

(19) DANMARK

(11)

DK 175800 B1



(12) PATENTSKRIFT

Patent- og
Varemærkestyrelsen

(51) Int.Cl⁷: C 12 N 15/31 A 01 H 1/00 C 12 N 1/20 C 12 N 5/14

(21) Patentansøgning nr: PA 1988 00239

(22) Indleveringsdag: 1988-01-20

(24) Løbedag: 1988-01-20

(41) Alm. tilgængelig: 1988-07-22

(45) Patentets meddelelse bkg. den: 2005-02-28

(30) Prioritet: 1987-01-21 DE 3701624 1987-11-07 DE 3737918

(73) Patenthaver: Hoechst Aktiengesellschaft, Brüningstrasse 45, D-65926 Frankfurt/Main, Tyskland

(72) Opfinder: Eckhard Strauch, Rosenheide 2, D-4800 Bielefeld, Tyskland

Walter Arnold, Am Gottesberg 25, D-4800 Bielefeld, Tyskland

Renate Alijah, Koesterkamp 14, D-4800 Bielefeld, Tyskland

Wolfgang Wohlleben, Menzelstrasse 1, D-4800 Bielefeld, Tyskland

Alfred Puehler, Am Waldschlosschen 2, D-4800 Bielefeld, Tyskland

Peter Eckes, Am Flachsland 18, D-6233 Kelkheim (Taunus), Tyskland

Guenter Donn, Sachsenring 35, D-6238 Hofheim am Taunus, Tyskland

Eugen Uhlmann, Zum Talblick 31, D-6246 Glashuetten/Taunus, Tyskland

Friedrich Hein, Erlesring 40, D-6234 Hattersheim am Main, Tyskland

Friedrich Wengenmayer, Am Seyenbach 38, D-6238 Hofheim am Taunus, Tyskland

(74) Fuldmægtig: Budde, Schou & Ostenfeld A/S, Vester Søgade 10, 1601 København V, Danmark

(54) Benævnelse: Resistensgen, genstruktur indeholdende resistensgenet, vektor indeholdende resistensgenet eller genstrukturen, værtscelle indeholdende vektoren, plantecelle, planter, dele heraf og frø indeholdende resistensgen, samt anvendelse af resistensgenet eller genstrukturen

(56) Fremdragne publikationer:

Ingen

(57) Sammendrag:

Det ud fra genomet af Streptomyces viridochromogenet DSM 40736 isolerede phosphinothricin (PTC)-resistensgen syntetiseres efter tilpasning til codonbrugen i planter, og det indbygges i genstruktyrer, der efter ekspression i planter gør disse resistent mod PTC.

Den foreliggende opfindelse angår et phosphinothricin-resistens-gen, en genstruktur indeholdende resistensgenet, en vektor indeholdende resistensgenet eller genstrukturen, en værtscelle indeholdende vektoren, en plantecelle, planter, dele heraf og frø indeholdende resistensgenet, samt anvendelsen af resistensgenet eller genstrukturen til tilvejebringelse af phosphinothricin-resistente planteceller, plantedele, planter og frø.

I den vesttyske patentansøgning nr. P 3.628.747.4 foreslås et resistensgen mod phosphinothricin (PTC), der kan fås ud fra hele DNA'et fra for phosphinothricyl-alanyl-alanin (PTT)-resistens selekteret *Strepcomyces viridochromogenes* DSM 40736 (fra den almindelige samling) eller DSM 4112 (deponeret i henhold til Budapest-traktaten) ved snit med BamHI, kloning af et 4,0 kb-stort fragment og selektion for PTT-resistensen, samt anvendelsen af dette gen til fremstilling af PTC-resistente planter, som PTT-resistens-markør i bakterier og som PTC-resistens-markør i planteceller. Det 4 kb-store BamHI-fragment, i hvilket resistensgenet ligger, er nærmere defineret ved hjælp af et restriktionskort (figur 1).

Ved kloning af delområder af dette 4 kb-fragment blev beliggenheden af kodeområdet nærmere lokaliseret. Herved viste det sig, at resistensgenet ligger i 1,6 kb *Sst*II-*Sst*II-fragmentet (positionerne 0,55 til 2,15 i figur 1 i hovedansøgningen). Ved fordøjelse med *Bgl*III udvindes et 0,8 kb-stort fragment, der efter indbygning i et plasmid og transformation af *S. lividans* formidler PTT-resistens. Denne resistens er betinget af N-acetylering af PTC. Resistensgenet koder dermed for en acetyltransferase.

I den vesttyske patentansøgning nr. P 3.642.829.9 gengives DNA-sekvensen af det i det forestående nævnte 0,8 kb-fragment. Ud fra sekvensen kan startcodonnet og gensekvensens åbne læseramme bestemmes. Det sidste nucleotid er en del af stop-codonnet TGA.

Gener fra Streptomyceter har med et forhold mellem adenin (A) + thymin (T) : guanin (G) + cytosin (C) på ca. 30% : 70% en meget stor andel af G + C. GC-Andelen af plantegener ligger med ca. 50% langt lavere. Af disse 5 grunde bliver resistensgenets DNA-sekvens optimeret i yderligere udformning af opfindelsens ide ved nysyntese af et for den vegetabiliske RNA-polymerase II gunstigt codonbrug.

Opfindelsen angår en modifikation af det resistens-gen, der er foreslæbt i de tyske patentansøgninger nr. 10 P 3.628.747.4 og P 3.642.829.9, nemlig en tilpasning til codonbrugen i planter

Opfindelsen angår nærmere bestemt følgende:

- et resistensgen, der koder for proteinet med amino-15 syresekvensen I (anført nedenfor), idet der som startcodon anvendes ATG og som stopcodon TGA, og genets GC-andel er tilpasset GC-andelen i planter,
- en genstruktur, som er kendtegnet ved, at DNA-sekvensen I er koblet til i planter aktive regulations- og ekspressionssignaler,
- en vektor, som er kendtegnet ved resistens-20 genet ifølge opfindelsen,
- en vektor, som er kendtegnet ved en genstruktur ifølge opfindelsen,
- 25 - vektorer indeholdende én eller flere DNA-sekvenser valgt blandt:

I (nucleotid nr. 1-152)

II (nucleotid nr. 153-312)

30 III (nucleotid nr. 313-436) eller

IV (nucleotid nr. 437-558),

- en værtscelle, som er kendtegnet ved en vektor ifølge opfindelsen,
- 35 - en plantecelle eller planter, dele heraf og frø, som er kendtegnet ved et gen ifølge

opfindelsen, og
anvendelsen af genet eller genstrukturen ifølge
opfindelsen til tilvejebringelse af phosphino-
thricin-resistente planteceller, plantedele,
5 planter og frø.

Den genetiske kode er som bekendt således beskaffen,
at en enkelt triplet koder kun for 2 aminosyrer, medens hver
af de resterende 18 aminosyrer, som der kan kodes for
genetisk, er tilordnet 2-6 trippletter. Til syntesen af
10 genet er der derfor teoretisk mulighed for en stor mang-
foldighed af codonkombinationer. Da den nævnte relative
andel af de enkelte nukleotider i hele DNA-sekvensen
er af indflydelse, er dette lagt til grund for et af kri-
15 terierne ved sekvensoptimeringen.

15 Følgende ændringer er gennemført i det sekvenserede
gen:

1. Streptomycetgen-startcodonnet GTG (position 258-260
20 i sekvensen fra den vesttyske patentansøgning) udskif-
tes med det af vegetabilsk RNA-polymerase II benyttede
startcodon ATG.
2. Inden for genet forandres Streptomycet-gencodonnerne
således, at det resulterer i i plantegener egnede codon-
ner (G/C-forhold).
3. Til afslutning af translationsforløbet sættes TGA-
25 stopcodonnet på sekvensens afslutning.
4. Gensekvensens begyndelse og afslutning forsynes med
overhængende afslutninger af restriktionssteder for
at kunne amplificere genet, og for at kunne ligere
30 genet mellem vegetabiliske regulationssekvenser.
5. Palindromiske sekvenser reduceres til et mindstemål.
DNA-Sekvensen I ifølge opfindelsen (med den til-
svarende aminosyresekvens) er anført nedenfor.

35 Tre interne singulære skæringssteder for restrik-
tionsenzymerne XbaI (position 152), BamHI (312) og XmaI
(436) gør det muligt med subkloning af delsekvenser, der
kan være indbygget i velundersøgte kloningsvektorer, så-
som pUC18 eller PUC19. Endvidere er der inden for genet

indbygget en række yderligere singulære genkendelsessteder for restriktionsenzymer, der på den ene side skaffer adgang til acetyltransferases delsekvenser og på den anden side tillader gennemførelse af variationer:

5

Snit efter nucleotid-nr.

	<u>Restriktionsenzym</u>	<u>(kodende streng)</u>
	BspMII	11
	SacII	64
10	EcoRV	74
	HpaI	80
	AatII	99
	BstXI	139
	ApaI	232
15	ScaI	272
	AvrII	308
	AflIII	336
	StuI	385
	BssHII	449
20	FokI	487
	BglI	536
	BglIII	550

Opbygningen af delsekvenserne ved hjælp af kemisk syntese og enzymatisk ligeringsreaktion udføres på i og for sig kendt måde (de europæiske patentansøgninger nr. 0.133.282, 0.136.472, 0.155.590, 0.161.504, 0.163.249, 0.171.024, 0.173.149 eller 0.177.827). Detaljer, såsom restriktionsanalyser, ligering af DNA-fragmenter og transformation af plasmider i *E. coli*, er udførligt beskrevet i Maniatis' lærebog (*Molecular Cloning*, Maniatis et al., Cold Spring Harbor, 1982).

Den således klonede gensekvens, indføjes herefter under kontrol af vegetabiliske regulationssignaler i planter, og den bringes til ekspression. Den europæiske patentansøgning nr. 0.122.791 giver en oversigt over kendte metoder. Der fås således PTC-resistente planteceller (dvs.

man har et selektionskendetegn for transformerede celler), planter eller plantedele og frø.

I de følgende eksempler illustreres i enkeltheder nogle udformninger af opfindelsen. Procentangivelser er baseret på vægten, når andet ikke er anført.

Eksempler

De følgende medier anvendes:

a) til bakterier:

10 YT-medium: 0,5% gærestrakt, 0,8% bacto-trypton, 0,5% NaCl,
LB-medium: 0,5% gærestrakt, 1% bacto-trypton, 1% NaCl
som fast medium: hver gang tilsætning af 1,5% agar,

b) til planter:

15 M+S-medium: se Murashige og Skoog, Physiologica Plantarum 15 (1962) 473,
2MS-medium: M+S-medium med 2% saccharose,
MSC10-medium: M+S-medium med 2% saccharose, 500 mg/l cefotaxim, 0,1 mg/l naphthyleddikesyre (NAA), 1 mg/l benzylaminopurin (BAP),
20 100 mg/l kanamycin,
MSC15-medium: M+S-medium med 2% saccharose, 500 mg/l cefotaxim, 100 mg/l kanamycin.

25 1. Kemisk syntese af et enkeltstrenget oligonucleotid.

Som udgangsmateriale til syntesen af fragmentet II, der er et af de fire delfragmenter I - IV, tjener det endestillede oligonucleotid IIc (nucleotiderne nr. 219 til 312 i DNA-sekvensen I's kodende streng). Til fast-fasesyntesen anvendes nucleosidet i 3'-enden, i det foreliggende tilfælde altså guanosin (nucleotid nr. 312), via 3'-hydroxyfunktionen kovalent bundet til et bærestof. Bærestofmaterialet er med langkædede aminoalkylgrupper funktionaliseret CPG ("Controlled Pore Glass"). I øvrigt følger syntesen de kendte metoder (fra de på side 3, linje 27-28, nævnte europæiske patentansøgninger).

Synteseplanen er indtegnet i DNA-sekvensen II, der

i øvrigt svarer til DNA-sekvensen I.

2. Enzymatisk binding af de enkeltstrengede oligonucleotider til genfragmentet II.

Til phosphorylering af oligonucleotiderne i 5'-terminalen behandles hvert 1 nmol af oligonucleotiderne IIb og IIc med 5 nmol adenosintriphosphat og 4 enheder T4-polynucleotid-kinase i 20 μ l 50 mM tris-HCl-puffer (pH-værdi 7,6), 10 mM magnesiumchlorid og 10 mM dithiothreitol (DTT) i 30 minutter ved 37°C. Enzymet inaktiveres ved fem minutters opvarmning til 95°C. Oligonucleotiderne IIa og IIId, der danner den "overhængende" sekvens i DNA-fragmentet II, phosphoryleres ikke. Dette forhindrer ved den efterfølgende ligering dannelsen af større subfragmenter end de, der svarer til DNA-fragmentet II.

Oligonucleotiderne II (a-d) ligeres som følger til subfragmentet II: hvert 1 nmol af oligonucleotiderne IIa og IIId samt 5'-phosphaterne af IIb og IIc opløses sammen i 45 μ l puffer, der indeholder 50 mM tris-HCl (pH-værdi 7,6), 20 mM magnesiumchlorid, 25 mM kaliumchlorid og 10 mM DTT. Til annealing af oligonucleotiderne ifølge DNA-fragmentet II opvarmes opløsningen af oligonucleotiderne i 2 minutter til 95°C, hvorefter der langsomt (2-3 timer) afkøles til 20°C. Til enzymatisk binding sættes herefter 2 μ l 0,1 M DTT, 8 μ l 2,5 mM adenosintriphosphat (pH-værdi 7) samt 5 μ l T4-DNA-ligase (2000 units) til blandingen, og der inkuberes i 16 timer ved 22°C.

Oprensningen af genfragmentet II sker ved gelelektroforese på en 10%'s polyacrylamidgel (uden tilsætning af urinstof, 20·40 cm, 1 mm tyk), hvorved der som mærkningssubstans anvendes ϕ X 174 DNA (Fa. BRL), der er skæret med HinfI, eller pBR322, der er snittet med HaeIII.

Fremstillingen af genfragmenterne I, III og IV sker analogt hermed, idet dog de "overhængende" sekvenser omdannes til 5'-phosphaterne før annealingen, da det ikke er nødvendigt med noget ligeringsstrin.

3. Fremstilling af hybridplasmider, der indeholder genfragmenterne I, II, III og IV.

a) Indbygning af genfragmentet I i pUC18.

Det handelsgængse plasmid pUC18 åbnes på kendt måde med restriktionsendonucleaserne SalI og XbaI som beskrevet af fremstilleren. Fordøjelsesblandingen adskilles på kendt måde på en 1% agarosegel ved elektroforese, og brudstykkerne gøres synlige ved farvning med ethidiumbromid. Plasmidbåndene (ca. 2,6 kb) udskæres derefter fra agarosegelen og adskilles fra agarosen ved elektroelution.

1 µg Plasmid, der er åbnet med XbaI og SalI, ligeres herefter med 10 ng af DNA-fragmentet I natten over ved 16°C.

b) Indbygning af genfragmentet II i pUC18.

15 Analogt med a) opskæres pUC18 med XbaI og BamHI, og det ligeres med genfragmentet II, der forud er phosphoryleret i den overhængende ende som beskrevet i eksempel 2.

c) Indbygning af genfragmentet III i pUC18.

20 Analogt med a) opskæres pUC18 med BamHI og XmaIII, og det ligeres med genfragmentet III.

d) Indbygning af genfragmentet IV i pUC18.

Analogt med a) skæres pUC18 med XmaIII og SalI, og der ligeres med genfragmentet IV.

25 4. Opbygning af det komplette gen og kloning i et pUC-plasmid.

a) Transformation og amplifikation af genfragmenterne I - IV.

De således opnåede hybridplasmider transformeres i E. coli. Hertil gøres stammen E. coli K 12 kompetent ved behandling med en 70 mM calciumchloridopløsning, og her til sættes suspensionen af hybridplasmidet i 10 mM tris-HCl-puffer (pH-værdi 7,5), der er 70 mM med hensyn til calciumchlorid. De transformerede stammer selekteres på gængs måde under anvendelse af den plasmid-overførte 30 antibiotikaresistens eller -følsomhed, og hybridvektorerne 35 amplificeres. Efter at have dræbt cellerne isoleres hybridplasmiderne, og de opskæres med de oprindeligt anvendte

restriktionsenzymer, hvorefter genfragmenterne I, II, III og IV isoleres ved genelekstroforese.

b) Binding af genfragmenterne I, II, III og IV til et helt gen.

5 De ved amplifikation opnåede subfragmenter I og II forbindes som følger. Hver 100 ng af de isolerede fragmenter I og II opløses sammen i 10 µl puffer, der indeholder 50 mM tris-HCl (pH 7,6), 20 mM magnesiumchlorid og 10 mM DTT, og denne opløsning opvarmes i 5 minutter til 57°C.

10 Herefter afkøles opløsningen til stuetemperatur, hvor-efter man til blandingen sætter 1 µl 10 mM adenosintriphosphat (pH 7) samt 1 µl T4-DNA-ligase (400 enheder), og der inkuberes i 16 timer ved stuetemperatur. Efter at have 15 efterklippet med restriktionsenzymerne SalI og BamHI oprenses det ønskede 312-bp-fragment (nucleotiderne 1-312, SalI-BamHI) ved gelelekstroforese på en 8%'s polyacrylamidgel, hvorved der som mærkningssubstans anvendes ØX 174 RF DNA (Fa. BRL), der er skæret med restriktionsenzymet HaeIII.

20 På samme måde forbindes genfragmenterne III og IV med hinanden, hvorved man efter oprensning får et 246-bp-fragment (nucleotiderne 313-558, BamHI-SalI). Som markør ved gelelekstroforese anvendes pBR322, der er skæret med restriktionsenzymet MspI.

Til opbygning af hele genet. (DNA-sekvens I) ligeres 25 15 ng af 312-bp-fragmentet og 12 ng af 246 bp-fragmentet som ovenfor beskrevet med 1 µg af det handelsgængse plasmid pUC18, der forud er udskæret med restriktionsenzymet SalI, og som er dephosphoryleret i enderne. Efter transformationen og amplifikationen (som beskrevet i eksempel 30 4a) identificeres ved SalI-fordøjelse den rigtige klon med 558 bp-fragmentet ifølge DNA-sekvensen I.

5. Transformation af hybridplasmiderne.

Kompetente *E. coli*-celler transformeres med 0,1-1 µg af hybridplasmidet, der indeholder DNA-sekvensen I, 35 og cellerne udspredes på agarplader, der indeholder ampicillin. Dernæst kan kloner, der indeholder de korrekt integrerede sekvenser i plasmidet, identificeres ved

DNA-hurtigoparbejdning (Maniatis i føromtalte bog).

6. Fusion af det syntetiserede gen til regulationssignaler, der genkendes i planter.

Det med SalI-snittsteder i enderne forsynede optimerede resistensgen ligeres til polylinkersekvensens 5 SalI-snittsted i plasmidet pDH51 (Pietrzak et al., Nucleic Acids Res. 14 (1986) 5857). På dette plasmid er igangsætteren og afslutteren af 35S-transkriptet fra Cauliflower Mosaic Virus lokaliseret, der kan genkendes af det vegetabiliske transkriptionsapparat.

Ved ligering af resistensgenet indføjes dette bagved igangsætteren og foran afslutteren af 35S-transkriptet. Den korrekte orientering af genet bekræftes ved restrikionsanalyser.

15 Igangsætteren af ST-Ls1-genet fra Solanum tuberosum (Eckes et al., Mol. Gen. Genet. 205 (1986) 14) anvendes ligeledes til ekspression af det optimerede acetyltransferase-gen i planter.

20 7. Indsætning af resistensgenet med regulationssekvenserne i Agrobacterium tumefaciens.

a) Kointegrat-metode.

Den samlede transkriptionsenhed for igangsætteren, 25 optimeret resistensgen og afslutter (eksempel 6) udskæres med restriktionsenzymet EcoRI, og den ligeres i den intermediære E. coli-vektor pMPK110's EcoRI-snittsted (Peter Eckes, Dissertation, Univ. Köln, 1985, s. 91 f.). Denne intermediære vektor er nødvendig for at overføre resistensgenet med dets regulationssekvenser til Ti-plasmidet fra Agrobacterium tumefaciens. Denne såkaldte konjugation gennemføres ifølge den af Van Haute et al. (EMBO J. 2 30 (1983) 411) beskrevne fremgangsmåde. Herved integreres genet med dets regulationssignaler ved homolog rekombination via de i pMPK110-vektoren og i Ti-plasmidet pGV3850kanR (Jones et al., EMBO J. 4 (1985) 2411) indeholdte sekvenser 35 af standardvektoren pBR322 i Ti-plasmidet.

Hertil sammenblandes hver 50 µl friske bouillon-kulturer af E. coli-stammerne DH1 (pMPK110-derivatets

værtsstamme) og GJ23 (Van Haute et al., Nucleic Acids Res. 14 (1986) 5857) på en tør YT-agarplade, og der inkuberes i 1 time ved 37°C. Bakterierne suspenderes igen i 3 ml 10 mM MgSO₄, og de udspredes på antibiotika-agarplader (spectinomycin 50 µg/ml: selektion for pMPK110, tetracyclin 10 µg/ml: selektion for R64drd11, kanamycin µg/ml: selektion for pGJ28). De bakterier, der vokser på de selektive agarplader, indeholder de tre plasmider, og de opførmeres til konjugationen med Agrobacterium tumefaciens i YT-bouillonmedium ved 37°C. Agrobakterierne dyrkes i LB-medium ved 28°C. Hver 50 µl bakteriesuspension sammenblandes på en tør YT-agarplade, og der inkuberes i 12-16 timer ved 28°C. Bakterierne suspenderes igen i 3 ml 10 mM MgSO₄, og der udspredes på antibiotikaplader (erythromycin 0,05 g/l, chloramphenicol 0,025 g/l: selektion for agrobakteriestammen; streptomycin 0,3 g/l og spectinomycin 0,1 g/l: selektion for integrationen af pMPK110 i Ti-plasmidet). På disse selektive plader kan der nu kun vokse agrobakterier, ved hvilke pMPK110-derivatet ved en homolog rekombination er integreret i det bakterielle Ti-plasmid.

Foruden det allerede forud eksisterende i planter aktive resistensgen mod antibiotikumet kanamycin er også resistensgenet mod PTC nu lokaliseret på Ti-plasmidet pGV3850kanR. Før disse agrobakteriekloner anvendes til transformationen, undersøges det ved hjælp af en "Southern-Blot"-undersøgelse, om den ønskede integration er sket.
b) Binær vektor-metode.

Der anvendes det binære vektorsystem, der er beskrevet af Koncz et al. i Mol. Gen. Genet. 204 (1986) 383. Den af Koncz et al. (PNAS 84 (1987) 131) beskrevne vektor pPCV701 forandres på følgende måde: ved hjælp af restriktionszymerne BamHI og HindIII fjernes et fragment, på hvilket igangsætterne TR1 og TR2 bl.a. er lokaliseret, fra vektoren. Det fremkomne plasmid ringsluttes igen. I det tilstede værende EcoRI-snitsted på denne vektor indføjes et ca. 800 basepar langt fragment fra vektoren pDH51, på hvilket igang-

sætteren og afslutteren af 35S-transkriptet fra Cauliflower Mosaic Virus ligger (Pietrzak et al., Nucleic Acids Res. 14 (1986) 5858). Det resulterende plasmid pPCV801 har et singulært SalI-snitsted mellem 35S-igang-
5 sætteren og -afslutteren. I dette snitsted indføjes det optimerede PTC-resistensgen. Ekspressionen heraf står nu under 35S-transkript-regulationssekvensernes kontrol.

Dette plasmid (pPCV801Ac) transformeres i E. coli-stammen SM10 (Simon et al., Bio/Technology 1 (1983), 10 784). Til overførsel af plasmidet pPCV801Ac til Agrobacterium tumefaciens sammenblandes hver 50 µl af SM10-kulturen og en C58-agrobakteriekultur (GV3101, Van Larebeke et al., Nature 252 (1974) 169) med Ti-plasmidet pMP90RK (Koncz et al., Mol. Gen. Genet. 204 (1986) 383) 15 som hjælpeplasmid på en tør YT-agarplade, og der inkuberes i ca. 16 timer ved 28°C. Bakterierne resuspenderes efter i 3 ml 1 mM MgSO₄, og der udspredes på antibiotika-plader (rifampicin 0,1 g/l: selektion for GV3101, kanamycin 0,025 g/l: selektion for pMP90RK, carbenicillin 20 0,1 g/l: selektion for pPCV801Ac). På disse plader kan kun vokse agrobakterier, der indeholder begge plasmider (pMP90RK og pPCV801Ac). Før disse agrobakterier anvendes til plantetransformationen, blev det ved hjælp af "Southern Blotting" undersøgt, om plasmidet pPCV801Ac er til stede 25 i dets korrekte form i agrobakterierne.

8. Transformation af Nicotiana tabacum via Agrobacterium tumefaciens.

Det optimerede resistensgen overføres ved hjælp af den såkaldte "leaf disc"-transformationsmetode til tobaks-
30 planter.

Agrobakterierne fremdyrkes i 30 ml LB-medium med de tilsvarende antibiotika ved 28°C under stadig omrystning (ca. 5 dage). Herefter sedimenteres bakterierne ved en 10 minutters centrifugering ved 7000 opm i en Christ-
35 centrifuge, og der vaskes én gang med 20 ml 10 mM MgSO₄. Efter yderligere en centrifugering suspenderes bakterierne i 20 ml 10 mM MgSO₄, og de overføres til en petriskål. Til

bladskive-infektionen anvendes blade af i sterilkultur på 2MS-medium voksende Wisconsin 38-tobaksplanter. Alle sterilkulturer holdes ved 25-27°C i en rytme med 16 timers hvidt lys/8 timers mørke.

5 Blade fra tobaksplanten snittes af, og bladoverfladen såres med sandpapir. Efter at have såret bladene snittes de i mindre stykker, og de dyppes i bakteriekulturen. Herefter overføres bladstykkerne til M+S-medium, og de holdes i 2 dage under normale kulturbetingelser. Efter to dages infektion med bakterierne vaskes bladstykkerne i et flydende M+S-medium, og de overføres til MSC10-agarplader. Transformerede spirer selekteres på baggrund af den medoverførte resistens mod antibiotikumet kanamycin. 3-6 Uger senere bliver den første spire synlig. Enkelte spirer videredyrkes 10 på MSC15-medium i glasbeholdere. I de følgende uger danner transformerede spirer rod på snitstedet.

15

Transformerede planter kan også selekteres direkte på PTC-holdige plantemedier. Ved DNA-analyse ("Southern Blotting") og RNA-analyse ("Northern Blotting") af de transformerede planter påvises tilstedeværelsen og ekspressionen af PTC-resistensgenet.

20 9. Påvisning af de transformerede planters PTC-resistens.
Til undersøgelse af resistensgenets funktionalitet i transformerede planter overføres bladfragmenter af transformerede og ikke-transformerede planter til M+S-næringsmedier med $1 \cdot 10^{-4}$ M L-PTC. Fragmenter af ikke-transformerede planter uddør, medens der på fragmenter af transformerede planter kan regenereres nye spirer. Transformerede spirer danner rod og vokser uden problemer på M+S-næringsmedier med $1 \cdot 10^{-3}$ M L-PTC. Transformerede planter plantes under sterile betingelser i jord, og de sprøjtes med 2 kg/ha og 5 kg/ha PTC. Mens ikke-transformerede planter ikke overlever denne herbicidbehandling, viser de transformerede planter ingen af de skader, som herbicidet 25 bevirket. Udseendet og vækstforholdet af de sprøjtede, transformerede planter er mindst lige så godt som ved de 30 usprøjtede kontrolplanter.

35

10. Acetyltransferase-undersøgelse til påvisning af PTC-acetyleringen i transgene, PTC-resistente planter.

Ca. 100 mg bladvæv fra transgene, PTC-resistente tobaksplanter eller fra ikke-transformerede tobaksplanter 5 homogeniseres i en puffer, der består af: 50 mM tris/HCl, pH 7,5; 2 mM EDTA; 0,1 mg/ml leupeptin; 0,3 mg/ml okseserumalbumin; 0,3 mg/ml DTT; 0,15 mg/ml phenylmethylsulfonylfluorid (PMSF).

Efter en efterfølgende centrifugering inkuberes 10 20 µl af den klare ovenstående væske med en 1 µl 10 mM radioaktivt mærket D,L-PTC og 1 µl 100 mM acetyl-CoA i 20 minutter ved 37°C. Herefter sættes 25 µl 12%'s trichloreddiksyre til reaktionsblandingen, og der fracentrifugeres.

Fra den ovenstående væske overføres 15 7 µl til en tyndlags-chromatografi-plade, og i en blanding af pyridin, n-butanol, eddikesyre og vand (50:75:15:60-rumfangsdele) fremkaldes opstigning to gange. PTC og acetyl-PTC adskilles således fra hinanden, og de kan påvises ved autoradiografi.

Ikke-transformerede planter viser ingen omsætning af PTC 20 til acetyl-PTC, mens transgene, resistente planter er i stand dertil.

35 30 25 20 15 10 5

MET SER PRO GLU ARG PRO VAL GLU ILE ARG PRO ALA THR ALA ALA ASP MET ALA ALA VAL CYS ASP ILE VAL ASN HIS TYR
 TC GAC ATG TCT CGG DAG AGG AGA CCA GTT GAG ATT AGG CCA CCT AGA GCA GCT GAT ATG GCG GTC TGT GAT ATC GTT AAC CAT TAC
 G TAC AGA GGC CTC TCC TGT CAA CTC TAA TCC GGT CGA TGT CGT CGA CTA TAG CGC CAA ACA CTA TAG CGA TTG GTC ATG
 4

ILE GLU THR SER THR VAL ASN PHE ARG THR GLU PRO GLN THR PRO GLN GLU TRP ILE ASP ASP LEU GLU ARG LEU GLN ASP ARG TYR PRO
 ATT GAG ACC TCT ACA GTC AAC TTT AGG ACA GAG CCA CAA ACA CCA CCT AGG GGT ATT GCT TAC GAG TGG ATT GAT GAT CTA GAG AGG AAC GCT AGC TAC GAT TGG CAA GAT AGA TAC CCT
 TAA CTC TGC AGA TGT CAC TTO AAA TCC TGT CTC CCT GGT ATT GCT GGT GGT GAT CCT ACC TAA CTA CTA GAT CTC TCC AAC GTC TCA TCT ATG GCA
 100

TRP LEU VAL ALA GLU VAL GLU GLY VAL VAL ALA GLY PRO TRP LYS ALA ARG ASN ALA TYR ASP TRP THR VAL GLU
 TGG TGG GCT GAG GGT GGT GGT GCT GGT ATT GCT TAC GCA TCC GGA TCC AGA TCC GGC CTA CGA TCC AGA TCC GCA CCT GGT GGT GCT GGT GCA GAT GCA GGT
 ACC AAC CAA CGA CCT CCA CCT CCA CAC TCA CCA CCT AAC TCA TCC TGT CTC CCT AGG CCT GAT CCT AGG TGT AAC ATG TGT GTC AAC GAA TTC AGA TAC CCT CTC CGC GTC CAA
 200

SER THR VAL TYR VAL SER HIS ARG HIS GLN ARG LEU GLY LEU GLY SER THR LEU TYR THR HIS LEU LEU LYS SER MET GLU ALA GLN GLY
 ACT ACT GCT TAC GTC TCA CAT AGC CAT CAA AGG TGG GGC CTA CGA TCC AGA TCC AGC CAT TGG CAA GAT CCT TGG AGC GAG AAC GCT AGC TAC GCA GGT
 TCA TGA CAA ATG CAC AGT GTC TCC GTC GTC GTC GAA GGT TGG CTA CCT AAC TCC AGC GTC GAT CCT AGG TGT AAC ATG TGT GTC AAC GAA TTC AGA TAC CCT CTC CGC GTC CAA
 300

PHE LYS SER VAL VAL ALA VAL ILE GLY LEU PRO ASN ASP PRO SER VAL ARG LEU HIS GLU ALA LEU GLY TYR THR ALA ARG GLY THR LEU
 TTT ATG TCT GTC GTC ATT GGC CTT CCA AAC GAT CCA TCT ATT AGG TGG CAT GAG CCT TGG GGA TAC ACA CCC CGG GGT AGA TCA TGT
 AAA TTC AGA CAC CAA TAT CGG CAA TAT CGG GAA GGT TGG CTA CCT AAC TCC AGC GTC CTC CGA AAC CCT ATG TGT GTC AAC GAA TTC AGA TAC CCT CTC CGC GTC CAA
 400

ARG ALA ALA GLY TYR LYS HIS GLY GLY TRP HIS ASP VAL GLY GLY PHE TRP GLN ARG ASP VAL GLY LEU PRO ALA PRO PRO ARG PRO VAL ARG
 CGC GCA GCT GGA TAC AAG CAT GGT GGA TGG CAT GAT GTC GGT ATT GCA AGG GAT ATT GAO TTT GAO TTO CCA GCT CCT CCA GGG CCA CCT AGG
 CGG CGT CGA CCT ACC TTC GTC CCA CCT ACC GTC CTA CAA CCA AAA ACC GTC CTC AAA CTC AAC GGT CGA GGA GGT TCC GGT CAA TCC
 500

PRO VAL THR GLN ILE ---
 CCA GTC ACC CAG ATC TGA G
 GGT CAA TGG GTC TAG ACT CAG CT
Aminosyre- og DNA-sekvens 1

15

5
10
15
20
25
30
35

MET BSR PRO GLU ARG PRO VAL GLU ILE ARG PRO ALA THR ALA ALA ASP MET ALA VAL CYS ASP ILE VAL ASN HIS TTR
 DBCG ATG TCT CGG ATT AGG CCA CCT GAT ATT AGC GCA QCT QAT ATG GCG GCG GTT TGT GAT ATG CTT AAC CAT TAC
 G TAC AGA GCG CTC TCC TGT CAA CTC TMA TCC GGT CGA TGT CGT CGA CAA CTA TAC CAA CTA TAA CAA TGA ATG

PHE LYS SER VAL VAL ALA VAL ILE GLY LEU HIS GLN ALA LEU GLY TTR THR ALA ARG GLY THR LEU
 TTT AGG TCT GTC OTT ATA CGG CTT CCA AAC GAT CCA TGT CGC CAT GAG OCT TTO QQA TAG ACA GCG GGT ACA TTG
 AAA TTC AGA CAC CAA CAA TAT CCC QIA GGT TTD CTA GGT AGA CAA TCC AAC GTA CTC CGA AAC CCT ATG TGT CGA TGT AAC
 IIIB

	ALA	GLY	TRP	HIS	ASP	VAL	GLY	PHE	TRP	GUN	ARG	ABP	PHR	GLU	LEU	PRO	PRO	PRO	VAL	ARG
AB1	ALA	ALA	GLY	TRP	WTS	HIS	GUY	GUY	TRP	GUN	ARG	ABP	PHR	GLU	LEU	PRO	PRO	PRO	VAL	ARG
	CAC	CAC	GCA	GCA	TTC	AAA	AAA	AAA	GTT	GAT	GAT	GAT	GAT	GAT	TTC	CCA	CCA	CCA	GTC	GTC
	GCG	GCG	GCA	GCA	TAC	AAO	CAT	CAT	GCA	GGG	GGG	GGG	GGG	GGG	TAA	CTT	CTT	CTT	TCC	TCC
	CCC	CCC	GCT	GCT	TCA	CCC	CCC	CCC	GCT	GGG	GGG	GGG	GGG	GGG	TAA	CTC	CTC	CTC	TCC	TCC
	CCG	CCG	GCT	GCT	TCA	CCC	CCC	CCC	GCT	GGG	GGG	GGG	GGG	GGG	TAA	CTA	CTA	CTA	TCC	TCC

Iva	PRO	TAA	THR	GUN	ILK	---
	CCA	GTT	ACC	CAO	TOA	O
	GGT	CAA	TGG	GTC	TAG	ACT
						CAO

Aminosyre- og DNA-sekvenser 11

P A T E N T K R A V

1. Resistensgen, der koder for proteinet med amino-syresekvensen I, idet der som startcodon anvendes ATG og som stopcodon TGA, og genets GC-andel er tilpasset GC-andelen
5 i planter.
2. Resistensgen ifølge krav 1, kendtegnet ved DNA-sekvensen I (nucleotidposition 9-554).
3. Genstruktur, kendtegnet ved, at DNA-sekvensen I er koblet til i planter aktive regulations- og
10 ekspressionssignaler.
4. Vektor, kendtegnet ved resistensgenet ifølge krav 1 eller 2.
5. Vektor, kendtegnet ved en genstruktur ifølge krav 3.
- 15 6. Vektorer indeholdende en eller flere DNA-sekvenser valgt blandt:
 - I (nucleotid nr. 1-152)
 - II (nucleotid nr. 153-312)
 - III (nucleotid nr. 313-436) eller
20 IV (nucleotid nr. 437-558).
7. Værtscelle, kendtegnet ved en vektor ifølge krav 4, 5 eller 6.
8. Plantecelle, kendtegnet ved et gen
25 ifølge krav 1, 2 eller 3.
9. Planter, dele heraf og frø, kendtegnet ved et gen ifølge krav 1, 2 eller 3.
10. Anvendelse af genet ifølge krav 1 eller 2 eller af genstrukturen ifølge krav 3 til tilvejebringelse af phosphinothricin-resistente planteceller, plantedele, planter
30 og frø.