRETRP IYRGVRRMS
  * * * * *
1 : MNDIDILAE MFKKRRG RKRFRRETRP IYRGVRRMS

```

```

61 : TADMAAHD VAVLALRGRS ACLNFSAN RLPVPESTDP DTIRRTAAE AEMFRPPEFS
  * * * * *
61 : TADMAAHD VAVLALRGRS ACLNFSAN RLPVPESTDP DVIRVAEAE AEMFRPVDL

```

```

121 : TGITVLP-----SASEP TS-----D EGVAQMRL AEMFRPPEFS
  * * * * *
121 : SGITVLPAG DDDVDFGSG SSGSSEERS NSVYGFQY EYVSTWMLR AEMFRPPEFS

```

```

157 : ST-IDM-NTS VYDEENCY DLMSLMS-Y
  * * * * *
181 : SYEMDPTN VYDEENCY DLMSLMS-Y

```

【 3 - 9 】

```

Sequence 1      : DREB1E.aa
Size           : 181
Matching Position : 1 - 181
Sequence 2      : DREB1F.aa
Size           : 209
Matching Position : 1 - 209

```

```

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N#          : 2
Matching      : 69.38 [X]
Weight       : -71

```

```

1 : MENDDITAE MFKKRRG RKRFRRETRP IYRGVRRMS
  * * * * *
1 : MNDIDILAE MFKKRRG RKRFRRETRP IYRGVRRMS

```

```

61 : TADMAAHD VAVLALRGRS ACLNFSAN RLPVPESTDP DTIRRTAAE AEMFRPPEFS
  * * * * *
61 : TADMAAHD VAVLALRGRS ACLNFSAN RLPVPESTDP DVIRVAEAE AEMFRPVDL

```

```

121 : TGITVLP-----SASEP TS-----D EGVAQMRL AEMFRPPEFS
  * * * * *
121 : SGITVLPAG DDDVDFGSG SSGSSEERS NSVYGFQY EYVSTWMLR AEMFRPPEFS

```

```

157 : ST-IDM-NTS VYDEENCY DLMSLMS-Y
  * * * * *
181 : SYEMDPTN VYDEENCY DLMSLMS-Y

```


【 4 - 1 3 】

```

Sequence 2 : DREB2B.nuc
Size : 921
Matching Position : 1 - 621
Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
N/A : 2
Matching : 43.12 [%]
Weight : 231

1 : ATGGCTGTAT ATGAAACAAC CGGAACCCAG CAGCCCGAGA AAGGAATTC TAGGCCCTGA
2 : ATGC-----ATC C-----ATAGAG C-----CA AAGAGTA-----
61 : CGAGCTGGT TAACGCTGC TGATAGCTA AAGAGTGA AAGATAGAA CGAGATTGT
26 : -TGATGGT -CGT-CC TAAT- AAGAA-----ACAA CCA-AGCTTC
121 : CAGCTTCGG CTGTTAAGA ASGAGCAAA CCGAACCAG AACTCTCCG GAAGGCTCG
61 : CAGGCT-----AGT-----TCG
181 : AAGAAAGTT GATGAGGC TAAAGAGCA CGAGATAAT CTCACCTAG TTTTAGGCA
73 : AGAAGGTT GATGAGGC AAGAGTGA CCGATACG CCGTCTGCAC TTACAAGGT
241 : GTTAGCAAA GATTTGGG TAAATGGTT CGAGATTC GAGAGCCAA AATAGACT
133 : GTTAGCAAC GCATTTGGG CAATTTGGT CTGAGATC GGAACCTAA CCGAGAGCT
301 : AGACTTGGG TTGACTTT TCGTACCGG GAAGAACTG CTTCGGCTA TGATGAGCG
361 : GCTACCGTA TGACGGTC ATTTGGCTT CTAATCTCG CTCACCTGT TGGCTCGAG
253 : GCTGTAGAG TGTATGGG TGAGTGTAT CTCACCTCC CTGACT-CT TAG--AG
421 : TT-TACTAGT AGCTTAGTC AATCTAGT GTTAGAGTT GAAATAGAG CGGTTTGT
309 : TTACCTAAA AGGC--GC -CTCTCCGC CTCCAGCT -ACACAG CAGCAACCC
480 : TGCTGATTT TGTTGAGC ATGAGATAC TGATTTGCA TGTATGACT -TTAGTCAG
364 : GGTGAAA-----AGC A-CCAG-----GACTCTGC TG--GGCT GTTCATCCA
539 : TTTAGATGT TAGAGAGAG TCGTTGAAA CAGAGCCGA CAGTCCGAG GTTGCATC
49 : -CGAGTGT CA-----TCATGTGAA -GATGA CAG--AG G-AGATATC
599 : AAGATGAA TCTTGGCT AATACACT TCGTGTAGA GTTAGGAC CAGTATTGG
447 : ATGCA-CA T-----ATA AAGTGTAT TCGGCTAAT GATC-----ATTCT--
659 : GCAAGTTT CAGAGAAA GAAACCGA AGCAGGAA AGAGGATA CAGCAACGC
491 : -CA--TAT G-----GAGAA-----

```

【 4 - 1 4 】

```

0010181
719 : AACAGAAC CAACAGCA CAGCTGCAAC CGGATTGCT TACTGTGCA GATTACGTT
504 : -----AGCTACA-----TGTC-----TTA-CAAT
779 : GCGCTGGTC TAATGATTT GTAATGATC AGACTCTTG GATCTCAAT GAGTCTTG
524 : TCCATGGGT TCATCA--A GAGATAATG ATATTTCGG G-----TTTG
839 : ATATTATGA ACTGCTGGA GATTGATG AGCTGCTCC CCATCAGAG CAGACAAA
586 : ATA-----CTG--TATT-----CCCG-----
899 : ACAGCTAAA TTCTGATG TATGATTG ATCGCTTCA TCTGAGCCA CAGCATGTC
582 : -----TGCTAT TCAATGGG ATTCCTTCA T-TC--CC-----C
959 : ACAGTCAA TGCTTGTG TCTCTGATA TTGCA
615 : AC-----TTTCA-----
+++++
Sequence 1 : DREB2B.nuc
Size : 993
Matching Position : 1 - 993
Sequence 2 : DREB2E.nuc
Size : 725
Matching Position : 1 - 735
Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
N/A : 2
Matching : 48.22 [%]
Weight : 140

1 : ATGG--CTG TATATGACA AACCGAGCC GAGGAGCCA AAGAAAGAA ATCTAGCCT
1 : ATGAAAGAG AGAT-AGC GATCCAAACA GAG-TCCTC TGCTCTCG--TTGA-TGCT
58 : CGAGCAGTG GTTAAAGCT GCGTATAGG CTAARAGAT GAAAGAGTA CAGCAGAT
56 : CGAG-AGAC GAAGAGAGT GGTTCG--G C-----CAGI GSA-----AGCAGCTT
118 : GTTACGCTT CCGCTGTTA AAGAGCA-- GAGAAACGA AAGCAAAAT TCGTCCGAA
99 : ACACA-CAT CGAGAG--A AAGAGATTC GCGAGAGC--TGTAGGT TCAGACAAA
175 : GCGTCAAGA AAGCTGTAT GAGGCTAAA GAGAGCAGC AATATTCTCA CTGATGTT
151 : GCTTCAAGA AAGCTGTAT GAGAGAAA GAGCAGCAGC AAGATCTGTI TTGCTGTT
235 : AGAGAGTGA GACAAGAGT TTGGCTAAA TGGGTTCCG AGATTGACA ACC-----
211 : AGAGCTTTC GACAAGAGT TTGGGAAA TGGGTTCTC AGATAGTGA ACCAGCAGT
288 : -----G AAA--TAG -GACTA--GACTTGGG TTGACTTT TCGTACGGG
* * * * *

```

【 4 - 1 5 】

```

0010181
271 : CAGGCTGGT CAACCTAGT TGTATGAAA CCGCTTTGG TGGCAGCTT TGCTACTGA
331 : GAAAGCTG CTTCGGCTA TGATGAGGC GTCACGCTA TGACGGTTC ATTTGGCTG
331 : GTCAGAGCT CTTCGGCTA CAGAGAGCT GTCACGCTA TGACGGTCC GATTCGGAG
391 : CTAACTTCC CTACCTGTG TGGTCTGAG TTACTAGTA CTTCTAGCA ATCTGAGTG
391 : TTAATTTCC CCGAGAT-T TGGTGGGG-----AAGCA AG-A A-----
461 : TGACGGTTC AAGATAGCC GGTGTTTGT GGTGATGTT GTTGTAGCA TGAAGACT
429 : -GCAC-----AGAGGC GG-----AAATG-----CG GGAGCTATT
511 : GATTGCAAT CTAATCATT TAGCAGAT TTAGATGTA CAGAGACTC TTGTGCAAC
461 : GCTT-AAA GTAA-CA--AAGCCG--TA-ATG-----CGTG AT-TGAA-----
571 : AGCGCGACA GTTCAAGGT TGCAATCAA GA-TATGAT TCTTCCGTA ATTACATTT
500 : -----CGCA-----AGG TGG--AAA GACTATGAG TCTAC--A ATGAGA-C
630 : GCTTTAGG TTGAGAGC AGTATGGG CCAAGTTTC CAGAGAGAG AAGAACGAA
538 : GCT-----ATTGAG-----TT-GG CCA-----TG--ACAGACTC AAGATCTAT
690 : CGAGGAGAA GAGAGACTA AGCAACGA ACAGAACAG CACAGCAC AGCTGCAAC
578 : G-----ACTGATA TGAATAG--TGAC--CCAGCA--GTGAMTC
750 : GAAATGCTT ACTGTTGAG ATTACGGTT GCTTGGCTT AATGATATT TAAATGCA
612 : AGA-----GGAG GTTACAG-----CT-----ATGATC-
810 : GACTTCTGG GATCCATAGT AGCTGTTGA TATTAATGA CTCCTGGAG ATTGATGA
635 : -GATCAAA-----TTGGA T-----AA CCGATGTTG -TATATGA
870 : ACCGCTGCC CAGCAGCC ABAGCAAAA CCACTAAAT TCGTATTT ATGATGCA
869 : ACCT-----GAA-----GC
930 : TCCGCTCAT CTGAGGAC AGCTGCTCA CAGTCAAT GCTTGGATT CTTGATAT
679 : TCCGCT-AT CAGCAGCA--GCTGATT CCA-TTC-AT ATTTGATTA TTGAGAT-T
990 : TTGA
732 : CTAG
+++++
Sequence 1 : DREB2B.nuc
Size : 993
Matching Position : 1 - 993
Sequence 2 : DREB2F.nuc
Size : 834
Matching Position : 1 - 834
Matching Condition.

```

【 4 - 1 6 】

```

0010181
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
N/A : 2
Matching : 48.46 [%]
Weight : 138

1 : ATGGCTGTAT ATGAAACAAC CGGAACCCAG CAGCCCGAGA AAGGAATTC TAGGCCCTGA
1 : ATGC-----ATC C-----ATAGAG C-----CA AAGAGTA-----
61 : CGAGCTGGT TAACGCTGC TGATAGCTA AAGAGTGA AAGATAGAA CGAGATTGT
18 : GAGCTTCGG CTGTTAAGA ASGAGCAAA CCGAACCAG AACTCTCCG GAAGGCTCG
28 : -TG--GA AG-----A AGGCTCTCG
181 : AAGAAAGTT GATGAGGC TAAAGAGCA CGAGATAAT CTCACCTAG TTTTAGGCA
48 : -----GG TAAAGGGGT CCGCAACGC CTCTTCTCA GTACCGTGA
241 : GTTAGCAAA GATTTGGG TAAATGGTT CGAGATTC GAGAGCCAA -AATAGCA
91 : GTTAGCAAA GCATTTGGG CAATTTGGT CTGAGATC GAGAGCCAA CAGAGAG-CC
300 : TAGACTTGG CTTCGACTT TTGCTACCG GAAAGAGCT GCTTCCCTT ATGATGAGC
160 : AAGACTTGG CTTCGACTT TCGCTACAG TGAAGAGCA CACTAGGCTT ATGATGAGC
360 : GGTACGCTT ATGAGGTT CATTGGCTG TCTTACTTC CCTCAGCTG TTGGGCTGA
210 : TGGCTGAAA CTCTATGGC AGCAGCATA CTTCACTTA CTTCA-TCTT CAGCG-----
420 : GTTACTAGT AGCTCT--A GTCATCT-- GAGTGTGTA CCGTTGAAA TAAAGGCTT
284 : GATGAGGAA CTTCTCTCA CTTACTTCA GAGTTTCAA TGGT-ACCT TCA--AGAA
475 : GTTGTGGT ATGTTGTT GTGAGTCAA G-ATGATG TGTGAT-CT AATCATTAA
321 : GTTAT-- ACTATGTT CTTTATGTC GTATGATAA GGTGATGT CAGCG--TA
533 : GTCAGATT ATGATGTA GAGAGCTT GCGAAC-CA GG-----CCCG ACAGT--G
374 : GT--GTC ACATACTCA GCAAGACTA GAGAGCTCA ABAAGACTG ACITTTATCT
585 : CAGGCTGGA CAGAGATA TGAATCTTC GCTGATTC GATTGCTGT TAGAT--TT
430 : CACTCTATT CTTTACTTC T--TGCTC AGCAGCAA AACTAATAC TACTTCTT
543 : GAGCAGAGT ATTTGGGCA AGTTTGGAG GAGAAAGCA AACCCAGCA CAGCAGAG
487 : GATGAGAG-ACCA--CA AG-----G CAGAAACGA CA-ATATGT CAGAG--GTG
703 : GATATAGC AACAGCAAA C--CAACG CAGCAGCA AGCTCAGC GATTGCTT
533 : GTGAT-CAGA ABAACCGA GATGAGCTG ACCGATTC TTGAGCACT AGCAATCTG

```


【 4 - 2 1 】

```

0010181
270 : GCGTGGGCT -CA-TCTCA ACGTCCCTGA C-----TCCCT AAGAGTTAC
417 : CACTGCACT GTCTAGGCT CGGTACTCG ATTTTCTGAT GATCTGAG TTGTGCAAG
313 : C-CTAAAGCG GCGTC-GTCT C-----CGCG
477 : TGAGGATACA AATCGAGTT CAGGTTTTG TCAGGTGAAA CTAGAGGATT GTAGCCATGA
340 : -CACACTACA -CGAG- CAG-CMAC ACCGGTGA -AAGCA- GCGGCA-
537 : ATATGTTGCT TTAGTAGT CTAGTGTAT TAAGAGGAG CTGAGAGGAA AACAGAGCT
384 : -CTC TGAG-T GCGGTG-T TCA-----TCCAACA-----GATGT
597 : GAGGAGAAA CATAACTGG CTGTTGTTT TGAATTTGA CAGGACTGA AAGGAGAG
416 : -GATCA-----TG TGGAA-----GACT-CA CAGAGACA-
657 : TTGATGCT TGGTATCG GAAATGCAA TGAACAAGA CATTGGAGT TTGTGTGGA
443 : -TATCATCG CA-----CGATATAA C-----CTGA
717 : TGAACGTTT GATATTAAT AGCTATTGG TATATTAAC GAGAAGTCT TGCTGTGCA
458 : -TTT GCGGTATG-----GATG ATTT-TC-
777 : AGAGCAATG CAGTCAAG TGAATAGCA CCGAATTTG AGTTACAAA CCGAGTTCC
493 : A-----TA-----TGGAGAGG CTACATGCT-GTAA-----GGA-TTTC
837 : AAATTCTAG TTGCTGGGA GCGTCAAGC TATGAGATT GCTCAACAG CAGTTGTTA
528 : -ATGGGTC ATG-AAGGA C-----A TAAATGATT TCTC-----GTTTGATC
897 : TGGATGCTT TATGTCAG CAGTATAT GAGAACTAT GGTATTGAT TGAACATCG
570 : T-TG-TATT- GCGGTG-----CGAT TCTA-ATT GCGA-
957 : CAGTTCAAT GATCTTACA TACAGACTT GGAATTTGA GAGCAAGG ATGTTCACTG
600 : -TT-CT-TC-TC-CCACTT-----
1017 : AACTACATA
619 : -TGA

```

```

+++++
Sequence 1 : DREB2C.nuc
Size : 1026
Matching Position : 1 - 1026
Sequence 2 : DREB2C.nuc
Size : 755
Matching Position : 1 - 755
Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#Nt : 2

```

【 4 - 2 2 】

```

0010181
Matching Weight : 47.50 [X]
Weight : 184
1 : ATGCGCTGG -AGATTGTTG ACAGAAAGG AAGTCTGCT GAACAGAG ATGTAGCTGA
1 : ATGAAAGG AAGATAACCG ATGAAAGAG -AG-CTCT -CTGCTTCT TTGTATCTC
60 : GATTGAGG CAATGAGAG ATGAAATGA GCAGATTAG CAGATGCT GTATGATGG
57 : GA--GAAG CAGAGAGAG TG--GTTC GCGAGTGA GC--GAGCT ACAGAGATG-
120 : TGGTGTGA A--AAT-----CAATCGAA AGCCTCTCC AAAGGTGCG AGGAGGTT
108 : -GAGAGAA AGAATTGGC AAGTCTGTA GGTTCAGCG CAAGGTTG AAGAGGCTT
173 : GTATGAAGG TAAAGTGGG CTGAAAGCG GAAATTTGTA CTATAGAGA GTTACAGCA
167 : GTATGAGAG AAGAGTGGG CAGAGAGATC CTGTTTCTG GTTTAGAGT GTTGACAAA
237 : GGAATGCGG TAAATGGTT GCTGATGTC GTAGGCAAG CAGAGTCTG AGDTTGGC
227 : GGGTTGGGG CAATGGGTT GCTGAGATC GTGAGGAC GTGAGGAC -TGAATCAC-----C
283 : TCGTACTTT CTGAGTTCA TATGAGCTC CATTGCTTA TGAAGAGCG GCGAAGCTA
275 : GTGCTGAAA CTCTAG-TCG TACTAAGCG CTGTCCTT-----G GC-----A
353 : TATATGCTA GTCTGAGG CTAATCTTC CCGAGTAC AAATGCTCT TCTTGGACT
317 : GCTTGTCT--ACTG-CAG- GTGAGCTCG-----TTGCT--TAGGAG
413 : CTGCACTGC CACTGTGCA GCGTGGTTA CTGATTTTC TGATGATCT GAGTTTGTG
357 : -AGCTG- TA--GTGCA TGTAG--A C--CTATG-----CAGT TAAATTT-
473 : CAGTGAAGA TACAATGA AGTTGAGTT TTGCTAGT CAACTAGC GATTTAGCG
389 : CCGC-GAGA-----T TTC--GCT C-----GGC GA--AG-G
533 : ATGATATGT TCTTTAGT AGTTCAGT GTATTAGA CAGACTGAA GGAAGAGG
424 : AAGAA-----GAGCA GAGGCG-----GA
593 : AAGTAGGGA AAGACATAC TTGCTGTTG GTTTGAT TGAAGAGG TCGAAGGG
444 : AAGTCTGGA-----GGTATTG C-TGGA--AC T--AAGAA
653 : ACATTTGGA TCGTGTGTT ATGGAATG CAACTAGCA AAGCAATG GATTTGCTG
477 : AGCGGTAAT GCGCTAGT AAACGAA-G C--TGAAG AAG-CTATG TACTCT--
713 : TGGATGAG GTTTGATTT AATGAGTAT TGGTATATT AAACGAAAC AATGCTGCT
527 : ACAAATGA-----GAGCT ATTAGG-T TGGCAT-----GAGAG ACTAGATC
773 : GTGAGA-G ACAAAGCT ATCAAGTGA TAGAAGGCA AATTTGAT ACCAAGGCA
572 : CT-ATGACT ATATGAA- AT-AGTG-----AAACCA GAGT-GAA ATCAGAGAA

```

【 4 - 2 3 】

```

0010181
831 : GTTTCGAAT TCTACTTGC TGGGAGGCT CAGCCTATG CAGATCTGTC AAGCAGSAT
619 : GCTTACA--GCTA--TGA TCG-----ATT CAAATTSAT AAGGATGTT
891 : TC-ATTATG ATGCTTAT GTGAGC-CC AGTGAATG AGAATATG TATGATTTA
650 : TGTATAATGA A--CCTCA--AAGTCC AGT-TAT--CAGCGAG AGGTGATTC
949 : GACCATGCA GGTCAATGA TCTGCATCA CAGGACTTG ATTTGAGG AGACAAGAT
706 : GA-----TTCA-TA TTTTGA-----GT ATTT-----CAGAT
1009 : GTTCAATGAT CTACATA
731 : -T C--TAG

```

```

+++++
Sequence 1 : DREB2C.nuc
Size : 1026
Matching Position : 1 - 1026
Sequence 2 : DREB2C.nuc
Size : 834
Matching Position : 1 - 834
Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#Nt : 2
Matching Weight : 48.77 [X]
Weight : 150

```

【 4 - 2 4 】

```

0010181
418 : ACTGCGACTG TGTGAGGCT GGTACTGCA TTTTCTGAT AATCTGAGT TTGTGCACT
273 : ACCTTCTCTG ACTAAGTCTC AG-----A GGTCAATG GGT-ACCT TCAAGAGAT
478 : GAGGATAGCA ATC-CAGTT CAGGTTTTG TCAGGTGAAA CTAGAGGATT GT-AGCCTG
323 : -TTATATCT ATGTTTCTT CA--TGTG T-ATGTAAG C--GTGATG CTGACCTAG
536 : AATATGTTCT GTTAGATAG TCTGATGTA TTAAGAGGA GGTGAAGGA AAGAGAGAG
375 : -TTGTC-----ACATAAT--CAGGAAA CAGTGAAGA ACTGAA--GA AAATGCACT
596 : TGAGGAGAA ACATAGCTG GCTGTTGTT TTGGAATGG ACAGACTGCG AAAGGAGAA
423 : T--TTATC TCACTTAT TCTTCTACTT CT--TCTGAC AC-GAATCA AAGAGTAA
656 : CTTGATGCT TTGTTGATG GGA-ATGG CAATG--ACA-AGA-C CATTGAGTT
476 : CT--AGC TTTTGTATG AAGAGAGAG CAGGAGAAA AAGAGATA TTGTGAGAG
708 : TGTG--TGG ATGAAAGTT TCAATTAAT GASCTTGGG GTATATAAA CAGACAAAT
531 : TGTGATGAG AAGAAAGAG AGATGAGCT GACC--GA GTTTCT--CAGCACTAG
766 : GTGCTGCTG AAGA-GAGAA T--GAGTA TCAATGAT AAGAGGAAA ATTTGATTA
584 : GAATCTTG-A AAGATGAAA TGAAGAGAA CCAAGT--AGCTAGCAGA GTGCA-TTC
822 : CAAAGGAG TTTCGAAT CTAGTCTG CAGGAGGCT AAGCTATGG AATGCTTCA
639 : CC-----CTCACAT GSAACAGC-AAGAG--AAACTGAGAG TCTTTTCA
882 : AC-CAGGAT TGATATGA TGTCTTAT- GTGAGCC--CAGTATAT GAGAGACTAT
685 : ACTGAGATT TCACTGGA TACCCTGAT GAGTGCAG AAGTGA-AA CCAACTAT
937 : GTA-TTGA- TTGAC-ACCA TCGAGGTTG AATGATCTG A-CATAGAG A-CTTGGAT
744 : GAAATTTGAG TCGAGCACT TCGAGG-C TATGATTTG AAGATGATGT ATCTTCTCT
991 : TTGAGGAG AAGAGATGT TCAATGATCT ACATAA
802 : TCCATCTGG ACTACTAG--GAACTTAG A-TTGA
+++++
Sequence 1 : DREB2C.nuc
Size : 1026
Matching Position : 1 - 1026
Sequence 2 : DREB2C.nuc
Size : 924
Matching Position : 1 - 924
Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#Nt : 2
Matching Weight : 48.42 [X]

```


【 4 - 2 5 】

Weight : 130

0010181

1 : ATGCGCTGGG AGATTGTGA CAGAAAAGG AAGTCTCGT GAACAGAGA TGTAGCTGAG
 1 : AT-----GGA--G AAG-----AGC-----

61 : ATTCTAAGGC AATGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGNATCTTG TATGATGCTT
 14 : AACTCCGGC CA--AGA--AAGCA--AA-----CA--GCG--

121 : GGTCTGCGA AATCAATCCG AAGCCTGCT CCAAAAGTT CGAGAGAGGG TTGTATGAAA
 41 : --GG-----AGAT CTAGAAGAGG TTGATGAAA

181 : GGTAAAGTG GACTGAAA CCGGATTTGT CACTAT-AGA GCACTTAGAC AAGAGAGATG
 67 : GGTAAAGTG GCTCAGAGA CCGCAGCTGT -ACTTTGCT GAGTATGGC AAGCAGCTTG

240 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGCTAGCC AAGCAGGCT GGTAGTTGT GCTCCTGAC
 126 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGCTAGCC TAACTGAGG AACTCTGCT GCTCCTGAC

300 : TTCTCAGT TCAATGAG CTGCAATGG TTATGACGG GCGGCAAG CTATATAGG
 186 : GTTAAATGG TCGCTAGG CCGCAGCTG TTAGATGAG CCGCTAAGG AACTCTGAG

360 : TCGATCTGC AGACTCACT TTCCGAGAT CACAAATGG TCTCTGGA CTGCTCCAC
 246 : ACGAGGCT AACTCA-C TTGCTGACC CACAGAGA ACACAGTA GTAGT-AC

420 : TCGACTGT TCGCTG-C GTTACTGAT TTCTGATG ACTISAGTT TGTGACGTG
 304 : ACAAAT-TG TCTTTTCTG CCGACGG--GTCCGAT--TCTTGGCT TAT-AATAG

479 : AGTACAAA TCGAATTA GCTTTGTC AGTGAAC- TAGAGATTG TAGGATGAA
 355 : AACTCATTA TG--GTCA TGGTGGAC CTGCTGTC GCGAGCAG T--TGTTCAC

538 : TATGCTCT--CTTACATG TCTGATTA TTA--AG ACA-GCTGA AAGAAAGA
 410 : GAGTCTCTG CTGAGAGA TC-GAGTTT CTACAGAG ATGATATCA TACTATAT

591 : GCAAGTAC--GGAACAC ATACTTGG TGTGCTTT GAAATGAC A--GACTC
 459 : CCACTCTGT CTTCAATGG TCGACTCT TGTGATTT -TACTAAGC AAGTATTC

645 : GAAAC--G GAGACTTGG ATGCT--TGGTGAAC--GGAATGG AATGAAAG
 528 : ACGAGTAA GAGCCTGTA ATGCTAGC TACTT-ATG CCGTAGGG GGTGCTGT

695 : AACTATTG GTTT--GCTG TCGATGAC CTTTCAAT ATAGC--CTATTGG
 587 : CTAGTAACT GTTTGACC AATTGAAAC CAAGAATTT GATGACTAG AATTAGAT

747 : TAT--ATA AAGCAGCA ATGTGCT--GCTGAC--ACACAAT GAGTATGAG
 647 : TATACATGG AGCTTGGCT ABGTTCTG TGGGCAAGA AAGAGAGAG AACTATGAG

797 : TG-GATAGC ACCCAAT-T TCGATFACA ACGCAGTT CCAATTGTA ACTGCTGG

【 4 - 2 7 】

0010181

421 : GCACTGTGT GAGGCTGGT TACTGATTT TCTGATGAT CTAAGTTTG TCGACTGAG
 375 : GCACTGTGT GAGGCTGGT TACTGATTT TCTGATGAT CTAAGTTTG TCGACTGAG

481 : GATACAATG CAGCTTGGG TTTGCTGAG GTCAACTAG AGAATGATG CGATGATAT
 435 : GATACAATG CAGCTTGGG TTTGCTGAG

541 : GTTCTCTAG ATAGTCTCA GTGATATAA GAGGAGCTGA AAGAAABA GBAAGTGG
 463 : -----AGATCTC-----

601 : GAAACAATA ACTTGGCTG TGTGTTTGA ATTGAGAGC ACTCGAAGG GAGACTTTG
 470 : -----TA ACT-----

651 : CATGCTTGT TCGTGGAAA TGGCAATGA CAAAGACAT TGGAGTTTG TGTGATGA
 475 : -----

721 : ACGTTGATA TTAATGAGT ATTGGTATA TTAAGGACA ACAATGCTG TGTGCAAG
 475 : -----TC T-----

781 : ACAATGAGT ATCAAGTGA TAGACACCA AATTCAAT ACCAAACCA GTTCCAAAT
 478 : -----GCA--TTTCCAA--

841 : TCTAATCTG TGGGAGCCT CAACCTTAG GAGATGCTC AACCAAGAT TGAATGGA
 490 : -----

901 : TGTCTTATG TCGAGCCAG TGAATGAG AACTATGTA TTGATTTAG CAACTCCAG
 480 : -----ATG TTAAGTCCA-----AT AACT--GCA TTGTTAAG--

961 : TTCAATGAT TTGACATGA CCACTTGGT TTTGAGAGG ACAAAGATG TCAATGATC
 520 : -----TTGG-----GCGTT

1021 : ACATAA
 500 : AC-TAG

+++++

Sequence 1 : DREB2L.nuc
 Size : 621
 Matching Position : 1 - 621

Sequence 2 : DREB2L.nuc
 Size : 735
 Matching Position : 1 - 735

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #N# : 2

【 4 - 2 6 】

0010181

707 : TGTATGCTG GTGCTGATC TGGCAACCA AGCAGATAT GTTGTGCTG AGTGGGGG
 855 : GAGCTCAAC CCTATGACA TTGCTCAAC AGGATTT-GA TTAATGATG CCTTATGTC
 767 : GAG-----AGAG ATGATAGCC CCGAGTGA AGAGCAGCA GGAATTTGG

914 : AGCCAGTGA --TATGAG AACTATGTA TTGATTTAGA CCACTCCAGG TCAATGATC
 815 : AATGATGA TCTTTGAG ATTGATGAT TAGGTT-GT TGAATG--GCAAAATG

971 : TTGATACA GCACTGAT TTGAGAGG ACAAAGATG TCAATGA-T CTACATA
 869 : GAGA-TTCA AGAATGCTG TTGAGAGG TTCA-ACAT CCAATGATT GGTCTGA

+++++

Sequence 1 : DREB2L.nuc
 Size : 1026
 Matching Position : 1 - 1026

Sequence 2 : DREB2L.nuc
 Size : 534
 Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #N# : 2

Matching : 48.34 [%]
 Weight : 62

1 : ATGCGCTGGG AGATTGTGA CAGAAAAGG AAGTCTCGT GAACAGAGA TGTAGCTGAG
 1 : ATGCG-----CAGAAAAGG AAGTCTCGT GAACAGAGA TGTAGCTGAG

61 : ATTCTAAGGC AATGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGNATCTTG TATGATGCTT
 46 : ATTCTAAGGC AATGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGNATCTTG TATGATGCTT

121 : GGTCTGCGA AATCAATCCG AAGCCTGCT CCAAAAGTT CGAGAGAGGG TTGTATGAAA
 106 : GGTCTGCGA AATCAATCCG AAGCCTGCT CCAAAAGTT CGAGAGAGGG TTGTATGAAA

181 : GGTAAAGTG GACTGAAA CCGGATTTGT CACTATGAG CAGTATGAG CAGCAGATG
 186 : GGTAAAGTG GACTGAAA TGGGATTTGT CACTATGAG CAGTATGAG CAGCAGATG

241 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGCTAGCC AAGCAGGCT GGTAGTTGT GCTCCTGAC
 226 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGCTAGCC AAGCAGGCT GGTAGTTGT GCTCCTGAC

301 : TTCTCAGT TCAATGAG CTGCAATGG TTATGACGG GCGGCAAG CTATATAGG
 286 : TTCTCAGT TCAATGAG CTGCAATGG TTATGACGG GCGGCAAG CTATATAGG

361 : TCGCTAGG CCGCAGCT TCCCGAGT CCAAAAGTT GCTTCTGAG TGTGCACT
 346 : TCGCTAGG CCGCAGCT TCC-----AC TG-----CT

【 4 - 2 8 】

0010181

Matching Weight : 49.99 [%]
 Weight : 81

1 : ATG-----TC ATC--CATG AC-----CCAAA
 1 : ATGCAAAAGG AAGATAAGG ATGCAAAAGG AGCTCTGCT CTTCTGTTG ATCTGAGAA

21 : AG--TAA TGAATGCTG--GT-----GCTA--AT--AGAA--
 61 : AGAAGAGAA GATGCTGTA GCGAGTGA GCGAGTAC AGAATGGA GGAAGAGGA

48 : -----AC AAGCAAGCT CAAAGTGA--GTGAGGA AAGTCTGAT GAGAGAAA
 121 : TTGCGAGAG CCGTATGAGT TAAAGGAAA GCTTCAAGA AAGTCTGAT GAGCAAAA

97 : GGTGACCGG ATAAAGCTG TTGCACTTA AAGCTGTTA GACAAGCAG TTGGGCAAA
 181 : GGTGACCGG ATAAAGCTG TTGCACTTA AAGCTGTTA GACAAGCAG TTGGGCAAA

157 : TGGTCTGCT AGATCCGGA GCC-----T AAGCAGAGC C-----TCGT-----
 241 : TGGTCTGCT AGATCCGGA ACGATGAGT CCGCTGCTG CAACTGATG TCGATGAAA

196 : -----CTTTCG TCGTACCTT GCAAGCTCC CGTAAAGCTG GCTTGGCTTA TCACTCCGA
 301 : CCGTCTGCT TTGGCACTT TCACTGGA GCTAAAGCTG CTTTGGCTTA CCAAGAGCT

253 : GGTGATAGC TCAATGAGG TGAAGTAT CTAAGCTCC CTGAGCTT AAGAGTTAC
 361 : GGTGATAGC TCAATGAGG TGAAGTAT TTAATTTCC CCGAAGATT GGTGAGGA

313 : CCAAAAGCG CCGTCTGCT GCGTCCAGC ATCAACAAA GCAACAGC CCGTGAAGA
 421 : AAGAAAGAG--GACC--A GAGGAGGAA AGTCCGGAG GC-----TAT TGGTTC-GAA

373 : AAGCAAGCG ACTTCAAGT GCGCTG-TT ATCC--AAG--AGATGAT CATGTG-A
 469 : ACTAAGAG CCGTAT-T GCGTATTA AAGCAGAGG TGAAGAGC TATGATCT

427 : AGATGAGC AGAAT-A TCAAGGAC AT-ATAA-AC GTGGA--T TCGCGGA
 527 : ACATGA-AG ACATTTGTA GCTTGG--CC ATCAAGAGC TCAAGATCT ATCACTGTA

478 : ATGGA--T G-ATTTCTA--ATATGG AAGA-GCTA CAATGCTT ACGATTTCA
 584 : ATGAAATAGT GAAAGCAGA GTGAATGAG AAGAAAGTGA CAGTATGAT -GATTCAAA

529 : TGGTCTGCT AA--GCA--A TAAATGAT TCGCTGTTG ATACTGAT TTGCGTGG
 643 : TTGATAGC GATTTGTA TAAAG-ACC TCAAGCT--CAATTTCA CCGAGAGG

585 : CATTTGAT TGGATCTT TCAATGAGC ACTTTA
 700 : GATTC-GAT TCAATTTG AGTATTGAG ATTCTAG

+++++

Sequence 1 : DREB2L.nuc
 Size : 621
 Matching Position : 1 - 621

【 4 - 2 9 】

0010181

Sequence 2 : DREB2F.nuc
Size : 824
Matching Position : 1 - 834

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#N# : 2

Matching : 46.13 [%]
Weight : 164

1 : ATGTATCCA TAGAGCCAAA AGTAATGATG GTTGGTCTA ATAGAACA ACCAACCCCTC
2 : ATG-----GAG--AA A-----TCATCTC A-ATGAACA A-----

61 : CAAGTAGTT CGAGAAAGG TTGTATGAA GAAAAGGTT GAACCCATAA CCGCTCTTGC
28 : -----T GGAAGAGGG TCGTCTCGG GGTAAAGGC GTCAAGAAA CCGCTCTTCT

121 : ACTTACAAAG GTTATAGACA AGCAACTTGG GGCMAATGG TCGCTGATAT CCGCAGCCT
79 : CAGTACCCTG CAGTACAGCA AAGCACTTGG GGCMAATGG TCGCTGATAT CAGAGAGCC

181 : AA-CCAGCA GCTCTCTT GTCTCGTAC CTTGCAACC TCCCGTGAAG CTGCTCTTGC
139 : AAGAAAGG- CGAAAGCTT GTCTCGTAC TTTCCCTCA GTCGAAGAG CAGTATGCG

240 : TTATGACTCC GCAGCTGTA AGCTCTATGG CCGTGAAG-----CTCATCT
190 : TTATGATGAG CAGTCTGTA AGCTCTATGG GCAGAGCCA TACCTGAAC TACCTATCT

285 : -----CA-----CCT CCGTGAAG-----CCTTAAAG T-----TACCCATAA-
258 : TCAGCCGAAAT AAGAAAGCTT CTTGCTGTA CTTGCAAGG TCAAGATGG TACCTTCAAG

319 : -----AG CCGCTCTCTC C-----G C GT-----CCC AGACT-----
318 : GAGTTTATA TCTATGTTT CTTGCTGTA TATCTAAG CTTGCAAGG TACCTTCAAG

348 : -----ACAGCAAG CAGC-ACAC CCGTGAAG-----AAAC-----
378 : TCATCTAATC CAGCAAGAGC TAGAAGACT CAGAAAGCT GCACTTTTAT CTAAGCTCA

376 : -----AG-----CA GCG-----AGTCTGAT CCGCTCTTCT AT-----C
430 : TTCTCTAGT TCTCTCTCA CCGAAACAA AACTAATACT AGCTTTTCTG ATGAGAGAC

405 : CAG-----GA GA-----TGTA TGATG-TGA AG-AGTGA-CAGAG-----AGATAT--
488 : CAGCAGGGA GAACACACA ATATGCTGA GGTGGTACT CAGAGAAAC CAGATGCA

448 : CATG-----CGAG A-TA-----TAAAG-T GATTIG-----CC-----
550 : CCGTACCGAG TTTCTTCCG AACTAGAT ATGAGCAT GAATGAAG CAGAACCAAG

474 : -----GCTAATG GA-----TGAT-----CTCAT ATGC-----GAAGAG CTCAATGTC
618 : TGAGTACCA GAGTCTATT CCGCTCCAG ATGAAAGAG CAGAGAAA CTGGA-A-GTC

【 4 - 3 0 】

0010181

516 : GTT-----AGGATTC -CATGGTT- -CATGAAGA GAT-----AATGA-----
677 : CTTTCAGAC TCGAATTC AGCTGGATA CCTGTATGA GATGCCAAG AGTGAACCA

562 : -TATTCTCG GTTGTATAT TGTATTCCG GTGGCTATTC TAATGGAT-----TCCT
737 : CAGTATGCA ATTTGACTCC AGCAACTTGG GAAGCTATGA TTTTGAAGT CATGTATCT

605 : TTCAATCC-----CAAC T-----TTGA
797 : TCCCTTCAT CTGGGCTAC TACGGAAGT TACATGTA

+++++

Sequence 1 : DREB2.nuc
Size : 821
Matching Position : 1 - 621

Sequence 2 : DREB2.nuc
Size : 924
Matching Position : 1 - 924

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#N# : 2

Matching : 45.04 [%]
Weight : 190

1 : ATGTATCCA TAGAGCCAAA AGTAATGATG GTTGGTCTA ATAGAACA ACCAACCCCTC
1 : ATG-----GAG--AA AGCA-----CCTCCG CAGAA--A ACGAAACT-

61 : CAAGTAGTT CGAGAAAGG TTGTATGAA GAAAAGGTT GAACCCATAA CCGCTCTTGC
39 : -----GAGAGAT CTAGAAGAG TTGATGAAA GGTAAAGGCG GTCCAGAAA CCGCAGTGT

121 : ACTTACAAAG GTTATAGACA AGCAACTTGG GGCMAATGG TCGCTGATAT CCGCAGCCT
97 : ACTTCCGCTG GAGTATGCA AGCAACTTGG GGTAAATGG TCGCTGATAT CCGTGAAGCT

181 : AAGCAGGAG CTGCTCTTGT GCTCGTACC TTTGCAACC CCGCTGAAG TCGCTCTTGC
157 : AAGCTGGA CTGCTCTGT GCTCGTACC TTTAATACC GGTGCTGAG CCGCTGAGCT

241 : TATGACTCC CAGCTGTA GCTCTATGG CCGTGAAGCT ATCTCAAD-----CCTCCT
217 : TACATGAG CCGTGAAG ACTCTATGA CAGAGGCTA AACTGACTT GTCGACCA

295 : GA-----GTC CTTAAGAT-----TACCTAA AAC-----GCG-----CTCG--
277 : CAGCAAGAC AACAAGTAT AGTGAACAGA AACTTCTCT TTTTGGCCA CCGTCCGGT

328 : TCTCCCG-----G T-----CCAG
337 : TCTTGGCTT ATAAAGAA GCTGTATG GTTCATGGT TGCACCTGG TCTCCCGCAG

343 : AC-----TA CAGCAAG-----CAGCA ACACCG--G TGBAAAAGC AGCAGCACT

【 4 - 3 1 】

0010181

397 : GCAAGTCTT CAGAGGCTC TTGCTCAGG AATGAGTT TTCTACAGA AGATGATAT

388 : CTGAGTC-----GCCATGTC ATC-CAA-----CGA-----GAT-GTC ATCATGTGGA
457 : CATATGATA ATGATGCTTC GYCTGCAAT GGTTCGATC TTTTGTGTT ATTACATAA

427 : -AGAGTGA- CAGAGCA-----GA -TA-TCATG- -CA-
517 : CAAAGTATT CAGAAATCA AGAGCCCTT AATCTAGCA CTAGTATGG CCGTGAAGC

453 : -----GC -ATAAACA GT-----GATTT GCGC-GT-----
477 : GGTGGTGGCT CTACGTTAAC GTTTTCGAC AATTGAAAC CAAAGATTT CATGATGAG

477 : -----AATGG-----ATGATCTT-----CAAT TGGGAGAGAG
637 : AATTATGAT TATACATGG ACCTGGTCT AGTGTCTGT TGGGGCAGA AAGAAGAGC

506 : CTACA-----AT-GTC GTTAGAT-----TTCC-----
697 : GAACATGAG TGTATCTCT CTEIGATG TCGCAACA AGAGATAT GTTGTCTCT

528 : -----ATGGT TCAT-----CAAC -CA- C ATA-----
757 : AGTTGGCGG CAGAGAGAT GATAGCGG GAGTGGAG AGCAGAGG ATATTGGA

548 : -----ATGATA TTTCTGGT TGA-ACT- -GATTTCCG GTGCTA-----TTC
817 : ATGATGATC TTTTGGAGT TGAATTTTA GGTGTGTTA TTGGCAAAA TGGAGATTC

591 : -TAATGG- GATTC CTTCATTCC CCA-----CTTGA
877 : AAGATGGT GTTGTGAGA GTTCAACT CAGTGAAT GTTGTGA

+++++

Sequence 1 : DREB2.nuc
Size : 821
Matching Position : 1 - 621

Sequence 2 : DREB2H.nuc
Size : 534
Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#N# : 2

Matching : 47.49 [%]
Weight : 113

1 : ATG-----TCAT-----CCA--TAG-----AGCCA--
1 : ATGCCAGGA AACCGAATC TCGTGGACA CAGATGATG CTGAGTCT AAGGAATGG

19 : -AAGT-A ATG-----ATG TGGTCT-A ATAGAACA
61 : AGAGATCA ATGAGCAGC CAGGAGAT TCTTCATC ATGCTGGTG TCAAAAACA

【 4 - 3 2 】

0010181

51 : A-CCAA-----CGTCCAG CTAGTTCAG GAAAGTTGT ATGAGAGAA AAGGTGACC
121 : ATCCGAAAG CTTCCGAA- AAGTTCAG GAAAGTTGT ATGAAAGTA AAGGTGACC

105 : CGTAAACCG TTTGCACTT ACAAGGTTT TAGACAAGC AGTTGGGGA AATGGTCCG
180 : TGAATGCG ATTTGACTAT ATACAGAGT TAGACAGAG ACATGGGTA AATGGTCC

165 : TGACATCCG GAGCTAACC GAGCACTCG TCTTGGCTC GGTACTTCC ACACCTCCG
240 : TGAGATCCCT GAGCCAGCC GAGTGTCAA GTTATGGCT GGTACTTCT CTAGTTATA

225 : TGAAGTCC TTTGCTATG ATCTCCAGC TGTAAAGTC TATGGGCTC AGGCTCATCT
300 : TGAAGTCC TTTGCTATG A-----TG AGCT--TC-

285 : CAACCTCCT GAGTCTTAA GAGTTCACC TAAACCGCG TCGTCCCG CCGCCAGAC
330 : CAA-----AG-CT-----ATTT-----ACGC-----CACT-G-TCGCCAC

345 : TACAGAAC AGCAACAGC GTGAAAAG CAGCAGGAG TCGAGTCCG CGTGTCTATC
359 : T-----CAATC TTC-CA-----CTGCTCCAC TGTGTCCAGC TGGTCT--

405 : CAACGAGAT TCATCATGTG GAAGATGAG AGAGAGATA TCATGGGAG ATATAAGCT
396 : -AC--TG -CATTCTCT- GATGAAT-C TGAAGTTCT CAGCTGAGG ATACAAA-

485 : GGAATTCGG GTAATGATG ATTTCTCAAT ATGGAGAA GCTCAATGT CGTGAAT
443 : -----TCCA GATCTGTT--TTGCA-----CA TCTCAAT C--TGCAT

525 : TCCATGGTT CATCAAGAG ATAAATGAT TTCTGGTGT GATACTGTA TTTCCGGTG
484 : TCC-----AAAATGTTA-----AGTCC AATAAGTCA T-----TGG

585 : CTATTCTAAT TGGATTCCT TCAATCCCG ACITTTGA
515 : TTA--AGT TCAG-----GCTT--AG--TAG

+++++

Sequence 1 : DREB2.nuc
Size : 735
Matching Position : 1 - 735

Sequence 2 : DREB2F.nuc
Size : 834
Matching Position : 1 - 834

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#N# : 2

Matching : 48.77 [%]
Weight : 145

【 4 - 37 】

0010181
 119 : GCACCTGGGG TAATGGGCTG CCGTAGATCC GTGAGCCCTA CCGTAGGACT GGTCTCTGGC
 161 : TTGGCTCITT CCGTAGAGCT GAAGAAGCAG CTATGCGCTA TGATGAGGCT GCGTTGAAAC
 179 : TCGGACGTT TAATAGCTCC GTGAGGCGG CCGTAGGCTA GATGAAGCC CCGTAGAAGC
 221 : TCTATGGGA CAGAGCATAC CTGACTT -----ACC TGAATTCAG C-----
 239 : TCTATGGCA CAGAGGTAAC CCGACTTCC TCCACCCACA ACACACAAA CAGTAGTAG
 263 : GGAATACAA -----GACCTC TCGAGTAC -----TC-----T C-AGAGGTTT AAATGGTAC
 299 : TGMACAGAAA CTGTCTTITT TCTG-CCAC CGGTCGGTIT CTGGGCTTA TAATAGGAG
 311 : CTTCAGGAA GTTTAT-----ATCATG TTTCTTCACT G-TGGTATG CTAAGCTGA
 358 : C-TGGATATG GTTATGGGT TGGAGCTGG TCTGGCCAG CCAATTTCTT CAGGAGTTC
 362 : ATGCTCAGC TAGTGTTCG ATAACTCAGC AAGACTCAGC AAGACTCAGC AAGACTCAGC
 417 : TTGCTCAG -AAGAGTGA GTTTCTA-C AAGAAATGA TGAATAGT CATATCGAT
 422 : TTTTATC-TG AA-----TGCT ATTCCT-CT AGTTCCT-CC TCGACGAT CAAAACATA
 473 : GTTGTCTTC AAGTGTTCG AATCTTTGT GGTATTACC TAACAAGAT GATTACAGC
 474 : TACTAGCTT C-TGATAGC AAGACAGCA AAGGAAAC AGACAT-----ATGTTCC-
 533 : ATCAGAGAC CGTAACTCT AGCACTAGT ATGCGCTGA AAGGCTGCT GCTCTACGT
 527 : -AAGTGTG- GATC-AGAAG AAACAGAGA -----TGGACTC ACGGATTC TCGACA-AC
 593 : TAAGCTTTC CACCAATTG AAACAGAGA ATTATGAG TGAATTA TGGATTAG
 581 : TAGGATCTT G-----AAGAT GAAATGAG CAGAACAGC TGAAGTACA -GA-GTACA
 652 : AATGAGCTT GGTCTAGCTT TCTGTGGG CAGAAAGA AAGGAGCA TGAAGTACA
 636 : T-TGGCTC CACATGGA CAGAGAGA GAATCTGGA GTCTTTTCAG AACTAGCAT
 712 : TCGCTGCTC GATGCTCGA C-AACAGGA GA-----GTAT GTTGTTC-----CT-AGT
 694 : TTAGCTGGC ATAGCTGAT CAGATGCA AAGATGAA CCAACTAT CAAATTTG-
 760 : TCGGCGGAC ACA-----GAT GCATAGCC- CAGTGTGGA GAGGAGAC GATATTGGA
 752 : ACTCAGGAA CTTCGAGC T-ATGATT-----TIG A-GG-ATG ATGTACTT
 816 : AATGATGAT CTTTGGAGA TGAATGTT AGTGTGTT ATGCGAAA ATGAGATTT
 798 : C-----CCTCC ATCTGG-----ACT ACTACGAGC CTTAGT-TG A
 876 : CAAGAATTG TGTGTGAGC AGTTGCAACA TGAATGAA-----TTGGTCTG A

+++++
 Sequence 1 : DREBF.nuc
 Size : 334
 Matching Position : 1 - 334
 Sequence 2 : DREB2H.nuc

【 4 - 39 】

0010181
 719 : TGGCAGAG TGAACACA ACTATGCAAT TTGACTCCAC CCACTTGGBA AGCTATGAT
 483 : TTCCAA-----AATG-----TAAATCCAA TAACT-----GC-ATT
 779 : TTAGAGTGA TGTATCTCTT CTTCTGATCT GGGACTGA CAGGATGATA GATTGA
 513 : -----GGTTA AGT-----T GGGCC-GTTA C-----TA G-----
 44444
 Sequence 1 : DREBF.nuc
 Size : 924
 Matching Position : 1 - 924
 Sequence 2 : DREB2H.nuc
 Size : 534
 Matching Position : 1 - 534
 Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 PHE : 2
 Matching : 33.39 [%]
 Weight : 325
 1 : ATGAGAGAG AGCACTCTC GCGCAGAAA CCAAGATGG GAGAGATAG AAAAGTTC
 1 : AT-----GCGCAGAAA CCGAAGCTC TGGGAC-AC GAGATGAG
 61 : ATGAAGCTA AAGGCGTCC AGAAGACCC ACCTGTACTT TCGTGTAGT TAGCAAGC
 42 : -TCAGTCTT AAGGAATGC ACACA-----GTACAA TGAAGACCC GAGCA-G
 121 : ACT-TGGGT AAATGGTCC CTGAGATCCG TGAACCTAAC CCGTGGACTC GTCCTGGCT
 83 : ATTCTGAT CGAT-GTGG -TG-C-TG- AAAGCATTG CCAAGGCTC-----CT
 180 : CCGCAGTTT AATACCTCCG TCGAGCCCC CATGGCTAC GATGAAGCCG CTAAGAACT
 138 : C-CA-----AA-AGDT TCGAGG-----AAGGTT-----GTATGAA-
 240 : CTATGACAC CAGCTAAAC TGAATGTGT GCAACCCACA CACACACAC AAGTAGTAG
 168 : -----CGTAAA-----GCT GGACC-----T
 300 : CACACAAAC TTGTCTTTT CTGGCCAGG GTCGGTCTT TGGGTATTA ATAAGAGCT
 181 : CA-----AAA-----TGGGAT-T TGTGACTATA -CAGAGAT
 360 : CGATATGTT CATGGTTCC ACCTTGGCTT CCGCAGGCA AGTTTCTAC GAGTCTTTC
 211 : AGACAGAGA CATGGGTA A-TGC-----TTTCTC-----GAGTGGCTC
 420 : CTCAGAGAA TGAAGTTTC TACAAGAGA TGAATGAT AGTCAATAC GATGTTCTC
 251 : -AGCAGG CCGAG-----GTCTAA-----GTT-----
 480 : TTAAGTGTG TGAATCTTT GTTGTATT ACTTAACAA AGTGAATC AAGTAGAA

【 4 - 38 】

0010181
 Size : 534
 Matching Position : 1 - 534
 Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 PHE : 2
 Matching : 41.63 [%]
 Weight : 254
 1 : ATGAGAAAT CATCTCAAT GAAACAATG AAGAGGTC CTGCTGGGG TAAAGCGGT
 1 : ATG-----CCAG GAAAC-GG AAG-----TCTGCTGG-AA
 61 : CCAAAAAGC CTCTTTCTA GTACCGTGA GTCAGGAAA GACTTGGG CAAATGGTG
 23 : -CAAGCA- -TG- -AGTGA G-ATTCTAA GG-----AAATGG-
 121 : GCTGATCA CAGAGCCAA CAGAGGCA AGACTTGGC TTGGCTCTT CCGTACACT
 61 : -----A GAGATACA -ATGAC-C AGACGAGGC -AGATCTT-
 181 : GAGAGGAG CTAAGCTTA TGTGAGGCT GCGTGAAC TGTATGGGA CAGCCATAC
 95 : -----GCAT CAGTC- TGGTC-----GTTGAAA CCAATGCGAA AGCCCTC-C
 241 : CTCAGCTAC CTCATCTCA GGGAAATCA AGACTTCTC TGAATCTC TCAAGAGTTC
 137 : CAAAGC-----GTTG- GAGGAA-----GCGT-TATA TGAAGGT-
 301 : AATGGGATC CTTCAAGAA GTTTATATC ATCTTCTCT CATCTGAT CTA-AGC
 169 : AAGGTGAC CT-----GAA AATGGATTT GTGACT-ATA CAGGATGAG ACAGAGACA
 259 : TGAATGCA GCTATGTTT CACATAATC AGCAAGACT AGAGACTC AAGAAGCT
 323 : TG-GGGTAA ATGGTGTCT GAGTCCGTC AGCAGGCG- -GAGTCTC- AAG-----
 419 : GACTTTATC TCAATCTAT TCTTCTAGT CTTCCTCAC CCAATGAAA ACTAATA
 271 : -----TTATGC TGGTACT-T TG-TCAATTT C-----ATATGA CGT-CGATG
 479 : GCTTTCTGA TGAAGACCC AGCAGGAGC AAGACAGAA TATCTGCA GGTGCTG
 318 : GCT-ATGA TGAAGCTCC A-AGCAT TTAGGTCAG TGTGCCGA-----C
 539 : AGAAGAAC AGAGTGCAC CTAAGCGGT TTCTGAGA ACTAGATAC TGAAGAGT
 359 : TCAATCTCC ACTGTGCCA CTGTGCA- -GCTGCTT ACT-GCATT TT-TGATG
 599 : AAAATGAGC AGACCACT GAGTACGAG AGTGTCTTC CCGTCCACA TGAAGAGC
 412 : AATGTAGT TTGTGACT GAGG-----AT-----AC-----AATGC
 659 : AAGAGAAC TGAAGTCTT TTAAGACTG AGATTTGAG CTAAGATCC CTAAGATCA
 446 : AAG-ATC TGG-----T TTTGG-TC AG-ATCTC-----TA-A CTCTGCAAT

【 4 - 40 】

0010181
 273 : -----ATGC TGTGATTT CT-----CTA-----
 540 : GACCTTAAT CTAAGACTA GTTATGGCG TGAAGCGGT GGTGCTCTA CTTAAGCTT
 293 : -----GTCA-----TATG-----AAGTCC ATGGCT-TA TGAAGGCT
 600 : TCGACCAAT TTGAAGCAA AGATTTGAT GAGTCAAT TATGATAT ACAATGAGC
 328 : T-----CCAA ACCTATTAC G-GTCCG-----TCTGCCGAG TCAAT-C
 680 : TTGCTGAG TTTCTGTGG GCGAAGAAA CAGAGGCAA CAGAGGCTT CATGCTGCTG
 365 : TTCACT-G CTGCACTCT GTCAG-----CTCG-----TTAC-TG-CATTCTCA
 720 : TGTATCTCC GACAAAGG AAGATGTTT GCTTCTAGT TCGCGGAG AGAGATCA
 410 : TGAATC-----TG A-AGTCTT-----GC-ACC TGAAGTACA
 780 : TAGCCGAG TGAAGAGC GAAAGATA TTTGAAAT GATGATTT TGAAGTACA
 441 : AA-----TCAAGATC-----TG C-----TTT TGTCA-CA
 840 : TGAATGAT TTTGATG GCAAAATG AGATTTGAG AATGTTGTT CTAAGACTT
 466 : T-GTCA-AC TTTGCAAT TCAAAATGT TAAGTCAA AAGTCAATG GTRAG-
 900 : TCAACATCA TGAATGTT TCGA
 620 : -----TTGGGCTT ACTAG

【 5 - 1 】

0056504

```

+++++
Sequence 1      : DREB2A_aa
Size           : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2      : DREB2B_aa
Size           : 330
Matching Position : 1 - 330

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 2
#N#          : 2

Matching       : 53.30 [X]
Weight        : 6

1 : MAVYDQSDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TVAERLKRK EYNETVEEVS ---EYVTKR
   * * * * *
1 : MAVYEQ---TTEQPKR RSRSRADGL TVADRLLKMK EYNEVEASA VKRERKPKK

56 : YPAGSKKGG MKGKGGPENS RCFRFRVR RIKKVAEIR EPNRSRLML GTFPTAEFA
   * * * * *
55 : YPAGSKKGG MKGKGGPENS RCFRFRVR RIKKVAEIR EPNRSRLML GTFPTAEFA

116 : SAYDAAKM YGLARLNF RSDASEVST SSQSEVCTE ---TPGCVH VNTEDPDES
   * * * * *
115 : SAYDAAKM YGLARLNF QVGSFEVST SSQSEVCTE MKAVYDQSDV VNTEDPDES

172 : KPT-----SGQVEWY CLENGAEK RGVKADKHL SEFENYWSL ILKKEKQK-
   * * * * *
175 : NPSKQLDVR EESGTRPDS D-TVHQDNW SSLNYD-LL LEFEQVTRQ VLKREKPKQ

222 : ---EQIV EYQQQ-QD SLVADYQW --HO--YDGS HLDSDMFDV DELLRLNDG
   * * * * *
232 : EEEELQQQQ EQQQQLRQD LLVADYQW WNDVINDQT SQMIECFDI NELLGLN-

272 : DVFAENQDR YPNSYVANS YRPSQQSGF DPLQSLNYGI PPFQLEKGD NGFFDLSYL
   * * * * *
290 : -EPGRQ-S QDMVNSGS -----YDL HPLHLEPHDG -HEFVGLSSL

322 : DLEN
   *
329 : D-I

+++++
Sequence 1      : DREB2A_aa
Size           : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2      : DREB2C_aa
Size           : 241
Matching Position : 1 - 241

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 2
#N#          : 2

Matching       : 28.96 [X]
Weight        : 167

1 : MAVYDQSDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TVAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : M-----SSIE PKVMVG-----AN KQRTVQ-S

61 : SKKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREPWRG SRLNLGTFPT AQEASAYDE
   * * * * *
24 : SRKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREPWRG SRLNLGTFPT AQEASAYDE

121 : AAKMYGLA RLNFPRSDAS EYVTS-SQ-----SEVCT VETPCQ-----VHWKTE
   * * * * *
   * * * * *
   * * * * *

```

【 5 - 3 】

0056504

```

84 : AAKLYGPEA HMLPESLRS YPKTASS---PASQTPSPM TGKSSDSE S-PCS---

181 : MYCLENGAEE MKRQKADKH MLSEFENYW SDILKEKQK KEQGI VETQ QQQQDLSYA
   * * * * *
135 : ---SNE M-----S SCGRVTEIS NEHIV- ---DLPW

241 : DYGNPNDVQ SHLDSSMFD VDLELLDNG DDVFAENQDR YPNSYVANS YRPSQQSG
   * * * * *
161 : D-----GSS-I REFATNSLGF PWNEDGN-----DISR

301 : FDLQSLNYG I/PPFQLEKGD NGFFDLSYL LDLEN
   * * * * *
188 : FDTGIS-----GGYSNDSPH SPL-

+++++
Sequence 1      : DREB2A_aa
Size           : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2      : DREB2E_aa
Size           : 244
Matching Position : 1 - 244

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 2
#N#          : 2

Matching       : 34.20 [X]
Weight        : 143

1 : MAVYDQSDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TVAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : MEKEDMSSQK SSSASVSSR---RRRVVE PVYATLQW---EEEGE ARARRVPMG

61 : SKKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREP---NRSR LNLGTFPTAQ
   * * * * *
52 : SKKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREPVSH RGNSSRSKR LNLGTFATA

113 : EAASAYDGA RANVYGLARL NFRSDASEV TSSTSSQEVG TVETPCVHW KTEPDCESK
   * * * * *
112 : EAALAYDRAA SWVYGYARL NFP-----FDLGGGRK K-DEAEES-

173 : PFGQVEWY CLE-NGAEM RGVKADKHL LSEFENYWS DILKEKQK EQGI VETQ
   * * * * *
150 : ---SGG---Y WLETKA---ONGY---IETEGK DYYVYEDAI ELGDKT-QN

232 : QQQDLSYAD YGNPNDVQD SHLDSSMFDV DELLRLNDG DVFAENQDR YPNSYVANS
   * * * * *
191 : PWTMEIY---NPAVKSE EGYSDREKL D-----NGL

292 : YRPSQQSGF DPLQSLNYGI PPFQLEKGD NGFFDLSYL- LDLEN
   * * * * *
220 : LYNEPQSS---SYHQ-----GQFD---SYF EYFDF

+++++
Sequence 1      : DREB2A_aa
Size           : 335
Matching Position : 1 - 335

```

【 5 - 2 】

0056504

```

Matching       : 36.83 [X]
Weight        : 128

1 : MAVYDQSDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TVAERLKRK EYNETVEEVS -----TK
   * * * * *
1 : M-----PSEIVDRK RKSGRTRD---VAELRQRW EYNEQIEAFS CIDGGGPKSI

54 : RKPVAKSKK GDMKGGPGE NSRCSFRGRV QRIRKKNVAE IREPWRGSLR MLGTFPTAE
   * * * * *
47 : RKPVAKSKK GDMKGGPGE NGICDYGVR QRIRKKNVAE IREPWRGSLR MLGTFSSYE

114 : AASAYDEAK AMYGLARLML PFRSDASEV STSSQSEVCT VETPCQ---HWKTEPDC
   * * * * *
107 : AALAYDEAK AIYQSLARL LP---EIT NRS-STAAT ATVGSVATF SEQSEVCAE

171 : SKPFSQVEP MYCLENGAEE MKRQKADKH MLSEFENYW SDILKEKQK KEQGI VETQ
   * * * * *
161 : DTAKSSSE-FG QVLEKESDE---VYLDSS QCIKEE---LKRKEEY NEHNLAVGF

231 : QQQQD---LSVADYQWV DQVQSHLSS DMFQVDELRL DLNGDQV---FAGLNQRY
   * * * * *
210 : GIGDQSKRET LDWMLMKNRQ EQEPLFQVD ETPVINELLG ILNDNWSQD CTVQYQVDRH

283 : P-----G NSVANSYR -ESQSGFD-----PLOS LNYGIPPPQL ECHO---GNG
   * * * * *
270 : PWFSTQVFP NSMLLGSMLP METAPGVYV GCPVYQSDM ENTGIDLKFR RFDNLDLQD

324 : FFDLSTLQD EN
   *
330 : DFGGDQVHG ST

+++++
Sequence 1      : DREB2A_aa
Size           : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2      : DREB2D_aa
Size           : 206
Matching Position : 1 - 206

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 2
#N#          : 2

Matching       : 28.96 [X]
Weight        : 167

1 : MAVYDQSDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TVAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : M-----SSIE PKVMVG-----AN KQRTVQ-S

61 : SKKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREPWRG SRLNLGTFPT AQEASAYDE
   * * * * *
24 : SRKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREPWRG SRLNLGTFPT AQEASAYDE

121 : AAKMYGLA RLNFPRSDAS EYVTS-SQ-----SEVCT VETPCQ-----VHWKTE
   * * * * *
   * * * * *
   * * * * *

```

【 5 - 4 】

0056504

```

Sequence 2      : DREB2F_aa
Size           : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 2
#N#          : 2

Matching       : 27.71 [X]
Weight        : 176

1 : MAVYDQSDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TVAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : M-----EKSSS-----MQ

61 : SKKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREPWRG SRLNLGTFPT AQEASAYDE
   * * * * *
10 : MKGPARGGK GPONALQYV GVRRIQKWK VAEIREPWRG SRLNLGTFPT AQEASAYDE

121 : AAKMYGLA RLNFPRSDAS EYVTS-SQ-----SEVCT VETPCQ-----VHWKTE
   * * * * *
70 : AAKLYGPEA HMLPESLRS YPKTASS---PASQTPSPM TGKSSDSE S-PCS---

166 : DPOCESKPPS GQVEWY CLE-NGAEM RGVKADKHL LSEFENYWS DILKEKQK EQGI
   * * * * *
130 : QQLLELTKT GLLNSYSS SSSTE---S KTIWISLDEK TSKGETDMF EGGQKPKET

226 : YETQQQQD SLVADYQWV DQVQSHLSS DMFQVDELRL DLNGDQVFA GLNDQRYPN
   * * * * *
186 : DLTEFLQGL ILKDNENAE PVAEACH---S PPPNMEQET GSPRTMFS NDTLIMP-

286 : SVANGSYRPE SQSGFDPLQ SLNYGIPPPQL LEGQDNGFF DDLSTLQD
   * * * * *
242 : ---RSE TTIWQFD---SNFCSYDF---EDVVSFP SIWYYSGLD

+++++
Sequence 1      : DREB2A_aa
Size           : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2      : DREB2G_aa
Size           : 306
Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.
Matches       : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 2
#N#          : 2

Matching       : 26.12 [X]
Weight        : 184

1 : MAVYDQSDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TVAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : -----EEEQ PPAKRWNR-----

61 : SKKGMKGGK GPENRCSFR GVRRIQKWK VAEIREPWRG SRLNLGTFPT AQEASAYDE

```

【 5 - 5 】

```

0056504
15: ***** 0056504 *****
SRKCGKGG GRENATOTFR GYKRTWGW YAEIREFNRG TRMLGTFNT SYEAMAYDE

121: AAKAMYGLA RLN--FRPSD ASEV----TS STSSQSEVCT ETGPGYHYKT EDPOCESKPF
75: AAKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASG

175: SGGVEPMYCL ENGAEMKRW VKADKHWLSE FEHNYNSDL KEKEKQEQG IVETQQQQQ
135: SRG----SCS ERKSFQEDD DSHNRFCSSS SCSNLCWLP QKSDSQOET VNATTSYGGE

235: DLSLVADYQ #PNDVQSHLD DSSMFVDEL LRDINGDVF AGLNDQRYG NSVANS--
191: GGGSTLIFS TMLPKYKMLMS QNYLYNGAW SRFLVDEKK TEHVSSSSG SSNKFSMLV

292: -----YR PE-SQSGFD PLSLNYGIP PFQLEKQDG--HGFDLSS YLDLEN
251: PSCGERMR PELEERTGYL EMDDLEIDD LGLLIGKNDG FKNVCECFQ HPWNWF

+++++
Sequence 1 : DREB2A.aa
Size : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2H.aa
Size : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
AN# : 2
Matching Weight : 28.07 [X]

1: MAVYQTGTE QPKKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PK--RKYPAK
M-----PK RKRGRTRD--VAELIKRW EYNEKTEADS DIOGGGKPI

54: KKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
42: RKAPKRSRK GOMKNGGQPE NIGCDYQVR QRTKGRKVAE IREPGKAL WLGITSSSYE

114: AASAYDEAM AMYGLARLN FRPSDASEVT STSSQSEVCT VETPGYHYKT EDPOCESKPF
102: AALAYDEAM AIVGSLARLN LP-----LLPLC-----

174: SGGVEPMYCL ENGAEMKRW VKADKHWLSE FEHNYNSDL KEKEKQEQG IVETQQQQQ
129: -----QARLL HFLMN--LK-----FVYVYIQWQ

234: QDLSLVADYQ #PNDVQSHLD DSSMFVDEL LRDINGDVF AGLNDQRYG NSVANSYR
190: DLVLE-----VILSITS RISKMLSPIT AL-----VKLCRY-----

294: PESQSGFD PLSLNYGIPP FQLEKQDNG FFDLSYLDL EN
176: -----

```

【 5 - 7 】

```

0056504
1: MAVYQTGTE QPKKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKKRYPAKGS
M-----PK-----VMWV GA--NK KQRTVQA-SS

61: KKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
25: RKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA

121: ATAMYSGLAR LNFPSQVSGE FTSTSSQSEVCT VETPGYHYKT EDPOCESKPF
85: ARKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASG

181: LDVREESGQ TRPDSCTVGH QDMSLNYD LLEFEQQYV QVLEKQEQG QVEEELIQQQ
115: -----T TPSNTEG--KSSSDSESP CSNEMSSG RV--TEEI-----

241: GEGQQQLQP DLTVDYQVW PMSND IWDQ TSDWNECFD INELLGOLNE PPKRQSGOON
149: -----SWEHIN VDLPVWDDSS INEATMSLG FPHVHEGDD I--SRFDTCI SGGYSNDSF

301: HVNYSYDLH PLHLEPHDGH EFNGLSSLDI
203: H-----SPL--

+++++
Sequence 1 : DREB2B.aa
Size : 330
Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2E.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
AN# : 2
Matching Weight : 29.20 [X]

1: MAVYQTGTE QPKKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKKRYPAKGS
M-----SKQSSA--SVVSRRR RRVVEPVAT LRWEEELRA RARVQAKCS

61: KKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
53: KKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA

113: AASAYDEAM AMYGLARLN FRPSDASEVT STSSQSEVCT VETPGYHYKT EDPOCESKPF
113: AALAYDEAM AIVGSLARLN LP-----LLPLC-----

173: ESNPFQILD VREESGQTR DSCVTVGHQD NSLNYD LLEFEQQYV QVLEKQEQG
135: EDLGGKRGD EEAESSG-----QYVL ETKAGAGVY ETEGGQYVY

233: EEEIQQQQE QQQQLQP DLTVDYQVW PMSND IWDQ TSDWNECFD INELLGOLNE

```

【 5 - 6 】

```

0056504
+++++
Sequence 1 : DREB2B.aa
Size : 330
Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2C.aa
Size : 341
Matching Position : 1 - 341

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
AN# : 2
Matching Weight : 32.62 [X]

1: MAVYQTGTE QPKKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PK--RKYPAK
M-----PSEI VDRKRSR--GTRDYAEL RQWREYNEI EAESIDGGG PKSIRKPPK

50: GSKKMGKGG GPPNSHCSF RYRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
53: GSKKMGKGG GPPNSHCSF RYRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA

119: EAATAMYSGL ARLNFP-----QS YSEFTSTSS QSEVCTVKN AVYGVQVYK
113: EAAKLYGQS ARLNLEITN RRSSTAATAT YSGSYTAFSD ESEVCAEDT MASSGQVYK

167: HEDTQESNP FSQILDVREESGQ-----TRP DSCVTVGHQD NSLNYD LLEFEQQYV
173: LEDCSDEVYL LSSQCKWEE LKNGKEVRE HNLAVFGIG QSKRETLDA WLMGNGHEE

223: LQE-----KEK KQEE-----EEI QQQQEQQQ QLOPDLTYA DYGRPNSDI VYDQTSWPN
233: PLEFQDSTF DINELLGILN DNWVSGQETH QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASG

277: ECFDINELLG DNEPNSHCSF QDMSLNYD LLEFEQQYV QVLEKQEQG QVEEELIQQQ
291: E-----IAPQV DYQVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASG

+++++
Sequence 1 : DREB2B.aa
Size : 330
Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2D.aa
Size : 206
Matching Position : 1 - 206

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
AN# : 2
Matching Weight : 28.48 [X]

1: MAVYQTGTE QPKKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKKRYPAKGS
M-----PK-----VMWV GA--NK KQRTVQA-SS

61: KKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
42: RKAPKRSRK GOMKNGGQPE NIGCDYQVR QRTKGRKVAE IREPGKAL WLGITSSSYE

114: AASAYDEAM AMYGLARLN FRPSDASEVT STSSQSEVCT VETPGYHYKT EDPOCESKPF
102: AALAYDEAM AIVGSLARLN LP-----LLPLC-----

174: SGGVEPMYCL ENGAEMKRW VKADKHWLSE FEHNYNSDL KEKEKQEQG IVETQQQQQ
129: -----QARLL HFLMN--LK-----FVYVYIQWQ

234: QDLSLVADYQ #PNDVQSHLD DSSMFVDEL LRDINGDVF AGLNDQRYG NSVANSYR
190: DLVLE-----VILSITS RISKMLSPIT AL-----VKLCRY-----

294: PESQSGFD PLSLNYGIPP FQLEKQDNG FFDLSYLDL EN
176: -----

```

【 5 - 8 】

```

0056504
176: YNEADIELGH DKTQNPWD-----NEIYNPAK SIEGYSYDRF KLDNGL-----

293: PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
220: -----LYNEP QSSSY-----HGGGF DSYFEYFRF

+++++
Sequence 1 : DREB2B.aa
Size : 330
Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2F.aa
Size : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
AN# : 2
Matching Weight : 28.08 [X]

1: MAVYQTGTE QPKKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKKRYPAKGS
M-----EK-----SSSKGW

61: KKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
11: KKQKMGKGG PMSHCSFRG YRQRWGWVY AEIREFKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA

121: ATAMYSGLAR LNFPSQVSGE FTSTSSQSEVCT VETPGYHYKT EDPOCESKPF
71: ALKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASG

180: LDVREESGQ TRPDSCTVGH QDMSLNYD LLEFEQQYV QVLEKQEQG QVEEELIQQQ
131: QREELKKG LLSQSYSSSS SSTESKNTS FL--DEKSK GETDNWFEQ DQKPEIDL

240: QQQQQQL-----QDPLTY ADYGRPNSDI VYDQTSWPN NCFDINELL GDLNEPGRQ
189: EFLQQLIK DENAEPESEV AECSSPPPNV ELETQSPR TENSWOTLI EMPRETTM

296: SQQQVNSYGL SYDLHLEH PHDGEFNL SLDI
249: QFD--SNFQ STQFEDVSP F--SINDY GSLD-

+++++
Sequence 1 : DREB2B.aa
Size : 330
Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2G.aa
Size : 306
Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1

```

【 5 - 9 】

0056504

Gaps : 1
#NF : 2

Matching : 26, 35 [X]
Weight : 185

1 : MAVYEQTGTE QPKRKRAR AGGLTVADR LKKMEYNEIV EASAVKEGK PKRVPKAGS
1 : ---EE QP--- PAKRNRGSR

61 : KKGGMKGG PNHCHSFRG YRQRIGKWF AEIREPKIGI RLMLGTFPTA EKAASAYDA
16 : RKGGMKGG PENACTFRG YRQRIGKWF AEIREPKIGI RLMLGTFPTS VEAAMAYDA

121 : ATAMVGLAR LM--PQSVG SEFTSTSSG EVCYVENKAV VCGDVCYKHE DTDCSNPFS
76 : AKLTYGKAK LNLHVPQRR QVYVNRNLSF SGHGSNATY HKKLDNPHGL DLGLGASCS

179 : QILDVRESC GTRPDSCTVG HQDNSSLNY DLFLEFQY WGVLEKEK PKQEEELIQ
136 : --RGSCSRSS FLQED-DHHS HNRCSSSGS NLCMLPKGS DSDQETVNA TTSYGGEGG

239 : QQEQQQQL QPDLTYADY G--WVWS-----N DIVDQTSMD PNEQDINEL
194 : GSTLFTSNL KPKMLNSQY GLYNGWRF LVGQEKTEH DVSSCGSSD NKESMLVPSG

265 : LG--DLNEP QPHQSDQNH YNSGYLHP LHLPHD---GIEFNGLSS LD1
254 : GEFMRPEL EERTGYLEND DLLELDLGL LIGKNDPKN WCEEFQHP WNF

+++++

Sequence 1 : DREBZL.aa
Size : 330
Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREBZL.aa
Size : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#NF : 2

Matching : 28, 92 [X]
Weight : 160

1 : MAVYEQTGTE QPKRKRAR AGGLTVADR LKKMEYNEIV EA--SAVKEG EKPKRVPKAK
1 : M-----PQKRRR--GTRVDAEIL KMKMEYNEIG EADSCIDGG SKPKRKPAPK

59 : GSKGGMKGG GDRNCHSFRG YRQRIGKWF AEIREPKI GTRMLGTFP TAEKASAYD
48 : RSKGGMKGG GDRNCHSFRG YRQRIGKWF AEIREPKR GTRMLGTFP TAEKASAYD

119 : EAATAMVGL ARLNFPQSVG SEFTSTSSG EVCYVENKAV VCGDVCYKHE DTDCSNPFS
108 : EASKAIYGS ARNLN---

【 5 - 10 】

0056504

179 : QILDVRESC GTRPDSCTVG HQDNSSLNY DLFLEFQY WGVLEKEK PKQEEELIQ
124 : -----LPLCQ---ARLHFLM LKFVNRVQM

239 : QQEQQQQL QPDLTYADY GNPWSNDIVN DQTSWPKEC FDIHLLGL NEPQPHSQD
149 : Q-----DL-----YLVR SLTS-----RISKML-----SP1

299 : QMNSGSDY LHLPHLPHD GHEFNGLSS LD1
169 : TALYKLGTY-----

+++++

Sequence 1 : DREBZC.aa
Size : 341
Matching Position : 341 - 341

Sequence 2 : DREBZD.aa
Size : 206
Matching Position : 1 - 206

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#NF : 2

Matching : 29, 03 [X]
Weight : 167

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GPKSRIRKPP PKGSRKGMK
1 : M-----EE QPPA-----KKR NGRSRKGMK

61 : GKGGPENGIC DYRGVRRRW GKWVAEIREP DGGARLNLGT FSSSYEALA YDEAKAIYG
31 : GKGGPNSC TYRGVRRRW GKWVAEIREP NRGARLNLGT FDSREALA YDSARKLYG

121 : QSARLNLPEIT NRSSTATAT ATVSGYTFAS DSEVCAREC DYNASSGFRQ VKLEDCSDEY
91 : PEHLNLPE-----SLRSYKTSAS SPAS-----QITPSNIG--GKSSSD--

181 : VLLDSSQCIK EELKKEEVR EHNLYVGFQ IGDQSKRETL DAWLMDNGNE QEPLEFQYD
129 : -----SESPSS NEMSSGRTV EE-----IS

241 : TFDINELGLI LNDNNSGQE TMQYQDRHP NFSYQTFPN SKLLGSLNPN EIAQPVGYG
150 : WEHIVDLPV NDSSSIWECA TW-----SL-----G

301 : CPYVQSDNE NYGIDLDRH FLDLDIQLDF GQKDVHGST T
175 : FFWV-----HEGNDISR F-DTCSIGY SNMD-SFHSF L

+++++

Sequence 1 : DREBZC.aa
Size : 341
Matching Position : 1 - 341

【 5 - 11 】

0056504

Sequence 2 : DREBZE.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 2
#NF : 2

Matching : 30, 29 [X]
Weight : 172

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GPKSRIRKPP PKGSRKGMK
1 : MEKEDNGSKQ SS--SASVY SSRRRRVVE PVATLQNEE EELARARRV QAKGSKGGM

60 : XKGGPENGIC DYRGVRRRW GKWVAEIREP P--DQGA-----RLNLGT: SSSYEALAY
58 : RKGGPENGIC DYRGVRRRW GKWVAEIREP P--DQGA-----RLNLGT: SSSYEALAY

112 : DEAKAIYGR SARLNLPEIT NRSSTATA TVSGYTFAS DSEVCAREC TNASSGFRQ
118 : DRKASVWGP VARLNFPG-----DLGGKXKQ EEAE-----SSG---

172 : KLEDCSDEYV LLDSSQCIK EELKKEEVR EHNLYVGFQ IGDQSKRETL ARNMDNGNE
152 : ---GTL-----ETNK--GN G---VIELEG GADYVYNE--

232 : EPLFQVDET FDIHLLGLI LNDNNSGQE TMQYQDRHP NFSYQTFPN SKLLGSLNPN
179 : DAIEGHDKT QNPMTNEIV NPAVKS---EGSYDR-----FKLD N-----

292 : IAGPVGYGCP PYVQSDNE NYGIDLDRH FLDLDIQLDF GQKDVHGST
218 : ---GLLYNE P--QSSSYRQ GG-----QFDSYF-----EYRF

+++++

Sequence 1 : DREBZC.aa
Size : 341
Matching Position : 1 - 341

Sequence 2 : DREBZF.aa
Size : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#NF : 2

Matching : 29, 89 [X]
Weight : 172

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GPKSRIRKPP PKGSRKGMK
1 : M-----EE QPPA-----KKR NGRSRKGMK

61 : GKGGPENGIC DYRGVRRRW GKWVAEIREP DGGARLNLGT FSSSYEALA YDEAKAIYG
22 : GKGGPNSC TYRGVRRRW GKWVAEIREP NRGARLNLGT FDSREALA YDSARKLYG

121 : QSARLNLPEIT NRSSTATA TVSGYTFAS DSEVCAREC DYNASSGFRQ
82 : HEAKLNLVHP QQQQVYVNR NLSFSGHSG SWAYKGLDM VHLDLGLGQ ACSGRG-SCS

174 : EDCSDYVLL DSSQCIK EELKKEEVR EHNLYVGFQ DS-KRETLD --WLMNGNE
141 : ERSSFLQEDD DSHNRCSSS SG-----S NLCMLPKGS DSDQETVNA TTSYGGEGG

231 : QEPLEFQYD EFTDINELGLI LNDNNSGQE TMQYQDRHP NFSYQTFPN N--SNLLGSL
194 : GSTLFTSNL KPKMLNSQY GLYNGWRF LVGQEKTEH DVSSCGSSD NKESMLVPSG

288 : NPMIEAQGVY DYCGVQVPS DMENYDILD HRDFLDIQLDF GQKDVHGST
254 : GEFMRPEL EERTGYLEND DLLELDLGL LIGKNDPKN WCEEFQHP WNF

【 5 - 12 】

0056504

17 : GKGGPNSC TYRGVRRRW GKWVAEIREP KKRARLNLGS FATAEAMA YDEAKAIYG

121 : QSARLNLPEIT NRSSTATA TVSGYTFAS DSEVCAREC DYNASSGFRQ VKLEDCSDEY
77 : RANVNLPHL QNTRPNSLN SQPKVYVNS RKFISNFPSC QMLNVAQPS VHLIQLKLE-

176 : CSDYVLLDSSQCIK EELKKEEVR EHNLYVGFQ IGDQSKRETL DAWLMDNGNE QEPLEFQYD
135 : ELKXITGLL--SQ-----SYS SSSSSTESKT NTSFLDKETS KGET--DMV FEGDQKHPPE

236 : FGVDETFDIN ELLGLI LNDNNSGQE TMQYQDRHP NFSYQTFPN SKLLGSLNPN EIAQPVGYG
185 : --IDLTEFL QQLGKIDEN-----EAEPSA VACHSPPPK NEQ---EET GSPRTENS

295 : FGVDETFDIN ELLGLI LNDNNSGQE TMQYQDRHP NFSYQTFPN SKLLGSLNPN EIAQPVGYG
234 : NDTLIERNS ETTITPSS NFGSYDPE--D--YKPSFI WQVYGLD

+++++

Sequence 1 : DREBZC.aa
Size : 341
Matching Position : 1 - 341

Sequence 2 : DREBZG.aa
Size : 308
Matching Position : 1 - 308

Matching Condition.
Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
#NF : 2

Matching : 28, 25 [X]
Weight : 174

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GPKSRIRKPP PKGSRKGMK
1 : -----EE QPPA-----KKR NGRSRKGMK

61 : GKGGPENGIC DYRGVRRRW GKWVAEIREP DGGARLNLGT FSSSYEALA YDEAKAIYG
22 : GKGGPNSC TYRGVRRRW GKWVAEIREP NRGARLNLGT FDSREALA YDSARKLYG

121 : QSARLNLPEIT NRSSTATA TVSGYTFAS DSEVCAREC DYNASSGFRQ
82 : HEAKLNLVHP QQQQVYVNR NLSFSGHSG SWAYKGLDM VHLDLGLGQ ACSGRG-SCS

174 : EDCSDYVLL DSSQCIK EELKKEEVR EHNLYVGFQ DS-KRETLD --WLMNGNE
141 : ERSSFLQEDD DSHNRCSSS SG-----S NLCMLPKGS DSDQETVNA TTSYGGEGG

231 : QEPLEFQYD EFTDINELGLI LNDNNSGQE TMQYQDRHP NFSYQTFPN N--SNLLGSL
194 : GSTLFTSNL KPKMLNSQY GLYNGWRF LVGQEKTEH DVSSCGSSD NKESMLVPSG

288 : NPMIEAQGVY DYCGVQVPS DMENYDILD HRDFLDIQLDF GQKDVHGST
254 : GEFMRPEL EERTGYLEND DLLELDLGL LIGKNDPKN WCEEFQHP WNF

【 5 - 1 3 】

0056504

Sequence 1 : DREB2C.aa
Size : 341
Matching Position : 1 - 341

Sequence 2 : DREB2H.aa
Size : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.
Matches : -1
Misatches : 1
Gaps : 1
#M : 2
Matching : 38.42 [%]
Weight : 97

1 : MPEIYDRIK KSRGTRDAE ILRQWRYNE QEAESCIDG GPKSIRKPP PKSRKGMK
* * * * *
1 : MP-----RKR KSRGTRDAE ILRQWRYNE QEAESCIDG GPKSIRKPP PKSRKGMK

61 : GKGPENGIC DYGVQRQWV GKVAEIREP DGGARLNLGT FSSSYEAALA YDEAKAIY
* * * * *
56 : GKGPENGIC DYGVQRQWV GKVAEIREP DGGARLNLGT FSSSYEAALA YDEAKAIY

121 : QSARLNLPEI TNRSSTAAT ATVSGYVAF DSESEVCARE DTNASSGFQK VKLEDCSDEY
* * * * *
116 : QSARLNLPEI-----

181 : VLDSQQCIK EELKKEEVR EHNLAIVFG IGQDSKRETL DAWLWNGNE QEPLEFQVDE
* * * * *
124 : -LLPLCQ-----

241 : TFDIMELIGI LNDNYSQAE TQVGVDRHP NFSYQTFPV SNLLGSLMWP EIAQPGVYV
* * * * *
136 : -LWY LKFWYVYVQ--MQDLY-----

301 : CPYVPSME NYGIDLHRR FNDLDIQLD FGDGQVHNS T
* * * * *
158 : -TSRISM-----

Sequence 1 : DREB2D.aa
Size : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2 : DREB2E.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

Matching Condition.
Matches : -1
Misatches : 1
Gaps : 1
#M : 2
Matching : 35.20 [%]
Weight : 86

【 5 - 1 5 】

0056504

Sequence 1 : DREB2D.aa
Size : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2 : DREB2G.aa
Size : 306
Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.
Matches : -1
Misatches : 1
Gaps : 1
#M : 2
Matching : 32.06 [%]
Weight : 144

1 : MSSIEPKVMV YGANKKQRTV QASSRKGCMR KGGGPNASC TYKGVQRQWV GKVAEIREP
* * * * *
1 : EEEQPP-----AKK--NN MGRSRKGMK KGGGPNASC TFRGVQRQWV GKVAEIREP

61 : NRGARLNLGT FDSREALA YDSAAKLYG PEALNL-----
* * * * *
52 : NRGARLNLGT FDSREALA YDSAAKLYG PEALNLVHP QQQQVYVIR NLSFGHSG

98 : -----PELSRISVP AS-SPASQTT PDS-----ATGKSS-----
* * * * *
112 : SWAYNKLDW VHGDLGLQG ASCSRGSCSE KSSFLQEDDD HSHRCCSSSS GNLKWLPLK

127 : -SDS-----ES PCSS-----NEWS-----S OGRYTEISH
* * * * *
172 : QSDSDQDEIV NATTSYQDEG QGGSTLFTST NLKPKNLMSO NYGLYNGMS RFLVQGEKKT

151 : EHIHNDLPMV DOSSIIEE--ATMSLQFVW N-----EOD--N DISRFDTCS
* * * * *
232 : EH--DVSS CGSSDMSM LVPSGCGEMR HPPELEERTG YLEWDLLEI DDLGLIGN

194 : GQYSNW--DS FHSP--L
* * * * *
269 : GDFKNWCEE FQWVWVH

Sequence 1 : DREB2D.aa
Size : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2 : DREB2H.aa
Size : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.
Matches : -1
Misatches : 1
Gaps : 1
#M : 2
Matching : 32.03 [%]
Weight : 101

1 : M-----SSIEPK-----YVMVANKK QR-TVQASSR KGMKRGKGP
* * * * *
1 : MPRKRSRGT RDAEILRW REYNEATD SCIDGSGSK IRKAPKRSR KGMKRGKGP

【 5 - 1 4 】

0056504

1 : M-----SS-IEPKVMVWV A-----NKKGRIVQA--SSRKGCMRK
* * * * *
1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR RRRRVYVPE ATLQRWEEFG LARARRVQAK GSKKGMK

33 : GQPNASCIC KYGVQRQWV GKVAEIREP--NRGA-----ALNLGT FDS REAALYDRA
* * * * *
61 : GQPNVCRF RGVQRQWV GKVAEIREPVS HRGANSRSK RLNLGT FATA AEAALYDRA

85 : ARKLYGPEAH LNLPELSRY PXTASSPASQ TFPSSMTGK SSSDSESPCS SNESSGCRV
* * * * *
121 : ASVMVGPYAR LNFPELGGG RKQDEAESS GYVLETKA GNVYIE-----TEGKDYV

145 : TEE--ISWEH INVOLPVWDD SSIWEATMS--LQFPVYHE GNDISRFDT CIS--GGY
* * * * *
176 : YNEADIEHGN DKTQW--HTD NEIVMPAVKS EEGYSYRFR KLNLGLYNE QSSYVHRGG

197 : SNWDSFHSPL
* * * * *
235 : FDSYFVFRF

Sequence 1 : DREB2D.aa
Size : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2 : DREB2F.aa
Size : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.
Matches : -1
Misatches : 1
Gaps : 1
#M : 2
Matching : 32.65 [%]
Weight : 129

1 : MSSIEPKVMV YGANKKQRTV QASSRKGCMR KGGGPNASC TYKGVQRQWV GKVAEIREP
* * * * *
1 : M--EKSSM-----KQ-----NKKGPYAR KGGGPNALC QYGVQRQWV GKVAEIREP

61 : NRGARLNLGT FDSREALA YDSAAKLYG PEALNLPE-----ESL-----RSTP
* * * * *
47 : KKRARLNLGS FATAEALMA YDEAALKLYG HDAYLNLPHL QRNTRPSLSN SURKWNVSR

108 : KTASSPASG-----QTPPS-----SNTGKS--SSDSESPCS--SNEMS
* * * * *
107 : KFISSPSCG MLNVAQPSY HIIQRLEEL KYTLLLSQY SSSSSTESK TNTSFLDEKT

140 : -----SC C-----R YTEEISWEH INVOLPVWDD SSIWE-----EATWSL
* * * * *
167 : SKGETDHPFE GQKQKFEID LTFELQLGI LQENWAEPS EYAECHSPPP WNEQEGTSP

174 : GQPVYEGDN DI-----SRFDICSG QY-----SNWDSFHSPL
* * * * *
227 : FRIEYFNQD LTEMPSETT TMUFDSSMFG SYDFEDVVSF PSINWYVYSL D

Sequence 1 : DREB2E.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

Sequence 2 : DREB2F.aa
Size : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.
Matches : -1
Misatches : 1
Gaps : 1
#M : 2
Matching : 27.52 [%]
Weight : 172

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR RRRRVYVPE ATLQRWEEFG LARARRVQAK GSKKGMK
* * * * *
1 : MEK-----SSS-----NK QWASPARIG

61 : GQPNVCRF RGVQRQWV GKVAEIREPVS HRGANSRSK RLNLGT FATA AEAALYDRA
* * * * *
19 : GQVQLQCY RGVQRQWV GKVAEIREP-----KKRA RLNLGT FATA AEAALYDRA

121 : ASVMVGPYAR LN-----FP-----
* * * * *
71 : ALKYLGRYAT LNLPHLQNTV RPSLSNSQRF KWPSPKRFIS MFPSCMLVW MARVSHIIQ

135 : -----EDLGGG RKQDEAESS GYVLETKA-----KAGN GYIETEGG--KDYVYVND
* * * * *
131 : QRLEELKKTG LLSQYSSSS SYESKNTNTS FLDEKTSKGE TDNFEQDQK KKPEDILTEF

180 : ATELGHKRTQ N--PWITNE--IIVPAVKS EEGYSYRFR KLNLGLYNE PDS-----
* * * * *
191 : LQLGLIKQDE NEAEPSEVAE CHSPPFNER EETGSPFRTE NFSNDLTEM PRSETTMMF

227 : -SSYHGGGF--DSYF-----EYFRF
* * * * *
251 : DSSNFGSYDF EDVVSFVSIW DYVYGLD

Sequence 1 : DREB2E.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

Sequence 2 : DREB2F.aa
Size : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.
Matches : -1
Misatches : 1
Gaps : 1
#M : 2
Matching : 27.52 [%]
Weight : 172

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR RRRRVYVPE ATLQRWEEFG LARARRVQAK GSKKGMK
* * * * *
1 : MEK-----SSS-----NK QWASPARIG

61 : GQPNVCRF RGVQRQWV GKVAEIREPVS HRGANSRSK RLNLGT FATA AEAALYDRA
* * * * *
19 : GQVQLQCY RGVQRQWV GKVAEIREP-----KKRA RLNLGT FATA AEAALYDRA

121 : ASVMVGPYAR LN-----FP-----
* * * * *
71 : ALKYLGRYAT LNLPHLQNTV RPSLSNSQRF KWPSPKRFIS MFPSCMLVW MARVSHIIQ

135 : -----EDLGGG RKQDEAESS GYVLETKA-----KAGN GYIETEGG--KDYVYVND
* * * * *
131 : QRLEELKKTG LLSQYSSSS SYESKNTNTS FLDEKTSKGE TDNFEQDQK KKPEDILTEF

180 : ATELGHKRTQ N--PWITNE--IIVPAVKS EEGYSYRFR KLNLGLYNE PDS-----
* * * * *
191 : LQLGLIKQDE NEAEPSEVAE CHSPPFNER EETGSPFRTE NFSNDLTEM PRSETTMMF

227 : -SSYHGGGF--DSYF-----EYFRF
* * * * *
251 : DSSNFGSYDF EDVVSFVSIW DYVYGLD

Sequence 1 : DREB2E.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

1 : M-----SSIEPK-----YVMVANKK QR-TVQASSR KGMKRGKGP
* * * * *
1 : MPRKRSRGT RDAEILRW REYNEATD SCIDGSGSK IRKAPKRSR KGMKRGKGP

【 5 - 17 】

0056504

Matching Position : 1 - 244
 Sequence 2 : DREB2G.aa
 Size : 306
 Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 2
 #NF : 1

Matching Weight : 25.07 [X]
 Weight : 197

```

1 : MEKEDNSKQ SSSAVSSR RRRVYVPE ATLQWEEG LARARRQAK DSXKQWRK
   * * * * *
1 : -----EE QPARKKNG KSXKQWRK

61 : GPEPVCRF RGVQRVWGK WVAEIREPVS HRCANSSRSK RLNLGTATA AEAALAYDA
   * * * * *
24 : GPEVATCF RGVQRVWGK WVAEIREP-----NRST RLNLGTATS YEAMAYDEA

121 : ASVWYQPYAR LNFPEDLEGG RKKDEEASS GGYWLETNKA QNGVYETEGG KQYVYVWEDA
   * * * * *
76 : AKKLYGQAK LNLVWVQQQ QVYVWRLSF SGHSSSWAY NKLDWVHGL DLQDQASCS

141 : RKKDEEASS-----SGG YNL-----ETNKA-----GMY
   * * * * *
136 : RGSCESSSF LQEDDISHW RCSSSSGSL CNLLPKQSDS QDETIVATT SYGEGGGGS

165 : IET-----EGKQVYV YN-----DAIEIQDK TQNPWONEI VNPVYKSEEG
   * * * * *
196 : TLFSTNLKP KNLWSQVGL YNGWRSFLV QEKKTIDYV SSSGSSDVK ESMVPSGCG

208 : YSDYFKL-----DNG LLINPQSSS YHQGGDSY FEY-----R F
   * * * * *
256 : ERHHPLEEE RTQYLEMDL LEIDDLGLI KNGGFKNMC CEFGHPNWF F
   * * * * *

```

+++++

Sequence 1 : DREB2F.aa
 Size : 277
 Matching Position : 1 - 244

Sequence 2 : DREB2H.aa
 Size : 177
 Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 2
 #NF : 1

Matching Weight : 29.92 [X]
 Weight : 114

```

1 : MEKEDNSKQ SSSAVSSR RRRVYVPE ATLQWEEG LARARRQAK DSXKQWRK
   * * * * *
1 : MPRKRSRGT RQVA-EILR KWREYKETE A-DSCIDGGK SKP/RKAPPK KSRKQWRK

```

【 5 - 18 】

0056504

```

61 : GPEPVCRF RGVQRVWGK WVAEIREPVS HRCANSSRSK RLNLGTATA AEAALAYDA
   * * * * *
58 : GPEVIGCY TGVQRVWGK WVAEIREP-----GRGA-----KLVGTFSS YEAMAYDEA

121 : ASVWYQPYAR LNFPEDLEGG RKKDEEASS GGYWLETNKA QNGVYETEGG KQYVYVWEDA
   * * * * *
110 : SKAIVGQAK LNLVWVQQQ QVYVWRLSF SGHSSSWAY NKLDWVHGL DLQDQASCS

161 : IELGDKTQN PWTONEI VNPVYKSEEG YHQGGDSY FEY-----R F
   * * * * *
153 : -LVRSLSR ISKMLSPITA LVK-----

241 : YRFF
   * * * * *
174 : LQRY
   * * * * *

```

+++++

Sequence 1 : DREB2F.aa
 Size : 277
 Matching Position : 1 - 277

Sequence 2 : DREB2G.aa
 Size : 306
 Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #NF : 2

Matching Weight : 31.41 [X]
 Weight : 138

```

1 : ME-----KSS SMLQWQKQPA RKGQSPQNAL QVYQVQRRT WGVVVAIRE PKKRRLWLG
   * * * * *
1 : EEEQ*PAKRR NMGSRKQCM KXGGSPENAT CTRGVQRRT WGVVVAIRE PNRGTRLWLG

56 : SFATAEAM AYDEAALKLY QHAYLALPH LQ-----NR TRPSLSNSQR FKNVSRKFI
   * * * * *
61 : IFNTSYEAM AYDEAALKLY QHAKLNLPH PQQQQVYVW RLNLSFGHGS GSN-ATWKL

110 : SMLPQDMLN VNAQSVHII QORLEELKIT GLLSQSSS SS-----STE SKTHTSLDE
   * * * * *
120 : DWVHGLDGL GQASCSGSC SEKSFLEGD DSHSHRCCS SSGMLWLL PKQSDS-4DQ

165 : KTSKQEDM FEQG-----DQKYP-----EIDLTEF LQQLGLKDE NEAPSEVAE
   * * * * *
179 : ETVWATTSYG GEGGGSTLT FSTNLKPKNL WSNQYGLYNG AWRSLVQRE KITEHDVSS

211 : QHS-----PPPNI EQEETS-P FRTEFSDOT LIEM-PRSET TTMFDSSNF GSYDEDVVS
   * * * * *
239 : GSSSNKESM LVPSQSEEM HRPPELEERTG YLEMDLLETI DDLQLLIGN QDFKWCCEE

266 : FPSIDYYS LD
   * * * * *
299 : FQHPW-----N WF
   * * * * *

```

+++++

【 5 - 19 】

0056504

Sequence 1 : DREB2F.aa
 Size : 277
 Matching Position : 1 - 277

Sequence 2 : DREB2H.aa
 Size : 177
 Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 2
 #NF : 1

Matching Weight : 21.52 [X]
 Weight : 192

```

1 : N-----EKS-----SSMKQK KQPARKQGP
   * * * * *
1 : MPRKRSRGT RQVAELRQW REYNEQTEAD SCIDGGSKP IRKAPKRSR KQKQWRK

22 : QNALQYQV RQVWQKVA EIREPKRAR LNLGSPATA EAMAYDEAA KLYGHAYL
   * * * * *
61 : ENGIDYQV RQVWQKVA EIREPKRAK LNLGTFSSY EALAYDEAS KAVYQKRL

82 : MLPHQNTN PSLNSQRFK WVSRKFSM FPSQMLNWN AQPVHIIQQ RLEELKATGL
   * * * * *
121 : NLPLFLQQA RLHLMLNLK PV-----HVRQRQ DL-----V

142 : LSQSSSSS STSKTNTSF LDKTSKGET DMWEGGQK XPEIDLTEL QQLGKIDEN
   * * * * *
153 : LVRSLSRS KMLS-----PITAL YKLG-----

202 : EAEPSEVAE NSPPPNQDE ETGSPFRTE FSWDTLEMP RSETTWFQD SSNFDSYDFE

176 : -----RY

262 : DVSFPSHD YYSLD

178 : -----RY

```

+++++

Sequence 1 : DREB2G.aa
 Size : 306
 Matching Position : 1 - 306

Sequence 2 : DREB2H.aa
 Size : 177
 Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.
 Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 2
 #NF : 1

Matching Weight : 24.41 [X]
 Weight : 192

【 5 - 20 】

0056504

```

1 : -----EECO-----PP AKKNMRSR KQKMKQGGP
   * * * * *
1 : MPRKRSRGT RQVAELRQW REYNEQTEAD SCIDGGSKP IRKAPKRSR KQKQWRK

27 : ENATCTFRV RQVWQKVA EIREPNRTR LNLGTFNTSY EAMAYDEAA KLYGHAKL
   * * * * *
61 : ENGIDYQV RQVWQKVA EIREPKRAK LNLGTFSSY EALAYDEAS KAVYQKRL

87 : NLVHPQDQQ VVWVWVLSF SGHSSSWAYN KKLWVHGLD LGLQASCSR GSCERSSFL
   * * * * *
121 : NL-----PL LPLQQA-----

147 : QEDDISHWR CSSSSSNLC NLLPKQSDS QDETIVATS YGEGGGST LTFSTNLKP
   * * * * *
131 : -----RL LHLMLNKEY

207 : NLSNQYGLY NGWRSFLVQ QEKTEIDVS SSGSSSWME SMLVPSGCGE HHPPELEER
   * * * * *
143 : HVRQRQDL-----VLV-----HSLTSRSK-----MLSP-----

267 : TQYLEMDL EIDDLGLI KNGGFKNMC EEFQHPNWF
   * * * * *
168 : -----ITALVKL-----GRY

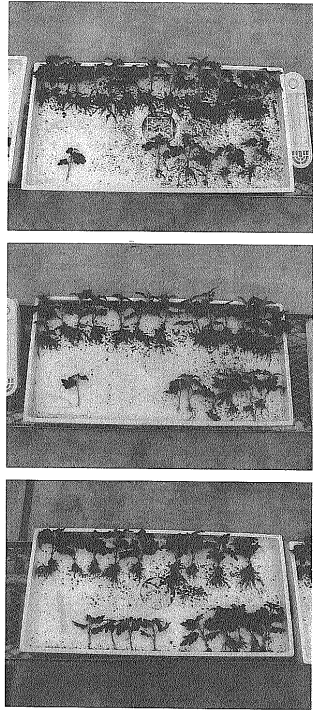
```


【 図 9 】

```

DREZ2A 1..LVYOGCBARTDYSHKESKESRGOCITVAHKKRKHTRHUVETK...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2B 1..LVAVETG...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2C 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2D 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2E 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2F 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2G 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2H 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2I 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2J 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2K 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2L 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2M 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2N 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2O 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2P 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2Q 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2R 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2S 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2T 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2U 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2V 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2W 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2X 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2Y 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
DREZ2Z 1..LVVFE...LWV...HQPAPKSKMAGOUTWDMKTKATG...RANKUGSKCHCKKCGG
    
```

【 図 10 】

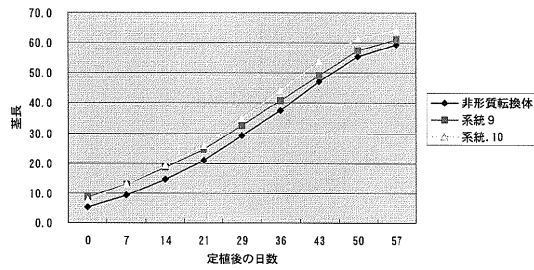


系統 9

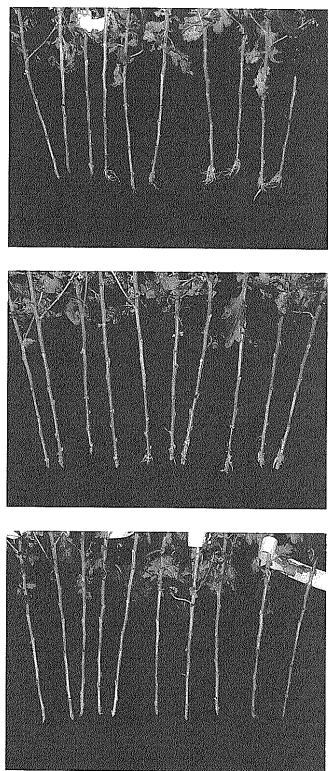
系統 10

非形質転換体

【 図 11 】



【 図 12 】



系統 9

系統 10

非形質転換体

フロントページの続き

- (72)発明者 篠崎 和子
茨城県つくば市吾妻2丁目11-807-508
- (72)発明者 梅基 直行
栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地 麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内
- (72)発明者 間宮 幹士
栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地 麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内
- (72)発明者 戸栗 敏博
栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地 麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内

審査官 中村 正展

- (56)参考文献 特開2000-116260(JP,A)
国際公開第99/053016(WO,A1)
Plant Mol. Biol., 1998年, vol. 38, 1123-1135
Plant Cell, 1998年, vol. 10, 1391-1406
Biochem. Biophys. Res. Commun., 2002年, vol. 290, 998-1009
園芸学会雑誌, 2002年, vol. 71, 638-642

(58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

A01H 5/00
C12N 15/00-15/90
C12N 5/00- 5/10
JSTPlus(JDreamII)
CA/BIOSIS/MEDLINE(STN)
WPIDS(STN)