【公報種別】特許法第１７条の２の規定による補正の掲載
【部門区分】第１部門第１区分
【発行日】平成26年9月11日(2014.9.11)

【公表番号】特表2012-525845(P2012-525845A)
【公表日】平成24年10月25日(2012.10.25)
【年通号数】公開・登録公報2012-044
【出願番号】特願2012-509899(P2012-509899)
【国際特許分類】
Ｃ１２Ｎ　15/09　(2006.01)
Ｃ１２Ｎ　1/15　(2006.01)
Ｃ１２Ｎ　1/19　(2006.01)
Ｃ１２Ｎ　1/21　(2006.01)
Ｃ１２Ｎ　5/10　(2006.01)
Ａ０１Ｈ　5/00　(2006.01)
Ａ０１Ｈ　1/00　(2006.01)
Ａ０１Ｈ　5/06　(2006.01)
Ａ０１Ｈ　5/12　(2006.01)
Ｃ０７Ｋ　14/00　(2006.01)
Ｃ１２Ｑ　1/02　(2006.01)
Ｃ１２Ｑ　1/54　(2006.01)
Ａ６１Ｋ　39/395　(2006.01)
Ａ６１Ｋ　39/00　(2006.01)
Ａ６１Ｋ　48/00　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　31/00　(2006.01)
Ｇ０１Ｎ　33/15　(2006.01)
Ｇ０１Ｎ　33/50　(2006.01)
Ｇ０１Ｎ　33/53　(2006.01)
【ＦＩ】
Ｃ１２Ｎ　15/00　ＺＮＡＡ
Ｃ１２Ｎ　1/15
Ｃ１２Ｎ　1/19
Ｃ１２Ｎ　1/21
Ｃ１２Ｎ　5/00　１０２
Ｃ１２Ｎ　5/00　１０３
Ａ０１Ｈ　5/00　Ａ
Ａ０１Ｈ　1/00　Ａ
Ａ０１Ｈ　5/06
Ａ０１Ｈ　5/12
Ｃ０７Ｋ　14/00
Ｃ１２Ｑ　1/02
Ｃ１２Ｑ　1/54
Ａ６１Ｋ　39/395　Ｎ
Ａ６１Ｋ　39/00
Ａ６１Ｋ　48/00
Ａ６１Ｐ　31/00
Ａ６１Ｋ　39/395　Ｄ
Ｇ０１Ｎ　33/15　Ｚ
Ｇ０１Ｎ　33/50　Ｚ
Ｇ０１Ｎ　33/53　Ｄ

【誤訳訂正書】
【提出日】平成26年7月25日(2014.7.25)
【誤訳訂正１】
【訂正対象書類名】特許請求の範囲
【訂正対象項目名】全文
【訂正方法】変更
【訂正の内容】
【特許請求の範囲】
【請求項１】
植物細胞における少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの発現および活性を阻害する方法であって、発現されると該少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの発現を阻害する核酸配列を含む発現ベクターで植物細胞を形質転換することを含み、該少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの活性が細胞からのグルコースの排出であり、そして、該植物細胞が、ダイズ、トマト、アルファルファ、ジャガイモ、エンドウ、コムギまたはトウモロコシにある、または由来する、方法。
【請求項２】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ２、ＳＷＥＥＴ３、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ６、ＳＷＥＥＴ７、ＳＷＥＥＴ８、ＳＷＥＥＴ１６およびＳＷＥＥＴ１７からなる群から選択される、請求項１に記載の方法。
【請求項３】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ７およびＳＷＥＥＴ８からなる群から選択される、請求項２に記載の方法。
【請求項４】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１である、請求項２に記載の方法。
【請求項５】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターが通常、植物細胞の細胞膜に位置する、請求項１～４のいずれかに記載の方法。
【請求項６】
核酸配列が、発現されると、ｄｓＲＮＡであるか、または少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの変異体である、請求項１～５のいずれかに記載の方法。
【請求項７】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの発現を阻害する核酸配列の発現が、植物細胞のグルコース流出の減少をもたらす、請求項１～６のいずれかに記載の方法。
【請求項８】
植物細胞からのグルコース流出の減少が該植物細胞の病原体に対する耐性を増加させる、請求項７に記載の方法。
【請求項９】
病原体がウイルス、細菌および蠕虫からなる群から選択される、請求項８に記載の方法。
【請求項１０】
細菌が植物細菌である、請求項９に記載の方法。
【請求項１１】
植物細菌がシュードモナスまたはキサントモナスである、請求項１０に記載の方法。
【請求項１２】
病原体がウドンコ病菌である、請求項９に記載の方法。
【請求項１３】
ウドンコ病菌がゴロビノミセス・シコラセアラム（Golovinomyces cichoracearum）で

ある、請求項１２に記載の方法。
【請求項１４】
発現ベクターを含む植物細胞であって、該発現ベクターが、発現されると植物細胞における少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの発現を阻害する核酸配列を含み、該植物細胞が、ダイズ、トマト、アルファルファ、ジャガイモ、エンドウ、コムギまたはトウモロコシにある、または由来する、植物細胞。
【請求項１５】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ２、ＳＷＥＥＴ３、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ６、ＳＷＥＥＴ７、ＳＷＥＥＴ８、ＳＷＥＥＴ９、ＳＷＥＥＴ１０、ＳＷＥＥＴ１１、ＳＷＥＥＴ１２、ＳＷＥＥＴ１３、ＳＷＥＥＴ１４、ＳＷＥＥＴ１５、ＳＷＥＥＴ１６およびＳＷＥＥＴ１７からなる群から選択される、請求項１４に記載の植物細胞。
【請求項１６】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ７、ＳＷＥＥＴ８、ＳＷＥＥＴ１１およびＳＷＥＥＴ１５からなる群から選択される、請求項１５に記載の植物細胞。
【請求項１７】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１である、請求項１６に記載の植物細胞。
【請求項１８】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターが通常、植物細胞の細胞膜に位置する、請求項１４～１７のいずれかに記載の植物細胞。
【請求項１９】
植物細胞からのグルコースの流出減少を示す、請求項１４～１８のいずれかに記載の植物細胞。
【請求項２０】
植物細胞からのグルコースの流出減少が該植物細胞の病原体に対する耐性を増加させる、請求項１９に記載の植物細胞。
【請求項２１】
病原体がウイルス、細菌および蠕虫からなる群から選択される、請求項２０に記載の植物細胞。
【請求項２２】
植物細胞が植物またはその一部にある、請求項１４に記載の植物細胞。
【請求項２３】
植物細胞における少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの発現を阻害する核酸が、根、幹、葉、種子、花、果実、葯、密腺、子房、花弁、タペータム、木部、および師部からなる群から選択される植物の一部において発現される、請求項２２記載の植物細胞。
【請求項２４】
イネの細胞における少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターの発現または活性を阻害する方法であって、該少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターをコードする核酸配列に向けられた二本鎖ＲＮＡ（dsRNA）をイネの細胞において形成する１以上のポリヌクレオチドコードする核酸配列を含む発現ベクターであって、発現されるとイネの細胞からのグルコースの流出を低下させる発現ベクターでイネ細胞を形質転換することを含み、該ＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ２、ＳＷＥＥＴ３、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ６、ＳＷＥＥＴ７、ＳＷＥＥＴ８、ＳＷＥＥＴ９、ＳＷＥＥＴ１０、ＳＷＥＥＴ１２、ＳＷＥＥＴ１３、ＳＷＥＥＴ１４、ＳＷＥＥＴ１５、ＳＷＥＥＴ１６およびＳＷＥＥＴ１７からなる群から選択される、方法。
【請求項２５】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターが、ＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷ

ＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ７およびＳＷＥＥＴ８からなる群から選択される、請求項２４に記載の方法。
【請求項２６】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１である、請求項２５に記載の方法。
【請求項２７】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターが通常、植物細胞の細胞膜に位置する、請求項２４～２６のいずれかに記載の方法。
【請求項２８】
イネの細胞からのグルコースの流出減少が該イネの細胞の病原体に対する耐性を増加させる、請求項２４～２７のいずれかに記載の方法。
【請求項２９】
病原体がウイルス、細菌および蠕虫からなる群から選択される、請求項２８に記載の方法。
【請求項３０】
細菌が、植物細菌（phytobacterium）である、請求項２９に記載の方法。
【請求項３１】
細菌が、シュードモナス（Pseudomonas）またはキサントモナス（Xanthomonas）である、請求項３０に記載の方法。
【請求項３２】
病原体がウドンコ病菌である、請求項３１に記載の方法。
【請求項３３】
ウドンコ病菌がゴロビノミセス・シコラセアラム（Golovinomyces cichoracearum）である、請求項３２に記載の方法。
【請求項３４】
発現ベクターを含むイネ細胞であって、該発現ベクターが、少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターをコードする核酸配列に向けられた二本鎖ＲＮＡ（dsRNA）をイネの細胞において形成する１以上のポリヌクレオチドコードする核酸配列を含み、発現するとイネの細胞からのグルコースの流出を低下させる発現ベクターであり、該ＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ２、ＳＷＥＥＴ３、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ６、ＳＷＥＥＴ７、ＳＷＥＥＴ８、ＳＷＥＥＴ９、ＳＷＥＥＴ１０、ＳＷＥＥＴ１２、ＳＷＥＥＴ１３、ＳＷＥＥＴ１４、ＳＷＥＥＴ１５、ＳＷＥＥＴ１６およびＳＷＥＥＴ１７からなる群から選択される、イネ細胞。
【請求項３５】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターが、ＳＷＥＥＴ１、ＳＷＥＥＴ４、ＳＷＥＥＴ５、ＳＷＥＥＴ７、ＳＷＥＥＴ８およびＳＷＥＥＴ１５からなる群から選択される、請求項３４に記載のイネの細胞。
【請求項３６】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターがＳＷＥＥＴ１である、請求項３５に記載のイネの細胞。
【請求項３７】
少なくとも１つのＳＷＥＥＴトランスポーターが通常、植物細胞の細胞膜に位置する、請求項３４～３６のいずれかに記載のイネの細胞。
【請求項３８】
イネの細胞が植物の中に含まれ、そして、イネの細胞からのグルコースの流出減少が該イネの細胞の病原体に対する耐性を増加させる、請求項３４～３７のいずれかに記載のイネの細胞。
【請求項３９】
病原体がウイルス、細菌および蠕虫からなる群から選択される、請求項３８に記載のイネの細胞。

【請求項４０】
発現ベクターが、根、幹、葉、種子、花、果実、葯、密腺、子房、花弁、タペータム、木部、および師部からなる群から選択される植物の一部において発現される、請求項３４～３９のいずれかに記載のイネの細胞。
【誤訳訂正２】
【訂正対象書類名】明細書
【訂正対象項目名】０２２１
【訂正方法】変更
【訂正の内容】
【０２２１】
本発明の別の局面は、植物および植物細胞に対する病原体の活性を調節する方法に関する。病原体（共生生物を含む）は餌を得るためにあるトランスポーターを採用する（Yang et al. 2006 PNAS 103:10503-10508）。Yang et al.は、その遺伝子は、病原型特異的にタイプIII分泌系依存メカニズムによって誘導される、感受性因子であると考えている。マイクロアレイデータを分析することにより、異なる病原体が異なるＧＬＵＥファミリーのメンバーを採用することが示される。病原体がトランスポーターを採用できる一つの手段が、細胞に存在するトランスポーター数またはその活性を増加するために、トランスポーターをコードする核酸のプロモーター領域に影響を与えることである。異なるトランスポーターの導入またはトランスポーターの上流への異なるプロモーターの導入のような操作は、病原体感染を予防でき、共生生物を改善または移動できる。トランスポーターを遮断して病原体感染を予防する化学的阻害剤が同定されうる。葉からの糖の排出は、師部負荷のためのプロトンショ糖コトランスポーターだけでなく、葉肉または師部細胞から排出する細胞エフラクサーも必要とする。操作は植物の生産性に影響し得る。
【誤訳訂正３】
【訂正対象書類名】明細書
【訂正対象項目名】０２５９
【訂正方法】変更
【訂正の内容】
【０２５９】
SWEET1は、シロイヌナズナにおいて１７種のメンバーおよびコメにおいて１９種のメンバーを有する新たなトランスポーターファミリー（ＰＦＡＭ　ＰＦ０３０８３）（図１）の最初に特徴付けられたメンバーである。シロイヌナズナSWEETは多様であり、４つのサブクレードに属し（図１Ａ）、２８～８６％の範囲の同一性を有する（表１および２）。輸送における機能と一致して、SWEETは、７個の膜貫通ヘリックス（ＴＭＨ）によって構築される疎水性ポアを形成すると予測される小さな疎水性タンパク質である。コンピューター解析では、ＳＷＥＥＴの７個のＴＭＨはＴＭＨ４を介して融合した３個のＴＭＨドメインポリペプチド（１－３および５－７）の古い重複によってもたらされることが示唆される（図９Ｈ）。