

(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)  
 (22) 出願日 平成15年3月14日(2003.3.14)  
 (65) 公開番号 特開2004-275081(P2004-275081A)  
 (43) 公開日 平成16年10月7日(2004.10.7)  
 審査請求日 平成17年10月31日(2005.10.31)

(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  
 (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  
 (74) 代理人 100091096  
 弁理士 平木 祐輔  
 (74) 代理人 100118773  
 弁理士 藤田 節  
 (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

【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

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は本発明の乾燥スト

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]、シリコンナイトリドウイルスカー、シリコンカーバイドウイルスカー[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、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 】

20

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  $\mu\text{M}$  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。

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）。

【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 |

【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 |

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。

【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 caaacctaac 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 |     | 30 |
| 115 120 125   |     |    |
| 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 |    |    |    |  |
| 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 |    |    |    |  |

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 |    | 160 |
| 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   |





|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|     | 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

|     |          |     |         |      |         |     |         |     |          |     |          |     |     |
|-----|----------|-----|---------|------|---------|-----|---------|-----|----------|-----|----------|-----|-----|
| ctt | gaaaaag  | aat | ctacctg | aaa  | agaaaaa | aa  | gagagag | ag  | atataaat | ag  | ctttacca | 60  |     |
| ag  | acagatat | act | atctttt | atta | atccaa  | aa  | gactgag | aac | cttagta  | act | acgtact  | 120 |     |
| act | taaacct  | tat | ccagttt | ctt  | gaaacag | agt | actctga | tca | atg      | aac | tca      | 175 |     |
|     |          |     |         |      |         |     |         |     |          | Met | Asn      | Ser | Phe |

30

1

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| tca | gct | ttt | ctt | gaa | atg | ttt | ggc | tcc | gat | tac | gag | cc  | 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 | tig | 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 |     |     |     |     |    |
|   | 165 | 170 | 175 | 180 | 40 |
| 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 ttattttatt 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 30  
                   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 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|     | 210 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

10

20

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

30

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

<400> 7

cctgaattag aaaagaaaga tagatagaga aataaatatt ttatcatacc atacaaaaaa 60

agacagagat ctctactta ctctactctc ataaacctta tccagtttct tgaaacagag 120

tactcttctg atca atg aac tca ttt tct gcc ttt tct gaa atg ttt ggc 170

40

|   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|   | Met | Asn | Ser | Phe | Ser | Ala | Phe | Ser | Glu | Met | Phe | Gly |     |
|   | 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |
| tcc gat tac gag tct ccg gtt tcc tca ggc ggt gat tac agt ccg aag |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 218 |
| Ser Asp Tyr Glu Ser Pro Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Pro Lys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   | 15  |     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |
| ctt gcc acg agc tgc ccc aag aaa cca gcg gga agg aag aag ttt cgt |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 266 |
| Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 10  |
|   | 30  |     |     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |
| gag act cgt cac cca att tac aga gga gtt cgt caa aga aac tcc ggt |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 314 |
| Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   | 45  |     |     |     | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     | 60  |
| aag tgg gtg tgt gag ttg aga gag cca aac aag aaa acg agg att tgg |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 362 |
| Lys Trp Val Cys Glu Leu Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   |     |     |     |     | 65  |     |     |     |     | 70  |     |     | 75  |
| ctc ggg act ttc caa acc gct gag atg gca gct cgt gct cac gac gtc |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 410 |
| Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   |     |     |     |     | 80  |     |     |     |     | 85  |     |     | 90  |
| gcc gcc ata gct ctc cgt ggc aga tct gcc tgt ctc aat ttc gct gac |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 458 |
| Ala Ala Ile Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   |     |     |     |     | 95  |     |     |     |     | 100 |     |     | 105 |
| tcg gct tgg cgg cta cga atc ccg gaa tca acc tgt gcc aag gaa atc |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 506 |
| Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Glu Ile |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   |     |     |     |     | 110 |     |     |     |     | 115 |     |     | 120 |
| caa aag gcg gcg gct gaa gcc gcg ttg aat ttt caa gat gag atg tgt |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 554 |
| Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala Ala Leu Asn Phe Gln Asp Glu Met Cys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     | 130 |     |     | 135 |
| cat atg acg acg gat gct cat ggt ctt gac atg gag gag acc ttg gtg |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 602 |
| His Met Thr Thr Asp Ala His Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Leu Val |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|   |     |     |     |     | 145 |     |     |     |     | 150 |     |     | 155 |

|   |     |    |
|---|-----|----|
| 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 ctttttgggt attatagctt ttatacatt tgatcctttt ttagaatgga   | 852 |    |
| tcttcttctt tttttggttg 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 |  |    |



<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 |
| sresdvsnaa nntnatnar sarchentrr agrctrascn csrcaash tskbabarak     | 1492 |
| aantamaysa kmasrngnga c  | 1513 |

<210> 10

<211> 330

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

30

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



gtgaggaggagg gggagaggag ggcggaggag cagaatggg gtgtgttita tatggatgat 540  
 gaggcgcitt tgggatgcc caactttttt gagaatatgg cggaggggat gcttttgccg 600  
 ccgccggaag tggctggaa 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  
 1 5 10 15

20

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  
 35 40 45

30

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  
 85 90 95

40

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

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

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

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

10

20

30

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 atttctcca ttctgcttgg aggttgcggg 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





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 ccaaaagggt cgaggaaggg ttgtatgaaa 180  
 ggtaaagggtg gacctgaaaa cgggatttgt gactatagag gagttagaca gaggagatgg 240  
 ggtaaatggg ttgctgagat ccgtgagcca gacggagggt ctaggttgtg gctcgggtact 300  
 ttctccagtt catatgaagc tgcattggct tatgacgagg cggccaaagc tatatatggt 360  
 cagtcigcca gactcaatct tcccagatc acaaatcgtc ctctctcgac tgcigccact 420  
 gccactgigt caggctcggg tactgcattt tctgatgaat ctgaagtittg tgcacgtgag 480  
 gatacaaatg caagttcagg ttttgggtcag gigaactag aggatgttag 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 gtttccaat 840  
 tctaacttgc tggggagcct 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  
 1 5 10 15

20

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  
 35 40 45

30

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 |     |     |     | 10 |
|   | 115 | 120 | 125 |    |
| 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 |     |     |     | 30 |
|   | 195 | 200 | 205 |    |
| 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 acgaaccgic 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 ccggcgctcc agactacacc aagcagcaac 360  
 accggiggaa 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 |    |
| tggcgagag ctctgtaggt tcaagccaaa ggttcgaaga aaggttgtat gagaggaaaa  | 180 |    |
| ggtagaccag agaatcctgt ttgtcggitt agagggttc gacaaagggg ttgggggaaa  | 240 |    |
| tgggttgcct agatacgtga accagtgagt caccgtggtg caaaccttag tctagtaaa  | 300 |    |
| cggctttggc ttggcacgtt tctactgca gcigaagctg ctttggccta cgacagagct  | 360 |    |
| gctagtgtca tgtacggacc ctatgccagg ttaaatttcc cggaagattt gggtagggga | 420 |    |
| aggaagaagg acgaggaggc ggaagttcg ggaggctatt ggttggaaac taacaaagcc  | 480 | 20 |
| ggtaatggcg tgattgaaac ggaaggtagg 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 aaagttggtt | 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 agacctcttc tgagtaactc tcagagggtc 300  
 aatgggttac ctcaaggaa gtttatactt atgtttcctt catgtggtat gctaaacgtg 360  
 aatgctcagc ctagtgttca cataatccag caaagactag aagaactcaa gaaaactgga 420  
 cttttatctc aatcctattc ttctagtctt tctctaccg aatcaaaaac taatactagc 480  
 tttcttgatg 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 ttaga 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 gaaggcggtg gtggctctac gttaacgttt 600  
 tcgaccaatt tgaacccaaa gaatttgatg agtcagaatt atggattata caatggagct 660  
 tggcttaggt ttcttgtggg gcaagaaaag aagacggaac atgacgtgic atcgtcgtgt 720  
 ggatcgtcgg acaacaagga gagtatgttg gtccctagtt gcggcggaga gaggatgcat 780  
 aggccggagt tggagagcgc 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



Met Ser Gln Asn Tyr Gly Leu Tyr Asn Gly Ala Trp Ser Arg Phe Leu  
 210 215 220

Val Gly Gln Glu Lys Lys Thr Glu His Asp Val Ser Ser Ser Cys Gly  
 225 230 235 240

Ser Ser Asp Asn Lys Glu Ser Met Leu Val Pro Ser Cys Gly Gly Glu  
 245 250 255

10

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  
 275 280 285

20

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  
 ttgtgacag tgaggataca aatgcaagat ctggttttgg tcagatctct aactctcgc 480  
 atttccaaaa tgttaagtc aataactgca ttggtaagt tggggcgta 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



**<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。

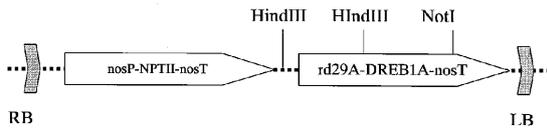
【図10】 挿し穂生産時の発根性試験の非形質転換体と系統9と系統10の発根性を示す写真である。

【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。

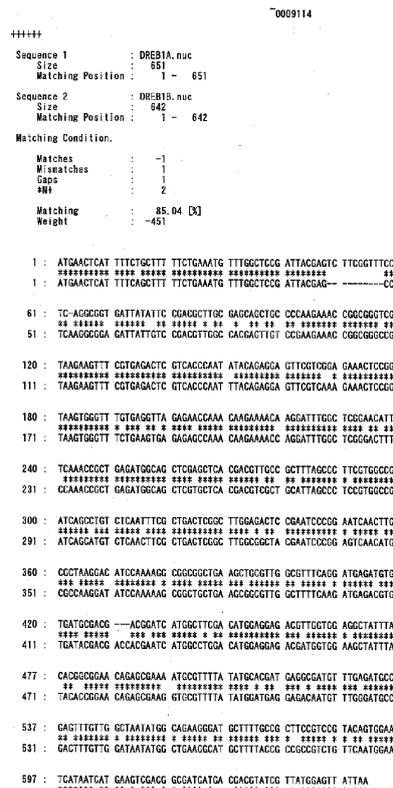
20

【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 - 6 】

0009114

472 : ATTTACAGC G-----GGAACAG-G CGA-MATCC GT-TTATAT GCAGCATGAG  
 416 : CGGGTCCCG CTCTGCTTC GGATCGGAG ACAGGATTC TTCTGGTAT GGATTGGAG

520 : GCGATGTTG AGCATGGCG TTGTGTGCT AATATGGCG AAGGGATGT TTTCGCCCTT  
 476 : ACTAGC-AG AMGTCTGAC GACGATGATG AGATCGCCG AGGGCCMCT AATGTCCGGC

580 : C-CGTCCCT AGAATGAA-----TCA TATCATG--AGTCCAGC--CGATG--  
 535 : CCGGATCGT ATA-TGGAAG ACATGACTC TACTAATGTT TACACGGAG AAGCATGTG

623 : --ATGACAG GTATCGTTAT CGAGT-----TATTA  
 594 : TTATCAGAT ATGTGATTT GAGATTACAG ATATTA

+++++

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

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

Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #N# : 2  
 Matching : 86.33 [%]  
 Weight : -471

1 : ATGAAGTCA TTTGAGCTT TTCTGAAATG TTTCGCTCCG ATTACAGCC TC-----  
 1 : ATGAAGTCA TTTGAGCTT TTCTGAAATG TTTCGCTCCG ATTACAGCC TC-----

53 : -AAGCCGAG ATTATTGCG GAGCTGGCC ACAGATGTC CGAAGAACD GGGGGCCGT  
 61 : TCAGCCGCTG ATTACAGCTG GAGCTGGCC ACAGATGTC CGAAGAACD ACGGGGAGG

112 : AAGAGTTC GTGAGCTG TCACCAGT TACAGAGCG TTGTCAAG AACTCCGGT  
 121 : AAGAGTTC GTGAGCTG TCACCAGT TACAGAGCG TTGTCAAG AACTCCGGT

172 : AAGTGGTTC CTGAAGTGC AGAGCAAC AAGAAACCA GATTTGGCT CCGGACTTC  
 181 : AAGTGGTTC CTGAAGTGC AGAGCAAC AAGAAACCA GATTTGGCT CCGGACTTC

232 : CAACCCGCTG AGATGGCAG TCCTGCTCAG GAGTGGCTG CATTAGCCG CCGTGGCGA  
 241 : CAACCCGCTG AGATGGCAG TCCTGCTCAG GAGTGGCTG CATTAGCCG CCGTGGCGA

292 : TCAGATGTC TCAATTCGC TCAGCTGCTG TGGCGCTAC GAATCCCGA GTCAAGTGC  
 301 : TCAGATGTC TCAATTCGC TCAGCTGCTG TGGCGCTAC GAATCCCGA GTCAAGTGC

352 : GCGAAGATA TCCAAAGC GCGTCTGAA CGCGCTTGG CTITTCAGA TGAGACTGT  
 \*\*\*\*\*

【 2 - 8 】

0009114

343 : TCAACATGC CCAAGATAT CCAAAAGCG GCTCTGAG CCGGTTGCC TTTTCAAGT  
 361 : ACTACTTTC CTAGAGGAT TCAAGAGGT GCGTCTGAG CTCAATGCG GTTTCAGAT

403 : GAGC-----CTGTGA--TACAGAGCC AC-GATCA- TGGCTGCG A-TGAGAG  
 421 : GAGACTAGA CCGAGGATC TAAAGTCCG GCGAGGACG ACGAGCCCG AGGGAGGGG

451 : ACGATGGTG AAGTATTTA TACAGCGAA CAGAGCGAG GTGGTTTTA TATGATGAG  
 481 : GTACCGGAG GCGAGAGAG GCGGAGAGG CAGATGCTG GTGTTTTTA TATGATGAG

511 : GAGCAATGT TTGGATGCC GACTTTGTT GATAATGTC CTGAAGGCT GCTTTAGCG  
 541 : GAGCGCTTT TTGGATGCC GACTTTTTC GATAATGTC CCGAGGATC GCTTTAGCG

571 : CCGCGCTGT TTCAATGAA TCAATANTT GAGCGGAG GAGATGTTG CGTCTGCTT  
 601 : CCGCGGAG TTGGTGGAA TCATA--AC GACTTTGAG GAGTGGTGA CGTCTGCTT

631 : TCGAGTT-----ACTAA  
 658 : TTGGATTTTC 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  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 2  
 #N# : 2  
 Matching : 53.38 [%]  
 Weight : 2

1 : ATGAAGTCA TTTGAGCTT TTCTGAAATG TTTCGCTCCG ATTACAGCC TCAAGCGGA  
 1 : ATG-----GAAA--AGCAC AT--ATCA CCGTCCGGA

61 : GATTATTGC CAGCTTGGC CAGAGTGT CCGAAGAAC CCGCGGCGC TAAGAGTTC  
 30 : CAT-----CA-----AG-----CGAAGAGCG GTGCTGAGC GAGATTTTC

121 : CCGTGGCTG GTACCCGAT TTACAGAGA GTTCTGAA GAGCTCCG TAAATGGTT  
 67 : AAGGAGAC GTACCCGAT TTACAGAGA GTTCTGAA GAGCTCCG TAAATGGTT

181 : TCTGAAGTA GAGGCCAA CAGAAAGC AAGATTTGC TGGGACTTT CCAAAAGCT  
 127 : TGGGAGTGC GTACCCGAT TTACAGAGA GTTCTGAA GAGCTCCG TAAATGGTT

241 : GAGATGCG CTGCTGCTA CAGCTGCTG GATTAAGCC TCGTGGCGC ATCAGCATG  
 187 : GATATGCGC CAGTGTGTA CAGCTGCGC GTTCTGCTG TGGCGGAGC ATCGGCTGT

【 2 - 7 】

0009114

381 : GCGAAGAAA TCCAAAGCG GCGGCTGAA CCGCGTTGA ATTTTCAGA TGAGATGTG

412 : GATACGACA CCGAATCA TGGCTGGAC ATGAGAGA CAGTGTGGA AGCTATTAT  
 421 : CATATGCGA CCGAATCA TGGCTGGAC ATGAGAGA CAGTGTGGA AGCTATTAT

472 : AGACCGGAG AGAGGGAGC TCGCTTTAT ATGATGAGC ACAGATGTT TGGATGCGC  
 481 : AGCGGGAGC AGAGGGAGC TCGCTTTAT ATGATGAGC ACGATGTTT TGGATGCGC

532 : ACTTTGTTG ATATATGCG TGAAGCATG CTTTTACCG CCGCTGCTG TCAATGAAAT  
 541 : ACTTTGTTG ATATATGCG TGAAGCATG CTTTTACCG CCGCTGCTG TCAATGAAAT

592 : CATAATTAT AGCGGAGG AGATGCTAC GTTCGCTTT GAGTACTA A  
 601 : TATATTTTC ATGCGAGG AGATGCTAC GTTCGCTTT GAGTACTA A

+++++

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

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

Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #N# : 2  
 Matching : 68.88 [%]  
 Weight : -234

1 : ATGAAGTCA TT--TCAGC TTTTCTGAA ATGTTT-- --GCTCGCA TTA-CGACC-  
 1 : ATGAAGTCA TTTGAGCTT ATTCCAGAC TCGTTTCTT CAATCGAGTCT

50 : -----CTC AAGCGGAGA TTATTGTCG ACGTGTGCCA CAGTGTGCC GAAGAAGCG  
 61 : CCGTGTGAG ACGATGAGA GTGTTACCA AAGTACTTT CAGTGTGCC AAGAAGCGA

103 : GCGCGCGTA AAGATTTTC TGAAGCTGT CAGCCATTT AGAGAGGAT TCGTGAAGA  
 121 : GCGCGGAGA AAGATTTTC TGAAGCTGT CAGCCATTT AGAGAGGAT TCGTGAAGA

183 : AACTCGGTA AATGGTTTC TGAAGTGA GAGCCAAAC AAGAAAGAG GATTTGGCT  
 181 : AACTCGGTA AATGGTTTC TGAAGTGA GAGCCAAAC AAGAAAGAG GATTTGGCT

223 : GGGACTTCC AAACCCGTA GATGGCAGT CBTGTCAGC ACGTGGCTC ATTACCCCT  
 241 : GGGACTTTC CAGAGTGA AATGGTGTG CBTGTCAGC AATGGTGTG TTTAGCTTT

283 : GGTGGGAT CAGATGCTT CAATTCGCT GACTGCGTT GCGGCTGAC AATCCCGGAG  
 301 : GGTGGGAT CAGATGCTT CAATTCGCT GACTGCGTT GCGGCTGAC AATCCCGGAG

【 2 - 9 】

0009114

301 : CTCAACTGC CTGACTGCG TTGGCGCTA CCAATCCCG AGTACA-A TGGCCGAGG  
 247 : TTGAATTTT CCGATTTGC TTGGAGGTT CCGTCCCGC CAGTCACTGA TCCGACAGC

359 : AT-ATCCAA AAGCGCTGC TGAAGCGCG TTGGCTTTC AAGAT-AGA CCGTGTATC  
 307 : ATACAGCGCA-----CGCCCG CAGAGCAGC--GAGATGTC AAGCCCGCG AGTTAGTAC

417 : GAGCAGCAG AATCATGCC T-GGACATG AG--GAGC GATGTGGA GCAATTIATA  
 363 : ACGAATGAG -GTTTACCG TACGAGGTC AGTTTACAG GTGCGAGAA G-----GAGT

473 : CAGCGGAGA GAGCGAGGT CGTTTATA TCGATGAGA GAGATTTTC GCGTCCGGA  
 417 : CCGTGGAA--TGATGAT GAG--GC TGGCGGAGA GCGCTTATG TCGCGGCAA

533 : CTITTTGTA TAAATGCTG GAGGCTGCG TTTTACCGC CCGCTGCTG CAGTGCATC  
 467 : GATCTACAT TGATA--T GAA-----TAC--CAGTGTGA C-GTGGACA

599 : ATAAATGTA CCGCGAGA GATGTGAGC TTGCGTTTC GAGTACTAA  
 507 : ACAAATGTC- TTACCA-----GATT TGTACTTTC 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  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #N# : 2  
 Matching : 56.23 [%]  
 Weight : -34

1 : ATGAAGTCA TTTGAGCTT TTCTGAAATG TTTCGCTCCG ATTACAGCC TCAAGCGGA  
 1 : ATGA--TAT GATGATATA TTCT-----GCGGA

61 : GATTATTGC CAGCTTGGC CAGAGTGT CCGAAGAAC CCGCGGCGC TAAGAGTTC  
 30 : CAT-----CA-----AG-----CGAAGAGCG GTGCTGAGC GAGATTTTC

121 : CCGTGGCTG GTACCCGAT TTACAGAGA GTTCTGAA GAGCTCCG TAAATGGTT  
 67 : AAGGAGAC GTACCCGAT TTACAGAGA GTTCTGAA GAGCTCCG TAAATGGTT

181 : TCTGAAGTA GAGGCCAA CAGAAAGC AAGATTTGC TGGGACTTT CCAAAAGCT  
 127 : TGGGAGTGC GTACCCGAT TTACAGAGA GTTCTGAA GAGCTCCG TAAATGGTT

241 : GAGATGCG CTGCTGCTA CAGCTGCTG GATTAAGCC TCGTGGCGC ATCAGCATG

【 2 - 10 】

0009114  
 187 : GATATGCGAG CGCGTGCACA CCACTGCGCC GTTTTACTCT TCGCTGGGAG ATCCGCATGT  
 301 : CTCACCTGCG CTGACTCGGG TTGGCGCTCA CCAATCCCGG AGTCAAGATG CGCC-AAGGA  
 247 : TTTGATTTCC CGGACTCGCC TTGGCGCTTT CCGGTGGCGG AATCCA-ATG ATCCGCATGT  
 360 : TATCCAAAAG ACGGCTGCTG AAGCGCGCTT GCGTTTTCAG GATGAGACCT GTGATACAC  
 306 : GATAAGAGAA GTTCCGCGGG AAGCTCGGGA GATGTTTAGG CCGGTGGATT TAGAAGTGG  
 420 : GACACGAAAT ---GATGC CTGGACATG---GAGGA--- GACGATGCT---CG---AAG  
 356 : AATTACGCTT TTGCTGTGTC CCGGACATGA TGTGTATTTC GGTITTTGGT CCGGTTCCGG  
 464 : CTAT---TTAT ACACCGCAAC AGACGAAGG TCGT---TTTA TATGATGAG GAGACAATCT  
 426 : CTCTGCTTCC GGTATCGGAG AGAG-GAA--- TTCTCTTCCG TATGATTTTC GAGATAGC-  
 521 : TTGGATGCC GACTTTTCTG GATAATA-TG GCTGAAGG--- CA-TGCTTTT ACCCGCGC-  
 462 : AAGAAGCTTC AAGACGCAAT-GATGAGCTC GGGAGGGGG CAATGATGTC GCGCGCGCA  
 575 : -GCTGTGTC AA---TGGA TCAATATTAT C---ACGG CBAAGGAT G-GT---  
 541 : TCGATATGG AAGACATGAC TCCACTAAT GTTACACGG AAGABAGAT GTCTATGAA  
 619 : GACGTGCGC TTTCAGCTTA C---TAA  
 601 : GATATGCAI TTGCACTTA CAGATATTA

+++++  
 Sequence 1 : DREB1C.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 : 68.34 [%]  
 Weight : -233  
 1 : ATGAACTCAT TT---TGTGC CTTTCTGGA ATGTTT---GGTCCGA TTACGACTCT  
 1 : ATGAACTCAT TTTACTCTAC ATTCCAGAC TCGTITCTCT CAACTCCGA TCAATGACTCT  
 52 : CCGTTTCTCT CAGCGCGCTGA TTACAGTCCG AAGCTTGGCA GCGAGTCCGC CAAGAAGCA  
 61 : CCGTTTCTCA AAGATATGTA GTTGTTCACA AAGTATGCTI GAGTGTCTCC AAGABAGCA  
 112 : GCGGGAAGA AAGAGTTTCC TGAGACTGCT CACCAATTT ACAGAGAGAT TCGTCAAGA  
 121 : GCTGGGAGA AAGAGTTTCC TGAGACTGCT CACCAATTT ACAGAGAGAT TCGTCAAGA

【 2 - 12 】

0009114  
 23 : --TGCGCGAG AT-----GAC-----C CAAGAAGCG TCGTGAAGG  
 121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTGC TCACCCAATT TACAGAGGAG TTGCTCAAG AAATCCGGT  
 58 : AGGATTTTCA AAGAGAGCGC TCACCCAATT TACAGAGGAG TCGCTGTGTC GAGAGGCGAC  
 181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCAAC AAGAAGAAGA GCA-TTGGC TCGGACTTT  
 118 : AATGGGTAT GCGAGTCCG TGAACGCAAT CA-TAGCT CAGTGTGCG TCGAAGCTTA  
 240 : GAAAGCGCTG GAGATGCGAC CTGCTGCTCA GAGGTGCGC GCGATGACT TCGGTGGAG  
 177 : TCCGACGGCA GATATGCGCC CAGCTGCTCA GAGGTGCGC GCTTGTGCT TCGCGGGAG  
 300 : ATCTGCGCTT CCAATTTCCG CTGACTCGCC TTGGCGCTCA CCAATCCCGG AATCAAGCTC  
 237 : ATCCGCGCTT TTGATTTTCT CCGATTTGCT TTGAGAGTTC CCGGTGGCGG CATCA-CITC  
 360 : TCCCAAGGAA ATCCAAAGG ---CGCGCG CTGAAGCGC GTTCAATTT CAAGTAGAA  
 256 : ATCC---GAC A-CGATGAG CCGAGCGCGC CCGAGAGCAG GAG-ATGTT CAGCGCGC-C  
 415 : TGTGTATAT GAGAGCGAT GCTATGCTC TTGACATGA GAGAGCTTC GTGAGGCTA  
 351 : GAGT-TTAG TAC---AGGA---ATTACGCTT TTACCTC---CAC-G-A GT-GAG---I  
 476 : TTTATAGCC GSAAGAGCG CAGATGCTT TTTATATGA TGAAGAGGAG ATGTTGGGA  
 395 : TTTACAGCTC GGA-TGA---AGAGTCCG TGA-AT-GA TGTAGAGC---TCCGCGA  
 538 : TGTAGATT GT-TGATAA CATGCCGGA GCGATGCTT TACCGTCCG GTCGTTCAA  
 444 : GAGCGCTTC ATGTGCGCG CAGAGCTTA -CATGATAT GA-ATAGCA GTGTGAC-G  
 595 : TCGAAGTATA ATTTGATGT CAGAGGAGT GATGAGGCT CTTATGCGC CTATTA  
 500 : TCGAAGTATA ATTTGATGT CAGAGGAGT GATGAGGCT CTTATGCGC CTATTA

+++++  
 Sequence 1 : DREB1C.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 : 56.10 [%]  
 Weight : -36  
 1 : ATGAACTCAT TTTGCGCTT TTTGAAATG TTGCGTCCG ATTACGACTC TCGGTTTCC  
 1 : ATGAACTCAT TTTGCGCTT TTTGAAATG TTGCGTCCG ATTACGACTC TCGGTTTCC

【 2 - 11 】

0009114  
 172 : AACTCCGTA AGTGGGTGTG TGAGTTGGA GAGCGAACA AAGAAGCAG GATTTGCTC  
 181 : AATTCTGTA AATGGTGTG TGAGTTGGA GAGCGAACA AAGAAGCAG GATTTGCTC  
 232 : GCGACTTCC AAGCGCTCA GATGGAGCT GGTGCTGAG CAGTGGCGG CATAGCTCT  
 241 : GGTACTTTC CAGAGGTTGA AATGGCTGCT GGTGCTGAG CAGTGGCGG CATAGCTCT  
 282 : CDTGGGAGT GTGCTGCTT CAATTTGCT GACTGCGCT GGGGCTAGG AATCGCGGA  
 301 : CDTGGGAGT GTGCTGCTT CAATTTGCT GACTGCGCT GGGGCTAGG AATCGCGGA  
 352 : TCAACTGTG CCAAGAAAT CAAAAGCGC CCGGCTGAG CCGCTGAA TTTTCAAGT  
 361 : AACTCTGTC CTAGAGGAT TCAAGAGCT CCGCTGAGG CCGAGTGC CTTTAGAT  
 412 : GAGA-----TGTGATA TGA---CG ACGATGCTC ATGCTTTGA CA-TGAGAA  
 421 : GAGACTAGA CCGAGGATC TAAAGCTCC GCGGAGGAG A-GAGAGCG CAGGGAGGG  
 459 : GAGCTGTGC GAGCTTATT ATAGCGGCA ACAGAGGAA GATGCTGTT ATATAGTGA  
 480 : GGTAGGAGG GCGAGAGGA GCGCGAGGA GCGAGATGT GGTGCTTT ATATAGTGA  
 519 : AAGAGCGTG TTGGGATGT CTAGTTGTT GATACATG CCGAGAGGA TCGTITTACC  
 540 : TGAAGCGCTT TTGGGATGC CCACTTTT TCAAGATG CCGAGAGGA TCGTITTACC  
 579 : GTCGCGTCC GTTCAATGA ACTATAATT TCGTGCAG GAGATGATG ACGTGTCTT  
 600 : CCGCGGAGA GTTGTGCTA ATGATA---CACTTTGAG GAGATGATG ACGTGTCTT  
 639 : ATGAG---CTATTA  
 657 : CTGAGTTT GAGCAATA

+++++  
 Sequence 1 : DREB1C.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 : 54.95 [%]  
 Weight : 1  
 1 : ATGAACTCAT TTTGCGCTT TTTGAAATG TTGCGTCCG ATTACGACTC TCGGTTTCC  
 1 : ATG---GAA---AGAG AT---ATC ACCG---  
 61 : TCAAGCGCTC ATTACGCTC GAGCTGCC ACGAGTCCG CCAAGAAAC AGGGGAGG  
 61 : TCAAGCGCTC ATTACGCTC GAGCTGCC ACGAGTCCG CCAAGAAAC AGGGGAGG

【 2 - 13 】

0009114  
 61 : TCAAGCGCTC ATTACGCTC GAGCTGCC ACGAGTCCG CCAAGAAAC AGGGGAGG  
 21 : TCGGGGAG AT-----GA-----C TAAAGAGCG TCGGGAAGG  
 121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTGC TCACCCAATT TACAGAGGAG TTGCTCAAG AAATCCGGT  
 58 : AGGATTTTCA AAGAGAGCGC TCACCCAATT TACAGAGGAG TCGCTGTGTC GAGAGGCGAC  
 181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCAAC AAGAAGAAGA GCA-TTGGC TCGGACTTT  
 118 : AATGGGTAT GCGAGTCCG TGAACGCAAT CA-TAGCT CAGTGTGCG TCGAAGCTTA  
 240 : GAAAGCGCTG GAGATGCGAC CTGCTGCTCA GAGGTGCGC GCGATGACT TCGGTGGAG  
 177 : TCCGACGGCA GATATGCGCC CAGCTGCTCA GAGGTGCGC GCTTGTGCT TCGCGGGAG  
 300 : ATCTGCGCTT CCAATTTCCG CTGACTCGCC TTGGCGCTCA CCAATCCCGG AATCAAGCTC  
 237 : ATCCGCGCTT TTGATTTTCT CCGATTTGCT TTGAGAGTTC CCGGTGGCGG CATCA-CITC  
 360 : TCCCAAGGAA ATCCAAAGG ---CGCGCG CTGAAGCGC GTTCAATTT CAAGTAGAA  
 256 : ATCC---GAC A-CGATGAG CCGAGCGCGC CCGAGAGCAG GAG-ATGTT CAGCGCGC-C  
 415 : TGTGTATAT GAGAGCGAT GCTATGCTC TTGACATGA GAGAGCTTC GTGAGGCTA  
 351 : GAGT-TTAG TAC---AGGA---ATTACGCTT TTACCTC---CAC-G-A GT-GAG---I  
 476 : TTTATAGCC GSAAGAGCG CAGATGCTT TTTATATGA TGAAGAGGAG ATGTTGGGA  
 395 : TTTACAGCTC GGA-TGA---AGAGTCCG TGA-AT-GA TGTAGAGC---TCCGCGA  
 538 : TGTAGATT GT-TGATAA CATGCCGGA GCGATGCTT TACCGTCCG GTCGTTCAA  
 444 : GAGCGCTTC ATGTGCGCG CAGAGCTTA -CATGATAT GA-ATAGCA GTGTGAC-G  
 595 : TCGAAGTATA ATTTGATGT CAGAGGAGT GATGAGGCT CTTATGCGC CTATTA  
 500 : TCGAAGTATA ATTTGATGT CAGAGGAGT GATGAGGCT CTTATGCGC CTATTA

+++++  
 Sequence 1 : DREB1D.nuc  
 Size : 675  
 Matching Position : 1 - 675  
 Sequence 2 : DREB1E.nuc  
 Size : 546  
 Matching Position : 1 - 546  
 Matching Condition.  
 Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #N# : 2  
 Matching : 51.26 [%]  
 Weight : 29  
 626 : --ATGAG---TGTGCTAT GC-----GAT TTTAA  
 594 : TTAGAGAT ATGCTATTG GAGTTACAG ATTTAA

【 2 - 1 4 】

0009114

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

61 : CCGCTTTCG ACAGTAGTGA GTGTCACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCG AAGAAGACGA  
 61 : CCGCTTTCG ACAGTAGTGA GTGTCACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCG AAGAAGACGA  
 20 : CC-CTGGCGG A-----GA-----GAAG-----CC AAGAAGCGGT

121 : GCTGGAGCA AGAAGTTTCG TGAGACAGCT CATCCGATTT ACAGAGAGAT TCGTCAGAG  
 49 : GCTGGAGCA AGAAGTTTCG TGAGACAGCT CATCCGATTT ACAGAGAGAT TCGTCAGAG

181 : AATTCTGTA AATGGTTTCG TGAACCTAGA GAGCTAATA AGAATCTAG GATTGGTTA  
 109 : GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC

241 : GGTACTTTC GAGGCTATC AATGGTTTCG GTGTCACCA AAGTTAGCTT CAATCTCGA  
 169 : GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC

301 : CCGTGGTCTT CCGTGGTCTT CAATTTGCTT GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC  
 229 : CCGTGGTCTT CCGTGGTCTT CAATTTGCTT GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC

361 : ACTACTGTC CTAGAGGAT TGAGAAAGT GCGTCTGAG CTTGACGAT GTTTCTGAT  
 289 : TCCACTGATC CCGACAGAT CAGGCGAGC CCGCGGAGC CAGCGAGAT C-TTACG-

421 : GAGACTGCA CCGAGGATC TAAACTGCG CCGAGGAGC AGGAGCGCC AGGAGCGCC  
 345 : -----GCGC CCGAG--TT TAACTAG-C AATA--CG TTTTACTTC A-CGAGTGA

481 : GCGAGGAGC CCGAGGAGC CCGAGGAGC CAGAGTCTG CTGCTTTTA TATGATGAT  
 393 : GTTTCAGCG TCGGATGCA GAGGCTGCTG --GATGATG ATAG-----GCTGGAG

541 : GAGGCGCTT TGGGATCC CAAGTTTTC GAGGATGCG CCGAGGAGT GCTTTGCGG  
 605 : GAGGCTTGA TGGGCGCC AAGTACTGAC ATTGATAT-----GAT ACGAGTG-

601 : CCGGAGGAG TCGGCTGCA TATAAGAGT GAGGCTGAG TGGGCTGCT GTCAGTCTG  
 494 : -----TGTAG TGGAC--GA--GAGTG--TGTACGAA-----GATT GTCAGTTTGG

661 : AGTTTTCG 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 : 86.26 [X]  
 -221

1 : ATGAAAACD ACGATATAC CCGTGGGAG ATCAAGACG AGAGCGCTC TGGACGAGG  
 1 : ATGATATAC ACGATATCT TCGTGGGAG ATCAAGACG AGAGCGCTC TGGACGAGG

61 : ATTTTCAGG AGACAGCTA CCGATCTAC AGAGCGCTC GCGTACGGA CCGGACAAA  
 61 : ATTTTCAGG AGACAGCTA CCGATCTAC AGAGCGCTC GCGTACGGA CCGGACAAA

121 : TGGGATGCG AAGTCTGTA ACGATATCT CAGGCTGAG TCGTGGGAG AACTTATCC  
 121 : TGGGATGCG AAGTCTGTA ACGATATCT CAGGCTGAG TCGTGGGAG AACTTATCC

181 : AGCGAGATA TGGCGGAGC TCGTACAGC GTGCGGCTC TTCTCTGCG CCGAGATCC  
 181 : AGCGAGATA TGGCGGAGC TCGTACAGC GTGCGGCTC TTCTCTGCG CCGAGATCC

241 : CCGTGTGTA ATTCTCGA TCGTCTGCG AAGTCTGAG TCGTGGGAG CACTGATCC  
 241 : CCGTGTGTA ATTCTCGA TCGTCTGCG AAGTCTGAG TCGTGGGAG CACTGATCC

301 : GAGGATGCA CCGGAGGCG CCGGAGGCA CCGGATCTT TCGCGCGCC CCGATTTAG  
 301 : GAGGATGCA CCGGAGGCG CCGGAGGCA CCGGATCTT TCGCGCGCC CCGATTTAG

369 : TACAGGAAAT ACGGTTTTCG CTTGTCGCG AGATGATGCT GATTGGGTT TTTGTTCCGG  
 369 : AAGTGAAT ACGGTTTTCG CTTGTCGCG AGATGATGCT GATTGGGTT TTTGTTCCGG

397 : -----GACA-----GCT-CCGAT-----  
 420 : TTTGCGCTCT GATTGGGAT CCGGAGGAG CAATTTGCTT TCGTATGAT TTSAGACTA

409 : -GAGGAGCTC CCGGAGGATC TCGTACAGC CCGGAGGCG CCGTGTGAT CCGCGCCAG  
 480 : CCGGAGGCTC TCGGAGGATC TCGTACAGC CCGGAGGCG CCGTGTGAT CCGCGCCAG

468 : ATGATATC--TATGATTA--ATACAG TCGTATGCT GAGGAGAAA TGTGTTAGA  
 540 : ATGATATC TCGTATGCT CTTCTACTAA TTTTACTAG GAGGAGAAA TGTGTTAGA

522 : AGATTTGTC CTTTGGATT AC-----TA A  
 600 : AGATATGTC TGTGAGATT ACAGATATA A

【 2 - 1 5 】

0009114

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

Matching Weight : 54.92 [X]  
 -24

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

61 : CCGCTTTCG ACAGTAGTGA GTGTCACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCG AAGAAGACGA  
 22 : CTGG--CGG AGA-----TGA-----GCGC TAAAGCGCT

121 : GCTGGAGCA AGAAGTTTCG TGAGACAGCT CATCCGATTT ACAGAGAGAT TCGTCAGAG  
 49 : GCTGGAGCA AGAAGTTTCG TGAGACAGCT CATCCGATTT ACAGAGAGAT TCGTCAGAG

181 : AATTCTGTA AATGGTTTCG TGAACCTAGA GAGCTAATA AGAATCTAG GATTGGTTA  
 109 : AAGCTGATC AATGGTTTCG GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC

241 : GGTACTTTC GAGGCTATC AATGGTTTCG GTGTCACCA AAGTTAGCTT CAATCTCGA  
 169 : GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC

301 : CCGTGGTCTT CCGTGGTCTT CAATTTGCTT GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC  
 229 : CCGTGGTCTT CCGTGGTCTT CAATTTGCTT GAGGCTATC GAGGCTATC GAGGCTATC

361 : ACTACTGTC CTAGAGGAT TGAGAAAGT GCGTCTGAG CTTGACGAT GTTTCTGAT  
 289 : TCCACTGATC CCGACAGAT CAGGCGAGC CCGCGGAGC CAGCGAGAT C-TTACG-

421 : GAGACTGCA CCGAGGATC TAAACTGCG CCGAGGAGC AGGAGCGCC AGGAGCGCC  
 345 : -----GCGC CCGAG--TT TAACTAG-C AATA--CG TTTTACTTC A-CGAGTGA

481 : GCGAGGAGC CCGAGGAGC CCGAGGAGC CAGAGTCTG CTGCTTTTA TATGATGAT  
 393 : GTTTCAGCG TCGGATGCA GAGGCTGCTG --GATGATG ATAG-----GCTGGAG

541 : GAGGCGCTT TGGGATCC CAAGTTTTC GAGGATGCG CCGAGGAGT GCTTTGCGG  
 605 : GAGGCTTGA TGGGCGCC AAGTACTGAC ATTGATAT-----GAT ACGAGTG-

601 : CCGGAGGAG TCGGCTGCA TATAAGAGT GAGGCTGAG TGGGCTGCT GTCAGTCTG  
 494 : -----TGTAG TGGAC--GA--GAGTG--TGTACGAA-----GATT GTCAGTTTGG

661 : AGTTTTCG 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 : 86.78 [X]  
 -148

1 : MMSFAFSEM FGSVSESSV SGGDYIPLA SSCPKPKPGR KFRRETRPI YRVRNRNSG  
 1 : MMSFAFSEM FGSVSE--P QGGDYIPLA TSCPKPKPGR KFRRETRPI YRVRNRNSG

61 : KWYVEVREPN KKTIRLIGTF QTAEMARAH DVAALALRGR SAQLNFADSA WRLRIPESC  
 58 : KWYVEVREPN KKTIRLIGTF QTAEMARAH DVAALALRGR SAQLNFADSA WRLRIPESC

121 : AKDIQKAAE ALAFQDEIC D-ATTNDFD MEETLVEAVI TQSQSEAFY WDETFMFP  
 118 : AKDIQKAAE ALAFQDEIC D-IITNDFD MEETLVEAVI TQSQSEAFY WDETFMFP

180 : SLLANMAEGL LLPPSVQRN HNYDEG-DG DYSLNYSY  
 178 : TLLANMAEGL LLPPSVQRN HNYDEG-DG DYSLNYSY

+++++

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

Sequence 2 : DREB1C.a  
 Size : 217  
 Matching Position : 1 - 217

Matching Condition.

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

Matching Weight : 86.70 [X]  
 -154

1 : MMSFAFSEM FGSVSESSV SGGDYIPLA SSCPKPKPGR KFRRETRPI YRVRNRNSG  
 1 : MMSFAFSEM FGSVSESPVS SGGDYIPLA TSCPKPKPGR KFRRETRPI YRVRNRNSG

61 : KWYVEVREPN KKTIRLIGTF QTAEMARAH DVAALALRGR SAQLNFADSA WRLRIPESC  
 58 : KWYVEVREPN KKTIRLIGTF QTAEMARAH DVAALALRGR SAQLNFADSA WRLRIPESC

【 3 - 2 】

0046368

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

180 : SLLDMWEGM LPLSPVQWV HNEVDGDD DVSLWSY-  
 181 : SLLDMWEGM LPLSPVQWV YNFVQEG-DD DVSLWSY

++++

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 HPIYGVRROR  
 1 : MNPFFSTFPO SFLSIQDHS FVSDSECSK KLASCKPKR AGKXKRETR HPIYGVRROR

58 : NSGKWCVEYR EPNKKTRINL GTFQTAEAMA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE  
 61 : NSGKWCVEYR EPNKKSRINL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE

118 : STCAKDIOKA AEAALAFQD EMDATTING FDMEEIVLW- ---AIYTA QSEAFYVND  
 121 : TTPCKEIQKA ASEAMAFON ETTEGSKTA AEAEEAEGG VREGEERAE QNGCVFYMD

173 : EAMFEMPSLL AMMAEGMLLP LPSVQWVHNN EVDGDDVDS LWS-Y  
 181 : EALLQWPNFF FEMMAEGMLLP PPEVQWVHNN -DFVQVDS 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 - 4 】

0046368

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

1 : MNSFSAFSEM FGSQYEP--P QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVRRORNSG  
 1 : MNSFSAFSEM FGSQYEPVSG QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVRRORNSG

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

118 : AKDIQKAAAE AALAFQDETC DITTTNGLD MEETVEAYI TPEQSEAFY HDEAFWEP  
 121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC HMTTDAHGLD MEETVEAYI TPEQSDAFY HDEAFWEP

178 : TLLDMWEGM LPLSPVQWV HNEVDGDD DVSLWSY-  
 181 : SLLDMWEGM LPLSPVQWV YNFVQEGDD DVSLWSY

++++

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

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

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

1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYEP QGSD--YCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI HPIYGVRROR  
 1 : MNPFFSTFPO SFLSIQDHS FVSDSECSK KLASCKPKR AGKXKRETR HPIYGVRROR

55 : NSGKWCVEYR EPNKKTRINL GTFQTAEAMA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE  
 61 : NSGKWCVEYR EPNKKSRINL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSANRLRIPE

115 : STCAKDIOKA AEAALAFQD ETDTTTNGLD MEETVEAYI TPEQSEAFY HDEAFWEP  
 121 : TTPCKEIQKA ASEAMAFON ET-TTEGSKT AEAEEAEGG VREGEERAE EONGCVFYMD

170 : EETN-DMPTL LDMWEGMLL PPSVQWVHNN YDQGDVDS LWS-Y  
 180 : DEALLQWPNFF FEMMAEGMLL PPEVQWVHNN -DFVQVDS LWSFDE

【 3 - 3 】

0046368

1 : MNSFSAFSEM FGSQYEPVSG QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVRRORNSG  
 1 : M-----ENDI-TVA EMCKPKRAGR RIFKRETRHPI YGVRRORNSG

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

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC DATTOHGFDM EETVEAYIY AEGSEAFYF HDEAFWEP  
 100 : PDTIRRTAAE AA-----EM-----FRP PE--FSTGIT VLPSAEFDT SDEGVAGMM

181 : LLAEMWEGM LPLSPVQWV HNEVD--GD DVSLWSY  
 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 FGSQYEPVSG QGSDYCP TLA TSCPKPAGR KXKRETRHPI YGVRRORNSG  
 1 : M-----ENDI-LA EMCKPKRAGR RIFKRETRHPI YGVRRORNSG

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

121 : AKDIQKAAAE AALAF--QDE MCDAT--TDH FDMEEIVLW- AIYTAQSE--WAFYVND  
 100 : PDVIRRTAAE AAEEMFVPLD ESGITVLPDA GDVQVDFGS GSSGSSGSEE HNSSYGFQD

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

++++

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

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

【 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 : 2  
 #M : 2  
 Matching : 44.95 [%]  
 Weight : 34

1 : MNSFSAFSEM FGSQYEPQGG DYCP TLA TSC PKPAGR KXKRETRHPI YGVRRORNSG  
 1 : M-----E MDDI-TVAEMCK PKRAGR RIFKRETRHPI YGVRRORNSG

61 : SEVREPKKKT RIVLGTFTQA EMAARAHVA ALALRGRSAC LNFA DSANRL RIPESTCAK  
 43 : CEVREPKR RIVLGTFTQA DMAARAHVA VIALRGRSAC LNFA DSANRL PVPASTDPT

121 : IQKAAEAAL AFQDETDTT TTNGLDMEET TVEAYIY TPEQSEAFY HDEAFWEP  
 103 : IRRITAAEAE MFRPPEFSTG IT-----VLPS ASE--FDTSD EGVAGMMRL

181 : DWAEGMLLP PPSVQWVHNN--YDQ--GD DVSLWSY  
 147 : ---AEEPLMS 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 : 2  
 #M : 2  
 Matching : 43.72 [%]  
 Weight : 43

1 : MNSFSAFSEM FGSQYEPQGG DYCP TLA TSC PKPAGR KXKRETRHPI YGVRRORNSG  
 1 : M-----MDDI-LAEMCK PKRAGR RIFKRETRHPI YGVRRORNSG

61 : SEVREPKKKT RIVLGTFTQA EMAARAHVA ALALRGRSAC LNFA DSANRL RIPESTCAK  
 43 : CEVREPKR RIVLGTFTQA DMAARAHVA VIALRGRSAC LNFA DSANRL PVPESDPOV

121 : IQKAAEAAL AF--QDET C DITTTNGLD MEETVEAYI TPEQSE--GAFYVND

【 3 - 6 】

```

0046368
103: IRIYVAEAE MFRPVDLGS ITVLPCAGD VDLGFGSSG SSGSSEERS SSVYGFQDYE
172: TWFQPTLLD NVAEGMLLP P-----SVC MHNRYDGE-G GDVLSLW-Y
163: VSTWMLR-----ASGLNMP PASYNMEDPT TWYTEENC YEDWLSVRY 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 EPNKRRIWL GTFQAEAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
61: NSCKWYCEVR EPNKRRIWL GTFPTVEMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE

```

```

118: STCAKEIQA AEAALNFP--DEKHWI TDHGLMWE TLVEAIYTP QSQDAFYME
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
121: TTPCKEIQKA ASEAMAFON ETTEGSKTA AEAEEAAGEG VREGERRAE QNGVYFMD

```

```

174: EAMLGMSSLL DNMAEGMLP SPVSNYVNF DYEGDDVSL WS-Y
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
181: EALLGMNFF ENMAEGMLP PVEGVNHN--DFDGVDSLV WSFDE

```

```

+++++
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 EPNKRRIWL GTFPTVEMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
37: DGCKWYCEVR EPTIQRRIWL GTPYADAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLPIPA

```

```

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

```

```

181: EALLGMNFF ENMAEGMLP PVEGVNHN--DFDGVDSLV WSFDE
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
137: EGVAQM--M MRLAEPLMS PPKSYIDNT SVYDEENCY EDLSLWS-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 EPNKRRIWL GTFPTVEMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLRIPE
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
37: NSCKWYCEVR EPTIQRRIWL GTPYADAMA RAHDVAIALR RGRSACLNFA DSANRLPIPE

```

```

121: TTPCKEIQKA ASEAMAFON ETTEG--SK TAAGEAAGEG EGVRG-ERR AEEQNGVYFY
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
97: SMDPVIHRY AEAALNFP VLESGITVL PCAGDVLG FGSOGSSG SEERNSSYG

```

```

178: MDEALLGMP NFNEMAEON LLP-----E VGVNHN--DFDGVDSLV WSFDE
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
157: FGD--YEVTS TTMRLAEGP LMSPPRSYME DMTPTNYTTE EEMCYEDMSL WSRY

```

+++++

【 3 - 7 】

```

0046368
1: M-HSFAFSE MFGDYESPV SSGDYSPKL ATSCPKRAG RKRFRRETRP IYRGVRRMS
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
1: MENDDITVAE-----LAEMPKKR GRKRFRETRP IYRGVRRAG

```

```

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

```

```

120: CAKEIQA AEAALNFP--DEKHWI TDHGLMWE TLVEAIYTP QSQDAFYME
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
99: DPTIRRTAA EAA-----EM FRPPEFSTG-----ITVLPASFP DTSDEGVM

```

```

180: SLLDNMAEG MLPSFVQW NYNFVDED-----DVLSL SY
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
143: MNML--AEE PLMSPRSRYI 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 SSGDYSPKLA TSCPKRAG RKRFRRETRP IYRGVRRMS
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
1: MN-----MDDILLA EMRPKRAGR RKRFRRETRP IYRGVRRAG

```

```

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

```

```

121: AKEIQA AEAALNFP--DEKHWI TDHGLMWE TLVEAIYTP QSQDAFYME
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
100: PDIIRVAE AEMFRPDLG ESGITVPCA GDVDFGSG SSGSSEERS RNSVYGFQD

```

```

172: DEEALGMSS LLDNMAEGMLPSP-----SVQNYVNF YEGDDVSLW S-Y
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
160: YEVSTWMLR L-----ASGLNMP PASYNMEDPT TWYTEENC YEDWLSVRY

```

```

+++++
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: MENDDITVAE MRPKRAGR IFRKTRPIY RGVRRAGDK WYCEVRPIH QRRIWLTYP
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
1: MINDDILLA MRPKRAGR RKRFRRETRP RGVRRAGDK WYCEVRPIH QRRIWLTYP

```

```

61: TADMAAHD VAVLALRGR ACLNFSAN RLPVASTDP DTIRTAEEA AEMFRPPEFS
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
61: TADMAAHD VAVLALRGR ACLNFSAN RLPVESPDP DVIRVAEEA AEMFRPDLG

```

```

121: TGITVLP-----SASEP TS-----D EGVAQMRL AEMLSPRR
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
121: SGITVLPAG DDVDFGSG SSGSSEERS NSVYGFQY EYVSTWMLR AEMLSPRR

```

```

157: ST-IDM-NTS VYDEENCY DLSLW-Y
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
181: SYEMDPTN VYDEENCY DLSLWRY

```

【 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: MENDDITVAE MRPKRAGR IFRKTRPIY RGVRRAGDK WYCEVRPIH QRRIWLTYP
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
1: MINDDILLA MRPKRAGR RKRFRRETRP RGVRRAGDK WYCEVRPIH QRRIWLTYP

```

```

61: TADMAAHD VAVLALRGR ACLNFSAN RLPVASTDP DTIRTAEEA AEMFRPPEFS
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
61: TADMAAHD VAVLALRGR ACLNFSAN RLPVESPDP DVIRVAEEA AEMFRPDLG

```

```

121: TGITVLP-----SASEP TS-----D EGVAQMRL AEMLSPRR
***** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
121: SGITVLPAG DDVDFGSG SSGSSEERS NSVYGFQY EYVSTWMLR AEMLSPRR

```

```

157: ST-IDM-NTS VYDEENCY DLSLW-Y
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
181: SYEMDPTN VYDEENCY DLSLWRY

```

【 4 - 1 】

0010181

+++++

Sequence 1 : DREB2A.nuc  
Size : 1008  
Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2 : DREB2B.nuc  
Size : 993  
Matching Position : 1 - 993

Matching Condition.

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

Matching Weight : 63.40 [X]  
-222

1 : ATGGCAGTIT ATGATCAGAG TGGAGATGA AACAGACAC AAMTGTATC ATCGAGAAA  
\* \* \* \* \*  
1 : ATGGCTGTAT ATCAACAAC CCG----- ACCGACCA----- GCCCAAGAAA

61 : AGGAATCTA GAAGTAGAG TGCAGTACT ACTGTGGCT AGAGATPAA GAGATGAAA  
\* \* \* \* \*  
43 : AGGAATCTA GGGCTCGAG AGGTGTTTA ACGGTGGCT ATAGCTAAA GAGTGGAAA

121 : GAGTAAAGC AGACCTAGA AG-----AGT TCTACCAAG AAG-----GAAA  
\* \* \* \* \*  
103 : GAGTAAAGC AGATTTTGA AGCTTGGCT GTAAAGAGC GAGAAACCC GAAGCGAAA

166 : GTACCTCCA AAGGTCGAA GAAGGTTGT ATGAAGATA AAGGAGCC AGAGATAGC  
\* \* \* \* \*  
163 : GTACCTCCA AAGGTCGAA GAAGGTTGT ATGAAGATA AAGGAGCC AGATATTCT

226 : CCATCTAGT TCAGAGAGT TAGGCAAGC ATTTGGGTA AATGGTTGC TGAGTACA  
\* \* \* \* \*  
223 : CACTGTAGT TTAGAGAGT TAGGCAAGC ATTTGGGTA AATGGTTGC AGGATTCGA

286 : GAGCTAATC GAGTAGAGC GCTTGGCT GTACTGTCC CTACTCTCA AGAGATGCT  
\* \* \* \* \*  
283 : GAGCTAATC GAGTAGAGC GCTTGGCT GTACTGTCC CTACTCTCA AAGAGTCT

346 : TCTGCTATG ATGAGCTGC TAAGATATG TATGCTTCT TGGCTTCT TANTTCTCT  
\* \* \* \* \*  
343 : TCGCTTATG ATGAGAGGCG TACCGATAG TCGGTTTCT TGGCTTCT TANTTCTCT

406 : CGCTCATGC CTTCTAGGT TAGAGTACC TAAAGTACT CTAAGTCTG TACTGTGAG  
\* \* \* \* \*  
403 : CAGCTCTTG GCTCTAGGT TACTATAGC TCTAGTCAI CTAGGTTGC TACGTTGAA

466 : A-----CTCTGC TGTGTTTCT ATGAAAGC AGATTCAGA TGTGAAATCT  
\* \* \* \* \*  
463 : AATAAGGCG TGTGTTTCT ATGAAAGC AGATTCAGA TGTGAAATCT

514 : AAACCTT-----CTCG-----GCA-----GTGGA GCGGATCTAT TGT-----CTGAGAA  
\* \* \* \* \*  
523 : ATTCATTTA GCGATATTT AGATGTTGA GAGGCTCT TGTGAGCAA GCGCGAGAG

558 : TGTGCGG-A AGAGTAGAG AGAGTCTT- AAAG-CAGT AAGCTGCG TCGAGAGTT  
\* \* \* \* \*

【 4 - 2 】

0010181

582 : TTGACAGGT GGCATCAG ATATGATTC TCGTGGAT TAGATTTGC TGTGAGT

615 : TGAATATAC TATGAGAGT ATATTCTGA AGAGAGAGC AAGCAGAGC AGCAGAGAT  
\* \* \* \* \*  
642 : TGAAGCAGC TATGGGCGC AAGTTTCTA GAGAGAGAGC AAGCAGAGC AGCAGAGAT

676 : TGTAGAAC- CTGACCAAC CAACAGAGC ATTGGCTATC TGTGAGAGC TATGTTGCG  
\* \* \* \* \*  
701 : AGGATATCA GCAACAGCA CAGAGAGAGC AACAGC-AAC AGCTCA-AC -CGATTTCC

734 : CCAATGATG GATCAGAGT -CACTTGA TCTTTCAGC ATGTTTGGT TCGATGAG-C  
\* \* \* \* \*  
758 : TTACTGTTG AGATAGGCT TGGCTTGG -TCTAATGAT ATGTAAT- -GATCAGC

791 : TTTAGTCA CATAA-ATG GCGAGATGT GTTTCAGCG TTAATCAGC ACCGATACC  
\* \* \* \* \*  
813 : TTTGTTGAT CATAAGAT GCTTTGAT TAAAGACT CT--TGAG ATTGAA--

849 : GGGAGAGT GTTGCAGC GTTCTACAG CCGCAGAGT CAGCAAGTG GTTTTGTCC  
\* \* \* \* \*  
867 : -TGAGCTG CTCCCTCA G-AGCCAA GACCA- -AAGCAGTA AAT--TCT

909 : GCTAGAGC CTCACTAGC GAATCCTCC GTTTCAGCT GAGGMAAG ATGTAATGG  
\* \* \* \* \*  
913 : GGT-----AGTTATG ATTTGATCC GCTTCTCT GAGCAGAGC ATGTCAGC-

969 : ATTTCTGAC GACTTGGTT ACTTGATCT GGAGACTAA  
\* \* \* \* \*  
962 : -AGTTCAAT GGTGAGTT-----CTC GGATATTGA

+++++

Sequence 1 : DREB2A.nuc  
Size : 1008  
Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2 : DREB2C.nuc  
Size : 1025  
Matching Position : 1 - 1025

Matching Condition.

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

Matching Weight : 55.22 [X]  
-8

1 : ATGGCAGTIT ATGATCAGAG TGGAGATGA AACAGACAC AAMTGTATA CACCGAGAA  
\* \* \* \* \*  
1 : AT-CCGT-----CGGATGTT TGACAGAA--AG-GAGC TCGCTGGA

60 : AGCAATCTA GAAGTAGAG TGCAGTACT ACTGTGGCT AGAGATPAA GAGATGAAA  
\* \* \* \* \*  
44 : CAGCAGATG AGCT-AGAT TCTAAGCAA TCGAGAGAT -ACATGA GAGATGAG

120 : AGGATATAA GAGAGCTAG AAGAGTTTC TACCAAGAG AGGAAAG-TA CTTGCGAAG  
\* \* \* \* \*  
100 : GCGAATCTT C-TATCAGT GTGAG-GTC CAATCAAT CCGAAGCTT CTTCCAAAG

【 4 - 3 】

0010181

179 : GGTGAGAAA GGGTGTATG AAGGTAAAG GAGGACAGA GAATAGCCGA TGTAGTTCA  
\* \* \* \* \*  
158 : GTTCCAGGAA GGGTGTATG AAGGTAAAG GAGGACAGA GAATAGCCGA TGTAGTTCA

239 : GAGCAGTAT GCAAGGATT TGGGTAAAT GGGTGTGTA GATCAGAGC CCTAATGAG  
\* \* \* \* \*  
218 : GAGCAGTAT GCAAGGATT TGGGTAAAT GGGTGTGTA GATCAGAGC CCTAATGAG

299 : GTAGAGGCT TGGCTTGT ACTTTCCCTA CTGCTAGA AGCTGTTCT GCTTATGAG  
\* \* \* \* \*  
278 : GTCATAGTT GTGCTGCT ACTTTTCCA GTCTATAGA AGCTGATTG GCTTATGAG

359 : AGGCTGCTA AGTATGAT GGTCTTGG CTGCTTGA T-TTCCC-----TC  
\* \* \* \* \*  
338 : AGGCGCCAA AGTATATAT GGTCTGCT GCGACTCA TCTTCCGAG ATCAAAATC

407 : GGTCTGATC GTTCCAGG--TTACAGTA CCTCAAG-CT AGTGTAGG GTTACTGTT  
\* \* \* \* \*  
398 : GCTTCTTCT GACTGCTCC ACTGCACTG TCGAGGCTC GGT-TACTGC ATTTCTGAT

463 : GAGACTCTG GTTGTGTTA TGTGAAACA GAGG-ATC CAGATTTGA ATCTAAACC  
\* \* \* \* \*  
457 : GAATCTGAG TTTGTGAGC TGAAGTACA AATGCAAGT CAGGTTTTG- GTC--AGCT

520 : TTTCTGGTG GAGTGGAGC GATC--TATT GTCTGAGAA TGGTCCGAA GAGTAAAGA  
\* \* \* \* \*  
513 : GAACTAGAG GATTGTAG-C GATGATATG TTTCTTAGA TACTTCTAG TGTATTA-A

578 : GAGGTGTTA AGCGATAAG CATTGCTGA GCGATTTGA ACATAACTT TGGAGTATA  
\* \* \* \* \*  
571 : GAGGAGCTA A-AGGAAAG -AGGAGTGA GGA--AGA ACAACTA-T GGTGTTGGT

638 : TTTGAAAGA GAAGAGAAA CAGAGGAGC AAGGATGTT AGAACTG--TCAGCAA  
\* \* \* \* \*  
625 : TTTGAAAGT GAGAG-GACT C-GAAGAG--GAGACTT GGTGTTGGT TGTGAGAAA

695 : ACAGAGGAT TGGTATCTG TTAGCAGTA TGGT-TGCC CAA-----TG ATGTCAGCA  
\* \* \* \* \*  
680 : ATGCAATGA ACAGAGACC TTA--GAGT TGGTGTGAT GAAAGTTTG ATATTAAT--

750 : GAGTCACTG GATTTCTA--GAGATGTT GATGCTGAG AGCTTCTAG TACCTAAAT  
\* \* \* \* \*  
736 : GAGTATGAG GTATATTA GCAACAAT G-TGTC-TG-----GTC-AG AGAC--AAT

808 : GCGC-ACGAT GTTGTGAGC GCTTAATCA GGACGGATC CCGGGAACA GTTGTCCAA  
\* \* \* \* \*  
786 : CAGATCAAA GTGATAGAC ACCAAAT--TTGATGAC C-----AAGC CAGTTCGAA

867 : CGTTTCAAC AGGCGCAGA C-TCAACA AGTGGTTTG ATGCTCAGA AGGCTCAAC  
\* \* \* \* \*  
839 : -ATTCTAAC TGGTCCGGA GCTCAACC TATGAGAT--TCTCAAC AGGATTTGAT

925 : TACGAAATC CTGCTTCA GTC--GA-----GGAAAG ATGTAATG ATT-----  
\* \* \* \* \*  
895 : TATGATGTC CTTATGCA GCGCAGTAT ATGAGAGCT ATGTAATG TTAGAGCAT

972 : -----CTTG ACA-CTTGA GTT-----AC TTTGATCT--GGAGA-----  
\* \* \* \* \*  
955 : CCGAGTTCA ATGATCTTGA CATAAGAGC TTTGATTTG GAGGACAA AGATTTCTAT

【 4 - 4 】

0010181

1004 : -----AC-T AA  
\* \* \* \* \*  
1015 : GATCTACT AA

+++++

Sequence 1 : DREB2A.nuc  
Size : 1008  
Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2 : DREB2D.nuc  
Size : 621  
Matching Position : 1 - 621

Matching Condition.

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

Matching Weight : 44.17 [X]  
226

1 : ATGGCAGTIT ATGATCAGAG TGGAGATGA AACAGACAC AAMTGTATC ATCGAGAAA  
\* \* \* \* \*  
1 : ATG-----TCATCC ATAGAG--

61 : AGGAATCTA GAAGTAGAG TGCAGTACT ACTGTGGCT AGAGATPAA GAGATGAAA  
\* \* \* \* \*  
16 : -----CCA AAGTAA-A TGTGTT-----TGTGCT--ATAA-----GAA

121 : GAGTAAAGC AGACCTAGA AGAGTCTCT ACCAGAGAA GGAAGTACC TGGAGAGGC  
\* \* \* \* \*  
48 : -----ACAAAC-AACCT-----CCAG-----C-----AGT

181 : TCGAGAGG GTTGTATGA AGTAAAGCA GCAACAGAC ATAGCCATG TTTGTTGCA  
\* \* \* \* \*  
70 : TCGAGAGG GTTGTATGA AGTAAAGCT AGCACCATA ACCGCTTCT CACTTCAAA

241 : GAGTATGAG AAGGATTTG GGTAAATAG GTTCTGAGA TCGAGAGCC TAATGAGT  
\* \* \* \* \*  
130 : GGTATTAGC AAGCAGCTT GGGCAATAG GTTCTGAGA TCGAGAGCC TAATGAGT

301 : AGC-AGCTT TGGTGTGTA GTTCTGAGA TCGAGAGCC TCGATGATC  
\* \* \* \* \*  
189 : AGTGTGTTG TGGTGTGTA GTTCTGAGA TCGAGAGCC TCGATGATC

350 : GGTGCTT A-AGCAATGTA TGTGCTTGT GCTGCTGTA ATTTCTGCTG GTTGTGAGC  
\* \* \* \* \*  
249 : CCGAGTCTG AAGC-TCTA TGGGCTGAG GCTCATCTA ACCCTCC-----

418 : TGTGATGTA CAGTACTCT AAGTACTCT GAGTGTGTA CTTGTGAGC TCGTGTGTT  
\* \* \* \* \*  
295 : -----GAGT-CCTT AA-----GAGT-TA C-----CCT-----

478 : GTTATGTA AAGCAGAGA TCGAGATGT GATCTAAG CTTTCCGCG TGGAGTGGC  
\* \* \* \* \*  
316 : -----A AAGCCCT-----TGTGCTGAG CG-----T

538 : CCGATGATT GTTGTGAGA TGGTCCGAA GAGATGAGA GAGTGTGTA AGGCGATAAG  
\* \* \* \* \*  
338 : CCGA-----GACTAGCA AGCAGC-----AACA CCGGTC-----GAAAG

【 4 - 5 】

0010181

```

598 : CATTGGCTGA GGGATTTGA ACACTAAT TGAGTGATA TTGTGAAGA GAAGAGAAA
    * * * * *
375 : CA--GC--A GGGACTGCA-----GT GGGGTG-- TTC--ATC CAACAGAA--

598 : CAGAAGGAG AAGGATTTG AGAACTGT CAGCAACAAC AGCAGGATTC GCTATGTT
    * * * * *
413 : --TGTCATC A--TGT GGAAGATG-- AC AG--AGGA-- GATATC--

718 : GCAGCATATG GTTGGCCAAA TGATGTGAT CAGAGTCACT TGATTTCTTC AGAATGTTT
    * * * * *
447 : --ATG--GGAG CATATAAAGC TGATTT--TGC CG--GT

718 : GATGTCTATG AGCTTCTAG TGACTAAT GGCAGAGTG TGTTTGAGG CTTAAATCAG
    * * * * *
477 : AATG--GATG A--TTCI-- --TCAATG CG--GAAG --AAG CTCAAAT--

838 : GAGGCGTACC GGGGGAACAG TGTGCCAAC GGTTCATACA GGGCCGAGAG TCAACAAGT
    * * * * *
513 : --GTGCTTA --GGA-- --TTTCATG GGTTCATACA GG-- AGATAAT

898 : GGTTTGTATC GGTACAAAG CCTCAACTC GGAATACCTC GCTTCACTC GAGGGGAG
    * * * * *
590 : GATATTTCTC GGTI-- --TGATCTG TATTTCCGGT-- G

958 : GAGGTAAATG GATTTCTGA CCACTTGA-- TACTTTGAT CTGGAGACT AA
    * * * * *
584 : CCI-- --ATTC-- --AATTGGA TCTTTCAT TCCCCACTT GA

+++++
Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size           : 1008
Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2      : DREB2E.nuc
Size           : 735
Matching Position : 1 - 735

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

Matching       : 49.90 [%]
Weight        : 128

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGTAGA AAGAGAACAA AAT--T GATACATGA
    * * * * *
1 : ATGAA--A AGGA--AAAT AAGGATGCA AAGAGAGCTC CTCTGCTCT GTTGTATCCT

56 : GGAAGAGAA ATCTAGAGT AGAGGTACG GTACTACTGT GCGTGAGAGA TTAAGAGAT
    * * * * *
56 : GGAAGAG-- --AGGAGA AGA--GTG-- TGAGGCAAT GGAAGAGAGC TTTCAGAT

116 : GGAAGAGTA TAACAGACC AGAAGAGG TTTCTACAAA GA--AGAGAA ACTACCTGGC
    * * * * *
107 : GC-- --GAG-- --GAAGAG GAT--TGCGA GAGCTGATG GGTTCAGACC

175 : AAAGGTCGA AGAGGGTGT IATGAAGGT AAAGAGGAC CAGAGATAG CCGATGAT
  
```

【 4 - 6 】

0010181

```

148 : AAAGGTTTGA AAGAGGTTG TATGAGAGA AAGGTGTCG GAGAGATCC TCTTTTCGGC

235 : TTAGAGGAGC TTAGGCAAGG GATTTGGGAT AAATGGGTTG CTGAGATCAG AGACCTAAT
    * * * * *
208 : TTAGAGGTTG TTAGGCAAGG GATTTGGGAG AAATGGGTTG CTGAGATCAG TGAACC--

295 : CGAGTAGACA GCGTTTGGCT TGGTACTTC GCGTACTGC AGAGAGCTGC TTTGCTTAT
    * * * * *
264 : --AGTAG-- --TACCG TGGTCAAA TCTAGT--CGT AGTAAACGGC TTTGCTTGG

355 : GATG--AGGT GGTAAAGCTA TGTATGTCG TTTGGCTGT CTTAATTCO CTCGCTGCA
    * * * * *
315 : CAGCTTCTCT ACTGAGCT-- --GAACTGC TTTGCT--

414 : TGGCTCTGAG GTTACAGTA CCTCAACTC GTCYAGGTT TGTACTGTT AGACTCTCG
    * * * * *
349 : TACAGAGA-- GCTCTACT-- --CTCA-- --TCA-- --CGAC--GCT--

474 : TGTGTTGCT GTGAAMACG AGATCCAGA TGTGATCT AAACCTCTC CCGTGAAT
    * * * * *
383 : --AT G-- --CCAG-- --GT--T AAA--TTTC CCGAAGAT

534 : GAGCCGATG TATTGTCTG AGATGTGTC GGAAGAGATG AGA--GAGT GTTAAAGCG
    * * * * *
410 : TGGD-- --TG--GG GAA-- --GGAAG--AGG ACAGAGAGC GGAAGCTCG

593 : ATAGC--ATT GCGTAGGGA GTTTGAACT AAC--TAT GAGTGAAT TCTGAAGAG
    * * * * *
451 : GAGGCTATT GGTTC--GA AACT--AAAC ACCCGTAT GCGGTGAT-- --TAAACCG

649 : AAAGAGAAC AGAAGAGCA AGGATTTGA GAACTGTC AGCAACACA CAGGATTCG
    * * * * *
503 : AAGGTGAAA AGA--CT A-- --TCTA G-- --TCTAA-- --TGAAGAG

709 : CTATCTGTTG CAGACTATG TGGGCGCAT GATGTGATC AGAGTACTT CAGTTTCTA
    * * * * *
639 : CTAT-- --TGAG TTTGCC--AT GA-- --C A--AG--ACTC AGATCTC--

769 : GACATGTTG ATGTGATGA GCTTCTACT GACCTAATG GCGAGATGT GTTTCAGGC
    * * * * *
574 : --ATGACT AT--AATCA AAT--AGT GAAC-- --CCA-- --CGAG--

829 : TTAATCAGG ACCGTAACC GGGGAGAGT GTTGGCAAG GTCATACAG GCGCCAGAT
    * * * * *
605 : TGAATCAG-- --ACAA-- --GTTTACAG TATG--ATDG ATTCAATG G--

839 : CAAACAAGT GTTTGATCC GGTCAAGC CTAAGTACG GATACCTCC GTTTCAGCT
    * * * * *
647 : --ATAGGGA TTTGTG-- --TATA-- --TGAGCTC-- --AAGGCTC-- --ATG--ATAC

949 : GAGGAAAGG ATGTGATG ATTCTGAG CACTTGAT ACTTGATCT GAGAGCTAA
    * * * * *
691 : CAGGGA--G GTGG--ATTC ATTC--AT TTTTGATA TTTGAGAT-- --TCTAG
  
```

【 4 - 7 】

0010181

```

Sequence 2      : DREB2F.nuc
Size           : 634
Matching Position : 1 - 834

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

Matching       : 48.46 [%]
Weight        : 158

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGTAGA AAGAGAACAA AAATTGATC ATCGAGAAA
    * * * * *
1 : ATGG-- --AGAA-- --AGAA-- --AGAA-- --ATC--

61 : AGAAATCTA GAGTACAGG TGAAGTACT ACTGTGCTG AGAATATA GAGATGAAA
    * * * * *
12 : --ATC-- --CTC A-- --ATGAAA CA--ATGAA--

121 : GAGTATAAGC AGACCGTGA AGAAGTTCT ACCAAGAGA GGAAGTACC TCGAAAGGC
    * * * * *
33 : -- --GAGGCTCC TCC--

181 : TCGAAGAGG GTTGTATGAA AGTAAAGGA GGAACAGAGA ATAGCGGATG TAGTTTCAA
    * * * * *
45 : TCG-- --GGTAAAGGC GGTCCACAAA AGCTGTTTG TCAATGCTGT

241 : GCGATTAGGC AAAGGATTT GGGTAAATG GTTGTGAGCA TCAAGAGGCT TAA--TCAAG
    * * * * *
88 : GCGATTAGGC AAAGGATTT GGGCAATG GTGCTGAGCA TCAAGAGGCT CAAGAAGAGG

300 : TAGC--AGCT TGGCTGGT ACTTCCTCA CTGCTGAAA AGCTGCTCT GGTATTGATG
    * * * * *
148 : --CAAGACT TTTGCTGGC TCTTTCCTCA CAGTGAAGA AGCAGCTATG GCTTATGATG

359 : AGGCTG--T AAAGCTATG ATGCTCTTT GCGTGTCTT AATTGCTCT GGTCTGATC
    * * * * *
206 : AGGCTGCTT GAAG--TCT ATGGCAGCA GGAATACCTC AAGTACTCT --ATCTGAGC

417 : GTCGAGGTT ACGATGACT CAAGTACTC TGAAGTGTG ACTGT--TGA ACTCCTGGTT
    * * * * *
263 : G-- --GAAT ACAAG--ACT --TC--TC TCG-- --TA ACTCTGAGG GTTC--AAAT

476 : GTTCTATGT GAAACAGAG GATCCAGAT GTGATCTTAA ACCCTCTGTC GBTGAGTG--
    * * * * *
305 : GGGTACCT-- --TCA--AG GA-- --AGTTT AT--ATCAT GTTTCCTCA TGTGTATCC

535 : GAGCCGATG ATTGTCTGA GATGTGCGG GAAGAGTGA ACAGAGGCTT--TAAAGCGAT
    * * * * *
353 : TAAAC--TGA ATGCTC--A GCTTAGTGT CAGATAATC AGCAAGACT AGAAGACTC

595 : AAGCATTGGC TGAAGGAT TGAACATA-- --CTATTGG T--GATTTCT GAAGAGAAA
    * * * * *
409 : AAGAA--AAG TG--GATY TATCTGCTT GATATTCTC TATGTTCTC TCGACGAT

652 : GAGAAAC--AG AAGAGC--A AAGGAT--TGT AGA--AAGCT GTAGCAGCA --ACAGCAGCA
    * * * * *
464 : CAAAACCTA TACTAGCTT GTTGTAGGA AGACAGCA GGAAGAGCA GACATATG--
  
```

【 4 - 8 】

0010181

```

705 : TTAGGATCT GTTG--CAG-- --ACTATG GTTGGCCAA TGA--TGTGA TC--AGAGTCA
    * * * * *
523 : TTAG--AAGT GGTGATCAGA AAGAACAGA GATCCACC-- --TGACGAGT TCTTCAAGAA

756 : CTGGAATCT TCAGACATG-- --TTTATGTC GA-- --TG AGCT--TCTAG GTGACCTAAA
    * * * * *
580 : CTAGGAATCT TGAAGATGA AAATGAGCA GAAACAAAGT AGGTAGCAGA GTGCTATTC

807 : TGGGAGCAT --GTTTTCGA GGGTAAATC AGGACCGTA CCGGGGAGC AGTG--TTGCC
    * * * * *
640 : CCTCCACCAT GGAACAGCA AGAAGAAA--C TGA--AGT CTTTCAAGC TGAATTTCC

865 : AACGTTACT A--CAGGCGG AGATCAACA AAGTGTITT GATCCGATC AAAG--CTC
    * * * * *
697 : AGCTG--GGAT ACCCTGATG AGATGCAAG AAGTG-- --AAACCAAC TATGCAATTT

922 : AACTAGGA TACTGCTT TCACT--GGA AGAAGAGT GGTATGAT TCTTC--GA
    * * * * *
751 : GACTCAGCA --ACTTGG-- --AAGCTATG TTTTGAAGT G-- --ATGAT CTTTCTCTC

978 : CCACTTGA TACT--TGAAT CTGAGAACT AA
    * * * * *
804 : CATCTGGAC TACTACGGA GCTTAT--ATT GA

+++++
Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size           : 1008
Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2      : DREB2C.nuc
Size           : 924
Matching Position : 1 - 924

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

Matching       : 47.08 [%]
Weight        : 149

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGTAGA AAGAGAACAA AAATTGATC ATCGAGAAA
    * * * * *
1 : ATGG-- --AGAA-- --AGAA-- --AGAA-- --ATC--

61 : AGAAATCTA GAGTACAGG TGAAGTACT ACTGTGCTG AGAATATA GAGATGAAA
    * * * * *
5 : -- --AA G-- --AA G-- --AA G-- --AA G--

121 : GAGTATAAGC AGACCGTGA AGAAGTTCT ACCAAGAGA GGAAGTACC TCGAAAGGC
    * * * * *
12 : GAGCA-- --ACC-- --TCC GCGAAG--A CGAA--ACA TGGGA--CA

181 : TCGAAGAGG GTTGTATGAA AGTAAAGGA GGAACAGAGA ATAGCGGATG TAGTTTCAA
    * * * * *
46 : TCGAAGAGG GTTGTATGAA AGTAAAGGA GGAACAGAGA ATAGCGGATG TAGTTTCAA
    * * * * *
46 : TCGAAGAGG GTTGTATGAA AGTAAAGGA GGAACAGAGA ATAGCGGATG TAGTTTCAA
    * * * * *

241 : GCGATTAGGC AAAGGATTT GGGTAAATG GTTGTGAGCA TCAAGAGGCT TAA--TCAAG
    * * * * *
  
```



【 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 Weight : 43.12 [X]
Weight : 231

1 : ATGGCTGTAT ATGAAACAAC CGGAACCCAG CAGCCCGAGA AAGGAATC TAGGCTCGA
2 : ATGC-----ATC C-----ATAAGC C-----CA AAGATA-----
61 : CGAGCTGGT TAACGCTGC TGATAGCTA AAGAAGTGA AAGATAGAA CGAGATTGT
26 : -TGATGGT -CGT-CC TAAT- AAGAA-----ACAA CCA-AGCTC
121 : CAGCTTCGG CTGTTAAGA ASGAGCAAA CCGAACCQA AACTCTCCG GAAGGCTCG
61 : CAGGCT-----AGT-----TCG
181 : AAGAAAGTT GATGAGGC TAAAGAGCA CAGATTAAT CTCACCTAG TTTTAGGCA
73 : AGAAGGTT GATGAGGC AAGAGTGA CCGATACG CCGTCTGCAC TTACAAGTT
241 : GTTAGCAAA GATTTGGG TAATGGTT CAGAGATTC GAGAGCCAA AATAGACT
133 : GTTAGCAAC GCATTTGGG CAATGGTTC CTGAGATCC GCAACCTAA CCGAGAGCT
301 : AGACTTGGG TTGACTTT TCGTACCGG GAAAAGCTC CTTCGGTTA TGATGAGCG
193 : CGCTTTGGG TCGTACTTT CCGACCTCC CCGTGGCTG CCGTGGTTA TGATGAGCG
361 : GCTACCGTA TGACGGTC ATTGGCTCT CTAATCTCG CTCACCTCT TGCTGTCAG
253 : GCTGTAGAG TCTATGGGG TGAGTCTAT CTCACCTCC CCGTCTCT TTAG-----AG
421 : TT-TACTAGT ACCTTAGTC AACTGAGG GTTAGAGTT GAAATAGAG CGGTTTGTG
309 : TTACCTAAA AGGC-CTC -CTCTCCGC CTCCAGCT -ACACAG CAGCAACCC
480 : TGCTGATTT TGCTGAGC ATGAGATAC TGATTTGCA TGTATGACT -TTAGTCAG
364 : GGTGAAA-----AGC A-CCAG-----GACTCTGC TG-----GGCT GTTCATCCA
539 : TTTAGATGT TAGAGAGAG TCGTTGAAA CAGAGCCGA CAGTCCGAG GTTAGACTC
490 : -CGAGTGT CA-----TCATGTGAA-----GATGA CAG-----AG C-AGATATC
599 : AAGATGAA TCTTGGCT AATACACT TTGCTTGA GATTGACG CAGTATTGG
447 : ATGCA-CA T-----ATA AAGTGGAT TCGGCTAAT GATC-----ATTCTT--
659 : GCAAGTTT CAGAGAAA GAAACCCA AGCAGGAA AGAGGATA CAGCAACGC
491 : -CA--TAT C-----CGAGA-----

```

【 4 - 1 4 】

```

0010181
719 : AACAGAAC CAACAGCA CAGCTGCAAC CGGATTGCT TACTGTGCA GATTACGTT
504 : -----ACGTACA-----TGTC-----TTA-CAAT
779 : GCGCTGGTC TAATGATTT GTAATGATC AGACTCTTG GATCTCAAT GAGTCTTG
524 : TCGATGGT TCACTA-A GAGATAATG ATATTCTCG G-----TTTG
839 : ATATTATGA ACTGCTGGA GATTGATG AGCTGCTCC CCATCAGAG CAGACAAA
586 : ATA-----CTG- TATT-----CCCG
899 : ACAGCTAAA TTCTGATG TATGATTG ATCGCTTCA TCTGAGCA 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 Weight : 48.22 [X]
Weight : 140

1 : ATGG-CTG TATATGACA AACCGAACC GAGGAGCCA AAGAAAGAA ATCTAGCCT
1 : ATGAAAGAG AGAT-AGC GATCCAAACA GAG-TCCTC TGCTCTCG- TTGA-TGCT
58 : CAGCAGGTC GTTAAAGCT GCGTATAGG CTAARAGAT GAAAGAGTA CAGCAGAT
56 : CAG-AGAC GAAGAGAT GGTTCG-G C-----CAGI GSA-----AGCAGCTT
118 : GTTACGCTT CCGCTTAAA AAGAGCA-----GAAACCCA AAGCAAGT TCGTCCAAA
99 : ACACA-CAT CGAGAG- A AAGAGATTC GCGAGAGC--TGTAGGT TCAAGCAAA
175 : GCGTCAAGA AAGCTTGT GAGGCTAAA GAGAGCAG ATAACTTCA CTGATGTT
151 : GCTTCAAGA AAGCTTGT GAGGCAAAA GAGAGCAG AGAATCTGT TTGCTGTT
235 : AGAGAGTGA GAAAGAGT TTGGCTAAA TGGCTCCAG AGATTGACA ACC-----
211 : AGAGCTTTC GAAAGAGT TTGGCTAAA TGGCTCTCG AGATAGTGA ACCAGCTAG
288 : -----G AAA--TAG -GACTA--GACTTGGG TTGCTACTTT TCGTACGGG
* * * * *

```

【 4 - 1 5 】

```

0010181
271 : CAGGCTGGT CAACCTAG TGTATGAA CCGCTTTGG TGGCAGTT TGCTACTGA
331 : GAAAGCTG CTTCGCTTA TGATGAGGC GTCACGCTA TGACGCTCT ATGGCTGCT
331 : GTCAGGCTG CTTCGCTTA CAGAGAGCT GTTACTGTA TGACGAGCC GATGCGAGG
391 : CTAACTTCC CTACCTGT TGCTCTGAG TTACTGTA CTTCTGCA ATCTGAGTG
391 : TTAATTTCC CCGAGAT-T TGGTGGGG-----AAGCA AG-A A-----
451 : TGACGCTG AAGATAGCC GGTGTTTGT GGTGATGTT GTTGAAGCA TGAAGACT
429 : -GCAC-----AGAGGC GG-----AAATG-----CG GAGGCTATT
511 : GATTGCAAT CTAATCATT TAGCAGAT TTAGATGTA CAGAGACTC TTGTTGACC
461 : GCTT-AAA GTAA-CA- AAGCGC-----TA-ATG-----CGTG AT-TGAA-
571 : AGCGGAGCA GTTCAAGGT TGCAATCAA GA-TATGAT TCTTGGTGA ATTACATTT
500 : -CGCA-----AGG TGG-AAA GACTATGAG TCTAC-----A ATGAGA-C
630 : GCTTTAGG TTGAGAGC AGTATGGG CCAAGTTTC CAGAGAGAG AAGAACCAA
538 : GCT-----ATTGAG-----TT-GG CCA-----TG-ACAGACTC AGAATCTAT
690 : CGAGGAGAA GAGCAGAT AGCAAGCA ACAGAGCAG CACAGCAGC AGCTGGAAC
578 : G-----ACTGATA TGAATAG-----TGAC-----CCAGCA-----GTAAATC
750 : GAAATGCT ACTGTTGAG ATTACGTTG GCTTGGCTT AATGATATT TAAATGCA
612 : AGA-----GGAG GTTACAG-----CT-----ATGATC-
810 : GACTTCTGG GATCCTAAT GTCGTTTGA TATTAATGA CTCCTGGAG ATTGATGA
635 : -GATCAAA-----TTGGA T-----AA CCGATGTTG -TATATGA
870 : ACCGCTGCC CAGCAGCC ABAGCAAAA CCACTAAT TCGTATTT ATGATGCA
869 : ACCT-----GAA-----GC
930 : TCCGCTCAT CTGAGGAC AGCTAGTCA CAGTCAAT GCTTGGATT CTTGATAT
679 : TCCGCT-AT CAGCAGCA--GCTGATT CCA-TTC-AT ATTTGATA TTAGCAT-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 Weight : 48.46 [X]
Weight : 138

1 : ATGGCTGTAT ATGAAACAAC CGGAACCCAG CAGCCCGAGA AAGGAATC TAGGCTCGA
1 : ATGC-----ATC C-----ATAAGC C-----CA AAGATA-----
61 : CGAGCTGGT TAACGCTGC TGATAGCTA AAGAAGTGA AAGATAGAA CGAGATTGT
18 : CAGCTTCGG CTGTTAAGA ASGAGCAAA CCGAACCQA AACTCTCCG GAAGGCTCG
28 : -TG-----GA AG-----A AGGCTCTCG
181 : AAGAAAGTT GATGAGGC TAAAGAGCA CAGATTAAT CTCACCTAG TTTTAGGCA
48 : -----GG TAAAGGGGT CCGCAAGCC CTCTTCTCA GTACGCTGA
241 : GTTAGCAAA GATTTGGG TAATGGTT CAGAGATTC GAGAGCCAA -AATAGCA
91 : GTTAGCAAA GCATTTGGG CAATGGTTC CTGAGATCA GAGAGCCAA CAGAGAG-CC
300 : TAGACTTGG CTGCTACTT TCGTACCG GAAAAGACT GCTTCCCTT ATGATGAGC
150 : AAGACTTGG CTGCTACTT TCGTACCG TGAAGAGCA CACTAGGCTT ATGATGAGC
360 : GGTACGCTT ATGATGAGT CATTGCTGC TTTACTTCC CCGTACTCG TTGGCTCTA
210 : TCGCTGAAA CTCTATGGC AGCAGCATA CTTCACTTA CTTCA-TCTT CAGCG-----
420 : GTTACTAGT ACCTCT--A GTCATCT-- GAGTGTGTA CCGTTGAAA TAAAGGCTT
284 : GATGAGGAA CTTCTCTCA CTTACTTCA GAGTTTCAA TGGT-ACCT TCA-AAGAA
475 : GTTGTGGT ATGTTGTT GTAGATGAA G-ATGATGAT TGTGAT-CT AATCATTAA
321 : GTTAT-- ATCTATGTT CTTTATGTC GTATGATAA GGTGATGTT CAGCG--TA
533 : GTCAGATT ATGATGTA GAGAGCTT GCGAAC-CA GG-----CCCG ACAGT--G
374 : GT-----GTC ACATACTCA GCAAGACTA GAGAGCTCA ABAAGACTG ACITTTATCT
585 : CAGGCTGGA CAGCAGATA TGAATCTTC GCGAATTC GATTGCTGT TAGAT--TT
430 : CACTCTATT CTTTACTTC T-----TGCTC AGCAGCAA AACTAATAC TACTTCTT
543 : GAGCAGAGT ATGGGGCA AGTTTGGAG GAGAAAGCA AACCCAGCA CAGCAGAGG
487 : GATGAGAG- ACCAG--CA AG-----G CAGAAAGCA CA-ATATGTT CAGAG--GTG
703 : GATATAGG AACAGCAAA C--GAGAG CAGCAGCAG AGCTGAGC GATTGCTTT
533 : GTGAT-CAGA ABAAGCAGA GATGAGCTG ACCGAGTTC 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 TCAGGTGAA CTAGAGGATT GTAGCCATGA
340 : -CACACTACA -CGAG- CAG-CMAC ACCGGTGA -AAGCA- GCGGCA-
537 : ATATGTTCTG TTAGTAGTGT CTAGTGTAT TAAGCAGAG CTGAGAGGAA AACAGCAAGT
384 : -CTC TGAG-T GCGGTG-T TCA-----TCCAACA-----GATGT
597 : GAGGAGAAA CATAACTGG CTGTTGGTT TGAATGGA CAGGACTGA AAGGAGAG
416 : -GATCA-----TG TGAAA-----GAGT-CA CAGAGACA-
657 : TTGATGCT TGGTATCG GAAATGCAA TGACAAGAA CATTGGAGT TTGTGTGGA
443 : -TATCATCG CA-----CGATATAA C-----CTGA
717 : TGAAGCTTT GATATTAAT AGCTATTGG TATATTAAC GAGAAGATG TGCTGTGCA
458 : -TTT GCGGTATG-----GATG ATTT-TC-
777 : AGAGCAATG CAGTCAAG TGAGTAGCA CCGAATTC AGTTACAAA CCGAGTTCC
493 : A-----TA-----TGGAGAG CTACATGCT-GTAA-----GGA-TTTC
837 : AAATTCTAG TTGCTGGGA GCGTCAAGC TATGAGATT GCTCAACAG GAGTTGTTA
528 : -ATGGGTC ATG-AAGCA C-----A TAAATGATT TCTC-----GTTTGATC
897 : TGGATGCTC TATGTCAG CAGTATAT GAGCAACT ATGATTGAT TAGACATCG
570 : T-TG-TATT- GCGGTG-----CGAT TCTA-ATT GCGA-
957 : CAGTTCAAT GATCTTACA TAGACAGCT GGATTTTGA GAGCAAG ATGTTCAAG
600 : -TTT-----CTT-TCA TTCCCACT-
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 GAAACAGAG ATGTAGCTGA
1 : ATGAAAGAG AAGATAACCG ATGAAAGAG -AG-CTCT -CTGCTTCTG TTGTATCTC
60 : GATTCTAGG CAATGAGAG ATGAAATGA GCAGATTAG CAGATGCTT GTATCGATG
57 : GA--GAAG CAGAGAGAG TG--GTTC GCGAGTGA GC--GAGCT ACAGAGATG-
120 : TGGTGTGCA A--AAT-----CAATCGAA AGCCTCTCC AAAGGTGCG AGGAGGGTT
108 : -GAGAGAGA AGGATTGGC AGGCTGCTA GGTTCAGCG CAAGGTGCG AAGAGAGCTT
173 : GTATGAAGG TAAAGTGGG CCGAAGAGC GAAATCTGA CTATAGAGA GTTAGACAGA
167 : GTATGAGAG AAGAGTGGG CCGAGAGATC CTGTTTCTG GTTTAGAGT GTTGACAAA
237 : GAGATGGCG TAAATGGTT GCTGATGTC GTAGGACGA CCGAGTGGT AGDTTGGCG
227 : GGGTTGGGG CAATGGGTT GCTGAGATC GTGAGACG GTGAGACG -TGAATCAC-----C
283 : TCGTACTTT CTCAGTGTG TATGAGCTC CATTGCTTA TGAGAGGCG GCGAAGCTA
275 : GTGGTCAA CTCTAG-TG TACTAAGCG CTGTCCTT-----G GC-----A
353 : TATATGCTA GTCTGAGG CTAATCTTC CCGAGTAC AAATGGCTT TCTGTAGCT
317 : GCTTGTCT--ACTG-CAG- GTGAGCTCG-----TTGCTT--TAGAGAG
413 : CTGCACTCG CACTGTGCA GCGTGGTTA CTGATTTTC TGATGATCT GAGTTTGTG
357 : -AGCTCG-TA--GTGCA TGTAG--A C--CTATCG-----CAGST TAAATTT-
473 : CAGTGAAGA TACAATGA AGTTGAGTT TTGCTAGCT CAACTAGAG CATTGATCG
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 TTGGCTGTT GTTTGATAT TGACAGAGG TCGAAGGG
444 : AAGTCTGGA-----GGTATTG C-TGGA--AC T--AAGAA
653 : ACATTTGGA TCGTGGTT ATGGAATG CAACTGACA AAGCAATGT GAGTTGCTG
477 : AGCGCTAAT GCGCTAGT AAACGAA-G C--TGAAG AAG-CTATG TACTCT--
713 : TGGATGAGG GTTGTGATT AATGAGCT TGGTATATT AAACGAAAG AATGTGCTG
527 : ACAAATGA--GAGCT ATTAG--T TGGCAT--GAGAG ACTAGAGT
773 : GTGAGA-G ACAATGAG ATCAAGTGA TAGACAGCA AATTGACTT ACCAAGGCA
572 : CT-ATGACT ATATGAA- AT-AGTG--AAACCA GAGT-GAA ATCAGAGAA

```

【 4 - 2 3 】

```

0010181
831 : GTTTCGAAT TCTACTTCC TCGGAGGCT CAGCCTATG CAGATCTGTC AAGCAGSAT
619 : GCTTACA--GCTA--TGA TCG-----ATT CAAATGAT AAGGATGTT
891 : TC-ATTATG ATGCTTAT GTGAGC-CC AGTGAATG AGAAGATG TATGATTTA
650 : TGTATAATGA A--CCTCA--AAGTCC AGT-TAT--CAGCAGG AAGGTGATTC
949 : GACCATGCA GGTTCATGA TCTGACATA CAGGACTTGT 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

```

【 4 - 2 4 】

```

0010181
418 : ACTGCCACTG TGTGAGGCT GGTACTGCA TTTTCTGAT AATCTGAGT TTGTGCACT
273 : AGCTTCTCTG AGTACTCTC AG-----A GGTCAATG GGT-ACCT TCAAGAGAT
478 : GAGGATAGA ATC-CAGTT CAGTTTTG TCAGTCAA CTAGAGGATT GT-AGCCTG
323 : -TATATCT ATGTTCTCT CA--TGTG T-ATGTAAG C--GTGATG CTCAGCCTAG
536 : AATATGTTCT GTTAGATGT TCTGATGTA TTAAGAGGA GGTGAGAGA AAGAGAGAG
375 : -TTGTC--ACATAAT--CAGGAAA CAGTACAGA ACTGAA--GA AAATGCACT
596 : TGAGGAGA ACATAGCTG GCTTGGTT TTGGAATG ACAGACTCG AAAGGAGGA
423 : T--TATC TCACTTAT TCTTCTACT CT--TCTCC AC-GAATCA AAGAGTAA
656 : CTTGATGCT TTGTTGATG GGA-ATGG CAATG--ACA-AGA-C CATTGAGTT
476 : CT--AGC TTTTCTGATG AAGAGAGAG CAGGAGAAA AAGAGATA TTGTTGAGG
708 : TGTG--TGG ATGAAAGTT TCAATTAAT GACTTGTG GTATATAAA CAGACAAAT
531 : TGTGATGAG AAGAAAGAG AGATGAGCT GACC--GA GTTCTT--CAGCACTAG
766 : GTGCTGCTG AAGA-GAGAA T--GAGTA TCAATGAT AAGAGAGAA ATTTGATTA
584 : GAATCTTG-A AAGATGAAA TGAAGAGAA CCAAGT--AGCTAGCAGA GTGCA-TTC
822 : CAAAGCAG TTTCGAAT CTAGTCTCT CCGAGGCTC AAGCCTATG AGATCTGCA
639 : CC-----CTCACAT GSAACAGC-AAGAG--AAACTGAGAG TCTTTCAGA
882 : AC-CAGGAT TGATATGA TGTCTTAT- GTGAGCC--CAGTATAT GAGAGACTAT
685 : ACTGAGATT TCAGTGGGA TACCCTGAT GAGATGCAA GAGTGA-AA CCAACTAT
937 : GTA-TTGA- TTAG-ACCA TCGAGGTTG AATGATCTG A-CATAGAG A-CTTGGAT
744 : GAAATTTGAG TCGAGCACT TCGAG-C TATGATTTG AAGATGATGT ATCTTCTCT
991 : TTGAGGAG ACAAGATGT 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

```

【 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 TATGATGCTG  
 14 : AACTCCGGC CA--AGA--AAGCA--AA-----CA--GCG--

121 : GGTGCTGAAA AATCAATCCG AAGCCTGCT CCAAAAAGT CGAGAGAGGG TTGTATGAAA  
 41 : --GG-----AGAT CTGAAAAGG TTGATGAAA

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

240 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGGTAGCC AAGCGAGCT GGTAGTTGT GGTCTGCTAC  
 126 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGGTAGCC TAACTGAGG AACTCTGCT GGTCTGCTAC

300 : TTCTCCAGT TCAATGAGG CTGCAATGGC TTATGACGG GCGGCAAG CTATATAGG  
 186 : GTTAAATGG TCGTCCAGG CCGCAGCTG TTGAGTAAA CCGCTAAGG AACTCTGAG

360 : TCGATCTGC AGACTCACT TTCCGAGAT CACAAATGG TCTCTGGA CTGCTGCCAC  
 246 : ACGAGAGCT AACTCA-C TTGCTGACC CACAGAGA ACACAGTA GTAGT-ACC

420 : TCGACTGCT TCGGCTC-G GTTACTGAT TTCTGATGA CTTGAGTT TGTGACGCTG  
 304 : AGAACT-TG TCTTTTCTG GCGAGG--GTGCGT--TCTTGGCT TAT-AATAG

479 : AGTACAAA TCGAATTA CTTTGTGTC AGTGAAC- TAGAGATTG TAGGAGTAA  
 355 : AACTCATTA TG--GTCA TGGTGGAC CTTGCTGTC GCGAGCAG T--TGTTCAC

538 : TATGCTCT--CTTACATG TCTGATTA TTA--AG CAG GCA GCTGA AAGAAAGA  
 410 : GAGTCTCTG CTGAGAGA TC-GAGTTT CTACAGAG ATGATCATCA TAGTCAAT

591 : GCAAGTAC--GGAACAC ATACTTGG TGTGCTTT GAAATGAC A--GACTC  
 469 : CCACTCTG CTTCAATGG TTGCAATCT TGTGATTT -ACTTAAAC AAGATGATC

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

695 : AACTGATG GTTT--GCTG TCGATGAC CTTTCAAT ATAGC--CTATTGG  
 587 : CTAGTAACT GTTTGACC AATTGAAAC CAAGAATTT GATGAGTAC AATTAGAT

747 : TAT--ATA AAGCAGCA ATGTGCT--GCTGAC--ACACAATG CAGTATGAG  
 647 : TATACATGG AGCTTGGCT AAGTCTCT TGGGCAAGA AAGAGAGAG AAGATGAGC

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

【 4 - 2 7 】

0010181

421 : GCACTGCTG CAGGCTGGT TACTGATTT TCTGATGAT CTAAGTTTG TCGAGTGG  
 375 : GCACTGCTG CAGGCTGGT TACTGATTT TCTGATGAT CTAAGTTTG TCGAGTGG

481 : GATACAAATG CAGCTTGGG TTTGCTGAG GTCAACTAG AGAATGATG CAGTCAATAT  
 435 : GATACAAATG CAGCTTGGG TTTGCTG

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

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

661 : CATGCTGGT TCGTGGAAA TGGCAATGA CAGAAACAT TGGAGTTTG TGTGATGA  
 475 : -----

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

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

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

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

961 : TTCAATGATC TTGACATACA GCACTGAT TTGAGAGAG ACAAGATGT TCAATGATC  
 520 : -----TTGG-----GCGTT-----

1021 : ACATAA  
 530 : 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 CCTATGAGA TTGCTCAAC AGGATTT-GA TTAATGATG CTTATGCTG  
 767 : GAG-----AGAG ATGATAGCC CCGAGTGA AGAGCAGCA GGAATTTGG

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

971 : TTGATACA GCACTGAT TTGAGAGG ACAAGATCT TCAATGA-T CTACATA  
 869 : GAGA-TTCA AGAATGCTG TTGAGAGG TTCA-ACAT CCAATGATTT 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 TATGATGCTG  
 46 : ATTCTAAGGC AATGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGNATCTTG TATGATGCTG

121 : GGTGCTGAAA AATCAATCCG AAGCCTGCT CCAAAAAGT CGAGAGAGGG TTGTATGAAA  
 106 : GGTGCTGAAA AATCAATCCG AAGCCTGCT CCAAAAAGT CGAGAGAGGG TTGTATGAAA

181 : GGTAAAGTG GACTGAAA CCGGATTTGT CACTAT-AGA GCACTTAGAC AAGAGAGATG  
 186 : GGTAAAGTG GACTGAAA TGGGATTTGT CACTAT-AGA GCACTTAGAC AAGAGAGATG

241 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGGTAGCC AAGCGAGCT GGTAGTTGT GGTCTGCTAC  
 226 : GGTAAATGG GTTCTGAGA TCGGTAGCC AAGCGAGCT GGTAGTTGT GGTCTGCTAC

301 : TTCTCCAGT TCAATGAGG CTGCAATGGC TTATGACGG GCGGCAAG CTATATAGG  
 286 : TTCTCCAGT TCAATGAGG CTGCAATGGC TTATGACGG GCGGCAAG CTATATAGG

361 : TCGATCTGC AGACTCACT TTCCGAGAT CACAAATGG TCTCTGGA CTGCTGCCAC  
 346 : TCGATCTGC AGACTCACT TCC-----GCAAAATGG TCTCTGGA CTGCTGCCAC

【 4 - 2 8 】

0010181

Matching Weight : 49.99 [%]  
 Weight : 81

1 : ATG-----TC ATC--CATG AC-----CCAAA  
 1 : ATGCAAAAGG AAGATAAGG ATGCAAAAGG AGCTCTGCTG CTTCTGTTGT ATCTGAGAA

21 : AG--TAA TGAATGCTG--GT-----GCTA--AT--AGAA--  
 61 : AGAGAGAGA GATGCTGTA GCGAGTGA GCGAGTAC AGATAGGA GAAAGAGGA

48 : -----AC AAGCAAGCT CCAAGTGA--GTGAGGA AAGTGTAT GAGAGAAA  
 121 : TTGCGAGAG CTTGAGGCT TAAAGGAAA GTTCAAGGA AAGTGTAT GAGAGAAA

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

157 : TGGTCTGCT AGATCCGGA GGC-----T AAGCAGAGC C-----TCGT-----  
 241 : TGGTCTGCT AGATCCGGA ACGATGAGT CAGCTGCTG CAACTGATG TCGATGAAA

196 : -----CTTTCG TCGTACCTT GCAAGCTC CCGTAAAGCT GCTGCTTA TCACTCCGA  
 301 : CCGTCTGCT TTGGAGCTT TCACTGGA GCTAAAGCT GCTGCTTA CCAAGAGCT

253 : GGTGATAGC TCAATGAGC TGAAGTAT CTAAGCTG CTGAGCTT AAGAGTTAC  
 361 : GGTGATAGC TCAATGAGC TGAAGTAT TTAATTTCC CCGAAGATTT GGTGAGGA

313 : CCTAAAGCG CTTGCTTCC GCGTCCAGC ATCAACAAA GCAACAC CAGTGAAGA  
 421 : AAGAGAGG--GACC--A GAGAGGAAA AGTCCGAG GC-----TAT TGTTC-GAA

373 : AAGCAGAGC ACTTCACTG CCGCTG-TT ATCC--AAG--AGATGAT CATGTG-A  
 469 : ACTAAGAG CCGTAA-T CCGTATTT AAGCAGAGG TGAAGAGC TATGATCT

427 : AGATGAGC AGAGAT-A TCAAGGAC AT-ATAA-AC GTGGA--T TTG-CCGGA  
 527 : ACATGA-AG ACATTTGTA GCTTGG--CC ATCAAGAGC TGAAGATCT ATCACTGTA

478 : ATGGA--T G-ATTTCTA --ATAGCC AAGA-GCTA CAACTGCT ACGATTTCA  
 584 : ATGAATAGT GAGCCAGCA GTGAATGAG AGAAGTTA CAGTATAGT -GATTCAAA

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

585 : CTTATGAT 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 : 524  
Matching Position : 1 - 534

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 : CAAGTAGTTC CGAGAAAGG TTGTATGAA GAAAAGGTT GACCCGATAA 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 GCTCTCTTTC GCTCGCTAC CTTCGACCC TCCCGTAAAG CTGCTCTTGC  
139 : AAGAAAGG- CGAAAGACTT GCTCTCTTTC TTTCCCTCA GTCGAAGAA CAGTATGCG

240 : TTATGACTCC GAGCTCTGTA AGCTCTATGG CCGCTGAG-----CTCATCT  
190 : TTATGATGAG CAGTCTGTA AGCTCTATGG CCGCAGCCA TACCTCAACT TACCTCTATCT

285 : -----CA-----CCT CCGTGGT-----CGTAAAG T-----TACCCTAAA-  
258 : TCAGCCGAAAT ACAGAGACTT CTCTGATGTA CTCTGAGGG TTCAATAGG TACCTCTGAG

319 : -----AGC CCGCTCTCTC C-----G-----C GT-----CCC AGACT-----  
318 : CAGCTTTATA TCTATCTTTC CTTCATGCG TATCTAAGC GTCGATCTC AGCCTATGCT

348 : -----ACAGCAAG CAGC-ACAC CCGTGA-----AAAC-----  
378 : TCATCTAATC CAGCAAGAGC TAGAGAACT CAGAAAGACT GCACTTTTAT CTAACACTCA

376 : -----AG-----CA GCG-----AGTCTGACT CCGCTCTTC AT-----C  
438 : TTCTCTAGT TCTCTCTCA CCGAAACAA AACTAATACT AGCTTTTCTG ATGAGAGAC

405 : CAG-----GA GA-----TGTA TGATG-TGA AG-AGTGA-CAGGG-----AGATAT--  
488 : CAGCAGGGA GAACACACA ATATGCTGCA GGTGGTGCAT CAGAGAAAC CAGATGCA

448 : CATG-----CGAG A-TA-----TAAAGC-T GATTTC-----CC-----  
558 : CCGTACCGAG TTTCTTCCG AACTAGATG ATGAGCAT GAAATGAA CAGAACCAAG

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

【 4 - 3 0 】

0010181

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

562 : -TATTCTCG GTTGTATAT TGTATTCG GTGGCTATTC TAATGGAT-----TCCT  
737 : CAGTATGCA ATTTGACTCC AGCAACTTGG GAAGCTATGA TTTTGAGAT CATGTATCT

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

+++++

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

Sequence 2 : DREB2.nuc  
Size : 524  
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  
2 : ATG-----GAG--AA AGCA-----CCTCCG CAGGA--A ACGAAACT-

61 : CAAGTAGTTC CGAGAAAGG TTGTATGAA GAAAAGGTT GACCCGATAA CCGCTCTTGC  
39 : -----GAGCAAT CTAGAAGAG TTGCTGAAA GGTAAAGGC GTCCAGAAA CCGCAGCTGT

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

181 : AAGCAGGAG CTGCTCTTTC GCTCGTACC TTTCGACACT CCGCTGAGCC TCGCTCTTGC  
157 : AAGCTGGA CTGCTCTTTC GCTCGTACC TTTAATCT CCGCTGAGCC CCGCTGAGCT

241 : TATGACTCC CAGCTCTGTA GCTCTATGG CCGTACGCT ATCTCAAD-----CCTCCT  
217 : TACATGAG CCGCTGAAA ACTCTATGTA CAGAGGCTA AACTCAACT GCTGACCCA

295 : GA-----GTC CTTAAGAT-----TACCCTAA AAC-----GCG-----CTCG--  
277 : CAGCAAGCA AACAAGTAT AGTGAACAGA AACTTCTCT TTTTGGCCA CCGTCCGGT

328 : TCTCCCG-----G T-----CCAG  
337 : TCTTGGCTT ATAAAGAA GCTGTATG GTTCAAGGT TCGACTTGG TCTCCCGCAG

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

【 4 - 3 1 】

0010181

397 : GCAAGTCTT CAGAGGCTC TTGCTCAGG AATGCAAT TTCTACAGA AGATGATAT

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

427 : -AGATGA- CAGAGA-----GA -TA-TCATG- -CA-  
517 : CAAAGTATT CAGAAATCA AGAGCCCTT AATCTAGCA CTAGTATGG CCGTGAAGC

453 : -----GC -ATAAACA GT-----GATTT GCGC-GT-----  
577 : GGTGGTGGCT CTACGTTAAC GTTTTCGAC AATTGAAAC CAAAGATTT CATGAGTCA

477 : -----AATGG-----ATGATCTT-----CAAT TGGGAGAG  
637 : AATTATGAT TATACATGG ACCTGGTCT AGTGTCTTC TGGGGCAGA AAGAAGAGC

506 : CTACA-----AT-GTC GTTAGAT-----TTCC-----  
697 : GAACATGAG TGTATCTCT CTEIGATG TCGCAACA AGGAGATAT GTTGGTCT

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

548 : -----ATGATA TTTCTGGTT TGA-ACT- -GATTTCCG CTGCTA-----TTC  
817 : ATGATGATC TTTTGGAGT TGAATTTTA GGTGTGTTA TTGCCAAA TGGAGATTC

591 : -TAATGG- GATTC CTTCATTCC CCA-----CTTGA  
877 : AAGATGCT GTTGTGAGA GTTCAACT CAGTGAAT GTTCTGA

+++++

Sequence 1 : DREB2.nuc  
Size : 621  
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 : AGAGTACA ATGAGCAGC CAGGCGAGT TCTTCATC ATGCTGGTG TTCAAAACA

【 4 - 3 2 】

0010181

51 : A-CCAA-----CGTCCAG CTAGTTCAG GAAAGTGT ATGAGAGAA AAGGTGACC  
121 : ATCCGAAAG CTTCTCCAA- AAGTTCAG GAAAGTGT ATGAAAGTA AAGGTGACC

105 : CGTAAAGCG TTTGCACTT ACAAGGTT TAGACAAGC AGTTGGGGA AATGGTCCG  
180 : TGAATATGG ATTTGACT ATACAGAGT TAGACAGAG ACATGGGTA AATGGTCC

165 : TCAGATCCG GAGCTAAG CAGCAACTG TCTTGGCTC GGTACTTCC ACACCTCCG  
240 : TGAATCCCT CAGCCAGCC GAGTGTCAA GTTATGGCT GGTACTTCT CTAGTTATA

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

285 : CAACCTCCT GAGTCTTAA GAGTTCAC TAAACGCG TCGTCCCG CCGCCAGC  
330 : CAA-----AG-CT-----ATTT-----ACGC-----CACT-G-TCGCCAC

345 : TACAGCAGC AGCAACAGC GTGAAAAG CAGCAGGAG TCGAGTCC GGTGTCTATC  
359 : T-----CAATC TTC-CA-----CTGCTCCAC TGTGTCCAGC TGGTCT--

405 : CAACGAGAT TCATCATGTG GAAGATGAG AGAGAGATA TCATGGAG ATATAAGCT  
396 : -AC--TG -CATTCTCT- GATGAAT-C TGAAGTTC CAGCTGAG ATACAA--

485 : GGAATTCGG GTAATGATG ATTTCTAAT ATGGAGAA GCTCAATG CTTGAGAT  
443 : -----TCCA GATCTGTT--TTGCA-----CA TCTCAACT C--TGCATT

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

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

+++++

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

Sequence 2 : DREB2F.nuc  
Size : 534  
Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.

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

Matching : 48.77 [%]  
Weight : 145

【 4 - 3 3 】

0010181  
 1 : ATGGA-AGG GAGAT-AC GCATC---CA AACAGAGGTC CTCTGCTCT GTTGTATCC-  
 \*\*\*\*\*  
 1 : ATGGAGAAAT CATCTCAAT GAACAAATGG AACAGAGGTC---CTGCTGCG GGTAAAGGGG

55 : -TCGAGAGA CG-----AGAGAGAGTG G-TGAGCCA GTGGA---AGGCA---CG  
 \*\* \* \* \* \*  
 59 : GTCCAAATAA CCGCTCTTGT CAGTACCGTG CAGTACAGCA AAGAGCTTGG GGCAAAATGG

97 : TTACAGAGAT---GGGAG-G AAGAGAGATT GCGCAAGGCT CC-TAGCGT---TCAGCCCAA  
 \* \* \* \* \*  
 119 : TGGCTGAGAT CAGAGAGGCC AAGAAAG-AG GGCAGAGACT TGGCTGGCT CTCTGCTAC

150 : AAGTTGAGAG AA-AGGT-T C---TATGA- GAC-----GAAA---A GGTG---GAC  
 \*\* \* \* \* \*  
 177 : AGCT---GAGC AAGAGACTAT GCGTATGAT GAGCTGCTCT TGAAGTCTTA TGGCAGAGC

188 : -CAGA---CA A-----TCC TCTTTTGGG TTTAGAGG---TTGTTGAG AAGAGGTTTG  
 \*\* \* \* \* \*  
 235 : GGTATGCTCA ACTTACCTCA TCTTCAGCG AATCAGAGAC CTTCTCTGAG TAACTCTCAG

234 : GCG---CAAT GCGTTCG-TC ACATAGCTCA ACATAGCTAG CAGCGTGGTG---CAAACTCTA  
 \*\* \* \* \* \*  
 295 : AAGTTCANAT GGGTACCTTC AAGAGAGTTT ATATCTATGT TTTCTGTATG TGGTATGCTA

290 : GGTGT-AGTA AGCGGCTTGG GGTGGGACG TT-TGG---TACT-GAGC---GTAGC---  
 \*\*\* \* \* \*  
 355 : AAGGTGAATG CTCAGCGTAG TTTTCACATA ATCCAGCAAA CAGTACAGAA ACTCAAGAAA

338 : -CTC---CTT TGGTATGCA CAGAGCTGCT AGTGTGATGT AGGAGCTCTA TCCGAGTTA  
 \*\*\* \* \* \*  
 415 : ACTGGAGTTT TATCTCAATC CTATCTCTCT AGT-TCTCTC TC-CACCGAA TCAAAAAGCTA

394 : AATTTCCCGG AAGATTGGG TGGGGCA-A GGAAGAGCA GAGAGGCGG GAAAGTTCGG  
 \* \* \* \* \*  
 473 : A---TACTAG CTTCTCTGAT GAGAGACCA GCGAG---GGA GAAAGAGCA ATATCTCTC-

452 : GAGGCTATTG GTTGAAGCT AACAAAGCCG GTAATG-GGG TGAATTGAA GGAAGGTGGA  
 \*\* \* \* \* \*  
 526 : GAGAGTGGG ATGAGAGAAA ACCAGAGATC CAGCTGAGCG AATTCTTCTA GCAACTAGGA

511 : AAGAGTATG TAGTCT-ACA ATGA---AGA CCGTATTAGG CTTGGCCCA-T GAGCAGACTA  
 \* \* \* \* \*  
 586 : A---TCT-TG AAGATGAAA ATGAGAGCA ACCAGAGTGG GATGAGAGGT GTCATTCGCC

586 : AAGATCTATG CAGCTATAT GAA-ATAGT- GAA-CC---GAGCAGTA-AATCAGAGGA  
 \* \* \* \* \*  
 642 : TCCA-CGATG GAGCAGCAAA GAGAAAGCTG GAGTCTCTT CAGAGTACG AATTCAGCT

618 : AAGTTACAGC TATGATC-G ATTCAGAAATG CAGAGAGAT TGGTGTATAA TGAAGCTCAA  
 \*\* \* \* \* \*  
 701 : GCGATA---C CCGTATCGAG ATGCGAGAAA ACCAGAGTAC AACTATGCAA TTTGATCCCA

676 : ---AGCTCC---AGTATCA---CCAGGAG GTGGA---TT GCGATTATC TTTGATATT  
 \* \* \* \* \*  
 758 : GCAAGTTCGG AAGCTATGAT TTTGAGATG ATGATCTCTT CCGTCTCAT TGGGACTACT

725 : TCGAGTTC-T AG-----  
 \* \* \* \* \*  
 818 : ACGGAGCTT AGATTA

【 4 - 3 4 】

0010181  
 +++++  
 Sequence 1 : DREBE.nuc  
 Size : 735  
 Matching Position : 1 - 735

Sequence 2 : DREB2G.nuc  
 Size : 924  
 Matching Position : 1 - 924

Matching Condition.  
 Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 N/A : 2

Matching : 45.74 [%]  
 Weight : 200

1 : ATGGAAGG A-----A GATAAGGAT GCAAAA---GAGTC---CTCTCG  
 \*\*\*\*\*  
 1 : ATGGAGAAAT CATCTCAAT GAACAAATGG AACAGAGGTC---CTGCTGCG GGTAAAGGGT

42 : TTTCTGTGTA-----TCC TCGAAGAGC GAGAGAAA-----CTGG-T TGGCAGAGTG  
 \* \* \* \* \*  
 61 : ATGAAGGTA AAGGCGTCC---AGAGAACG CAGCTGTACT TCGGTGGAG TTAGGCAAGC

88 : GAGGAGCT TA-----CAGACT-G GAG-CAA---GAGGA-T GCGGAGGCT  
 \*\* \* \* \* \*  
 120 : GACTTGGGT AAGTGGTGG CTCAGATCCG TGAAGCTAAC CTTGCGACT CTCTCTGCT

133 : CTTAGGTTT AA-----GC CAAGGTT-C GAGAAA-----AGGTT  
 \*\* \* \* \* \*  
 180 : CCGCAGTIT AATACCTGG TCGAGGCCC CATGCTTAC GATGAGGCC CTAAGAACT

167 : GTATC---A GAG-AAA-----AGT GAGCC---A GAGACT-C TTTTGTCC-  
 \*\*\*\*\*  
 240 : CTATGAGAC GAGCTAAC TCACTGCT GACCCAGCA CACAGAAC AAGTATGAT

207 : GTTAGA---GGTGT---CGCAAGG GT-----T TGGG---GAA ATCGCTTCC  
 \* \* \* \* \*  
 300 : GAGCAGAAC TGTCTTTT TCTGCGAGCG CTGGGTCTT TGGGTATTA ATAGAACT

250 : GAGATAGCT AACAGTAG TCAAGGCTG---GCAACT CTAGTGTAG TAAAGGCTT  
 \*\*\*\*\*  
 360 : -CGATG-G TCACTGGTT GAGCTTCTG CTCGCGAGG CAGTGT-T CAGCAGATC

307 : TGGCTGG---CAGCTT TGTCT-TCC AGCTGAGCT GCTTGGCT AGCAGAGG  
 \* \* \* \* \*  
 417 : TTTCTAGAG AAGTGGTT TTTCAAGAA AAGTATGAI---CATAGTAT A---ATGGA

250 : TCGTAT-GT CA---TTCAG GAGCTTCTG CAGCTTAAT TTTGCGAAG AATTGCTGG  
 \*\* \* \* \* \*  
 472 : TGTGTGCTT CAGCTGCTG GACTTTTG-TTGGTT---AT TACTAAACA AAGTATCA

417 : GGAAGGAG AAGAGCC---AGAGGCCA AAGTGGGAA GCGTATTG-G TTTGAACT-  
 \*\*\*\*\*  
 529 : CAGATCAAG -AGAGCTTA ATGCTAGAC TAGTATTGGG GGTGAGGGG CTCGCTGACT

472 : AAGAGGCCG CTAATGGCT GATGAAGCC GAGC-GTGG AAGAG---ACTATGAT  
 \*\*\*\*\*  
 588 : TACTTAAGG TTTTGCACA ATTTGAACC AAGAGTTTG ATGATCAGA ATATGAT

【 4 - 3 5 】

0010181  
 525 : CTACATGAA G---AGGCTA---TTGAGCT TGGCCATGAG AAGA-----  
 \*\*\*\*\*  
 648 : ATACAAATGA GCTTGTCTA GGTTCCTGT GGGGCAAAA AAGAGAGCG AAGATGAGCT

563 : CTCA-----GATCTC ATGACTATA ATGA-AATA- GT---GAGCC AG-----  
 \*\* \* \* \* \*  
 708 : GTCATGCGTG TGTGTGATGT CGGAC-AACA AAGAGATAT GTTGTCTCT AGTTGGCGGG

602 : ---CAGTAAA TCGAGAGAG---GTT---AGC---TATG ATGATTCGA A-----  
 \*\*\*\*\*  
 787 : CAGAGAGGAT GCAATGCGCG CAGTTGGAAC AGCCAGAGG AATATTGAA ATGATGATC

843 : --TTGATAA CC---GATTT TGTATATGA ACCTCAAGG TCGAGTATC ACCA---GGA  
 \*\*\*\*\*  
 827 : TTTTGGAGT TCAATGATTA GGTTCCTGA TTTGCAAAA TCGAGATTC AAGATGAGT

697 : GGTG-GAATC GATTCATAT TTTGATATT CAGATTCAG  
 \* \* \* \* \*  
 887 : GTTGTGACA GTTTCAGAT CAGTGAATT---GTTCTGA

+++++  
 Sequence 1 : DREBE.nuc  
 Size : 735  
 Matching Position : 1 - 735

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

Matching Condition.  
 Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 N/A : 2

Matches : 48.72 [%]  
 Weight : 93

1 : AT---GGA AAGGAGAT AAGGATGGA A-AC-AGA-G CTCGCTGCT TCTGTGTAT  
 \*\* \* \* \* \*  
 1 : ATGCCAGGA AACGGAG-T CTCG-TGGA ACACGAGATG TAGCTGAGAT TCTAAGGAA-

53 : CCGCAGAGC ACCAGAGCA CTGCTTCCG CAGTGAAGC GAGCTTAGG AAGTGGAGG  
 \*\* \* \* \* \*  
 57 : -ATGAG-AG AATCAATA G---CAGA CCGAGGACA TTC-TTGCAT CCGATG---

113 : AAGAGGATT GCGGAGACT CCGTAGGTC AAGCAGAG TCGAGAAA GGTGTATGA  
 \* \* \* \* \*  
 105 : -TGTGTTTC AAAACCAATC CGAAGGCTC CTTCAAAAG CTTGAGAA GGTGTATGA

173 : GAGGAAAGC TGGACAGAG AATCTGTTT CTGCTTAGG AAGTGTGCA CAAAGGTTT  
 \*\*\*\*\*  
 194 : AAGTAAAGC TGGGCTGAA AATGGGTTT CTGATATAC AAGATTTAGA CAGAGGACT

233 : GGGGAAATG GGTTCGAG ATACGTGAC CAGTGAACA CCGTGTGCA AACTATGACT  
 \*\*\*\*\*  
 224 : GGGTAAATG GGTTCGAG ATGCTGAGC CAG-----G CCGAGGTC-----

293 : GTACTAAAG GCTTTGGCT GCGAGTTTG CTACTGAGC TGAAGCTCT TGGTGTAG

【 4 - 3 6 】

0010181  
 287 : ---TAA---GTTATGCTC GATCTTCT CTATGATA TGAAGTCCA TGGCTTAG  
 \*\*\*\*\*

353 : ACAGAGCTG TAGTGTATG TAGGAGCCT AAGGAGTT AATTTCCCG CAGATTTGG  
 \* \* \* \* \*  
 320 : ATGAGGCTC CAAAGTATT TAGGCTGAT CTCGCGACT CAGCTCTCC-----

413 : GTGGGGAG CAGAGAGAG CAGAGGGCG AAGTGGG AAGGCTAGG TTTGAACTA  
 \*\*\*\*\*  
 389 : -----AC---TGGT CCACTGTGTC AGCC---TCGG TT---ACT-

473 : ACAAAGGCG TATGCGCTC ATGGAAGCG AAGTGGAAA AAGCTATGA GTCAGATG  
 \*\*\*\*\*  
 399 : ---CC---ATTTCCT G-A-TGATCTG AAC-----TTTCT-----

593 : AAGAGGCTT TGAAGTGGC CAGTACAGA CTCAGATCC TAGTACTAT AATGAATAG  
 \*\*\*\*\*  
 426 : ---GAGG TGG---GAT A---CAAT---

593 : TBAAGCCAG AGTAAATCA GAGGAGCTT ACAGTATCA TCGATCAAA TGGATAGC  
 \*\*\*\*\*  
 444 : ---GC A---AGATC---TGGT---TTGGTACA TC---TCTAA CT---TCTCG

653 : GATTTGTA TATGAGCT CAAAGTCCA GTTATCACA GGGAGTCCA TCGATCAT  
 \*\*\*\*\*  
 480 : CAT---TTCA AATG---T TAA-CTCCA-----ATAAG---TCCA TTGG-----

710 : ATTTTGA TA TTAGATTC TAG  
 \*\*\*\*\*  
 515 : ---TAACTT GGGGCTTAC TAG

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

Sequence 2 : DREB2G.nuc  
 Size : 924  
 Matching Position : 1 - 924

Matching Condition.  
 Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 N/A : 2

Matches : 54.15 [%]  
 Weight : 19

1 : ATGG-AGAA- ATCATCTC-----AA TGAACATG GAAG-----AAGGTTCT  
 \*\*\*\*\*  
 1 : ATGGAGAAAT CATCTCAAT GAACAAATGG AACAGAGGTC---CTGCTGCG GGTAAAGGGT

43 : CCGTCC-GCG TAAAGGCGT CCAAGAAAG CTTTGTGTA GTACCGTGA GTCAGGCAA  
 \*\*\*\*\*  
 59 : GCAATAAGC TGGGCTGAA AATGGGTTT CTGATATAC AAGATTTAGA CAGAGGACT

101 : GACTTGGG CAATGTTGCT GCTGATCA CAGAGGCCAA GAGAGGCCA AAGCTTTGG  
 \*\*\*\*\*

【 4 - 37 】

```

0010181
119 : GCACCTGGGG TAATGGGCTG CCGTAGATCC GTGAGCCCTA CCGTAGGACT GGTCTCTGGC
161 : TTGGCTCITT CCGTAGAGCT GAAGAAGCAG CTATGCGCTA TGATGAGGCT GCGTTGAAAC
179 : TCGGACGTT TAATAGCTCC GTGAGCGCG CCGTAGGCTA GATGAAGCC GCTAAGAAC
221 : TCTATGGGA CGAGGATAC CTGACTT -----ACC TGAATTCAG C-----
239 : TCTATGGCA CGAGGCTAAA CTGACTTCC TCCACCCACA ACACAACAA CAAGTAGTAG
263 : GGAATACAA -----GACCTC TCGAGTAC -----TC-----T C-AGAGGTTC AAATGGTAC
299 : TGMAGAGAA CTGTCTTITT TCTG-CCAC CGGTCGGTIT CTGGGCTTA TAATAAGAG
311 : CTTCAGGAA GTTTAT-----ATCTATG TTTCTTCACT G-TGGTATG CTAAGCTGA
358 : C-TGGTATG GTTCTGGGT TGGAGCTGG TCTGGCCAG CCAATTTCTT CAGGAGTTC
362 : ATGCTCAGC TAGTGTGCA ATAACTCAGC AAGACTCAGC AGACTCAGC AAATCTGAC
417 : TTGCTCAG -AGAGTACA GTTTCTA-C AAGAAATGA TGACTAGT CATATCGAT
422 : TTTTATC-TG AA-----TGCT ATTCCT-C AGTCTT-CC TCGACGAT CAANAATAA
473 : GTTGTCTTC AAGTGTTCG AATCTTGTG GGTATTACC TAACAAGAT GATTCAAG
474 : TACTAGTCT C-TGATAGC AAGCAGCA AAGGAAAC AGACAT-----ATGTTCC-
533 : ATCAGAGAC CGTAACTCT AGCACTAGT ATGCGGTA AGGCGTCT GCTCTACGT
527 : -AAGTGTG- GATC-AGAAG AAACAGAA -----TGGACTC ACGGATTC TCGACA-AC
593 : TAAGTCTTC CACCAATTG AAACAAGA ATTATGAG TGA-ATTA TGGATTAG
581 : TAGGATCTT G-----AAGAT GAATGAGC CAGAACAG TGAGTAGCA -GA-GTCA
652 : AATGAGCTT GGTCTAGCTT TCTGTGGG CAGAAAGA AGAGGACA TGAGTCTCA
636 : T-----TCCCTC CACATGGA CGAGAGAA GAATCTGA GTCCTTCAG AACTAGAT
712 : TCGCTGTCT GATCTCGCA C-ACAAGA GA-----GTAT GTTGTTC-----CT-AGT
694 : TTGAGCTGG ATAGCTGAT CGAGTCCA AAGATGAA CCAACTAT CAAATTTG-
760 : TCGGCGGAC ACA-----GAT GCATAGCC- CGATGTGA GAGGAAAC GATATTGA
752 : ACTCAGGAA CTTCGAGC T-ATGATT-----TIG A-GG-ATG ATGTACTT
816 : AATGATGAT CTTTGGAGA TTGATGTT AGTGTGTT ATGCGAAA ATGAGATT
798 : C-----CCTCC ATCTCG-----ACT ACTACGAGC CTAGAT-TG A
876 : CAAGAATTG TGTGTGAG AGTGTGACA TGAATGAA-----TTGTTCTG A

```

```

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

```

【 4 - 39 】

```

0010181
719 : TGGCAGAG TGAAACCA ACTATGCA TTGACTCCAC CCACTTGA ABCTATGAT
483 : TTCCAA-----AATG-----TAAATCCA TAAC-----GC-ATT
779 : TTGAGATGA TGTATCTCT CTTCTGAT CTGGACTCA CAGGATGTA GATTGA
513 : -----GGTTA AGT-----T GGGCC-GTTA C-----TA G-----
+++++
Sequence 1 : DREB2H.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 AGCACTCTT GCGCAGAAA CGAAGATGG GAGAGATAG AAAGGTTCC
1 : AT-----GCGCAGAAA CGAAGATGCT TGGGAC-AC GAGATGAGC
61 : ATGAAGCTA AAGGCGTCC AGAAGACCC ACCTGTACTT TCGTGTAGT TAGCAAGCC
42 : -TCAGTCTT AAGGAATGC ACACA-----GTACAA TGAGCAGCC GAGCA-GC
121 : ACT-TGGGT AAATGGTCC CTGAGATCC TGAACCTAAC CCGTGGACTC GTCCTGGCT
83 : ATTCTGAT CGAT-GTGG -TG-C-TG- AAAGCAGTC CGAAGGCTC-----CT
180 : GCGACGTTT AATACCTCC TCGAGCCCC CATGGCTAC GATGAAGCC GTAGAAGCT
138 : C-CA-----AA-AGDT TCGAGG-----AAGGTT-----GTATGAA-
240 : CTATGACAC CAGCTAAAC TGAATGTGT GCACCCACA CACACACAC AAGTAGTAG
168 : -----CGTAAA-----GCT GGACC-----T
300 : CACACAAAC TTGTCTTITT CTGGCCAGG GTCGGTCTT TGGGTTATA ATAAGAGCT
181 : CA-----AAA-----TGGGAT-T TGTGACTATA -CAGGAGTT
360 : CGATATGTT CATGGTTCC ACCTTGGCTT CCGCAGGCA AGTTCTTAC GAGTCTTTC
211 : AGACAGAGA CATGGGTA A-TGC-----TTTCTC-----GAGTGGCTC
420 : CTCAGAGAA TCGATTTTC TACAAGAAG TATGATCAT AGTCAATAC GATGTTGCTC
251 : -----AGCAGG CCGAG-----GTCTAA-----GTT-----
480 : TTCAAGTGT TGGATCTTT GTTGTATT ACCTAACA 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-----TCTCGTG-AA-----
61 : CCACAAAAC CTCTTGTCA GTACCGTGA GTACGCAA GAAGTGGG CAAATGGGT
23 : -CAGAGN-----TG-----AGTGA G-ATTCTAA GG-----AAATGG-
121 : GCTGATCA GAGAGCCAA GAGAGGGA AGACTTGGC TTGCTCTT CCGTACACT
61 : -----A GAGATACA -ATGAG-C AGAGGAGGC -AGATCTT-----
181 : GAGAGGAG CTATGCTTA TGTGAGGCT GCGTGAAC TGTATGGGA CGAGCAGAC
95 : -----GCAT CAGTG-----TGGTG-----GTTGAAA CAGTCTGAA AGGCTCT-C-
241 : CTCAGCTAC CTCATCTCA GGGAAATCA AGACTTCTC TGAGTACT CAGAGGTTCC
137 : CAAAGC-----GTTG- GAGGAA-----GAGT-TGTA TGAAGGT-
301 : AAATGGGAT CTTCAGAA GTTTATATC ATCTTCTCT CATCTGAT CTGAA-AGC
169 : AAGGTGAC CT-----GAA AATGGATTT GTGACT-ATA CAGGATGAG ACAGAGACA
359 : TGAATGCTA GCTATGTT CACATAATC AGCAAGATC AGAGACTC AAGAAGCT-
223 : TG-GGTTAA ATGGTGTCT GAGTCCGTE AGCAGGC- -GAGTCT- AAG-----
419 : GACTTTATC TCAATCTAT TCTTCTAGT CTTCCTCAC GAAATGAA ACTAATA
271 : -----TTATCG- TGGTACT-T TG-TGATTT C-----ATATGA GGT-CGATG
479 : GCTTCTTGA TGAGAGACC AGCAGGAGC AAGACAAA TATCTGCA GGTGTGAT
539 : AGAAGAAC AGAGTGCAC CTGACCGGT TTCTGAGA ACTAGATC TTGAGAGT
359 : TCAATCTCC ACTGTGCCA CTGTGAG- -GCTGCTT ACT-GCATT TT-TGATG
599 : AAATGAGC AGACCACT GAGTACGAG AGTGTACT CCTCCACCA TGAACAGC
412 : AATCTGAGT TTGTGACT GAGG-----AT-----AC-----AATGC
659 : AAGAGAAC TGAAGTCT TTAGACTG AGATTTGAG CTGAGTAC CTGATGAG
446 : AAG-ATC TGG-----T TTTGG-----TC AG-ATCTC-----TA-A CTCTCGAT

```

【 4 - 40 】

```

0010181
273 : -----ATGC TGTGATTT CT-----CTA-----
540 : GACCTTAAT GCTAGACTA GTTATGGCG TGAAGCGGT GGTGCTCTA CTTAAGGTT
293 : -----GTCA-----TATG-----AGCTCC ATTGGCT-TA TGTAGGCT
600 : TTGAGCAAT TTGAAGCAA AGATTTGAT GAGTCAAT TATGATAT ACAATGAGC
328 : T-----CCAA ACATTTTAC G-GTCCG-----TCTGGCCAG TCAAT-C
660 : TTGCTGAG TTTCTGTGG GCGAAGAAA GAGAGCAA CATAGGTGT CATGCTGCTG
365 : TTCACT-G CTGGCACTG CTGAG-----CTCG-----TTAC-TG-CATTTCTCA
720 : TGTATCTCC GACAAAGG AAGATGTT GGTCTTAT TCGGCGAG AGAGATCA
410 : TGAATC-----TG A-AGTGTCT-----GC-AGC TGAGATACA
780 : TAGCCGAG TTGAGAGC GACAGATA TTTGAAAT GATGATTT TGAGATCA
441 : AA-----TCCAGATC-----TG C-----TTT TGTCA-GA
840 : TGAATGAT TTTGATG GCAAAATG AGATTTGAG AATGTTGTT CTGAGGTT
466 : T-GTCA-AC TTTGCAAT TCAAAATG TAACTGAA AAGTCAATG GTRAG-
900 : TCAACATCA TGAATGTT TCGA
520 : -----TTGGGCTT ACTAG

```

【 5 - 1 】

0056504

```

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

Sequence 2      : DREBZB.aa
Size           : 330
Matching Position : 1 - 330

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

Matching       : 53.30 [X]
Weight        : 6

1 : MAVYDQSGDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TPAERLKRK EYNETVEEVS ---EYSTKRR
   * * * * *
1 : MAVYEQ---TTEQPKR RSRSRADGL TVADRLLKRRK EYNETVEEVS VKSEKPKRK

56 : YPAGSKKGG MWKGGKGGPE NSRCSFGRVQ QRIKGVKVAE IREPWRSSRL WLGTFFPIAE
   * * * * *
55 : YPAGSKKGG MWKGGKGGPE NSRCSFGRVQ QRIKGVKVAE IREPWRSSRL WLGTFFPIAE

116 : SAYDEAANK YGLARLNFPP RSDASEVST SSQSEVCTY ---TPGCVH VNTEDPOCES
   * * * * *
115 : SAYDEAANK YGLARLNFPP QVGSFEFTST SSQSEVCTY MKAVYGGCVG VNTEDPOCES

172 : KPT-----SGQVEYV CLENGAEAK RGVKADKHL SEFENYWSL ILKKEKQK-
   * * * * *
175 : NPFQILDVR EESGTRPDS D-TVGHQDNV SSLNYD-LL LFEFQVTRQ VLKKEKPKQ

222 : ---EQIV EYQQQ-QD SLVADYQV --HO--YDGS HLDSDMFDV DELLRLDNG
   * * * * *
232 : EEEELQQQQ EQQQQLRPP LLVADYQV WNDVINDQT SQMIECFDI NELLGLN-

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

322 : DLEN
   *
329 : D-I

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

Sequence 2      : DREBZC.aa
Size           : 241
Matching Position : 1 - 241

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

Matching       : 28.96 [X]
Weight        : 167

1 : MAVYDQSGDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TPAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : M-----SSIE PKVMVG-----AN KQRTVQA-S

61 : SKKGMKGGK GPENSRCFR GVRQRIKGVK VAEIREPWRG SRLWLTGFTP AQEASAYDE
   * * * * *
24 : SRKGMKGGK GPENASCYK GVRQRIKGVK VAEIREPWRG SRLWLTGFTP SREALAYDS

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

```

【 5 - 3 】

0056504

```

84 : AAKLYGPEA HMLPESLRS YPKTASS---PASQTIPSN TGGKSSDSE S-PCS---

181 : MYCLENGAEE MKRGGKADKH MLSEFENYV SDILKEKQK KEQGI VETQQ QQQDLSLYA
   * * * * *
135 : ---SNE M-----S SCGRVTEES NEMHIV-----DLPVM

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      : DREBZA.aa
Size           : 335
Matching Position : 1 - 335

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

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

Matching       : 34.20 [X]
Weight        : 143

1 : MAVYDQSGDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TPAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : MEKEDMSSQK SSSASVSSR---NRRRVVE PVEATLQNF-----EEEGE ARARRVPMG

61 : SKKGMKGGK GPENSRCFR GVRQRIKGVK VAEIREP---NIGSS LMLGTFFAQ
   * * * * *
52 : SKKGMKGGK GPENYCRFR GVRQRIKGVK VAEIREPVSF RGNSSRSKR LMLGTFFATA

113 : EAASAYDEA KAMVPLARL NPPRSASEV TSSTSSQEVG TVETPCVHW KTEPDCESK
   * * * * *
112 : EAALAYDRAA SVMVGYARL NFP-----FDLGGGRK K-DEAEES-

173 : PFGQVEYV CLE-NGAEM RGVKADKHL LSEFENYWS DILKEKQK EQGI VETPCQ
   * * * * *
150 : ---SGG---Y MLETKA---ONGV-----IETEGK DYYVYEDAI ELGDKT-QN

232 : QQQDLSYAD YGNPNDVQAS HLDSSMFDV DELLRLDNG DDVFAENQDR YPNSYVANS
   * * * * *
191 : PWTMEIY---NPAVKSE EGYSDYREKL D-----NGL

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

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

```

【 5 - 2 】

0056504

```

Matching       : 36.83 [X]
Weight        : 128

1 : MAVYDQSGDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TPAERLKRK EYNETVEEVS ---TK
   * * * * *
1 : M-----PSEIVDRK RKSGRTRD---VAELRQRV EYNETVEEVS CIDGGGPKSI

54 : RKPVAGSKK GDMKGGKPE NSRCSFGRVQ QRIKGVKVAE IREPWRSSRL WLGTFFPIAE
   * * * * *
47 : RKPVAGSKK GDMKGGKPE NSRCSFGRVQ QRIKGVKVAE IREPWRSSRL WLGTFFPIAE

114 : AASAYDEAK AMYGLARLNFPP RSDASEVST SSQSEVCTY VETPCQ---HWKTEPDC
   * * * * *
107 : AALAYDEAK AIYGLARLNFPP RSDASEVST SSQSEVCTY VETPCQ---HWKTEPDC

171 : SKPFSQVEP MYCLENGAEE MKRGGKADKH MLSEFENYV SDILKEKQK KEQGI VETQ
   * * * * *
161 : DTAKSSSE-FG QVLEKESDE---VVLQSS QCIKEE---LKRKEEY NEMHILAVG

231 : QQQDSS---LSVADYQVQ DVQDQSHLSS DMFQVDELRL DLNGDQV---FAGLNQRY
   * * * * *
210 : GIGDQSKRET LDWMLMKNQV EQEPLFQVQ ETPVINELLG ILNDMNSQV CIGVQVQDRH

283 : P-----G NSVANSYRPE -ESQSGFD-----PLOS LNYGIPPPQL ECHO---GNG
   * * * * *
270 : PWFSTQVFP NSMLLGSMLP METAPGVQV GCPVYQSDM ENTGIDLDR KFNLDLIDL

324 : FFDLSTLDEL EN
   *
330 : DFGGDQVHG ST

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

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

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

Matching       : 28.96 [X]
Weight        : 167

1 : MAVYDQSGDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TPAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : M-----SSIE PKVMVG-----AN KQRTVQA-S

61 : SKKGMKGGK GPENSRCFR GVRQRIKGVK VAEIREPWRG SRLWLTGFTP AQEASAYDE
   * * * * *
24 : SRKGMKGGK GPENASCYK GVRQRIKGVK VAEIREPWRG SRLWLTGFTP SREALAYDS

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

```

【 5 - 4 】

0056504

```

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

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

Matching       : 27.71 [X]
Weight        : 176

1 : MAVYDQSGDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TPAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : M-----EKSSS-----MQ

61 : SKKGMKGGK GPENSRCFR GVRQRIKGVK VAEIREPWRG SRLWLTGFTP AQEASAYDE
   * * * * *
10 : MKKGPARGK GPENALQVYR GVRQRIKGVK VAEIREPWRG SRLWLTGFTP AQEASAYDE

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

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

226 : YETQQQQD SLVADYQVQ DVQDQSHLSS DMFQVDELRL DLNGDQVFA GLNDQRYPN
   * * * * *
186 : DLTEFLQQLG ILKDENAEP SEVAECH---S PPPNMEQET GSPRTMFS NDTLLEMP-

286 : SVANGSYRPE SQSGFDPLQ SLNYGIPPPQL LEGQDNGFF DDLSTLDEL
   * * * * *
242 : ---RSE TTIWQFD---SNFCSYDF---EDDVSFP SIWYYSGLD

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

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

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

Matching       : 26.12 [X]
Weight        : 184

1 : MAVYDQSGDR NRTQDTSRK RKSRSRDGT TPAERLKRK EYNETVEEVS TKRKYPAK
   * * * * *
1 : -----EEEQ PPAKRWNR-----

61 : SKKGMKGGK GPENSRCFR GVRQRIKGVK VAEIREPWRG SRLWLTGFTP AQEASAYDE
   * * * * *

```

【 5 - 5 】

```

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

121: AAKAMYGLA RLA--FRSD ASEY----TS STSSQSEVCT ETGPGYHYKT EDPOCESKPF
75: AAKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASC

175: SGGVEPMYCL ENGAEMKRW VKADKHWLSE FEHYNSYDL KEKEKQEQG IVETQQOQQ
135: SRG-----SCS ERKSFQEDD DSHNRFCSSS SCSNLCWLP QKQSDQOET VNATTSYGGE

235: DLSLVADYQ #PNDVQSHLD DSSMFQVDEL LRDINGDVF AGLNDRYQP NSVANS---
191: GGGSTLIFS TMLPKYKMLMS QNYLYNGAW SRFLVDEKK TEHVSSSSG SSNNKESMLV

292: -----YR PE-SQSGFD PLSLNYGIP PFQLEKQDG--HGFDLSS YLDLEN
251: PSCGERMR PELEERTGYL EMDLLEIDD 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
#M# : 2

Matching Weight : 28.07 [X]

1: MAVYQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PK--RKYPAK
M-----PK RKRGRTRD--VAELIKRKR EYNEKTEADS DIOGGGSKPI

54: KKYPAKSK GOMKYGQPE NKRSGFRGVR QRIKNGWYAE IREPKRSLR WLGTFFPAE
42: RKAPKRSRK GOMKYGQPE NCIQDYGR QRTKNGWYAE IREPKRSLR WLGTFFPAE

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

174: SGGVEPMYCL ENGAEMKRW VKADKHWLSE FEHYNSYDL KEKEKQEQG IVETQQOQQ
129: -----GARLL HFLMN--LK-----FHYVRIQWQ

234: DLSLVADYQ #PNDVQSHLD DSSMFQVDEL LRDINGDVF AGLNDRYQP NSVANSYR
190: DLVLE-----VILSIS RISKMLSPIT AL-----VKLCRY-----

294: PESQSGFDP LQSLNYGIPP FQLEKQDNG FFDLSYLDL EN
176: -----

```

【 5 - 7 】

```

0056504
1: MAVYQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKRKYPAK
M-----PK-----VMWV GA--NK KQRTVQA-SS

61: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
25: RKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKRA RLMLGTFPTS REAALAYDEA

121: ATAMYGSLAR LNFPSQVSGE FTSTSSQSEVCT CTYENKAVCV GQVYKCHEDT DCSNPFQI
85: ARKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASC

181: LDVREESGCT RPODCTVGH QMNSLNYD LLEFEQQYW QVLEKQEKP QEEEEIQQQ
115: -----T TPSNITGG--KSSSDSESP CSMNEMSG RV--TEEI-----

241: GEGQQQLQP DLTVDYQW PMSNDIWDQ TSDWNECFD INELLGOLNE PPKRQSGOON
149: -----SWEHIII VDLPVWDDSS INEEATMSLG FPHVHEGDD I--SRFDTCI SGGYSNDSF

301: HVNSGSDYDL 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
#M# : 2

Matching Weight : 29.20 [X]

1: MAVYQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKRKYPAK
M-----SKGSSA--SVVSRRR RRVVEPVAT LRWEEELRA RARVQAKCS

61: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
11: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKRA RLMLGTFPTS REAALAYDEA

121: ATAMYGSLAR LNFPSQVSGE FTSTSSQSEVCT CTYENKAVCV GQVYKCHEDT DCSNPFQI
71: ALKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASC

180: LDVREESGCT RPODCTVGH QMNSLNYD LLEFEQQYW QVLEKQEKP QEEEEIQQQ
131: QRELEKKTG LLSQSYSSSS SSTESKNTS FL--DEKTSK GETDNWFEQ DQKPEIDL

240: QEEQQQLQP--QDPLTY ADYKRWNSND IVNDQTSNCP NCFDINELL GDLNEPGRQ
189: EFLQQLIK DENEAEPSEV AECHSPPPPN ELETGSPFR TENFSWTLI EMPRSETTMM

296: SQQQVNSYGL SYDLHLEH PHDGFENGL SSLDI
249: QFD--SNFG STDFEDVSP F--SINDYY 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 - 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
#M# : 2

Matching Weight : 32.62 [X]

1: MAVYQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PK--RKYPAK
M-----PSEI VDRKRSR--GTRDYAEL RQWREYNEKI EAESCIDGGG PKIIRKPPK

50: GSKKMGKGG GGPNSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
53: GSKKMGKGG GGPNSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTS REAALAYDEA

119: EAATAMYGSL ARLNFP-----QS YGSEFTSTSS QSEVCTYENK AVYKCHEDT
113: EAALAYGQS ARLNLEITN RRSSTAATAT YGSEVTFASD ESEVCAERDT MASSGQVW

167: HEDTQESNP FSQILDVREE SCG--TRP DSCYVGHDM NSLNYDILL EFEQQYQWY
173: LEDCSDEVYL LSSQCKWEE LKNGKEVREE HNLAVFGIG QSKRETLDA WLMGNGHEE

223: LQE--KEKQ KEQE--EEI QQQQEQQQ QLOPLTYA DYKRWNSNDI VNDQTSNCP
233: PLEFQDSTVF DINEELLGOLN DNWVSGQETH QVYKCHEDT SYTGTFM--SMLSSGKWH

277: ECFDINELLG DNEPGRQW QDNEVNSGS YDLHLEH PHDGFENGLS SLDI
291: E--IAQPY DYQCPYVQPS DMEVYGLD HRFKDLQI DLDGFGKQWV HGT

+++++
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
#M# : 2

Matching Weight : 28.48 [X]

1: MAVYQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKRKYPAK
M-----PK-----VMWV GA--NK KQRTVQA-SS

61: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
25: RKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKRA RLMLGTFPTS REAALAYDEA

121: ATAMYGSLAR LNFPSQVSGE FTSTSSQSEVCT CTYENKAVCV GQVYKCHEDT DCSNPFQI
85: ARKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASC

181: LDVREESGCT RPODCTVGH QMNSLNYD LLEFEQQYW QVLEKQEKP QEEEEIQQQ
115: -----T TPSNITGG--KSSSDSESP CSMNEMSG RV--TEEI-----

241: GEGQQQLQP DLTVDYQW PMSNDIWDQ TSDWNECFD INELLGOLNE PPKRQSGOON
149: -----SWEHIII VDLPVWDDSS INEEATMSLG FPHVHEGDD I--SRFDTCI SGGYSNDSF

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

+++++
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
#M# : 2

Matching Weight : 28.09 [X]

1: MAVYQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKRKYPAK
M-----EK-----SSSKGW

61: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
11: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKRA RLMLGTFPTS REAALAYDEA

121: ATAMYGSLAR LNFPSQVSGE FTSTSSQSEVCT CTYENKAVCV GQVYKCHEDT DCSNPFQI
71: ALKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASC

180: LDVREESGCT RPODCTVGH QMNSLNYD LLEFEQQYW QVLEKQEKP QEEEEIQQQ
131: QRELEKKTG LLSQSYSSSS SSTESKNTS FL--DEKTSK GETDNWFEQ DQKPEIDL

240: QEEQQQLQP--QDPLTY ADYKRWNSND IVNDQTSNCP NCFDINELL GDLNEPGRQ
189: EFLQQLIK DENEAEPSEV AECHSPPPPN ELETGSPFR TENFSWTLI EMPRSETTMM

296: SQQQVNSYGL SYDLHLEH PHDGFENGL SSLDI
249: QFD--SNFG STDFEDVSP F--SINDYY 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 - 8 】

```

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

293: PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
220: -----LYNEP QSSSY-----HQGGCF 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
#M# : 2

Matching Weight : 28.09 [X]

1: MAVYQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRLL KKKKEYNEIV EASAVKEGK PKRKYPAK
M-----EK-----SSSKGW

61: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKIGT RLMLGTFPTA EKASAYDEA
11: KKGKMGKGG PMSHCSFRG VRQRIKNGWY AEIREFPKRA RLMLGTFPTS REAALAYDEA

121: ATAMYGSLAR LNFPSQVSGE FTSTSSQSEVCT CTYENKAVCV GQVYKCHEDT DCSNPFQI
71: ALKLYGHEA KLNLVHPQOO QVYVYRNLSS FSGHSGSMA YMKLDMWIG LD.LGLGQASC

180: LDVREESGCT RPODCTVGH QMNSLNYD LLEFEQQYW QVLEKQEKP QEEEEIQQQ
131: QRELEKKTG LLSQSYSSSS SSTESKNTS FL--DEKTSK GETDNWFEQ DQKPEIDL

240: QEEQQQLQP--QDPLTY ADYKRWNSND IVNDQTSNCP NCFDINELL GDLNEPGRQ
189: EFLQQLIK DENEAEPSEV AECHSPPPPN ELETGSPFR TENFSWTLI EMPRSETTMM

296: SQQQVNSYGL SYDLHLEH PHDGFENGL SSLDI
249: QFD--SNFG STDFEDVSP F--SINDYY 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 - 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 YDEAKAIYV  
\* \* \* \* \*  
56 : GKGPENGIC DYGVQRQWV GKVAEIREP DGGARLNLGT FSSSYEAALA YDEAKAIYV

121 : QSARLNLPEI TNRSSTAAT ATVSGYVAF DSESEVCARE DTNASSGFQK VKLEDCSDEY  
\* \* \* \* \*  
116 : QSARLNLPEI-----

181 : VLDSQQCIK EELKKEEVR EHNLAIVFG IGQDSKRETL DAWLWNGHNE QEPLEFQVDE  
\* \* \* \* \*  
124 : -LLPLCQ-----

241 : TFDIMELIGI LNDNYSQAE TQVGVQRHP NFSYQTFPV SNLLGSLMWP EIAQPGVYV  
\* \* \* \* \*  
136 : -LWY LKFWYVYVQ--MQDLY-----

301 : CPYVPSMIE NYGIDLWRR FNDLDIQLD FGDGQVHNS T  
\* \* \* \* \*  
158 : --TSRISM-----LS PITALVKLR Y

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 : MSSIEPKVMH VGANKKQRTV QASSRKGCMR KGGGPDNASC TYKGVQRWV GKVAEIREP  
\* \* \* \* \*  
1 : EEEQPP-----AKK--NN WGRSRKGMK KGGGPDNASC TFRGVQRWV GKVAEIREP

61 : NRGARLNLGT FDSREALA YDSAAKLYG PEALNL-----  
\* \* \* \* \*  
52 : NRGARLNLGT FDSREALA YDSAAKLYG PEALNLVHP QQQQVYVIR NLSFGHGSG

98 : -----PELSRSPYKT AS-SPASQTT PDS-----ATQKSSS-----  
\* \* \* \* \*  
112 : SWAYNKLDW VHGDIQLGQ ASCSRGSCSE R33FLQEDDD HSHRCCSSSS GSNLWLLPK

127 : -SDS-----ES PCSS-----NEWS-----S OGRYTEI5W  
\* \* \* \* \*  
172 : QSDSDQDEIV NATTSYQDEG QGGSTLFTST NLRPNLMSIS NYGLYNGWS RFLVQGEKKT

151 : EHIHNDLPW DOSSIIEE--ATMSLQFVW H-----EOD--N DISRFDTCS  
\* \* \* \* \*  
232 : EH--DVSS CGSDSDMSM LVPSGCGEMR HRPLEERTG 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-----VWVANKK QR-TVQASSR KGMKRGKGP  
\* \* \* \* \*  
1 : MPRKRSRGT RDAEILRW REYNEATD SCIDGSGSK IRKAPKRSR KGMKRGKGP

【 5 - 1 4 】

0056504

1 : M-----SS-IEPKVMWV A-----NKKGRIVQA--SSRKGCMR  
\* \* \* \* \*  
1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR RRRRVPEVE ATLQRWEEFG LARARRVQAK GSKKGMK

33 : GQPDNASCY KGVQRQWV GKVAEIREP--NRGA-----ALNLGT FDS REAALYDVA  
\* \* \* \* \*  
61 : GQPDNASCY KGVQRQWV GKVAEIREPVS HRGANSRSK RLNLGT FATA AEAALYDVA

85 : ARKLYGPEAH LNLPELSRY PXTASSPASQ TFPSSMTGKC SSSDSESPCS SNESSCGRV  
\* \* \* \* \*  
121 : ASVWVGPYAR LNFPEDEGG RKQDEAESS GGVWLETNKA GNVIE-----TEGKDYV

145 : TEE--ISWEH INVOLPVWDD SSIWEEATMS--LQFPVWHE GNDISRFDT CIS--GGY  
\* \* \* \* \*  
176 : VYEDAEIQLH DKTQW--HTD NEIVWPAVKS EEGYSYDRFK LNLGLTYNE QSSYVHRGG

197 : SNWDSFHSPL  
235 : FDSYFEVFR

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 : MSSIEPKVMH VGANKKQRTV QASSRKGCMR KGGGPDNASC TYKGVQRWV GKVAEIREP  
\* \* \* \* \*  
1 : M--EKSSM--KQ-----WKKGPYAR KGGGPDNASC TYKGVQRWV GKVAEIREP

61 : NRGARLNLGT FDSREALA YDSAAKLYG PEALNLPEI-----ESL-----RSTP  
\* \* \* \* \*  
47 : KRRARLNLGS FATAEAEAMA YDEAALKLYG HDAYLNLPHL QRNTRPSLSN SURKWNVPSR

108 : KTASSPASG-----QTTPS-----SNTGKS--SSDSESPCS--SNEMS  
\* \* \* \* \*  
107 : KFI5MFPSCG MLNWNAPSY HIIQRLEEL KYTLLLSQY SSSSSSTESK TNTSFLDEKT

140 : -----SC C-----R YTEEISWEH! WDLVWDD SIF-----EATWSL  
\* \* \* \* \*  
167 : SKGETDNVPE GQKQKPEID LTFELQLGI LQENWAEPS EVACHSPPP WNEQETGSP

174 : GQPVWEGDN DI-----SRFDICSG QY-----SNWDSFHSPL  
\* \* \* \* \*  
227 : FRIENFSWOT L'EMPSETT TMUFDSSWFG SYDFEDVVSF PSWVQYGLSD

【 5 - 1 6 】

0056504

36 : DNASCYKGV QRTRGKQVA EIREPGRGAS LNLGT FDSR EAALYDVA RILYQPEAL  
\* \* \* \* \*  
61 : ENGLCDYGV QRTRGKQVA EIREPGRGAS LNLGT FDSR EAALYDVA KAIYQEARL

98 : NLPESLRSPY KTASSPASQTT TSPSNTGKCS SSSDSESPCS NEMSSCORVY EEISWEHIV  
\* \* \* \* \*  
121 : NL-----P LLLPLQARLL HEIWD--LKF WYVRIQMQL VLVRV--LY SVIS-----

156 : DLPWDDSSI WEEATMSLQF PIVWEGDNDI SRFDICSG YSNWDSFHSPL  
\* \* \* \* \*  
168 : -----KWLSP1--TALVKLG-----R Y

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 RRRRVPEVE ATLQRWEEFG LARARRVQAK GSKKGMK  
\* \* \* \* \*  
1 : MEK-----SSS-----WV QWASPARIG

61 : GQPDNASCY KGVQRQWV GKVAEIREPVS HRGANSRSK RLNLGT FATA AEAALYDVA  
\* \* \* \* \*  
19 : GQVQLVQGV KGVQRQWV GKVAEIREP-----KRA RLNLGT FATA AEAALYDVA

121 : ASVWVGPYAR LN-----FP-----  
\* \* \* \* \*  
71 : ALKYLGRDY LNLPHLQWY RP5LSNSQRF KWP5RKF5I MFP5CMLWV MAR5VHIIQ

135 : -----EDLGG RKQDEAESS GGVWLETN--KAGN GVIETEGG--KQVYVWED  
\* \* \* \* \*  
131 : QRLEELKKTG LLSQYS5SSS S5TESKNTS FLDEKTSKGE TDNWFEGDQR KKP5IDLTFE

180 : ATELGHKRTQ N--PWITNE--IIVWPAVKS EEGYSYDRF KLONGLYNE PDS-----  
\* \* \* \* \*  
191 : LQLGLIKLQE NEAEP5EVAE CH5P5P5NER EETG5P5P5RE N5P5D5LIEM P5SET5T5M5

227 : -SSYHGGGF--DSYF-----EYFRF  
\* \* \* \* \*  
251 : D5SIFG5YDF EDV5V5P5I5W D5Y5GLD

Sequence 1 : DREB2E.aa  
Size : 244







## 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)