

文献ID	生物種	種名	用いた技術	ターゲット遺伝子	誌名	タイトル	年	ページ	要旨	所属
57	植物	トマト、タバコ、タルウマゴヤシ、コムギ、大麦	TALEN, CRISPR/Cas9	?	Plant Cell	A multipurpose toolkit to enable advanced genome engineering in plants	2017	29(6), 1196-1217.	単子葉と双子葉植物においてターゲティングによる特異的なゲノムの修飾を可能にする包括的なツールキットを報告する。これはTALENとCRISPR/Cas9システムを基本とする。ベクターは単独または複数の遺伝子のノックアウトと染色体の大きな欠失を作るために最適化した。ウェブを基本としたツールはベクターの選択と構築の効率を向上させる。本ツールキットはトマト、タバコ、タルウマゴヤシ、コムギ、大麦において有効性を確認した。	[Cermak T et al.] Univ. of Minnesota Minneapolis 米国
58	植物	イネ	CRISPR/Cpf1	?	Sci. Rep.	Precise insertion and guided editing of higher plant genomes using Cpf1 CRISPR nucleases	2017	7(1), 11606.	Francisella novocidaとLachnospiraceae bacterium ND2006から得られたCpf1についてHDRによるターゲティングした遺伝子挿入を誘導する能力を調べた。両方のCpf1はイネのゲノムにおいてgRNAと修復用のDNA鋳型の存在下で正確な遺伝子挿入を起こし、標的部位においてindel変異も誘導する。これらのCpf1は他のゲノム編集用のヌクレアーゼよりもターゲティングによる遺伝子の挿入の効率が高く、8%だった。これらのCpf1の活性の高さを示す。	[Mockler T et al.] Benson Hill Biosystems St. Louis 米国
59	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	Bio-Protocol	Generation of targeted knockout mutants in Arabidopsis thaliana using CRISPR/Cas9	2017	7(13), e2384/1-e2384/20.	シロイヌナズナにおいて2個までの標的部位に変異を誘導するためのCas9に依存した植物ベクターシステムを開発した。このプロトコールはCas9とsgRNAの遺伝子を含む1つのT-DNAベクターのための単純な1週間でできるクローニングを記載する。また、植物における誘導された変異の検出も含む。この手順は他の形質転換ができる植物種へ適用できると思われる。	[Hahn F et al.] Heinrich Heine Univ. Duesseldorf ドイツ
60	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	Bio-Protocol	Multiplexed guideRNA-expression to efficiently mutagenize multiple loci in Arabidopsis by CRISPR-Cas9	2017	7(5), 1-14	シロイヌナズナにおいて効率良くマルチプレックスでゲノム編集を行うために、シロイヌナズナユビキチン10 (UBQ10) プロモーターに制御されるコドン最適化したSpCas9とシロイヌナズナU6プロモーターに制御されるgRNAの発現カセットを含むバイナリーベクターを設計した。古典的なクローニングの手順に基づいて低コストでこのベクターを作る手順を記載した。	[Schumacher J et al.] Univ. of Potsdam Potsdam ドイツ
61	植物	タバコ、キャベツ、様々な他の植物	CRISPR/Cas9	?	Faming Zhuanni Shengqing	Multi-target sequence sgRNA expression vector based on endogenous tRNA processing system and application in plant gene editing	2017	CN 107475256 A 20171215.	本発明はtRNA-sgRNA発現配列を提供する。tRNA、II型制限酵素部位とsgRNAを順につなげて単位配列を作り、4つの単位配列が並ぶ。tRNA-sgRNA発現配列は複数の標的配列を徐々にtRNA-sgRNA発現ベクターの中に集合させて、タバコ、キャベツ、様々な他の植物の複数の部位の遺伝子編集を実現する。	[Song H et al.] Southwest Univ. 中国
62	植物	イネ	CRISPR/Cas9	ZYGO1	Faming Zhuanni Shengqing	Application of rice ZYGO1 protein and encoding gene in regulating pollen fertility	2017	CN 107459564 A 20171212.	本発明はイネZYGO1タンパク質を応用して雄性的な性を調節することに関連する。本発明はZYGO1遺伝子の配列を提供する。本発明はCRISPR/Cas9システムを利用して変異を誘導してZYGO1遺伝子の発現を阻害することによって雄性的な不稔性の植物を育種する方法に関連する。ZYGO1遺伝子はイネの育種に重要であり、ヘテロ接合性の有利な方法を使ってコメの質と収量を改善するための有用な供給源を提供できる。	[Cheng Z et al.] Chinese Academy of Sciences 中国
63	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	アントシアニン色素1 (PAP1)、液胞H ⁺ -ピロソファクターゼ (AVP1)	PLoS One	RNA-guided transcriptional activation via CRISPR/dCas9 mimics overexpression phenotypes in Arabidopsis	2017	12(6), e0179410/1-e0179410/13.	NF-κBのp65トランス活性化サブユニットとヒートショック因子 (HSF) 1活性化ドメインを、VP64 (VP16のテトラマー) 活性化ドメインに結合させたdCas9へ加えることによってCRISPR/Cas9活性化システムを再設計した。これをシロイヌナズナで利用して、内在性のアントシアニン色素1 (PAP1) と液胞H ⁺ -ピロソファクターゼ (AVP1) の転写レベルが上昇するかを試した。PAP1の発現は2-3倍に上昇して、PAP1を過剰発現させた植物と同じく紫色の葉ができた。AVP1を活性化させた植物は葉の数が増えて1つの葉が大きくなり干ばつストレスに対する耐性が上昇した。AVP1を活性化させた植物はAVP1を過剰発現させた植物の表現型に似ている。	[Park JJ et al.] The Samuel Roberts Noble Foundation Ardmore 米国
64	植物	タバコ	CRISPR/Cas9	オーキシン輸送体PIN4	Faming Zhuanni Shengqing	cloning of tobacco auxin translocator gene PIN4 and construction of PIN4 knock-out strain	2017	CN 107177603 A 20170919.	本発明はタバコのオーキシン輸送体PIN4遺伝子のクローニングとCRISPR/Cas9システムを利用してPIN4遺伝子をノックアウトした系統の作成に関連する。タバコPIN4のアミノ酸配列とヌクレオチド配列を示す。本発明はCRISPR/Cas9システムのための組換えベクターを応用してPIN4遺伝子の発現を低下させるまたは失わせる方法を提供する。また、本発明はCRISPR/Cas9システムのための組換えベクターをアグロバクテリウムツメファシエンスによって導入することを含むトランスジェニック植物を培養するための方法を提供する。	[Xie X et al.] Zhengzhou Tobacco Research Institute of CNTC 中国
65	植物	トマト	CRISPR/Cas9	SIMAPK3	J. Agr. Food Chem.	Reduced Drought Tolerance by CRISPR/Cas9-Mediated SIMAPK3 Mutagenesis in Tomato Plants	2017	65(39), 8674-8682.	MAPキナーゼは干ばつストレスに反応する重要なシグナル分子である。本研究ではSIMAPK3は干ばつストレスによって誘導されて、CRISPR/Cas9システムによってその遺伝子の変異体を作った。野生型と比較して、干ばつストレス下においてはslmapk3変異体はより重症なしおれる症状、より高い過酸化水素含量、より低い抗酸化酵素活性を示し、より大きな膜の障害を受けた。SIMAPK3遺伝子をノックアウトすると、SILOX、SIGT、SIDREBを含む干ばつストレスに反応する遺伝子の発現は上昇するか抑制された。SIMAPK3は、酸化的障害から細胞膜を守り、かつストレス関連遺伝子の転写を調節することによってトマトにおける干ばつに対する反応に含まれることをこれらの結果は示唆する。	[Wang L et al.] China Agricultural Univ. Beijing 中国

66	植物	イネ	CRISPR/nCas9	イネフィトエン不飽和化酵素(OsPDS)、OsSBEIIb	Faming Zhuanyi Shengqing	Application of CRISPR/nCas9-mediated site-directed base substitution in plant	2017	CN 107043779 A 20170815	本発明はCRISPR/nCas9による植物における部位特異的な塩基置換の応用に関連する。本発明は、nCas9 (D10A)、デアミナーゼとウラシル-DNAグリコシラーゼを阻害するタンパク質から構成される融合タンパク質を発見するBE3植物発現ベクターを含む。このシステムはイネフィトエン不飽和化酵素(OsPDS)とOsSBEIIbを標的として有効性を確認する。イネにおいて正確な点突然変異が約20%までの効率で得られた。本発明は穀物の育種において効率的な塩基置換の方法を提供する。	[Xia L et al.] Chinese Academy of Agricultural Sciences 中国
67	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OsHAK1	Plant J.	Production of low-Cs+ rice plants by inactivation of the K+ transporter OsHAK1 with the CRISPR-Cas system	2017	92(1), 43-56.	原子力発電所の事故の後で食品中の放射性セシウムが存在が健康上の大きな問題になっている。2011年の福島における原発事故の後で、低濃度のセシウムイオンを取り込む植物の能力が日本の米の生産に大きく影響している。本研究では、CRISPR-Casシステムを利用してセシウムイオンを透過させるカリウムイオントランスポーターOsHAK1を不活性化させてイネにおけるセシウムイオンの取り込みを大きく減らしたことを示す。イネの根とOsHAK1を発見させた形質転換酵母におけるセシウムイオンの取り込みはよく似た速度論的なパラメーターを示した。OsHAK1はセシウムイオンとカリウムイオンをあまり区別しない。OsHAK1は外部のとても低い濃度のセシウムイオンを輸送する強い能力があり、能動的メカニズムが含まれると思われる。放射性セシウムイオンで高度に汚染された福島の土壌を使った実験では、OsHAK1機能を欠損した植物は根と新芽において放射性セシウムイオンの濃度が大きく低下した。今回の結果は原発事故で汚染された地域で安全な食品を生産する方法につながるかもしれない。	[Nieves-Cordones M et al.] Univ. Montpellier フランス
68	植物	イネ	CRISPR/Cas9	?	Mol. Plant	Genome-wide Targeted Mutagenesis in Rice Using the CRISPR/Cas9 System	2017	10(9), 1242-1245.	本研究ではsgRNAライブラリーを使ってコメにおいて遺伝子のゲノム規模での変異導入を集める方法を開発した。標的を狙った、機能を失った全部で91004個の変異体を得られた。これらはイネの研究と育種のための有用な資源を供給する。次世代シーケンシング(NGS)の結果によると、これらの同定された5541個の植物において全部で2326個の遺伝子座が網羅された。この方法は研究と育種を促進するために他の植物にも応用できる。	[Lu Y et al.] Biogle Genome Editing Center Jiangsu Province 中国
69	植物	?	CRISPR/Cas9	?	Faming Zhuanyi Shengqing	Method for improving RNA virus resistance of plant	2017	CN 106939317 A 20170711	CRISPR/Cas9システムを利用してRNAウイルスであるCMVに耐性な植物を作成した。	[Zhang T et al.] South China Agricultural Univ. 中国
70	植物	イネ	CRISPR/Cpf1	?	bioRxiv, Plant Biology	Precise insertion and guided editing of higher plant genomes using Cpf1 CRISPR nucleases	2017	1-16.	Francisella novocidaとLachnospiraceae bacterium ND2006から得られたCpf1についてHDRによるターゲットングした遺伝子挿入を誘導する能力を調べた。両方のCpf1はイネのゲノムにおいてgRNAと修復用のDNA鋳型の存在下で正確な遺伝子挿入を起こし、標的部位においてindel変異も誘導する。これらのCpf1は他のゲノム編集用のヌクレアーゼよりもターゲットングによる遺伝子の挿入の効率が高く、8%だった。これらのCpf1の活性の高さを示す。	[Begemann M B et al.] Benson Hill Biosystems St. Louis 米国
71	植物	?	CRISPR/Cas9	?	Faming Zhuanyi Shengqing	Construction and application of vector for site-directed mutation of gene	2017	CN 106834341 A 20170613	本発明は部位特異的な突然変異を起こすためのベクターに関連する。ベクターは5'から3'方向へ向かってプロモーター、sgRNA、シトシンデアミナーゼ遺伝子、Cas9遺伝子、ウラシルDNAグリコシラーゼ阻害剤遺伝子とターミネーターを含む。このベクターを使ってシトシンをウラシルに変えて、植物細胞の自発的な修復によってそのウラシルはさらにチミンに変わる。これによって除草剤耐性になる。また、標的部位以外で点突然変異を作れる。	[Jiang L et al.] China Agricultural Univ. 中国
72	植物	トマト	CRISPR/Cas9	フィトエンシターゼ(PSY1)	Nat. Commun.	Targeted recombination between homologous chromosomes for precise breeding in tomato	2017	8, 15605.	親の染色体の間の相同組換え(HR)は確率的に起こる。トマトのフィトエンシターゼ(PSY1)遺伝子に変異を導入すると黄色の果実ができて、HRによるDNA二本鎖切断の修復によって野生型の赤い部分が形成される。CRISPRに対して免疫のあるpsy1対立遺伝子と感受性のあるそれを含むヘテロ接合性の植物では破壊されていない対立遺伝子の配列を鋳型に利用して破壊された対立遺伝子の修復がしばしば起こる。また、食用のpsy1トマトの変異体と野生型Solanum pimpinellifoliumの雑種において体細胞で誘導したDNA二本鎖切断はS. pimpinellifoliumの対立遺伝子においてのみ起こる証拠を得た。	[Filler H et al.] Weizmann Inst. of Science Rehovot イスラエル
73	植物	イネ	CRISPR/Cas9	CENH3	Faming Zhuanyi Shengqing	Method for site-directed mutation of rice CENH3 gene by using CRISPR-CAS9 technology	2017	CN 106755077 A 20170531	本発明はCRISPR/Cas9技術によってイネのCENH3遺伝子に部位特異的な変異を導入する方法を提供する。CENH3によって媒介される染色体除去の機構をイネの倍加半数体の育種へ応用することが期待される。	[Shen Q et al.] Huazhi Rice Bio-Tech Co., Ltd. 中国
74	植物	イネ	CRISPR/Cas9	ジェニック雄性不稔遺伝子	Faming Zhuanyi Shengqing	A method for cultivating paddy rice common genic male sterile line	2017	CN 106701818 A 20170524	本発明はイネのジェニック雄性不稔遺伝子をCRISPR/Cas9によって修飾して、イネの雄性不稔系統を培養する方法を記す。	[Yuan D et al.] Hunan Hybrid Rice Research Center 中国

75	植物	イネ	CRISPR/Cpf1	OsPDS、OsBEL	Plant Biotechnol. J.	Generation of targeted mutant rice using a CRISPR-Cpf1 system	2017	15(6), 713-717.	CRISPR/Cpf1システムがイネの変異体を作成できるかを調べるために、2つの標的としてOsPDSとOsBEL遺伝子を選んだ。2つの標的において効率良く変異が導入された。また、これらの変異は遺伝した。	[Xu R et al.] Anhui Academy of Agricultural Sciences Hefei 中国
76	植物	イネ	CRISPR/Cas9、CRISPR/Cpf1	Epidermal Patterning Factor like-9 (EPFL9)のイネにおけるオルソログ	Plant Cell Rep.	CRISPR-Cas9 and CRISPR-Cpf1 mediated targeting of a stomatal developmental gene EPFL9 in rice	2017	36(5), 745-757.	シロイヌナズナにおいて気孔の発達を正に制御しているEpidermal Patterning Factor like-9 (EPFL9)のオルソログをイネにおいてCRISPR/Cas9とCRISPR-Cpf1技術を使ってノックアウトした。生殖細胞系列の変異は、Cas9を含まないホモ接合性の変異体が得られたときにT2世代まで遺伝した。ホモ接合性の変異体は背軸の表面にある気孔の直径が8倍以上小さくなった。オフターゲットはあまりなかった。CRISPR-LbCpf1 (Lachnospiraceae/バクテリアCpf1)も使って同じOsEPFL9遺伝子を編集した。Cpf1でも遺伝子編集ができて、CRISPR-Cas9で得られた同じ表現型が次世代へ遺伝した。	[Yin X et al.] International Rice Research Inst. Metro Manila フィリピン
77	植物	タバコ	CRISPR/Cas9	NtPIN4	Physiol. Plantarum	Analysis of Nicotiana tabacum PIN genes identifies NtPIN4 as a key regulator of axillary bud growth	2017	160(2), 222-239.	植物に特異的なPIN-FORMED (PIN) オーキシン流出タンパク質は多くの植物種においてよく調べられており、植物の発生の様々な点でオーキシンの輸送の制御に重要である。しかし、タバコの種での植物の発生の間のPINの役割についてはあまり知られていない。本研究では、タバコと2つの祖先の種においてPIN遺伝子を調べた。タバコのゲノムの解析からPINファミリーの20個の遺伝子が同定された。NtPIN4の発現はオーキシンによって正に制御されていることが示唆された。CRISPR-Cas9技術を使ってNtPIN4についての変異体を作ると、T0とT1植物で腋生の芽の生長が大きくなる表現型を示した。したがって、NtPIN4はオーキシンに依存した枝分かれの過程を研究する機会を提供する。	[Xie X et al.] Zhengzhou Tobacco Research Inst. of CNTC Zhengzhou 中国
78	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	TTG1	Plant Cell Rep.	Generation of stable nulliplex autopolyploid lines of Arabidopsis thaliana using CRISPR/Cas9 genome editing	2017	36(6), 1005-1008.	倍数性は植物の適応を可能にする進化のメカニズムであるが、すべての遺伝子コピーをノックアウトした変異を作ることに関連した難しさのために、倍数性の植物における遺伝子機能の解析は限定されていた。本研究は、シロイヌナズナにおいて零式型の4倍体の変異体の系統を作れるかを調べた。さらに、4倍体と2倍体のバックグラウンドにおいてターゲティングによる変異誘導の相対的な効率を比較した。TTG1遺伝子のノックアウト対立遺伝子を作るためにCRISPR/Cas9システムを使って、ホモ接合性の零式型変異体が4倍体のシロイヌナズナにおいて直接作れることを証明した。	[Ryder P et al.] National Univ. of Ireland Galway アイルランド
79	植物	タバコ	CRISPR/Cas9	NtNAC096	Faming Zhuanli Shengqing	Application of tobacco NAC096 gene for controlling tobacco aging	2017	CN 106480067 A 20170308	タバコのNAC096遺伝子をクローニングして、その配列や機能を調べる。CRISPR/Cas9技術を使ってNAC096をノックアウトする。本発明はタバコの老化を制御する方法を提供する。	[Guo Y et al.] Tobacco Research Inst. of Chinese Academy of Agricultural Sciences 中国
80	植物	ダイズ、タバコ	CRISPR/Cpf1	FAD2パラログ、AOC	Nat. Commun.	CRISPR/Cpf1-mediated DNA-free plant genome editing	2017	8, 14406.	Cpf1タンパク質とインビトロ転写したまたは化学合成したcrRNAのダイズまたは野生のタバコから単離したプロトプラストへの送達を記載する。ターゲティングによるディープシーケンシング解析から、ダイズのFAD2パラログと野生型タバコのAOCに変異が誘導されたことが示された。SpCas9とは異なって、Cpf1は標的部位で主に多様なヌクレオチドの欠失を誘導した。ダイズのゲノムにおいて潜在的なオフターゲット部位において多くの変異は検出されなかった。	[Kim H et al.] Inst. for Basic Science Daejeon 韓国
81	植物	イネ、シロイヌナズナ	CRISPR/Cpf1	4つの独立した部位	Nat. Plants	A CRISPR-Cpf1 system for efficient genome editing and transcriptional repression in plants	2017	3, 17018.	二重RNAポリメラーゼIIプロモーター発現システムを使って、Acidaminococcus sp. BV3L6 (As)とLachnospiraceae bacterium ND2006 (Lb)に由来するCpf1の活性を植物で比較する。Lb Cpf1はイネT0トランスジェニック植物において4つの独立した部位においてほぼ100%の効率で2対立遺伝子の変異を作った。シロイヌナズナにおいてAs Cpf1とLb Cpf1を転写の抑制のために使って、miR159bの転写を10倍以上減少させた。	[Tang X et al.] Univ. of Electronic Science and Technology of China Chengdu 中国

82	植物	シロイヌナズナ	SpCas9、 SaCas9	?	Sci. Rep.	MISSA 2.0: an updated synthetic biology toolbox for assembly of orthogonal CRISPR/Cas systems	2017	7, 41993.	2種類以上のCRISPR/Cas9システムを使って複数の遺伝子に変異を持つ植物を作ることができる。しかし、これらのシステムの組み立てには頑強で高容量のツールキットが必要である。ここでは、複数のCRISPR/Casシステムの組み立てのために広範に更新されたツールキットであるMISSA 2.0 (multiple-round in vivo site-specific assembly 2.0)を記載する。私達は、最初のプラスミドR6Kに基づいたシステムよりもはるかに高いクローニング容量を持つプラスミドRK2に基づいた新しい自殺ドナーベクターシステムを開発した。大腸菌の染色体中へ複数のDNA断片を組み立てて、複数の遺伝子を恒常的にまたは誘導的に過剰発現するトランスジェニックシロイヌナズナをすることによってMISSA 2.0の有効性を確認した。次に、RK2に由来するMISSA 2.0ドナーベクターのより高いクローニング容量は、SpCas9とSaCas9を含む2つのCRISPR/Casシステムの組み立てを促進して、これらのシステムを持つトランスジェニック系統の作成を促進することを証明した。私達は、2つ以上のCRISPR/Cas9システムに基づいたマルチプレックスのゲノム編集において、また植物の合成生物学において大きな進歩を可能にすると期待する。	[Zhang HY et al.] China Agricultural Univ. Beijing 中国
83	植物	イネ	CRISPR/Cas9	miRNA遺伝子座	Faming Zhuangli Shenqing	Method of rice miRNA directional knockout by CRISPR-Cas9 system	2017	CN 106367435 A 20170201	本発明はイネのmiRNAの変異体を得る方法を開示する。この方法は、1つのmiRNAをノックアウト、複数のmiRNAをノックアウト、miRNAの大きな断片をノックアウトするCRISPR-Cas9の方法を使うことによって特徴づけられる。この方法は、ノックアウトのためのベクターを構築して、それをイネのカルスへ導入して、スクリーニングしてイネのmiRNA変異体を得る段階から構成される。	[Zhou J et al.] Univ. of Electronic Science and Technology of China 中国
84	植物	イネ	CRISPR/Cas9	?	Mol. Plant	Generation of Targeted Point Mutations in Rice by a Modified CRISPR/Cas9 System	2017	10(3), 526-529.	シチジンデアミナーゼとウラシルグリコシラーゼ阻害剤を融合させたnCas9を使ったイネにおけるターゲティングによる点突然変異の作成を報告する。	[Li J et al.] Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS) Beijing 中国
85	植物	イネ	CRISPR/Cas9	?	Mol. Plant	Precise Editing of a Target Base in the Rice Genome Using a Modified CRISPR/Cas9 System	2017	10(3), 523-525.	CRISPR/Cas9とラットAPOBEC1を使ってイネのゲノム中の標的塩基を正確に編集するシステムを開発した。哺乳類では塩基編集の効率を向上させるためにDNAグリコシラーゼ阻害剤を使った。	[Lu Y et al.] Chinese Academy of Sciences Shanghai 中国
86	植物	メロン	CRISPR/Cas9	phytoene desaturase (CIPDS)	Plant Cell Rep.	Efficient CRISPR/Cas9-based gene knockout in watermelon	2017	36(3), 399-406.	メロンのphytoene desaturase (CIPDS)をCRISPR/Cas9システムによってゲノム編集した。トランスフェクトしたメロンのプロトプラストの標的部位において挿入または欠失が起きた。すべてのトランスジェニックメロンはCIPDSの変異を持ち、ゲノム編集の効率は100%であり、明瞭なまたはモザイクのアルビノの表現型を示した。sgRNA配列に高い相同性を持つ領域を調べると、オフターゲット変異はなごらぬ。CRISPR/Cas9システムを使ってメロンでノックアウト変異が作れる。	[Tian S et al.] National Engineering Research Center for Vegetables Beijing 中国
87	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	グリコシルトランスフェラーゼ UGT79B2、UGT79B3	Plant J.	The Arabidopsis UDP-glycosyltransferases UGT79B2 and 79B3, contribute to cold, salt and drought stress tolerance via modulating anthocyanin accumulation	2017	89(1), 85-103.	2つのシロイヌナズナのグリコシルトランスフェラーゼ遺伝子UGT79B2、UGT79B3は寒冷、塩、干ばつストレスを含む様々な非生物学的なストレスによって強く誘導できることを明らかにした。UGT79B2/B3の過剰発現は低温などのストレスに対する耐性を大きく増強させた。一方で、RNAiとCRISPR-Cas9戦略で作られたugt79b2/b3二重変異体は有害な条件に対してより感受性が高かった。UGT79B2と79B3はアントシアニンラムノシルトランスフェラーゼとして同定されて、CBF1によって制御されて、アントシアニンの蓄積を調節することによって非生物学的なストレスへの耐性を与えることを示した。	[Li P et al.] Shandong Univ. Jinan 中国
88	植物	ベンサミアナタパコ、シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	6個の遺伝子座	Plant J.	Generation of chromosomal deletions in dicotyledonous plants employing a user-friendly genome editing toolkit	2017	89(1), 155-168.	CRISPR/Cas9システムをマルチプレックスで利用して、ベンサミアナタパコとシロイヌナズナの6個の遺伝子座において遺伝する染色体の欠失を誘導した。両方の種において小さな欠失が多く形成されることが観察されて、欠失の大きさが大きくなると効率が低下することを示唆する。100 bp以下の小さな欠失はベンサミアナタパコT0集団とシロイヌナズナT2集団において高頻度で検出された。120 kbまでの表現型で選択される欠失はシロイヌナズナでは低頻度で起きて、遺伝子クラスターや非コードDNAなどの有用な対立遺伝子の発見につながるだろう。	[Ordon J et al.] Martin Luther Univ. Halle ドイツ

89	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	寒冷に反応するC-リピート/DRE結合因子(CBF1, CBF2, CBF3)	Front. Plant Sci.	Accession-Dependent CBF Gene Deletion by CRISPR/Cas System in Arabidopsis	2017	8, 1910.	3つの異なるシロイヌナズナaccession [Col-0, Ler, ストレスに反応するRD29Aプロモーターに駆動されるルシフェラーゼリポーターを含むC24 accession (C24RDLUC)]においてCRISPR/Casのゲノム編集の効率を比較した。比較のために、寒冷に反応するC-リピート/DRE結合因子(CBF)を標的に選んだ。CBF1, CBF2, CBF3遺伝子は寒冷ストレスシグナリングと耐性において機能する重要な転写因子として重複した機能を有して4番染色体の上に直列に位置する。これらのCBF遺伝子は染色体上で接近しているため、伝統的な交配によって三重変異体cbf123を作ることは不可能である。そこで、CRISPR/Casツールを使ってcbf123変異体を作って、異なるシロイヌナズナaccessionにおけるゲノム編集の効率を比較することを試みた。LerがCRISPR/Casによる欠失に対してもっとも回復力があって、T1とT2世代において遺伝子欠失の比がもっとも低かった。C24RDLUCはT1世代で遺伝子欠失が観察されたときだけT2において高いCBF123欠失の頻度を示した。C24RDLUCバックグラウンドにおいて単離されたcbf123変異体はCBF1, CBF2, CBF3遺伝子とタンパク質の発現が見られず、寒冷ストレス下でCBF標的遺伝子の発現は減少した。	[Cho S et al.] Sogang Univ. Seoul 他 韓国、中国、米国
90	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OsPsbS1	Front. Plant Sci.	Genetic Architecture of Natural Variation in Rice Nonphotochemical Quenching Capacity Revealed by Genome-Wide Association Study	2017	8, 1773.	光化学に依存しない消光(NPG)によって与えられる光防御の過程は植物の適応度と持続可能な収量を維持することにおいて基本的な役割を果たす。529種のイネのaccessionを使ってNPQ能力のためのゲノムワイド関連解析を行った。OsPsbS1は繰り返し検出されて、2年間の全体の関連集団の変動の40%以上を説明して、集団間の交配に由来するすべての3つのマッピング集団において一般的で重要な量的形質遺伝子座であることが証明された。PsbS1タンパク質の配列は高度に保存されている。OsPsbS1 RNAi植物とCRISPR/Cas9変異体はNPQ値が大きく減少した。OsPsbS1はイネの緑色の組織で特異的で強く発現する。	[Wang Q et al.] Huazhong Agricultural Univ. 他 Wuhan 中国
91	植物	イネ	CRISPR/Cas9	?	Plant Cel. Physiol.	In Planta Processing of the SpCas9-gRNA Complex	2017	58(11), 1857-1867.	植物でCRISPR/Cas9システムを利用するときにgRNAの発現を制御するために一般的に使われるRNAポリメラーゼ(pol)IIIはモデル植物以外ではあまり特徴が調べられていない。また、pol II転写物は機能するgRNAになるためにプロセッシングを受けなければならない。本研究では、特別なRNAプロセッシングシステムを必要とせず、機能的なgRNAがSpCas9タンパク質と植物の内在性のRNA切断システムを使って効率良くプロセッシングされることを示す。私たちのシステムでは1つのpol IIプロモーターを使って1つのRNAとしてSpCas9とgRNAを転写させる。翻訳されたSpCas9タンパク質はこのRNAに結合できて、余分なRNA配列は植物のRNAプロセッシングシステムによって除去されて、機能的なSpCas9-gRNA複合体を形成する。この方法を使ったときのターゲティングによる変異導入の効率はイネにおいて100%までの効率が得られた。	[Mikami M et al.] Yokohama City Univ. 横浜他 日本
92	植物	タバコ	CRISPR/Cas9	?	Bio-Protocol	Use of geminivirus for delivery of CRISPR/Cas9 components to tobacco by agro-infiltration	2017	7(7), e2209/1-e2209/17	CRISPR/Cas9システムを利用した植物のゲノム編集のためにウイルスを用いたgRNAの送達システムを詳述する。この方法は、特にアグロバクテリウムを用いた形質転換が難しい植物細胞へgRNAを送達するための効率の良い方法を提供する。	[Yin K et al.] Tsinghua Univ. Beijing 中国
93	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	AtPAP1, AtCSTF64	Methods Mol. Biol.	Multiplexed Transcriptional Activation or Repression in Plants Using CRISPR-dCas9-Based Systems	2017	1629, 167-184.	CRISPR-dCas9キメラエフェクター調節遺伝子またはCRISPR人工転写因子(CRISPR-ATF)として知られる物の最近の進歩のために、in vivoで植物の遺伝子発現を制御するための新しい方法が急速に使われるようになった。遺伝子機能と様々な調節因子のネットワークの相互作用の研究のためにこれらの手段は特に有用である。第一世代のCRISPR-ATFは、dCas9タンパク質が既知の転写活性ドメイン(VP64)または抑制ドメイン(SRDXX)と融合されているdCas9-CRISPRシステムである。複数のキメラdCas9-エフェクター融合タンパク質がCRISPR gRNAを介して遺伝子調節領域へ導かれたとき、植物体において転写のレベルの発現を調節できる。ここで示すプロトコールはシロイヌナズナにおいてAtPAP1を活性化してAtCSTF64を抑制するための詳細な手順である。このプロトコールは、マルチプレックスのCRISPR-Cas9転写制御コンストラクトの結合とクロウニングを効率化するための私たちの植物CRISPRツールボックスを使う。	[Lowder L G et al.] East Carolina Univ., Greenville 米国
94	植物	ブドウ	CRISPR/Cas9	フィットエンデサチユラーゼ(VvPDS)	PLoS One	CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis in grape	2017	12(5), e0177966	ブドウは果物とワインの原料として重要な作物であるが、現在までにゲノム編集が行われた報告はほとんどない。本研究では、ブドウにおいてCRISPR/Cas9システムを使ってのターゲティングによる変異導入に成功したことを報告する。フィットエンデサチユラーゼ(VvPDS)遺伝子を標的としたsgRNA発現コンストラクトとともにCas9発現コンストラクトで胚のカルス形成を誘導させたときにアルビノの葉を持つ再生された植物が得られた。DNAシーケンシングによって標的部位に変異が導入されていることを確認した。変異した細胞の比は低くて古い葉において高かった。	[Nakajima I et al.] National Agriculture and Food Research Organization, Tsukuba 他 日本

95	植物	?	CRISPR/Cpf1	?	Trends Plant Sci.	CRISPR-Cpf1: A New Tool for Plant Genome Editing	2017	22(7), 550-553.	PrevotellaとFrancisellaに由来するCpf1はCRISPR-Cas9よりも効率や特異性が高く、潜在的に広く応用できる。Cpf1はDNAを使わないゲノム編集を含めて効率の良いゲノム編集のための新しいツールとして登場した。	[Zaidi S S E A et al.] National Inst. for Biotechnology and Genetic Engineering (NIBGE), Faisalabad, パキスタン
96	植物	ベンサミアナタバコ	CRISPR/Cas9	?	Plant Cell Physiol.	A Split Staphylococcus aureus Cas9 as a Compact Genome-Editing Tool in Plants	2017	58(4), 643-649	活性のあるタンパク質を形成するためには再結合が必要になる2つの不活性な断片にタンパク質を分割するタンパク質分割法はタンパク質の活性を制御できて転写単位を小さくできる。本研究ではStaphylococcus aureus Cas9 (SaCas9)は分割できて、アグロバクテリウムから発現させた分割したSaCas9はベンサミアナタバコにおいてターゲティングによる変異を誘導できることを示す。SaCas9はSpCas9よりも小さく、分割したSaCas9は植物のゲノム編集のためのCRISPR/Cas9として最小である。2つの組み合わせの分割したSaCas9はゲノム編集の活性を示し、その1つの活性は全長のSaCas9とほぼ同じだった。植物ウイルスベクターを使った分割したSaCas9システムはゲノムへの取り込みのない植物のゲノム編集のための有望なツールであることを示唆する結果が得られた。分割したSaCas9はCRISPR/Cas9によるゲノム編集の活性を植物細胞において時間的にかつ空間的に制御するための潜在的能力がある。	[Kaya H et al.] National Agriculture and Food Research Organization Tsukuba 他 日本
97	植物	トマト	CRISPR/Cas9	SlIAA9	Sci. Rep.	Rapid breeding of parthenocarpic tomato plants using CRISPR/Cas9	2017	7(1), 507	園芸用の作物の単為結実、直接的な食物の品質と多様な産業の目的のための農業の価値とともに重要な性質である。ここでは、CRISPR/Cas9システムを使って単為結実するトマトを作るための育種の戦略を証明する。単為結実を制御する重要な遺伝子であるSlIAA9に体細胞レベルで100%までの効率でT0世代に変異を導入するためにCRISPR/Cas9システムを最適化した。私たちが設計したgRNAを使うと、オフターゲット変異が誘導されないことをディープシーケンシングの解析で示した。再生した変異体は葉の形に形態学的な変化があつて種のない果実ができた。分離したT1世代はホモ接合性の変異に関連した重大な表現型を示した。この方法は多くの品種で単為結実するトマトを作るために応用できるかもしれない。	[Ueta R et al.] Tokushima Univ. Tokushima 他 日本
98	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	TRANSPARENT TESTA4 (TT4) 遺伝子上の3つの別の遺伝子座	Methods Mol. Biol.	Rapid Construction of Multiplexed CRISPR-Cas9 Systems for Plant Genome Editing	2017	1578, 291-307.	本研究では、マルチプレックスCRISPR-Cas9を使ってシロイヌナズナのTRANSPARENT TESTA4 (TT4) 遺伝子上の3つの別の遺伝子座に対して同時のターゲティングを行なうための詳細なプロトコルの形で技術的なサポートを提供する。私達はシロイヌナズナの1つの遺伝子上の複数の遺伝子座を標的とするが、同じ方法で他の植物における複数の遺伝子または対立遺伝子を標的にできる。プロトコルは試薬の概説から始まって、gRNAの設計とGolden GateクローニングとマルチサイトGateway LR組換えを使って最終的なT-DNAベクターへ成分を結合させることを取り上げる。	[Lowder L et al.] Univ. of Maryland, Greenville 米国
99	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	Front. Plant Sci.	An Efficient Visual Screen for CRISPR/Cas9 Activity in Arabidopsis thaliana	2017	8, 39.	本研究では恒常的に発現するCas9遺伝子を含むDNAベクターへ任意のsgRNA配列をクローニングするために使えるベクターシステムを設計した。このベクターを使ってin vivoでCas9による遺伝子編集を追跡するための2つの代替のマーカであるBIALAPHOS RESISTANCE (BAR)とGLABROUS1 (GL1)の可能性を調べた。BARはグルホシネットへの耐性を与えて正の選択マーカとして広く使われる。GL1は毛状突起の形成に必要である。フレームシフトで生じたBARのヌル対立遺伝子の機能を有する対立遺伝子へのCas9に媒介される遺伝子編集による逆戻りは期待されたよりも多くの植物をもたらした。驚くことに、これらの植物中のBARが逆戻りした数少ない細胞がグルホシネットへのシステム全体での耐性を提供していると私達は仮説を立てて、Cas9に媒介される遺伝子編集を追跡するためのマーカとしてBARIは適さないことを私達は示唆する。Cas9を使って破壊のためにGL1遺伝子をターゲティングすると、部分的にまたは完全に無毛の植物という明らかに判別できる表現型を提供する。解析したT1植物の50%はキメラな表現型の子孫を作り、高い効率でT3世代において完全にホモ接合性の植物を回復できた。シロイヌナズナにおいてCas9に媒介される遺伝子編集を評価して最適化するためにGL1のターゲティングが適切であると私達は提案する。	[Hahn F et al.] Heinrich Heine Univ. Duesseldorf 他 ドイツ
100	植物	アサガオ	CRISPR/Cas9	ジヒドロフラボノール-4-レダクターゼ-B (DFR-B)	Sci. Rep.	CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the dihydroflavonol-4-reductase-B (DFR-B) locus in the Japanese morning glory Ipomoea (Pharbitis) nil	2017	7(1), 10028.	CRISPR/Cas9技術を実験的に応用した。アントシアニン合成酵素のジヒドロフラボノール-4-レダクターゼ-B (DFR-B)を標的遺伝子として選んだ。アグロバクテリウムに媒介される形質転換による組織培養の初期に茎の色の変化が観察された。32個のトランスジェニック植物の中の24個(75%)は2つの対立遺伝子で標的部位に変異があつてアントシアニンの少ない白い花ができた。これらの変異は一塩基または数塩基のindelだった。この研究はCRISPR/Cas9技術を使って高等植物の花の色を変えた最初の報告である。	[Watanabe K et al.] Univ. of Tsukuba Tsukuba 日本

101	植物	ポプラ、シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	PtoMYB170	Tree Physiol.	PtoMYB170 positively regulates lignin deposition during wood formation in poplar and confers drought tolerance in transgenic Arabidopsis	2017	37(12), 1713-1726.	ポプラの生合成の制御で重要であると同等されている転写因子は限定される。本研究では、重複しているパラログのPtoMYB216と比較しながらリグニンの蓄積と干ばつへの耐性において保存されて独自の機能を持ち、中国白ポプラから単離された転写因子であるPtoMYB170を報告する。PtoMYB170は若い葉と木部の組織で好んで発現する。トランスジェニックポプラ植物でPtoMYB170を過剰発現させると、野生型と比較してより強い木質化が起きて木部においてより厚い二次壁ができた。一方で、CRISPR/Cas9を使って作ったPtoMYB170の変異はリグニンの蓄積を弱めて、より柔らかくつづれた木部の表現型になった。一過性の発現の実験は、PtoMYB170はリグニンの生合成遺伝子の発現を特異的に活性化して、PtoMYB216の機能と一致することを証明した。しかし、GUS染色アッセイから、PtoMYB170はトランスジェニックシロイヌナズナの孔辺細胞で特異的に発現しているが、PtoMYB216はそうではないことが明らかになった。シロイヌナズナにおけるPtoMYB170の異種発現は、暗い場所ので気孔の閉鎖が増強されて水分を失うことが減ってトランスジェニック植物が干ばつに耐性になり、PtoMYB216とは異なる役割を持つことを示している。	[Xu C et al.] Southwest Univ. Chongqing 中国
102	植物	ベンサミアナタバコ、トマト	CRISPR/Cas9	トマト黄化葉巻ウイルス (TYLCV) ゲノム中の外被タンパク質とレプリカーゼ遺伝子	bioRxiv, Plant Biology	Engineering resistance against Tomato yellow leaf curl virus via the CRISPR/Cas9 system in tomato	2017	1-18.	私達はベンサミアナタバコとトマトにCRISPR/Cas9システムを応用してトマト黄化葉巻ウイルス (TYLCV) に対する免疫を与えた。TYLCVゲノム中の外被タンパク質とレプリカーゼ遺伝子を標的のすると、効率の良いウイルス干渉が起きて、トランスジェニック植物においてTYLCV DNAゲノムの蓄積が小さくなった。ベンサミアナタバコとトマトの複数の世代にわたってCRISPR/Cas9による免疫は活性が続いた。他の穀物においてもCRISPR/Cas9システムを使って一つまたは複数の感染性ウイルスに対する抵抗力を与えることができるかもしれない。	[Tashkandi M et al.] King Abdullah Univ. of Science and Technology Thawal サウジアラビア
103	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	bioRxiv, Molecular Biology	High-frequency off-target mutagenesis induced by CRISPR/Cas9 in Arabidopsis and its prevention by improving specificity of the tools	2017	1-27.	シロイヌナズナの変異体のT1世代ではCRISPR/Cas9によって誘導されるオフターゲット変異の頻度は予想よりかなり高いことを示す。オフターゲット効果はT2世代でさらに悪くなることも示す。オフターゲット効果を防ぐために、2つの戦略を試して最適化した。それらは、Cas9を含まない変異体を簡単に単離するためにmCherryカセットを導入したこと、高度に特異的なSpCas9変異体の使用である。元のsgRNAの足場よりもtRNAと変異体の融合は編集の効率を有意に改善する。8個の高特異性のSpCas9変異体と改良されたtRNA-sgRNAの融合戦略を組み合わせることで編集の効率を調べた。高度に特異的なSpCas9変異体は高い編集効率を維持するために野生型よりも高い発現レベルを要求する。CRISPR/Cas9による切断部位にT-DNAが高頻度に挿入されることも示した。	[Zhang Q et al.] China Agricultural Univ. Beijing 中国
104	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	CLV3, CLE40, CLE44	Plant Cell Physiol.	A collection of mutants for CLE-peptide-encoding genes in Arabidopsis generated by CRISPR/Cas9-mediated gene targeting	2017	58(11), 1848-1856.	植物ではCLAVATA3/EMBRYO SURROUNDING REGION (CLE) ペプチドとその受容体は生活環の様々な局面に関連していると考えられる。この重要性は広く認識されているが、大部分のCLEペプチドは機能的にまだ同等されていない。シグナルを伝える小さなペプチドをコードする遺伝子の研究の大きな問題は、遺伝子が小さいために入手できる機能を喪失した変異体の数が限定されることである。CRISPR/Cas9に媒介される遺伝子ターゲティングは、遺伝子の大きさに関わらず任意の遺伝子にターゲティングによる変異を作れるので、この問題を克服する潜在的な能力がある。本研究では、CLEペプチドをコードする遺伝子の一連の変異体を作成した。新たに作成したclv3とcle40変異体は、それぞれ芽の頂端分裂組織と根分裂組織において期待された表現型を再現した。私達の結果は、CRISPR/Cas9によって媒介される遺伝子ターゲティングは小さな遺伝子に対しても遺伝子の解析に有用であることを示す。tracheary elements differentiation inhibitory factor (TDIF) をコードすると考えられるCLE44に対する新しい変異体も報告する。CLE44は維管束の発生に寄与することを示す。ここに示す生物資源はCLEペプチドのさらなる同定に有用だろう。	[Yamaguchi Y et al.] Kumamoto Univ. Kumamoto 日本
105	植物	カメリナ・サティバ	CRISPR/Cas9	CsDGAT1, CsPDAT1	Plant Cell Physiol.	Simultaneous targeting of multiple gene homeologs to alter seed oil production in Camellina sativa	2017	58(7), 1260-1267.	他の植物に由来する生合成酵素でカメリナ・サティバを容易に形質転換する能力は、この油糧種子穀物を他の応用に有用なまねな脂質を生産するための理想的な基盤とする。しかし、標的の化合物の生産を増強するためには、外来の酵素の発現に加えて共通の基質や補因子に対する競合を減らすために内在性の酵素活性の抑制も必要である。カメリナは比較的未分化な6倍体のゲノムを持つので、3個までの遺伝子ホモログが任意の酵素活性をコードするので、内在性の生合成経路を変えることは難しい。3個のホモログに共通の配列を認識するgRNAを設計して、発生中の種子のトリアシルセロール (TAG) 合成に重要なCsDGAT1とCsPDAT1遺伝子の3個の全てのホモログに変異を導入するCRISPR/Cas9システムの能力を証明する。トランスジェニックT1植物の配列解析から、CsDGAT1またはCsPDAT1の各々のホモログは複数の変異によって変えられており、遺伝的モザイクになっていることが明らかになった。CsDGAT1およびCsPDAT1の両方をターゲティングした系統から収穫された種子は、しばしば縮んでしわができていた。さらに、脂質の分析から、多くの系統は油の量の減った、脂肪酸の組成が変わった種子を生産することが明らかになり、種の油の生合成における標的とされた遺伝子の役割と一致する。	[Aznar-Moreno J A et al.] Kansas State Univ. Manhattan 米国

106	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	PHYTOENE DESATURASE 3, AGAMOUS, DUO POLLEN, アルコール脱水素酵素	Plant Cell Physiol.	pKAMA-ITACHI vectors for highly efficient CRISPR/Cas9-mediated gene knockout in Arabidopsis thaliana	2017	58(1), 46-56.	植物におけるCRISPR/Cas9のためのバイナリーベクターには低い効率に伴う問題がある。本研究では、シロイヌナズナにおけるCRISPR/Cas9のために新しく開発された、高い効率のベクターであるpKAMA-ITACHI Red (pKIR)を示す。これは、Cas9を駆動するためのRIBOSOMAL PROTEIN S5A (RPS5A)を含む。RPS5Aプロモーターは、卵細胞から始まって分裂組織細胞を含めて全ての発生段階で高い恒常的な発現を維持する。T1世代においてさえpKIRはPHYTOENE DESATURASE 3, AGAMOUS, DUO POLLENにおいてヌル表現型を誘導した。pKIRによって誘導される変異はT1世代の生殖細胞系統において運ばれる。驚くことに、いくつかの系統では100%のT2植物がアルコール脱水素酵素のヌル表現型を持ち、pKIRは遺伝する変異を強く誘導することを示す。pKIRの蛍光マーカーを発現するT2種子を取り除くことによって、Cas9を含まないT2変異植物を得た。	[Tsutsui H et al.] Nagoya Univ. Nagoya 日本
107	植物	コムギ	TALEN, CRISPR/Cas9	?	Methods Mol. Biol.	Targeted mutagenesis in hexaploid bread wheat using the TALEN and CRISPR/Cas systems	2017	1679, 169-185.	TALENとCRISPR/Cas9システムは複数コピーまたは1コピーの遺伝子を標的とすることによってコムギにおいて機能を喪失させた対立遺伝子を作るために使われてきた。本研究では、この2つのシステムを使ってコムギのゲノムを修飾するためのプロトコルを提供する。そのプロトコルは、TALENとCRISPR/Cas9の標的部位の設計、それらの構築、プロトプラストでの活性の評価、植物の形質転換と変異のスクリーニングを含む。	[Wang Y et al] 米国
108	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	Methods Mol. Biol.	Use of the Cas9 orthologs from Streptococcus thermophilus and Staphylococcus aureus for non-homologous end-joining mediated site-specific mutagenesis in Arabidopsis thaliana	2017	1669, 365	本研究では、シロイヌナズナにおけるターゲティングによるNHEJに媒介される変異の導入のためにStreptococcus thermophilusとStaphylococcus aureusに由来する2つのCas9のオルソログの応用を記述する。2つのオルソログについて、誘導された変異の効率の良い遺伝子が示された。これらのオルソログはSpCas9よりも小さく、PAMが異なっており、植物のゲノム工学において魅力的な代替のためのツールである。	[Steinert J et al]
109	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OsFH15	Sci. Rep.	OsFH15, a class I formin, interacts with microfilaments and microtubules to regulate grain size via affecting cell expansion in rice	2017	7(1), 1-14	米の大きさは収量を決める重要な性質であり、小穂の外皮の大きさによって主に制限される。しかし、小穂の外皮の大きさがどのように制御されるかはほとんど知られていない。本研究では、イネのクラスIのforminタンパク質であるOsFH15が細胞と小穂の大きさを制御できることを見出した。OsFH15-Cas9とOsFH15-RNAi変異体は野生型と比較して、細胞の長さや幅、外花穎の内部表皮細胞の面積が小さくて米が小さかった。対照的に、OsFH15を過剰発現させた植物は、より豊富な微小管 (MTs) とアクチン線維 (AFs) の配列があり、より大きな細胞を持つ大きな米が得られた。OsFH15はAFsとMTsを制御することによって細胞の拡大に影響して米の大きさを制御することにおいて重要な役割を果たすことを本研究は証明した。	[Sun T et al.] Beijing Normal University Beijing 中国
110	植物	?	CRISPR/Cas9	カリフラワーモザイクウイルスの外被タンパク質のコード領域	bioRxiv, Plant Biology	CRISPR/Cas9-mediated resistance to cauliflower mosaic virus	2017	1-25.	抵抗遺伝子 (R遺伝子) を利用してウイルスに耐性な植物を育種するときには、遺伝資源の中からR遺伝子を見つけてられるか、その系統特異性によって限定される。私達は、CRISPR/Cas9システムを使ってウイルスの外被タンパク質の配列にマルチプレックスのターゲティングをすることで、パラレトロウイルスであるカリフラワーモザイクウイルス (CaMV) に強い耐性ができることを証明する。さらに、siRNAが生産されて、その大部分がsgRNAの3'末端へマッピングされて、ほんのわずかな分がスパーサー領域へもマッピングされる。しかし、Cas9が存在しないと抵抗性がないので、これらのsiRNAがCaMV感染の阻害をもたらすのではない。いくつかのトランスジェニック植物の感染した葉において、外被タンパク質のコード領域中の標的部位でCas9によって誘導されるDNAの切断と一致した短い欠失または挿入が起きている編集されたウイルスが観察された。これらの編集された外被タンパク質は多くの場合に翻訳の早い終了が起きて機能しない。感染したトランスジェニック植物から野生型の外被タンパク質も回収されて、これらの編集されたウイルスのゲノムは野生型の外被タンパク質によってパッケージングされたことを示唆する。さらに修飾すれば、植物のパラレトロウイルスの制御のためにCRISPR/Cas9システムが使えることを本研究は証明する。	[Liu H et al] Virginia Tech, Blacksburg 米国
111	植物	?	CRISPR/Cas9	?	Nat. Plants	A potent Cas9-derived gene activator for plant and mammalian cells	2017	3(12), 930-936.	合成した転写活性化因子は、プログラム可能なDNA結合モジュールによって内在性の遺伝子座の狙ったプロモーターへ自己の転写活性化ドメイン (TAD) をつなぐことによって遺伝子を活性化するための有望な代替戦略を提供する。既知のプログラム可能なDNA結合モジュールの中では、ヌクレアーゼとして機能しないSpCas9 (dCas9) がZFNやTALENよりも優れている。dCas9に基づいた強い転写活性化システムであるVPR、SAMとSunTagは動物細胞用に開発された。しかし、植物細胞のための効率の良いdCas9に基づいた転写活性化の方法はまだない。本研究では、植物細胞に基づいたスクリーニングによって新しいdCas9-TADであるdCas9-TVを開発した。dCas9-TVは、植物細胞と哺乳動物細胞の両方で広く使われるdCas9-VP64よりもずっと強い転写活性化を1つまたは複数の標的遺伝子に与える。	[Li Z et al] Sun Yat-sen Univ. Guangzhou 中国

112	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	GRXS17	bioRxiv, Plant Biology	A dual sgRNA approach for functional genomics in Arabidopsis thaliana	2017	1-31.	T-DNAの挿入によって作られた系統がいつもヌル対立遺伝子を持つとは限らないので、モデル植物であるシロイヌナズナにおいてさえ遺伝子編集技術の登場は歓迎される。本研究では、遺伝子を過剰発現する系統を作るのと同じくらいの仕事量でCRISPR/Cas9を使ってシロイヌナズナにおいて遺伝子の変異を効率良く作った。T2世代で2つの対立遺伝子に変異を持つCas9のヌル分離個体を得た。ここで報告する7つの新しい変異対立遺伝子の中で、ヒトGRX3/PICOTのオルソログであるGRXS17の1つの対立遺伝子は以前に特徴付けられたヌルを表現模写しなかった。変異はフレームシフトを起こし、ナンセンスコドンに媒介される減衰をもたらした。私たちの作業の流れは2つのsgRNAを利用する方法でも一緒に使えることを証明した。	[Pauwels L et al] Ghent Univ. Ghent ベルギー
113	植物	?	CRISPR/Cas9	?	U.S. Pat. Appl. Publ.	Engineering plants comprising synthetic signal transduction systems including hormone-degradable nuclease-null Cas9, nuclear localization signal, phytohormone degron and transcriptional regulation domain	2017	US 20170369892 A1 20171228 .	合成のシグナル伝達システムを提供する。合成のシグナル伝達システムは、スクレアーゼとして機能しないCas9タンパク質、核局在化シグナル、植物ホルモンのデグロン、転写制御ドメインを含むホルモンによって分解されるCRISPRに基づいた転写因子である。天然に存在しない植物を作る方法も提供する。この方法は植物における合成のシグナル伝達システムを発見させることを含めてよい。この方法によって形成された天然には存在しない植物も提供する。	[Klavins E et al] Univ. of Washington 米国
114	植物	トマト	CRISPR/Cas9	SIMYB12	Faming Zhuanyi Shengqing	Gene editing using crispr/cas9 system to create pink-fruit tomato	2017	CN 107312795 A 20171103 .	本発明は、CRISPR/Cas9システムを使ってSIMYB12遺伝子を編集して赤い果実のトマトをピンクの果実のトマトに変える。遺伝子編集の標的部位を決めて、Cas9とgRNAの遺伝子を含むベクターをアグロバクテリウムを使ってトマトのカルスへ導入する。シークエンシングによってホモ接合性の変異体を選ぶ。ピンクの果実のトマトではSIMYB12の機能が完全に失われていた。	[Cheng Y et al] Zhejiang Academy of Agricultural Sciences 中国
115	植物	トウモロコシ	TALAN、CRISPR/Cas9	アセトヒドロキシ酸シクターゼ(AHAS)	Faming Zhuanyi Shengqing	Application of herbicide resistant protein and its application in plant breeding	2017	CN 107267480 A 20171020 .	除草剤耐性タンパク質であるアセトヒドロキシ酸シクターゼ(AHAS)、その遺伝子、植物の育種におけるその応用を開示する。この方法は、トウモロコシにおいて変異ライブラリーを構築すること、除草剤耐性の一連の変異体をスクリーニングすること、除草剤に耐性なAHAS遺伝子を得ることから構成される。	[Wang Z et al.] Weiming Xingwang System Crop Design Frontal Laboratory Co., Ltd. Beijing 中国
116	植物	トマト	CRISPR/Cas9	?	Cell	Engineering quantitative trait variation for crop improvement by genome editing	2017	171(2), 470-480.e8.	本研究では、プロモーターをCRISPR/Cas9を使ってゲノム編集することで育種のための有用な定量的な変動を提供するシス制御性の多様な対立遺伝子を作れることを証明する。私達は簡単な遺伝的な手順を工夫した。そこでは、ヘテロ接合性の機能を失った変異のバックグラウンドにおいて世代を超えたCas9活性の遺伝子を利用した。トマトにおける3つの重要な生産性に関する性質(果実の大きさ、花序の枝分かれ、植物の構造)を制御する遺伝子のための多様なプロモーターの変異体の表現型に対する影響を迅速に評価した。私達の方法は、外来遺伝子を含まない植物において新しい対立遺伝子の直接的な選抜と固定、収量に関連する因子の精妙な操作を可能にする。	[Rodríguez-Leal D et al.] Cold Spring Harbor Laboratory Cold Spring Harbor 米国
117	植物	ペンサミアナタバコ	CRISPR/Cas9	テロメア	Plant J.	Live-cell CRISPR imaging in plants reveals dynamic telomere movements	2017	91(4), 565-573.	ゲノムの空間的、時間的構造の解明は発生や環境の変化のときの遺伝子の制御を理解するうえで不可欠である。私達はCRISPR/Cas9の2つのオルソログを使ったイメージング技術を証明する。触媒的に不活性化されたSpCas9とSaCas9へeGFP/mRuby2を融合することによって、ペンサミアナタバコの生きた葉の細胞においてテロメアの繰り返し配列をしっかりと方法で可視化した。中間期の30分間で2 mmまでテロメアが動くことを明らかにした。さらに、CRISPR-dCas9は蛍光ラベルしたタンパク質と組み合わせることでin vivoにおけるDNA-タンパク質の相互作用を可視化できることを示した。2つのdCas9オルソログを同時に使うことによって生きた植物細胞において複数の遺伝子座をイメージングする道を開く。	[Dreissig S et al] Leibniz Inst. of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben ドイツ
118	植物	?	CRISPR/Cas9	?	PCT Int. Appl.	Nucleotide base conversion in specific target double-stranded DNA sequence in monocotyledonous plant genome by CRISPR-Cas system using Cas9 nickase-cytidine deaminase chimera	2017	WO 2017090761 A1 20170601 .	単子葉植物の細胞中に存在するDNA中の標的部位を修飾する方法を提供する。この方法では、標的のヌクレオチドとヌクレオチドを変換する酵素が結合して、DNA二本鎖中の一本鎖を切断されずに1個または複数のヌクレオチドが変換、欠失、挿入される。核酸配列を認識してヌクレオチドを変換する複合体をコードする遺伝子を単子葉植物の細胞へ導入することによって行なわれる。	[Nishida K et al] National Univ. Corporation Kobe Univ. 日本
119	植物	?	TALLEN、CRISPR/Cas9	パタチン様のホスホリパーゼIIa (pPLAIIa、MATRINIEAL)	PCT Int. Appl.	Chemical applications and mutated patatin-like phospholipase 2alpha (PLA2 or MATRILINEAL)-based compositions for haploid induction in plants	2017	WO 2017087682 A1 20170526 .	植物で単数を誘導するために変異したパタチン様のホスホリパーゼIIa (pPLAIIa、ここではMATRINIEALと改名する)を使うこと、pPLAIIaをクローニングすること、変異したpPLAIIaを含む植物を遺伝子工学によって作るための方法を提供する。単数体の生産を誘導するために受粉のときに化学物質、脂質、MATRINIEAL RNAi分子を局所的に噴霧する方法も提供する。さらに、胚の流産を減らして種子の形成を増やしつつ単数体の誘導するために受粉のときに植物を化学物質で処理する方法も提供する。	[Kelliher T et al] Syngenta Participations AG スイス

120	植物	イネ	CRISPR/Cas9	Broad-Spectrum Resistance 1 (BSR1)	Biosci. Biotechnol. Biochem.	The receptor-like cytoplasmic kinase BSR1 mediates chitin-induced defense signaling in rice cells	2017	81(8), 1497-1502.	Broad-Spectrum Resistance 1 (BSR1) はイネの受容体様の細胞質のキナーゼをコードして、過剰発現させると疾病への耐性が増強される。BSR1を過剰発現するイネは様々な病原菌に対して高度に耐性である。しかし、この耐性のメカニズムは不明である。BSR1の機能を解析するために、CRISPR/Cas9システムを使ってBSR1-ノックアウト(BSR1-KO)植物を作った。懸濁培養細胞を使った実験から、イネもち病菌のオートクレーブした分生子によって誘導される過酸化水素の生産と防御関連遺伝子の発現がBSR1-KO細胞において減少していることが明らかになった。さらに、イネもち病菌の微生物に関連した分子パターンとして機能するキチンオリゴマーによる処理ではBSR1-KO細胞で防御応答がかなり抑制されている。	[Kanda Y et al] Institute of Agrobiological Sciences NARO Tsukuba 日本
121	植物	イネ、コムギ、トウモロコシ	CRISPR/Cas9	?	Nat. Biotechnol.	Precise base editing in rice, wheat and maize with a Cas9-cytidine deaminase fusion	2017	35(5), 438-440.	外来DNAドナーやDNA二本鎖の切断を必要としない標的塩基の置換は多くの穀物においてゲノムの修飾と育種を加速するだろう。私達はCRISPR-Cas9ニッカーゼーゼンチジンデアミナーゼの融合タンパク質を使ってプロトスペーサー内の3-9位のシトシンをチミンへターゲティングによる変換を行なった。プロトプラストと再生させたイネ、コムギ、トウモロコシにおいて43.48%までの頻度が得られた。	[Zong Y et al] Chinese Academy of Sciences Beijing 中国
122	植物	?	CRISPR/Cas9	?	PCT Int. Appl.	Methods for autocatalytic genome editing and neutralizing autocatalytic genome editing and compositions thereof	2017	WO 2017049266 A2 20170323	ここで開示するのは、自己触媒的なゲノム編集とその中和のための方法と化合物である。自己触媒的なゲノム編集は複数の因子を含むコンストラクトのゲノムへの取り込みまたは遺伝因子が別個に増殖するトランス相補性に基づいてよい。本開示は、CRISPR/Cas9システムに基づいた自己触媒的なゲノム編集の方法を提供する。さらに、本開示は、病原菌を排除する、穀物の害虫を狙って抑制する、ウイルス(たとえばHIV)やレトロウイルスに引き起こされる疾病(たとえば癌)と戦う、ほぼ全ての子孫に伝達されるホモ接合性の変異を作るために動物、ヒト、植物における自己触媒的なゲノム編集の方法も提供する。	[Bier E et al] The Regents of the Univ. of California 米国
123	植物	?	TALEN, CRISPR/Cas9	Dipgene, そのホモログや変異体	PCT Int. Appl.	Diplospory gene and prodn. of apomictic seed in transgenic crop plants	2017	WO 2017039452 A1 20170309	本発明は、Dipgeneとその(機能的な)ホモログ、断片と変異体のスクレオチド配列とアミノ酸配列を提供して、それらは無配偶生殖の一部として複相胞子生殖を提供する。複相胞子生殖をする植物とそれらを作るための方法、これらを使うための方法、無配偶生殖でできる種子を作る方法も提供する。	[Van D et al] Keygene N.V. オランダ
124	植物	?	TALEN, CRISPR/Cas9, Cpf1	?	PCT Int. Appl.	Enhanced recombination of plant genomic loci for greater plant disease resistance	2017	WO 2017034971 A1 20170302	本発明は、選んだ遺伝子座において組換えを加速して、選んだ遺伝子座で分子的な変動の起きる出来事を選ぶ方法を提供する。加速した組換えは、植物や哺乳動物のゲノムに存在する遺伝子クラスターの中の新しい変動を作る。植物では疾病に対する耐性を強化できる。	[Caldwell D et al] Monsanto Technology LLC 米国
125	植物	?	CRISPR/Cas9	VPS23A	Faming Zhuanyi Shenqing	Plant drought resistance-associated protein VPS23A and its coding gene, and application thereof	2017	CN 106432449 A 20170222	本発明は干ばつに関連するVPS23Aタンパク質、それをコードする遺伝子、その応用を開示する。VPS23Aのアミノ酸配列を表に示す。また、その配列に1個または複数のアミノ酸残基の置換および/または欠失および/または挿入によって得られる配列も本発明に関連する。VPS23A遺伝子の発現を阻害する実験では、植物の干ばつへの耐性が有意に改善されることが証明された。本発明は、穀物の改善と干ばつに耐性な穀物の栽培においてとても重要である。	[Xie Q et al] Chinese Academy of Sciences 中国
126	植物	コムギ	TALEN, CRISPR/Cas9	?	PCT Int. Appl.	Modified wheat with resistance to powdery mildew	2017	WO 2017013409 A2 20170126	本発明は、ターゲティングによるゲノム修飾を使ってコムギにおいて病原菌に対する耐性を増強することに関連する。	[Gao C et al] The Inst. of Genetics and Developmental Biology
127	植物	イネ	CRISPR/Cas9	β -グルクロニダーゼ (GUS)	Plant Cell Tissue Organ Cult.	Dual-targeting by CRISPR/Cas9 for precise excision of transgenes from rice genome	2017	129(1), 153-160.	本研究は植物ゲノムからマーカー遺伝子を切除するためにCRISPR/Cas9システムが使えるかを調べた。これは、マーカーを含まないトランスジェニック植物を開発することに関連した応用である。 β -グルクロニダーゼ (GUS) 遺伝子を発現するトランスジェニックイネの系統をCas9と1.6 kbのGUS遺伝子の両端を標的とするgRNAを発現するコンストラクトをアグロバクテリウムまたは遺伝子銃によって形質転換した。形質転換した系統の解析から、カルスの系統では切除は低頻度で起きて、植物の系統ではより高頻度で起きることが明らかとなり、再生した植物においてCas9:gRNAの効率が低い。3個の独立したイベントから由来する植物において2つの対立遺伝子に切除が観察されて、T0世代でホモ接合性の切除を受けた系統の回収が可能だった。切除の部位または周辺で変異が起きず、正確な切断と2つの平滑末端の正確なライゲーションによって切除が形成された。	[Srivastava V et al] Univ. of Arkansas Fayetteville 米国
128	植物	?	TALEN, CRISPR/Cas9	?	U.S. Pat. Appl. Publ.	DNA methyltransferase fusion protein method for increasing plant yields	2017	US 20170016017 A1 20170119	本発明は、先祖の植物におけるDNAメチルトランスフェラーゼ融合タンパク質を発見させることによって有用な性質を示す植物を得るための方法を提供する。たとえば、収量の増加した植物である。植物で有用な性質を得るために利用できる遺伝子座およびそのような遺伝子座を持つて生産される植物を同定するための方法も提供する。さらに、有用な性質を示す植物、種子を含む植物の部分、植物の製品、その植物を使うための方法も提供する。組換えDNAベクターと、DNAメチルトランスフェラーゼ融合タンパク質を発現するベクターを含む植物も提供する。	[Fromm ME] 米国

129	植物	イネ	CRISPR/Cas9	miRNA 遺伝子 (OsMIR408、OsMIR528) と miRNA 遺伝子ファミリー (miR815a/b/c、miR820a/b/c)	Front. Plant Sci.	CRISPR-Cas9 Based Genome Editing Reveals New Insights into MicroRNA Function and Regulation in Rice	2017	8, 1598.	本研究では、イネにおいて1つのmiRNA遺伝子 (OsMIR408、OsMIR528) とmiRNA遺伝子ファミリー (miR815a/b/c、miR820a/b/c) をCRISPR/Cas9によってターゲティングした。CRISPR/Cas9によって作られた変異体を同定するためにはRFLPよりもSSCPがより信頼できる手法であることを示した。再生したT0系統の中でターゲティングによる変異導入の頻度は、すべての試したmiRNA標的部位の中で48-89%だった。miRNA528の場合には3つの独立したgRNAは確認された系統の中ですべて2つの対立遺伝子に変異を作った。2つのgRNAによってターゲティングされたときには、T0イネ系統で60%までの頻度でmiRNA遺伝子は容易に削除できた。したがって、CRISPR-Cas9は植物のmiRNAをノックアウトするための効率の良いツールであることを証明した。OsMIR408とOsMIR528の変異体を使って、1つのmiRNAをノックアウトすると、無関係に思える他の多くのmiRNAの発現プロファイルの変化が起こることを見出した。OsMIR528は塩によるストレスで正の制御因子であることが明らかになった。	[Zhou J et al.] Univ. of Electronic Science and Technology of China 他 中国
130	植物	?	CRISPR/Cas9	?	Prog. Mol. Biol. Transl. Sci.	Engineering Molecular Immunity Against Plant Viruses	2017	149, 167-186.	本研究では、植物においてDNAおよびRNAウイルスに対して分子免疫を作るためにCRISPR/Cas9システムなどの部位特異的なヌクレアーゼを使うことを議論する。1つまたは複数のウイルス感染に耐性になるようにした植物を作るときに出会う潜在的な課題にどう取り組むかも考えた。	[Zaidi SSSA et al] Univ. of Science and Technology 他 サウジアラビア
131	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	Prog. Mol. Biol. Transl. Sci.	On Improving CRISPR for Editing Plant Genes: Ribozyme-Mediated Guide RNA Production and Fluorescence-Based Technology for Isolating Transgene-Free Mutants Generated by CRISPR	2017	149, 151-166.	選んだ任意のプロモーターからsgRNAの生産を可能とするリボゾームに基づいた戦略の開発を記す。この方法は時間的および空間的に正確にsgRNAを生産することを可能として、CRISPR/Cas9技術の範囲と応用を大きく広げる。また、Cas9を含まないシロイヌナズナ変異体を効率良く単離するための蛍光に基づいた技術も開発した。	[He Y et al] Huazhong Agricultural Univ. 他 中国、米国
132	植物	ベンサムアタバコ	CRISPR/Cas9	GFP、NbAGO1のパラログ	Plant Physiol.	Multiplexed Gene Editing and Protein Overexpression Using a Tobacco mosaic virus Viral Vector	2017	175(1), 23-35.	5' と3' sgRNAの中心に近いヌクレオチドのプロセッシング能力を持つように設計されたタバコモザイクウイルス (TRBO) を使って一過的にsgRNAを送達することによってsgRNAの細胞内の濃度を上げた。原理を証明するために、ベンサムアタバコ (16c) のGFPを標的としてTRBO-sgRNA輸送法を使った。5'ヌクレオチドの突出のあるTRBO-sgRNAコンストラクトを使ったときに接種して7日以内にindelの平均は約70%だった。5' sgRNAヌクレオチド突出端を取り除いたときだけin vitro Cas9切断アッセイでDNAが編集された。これは植物に新しいプロセッシングのメカニズムがあることを示唆する。次に、ベンサムアタバコのNbAGO1のパラログを1つのsgRNAおよびマルチプレックス用に2つのsgRNAと1つのTRBOコンストラクトでターゲティングすると、3つの遺伝子にindelが起きた。GFPのコード領域に隣接するsgRNAから構成されるRNA転写物のTRBOに媒介される発現はindelとウイルスに基づいたGFPの過剰発現を起こした。	[Cody W B et al] Texas A&M Univ. College Station 米国
133	植物	?	TALEN、CRISPR/Cpf1	?	PCT Int. Appl.	Transgenes and transgenic plants with enhanced traits	WO 2017161063 A1 20170921	2017	本開示はDNAコンストラクトと増加した収量、増加した窒素の使用効率、増強した干ばつへの耐性または増強した水の使用の効率のような増強された性質を持つトランスジェニック植物を提供する。トランスジェニック植物は農作物と雑草とそのようなトランスジェニック植物の子孫を含んでよい。そのようなトランスジェニック植物を作って使う方法も提供する。本開示は、そのようなトランスジェニック植物から種子を作る、そのような種子を育てる、そして増強した性質を持つ子孫の植物を選ぶ方法も提供する。望ましい性質を求めてトランスジェニックイベントをスクリーニングするための有用な変化した表現型を持つトランスジェニック植物も開示する。	[Allen EM et al] Monsanto Technology LLC 米国
134	植物	シロイヌナズナ、イネ	TALEN、CRISPR/Cas9	GU-USLポーター外来遺伝子、内在性遺伝子	Sci. Rep.	Efficient Generation of diRNAs Requires Components in the Posttranscriptional Gene Silencing Pathway.	2017	7(1):301	シロイヌナズナにおいては二本鎖切断 (DSB) によって誘導される低分子RNA (diRNA) はRNAに支配されるDNAのメチル化経路によって合成されて、DSB修復において機能することが報告されている。しかし、diRNAの生合成と機能については重要な問題が残っている。私達は、シロイヌナズナとイネにおいてdiRNAを同定するためにCRISPR/Cas9またはTALENによって引き起こされるDSBを使った。CRISPR/Cas9によってターゲティングされた35Sプロモーター::GU-USLポーター外来遺伝子から21ヌクレオチドのdiRNAが作られることを私達は見出した。効率の良いdiRNAの生産には外来遺伝子のPolIII転写が必要であり、diRNAの蓄積は外来遺伝子の発現の水準に相関した。diRNAはシロイヌナズナとイネにおいては調べた内在性遺伝子からはCRISPR/Cas9またはTALENによって誘導されるDSBから検出されなかった。転写後の遺伝子サイレンシングに関連していることが知られているDCL4とRDR6がdiRNAの生産に必要である。効率の良いdiRNAの生産のためにDSBは必要であるが、十分ではなくて、DSBの修復には高濃度のdiRNAは必要ではないことを私達の結果は示唆する。	[Miki D et al] Chinese Academy of Sciences 他 中国、米国

135	植物	イネ	TALEN	?	Front. Plant Sci.	DNA Methylation Affects the Efficiency of Transcription Activator-Like Effector Nucleases-Mediated Genome Editing in Rice.	2017	8.302	トランスポゾン中にだけ存在するのではなく、植物中でも活性のある遺伝子中に存在するメチル化されたシトシンにTALENは影響を受ける。哺乳細胞では、メチル化されたシトシンにより高い親和性を持つ塩基認識モジュール(N*)を使うことによってTALENのメチル化の影響を克服できた。しかし、植物では全ての状況のシトシン(CG, CHGおよびCHH, H)はA, C, Tを意味する)において異なる程度のメチル化があり、植物のゲノム編集におけるN*モジュールの有効性は調べられていない。本研究では、N*モジュールを含むまたは含まない一連のTALENを設計して、イネのメチル化された領域のゲノム編集での有効性を調べた。安定的にメチル化された標的に対して設計されたN*-TALENを使ったときにゲノム編集の効率の改善が観察されたが、様々な程度のメチル化を受けるシトシンを含む別の標的では通常のTALENとN*-TALENの両方で効果がなかった。標的領域のシトシンのメチル化の変動はTALENによるゲノム編集の効率に影響を与える因子であることを本研究の結果は示唆する。	[Kaya H et al.] National Agriculture and Food Research Organization Tsukuba 日本
136	植物	シロイヌナズナ	TALEN	ADF10	J. Cell. Sci.	ADF10 shapes the overall organization of apical actin filaments by promoting their turnover and ordering in pollen tubes.	2017	30(23):3988-4001.	シロイヌナズナADF10は、代謝回転と秩序化を促進することによって頂点のアクチン繊維の全体の組織化を成形することにおいて重要な役割を果たすことを私達は示す。ADF10は <i>in vitro</i> でアクチン繊維を切ってモノマーに分解して、全体の花粉管に配分する。 <i>adf10</i> 変異体においては頂点のアクチン繊維に対する切断とモノマーの解離が減っていて、頂点のアクチン構造は野生型よりも管の底部へ向かってさらに広がっている。特に、管の成長軸に対して大きな角度を作る頂点のアクチン繊維の割合は <i>adf10</i> 花粉管においてずっと高く、アクチン繊維はより不規則に配分されて、ADF10はこれらの秩序化を促進することを示唆する。頂点の小嚢が蓄積する領域は <i>adf10</i> 花粉管の先端で大きくなっている。小さな小嚢の先端と後ろへ向かう動きは <i>adf10</i> 花粉管の成長領域内で変化している。	[Jiang Y et al] Tsinghua Univ. 他 Beijing 中国
137	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	Plant J.	Endogenous sequence patterns predispose the repair modes of CRISPR/Cas9-induced DNA double-stranded breaks in Arabidopsis thaliana.	2017	92(1):57-67.	私達は、長いアンプリコンのライブラリーのディープシークエンシングによって、シロイヌナズナの3つの内在性の遺伝子座においてCRISPR/Cas9によって誘導される変異の分布を研究した。DNAの修復の結果に影響する配列に依存したゲノムの特徴を見出した。1-1000 bpの大きさの欠失および/またはとても短い挿入、1 kb以上の欠失(全てNHEJによる)および5-1000bpの挿入と組み合わされた欠失[合成依存性鎖アニーリング様の機構によって引き起こされる]は全ての3つの遺伝子座において最も頻繁に起きた。一本鎖アニーリングの出現はDSBの近くの繰り返り配列の存在とそれらの間の距離に依存する。標的部位に高度な類似な配列がシスに入手できるならば、挿入の頻度と大きさが増える。大部分の欠失はすでに存在するマイクロホモロジーと連鎖した。欠失および/または挿入の変異は平滑末端がライゲーションされるか新しく作られるマイクロホモロジーを介する。大部分の変異の型とある程度の予想の可能性は動物のシステムと同等であるが、欠失の広い幅はシロイヌナズナの変った特徴らしい。	[Vu GTH et al] Leibniz Inst. of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) ドイツ
138	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	?	Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.	EIN2 mediates direct regulation of histone acetylation in the ethylene response.	2017	114(38):10274-10279.	エチレンガスは植物において発生の過程とストレス応答に不可欠である。膜に結合したタンパク質であるEIN2はエチレンのシグナリングに重要であるが、エチレンのシグナルが伝達されるメカニズムの多くは不明である。私達はH13K14AcとH3K23Acの濃度はEIN2タンパク質の濃度と相関している、CRISPR/dCas9-EIN2-Cを使うと、標的の遺伝子座において <i>ein2-5</i> のH3K14/23Acの濃度を回復させるためにEIN2のC末端(EIN2-C)が十分であることを証明する。クロマチン免疫沈降とそれに続くディープシークエンシング(ChIP-seq)とChIP-reChIP-seq解析によって、EIN2-CはEIN2核結合タンパク質(ENAP1)との相互作用によってヒストンと結合することが部分的に説明できて、ENAP1はエチレン処理の有無の両方で発現する遺伝子に関連したゲノム領域を好んで結合することが示された。特に、エチレンの存在下ではENAP1と結合する領域はEIN2との相互作用の後によりアクセスしやすくなり、より多くのEIN3タンパク質は速い応答のためにENAP1が濃縮されている遺伝子座へ結合する。	[Zhang F et al] The Univ. of Texas 他 米国
139	植物	イネ	CRISPR/Cas9	?	Front. Plant Sci.	Efficient CRISPR/Cas9-Mediated Genome Editing Using a Chimeric Single-Guide RNA Molecule.	2017	8:1441.	私達はターゲティングによる二本鎖切断を作って、イネにおけるHDRのためのRNAの修復の鋳型を送達するためにCRISPR/Cas9を使った。標的部位への特異性のための配列と修復の鋳型の配列の両方を含むキメラなsgRNA (cgRNA) 分子を使った。標的のDNAストランドよりも非標的のストランドに相補的な修復の鋳型を使ったほうがイネのプロトプラストにおける遺伝子編集の効率が高かった。私達はこのcgRNAの鋳型の方法を応用してイネにおいて除草剤耐性を作った。	[Butt H et al] King Abdullah Univ. of Science and Technology 他 サウジアラビア、エジプト、米国
140	植物	シロイヌナズナ	?	ヒストン脱アセチル化酵素19 (HDA19)	Plant Physiol.	The Distinct Roles of Class I and II RPD3-Like Histone Deacetylases in Salinity Stress Response.	2017	175(4):1760-1773.	以前に私達はシロイヌナズナにおいて塩に対する耐性を与えるヒストン脱アセチル化酵素(HDAC)阻害剤(HDI)を同定した。本研究ではクラスI HDAC (HDA19)とクラスII HDAC1 (HDA5/14/15/18)は異なる経路によって塩のストレスに対する応答を制御することを示す。 <i>hda5/14/15/18</i> 植物においてゲノム編集によってHADに変異を導入すると塩に対する耐性が增強された。これは、塩のストレスへの応答においてクラスII HDACの抑制によって引き起こされる表現型をHDA19の抑制が隠すことを示唆する。	[Ueda M et al] RIKEN 他 日本

141	植物	キャッサバ	CRISPR/Cas9	フィトエン不飽和化酵素 (MePDS)	Front. Plant Sci.	Efficient CRISPR/Cas9 Genome Editing of Phytoene desaturase in Cassava.	2017	8:1780.	<p>熱帯の食糧であるキャッサバにおいてCRISPR/Cas9技術を発展させるために、フィトエン不飽和化酵素 (MePDS) 遺伝子をターゲットングした。MePDS遺伝子エクソン13内の2つの配列を標的とするgRNAを含むコンストラクトを使ってキャッサバの2つの品種で行なった。</p> <p>CRISPR/Cas9の試薬をアグロバクテリウムに媒介されるキャッサバ細胞への送達の後で、選抜用の培地で再生した子葉期の体細胞の胚とそれから再生させた植物において両方のコンストラクトによって目に見えるアルビノの表現型を誘導した。cv.60444において58個、cv.TME204において25個の植物の系統が得られて、そこから38個 (各々の系統から19個ずつ) の植物の系統を変異について解析した。アルビノの表現型を示す植物の系統の頻度は高く、cv.TME204において90-100%だった。観察されたアルビノの表現型は緑色の組織のない完全なアルビノと白色と緑色の組織の混ざったキメラから構成された。シーケンズ解析では、植物の系統の38/38 (100%) が標的のMePDS部位に変異を持ち、挿入、欠失、置換があった。1個の (1/19) 仮の単一对立遺伝子のホモ接合性の系統がcv.60444から見だされて、1個 (1/19) および4個 (4/19) の仮の二対立遺伝子のホモ接合性の系統がそれぞれ60444とTME204から見だされた。残りの植物の系統は大部分がキメラであり、仮のヘテロ接合性であることが見だされた。標的のMePDS領域から5'または3'側に小さな (1 bp) スクレオチドの置換または欠失を観察した。本研究の方法では目視で確認できる変異を短期間で作れるので、キャッサバにおいてCRISPR/Cas9の評価や最適化のために有用である。</p>	[Odiopio J et al] Donald Danforth Plant Science Center 他 米国、ウガンダ、ペルギー、オーストリア
142	植物	トウモロコシ	CRISPR/Cas9	?	Plant Genome	Prospective Targeted Recombination and Genetic Gains for Quantitative Traits in Maize.	2017	10(2).	<p>私の目的は、ターゲットングによる組換えからの選抜の利益は植物におけるターゲットングによる組換え技術の発展を保証するために十分に大きいかを定めることである。ある交配における染色体1本に対する遺伝的な利益を最大化するであろうターゲットングによる組換えの場所を同定するために2つのトウモロコシの実験において量的な性質に対するゲノム規模でのマーカーの効果を使った。B73xMo17集団の中でターゲットングをしない組換えでは、180の組換え同系交配から最良の物を選抜することは検定交雑の収量において7.1%の利益につながった。10本のトウモロコシの染色体の各々に対する1つのターゲットングによる組換えは収量において15.3%の利益につながると予想される。したがって、ターゲットングによる組換えは、ターゲットングしない組換えと比較して212%の相対的な効率があると予想される。B73xMo17集団における5つの他の性質と45の他のトウモロコシの交配における4つの性質については値は105-600%だった。染色体当たりのターゲットングによる組換えはの数が増えるとき予想される利益が増えた。本研究の結果は、ターゲットングによる組換えはトウモロコシにおける量的な性質についての選抜の利益を2倍にできて、ターゲットングによる組換え技術の発展は価値があることを示唆する。現在のマーカーに支援された育種の手順を用いる実験は染色体当たりの予想される利益を評価するために必要である。</p>	[Bernado R et al] Univ. of Minnesota Saint Paul 米国
143	植物	イネ	塩基編集のための試薬 (rBE3, 4)	OsSERK1 (D428N) と pi-ta (S918F)	Sheng Wu Gong Cheng Xue Bao.	Specificity and inheritance of rBE3 and rBE4 endonuclease-induced gene modifications in rice	2017	33(10):1776-1785.	<p>イネの塩基編集のための試薬 (rBE3とrBE4) について詳しく調べるために、rBEエンドヌクレアーゼで修飾されたOsSERK1 (D428N) と pi-ta (S918F) 遺伝子の変異の効率、オフターゲットと遺伝を評価した。PCRとシーケンシングによってOsSERK1 (D428N) と pi-ta (S918F) のために設計したsgRNAの仮のオフターゲット部位を予測して分析した。自家受粉させたT0植物の子孫においてターゲットングによる塩基の遺伝と安定性とT-DNAの分離を特徴付けた。OsSERK1 (D428N) のT0植物のDNAシーケンシングデータの解析では4つの潜在的なオフターゲット部位にスクレオチドの変化はなかった。OsSERK1 (D428N) と Os08g07774は同じsgRNAの標的部位を持つので、両方の遺伝子座で塩基置換が41.67%の頻度で検出された。ターゲットングによる塩基の変異は容易にT1子孫へ伝達できた。さらに、OsSERK1 (D428N) と pi-ta (S918F) のT1トランスジェニック植物において25.0-40.9%の頻度で遺伝的な分離はT-DNAの喪失を引き起こし</p>	[Ren B et al] Chinese Academy of Agricultural Sciences 他 中国
144	植物	イネ	CRISPR/Cas9	Sc-i	Nat. Commun.	Genomic structural variation-mediated allelic suppression causes hybrid male sterility in rice.	2017	8(1):1310.	<p>不一致の集団の間の雑種は通常は不妊を示し、この生殖的な障害はジャポニカ米とインディカ米の雑種の育種を妨げている。Sc遺伝子座の構造的変化とコピー数の変動がジャポニカ-インディカの雑種に不妊をもたらす。ジャポニカの対立遺伝子Sc-iは2つまたは3つの縦に並んで複製された約28 kbの断片を含み、各々は別のプロモーターを持つSc-jホモログを含む。Sc-j/Sc-iハイブリッドにおいては、胞子体の細胞の中のSc-iの高い発現が花粉中のSc-jの発現の抑制とSc-jの花粉の選択的な中絶を引き起こして、伝達の割合のゆがみにつながる。CRISPR/Cas9による3コピーのSc-iの1つまたは2つをノックアウトすることはSc-jの発現と雑種の生殖能力を回復させる。私達の結果は、雑種の不適合性のメカニズムとして遺伝子の量に依存した対立遺伝子の抑制を明らかにして、雑種の育種のために生殖の障害を克服するための効率的な方法を提供する。</p>	[Shen R et al] State Key Lab. for Conservation and Utilization of Subtropical Agro-Bioresources, Guangzhou 他 中国

145	植物	コムギ	CRISPR/Cas9	ユビキチン、同質対立遺伝子	Plant J.	High-efficiency gene targeting in hexaploid wheat using DNA replicons and CRISPR/Cas9.	2017	89(6):1251-1262.	双子葉植物においてはDNAウイルスに基づいたレプリコンを使って遺伝子編集の効率を10倍以上に増強できた。これらのレプリコンは、ターゲティングによる遺伝子修飾を達成するための豊富な配列に特異的なスクレーパーゼと修復のための鋳型を送達するために植物細胞において高コピー数まで一過的に増幅される。本研究では、コムギわい化ウイルス(WDV)の分解した型を作って穀物のゲノム工学のためのレプリコンに基づいたシステムを開発した。コムギの細胞においては、複製しないコントロールに対してレプリコンはレポーター遺伝子の発現において110倍の増加を達成した。さらに、CRISPR/Cas9スクレーパーゼと修復の鋳型を含むレプリコンは非ウイルス性の送達方法よりも内在性のユビキチン 遺伝子座において12倍以上の頻度で遺伝子編集を達成した。Cas9を発現するための強いプロモーターの使用は高い遺伝子編集の頻度を達成するために重要である。6倍体のコムギゲノムにおいて全ての3つの同質対立遺伝子(A, B, D)において相同組換えによって遺伝子ターゲティングによる遺伝子の取り込みも証明した。WDVレプリコンを使って同じコムギの細胞においてマルチプレックスの遺伝子編集が1%の頻度で達成できることを示す。遺伝子編集のための試薬をゲノムに取り込ませる必要がなく、WDVに基づいたDNAレプリコンを使って複雑なゲノムで高頻度の遺伝子編集ができるだろう。	[Gil-Humanes J et al] Univ. of Minnesota 他 米国、中国、スペイン
145	植物	タバコ	CRISPR/Cas9	GFP	Front. Plant Sci.	RNA-Guided Cas9-Induced Mutagenesis in Tobacco Followed by Efficient Genetic Fixation in Doubled Haploid Plants.	2017	7:1995	タバコにおいてはCas9によって誘導された変異の遺伝がまだ証明されていない。トランスジェニックのタバコ系統の持つGFPをターゲットとしてCas9によって変異を誘導した。GFPに特異的なRNA/Cas9コンストラクトを使って再度形質転換して、T ₀ 植物を自家受粉させる、または <i>in vitro</i> 培養の胚発生の花粉または葉の外植片からの再生によって繁殖させた。単一または複数の変異がT ₀ 植物の80%で検出された。これらの変異の約半分は自殖によって遺伝することが証明された。 <i>In vitro</i> 培養の胚発生の花粉からの再生は有性生殖よりもホモ接合性の変異をより効率的に生産した。有性生殖で生産された子孫には見出されない変異の回収が無性生殖の <i>in vitro</i> の植物の繁殖によって可能であることが示されて、体細胞クローンを自殖したときに遺伝する。	[Schedel S et al] Leibniz Inst. of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) 他 Gatersleben ドイツ
146	植物	ベンサミアナタバコ	CRISPR/Cas9	AGO2	Sci. Rep.	Crispr/Cas9 Mediated Inactivation of Argonaute 2 Reveals its Differential Involvement in Antiviral Responses.	2017	7(1):1010.	RNAサイレンシングは植物において重要な抗ウイルスのメカニズムを構成する。小RNAに導かれたArgonauteタンパク質はウイルスの制限のための執行者として作用することによってこの過程において重要な役割を果たす。植物は複数のArgonauteタンパク質をコードして、そのいくつかは抗ウイルス活性を示す。このグループに最近AGO2が加わった。抗ウイルス反応へのその関与は主にシロイヌナズナの変異体を使った研究によって確立された。ウイルス学的なモデル植物であるベンサミアナタバコにおいては、適切な変異体の欠如のためにAGO2の抗ウイルスの免疫への貢献は確かではない。以前の研究はAGO2の発現を抑制するために様々なRNAiに基づいたツールを使った。しかし、これらの技術はいくつかの不利な点があって、特に抗ウイルスのRNAサイレンシングについてである。本研究ではCRISPR/Cas9技術を使ってベンサミアナタバコのAGO2遺伝子を不活性化させた。ago2植物は様々なウイルスに対して異なる感受性を示した。AGO2はPVX、TuMVとTCVに対する植物の免疫反応の重要な成分である。対照的に、AGO2の欠乏はトンプスウイルスとCMVの感染の進行には大きく影響しない。本研究はシロイヌナズナ以外の植物でAGO2の抗ウイルスの役割を初めて示した。	[Ludman M et al] National Agricultural Research and Innovation Centre 他 Gödöllő ハンガリー
147	植物	トマト	CRISPR/Cas9	RIN	Nat. Plant	Re-evaluation of the rin mutation and the role of RIN in the induction of tomato ripening.	2017	3(11):866-874.	トマトのrin変異体は完全に成熟しない。これらは赤い色素を作らず、柔らかくならず、エチレンバーストを誘導しない。したがって、RINは成熟の誘導に不可欠な制御因子として機能すると長く信じられていた。本研究では、RINの機能のこの概念に矛盾する証拠を提供して、RINの非存在下での果実の成熟の誘導を示す。CRISPR/Cas9によって媒介されるRINをノックアウトした変異は成熟の開始を抑制せず、変異果実は穏やかな赤い色素を示した。さらには、rinの変異対立遺伝子の不活性化は成熟の誘導を部分的に回復した。したがって、RINは成熟の開始には必要ではなく、rinはヌル変異ではなく、成熟を積極的に抑制するタンパク質を生産する機能獲得変異である。半世紀前のrin変異体の発見以来、多くのモデルは成熟の誘導に不可欠であるとしてRINを表現してきたが、これらは考え直すべきだ。	[Ito Y et al] National Agriculture and Food Research Organization (NARO) 他 日本

148	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	CBF1/2/3	J. Integr. Plant Biol.	The precise regulation of different COR genes by individual CBF transcription factors in <i>Arabidopsis thaliana</i> .	2017	59(2):118-133.	転写因子(CBF1/2/3)は寒冷応答(COR)遺伝子の発現水準を直接制御することによって、シロイヌナズナの寒冷応答ネットワークにおいて支配的な役割を果たしていることが報告されている。本研究では、cbf1-3のCRISPR/Cas9に媒介された機能喪失の変異体を得た。RNA-seq解析によって同定された3000個以上のCOR遺伝子は4度で12時間処理された後に野生型と比較して変異体においてわずかに有意な発現水準の変化を示した。C-リポド(CRT)モチーフ(5'-CCGAC-3')はCBF2, 3によって発現が上昇する遺伝子のプロモーターで多く見出され、CBF1によって発現が上昇する遺伝子のプロモーターでは多く見出されなかった。これらのデータは、CBF2, 3は下流のCOR遺伝子の異なる組み合わせを制御することによって寒冷応答を支配することにおいてより重要な役割を果たすことを示唆する。COR遺伝子の3分の2以上は2つまたは3つのCBFによって一緒に制御されており、主に細胞内シグナル伝達と代謝過程に含まれる。3分の1以下の遺伝子は1つのCBFによって制御されており、これらの発現が上昇する遺伝子は寒冷に関連した非生物学的なストレス応答に多かった。CBFは複雑な転写ネットワークの中でCOR遺伝子の正確な制御を通じて寒冷抵抗性と植物の成長の間の妥協点で重要な役割を果たすことを私達の結果は示す。	[Shi Y et al] Peking Univ., Beijing 中国
149	植物	イネ	CRISPR/Cas9	SaF, SaM	J. Integr. Plant Biol.	Suppression or knockout of SaF/SaM overcomes the Sa-mediated hybrid male sterility in rice.	2017	59(9):669-679.	イネの亜種であるインディカとジャポニカ間の雑種は通常は実がならず、これが亜種間の雑種の育種において雑種強勢の利用を阻んでいる。複雑な遺伝子座Saは2つの隣り合って位置する遺伝子SaFとSaMから構成されており、ジャポニカ-インディカの雑種においてジャポニカの対立遺伝子を持つ花粉粒の中絶を引き起こす。RNA干渉によってSaFまたはSaMをサイレンシングすると、ヘテロ接合性のSaを持つインディカ-ジャポニカの雑種において雄性的生殖能力が回復した。さらに、雑種と組み合わせられる系統を作るために、CRISPR/Cas9に基づくゲノム編集を使ってインディカ米の系統のSaFおよびSaM対立遺伝子をそれぞれノックアウトした。得られた人工的中立の対立遺伝子は花粉の生存能力と他の農業の性質に影響せず、雑種の生殖のための障壁を壊した。いくつかのイネの系統から天然の中立の対立遺伝子Sa-nが見つかった。これは雑種において典型的なジャポニカまたはインディカのSa対立遺伝子と組み合わせられた。私達の結果は、SaFとSaMは雑種の雄性的不稔性に必要であるが、花粉の発生のためには不可欠ではないことを証明する。	[Xie Y et al] South China Agricultural Univ., Guangzhou 中国
150	植物	イネ	CRISPR/Cas9	SAPK2	Front. Plant Sci.	OsSAPK2 Confers Abscisic Acid Sensitivity and Tolerance to Drought Stress in Rice.	2017	8:993.	SNF1関連プロテインキナーゼ2(SnRK2)は、様々な植物において高浸透圧ストレスのシグナリングとアブシジン酸(ABA)に依存した発生の鍵となる調節因子である。植物に特異的なタンパク質キナーゼファミリーである。イネのサブクラスI, II SnRK2の中で、浸透圧ストレス/ABAによって活性化されるタンパク質キナーゼ2(SAPK2)はABAシグナリングの主要なメディエーターかもしれない。しかし、SAPK2はよく特徴付けられていない。本研究では、CRISPR/Cas9システムを使って作られた機能喪失型の変異体を使ってSAPK2の機能的な性質を解明した。SAPK2の発現水準は干ばつ、高塩濃度、ポリエチレングリコール処理によって強く上昇した。sapk2変異体は発芽とその間の段階でABAに反応しない表現型を示し、SAPK2はABAに媒介される種子の休眠に関連したとても重要な役割を持つことが示唆される。sapk2変異体は野生型よりも干ばつストレスと反応性酸素種に対してより感受性が高く、SAPK2はイネにおいて干ばつ条件下での応答に重要であることを示す。SAPK2は将来の穀物の改良のための研究の潜在的な候補遺伝子であることを示唆する。	[Lou D et al] Chinese Academy of Sciences 他 中国
151	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	FLM-β, δ	J. Exp. Bot.	Contribution of major FLM isoforms to temperature-dependent flowering in <i>Arabidopsis thaliana</i> .	2017	68(18):5117-5127.	シロイヌナズナにおける温度感受性の開花時間経路の成分である開花遺伝子座M(FLM)は、温度に依存したオルタナティブ・スプライシング(AS)によって制御されている。主要なスプライシングバリエーションであるFLM-βは、周囲の成長温度の上昇に反応して発現が抑制されるよく証明された花の抑制因子である。開花時間がFLMのASによってどのように調節されるかを説明するために2つの仮説が作られた。最初のモデルでは、第2のスプライスバリエーションであるFLM-δは上昇した周囲の温度でFLM-βと競合して、間接的に開花を促進する優性阻害のイン型として作用する。あるいは、上昇した温度での開花の誘導は減少したFLM-βの発現によってのみ引き起こされることが示唆された。2つのFLMのスプライス型の役割をよりよく理解するために、CRISPR/Cas9技術を使って、各々のスプライスバリエーションを特徴付けるエクソンを特異的に削除した。抑制されたFLM-βを生産して、FLM-δを生産できない系統は開花が遅かった。対照的に、まだFLM-δを生産するFLM-βノックアウト系統は早く開花したが、機能喪失型の変異体であるflm-3よりも早く開花した。これは、FLM-δが開花に対して優性阻害の効果を持って予想されたことである。私達のデータは、開花の抑制因子としてのFLM-βの役割を支持して、野生型のシロイヌナズナにおいて開花時間の制御へのFLM-δの貢献はないらしいという証拠を提供する。	[Capovilla G et al] Max Planck Inst. for Developmental Biology 他 ドイツ、スウェーデン

152	植物	ダイズ	CRISPR/Cas9	Rfg1	Front. Plant Sci.	The Soybean Rfg1 Gene Restricts Nodulation by Sinorhizobium fredii USDA193.	2017	8:1548.	Sinorhizobium frediiは、ダイズを含む広範なマメ科と窒素固定の共生を確立できる成長の速い根粒菌である。ダイズにおいては、特定の <i>S. fredii</i> 株が植物の遺伝子型の限定されたグループとだけ結節をつくるように、この相互作用は高い特異性を示す。本研究では、 <i>S. fredii</i> USDA193との小結節を制限するダイズの顕性遺伝子の同定を報告する。F2集団の遺伝的マッピングは、以前にクローニングされた <i>Rfg1</i> 遺伝子と基本的な遺伝子座の分離を明らかにした。 <i>Rfg1</i> 対立遺伝子は <i>S. fredii</i> 株 USDA257とUSDA205による小結節形成を制限する植物の耐性タンパク質のToll-インターロイキン受容体/ヌクレオチド結合部位/ロイシンに富んだ繰り返しクラスの一員をコードする。この遺伝子の対立遺伝子の変異型も <i>Bradyrhizobium japonicum</i> USDA122による小結節形成を制限する。相補性試験とCRISPR/Cas9によって媒介される遺伝子ノックアウトによって、 <i>Rfg1</i> 対立遺伝子も <i>S. fredii</i> USDA193による小結節形成への耐性に重要であることを証明する。したがって、 <i>Rfg1</i> 対立遺伝子はダイズにおいて多くの <i>S. fredii</i> と <i>B. japonicum</i> 株による小結節形成への広範囲の耐性を提供するらしい。	[Fan Y et al] Liaocheng Univ. 他 中国、米国
153	植物	シロイヌナズナ	CRISPR/Cas9	RRP42	Front. Plant Sci.	RRP42, a Subunit of Exosome, Plays an Important Role in Female Gametophytes Development and Mesophyll Cell Morphogenesis in Arabidopsis	2017	8:981	エクソソーム複合体はRNAの代謝において重要な役割を果たす。しかし、エクソソームのサブユニットの機能についての現在の研究は限定されている。本研究では、卵細胞に特異的なプロモーターによって制御されたCRISPR/Cas9システムを使って <i>RRP42</i> をノックアウトした。 <i>RRP42</i> はシロイヌナズナのエクソソームにおいて重要なサブユニットをコードして、雌性配偶体の発生において不可欠であるという証拠を提供する。次に、 <i>RRP42</i> を標的とする3つの異なるamiRNAを設計した。 <i>rrp42</i> をノックダウンした変異体は主にまだらになった髯状の葉を示し、特に茎生の葉は著しかった。茎生の葉の内部の解剖は、不規則な形の柵状細胞と減少した密度の葉肉細胞を示した。 <i>rrp42</i> をノックダウンした変異体では後の成長の段階でxyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (XTH)とエクспанシン (EXPA)をコードするmRNAが高度に蓄積していた。 <i>XTH19</i> 、 <i>EXPA10</i> 、 <i>EXPA11</i> に対するmRNAの分解の速度論的解析は、 <i>RRP42</i> が細胞質においてこれらのmRNAの分解で役割を果たしていることを明らかにした。 <i>RRP42</i> は核と細胞質の両方に存在して、 <i>RRP42</i> は後の成長の段階で好んで茎生の葉で発現する。私達の結果は、 <i>RRP42</i> は雌性の配偶体の発生に不可欠であって、葉肉細胞の形態形成に重要な役割を果たすことを証明する。	[Yan X et al] China Agricultural Univ. Beijing 中国
154	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OsLAP6/OsPKS1	Rice	OsLAP6/OsPKS1, an orthologue of Arabidopsis PKSA/LAP6, is critical for proper pollen exine formation	2017	10(1):53	雄性の生殖能力はイネの収量に重要であって、イネの収量の改善は雄性の不稔性の系統に依存する雑種の生産を要求する。花粉の外膜の形成の欠陥のために引き起こされる完全な雄性の不稔の表現型を持つイネの表現型 <i>oslap6</i> を同定した。マルチマップ法を使って、 <i>OsLAP6/OsPKS1</i> の第2エクソンに位置する単一ヌクレオチドの多型の変動が変異体の表現型に重要であることを見出した。 <i>OsLAP6/OsPKS1</i> はシロイヌナズナのPKSA/LAP6のオルソログ遺伝子である。シロイヌナズナのこの遺伝子はスボロポレニンの代謝において機能する。CRISPR/Cas9ゲノム編集技術によって作られた <i>OsLAP6/OsPKS1</i> の他の機能喪失型の変異体も同じ雄性の不稔の表現型を示した。細胞の解析は、 <i>OsLAP6/OsPKS1</i> はbaculumの伸長に影響することによって、花粉の外膜の形成を制御しているかもしれないことを示唆する。発現の解析では、 <i>OsLAP6/OsPKS1</i> はじゅうたん組織に特異的に発現して、その生産物は小胞体に局在することを示した。タンパク質のシーケンス解析は、 <i>OsLAP6/OsPKS1</i> は陸上植物では保存されていることを示した。	[Zou T et al] Sichuan Agricultural Univ. 他 中国
155	植物	?	ODM	?	U.S. Pat. Appl. Publ.	Methods and compositions for increasing efficiency of targeted gene modification using oligonucleotide-mediated gene repair	2017	US 20170051296 A1 20170223	ここで提供するものは、植物細胞においてターゲティングによる遺伝的な変化をもたらすための方法と化合物である。ある観点と実施態様は、ゲノムのまたは他のヌクレオチド配列の中の特異的な位置への修飾のターゲティングの効率を改善することに関連する。ゲノムへの特異的な変化を支配する核酸は、修飾のためにターゲティングされる細胞に存在する天然の修飾システムの成分の有効性を増強するための様々な方法と組み合わせられてよい。	[Beetham PR et al] Cibus US LLC 他 米国、他
156	植物	?	RdDM	?	U.S. Pat. Appl. Publ.	Recombinant construct, recombinant microorganism, recombinant plant cell and method of providing transgenic plants with resistance against DNA virus and RNA virus	2017	US 20170016021 A1 20170119	RdDMによってDNAウイルスの感染に抵抗するために、イントロンの中に存在するカコウアザミ葉脈黄化ウイルス (AYVV) のプロモーター領域のヘアピンコンストラクトを使ってRdDMトランスジェニックシステムを開発するように、1つの構築でDNAウイルスとRNAウイルスの両方に対して同時に耐性を持つトランスジェニック植物を作るための戦略を提供する。さらには、Mellon yellow spot virus (MYSV) の翻訳されないヌクレオカプシドタンパク質 (NP) の断片と組み合わせたAYVVプロモーター領域のヘアピンコンストラクトはMYSVに対する転写後の遺伝子サイレンシング (PTGS) を誘導するために作られる。DNAウイルスとRNAウイルスの同時の制御のためにAYVVとMYSVの両方に対する耐性を与えるトランスジェニック植物を提供するための方法と基礎となるRdDMとPTGSのメカニズムも提供する。	[Yeh SD et al] National Chung Hsing Univ. 台湾

157	植物	キヌア、 Nicotiana occidentalis	Agroinfiltration	apple chlorotic leaf spot virus of 韓国の分離株	Plant Pathol. J.	Generation of an infectious clone of a new Korean isolate of Apple chlorotic leaf spot virus driven by dual 35S and T7 promoters in a versatile binary vector	2017	33(6), 608-613.	apple chlorotic leaf spot virus of 韓国の分離株をアグロインフィルトレーションによってキヌアとNicotiana occidentalisへ導入した。前者は感染せず、後者は感染した。	[Kim IH et al] Chungnam National Univ. Daejeon 韓国
158	植物	トマト、ベンサミアナタバコ	Agroinfiltration	Chickpea chlorotic dwarf virus (CpCDV)、Cotton leaf burewale virus (CLCuBuV)、両者のキメラクローン	Int. J. Agric. Biol.	Construction of an infectious chimeric geminivirus by molecular cloning based on coinfection and recombination	2017	19(4), 629-634.	本研究では、Chickpea chlorotic dwarf virus (CpCDV)の外被タンパク質(CP)をPCRによって取り除き、Cotton leaf burewale virus (CLCuBuV)のCPをPCRで増幅させた物と置き換えた。得られた感染性のCpCDVのクローンが生産されて、後にmasterbegomo chimera (pGH10000MBC)と名付けられた。アグロインフィルトレーションの技術を使って、野生型クローンCpCDVとCLCuBuVとともにキメラクローンをトマトとベンサミアナタバコの苗に注入して、21日後に症状を得た。後に、植物に現れた症状を健康な植物と比較した。この研究は、遺伝的な組換えとパキスタンを含めて世界的なmastervirusとbegomovirusの共存についての私達の意識を詳しく述べて、それらの管理についての基本的な情報を提供するだろう。	[Khalid S et al] Univ. of the Punjab Lahore パキスタン
159	植物	?	Agroinfiltration	?	Methods Mol. Biol.	Effectomics-based identification of cell surface receptors in potato	2017	1578(Plant Pattern Recognition Receptors), 337-353.	ジャガイモ疫病菌のアポプラストのタンパク質を認識する遺伝子型を検出するために通常のアグロインフィルトレーションとジャガイモウイルスX (PVX)のアグロバクテリウムを介した感染を使った。	[Domazakis E et al]
160	植物	ベンサミアナタバコ	Agroinfiltration	2つの赤クローバーSbDV分離株の感染性のクローン	Virus Res.	Strain-specific association of soybean dwarf virus small subgenomic RNA with virus particles	2017	242, 100-105.	アブラムシのためにダイズわい化病ウイルス(SbDV)に植物全体が感染したダイズおよび2つの赤クローバーSbDV分離株の感染性のクローンによってアグロインフィルトレーションさせたベンサミアナタバコの葉に由来するショ糖の勾配によって精製されたSbDVのウイルス粒子はゲノミックRNAをカプシドで包み、株に特異的な方法で小さなサブゲノムRNAと結合した。	[Thekke-Veetil T et al] Univ. of Illinois Urbana 米国
161	植物	タバコ	Agroinfiltration	5'端を削ったOsRGLP2プロモーターに制御されたGUS	Mol. Biotechnol.	Transgenic Analysis Reveals 5' Abbreviated OsRGLP2 Promoter(s) as Responsive to Abiotic Stresses	2017	59(11-12), 459-468.	Germins and germin-like proteins are ubiquitous, expressed at various developmental stages and in response to various abiotic and biotic stresses. In this study, to functionally validate the OsRGLP2 promoter, 5' deletion anal. of the promoter sequences was performed and the deletion fragments fused with the β -glucuronidase (GUS) and green fluorescent protein reporter genes were used for transient expression in tobacco as well as for generating stable transgenic Arabidopsis plants. Very high level of GUS activity was obsd. in agroinfiltrated tobacco leaves by the construct carrying the P-1063 and P-565 when subjected to abiotic stresses. Histochem. anal. of transgenic Arabidopsis plants revealed expression of reporter gene in root, leaf and stem sections of plants harboring P-1063 and P-565. Real-time qPCR anal. of transiently expressed tobacco leaves and transgenic Arabidopsis plants subjected to several abiotic stresses supported histochem. data and showed that P-565 responded to all the stresses to which the full-length promoter was responsive. The data suggest that P-565 may be a good alternative to full-length promoter region that harbors the necessary cis-elements in providing stable and high level of expression in response to wound, salt and temp.	[Shah SH et al] PMAS-Arid Agriculture Univ. Rawalpindi パキスタン
162	植物	トマト	Agroinfiltration	ジャガイモやせいもウイルスの変異体	Virus Res.	Viability and genetic stability of potato spindle tuber viroid mutants with indels in specific loops of the rod-like secondary structure	2017	240, 94-100.	ジャガイモやせいもウイルスのさお様の構造の維持を調べるために、変異体を作ってトマトの葉と根にアグロインフィルトレーションによって導入した。	[Wiesky A et al] Polish Academy of Sciences Warsaw ポーランド
163	植物	ベンサミアナタバコ	Agroinfiltration	キュウリモザイクウイルス2bタンパク質	Physiol. Mol. Plant Pathol.	The subcellular distribution of Cucumber mosaic virus LS2b protein, correlation between its nuclear localization and predicted nuclear localization signals	2017	100, 1-12.	キュウリモザイクウイルス2bタンパク質は遺伝子サイレンシングの抑制因子であることが知られていて、ベンサミアナタバコの葉の表皮性の細胞においてアグロインフィルトレーションによって一過的に発現させた。	[Wang R et al] Northwest Agriculture and Forestry Univ. Shaanxi 中国
164	植物	インゲンマメ	Agroinfiltration	インゲンマメモザイクウイルス(BRMV)	Virus Genes	Construction of an agroinfectious clone of bean rugose mosaic virus using Gibson Assembly	2017	53(3), 495-499.	小さなバイナリーベクターを使ってギブソン・アセンブリー(GA)を応用してインゲンマメモザイクウイルス(BRMV)のアグロバクテリウムを介して感染するクローンを構築した。クローニングの手順が大幅に簡単になって、アグロインフィルトレーションしたインゲンマメから接種後20日でBRMVが回収できて、感染性のクローンが植物組織に広がって効率的に植物全体の感染が作れた。感染性のクローンで機械的に接種したインゲンマメとダイズの栽培品種の葉から接種後2週間でウイルスが回収されて、GAクローニングの効率を確認した。	[Bijora T et al] Univ. Estadual de Maringa Maringa ブラジル

165	植物	ダイズ	Agroinfiltration	coatomer subunit alpha (COPA)、アクアポリン9 (AQ9)	Pestic. Biochem. Physiol.	Agroinfiltration-based expression of hairpin RNA in soybean plants for RNA interference against <i>Tetranychus urticae</i>	2017	142, 53-58.	ハダニ <i>T. urticae</i> に由来する coatomer subunit alpha (COPA) とアクアポリン9 (AQ9) は、それらの二本鎖RNAが multi-unit chamber を介して全身に送られたときに RNAi に基づいた致死性を示す。本研究では、COPA と AQ9 のヘアピンRNA をダイズにおいてアグロインフィルトレーションによって一過的に発現させた。COPA と AQ9 のヘアピンカセットでアグロインフィルトレーションさせたダイズをハダニに食べさせたとき、6日後で累積する死亡率は有意に上昇した。定量的なPCRの解析は、2日後にハダニにおいてCOPAとAQ9の転写物が有意に減少しており、死亡率の有意の上昇はCOPAとAQ9の転写物のノックダウンの結果であることを確認した。私達の結果は、植物の宿主がハダニを制御するための潜在的な遺伝子としてCOPAとAQ9が利用できることを証明した。さらに、トランスジェニック植物を作る前に外来遺伝子の機能を評価するためのツールとしてアグロインフィルトレーションの有効性を証明した。植物宿主で発現させたヘアピンRNAはRNAiを誘導してハダニを殺すという概念を証明した。 The Cucumber mosaic virus (CMV) 2b protein has multiple activities as a viral suppressor of RNA silencing (VSR). Here, we characterized the 2b protein (IA2b) of a CMV-IA isolate. This IA2b protein has two nuclear localization signals, and when it was fused with GFP, the protein was found to be preferentially localized in the nucleus. A transgenic tobacco line, 2b8, expressing the IA2b gene showed an enhanced expression of an agroinfiltrated sense transgene, which indicated that IA2b has VSR activity. When 2b8 plants were crossed with plants showing sense-transgene-induced post-transcriptional gene silencing (S-PTGS), the IA2b protein caused the disappearance of small interfering RNAs (siRNAs) and the S-PTGS phenotype was converted to the overexpression phenotype. When 2b8 plants were crossed with plants showing inverted repeat-induced post-transcriptional gene silencing (IR-PTGS), the IA2b protein did not suppress the accumulation of siRNAs processed from hairpin RNAs and the silencing phenotype was maintained. When a tobacco plant showing an overexpressed phenotype of a sense transgene was crossed with IR-PTGS plants targeting the same transgene, the primary siRNAs that were produced by the IR-PTGS construct triggered the prodn. of the secondary siRNAs through the RNA-dependent RNA polymerase6 (RDR6)-dependent pathway. The IA2b protein suppressed the secondary siRNA formation but not the primary siRNA prodn. from hairpin RNAs, resulting in the silencing phenotype from IR-PTGS being maintained. These results indicate that IA2b suppresses RDR6-dependent siRNA prodn. and does not interfere with the silencing action by siRNA.	[Dubey VK et al] Seoul National Univ. 韓国
166	植物	タバコ	Agroinfiltration	キュウリモザイクウイルス2bタンパク質	Plant Mol. Biol. Rep.	Effects of the 2b Protein of Cucumber mosaic virus Subgroup IB Strain IA on Different Transgene-Induced RNA Silencing Pathways	2017	35(2), 265-272.	Key message: LcMCII-1 is a type II metacaspase. Over-expression of LcMCII-1 in Arabidopsis promoted ROS-dependent and natural senescence. Virus-induced LcMCII-1 silencing delayed the ROS-dependent senescence of the rudimentary leaves of Litchi chinensis. Abstr.: Litchi is an evergreen woody fruit tree that is widely cultivated in subtropical and tropical regions. Its floral buds are mixed with axillary or apical panicle primordia, leaf primordia and rudimentary leaves. A low spring temp. is vital for litchi prodn. as it promotes the abscission of the rudimentary leaves, which could otherwise prevent panicle development. Hence, climate change could present addnl. challenges for litchi prodn. We previously reported that reactive oxygen species (ROS) can substitute low-temp. treatment to induce the senescence of rudimentary leaves. We have now identified from RNA-Seq data a litchi type II metacaspase gene, LcMCII-1, that is responsive to ROS. Silencing LcMCII-1 by virus-induced gene silencing delayed ROS-dependent senescence. The ectopic over-expression of LcMCII-1 in transgenic Arabidopsis promoted ROS-dependent and natural senescence. Consistently, the transient expression of LcMCII-1 in tobacco leaf by agroinfiltration resulted in leaf yellowing. Our findings demonstrate that LcMCII-1 is pos. involved in the regulation of rudimentary leaf senescence in litchi and provide a new target for the future mol. breeding of new cultivars that can set fruit in	[Koizumi M et al] Chiba Univ. Matsudo 日本
167	植物	ベンサミアナタバコ	Agroinfiltration	スイカ緑斑モザイクウイルス	Virus Genes	Complete nucleotide sequences and construction of full-length infectious cDNA clones of cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) in a versatile newly developed binary vector including both 35S and T7 promoters	2017	53(2), 286-299.	スイカ緑斑モザイクウイルスの3つの分離株をアグロインフィルトレーションによってベンサミアナタバコへ導入した。	[Park CH et al] Chungnam National Univ. Daejeon 韓国
168	植物	タバコ	Agroinfiltration	LcMCII-1	Plant Cell Rep.	LcMCII-1 is involved in the ROS-dependent senescence of the rudimentary leaves of Litchi chinensis	2017	36(1), 89-102.	Key message: LcMCII-1 is a type II metacaspase. Over-expression of LcMCII-1 in Arabidopsis promoted ROS-dependent and natural senescence. Virus-induced LcMCII-1 silencing delayed the ROS-dependent senescence of the rudimentary leaves of Litchi chinensis. Abstr.: Litchi is an evergreen woody fruit tree that is widely cultivated in subtropical and tropical regions. Its floral buds are mixed with axillary or apical panicle primordia, leaf primordia and rudimentary leaves. A low spring temp. is vital for litchi prodn. as it promotes the abscission of the rudimentary leaves, which could otherwise prevent panicle development. Hence, climate change could present addnl. challenges for litchi prodn. We previously reported that reactive oxygen species (ROS) can substitute low-temp. treatment to induce the senescence of rudimentary leaves. We have now identified from RNA-Seq data a litchi type II metacaspase gene, LcMCII-1, that is responsive to ROS. Silencing LcMCII-1 by virus-induced gene silencing delayed ROS-dependent senescence. The ectopic over-expression of LcMCII-1 in transgenic Arabidopsis promoted ROS-dependent and natural senescence. Consistently, the transient expression of LcMCII-1 in tobacco leaf by agroinfiltration resulted in leaf yellowing. Our findings demonstrate that LcMCII-1 is pos. involved in the regulation of rudimentary leaf senescence in litchi and provide a new target for the future mol. breeding of new cultivars that can set fruit in	[Wang C et al] South China Agricultural Univ. Guangzhou 中国

169	植物	ベンサミアナタバコ	Agroinfiltration	キュウリモザイクウイルス2b、H ₂ O ₂ scavenger catalase (CAT3)	Plant Cell Rep.	Interaction between Cucumber mosaic virus 2b protein and plant catalase induces a specific necrosis in association with proteasome activity	2017	36(1), 37-47.	キュウリモザイクウイルス2bとH ₂ O ₂ scavenger catalase (CAT3)をアグロインフィルトレーションによってベンサミアナタバコへ導入した。	[Murota K et al] Hokkaido Univ. Sapporo 日本
170	植物	ダンカングレープフルーツ	CRISPR/Cas9, Agroinfiltration	CsPDS, Cs2g12470	Front. Plant Sci.	Editing Citrus Genome via SaCas9/sgRNA System	2017	8, 2135.	本研究ではかんきつ類においてゲノム編集をするためのSaCas9の潜在的な能力を調べることを目的とする。Xccによって促進されるアグロインフィルトレーションを介してのダンカングレープフルーツにおけるSaCas9/sgRNAの過剰な発現は、CsPDSとCs2g12470を修飾できることを示した。後に、バイナリーベクター-GFP-p1380N-SaCas9/35S-sgRNA1::AtU6-sgRNA2を開発して、トランスジェニックCarrizo citrangeにおいてCs7g03360の2つの標的部位を修飾した。12個のGFP陽性のCarrizo形質転換体が確立できて、#Cz1から#Cz12と名付けられた。したがって、かんきつ類のゲノム編集においてSpCas9/sgRNAの代替ツールとしてSaCas9/sgRNAは使える。	[Jia H et al] Univ. of Florida Lake Alfred 米国
171	植物	タバコ	Agroinfiltration	ルンブロキナーゼ	Evid. Based Complement. Alternat. Med.	Transient Expression of Lumbrokinase (PI239) in Tobacco (Nicotiana tabacum) Using a Geminivirus-Based Single Replicon System Dissolves Fibrin and Blood Clots	2017	2017, 6093017.	Lumbrokinases, a group of fibrinolytic enzymes extracted from earthworm, have been widely used to prevent and treat various cardiovascular diseases. They specifically target fibrin to effectively degrade thrombi without major side effects. Plant expression systems are becoming potential alternative expression platforms for producing pharmaceutical proteins. In this work, a lumbrokinase (PI239) was produced from a plant system. Both wild-type (WT) and plant codon-optimized (OP) PI239 gene sequences were synthesized and cloned into a geminivirus-based single-vector DNA replicon system. Both vectors were independently expressed in tobacco (Nicotiana tabacum) leaves transiently by agroinfiltration. Overexpressed PI239 resulted in sudden tissue necrosis 3 days after infiltration. Remaining proteins were purified through His-tag affinity chromatography and analyzed with SDS-PAGE and Western blot methods. Purified PI239 successfully degraded artificial fibrin with relative activity of 13,400 U/mg when compared with commercial lumbrokinase product. In vitro tests demonstrated that plant-derived PI239 dissolved human blood clots and that the plant expression system is capable of producing functional	[Dickey A et al] Northeastern State Univ. 他 中国、米国
172	植物	?	Agroinfiltration	tomato black ring virus	Virus Res.	Construction of Agrobacterium tumefaciens-mediated tomato black ring virus infectious cDNA clones	2017	230, 59-62.	Tomato black ring virus (TBRV) はトマト、ジャガイモ、キュウリなど経済的に重要な植物に広く感染する。TBRVのゲノミックRNAの感染性のある全長のcDNAクローンを報告する。このDNAをCaMV 35Sプロモーターなどと連結してバイナリーベクターへクローニングした。このコンストラクトをアグロバクテリウムによって導入した植物に誘導される兆候は野生型のウイルスによって引き起こされる物と区別できなかった。	[Zarzynska-Nowak A et al] National Research Inst. 他 ポーランド、米国
173	植物	シロイヌナズナ graft	graft		Plant Physiol.	A Genetic Screen for Impaired Systemic RNAi Highlights the Crucial Role of DICER-LIKE 2.	2017	175(3):1424-1437.	Posttranscriptional gene silencing (PTGS) of transgenes involves abundant 21-nucleotide small interfering RNAs (siRNAs) and low-abundance 22-nucleotide siRNAs produced from double-stranded RNA (dsRNA) by DCL4 and DCL2, respectively. However, DCL2 facilitates the recruitment of RNA-DEPENDENT RNA POLYMERASE 6 (RDR6) to ARGONAUTE 1-derived cleavage products, resulting in more efficient amplification of secondary and transitive dsRNA and siRNAs. Here, we describe a reporter system where RDR6-dependent PTGS is initiated by restricted expression of an inverted-repeat dsRNA specifically in the Arabidopsis (Arabidopsis thaliana) root tip, allowing a genetic screen to identify mutants impaired in RDR6-dependent systemic PTGS. Our screen identified dcl2 but not dcl4 mutants. Moreover, grafting experiments showed that DCL2, but not DCL4, is required in both the source rootstock and the recipient shoot tissue for efficient RDR6-dependent systemic PTGS. Furthermore, dcl4 rootstocks produced more DCL2-dependent 22-nucleotide siRNAs than the wild type and showed enhanced systemic movement of PTGS to grafted shoots. Thus, along with its role in recruiting RDR6 for further amplification of PTGS, DCL2 is crucial for RDR6-	[Taochy C et al] Univ. of Queensland 他 オーストラリア、フランス

174	植物	イネ	CRISPR/Cas9	<i>Ghd2</i>	Nat. Commun.	Translational repression by a miniature inverted-repeat transposable element in the 3' untranslated region	2017	8: 14651	<p>小型の逆方向反復の転移可能な因子 (MITE) は DNA トランスポゾンとして植物と動物のゲノム中に広く分布している。以前の研究ではレトロトランスポゾンは翻訳の制御因子として作用することを示唆した。しかし、宿主の mRNA は DNA トランスポゾンによってどのように影響を受けるかは不明である。本研究では、イネの CCT (CONSTANS [CO], CO-LIKE and TIMING OF CAB1) 遺伝子のメンバーである <i>Ghd2</i> の 3'-非翻訳領域 (3'-UTR) に埋め込まれた密航者のような MITE (sMITE) によって媒介される翻訳の抑制メカニズムを報告する。粒の数、植物の高さおよび出穂期を含む重要な農学の性質を <i>Ghd2</i> は制御する。sMITE による <i>Ghd2</i> の翻訳の抑制は主に Dicer-like 3a (OsDCL3a) に依存する。異なるイネの遺伝子の 3'-UTR に存在する他の MITE は翻訳の抑制に対して類似の効果を示す。これは、MITE が翻訳のレベルで一般的な制御の機能を持つことを示唆する。なお、CRISPR/Cas9 技術によってフレームシフトを起こさせて <i>Ghd2</i> をノックアウトした系統は野生型よりも約 7 日早く開花した。</p>	[Jianqiang S et al] Huazhong Agricultural Univ. Wuhan 中国
-----	----	----	-------------	-------------	--------------	--	------	----------	---	--