



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 116814648 A

(43) 申请公布日 2023.09.29

(21) 申请号 202310661718.4

A01H 6/20 (2018.01)

(22) 申请日 2023.06.06

(71) 申请人 中国科学院华南植物园

地址 510000 广东省广州市天河区兴科路
723号

(72) 发明人 刘勋成 王丽媛 刘楠 胡峰
郑庆之

(74) 专利代理机构 广州科粤专利商标代理有限
公司 44001

专利代理师 刘明星 朱聪聪

(51) Int. Cl.

C12N 15/29 (2006.01)

C07K 14/415 (2006.01)

C12N 15/84 (2006.01)

A01H 5/00 (2018.01)

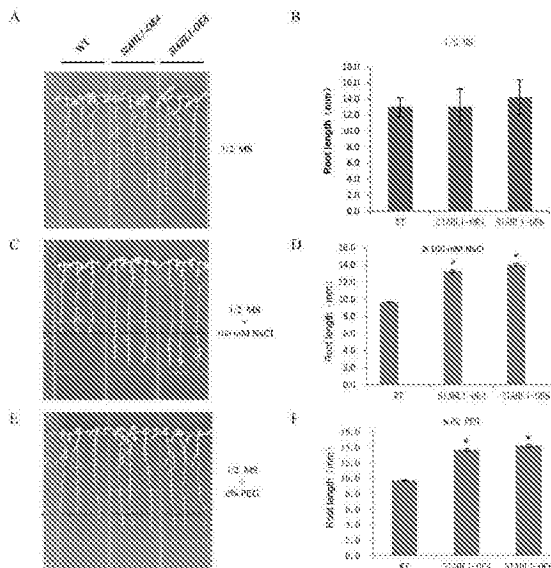
权利要求书1页 说明书7页
序列表(电子公布) 附图3页

(54) 发明名称

番茄S1AHL1基因在植物抗盐和/或抗旱育种
中的应用

(57) 摘要

本发明公开了番茄S1AHL1基因在培育抗盐和/或抗旱植物品种中的应用,属于基因工程技术领域。S1AHL1基因核苷酸序列如SEQ ID NO.1所示,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。本发明通过过量表达S1AHL1可以提高植物的抗盐和/或抗旱性,可应用于植物遗传工程育种,为植物抗盐和/或抗旱新种质的创制或改良提供新的方法。



1. 番茄S1AHL1基因在调控植物抗盐和/或抗旱性中的应用,其特征在于,
S1AHL1基因序列为如SEQ ID NO.1所示的核苷酸序列,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对的核苷酸序列,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。
2. 根据权利要求1所述的应用,其特征在于,
所述调控植物抗盐和/或抗旱性为通过过量表达S1AHL1基因提高植物的抗盐和/或抗旱性。
3. 根据权利要求2所述的应用,其特征在于,
所述植物为单子叶植物和/或双子叶植物。
4. 番茄S1AHL1基因编码的蛋白在调控植物抗盐和/或抗旱性中的应用,其特征在于,
S1AHL1基因序列为如SEQ ID NO.1所示的核苷酸序列,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对的核苷酸序列,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。
5. 根据权利要求4所述的应用,其特征在于,
所述调控植物抗盐和/或抗旱性为通过过量表达S1AHL1基因编码的蛋白提高植物的抗盐和/或抗旱性。
6. 根据权利要求5所述的应用,其特征在于,
所述植物为单子叶植物和/或双子叶植物。
7. 番茄S1AHL1基因在培育抗盐和/或抗旱植物品种中的应用,
S1AHL1基因序列为如SEQ ID NO.1所示的核苷酸序列,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对的核苷酸序列,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。
8. 根据权利要求7所述的应用,其特征在于,
所述植物为单子叶植物和/或双子叶植物。
9. 番茄S1AHL1基因编码的蛋白在培育抗盐和/或抗旱植物品种中的应用,
S1AHL1基因序列为如SEQ ID NO.1所示的核苷酸序列,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对的核苷酸序列,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。
10. 根据权利要求9所述的应用,其特征在于,
所述植物为单子叶植物和/或双子叶植物。

番茄S1AHL1基因在植物抗盐和/或抗旱育种中的应用

技术领域

[0001] 本发明属于基因工程技术领域,具体涉及番茄S1AHL1基因在植物抗盐和/或抗旱育种中的应用。

背景技术

[0002] 农作物在生长发育过程中常常遭受干旱和高盐等非生物胁迫的危害,进而影响了农产品的质量和品质。根据联合国教科文组织和粮农组织不完全统计,全世界盐碱地的面积为9.5438亿公顷,其中我国为9913万公顷。根据国家统计局(<http://www.stats.gov.cn/>)的最新数据显示,2018-2022年我国农作物受灾面积约83838千公顷,其中旱灾面积高达约24057千公顷,占据全国农作物受灾总面积的28.7%。显然,盐和干旱胁迫已对我国的粮食安全生产构成了严重的威胁。培育优良的抗盐和/或抗旱作物品种是解决抗盐和/或抗旱性的重要途径。然而,植物抗盐和/或抗旱的遗传调控网络错综复杂,不同遗传背景的植物的分子调控机制差异较大。虽然目前已有一些调控植物抗盐和/或抗旱的基因被报告,但是发掘和克隆研究更多新的,且在不同遗传背景中具有调控植物抗盐和/或抗旱功能的基因,以及开发新的培育植物抗盐和/或抗旱植物品种的方法,仍是亟需解决的技术问题。

发明内容

[0003] 本发明的目的是提供一种番茄S1AHL1基因在调控植物抗盐和/或抗旱性和/或培育抗盐和/或抗旱植物品种中的应用。

[0004] 本发明通过克隆番茄S1AHL1基因,转入拟南芥后,分析转基因株系在ABA、干旱和高盐下的表现,确定S1AHL1基因可以用于同时提高农作物的抗旱和抗盐的能力。S1AHL1基因核苷酸序列如SEQ ID NO.1所示,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。该基因有望应用于植物的遗传工程育种,为植物抗盐和/或抗旱新种质的创制或改良提供理论基础。考虑到密码子的简并性,在不改变氨基酸序列的前提下,对上述核苷酸序列的碱基进行修改,也属于本发明的保护范围。

[0005] 一方面,本发明提供一种番茄S1AHL1基因在调控植物抗盐和/或抗旱性中的应用,S1AHL1基因核苷酸序列如SEQ ID NO.1所示,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。

[0006] 进一步地,所述调控植物抗盐和/或抗旱性为通过过量表达S1AHL1基因提高植物的抗盐和/或抗旱性。

[0007] 优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1基因提高单子叶植物的抗盐和/或抗旱性。

[0008] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1基因提高茄科植物的抗盐和/或抗旱性。

[0009] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1基因提高茄属植物的抗盐和/或抗旱性。

[0010] 在另一优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1基因提高双子叶植物的抗盐和/

或抗旱性。

[0011] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1基因提高十字花科植物的抗盐和/或抗旱性。

[0012] 另一方面,本发明提供一种番茄S1AHL1基因编码的蛋白在调控植物抗盐和/或抗旱性中的应用,S1AHL1蛋白氨基酸序列如SEQ ID NO.2所示。

[0013] 进一步的,所述调控植物的抗盐和/或抗旱性为通过过量表达S1AHL1基因编码的蛋白提高植物的抗盐和/或抗旱性。

[0014] 优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白提高单子叶植物的抗盐和/或抗旱性。

[0015] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白提高茄科植物的抗盐和/或抗旱性。

[0016] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白提高茄属植物的抗盐和/或抗旱性。

[0017] 在另一优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白提高双子叶植物的抗盐和/或抗旱性。

[0018] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白提高十字花科植物的抗盐和/或抗旱性。

[0019] 另一方面,本发明提供一种番茄S1AHL1基因在培育抗盐和/或抗旱植物品种中的应用,S1AHL1基因序列为如SEQ ID NO.1所示的核苷酸序列,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对的核苷酸序列,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。

[0020] 进一步的,所述调控植物开花时间为通过过量表达S1AHL1基因培育抗盐和/或抗旱植物品种。

[0021] 优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1基因培育抗盐和/或抗旱的单子叶植物品种。

[0022] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1基因培育抗盐和/或抗旱的茄科植物品种。

[0023] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1基因培育抗盐和/或抗旱的茄属植物品种。

[0024] 在另一优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1基因培育抗盐和/或抗旱的双子叶植物品种。

[0025] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1基因培育抗盐和/或抗旱的十字花科植物品种。

[0026] 另一方面,本发明提供一种番茄S1AHL1基因编码的蛋白在培育抗盐和/或抗旱植物品种中的应用,S1AHL1基因序列为如SEQ ID NO.1所示的核苷酸序列,或与SEQ ID NO.1所示序列完全互补配对的核苷酸序列,或为编码如SEQ ID NO.2所示氨基酸序列的核苷酸序列。

[0027] 进一步的,所述培育抗盐和/或抗旱植物品种为通过过量表达S1AHL1蛋白培育抗盐和/或抗旱的植物品种。

[0028] 优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白培育抗盐和/或抗旱的单子叶植物品种。

[0029] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白培育抗盐和/或抗旱的茄科植物品种。

[0030] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白培育抗盐和/或抗旱的茄属植物品种。

[0031] 在另一优选方案中,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白培育抗盐和/或抗旱的双子

叶植物品种。

[0032] 进一步地,本发明通过过量表达S1AHL1蛋白培育抗盐和/或抗旱十字花科植物品种。

[0033] 与现有技术相比,本发明具有如下优点:

[0034] 1) 本发明提供了一种的新的调控植物抗盐和/或抗旱性的方法,即通过过量表达S1AHL1基因或其编码的蛋白对植物抗盐和/或抗旱性进行调控和/或获得抗盐和/或抗旱植物品种。

[0035] 2) 本发明提供了一种的新的培育抗盐和/或抗旱植物品种的方法,即通过过量表达S1AHL1基因或其编码的蛋白对植物抗盐和/或抗旱性进行调控和/或获得抗盐和/或抗旱植物品种。

[0036] 3) 本发明提供的新的方法可同时调控抗盐和抗旱。

[0037] 4) 本发明提供的新的方法可用于不同遗传背景的植物。

附图说明

[0038] 下面结合附图和具体实施方式,对本发明用于调控植物抗盐和/或抗旱性和/或培育抗盐和/或抗旱植物品种的方法及其有益效果进行详细说明。

[0039] 图1所示为35S-S1AHL1-GFP转基因株系的鉴定结果;

[0040] 图2拟南芥转基因株系中S1AHL1的表达水平分析;

[0041] 其中,WT表示野生型植株;OE-4、OE-5、OE-7和OE-8表示过表达植株。

[0042] 图3所示为S1AHL1超表达株系对ABA的敏感性分析,S1AHL1#4为S1AHL1-OE4,S1AHL1#8为S1AHL1-OE8;

[0043] (A)野生型(WT)和S1AHL1超表达材料在1/2MS板上生长7天的表型;

[0044] (B)野生型和S1AHL1超表达材料在1/2MS添加ABA板上生长7天的表型;

[0045] (C)野生型和S1AHL1超表达材料在1/2MS添加0.25 μ M ABA板上连续7天的萌发率分析;

[0046] (D)统计野生型和S1AHL1超表达材料在1/2MS添加或不添加0.25 μ M ABA板上生长7天后的成苗率;

[0047] 图4所示为S1AHL1超表达株系对盐和干旱的耐受性分析。T-test分析,*表示 $p < 0.05$ ($n=20$)。

[0048] (A,B)野生型和S1AHL1超表达材料在1/2MS板上垂直生长的表型和根长生长数据统计;

[0049] (C,D)野生型和S1AHL1超表达材料转到1/2MS添加100mM NaCl板上生长3天的表型和根长数据;

[0050] (E,F)野生型和S1AHL1超表达材料转到1/2MS添加6%PEG板上生长3天的表型和根长数据分析。

具体实施方式

[0051] 下面对本发明实施例中的技术方案进行清楚、完整地描述,显然,所描述的实施例仅仅是本发明一部分实施例,而不是全部的实施例。基于本发明中的实施例,本领域普通技

术人员在没有做出创造性劳动前提下所获得的所有其他实施例,都属于本发明保护的范
围。

[0052] 除非另有定义,本申请所使用的所有技术和科技术语具有本申请所属技术领域的
普通技术人员所通常理解的含义。

[0053] 实施例中番茄S1AHL1基因核苷酸序列如SEQ ID NO.1所示:

[0054] ATGGATATAAGGGAAGGGATGGCACTATCTGGTTCTGCAGCTTACTATCTTAACAGAGGGATTAGTGGT
TCTGGTTCTAATGTAGGTAGTGGGTCTGGGACACCTTCAGGGTATCTACTCCATCTGGTTACAAGTCTCTTACAAA
TGCTAACATTGCAGTTCAATCCAATATGGGGAGTAGTAGTGGTAATGTGAACTCAGGATACCAAGTTGAGA
ACTCAT
CATCCAATTTTGGTCATGGGGTTAACATTAGTATGGCTTCTAGTGTTCACCTGGTAGTGATCCAGTGA
AAAAAGAAG
AGAGGTAGGCCTAGGAAATATGGTCCTGATGGGACCAACATGTCTTTAGCATTGTCCCCTTTGTCTAG
TAACCCTCC
AAGTGGGTCCATTACCCCGGGCCAAAGCGTATCAGGGGCCGGCCTCCTGGAAGTGGGTGGAAGCAACA
ATTAGCTT
CTGTTGGTGAATGGATGAGTAGTTCGGCTGGACTGGCTTCACTCCTCATGTTATACACATTGGTGTAG
GAGAGGAT
GTTGCGGAAAAATTGTTGGCATTTCACAGCAGAGGCCTAGGGCTTTATGTATCTTATCAGCTAATGG
TGCAGTTTC
AGCTATAACATTACGCCCCCTGCCAATCTGGTGCCACTGTGCTTATGAGGGCCGTTTCGAGATACTAT
CTCTGT
CTGTTCTTACTTGGTTGCTGAAACTGGTGGCCACGCACTCGCACTGGTGGTATAAGTATTTAGTTTGT
AGTCCT
GATGGCCATGTAATTGGAGGTGCTATAGGGGGTAGACTTATAGCAGCCAGCCCTGTTTCAGGTAGT
CGTATGCAGCTT
TGTCTATGATCCAAAGGGAAAGAGCAAACCAGAAAGTAGCACTAGAGACGAGCAGGAGTCTGCTGAA
AAGTCATCTA
CACCAGGGTCTGGTCGGAGTGTCTGGCCTCCAAGTTCCCGAGCAGATGTGAGAAATCCCAGACCGAG
ATTGATCTT
ACGCGTGGATGA

[0055] 番茄S1AHL1蛋白氨基酸序列如SEQ ID NO.2所示:

[0056] MDIREGMALSGSAAYLNRGISGSGSNVSGSGTPSGVSTPSGYKSLTNANIAVQSNMGSSSGNVNSGY
QVENSSSNFGHGVNISMASVSPGSDPVKKRGRPRKYGPDGTNMSLALSPLSSNPPSGSITPGPKRIRGRPPG
SGWKQQLASVGEWMSAGLAFTPHVIHIGVGEDVAEKLLAFAQQRPRLCILSANGAVSAITLRPPANS
GATVAYEGRF
EILSLSGSYLVAETGGPRTRTGGISISVCSPPDGHVIGGAIGGRLIAASPVQVVVCSFVYDPKGK
SKPESSTRDEQES
AEKSSTPGSGRSVWPPSSRADVRNSQTEIDLTRG

[0057] 实施例1

[0058] 转基因材料的构建和鉴定

[0059] 取在1/2MS固体培养基上萌发并生长7天大小的番茄品种“Henz 1706”的幼苗
0.5g,并使用植物RNA提取试剂盒(Vazyme公司)提取总RNA,进行逆转录,然后进行目的基因的
扩增,在获得目的基因后,连接到植物双元表达载体pBI121中,并通过农杆菌转入拟南芥
中,具体实验如下:

[0060] 取1 μ g高质量(OD_{260}/OD_{280} :1.8-2.0; $OD_{260}/OD_{230}\approx 2.0$)的RNA进行反转录(Vazyme公
司反转录试剂盒)获得第一链cDNA。以cDNA为模板,使用KOD FX高保真酶(ToYoBo公司)进行
PCR扩增。反应体系为:2 \times PCR buffer 10 μ L,2mM dNTPs 2 μ L,F引物(5'-GGACTCTAGAGGATC
CATGGATATAAGGGAAGGGATG-3') 0.5 μ L,R引物(5'-GACCACCCGGGGATCCTCCACGCGTAAGATCAATC
TC-3') 0.5 μ L,cDNA模板1 μ L,KOD FX(1U/ μ L) 0.4 μ L,加水补足至20 μ L。反应条件为:98 $^{\circ}$ C
5min;98 $^{\circ}$ C 15sec,56 $^{\circ}$ C 30sec,68 $^{\circ}$ C 30sec,35个循环;68 $^{\circ}$ C 5min。反应结束后,胶回收试剂盒
(Magen公司)回收PCR产物。

[0061] 用限制性内切酶BamHI(NEB公司)对pBI121-GFP载体(由pBI121载体改造而来,含

有35S启动子和GFP标签)进行线性化处理,酶切体系为:载体2 μ g, BamHI内切酶2 μ L, 10 \times buffer 10 μ L, 补足水至100 μ L。酶切条件为:25 $^{\circ}$ C, 2小时。载体酶切产物和PCR产物经过纯化回收后,使用NanoDrop 2000测定DNA浓度,使用重组试剂盒(诺唯赞公司)进行重组,重组体系为:目的片段:14ng,载体片段:130ng, 5 \times buffer 2 μ L, Exnase II 1 μ L, 加水补足至10 μ L。重组条件为:37 $^{\circ}$ C, 30min。取全部产物,加入到100 μ L大肠杆菌DH5 α 感受态中,转化产物涂布于LB固体培养基(含有卡那霉素抗性,卡那霉素的浓度为50mg/L)。37 $^{\circ}$ C培养过夜,挑4个单克隆进行菌落PCR鉴定。选择2个阳性克隆进行测序,得到含有S1AHL1基因序列的阳性克隆,最终获得含有S1AHL1目的基因的过量表达载体。

[0062] 采用农杆菌GV3101介导的遗传转化方法,将实施例1中构建的过量表达载体,通过浸花法转入哥伦比亚0 (Co1-0) 拟南芥中。实验方法参考文献:农杆菌介导的转基因技术方法探究;张赵一淳;农家科技,2017年,第9期。收获浸花后的拟南芥种子,使用2%次氯酸钠表面消毒后,播种在含有25 μ g/L潮霉素的1/2MS固体平板上,筛选出具有抗性的苗子(根长且可以长出真叶),认定为转基因阳性苗。将10株阳性的T1代转基因苗进行繁种得到T2代。将T2代种子使用含有潮霉素的培养基发芽,如果种子能全部正常生长,则证明该株系为纯合株。

[0063] 我们对挑选转基因株系进行RCR检测,通过电泳实验,最终鉴定到了9个35S-S1AHL1-GFP转基因株系(1至9)(图1)。

[0064] 实施例2

[0065] 拟南芥转基因株系中S1AHL1的表达水平分析

[0066] qRT-RCR鉴定S1AHL1基因在拟南芥转基因株系中过表达效果过程如下:

[0067] 1、植物RNA提取试剂盒(Vazyme公司)提取7天大小的拟南芥幼苗总RNA,取1 μ g高质量($OD_{260}/OD_{280}:1.8-2.0$; $OD_{260}/OD_{230}\approx 2.0$)的RNA进行反转录(Vazyme公司反转录试剂盒)获得第一链cDNA。

[0068] 2、以上述步骤1中的cDNA为模板,通过S1AHL1-qF (TTGCTTATGAGGGCCGTTTC)和S1AHL1-qR (GCTGCTATAAGTCTACCTGG)引物对检测S1AHL1基因的表达情况,并采用拟南芥管家基因AtUBQ5基因的AtUBQ5-qF (GACGCTTCATCTCGTCC)和AtUBQ5-qR (CCACAGGTTGCGTTAG)引物对检测番茄AtUBQ5基因的表达作为内参。定量PCR试剂为SYBR[®]Premix Ex Taq[™] (TAKARA公司),定量PCR仪器为CFX 96 (Bio RAD公司)。反应体系为:2 \times PCR buffer 5 μ L, qF引物0.4 μ L, qR引物0.4 μ L, cDNA模板1 μ L, 灭菌水3.2 μ L, 反应体系总体积10 μ L。反应程序:95 $^{\circ}$ C 30sec; 95 $^{\circ}$ C 5sec, 68 $^{\circ}$ C 30sec, 45个循环。

[0069] 结果如图2所示,挑选的4个株系(OE4, 5, 7, 8)中S1AHL1基因的表达量均有大幅度提高,后续选择OE4和OE8过表达株系进行实验。

[0070] 通过qRT-PCR荧光定量技术分析拟南芥转基因株系中S1AHL1的表达水平。结果显示,这些株系都是S1AHL1的超表达株系(图2)。

[0071] 实施例3:S1AHL1转基因株系对ABA的敏感性分析

[0072] 将野生型WT、S1AHL1的转基因株系OE4和OE8的种子同时点种在含0.25 μ M ABA或不含ABA的1/2MS培养基平板上,观察统计材料连续七天的种子萌发率与第七天的成苗率。结果发现,在不添加ABA的培养基上,S1AHL1-OE4和S1AHL1-OE8与野生型的萌发和生长无明显差异(图3A);而在ABA浓度为0.25 μ M的条件下,与野生型相比,S1AHL1超表达株系的萌发率

较低(图3B,C),且幼苗成苗率也显著低于对照(图3D),说明S1AHL1参与植物对ABA信号的响应,并可能影响植物对逆境的耐受性。

[0073] 实施例4:S1AHL1转基因株系对干旱和盐胁迫的表型分析

[0074] 进一步分析S1AHL1拟南芥转基因株系对干旱和盐胁迫的耐受性。首先,我们观察了野生型对照和S1AHL1超表达株系在1/2MS平板上垂直培养的主根生长情况。结果显示,生长6天后,各植物材料的主根生长长度无显著差异(图4A,B)。接下来,我们将在1/2MS培养基上生长3天的幼苗转到添加100mM NaCl的1/2MS平板上。生长3天后,我们发现与对照相比,S1AHL1超表达株系的增长的根长显著长于对照(图4C,D),说明S1AHL1超表达株系具有较强的耐盐能力。

[0075] 此外,我们也检测了S1AHL1超表达株系对干旱的耐受性。我们在1/2MS培养基中添加PEG模拟干旱。将在1/2MS培养基上生长3天的幼苗转到添加6%PEG的1/2MS平板上。生长3天后,与对照相比,S1AHL1超表达株系的主根的根长显著长于对照(图4E,F),该结果表明S1AHL1超表达能提升拟南芥对干旱的抗性。综合以上结果,证实S1AHL1基因能提高植物对盐和干旱的耐受性,因而可以用于提升农作物的耐盐和抗旱性的遗传育种中。

[0076] >SEQ ID NO.1

[0077] ATGGATATAAGGGAAGGGATGGCACTATCTGGTTCTGCAGCTTACTATCTTAACAGAGGGATTAGTGGTTCTGGTTCTAATGTAGGTAGTGGGTCTGGGACACCTTCAGGGGTATCTACTCCATCTGGTTACAAGTCTCTTACA AATGCTAACATTGCAGTTCAATCCAATATGGGGAGTAGTAGTGGTAATGTGAACTCAGGATACCAAGTTGAGA ACTCATCATCCAATTTTGGTCATGGGGTAAACATTAGTATGGCTTCTAGTGTTCACCTGGTAGTGATCCAGTGAAAA GAAGAGAGGTAGGCCTAGGAAATATGGTCCTGATGGGACCAACATGTCTTTAGCATTGTCCCCTTTGTCTAGTAAC CCTCCAAGTGGGTCCATTACCCCGGGCCAAAGCGTATCAGGGGCCGGCCTCCTGGAAGTGGGTGGAAGCAACAAT TAGCTTCTGTTGGTGAATGGATGAGTAGTTCGGCTGGACTGGCTTTCACTCCTCATGTTATACACATTGGTGTAGG AGAGGATGTTGCGAAAAAATTGTTGGCATTTCACAGCAGAGGCCTAGGGCTTTATGTATCTTATCAGCTAATGGT GCAGTTTCAGCTATAACATTACGCCCCCTGCCAATTCTGGTGGCCACTGTTGCTTATGAGGGCCGTTTCAGATAC TATCTCTGTCTGGTTCTTACTTGGTTGCTGAACTGGTGGCCACGCACTCGCACTGGTGGTATAAGTATTTTCAGT TTGTAGTCTGATGGCCATGTAATTGGAGGTGCTATAGGGGTAGACTTATAGCAGCCAGCCCTGTTTCAGGTAGTC GTATGCAGCTTTGTCTATGATCCAAAGGGAAGAGCAAACCAGAAAGTAGCACTAGAGACGAGCAGGAGTCTGCTG AAAAGTCATCTACACCAGGTCTGGTCGGAGTGTCTGGCCTCCAAGTTCCCGAGCAGATGTGAGAAATTCAGAC CGAGATTGATCTTACGCGTGGATGA。

[0078] >SEQ ID NO.2

[0079] MDIREGMALSGSAAYLNRG ISGSGSNVSGSGTSPSGVSTPSGYKSLTNAN IAVQSNMGSSSGNVNSG YQVENSSNFGHGVNISMASVSPGSDPVKKRGRPRKYGPDGTNMSLALSPLSSNPPSGSITPGPKRIRGRPPGS GWKQQLASVGEWMSSSAGLAFPHV IHIGVGEDVAEKLLAFAQQRPRALCILSANGAVSAITLPPANS GATVAYE GRFEILSLSG SYLV AETGGPRTRTGGISISVCS PDGHVIGGAI GGRLIAASPVQVVVCSFVYDPKGKSKPESSTRD EQESA EKSSTPGSGRSVWPPSSRADVRNSQTEIDLTRG。

[0080] 对所公开的实施例的上述说明,使本领域专业技术人员能够实现或使用本发明。对上述实施例的多种修改对本领域的专业技术人员来说将是显而易见的,本文中所定义的一般原理可以在不脱离本发明的精神或范围的情况下,在其它实施例中实现。因此,本发明将不会被限制于本文所示的这些实施例,而是要符合与本文所公开的原理和和特点相一

致的最宽的范围。

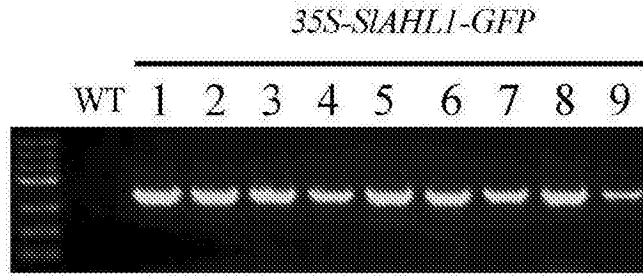


图1

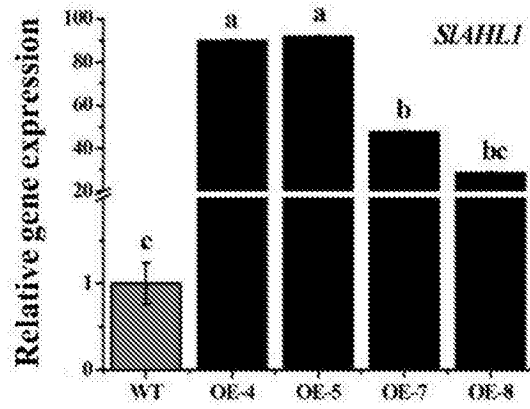


图2

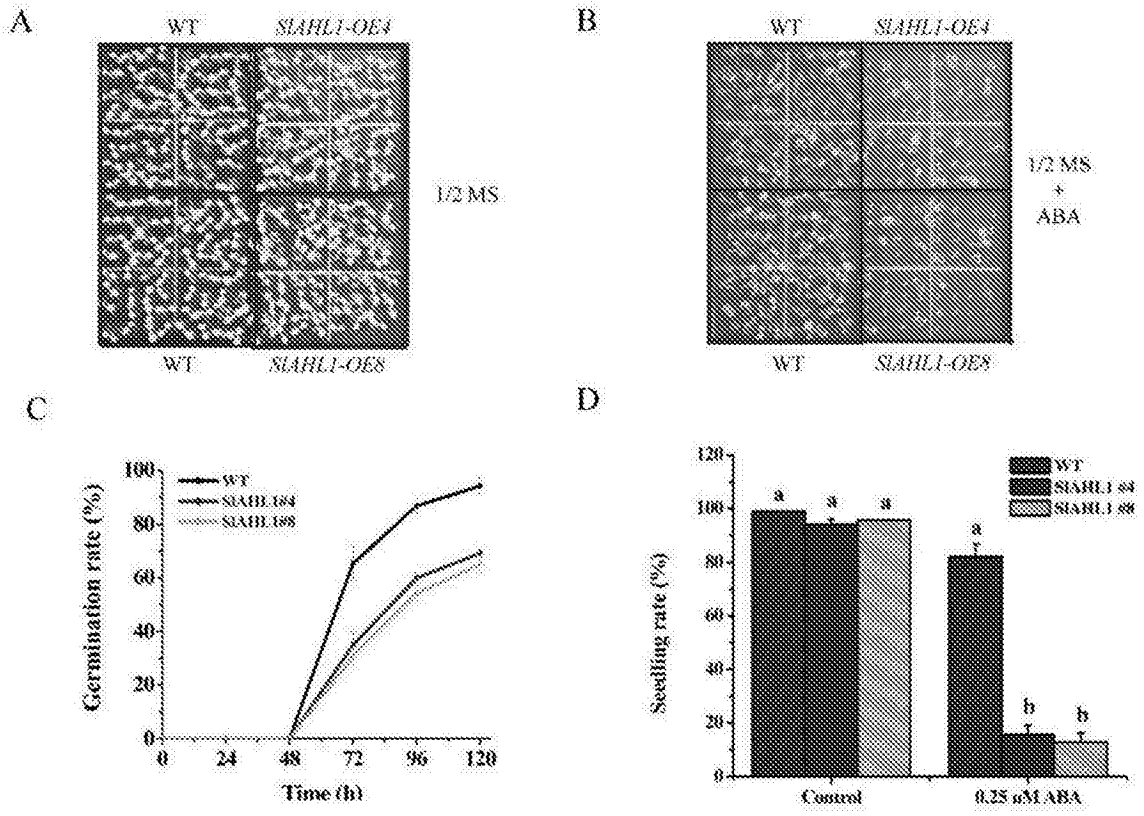


图3

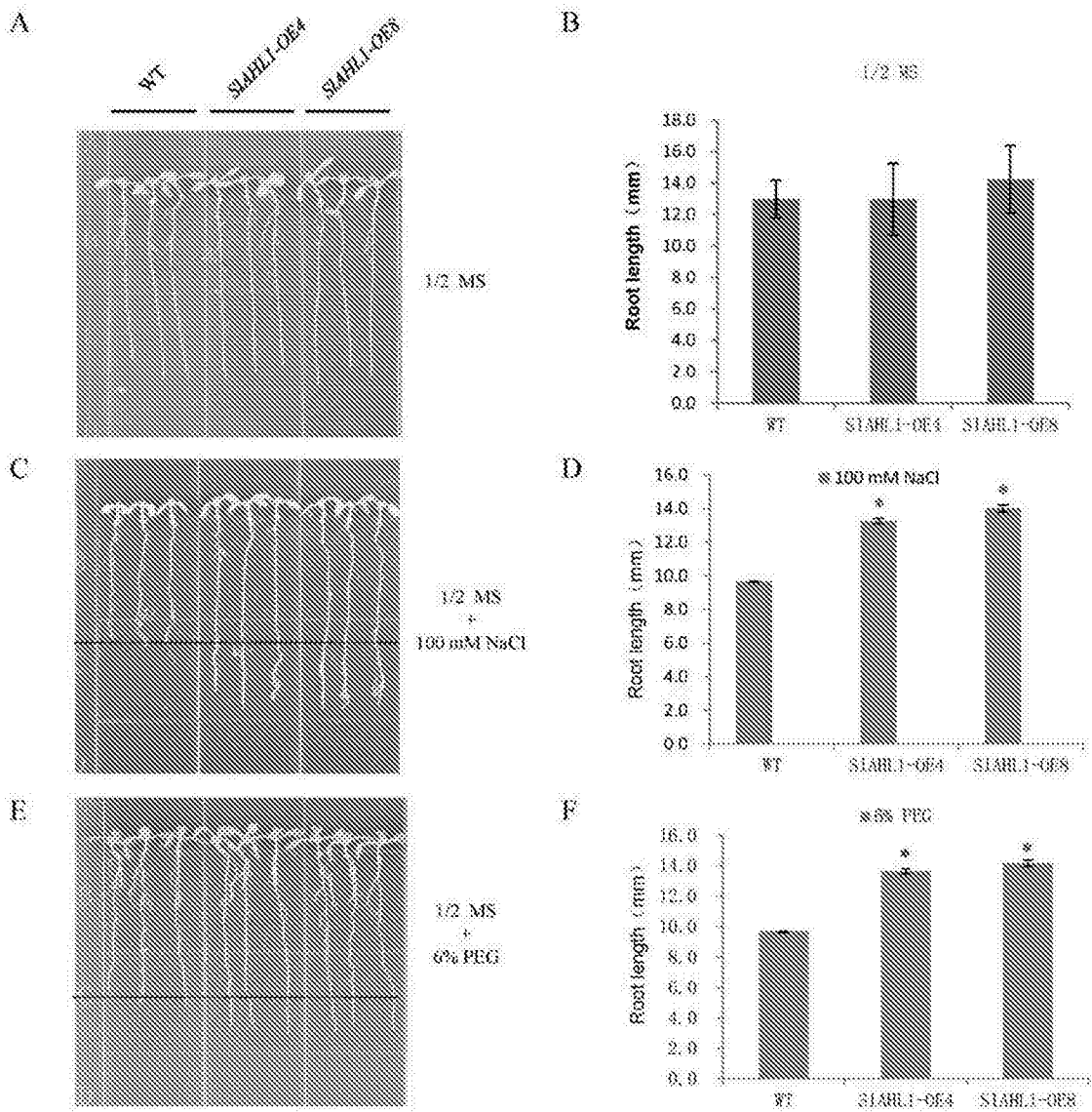


图4