

國立臺灣大學生物資源暨農學院農藝學系



碩士論文

Department of Agronomy
College of Bioresources and Agriculture
National Taiwan University
Master Thesis

植物耐溫度逆境主要轉錄因子及所調節基因之
搜尋與探討

The Search and Exploration of Major Transcription
Factors and Regulated Genes Correlated with Tolerance to
Temperature Stress of Plants

賴亭妤

Ting-Yu Lai

指導教授：林順福 博士

Advisor: Shun-Fu Lin, Ph.D.

中華民國 106 年 7 月

July, 2017

國立臺灣大學碩士學位論文
口試委員會審定書

植物耐溫度逆境主要轉錄因子及所調節基因
之搜尋與探討

The Search and Exploration of Major Transcription Factors
and Regulated Genes Correlated with Tolerance to
Temperature Stress of Plants

本論文係 賴亭妤 君 (R03621110) 在國立臺灣大學農藝學系、
所完成之碩士學位論文，於民國 106 年 07 月 28 日承下列考試委員審
查通過及口試及格，特此證明

口試委員：

國立臺灣大學農藝學系教授
彭雲明 博士 (召集委員)

彭雲明

中國文化大學園藝暨生物技術學系教授
林冠宏 博士

林冠宏

行政院農委會茶業改良場文山分場茶作股股長
胡智益 博士

胡智益

國立臺灣大學農藝學系副教授
林順福 博士 (指導教授)

林順福

致謝

這天的到來來的有點早又有點晚，轉眼間要脫離學生的生活，讓我感到開心同時也令我不捨這一切的人、事、物。詩篇 23:4「我雖行過死蔭的幽谷，也不怕遭害，因為你與我同在；你的杖，你的竿，都安慰我。」這經節陪伴我度過研究生涯，在我開心、失意時都受到點醒，你的話是我腳前的燈是我路上的光，值得一生信靠。

在這研究生涯中最感謝的是指導教授林順福老師，在我論文指導及人生方向的指引，老師總是給予明確且開放的意見，並依每個人不同的特質給予不同的指導，這點讓我敬佩。此外，特別感謝口試委員林冠宏老師及胡智益股長對論文的細心審查，林冠宏老師所建議的功能性分群及胡智益股長提出的退化性引子之設計，皆讓我的論文能夠修改得更加完善。

感謝彭雲明老師在口試當天的建議及提點，也感謝在碩士班三年間，彭老師在資料分析及人生方向的指引，讓我在一次次的談話中感受到老師對我的關心及展望，當我在低潮時給予一個強力的指引，使我更能堅定持續地走下去，韓愈師說：「師者，所以傳道、授業、解惑也」，彭雲明老師及林順福老師不僅僅在傳道授業為一個師者，也是我人生中最明亮的一盞燈照亮我人生的方向，也要感謝林彥蓉老師兩年多的指導，事必躬親的做事態度讓我敬佩。

此外，我要感謝時常陪伴在我身邊的伙伴，感謝柔誼學姊在研究生涯陪伴我，有屬靈同伴的代禱讓我在面臨瓶頸時，有了主的安慰及應許，感受到肢體建造的甜美；感謝實驗室夥伴長軒、苡廷、柔瑄的陪伴，讓我在研究生涯最後一段時間能夠得到安慰及鼓勵，特別感謝學妹冠秀，時常在我低潮時以垃圾話破題讓我情緒回穩，接著以冷靜精闢的話語給我意見，在研究及人生課題上皆為我的良師益友。

另外感謝四樓實驗室的女孩，芄諭、仲汶和瀨予在碩士班趕論文的時間互相扶持與鼓勵，每每都在拚誰是四樓最晚走的人，在這段時間有同伴的談話及陪伴讓我碩士生涯增色了不少；還要感謝我從屏科大直升到台大的朱衍臻學弟，有垃圾話充斥著碩士三年，使我能夠在垃圾話中成長茁壯，也領受到屏科大一慣的講話風格！特別感謝在碩士班三年間，一同與我過召會生活的社區聖徒，尤其是黎爸爸、黎媽媽周全柔細的照顧，讓我在碩士期間受成全及成長。

最後，感謝爸爸媽媽的支持，在我瓶頸時以溫暖的話語扶持我向上，也供我衣食無缺的唸完碩士班，還有弟弟妹妹的支持與鼓勵，讓我知道家才是永遠的避風港！

感謝主，讓我在碩士班三年的時光，經歷了死蔭的幽谷，又讓我升天共享榮耀，這段旅程真是不虛此行，畢業在即希望這時間的經歷，將會成為我未來的養分，供我堅定持續的行向我的道路！

中文摘要



全球氣候急遽變遷下，氣候因子嚴重地影響植物生長發育及面對逆境時存活的能力，在非生物逆境中，溫度逆境對作物影響最為廣泛。許多基因調控植物在逆境下的反應，其中轉錄因子已被證實為植物面對溫度逆境時調控之要角，近年來，關於轉錄因子對植物在溫度逆境之調控的單一植物或個別基因之研究甚多，但缺乏跨物種或多種近緣基因之研究，基於此本研究蒐集植物中不同的調控溫度逆境之轉錄因子及轉錄因子所調控基因之資料，進行綜合性的探討。

本研究於 NCBI、Brassica database、JGI、MaizeGDB 及 Phytozome 等資料庫搜尋與溫度逆境相關之植物轉錄因子或相關基因的核苷酸及胺基酸序列，結果獲得最多數的 HSF、WRKY、DREB/CBF 及 DREB/CBF 所調控之 *COR15* 基因之資料。結果顯示多數 HSF 轉錄因子僅受高溫之影響，亦有均能受高溫及低溫影響者；除了在小麥 TaWRKY33 轉錄因子受高溫及低溫影響外，其餘 WRKY 轉錄因子均受低溫影響；而 DREB/CBF 轉錄因子則因植物之不同而有高溫或低溫影響之差異；轉錄因子所調節之 *COR15* 基因則主要受低溫影響。

研究結果顯示單子葉與雙子葉植物間的 WRKY 轉錄因子的全基因序列長度、高度相似性片段 G/C 所佔比率均有明顯的差異，但是在 HSF、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因則均未有明顯差異。

針對核苷酸序列進行多重序列比較，發現三大轉錄因子及 *COR15* 基因在物種間具有兩區間之連續高度相似性片段，在單子葉及雙子葉植物中皆具有高度相似性，因此可針對連續高度相似性片段設計引子，作為篩檢三大轉錄因子及 *COR15* 基因在物種間之通用工具。

依據胺基酸序列高度相似性序列進行分群，結果可分為兩大群，且群間具特有的高度相似性序列。三大轉錄因子中轉譯起始點—甲硫胺酸 (methionine) 至 DNA binding domain 之前，物種間胺基酸序列歧異度較高，而 DNA binding domain 在單子葉及雙子葉植物中均具有高度的保守性；而在三大轉錄因子之胺基酸連續高度相似性片段，即位於轉錄因子之 DNA binding domain 上，證實核苷酸與胺基酸序列的保守序列分別所對應的轉錄及轉譯位置的正確性，而此區域之胺基酸序列較核苷酸序列有較高之保守性，則是有少數遺傳字碼簡併性的發生。在阿拉伯芥的 *COR15* 基因之 99 bp – 103 bp 區間的核苷酸序列亦為 DREB/CBF element 的核心保守序列 (CCGAC)，說明 DREB/CBF 轉錄因子可結合 *COR15* 基因之核心保守序列，進而調控 *COR15* 在低溫逆境下之表現，更加驗證 *COR15* 基因與 DREB/CBF 轉錄因子間之調控關係。

本研究剖析 HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因之核苷酸及胺基酸序列在物種間之保守性，並辨識出在植物物種間連續高度相似性之片段，並利用此片段設計引子，作為篩檢物種間三大轉錄因子及 *COR15* 基因之利用工具，期望結果能作為各種作物選育耐溫度逆境品系之參考。

關鍵字：溫度逆境、轉錄因子、HSF、WRKY、DREB/CBF、*COR15*

Abstract

Under the dramatic change of climate, the climatic factors seriously affect the growth and the survival rate of plants. Extreme temperature is the most diverse abiotic stress to the crops. Many genes regulating the reactions of plant under stress were reported. Transcription factors (TF) have been proven to be the most important regulating factors of plant under temperature stress. However, only single plant species or particular gene related to TF for plants under temperature stress were studied in the previous studies. Studies on the TFs involving in multiple species or correlated genes are needed. Therefore, DNA or amino acid sequences of TFs related to temperature stress from various plant species were collected and analyzed in this study to obtain a comprehensive result.

Information of TFs related to temperature stress was searched from NCBI, Brassica database, JGI, MaizeGDB and Phytozome databases. Among the investigated data, TFs HSF, WRKY, and DREB/CBF as well as *COR15* gene are the most predominant. The investigated data indicate that most HSF TFs are affected only by high temperature stress, and only a few HSF TFs are affected by both high and low temperatures. Except for wheat's TaWRKY33 impacted by both high and low temperatures, all WRKY TFs are affected by low temperature. Nevertheless, DREB/CBF TFs affected by high or low temperature are varied according to different plant species. And TF regulating genes - *COR15* are affected by cold stress.

The results indicated that obvious differences between monocot and dicot plant species on whole genomic sequence length, G/C content, high similarity region, high similarity region of G/C content were observed in WRKY TFs, but not found in HSF, WRKY, DREB/CBF TFs and *COR15* gene.

Due to the incessantly conservative DNA sequences of above three TF families and *COR15* gene were identified by multiple sequence alignments, universal primer pairs were designed to screen the TFs or genes for diverse plant species.

Two groups of plant species in each TF family were found in the cluster analysis according to amino acid sequences, and the main divergent regions were located between the translation start point (methionine) and the downstream of binding domain. The conservative amino acid sequences were traced on the DNA binding domain, indicating the accurate corresponding regions for transcription and translation. Owing to the existence of degenerate codons, higher conservative rates were found in the amino acid sequences than the nucleic acid sequences.

The finding that the DNA sequence of 99 bp -103 bp region on *COR15* gene was the same as the core conserved sequence (CCGAC) of DREB/CBF element in *Arabidopsis thaliana*, indicating the possible regulation system for cold stress through

the binding of the two conserved sequences.

In this study, we dissected the analogous sequences of nucleic acid and amino acid of three TF families and identified high conservative regions among plant species. Based on the identified sequences, universal primer pairs were designed as a tool to screen these TF families and regulated gene *COR15* for diverse plant species. The results of this study could provide basic information for selecting superior lines of various plant species with tolerance or resistance to temperature stress.

Key word: Extreme temperature 、 Transcription factor 、 HSF 、 WRKY 、 DREB/CBF 、 *COR15*

目錄

口試委員審定書	i
致謝	ii
中文摘要	iii
Abstract.....	v
目錄	vii
表目錄	ix
圖目錄	x
一、 前言	1
二、 前人研究	3
(一) 熱休克轉錄因子 (heat shock transcription factor, HSF).....	3
(二) WRKY 轉錄因子	3
(三) DREB/CBF 轉錄因子	4
(四) Cold responsive 15(COR15) 基因—由 CBF 轉錄因子所調控基因	5
三、 材料與方法	6
(一) 資料庫序列搜尋	6
(二) 核苷酸及胺基酸序列分析及親緣樹狀圖	7
四、 結果	8
(一) 資料庫序列搜尋	8
1. 基因體序列搜尋	8
(二) 核苷酸序列分析	11
1. 核苷酸序列組成分析	11
(1) HSF 轉錄因子	11
(2) WRKY 轉錄因子	15
(3) DREB/CBF 轉錄因子	18
(4) COR15 基因	19
2. 核苷酸保守序列組成	22
(1) HSF 轉錄因子	22
(2) WRKY 轉錄因子	23
(3) DREB/CBF 轉錄因子	24
(4) COR15 基因	25
(三) 胺基酸保守序列組成	44
1. HSF 轉錄因子	44
2. WRKY 轉錄因子	45
3. DREB/CBF 轉錄因子	46
4. COR15 基因	47
(四) 親緣關係分析	69

1. HSF 轉錄因子.....	69
2. WRKY 轉錄因子.....	70
3. DREB/CBF 轉錄因子.....	70
4. COR15 基因.....	71
五、 討論.....	76
(一) HSF 轉錄因子分析.....	76
1. 全基因序列及高度相似性區域 G/C 所佔的比率.....	76
2. 核苷酸及胺基酸序列高度相似性片段.....	76
3. 親緣關係分析.....	77
(二) WRKY 轉錄因子分析.....	78
1. 全基因序列及高度相似性區域 G/C 所佔的比率.....	78
2. 核苷酸及胺基酸序列高度相似性片段.....	79
3. 親緣關係分析.....	80
(三) DREB/CBF 轉錄因子分析.....	81
1. 全基因序列及保守片段 G/C 所佔比率.....	81
2. 核苷酸及胺基酸序列高度相似性片段.....	81
3. 親緣關係分析.....	83
(四) COR15 基因與 DREB/CBF 轉錄因子之關係.....	84
1. 序列及保守區域 G/C 所佔的比率.....	84
2. 核苷酸及胺基酸序列保守片段.....	84
3. 親緣關係分析.....	85
六、 結論.....	88
參考文獻.....	89
附錄.....	102

表目錄



表一、本研究所搜尋轉錄因子及所調控基因之核苷酸與胺基酸序列列表	10
表二、HSF 轉錄因子在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列總長與 其 G/C 所佔之比率	12
表三、HSF 轉錄因子在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列總長及 其 G/C 所佔之比率	13
表四、WRKY 轉錄因子在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列總長 及其 G/C 所佔之比率	16
表五、WRKY 轉錄因子在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列總長 及其 G/C 所佔之比率	17
表六、DREB/CBF 轉錄因子在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列 總長及其 G/C 所佔之比率	20
表七、DREB/CBF 轉錄因子在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列 總長及其 G/C 所佔之比率	21
表八、 <i>COR15</i> 基因在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率	22
表九、 <i>COR15</i> 基因在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率	22

圖目錄


圖一、HSF 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸保守片段.....	32
圖二、WRKY 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸保守片段.....	37
圖三、DREB/CBF 轉錄因子在單子葉作物及雙子葉植物中核苷酸保守片段.....	42
圖四、 <i>COR15</i> 基因在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段.....	43
圖五、HSF 轉錄因子之 DNA-BINDING DOMAIN 在植物中胺基酸高度相似性序列	52
圖六、HSF 轉錄因子之 HR-A/B DOMAIN 在植物中胺基酸高度相似性序列.....	58
圖七、WRKY 轉錄因子之 DNA-BINDING DOMAIN 在植物中胺基酸高度相似性序 列.....	61
圖八、DREB/CBF 轉錄因子之 DNA-BINDING DOMAIN 在植物中胺基酸保守序列.	66
圖九、 <i>COR15</i> 基因在植物中胺基酸保守序列.....	68
圖十、HSF 轉錄因子胺基酸序列以鄰接法所產生單子葉及雙子葉植物之親緣關 係樹狀圖。.....	72
圖十一、WRKY 轉錄因子胺基酸序列以鄰接法所產生單子葉及雙子葉植物之親 緣關係樹狀圖。.....	73
圖十二、DREB/CBF 轉錄因子胺基酸序列以鄰接法所產生單子葉及雙子葉植物 之親緣關係樹狀圖。.....	74
圖十三、 <i>COR15</i> 基因胺基酸序列以鄰接法(NEIGHBOR JOINING METHOD)產生單子葉 及雙子葉植物之親緣關係樹狀圖。.....	75

一、前言

近年來全球氣候急遽變遷，而氣候變遷則增強植物生長發育時的環境壓力，常見的環境壓力包括乾旱、淹水、高溫及低溫等非生物逆境，當逆境發生時將影響作物的存活、產量及品質 (Wang *et al.*, 2013)，為了因應環境的挑戰，植物演化出一套複雜的分子網絡 (molecular networks) 以適應極端氣候 (Bohnert *et al.*, 1995; Ross *et al.*, 2007; Rashid *et al.*, 2012)。其中轉錄調控機制 (transcription regulation mechanisms) 在植物體中扮演面對逆境時調適植物體發育的重要角色 (Mukhopadhyay *et al.*, 2004; Xu *et al.*, 2008; Xu *et al.*, 2011)。

溫度逆境對作物之影響最為普遍，故被視為影響作物生產最重要的非生物逆境，在植物面對溫度逆境時大量的基因產生調節反應 (Akhtar *et al.*, 2015)，而其轉錄因子則為植物在逆境時主要的調控角色。近年來關於轉錄因子的研究甚多，在人類、動物及植物中皆有研究，在人類研究中，轉錄因子調節系統過表現或失去功能將影響到癌症發生及人類發育功能障礙 (Vaquerizas *et al.*, 2009)，在植物中，轉錄因子已被證實為植物面對多重非生物逆境時的調控角色，常見的逆境調控轉錄因子有 AP2/ERF1、HSF、MYB、WRKY、NAC、DREB/CBF 及 bZIP 等家族 (Wang *et al.*, 2016)，其中 WRKY 轉錄因子僅發現在植物中 (Zhou *et al.*, 2008)，而 HSF (heat shock transcription factor, HSF) 轉錄因子則為植物面對高溫逆境時重要的調控因子 (Lin *et al.*, 2011)。此外，DREB/CBF 轉錄因子所調控之下游 *COR* (cold-responsive) 基因，亦為植物面對低溫逆境時的調控基因 (Zhou *et al.*, 2012)，上述的調控因子及其下游基因皆為植物在面對逆境時自我調控的要角。

近年來有關植物在溫度逆境下轉錄因子的重要研究，包括水稻熱休克轉錄因子 (heat shock transcription factor, HSF) 在對高溫、低溫逆境時調控機制及表現量 (Mittal *et al.*, 2009)；及小麥的 WRKY 轉錄因子對低溫逆境時之表現量 (Wang *et al.*, 2013)，結果皆顯示在溫度逆境下水稻熱休克轉錄因子 (HSF) 及小麥的 WRKY 轉錄因子皆有高度的表現量；在小麥的 AP2/ERF1 家族之 TaPIE1 過表現可提升小



麥在 9°C 及 -9°C 低溫逆境下之耐受性，存活率較一般小麥之高出 50% - 70% (Zhu *et al.*, 2014)。將大豆的 GmMYBJ1 (MYB 家族) 轉殖至阿拉伯芥中，可提升阿拉伯芥對乾旱及低溫逆境 (4°C) 之耐受性 (Su *et al.*, 2014)。小麥的 TaWRKY93 (WRKY 家族) 轉殖至阿拉伯芥中，可提升阿拉伯芥對鹽害、乾旱及低溫逆境之耐受性 (Qin *et al.*, 2015)。NAC 家族的 OsNAP 在水稻中過表現，可提升低溫、鹽害、乾旱的耐受性 (Chen *et al.*, 2012)；將大豆的 GmbZIP1 轉殖至菸草中，可提升菸草的乾旱、鹽害、寒害的耐受性，由多篇研究可知，轉錄因子可提升植物在逆境下之耐受性。

近十年來，調控溫度逆境相關轉錄因子之研究不斷的被提出，但皆為個別基因、轉錄因子的研究，缺乏綜合性的研究，無法了解這些因子間之共同點或差異之處，基於此，本研究蒐集植物中不同的調控溫度逆境之轉錄因子及轉錄因子之調控基因資料，進行綜合性的分析與研究。

由於在所蒐集與溫度逆境相關之轉錄因子中以 HSF、WRKY、DREB/CBF 三大轉錄因子及 *COR15* 基因佔最多數目，利於比對及分析，故為本研究重點。即可在不同植物中找出核苷酸序列在物種間的保守性，進而劃分出高度相似性片段，找出在物種間之共同連續片段，並可依據此連續高度相似性片段設計引子，作為篩選各種物種之 HSF、WRKY、DREB/CBF 三大轉錄因子及 *COR15* 基因之工具，並針對核苷酸及胺基酸序列進行多重序列比較分析，以建立親緣關係樹圖，探討植物物種間溫度逆境轉錄因子之遺傳相似性，期望結果能提供作物溫度逆境研究之參考或應用。

二、前人研究

轉錄因子已被證實為植物面對多重非生物逆境時的調控角色，本研究所搜尋之轉錄因子大多為 HSF、WRKY 及 DREB/CBF 之轉錄因子家族，並針對 HSF、WRKY 及 DREB/CBF 三大轉錄因子與 CBF 轉錄因子所控制之 *COR15* 基因進行更深入的探討。

(一)熱休克轉錄因子 (heat shock transcription factor, HSF)

熱休克轉錄因子為植物體面對高溫逆境時的重要調控因子，為熱逆境剛發生時初級的反應分子，可活化熱休克蛋白的表現(Wu, 1995)。與其他的轉錄因子相似，HSF 有其模式結構 (modular structure)，HSF 轉錄因子由 N 端至 C 端常見的中心結構為具 Helix-turn-Helix 組成的 DNA 鍵結區 (DNA binding domain, DBD)、具七重複疏水性組成(heptad hydrophobic repeat, HR A/B)之 adjacent domain 及由短胜肽模組(motif)組成的核定位信號區(nuclear localization signal, NLS)，偶有些 HSF 轉錄因子在 C 端處具有核輸出信號 (nuclear export signal, NES) 及 AHA 型的 activation domain (Kotak *et al.*, 2004)。根據上述之基本結構及演化上的保守性分類，植物的熱休克轉錄因子，可分為 A、B、C 三大群，具有 21 個胺基酸殘基插入 HR A/B 區的為 A 群，而無序列插入 HR A/B 區的為 B 群，7 個胺基酸殘基插入 HR A/B 區的 C 群 (Nover *et al.*, 2001)。

近年來的研究指出，熱休克轉錄因子可調控植物在逆境下的耐受性，包括高溫逆境 (Guo *et al.*, 2008; Hu *et al.*, 2009; Mittal *et al.*, 2009)、低溫逆境 (Li *et al.*, 2003; Hu *et al.*, 2009; Mittal *et al.*, 2009)、鹽害逆境 (Yokotani *et al.*, 2008; Hu *et al.*, 2009)、乾旱逆境 (Hu *et al.*, 2009) 及氧化逆境 (Li *et al.*, 2005; Mittal *et al.*, 2009; Liu *et al.*, 2009)等。

(二)WRKY 轉錄因子

WRKY 轉錄因子為植物特有的轉錄調控因子，在植物中有龐大的基因家族，如野生燕麥 (Rushton *et al.*, 1995)、馬鈴薯 (Dellagi *et al.*, 2000)、大麥 (Sun *et al.*,

2003)、胡椒 (Oh *et al.*, 2006)、水稻 (Ramamoorthy *et al.*, 2008)等。WRKY 轉錄因子可辨別的最顯著特色為具有 WKRY domain 及 Zinc-finger motif；其中 WRKY domain 由 60 個胺基酸組成，在此 WRKY domain 的 N 端具高度保守之 WRKYGQK motif，而位於 C 端的 Zinc finger motif 則具 C2H2(Cys2His2)或 C2HC(Cys2HisCys) 兩種型態 (Eulgem *et al.*, 1999)，因此依據 WRKY Domain 的數目及 Zinc-finger motif 的型態可將 WRKY 轉錄因子分為三群，第一群有兩個 WRKY Domain，第二、第三群皆只有一個 WRKY Domain (Yang *et al.*, 2009)；第一及第二群具有 C2H2 型的 Zinc finger motif，而第三群則為 C2HC 型的 Zinc-finger motif (Eulgem *et al.*, 1999)。

在許多的研究指出 WRKY 蛋白質參與植物面對非生物逆境之反應，WRKY 轉錄因子在阿拉伯芥面對鹽害、乾旱、寒害等非生物逆境時，具有強烈的調節反應 (Karam *et al.*, 2002; Motoaki *et al.*, 2002; Kilan *et al.*, 2007)；且當水稻面對乾旱、鹽害逆境及多種植物賀爾蒙處理時，54 個 WRKY 轉錄因子均具有顯著的調節反應 (Ramamoorthy *et al.*, 2008)；而大麥 Hv-WRKY38 轉錄因子則在低溫及乾旱逆境下均有表現 (Mare *et al.*, 2004)；但是大豆 9 個 WRKY 轉錄因子在非生物逆境下則具有不同的表現程度 (Zhou *et al.*, 2008)。

(三)DREB/CBF 轉錄因子

DREB/CBF (Dehydration responsive / C-repeat element binding factor) 轉錄因子家族為第一個在缺水逆境下被發現的轉錄因子，與其他轉錄因子相比，DREB/CBF 轉錄因子最大的特點為具有 AP2 domain。AP2 domain 最早在阿拉伯芥的 APETALA2 蛋白中被發現。AP2 domain 由 60 個胺基酸組成，具高度保守性的 DNA-binding motif，這類群的轉錄因子控制許多被逆境誘導基因的表現 (Thomashow *et al.*, 2001; Agawal *et al.*, 2006; Gao *et al.*, 2007; Kim, 2007)，許多的 DREB/CBF 可被乾旱 (Qin *et al.*, 2007)、鹽害 (Dubouzet *et al.*, 2003)、低溫 (Qin *et al.*, 2004)、高溫逆境 (Schramm *et al.*, 2008)等逆境所誘導。

具有 AP2 domain 的轉錄因子，被歸為 AP2/EREBP

(APETALA2/ethylene responsive element binding protein)轉錄因子家族 (Okamoto *et al.*, 1995; Riechmann and Meyerowitz, 1998)。在阿拉伯芥基因體編碼 145 個 AP2/EREBP 胺基酸家族，並依據 DNA-binding domain 的型態而分群 (Sakuma *et al.*, 2002)，第一群為具有兩個 AP2 domain 的 AP2 亞科、第二群為只有一個 AP2 domain 及一個 B3 DNA-binding domain 的 RVA 亞科、第三群為只有一個 AP2 domain 及 CBF 因子的 CBF/DREB2/ERF 亞科，在 CBF 亞科中 DREB2/ERF 又被劃分在另一群，其最明顯可辨別的特徵為具有 PKKP/RAGRxxKFxETRHP(PKKPAGR) 及 DSAWR 胺基酸序列 (Jaglo *et al.*, 2001; Canella *et al.*, 2010)。

(四) Cold responsive 15 (COR15) 基因—由 CBF 轉錄因子所調控基因

CBF (C-repeat element binding factor)轉錄因子訊號傳導途徑牽涉到複雜的基因調控網絡，被認為高等植物面對低溫逆境時主要的調控因子，CBF 轉錄因子藉由 CBF element 核心保守序列 (CCGAC) 與 cold-responsive 基因結合以調控 cold-responsive 基因的表現 (Baker *et al.*, 1994; Yamaguchi-Shinozaki and Shinozaki, 1994; Thomashow, 1999; Thomashow, 2001)。研究指出，阿拉伯芥的 *AtCOR15a* 基因顯著提升阿拉伯芥面對低溫逆境時的耐寒能力 (Artus *et al.*, 1996)，許多的 *AtCOR15a* 同源基因在其他植物物種中被發現，也被證實具有耐寒能力 (Zhou *et al.*, 2011)。在大麥、小麥及油菜中，*COR* 同源基因在葉片中被偵測及表現 (Cattivelli and Bartels, 1990; Lin *et al.*, 1992; Chauvin *et al.*, 1993; Weretilnyk *et al.*, 1993)。由此可知，*COR15a* 基因為高等植物在低溫逆境調控機制網絡的要角。


綜合上述研究可知，HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 CBF 轉錄因子調控的 *COR15* 基因，均為植物面對溫度逆境時之重要調控因子，因此有必要針對 HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因進行物種間之探討，作為作物改良耐溫度逆境能力之參考。

三、材料與方法

本研究分為兩大主軸，第一主軸為搜尋已知資料庫之植物與耐溫度逆境相關之轉錄因子，包括 HSF、WRKY、DREB/CBF 等轉錄因子及 *COR15* 等基因在各植物物種中的核苷酸及胺基酸序列進行判別及比對，第二主軸為針對植物物種之核苷酸及胺基酸進行多重序列比較分析，並以分析結果劃分出核苷酸及胺基酸在物種間的保守序列，以設計物種均可適用之引子對。

(一) 資料庫序列搜尋

本研究自 NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)、Brassica database (<http://brassicadb.org/brad/>)、JGI (<http://jgi.doe.gov/>)、MaizeGDB (<https://www.maizegdb.org/>)、Phytozome (<https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>) 等資料庫搜尋多種轉錄因子及轉錄因子調控之基因，包括 HSF (von Koskull-döring *et al.*, 2007; Guo *et al.*, 2008; Mittal *et al.*, 2009; Lin *et al.*, 2011; Li *et al.*, 2014; Song *et al.*, 2014; Tang *et al.*, 2016; Yang *et al.*, 2016;)、WRKY (Hwang *et al.*, 2005; Ramamoorthy *et al.*, 2008; Zhou *et al.*, 2008; Ling *et al.*, 2011; Wang *et al.*, 2013; Chen *et al.*, 2015; Wang *et al.*, 2015; He *et al.*, 2016)、DREB/CBF (Seki *et al.*, 2001; Dubouzet *et al.*, 2003; Kim *et al.*, 2004; Qin *et al.*, 2004; Xiong and Fei *et al.*, 2006; Qin *et al.*, 2007; Morran *et al.*, 2011; Chen *et al.*, 2012; Akhtar *et al.*, 2015; Kidokoro *et al.*, 2015; Huang *et al.*, 2015; Huang *et al.*, 2016)、bZIP (Zhang *et al.*, 2009)、MYB (Afrin *et al.*, 2015)及 CBL-CIPK (Zhang *et al.*, 2014)等轉錄因子家族，及 DREB/CBF 所調控之 *COR15* 基因 (Weretilnyk *et al.*, 1993; Seki *et al.*, 2001; Talanova *et al.*, 2009; Zhou *et al.*, 2012; Liang *et al.*, 2013)，在所搜尋之轉錄因子及轉錄因子所調控之基因中，HSF、WRKY、DREB/CBF 三大轉錄因子及 *COR15* 基因佔大多數，且所涵蓋的物種較多，因此針對 HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因，搜尋並分析在各植物物種間之核苷酸與胺基酸序列。其中 HSF 轉錄因子搜尋的植物物種包括阿拉伯芥(*Arabidopsis thaliana*)及白菜 (*Brassica rapa*)等兩種十字花科植物，



屬於豆科植物之大豆 (*Glycine max*)，番茄 (*Solanum lycopersicum*)及馬鈴薯 (*Solanum tuberosum*)等兩種茄科作物，水稻 (*Oryza sativa*)及玉米 (*Zea mays*)等兩種禾本科作物。WRKY 轉錄因子搜尋的植物物種包括辣椒 (*Capsicum annuum*)、番茄 (*Solanum lycopersicum*)等兩種茄科作物，大豆 (*Glycine max*)豆科作物，黃瓜 (*Cucumis sativus*)葫蘆科作物，水稻 (*Oryza sativa*)及小麥 (*Triticum aestivum*)等兩種禾本科作物；DREB/CBF 轉錄因子搜尋的植物物種包括寬葉獨行菜(*Lepidium latifolium*)、阿拉伯芥 (*Arabidopsis thaliana*)等兩種十字花科植物，花生 (*Arachis hypogaea*)、大豆 (*Glycine max*)等兩種豆科作物，水稻(*Oryza sativa*)、小麥 (*Triticum aestivum*)、玉米(*Zea mays*)、多年生黑麥草(*Lolium perenne*)等四種禾本科作物，辣椒 (*Capsicum annuum*)茄科作物，野胡蘿蔔(*Daucus carota*)繖形花科作物，罌粟花 (*Papaver nudicaule*)等罌粟花科作物；*COR15* 基因搜尋的植物物種包括阿拉伯芥 (*Arabidopsis thaliana*)、油菜(*Brassica napus*)、薺菜(*Capsella bursa-pastoris*)、亞麻薺(*Camelina sativa*)等四種十字花科植物，小麥 (*Triticum aestivum*)禾本科作物，搜尋之核苷酸及胺基酸序列蒐錄於附錄一。

(二)核苷酸及胺基酸序列分析及親緣樹狀圖

將資料庫所搜尋之序列，以 MEGA (Molecular Evolution Genetic Analysis) 7.0.2.1 版軟體 (Kumar *et al.*, 2016)進行核苷酸、胺基酸多重序列比較 (Multiple Sequence Alignment, MUSCLE) (Edgar, 2004)及 cluster W 分析，排列後的序列轉存成 FASTA 檔，並進一步進行序列分析，以 MEGA 7.0.2.1 版本的 Sequence Data Explorer 劃分出胺基酸及核苷酸序列保守片段。親緣樹狀圖的建立是將排列後的胺基酸序列以鄰接法 (neighbor joining method)繪製親緣關係樹圖 (Saitou and Nei, 1987)。


四、結果



(一) 資料庫序列搜尋

1. 基因體序列搜尋

本試驗使用 NCBI、Brassica database、JGI、MaizeGDB 及 Phytozome 等資料庫，搜尋之與溫度相關轉錄因子與轉錄因子調控基因共有 132,902 個，其中最多者為 HSF、WRKY、DREB/CBF 三大轉錄因子及 DREB/CBF 所調控之 *COR15* 基因，搜尋結果得到 HSF 轉錄因子家族共有 3840 個物種、WRKY 轉錄因子家族共有 6315 個物種、DREB/CBF 轉錄因子家族 6115 個物種之序列及 *COR15* 基因共 43 個物種之序列。並依據前人研究(表一)結果，選取具耐溫度逆境之轉錄因子及基因。HSF 轉錄因子選定物種為禾本科的水稻(稈稻)及玉米，十字花科的阿拉伯芥及白菜，茄科的番茄及馬鈴薯，豆科的大豆，共 7 種物種包含 57 個轉錄因子以進行核苷酸及胺基酸序列分析，作物核苷酸序列總長在 651 bp – 8272 bp 間、胺基酸總長在 205 aa – 641 aa 間 (表二、表三)，其中核苷酸及胺基酸序列以水稻的 *OsHSFA2C* 最長，物種間序列總長差異大。WRKY 轉錄因子選定物種為禾本科的水稻及小麥，茄科的番茄及辣椒，葫蘆科的黃瓜及豆科的大豆，共 6 種物種 23 個轉錄因子進行核苷酸、胺基酸序列分析，核苷酸序列總長介於 591 bp – 15535 bp 間、胺基酸序列介於 174 aa – 631 aa 間 (表四、表五)，而核苷酸序列以水稻的 *OsWRKY102* 最長，胺基酸序列以番茄的 *SIWRKY53* 最長，物種間序列總長差異大。DREB/CBF 轉錄因子選定之物種包括禾本科的水稻、小麥、玉米及多年生黑麥草，十字花科的阿拉伯芥及寬葉獨行菜，茄科的辣椒，繖形花科的野胡蘿蔔，罌粟科的罌粟花及豆科的花生、大豆，共 11 種物種 23 個轉錄因子以進行核苷酸及胺基酸序列分析，其核苷酸序列總長介於 567 bp – 3366 bp 間、胺基酸序列總長介於 156 aa – 407 aa 間 (表六、表七)，核苷酸序列以玉米的 *ZmDREB2A* 最長，胺基酸序列以花生的 *AhERF6* 最長，物種間序列總長差異大。*COR15* 基因獲得十字花科的阿拉伯芥、油菜、薺菜及亞麻薺以及禾本科的小麥，共 5 種物種 5 個基因進行序列分析，其物種間核苷酸序



列總長介於 686 bp – 5641 bp 間、胺基酸序列介於 104 aa – 147 aa 間 (表八、表九)，其中核苷酸序列以油菜的 *BnCor15B* 最長，胺基酸序列則以油菜的 *BnCor15B* 及小麥的 *WCor15* 最長，物種間核苷酸序列總長度差異大，胺基酸序列總長相近。核苷酸及胺基酸序列在不同的轉錄因子及基因中，隨著物種之不同有極大的差異。

表一、本研究所搜尋轉錄因子及所調控基因之核苷酸與胺基酸序列列表

Table 1. The DNA and amino acid sequences of transcription factors and the regulated genes used in this study

類別	物種 DNA 序列	物種胺基酸序列
HSF 轉錄因子	水稻 (7 個)	水稻 (9 個)*
	玉米 (11 個)	玉米 (12 個)*
	阿拉伯芥 (7 個)	阿拉伯芥 (9 個)*
	白菜 (11 個)	白菜 (11 個)
	大豆 (10 個)	大豆 (10 個)
	馬鈴薯 (3 個)	馬鈴薯 (3 個)
	番茄 (8 個)	番茄 (8 個)
WRKY 轉錄因子	辣椒 (1 個)	辣椒 (1 個)
	番茄 (9 個)	番茄 (9 個)
	黃瓜 (7 個)	黃瓜 (7 個)
	大豆 (1 個)	大豆 (1 個)
	小麥 (9 個)	小麥 (9 個)
	水稻 (9 個)	水稻 (9 個)
	花生 (3 個)	花生 (3 個)
DREB/CBF 轉錄因子	大豆 (7 個)	大豆 (8 個)*
	阿拉伯芥 (1 個)	阿拉伯芥 (1 個)
	辣椒 (1 個)	辣椒 (1 個)
	野胡蘿蔔 (1 個)	野胡蘿蔔 (1 個)
	寬葉獨行菜 (1 個)	寬葉獨行菜 (1 個)
	多年生黑麥草 (1 個)	多年生黑麥草 (1 個)
	水稻 (2 個)	水稻 (2 個)
	罌粟花 (1 個)	罌粟花 (1 個)
	小麥 (2 個)	小麥 (2 個)
	玉米 (2 個)	玉米 (7 個)*
	阿拉伯芥 (1 個)	阿拉伯芥 (2 個)*
COR15 基因 (DREB/CBF 轉錄因子調控)	油菜 (1 個)	油菜 (2 個)*
	薺菜 (1 個)	薺菜 (1 個)
	亞麻薺 (1 個)	亞麻薺 (1 個)
	小麥 (1 個)	小麥 (1 個)

*轉錄因子或所調控之基因胺基酸序列具 homology



(二)核苷酸序列分析

1. 核苷酸序列組成分析

本試驗以 MEGA7.0 軟體進行多重序列比較分析 (multiple sequence alignment, MUSCLE)，進而分析 HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 CBF 轉錄因子調控之 *COR15* 基因之保守片段組成。

(1) HSF 轉錄因子

HSF 轉錄因子在單子葉作物中序列總長介於 1377 bp (*ZmHSF20*) – 8272 bp (*OsHSA2C*)之間，全基因的 G/C 所佔比率介於 40.3% (*ZmHSF14*) – 64.2% (*ZmHSF12*)之間，在高度相似性片段中，片段總長在 651 bp (*ZmHSF20*) – 761bp (*ZmHSF24*)之間，高度相似性片段 G/C 所佔的比率介於 52.3% (*ZmHSF9*) – 67.7% (*ZmHSF12*)之間，相較全基因序列，高度相似性片段總長、高度相似性片段 G/C 所佔的比率在單子葉作物中差異不大，在玉米之 HSF 轉錄因子均僅受高溫之影響，而水稻則受高溫及低溫之影響或僅受高溫之影響 (表二)；在雙子葉植物中全基因序列總長介於 747 bp (*BrHsf-15*) – 6119bp (*StHSA3*) 之間，全基因所佔 G/C 的比率介於 29.6% (*SlHsfB-2a-like*) – 55.5% (*BrHsf-01*)之間，在高度相似性片段中，片段總長介於 445 bp (*BrHsf-23*) – 534 bp (*AtHsfA1b* 及 *SlHsfA1a*)之間，高度相似性片段 G/C 所佔的比率在 29.1% (*SlHsfB-2a-like*) – 51.9% (*BrHsf-01*)之間，相較於高度相似性片段總長，全基因序列總長及全基因所佔之 G/C 的比率在不同物種間相差甚大，高度相似性片段 G/C 所佔比率與全基因所佔之 G/C 的比率相近 (表三)，在阿拉伯芥及大豆之 HSF 轉錄因子僅受高溫之影響，而在白菜、番茄及馬鈴薯等物種之 HSF 轉錄因子則同時受高溫及低溫之影響，亦有僅受高溫影響者。與單子葉作物相比，雙子葉植物全基因、高度相似性片段所佔 G/C 的比率差異較大。在高度相似性片段總長中，單子葉作物平均總長為 725.8 bp，雙子葉植物平均總長為 511 bp；單子葉作物高度相似性片段所佔 G/C 的比率平均值為 60.9 %，雙子葉植物平均值為 42.7 %；單子葉作物全基因序列總長平均為 3268.6 bp，雙子葉植物全

基因序列總長平均為 2509 bp；單子葉作物全基因 G/C 所佔比率平均值為 53.6%，雙子葉植物全基因 G/C 所佔的比率平均值為 40.9%，在單子葉作物中，全基因序列總長、高度相似性片段總長、全基因 G/C 所佔比率及高度相似性片段 G/C 所佔比率之平均值較雙子葉植物高，此為單子葉作物與雙子葉作物差異處。

表二、HSF 轉錄因子在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列總長與其 G/C 所佔之比率

Table 2. The length and G/C content of whole genomic and high similarity sequences in HSF of transcription factors in monocotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長度(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長(bp)	G/C 所佔比率(%)
OsHSFA2A	H/L	749	63.2	2594	55.9
OsHSFA2C	H	757	57.8	8272	42.2
OsHSFA2D	H/L	737	57.7	6370	43.0
OsHSFB2A	H	668	65.0	1705	58.9
OsHSFC2A	H/L	703	66.3	1493	61.9
OsHSFC2B	H/L	671	65.9	2529	52.3
ZmHSF2	H	739	54.0	2408	49.1
ZmHSF4	H	757	54.4	4020	47.0
ZmHSF6	H	749	57.2	3446	52.8
ZmHSF7	H	713	64.6	1745	63.6
ZmHSF8	H	721	64.1	1680	62.6
ZmHSF9	H	758	52.3	4462	41.9
ZmHSF10	H	728	63.9	1891	61.9
ZmHSF12	H	699	67.7	1474	64.2
ZmHSF13	H	746	64.9	2325	57.5
ZmHSF14	H	757	53.3	7416	40.3
ZmHSF20	H	651	65.6	1377	61.9
ZmHSF24	H	761	58.1	3628	47.8
平均		725.8	60.9	3268.6	53.6
範圍		651 – 761	52.3 – 67.7	1377 – 8272	40.3 – 64.2

註: Os 為水稻，Zm 為玉米。

表三、HSF 轉錄因子在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率

Table 3. The length and G/C content of whole genomic and high similarity sequences of transcription factors HSF in dicotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長度(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長度(bp)	G/C 所佔比率(%)
AtHsfA1a	H	531	41.0	1829	40.4
AtHsfA1b	H	534	40.7	2695	40.0
AtHsfA1d	H	533	40.4	3508	38.2
AtHsfA1e	H	533	43.8	3001	40.2
AtHSFA2	H	526	44.2	2169	38.5
AtHsfB1	H	500	43.4	1975	38.6
AtHsfB2a	H	521	42.2	1837	38.6
BrHsf-01	H/L	457	51.9	858	55.5
BrHsf-10	H/L	502	46.2	1047	48.6
BrHsf-11	H/L	471	47.6	951	52.0
BrHsf-15	H	451	43.9	747	47.0
BrHsf-16	H/L	458	44.8	810	47.1
BrHsf-20	H/L	519	40.8	1224	41.4
BrHsf-23	H	445	49.2	930	51.9
BrHsf-24	H/L	517	41.6	1155	44.8
BrHsf-25	H/L	477	43.8	1008	46.3
BrHsf-29	H/L	525	44.0	1464	45.8
BrHsf-35	H/L	477	47.1	1074	54.0
GmHSF04	H	530	43.0	2691	38.4
GmHSF08	H	533	43.5	1999	41.7
GmHSF09	H	520	42.5	4870	36.7
GmHSF10	H	531	40.1	2768	36.9
GmHSF11	H	517	40.3	1458	40.8
GmHSF16	H	488	47.1	1665	41.1
GmHSF17	H	531	46.6	3436	40.3
GmHSF25	H	525	46.6	2590	38.7
GmHSF33	H	532	44.2	4958	38.5
GmHSF34	H	504	45.1	2916	34.7
SIHSF24	H	522	42.1	3285	34.6

(續表三)

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長度(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長度(bp)	G/C 所佔比率(%)
SIHsf30	H	529	39.9	2886	37.2
SIHsfA1a	H	534	44.6	5452	39.4
SIHSFA3	H	517	41.4	5160	39.4
SIHSFA4A	H	525	35.7	4394	33.9
SIHsfA6B	H	533	35.3	2649	31.8
SIHsfB-2a-like	H	514	29.1	2633	29.6
SIHsfB4	H	503	38.0	1431	34.6
StHSF30	H	525	39.7	2207	38.0
StHSFA3	H	517	40.8	6119	39.7
StHSFA5	H/L	521	44.5	4009	38.7
平均		511	42.7	2509	40.9
範圍		445 – 534	29.1 – 51.9	747 – 6119	29.6 – 55.5

註: At 為阿拉伯芥, Br 為白菜, Gm 為大豆, Sl 為番茄, St 為馬鈴薯。

(2) WRKY 轉錄因子

WRKY 轉錄因子在單子葉作物中全基因序列總長介於 600 bp (*TaWRKY52*) – 15535 bp (*OsWRKY102*)之間，全基因所佔 G/C 比率在 39.2% (*OsWRKY102*) – 70.5% (*TaWRKY53*)之間，在作物中高度相似性片段總長介於 334bp (*TaWRKY52*) – 414 bp (*OsWRKY62*)之間，高度相似性片段所佔 G/C 比率在 54% (*TaWRKY44*) – 74.8% (*OsWRKY68*)之間 (表四)，相較於高度相似性片段及高度相似性片段 G/C 所佔的比率，全基因序列總長及所佔的 G/C 比率差異甚大，在單子葉之 WRKY 轉錄因子中除小麥之 *TaWRKY33* 轉錄因子為同時受高溫及低溫影響之外，其他之水稻及小麥 WRKY 轉錄因子均僅受低溫影響；雙子葉植物中全基因序列總長介於 591 bp (*GmWRKY21*) – 5702bp (*SIWRKY33*)之間，所佔 G/C 比率在 28.7% (*SIWRKY62*) – 49.1% (*CsWRKY25*)之間，高度相似性片段在雙子葉植物中總長介於 298 bp (*GmWRKY21*) – 391 bp (*SIWRKY52*)間，高度相似性片段所佔 G/C 比率在 21.9% (*SIWRKY26*) – 43.6% (*CsWRKY25*)間 (表五)，雙子葉植物全基因序列總長、G/C 所佔的比率及高度相似性片段 G/C 所佔比率在物種間差異極大，但全基因與高度相似性片段 G/C 所佔比率差異範圍接近，而高度相似性片段總長在雙子葉植物物種間相近，在雙子葉包括辣椒、黃瓜、大豆及番茄等作物之 WRKY 轉錄因子均僅受低溫之影響。WRKY 轉錄因子在單子葉作物中全基因序列總長、全基因序列 G/C 所佔比率，高度相似性片段總長、高度相似性片段 G/C 所佔的比率較雙子葉植物差異大。在單子葉作物中高度相似性片段平均為 394.8 bp，雙子葉植物高度相似性片段平均為 362.3 bp；全基因序列總長單子葉作物平均為 2327.8 bp，雙子葉植物平均為 2326.3 bp，高度相似性片段與全基因總長在單子葉作物及雙子葉植物中平均值相近。單子葉作物高度相似性片段 G/C 所佔比率平均為 69.2%，雙子葉植物高度相似性片段 G/C 所佔比率平均為 33.6%；全基因 G/C 所佔比率，單子葉作物平均值 58.8%、雙子葉植物平均值為 39.6%，在高度相似性片段及全基因的 G/C 所佔比率，單子葉作物中較雙子葉植物平均值高。

表四、WRKY 轉錄因子在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率

Table 4. The length and G/C content of whole genomic and high similarity sequences of transcription factors WRKY in monocotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長度(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長度(bp)	G/C 所佔比率(%)
OsWRKY79	L	411	66.9	2230	54.1
OsWRKY74	L	408	68.6	2312	53.0
OsWRKY68	L	405	74.8	1403	62.1
OsWRKY66	L	412	72.3	4151	45.1
OsWRKY62	L	414	65.0	2086	52.6
OsWRKY51	L	413	72.9	1894	60.4
OsWRKY45	L	410	67.8	2222	54.7
OsWRKY39	L	407	73.2	2356	55.8
OsWRKY102	L	413	65.4	15535	39.2
TaWRKY53	L	403	73.2	942	70.5
TaWRKY52	L	334	65.2	600	61.3
TaWRKY51	L	361	69.2	672	69.4
TaWRKY50	L	359	70.7	876	67.0
TaWRKY48	L	407	71.0	978	66.1
TaWRKY46	L	383	68.4	791	65.6
TaWRKY44	L	393	54.0	1113	46.2
TaWRKY33	H/L	402	73.7	1071	67.6
TaWRKY10	L	371	73.1	669	68.5
平均		394.8	69.2	2327.8	58.8
範圍		334 – 414	54.0 – 74.8	600 – 15535	39.2 – 70.5

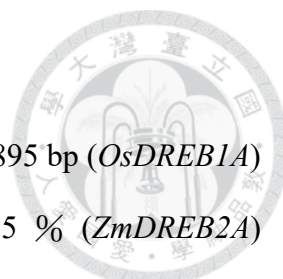
註: Os 為水稻, Ta 為小麥。

表五、WRKY 轉錄因子在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率

Table 5. The length and G/C content of whole genomic and high similarity sequences of transcription factors WRKY in dicotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長(bp)	G/C 所佔比率(%)
CaWRKY1	L	363	34.8	1646	41.0
CsWRKY18	L	321	38.3	1011	48.5
CsWRKY21	L	337	33.8	948	42.7
CsWRKY23	L	372	31.9	1359	44.1
CsWRKY25	L	330	43.6	1053	49.1
CsWRKY33	L	328	40.2	1152	47.1
CsWRKY4	L	383	40.5	1521	45.1
CsWRKY46	L	313	40.9	786	46.3
GmWRKY21	L	298	37.9	591	44.0
SIWRKY2	L	385	29.6	2457	33.2
SIWRKY26	L	388	21.9	4196	29.2
SIWRKY27	L	390	24.3	3173	29.3
SIWRKY33	L	389	34.5	5702	37.8
SIWRKY52	L	391	33.0	4075	36.9
SIWRKY53	L	390	33.6	3295	37.7
SIWRKY56	L	389	29.9	5112	37.0
SIWRKY60	L	377	30.5	1721	35.8
SIWRKY62	L	377	25.0	2075	28.7
平均		362.3	33.6	2326.3	39.6
範圍		298 – 391	21.9 – 43.6	591 – 5702	28.7 – 49.1

註: Ca 為辣椒, Cs 為黃瓜, Gm 為大豆, SI 為番茄。



(3) DREB/CBF 轉錄因子

DREB/CBF 轉錄因子在單子葉作物中全基因序列總長介於 895 bp (*OsDREB1A*) – 3366 bp (*ZmDREB2A*)之間，全基因序列 G/C 所佔的比率介於 45.5 % (*ZmDREB2A*) – 67.2 % (*OsDREB1A*)之間，作物中高度相似性片段總長介於 607 bp (*OsDREB1B*) – 666 bp (*ZmDREB2A*)之間，高度相似性片段 G/C 所佔的比率介於 56.8 % (*ZmDREB2A*) – 70.6% (*TaDREB3*)之間，可知在單子葉作物中全基因的序列總長在物種間差異大，全基因序列 G/C 所佔的比率、高度相似性片段 G/C 所佔比率在物種間差異極大，而全基因序列 G/C 所佔的比率範圍較高度相似性片段大 (表六)，在單子葉之多年生黑麥草及水稻之 DREB/CBF 轉錄因子僅受低溫之影響，而在玉米及部分小麥 DREB/CBF 轉錄因子則同時受高溫及低溫之影響。在雙子葉植物中，全基因的序列總長介於 567 bp (*GmDREB1E-1*) – 2803 bp (*GmDREB1C-1*)之間，全基因序列 G/C 所佔比率介於 38.1% (*GmDREB1C-1*) – 55.2% (*GmDREB1B-1*)之間，高度相似性片段總長介於 277 bp (*DcDREB-A6*) – 314 bp (*GmDREB1C-1* 及 *AhERF6*)之間，高度相似性片段 G/C 所佔的比率介於 45.9% (*AhERF5*) – 55.7% (*GmDREB1B-1*)之間，與高度相似性片段相比，全基因序列總長及全基因 G/C 所佔的比率在物種間差異大 (表七)，在雙子葉之落花生、阿拉伯芥、寬葉獨行菜及罌粟花之 DREB/CBF 轉錄因子僅受低溫之影響，而辣椒、大豆、野胡蘿蔔等之 DREB/CBF 轉錄因子則同時受高溫及低溫之影響。與單子葉作物相比，全基因序列總長、全基因序列 G/C 所佔比率及高度相似性片段 G/C 所佔的比率之範圍較雙子葉植物差異大。在單子葉作物中高度相似性片段平均為 646.3 bp，雙子葉植物高度相似性片段平均為 302 bp；單子葉作物高度相似性片段 G/C 所佔比率平均為 67.3 %，雙子葉植物高度相似性片段 G/C 所佔比率平均為 51%；單子葉作物全基因總長平均為 1318.9 bp，雙子葉植物全基因總長平均 1150 bp；單子葉作物全基因 G/C 所佔比率平均為 62.1%，雙子葉植物全基因 G/C 所佔比率平均為 45%，在單子葉作物中，全基因序列總長、全基因所佔 G/C 的比率、高度相似性片段總長及高

度相似性片段所佔 G/C 的比率之平均值較雙子葉植物高。

(4) *COR15* 基因

在雙子葉之阿拉伯芥、油菜、薺菜及亞麻薺，及單子葉之小麥的 *COR15* 基因均受低溫之影響(表八、表九)。*COR15* 基因在單子葉作物及雙子葉植物中序列總長介於 686 bp (*CbCor15A*) – 5641 bp (*BnCor15B*)之間，全基因序列 G/C 所佔比率介於 33.4% (*BnCor15B*) – 42% (*CbCor15A*)間，高度相似性片段總長介於 584 bp (*CbCor15A*) – 905 bp (*BnCor15B*)，高度相似性片段 G/C 所佔的比率介於 33.3% (*BnCor15B*) – 42% (*CbCor15A*)間(表八、表九)。在單子葉作物中高度相似性片段總長平均為 875.0 bp，雙子葉植物高度相似性片段總長平均為 773.0 bp；單子葉作物高度相似性片段 G/C 所佔比率平均為 37.3%，雙子葉植物高度相似性片段 G/C 所佔比率平均為 36.5%；單子葉作物全基因序列總長平均為 4549.0 bp，雙子葉植物平均為 2271.5 bp；全基因 G/C 所佔的比率，單子葉作物平均值為 46.7%，雙子葉植物為 37.5%，在單子葉作物中，高度相似性片段、全基因序列總長及全基因序列 G/C 所佔比率皆較雙子葉植物高，但在高度相似性片段 G/C 所佔之比率，單子葉作物及雙子葉植物平均值相近。

表六、DREB/CBF 轉錄因子在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率

Table 6. The length and G/C content of whole genomic and high similarity sequences of transcription factors DREB/CBF in monocotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長(bp)	G/C 所佔比率(%)
LpCBF3	L	644	66.3	942	59.7
OsDREB1A	L	647	70.1	895	67.2
OsDREB1B	L	607	69.5	897	65.6
TaDREB2	L	647	67.7	1043	65.0
TaDREB3	H/L	651	70.6	1004	65.6
ZmDREB1A	H/L	662	69.8	1085	66.4
ZmDREB2A	H/L	666	56.8	3366	45.5
平均		646.3	67.3	1318.9	62.1
範圍		607 – 666	56.8 – 70.6	895 – 3366	45.5 – 67.2

註：Lp 為多年生黑麥草，Os 為水稻，Ta 為小麥，Zm 為玉米

表七、DREB/CBF 轉錄因子在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率

Table 7. The length and G/C content of whole genomic and high similarity sequences of transcription factors DREB/CBF in dicotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長(bp)	G/C 所佔比率(%)
AhERF4	L	296	53	1367	44
AhERF5	L	305	46	1820	40
AhERF6	L	314	51	1997	41
AtDREB1A	L	313	53	1391	42
CaCBF1A	H/L	301	47	885	42
DcDREB-A6	H/L	277	51	993	46
GmDREB1A-2	H/L	306	51	1095	48
GmDREB1B-1	H/L	291	56	814	55
GmDREB1C-1	H/L	314	49	2803	38
GmDREB1D-1	H/L	306	55	638	53
GmDREB1E-1	H	293	49	567	46
GmDREB1F-1	H/L	295	48	690	44
GmDREB1G-1	H	293	54	572	55
LlDREB1A	L	311	51	925	40
PnDREB1	L	309	48	699	42
平均		302	51	1150	45
範圍		277 – 314	45.9 – 55.7	567 – 2803	38.1 – 55.2

註：Ah 為落花生，At 為阿拉伯芥，Ca 為辣椒，Dc 為野胡蘿蔔，Gm 為大豆，Ll 為寬葉獨行菜，Pn 為罌粟花。

表八、*COR15* 基因在雙子葉植物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率

Table 8. The length and G/C content of whole genomic and high similarity sequences of gene *COR15* in dicotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長(bp)	G/C 所佔比率(%)
AtCor15A	L	894	33.9	1890	35.4
BnCor15B	L	905	33.3	5641	33.4
CbCor15A	L	584	42.0	686	42.0
CsCor15A	L	709	36.7	869	39.3
平均		773.0	36.5	2271.5	37.5
範圍		584 – 905	33.3 – 42.0	686 – 5641	33.4 – 42.0

註：At 為阿拉伯芥，Bn 為油菜，Cb 為薺菜，Cs 為亞麻薺。

表九、*COR15* 基因在單子葉作物中高度相似性片段、全基因序列總長及其 G/C 所佔之比率

Table 9. The length and G/C content of whole genomic sequence and high similarity sequences of gene *COR15* in monocotyledons.

基因	受高溫或低溫或 兩者之影響	高度相似性序列		全基因序列	
		總長(bp)	G/C 所佔比率(%)	總長(bp)	G/C 所佔比率(%)
<i>Wcor15</i>	L	875	37.3	4549	46.7

註：W 為小麥。

2. 核苷酸保守序列組成

(1) HSF 轉錄因子

以多重序列比較分析 HSF 轉錄因子在單子葉作物、雙子葉植物及單雙子葉植物中核苷酸序列之保守片段組成，在單子葉作物中共有 766 bp 高度相似性片段，在 5416 bp – 5468 bp (圖一 A) 及 7701 bp – 7740 bp (圖一 B) 之區間具有連續高度相似性片段，相似性片段長各別是 53 bp 及 40 bp；在雙子葉植物共有 534 bp 高度相似性片段，在 1417 bp – 1484 bp (圖一 C) 及 5359 bp – 5421 bp (圖一 D) 之區間有連續高度相似性片段，高度相似性片段長各別為 68 bp 及 63 bp，在雙子葉植物中有核苷酸序列插入使得雙子葉連續高度相似性片段較單子葉作物較長，在番茄的 SIHSFA4A 轉錄因子之 1422 bp – 1436 bp 區間具有 15 bp 核苷酸序列插入，

及番茄的 SIHSFB-2a-like 轉錄因子中之 5363 bp – 5369 bp、5380 bp – 5390 bp、5405-5409 bp 之區間有個別有 7bp、11bp、5bp 核苷酸序列插入，並與單子葉作物高度相似性片段比較，兩處連續高度相似性片段在單子葉作物及雙子葉植物中具極高的相似性 (圖一 A 與圖一 C、圖一 B 與圖一 D)，這些高度相似性片段可用於設計引子，以應用於分析各物種之 HSF 轉錄因子，總共可設計成兩對引子分別為 HSF-F1:5'-TTYAAGCACARYAAYTTC-3' 與 HSF-R1:5'-CRAAYTCCCAYYTRTC-3'、HSF-F2:5'-CARCTCAACACCTAYGT-3' 與 HSF-R2:5'-AACCTTCCTRAATCCCR-3'。將單子葉與雙子葉植物 HSF 轉錄因子進行多重比較分析 (附圖二)，共有 466 bp 高度相似性片段，其中 168 bp 屬於單子葉植物特有高度相似性片段、229 bp 為雙子葉植物特有高度相似性片段，61 bp 為單子葉及雙子葉共同高度相似性，在 6610 bp – 6650 bp 之區間具 41 bp 連續高度相似性片段 (圖一 E)，此連續性片段與單子葉 5416 bp – 5468 bp 之區間及雙子葉 1417 bp – 1484 bp 區間具有高度的相似性。

(2) WRKY 轉錄因子

針對 WRKY 轉錄因子進行多重比較分析單子葉作物、雙子葉植物及綜合單雙子葉植物之核苷酸保守片段組成，在單子葉作物中共有 415 bp 高度相似性片段，在 8867 bp – 8902 bp 之區間 (圖二 A) 具連續高度相似性片段，片段總長 36 bp，其中以 TA 及 T 為共同保守序列；雙子葉植物中共有 391 bp 高度相似性片段，在 5812 bp – 5833 bp 之區間具連續高度相似性片段 (圖二 B)，片段總長 22 bp，其中以 A 及 T 為共同保守序列，與單子葉作物 8867 bp – 8902 bp 之區間相比，單子葉作物所插入核苷酸序列較雙子葉植物長，插入序列在水稻的 OsWRKY62 轉錄因子 8871 bp – 8891 bp 之區間，具 11bp 序列插入；雙子葉植物中也具有核苷酸序列插入，分別位於番茄的 SIWRKY53 5814bp – 5818 bp 之區間具 5 bp 的插入序列及 SIWRKY62 的 5814bp – 5818 bp、5820 – 5821 bp 之區間有 5 bp 及 2 bp 序列插入。單子葉及雙子葉植物 4329 bp – 4346 bp 之區間 (圖二 C) 與單子葉作物 8867 bp –



8902 bp 及雙子葉植物 5812 bp – 5833 bp 之區間相比，此三片段具高度相似性，因此可針對此區間設計引子作為分析各物種 WRKY 轉錄因子之應用，所設計正向引子序列為 WRKY-F1:5'-TAYTAYCRGTRYAC-3'。

在單子葉作物 9052 bp – 9104 bp 之區間有連續高度相似性片段 (圖二 D)，片段總長 53bp，其中以 A, G, GA 及 TA 為保守序列；雙子葉植物 5925 bp – 5997 bp 之區間具有連續高度相似性片段(圖二 E)，片段總長共 74 bp，其中以 A, T 及 TA 為保守序列，與單子葉作物 9052bp – 9104 bp 之區間相比，雙子葉植物連續高度相似性片段有序列插入，在番茄的 SIWRKY26 及 SIWRKY62 的 5926 bp – 5945 bp 之區間有 20 bp 序列插入，但與單子葉連續高度相似性片段相比仍具有一定程度的相似性，針對單子葉雙子葉植物 4371 bp – 4421 bp 之區間比較之(圖二 F)，此區間片段總長共 51 bp，此片段與單子葉作物 9052 bp – 9104 bp 及雙子葉植物 5925 bp – 5997 bp 之區間相比具有高度的相似性，在單子葉作物及雙子葉植物中此片段皆具有高度相似性，因此可針對此片段設計引子以作為分析各物種 WRKY 轉錄因子之工具，設計兩條反向引子為 WRKY-R1:5'-TAGGTGRYGAYGAGC-3' 及 WRKY-R2:5'-GGRTCCTCCYRGYYYCGYT-3'。

(3) DREB/CBF 轉錄因子

DREB/CBF 轉錄因子進行多重序列比較分析單子葉、雙子葉作物及綜合單雙子葉植物之核苷酸保守片段組成，在單子葉作物中共有 682 bp 高度相似性片段，在 2411 bp – 2430 bp (圖三 A)之區間有連續高度相似性片段，總長共 20bp，其中以 T、G、CG、GG 及 GTG 為保守序列，及 2453 bp – 2481 bp (圖三 B)之區間具連續高度相似性片段，片段總長為 29 bp，其中以 T、G、GG 及 TA 為保守序列；雙子葉作物中共有 314 bp 高度相似性片段，在 1082 bp – 1101bp 之區間(圖三 C)有連續高度相似性片段，片段總長為 20 bp，其中以 A、T、G、GA、CC 及 TGGG 為保守序列，及 1109 bp – 1137 bp 處(圖三 D)有連續高度相似性片段，片段總長為 28 bp，其中以 T、G、GA、CC 及 TGGG 為保守序列，與單子葉作物相比，兩片段之

連續高度相似相片段長度接近，片段間具有高度的相似性（圖三 A 與圖三 C、圖三 B 與圖三 D 比較）。綜合單子葉與雙子葉植物之 DREB/CBF 轉錄因子進行多重序列分析，共 486 bp 高度相似性片段，84 bp 屬於單子葉植物高度相似性片段，11 bp 為雙子葉植物高度相似性片段，383 bp 為單子葉及雙子葉植物共同高度相似性片段，並在 2543 bp – 2562 bp(圖三 E)、2585 bp – 2631 bp 之區間 (圖三 F)具有兩處連續高度相似性片段，兩處連續高度相似性片段各為 20 bp 及 29 bp 長，且在 2543 bp – 2562 bp 之區間的 2559 bp 處，可清楚辨別單子葉及雙子葉植物差異，此處單子葉植物核苷酸序列多為 G，雙子葉植物中核苷酸序列多為 A，且兩段連續性片段在單子葉及雙子葉植物中具高度的相似性，顯示 CBF/DREB 轉錄因子在單子葉植物及雙子葉植物中具高度相似性，並可針對兩區間之高度相似性片段設計引子，作為篩選物種間 CBF/DREB 轉錄因子之工具，所設計之一條正向及兩條反向引子序列如下：CBF/DREB-F1:5'-TAYCGYGGCGTGCGG-3' 及 CBF/DREB-R1:5'-CGCACCTCGCACACCCAY-3' 與 CBF/DREB-R2:5'-TCACACACCCACYTGCC-3'。

(4) *COR15* 基因

針對 *COR15* 基因在單子葉及雙子葉植物中進行多重序列比較分析，分析核苷酸保守片段組成，共有 908 bp 高度相似性片段，在 404 bp – 444 bp 之區間(圖四 A)具連續高度相似性片段，片段總長為 41 bp，其中 A、T、G、CA、TT、CTG、GTC 及 ATGGCG 為共同保守序列，及在 1497 bp – 1532 bp 之區間(圖四 B)有連續高度相似性片段，片段總長為 35 bp，其中以 A、T、C、G、GG、AG、AAA 及 AGAAAGC 為共同保守序列，此二片段在單子葉及雙子葉作物具高度的相似性，顯示 *COR15* 基因序列在物種間具有一定程度的相似性，因此可針對此二片段設計引子，作為篩選物種間 *COR15* 基因之應用工具，設計兩組引子序列如下：COR15-F1: 5'-ATGGCGATGTCTTTCTCA-3' 與 COR15-R1:5'-GYAGTCYTYYGCTTTCT-3' 及

COR15-F2:5'-GRRCTGTTCYCACTG-3'

5'-TTYTCAACAAYGYAGTC-3'。

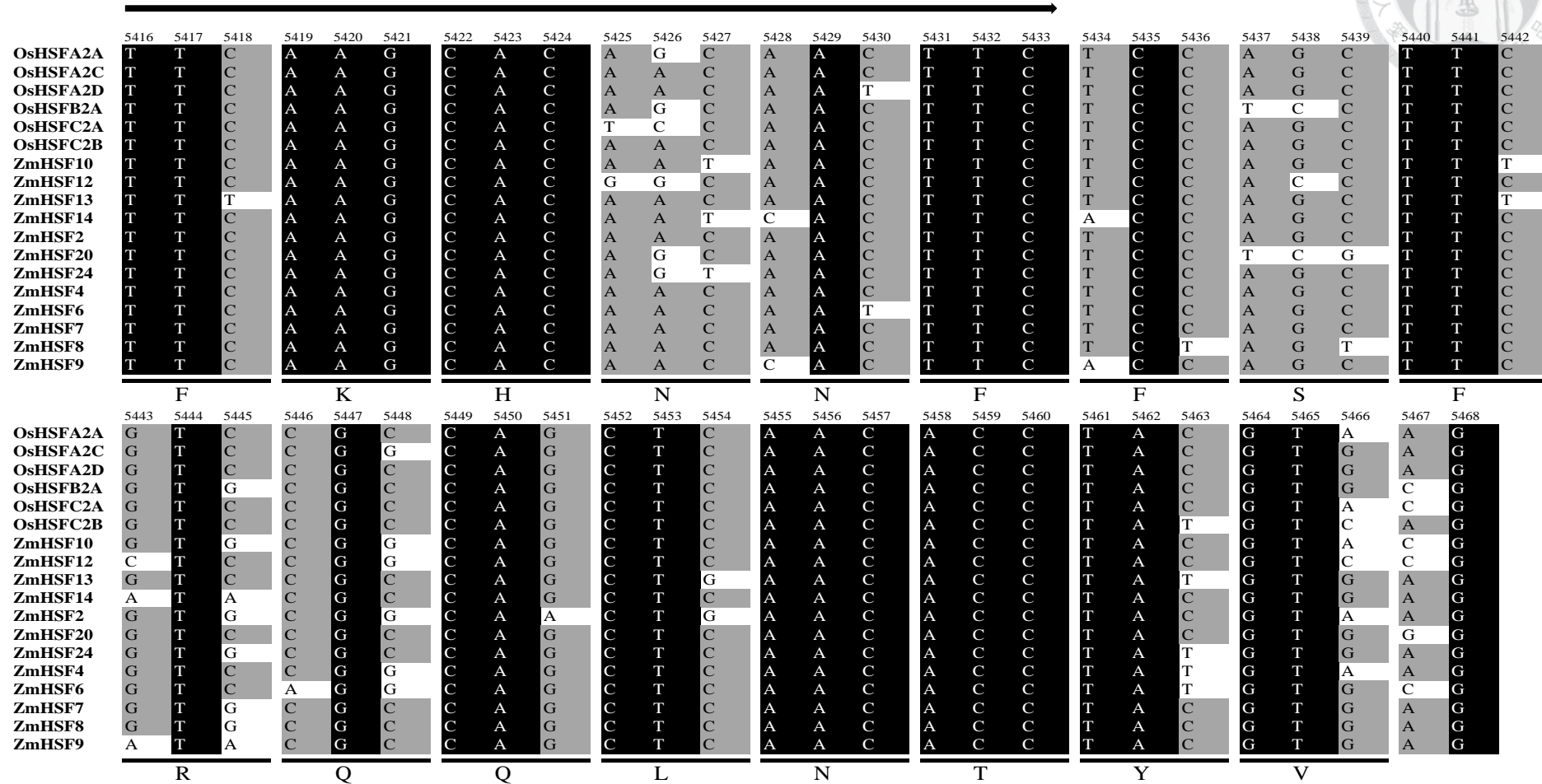
與





(A) HSF 單子葉 5416 bp – 5468 bp 之區間

HSF-F1 primer





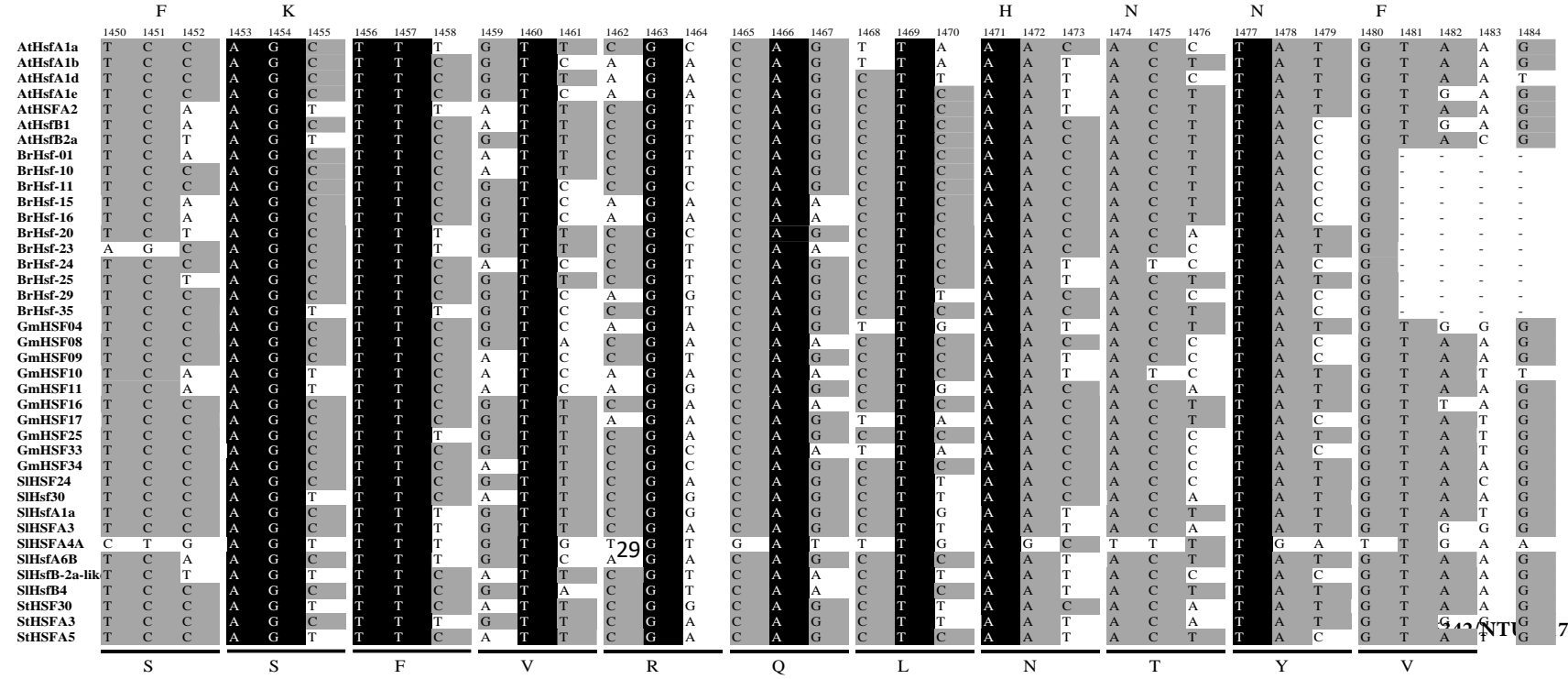
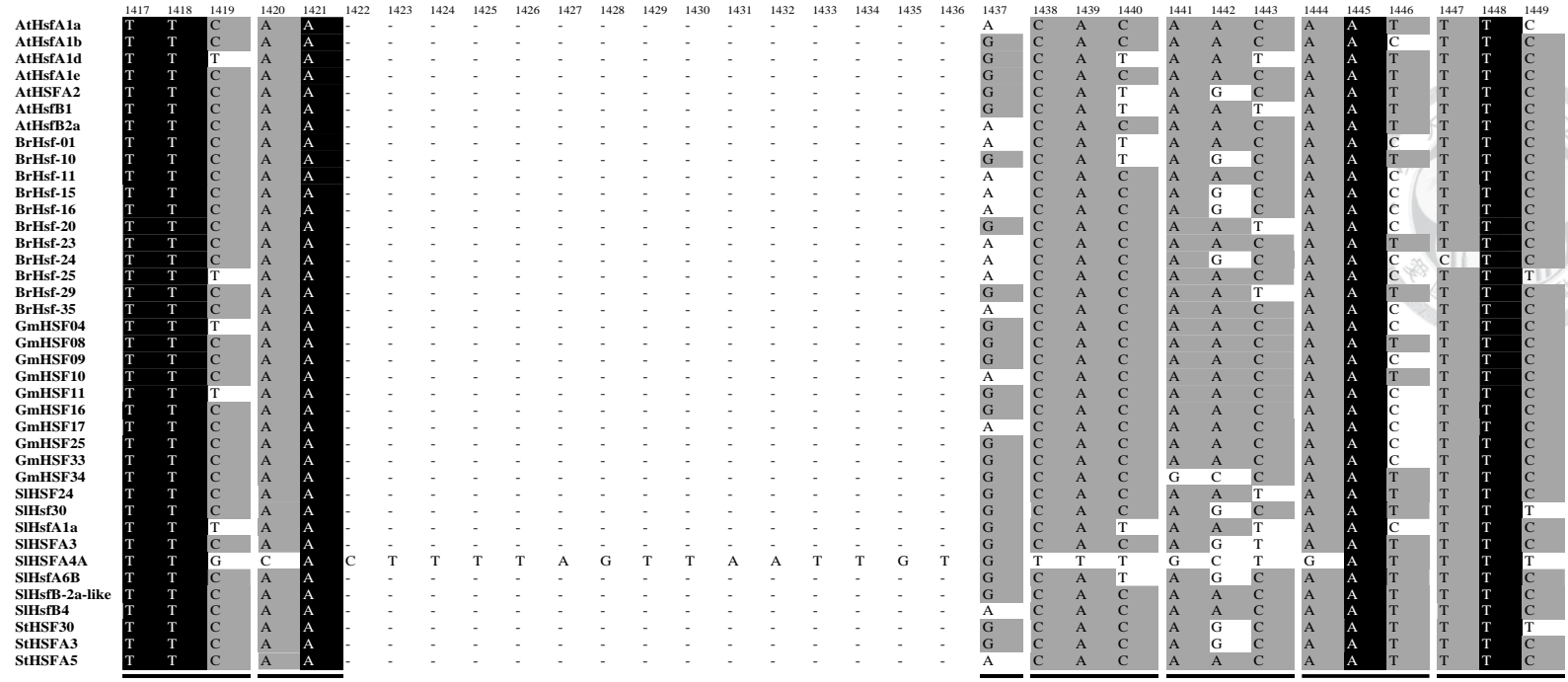
(B) HSF 單子葉 7701 bp – 7740 bp 之區間

	7701	7702	7703	7704	7705	7706	7707	7708	7709	7710	7711	7712	7713	7714	7715	7716	7717	7718	7719	7720	7721	7722	7723	7724	7725	7726	7727	7728	7729	7730	7731	7732	7733	7734	7735	7736	7737	7738	7739	7740		
OsHSFA2A	C	A	G	G	G	G	T	T	C	A	G	G	A	A	G	G	T	C	G	A	T	C	C	G	G	A	T	A	G	A	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G	
OsHSFA2C	C	A	G	G	G	C	T	T	C	A	G	A	A	A	G	G	T	C	G	A	T	C	C	T	G	A	T	A	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	T	G	
OsHSFA2D	C	A	G	G	G	T	T	T	C	A	G	A	A	A	G	A	T	T	G	A	T	C	C	T	G	A	C	A	G	A	T	G	G	G	G	A	A	T	T	C	G	
OsHSFB2A	C	A	G	G	G	A	T	T	C	A	A	G	A	A	G	G	T	G	G	T	G	G	C	G	G	G	A	T	A	G	G	T	G	G	G	G	A	A	T	T	C	G
OsHSFC2A	C	A	G	G	G	G	T	T	T	C	G	C	A	A	G	G	T	T	G	A	T	C	C	G	G	A	C	A	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G	
OsHSFC2B	C	A	G	G	G	T	T	T	C	C	G	C	A	A	G	G	T	G	G	A	T	C	C	G	G	A	T	C	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G	
ZmHSF10	T	A	G	G	G	A	T	T	T	A	G	G	A	A	G	A	T	G	G	T	G	C	C	C	G	G	A	C	C	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G
ZmHSF12	C	A	G	G	G	A	T	T	C	C	G	C	A	A	G	G	T	G	A	G	C	C	C	G	G	A	C	A	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G	
ZmHSF13	C	A	G	G	G	C	T	T	C	A	G	A	A	A	G	A	T	C	G	A	C	C	C	G	G	A	C	A	G	C	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G	
ZmHSF14	C	A	G	G	G	A	T	T	T	C	A	T	A	A	A	A	T	T	G	A	T	C	C	A	A	G	A	T	A	G	A	T	G	G	G	G	A	A	T	T	G	G
ZmHSF2	T	A	G	G	G	C	T	T	T	A	A	G	A	A	A	A	T	T	G	A	T	C	C	T	G	A	A	C	A	A	T	G	G	G	G	A	G	T	T	T	G	
ZmHSF20	C	A	G	G	G	A	T	T	C	A	A	G	A	A	G	G	T	A	G	T	C	G	G	G	G	A	C	A	G	A	T	G	G	G	G	A	G	T	T	T	G	
ZmHSF24	C	A	G	G	G	C	T	T	C	A	G	A	A	A	G	G	T	T	G	A	T	C	C	T	G	A	C	A	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	T	G	
ZmHSF4	C	A	G	G	G	T	T	T	C	A	G	G	A	A	G	G	T	G	G	A	T	C	C	T	G	A	T	C	G	G	T	G	G	G	G	A	A	T	T	C	G	
ZmHSF6	C	A	G	G	G	T	T	T	C	C	G	C	A	A	G	G	T	T	C	A	T	G	C	T	G	A	C	A	G	A	T	G	G	G	G	A	G	T	T	T	G	
ZmHSF7	C	A	G	G	G	G	T	T	C	A	G	G	A	A	G	A	T	C	G	T	G	C	C	G	G	A	C	A	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G	
ZmHSF8	C	A	G	G	G	G	T	T	C	A	G	G	A	A	G	A	T	C	G	T	G	C	C	G	G	A	C	A	G	G	T	G	G	G	G	A	G	T	T	C	G	
ZmHSF9	T	A	G	G	G	A	T	T	T	C	A	T	A	A	A	G	T	T	G	A	T	C	C	A	G	A	T	A	G	A	T	G	G	G	G	A	A	T	G	G	G	
	Q			G			F			S/R			K			V			D			P			D			R			W			E			F					

HSF-R2 primer

HSF-R1 primer

(C) HSF 雙子葉
1417 bp – 1484 bp
之區間

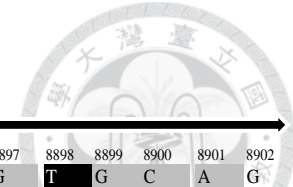




圖一、HSF 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸保守片段

Figure1. The conserved regions on HSF transcription factor of monocotyledons and dicotyledons.

- (A) HSF 轉錄因子在單子葉作物中核苷酸高度相似性片段(5416 bp – 5468 bp 之區間)，黑色填色為單子葉作物保守片段，灰色填色為單子葉作物高度相似性片段，黑色箭頭為引子設計位置。
- (B) HSF 轉錄因子在單子葉作物中核苷酸高度相似性片段(7701 bp – 7740 bp 之區間)，黑色填色為單子葉作物保守片段，灰色填色為單子葉作物高度相似性片段，黑色箭頭為引子設計位置。
- (C) HSF 轉錄因子在雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段(1417 bp – 1484 bp 之區間)，黑色填色為雙子葉植物保守片段，灰色填色為雙子葉植物高度相似性片段。
- (D) HSF 轉錄因子在雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段(5359 bp – 5421 bp 之區間)，黑色填色為雙子葉作物保守片段，灰色填色為雙子葉植物高度相似性片段。
- (E) HSF 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段 (6610 bp – 6650 bp 之區間)，藍色填色為單子葉植物高度相似性片段，綠色填色為雙子葉植物高度相似性片段，灰色填色為單子葉及雙子葉作物高度相似性片段，紅色方框為單子葉及雙子葉植物具差異之高度相似性序列處。



(A) WRKY 單子葉 8867bp – 8902 bp 之區間 WRKY-F1 primer

	8867	8868	8869	8870	8871	8872	8873	8874	8875	8876	8877	8878	8879	8880	8881	8882	8883	8884	8885	8886	8887	8888	8889	8890	8891	8892	8893	8894	8895	8896	8897	8898	8899	8900	8901	8902
TaWRKY53	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	A	A	G	T	G	C	A	G
TaWRKY52	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	C	G	T	T	G	C	T	C
TaWRKY51	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	C	G	G	T	G	C	T	C
TaWRKY50	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	T	C	C	G	G	T	G	C	A	C
TaWRKY48	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	T	C	C	G	G	T	G	C	T	C
TaWRKY46	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	C	G	G	T	G	C	A	C
TaWRKY44	T	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	A	A	A	T	G	C	A	C
TaWRKY33	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	T	C	C	G	G	T	G	C	T	C
TaWRKY10	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	C	G	G	T	G	C	T	C
OsWRKY79	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	A	G	G	T	G	C	A	C
OsWRKY74	T	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	C	G	T	T	G	C	A	C
OsWRKY68	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	A	A	G	T	G	C	A	G
OsWRKY66	G	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	A	G	A	T	G	C	A	G
OsWRKY62	A	T	A	C	A	T	T	T	T	T	C	C	C	C	A	T	C	C	A	T	C	G	A	G	T	T	T	T	A	A	T	A	T	A	A	
OsWRKY51	A	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	A	A	G	T	G	T	A	G
OsWRKY45	C	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	T	C	C	G	G	T	G	C	A	C
OsWRKY39	G	T	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	C	G	G	T	G	C	A	G
OsWRKY102	C	T	A	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	C	C	G	G	T	G	C	A	C

(B) WRKY 雙子葉 5812bp – 5833 bp 之區間

	5812	5813	5814	5815	5816	5817	5818	5819	5820	5821	5822	5823	5824	5825	5826	5827	5828	5829	5830	5831	5832	5833
CaWRKY1	T	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	T	T	A	G	A	T	G	C	T	C
CsWRKY18	A	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	A	T	A	G	A	T	G	T	A	G
CsWRKY21	T	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	T	C	A	A	A	T	G	C	T	C
CsWRKY23	C	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	A	C	A	A	A	T	G	C	A	C
CsWRKY25	G	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	A	T	A	A	G	T	G	T	A	G
CsWRKY33	A	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	A	C	A	A	A	T	G	T	A	G
CsWRKY4	C	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	A	C	C	G	A	T	G	T	A	C
CsWRKY46	C	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	A	C	A	G	A	T	G	C	A	C
GmWRKY21	C	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	A	C	A	A	G	T	G	T	T	C
SIWRKY2	C	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	A	T	C	G	C	T	G	C	A	C
SIWRKY26	T	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	G	T	A	A	A	T	A	A	A	T
SIWRKY27	T	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	A	C	A	A	A	T	G	T	T	C
SIWRKY33	C	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	A	C	A	A	G	T	G	T	A	C
SIWRKY52	T	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	A	C	C	G	A	T	G	C	T	C
SIWRKY53	C	T	T	T	C	T	C	A	-	-	A	A	G	C	A	A	G	T	C	T	A	G
SIWRKY56	C	T	-	-	-	-	-	A	-	-	T	T	A	C	A	A	G	T	G	C	A	C
SIWRKY60	T	T	-	-	-	-	-	A	-	-	C	T	A	T	A	G	G	T	G	C	T	C
SIWRKY62	C	C	A	T	C	A	C	A	G	C	T	T	A	T	A	A	A	T	G	T	T	T



(C) WRKY 單雙子葉 4329 bp – 4346 bp 之區間

	4329	4330	4331	4332	4333	4334	4335	4336	4337	4338	4339	4340	4341	4342	4343	4344	4345	4346
CaWRKY1	C	T	C	C	T	A	G	C	C	A	C	A	C	G	-	-	-	G
CsWRKY18	A	T	A	T	T	A	T	A	G	A	T	G	T	A	G	C	A	G
CsWRKY21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CsWRKY23	C	T	A	C	T	A	C	A	A	A	T	G	C	A	-	-	-	C
CsWRKY25	G	T	A	T	T	A	T	A	A	G	T	G	T	A	G	C	A	C
CsWRKY33	A	T	A	T	T	A	C	A	A	A	T	G	T	A	G	C	A	G
CsWRKY4	C	T	A	C	T	A	C	C	G	A	T	G	T	A	-	-	-	C
CsWRKY46	C	T	A	T	T	A	C	A	G	A	T	G	C	A	-	-	-	C
GmWRKY21	C	T	A	C	T	A	C	A	A	G	T	G	T	T	-	-	-	C
SIWRKY2	A	T	T	C	T	A	G	G	C	T	A	T	T	G	-	-	-	C
SIWRKY26	G	A	T	T	T	C	A	T	C	T	G	A	G	G	-	-	-	C
SIWRKY27	A	G	A	T	T	G	A	A	C	T	A	G	T	A	-	-	-	G
SIWRKY33	A	C	A	G	T	A	C	A	G	A	G	G	C	A	G	-	-	C
SIWRKY52	T	T	A	T	T	A	C	A	A	G	T	G	C	A	-	-	-	C
SIWRKY53	T	T	A	T	T	T	T	T	T	T	C	C	C	A	-	-	-	A
SIWRKY56	C	T	A	T	T	A	C	A	A	A	T	G	T	A	-	-	-	C
SIWRKY60	A	A	G	T	T	-	A	C	T	G	A	G	T	G	-	-	-	C
SIWRKY62	T	T	T	G	T	C	A	A	A	T	G	G	T	A	-	-	-	T
TaWRKY53	C	T	A	C	T	A	C	A	A	G	T	G	C	A	G	C	A	C
TaWRKY52	C	T	A	C	T	A	C	C	G	T	T	G	C	T	C	-	-	-
TaWRKY51	C	T	A	C	T	A	C	C	G	G	T	G	C	T	C	-	-	-
TaWRKY50	C	C	G	G	T	G	C	A	C	C	C	A	C	C	G	G	C	A
TaWRKY48	C	T	A	C	T	T	C	C	G	G	T	G	C	T	C	G	T	T
TaWRKY46	C	T	A	C	T	A	C	C	G	G	T	G	C	A	C	G	G	C
TaWRKY44	T	T	A	C	T	A	C	A	A	A	T	G	C	A	-	-	-	C
TaWRKY33	C	T	A	C	T	T	C	C	G	G	T	G	C	T	C	C	T	T
TaWRKY10	C	T	A	C	T	A	C	C	G	G	T	G	C	T	C	-	-	-
OsWRKY79	C	A	G	G	T	G	C	A	C	G	C	A	C	A	A	G	C	T
OsWRKY74	C	C	G	T	T	G	C	A	C	C	C	A	C	C	G	C	C	A
OsWRKY68	C	T	A	C	T	A	C	A	A	G	T	G	C	A	G	C	A	C
OsWRKY66	G	T	A	C	T	A	C	A	G	A	T	G	C	A	G	C	A	G
OsWRKY62	C	G	A	G	T	A	A	T	C	T	T	A	C	T	A	T	G	-
OsWRKY51	A	T	A	C	T	A	C	A	A	G	T	G	T	A	G	C	A	C
OsWRKY45	C	C	G	G	T	G	C	A	C	G	C	A	C	A	A	G	T	A
OsWRKY39	G	T	A	C	T	A	C	C	G	G	T	G	C	A	G	T	A	G
OsWRKY102	A	T	T	A	T	T	C	A	T	G	A	T	T	A	-	-	-	A

Y

Y

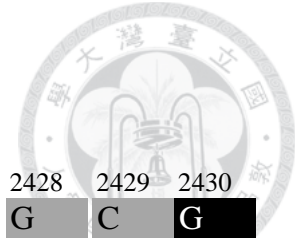
C



圖二、WRKY 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸保守片段

Figure 2. The conserved regions on WRKY transcription factor of monocotyledons and dicotyledons.

- (A) WRKY 轉錄因子在單子葉作物中核苷酸高度相似性片段(8867bp – 8902bp 之區間)，黑色填色為單子葉作物保守片段，灰色填色為單子葉作物高度相似性片段，黑色箭頭為引子設計位置。
- (B) WRKY 轉錄因子在雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段(5812bp – 5833bp 之區間)，黑色填色為雙子葉植物保守片段，灰色填色為雙子葉植物高度相似性片段。
- (C) WRKY 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段(4329bp – 4346bp 之區間)，藍色填色為單子葉植物高度相似性片段，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性片段。
- (D) WRKY 轉錄因子在單子葉作物中核苷酸高度相似性片段(9052bp – 9092bp 之區間)，黑色填色為單子葉作物保守片段，灰色填色為單子葉作物高度相似性片段，黑色箭頭為引子設計位置。
- (E) WRKY 轉錄因子在雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段(5925bp – 5985bp 之區間)，黑色填色為雙子葉植物保守片段，灰色填色為大部分雙子葉植物保守片段。
- (F) WRKY 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段(4371bp – 4421bp 之區間)，藍色填色為單子葉植物高度相似性片段，灰色填色為單子葉及雙子葉作物高度相似性片段。



(A) DREB/CBF 單子葉 2411 bp – 2430 bp 之區間

	DREB/CBF-F1 primer																				
	2411	2412	2413	2414	2415	2416	2417	2418	2419	2420	2421	2422	2423	2424	2425	2426	2427	2428	2429	2430	
TaDREB2	T	A	T	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	A	T	G	C	G	
TaDREB3	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	C	C	G	G	C	G	
OsDREB1B	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	G	C	G	
OsDREB1A	T	T	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	G	A	G	
ZmDREB1A	T	T	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	G	C	G	
LpCBF3	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	C	A	G	
ZmDREB2A	T	A	C	C	G	T	G	G	A	G	T	G	A	G	G	C	A	G	C	G	
	Y			R			G			V			R			R					

(B) DREB/CBF 單子葉 2453 bp – 2481 bp 之區間

	2453	2454	2455	2456	2457	2458	2459	2460	2461	2462	2463	2464	2465	2466	2467	2468	2469	2470	2471	2472	2473	2474	2475	2476	2477	2478	2479	2480	2481
TaDREB2	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	G	T	C	G	G	A	G	A	T	C	A	G	G	G	A	G	C	C
TaDREB3	G	G	G	C	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	C	C	A	G	C	C
OsDREB1B	G	G	G	A	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	G	G	T	G	C	C
OsDREB1A	G	G	G	A	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	G	G	T	G	C	C
ZmDREB1A	G	G	C	C	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	C	G	T	C	C	C
LpCBF3	G	G	G	C	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	G	G	T	G	C	C
ZmDREB2A	G	G	G	A	A	G	T	G	G	G	T	T	G	C	T	G	A	A	A	T	A	A	G	A	G	A	G	C	C
	G		R		W			V			C			E		V		R		V									
	← DREB/CBF-R1 primer																												
	← DREB/CBF-R2 primer																												

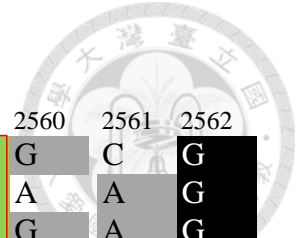


(C) DREB/CBF 雙子葉 1082 bp – 1101 bp 之區間

	1082	1083	1084	1085	1086	1087	1088	1089	1090	1091	1092	1093	1094	1095	1096	1097	1098	1099	1100	1101
AhERF4	T	A	C	A	G	A	G	G	G	A	T	C	A	G	G	C	A	G	C	G
AhERF5	T	A	C	A	G	A	G	G	G	G	T	A	C	A	G	C	A	A	A	A
AhERF6	T	A	T	A	G	G	G	G	C	G	T	T	C	G	G	A	G	A	G	G
AtDREB1A	T	A	C	A	G	A	G	G	A	G	T	T	C	G	T	C	G	G	A	G
CaCBF1A	T	A	C	A	G	G	G	G	A	G	T	T	A	G	G	C	A	A	A	G
DcDREB-A6	T	A	C	A	G	G	G	G	T	G	T	T	A	A	G	C	A	A	A	A
GmDREB1A-2	T	A	C	C	G	G	G	G	C	G	T	G	A	G	G	A	G	G	A	G
GmDREB1B-1	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	A	G	A	A	G	G	C	G
GmDREB1C-1	T	A	C	C	G	A	G	G	A	G	T	G	C	G	T	C	G	C	A	G
GmDREB1D-1	T	A	C	C	G	A	G	G	A	G	T	A	C	G	A	A	G	G	A	G
GmDREB1E-1	T	A	C	A	G	A	G	G	G	G	T	T	C	G	G	C	A	G	A	G
GmDREB1F-1	T	A	T	A	G	G	G	G	T	G	T	A	C	G	G	C	A	A	A	A
GmDREB1G-1	T	A	C	A	A	G	G	G	G	G	T	G	A	G	G	C	A	A	A	A
GmDREB1H-1	T	A	T	A	G	G	G	G	T	G	T	C	C	G	A	C	A	A	A	A
LIDREB1A	T	A	C	A	G	A	G	G	A	G	T	T	C	G	T	C	T	C	A	A
PnDREB1	T	A	C	A	G	A	G	G	A	G	T	G	A	G	G	C	A	A	A	G
	Y			R			G			V			R			Q				

(D) DREB/CBF 雙子葉 1109 bp – 1137 bp 之區間

	1109	1110	1111	1112	1113	1114	1115	1116	1117	1118	1119	1120	1121	1122	1123	1124	1125	1126	1127	1128	1129	1130	1131	1132	1133	1134	1135	1136	1137	
AhERF4	G	G	A	A	A	A	T	G	G	G	C	G	G	C	G	G	A	G	A	T	T	C	G	T	G	A	T	C	C	
AhERF5	G	G	A	A	A	A	T	G	G	G	T	G	T	C	T	G	A	G	A	T	C	A	G	A	C	T	C	C	C	
AhERF6	G	G	A	A	A	A	T	G	G	G	T	T	G	G	C	G	A	G	A	T	T	C	G	G	G	A	G	C	C	
AtDREB1A	G	G	T	A	A	G	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	G	G	T	T	A	G	A	G	A	A	C	C	
CaCBF1A	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	A	G	T	A	A	G	A	G	A	A	C	C	
DcDREB-A6	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	C	G	C	T	G	A	G	A	T	C	C	G	T	T	A	A	C	C	
GmDREB1A-2	G	A	T	A	A	G	T	G	G	G	T	A	A	G	T	G	A	G	G	T	G	A	G	G	G	A	G	C	C	
GmDREB1B-1	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	C	G	A	G	C	C	
GmDREB1C-1	A	A	C	A	A	G	T	G	G	G	T	C	T	G	C	G	A	G	A	T	G	C	G	A	G	T	C	C	C	
GmDREB1D-1	A	A	C	A	A	G	T	G	G	G	T	C	T	G	C	G	A	G	G	T	T	C	G	T	G	T	T	C	C	
GmDREB1E-1	A	A	C	A	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	T	G	A	A	G	T	T	C	G	T	G	A	A	C	C	
GmDREB1F-1	A	A	C	A	A	A	T	G	G	G	T	G	T	G	T	G	A	A	A	T	A	A	G	G	G	A	A	A	C	C
GmDREB1G-1	G	G	G	A	A	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	C	T	G	C	G	A	C	A	A	C	C	
GmDREB1H-1	G	G	A	A	A	G	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	A	C	T	T	A	G	G	G	A	A	C	C	
LIDREB1A	G	G	T	A	A	A	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	G	G	T	A	A	G	A	G	A	G	C	C	
PnDREB1	G	A	T	A	A	A	T	G	G	G	T	A	T	G	T	G	A	A	G	T	A	A	G	A	G	A	A	C	C	
	G			K			W			V			C			E			V											



(E) DREB/CBF 單雙子葉 2543 bp – 2562 bp 之區間

	2543	2544	2545	2546	2547	2548	2549	2550	2551	2552	2553	2554	2555	2556	2557	2558	2559	2560	2561	2562
AhERF4	T	A	C	A	G	A	G	G	G	A	T	C	A	G	G	C	A	G	C	G
AhERF5	T	A	C	A	G	A	G	G	C	G	T	A	C	G	G	C	A	A	A	G
AhERF6	T	A	T	A	G	G	G	G	T	G	T	T	A	G	G	C	A	G	A	G
AtDREB1A	T	A	C	A	G	A	G	G	A	G	T	T	C	G	T	C	G	G	A	G
CaCBF1A	T	A	C	A	G	G	G	G	A	G	T	T	A	G	G	C	A	G	A	G
DcDREB-A6	T	A	C	A	G	G	G	G	T	G	T	T	A	G	G	C	A	A	A	G
GmDREB1A-2	T	A	C	C	G	G	G	G	C	G	T	G	A	G	G	A	G	G	A	G
GmDREB1B-1	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	A	G	A	A	G	G	C	G
GmDREB1C-1	T	A	C	C	G	A	G	G	A	G	T	G	C	G	T	C	G	C	A	G
GmDREB1D-1	T	A	C	C	G	A	G	G	A	G	T	A	C	G	A	A	G	G	A	G
GmDREB1E-1	T	A	C	A	G	A	G	G	G	G	T	T	C	G	G	C	A	G	A	G
GmDREB1F-1	T	A	T	A	G	G	G	G	T	G	T	A	C	G	G	C	A	A	A	G
GmDREB1G-1	T	A	C	A	A	G	G	G	G	G	T	G	A	G	G	C	A	G	A	G
GmDREB1H-1	T	A	T	A	G	G	G	G	T	G	T	C	C	G	A	C	A	A	A	G
LpCBF3	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	C	A	G
PnDREB1	T	A	C	A	G	A	G	G	A	G	T	G	A	G	G	C	A	A	A	G
LIDREB1A	T	A	C	A	G	A	G	G	A	G	T	T	C	G	T	C	T	C	A	G
OsDREB1A	T	T	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	G	A	G
OsDREB1B	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	G	C	G
TaDREB2	T	A	T	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	A	T	G	C	G
TaDREB3	T	A	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	C	C	G	G	C	G
ZmDREB1A	T	T	C	C	G	C	G	G	C	G	T	G	C	G	G	C	G	G	C	G
ZmDREB2A	T	A	C	C	G	T	G	G	A	G	T	G	A	G	G	C	A	G	C	G

Y

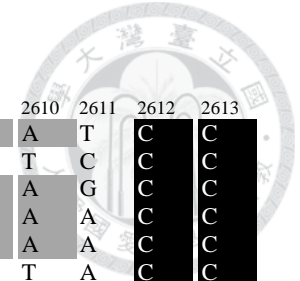
R

G

V

R

R



(F) DREB/CBF 單雙子葉 2585 bp – 2613 bp 之區間

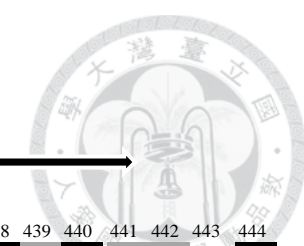
	2585	2586	2587	2588	2589	2590	2591	2592	2593	2594	2595	2596	2597	2598	2599	2600	2601	2602	2603	2604	2605	2606	2607	2609	2610	2611	2612	2613
AhERF4	G	G	A	A	A	A	T	G	G	G	C	G	G	C	G	G	A	G	A	T	T	C	G	G	A	T	C	C
AhERF5	G	G	A	A	A	A	T	G	G	G	T	G	T	C	T	G	A	G	A	T	T	C	A	G	C	T	C	C
AhERF6	G	G	A	A	A	A	T	G	G	G	T	T	G	G	C	G	A	G	A	T	T	C	G	G	A	G	C	C
AtDREB1A	G	G	T	A	A	G	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	G	G	T	T	A	G	G	A	A	C	C
CaCBF1A	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	A	G	T	A	A	G	G	A	A	C	C
DcDREB-A6	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	C	G	C	T	G	A	G	A	T	C	C	G	T	T	A	C	C
GmDREB1A-2	G	A	T	A	A	G	T	G	G	G	T	A	A	G	T	G	A	G	G	T	G	A	G	G	A	G	C	C
GmDREB1B-1	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	G	A	G	C	C
GmDREB1C-1	A	A	C	A	A	G	T	G	G	G	T	C	T	G	C	G	A	G	A	T	G	C	G	G	T	C	C	C
GmDREB1D-1	A	A	C	A	A	G	T	G	G	G	T	C	T	G	C	G	A	G	G	T	T	C	G	G	T	T	C	C
GmDREB1E-1	A	A	C	A	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	T	G	A	A	G	T	T	C	G	G	A	A	C	C
GmDREB1F-1	A	A	C	A	A	A	T	G	G	G	T	G	T	G	T	G	A	A	A	T	A	A	G	G	A	A	C	C
GmDREB1G-1	G	G	G	A	A	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	C	T	G	C	G	C	A	A	C	C
GmDREB1H-1	G	G	A	A	A	G	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	A	C	T	T	A	G	G	A	A	C	C
LpCBF3	G	G	G	C	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	G	T	G	C	C
PnDREB1	G	A	T	A	A	A	T	G	G	G	T	A	T	G	T	G	A	A	G	T	A	A	G	G	A	A	C	C
LIDREB1A	G	G	T	A	A	A	T	G	G	G	T	T	T	G	T	G	A	G	G	T	A	A	G	G	A	A	C	C
OsDREB1A	G	G	G	A	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	A	C	G	G	T	G	C	C
OsDREB1B	G	G	G	A	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	G	T	G	C	C
TaDREB2	G	G	C	A	A	G	T	G	G	G	T	G	T	C	G	G	A	G	A	T	C	A	G	G	A	G	C	C
TaDREB3	G	G	G	C	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	C	A	G	C	C
ZmDREB1A	G	G	C	C	G	G	T	G	G	G	T	G	T	G	C	G	A	G	G	T	G	C	G	G	T	C	C	C
ZmDREB2A	G	G	G	A	A	G	T	G	G	G	T	T	G	C	T	G	A	A	A	T	A	A	G	G	A	G	C	C
	G			K			W			V			C			E			V			R			S			



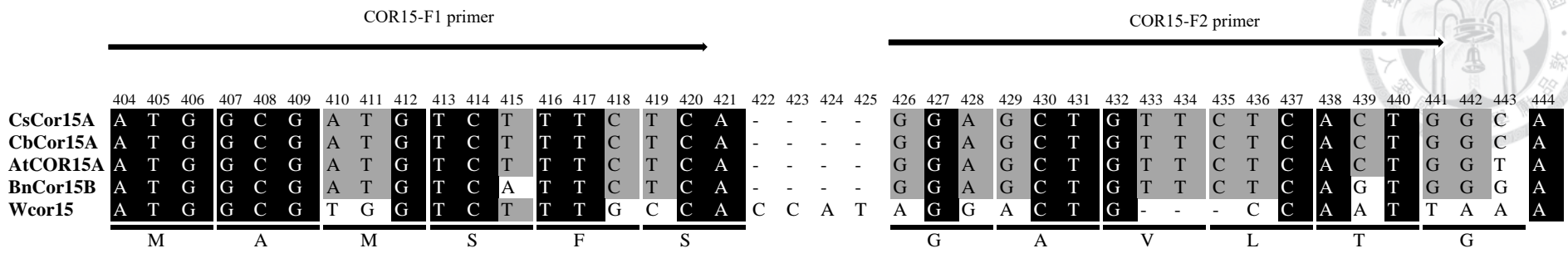
圖三、DREB/CBF 轉錄因子在單子葉作物及雙子葉植物中核苷酸保守片段

Figure 3. The conserved region on DREB/CBF transcription factor of monocotyledons and dicotyledons.

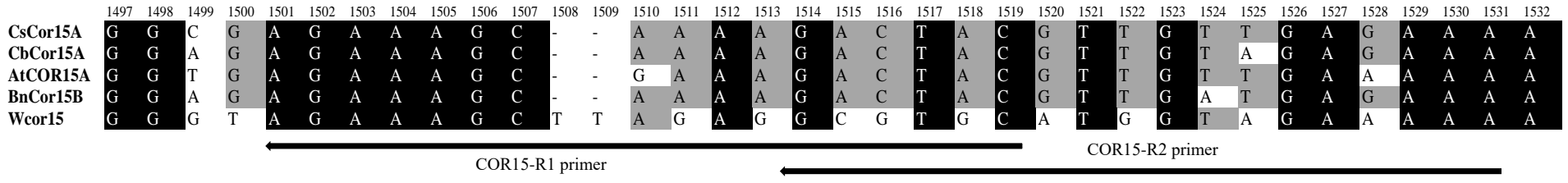
- (A) DREB/CBF 轉錄因子在單子葉作物中核苷酸高度相似性片段(2411bp – 2430bp 之區間)，黑色填色為單子葉作物保守片段，灰色填色為單子葉作物高度相似性片段，黑色箭頭為引子設計位置。
- (B) DREB/CBF 轉錄因子在單子葉作物中核苷酸高度相似性片段 (2453bp – 2481bp 之區間)，黑色填色為單子葉作物保守片段，灰色填色為單子葉作物高度相似性片段，黑色箭頭為引子設計位置。
- (C) DREB/CBF 轉錄因子在雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段 (1082bp – 1101bp 之區間)，黑色填色為雙子葉植物保守片段，灰色填色為雙子葉植物高度相似性片段。
- (D) DREB/CBF 轉錄因子在雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段 (1109bp – 1137bp 之區間)，黑色填色為雙子葉植物保守片段，灰色填色為雙子葉植物高度相似性片段。
- (E) DREB/CBF 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段 (2543bp – 2562bp 之區間)，藍色填色為單子葉植物高度相似性片段，綠色填色為雙子葉植物高度相似性片段，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性片段，黑色填色為單子葉、雙子葉植物保守片段，紅色方框為單子葉及雙子葉植物具差異之高度相似性序列處。
- (F) DREB/CBF 轉錄因子在單子葉及雙子葉植物中核苷酸保守片段 (2585bp – 2613bp 之區間)，藍色填色為單子葉植物高度相似性片段，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性片段，黑色填色為單子葉及雙子葉作物保守片段。



(A) *COR15* 單雙子葉 404 bp – 444 bp 之區間



(B) *COR15* 單雙子葉 1497 bp – 1532 bp 之區間



圖四、*COR15* 基因在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段

Figure 4. The high similarity regions on *COR15* gene of monocotyledons and dicotyledons.

(A) *COR15* 基因在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段 (404bp – 444bp)，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性片段，黑色填色為單子葉及雙子葉植物保守片段，黑色箭頭為引子設計位置。


(B) *COR15* 基因在單子葉及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段 (1497bp – 1532bp)，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性片段，黑色填色為單子葉及雙子葉植物保守片段。



(三) 胺基酸保守序列組成

1. HSF 轉錄因子

針對 HSF 轉錄因子之胺基酸序列進行多重序列各別單子葉作物、雙子葉植物及單雙子葉植物胺基酸序列，各別茄科作物及十字花科植物之分析結果詳見附圖五、附圖六，在各物種中，轉譯起始點- Methionine 至 DNA binding domain 前之胺基酸序列具有極高的歧異度(此區間約 150 個胺基酸，僅有 14 – 15 個胺基酸在物種間具有高度相似性)，而在 DNA binding domain 及 HR A/B Domain 之胺基酸序列有極高的保守及高度相似性，因此節錄 DNA binding domain 及 HR A/B Domain 進行重點探討比較單子葉作物、雙子葉植物及單雙子葉植物之胺基酸序列。針對耐溫度逆境功能性進行分群，耐高溫及耐低溫之轉錄因子無群間特有保守序列，無法以轉錄因子功能性進行分群。分析單子葉作物 (圖五 A)、雙子葉植物 (圖五 B) 與單子葉及雙子葉植物(圖五 C) 中均發現其 DNA binding domain 具高度保守性，序列分析結果皆可分為兩大群，兩大群間具有群間特有之胺基酸高度相似性序列。在單子葉作物中 DNA binding domain 在物種間之長度 82 – 94 個胺基酸間，其中在玉米的 ZmHSF12-P1 蛋白質中具有 15 個胺基酸之插入 (圖五 A); 在雙子葉植物中，DNA binding domain 之胺基酸長度介於 70 – 95，其中在阿拉伯芥的 AtHSFA2(NP.001118388.1) 有 24 個胺基酸的缺失、在大豆的 GmHSF17 有 10 個胺基酸的插入及番茄的 SIHSFB-2a-like 有 7 胺基酸序列之插入，在雙子葉植物中 DNA binding domain 胺基酸序列長度有差異，但分群結果無法將單子葉及雙子葉植物依胺基酸序列差異而分群，胺基酸保守序列進行分群，可分為兩大群在第 8、16 – 17、37、49、98 及 110 個胺基酸可清楚地辨別第一大群及第二大群之差異，第 8 個胺基酸，第一大群 P、第二大群多為 A 或 T; 第 16 – 17 個胺基酸，第一大群多為 DM、第二大群多為 QL; 第 37 個胺基酸，第一大群大多為 S、第二大群大為 N; 第 49 個胺基酸，第一大群多為 D、第二大群多為 R; 第 98 個胺基酸，第一大群多為 D、第二大群多為 V; 第 110 個胺基酸第一大群多為 L、第二大群多為 R (圖五 C)。




分別針對單子葉作物 (圖六 A)、茄科作物(圖六 B)、十字花科植物(圖六 C)、雙子葉植物(圖六 D)與單子葉及雙子葉植物(圖六 E)之 HR A/B Domain 進行多重序列比較分析，分析胺基酸保守序列組成，結果顯示 HR A/B Domain 在物種中具有高度相似性，但在不同物種中之 HR-A core 區域具有胺基酸序列插入，如單子葉植物之水稻的 OsHSFA2C homology X1、OsHSFA2C homology X2 及玉米的 ZmHSF10、ZmHSF7 (圖六 A)，茄科作物之番茄的 SIHsfB4(圖六 B)，雙子葉植物之大豆的 GmHSF25 及番茄的 SIHSF24(圖六 D)。接著依 HRA/B Domain 胺基酸序列分析，在不同物種間皆可分為兩大群，群間具辨別差異之胺基酸高度相似性片段，群間無法依據胺基酸序列清楚分出單子葉植物及雙子葉植物之差異，但在第 47、49-50、52、62、67、69-70 及 73 個胺基酸可清楚地辨別第一大群及第二大群之差異，第 47 個胺基酸，第一大群多為 Q、第二大群多為 E；第 49-50 個胺基酸，第一大群多為 QQ、第二大群多為 NE；第 52 個胺基酸，第一大群多為 T、第二大群多為 L；第 62 個胺基酸，第一大群多為 R、第二大群多為 E；第 67 個胺基酸，第一群多為 E、第二大群多為 K；第 69-70 個胺基酸，第一大群多為 RQ、第二大群多為 LC；第 73 個胺基酸，第一大群多為 M，第二大群多為 I(圖六 E)。

比對胺基酸高度相似性片段與核苷酸高度相似性片段之關係，結果顯示兩處核苷酸高度相似性片段轉譯後之胺基酸序列與轉錄因子之 DNA binding domain 胺基酸序列一致，圖五 C 之黑色箭頭標示處則為兩處胺基酸對應核苷酸序列高度相似性片段所在位置，因此針對核苷酸連續高度相似性片段設計引子具有其參考價值。

2. WRKY 轉錄因子

針對 WRKY 轉錄因子進行多重序列比較在單子葉作物及雙子葉植物之胺基酸序列分析，茄科作物及雙子葉植物之分析結果詳見附圖七、附圖八，在轉譯起始點- Methionine 至 WRKY domain 前之區間，胺基酸序列在物種間具有極高的歧異度(此區間共 624 個胺基酸僅只 14 個胺基酸具高度相似性)，因此節錄在物種間

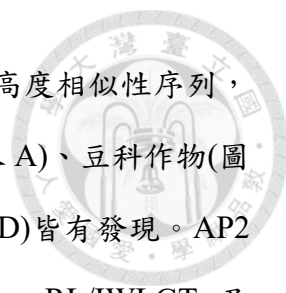


高度保守之 WRKY 轉錄因子 DNA binding domain 之 WRKY Domain 及 Zinc fingers 進行物種間序列保守探討。在單子葉作物 (圖七 A)、單子葉及雙子葉植物 (圖七 B) 中, WRKY Domain 及 Zinc-fingers 有高度的相似性, 且在物種間 WRKY domain 可分為 WRKYGQK 及 WRKYGKK 兩種類型, 並依其胺基酸序列相似性可分為兩大群, 群間具可辨別差異之胺基酸高度相似性序列。在單子葉及雙子葉植物中, 胺基酸保守序列分群結果, 第一大群具單子葉及雙子葉植物, 第二大群僅有單子葉作物劃分在裡面, 並在第 31 – 34、44、67 – 69、76 – 77 個胺基酸序列可清楚地辨別兩大群之差異, 第 31 – 34 個胺基酸中, 第一大群多為 VKGN、第二大群多為 IQNS 或 ILGA; 第 44 個胺基酸, 第一大群多為 S、第二大群多為 T; 第 67 – 69 個胺基酸, 第一大群多為 VIT、第二大群多為 YDV 及 FDV; 第 76 – 77 個胺基酸, 第一大群多為 NH、第二大群多為 TC (圖七 B); 並依耐逆境功能進行細部分群, CsWRKY46、TaWRKY46、TaWRKY51、TaWRKY52、GmWRKY21、TaWRKY44、CsWRKY21 及 CsWRKY18 在低溫、乾旱及鹽害逆境皆有表現, 且 CsWRKY46 及 TaWRKY46 兩個轉錄因子間之胺基酸序列具高度相似性, 雖細部分群無群間特有之高度相似性序列, 但不同物種之轉錄因子皆位於第一大群。

針對胺基酸高度相似性片段比對其與核苷酸高度相似性片段之關係, 發現核苷酸高度相似性片段轉譯後之胺基酸序列與 WRKY domain 上之序列一致, 證實了核苷酸與胺基酸位置轉錄及轉譯的正確性, 箭頭標示處為兩處高度相似性片段所在位置(圖七 B), 因此針對 WRKY 轉錄因子核苷酸連續高度相似性片段設計引子, 具有其參考及利用價值。

3. DREB/CBF 轉錄因子

就 DREB/CBF 轉錄因子之胺基酸序列分別進行多重序列比較單子葉作物、豆科作物、雙子葉植物及綜合單子葉與雙子葉植物之胺基酸序列分析, 在 DREB/CBF 轉錄因子轉譯起始點- Methionine 至 AP2 domain 前之胺基酸序列具有高度相似性, 其高度相似性序列為 RKKFRETRH (NSL 序列), DREB/CBF 轉錄因子針對耐溫度

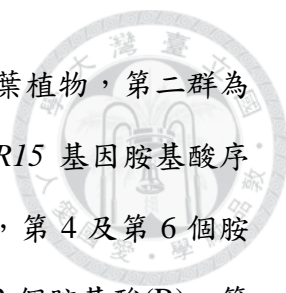


逆境之功能進行分群，耐高溫及耐低溫之轉錄因子無群間特有高度相似性序列，因此無法以耐高溫及低溫之功能性進行分群。單子葉作物(圖八 A)、豆科作物(圖八 B)、雙子葉植物(圖八 C)及綜合單子葉與雙子葉植物(圖八 D)皆有發現。AP2 Domain 具有高度保守性序列，其序列分別為 YRGVTQ/R、RL/IWLGT 及 AARAH/YD，此保守序列皆可見於不同物種間，可知 AP2 domain 在物種間具極高的保守性，最後依據 DREB/CBF 轉錄因子之胺基酸序列保守性可分為兩大群，群間具有可辨別差異之胺基酸序列。在單子葉及雙子葉作物中，分群結果無法清楚分出單子葉作物及單子葉作物之差異，但在 63、65、75、85、90 及 95 個胺基酸可清楚地辨別群間之差異，在第 63 個胺基酸，第一大群多為 C、第二大群多為 A；第 65 個胺基酸，第一大群多為 V、第二大群多為 I；第 75 個胺基酸，第一大群多為 I、第二大群多為 L；第 85 個胺基酸，第一大群多為 M、第二大群多為 E 和 D；第 90 個胺基酸，第一大群多為 H、第二大群多為 Y；第 95 個胺基酸，第一大群多為 L、第二大群多為 R(圖八 D)。

比對高度相似性片段核苷酸與胺基酸序列之相關性，發現兩處 DREB/CBF 轉錄因子之核苷酸高度相似性序列轉譯後之蛋白質序列，與 AP2 domain 上之胺基酸序列具高度保守性，因此，可得知核苷酸與胺基酸序列轉錄及轉譯位置之正確性，黑色箭頭標示處則為兩處片段所在位置(圖八 D)，因此針對核苷酸連續高度相似性片段設計引子，具有其參考價值。

4. *COR15* 基因

針對 *COR15* 基因胺基酸序列進行多重序列比較雙子葉植物、單子葉植物及雙子葉植物胺基酸序列保守組成，在雙子葉植物(圖九 A)中，胺基酸序列具有高度相似性，其高度相似性片段為第 51–100 個胺基酸間，其中在第 57、60、76、80–81、83 及 86 個胺基酸在物種間具高度相似性，其餘片段在物種間皆為保守序列，並依序列之保守性可將雙子葉植物分為兩群，第一群包含阿拉伯芥，第二群包含油菜、薺菜及亞麻薺，群間具有可區別差異之胺基酸序列；在單子葉及雙子葉作



物中（圖九 B），依序列保守性可分為兩群，第一群包含雙子葉植物，第二群為單子葉作物（小麥），群間具有可區分差異之胺基酸序列，*COR15* 基因胺基酸序列在單子葉及雙子葉植物中具相似性，在第 1-2 個胺基酸(MA)，第 4 及第 6 個胺基酸(S)，第 13 及第 62 個胺基酸(G)，第 46 個胺基酸(F)，第 52 個胺基酸(R)，第 68 個胺基酸(L)，第 72 個胺基酸(N)，第 76-77 個胺基酸(AT)，第 83 個胺基酸(A)，第 85 個胺基酸(D)，第 88 個胺基酸(T)，第 90、106 及 177 個胺基酸(K)，第 102 個胺基酸(E)，第 109 個胺基酸(V)，第 133 個胺基酸(A)，共 21 個胺基酸在單子葉及雙子葉作物中具保守性，但因單子葉植物取樣過少，無法精確討論 *COR15* 基因在單子葉及雙子葉植物中特有之高度相似性序列之差異。



(A) HSF 單子葉 DNA binding domain



OsHSA2C homology X1	93T	PFLTKTYQLVE	-	DP	AVDDVIS	WN	EDGS	-	TF	VWRPAEF	FARDLLPKYFK	HNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KIVPDR	WE	FAN	DC	FR	GE	KRLL	CDI	HR	RRK																			
OsHSA2C homology X2	93T	PFLTKTYQLVE	-	DP	AVDDVIS	WN	EDGS	-	TF	VWRPAEF	FARDLLPKYFK	HNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KIVPDR	WE	FAN	DC	FR	GE	KRLL	CDI	HR	RRK																			
ZmHSF10	93T	PFLTKTYQLVD	-	DP	AVDDVIS	WN	EDGS	-	TF	VWRPAEF	FARDLLPKYFK	HNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KMVPDR	WE	FAN	DC	FR	GE	KRLL	CDI	HR	RRK																			
ZmHSF7	93T	PFLSKTYQLVD	-	DP	AVDDIIS	WN	DDGS	-	AF	I VWRPAEF	FARDLLPKYFK	HNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KIVPDR	WE	FAN	DC	FR	GE	KRLL	CDI	HR	RRK																			
ZmHSF20	93P	PFLTKTYAMVE	-	DS	ATDDTIS	WN	DTGT	-	AF	VWRPAEF	FARDLLPKHFK	HSNFSSFVR	QLNTY	GFK	KVVGDR	WE	FAN	DC	FR	GE	KHLL	LAGI	QR	RRK																			
OsHSFB2A	93P	PFLTKTYAMVE	-	DP	STDETIS	WN	DSGT	-	AF	VWRPAEF	FARDLLPKHFK	HSNFSSFVR	QLNTY	GFK	KVADR	WE	FAN	DC	FR	GE	KHLL	GGI	QR	RRK																			
ZmHSF2	93P	PFLSKTYEMVD	-	DP	ATDAVVA	W	TPLGT	-	SF	VVANQAEF	CRDLLPKYFK	HNNFSSFVR	QLNTY	GFK	KIDPEQ	WE	FAN	DD	FI	R	QQHRL	KNI	HR	RRK																			
ZmHSF6	93P	PFLSKTYDLVN	-	EP	ALDGVIS	W	GAAGN	-	SF	VWDPST	FARDVLP	HNF	KHNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KVHADR	WE	FA	HE	D	LR	DS	KHLL	KRI	V	RRR																	
OsHSFC2A	93A	PVFAKTYRMVD	-	DP	ATDGVIA	W	GRDSN	-	SF	VVADPFAF	SQTLLPAHF	KHSNFSSFVR	QLNTY	GFR	KVDPDR	WE	FA	H	V	S	LR	G	Q	THLL	RR	I	V	RRS															
OsHSFC2B	93A	PVFWKTYRMVE	-	DP	GTDGVIG	W	GKGN	-	SF	VVADP	VFSQTLLPAHF	KHSNFSSFVR	QLNTY	GFR	KVDPDR	WE	FA	H	A	S	LR	G	Q	THLL	LR	N	I	V	RRG														
OsHSA6A	94A	PVFAKTYEMVA	-	DA	ATDAVVS	W	PGGSGA	-	SF	VWDPHAF	AAGVLP	RFFK	HANFSSFVR	QLNTY	GFR	KVTPDR	WE	FA	N	E	A	LR	A	G	KHLL	KNI	K	RRR															
ZmHSF12-P1	94P	PFLAKTFELVE	-	DP	ATDAVIS	W	GAARN	-	SF	VWDPHAF	AAGHLPRR	FKHG	NFSTFLR	QLNTY	VRNHISQFVINKHCN	GFR	KVSPDR	WE	FA	H	T	D	LR	A	G	QRHL	VNI	K	RRR															
ZmHSF12-P2	93P	PFLAKTFELVE	-	DP	ATDAVIS	W	GAARN	-	SF	VWDPHAF	AAGHLPRR	FKHG	NFSTFLR	QLNTY	GFR	KVSPDR	WE	FA	H	T	D	LR	A	G	QRHL	VNI	K	RRR															
ZmHSF8	93A	PFLTKVYDMVS	-	DP	ATDAVIS	W	SAGGG	-	SF	VIWDSHV	FERDLLPRHFK	HNNHFTSFI	RQLNTY	G	F	H	K	V	D	P	D	R	W	E	W	A	N	E	G	F	I	K	G	K	H	L	L	K	T	I	K	R	K
ZmHSF9	93A	PFLTKVYDMVS	-	DP	ATDAVIS	W	SAGGG	-	SF	VIWDSHV	FERDLLPRHFK	HNNHFTSFI	RQLNTY	G	F	H	K	V	D	P	D	R	W	E	W	A	N	E	G	F	I	K	G	K	H	L	L	K	T	I	K	R	K
ZmHSF14	93A	PFLTKVYDMVS	-	DP	ATDAVIS	W	SAAGG	-	SF	VIWDSHAF	ERDLLPRHFK	HNNHFTSFI	RQLNTY	G	F	H	K	V	D	P	D	R	W	E	W	A	N	E	G	F	V	K	G	K	H	L	L	K	T	I	K	R	K
ZmHSF30	93P	PFLTKTYDMVD	-	DS	DTDLIVS	W	SATNN	-	SF	VWDPHAF	ATVLLPRHFK	HNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KVDPDR	WE	FAN	E	G	FR	G	QRHL	L	KNI	RR	RRK																	
OsHSA2A	93P	PFLCKTYEVVD	-	DP	GTDTVIS	W	GFAGN	-	SF	VVWDANAF	AAVLLPRYFK	HSNFSSFVR	QLNTY	GFR	KVDPDR	WE	FAN	E	G	FR	G	K	KE	L	L	KTI	K	RRR															
ZmHSF13	93P	PFLTKTFDLVA	-	DP	ATDEVIS	W	GRAGN	-	SF	VWDPHV	FAAVLLPRF	FKHNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KIDPDS	WE	FAN	E	G	FR	G	QRHL	L	R	L	I	K	RRR															
OsHSA2D	82P	PTLLQAQFLQL	R	PP	AQHLPRW	I	K	TAD	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
ZmHSF30 homology 2	93P	PFLTKTFDLVE	-	DP	ATDAVLS	W	S	RAGN	-	SF	I VWD	PHVFADGL	LLPRL	FKHNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KVDPDR	WE	FAN	E	G	FR	G	QRHL	L	KMI	K	RRR															
OsHSA2C	93P	PFLTKTYDLVE	-	DP	ATDGVVS	W	S	RAGN	-	SF	VWDPHV	FADLLPRL	FKHNNFSSFVR	QLNTY	GFR	KVDPDR	WE	FAN	E	G	FR	G	QRHL	L	KTI	K	RRK																

(C) HSF 單雙子葉 DNA binding domain



	8	16	37	49	98	110
AiHSFA2	P	P	P	P	G	G
AiHSFA2 NP 00118388.1	I	S	S	I	L	L
BrHsf-10	P	P	P	P	G	G
GmHSF34(Class a2)	P	P	P	P	G	G
GmHSF08(Class a2)	P	P	P	P	G	G
SIHSF30	P	P	P	P	G	G
SIHSF30(Class a2)	P	P	P	P	G	G
BrHsf-15	P	P	P	P	G	G
BrHsf-16	P	P	P	P	G	G
SIHSFA6B	P	P	P	P	G	G
BrHsf-20	P	P	P	P	G	G
ZmHSFA30	P	P	P	P	G	G
OsHSFA2A	P	P	P	P	G	G
ZmHSF13	P	P	P	P	G	G
OsHSFA2D	R	L	R	R	R	L
ZmHSF30 homology 2	P	P	P	P	G	G
OsHSFA2C	P	P	P	P	G	G
SIHSFA3	P	P	P	P	G	G
SIHSFA3	P	P	P	P	G	G
ZmHSF6	P	P	P	P	G	G
OsHSFA6A	A	P	P	P	G	G
ZmHSF12-P1	P	P	P	P	G	G
ZmHSF12-P2	P	P	P	P	G	G
GmHSF16(Class c1)	A	P	P	P	G	G
BrHsf-23	A	P	P	P	G	G
OsHSFC2A	A	P	P	P	G	G
OsHSFC2B	A	P	P	P	G	G
ZmHSF8	A	P	P	P	G	G
ZmHSF9	A	P	P	P	G	G
ZmHSF14	A	P	P	P	G	G
AiHSFA1a	P	P	P	P	G	G
AiHSFA1e	P	P	P	P	G	G
AiHSFA1b(HSF3)	P	P	P	P	G	G
GmHSF04(Class a1)	A	P	P	P	G	G
GmHSF17(Class a1)	P	P	P	P	G	G
GmHSF33(Class a1)	P	P	P	P	G	G
SIHSFA1a(HSF8)	P	P	P	P	G	G
BrHsf-29	P	P	P	P	G	G
AiHSFA1d	P	P	P	P	G	G
AiHSFA1d NP 174511.2	P	P	P	P	G	G
BrHsf-24	A	P	P	P	G	G
GmHSF10(Class a8)	A	P	P	P	G	G
SIHSFA5	A	P	P	P	G	G
GmHSF09(Class a5)	A	P	P	P	G	G
SIHSFA4A	P	P	P	P	G	G
ZmHSF2	P	P	P	P	G	G
GmHSF11(Class a4)	P	P	P	P	G	G
SIHSFB-2a-like	P	P	P	P	G	G
AiHSFB1(HSF4)	A	P	P	P	G	G
BrHsf-01	A	P	P	P	G	G
SIHSF24	A	P	P	P	G	G
GmHSF25(Class b1)	A	P	P	P	G	G
SIHSFB4	A	P	P	P	G	G
BrHsf-25	A	P	P	P	G	G
ZmHSF20	P	P	P	P	G	G
OsHSFB2A	P	P	P	P	G	G
BrHsf-35	P	P	P	P	G	G
BrHsf-11	P	P	P	P	G	G
AiHSFB2a	T	P	P	P	G	G
ZmHSF10	T	P	P	P	G	G
ZmHSF7	T	P	P	P	G	G
OsHSFA2C homology X1	T	P	P	P	G	G
OsHSFA2C homology X2	T	P	P	P	G	G



圖五、HSF 轉錄因子之 DNA-binding domain (DBD)在植物中胺基酸高度相似性序列。

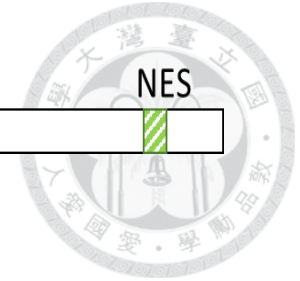
NLS 為核定位信號區，NES 為核輸出信號區

Figure 5. High similarity sequences of amino acid in HSF DNA binding domain .

NLS indicate unclear localization signal region, and NES indicate nuclear export signal region.

- (A) HSF 轉錄因子之 DNA-binding domain 在單子葉作物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為單子葉作物高度相似性序列，黑色填色為單子葉作物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (B) HSF 轉錄因子之 DNA-binding domain 在雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為雙子葉植物高度相似性序列，黑色填色為雙子葉植物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (C) HSF 轉錄因子之 DNA-binding domain 在單子葉及雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，綠色填色為第一大群高度相似性序列，藍色填色為第二大群高度相似性序列，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性序列，黑色填色為單子葉及雙子葉植物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處，黑色箭頭為核苷酸高度相似性序列所在區間。

(A) HSF 單子葉 HR-A/B domain

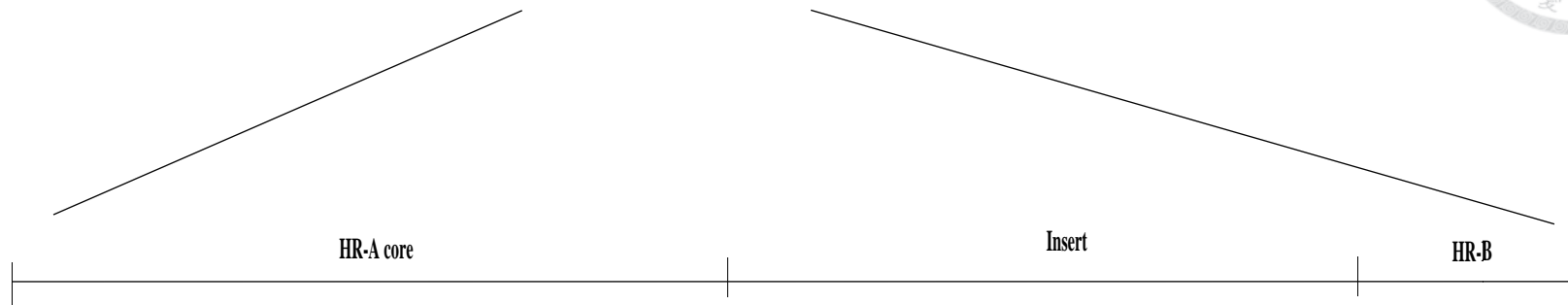
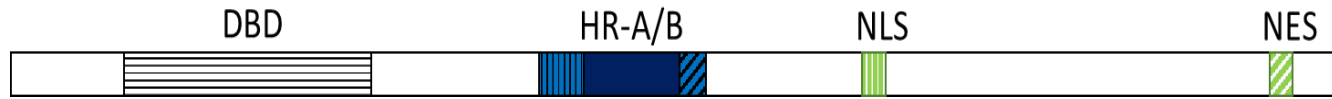


	HR-A core										Insert										HR-B																																																													
OsHSA2C homology X1	75	H	S	S	E	E	Q	-	-	-	V	L	S	S	N	S	G	S	G	E	E	H	R	Q	A	S	G	S	G	S	A	P	G	G	G	G	G	S	A	S	G	G	D	M	G	E	E	N	E	R	L	R	R	E	N	A	R	L	T	R	E	L	G	H	M	K	K	L	C	N	N	-	-	-	I	L	L	L	M	S	K	
OsHSA2C homology X2	75	H	S	S	E	E	Q	-	-	-	V	L	S	S	N	S	G	S	G	E	E	H	R	Q	A	S	G	S	G	S	A	P	G	G	G	G	G	S	A	S	G	G	D	M	G	E	E	N	E	R	L	R	R	E	N	A	R	L	T	R	E	L	G	H	M	K	K	L	C	N	N	-	-	-	I	L	L	L	M	S	K	
ZmHSF10	69	L	S	T	D	E	H	-	-	-	V	L	S	S	N	S	G	S	A	E	D	H	P	Q	A	A	A	S	G	S	V	S	-	-	-	-	A	S	A	S	G	D	T	G	E	E	N	E	R	L	R	R	E	N	A	R	L	T	R	E	L	G	Q	M	K	K	L	C	N	N	-	-	-	I	L	L	L	M	T	K		
ZmHSF7	73	V	Y	S	G	E	E	-	-	-	Q	V	L	S	S	S	S	P	E	P	P	S	L	Q	H	P	P	A	P	S	G	S	G	S	G	V	V	S	G	D	V	G	E	E	N	E	R	L	R	R	E	N	A	R	L	A	R	E	L	G	Q	M	K	K	L	C	N	N	-	-	-	I	L	L	L	M	S	K				
ZmHSF20	61	S	S	G	G	E	P	-	-	-	A	V	S	S	S	P	P	R	G	S	T	A	G	V	S	G	-	A	V	-	-	-	-	-	A	E	L	E	E	E	N	A	R	L	R	R	E	N	A	R	L	A	R	E	L	A	R	A	R	R	L	C	D	G	-	-	-	V	R	Q	L	M	A	R								
OsHSFB2A	64	S	S	G	G	E	P	-	-	-	A	V	S	S	S	P	P	R	G	A	A	G	I	A	A	G	-	V	S	G	-	-	-	-	A	V	A	E	L	E	E	N	A	R	L	R	R	E	N	A	R	L	A	R	E	L	A	R	A	R	R	V	C	D	G	-	-	-	V	R	R	L	V	S	R							
ZmHSF2	77	P	D	T	E	R	R	-	-	-	D	Y	E	E	E	I	E	R	L	K	C	D	N	A	A	L	T	S	E	-	L	E	K	N	A	Q	K	K	L	V	T	E	K	R	M	Q	E	L	E	D	K	L	I	F	L	E	D	R	Q	K	N	L	M	A	Y	V	R	D	I	V	Q	A	P	G	S	F	S	S	F	V	Q	Q
ZmHSF6	76	S	S	S	G	E	S	-	-	-	S	L	D	P	E	L	H	T	L	R	R	E	K	N	A	L	L	E	E	-	V	A	R	L	K	Q	E	H	R	Q	T	I	E	Q	M	S	T	L	N	H	R	L	E	S	A	E	D	R	Q	R	Q	M	V	S	F	L	A	K	L	L	Q	N	P	S	F	V	R	K	L	K	L	-
OsHSFC2A	73	G	G	G	G	E	A	-	-	-	A	A	G	D	V	D	E	E	S	A	V	V	A	L	E	-	V	A	R	L	R	R	E	Q	R	E	I	E	G	R	V	A	A	M	W	R	R	V	Q	E	T	E	R	R	P	K	Q	M	L	A	F	L	V	K	V	V	G	D	P	Q	V	L	R	R	L	V	D	R				
OsHSFC2B	78	G	G	G	G	K	R	R	D	A	S	A	D	G	G	G	G	G	D	E	D	M	T	M	V	A	T	E	-	V	V	R	L	K	Q	E	Q	R	T	I	D	D	R	V	A	A	M	W	R	R	V	Q	E	T	E	R	R	P	K	Q	M	L	A	F	L	L	K	V	V	G	D	R	D	K	L	H	R	L	V	G	G	
OsHSA6A	77	V	V	F	G	Q	P	-	-	-	E	A	P	G	E	V	V	S	L	K	R	D	R	A	A	L	R	A	E	-	V	I	M	L	K	Q	Q	Y	N	A	C	K	S	Q	L	I	A	M	E	E	M	V	R	N	I	E	R	R	Q	Q	Q	T	I	G	F	F	A	K	V	L	T	N	P	A	F	V	Q	Q	V	L	L	N
ZmHSF12-P1	75	G	A	G	G	D	R	-	-	-	D	S	E	L	E	T	L	R	R	D	R	E	A	L	A	R	E	-	L	T	R	L	R	R	E	Q	E	E	A	R	A	Q	L	L	D	M	E	R	R	V	R	G	T	E	R	R	Q	E	Q	C	T	A	F	L	A	R	A	I	R	N	P	A	F	L	D	G	L	L	A	R		
ZmHSF12-P2	75	G	A	G	G	D	R	-	-	-	D	S	E	L	E	T	L	R	R	D	R	E	A	L	A	R	E	-	L	T	R	L	R	R	E	Q	E	E	A	R	A	Q	L	L	D	M	E	R	R	V	R	G	T	E	R	R	Q	E	Q	C	T	A	F	L	A	R	A	I	R	N	P	A	F	L	D	G	L	L	A	R		
ZmHSF8	78	I	E	I	G	K	Y	-	-	G	L	E	K	E	V	E	T	L	K	R	D	K	A	L	L	M	Q	Q	-	L	V	D	L	R	Q	Y	Q	Q	T	S	S	L	E	V	Q	S	L	I	Q	R	L	R	V	M	E	Q	N	Q	Q	Q	M	M	A	L	L	A	I	V	V	H	N	P	D	F	L	N	Q	L	V	Q	Q	
ZmHSF9	78	I	E	I	G	K	Y	-	-	G	L	E	K	E	V	E	T	L	K	R	D	K	A	L	L	M	Q	Q	-	L	V	D	L	R	Q	Y	Q	Q	T	S	S	L	E	V	Q	S	L	I	Q	R	L	R	V	M	E	Q	N	Q	Q	Q	M	M	A	L	L	A	I	V	V	H	N	P	D	F	L	N	Q	L	V	Q	Q	
ZmHSF14	78	I	E	I	G	K	Y	-	-	G	L	E	K	E	V	E	T	L	K	R	D	K	A	L	L	M	Q	Q	-	L	V	D	L	R	Q	Y	Q	Q	T	S	S	A	E	V	Q	N	L	I	Q	R	L	R	V	M	E	Q	N	Q	Q	Q	M	M	A	L	L	A	I	V	V	Q	N	P	D	F	L	N	Q	L	V	Q	Q	
ZmHSF30	77	L	E	V	G	H	F	-	-	G	Y	D	A	E	I	D	M	L	K	R	D	K	Q	L	L	M	A	E	-	V	V	K	L	R	Q	E	Q	Q	N	T	K	A	N	L	K	A	M	E	D	R	L	Q	G	T	E	Q	K	Q	Q	Q	M	M	A	F	L	A	R	V	M	R	N	P	E	F	L	K	H	L	V	S	Q	
OsHSA2A	77	L	E	V	G	Q	F	-	-	G	L	D	G	V	V	N	R	L	Q	R	D	K	S	V	L	I	A	E	-	V	V	K	L	R	Q	E	Q	Q	T	T	R	A	Q	M	Q	A	M	E	E	R	L	S	A	A	E	Q	K	Q	Q	Q	M	T	V	F	L	A	R	A	M	K	N	P	G	F	L	Q	M	L	V	D	R	
ZmHSF13	78	L	E	V	G	R	F	-	-	G	L	D	G	E	M	E	R	L	R	R	D	K	S	I	L	L	A	E	-	V	V	K	L	R	Q	E	Q	Q	S	T	R	A	G	M	R	A	M	E	E	R	L	R	H	A	E	H	K	Q	V	Q	M	M	G	F	L	A	R	A	V	Q	S	P	D	F	L	F	Q	L	L	A	Q	Q
OsHSA2D	77	L	E	V	G	Q	F	-	-	G	L	D	E	E	I	D	R	L	K	R	D	K	N	I	L	L	A	E	-	V	V	K	L	R	H	K	Q	Q	S	T	K	A	N	M	R	A	M	E	E	R	L	Q	H	A	E	Q	K	Q	V	Q	M	M	G	F	L	A	R	A	M	Q	N	P	D	F	F	H	Q	L	I	H	Q	Q
ZmHSF30 homology 2	77	L	E	V	G	E	F	-	-	G	F	E	E	E	I	D	R	L	K	R	D	K	N	I	L	I	T	E	-	V	V	K	L	R	Q	E	Q	Q	S	T	K	D	H	V	R	A	M	E	E	R	L	R	V	A	E	Q	K	Q	V	Q	M	M	G	F	L	A	R	A	M	R	N	P	E	F	F	Q	Q	L	A	Q	Q	
OsHSA2C	77	L	E	V	G	E	F	-	-	G	F	E	E	E	I	D	R	L	K	R	D	K	N	I	L	I	T	E	-	V	V	K	L	R	Q	E	Q	Q	A	T	K	D	H	V	K	A	M	E	D	R	L	R	A	A	E	Q	K	Q	V	Q	M	M	G	F	L	A	R	A	M	R	N	P	E	F	F	Q	Q	L	A	Q	Q	

I
II



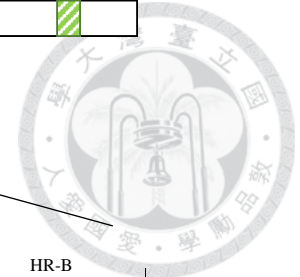
(B) HSF 茄科作物 HR-A/B domain



	HR-A core	Insert	HR-B
SIHsfA1a(HSF8)	61 E V E R L K R D K N V - - - - - L M Q E L V R L R Q Q Q Q A T D N Q L Q G M V Q R L Q G M E L R Q Q Q M M S F L A K A V N - R P G F L		
StHSF30(Class a2)	61 E L E R L K R D K N V - - - - - L M T E I V K L R Q Q Q Q S T R N Q I I A M G E K I E R Q E R K Q E Q M M S F L A K I F S - N P T F L		
SIHSF30	61 E L E R L K R D K N V - - - - - L M T E I V K L R Q Q Q Q S T R N H I I A M G E K I E T Q E R K Q V Q M M S F L A K I F S - N P T F L		
StHSFA3	61 E I E K L R N E K S L - - - - - M M Q E V V E L Q Q Q Q R G T V Q Q M E S V N E K L Q A A E Q R Q K Q M V S F L A K V L Q - N P T F L		
SIHSFA3	61 E I E K L R N E K S L - - - - - M M Q E V V E L Q Q Q Q R G T V Q Q M E S V N E K L Q A A E Q R Q K Q M V S F L A K V L Q - N P T F L		
SIHsfB4	62 S D D Q L Y Q Q Q N I N W C D S P C S N N N N A S N N N T N T V T A L S E D N D R L R R S N N M L M S E L A H M R K L Y N D I I Y F V Q N H V K - P V T P S		
SIHsfA6B	61 E I D R L R R E K K D - - - - - L M M E L V E L K Q H Q Q T T K S H I K S M E E K L K R T E A K Q Q Q M M N F L A K A M Q - N P R F L		
StHSFA5	61 E I D K L T R E K S G - - - - - L E A N V S R F R Q Q Q S A A K L Q L E E L T G R V G S I E Q R Q E S L L A F V E K A I Q - N P D F V		
SIHsfA4A	61 D I E K L K H E N E S - - - - - L H L V L H R H K Q D H Q G L E M Q M Q V L N Q R V Q Q V K D R Q K N V L S T L A R T I N - K P G L A		
SIHSF24	62 S K N P G S V D T P G - - - - - K L S Q F T D L S D E N E K L K K D N Q M L S S E L V Q A K K Q C N E L V A F L S Q Y V K V A P D M I		
SIHsfB-2a-like	52 - - - - - Q E N T - - - - - I T R Q - - H L M E E N Q N L K K E R M E L Q M Q I A H F K T L E M K L L Q C L S Q C V E - N P H N K		

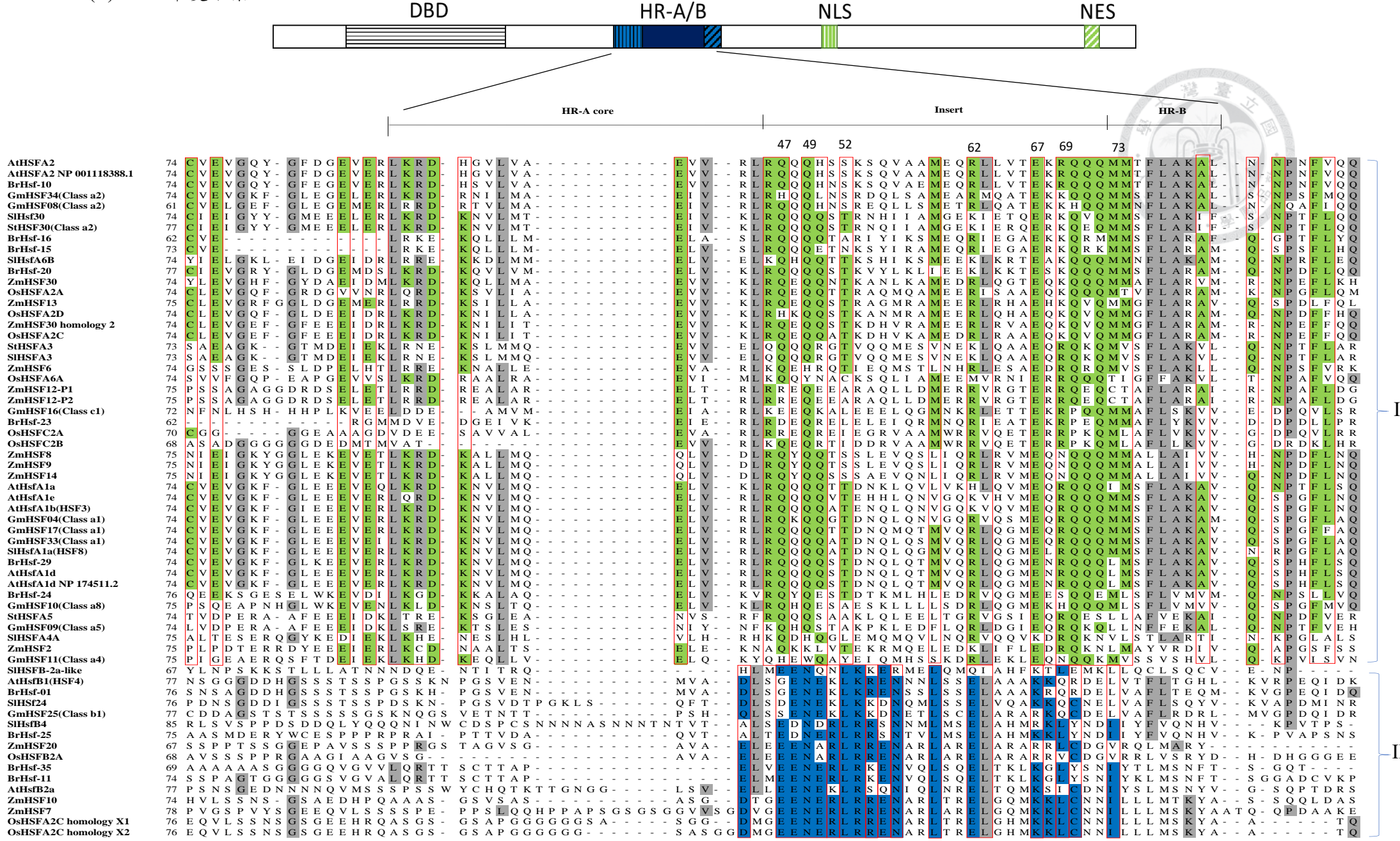
I
II

(D) HSF 雙子葉 HR-A/B domain



		HR-A core																				Insert																				HR-B																																													
AtHsFA2 NP 00118388.1	75	C	-	-	V	E	V	G	Q	Y	G	F	D	G	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	H	G	V	L	-	-	V	A	E	V	V	R	L	R	Q	Q	H	S	S	K	S	Q	V	A	A	M	E	Q	R	L	L	V	T	E	K	R	Q	Q	Q	M	M	T	F	L	A	K	A	L	N	-	-	-	N	P	N	F	V	Q	Q	F	
AtHsFA2	75	C	-	-	V	E	V	G	Q	Y	G	F	D	G	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	H	G	V	L	-	-	V	A	E	V	V	R	L	R	Q	Q	H	S	S	K	S	Q	V	A	A	M	E	Q	R	L	L	V	T	E	K	R	Q	Q	Q	M	M	T	F	L	A	K	A	L	N	-	-	-	N	P	N	F	V	Q	Q	F	
BrHsf-10	75	C	-	-	V	E	V	G	Q	Y	G	F	E	G	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	H	S	V	L	-	-	V	A	E	V	V	R	L	R	Q	Q	H	S	S	K	S	Q	V	A	A	M	E	Q	R	L	L	V	T	E	K	R	Q	Q	Q	M	M	T	F	L	A	K	A	L	N	-	-	-	N	P	N	F	V	Q	Q	F	
GmHSF34(Class a2)	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	G	-	-	-	-	E	L	E	R	L	K	R	D	R	N	I	L	-	-	M	A	E	I	V	R	L	R	H	Q	Q	L	N	S	R	D	Q	L	S	A	M	E	A	R	M	Q	A	T	E	K	K	Q	Q	Q	M	M	S	F	L	A	K	A	L	S	-	-	-	N	P	S	F	M	Q	Q	L
GmHSF08(Class a2)	75	C	-	-	V	E	L	G	E	F	G	L	E	G	-	-	-	-	E	M	E	R	L	R	R	D	R	T	V	L	-	-	M	A	E	I	V	R	L	R	Q	Q	H	N	S	R	E	Q	L	L	S	M	E	T	R	L	Q	A	T	E	K	K	H	Q	Q	M	M	N	F	L	A	K	A	L	N	-	-	-	N	Q	A	F	I	Q	Q	F	
SIHsF30	75	C	-	-	I	E	I	G	Y	Y	G	M	E	E	-	-	-	-	E	L	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	T	E	I	V	K	L	R	Q	Q	Q	S	T	R	N	H	I	I	A	M	G	E	K	I	E	T	Q	E	R	K	Q	V	Q	M	M	S	F	L	A	K	I	F	S	-	-	-	N	P	T	F	L	Q	Q	Y	
StHSF30(Class a2)	75	C	-	-	I	E	I	G	Y	Y	G	M	E	E	-	-	-	-	E	L	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	T	E	I	V	K	L	R	Q	Q	Q	S	T	R	N	H	I	I	A	M	G	E	K	I	E	R	Q	E	R	K	Q	E	Q	M	M	S	F	L	A	K	I	F	S	-	-	-	N	P	T	F	L	Q	Q	Y	
SIHsFA6B	75	Y	-	-	I	E	L	G	K	L	E	I	D	G	-	-	-	-	E	I	D	R	L	R	R	E	K	K	D	L	-	-	M	M	E	L	V	E	L	K	Q	H	Q	Q	T	T	K	S	H	I	K	S	M	E	K	L	K	R	T	E	A	K	Q	Q	M	M	N	F	L	A	K	A	M	Q	-	-	-	N	P	R	F	L	E	Q	M		
BrHsf-20	75	C	-	-	I	E	V	G	R	Y	G	L	D	G	-	-	-	-	E	M	D	S	L	K	R	D	K	Q	V	L	-	-	V	M	E	L	Y	K	L	R	Q	Q	Q	S	T	K	V	Y	L	K	L	I	E	E	K	L	K	K	T	E	S	K	Q	Q	M	M	S	F	L	A	R	A	M	Q	-	-	-	N	P	D	F	L	Q	Q	L		
BrHsf-16	63	C	-	-	V	E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L	R	K	E	K	Q	L	L	-	-	L	M	E	L	A	S	L	R	Q	Q	T	A	R	I	Y	I	K	S	M	E	Q	R	I	E	G	A	E	K	Q	R	M	M	S	F	L	A	R	A	F	Q	-	-	-	G	P	T	F	L	Y	Q	L								
BrHsf-15	63	C	-	-	V	E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L	R	K	E	K	Q	L	L	-	-	L	M	E	L	V	S	L	R	Q	Q	E	T	N	K	S	Y	I	R	A	M	E	Q	R	I	E	G	A	E	R	K	Q	R	K	M	M	S	F	L	A	R	A	M	Q	-	-	-	S	P	S	F	L	H	Q	L					
StHSFA3	74	S	-	-	A	E	A	G	K	-	G	T	M	D	-	-	-	-	E	I	E	K	L	R	N	E	K	S	L	M	-	-	M	Q	E	V	V	E	L	Q	Q	Q	R	G	T	V	Q	M	E	S	V	N	E	K	L	Q	A	A	E	Q	R	Q	K	M	V	S	F	L	A	K	V	L	Q	-	-	-	N	P	T	F	L	A	R	V			
SIHsFA3	74	S	-	-	A	E	A	G	K	-	G	T	M	D	-	-	-	-	E	I	E	K	L	R	N	E	K	S	L	M	-	-	M	Q	E	V	V	E	L	Q	Q	Q	R	G	T	V	Q	M	E	S	V	N	E	K	L	Q	A	A	E	Q	R	Q	K	M	V	S	F	L	A	K	V	L	Q	-	-	-	N	P	T	F	L	A	R	V			
AtHsFA1e	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	Q	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	Q	V	T	E	H	H	L	Q	N	V	G	K	V	H	V	M	E	Q	R	Q	Q	M	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	S	P	G	F	L	N	Q	L			
AtHsFA1b(HSF3)	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	Q	A	T	E	N	Q	L	Q	N	V	G	K	V	Q	V	M	E	Q	R	Q	Q	M	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	S	P	G	F	L	N	Q	L			
GmHSF04(Class a1)	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	G	T	D	N	Q	L	Q	N	V	G	Q	R	V	Q	S	M	E	Q	R	Q	Q	M	M	S	F	L	A	K	A	M	Q	-	-	-	S	P	G	F	L	A	Q	F			
AtHsFA1a	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	Q	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	K	L	R	Q	Q	Q	T	D	N	K	L	Q	V	L	V	K	H	L	Q	V	M	E	Q	R	Q	Q	I	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	N	P	T	F	L	S	Q	F			
GmHSF33(Class a1)	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	I	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	A	T	D	N	Q	L	Q	S	M	V	Q	R	L	Q	G	M	E	Q	R	Q	Q	M	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	S	P	G	F	L	A	Q	F			
SIHsFA1a(HSF8)	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	Q	A	T	D	N	Q	L	Q	G	M	V	Q	R	L	Q	G	M	E	L	R	Q	Q	M	M	S	F	L	A	K	A	V	N	-	-	-	R	P	G	F	L	A	Q	F		
GmHSF17(Class a1)	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	Q	T	D	N	Q	M	Q	T	M	V	Q	R	L	Q	G	M	E	Q	R	Q	Q	M	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	S	P	G	F	F	A	Q	F			
BrHsf-29	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	Q	S	T	D	N	Q	L	Q	T	M	V	Q	R	L	Q	G	M	E	N	R	Q	Q	L	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	S	P	H	F	L	S	Q	F		
AtHsfA1d	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	Q	S	T	D	N	Q	L	Q	T	M	V	Q	R	L	Q	G	M	E	N	R	Q	Q	L	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	S	P	H	F	L	S	Q	F		
AtHsFA1d NP 174511.2	75	C	-	-	V	E	V	G	K	F	G	L	E	E	-	-	-	-	E	V	E	R	L	K	R	D	K	N	V	L	-	-	M	Q	E	L	V	R	L	R	Q	Q	Q	S	T	D	N	Q	L	Q	T	M	V	Q	R	L	Q	G	M	E	N	R	Q	Q	L	M	S	F	L	A	K	A	V	Q	-	-	-	S	P	H	F	L	S	Q	F		
BrHsf-24	75	E	-	-	E	K	S	G	E	S	E	L	W	K	-	-	-	-	E	V	D	I	L	K	G	D	K	K	A	L	-	-	A	Q	E	L	V	K	V	R	Q	Y	Q	E	S	T	D	T	K	M	L	H	L	E	D	R	V	Q	G	M	E	S	Q	E	M	L	S	F	L	V	M	V	Q	-	-	-	N	P	S	L	L	V	Q	L			
GmHSF10(Class a8)	75	S	-	-	Q	E	A	P	N	H	G	L	W	K	-	-	-	-	E	V	E	N	L	K	L	D	K	N	S	L	-	-	T	Q	E	L	V	K	L	R	Q	H	Q	E	S	A	E	S	K	L	L	L	S	D	R	L	Q	G	M	E	K	H	Q	Q	M	L	S	F	L	V	M	V	Q	-	-	-	S	P	G	F	M	V	Q	L			
StHSFA5	75	T	-	-	V	D	P	E	R	A	A	F	E	E	-	-	-	-	E	I	D	K	L	T	R	E	K	S	G	L	-	-	E	A	N	V	S	R	F	Q	Q	Q	S	A	A	K	L	Q	L	E	E	L	T	G	R	V	G	S	I	E	Q	R	Q	E	S	L	A	F	V	E	K	A	I	Q	-	-	-	N	P	D	F	V	E	R	L		
GmHSF09(Class a5)	75	L	-	-	V	D	P	E	R	A	A	F	E	E	-	-	-	-	E	I	D	K	L	S	R	E	K	T	S	L	-	-	E	S	N	I	Y	N	F	R	Q	H	Q	S	T	A	K	P	K	L	E	D	F	L	Q	R	L	D	G	I	E	Q	R	Q	K	L	N	F	F	E	K	A	L	Q													

(E) HSF 單雙子葉 HR-A/B domain





圖六、HSF 轉錄因子之 HR-A/B Domain 在植物中胺基酸高度相似性序列
NLS 為核定位信號區，NES 為核輸出信號區

Figure 6. High similarity sequences of amino acid in HSF HR-A/B domain.

NLS indicate unclear localization signal region, and NES indicate nuclear export signal region.

- (A) HSF 轉錄因子之 HR-A/B Domain 在單子葉作物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為單子葉作物高度相似性序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (B) HSF 轉錄因子之 HR-A/B Domain 在茄科作物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為茄科作物高度相似性序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (C) HSF 轉錄因子之 HR-A/B Domain 在十字花科植物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為十字花科植物高度相似性序列，黑色填色為十字花科植物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (D) HSF 轉錄因子之 HR-A/B Domain 在雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為雙子葉植物高度相似性序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (E) HSF 轉錄因子之 HR-A/B Domain 在單子葉及雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，綠色填色為第一大群高度相似性序列，藍色填色為第二大群高度相似性序列，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。

(A) WRKY 單子葉作物

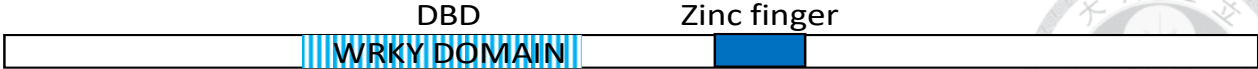


WRKY+ zinc finger

Species	Residue	Sequence
OsWRKY68	85	K R - R K N R V K R T I R V P A I S S K I A D - - - - I P P D E Y S W R K Y G Q K P I K G S P Y P R G Y Y K C S - - T V R G C P A R K H V E R A T D D P A M L V V T Y E G E H R H T
TaWRKY53	85	K R - R K N R V K T T V R V P A V S A K I A D - - - - I P P D E Y S W R K Y G Q K P I K G S P Y P R G Y Y K C S - - T V R G C P A R K H V E R A L D D P A M L V V T Y E G E H R H S
OsWRKY51	85	K R - R K H R V K R T I R V P A I S S K V A D - - - - I P A D D F S W R K Y G Q K P I K G S P F P R G Y Y K C S - - T L R G C P A R K H V E R D P T D P S M L I V T Y E G E H R H S
OsWRKY66	86	K R - R K N Q A R K V V C I P A P A A A G R T S G E V V P S D L W A W R K Y G Q K P I K G S P Y P R G Y Y R C S - - S S K G C S A R K Q V E R S R T D P N M L V I T Y T S E H N H P
OsWRKY39	81	K R - R K N Q Q K K V V R H V P A D G - - - - - - - V S A D V W A W R K Y G Q K P I K G S P Y P R G Y Y R C S - - S S K G C P A R K Q V E R S R S D P N T F I L T Y T G E H N H S
OsWRKY74	85	K T - S T E K K R H Q I R V S S T G G V E N P - - - - - P V D D G H S W R K Y G Q K E I L G A K H P R G Y Y R C T H R H S Q G C M A T K Q V Q R T D E D A T V F D V I Y H G E H T C V
TaWRKY50	86	K K - R K T Q P K W S T Q V R V N S V E D V G - - - - P L D D G F S W R K Y G Q K D I L G A K Y P R A Y F R C T H R H T Q G C Y A S K Q V Q R A H G D P L L F D V V Y H G N H T C A
OsWRKY45	86	D R - - K A N C R R R T Q Q S S G N S V V K - - - - N L D D G Q A W R K Y G Q K E I Q N S K H P K A Y F R C T H K Y D Q L C T A Q R Q V Q R C D D D P A S Y R V T Y I G E H T C R
OsWRKY79	86	R R - R R G G G S R S G R G R S S N K R V A A - - - - T L E D G H V W R K Y G Q K D I Q N S P Y P R S Y Y R C T H K L D Q G C G A R R Q T Q R C E A D P S N Y D I T Y Y G E H T C R
TaWRKY33	83	R E - - - E C K P V I S K R Y V H A D P A D L S L - - V V K D G Y Q W R K Y G Q K V T K D N P C P R A Y F R C S - - F A P S C P V K K K V Q R S A E D K T I L V A T Y E G E H N H S
TaWRKY48	86	K R - V H A D E V K A S R V S K L Y V H A D P S D L S L V V K D G Y Q W R K Y G Q K V T K D N P C P R A Y F R C S - - F A P S C Q V K K K V Q R S A E D K T L V A T Y D G D H N H A
OsWRKY62	86	E P - R P K V R T V R V R A D A A D A T D A N S M A E - T V K D G Y Q W R K Y G Q K V T R D N P Y P R A Y F R C A - - F A P S C P V K K K L Q R C A E D R S M L V A T Y E G E H N H A
TaWRKY46	85	K G - K G E K K A R G S R V A F A T K S E V D - - - - H L D D G Y R W R K Y G Q K A V K N S S F P R S Y Y R C T - - A - A Q C G V K K L V E R S Q Q D P S M V V T T Y E G R H G H P
TaWRKY44	85	N A N K R H V P V P A Q R I I V Q T T S E I D - - - - L L D D G Y R W R K Y G Q K V V K G N P H P R S Y Y K C T - - Y - Q G C G V K K H I E R C S Q D P T A V I T T Y E G K H S H D
OsWRKY102	81	A R - - - R K V R E P R F C F K T M S D V D - - - - V L D D G Y K W R K Y G Q K V V K N T Q H P R S Y Y R C T - - Q - D N C R V K K R V E R L A E D P R M V I T T Y E G R H V H S
TaWRKY52	84	L T - S S D A R S K G S K I A F K T R S E V E - - - - V L D D G Y R W R K Y G K K M V K N S P N P R N Y Y R C S - - S - E G C R V K K R V E R D R D D E R F V I T T Y D G V H N H L
TaWRKY51	79	E R - - - - - P R T E R I A F R T R T E I E - - - - I L D D G Y K W R K Y G K K S V K N S P N P R N Y Y R C S - - T - E G C S V K K R V E R D R D D P A Y V V T T Y E G T H S H V
TaWRKY10	78	G R - - - - - P S G R I G F R T R S E V E - - - - V M D D G F R W R K Y G K K A V K S S P N L R N Y Y R C S - - A - A - E G C G V K K R V E R D R D D P L Y V L T T Y D G V H N H V



(B) WRKY 單雙子葉植物



		31	34	44	67	76
★ CsWRKY46	68	T K - - - S E - - - - V D - - - H L L E D G Y R	W R R K Y G Q Q K A V K N S A Y P R S Y Y R C T	- - - T Q K C G V K K R V E R S Y E D P S I	V I T T Y E G Q H N H - L I P	
★ TaWRKY46	68	T K - - - S E - - - - V D - - - H L L E D G Y R	W R R K Y G Q Q K A V K N S S F P R N Y Y R C T	- - - A A Q C G V K K R V E R S Q Q D P S I	V V T T Y E G R H H H - P S P	
SIWRKY2	68	T K - - - S E - - - - V D - - - F L L E D G Y R	W R R K Y G Q Q K A V K N S P F P R N Y Y R C T	- - - N A T C N V K K R V E R C F S D P S I	V V T T Y E G K H H H - P S P	
OsWRKY102	69	T M - - - S D - - - - V D - - - V L L D D G Y K	W R R K Y G Q Q K V V K N T Q H P R S Y Y R C T	- - - Q D N C R V K K R V E R L A E D P R M	V I T T Y E G R H V H - S P S R	
SIWRKY26	65	T M - - - S D - - - - V D - - - V L L D D G Y K	W R R K Y G Q Q K V V K N T Q H P R S Y Y R C T	- - - Q D N C R V K K R V E R L A E D P R M	V I T T Y E G R H V H - S P S R	
TaWRKY51	68	T R - - - T E - - - - I E - - - I L L D D G Y K	W R R K Y G K K S V K N S P N P R N Y Y R C S	- - - T E G C S V K K R V E R D R D D P A Y	V V T T Y E G T H S H - V S P	
★ TaWRKY52	68	T R - - - S E - - - - V E - - - V L L D D G Y R	W R R K Y G K K M V K N S P N P R N Y Y R C S	- - - S E G C R V K K R V E R D R D D E R F	V I T T Y E D G V H N H - L A P P	
SIWRKY60	67	T L - - - S Q - - - - I E - - - I L L D D G Y K	W R R K Y G K K M V K N S P N P R N Y Y R C S	- - - V E G C P V K K R V E R D K E D S R Y	V I T T Y E G V H N H - Q G P P	
★ GmWRKY21	68	T R - - - S Q - - - - L E - - - V M D D D V Y K	W R R K Y G K K T V K N N P N P R N Y Y K C S	- - - G E G C N V K K R V E R D R D D S S Y	V L T T Y E D G V H N H - E S P P	
SIWRKY27	68	F R - - - S E - - - - L E - - - V L L D D G F K	W R R K Y G K K M V K N N P N P R N Y Y K C S	- - - S G G C N V K K R V E R D N K D S S Y	V I T T Y E G I H N H - E S P P	
SIWRKY52	68	T S - - - S E - - - - V D - - - V V N D D G Y R	W R R K Y G Q Q K F V K G N P N P R S Y Y R C S	- - - S A G C P A K K H V E R S S H N P K S	V I T T Y E G Q K H D H - D I P P	
CsWRKY23	68	T T - - - S E - - - - I D - - - I L L P D G Y R	W R R K Y G Q K V V K G N P N P R S Y Y K C T	- - - S L G C P V R K H I E R A A N D M R A	V I T T Y E G K H N H - E V P P	
CsWRKY4	68	A A - - - G D - - - - V G - - - I S G D D G Y R	W R R K Y G Q Q K M V K G N P H P R N Y Y R C T	- - - S A G C P V R K H I E S A V E N P N A	V I T T Y E K G V H D H - D T P P	
SIWRKY56	68	T V - - - S E - - - - V D - - - I L L D D G Y K	W R R K Y G Q Q K V V R G N P N P R S Y Y K C T	- - - N A G C P V R K H I V E R A S H D P K A	V I T T Y E G K H N H - D V P P	
TaWRKY17	68	T V - - - S E - - - - V D - - - I L L D D G Y R	W R R K Y G Q Q K V V K G N P N P R S Y Y K C T	- - - S T G C P V R K H I V E R A S H D P K S	V V T T Y E G E H N H - E V P P	
SIWRKY33	68	T T - - - S E - - - - V D - - - L L L D D G Y R	W R R K Y G Q Q K V V K G N P Y P R S Y Y K C T	- - - S Q G C N V R K H I V E R A S S D P K A	V I T T Y E G K H N H - D V P P	
TaWRKY19	68	T T - - - S D - - - - A D - - - L L L D D G Y R	W R R K Y G Q Q K V V R G N P H P R S Y Y K C T	- - - Y Q G C D V K K H I E R S S E P H A	V I T T Y E G K H T H - D V P P	
★ TaWRKY44	68	T T - - - S E - - - - I D - - - L L L D D G Y R	W R R K Y G Q Q K V V K G N P H P R S Y Y K C T	- - - Y Q G C G V K K H I E R C S Q D P T A	V I T T Y E G K H S H - D V P P	
SIWRKY53	69	A R - - - S E - - - - A P - - - M I T D G C Q	W R R K Y G Q Q K M A K G N P C P R A Y R C T	- - - M A A G C P V R K K V Q R C A E D R T I	L I T T Y E G T H N H - P L P P	
CaWRKY1	69	T D - - - A S - - - - D T S L I V K D G Y Q	W R R K Y G Q Q K V T R D N P C P R A Y F R C S	- - - F A P T C P V K K K V Q R S I E D Q S I	V V A T Y E G E H N H - - - P P	
CsWRKY21	69	I G - - - A S - - - - D S N L V V K D G Y Q	W R R K Y G Q Q K V T R D N P C P R A Y F R C S	- - - F A P S C P V K K K V Q R S V E D Q S V	V V A T Y E G E H N H - P H P P	
SIWRKY62	69	T N - - - R S - - - - D Q T S V V K D G Y N	W R R K Y G Q Q K V T R D N P Y P R A Y Y K C S	- - - F A P T C P V K K K V Q R S I E D P S I	L V G V Y E G E H N H - P H P P	
OsWRKY62	70	D A - - - T D A N S M A E - - - T V K D G Y Q	W R R K Y G Q Q K V T R D N P Y P R A Y F R C S	- - - F A P S C P V K K K L Q R C A E D R S M	L V A T Y E G E H N H - A L S T	
TaWRKY33	69	D P - - - A D - - - - L S - - - L V V K D G Y Q	W R R K Y G Q Q K V T K D N P C P R A Y F R C S	- - - F A P G C P V K K K V Q R S A E D K T I	L V A T Y E G E H N H - S Q P P	
TaWRKY48	69	A D - - - P S - - - - D L S L V V K D G Y Q	W R R K Y G Q Q K V T K D N P C P R A Y F R C S	- - - F A P S C Q V K K K V Q R S A E D K T V	L V A T Y E D G H N H - A P P P	
OsWRKY18	69	V P - - - A E - - - - S - - - - L S S D I W A	W R R K Y G Q Q K P I K G S P Y P R G Y Y R C S	- - - S S K G C M A R K Q V E R N R S D P G M	F I V T Y T A E H N H - P A P P	
OsWRKY39	69	H V - - - P A - - - - D G - - - V S A D V W A	W R R K Y G Q Q K P I K G S P Y P R G Y Y R C S	- - - S S K G C P A R K Q V E R S R S D P N T	F I L T Y T T G E H N H - S A P P	
OsWRKY66	71	I P A P A A A G G R T S G E V V P S D D L W A	W R R K Y G Q Q K P I K G S P Y P R G Y Y R C S	- - - S S K G C S A R K Q V E R S R S D P N M	L V I T Y T S E H N H - P W P P	
OsWRKY51	70	V P - - - A I S S K V A D - - - I P A D D L F S	W R R K Y G Q Q K P I K G S P F P R G Y Y K C S	- - - T L R G C P A R K H V E R D P T D P S I	L I V T Y E G E H R H - - - -	
CsWRKY33	70	V P - - - A V S S K L A D - - - I P P D D E Y S	W R R K Y G Q Q K P I K G S P H P R G Y Y K C S	- - - S L R G C P A R K H V E R A L D D P T M	L I V T Y E N D H N H - - - -	
CsWRKY25	70	V P - - - A I S S K I A D - - - I P P D D E Y S	W R R K Y G Q Q K P I K G S P Y P R G Y Y K C S	- - - T M R G C P A R K H V E R A L D D P A M	L I V T Y E G E H R H - - - -	
OsWRKY68	74	V P - - - A I S S K I A D - - - I P P D D E Y S	W R R K Y G Q Q K P I K G S P Y P R G Y Y K C S	- - - T V R G C P A R K H V E R A T D D P A M	L V V T Y E G E H R H - T P G P P	
TaWRKY53	74	V P - - - A V S A K I A D - - - I P P D D E Y S	W R R K Y G Q Q K P I K G S P Y P R G Y Y K C S	- - - T V R G C P A R K H V E R A L D D P A M	L V V T Y E G E H R H - S P G P P	
OsWRKY45	65	- - - - - L D D D G Q A - - - - - - - L D D	W R R K Y G Q Q K E I Q N S K H P K A Y F R C T	H K Y D Q L G C T A Q R Q V Q R C D D D P A S	Y R V T Y I G E H T C - - - R D P	
OsWRKY79	70	G R - - - S S N K R V A A - - - T L E D G H V	W R R K Y G Q Q K D I Q N S P Y P R S Y Y R C T	H K L D Q G C G A R R Q T Q R C E A D P S N	Y D I T Y Y G E H T C - - - R D P	
OsWRKY74	70	G G - - - - - - - - V E N P P V D D G H S	W R R K Y G Q Q K E I L G A K H P R G Y Y R C T	H R H S Q Q G C M A T K Q V Q R T D E D A T V	F D V I Y Y G E H T C - V H K A	
TaWRKY50	70	V R - - - V N S V E D V G - - - P L D D G F S	W R R K Y G Q Q K D E I L G A K Y P R A Y F R C T	H R H T Q G C M A S K Q V Q R A H G D P L L	F D V I Y Y G E H T C - A Q G K	



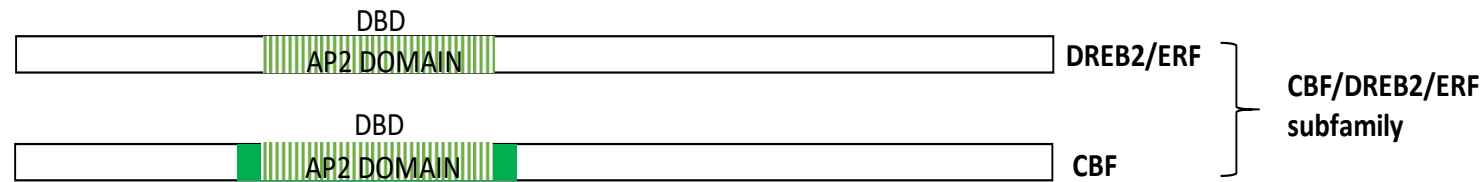
圖七、WRKY 轉錄因子之 DNA-binding domain (DBD)在植物中胺基酸高度相似性序列

Figure 7. High similarity sequences of amino acid in WRKY DNA-binding domain.

- (A) WRKY 轉錄因子之 DNA-binding domain 在單子葉作物中胺基酸高度相似性，灰色填色為單子葉作物高度相似性序列，黑色填色為單子葉作物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (B) WRKY 轉錄因子之 DNA-binding domain 在單子葉及雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，藍色填色為第一大群高度相似性序列，綠色填色為第二大群高度相似性序列，灰色填色為單子葉及雙子葉植物中高度相似性序列，黑色填色為單子葉及雙子葉植物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處，黑色箭頭為核苷酸高度相似性序列所在區間，綠色星星表示在低溫、鹽害及乾旱逆境下表現之轉錄因子。



(A) DREB/CBF 單子葉作物

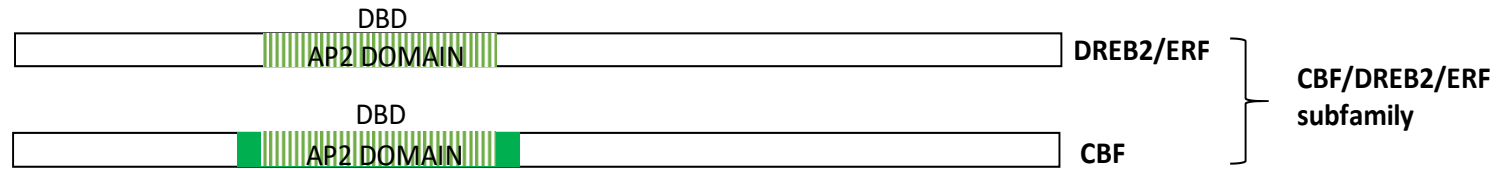


AP2 Domain

Protein	90	90	90	90	79	79	91	86	86	85	83	84																																											
ZmDREB2A homology 1	KAPAKGS	KKGCMK	-----	GKGGP	DNTQCGY	RGVQR	-----	TWGK	WVAEI	REP	NRV	DRLWL	GTFTP	TAEDA	AARAY	DEA	AARAMY	----	GDL	ARTN	FP	QGDA	TTSAQ																																
ZmDREB2A homology 3	KAPAKGS	KKGCMK	-----	GKGGP	DNTQCGY	RGVQR	-----	TWGK	WVAEI	REP	NRV	DRLWL	GTFTP	TAEDA	AARAY	DEA	AARAMY	----	GDL	ARTN	FP	QGDA	TTSAQ																																
ZmDREB2A homology X1	KAPAKGS	KKGCMK	-----	GKGGP	DNTQCGY	RGVQR	-----	TWGK	WVAEI	REP	NRV	DRLWL	GTFTP	TAEDA	AARAY	DEA	AARAMY	----	GDL	ARTN	FP	QGDA	TTSAQ																																
ZmDREB2A homology X2	KAPAKGS	KKGCMK	-----	GKGGP	DNTQCGY	RGVQR	-----	TWGK	WVAEI	REP	NRV	DRLWL	GTFTP	TAEDA	AARAY	DEA	AARAMY	----	GDL	ARTN	FP	QGDA	TTSAQ																																
ZmDREB2A homology 2	-----	MK	-----	GKGGP	DNTQCGY	RGVQR	-----	TWGK	WVAEI	REP	NRV	DRLWL	GTFTP	TAEDA	AARAY	DEA	AARAMY	----	GDL	ARTN	FP	QGDA	TTSAQ																																
ZmDREB2A homology X3	-----	MK	-----	GKGGP	DNTQCGY	RGVQR	-----	TWGK	WVAEI	REP	NRV	DRLWL	GTFTP	TAEDA	AARAY	DEA	AARAMY	----	GDL	ARTN	FP	QGDA	TTSAQ																																
TaDREB2	KRNGGGR	-----	KRAAA	DEE	PAPAAAA	AS	YRGV	MR	-----	AWGK	WVSEI	REP	RKK	SRI	WL	GTFP	CP	EMA	AARAH	DA	AALS	IK	----	GAR	AVLN	FP	DLAP	ALPRP																											
OsDREB1B	KRPAGRT	K	FR	-----	ETRHP	V	-----	YRGV	RRR	GGRP	G	AA	GRW	VCE	VRVP	G	RRG	SL	WL	GT	F	A	E	AA	RAH	DA	AAL	ALR	----	GRA	ACL	NF	ADF	AWR	MP	-P																			
OsDREB1A	KRPAGRT	K	FR	-----	ETRHP	V	-----	FRG	VRRR	G	----	NA	GRW	VCE	VRVP	G	RRG	C	RL	WL	GT	F	D	A	E	GA	RAH	DA	A	ML	AI	N	AGG	G	G	AC	CL	NF	ADS	AW	LL	AVP													
Zea mays ZmDREB1A	KRPAGRT	K	FR	-----	ETRHP	V	-----	FRG	VRRR	G	----	AA	GRW	VCE	VRVP	G	RRG	A	R	L	WL	GT	Y	L	A	E	AA	RAH	DA	A	I	L	A	L	Q	----	GR	G	A	G	R	L	NF	P	D	S	A	R	LL	AVP					
TaDREB3	KRPAGRT	K	FR	-----	ETRHP	L	-----	YRG	VRRR	G	----	AA	GRW	VCE	VRVP	Q	P	N	K	K	S	R	I	W	L	GT	F	A	T	P	E	A	A	A	R	A	H	D	V	A	A	L	R	----	GRA	ACL	NF	ADS	A	T	LL	AVD			
LpCBF3	KRPAGRT	K	FR	-----	ETRHP	V	-----	YRG	VRRR	G	----	NA	GRW	VCE	VRVP	G	RRG	S	R	L	W	V	GT	F	D	T	A	E	I	A	A	R	A	H	D	A	A	M	L	A	L	A	----	AG	D	V	CL	NF	ADS	A	E	LL	D	M	P



(B) DREB/CBF 豆科作物

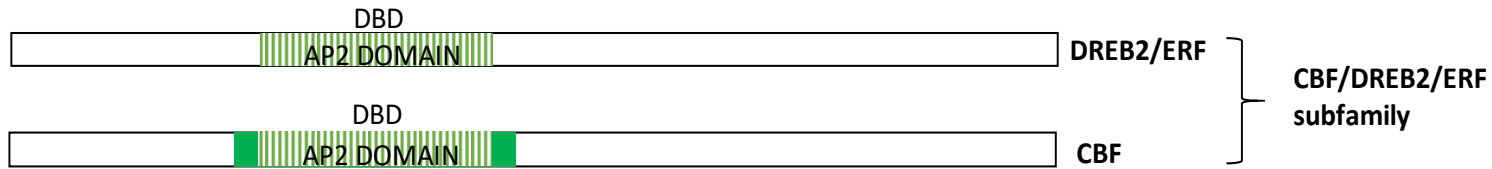


AP2 Domain

GmDREB1B-1	81	P	K	K	R	A	G	R	K	K	F	R	E	T	R	H	P	V	Y	R	G	V	R	R	D	S	G	K	W	V	C	E	V	R	E	P	N	K	K	-	S	R	I	W	L	G	T	F	P	T	A	E	M	A	A	R	A	H	D	V	A	A	I	A	L	R	G	R	S	A	C	L	N	F	A	D	S	A	S	R	L	P																																								
GmDREB1A-2	81	P	K	K	R	A	G	R	K	K	F	R	E	T	R	H	P	V	Y	R	G	V	R	R	R	N	T	D	K	W	S	E	V	R	E	P	N	K	K	-	T	R	I	W	L	G	T	F	P	T	P	E	M	A	A	R	A	H	D	V	A	A	M	A	L	R	G	R	Y	A	C	L	N	F	A	D	S	T	W	R	L	P																																								
GmDREB1G-1	80	-	K	R	R	A	G	R	K	K	F	H	E	T	R	H	P	V	Y	K	G	V	R	Q	R	N	-	G	K	W	C	E	L	R	Q	P	N	N	K	N	A	R	V	L	G	T	F	T	H	P	D	M	A	A	I	A	Y	D	V	A	A	L	A	F	K	G	D	N	A	S	L	N	F	P	H	A	A	T	S	L	P																																									
GmDREB1E-1	79	-	R	K	A	G	R	K	K	F	R	E	T	R	H	P	V	Y	R	G	V	R	Q	R	N	G	N	R	W	V	C	E	V	R	E	P	N	K	K	-	S	R	I	W	L	G	T	Y	P	T	P	E	M	A	A	R	A	H	D	V	A	V	L	A	L	K	G	T	S	A	L	F	N	F	P	D	S	V	S	L	L	P																																								
GmDREB1H-1	80	H	K	R	K	G	R	K	K	F	K	E	T	R	H	P	I	Y	R	G	V	R	Q	R	K	-	G	K	W	C	E	L	R	E	P	K	K	T	-	T	R	I	W	L	G	T	Y	P	T	P	E	M	A	A	R	A	H	D	V	G	A	L	A	I	R	G	T	S	A	I	L	N	F	P	N	S	V	S	L	L	P																																									
GmDREB1F-1	81	P	N	P	Q	P	S	R	K	K	F	R	E	T	R	H	P	V	Y	R	G	V	R	Q	R	N	R	N	K	W	C	E	I	R	E	P	I	K	K	-	S	R	I	W	L	G	T	Y	P	T	P	E	M	A	A	R	A	H	D	V	A	V	L	A	L	S	G	T	S	A	N	F	N	F	P	D	S	V	S	L	L	P																																								
GmDREB1D-1	82	P	K	K	R	A	G	R	R	I	F	K	E	T	R	H	P	V	Y	R	G	V	R	R	R	N	N	K	W	C	E	V	R	V	P	N	D	K	S	T	R	I	W	L	G	T	Y	P	V	P	E	M	A	A	R	A	H	D	V	A	A	L	A	L	R	G	K	S	A	C	L	N	F	A	D	S	A	W	R	L	P																																									
GmDREB1C-1	81	P	K	K	R	A	G	R	R	V	F	K	E	T	R	H	P	V	Y	R	G	V	R	R	R	N	K	W	C	E	M	R	V	P	N	N	N	-	S	R	I	W	L	G	T	Y	P	T	P	E	M	A	A	R	A	H	D	V	A	A	L	A	L	R	G	K	S	A	C	L	N	F	A	D	S	R	W	R	L	T																																										
AhERF6	82	P	A	K	G	S	K	K	G	C	M	K	G	K	G	G	P	Q	N	S	Q	C	N	Y	R	G	V	R	Q	R	T	W	G	K	W	V	G	E	I	R	E	P	N	R	G	-	S	R	L	W	L	G	T	F	S	T	A	E	E	A	A	L	A	Y	D	E	T	A	R	A	M	Y	G	S	S	A	R	L	N	F	P	H	I	T	D	Y	S	S																																		
AhERF5	82	P	S	R	L	S	N	S	Q	N	F	I	G	F	E	Q	P	P	F	S	S	I	G	L	N	Y	Q	I	Q	A	Q	S	Q	T	Q	S	N	T	L	S	F	L	S	P	K	P	I	P	M	K	Q	G	P	P	K	P	T	K	L	Y	R	G	V	R	Q	R	Q	W	G	K	W	S	E	I	R	L	P	K	N	R	-	T	R	L	W	L	G	T	F	E	T	A	E	E	A	A	L	A	Y	D	K	A	A	F	K	L	R	G	D	F	A	K	L	N	F	P	N	L	K	H	H	G	S
AhERF4	82	S	S	S	P	S	V	G	E	Q	D	Q	E	N	S	K	P	A	K	R	Q	R	K	N	L	Y	R	G	I	R	Q	R	P	W	G	W	A	A	E	I	R	D	P	R	K	G	-	V	R	V	W	L	G	T	F	N	T	A	E	E	A	A	R	A	Y	D	R	E	A	R	K	I	R	G	K	K	A	K	V	N	F	N	E	D	D	E	Y	S																																		



(C) DREB/CBF 雙子葉植物



AP2 Domain

Protein	81	81	81	81	82	81	81	81	81	80	81	34	81	82	81	86	80
AtDREB1A	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1A-2	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1B-1	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1C-1	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1D-1	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1E-1	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1F-1	PS	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1G-1	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
GmDREB1H-1	GG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
LIDREB1A	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
CaCBF1A	-	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
PhDREB1	AG	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
AhERF6	SK	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
AhERF4	NS	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
AhERF5	I	GLNYQIQ	QAQSQ	TQQS	NTLS	SFLSP	KPI	PMKQ	-	GPPK	TKL	YRGV	QRQ	WGK	WSEI	RLPK	NRT
DcDREB-A6	LP	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---



圖八、DREB/CBF 轉錄因子之 DNA-binding domain (DBD)在植物中胺基酸保守序列

Figure 8. High similarity sequences of amino acid in DREB/CBF DNA-binding domain .

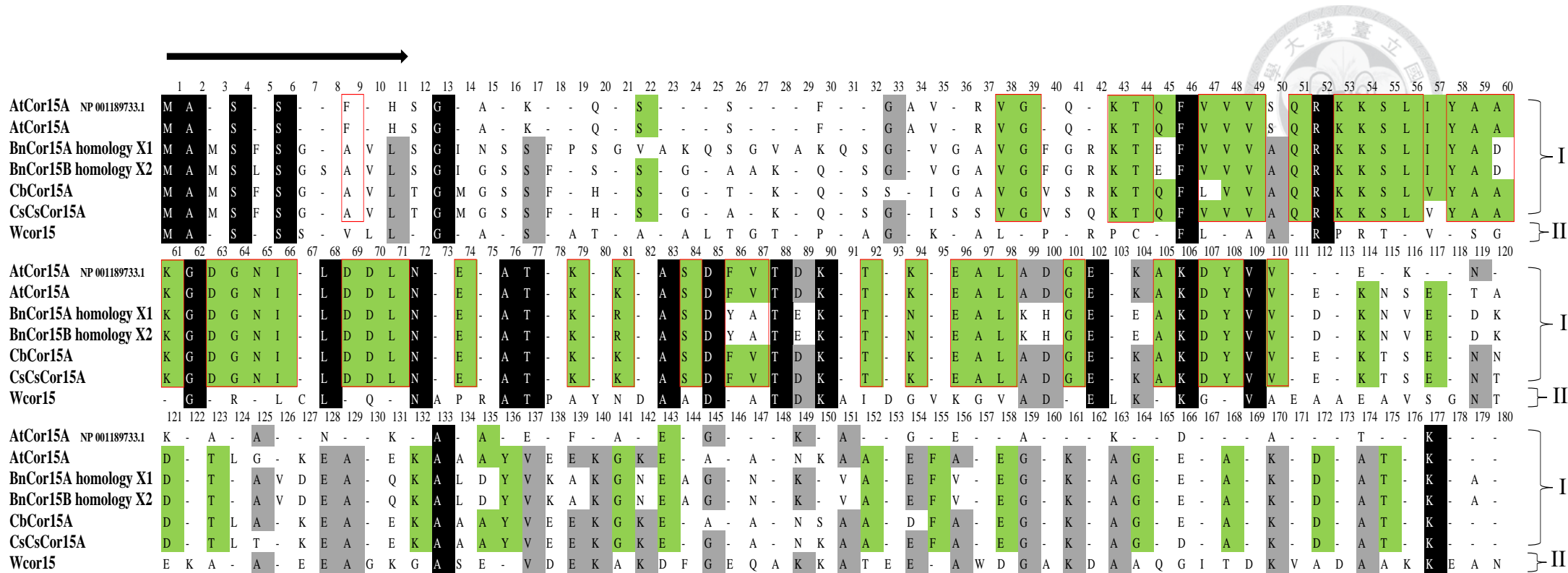
- (A) DREB/CBF 轉錄因子之 DNA-binding domain 在單子葉作物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為單子葉作物高度相似性序列，黑色填色為單子葉作物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (B) DREB/CBF 轉錄因子之 DNA-binding domain 在豆科作物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為豆科作物高度相似性序列，黑色填色為豆科作物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (C) DREB/CBF 轉錄因子之 DNA-binding domain 在雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為雙子葉植物高度相似性序列，黑色填色為雙子葉植物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處。
- (D) DREB/CBF 轉錄因子之 DNA-binding domain 在單子葉及雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，綠色填色為第一大群高度相似性序列，藍色填色為第二大群高度相似性序列，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性序列，黑色填色為單子葉及雙子葉植物保守序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處，黑色箭頭為核苷酸高度相似性序列所在區間。



(A) *COR15* 基因 雙子葉植物

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	
AtCor15A NP001189733.1	M	A	-	S	-	S	-	-	F	-	H	S	G	-	-	A	-	-	-	K	-	-	-	Q	-	S	-	-	S	-	F	-	G	A	V	-	R	V	G	-	Q	-	K	T	Q	F	V	V	V	S	
AtCor15A	M	A	-	S	-	S	-	-	F	-	H	S	G	-	-	A	-	-	-	K	-	-	-	Q	-	S	-	-	S	-	F	-	G	A	V	-	R	V	G	-	Q	-	K	T	Q	F	V	V	V	S	
BnCor15A homology X1	M	A	M	S	F	S	G	-	A	V	L	S	G	I	N	S	S	F	P	S	G	V	A	K	Q	S	G	V	A	K	Q	S	G	-	V	G	A	V	G	F	G	R	K	T	E	F	V	V	V	A	
BnCor15B homology X2	M	A	M	S	L	S	G	S	A	V	L	S	G	I	-	G	-	S	-	S	-	F	-	S	-	S	G	A	A	K	Q	S	G	-	V	G	A	V	G	F	G	R	K	T	E	F	V	V	V	A	
CbCor15A	M	A	M	S	F	S	G	-	A	V	L	T	G	M	-	G	-	S	-	S	-	F	-	H	-	S	G	-	T	K	Q	S	S	-	I	G	A	V	G	V	S	R	K	T	Q	F	L	V	V	A	
CsCor15A	M	A	M	S	F	S	G	-	A	V	L	T	G	M	-	G	-	S	-	S	-	F	-	H	-	S	G	-	A	K	Q	S	G	-	I	S	S	V	G	V	S	Q	K	T	Q	F	V	V	V	A	
	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	
AtCor15A NP001189733.1	Q	R	K	K	S	L	I	Y	A	A	K	G	D	G	N	I	L	D	D	L	N	E	A	T	K	K	A	S	D	F	V	T	D	K	T	K	E	A	L	A	D	G	E	K	A	K	D	Y	V	V	
AtCor15A	Q	R	K	K	S	L	I	Y	A	A	K	G	D	G	N	I	L	D	D	L	N	E	A	T	K	K	A	S	D	F	V	T	D	K	T	K	E	A	L	A	D	G	E	K	A	K	D	Y	V	V	
BnCor15A homology X1	Q	R	K	K	S	L	I	Y	A	D	K	G	D	G	N	I	L	D	D	L	N	E	A	T	K	R	A	S	D	Y	A	T	E	K	T	N	E	A	L	K	H	G	E	E	A	K	D	Y	V	V	
BnCor15B homology X2	Q	R	K	K	S	L	I	Y	A	D	K	G	D	G	N	I	L	D	D	L	N	E	A	T	K	R	A	S	D	Y	A	T	E	K	T	N	E	A	L	K	H	G	E	E	A	K	D	Y	V	V	
CbCor15A	Q	R	K	K	S	L	V	Y	A	A	K	G	D	G	N	I	L	D	D	L	N	E	A	T	K	K	A	S	D	F	V	T	D	K	T	K	E	A	L	A	D	G	E	K	A	K	D	Y	V	V	
CsCor15A	Q	R	K	K	S	L	V	Y	A	A	K	G	D	G	N	I	L	D	D	L	N	E	A	T	K	K	A	S	D	F	V	T	D	K	T	K	E	A	L	A	D	G	E	K	A	K	D	Y	V	V	
	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151
AtCor15A NP001189733.1	-	E	-	K	-	N	-	K	A	-	A	-	-	N	-	K	-	A	-	A	-	E	-	F	-	A	-	E	-	G	-	K	-	A	-	G	-	E	-	A	-	K	-	D	-	A	-	T	-	K	-
AtCor15A	E	K	N	S	E	T	A	D	T	L	G	-	K	E	A	E	K	A	A	A	Y	V	E	E	K	G	K	E	A	A	-	N	K	A	A	E	F	A	E	G	K	A	G	E	A	K	D	A	T	K	-
BnCor15A homology X1	D	K	N	V	E	D	K	D	T	-	A	V	D	E	A	Q	K	A	L	D	Y	V	K	A	K	G	N	E	A	G	-	N	K	V	A	E	F	V	E	G	K	A	G	E	A	K	D	A	T	K	A
BnCor15B homology X2	D	K	N	V	E	D	K	D	T	-	A	V	D	E	A	Q	K	A	L	D	Y	V	K	A	K	G	N	E	A	G	-	N	K	V	A	E	F	V	E	G	K	A	G	E	A	K	D	A	T	K	A
CbCor15A	E	K	T	S	E	N	N	D	T	L	A	-	K	E	A	E	K	A	A	A	Y	V	E	E	K	G	K	E	A	A	-	N	S	A	A	D	F	A	E	G	K	A	G	E	A	K	D	A	T	K	-
CsCor15A	E	K	T	S	E	N	T	D	T	L	T	-	K	E	A	E	K	A	A	A	Y	V	E	E	K	G	K	E	-	G	A	N	K	A	A	E	F	A	E	G	K	A	G	D	A	K	D	A	T	K	-

(B) *COR15* 單雙子葉植物



圖九、*COR15* 基因在植物中胺基酸保守序列

Figure 8. High similarity sequences of amino acid in *COR15* gene.

(A) *COR15* 基因在雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為雙子葉植物高度相似性序列，黑色填色為雙子葉植物保守序列，紅色方框為第二大群特有之高度相似性序列處。

(B) *COR15* 基因在單子葉及雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為單子葉及雙子葉植物高度相似性序列，黑色填色為單子葉及雙子葉作物保守序列，紅色方框為第一大群特有之高度相似性序列處。



(四)親緣關係分析

1. HSF 轉錄因子

依據 HSF 轉錄因子胺基酸序列進行多重序列比較分析，以鄰接法 (neighbor-joining method)產生親緣關係樹狀圖，綜合單子葉及雙子葉作物 HSF 轉錄因子 (圖十) 進行胺基酸多重序列比較分析，並建立親緣關係樹圖，分群結果可分為兩大群，第一大群可細分為 6 小群，阿拉伯芥之 AtHSFA2 及 ATHSFA2(NP001118388.1)，白菜的 BrHsf-10、BrHsf-16 及 BrHsf-15，大豆的 GmHSF34 及 GmHSF08，番茄的 SIHSF30，馬鈴薯之 StHSF30 歸為第 1 小群；玉米的 ZmHSF30、ZmHSF30 homology 2 及 ZmHSF13，水稻的 OsHSFA2C、OsHSFA2A 及 OsHSFA2D，番茄的 SIHsfA6B，白菜的 BrHSF-20 為第 2 小群；番茄的 SIHSFA3，馬鈴薯的 StHSFA3，玉米的 ZmHSF6、ZmHSF12-P1 及 ZmHSF12-P2，水稻的 OsHSFA6A、OsHSFC2A 及 OsHSFC2B，大豆的 GmHSF16，白菜的 BrHsf-23 為第 3 小群；玉米的 ZmHSF8、ZmHSF9 及 ZmHSF14，阿拉伯芥的 AtHsfA1a、AtHsfA1b、AtHsfA1d、AtHsfA1d (NP 174511.2)及 AtHsfA1e，番茄的 SIHsfA1a，白菜的 BrHsf-29，大豆的 GmHSF04、GmHSF17、GmHSF33 為第 4 小群；大豆的 GmHSF10 及白菜的 BrHsf-24 歸為第 5 小群；大豆的 GmHSF11 及 GmHSF09，玉米的 ZmHSF2，番茄的 SIHSFA4A 及馬鈴薯的 StHSFA5 歸為第 6 小群。第二大群細分為 5 小群，水稻的 OsHSFA2C homology X1、OsHSFA2C homology X2，玉米的 ZmHSF7 及 ZmHSF10 為第 1 小群；阿拉伯芥的 AtHsfB2a，油菜的 BrHsf-11、BrHsf-35，水稻的 OsHSFB2A 及玉米的 ZmHSF20 為第 2 小群；油菜的 BrHsf-25 及番茄 SIHsfB4 為第 3 小群；阿拉伯芥的 AtHsfB1，油菜的 BrHsf-01，番茄的 SIHsf24 及大豆的 GmHSF25 為第 4 小群；第 5 小群為番茄的 SIHSFB-2a-like (圖十)，親緣樹狀圖分群無法將單子葉及雙子葉分群，分群結果分為兩大群與胺基酸保守序列組成分析分群結果一致，但無法以耐溫度逆境之功能分群。



2. WRKY 轉錄因子

將 WRKY 轉錄因子胺基酸序列進行多重序列比較，以鄰接法(neighbor -joining method)建立親緣關係樹圖，單子葉及雙子葉植物(圖十一)可分為兩大群，第一大群可細分為 5 小群，番茄的 SIWRKY2、SIWRKY26，水稻的 OsWRKY102，小麥的 TaWRKY46 及黃瓜的 CsWRKY46 歸為第 1 小群；小麥的 TaWRKY51、TaWRKY52，番茄的 SIWRKY27、SIWRKY60 及大豆的 GmWRKY21 分為第 2 小群；小麥的 TaWRKY17、TaWRKY19、TaWRKY44，黃瓜的 CsWRKY4、CsWRKY23 及番茄的 SIWRKY33、SIWRKY52、SIWRKY56 被歸類為第 3 小群；小麥的 TaWRKY33、TaWRKY48，水稻的 OsWRKY62，番茄的 SIWRKY53、SIWRKY62，黃瓜的 CsWRKY21 及辣椒的 CaWRKY1 分為第 4 小群；第 5 小群為水稻的 OsWRKY39、OsWRKY51、OsWRKY66、OsWRKY68，黃瓜的 CsWRKY18、CsWRKY25、CsWRKY33 及小麥的 TaWRKY53。第二大群細分為 2 小群，第 1 小群為水稻的 OsWRKY74 及小麥的 TaWRKY50，第二小群為水稻的 OsWRKY79 及 OsWRKY45，親緣樹狀圖之分群結果無法清楚將單子葉及雙子葉植物分群，第一大群具有單子葉與雙子葉植物，第二大群僅有單子葉植物，親緣樹狀圖分群結果與胺基酸保守序列組成分群結果一致。並進階以耐溫度逆境功能性進行分群，在第 1 小群之 CsWRKY46、TaWRKY46 及第 2 小群之 TaWRKY51、TaWRKY52、GmWRKY21 可被劃分成耐低溫、乾旱及鹽害逆境之小群，第 3 小群之 TaWRKY44、第 4 小群之 CsWRKY21 及第 5 小群之 CsWRKY18 同樣可被歸於耐低溫、乾旱及鹽害逆境之小群，被歸於耐低溫、乾旱及鹽耐逆境之轉錄因子皆位於第一大群中。

3. DREB/CBF 轉錄因子

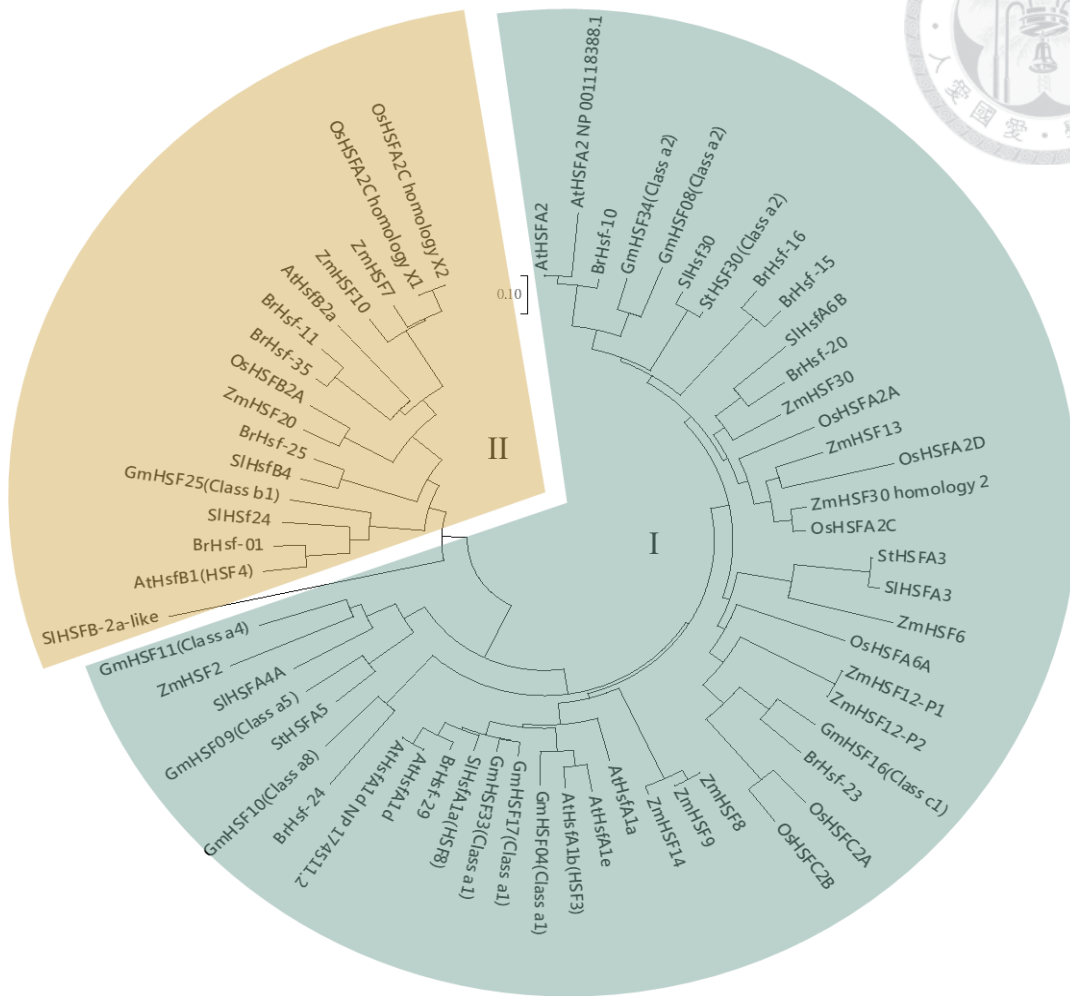
針對 DREB/CBF 轉錄因子胺基酸序列進行多重序列比較分析，以鄰接法(neighbor -joining method)建立親緣關係樹圖，綜合單子葉及雙子葉植物 DREB/CBF 轉錄因子之分群結果可分為兩大群 (圖十二)，第一大群可分為 6 小群，辣椒之 CaCBF1，寬葉獨行菜的 LIDREB1A，罌粟花的 PnDREB1 及阿拉伯芥之 AtDREB1A



被分為第 1 小群；大豆的 GmDREB1A-2、GmDREB1B-1、GmDREB1C-1 及 GmDREB1D-1 為第 2 小群；小麥的 TaDREB3，水稻的 OsDREB1A、OsDREB1B，玉米的 ZmDREB1A 及多年生黑麥草之 LpCBF3 為第 3 小群；第 4 小群為大豆的 GmDREB1E-1、GmDREB1F-1 及 GmDREB1H-1；第 5 小群為小麥的 TaDREB2；第 6 小群為大豆的 GmDREB1G-1。第二大群可分為 2 小群，玉米的 ZmDREB2A homology 1、ZmDREB2A homology x3、ZmDREB2A homology 2、ZmDREB2A homology x2、ZmDREB2A homology x1 及 ZmDREB2A homology 3，花生的 AhERF6 為第 1 小群；花生的 AhERF4 及 AhERF5，野胡蘿蔔之 DREBA6 被歸於第 2 小群，親緣樹狀圖結果無法將單子葉及雙子葉植物清楚分群，而分群結果與胺基酸保守序列組成之分群結果相同，皆分為兩大群，且無法以轉錄因子之功能進行更細部之分群。

4. *COR15* 基因

針對 *COR15* 基因胺基酸序列進行多重序列比較分析，以鄰接法(neighbor-joining method)建立親緣關係樹圖，結果顯示，綜合單子葉及雙子葉作物(圖十三)親緣關係樹圖之分群結果皆可分為兩大群，第一大群可細分為 2 小群，阿拉伯芥之 *AtCor15A*，薺菜的 *CbCor15A* 及亞麻薺的 *CsCor15A* 為第 1 小群，油菜 *BnCor15A* homology X1 及 *BnCor15B* homology X2 為第 2 小群；第二大群僅有小麥的 *Wcor15*，親緣樹狀圖分群結果與胺基酸保守序列組成分群結果一



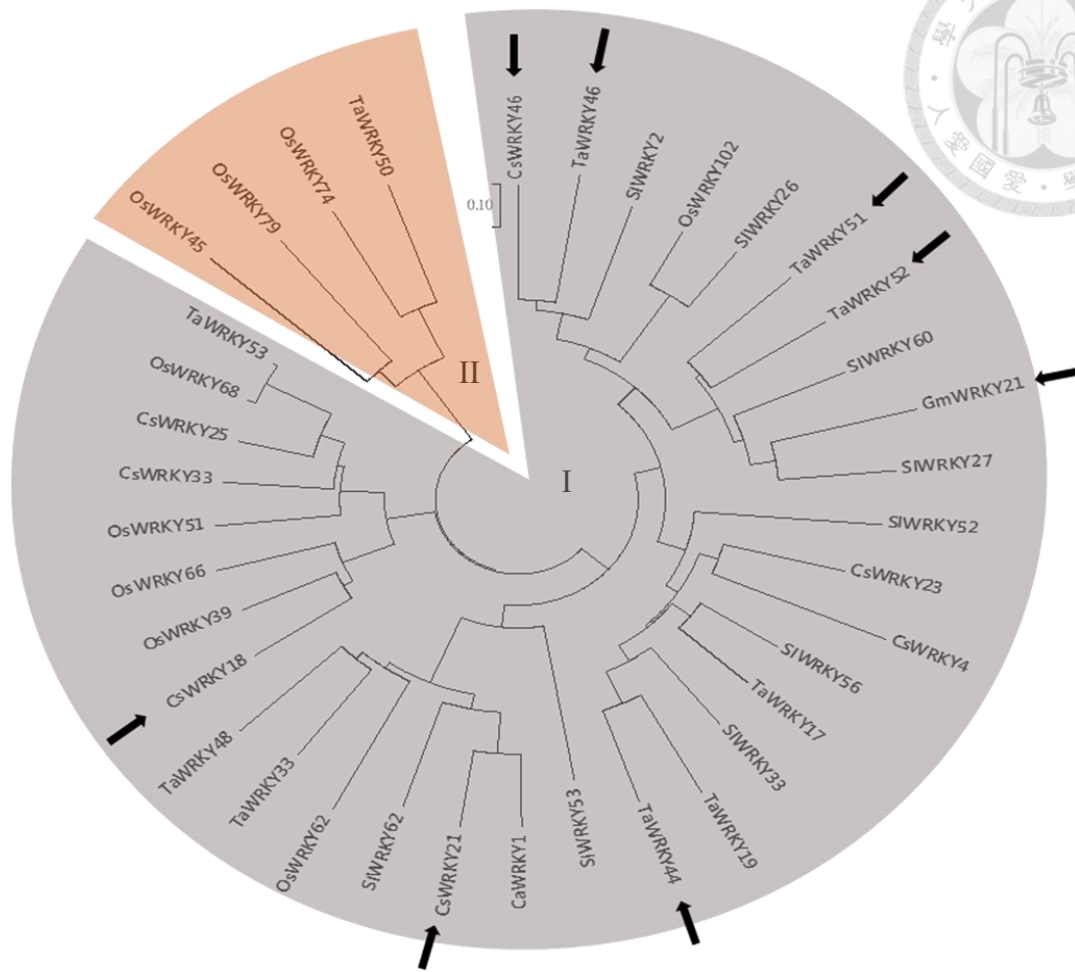
圖十、HSF 轉錄因子胺基酸序列以鄰接法所產生單子葉及雙子葉植物之親緣關係樹狀圖。

藍色扇形為第一群大群，橘色扇形的為第二大群。

Figure 10. Neighbor-joining phylogenetic tree of HSF transcription factor in monocotyledons and dicotyledons.

And blue sector indicate cluster I, orange sector indicate cluster II.

註:Os 為水稻、Zm 為玉米、At 為阿拉伯芥、Br 為白菜、Gm 為大豆、Sl 為番茄，St 為馬鈴薯。



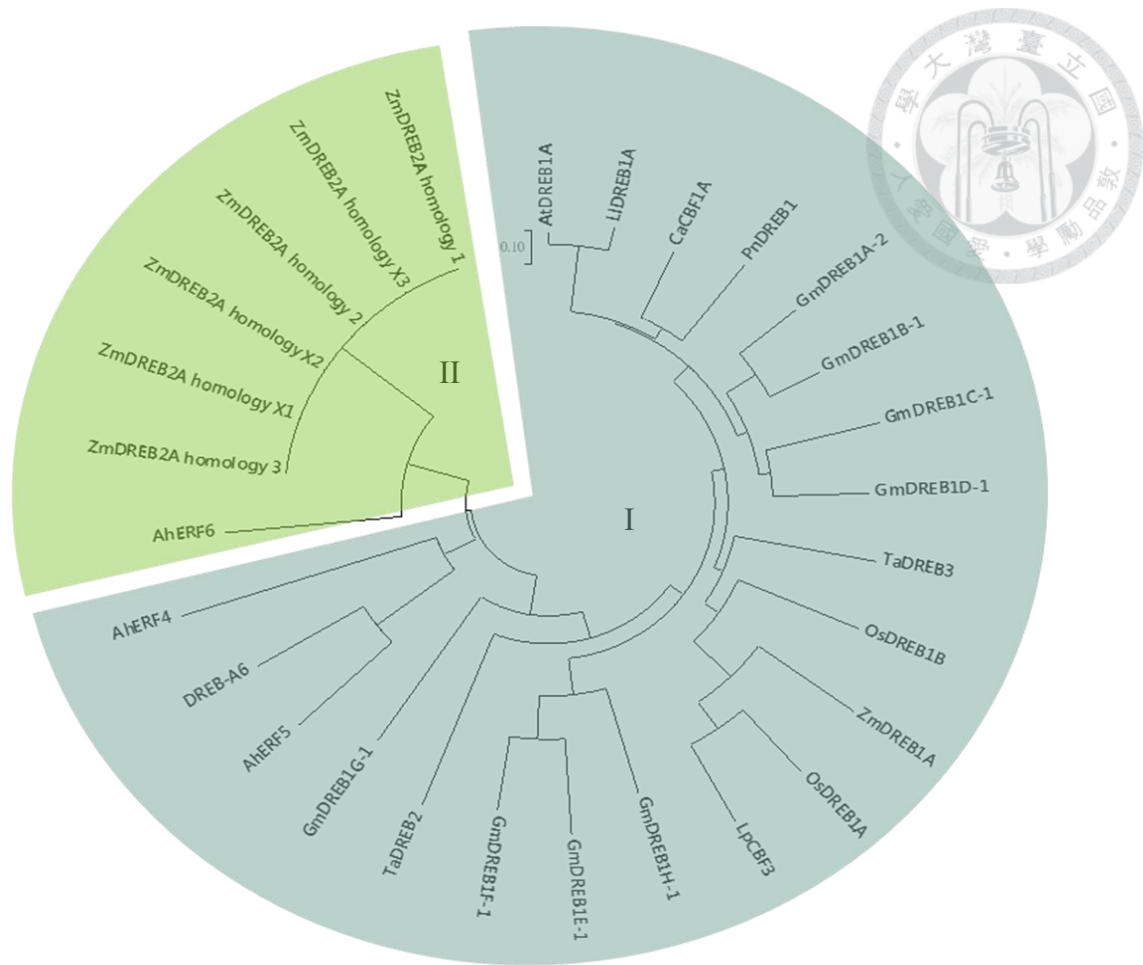
圖十一、WRKY 轉錄因子胺基酸序列以鄰接法所產生單子葉及雙子葉植物之親緣關係樹狀圖。

灰色扇形為第一群大群，紅色扇形為第二大群，黑色箭頭指示為耐低溫、鹽害及乾旱逆境之轉錄因子。

Figure 11. Neighbor-joining phylogenetic tree of WRKY transcription factor in monocotyledons and dicotyledons.

And gray sector indicate cluster I, red sector indicate cluster II, and black arrow indicate transcription factor under cold, salt and drought stress.

註:Os 為水稻、Ta 為小麥、Ca 為辣椒、Cs 為黃瓜、Gm 為大豆、Sl 為番茄。



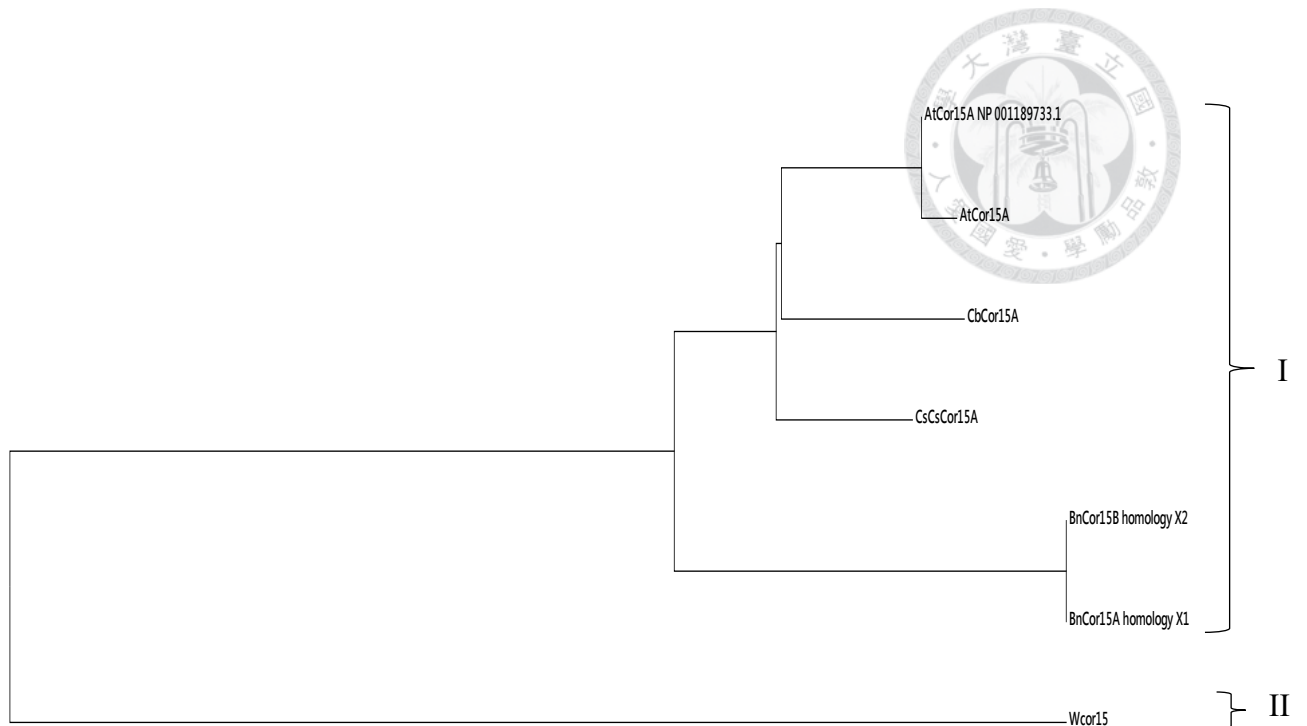
圖十二、DREB/CBF 轉錄因子胺基酸序列以鄰接法所產生單子葉及雙子葉植物之親緣關係樹狀圖。

藍色扇形為第一群大群，綠色扇形為第二大群。

Figure 12. Neighbor-joining phylogenetic tree of DREB/CBF transcription factor in monocotyledons and dicotyledons.

And blue sector indicate cluster I, green sector indicate cluster II.

註:An 為花生、At 為阿拉伯芥、Gm 為大豆、Ll 為寬葉獨行菜、Lp 為多年生黑麥草、Os 為水稻、Pn 為罌粟花、Ta 為小麥、Zm 為玉米、Ca 為辣椒、Dc 為野胡蘿蔔。



圖十三、*COR15* 基因胺基酸序列以鄰接法(neighbor joining method)產生單子葉及雙子葉植物之親緣關係樹狀圖。

Figure 13. Neighbor-joining phylogenetic tree of *COR15* gene between monocotyledons and dicotyledons.

註:At 為阿拉伯芥、Bn 為油菜、Cb 為薺菜、Cs 為亞麻薺、W 為小麥。

五、討論



(一) HSF 轉錄因子分析

1. 全基因序列及高度相似性區域 G/C 所佔的比率

HSF 轉錄因子在植物中序列總長差異大，介於 747 bp (白菜的 *BrHsf-15*)—8272 bp (水稻的 *OsHsFA2C*)之間，在單子葉作物全基因所佔 G/C 的比率介於 40.3% - 63.6%間(表二)，雙子葉植物全基因所佔 G/C 的比率介於 29.3% - 55.5%(表三)。相較於單子葉作物，雙子葉植物在全基因體中所佔的 G/C 的比率較單子葉作物低；而單子葉高度相似性片段中 G/C 所佔的比率介於 52.3% - 67.7%，雙子葉植物高度相似性片段中 G/C 所佔的比率介於 29.1% - 51.9%，可知在高度相似性片段中單子葉作物所佔的 G/C 含量較雙子葉植物高，且雙子葉植物全基因序列與高度相似性片段 G/C 所佔的含量接近。根據前人研究，基因體中雙子葉植物 G/C 所佔的比率約為 46%，單子葉植物 G/C 所佔的比率約在 60% - 70% (Salinas *et al.*, 1988; Carels *et al.*, 1998; 楊, 2008; 鍾, 2009)，就本研究結果，單子葉與雙子葉植物之以 HSF 轉錄因子全基因序列及高度相似性序列所佔之 G/C 之比率普遍低於一般基因體之組成，且變異範圍更廣，故單子葉與雙子葉植物 HSF 轉錄因子中高度相似性序列 G/C 之比率未有明顯之差異。

2. 核苷酸及胺基酸序列高度相似性片段

比對單子葉作物及雙子葉植物之核苷酸序列 (圖一)，單子葉作物 5416 bp - 5468 bp 之區間(圖一 A)及雙子葉植物 1417 bp - 1484 bp 之區間(圖一 C)，兩處片段具有高度相似性；比對單子葉作物 7701 bp - 7740 bp 之區間 (圖一 B)、雙子葉 5359 bp - 5421 bp 之區間(圖一 C)及綜合單子葉及雙子葉植物 6610 bp - 6650 bp 之區間(圖一 D)，在單子葉作物、雙子葉植物及綜合單子葉及雙子葉植物中，此三區間之片段具有高度相似性，而此區間之連續高度相似性片段在單子葉及雙子葉植物中皆有，可見此高度相似性片段之重要性，此高度相似性片段位於 HSF 轉錄因子的 DNA binding domain 上，因此可針對此片段設計退化性引子，作為 HSF 轉錄



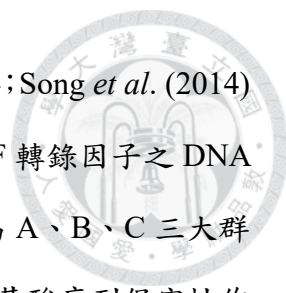
因子之篩選利用。

針對 HSF 轉錄因子胺基酸序列比對作物物種間之保守性，在轉譯起始點-Methionine 至 DNA binding domain 前，物種間胺基酸序列具極高的歧異度，比對 DNA binding domain (圖五) 及 HRA/B Domain (圖六)，在單子葉及雙子葉植物中皆具有高度相似性。Guo *et al.* (2008) 將水稻及阿拉伯芥共 51 個 HSF 轉錄因子，針對 DNA binding domain 及 HR A/B Domain 進行胺基酸多重序列比對，在 DNA binding domain 中約有 100 個胺基酸在水稻及阿拉伯芥中具有保守性，HR A/B Domain 中約有 50 個胺基酸在兩物種間具有保守性。Lin *et al.* (2011) 針對玉米 25 個 HSF 轉錄因子進行多重序列比對 DNA binding domain、HR A/B Domain，在 25 個轉錄因子中 DNA binding domain 及 HR A/B Domain 皆具有高度的保守性；Li *et al.* (2014) 將大豆 38 個 HSF 轉錄因子進行多重序列比較 DNA binding domain 與 HR A/B Domain，在 DNA 鍵結區中，100 個胺基酸約有 75% 胺基酸序列呈保守性，HR A/B Domain 約 50%-75% 胺基酸序列呈保守性，本研究與前人研究結果相似，即在 DNA binding domain 及 HR A/B Domain 在不同物種間或物種內皆具有高度的保守性。

本研究針對單子葉作物高度保守性片段設計兩對引子，第一對引子 HSF-F1/HSF-R1 預期可增幅 2300 bp，第二對引子 HSF-F2/HSF-R2 預期可增幅 2200 bp 的片段，此引子僅能利用在單子葉作物中作為篩選 HSF 轉錄因子之工具，在雙子葉植物中高度相似性片段變異較單子葉作物大，因此無法利用本試驗所設計之引子作為篩選工具，本研究所設計引子能使用之物種較為侷限，僅可供玉米及水稻之利用，若要作為篩選其他物種之工具，則需另外設計引子。

3. 親緣關係分析

以單子葉及雙子葉植物胺基酸序列建立親緣樹狀圖，分群可分為兩大群，第一大群可細分為 6 小群，第二大群中具有 5 小群 (圖十)。Li *et al.* (2014) 針對大豆、玉米及阿拉伯芥三種作物之 HSF 轉錄因子之 DNA binding domain 胺基酸序列



建立親緣關係樹圖，分群結果可分為 A、B、C 三大群及 12 個亞群；Song *et al.* (2014) 針對白菜、阿拉伯芥、水稻、可及香蕉五種作物，共 150 個 HSF 轉錄因子之 DNA binding domain 胺基酸序列建立親緣關係樹圖，分群結果可分為 A、B、C 三大群及 9 個亞群。前人研究結果與本研究結果有出入，本研究以胺基酸序列保守性作為分群依據，目的是探討是否具有群間特有之胺基酸序列，而前人研究是依 HSF 轉錄因子之 DNA binding domain 序列結構而分群，分群依據不同，導致不同解釋結果，雖然僅依轉錄因子之 DNA binding domain 可獲得較好的分群結果，但是依據整個胺基酸序列分群，則更具有整個轉錄因子胺基酸序列之代表性。


在物種間 HSF 兩處核苷酸連續高度相似性片段位於 DNA binding domain 上，綜合單子葉或雙子葉植物之連續高度相似性片段，單子葉植物 5416 bp – 5468 bp 區間轉譯後之胺基酸序列對應位置位於 DNA binding domain 第 62-77 個胺基酸上，綜合單子葉及雙子葉植物 6610 bp – 6650 bp 之區間，轉譯後胺基酸序列對應之第 93-104 個胺基酸中。而在物種中核苷酸序列變異大，但轉譯出之蛋白質在物種間具有保守性，更加驗證了物種間核苷酸與胺基酸序列之保守關係，其針對核苷酸高度相似性片段所設計之引子具有參考價值。

(二) WRKY 轉錄因子分析

1. 全基因序列及高度相似性區域 G/C 所占的比率

WRKY 轉錄因子全基因序列在植物物種間所佔的比率較單子葉植物低。在高度相似性片段中，單子葉作物 G/C 比率在 54% – 74.8% 間，雙子葉植物 G/C 比率在 21.9% – 43.6%，可見高度相似性片段中單子葉作物 G/C 所佔的比率較雙子葉植物高，在雙子葉之植物中全基因序列及高度相似性片段 G/C 所佔比率相近，Song *et al.* (2016) 針對大豆 171 個 WRKY 轉錄因子進行 G/C 含量分析，171 個 WRKY 轉錄因子平均 G/C 含量為 45.15%，前人研究結果與本研究雙子葉植物所佔 G/C 的比率結果相符，因此可依作物 G/C 所佔的比率區分單子葉及雙子葉作物之差異。

針對 WRKY 連續高度相似性片段設計引子，分別設計一個正向、兩個反向之



引子，WRKY-F1/WRKY-R1 預期可擴增出約 420 bp 之片段，WRKY-F1/WRKY-R2 推測可擴增出約 400 bp 之片段，引子設計以單子葉作物高度相似性片段區間作為設計模板，在物種間 WRKY 核苷酸序列歧異度大，因此設計出之引子較適合用於單子葉植物 WRKY 轉錄因子上之研究。

2. 核苷酸及胺基酸序列高度相似性片段

比對 WRKY 轉錄因子核苷酸序列，單子葉作物 8867 bp – 8902bp 之區間(圖二 A)，雙子葉植物 5812bp – 5833bp 之區間(圖二 B)及綜合單子葉及雙子葉植物 4329bp – 4346 bp 之區間(圖二 C)，此三區間片段在物種間具有高度相似性；在單子葉作物在 9052 bp – 9104 bp 之區間(圖二 D)，雙子葉植物在 5925 bp – 5997bp 處(圖二 E)，及單子葉植物與雙子葉植物 4371 bp – 4421 bp 區間 (圖二 F)，在物種間此三片段具有高度相似性，上述之連續高度相似性片段在單子葉及雙子葉植物間皆存在，可見高度相似性片段之重要性，而高度相似性片段位於 WRKY 轉錄因子之 DNA binding domain 上，因此可針對連續高度相似性片段設計單子葉與雙子葉植物可共同使用之引子，作為研究 WRKY 轉錄因子之工具。

比對物種間 WRKY 轉錄因子之胺基酸序列，在轉譯起始點 – Methionine 至 DNA binding domain 前，物種間之胺基酸序列具有極高的歧異度，但在 WRKY domain 前 20 個胺基酸中，具有第一大群及第二大群特有之高度相似性胺基酸序列，第一大群特有之序列為第一個胺基酸 T、第二個胺基酸 S 及第 13 個胺基酸 D (圖七 B)，第 17-18 個胺基酸 LD(圖七 B)為第二大群特有序列，本研究所發現之序列在前人研究中較少被探討，可作為 WRKY 轉錄因子之分群參考依據。後針對 DNA binding domain (WRKY Domain)與 Zinc fingers (圖七 B)在植物物種間探討保守性，在單子葉及雙子葉植物中皆具有極高的保守性，Zhou *et al.* (2008) 針對大豆 58 個 WRKY 轉錄因子進行多重序列比較分析，在 DNA binding domain 與 Zinc fingers 區，在 58 個轉錄因子具有高度的保守性；Wei *et al.* (2008) 比對小麥、阿拉伯芥、水稻、菸草及香芹等五種作物，共有 11 個 WRKY 轉錄因子進行多重序列比較分

析，DNA binding domain 及 Zinc fingers 在物種間具有高度的保守性；上述研究成果與本研究結果相符合，在 DNA binding domain 及 Zinc fingers 在物種間具有高度的保守性，亦顯示 WRKY 轉錄因子之重要性。

探討核苷酸序列與胺基酸序列之關係，在單子葉及雙子葉植物中皆具有兩處連續高度相似性核苷酸片段，而兩處高度相似性片段轉譯後之蛋白質被證實為位於 WRKY 轉錄因子之 WRKY domain 上，單子葉及雙子葉植物 4329 bp – 4346 bp 之區間，轉譯後之胺基酸相對應位置在 WRKY domain 的第 40 – 43 個胺基酸，及 4371 bp – 4421 bp 之區間轉譯後對應之胺基酸位置位於第 53 – 70 個胺基酸之區間，可知核苷酸高度相似性序列與胺基酸序列具有一定程度之保守關係，因此針對此連續高度相似性片段設計引子具有其參考價值，可作為研究 WRKY 轉錄因子之工具。

3. 親緣關係分析

將單子葉及雙子葉植物的 WRKY 轉錄因子之胺基酸序列建立親緣樹狀圖，分群可分為兩大群（圖十一），大群間有數個小群，第一大群可細分為 5 個小群，第二大群可分為 2 小群。曾有學者將小麥、大豆、水稻、阿拉伯芥等四種作物共 50 個 WRKY 轉錄因子之 WRKY domain 建立親緣樹狀圖，結果可分為 I、II、III 等三大群，其中 II 群又可區分為 5 個亞群 (Niu *et al.*, 2012)。前人研究結果與本試驗有差異，試驗分群結果第一大群中包含 I、III 大群、第二大群中僅有 II 大群，本研究分群是以胺基酸序列作為分群依據(第一大群為 Zinc finger C2H2 型、第二大群為 C2HCZinc finger 型)，而前人分群研究結果僅依 WRKY domain 保守序列進行分群，故知分群之差異為分群依據不同導致。

依轉錄因子功能分群，在第 1 小群的 CsWRKY46、TaWRKY46 及第 2 小群的 TaWRKY51、TaWRKY52 可被劃分成耐低溫、乾旱及鹽害逆境小群，比對 4 個 WRKY 轉錄因子胺基酸序列，在 CsWRKY46 及 TaWRKY46 兩個 WRKY 轉錄因子胺基酸序列具有高度相似性；在 TaWRKY51、TaWRKY52 也具有胺基酸序列高

度相似性，因此可推測具有此高度相似性之胺基酸序列為可調控低溫、乾旱及鹽害逆境之功能性序列，且被劃分為耐低溫、乾旱及鹽害逆境之小群皆位於第一大群中，因此第一大群之胺基酸序列可被視為調控低溫、乾旱及鹽害逆境之重要序列。

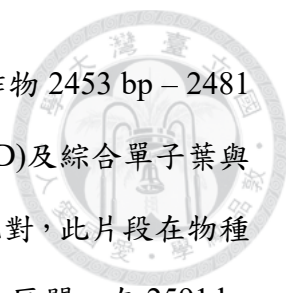
(三)DREB/CBF 轉錄因子分析

1. 全基因序列及保守片段 G/C 所佔比率

在物種間 DREB/CBF 轉錄因子全基因序列總長介於 567 bp (大豆的 *GmDREB1E-1*) – 3366 bp(玉米的 *ZmDREB2A*)之間，在單子葉及雙子葉植物中，全基因序列總長差異極大，並針對物種全基因序列 G/C 所佔之比率探討，單子葉作物在全基因序列 G/C 所佔的比率介於 45.5 % – 67.2 % 間 (表六)，雙子葉植物在全基因序列中 G/C 所佔的比率介於 38.1% – 55.2% (表七)，在雙子葉植物全基因序列 G/C 所佔之比率較單子葉作物低；比較物種之高度相似性片段 G/C 所佔的比率，在單子葉作物中 G/C 所佔的比率介於 56.8% – 70.6% 間，雙子葉植物 G/C 所佔的比率介於 45.9% – 55.7% 間，單子葉作物於高度相似性片段所佔之 G/C 的比率較雙子葉植物高。前人研究之雙子葉植物在核內基因體之 G/C 的比率約占 46%，而單子葉植物在核內基因體之 G/C 所佔的比率介於 60% - 70% 間 (Salinas *et al.*, 1988; Carels *et al.*, 1998; 楊, 2008; 鍾, 2009)，因此，可依據 G/C 的比率區分單子葉及雙子葉之 DREB/CBF 轉錄因子。

2. 核苷酸及胺基酸序列高度相似性片段

針對物種間 DREB/CBF 轉錄因子比對其核苷酸序列之保守性 (圖三)，在單子葉作物中 2411 bp – 2430 bp 之區間 (圖三 A)、雙子葉植物 1082 bp – 1101 bp 之區間(圖三 C)，及綜合單子葉及雙子葉植物 2543 bp – 2562 bp 之區間(圖三 E)，此三區間具高度相似性，綜合單子葉及雙子葉植物 DREB/CBF 轉錄因子 2543 bp – 2562 bp 之區間，在 2543 bp (T)、2549 bp – 2550 bp (GG)、2553 bp (T)、2556 bp (G) 及 2562 bp (G) 處有單子葉及雙子葉植物之共同核苷酸保守序列，在 2548 bp (C) 及



2552 bp (C)處有單子葉植物高度相似性核苷酸序列；在單子葉作物 2453 bp – 2481 bp 之區間(圖三 B)、雙子葉作物 1109 bp – 1137 bp 之區間(圖三 D)及綜合單子葉與雙子葉植物 2585 bp – 2613 bp 之區間(圖三 F)進行核苷酸序列比對，此片段在物種間具有高度相似性，在單子葉及雙子葉植物 2585 bp – 2613 bp 之區間，在 2591 bp – 2594 bp (TGGG)、2600 bp – 2601 bp (GA)、2604 bp (T)、2607 bp (G)及 2612 bp – 2613 bp(CC)處具有單子葉及雙子葉植物共同保守序列，且在 2587 bp (G)、2599 bp (C)、2605 bp (G)、2611 bp (G)處為單子葉植物高度相似性序列，綜合上述，可知 DREB/CBF 轉錄因子在物種極具保守性，且保守性較其他轉錄因子高，則可利用研究結果之兩處連續高度相似性片段，片段位於 DREB/CBF 轉錄因子之 DNA binding domain 上，因此可針對高度相似性片段設計引子，以作為研究不同植物的 DREB/CBF 轉錄因子之參考。

將 DREB/CBF 轉錄因子之胺基酸序列在不同物種間進行多重序列比較 (圖八)，在轉譯起始點至 AP2 domain 前，具有第一大群特有之高度相似性序列 PKKP/AGR/KFR/ETR/HPV 之 NSL 序列，此序列為 DREB/CBF 轉錄因子之特有序列，因此在第一大群間具此高度相似性之胺基酸序列，前人針對玉米、水稻、小麥、阿拉伯芥、番茄及油菜等植物之 CBF/DREB1 轉錄因子之胺基酸多重序列比較分析，在 6 種物種中 NSL 序列在物種間具有高度的相似性 (Qin *et al.*, 2004)，與本研究結果符合，而本研究第一大群多為 DREB1 轉錄因子，因此第一大群之高度相似性序列之分群結果吻合前人結果。AP2 Domain (圖八) 在單子葉及雙子葉植物中均具有極高的保守性，前人針對阿拉伯芥、番茄、多年生黑麥草、小麥、大麥及水稻，6 種物種 12 個 DREB/CBF 轉錄因子進行多重胺基酸序列比較，發現在物種間之 DREB/CBF 轉錄因子具有保守性，尤在轉錄因子之 AP2 domain 在物種間具有高度的保守性 (Xiong and Fei, 2006)；此外 Akhtar *et al.* (2015) 針對阿拉伯芥、薺菜、菸草、山薺菜屬(*Eutrema*)、蔞蕒 (*Thlaspi arvense*)、白馬花蘭及芥菜等 7 種作物與高山離子芥進行序列比對，結果發現高山離子芥與 7 種植物間之 DREB/CBF

轉錄因子序列的相似度介於 75%(芥菜的 DREB1B) - 81%(薺菜 DREB1A)之間，其中在雙子葉植物中 AP2 domain 具有高度的保守性，此研究結果與本研究結果相符，可說明 AP2 domain 的保守性，對 DREB/CBF 轉錄因子調控植物面臨溫度逆境之重要性。

針對 DREB/CBF 連續高度相似性片段設計之引子共有兩組，為 DREB-F1/DREB-R2 預期能擴增片段長度為 64 bp，第二組引子 DREB-F2/DREB-R2 預期能擴增 59 bp，DREB/CBF 擴增長度較 HSF 及 WRKY 轉錄因子短，其為 DREB/CBF 轉錄因子在物種間之高度相似性片段延續之片段長較短所致，但在物種間 DREB/CBF 高度相似性片段具有保守序列，因此所設計之引子可通用於單子葉及雙子葉植物，可做為研究物種 DREB/CBF 之通用引子。

3. 親緣關係分析

將物種間 DREB/CBF 轉錄因子之胺基酸序列進行多重胺基酸序列比較分析，並以臨接法建立親緣樹狀圖，親緣樹狀圖分群結果可分為兩大群 (圖十二)，第一大群大多為 DREB1 轉錄因子，第二大群多為 DREB2 轉錄因子，DREB1 轉錄因子在物種間具有 NSL 序列(PKKP/RAGRxxKFxETRHP)之保守性，第二大群則無 NSL 序列之保守性，在大群中又可細分數個小群，第一大群中可細分為 6 小群，第二大群可分為 2 小群。前人針對阿拉伯芥、日日春、菸草、油菜、大麥、黑麥及小麥，7 個物種共 45 個 ERF/AP2 domain 家族進行多重序列比較分析，並建立親緣關係樹狀圖，分群結果共可分為 DREB、RAV、ERF 及 AP2 四大群，其中最大群分別為 ERF 及 DREB 兩群 (Dubouzet *et al.*, 2003); 又有學者針對玉米、小麥、水稻、黑麥、大麥、棉花、番茄、可及及油菜等 9 種作物 48 個 ERF/AP2 domain 家族進行多重序列比較分析，並建立親緣關係樹，分群結果共可分為 DREB、ERF、AP2 及 RAV 等四大群 (Qin *et al.*, 2004)。由於本研究所分析的 AP2/EREBP 轉錄因子家族皆為 DREB 與 ERF 亞群，故無法針對另兩類分群，而本研究係以全基因之胺基酸序列作為分群依據，不同於前人研究僅以 ERF/AP2 domain 而分群，因此具有不



同之分群結果。

DREB/CBF 轉錄因子兩處核苷酸連續高度相似性片段，轉譯後之胺基酸序列位於 AP2 domain 上，核苷酸片段與胺基酸片段相對位置分別為，單子葉與雙子葉植物 2543 bp – 2562 bp 之區間於 AP2 domain 第 45 – 50 個胺基酸之區間，及 2585 bp – 2613 bp 之區間位在 AP2 domain 第 59 – 66 個胺基酸上，在 DREB/CBF 轉錄因子中，核苷酸連續高度相似性片段與 AP2 domain 胺基酸序列具有保守性，且在核苷酸高度相似性片段中，片段內具有核苷酸的變異，但核苷酸的變異不會造成胺基酸序列之改變，因此此連續性片段可作為設計引子之區間，而設計之引子具有其價值。

(四) *COR15* 基因與 DREB/CBF 轉錄因子之關係

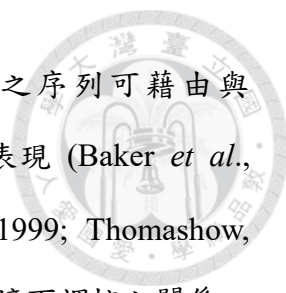
COR15 基因為 DREB/CBF 轉錄因子調控之基因，而 DREB/CBF 轉錄因子之 DREB1A 轉錄因子為調控 *COR15A* 基因在低溫逆境下之表現，透過 DREB/CBF 轉錄因子複雜且精細的調控網絡，可提升植物在低溫逆境下之耐受力 (Zhou *et al.*, 2012)，在阿拉伯芥中受到 DREB1A 之調控基因除了 *COR15A*，尚有 *RD29A/COR78*，*KIN1*，*KIN2*，*RD17/COR47* 及 *ERD10* (Kasuga *et al.*, 1999)，而本研究則針對不同物種間之 *COR15A* 進行核苷酸、胺基酸保守性序列分析。

1. 序列及保守區域 G/C 所占的比率

植物物種間之 *COR15* 基因核苷酸序列差異甚大，全基因序列總長介於 686 bp (油菜的 *BnCor15B*) – 4549 bp (小麥的 *Wcor15*)，雙子葉植物序列 G/C 所佔的比率介於 33.4% – 42% (表八)，而單子葉作物全基因序列 G/C 所佔的比率為 46.7% (表九)，單子葉作物及雙子葉植物全基因、高度相似性之 G/C 所佔的比率，皆低於一般植物基因體之 G/C 的比率。

2. 核苷酸及胺基酸序列保守片段


將單子葉作物及雙子葉植物 *COR15* 基因進行核苷酸序列多重比較分析 (圖四)，在阿拉伯芥之 99 bp – 103 bp 之區間之序列為 CCGAC，此區間即為 DREB/CBF



之 CBF element 的核心保守序列 (CCGAC)，顯示此區間之序列可藉由與 DREB/CBF 轉錄因子結合，進而調控 *COR15* 在低溫逆境下之表現 (Baker *et al.*, 1994; Yamaguchi-Shinozaki and Shinozaki, 1994; Thomashow, 1999; Thomashow, 2001)，更加驗證了 *COR15* 基因與 DREB/CBF 轉錄因子在低溫逆境下調控之關係。而在 404 bp – 444 bp 及 1497 bp – 1532 bp 之區間中，單子葉作物及雙子葉植物具有高度相似性，在 404 – 444 bp 之區間，有非連續之 21 bp 核苷酸序列在物種間有保守性；1497 bp – 1532 bp 之區間有非連續之 22 bp 核苷酸序列，此兩區間在單子葉及雙子葉植物中具保守性，可知此兩片段在物種間極具重要性，因此可針對此連續性片段設計通用引子作為研究 *COR15* 基因之工具。針對 *COR15* 基因進行多重胺基酸序列比較 (圖九)，在雙子葉植物中胺基酸序列具高度相似性(圖九 A)，其中在第 55 至 100 個胺基酸雙子葉植物呈保守性；在單子葉及雙子葉植物中，*COR15* 基因胺基酸序列具高度相似性(圖九 B)，其中在第 1、2、4、6、13、46、52、62、68、72、76 – 77、83、85、88、90、102、106、109、133 及 177 個胺基酸在物種間具有保守性。Zhou *et al.* (2012) 針對阿拉伯芥、擬南芥、薺菜、深山南芥、山薺菜屬、高山梨子芥及油菜等十字花科植物間之 *COR15* 基因，發現 *COR15* 基因在十字花科作物中具高度的保守性，此結果與本研究結果相符 (圖九 A 及圖九 B)，綜合單子葉及雙子葉植物之保守序列與前人研究相同。在雙子葉植物中 *COR15* 基因具高度的保守性，比對雙子葉植物與單子葉作物之 *COR15* 基因胺基酸序列，結果顯示，單子葉及雙子葉植物之共同保守序列較雙子葉植物少，其可能為單子葉作物與雙子葉作物在演化上之差異，但 *COR15* 基因皆為作物面對低溫逆境時重要調控基因。

3. 親緣關係分析

針對單子葉與雙子葉作物進行多重序列比較 *COR15* 基因胺基酸序列，以臨接法建立親緣關係樹圖，分群結果可分為兩大群 (圖十三)；Zhou *et al.* (2012) 針對十字花科作物進行多重序列比較並建立親緣關係樹圖，分群結果可分三群，阿拉



伯芥、拟南芥、薺菜為第一大群，山薺菜屬、油菜為大二大群，第三大群是薺菜 *CbCOR15* 為外群。本研究結果在雙子葉植物中分為兩大群，阿拉伯芥、薺菜、亞麻薺為第一大群，油菜為第二大群，顯示在雙子葉植物物種間 *COR15* 基因具有高度保守性；進階比對單子葉作物與雙子葉植物 *COR15* 之親緣關係，結果可分為兩大群，第一大群為雙子葉植物，而第二大群為單子葉作物，結果顯示，*COR15* 基因在單子葉作物及雙子葉作物中具有明顯的差異性，在第 38 – 39 (雙子葉 VG, 單子葉 L-)、43 – 44 (雙子葉 KT, 單子葉 PC)、48 – 49 (雙子葉 VV, 單子葉-A)、51 (雙子葉 Q, 單子葉-)、53 – 56 (雙子葉 KKSL, 單子葉 PRT-)、58 – 59 (雙子葉 YAA, 單子葉-SG)、61 (雙子葉 K, 單子葉-)、63 – 66 (雙子葉 DGNI, 單子葉-R-L)、69 – 71(雙子葉 DDL, 單子葉-Q-)、74 (雙子葉 E, 單子葉 P)、79 (雙子葉 K, 單子葉 A)、81 (雙子葉 K, 單子葉 N)、84 (雙子葉 S, 單子葉 A)、92 (雙子葉 T, 單子葉 I)、94(雙子葉 K, 單子葉 G)、96 – 98 (雙子葉 EAL, 單子葉 KGV)、105 (雙子葉 A, 單子葉-)、107 – 108(雙子葉 DY, 單子葉 G-)、110 (雙子葉 V, 單子葉 A)、143 (雙子葉 E, 單子葉 D) 個胺基酸具有單雙子葉植物之差異，此種差異是否影響單子葉及雙子葉植物間對低溫逆境之反應，尚待進一步之探討。

本研究針對 HSF、WRKY、DREB/CBF 三大與溫度逆境相關之轉錄因子及 *COR15* 基因進行核苷酸序列組成及胺基酸序列保守性進行分析，發現在 HSF、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因之核苷酸全基因序列長度及高度相似性片段的 G/C 的含量在單子葉植物與雙子葉植物之間均未有明顯差異。針對核苷酸序列進行多重序列比較，HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因，在單子葉或雙子葉植物中皆具有高度相似性，且皆具有核苷酸連續性保守片段，並且針對此連續性保守片段設計引子，作為轉錄因子及其所調節之基因的分析工具。將胺基酸序列進行多重序列比較，HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子的 DNA binding domain 在物種間具有高度的保守性，*COR15* 基因在雙子葉植物中具有高度的保守

性。最後以 HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因胺基酸序列建立親緣關係樹圖，親緣關係樹圖分群結果與胺基酸序列保守性結果一致。




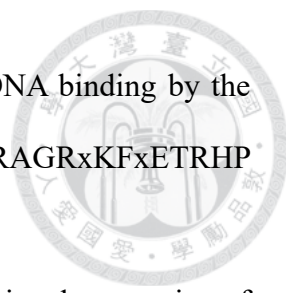
六、 結論

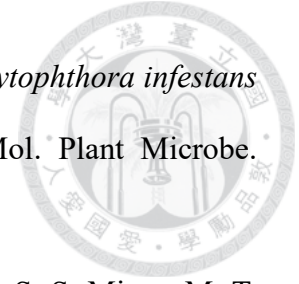
近年來針對植物耐溫度逆境之轉錄因子研究甚多，可見極端溫度對於育種目標之改變及重要性，但皆缺乏一個綜合性的研究，因此本研究針對影響植物溫度逆境之三大轉錄因子及相關之 *COR15* 基因進行整體性的研究，並希望能找出核苷酸連續性保守片段，藉以設計引子作為未來研究或分析三大轉錄因子及 *COR15* 基因之工具。

本研究發現在 DNA binding domain 中，三大轉錄因子皆具有高度的保守性；而 *COR15* 基因則在雙子葉植物中具有高度的保守性。最後依據 HSF、WRKY、DREB/CBF 轉錄因子及 *COR15* 基因胺基酸序列建立親緣關係樹圖，更加印證了胺基酸保守序列之分析結果。同時本研究亦發現 DREB/CBF 轉錄因子及其共同所調節之 *COR15* 基因間具有共同之核心保守序列 (CCGAC)，此序列與植物自身調節面對低溫逆境有關。本研究獲得與溫度逆境相關基因之保守序列，並且設計物種間通用之引子，可供未來相關研究利用，未來可利用探討耐溫度或不耐溫度逆境種原或品系之核苷酸序列差異。

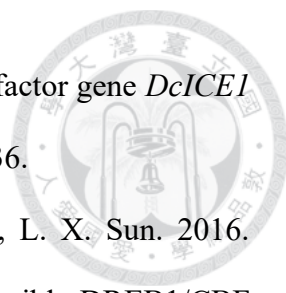
參考文獻

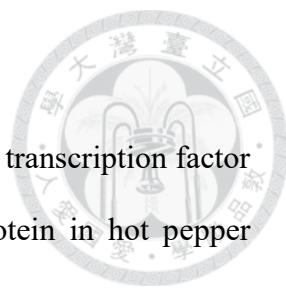
- 
- 楊雅淇。2008。作物葉綠體 DNA 序列變異之辨識及應用。國立臺灣大學農藝學研究所碩士論文。
- 鍾瑩。2009。作物物種間葉綠體 DNA 保留序列之搜尋及應用。國立臺灣大學農藝學研究所碩士論文。
- Afrin, S., J. Zhu, H. Cao, J. Huang, H. Xiu, T. Luo, and Z. Luo. 2015. Molecular cloning and expression profile of an abiotic stress and hormone responsive MYB transcription factor gene from *Panax ginseng*. *Acta Biochim. Biophys. Sin.* 47: 267–277.
- Agarwal, P. K., P. Agarwal, M. K. Reddy, and S. K. Sopory. 2006. Role of DREB transcription factors in abiotic and biotic stress tolerance in plants. *Plant Cell Rep.* 25: 1263–1274.
- Akhtar M., A. Jaiswal, E. Ahmad, J. P. Jaiswal, M. I. Qureshi, M. Tufchi, A. Kumar, and N. K. Singh. 2015. Molecular cloning and characterization of cold – induced gene encoding DRE-binding transcription factor from cold-arid adapted ecotype of *Lepidium latifolium* L. *Indian J. Biotechnol.* 14: 26–32.
- Artus, N. N., M. Uemura, P. L. Steponkus, S. J. Gilmour, C. Lin, and M. F. Thomashow. 1996. Constitutive expression of the cold-regulated *Arabidopsis thaliana* *COR15a* gene affects both chloroplast and protoplast freezing tolerance. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 93: 13404–13409.
- Baker, S. S., K. S. Wilhelm, and M. F. Thomashow. 1994. The 50-region of *Arabidopsis thaliana* *cor15a* has cis-acting elements that confer cold-, drought- and ABA-regulated gene expression. *Plant Mol. Biol.* 24: 701–713.
- Bohnert H. J., D. E. Nelson, and R. G. Jensen. 1995. Adaptation to environmental stress. *Plant Cell* 7: 1099–1111.

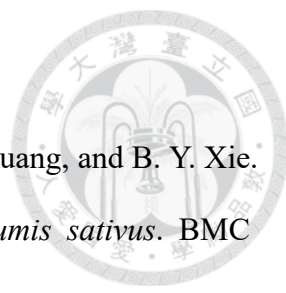
- 
- Canella D., S. J. Gilmour, L. A. Kuhn, M. F. Thomashow. 2010. DNA binding by the Arabidopsis CBF1 transcription factor requires the PKKP/RAGR_xKF_xETRHP signature sequence. *Biochim. Biophys. Acta.* 1799: 454–462.
- Carels, N., P. Hatey, K. Jabbari, and G. Bernardi. 1988. Compositional properties of homologous coding sequences from plant. *J. Mol. Evol.* 46: 45–53.
- Cattivelli, L., and D. Bartels. 1990. Molecular cloning and characterization of cold-regulated genes in barley. *Plant Physiol.* 93: 1504–1510.
- Chauvin, L. P., M. Houde, and F. Sarhan. 1993. A leaf-specific gene stimulated by light during wheat acclimation to low temperature. *Plant Mol. Biol.* 23: 255–265.
- Chen, L., Y. Song, S. Li, L. Zhang, C. Zou, and D. Yu. 2012. The role of WRKY transcription factors in plant abiotic stresses. *Biochim. Biophys. Acta.* 18191: 120–128.
- Chen, L., Y. Yang, C. Liu, Y. Y. Zheng, M. S. Xu, and N. Wu. 2015. Characterization of WRKY transcription factor in *Solanum lycopersicum* reveals collinearity and their expression patterns under cold treatment. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 464: 962–968.
- Chen, N., Q. Yang, M. Su, L. Pan, X. Chi, M. Chen, Y. He, Z. Yang, T. Wang, M. Wang, and S. Yu. 2012. Cloning of six ERF Family transcription factor genes from peanut and analysis of their expression during abiotic stress. *Plant Mol. Biol. Rep.* 30: 1415–1425.
- Chen, X., Y. Wang, B. Lv, J. Li, L. Luo, S. Lu, X. Zhang, H. Ma, and F. Ming. 2014. The NAC family transcription factor OsNAP confers abiotic stress response through the ABA pathway. *Plant Cell Physiol.* 55: 604–619.
- Dellagi, A., J. Helibronn, A. O. Avrova, M. Montesano, E. T. Palva, and H. E. Stewart. 2000. A potato gene encoding a WRKY-like transcription factor is induced in

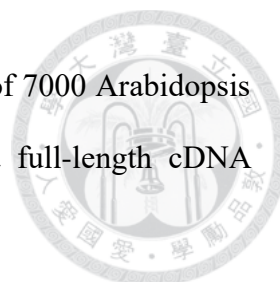


- interactions with *Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica* and *Phytophthora infestans* and is coregulated with class I endochitinase expression. *Mol. Plant Microbe Interact.* 13: 1092–1101.
- Dubouzet, J. G., Y. Sakuma, Y. S. Ito, M. Kasuga, E. G. Dobouzet, S. S. Miura, M. T. Seki, K. Z. Shinozaki, and K. Yamaguchi-Shinozaki. 2003. OsDREB gene in rice, *Oryza sativa* L., encode transcription activators that function in drought-, high-salt- and cold-responsive gene expression. *The Plant Journal* 33: 751–763.
- Edgar, R. C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Res.* 32: 1792–1797.
- Eulgem, T., P. J. Rushton, and E. Schmelzer. 1999. Early nuclear events in plant defense: rapid gene activation by WRKY transcription factors. *EMBO J.* 18: 4689–4699.
- Gao, J. P., D. Y. Chao, and H. X. Lin. 2007. Understanding abiotic stress tolerance mechanisms: recent studies on stress response in rice. *J. Integr. Plant Biol.* 49: 742–750.
- Guo, J. K., J. Wu, Q. Ji, C. Wang, L. Luo, Y. Yuan, Y. H. Wang, and J. Wang. 2008. Genome-wide analysis of heat shock transcription factor families in rice and arabidopsis. *J. Genet. Genomics* 35: 105–118.
- He, G. H., J. Y. Xu, Y. X. Wang, J. M. Liu, P. S. Li, M. Chen, Y. Z. Ma, and Z. S. Xu. 2016. Drought-responsive WRKY transcription factor genes *TaWRKY1* and *TaWRKY33* from wheat confer drought and/or heat resistance in arabidopsis. *BMC Plant Biology* 16: 1–16.
- Hu, W. H., G. C. Hu, and B. Han. 2009. Genome-wide survey and expression profiling of heat shock proteins and heat shock factors revealed overlapped and stress specific response under abiotic stresses in rice. *Plant Sci* 176: 583–590.
- Huang, Y., Z. Xu, F. Wang, M. Li, J. Ma, A. Xiong. 2015. Cloning and expression

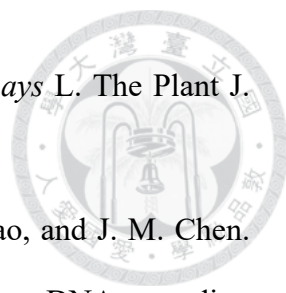
- 
- profiles analysis under abiotic stress of cold stress transcription factor gene *DcICE1* from *Daucus carota*. *Acta Bot. Boreal. – Occident. Sin.* 35: 30–36.
- Huang, Z., J. He, X. J. Zhong, H. D. Guo, S. H. Jin, X. Li and, L. X. Sun. 2016. Molecular cloning and characterization of a novel freezing-inducible DREB1/CBF transcription factor gene in boreal plant Iceland poppy (*Papaver nudicaule*). *Genet. Mol. Biol.* 39: 616–628.
- Hwang, E. W., K. A. Kim, S. C. Park, M. J. Jeong, M. O. Byun, and H. B. Kwon. 2005. Expression profiles of hot pepper (*Capsicum annuum*) genes under cold stress conditions. *J. Biosci.* 30: 657–667.
- Jaglo, K. R., S. Kleff, K. L. Amundsen, X. Zhang, V. Haake, J. Z. Zhang, T. Deits, M. F. Thomashow. 2001. Components of the arabidopsis C-repeat/dehydration responsive element binding factor cold-response pathway are conserved in *Brassica napus* and other plant species. *Plant Physiol.* 127: 910–917.
- Karam, B. S., C. F. Rhonda, and O. S. Luis. 2002. Transcription factors in plant defense and stress response. *Curr. Opin. Plant Biol.* 5: 430–436.
- Kasuga, M., Q. Liu, S. Miura, K. Yamaguchi-Shinozaki, and K. Shinozaki. 1999. Improving plant drought, salt, and freezing tolerance by gene transfer of a single stress-inducible transcription factor. *Nat. Biotechnol.* 17, 287–291.
- Kidokoro, S., K. Watanabe, T. Ohori, K. Maruyama, J. Mizoi, N. Myint, P. S. Htwe, Y. Fujita, S. Sekita, K. Shinozaki, and Y. Shinozaki. 2015. Soybean DREB1/CBF-type transcription factors function in heat and drought as well as cold stress-responsive gene expression. *The Plant Journal* 81: 505–518.
- Kilian, J., D. Whitehead, J. Horak, D. Wanke, S. Weinl, O. Batistic, C. D’Angelo, E. Bornberg-Bauer, J. Kudla, and K. Harter. 2007. The AtGenExpress global stress expression data set: protocols, evaluation and model data analysis of UV-B light,

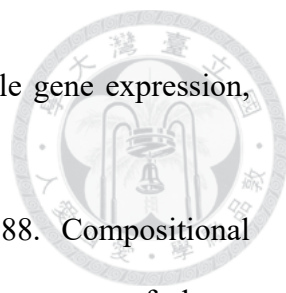
- 
- drought and cold stress responses. *Plant J.* 50: 347–363.
- Kim, S., C. S. An, Y. N. Hong, and K. W. Lee. 2004. Cold-inducible transcription factor CaCBF, is associated with a homeodomain leucine zipper protein in hot pepper (*Capsicum annuum* L.). *Mol. Cells* 18: 300–308.
- Kim, J. 2007. Perception, transduction, and networks in cold signaling. *J. Plant Biol.* 50: 139–147.
- Kotak, S., M. Port, A. Ganguli, F. Bicker, and P. von Koskull-Doring. 2004. Characterization of C-terminal domains of Arabidopsis heat stress transcription factors (Hsfs) and identification of a new signature combination of plant class a Hsfs with AHA and NES motifs essential for activator function and intracellular localization, *Plant J.* 39: 98–112.
- Kumar, S., G. Stecher, and K. Tamura. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 fo bigger datasets. *Mol Biol Evol.* 33: 1870–1874.
- Li, C., Q. Chen, X. Gao, B. Qi, N. Chen, S. Xu, J. Chen, and X. Wang. 2005. AtHsfA2 modulates expression of stress responsive genes and enhances tolerance to heat and oxidative stress in Arabidopsis. *Sci. China Life Sci.* 48: 540–550.
- Li, H. Y., C. S. Chang, L. S. Lu, C. A. Liu, M. T. Chan, and Y. Y. Chang. 2003. Over-expression of *Arabidopsis thaliana* heat shock factor gene (AtHsfA1b) enhances chilling tolerance in transgenic tomato. *Bot. Bull Acad. Sin.* 44: 129–140.
- Li, P. S., T. F. Yu, G. H. He, M. Chen, Y. B. Zhou, S. C. Chai, Z. S. Xu, and Y. Z. Ma. 2014. Genome-wide analysis of the Hsf family in soybean and functional identification of *GmHsf-34* involvement in drought and heat stresses. *BMC Genomics* 15: 1–16.
- Liang, C., X. Liu, S. M. Yiu, and B. L. Lim. 2013. *De novo* assembly and characterization of Camelina sativa transcriptome by paired-end sequencing. *BMC*

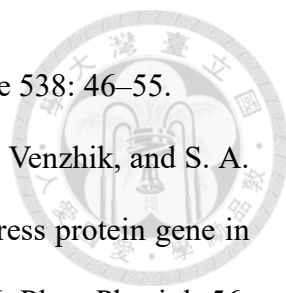
- 
- Genomics 14: 1–11.
- Ling, J., W. J. Jiang, Y. Z. Hongjun Yu, Z. C. Mao, X. F. Gu, S. W. Huang, and B. Y. Xie. 2011. Genome-wide analysis of WRKY gene family in *Cucumis sativus*. BMC Genomics 12: 1–20.
- Lin, C., and M. F. Thomashow. 1992. DNA sequence analysis of a complementary of the COR15 polypeptide. Plant Physiol. 115: 171–180.
- Lin, Y. X., H. Y. Jiang, Z. X. Chu, X. L. Tang, S. W. Zhu, and B. J. Cheng. 2011. Genome-wide identification, classification and analysis of heat shock transcription factor family in maize. BMC Genomics 12: 1–14.
- Liu, J. G., Q. L. Qin, Z. Zhang, R. H. Peng, A. S. Xiong, J. M. Chen, and Q. H. Yao. 2009. OsHSF7 gene in rice, *Oryza sativa* L., encodes a transcription factor that functions as a high temperature receptive and responsive factor. BMB Rep. 42: 16–21.
- Mare, C., E. Mazzucotelli, C. Crosatti, E. Francia, A. Michele Stanca, and L. Cattivelli. 2004. Hv-WRKY38: a new transcription factor involved in cold-and drought-response in barley. Plant Mol. Biol. 55: 399–416.
- Mittal D., S. Chakrabarti, A. Sarkar, A. Singh, and A. Grover. 2009. Heat shock factor gene family in rice: genomic organization and transcript expression profiling in response to high temperature, low temperature and oxidative stresses. Plant Physiol. Biochem. 47: 785–795.
- Morran, S., O. Eini, B. Parent, R. Singh, A. Ismagul, S. Eliby, N. Shirley, P. Langridge, and S. Lopato. 2011. Improvement of stress tolerance of wheat and barley by modulation of expression of DREB/CBF factors. Plant Biotechnol. J. 9: 230–249.
- Motoaki, S., N. J. Mari, T. N. Ishida, F. Miki, O. Youko, K. Asako, N. Maiko, E. Akiko, S. Tetsuya, S. Masakazu, A. Kenji, T. Teruaki, Y. S. Kazuko, C. Piero, K. Jun, H.

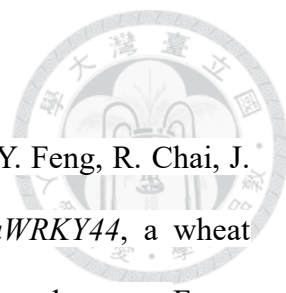


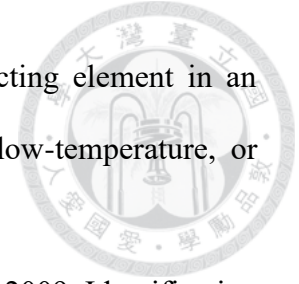
- Yoshihide, S. Kazuo. 2002. Monitoring the expression profiles of 7000 Arabidopsis genes under drought, cold and high-salinity stresses using a full-length cDNA microarray. *Plant J.* 31: 279–292.
- Mukhopadhyay, A., S. Vij, and A. K. Tyagi. 2004. Overexpression of a zinc-finger protein gene from rice confers tolerance to cold, dehydration, and salt stress in transgenic tobacco. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 101: 6309–6314.
- Niu, C. F., W. Wei, Q. Y. Zhou, A. G. Tian, Y. J. Hao, W. K. Zhang, B. Ma, Q. Lin, Z. B. Zhang, J. S. Zhang, and S. Y. Chen. 2012. Wheat WRKY genes TaWRKY2 and TaWRKY19 regulate abiotic stress tolerance in transgenic arabidopsis plants. *Plant, Cell and Environment* 35: 1156–1170.
- Nover, L., K. Bharti, P. Doring, S.K. Mishra, A. Ganguli, and K.D. Scharf. 2001. Arabidopsis and the heat stress transcription factor world: how many heat stress transcription factors do we need? *Cell Stress Chaperones* 6: 177–189.
- Oh, S. K., S. Y. Yi, S. H. Yu, S. M. Jae, J. S. Moon, J. M. Park, and D. Choi. 2006. CaWRKY2, a chili pepper transcription factor, is rapidly induced by incompatible plant pathogens. *Mol. Cells* 22: 58–64.
- Okamoto, J. K., B. Caster, R. Villarroel, M. Van Montagu, and K. D. Jofuku. 1997. The AP2 domain of APETALA2 defines a large new family of DNA binding proteins in arabidopsis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 94: 7076–7081.
- Qin, F., Y. Sakuma, J. Li, Q. Liu, Y. Q. Li, K. Shinizaki, and K. Yamaguchi-Shinozaki. 2004. Cloning and Functional analysis of a novel DREB1/CBF transcription factor involved in cold- responsive gene expression in *Zea mays* L. *Plant Cell Physiol.* 45: 1042–1052.
- Qin, F., M. Kakimoto, Y. Sakuma, K. Maruyama, Y. Osakabe, L. Tran, K. Shinozaki, and K. Yamaguchi-Shinozaki. 2007. Regulation and functional analysis of

- 
- ZmDREB2A in response to drought and heat stresses in *Zea mays* L. *The Plant J.* 50: 54–69.
- Qin, Q. L., J. G. Liu, Z. Zhang, R. H. Peng, A. S. Xiong, Q. H. Yao, and J. M. Chen. 2007. Isolation, optimization, and functional analysis of the cDNA encoding transcription factor OsDREB1B in *Oryza sativa* L. *Mol. Breed.* 19: 329–340.
- Qin, Y., Y. Tian., and X. Liu. 2015. A wheat salinity-induced WRKY transcription factor TaWRKY93 confers multiple abiotic stress tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 464: 428–433.
- Ramamoorthy, R. S., Y. Jiang, N. Kumar, P. N. Venkatesh, and S. Ramachandran. 2008. A comprehensive transcriptional profiling of WRKY gene family in rice under various abiotic and phytohormone treatment. *Plant Cell Physiol.* 49: 865–879.
- Rashid, M., G. He, G. Yang, J. Hussain, and X. Yan. 2012. AP2/ERF transcription factor in rice: genome-wide canvas and syntenic relationships between Monocots and Eudicots. *Evol. Bioinf. Online* 8: 321–355.
- Riechmann, J. L., and E. M. Meyerowitz. 1998. The AP2/EREBP family of plant transcription factors. *Biol. Chem.* 379: 633–646.
- Ross, C. A., Y. Liu, and Q. J. Shen. 2007. The *WRKY* gene family in rice (*Oryza sativa*). *J. Integr. Plant Biol.* 49: 827–842.
- Rushton, P. J., H. Macdonald, A. K. Huttly, C. M. Lazarus, and R. Hooley. 1995. Members of a new family of DNA-binding proteins bind to a conserved cis-element in the promoters of alpha-Amy2 genes. *Plant Mol. Biol.* 29: 691–702.
- Saitou, N. and M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. and Evol.* 4: 406–425.
- Sakuma, Y., Q. Liu, J. G. Dubouzet, H. Abe, K. Shinozaki, and K. Yamaguchi-Shinozaki. 2002. DNA-binding specificity of the ERF/AP2 domain of arabidopsis DREBs,

- 
- transcription factors involved in dehydration- and cold-inducible gene expression, *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 29: 998–1009.
- Salinas, J., G. Matassi, L. M. Montero, and G. Bernardi. 1988. Compositional compartmentalization and compositional pattern in the nuclear genomes of plants. *Nucleic Acids Res.* 16: 4269–4285.
- Schramm, F., J. Larkindale, E. Kiehlmann, A. Ganguli, G. Englich, E. Vierling, and P. von Koskull-Doring. 2008. A cascade of transcription factor DREB2A and heat stress transcription factor HsfA3 regulates the heat stress response of arabidopsis. *Plant J.* 53: 264–274.
- Seki, M., M. Narusaka, H. Abe, M. Kasuga, K. Yamaguchi-Shinozaki, P. Carninci, Y. Hayashizaki, and K. Shinozaki. 2001. Monitoring the expression pattern of 1300 Arabidopsis genes under drought and cold stresses by using a full-length cDNA microarray. *The Plant Cell* 13: 67–72.
- Song, H., P. F. Wang, L. Hou, S. Z. Zhao, C. Z. Zhao, H. Xia, P. C. Li, Y. Zhang, X. T. Bian, and X. G. Wang. 2016. Global analysis of WRKY genes and their response to dehydration and salt stress in soybean. *Front. Plant Sci.* 7: 1–9.
- Song, X. M., G. F. Liu, W. K. Duan, T. K. Liu, Z. N. Huang, J. Ren, Y. Li, and X. L. Hou. 2014. Genome-wide identification, classification and expression analysis of the heat shock transcription factor family in Chinese cabbage. *Mol. Genet. Genomics* 289: 541–551.
- Sun, C., S. Palmqvist, H. Olsson, M. Boren, and S. Ahlandsberg. 2003. A novel WRKY transcription factor, SUSIBA2, participates in sugar signaling in barley by binding to the sugar-responsive elements of the iso1 promoter. *Plant Cell* 15: 2076–2092.
- Su, L. T., J. W. Li, D. Q. Liu, Y. Zhai, H. J. Zhang, X. W. Li, Q. L. Zhang, Y. Wang, and Q. Y. Wang. 2014. A novel MYB transcription factor, GmMYBJ1, from soybean

- 
- confers drought and cold tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Gene* 538: 46–55.
- Talanova, V. V., A. F. Titov, L. V. Topchieva, I. E. Malysheva, Yu. V. Venzhik, and S. A. Frolova. 2009. Expression of WRKY transcription factor and stress protein gene in wheat plants during cold hardening and ABA treatment. *Russ. J. Plant Physiol.* 56: 702–708.
- Tang, R., W. J. Zhu, X. Y. Song, X. Z. Lin, J. H. Cai, M. Wang, and Q. Yang. 2016. Genome-wide identification and function analysis of heat shock transcription factor in potato. *Front. Plant Sci.* 7: 1–18.
- Thomashow, M. F. 1999. Plant cold acclimation: freezing tolerance genes and regulatory mechanisms. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 50: 571–599.
- Thomashow, M. F., S. J. Gilmour, E. J. Stockinger, K. R. Jaglo-Ottosen, and D. G. Zarka. 2001. Role of the *Arabidopsis* CBF transcriptional activators in cold acclimation. *Physiol. Plant* 112: 171–175.
- Thomashow, M. F. 2001. So what's new in the field of plant cold acclimation? Lots! *Plant Physiol.* 125: 89–93.
- Vaquerizas, J. M., S. K. Kummerfeld, S. A. Teichmann, and N. M. Luscombe. 2009. A census of human transcription factors: function, expression and evolution. *Nat. Rev. Genet.* 10: 252–263.
- Von Koskull-Döring, P., K. D. Scharf, and L. Nover. 2007. The diversity of plant heat stress transcription factors. *Trends Plant Sci.* 12: 452–457.
- Wang, C., P. Deng, L. Chen, X. Wang, H. Ma, N. Yao, Y. Feng, R. Chai, G. Yang, and G. He. 2013. A wheat WRKY transcription factor *TaWRKY10* confers tolerance to multiple abiotic stresses in transgenic tobacco. *PLOS One* 8(6): 1–13.
- Wang, H., Wang, H., Shao, H., and Tang, X. 2016. Recent advances in utilizing transcription factors to improve plant abiotic stress tolerance by transgenic

- 
- technology. *Front. Plant Sci.* 7: 1–13.
- Wang, X., J. Zeng, Y. Li, X. Rong, J. Sun, T. Sun, M. Li, L. Wang, Y. Feng, R. Chai, J. Chang, K. Li, G. Yang, and G. He. 2015. Expression of *TaWRKY44*, a wheat WRKY gene, in transgenic tobacco confers multiple abiotic stress tolerances. *Front. Plant Sci.* 6: 1–14.
- Wei, W., Y. X. Zhang, L. Han, Z. Q. Guan, and T. Y. Chai. 2008. A novel WRKY transcriptional factor from *Thlaspi caerulescens* negatively regulates the osmotic stress tolerance of transgenic tobacco. *Plant Cell Rep.* 27: 795–803.
- Weretilnyk, E., W. Orr, T. C. White, B. Iu, and J. Sigh. 1993. Characterization of three related low temperature regulated cDNAs from winter *Brassica napus*. *Plant Physiol.* 101: 171–177.
- Wu, C. 1995. Heat stress transcription factors: structure and regulation. *Annu. Rev. Cell Dev. Biol.* 11:441–469.
- Xiong, Y. W., and S. Z. Fei. 2006. Functional and phylogenetic analysis of a DREB/CBF-like gene in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). *Planta* 224: 878–888.
- Xu, Z. S., Z. Y. Ni, L. Liu, L. N. Nie, L. C. Li, M. Chen, and Y. Z. Ma. 2008. Characterization of the *TaAIDFa* gene encoding a CRT/DRE-binding factor responsive to drought, high-salt, and cold stress in wheat. *Mol. Genet. Genomics* 280: 497–508.
- Xu, Z. S., M. Chen, L. C. Li, and Y. Z. Ma. 2011. Functions and application of the AP2/ERF transcription factor family in crop improvement. *J. Integr. Plant Biol.* 53: 570–585.
- Yamada K, and M. Nishimura. 2008. Cytosolic heat shock protein 90 regulates heat shock transcription factor in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Signal Behav.* 3: 660–662.



- Yamaguchi-Shinozaki, K., and Shinozaki K. 1994. A novel cis acting element in an Arabidopsis gene is involved in responsiveness to drought, low-temperature, or high-salt stress. *Plant Mol. Biol.* 24: 701–713.
- Yang, B., Y. Jiang, M. H. Rahman, M. K. Deyholos, and N. N. Kav. 2009. Identification and expression analysis of WRKY transcription factor genes in canola (*Brassica napus* L.) in response to fungal pathogens and hormone treatments. *BMC Plant Biol.* 9: 1–19.
- Yang, X., W. Zhu, H. Zhang, N. Liu, and S. Tian. 2016. Heat shock factors in tomatoes: genome-wide identification, phylogenetic analysis and expression profiling under development and heat stress. *PeerJ* 4: 1–16.
- Yokotani, N., T. Ichikawa, Y. Kondou, M. Matsui, H. Hirochika, M. Iwabuchi, and K. Oda. 2008. Expression of rice heat stress transcription factor OsHsfA2e enhances tolerance to environmental stresses in transgenic Arabidopsis. *Planta* 227: 957–967.
- Zhang, H., B. Yang, W. Z. Liu, H. Li, L. Wang, B. Wang, M. Deng, W. Liang, M. Deyholos, and Y. Q. Jiang. 2014. Identification and characterization of CBL and CIPK gene families in canola (*Brassica napus* L.). *BMC Plant Biol.* 14: 1-8.
- Zhang, Y., G. Zhang, N. Xia, X. J. Wang, L. L. Huang, Z. S. Kang. 2009. Cloning and characterization of bZIP transcription factor gene in wheat and its expression in response to stripe rust pathogen infection and abiotic stresses. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 73: 88–94.
- Zhou, M. Q., C. Shen, L. H. Wu, K. X. Tang, and J. Lin. 2011. CBF dependent signaling pathway: a key responder to low temperature stress in plants. *Crit. Rev. Biotechnol.* 31: 186–192.
- Zhou, M. Q., L. H. Wu, J. Liang, C. Shen, and J. Lin. 2012. Expression analysis and functional characterization of a novel cold-responsive gene *CbCOR15a* from

Capsella bursa-pastoris. Mol. Biol. Rep. 39: 5169–5179.

Zhou, Q. Y., A. G. Tan, H. F. Zou, Z. M. Xie, G. Lei, J. Huang, C. M. Wang, H. W.

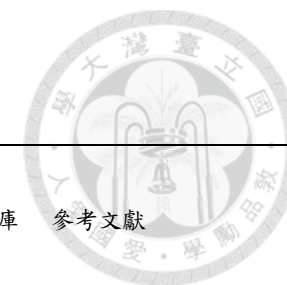
Wang, J. S. Zhang, and S. Y. Chen. 2008. Soybean WRKY-type transcription factor genes, *GmWRKY13*, *GmWRKY21*, and *GmWRKY54*, confer differential tolerance to abiotic stresses in transgenic Arabidopsis plants. Plant Biotechnol. J. 6: 486–503.

Zhu, X., L. Qi, X. Liu, S. Cai, H. Xu, R. Huang, J. Li, X. Wei, and Z. Zhang. 2014. The wheat ethylene response factor transcription factor pathogen-induced ERF1 mediates host responses to both the necrotrophic pathogen *Rhizoctoniacerealis cerealis* and freezing stresses. Plant Physiol. 164: 1499–1514.

附錄

附表一、試驗使用之轉錄因子及其調控基因列表

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列 mRNA ID	長度 蛋白質 ID (bp)	胺基酸 長度 (AA)	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻	
HSF															
AtHsfA1a (HSF1)	827496	1829	Genomic DNA	-	-	NP_193510.1	495	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
AtHsfA1b (HSF3)	831545	2695	Genomic DNA	-	-	NP_197184.2	481	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
AtHSFA1d	840125	3508	Genomic DNA	-	-	NP_174511.2	485	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
AtHSFA1d	840125	3508	Genomic DNA	-	-	NP_001321152.1	482	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
AtHSFA1e	821162	3001	Genomic DNA	-	-	NP_186949.1	468	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
AtHSFA2	817155	2169	Genomic DNA	-	-	NP_001324815.1	345	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
AtHSFA2	817155	2169	Genomic DNA	-	-	NP_001118388.1	290	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
AtHsfB1 (HSF4)	829853	1975	Genomic DNA	-	-	NP_195416.1	284	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008



(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								
AtHSFB2A	836322	1837	Genomic DNA	-	-	NP_201008.2	299	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	o	-	-	-	NCBI	von Koskull-döring <i>et al.</i> , 2007; Guo <i>et al.</i> , 2008
BrHsf-01	Bra011735	858	Genomic DNA	-	-		285	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	o	o (4°C)	o	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014
BrHsf-10	Bra000557	1047	Genomic DNA	-	-		348	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	x	o (4°C)	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014
BrHsf-11	Bra000749	951	Genomic DNA	-	-		316	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	o	o (4°C)	o	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014
BrHsf-15	Bra012829	747	Genomic DNA	-	-		248	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	x	x (down)	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014
BrHsf-16	Bra012828	810	Genomic DNA	-	-		269	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	x	o (4°C)	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014
BrHsf-20	Bra033913	1224	Genomic DNA	-	-		407	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	x	o (4°C)	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014
BrHsf-23	Bra015050	930	Genomic DNA	-	-		309	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	x	x (down)	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014
BrHsf-24	Bra004272	1155	Genomic DNA	-	-		384	白菜	Brassica rapa	o 38°C, 1hr	x	o 4°C,1hr	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> ,2014

(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)							
BrHsf-25	Bra014054	1008	Genomic DNA	-	-	335	白菜	Brassica rapa	38°C, x 1hr	o	4°C, 1hr	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> , 2014
BrHsf-29	Bra023258	1464	Genomic DNA	-	-	487	白菜	Brassica rapa	(38°C, x 1hr)	o	4°C, 1hr	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> , 2014
BrHsf-35	Bra040968	1074	Genomic DNA	-	-	357	白菜	Brassica rapa	o (38°C)	x	o (4°C)	x	Brassica database	Song <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-4	Glyma01g44 330	2691	Genomic DNA	-	-	464	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-8	Glyma04g05 500	1999	Genomic DNA	-	-	372	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-9	Glyma05g28 460	4870	Genomic DNA	-	-	479	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-10	Glyma05g34 450	2768	Genomic DNA	-	-	358	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-11	Glyma05g29 470	1458	Genomic DNA	-	-	382	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014

(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								
GmHsf-16	Glyma09g32300	1665	Genomic DNA	-	-	-	320	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-17	Glyma09g33920	3436	Genomic DNA	-	-	-	500	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-25	Glyma11g06010	5290	Genomic DNA	-	-	-	285	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-33	Glyma16g13400	4958	Genomic DNA	-	-	-	510	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
GmHsf-34	Glyma17g34540	2961	Genomic DNA	-	-	-	336	大豆	Glycine max	o (42°C)	x	x	o	JGI	Li <i>et al.</i> , 2014
OsHSFA2A	4334080	2594	Genomic DNA	-	-	XP_015628945.1	376	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
OsHSFA2C	4348646	8272	Genomic DNA	-	-	XP_015613648.1	641	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	x	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
OsHSFA2C	4348646	8272	Genomic DNA	-	-	XP_015612526.1	641	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	x	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
OsHSFA2C	4348646	8272	Genomic DNA	-	-	XP_015612527.1	641	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	x	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009



(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								
OsHSFA2D	4331707	6370	Genomic DNA	-	-	XP_015629453.1	606	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
OsHSFA6A	4326351	2966	Genomic DNA	-	-	XP_015631502.1	402	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
OsHSFB2A	4336701	1705	Genomic DNA	-	-	XP_015636018.1	305	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	x	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
OsHSFC2A	4328809	1493	Genomic DNA	-	-	XP_015623571.1	298	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
OsHSFC2B	4341273	2529	Genomic DNA	-	-	XP_015641665.1	278	水稻	Oryza sativa Japonica	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Mittal <i>et al.</i> , 2009
StHSF30 (HSF004)	102593812	2207	Genomic DNA	-	-	XP_006351581.1	353	馬鈴薯	Solanum tuberosum	o (35°C)	x	x	x	NCBI	Tang <i>et al.</i> , 2016
StHSFA3 (HSF005)	102593951	6119	Genomic DNA	-	-	XP_015161517.1	501	馬鈴薯	Solanum tuberosum	o (35°C)	x	x	x	NCBI	Tang <i>et al.</i> , 2016
StHSFA5 (HSF009)	102581536	4009	Genomic DNA	-	-	XP_006349912.1	478	馬鈴薯	Solanum tuberosum	o (35°C)	x	o (4°C)	o	NCBI	Tang <i>et al.</i> , 2016
SIHSF24 (SlyHSF05)	101244435	3285	Genomic DNA	-	-	NP_001308379.1	301	番茄	Solanum lycopersicum	o (38°C)	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016

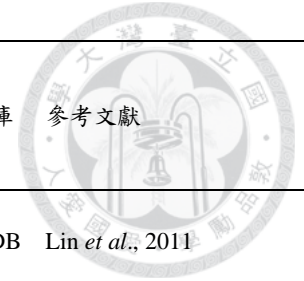


(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								
SIHSFB4 (SlyHSF07)	101250985	1431	Genomic DNA	-	-	XP_004238144.1	360	番茄	Solanum lycopersicum	o (38°C)	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016
SIHSFA6B (SlyHSF13)	101254638	2649	Genomic DNA	-	-	XP_004247676.1	356	番茄	Solanum lycopersicum	o (38°C)	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016
SIHSFA4A (SlyHSF20)	101247401	4394	Genomic DNA	-	-	XP_010317423.1	401	番茄	Solanum lycopersicum	o (38°C)	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016
SIHSfB- 2a-like (SlyHSF23)	101246888	2633	Genomic DNA	-	-	XP_004232865.1	205	番茄	Solanum lycopersicum	o (38°C)	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016
SIHSFA3 (SlyHSF24)	100736506	5160	Genomic DNA	-	-	NP_001234854.1	506	番茄	Solanum lycopersicum	o (38°C)	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016
SIHSF30 (SlyHSF18)	101255223	2886	Genomic DNA	-	-	XP_010325030.1	351	番茄	Solanum lycopersicum	o (38°C)	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016
SIHsfA1a (SlyHSF02)	101263626	5452	Genomic DNA	-	-	NP_001296177.1	527	番茄	Solanum lycopersicum	o	x	x	x	NCBI	Yang <i>et al.</i> , 2016
ZmHSF2 (ZmHsf-22)	GRMZM2G 118453	2408	Genomic DNA	-	-	AFW85100.1	433	玉米	Zea mays	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF4 (ZmHsf-17)	GRMZM2G 125969	4020	Genomic DNA	-	-	DAA59756.1	375	玉米	Zea mays	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011

(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								
ZmHSF6 (ZmHsf-15)	GRMZM2G 059851	3446	Genomic DNA	-	-	AFW71646.1	508	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF8 (ZmHsf-03)	GRMZM2G 164909	1680	Genomic DNA	-	-	AFW89149.1	414	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF9 (ZmHsf-24)	GRMZM2G 026742	4462	Genomic DNA	-	-	AFW89149.1	407	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF10 (ZmHsf-19)	GRMZM2G 165272	1891	Genomic DNA	-	-	DAA62420.1	394	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF12 (ZmHsf-23)	GRMZM2G 173090	1474	Genomic DNA	-	-	AFW86712.1	350	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF12 (ZmHsf-23)	GRMZM2G 173090	1474	Genomic DNA	-	-	AFW86713.1	365	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF13 (ZmHsf-01)	GRMZM2G 165972	2325	Genomic DNA	-	-	DAA43487.1	384	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF14 (ZmHsf-02)	GRMZM2G 118485	7416	Genomic DNA	-	-	DAA44161.1	408	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
ZmHSF20 (ZmHsf-25)	GRMZM2G 301485	1377	Genomic DNA	-	-	AFW59161.1	318	玉米	<i>Zea mays</i>	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011



(續附表一)



基因名稱	基因 ID	序列		序列		胺基酸		學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻	
		長度	mol_	mRNA ID	長度	蛋白質 ID	長度								作物
		(bp)	type		(bp)	(AA)									
ZmHSF24 (ZmHsf-04)	GRMZM2G 010871	3628	Genomic DNA	-	-	DAA49915.1	357	玉米	Zea mays	o	-	-	-	MAIZEGDB	Lin <i>et al.</i> , 2011
基因名稱	基因 ID	長度	mol_	mRNA ID	長度	蛋白質 ID	長度	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
		(bp)	type		(bp)	(AA)									
WRKY															
CaWRKY1	-	-	mRNA	AY789641 .1	1646	AAX20040.1	361	辣椒	Capsicum annuum	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Hwang <i>et al.</i> , 2005
CsWRKY4	-	-	mRNA	GU984009 .1	1521	ADU52501.1	506	黃瓜	Cucumis sativus	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Ling <i>et al.</i> , 2011
CsWRKY18	-	-	mRNA	GU984018 .1	1011	ADU52510.1	336	黃瓜	Cucumis sativus	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Ling <i>et al.</i> , 2011
CsWRKY21	-	-	mRNA	GU984020 .1	948	ADU52512.1	315	黃瓜	Cucumis sativus	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Ling <i>et al.</i> , 2011
CsWRKY23	-	-	mRNA	GU984022 .1	1359	ADU52514.1	452	黃瓜	Cucumis sativus	x	-	o (4°C)	x	NCBI	Ling <i>et al.</i> , 2011
CsWRKY25	-	-	mRNA	GU984024 .1	1053	ADU52516.1	350	黃瓜	Cucumis sativus	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Ling <i>et al.</i> , 2011

(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻	
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								作物
CsWRKY33	-	-	mRNA	GU984027 .1	1152	ADU52519.1	383	黃瓜	Cucumis sativus	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Ling <i>et al.</i> , 2011
CsWRKY46	-	-	mRNA	GU984032 .1	786	ADU52524.1	261	黃瓜	Cucumis sativus	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Ling <i>et al.</i> , 2011
GmWRKY 21	-	-	mRNA	DQ322691 .1	591	ABC26913.1	196	大豆	Glycine max	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Zhou <i>et al.</i> , 2008
SIWRKY2 (WRKY 4)	Solyc01g07 9260.2.1	2457	Genomic DNA				320	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
SIWRKY26	Solyc04g05 1540.2.1	4196	Genomic DNA				234	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
SIWRKY27 (WRKY 16)	Solyc04g05 1690.2.1	3173	Genomic DNA				174	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
SIWRKY33 (WRKY a)	Solyc05g01 2770.2.1	5702	Genomic DNA				508	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
SIWRKY52 (WRKY 2)	Solyc07g04 7960.2.1	4075	Genomic DNA				413	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
SIWRKY53	Solyc07g05 1840.2.1	3295	Genomic DNA				631	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015



(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列 mRNA ID 長度 (bp)	蛋白質 ID	胺基酸 長度 (AA)	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
SIWRKY56 (WRKY78)	Solyc07g06 5260.2.1	5112	Genomic DNA			596	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
SIWRKY60 (WRKY16)	Solyc08g06 2490.2.1	1721	Genomic DNA			181	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
SIWRKY62 (WRKY9)	Solyc08g06 7360.2.1	2075	Genomic DNA			258	番茄	Solanum lycopersicum	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Chen <i>et al.</i> , 2015
TaWRKY10 -	-	-	mRNA	HQ700327 .1	669 ADY80578.1	222	小麥	Triticum aestivum	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2013
TaWRKY33 -	-	-	mRNA	KT285207 .1	1071 ALR88711.1	356	小麥	Triticum aestivum	o (42°C)	x	o (4°C)	x	NCBI	He <i>et al.</i> , 2016
TaWRKY44 -	-	-	mRNA	KR827395 .1	1113 ALC04261.1	370	小麥	Triticum aestivum	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2015
TaWRKY46 -	-	-	mRNA	KR827397 .1	791 ALC04263.1	263	小麥	Triticum aestivum	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2015
TaWRKY48 -	-	-	mRNA	KR827399 .1	978 ALC04265.1	325	小麥	Triticum aestivum	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2015
TaWRKY50 -	-	-	mRNA	KR827401 .1	876 ALC04267.1	291	小麥	Triticum aestivum	x	o	o (4°C)	x	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2015

(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列 mRNA ID 長度 (bp)	蛋白質 ID	胺基酸 長度 (AA)	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
TaWRKY51	-	-	mRNA	KR827402 .1	672 ALC04268.1	223	小麥	Triticum aestivum	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2015
TaWRKY52	-	-	mRNA	KR827403 .1	600 ALC04269.1	199	小麥	Triticum aestivum	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2015
TaWRKY53	-	-	mRNA	KR827404 .1	942 ALC04270.1	313	小麥	Triticum aestivum	x	o	o (4°C)	x	NCBI	Wang <i>et al.</i> , 2015
OsWRKY39	LOC_Os02g 16540.1	2356	Genomic DNA			361	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
OsWRKY45	LOC_Os05g 25770.1	2222	Genomic DNA			326	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
OsWRKY51	LOC_Os04g 21950.1	1894	Genomic DNA			326	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
OsWRKY62	LOC_Os09g 25070.1	2086	Genomic DNA			318	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
OsWRKY66	LOC_Os02g 47060.1	4151	Genomic DNA			506	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
OsWRKY68	LOC_Os04g 51560.1	1403	Genomic DNA			309	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008

(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列 mRNA ID	長度 蛋白質 ID (bp)	胺基酸 長度 (AA)	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
OsWRKY74	LOC_Os09g16510.1	2312	Genomic DNA			361	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
OsWRKY79	LOC_Os03g21710.1	2230	Genomic DNA			356	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
OsWRKY102	LOC_Os01g08710.1	15535	Genomic DNA			424	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	Phytozome	Ramamoorthy <i>et al.</i> , 2008
基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列 mRNA ID	長度 蛋白質 ID (bp)	胺基酸 長度 (AA)	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
CBF/DREB														
AhERF4	-	-	mRNA	JQ048931.1	1367 AFU07641.1	306	花生	Arachis hypogaea	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Chen <i>et al.</i> , 2012
AhERF5	-	-	mRNA	JQ048932.1	1820 AFU07642.1	335	花生	Arachis hypogaea	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Chen <i>et al.</i> , 2012
AhERF6	-	-	mRNA	JQ048933.1	1997 AFU07643.1	407	花生	Arachis hypogaea	x	o	o (4°C)	o	NCBI	Chen <i>et al.</i> , 2012
AtDREB1A	828652	1391	Genomic DNA		NP_567720.1	216	阿拉伯芥	Arabidopsis thaliana	x	x	o	x	NCBI	Seki <i>et al.</i> , 2001

(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								
CaCBF1A	-	-	mRNA	AY368482 .1	885	AAQ88399.1	156	辣椒	Capsicum annuum	o	o	o	x	NCBI	Kim <i>et al.</i> , 2003
DcDREB-6 A	-	-	mRNA	KM38664 6	993	AIX48026.1	330	野胡蘿蔔	Daucus carota	o	o	o	x	NCBI	Huang <i>et al.</i> , 2015
GmDREB 1A-2	Glyma16g32 330	1095	Genomic DNA				231	大豆	Glycine max	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Kidokoro <i>et al.</i> , 2015
GmDREB 1B-1	Glyma20g29 410	814	Genomic DNA				207	大豆	Glycine max	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Kidokoro <i>et al.</i> , 2015
GmDREB 1C-1	Glyma01g42 500	2803	Genomic DNA				340	大豆	Glycine max	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Kidokoro <i>et al.</i> , 2015
GmDREB 1C-1	Glyma01g42 500	2803	Genomic DNA				226	大豆	Glycine max	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Kidokoro <i>et al.</i> , 2015
GmDREB 1D-1	Glyma05g03 560	638	Genomic DNA				211	大豆	Glycine max	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Kidokoro <i>et al.</i> , 2015
GmDREB 1E-1	Glyma12g30 740	567	Genomic DNA				189	大豆	Glycine max	o (37°C)	o	-	x	NCBI	Kidokoro <i>et al.</i> , 2015
GmDREB 1F-1	Glyma12g09 130	690	Genomic DNA				216	大豆	Glycine max	o (37°C)	o	o (4°C)	o	NCBI	Kidokoro <i>et al.</i> , 2015



(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列 mRNA ID	長度 蛋白質 ID (bp)	胺基酸 長度 (AA)	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
LIDREB1A	-	-	mRNA	JN561592.1	925 AEQ35295.1	213	寬葉獨行菜	Lepidium latifolium	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Akhtar <i>et al.</i> , 2015
LpCBF3	-	-	mRNA	AY960831.1	942 AAX57275.1	223	多年生黑麥草	Lolium perenne	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Xiong and Fei, 2006
OsDREB1A	-	-	mRNA	AF300970.1	895 AAN02486.1	238	水稻	Oryza sativa Japonica	x	o	o (4°C)	x	NCBI	Dubouzet <i>et al.</i> , 2003
OsDREB1B	-	-	mRNA	AF300972.1	897 AAN02488.1	218	水稻	Oryza sativa Japonica	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Dubouzet <i>et al.</i> , 2003
PnDREB1	-	-	mRNA	KU500634.1	699 ANP21917.1	232	罌粟花	Papaver nudicaule	x	x	o (0°C)	x	NCBI	Huang <i>et al.</i> , 2016
TaDREB2	-	-	mRNA	DQ353852.1	1043 ABC86563.1	243	小麥	Triticum aestivum	x	x	o (4°C)	o	NCBI	Morran <i>et al.</i> , 2011
TaDREB3	-	-	mRNA	DQ353853.1	1004 ABC86564.1	224	小麥	Triticum aestivum	x	x	o (4°C)	o	NCBI	Morran <i>et al.</i> , 2011
ZmDREB1A	-	-	mRNA	AF450481.1	1085 AAN76804.1	267	玉米	Zea mays	x	o	o (4°C)	x	NCBI	Qin <i>et al.</i> , 2004
ZmDREB2A	732788	3366	Genomic DNA		XP_008655447.1	368	玉米	Zea mays	o 42°C, 10min	o	o	o	NCBI	Qin <i>et al.</i> , 2007

(續附表一)

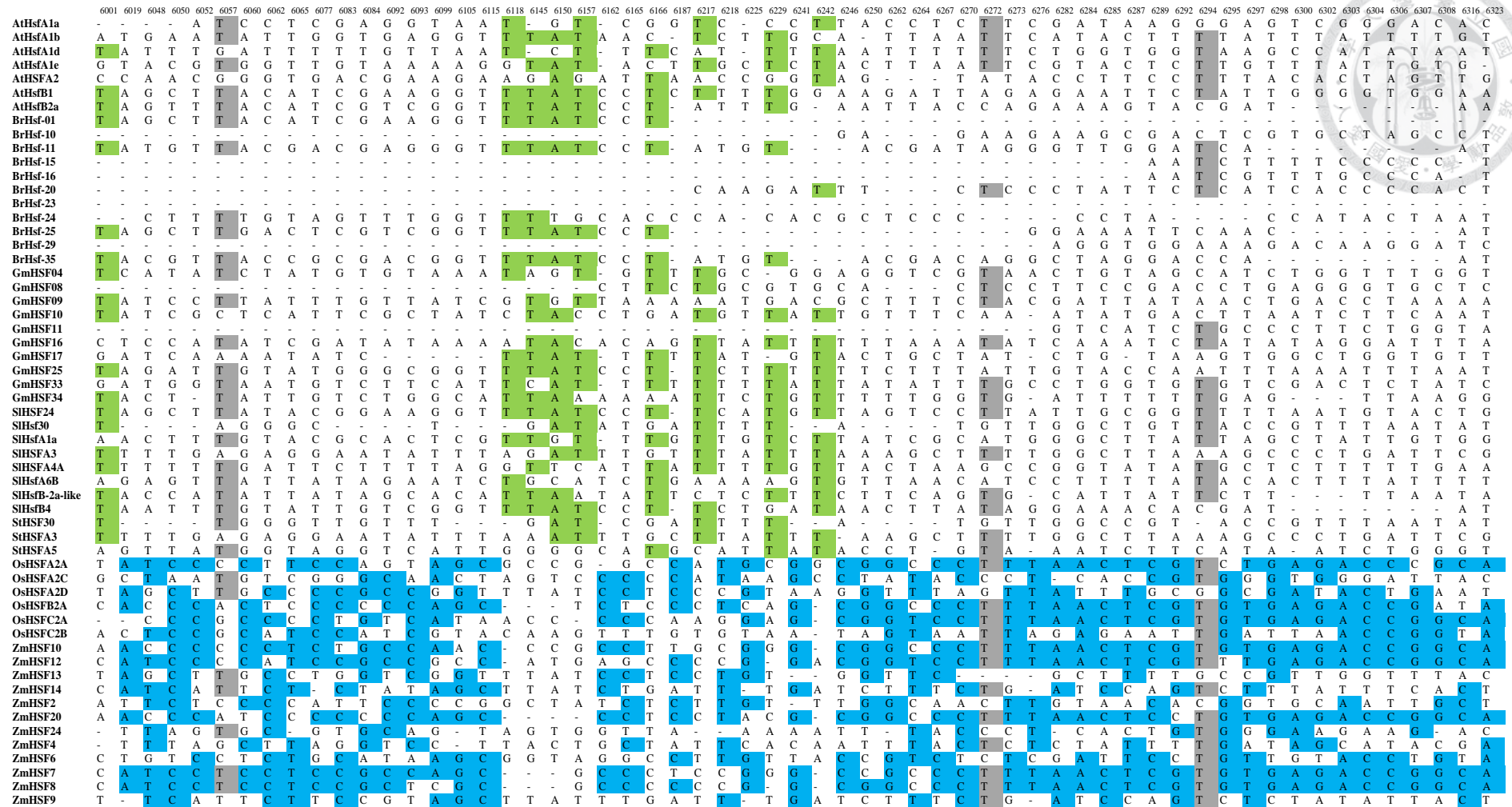
基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	序列		胺基酸		作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
				mRNA ID	長度 (bp)	蛋白質 ID	長度 (AA)								
ZmDREB 2A	732788	3366	Genomic DNA	NP_001292873.1	367		367	玉米	<i>Zea mays</i>	o 42°C, 10min	o	o	o	NCBI	<i>Qin et al., 2007</i>
ZmDREB 2A	732788	3366	Genomic DNA	XP_008655449.1	367		367	玉米	<i>Zea mays</i>	o 42°C, 10min	o	o	o	NCBI	<i>Qin et al., 2007</i>
ZmDREB 2A	732788	3366	Genomic DNA	NP_001105876.2	319		319	玉米	<i>Zea mays</i>	o 42°C, 10min	o	o	o	NCBI	<i>Qin et al., 2007</i>
ZmDREB 2A	732788	3366	Genomic DNA	XP_020397925.1	248		248	玉米	<i>Zea mays</i>	o 42°C, 10min	o	o	o	NCBI	<i>Qin et al., 2007</i>
ZmDREB 2A	732788	3366	Genomic DNA	NP_001292874.1	248		248	玉米	<i>Zea mays</i>	o 42°C, 10min	o	o	o	NCBI	<i>Qin et al., 2007</i>



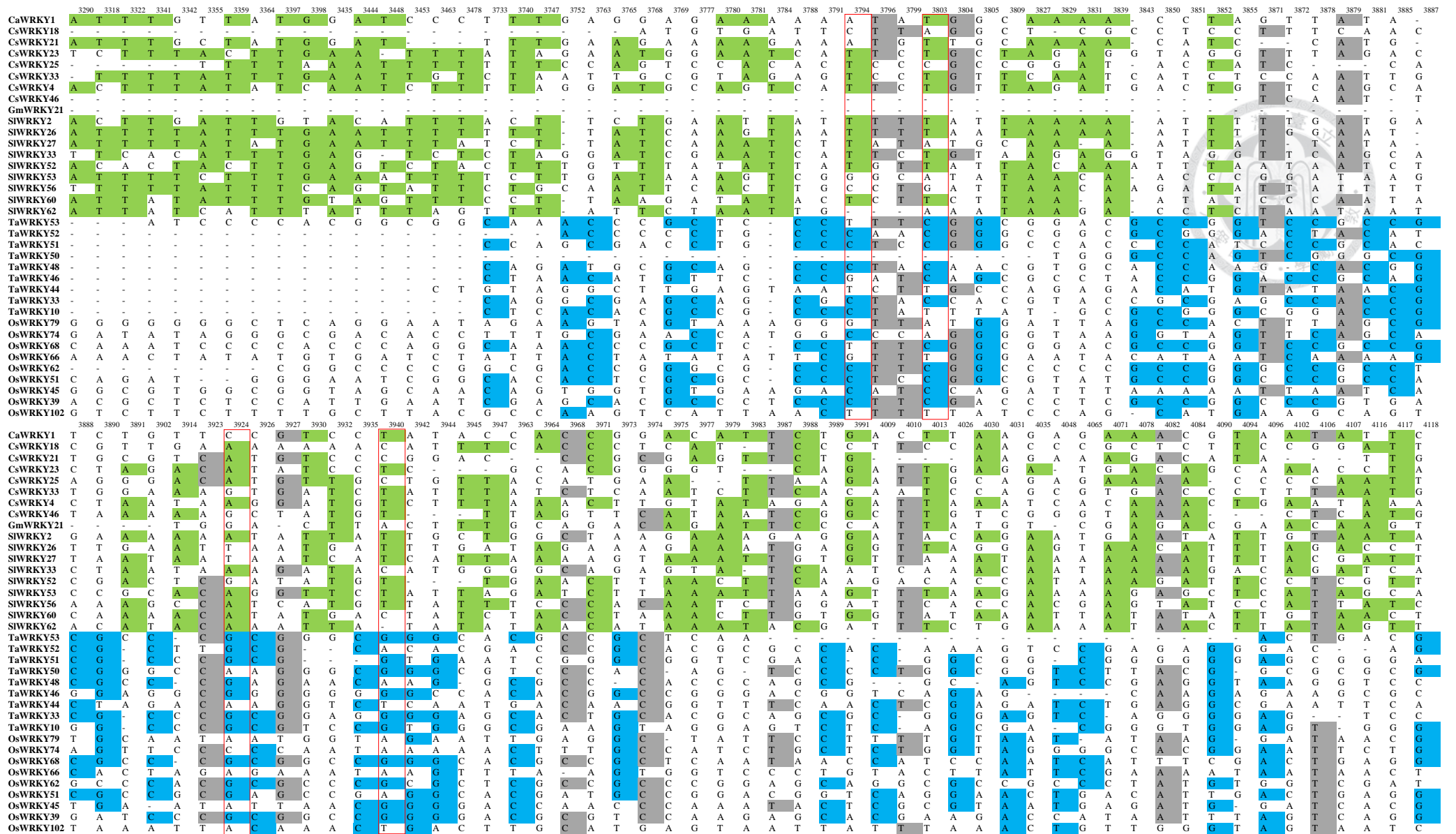
(續附表一)

基因名稱	基因 ID	序列 長度 (bp)	mol_ type	mRNA ID	序列 長度 (bp)	蛋白質 ID	胺基酸 長度 (AA)	作物	學名	熱	鹽	冷	乾	序列資料庫	參考文獻
COR															
AtCOR15A	818854	1890	Genomic DNA			NP_001323750.1	127	阿拉伯芥	<i>Arabidopsis thaliana</i>	x	x	o	o	NCBI	Seki et al., 2001
AtCOR15A	818854	1890	Genomic DNA			NP_001189733.1	104	阿拉伯芥	<i>Arabidopsis thaliana</i>	x	x	o	o	NCBI	Seki et al., 2001
BnCor15B	106388279	5641	Genomic DNA			XP_013683766.1	147	油菜	<i>Brassica napus</i>	-	-	o (2°C)	-	NCBI	Weretilnyk et al., 1993
BnCor15B	106388279	5641	Genomic DNA			XP_013683767.1	142	油菜	<i>Brassica napus</i>	-	-	o (2°C)	-	NCBI	Weretilnyk et al., 1993
CbCor15A	-	-	m RNA	JF718274. 1	686	AEO27885.1	139	薺菜	<i>Capsella bursa-pastoris</i>	-	-	o	-	NCBI	Zhou et al., 2012
CsCor15A	104785113	869	Genomic DNA			XP_010508558.1	139	亞麻薺	<i>Camelina sativa</i>	-	-	-	-	NCBI	Liang et al., 2013
Wcor15	AB095006.1	4549	Genomic DNA			BAC56935.1	147	小麥	<i>Triticum aestivum</i>	x	x	o (4°C)	x	NCBI	Talanova et al., 2009

註：o 表示逆境下有表現，x 為逆境下無表現，-為前人研究未測定之逆境。



附圖二、HSF 轉錄因子在單子葉植物及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片，紅色方框為單子葉及雙子葉植物具差異之高度相似性序列處。

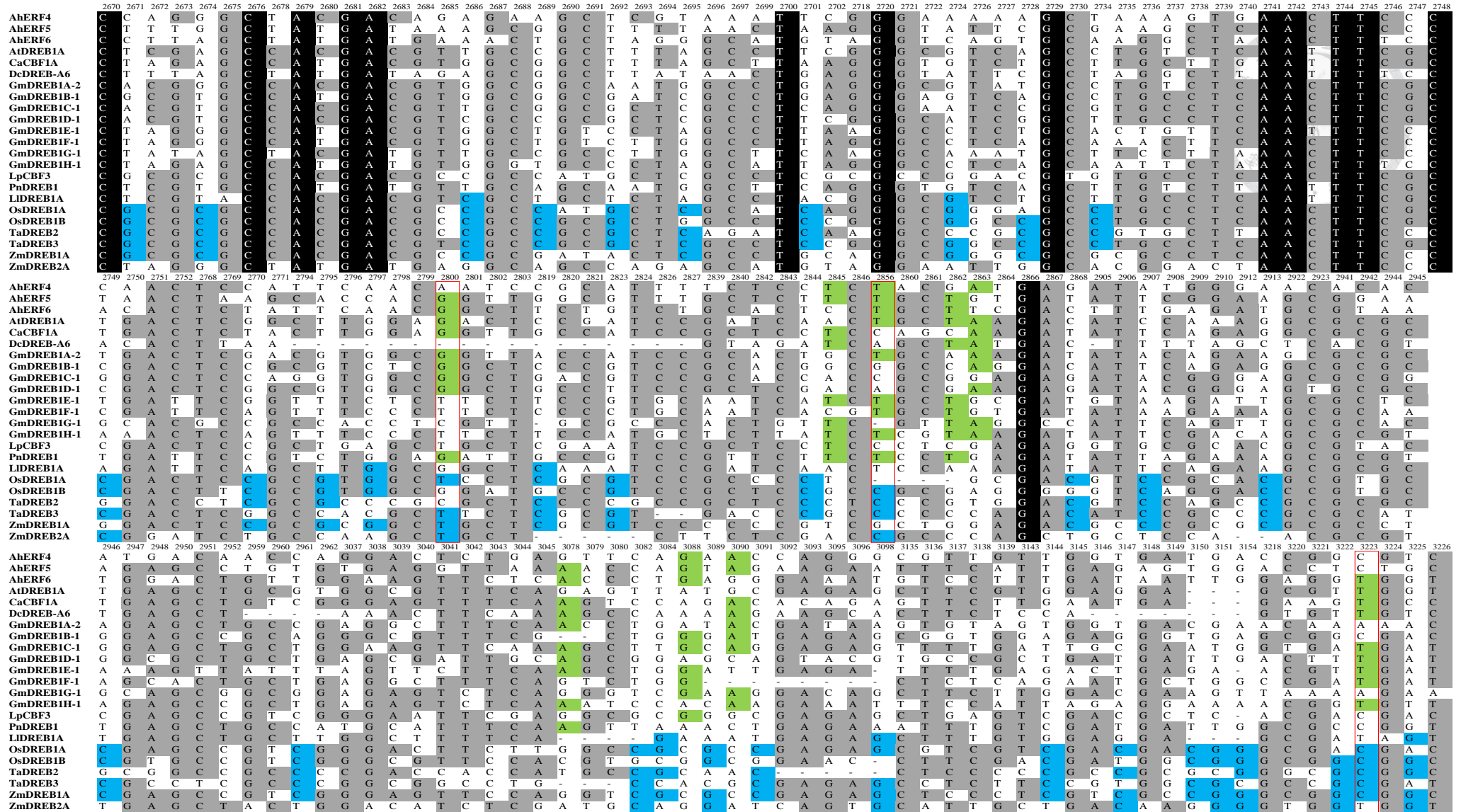


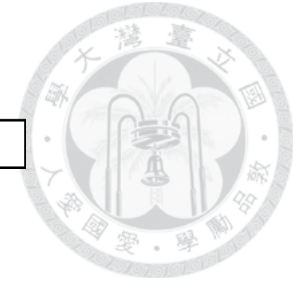
附圖三、WRKY 轉錄因子在單子葉植物及雙子葉植物中核苷酸高度相似性片段，紅色方框為單子葉及雙子葉植物具差異之高度相似性序列處。

(續附圖三)

	4339	4340	4341	4342	4346	4347	4350	4351	4352	4354	4355	4357	4358	4359	4363	4364	4368	4369	4371	4372	4373	4374	4375	4376	4378	4379	4380	4381	4382	4383	4384	4385	4389	4393	4394	4395	4396	4397	4398	4399	4400	4401	4403	4406	4409	4410	4411	4412	4413	4416	4417	4418	4420		
CaWRKY1	C	A	C	G	G	C	C	A	G	T	A	C	C	T	A	C	C	T	C	A	A	A	G	C	C	T	C	C	T	T	C	T	A	T	G	T	A	C	G	G	A	T	G	T	A	C	A	A	T	T	C	A			
CsWRKY18	T	G	T	A	G	T	G	A	A	G	G	T	G	C	G	C	C	C	A	A	A	A	C	A	G	T	G	G	A	G	A	G	A	G	C	T	C	C	G	A	C	C	C	G	G	T	T	C	A	T	A	C	A	C	T
CsWRKY21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
CsWRKY23	T	G	C	A	C	A	G	T	G	G	G	T	G	C	G	T	G	A	G	A	A	A	C	A	A	T	C	G	A	G	A	G	A	G	A	A	A	C	C	G	A	C	A	T	G	C	T	G	A	T	C	A	C	T	
CsWRKY25	C	G	T	A	C	G	A	T	G	G	G	T	G	C	G	T	G	A	G	A	A	A	C	A	G	T	G	G	A	G	A	G	A	G	A	A	A	C	C	C	C	A	C	A	T	G	C	T	G	A	T	C	T		
CsWRKY33	T	G	T	A	G	T	G	A	G	G	G	T	G	C	G	C	C	A	G	A	A	A	C	A	G	T	A	G	G	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
CsWRKY4	T	G	T	A	C	T	G	G	C	A	A	A	T	G	T	G	T	G	A	A	A	A	G	C	A	A	T	A	T	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
CsWRKY46	T	G	C	A	C	A	A	A	A	A	A	T	G	T	G	T	G	A	A	A	A	A	A	C	G	G	T	A	G	A	G	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
GmWRKY21	T	G	T	T	C	A	T	G	A	G	T	G	C	G	T	G	T	G	A	A	A	A	A	C	G	G	T	G	G	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
SIWRKY2	A	T	T	G	C	T	A	A	A	A	A	A	A	A	T	T	A	A	A	A	A	A	C	A	G	T	T	C	T	C	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	
SIWRKY26	G	A	T	G	C	T	A	A	A	A	A	A	A	A	T	T	A	A	A	A	A	A	C	A	G	T	T	G	A	T	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
SIWRKY27	A	G	T	A	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T		
SIWRKY33	A	G	C	A	C	T	G	C	A	C	G	G	T	G	T	G	T	G	A	A	A	A	C	C	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIWRKY52	-	T	A	G	A	A	G	C	A	G	A	C	T	C	-	-	T	A	A	A	A	A	T	C	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
SIWRKY53	G	T	C	A	C	T	T	T	C	A	G	A	T	C	A	C	T	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A		
SIWRKY56	-	A	A	G	T	T	T	C	A	G	A	C	T	C	-	-	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A		
SIWRKY60	A	T	G	-	A	G	C	G	T	A	C	G	T	A	C	T	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A			
SIWRKY62	C	A	C	G	C	T	T	T	C	-	T	C	A	A	T	G	T	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A			
TaWRKY53	A	C	G	A	G	G	C	G	A	C	A	C	C	A	C	C	G	C	C	A	C	C	G	C	G	T	C	G	C	A	G	C	C	A	C	C	C	C	A	C	C	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C		
TaWRKY52	A	C	G	A	G	G	C	G	T	C	A	A	C	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C			
TaWRKY51	A	C	G	A	G	G	C	A	C	C	A	A	C	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C			
TaWRKY50	A	C	C	A	G	G	G	A	C	A	C	A	A	G	T	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
TaWRKY48	A	C	G	A	G	G	C	G	A	C	A	C	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C			
TaWRKY46	A	C	G	A	G	G	C	G	C	A	G	G	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C			
TaWRKY44	A	T	G	A	G	G	A	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	G	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A		
TaWRKY33	A	C	G	A	G	G	C	G	A	C	A	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
TaWRKY10	A	C	G	A	G	G	C	G	T	C	A	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY79	A	C	T	A	G	G	C	G	A	C	A	A	C	T	G	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY74	A	C	C	A	G	G	C	G	A	C	A	A	G	T	G	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY68	A	C	C	A	G	G	C	G	A	C	A	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY66	A	C	A	C	T	C	G	A	G	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY62	A	C	A	A	G	A	C	C	G	A	C	A	T	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C					
OsWRKY51	A	C	G	A	G	G	C	G	A	C	A	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY45	A	C	A	T	G	G	C	G	A	C	A	A	C	T	G	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY39	A	C	A	C	G	G	C	G	A	C	A	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C				
OsWRKY102	T	T	G	T	C	T	T	A	T	G	A	T	T	T	T																																								

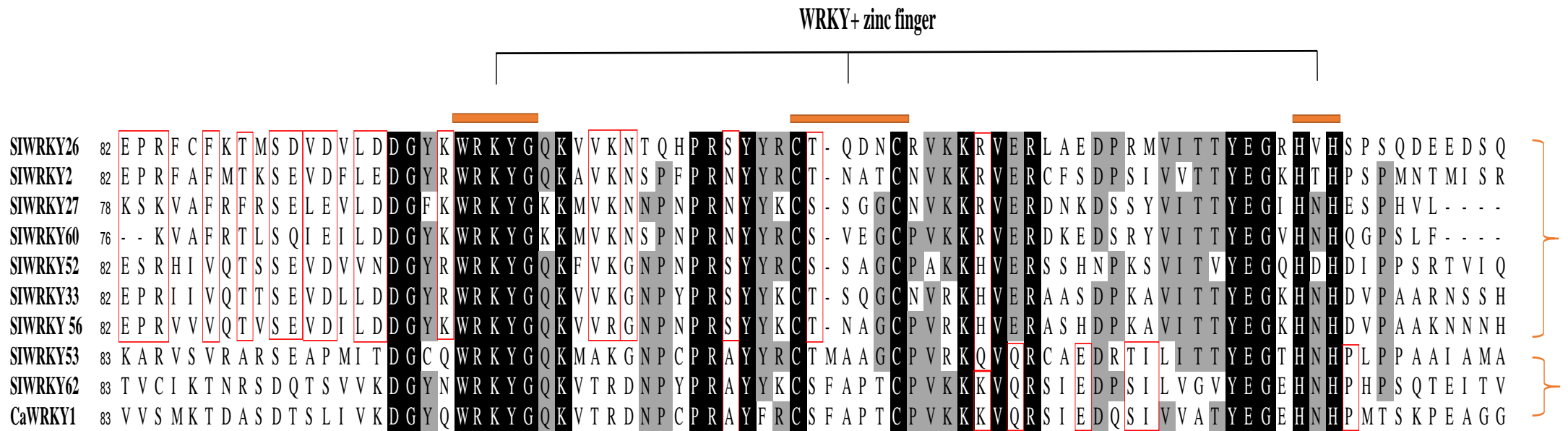
(續附圖四)





SIHsfA1a(HSF8)	94	P	P	P	F	L	V	K	T	Y	D	M	V	D	D	P	S	T	D	K	-	-	-	-	-	-	I	V	S	W	S	P	T	N	N	S	F	V	V	W	D	P	P	E	F	A	K	D	L	L	P	K	Y	F	K	H	N	N	F	S	S	F	V	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	V	D	P	D	R	W	E	F	A	N	
StHSF30(Class a2)	94	P	P	P	F	L	S	K	T	Y	E	M	V	E	D	S	S	T	D	E	-	-	-	-	-	-	-	V	I	S	W	S	T	T	R	N	S	F	I	V	W	D	S	H	K	F	S	T	T	L	L	P	R	F	F	K	H	S	N	F	S	S	F	I	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	V	D	P	D	R	W	E	F	A	N
SIHSF30	94	P	P	P	F	L	S	K	T	Y	E	M	V	E	D	S	S	T	D	Q	-	-	-	-	-	-	-	V	I	S	W	S	T	T	R	N	S	F	I	V	W	D	S	H	K	F	S	T	T	L	L	P	R	F	F	K	H	S	N	F	S	S	F	I	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	V	D	P	D	R	W	E	F	A	N
StHSFA3	94	I	P	P	F	L	S	K	T	F	D	L	V	E	D	P	L	L	D	S	-	-	-	-	-	-	-	I	I	S	W	G	R	N	G	D	S	F	V	V	W	D	P	V	E	F	S	R	L	V	L	P	R	N	F	K	H	S	N	F	S	S	F	V	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	I	D	A	D	R	W	E	F	A	N
SIHSFA3	94	I	P	P	F	L	S	K	T	F	D	L	V	E	D	P	L	L	D	T	-	-	-	-	-	-	-	I	I	S	W	G	R	N	G	E	S	F	V	V	W	D	P	V	E	F	S	R	L	V	L	P	R	N	F	K	H	S	N	F	S	S	F	V	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	I	D	A	D	R	W	E	F	A	N
SIHsfB4	94	P	A	P	F	L	T	K	T	Y	Q	L	V	D	D	P	S	T	D	H	-	-	-	-	-	-	-	I	V	S	W	G	E	D	D	S	T	F	V	V	W	R	P	P	E	F	A	R	D	L	L	P	N	Y	F	K	H	N	N	F	S	S	F	V	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	I	V	P	D	R	W	E	F	A	N
SIHsfA6B	94	P	P	P	F	L	T	K	T	Y	E	F	V	D	D	Q	N	T	N	N	-	-	-	-	-	-	-	V	V	S	W	S	I	G	N	N	S	F	I	V	W	D	P	Q	T	F	A	M	N	L	L	P	R	Y	F	K	H	S	N	F	S	S	F	V	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	V	N	P	D	H	W	E	F	A	H
StHSFA5	94	P	A	P	F	L	L	K	T	Y	E	M	V	D	D	S	Q	T	D	D	-	-	-	-	-	-	-	I	V	S	W	T	P	T	G	H	S	F	V	V	W	N	P	P	E	F	A	R	I	L	L	P	T	Y	F	K	H	N	N	F	S	S	F	I	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	I	D	P	E	R	W	E	F	A	N
SIHsfA4A	94	L	P	P	F	I	A	K	I	Y	E	M	V	D	D	P	S	T	D	P	-	-	-	-	-	-	-	I	V	S	W	S	L	N	N	K	S	F	I	V	R	N	P	P	D	F	A	R	D	L	L	P	R	Y	F	K	H	N	N	F	S	S	F	I	R	Q	L	N	T	Y	G	F	K	K	I	D	P	E	Q	W	E	F	A	N
SIHSF24	94	P	A	P	F	L	L	K	T	Y	Q	L	V	D	D	A	T	D	D	-	-	-	-	-	-	-	-	V	I	S	W	N	E	I	G	T	T	F	V	V	W	K	T	A	E	F	A	K	D	L	L	P	K	Y	F	K	H	N	N	F	S	S	F	V	R	Q	L	N	T	Y	G	F	R	K	I	V	P	D	K	W	E	F	A	N
SIHsfB-2a-like	95	P	A	P	F	L	S	K	T	Y	D	L	L	E	E	Q	E	E	N	S	N	R	N	I	K	V	V	S	W	N	G	E	G	N	G	F	V	V	W	C	P	D	E	F	S	E	V	M	L	P	K	Y	F	K	H	N	N	F	S	S	F	I	R	Q	L	N	T	Y	G	F	K	K	V	A	S	K	R	W	E	F	H			

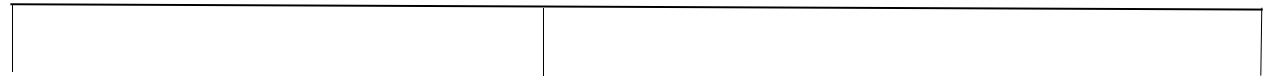
附圖五、HSF 轉錄因子之 DNA-binding domain (DBD)在茄科作物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為茄科作物高度相似性序列，黑色填色為茄科作物保守序列。



附圖七、WRKY 轉錄因子之 DNA-binding domain (DBD) 在茄科作物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色為茄科作物高度相似性序列，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處，黑色填色為茄科作物保守序列。



WRKY+ zinc finger



CsWRKY46	79	K	K	E	R	E	A	G	V	A	F	M	T	K	S	E	V	D	H	L	E	D	G	Y	R	W	R	K	Y	G	Q	K	A	V	K	N	S	A	Y	P	R	S	Y	Y	R	C	T	-	T	Q	K	C	G	V	K	K	R	V	E	R	S	Y	E	D	P	S	I	V	I	T	T	Y	E	G	Q	H	N	H	L	I	P
SIWRKY2	79	K	K	Q	K	E	P	R	F	A	F	M	T	K	S	E	V	D	F	L	E	D	G	Y	R	W	R	K	Y	G	Q	K	A	V	K	N	S	P	F	P	R	N	Y	Y	R	C	T	-	N	A	T	C	N	V	K	K	R	V	E	R	C	F	S	D	P	S	I	V	V	T	T	Y	E	G	K	H	T	H	P	S	P
SIWRKY26	79	R	K	V	R	E	P	R	F	C	F	K	T	M	S	D	V	D	V	L	D	D	G	Y	K	W	R	K	Y	G	Q	K	V	V	K	N	T	Q	H	P	R	S	Y	Y	R	C	T	-	Q	D	N	C	R	V	K	K	R	V	E	R	L	A	E	D	P	R	M	V	I	T	T	Y	E	G	R	H	V	H	S	P	S
SIWRKY60	79	R	R	E	V	K	D	K	V	A	F	R	T	L	S	Q	I	E	I	L	D	D	G	Y	K	W	R	K	Y	G	K	K	M	V	K	N	S	P	N	P	R	N	Y	Y	R	C	S	-	V	E	G	C	P	V	K	K	R	V	E	R	D	K	E	D	S	R	Y	V	I	T	T	Y	E	G	V	H	N	H	Q	G	P
SIWRKY27	79	K	V	D	A	K	S	K	V	A	F	R	F	R	S	E	L	E	V	L	D	D	G	F	K	W	R	K	Y	G	K	K	M	V	K	N	N	P	N	P	R	N	Y	Y	K	C	S	-	S	G	G	C	N	V	K	K	R	V	E	R	D	N	K	D	S	S	Y	V	I	T	T	Y	E	G	I	H	N	H	E	S	P
GmWRKY21	79	K	E	E	V	S	Q	M	I	T	F	R	T	R	S	Q	L	E	V	M	D	D	V	Y	K	W	R	K	Y	G	K	K	T	V	K	N	N	P	N	P	R	N	Y	Y	K	C	S	-	G	E	G	C	N	V	K	K	R	V	E	R	D	R	D	S	S	N	Y	V	L	T	T	Y	D	G	V	H	N	H	E	S	P
CsWRKY4	79	K	P	G	K	K	P	K	F	V	V	H	A	A	G	D	V	G	I	S	G	D	G	Y	R	W	R	K	Y	G	Q	K	M	V	K	G	N	P	H	P	R	N	Y	Y	R	C	T	-	S	A	G	C	P	V	R	K	H	I	E	S	A	V	E	N	P	N	A	V	I	I	T	Y	K	G	V	H	D	H	D	T	P
SIWRKY52	79	K	S	P	S	E	S	R	H	I	V	Q	T	S	S	E	V	D	V	N	D	D	G	Y	R	W	R	K	Y	G	Q	K	F	V	K	G	N	P	N	P	R	S	Y	Y	R	C	S	-	S	A	G	C	P	A	K	K	H	V	E	R	S	S	H	N	P	K	S	V	I	T	V	Y	E	G	Q	H	D	H	D	I	P
SIWRKY56	79	K	P	I	R	E	P	R	V	V	V	Q	T	V	S	E	V	D	I	L	D	D	G	Y	K	W	R	K	Y	G	Q	K	V	V	R	G	N	P	N	P	R	S	Y	Y	K	C	T	-	N	A	G	C	P	V	R	K	H	V	E	R	A	S	H	D	P	K	A	V	I	T	T	Y	E	G	K	H	N	H	D	V	P
CsWRKY23	79	R	T	V	K	E	P	R	I	V	V	Q	T	T	S	E	I	D	I	L	P	D	G	Y	R	W	R	K	Y	G	Q	K	V	V	K	G	N	P	N	P	R	S	Y	Y	K	C	T	-	S	L	G	C	P	V	R	K	H	I	E	R	A	A	N	D	M	R	A	V	I	T	T	Y	E	G	K	H	N	H	E	V	P
CsWRKY33	80	R	I	K	R	V	I	R	V	P	A	V	S	S	K	L	A	D	I	P	P	D	D	Y	S	W	R	K	Y	G	Q	K	P	I	K	G	S	P	H	P	R	G	Y	Y	K	C	S	S	L	R	G	C	P	A	R	K	H	V	E	R	A	L	D	D	P	T	M	L	I	V	T	Y	E	N	D	H	N	H	A	H	S
SIWRKY53	80	A	T	M	R	K	A	R	V	S	V	R	A	R	S	E	A	P	M	I	T	D	G	C	Q	W	R	K	Y	G	Q	K	M	A	K	G	N	P	C	P	R	A	Y	Y	R	C	T	M	A	A	G	C	P	V	R	K	Q	V	Q	R	C	A	E	D	R	T	I	L	I	T	T	Y	E	G	T	H	N	H	P	L	P
SIWRKY62	80	T	N	V	S	T	V	C	I	K	T	N	R	S	D	Q	T	S	V	V	K	D	G	Y	N	W	R	K	Y	G	Q	K	V	T	R	D	N	P	Y	P	R	A	Y	Y	K	C	S	F	A	P	T	C	P	V	K	K	V	Q	R	S	I	E	D	P	S	I	L	V	G	V	Y	E	G	E	H	N	H	P	H	P	
CaWRKY1	80	A	K	V	T	V	V	S	M	K	T	D	A	S	D	T	S	L	I	V	K	D	G	Y	Q	W	R	K	Y	G	Q	K	V	T	R	D	N	P	C	P	R	A	Y	F	R	C	S	F	A	P	T	C	P	V	K	K	V	Q	R	S	I	E	D	Q	S	I	V	V	A	T	Y	E	G	E	H	N	H	P	H	P	
CsWRKY21	80	A	K	I	T	R	V	Q	V	K	I	G	A	S	D	S	N	L	V	V	K	D	G	Y	Q	W	R	K	Y	G	Q	K	V	T	R	D	N	P	C	P	R	A	Y	F	K	C	S	F	A	P	S	C	P	V	K	K	V	Q	R	S	V	E	D	Q	S	V	L	V	A	T	Y	E	G	E	H	N	H	P	H	P	
CsWRKY18	80	R	R	K	N	Q	L	K	K	V	C	Q	V	P	A	E	-	S	L	S	S	D	I	W	A	W	R	K	Y	G	Q	K	P	I	K	G	S	P	Y	P	R	G	Y	Y	R	C	S	S	S	K	G	C	M	A	R	K	Q	V	E	R	N	R	S	D	P	G	M	F	I	V	T	Y	T	A	E	H	N	H	P	A	P
SIWRKY33	79	R	T	V	A	E	P	R	I	I	V	Q	T	T	S	E	V	D	L	L	D	D	G	Y	R	W	R	K	Y	G	Q	K	V	V	K	G	N	P	Y	P	R	S	Y	Y	K	C	T	-	S	Q	G	C	N	V	R	K	H	V	E	R	A	A	S	D	P	K	A	V	I	T	T	Y	E	G	K	H	N	H	D	V	P
CsWRKY25	80	R	M	K	K	T	I	R	V	P	A	I	S	S	K	I	A	D	I	P	P	D	E	Y	S	W	R	K	Y	G	Q	K	P	I	K	G	S	P	Y	P	R	G	Y	Y	K	C	S	T	M	R	G	C	P	A	R	K	H	V	E	R	D	P	N	D	P	A	M	L	I	V	T	Y	E	G	E	H	R	H	T	Q	S

附圖八、WRKY 轉錄因子之 DNA-binding domain (DBD) 在雙子葉植物中胺基酸高度相似性序列，灰色填色雙子葉植物高度相似性片段，紅色方框為第一大群或第二大群特有之高度相似性序列處，黑色填色雙子葉作物保守序列