

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
1	植物	ダイズ	TALEN	FAD3A, FAD3B, FAD3C	PCT Int. Appl.	Modifying soybean oil composition through TALEN nuclease targeted knockout of the FAD3A/B/C genes	2017	WO 2017134601 A1 20170810	TALENを使ってFAD3A, FAD3B, FAD3C遺伝子だけで変異を導入して、またはFAD2-1AとFAD2-1B遺伝子における変異と組み合わせて油の組成を変えたダイズの品種を作るための材料と方法を提供する。	[Mathis L et al.] Cellecctis フランス
2	植物	セイヨウアブラナ	CRISPR/Cas9	12個の遺伝子	Sci. Rep.	CRISPR/Cas9-mediated genome editing efficiently creates specific mutations at multiple loci using one sgRNA in Brassica napus	2017	7(1), 1-13	セイヨウアブラナは異質4倍体のゲノムを持ち、油糧種子を作る重要な穀物である。セイヨウアブラナにおいて12個の遺伝子に対するCRISPR/Cas9法の変異導入の効率、特異性、遺伝を調べた。1つの遺伝子を標的とした変異導入の効率の平均はT0世代において65.3%だった。ホモ接合体はT0世代において容易に検出された。全体の遺伝子変異の48.2%は古典的なメンデルの法則に従って安定にT1世代に遺伝して、新規な変異の出現や元の配列へ戻ることはなかった。予想される部位にオフターゲット変異は検出されなかった。	[Yang H et al.] Huazhong Agricultural Univ. Wuhan 中国
3	植物	オレンジ	CRISPR/Cas9	CsLOB1遺伝子のプロモーター中のエフェクター結合因子 (EBE _{Pth4})	Plant Biotechnol. J.	Engineering canker-resistant plants through CRISPR/Cas9-targeted editing of the susceptibility gene CsLOB1 promoter in citrus	2017	15(12), 1509-1519.	CRISPR/Cas9システムを利用して、かんきつ類の感受性の高い遺伝子であるCsLOB1のプロモーターをターゲットングによって修飾して、カンキツ潰瘍病に耐性になるようにした。オレンジは少なくとも3コピーのCsLOB1 ^G 対立遺伝子と1コピーのCsLOB ^T 対立遺伝子を含む。両対立遺伝子のプロモーターはエフェクター結合因子 (EBE _{Pth4}) を含み、カンキツ潰瘍病菌 (Xcc) の主要なエフェクターであるPth4によって認識されて、CsLOB1の発現が活性化されてカンキツ潰瘍病が促進される。オレンジのCsLOB11プロモーター中のEBE _{Pth4} を修飾するために、Cas9とsgRNAを含む5つのコンストラクトを設計した。これらのコンストラクトを利用したときの変異の率は11.5-64.7%だった。38個の変異植物からEBE _{Pth4} に修飾のある6系統が同定された。4個の変異系統はXccの感染に反応してCsLOB1の誘導がかからず、耐性だった。CsLOB ^G のプロモーターの修飾だけでカンキツ潰瘍病への耐性が上昇した。	[Peng A et al.] Chinese Academy of Agricultural Sciences 他 Chongqing 中国
4	植物	イネ	CRISPR/Cas9	デンプン分岐酵素SBE3	Faming Zhuanli Shengqing	Artificial site-directed mutant of rice starch branching enzyme SBE3 gene	2017	CN 107384946 A 20171124	本発明はイネのデンプン分岐酵素SBE3遺伝子の人工的な部位特異的な変異を開示する。イネのデンプン分岐酵素の部位特異的な変異はSBE3遺伝子の第8エクソンをCRISPR/Cas9システムによって修飾することによって調整すると欠失が起きる。変異体を選抜すると、レジスタントスターチの量が大きく増えて(10%以上)、子孫の分離によって選択マーカーを除去する。	[Yang R et al.] Shanghai Academy of Agricultural Sciences 中国
5	植物	トマト	CRISPR/Cas9	DFD	Faming Zhuanli Shengqing	Application of Cas9-mediated tomato gene editing carrier in breeding transgenic tomato variety with good fruit storage property	2017	CN 107312793 A 20171103	Cas9とsgRNAを含む発現ベクターを構築してアグロバクテリウムLBA4404によってそれをトマトM82へ導入してDFD遺伝子を編集する。得られたトランスジェニックトマトの新しい品種は保存しやすい。植物の成長やその他の性質には影響しない。	[Li N et al.] Xinjiang Academy of Agricultural Sciences 中国
6	植物	トウモロコシ	CRISPR/Cas9	ZmbZIP22	Faming Zhuanli Shengqing	Zea mays transcription factor bZIP22 and application in regulation of 27Kda γ -gliadin	2017	CN 107298701 A 20171027	本発明はグリアジンを制御することにおいてトウモロコシの転写因子を応用することに関連する。この遺伝子によってコードされるタンパク質ZmbAIP22は27 kDaの γ -グリアジンのプロモーターに結合して活性化する。本発明はトウモロコシの若い胚をgRNAとしてZmbZIP22遺伝子断片とともにCRISPR/Cas9技術によって形質転換して、遺伝子の欠失を持った植物を作る。トランスジェニックトウモロコシの種子は不規則で比較的薄いタンパク粒の殻の特徴を持ち、熟した種子ではグリアジンの量が大きく減少しており、必須アミノ酸(通常のトウモロコシには含まれないリジンも含む)の量は大きく増加した。本発明はトウモロコシの栄養学的な性質を改善する。	[Song R et al.] Shanghai Univ. 中国
7	植物	トウモロコシ	CRISPR/Cas9	ZmbHLH167	Faming Zhuanli Shengqing	Application of Zea mays transcription factor ZmbHLH167	2017	CN 107266541 A 20171020	本発明はトウモロコシの転写因子ZmbHLH167とその応用に関連する。ZmbHLH167の遺伝子の配列を示す。この配列をCRISPR/Cas9技術で利用して遺伝子の欠失を持った変異植物を作ることができる。トランスジェニックトウモロコシは発芽速度は影響を受けず、種子が小さくなる。トランスジェニックトウモロコシはデンプンの量が減り、タンパク質と油脂の量が増える。本発明は高品質なトウモロコシの育種のための遺伝的資源である。	[Song R et al.] Shanghai Univ. 中国

8	植物	イネ	CRISPR/Cas9	PIL15	Faming Zhuanli Shengqing	rice PIL15 mutagenesis using CRISPR/Cas9 technology	2017	CN 107164401 A 20170915	本発明はCRISPR/Cas9技術を使ってイネPIL15遺伝子に変異導入することに関連する。OsPIL15遺伝子から標的配列を設計して、CRISPR/Cas9-gRNAベクターをアグロバクテリウムを利用して、もち米ではないイネに導入して、除草剤耐性マーカーを使って陽性のトランスジェニック植物をスクリーニングして、酵素消化とシークエンシングによって変異植物を同定する。得られたコメは4.79%長くなり、高くて安定な収量が得られる。	[Du Y et al.] Henan Agricultural Univ. 中国
9	植物	ジャガイモ	CRISPR/Cas9	GBSSI	Faming Zhuanli Shengqing	Method for reducing amylose content in plant by GBSSI gene editing with CRISPR-CAS9 system	2017	CN 107119071 A 20170901	本発明は、植物においてアミロース含量を減らす方法とその応用に関連する。この方法ではCRISPR/Cas9システムを利用してジャガイモのGBSSI遺伝子を編集することを含む。ここでは2つ以上のsgRNAの配列を使う。本方法は貯蔵根の形成の特徴とジャガイモのアミロース含量を調整できる。植物のでんぶんの質を改良できる可能性がある。	[Zhang P et al.] Jiangsu Sanshu Biotechnology Co., Ltd. 中国
10	植物	ジャガイモ	CRISPR/Cas9	SBEI, SBEII	Faming Zhuanli Shengqing	Method for increasing plant amylose content and application thereof	2017	CN 107058328 A 20170818	本発明は、CRISPR/Cas9システムを使ってキャツサバのSBEIまたはSBEII遺伝子を編集することにある。それによって、でんぶんの組成とジャガイモ植物の性質を大きく変えて、ジャガイモ植物のでんぶん中のアミロース含量を改善して、ジャガイモでんぶん中のアミロペクチンを減らすことができる。また、ジャガイモ植物の貯蔵根の重さ、直径、数を制御して、外来遺伝子の断片を導入せずに新しい系統を作ることができる。	[Zhang P et al.] Jiangsu Sanshu Biotechnology Co., Ltd. 中国
11	植物	コムギ	CRISPR/Cas9	DEP1	Faming Zhuanli Shengqing	wheat DEP1 gene knockout by CRISPR-Cas9 system	2017	CN 107022564 A 20170808	本発明はCRISPR-Cas9システムによるDEP1遺伝子のノックアウトに関連する。この方法はコムギのDEP1タンパク質の発現かつ/または活性を阻害することから構成される。この方法はDEP1遺伝子の3つの部位に同時に変異を導入することによって達成されて、光合成の増強した背の低いコムギを得る。	[Gao C et al.] Chinese Academy of Sciences 中国
12	植物	トウモロコシ	CRISPR/Cas9	Waxy1 (Wx1)	PCT Int. Appl.	Methods for engineering corn lines with knockout mutations in waxy gene using CRISPR/Cas systems	2017	WO 2017132239 A1 20170803	本発明はろうの多いトウモロコシの生産を含む。Casエンドヌクレアーゼを使ってトウモロコシのWaxy1 (Wx1) 遺伝子をノックアウトするための化合物と方法を提供する。	[Cigan A et al.] Pioneer Hi-Bred International, Inc. 米国
13	植物	ナタネ	CRISPR/Cas9	ALCATRAZ (ALC)	Plant Physiol.	CRISPR-Cas9 targeted mutagenesis leads to simultaneous modification of different homoeologous gene copies in polyploid oilseed rape (Brassica napus)	2017	174(2), 935-942.	倍数体の種では遺伝子の重複のためにランダム変異導入法による形質の改変はとも効率が低い。私達は2つのALCATRAZ (ALC) ホモログを標的としてCRISPR-Cas9コンストラクトを使って4倍体のナタネを安定的に形質転換した。ALCは弁膜の縁の発達に含まれており、成熟した果実から種子が粉々になることに貢献している。もし、ALC遺伝子をノックアウトすれば、種子が粉々になることを減らして機械的な収穫の間の種子の損失を避けることができるだろう。私達は1つの標的配列を使って4つのalc変異対立遺伝子を持つトランスジェニックT1植物を得た。すべての変異はT2子孫へ安定に遺伝した。T2世代は野生型の対立遺伝子を持っておらず、元のT1はキメラではない二重のヘテロ接合体であることを証明した。T-DNAとALC遺伝子座はリンクしておらず、T2世代ではランダムに分離した。したがって、私達は初代の子孫の世代ですでにT-DNAを含まない二重変異体を選抜できた。全ゲノムシークエンシングからの情報ではベクター骨格の配列が5つ独立に挿入されていることが明らかになった。標的配列に相動的な2つのゲノム領域にオフターゲット効果は検出されなかった。	[Braatz J et al.] Christian-Albrechts- Univ. of Kiel ドイツ
14	植物	イネ	CRISPR/Cas9	SD1	Faming Zhuanli Shengqing	Method for targeted knockout of rice dwarf gene SD1 by CRISPR/Cas9 technology	2017	CN 106957855 A 20170718	本発明は、CRISPR/Cas9技術を使ってイネの矮性遺伝子SD1を標的としてノックダウンする方法を開示する。イネのカルスにアグロバクテリウムを利用してCRISPR/Cas9を導入する。スクリーニングを行なってトランスジェニックDNAを含まない、SD1遺伝子に変異の入った矮性イネを同定する。	[Chu H et al.] Shanghai Academy of Agricultural Sciences 中国
15	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OsPCCD5	Faming Zhuanli Shengqing	Method for site-directed knockout of second exon of OsPCCD5 gene in paddy rice through CRISPR/Cas9	2017	CN 106939316 A 20170711	CRISPR/Cas9システムを利用してイネのOsPCCD5遺伝子の第2エクソンをノックアウトした。イネのカルスへアグロバクテリウムを利用してCRISPR/Cas9を導入した。得られた植物は背が高く、収量が増えた。	[Luo X et al.] Fudan Univ. 中国

16	植物	コムギ	CRISPR/Cas9	enhanced disease resistance 1 (EDR1)	Plant J.	Simultaneous modification of three homoeologs of TaEDR1 by genome editing enhances powdery mildew resistance in wheat	2017	91(4), 714-724.	コムギは真菌によって起こされるうどん粉病によって大きな損害を受ける。enhanced disease resistance 1 (EDR1)はシロイヌナズナにおいてうどん粉病に対する防御反応で負の役割を果たす。しかし、edr1変異体は恒常的に活性化された防御反応を示さない。EDR1を標的としてゲノム編集を行うとうどん粉病に対する耐性を改善することを目指す。6倍体のコムギからTaEDR1遺伝子をクローニングして、3つのホモログの間で高い類似性を見出した。CRISPR/Cas9技術を使ってコムギEDR1遺伝子の3つのホモログを同時に修飾してTaedr1コムギ植物を作った。オフターゲット変異は検出されなかった。Taedr1植物はうどん粉病に対して耐性であり、うどん粉病によって誘導される細胞死はなかった。	[Zhang Y et al.] Chinese Academy of Sciences Beijing 米国
17	植物	イネ	CRISPR/Cas9	ALS	Faming Zhuanli Shengqing	System for obtaining herbicide resistant rice by site-specific modification of ALS gene by using CRISPR/Cas9 system and application thereof	2017	CN 106811479 A 20170609	本発明は、CRISPR/Cas9システムを使ってALS遺伝子を部位特異的に修飾して除草剤に耐性なイネを得る方法とその応用を開示する。本発明で利用するベクターはCas9タンパク質を発現するためのカセット、gRNAを発現するためのカセットおよびドナーDNAを含む。gRNAを発現するためのカセットは2つのgRNAをコードする。それらの標的部位の間に修飾する断片が位置する。	[Xia L et al.] Chinese Academy of Agricultural Sciences 中国
18	植物	イネ	CRISPR/Cas9	ALS	PCT Int. Appl.	System for obtaining herbicide-tolerant rice by site-directed modifying ALS gene using CRISPR-Cas9 system and use thereof	2017	WO 2017092201 A1 20170608	本発明は、CRISPR/Cas9システムを使ってALS遺伝子を部位特異的に修飾して除草剤に耐性なイネを得る方法とその応用を提供する。	[Xia L et al.] Chinese Academy of Agricultural Sciences 中国
19	植物	イネ	CRISPR/Cas9	DENSE AND ERECT PANICLE 1 (DEP 1)	Plant Cell Rep.	Deletion of a target gene in Indica rice via CRISPR/Cas9	2017	36(8), 1333-1343.	CRISPR/Cas9システムを使って、インディカ米において収量に関連する遺伝子DENSE AND ERECT PANICLE 1 (DEP 1)の大きな断片を高頻度で欠失させて、機能獲得型のdepl1変異体を作った。T0世代において430 bpの標的について21%、10 kbの標的について9%の頻度で遺伝子の欠失を起こした。重要な収量の性質である、濃密で直生の円すい花序が得られて、植物の背が低くなった。	[Wang Y et al.] Syngenta Biotechnology China Beijing 中国
20	植物	イネ	CRISPR/Cas9	BADH2	Faming Zhuanli Shengqing	Method for site-directed mutagenesis of rice BADH2 gene by using CRISPR-Cas9 technology	2017	CN 106676130 A 20170517	本発明は、CRISPR/Cas9システムを使ってイネのBADH2遺伝子に部位特異的に変異を導入する方法を提供する。これによって遺伝資源が効率的に得られる。	[Shen Q et al.] Huazhi Rice Bio-Tech Co., Ltd. 中国
21	植物	カメリナ・サティバ	CRISPR/Cas9	delta-12-desaturase (FAD2)	Plant Biotechnol. J.	Selective gene dosage by CRISPR-Cas9 genome editing in hexaploid Camelina sativa	2017	15(6), 729-739.	多くの植物種において遺伝子量は表現型の変動の重要な原因である。6倍体のゲノムを持つ油糧種子作物であるカメリナ・サティバは3つの近縁の発現するサブゲノムを持ち、コンビナトリアル変異の大きな収作物を作る研究のための理想的な種である。3つのdelta-12-desaturase (FAD2) 遺伝子に対してCRISPR/Cas9システムを利用してターゲットングによって変異を導入すると、多価不飽和脂肪酸の濃度が減少して、オレイン酸の蓄積が上昇した。3つのFAD2遺伝子座についての異なる対立遺伝子の組み合わせ関係はオイル中でのオレイン酸の蓄積が10-62%まで変わる多様な脂質の組成を持ったカメリナ系統を提供する。	[Morineau C et al.] Univ. Paris-Saclay Versailles フランス
22	植物	トマト	CRISPR/Cas9	PSY1	Faming Zhuanli Shengqing	Construction of CRISPR-Cas9 system of tomato PSY1 gene and application thereof	2017	CN 106636182 A 20170510	本発明は、CRISPR/Cas9システムを使ってトマトのPSY1遺伝子を編集することに関連する。本発明によってトマトの果実が熟する過程でのPSY1遺伝子の効果を調べることができる。また、PSY1遺伝子を欠失したトランスジェニックトマトを作ることが可能であり、日持ちのよいトマトの新しい品種を栽培するための重要な役割を果たす。	[Cheng Y et al.] Shanxi Academy of Agricultural Sciences 中国
23	植物	カメリナ・サティバ	CRISPR/Cas9	FAD2	Plant Biotechnol. J.	Significant enhancement of fatty acid composition in seeds of the allohexaploid, Camelina sativa, using CRISPR/Cas9 gene editing	2017	15(5), 648-657.	CRISPR/Cas9システムを使って種子のオイルの組成を改良することを目的としてシロイヌナズナとカメリナ・サティバのFAD2遺伝子を編集した。脂肪酸の組成の中でオレイン酸の量が16%から50%以上に増えたカメリナの種子を得た。この増加はあまり好ましくない多価不飽和脂肪酸であるリノール酸(約16%から4%以下へ)とリノレン酸(約35%から10%以下へ)の大きな減少と関連している。これらの結果、健康のためにより好ましい、酸化に対してより安定など優れたオイルが得られた。異質6倍体であるカメリナでは3つの相同的なFAD2遺伝子を同時に編集するようにgRNAを設計した。カメリナ種子のT ₃ とT ₄ 世代においてオイルの組成を大きく改良したこの戦略は、3つのカメリナのサブゲノムの各々に存在するFAD2遺伝子への生殖細胞変異と体細胞変異の組み合わせと関連していた。	[Jiang WZ et al.] Univ. of Nebraska Lincoln 米国

24	植物	トマト	CRISPR/Cas9	SIAGAMOUS-LIKE6 (SIAGL6)	Plant Biotechnol. J.	Tomato facultative parthenocarp results from SIAGAMOUS-LIKE 6 loss of function	2017	15(5), 634-647.	適度な高温または低温に対する小孢子形成の過程の極端な感受性はトマトの有性生殖と年間を通じた収穫の大きな妨害になっている。したがって、単位結実つまり受精に依存しない着果は地球温暖化の観点から持続可能な農業を行なうために価値のある目標である。高品質の種子のない(単位結実の)果実を作ることができる変異体が、EMSによって変異を誘導したトマトの集合体から熱ストレスの下での収穫を指標にしてスクリーニングして見出された。次世代シーケンシング、マーカーに支援されたマッピングとCRISPR/Cas9による遺伝子ノックアウトによって、SIAGAMOUS-LIKE6 (SIAGL6)が単為結実の表現型の原因であることが確認された。この変異体は、受精に依存した着果を強く妨害する熱ストレスの条件下で果実を生産できる。Slagl6変異体は、正常な重さと形であり、花粉の生存能力は影響を受けず、有性生殖の能力を維持している。したがって、SIAGL6は条件的な単為結実のための魅力的な遺伝子である。	[Klap C et al.] The Volcani Center Agricultural Research Organization Rishon イスラエル
25	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OSNramp5	Faming Zhuanli Shenqing	Method for breeding indica rice with low cadmium accumulation	2017	CN 106544357 A 20170329	カドミウムの蓄積の低いインディカ米の育種の方法を作った。インディカ米からOSNramp5遺伝子をクローニングして、標的部位を決める。CRISPR/Cas9をイネのカルスへ導入して、トランスジェニック苗を得る。陽性クローンをスクリーニングして、トランスジェニック成分を含まない変異植物を得る。	[Tang L et al.] Hunan Hybrid Rice Research Center 中国
26	植物	イネ、トマト	CRISPR/Cas9	acetolactate synthase (ALS)、DELLA (Soylc11g011260)、ETR1 (Soylc12g011330)	Nat. Biotechnol.	Targeted base editing in rice and tomato using a CRISPR-Cas9 cytidine deaminase fusion	2017	35(5), 441-443.	CRISPR-Cas9と活性化誘導シチジン脱アミノ酵素との融合タンパク質 (Target AID)を2つの作物においてsgRNAによって特定されるゲノム領域で点突然変異を誘導するために応用した。イネにおいては、除草剤による選抜を使ってマルチプレックスの編集によって除草剤に耐性にするための複数の点突然変異を誘導した。トマトにおいては、ホモ接合性の遺伝子マーカーを含まない植物を作った。これらによって、作物の改良のために塩基置換が実行できることを証明した。	[Shimatani Z et al.] Kobe University Kobe 日本
27	植物	トウモロコシ、キャノーラ、アルファルファ、イネ、ライ、ソルガム、コムギ、ダイズ	CRISPR/CPF1	?	PCT Int. Appl.	CRISPR-associated protein from Francisella and uses to confer pest resistance in crop plants	2017	WO 2017015015 A1 20170126	本開示は、Francisellaに由来するCRISPR関連CPF1とその変異体、融合体、と核酸の複合体に関連する。CPF1はトウモロコシ、キャノーラ、アルファルファ、イネ、ライ、ソルガム、コムギ、ダイズにおいて害虫への耐性を与えることができ発現できる。	[Weiss D et al.] Emory Univ. 米国 Beijing 中国
28	植物	トウモロコシ	CRISPR/Cas9	ARGOS8	Plant Biotechnol. J.	ARGOS8 variants generated by CRISPR-Cas9 improve maize grain yield under field drought stress conditions	2017	207-216.	トウモロコシARGOS8はエチレン反応を負に制御している。ARGOS8を恒常的に過剰発現するトランスジェニック植物はエチレン感受性が減少しており、干ばつストレス条件下で穀物収量が改善したことを以前の研究で示した。干ばつに耐性な植物を作る育種においてARGOS8の天然の発現の変動を利用できるかを調べるためにARGOS8のmRNAの発現について400以上のトウモロコシの近交を調べたところ、すべての系統でその発現は元のARGOS8トランスジェニック系統よりも少なかった。次に、CRISPR-Casを使ってARGOS8の新しい変異体を作った。天然のトウモロコシGOS2プロモーターは適度な恒常的な発現をもたらすが、これを天然のARGOS8遺伝子の5'-非翻訳領域に挿入するか、またはARGOS8の天然のプロモーターを置換するために使った。ARGOS8変異体は天然の対立遺伝子に対してARGOS8転写物が増えており、これらの転写物は調べたすべての組織で検出された。野生型と比較すると、ARGOS8変異体は開花ストレス条件下で1エーカー当たり5ブッシェルほど穀物の収量が増加しており、十分に灌漑した条件下では収量が減少しないことが現場調査から示された。	[Shi J et al.] DuPont Pioneer Johnston 米国
29	植物	コムギ	CRISPR/Cas9	?	Nat. Commun.	Efficient DNA-free genome editing of bread wheat using CRISPR/Cas9 ribonucleoprotein complexes	2017	8, 14261.	CRISPR/Cas9リボヌクレオプロテイン (RPN)を使ってコムギにおける効率の良いゲノム編集の方法を記載する。RNPの調製から始まって全体のプロトコルは7-9週間しかかからず、4-5個の独立した変異体が100個の未成熟なコムギの胚から作られた。CRISPR/Cas9 DNAを使った編集よりもRNPに媒介されるゲノム編集ではコムギの細胞でのオフターゲット変異の確率ははるかに低くなるのがディープシーケンシングから明らかになった。この知見と一致して、変異植物においてオフターゲット変異は検出されなかった。CRISPR/Cas9 RNPに媒介されるゲノム編集では外来遺伝子が使われていないので、得られた変異体は導入遺伝子を完全に含まない。	[Liang Z et al.] Chinese Academy of Sciences Beijing 中国

30	植物	ジャガイモ	CRISPR/Cas9	顆粒結合デンブリンシンターゼ (GBSS)	Plant Cell Rep.	Efficient targeted multiallelic mutagenesis in tetraploid potato (<i>Solanum tuberosum</i>) by transient CRISPR-Cas9 expression in protoplasts	2017	36(1), 117-128.	一過性のトランスフェクションと単離したプロトプラストからの再生とCRISPR-Cas9技術によって4倍体のジャガイモにおいて顆粒結合デンブリンシンターゼ (GBSS) 遺伝子の機能を完全にノックアウトしてデンブリンの質を変えた。再生した系統の2%までにおいて1回のトランスフェクションですべての4つの対立遺伝子に変異が導入された。GBSSをコードする遺伝子の3つの領域でターゲティングを行なって、再生した芽の2-12%で少なくとも1つの対立遺伝子で変異が起きて、確認された変異系統の67%までで複数の対立遺伝子に変異が導入された。大部分の変異は1-10 bpの小さなindelであるが、分析した系統の10%で34-326 bpのベクターDNAの挿入が見出された。ガイド配列と1塩基異なる対立遺伝子では変異がなかった。デンブリンの表現型の研究によって4つの対立遺伝子に変異した系統においてGBSSの酵素活性が完全にノックアウトされたことを確認した。大量のアミロースを生産するためのGBSSの酵素活性を維持するためには1つの野生型の対立遺伝子が残っていれば十分であることが示された。	[Anderson M et al.] Swedish Univ. of Agricultural Sciences Alnarp スウェーデン
31	植物	トマト	CRISPR/Cas9	?	Sci. Rep.	Rapid generation of a transgene-free powdery mildew resistant tomato by genome deletion	2017	7(1), 482.	CRISPR/Cas9技術を使って10ヶ月以内に真菌の病原菌であるうどん粉病菌に対して耐性な非トランスジェニックなトマトの品種、Tomeloを作成したことを報告する。Tomeloは外来DNA配列を含まず、自然界に存在する変異と区別できない欠失のみを含むことを示すために全ゲノムシーケンシングを使った。CRISPR/Cas9は高度に正確なツールであって、Tomeloにオフターゲット変異が検出されないことを示した。本研究の方法を使えば、選良のまたは地域に適応させたトマトの品種に1年以内に簡単に変異を導入できる。	[Nekrasov V et al.] Norwich Research Park Norwich イギリス
32	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OSNramp5	Sci. Rep.	Knockout of OsNramp5 using the CRISPR/Cas9 system produces low Cd-accumulating indica rice without compromising yield	2017	7(1), 1-12	過剰のカドミウムを含む米は食事からのカドミウムの摂取の主要な源であり、米を食物として消費する人々にとって健康上の深刻な脅威である。カドミウム含量の低い優れたイネの品種の開発は伝統的な育種では難しく、新しい戦略の開発が必要である。本研究では、CRISPR/Cas9を使って金属トランスポーターOsNramp5をノックアウトすることによってカドミウムの蓄積が低くて、外来遺伝子を含まないインディカ米の新しい系統を開発した。水耕培養から、osnramp5変異体の芽と根においてカドミウムの濃度が大きく下がり、カドミウムの高い条件で損なわれていた成長が回復することが明らかになった。カドミウムで汚染された水田での試験では、osnramp5の米ではカドミウム濃度は常に0.05 mg/kgより低く、一方で野生型のインディカ米ではカドミウム濃度は0.33-2.90 mg/kgと高いことを証明した。osnramp5変異体では米の収量は有意に変わらなかった。さらに、米においてカドミウム含量の極めて低い有望なハイブリッド系統を開発した。	[Tang L et al.] Human Agricultural Univ. Changsha 中国
33	植物	トマト	CRISPR/Cas9	ALC	Sci. Rep.	CRISPR/Cas9-induced Targeted Mutagenesis and Gene Replacement to Generate Long-shelf Life Tomato Lines	2017	7(1), 1187	本研究では、相同的な修復のための鋳型の存在下または非存在下でのトマトALC遺伝子の変異および置換を得るために、アグロバクテリウムツメファシエンスによって媒介されるCRISPR/Cas9システムの形質転換の方法を使った。T ₀ トランスジェニック植物においては平均の変異頻度(72.73%)と低い置換の効率(7.69%)が達せられた。T ₀ トランスジェニック植物においてはホモ接合性の変異は検出されなかったが、1つの植物でヘテロ接合性遺伝子(Cas9/*-ALC/alc)は分離と遺伝子型決定のためのT ₁ 世代へ安定に伝達された。最後に、T ₁ 世代におけるT-DNAの挿入のない望ましいalcのホモ接合性の変異(*/*-alc/alc)得られて、優れた貯蔵の成績に重点を置いて、その変異を遺伝子型と表現型の特徴付けによって確認した。したがって、長い保存可能期間の特徴を持ち、劣性でホモ接合性の育種のために優れた品種を作った。	[Yu QH et al.] Xinjiang Academy of Agricultural Science Urumqi 中国
34	植物	イネ	CRISPR/Cas9	MPK21-1	Faming Zhuangli Shengqing	Application of rice kinase MPK21-1 in plant drought resistance control	2017	CN 107338231 A 20171110	本発明は以下の点でイネのMPK21-1キナーゼの応用を開示する。(1)植物の干ばつ耐性の制御。(2)減少または改善された干ばつ耐性をもつ植物品種の育種。干ばつ耐性に関連するイネのMPK21-1キナーゼのタンパク質とヌクレオチドの配列を開示する。	[Gao C et al.] Chinese Academy of Sciences 中国
35	植物	イネ	CRISPR/Cas9	OsMPK11	Faming Zhuangli Shengqing	Identification of <i>Oryza sativa</i> OsMPK11 gene and protein for application in plant drought resistance control	2017	CN 107338230 A 20171110	本発明は以下の点でOsMPK11タンパク質と関連する生物学的材料の応用を開示する。(1)植物の干ばつ耐性の制御。(2)減少または改善された干ばつ耐性をもつ植物品種の育種。OsMPK11のアミノ酸配列を示した。植物の干ばつ耐性に関連する1個または数個のアミノ酸が置換されたOsMPK11の配列、欠失および/または挿入のあるOsMPK11の配列も示す。	[Gao C et al.] Chinese Academy of Sciences 中国

36	植物	イネ	CRISPR/Cas9	KTN80b	Faming Zhuanli Shengqing	Application of KTN80b gene knockout in reducing plant height of rice	2017	CN 10731278 5 A 20171103	本発明は、イネの高さを減らすために使われるKTN80b遺伝子のヌクレオチド配列を提供する。本発明は、OsKTN80b遺伝子をノックアウトするために使われる使われる標的配列も提供する。本発明は、CRISPR-CASシステムを使ってOsKTN80b遺伝子をノックアウトすることによってイネの高さを減らす方法にも関連する。野生型と比較して、このノックアウトした植物は高さが13.56-16.33 %ほど減っていた。この方法は遺伝的なバックグラウンドによって制限されず、悪い性質との連鎖がない。	[Qin P et al] Sichuan Agricultural Univ. 中国
37	植物	イネ	CRISPR/Cas9	NPT1	Faming Zhuanli Shengqing	Ideal plant type gene NPT1 of rice and its application	2017	CN 10716434 7 A 20170915	本発明は、イネの理想的な植物型遺伝子NPT1を開示する。NPT1はイネのひこばえの数、茎の厚さ、円すい花序あたりの米の数、1000個の米の重さ、収量を制御できる。本発明は、NPT1の対立遺伝子、プロモーター配列と相同的な遺伝子も開示して、NPT1に関連する組換えベクター、タンパク質、組換え宿主細胞も開示する。本発明は、改善された収量が得られるイネの栽培法も開示して、それはNPT1遺伝子の発現を低下させることによって、またはOsUBC13およびOsSPL14の発現を増強することによって収量を増やすことを目的とするイネにおいてヨコバイ垂目に対する耐性を制御する遺伝子BGIOGA01651はイネの品種であるBG1222とTN1の研究から見出された。	[Fu X et al] Chinese Academy of Sciences 中国
38	植物	イネ	CRISPR/Cas9	BGIOGA01651	Faming Zhuanli Shengqing	Gene BGIOGA01651 controlling plant hopper resistance of rice and its application	2017	CN 10703422 3 A 20170811	BGIOGA01651は害虫に耐性な品種と感受性のある品種で発現量が有意に異なる。遺伝子工学を利用してBGIOGA01651遺伝子を低下させるまたはノックアウトすることができて、それによって害虫に感受性のある植物を耐性のある植物へ変える。害虫に感受性のあるイネの品種であるTN1はこの遺伝子をノックアウトする前は害虫耐性の評価は9であり、ノックアウト後は評価は0-1へと有意に改善された。	[Li Y et al] Guangdong Academy of Agricultural Sciences 中国
39	植物	?	CRISPR/Cas9	NRT2	PCT Int. Appl.	Method for improving yield, growth and/or nitrogen use efficiency in plants by expressing NRT2 genes	2017	WO 20171079 83 A1 20170629	NRT2遺伝子の発現プロファイルを変えることによって、収量、植物の成長および/または窒素の使用の効率を改善するための方法をここに開示する。核酸コンストラクトと上記の性質を持つ遺伝子操作された植物を含めてそのような植物を作るための方法も提供する。	[Fan X et al] Nanjing Agricultural Univ. 他 中国
40	植物	トウモロコシ	CRISPR/Cas9	LG1	Faming Zhuanli Shengqing	Method for constructing compact plant type germplasm of Zea mays through site-directed mutagenesis and application thereof	2017	CN 10686803 6 A 20170620	ゲノム編集を利用して小型の直立するトウモロコシを作る方法を開発した。このトウモロコシは野生型と比較して葉の角度が小さくなる。この方法ではCas9をコードする遺伝子、sgRNAをコードする遺伝子とそのプロモーターを使う。標的はLG1タンパク質をコードする遺伝子である。LG1タンパク質は、a1タンパク質またはa1タンパク質の配列中に1個のアミノ酸または複数のアミノ酸に置換および/または欠失および/または挿入のあるa2タンパク質である。	[Xie C et al] Chinese Academy of Agricultural Sciences 中国
41	植物	キュウリ	TALEN、CRISPR/Cas9	IF4E	PCT Int. Appl.	Methods of increasing virus resistance in cucumber using genome editing and plants generated thereby	2017	WO 20170985 08 A1 20170615	IF4E遺伝子に機能を失わせる変異をホモ接合性で持つキュウリを提供する。そのような植物を作る方法も提供する。このキュウリはウイルスへの耐性が向上している。	[Gal-On A et al] Volcani Center イスラエル
42	植物	ナツメヤシ	CRISPR/Cas9	?	Front. Plant Sci.	CRISPR/Cas9: A Practical Approach in Date Palm Genome Editing	2017	8, 1469.	オアシスの農業で重要な果実の穀物であるナツメヤシにおいてゲノム編集が行われたことはない。ナツメヤシはゲノムが大きく複雑であることなどのために、CRISPR/Cas9を応用することは難しいかもしれない。持続性のあるナツメヤシの生産を改善するために、CRISPR/Cas9に基づいた手法の潜在的な応用を記す。	[Sattar M N et al] King Faisal Univ. Al-Ahsa 他 サウジアラビア、パキスタン

43	植物	トマト	ZFN	LEAFY-COTYLEDON1-LIKE4 (L1L4, NF-YB6)	Plant Cell Rep.	Targeted gene disruption coupled with metabolic screen approach to uncover the LEAFY-COTYLEDON1-LIKE4 (L1L4) function in tomato fruit metabolism.	2017	36(7):1065-1082.	<p>トマトのL1L4最上位の転写因子の機能解析はトマトの果実の性質に影響を与える重要な代謝の変化をもたらした。種子の貯蔵タンパク質と脂質の生合成の最上位の制御因子である、ヘテロダイマーの核転写因子(NF-Y)転写因子(TF)遺伝子LEAFY-COTYLEDON1-LIKE4(L1L4, NF-YB6)にターゲティングによる変異を持つ系統に由来するトマトの果実を代謝物の含有量と形態について評価した。第4世代の異なるL1L4変異体におけるLC-MS/MSに基づいた解析と物理化学的方法を使った代謝物のスクリーニングはTF破壊の効果の相対的な評価を可能にした。変異導入は先端の突出と対称性においてわずかな形の違いを伴うが、表現型で野生型と類似の果実をもたらした。独立した系統に由来する変異果実は、シュウ酸とクエン酸、フルクトース、β-カロテン、全ポリフェノールと抗酸化剤を含む滴定可能な酸と全代謝物のプロファイルと水分量において有意な変動があった。系統6,7,9においてβ-カロテンと抗酸化活性が最も多く、系統4,8においてコハク酸が最も多かった。いくつかの変異果実において反栄養素であるシュウ酸の量が減少していることは果実の発生においてL1L4遺伝子はこの化合物の蓄積を制御しているかもしれないことを示唆する。変異のある遺伝子を持つ種子の詳細なLC-MS/MS解析から、野生型と比較して生理活性のある化合物にかなりの差があることを示した。これらの結果から、L1L4 TFはトマトの果実と種子における代謝物の重要な制御因子であり、穀物の改良のための分子標的になることを示唆する。</p>	[Gago C et al] Univ. of Algarve ポルトガル、ギリシャ
44	植物	トマト	CRISPR/Cas9	SIGAD2, 3	Sci. Rep.	Efficient increase of γ-aminobutyric acid (GABA) content in tomato fruits by targeted mutagenesis.	2017	7(1):7057.	<p>トマトはGABAの含量が高い。その含量を上げれば、トマトの血圧を下げる機能を強化できる。グルタミン酸脱炭酸酵素(GAD)はGABA生合成の鍵酵素である。GADはC末端に酵素の機能を調節する自己阻害ドメインを持ち、それを欠失させるとGADの活性が上昇する。トマトのゲノムには5つのGAD遺伝子(SIGAD1-5)を持ち、その中の2つ(SIGAD2, 3)はトマトの果実の発生中に発現する。トマト中でGABAの含有量を増やすために、CRISPR/Cas9技術を使ってSIGAD2, 3の自己阻害ドメインを欠失させた。自己阻害ドメインの直前にストップコドンを導入すると、GABAの蓄積は7-15倍に増えて、植物と果実の大きさと収量には多様な効果が現れた。</p>	[Nonaka S et al] Univ. of Tsukuba 日本
45	植物	イネ	CRISPR/Cas9	8つの農学に関連する遺伝子	Sci China Life Sci.	Rapid generation of genetic diversity by multiplex CRISPR/Cas9 genome editing in rice.	2017	60(5):506-515.	<p>私達はCRISPR/Cas9のマルチプレックスのゲノム編集システムを使ってイネにおける8つの農学に関連する遺伝子をターゲティングするためのベクターを構築した。形質転換とDNAシーケンシングによってT₀世代において8つの標的遺伝子は高い変異効率を持つことを私達は見出した。全ての編集遺伝子のヘテロ接合性とホモ接合性の変異がT₀植物に観察された。さらに、ホモ接合性の6つの、7つの、8つの変異が同定された。T₀トランスジェニック植物に多い遺伝子型として、編集された遺伝子に関連した様々な表現型が観察された。</p>	[Shen L et al] Chinese Academy of Agricultural Sciences 他 中国
46	植物	ジャガイモ	CRISPR/Cas9	顆粒結合デンプン合成酵素(GBSS)	Plant Cell Rep.	Efficient targeted multiallelic mutagenesis in tetraploid potato (Solanum tuberosum) by transient CRISPR-Cas9 expression in protoplasts.	2017	36(1):117-128.	<p>CRISPR-Cas9技術を使って一過性のトランスフェクションと単離したプロトプラストからの再生によってジャガイモの顆粒結合デンプン合成酵素(GBSS)遺伝子の機能を完全にノックアウトして、でんぶんの質を変えた。4倍体のジャガイモのプロトプラストにおいてCRISPR-Cas9に媒介される一過性のゲノム編集を適用して、1回のトランスフェクションで再生した系統の2%までで4つの対立遺伝子に変異を導入した。GBSS遺伝子の3つの異なる領域を異なる実験条件で標的として、再生した芽の2-12%で少なくとも1つの対立遺伝子に変異が導入されて、変異が確認された系統の67%までで複数の対立遺伝子に変異が導入された。大部分の変異は1-10 bpの小さなindelであり、分析された系統の10%で34-236 bpのベクターの配列が挿入されていた。ガイド配列から1 bp異なる対立遺伝子には変異が導入されていなかった。多くの系統をスクリーニングするために、PCRに基づいた高分解能断片解析法(HRFA)を使った。この方法は1 bpの分離の限界があって、複数の変異を持つ対立遺伝子を同定できた。でんぶんの表現型の研究によって4つの対立遺伝子に変異を持つ系統においてGBSSの酵素活性の完全なノックアウトが確認された。1つの野生型の対立遺伝子が残っていれば、かなりの量のアミロースを作るためのGBSSの酵素活性を維持するために十分であることが示された。</p>	[Andersson M et al] Swedish Univ. of Agricultural Sciences 他 スウェーデン、イタリア

47	植物	トマト	CRISPR/Cas9	SELF-PRUNING 5G (SP5G)	Nat. Gene	Variation in the flowering gene SELF PRUNING 5G promotes day-neutrality and early yield in tomato.	2017	49(1):162-168.	穀物における昼間の長さの感受性が栽培の地理学の範囲を限定する。したがって、光周期の応答の修飾は栽培化のために重要だった。トマトにおける昼間の長さの感受性の開花の喪失は外来のパラログと開花の抑制因子SELF-PRUNING (SP5G) によってもたらされることを示す。SP5Gの発現は野生種では長い昼間の間に高いレベルに誘導されるが、栽培化されたトマトにおいてはシス制御因子の変動のためにそうならない。SP5GにおけるCRISPR/Cas9工学による変異によって早い開花が引き起こされて、野外のトマトの小さな有限花序の成長の傾向を増強して、花を急いで突発的に作って早い収穫に至る。SP5Gに以前から存在する多様性が南米の赤道付近の原産地から栽培化されたトマトが広がることを促進したことを私達の研究は示唆する。本研究は、育種において収量の性質を迅速に改善するための遺伝子編集の力を証明する。	[Soyk S et al] Cold Spring Harbor Lab. 他 米国、ドイツ、韓国、フランス
48	植物	イネ	CRISPR/Cas9	デンプン分岐酵素 <i>SBEI</i> 、 <i>SBEIIb</i>	Front. Plant Sci.	Generation of High-Amylose Rice through CRISPR/Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis of Starch Branching Enzymes.	2017	8:298.	アミロース含量(AC)と難消化性でんぷん(RS)の多い穀草類は潜在的な健康の利益を提供する。化学物質による変異導入またはRNA干渉を使った以前の研究では、デンプン分岐酵素(SBE)がでんぷんの微細な構造と物理的な性質を決めることにおいて重要な役割を果たすことが証明された。しかし、商業的な系統においてでんぷんの分岐を制御することは難しい。本研究では、イネにおいて <i>SBEI</i> と <i>SBEIIb</i> にターゲティングによる変異を作るためにCRISPR/Cas9技術を使った。T ₀ 世代において <i>SBEI</i> および <i>SBEIIb</i> にindelを持つ得られたホモ接合性または二対立遺伝子の変異系統の頻度は26.7-40%だった。ホモ接合性のT ₀ 系統における変異は安定にT ₁ 世代へ伝達して、二対立遺伝子の系統における変異はメンデルの様式で分離した。フレームシフトによる変異のみを持つ外来遺伝子を含まない植物は分離の後にT ₁ 世代において得られた。 <i>sbeI</i> 変異体と野生型の間に明らかな差は観察されなかったが、 <i>sbeIIb</i> 変異体は分岐のないアミロペクチンに含まれる長い鎖の割合が高く、ACとRS含量が多く、それぞれ25.0%と9.8%になり、でんぷんの微細な構造と栄養学的な性質が変わった。	[Sun Y et al] Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS) 他 中国、ベルギー、米国
49	植物	イネ	CRISPR/Cas9	5つのインプリンティング遺伝子	New Phytol.	Both maternally and paternally imprinted genes regulate seed development in rice.	2017	216(2):373-387.	イネの内胚葉における遺伝子発現、DNAのメチル化と小RNAのゲノム規模での解析とCRISPR/Cas9を使った遺伝子編集技術によって種子の発生のときの5つのインプリンティング遺伝子の機能的なテストを報告する。イネの内胚葉において162個の母系の発現をする遺伝子(MEG)と95個の父系の発現をする遺伝子(PEG)を同定した。これらは小型の逆方向反復転移因子、インプリンティングの差別的にメチル化された遺伝子座、21-22個のsiRNA、長い非翻訳性RNAと関連していた。MEGの3分の1とPEGの約半分は穀物の収量の量的形質遺伝子座と関連していた。大部分のMEGといくつかのPEGは内胚葉で特異的に発現していた。2個のMEGの破壊は小さなでんぷんの顆粒の量を増やして、一粒と胚を小さくして、3個のPEGの変異はでんぷんの含量と生殖能力を低下させる。イネにおけるMEGとPEGの両方が栄養の代謝と内胚葉の発生を制御して、それが親と子孫の共通適応を促進して、種子の発生と子孫の健康を最適化することを私達のデータは示す。これらのインプリンティング遺伝子とメカニズムはイネと他の穀物の収量を改善するために使えるかもしれない。	[Yuan J et al] Nanjing Agricultural Univ. 他 中国、米国
50	植物	トウモロコシ	CRISPR/Cas9	LIGULELUSS1 (LG1)	Plant Biotechnol. J.	RNA-guided Cas9 as an in vivo desired-target mutator in maize.	2017	15(12):1566-1576.	LIGULELUSS1 (LG1) を概念実証として使って、育種において連鎖を減らすためにトウモロコシにおいてCas9システムを利用した。私達のシステムは、T0トランスジェニック植物において51.5-91.2%の変異効率を示した。変異の表現型を安定に発現するT1植物を6種類の多様な受容トウモロコシ系統と交配して、11.79-28.71%のテストした植物は変異体であることを見出した。F2植物の解析は、変異の多くは遺伝することを示した。さらに、雑種は野生型と比較して50%以上減少した有意に小さな葉の角度を持つ。植物を植える実験は、変異植物は有意に高い密度で成長できて、潜在的により大きな収量が見られることを示した。	[Li C et al] National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement 他 中国

51	植物	ダンカン グレープ フルーツ	CRISPR/ Cas9	CsLOB1	Plant Biotechno l. J.	Genome editing of the disease susceptibility gene CsLOB1 in citrus confers resistance to citrus canker.	2017	15(7):817-823.	カンキツ類は価値のある作物だが、潰瘍病やカンキツグリーンリング病などの問題がある。本研究では、ダンカングレープフルーツにおいて潰瘍病に感染しやすい遺伝子CsLOB1をCRISPR/Cas9を使って修飾した。6つの独立した系統であるD _{LOB2} 、D _{LOB3} 、D _{LOB9} 、D _{LOB10} 、D _{LOB11} とD _{LOB12} が作られた。6つの系統のターゲティングによる次世代シーケンシングは変異の割合はD _{LOB2} 、D _{LOB3} 、D _{LOB9} 、D _{LOB10} 、D _{LOB11} 、D _{LOB12} の細胞について各々31.58%、23.80%、89.36%、88.79%、46.91%、51.12%であることを示した。カンキツ潰瘍病菌(Xcc)を接種したときに、D _{LOB2} とD _{LOB3} は野生型と類似の潰瘍病の症状を示した。接種後4日でD _{LOB9} 、D _{LOB10} 、D _{LOB11} 、D _{LOB12} については潰瘍病の症状は観察されなかった。D _{LOB9} 、D _{LOB10} 、D _{LOB11} 、D _{LOB12} においてはXccによって起きる膿疱が後の段階で観察されたが、野生型と比較するとはるかに小さかった。D _{LOB9} 、D _{LOB10} でできた膿疱は典型的な潰瘍病の症状へ発展しなかった。変異植物において副作用やオフターゲット変異は検出されなかった。	[Jia H et al] Univ. of Florida 米国
52	植物	イネ	CRISPR/ Cas9	brd3-D	Plant Mol. Biol.	Novel rice mutants overexpressing the brassinosteroid catabolic gene CYP734A4.	2017	93(1-2):197-208.	CYP734A4の穏やかな過剰発現は主要な円すい花序当たりの粒の数と結実の率を改善する。 brassinosteroid (BR) の恒常性とシグナリングは植物の成長と発生に重要である。CYP734AはBRを分解することによって生理活性のあるBRの濃度を制御するチトクロームP450モノオキシゲナーゼをコードする。しかし、CYP734Aを過剰発現する生殖能力のある植物はイネにおいては報告されていない。本研究では、新しい半顕性変異体brd3-Dを単離した。これにはCYP734A遺伝子の4 kb 上流にT-DNAが挿入されていて、その過剰発現を引き起こす。この変異体は矮性、小さな粒、直立した葉によって特徴付けられて、BRによって誘導される葉身の結合部の傾きと主根の伸長に感受性が低い。しかし、主要な円すい花序当たりの粒の数が増えていることと結実の率が改善されていることはヘテロ接合性のbrd3-Dにおいても見られる。これらの性質はBRを欠損した変異体には報告されていなかった。定量的なリアルタイムPCRの分析はbrd3-D変異体の表現型の重症性はCYP734A4の転写の水準と正に相関していることを示した。CYP734A4の発現が上昇していることと一致して、brd3-D変異体においてはカスタステロン(イネのBR)の量は少なかった。CRISPR/Cas9システムを使ってbrd3-Dをノックアウトすると、変異が元に戻った。35Sエンハンサーを使ってCYP734A4を過剰発現するトランスジェニック植物はbrd3-Dの表現型と似ていて、CYP734A4遺伝子の穏やかな過剰発現は円すい花序当たりの粒の数と結実の率を改善できることを確認した。CYP734A4は新しい高収量のイネの品種を開発するための有用な遺伝子資源を提供するかもしれない。	[Qian W et al] China National Rice Research Inst. 他 中国
53	植物	イネ	CRISPR/ Cas9	OsARM1	Front. Plant Sci.	OsARM1, an R2R3 MYB Transcription Factor, Is Involved in Regulation of the Response to Arsenic Stress in Rice.	2017	8:1868	イネにおけるヒ素の生物学的蓄積はこの有害発癌物質への人の曝露を増やす。最近の研究でヒ素のトランスポーターが同定されたが、それらの制御は不明である。本研究では、イネR2R3MYB転写因子OsARM1(亜硫酸塩に応答するMYB1)がヒ素に関連したトランスポーター遺伝子を制御することを示す。ヒ素(III)による処理はOsARM1の転写物の蓄積を誘導して、OsARM1pro::GUS系統の組織化学的解析は、OsARM1は基底ノードと上部ノードの維管束の節部で発現することを示す。CRISPR/Cas9によってOsARM1をノックアウトした変異体(OsARM1-KO)はヒ素(III)への耐性が改善していた。OsARM1の過剰発現(OsARM1-OE系統)はヒ素(III)への感受性が上昇した。ヒ素(III)で処理した植物でヒ素を測定すると、低ヒ素(2 μM)の条件ではOsARM1-KOにおいてより多くのヒ素が根から新芽へ輸送された。対照的に高ヒ素(III) (25 μM)への曝露ではOsARM1-OEにおいてより多くのヒ素が根に蓄積した。特に、ノード1におけるヒ素(III)の濃度は野生型と比較するとOsARM1-KOにおいて有意に高く、OsARM1-OEにおいて有意に低かった。これは、OsARM1が根から新芽への移動の制御に重要であることを示唆する。さらには、OsLsi1、OsLsi2、OsLsi6は鍵となるヒ素のトランスポーターをコードして、野生型と比較すると、OsARM1-OEにおいて有意に発現が減少して、OsARM1-KOにおいて発現が上昇した。OsARM1-OEのクロマチン免疫沈降-定量的PCRは、OsARM1はイネのOsLsi1、OsLsi2、OsLsi6のプロモーター中の保存されたMYB結合部位に結合することを示す。	[Wang FZ et al] Sun Yat-sen Univ. 他 中国、香港

54	植物	コムギ、ダイズ	Agroinfiltration	フィトエン不飽和化酵素、MLOの3つのhomoeoallele	Front. Plant Sci.	Vacuum and Co-cultivation Agroinfiltration of (Germinated) Seeds Results in Tobacco Rattle Virus (TRV) Mediated Whole-Plant Virus-Induced Gene Silencing (VIGS) in Wheat and Maize	2017	8, 393.	コムギとトウモロコシの葉において確立された方法によってタバコラットウイルスを導入してフィトエン不飽和化酵素をサイレンシングさせて典型的な光退色の兆候を得た。うどんこ病にかかるコムギにおいてうどんこ病への防御応答を抑制するための鍵遺伝子である3つのコムギのMLOのhomoeoalleleを同時にサイレンシングして、うどんこ病に耐性にした。発芽した種の段階でアグロインフィルトレーションさせることもできる。	[Zhang J et al] Zhoukou Normal Univ. 他 中国
55	植物	キャッサバ	graft	Cassava brown steak virus (CBSV) と Uganda cassava brown steak virus (UCBV) の外被タンパク質 (CP) の配列を融合させた物に由来する逆向き繰り返しコンストラクト (p5001)	Front. Plant Sci.	A Virus-Derived Stacked RNAi Construct Confers Robust Resistance to Cassava Brown Streak Disease.	2017	7:2052.	Cassava brown steak disease (CBSD) は2つのウイルス種 Cassava brown steak virus (CBSV) と Uganda cassava brown steak virus (UCBSV) によって引き起こされる。伝統的な育種を通じて多様なレベルの耐性が達せられたが、東アフリカのキャッサバの遺伝資源の中に CBSV に対する効率的な耐性は同定されていない。ウガンダの農民が好むキャッサバの栽培品種 TME204 へ CBSD への耐性を導入するために RNAi 技術を利用した。CBSV と UCBV の外被タンパク質 (CP) の配列を融合させた物に由来する逆向き繰り返しコンストラクト (p5001) を発現するトランスジェニック植物の系統が作られた。CP に由来する siRNA の蓄積について 169 個の独立したトランスジェニック系統を同定するために各 CP 配列に特異的なプローブを使ってノーザンブロットを行なった。siRNA を低、中、高濃度で蓄積しているトランスジェニック植物の系統を芽接ぎして、毒性の CBSV の Naliendele 分離株を単独でまたは UCBV と組み合わせて攻撃させた。葉と貯蔵根の兆候の目視による評価と病原菌の存在を調べるための RT-PCR による診断によって決定されたように、温室での CBSD への耐性は CP に由来する siRNA の濃度に直接関連した。低発現の系統は CBSV と UCBV に感染しやすく、中高レベルに蓄積する植物系統は両ウイルス種に対して耐性である。最高の成績を持つ p5001 トランスジェニック系統にウイルスが検出されないことは、CBSD に感染しやすいベンサミアナタバコとキャッサバ栽培品種 60444 に対して樹液を介してまたは接木への攻撃を介する back-inoculation によってさらに確認した。温室の条件下でのトランスジェニック p5001 TME204 系統の CBSV と UCBV への耐性を本発明は、うどん粉病菌に対して耐性な変異コムギ植物を提供する。TaMLO-A1、TaMLO-B1、TaMLO-D1 の配列に機能喪失型の変異を持つ変異型コムギ植物を作る方法を示す。本発明は変異型 TaMLO-A1、TaMLO-B1、TaMLO-D1 の核酸またはポリペプチドが存在するかを決めるための方法も提供する。	[Beyene G et al] Donald Danforth Plant Science Center 他 米国、ウガンダ、コンゴ、ケニア
56	植物	コムギ	TALEN	TaMLO-A1、TaMLO-B1、TaMLO-D1	U. S. Pat. Appl. Publ.	MODIFIED PLANTS	2017	US 2017/0114361 A1	本発明は、うどん粉病菌に対して耐性な変異コムギ植物を提供する。TaMLO-A1、TaMLO-B1、TaMLO-D1 の配列に機能喪失型の変異を持つ変異型コムギ植物を作る方法を示す。本発明は変異型 TaMLO-A1、TaMLO-B1、TaMLO-D1 の核酸またはポリペプチドが存在するかを決めるための方法も提供する。	[Gao C et al] Chinese Academy of Sciences Beijing 中国