



遺伝子組換え作物の最新動向 2019年12月

ニュース

- 遺伝子編集によりソルガムのタンパク質含有量を増加
- 欧州委員会、8つのGM製品の食品および飼料への使用を認可
- インドが耐旱魃性および耐病性のヒヨコマメを開発
- 圃場試験で耐疫病性GMジャガイモの有用性が明らかになった
- 国際研究チームは、オオムギの複数の葉のさび病に対する耐性を与える遺伝子を発見
- EUは、遺伝子編集に関する2018年の立法の正当性を研究するよう求めている
- バイテク作物は、最速導入作物技術である
- フィリピンは、食糧および飼料としての直接使用、または加工用にゴールデンライスを承認
- ナイジェリアが初めてGM食品作物、マメノメイガ (POD BORER) 耐性ササゲ、を商業栽培
- ケニアでBTワタの栽培が承認

研究のハイライト

- 植物の鉄吸収制御遺伝子を発見
- ブラジルの科学者が商業用サトウキビの最も完全なゲノム配列を公開

植物育種における革新的研究

- イネいもち病に対する部分的耐性を付与するNLR遺伝子の研究
- キタアケを改善するためにCRISPR-CAS9を使用
- FSANZ、新しい育種技術を使用して得られた食品のレビューに関する最終レポートを公表
- イネの科学者はCRISPR-CAS9を使用して、高収量のセミ矮性イネ系統を開発

ニュース

遺伝子編集によりソルガムのタンパク質含有量を増加

オーストラリアの Ian Godwin 教授が率いるオーストラリアクィーンズランド州農業・食品革新機構 (QAAFI) の研究者が、ソルガムのタンパク質含有量を 9~10 パーセントから 15~16 パーセントに増やす革新的事業を達成した。Godwin 教授は、Brisbane で開催された TropAg 2019 会議で研究成果を発表した。

Godwin 教授は、研究チームがソルガムの遺伝子を編集して、利用可能なタンパク質の消化性レベルの鍵を解除したと述べた。「遺伝子編集により、既存の遺伝子のいくつかをロックアウトできるようになった。」と Godwin 教授が発表した。「これにより作物の消化性が向上した。」とも述べた。

最初の屋外試験は、今後数週間のうちに Brisbane の University of Queensland's St. Lucia Campus で行われる。現在まで、遺伝子編集されたソルガム品種は温室条件下でのみ栽培されてきた。新しい高収量の遺伝子編集品種育種は、Pacific Seeds とのパートナーシップで行われ、さらなる開発事業は、米国で実施される。

詳細は、以下のサイトの論文を御覧ください。 [North Queensland Register](#)

欧州委員会、8つのGM製品の食品および飼料への使用を認可

欧州委員会は、8つの遺伝子組換え生物 (GMO) のすべてについて食品/飼料への使用を承認した。これらは、次の通りである。トウモロコシ MZHGOJG, トウモロコシ MON 89034 x 1507 x NK603 x DAS-40278-9、トウモロコシ MON 89034 x 1507 x MON 88017 x 59122 x DAS-40278-9、トウモロコシ Bt11 x MIR162 x MIR604 x 1507 x 5307 x GA21、ダイズ MON 89788 およびダイズ A2704-12 の更新、ワタ LLCotton25 の更新; アブラナ T45 の更新。

8つの GMO はすべて、欧州食品安全機関 (EFSA) による良好な科学的評価を含む包括的な認可手続きを経ている。認可の決定は、栽培を対象としていないが、10年間有効である。これらの GMO から生産された製品はすべて、EU の厳格なラベル表示とトレーサビリティルールの対象となる。

詳細は、以下のサイトをご覧ください。 [European Commission Daily News](#)

インドが耐旱性および耐病性のヒヨコマメを開発

インドの農家は、まもなく旱性と耐病性が改善された2つの新しいヒヨコマメ品種を

手にできるようになる。これらの品種は、インドの農業研究所と Raichur (Kartanaka) 農業科学大学によって、分子生物学的及び遺伝学的革新技術を使用して、短時間での研究開発ができた。

研究者は、ヒヨコマメの遺伝子地図上の早魃抵抗性を付与する遺伝子を検索したが、相当する遺伝子が見つからなかったため、根の深さや根の体積などの早魃抵抗性に関連する他の特性を検索した。彼らは ICC 4958 遺伝子を特定し、これを Pusa 372 などの最も多く栽培されている品種に移した。結果として生じた早魃抵抗性品種 Pusa 10216 は有望な結果を示し、従来の対応品種よりも 12% 収穫が増加した。

Karnataka 州で人気のヒヨコマメ品種である Annigeri-1 品種は、Fusarium に非常に感受性が高い。したがって、研究者は耐病性品種 (WR315) から Annigeri-1 に遺伝子を持ち、Fusarium に耐性を示し、Annigeri-1 よりも 7% 多い Super Annigeri-1 を作出した。

更なることは、以下のサイトをご覧ください。 [Blog Active EU](#)

圃場試験で耐疫病性 GM ジャガイモの有用性が明らかになった

改良された塊茎の品質と壊滅的な病気の疫病に対する抵抗性を備えた遺伝子組換え (GM) ジャガイモについて、Sainsbury 研究所が実施した圃場試験は、順調に進んでいる。圃場試験は、ジャガイモの野生近縁種である *Solanum americanum* と *S. venturii* からの疫病抵抗性遺伝子で Maris Piper ジャガイモを改変させ、実験室で試験の後に圃場試験を行った。

塊茎の品質を改善するために、改良された Maris Piper 系統では遺伝子がオフまたは「サイレンシング」されており、打撲時の褐変を減らし、冷蔵による甘味の増加、即ち還元糖の蓄積を防いで、高温で調理した時の黒変を防ぐ性質がある。Sainsbury 研究所は、今年初めに DEFRA から管理された条件で 3 年間の圃場試験を進める許可を与えられている。

「収量は野生型 Maris Piper に匹敵するが、疫病抵抗性、打ち傷の減少、還元糖が低いという利点があることを特定した。」と、Sainsbury 研究所の Jonathan Jones 教授は述べている。彼は、この試験の本当に素晴らしいことは、新系統が塊茎の疫病を引き起こす同じ病原体が塊茎に入り、腐敗する可能性があるものに対する抵抗性も示していることであると付け加えた。これにより、ジャガイモ生産者の貯蔵損失が削減される。

詳しいことは、以下のサイトにあるニュースリリースをご覧ください。 [The Sainsbury Laboratory](#)

国際研究チームは、オオムギの複数の葉のさび病に対する耐性を与える遺伝子を発見

King Abdullah University of Science and Technology (KAUST) の研究者が率いる国際チームは、オオムギの複数の赤さび種に対する耐性を付与する遺伝子を特定した。KAUST の砂漠農業センターの Simon Krattinger 氏は、彼らの発見を非宿主抵抗性、つまり病原体のすべての株に対する種全体の抵抗性と呼んでいる。

穀物とさびの関係は、すべての穀物がイネ科に属しているため、非宿主抵抗性の研究に理想的だが、各穀物種は1つの特定のさびだけに感染している（たとえば、コムギの葉さびはコムギにのみ感染する）。オオムギの分子因子は、コムギ葉さび病のコロニー形成を防ぐ。したがって、感染に対するこの分子障壁の生成に関与する遺伝子を特定することは、育種家にとって非常に重要である。

すべてのオオムギ品種は、他の穀物の葉さび病に耐性がある。したがって、オオムギ種には明確な遺伝的変異はなく、どの遺伝子が関与しているかを明らかにできる可能性がある。オランダの KAUST の共同研究者は、1,733 のオオムギ栽培品種にコムギさび病を感染させた。彼らはほとんどの植物が抵抗力があることを発見したが、いくつかの系統は実生段階で葉さび耐性のヒントを示した。チームはこれらの系統を交配して、コムギさび病の影響を非常に受けやすい1つの系統を生成し、それを通常のおオオムギ品種と交配し、非宿主抵抗性を付与する遺伝的変異を特定するために研究した。

詳しくは、以下のサイトにある論文をご覧ください。 [KAUST Discovery](#)

EU は、遺伝子編集に関する 2018 年の立法の正当性を研究するよう求めている

2018 年、欧州司法裁判所による歴史的な決定により、遺伝子編集技術が EU 法の下で扱われるべきとなった。裁定に続いて、この技術を使用して作成された植物および動物は、あたかも遺伝子組換えであり、GMO 指令の下で処理および規制されるべきであるという裁定で終わるまで無限の論争と進行中の議論が続いた。

EU は、現在、欧州委員会に対し、状況を明確にするための調査を実施するよう要請している。フィンランドの農業大臣 Jari Leppa 氏は、評議会は「既存の法律を更新するオプション」に関する研究を要請し、「必要であれば、委員会は GMO 指令を修正する提案を提出する準備をしなければならない」と述べた。この調査は 2021 年 4 月より前に提出し、「国の管轄当局、EU の産業、特に植物育種分野、研究などに影響を与える実質的な質問」に答える必要がある。この研究には、EU が「NBT によって得られた製品を、現在の方法を使用して、自然突然変異の結果の製品と区別できない場合にコンプライアンスを確保する」方法の問題に対する解決策も含める必要がある。委員会は「研究の結果を考慮して、適切であれば提案を提出すべき」と述べている。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧下さい。 [EU Policies](#)

バイオテク作物は、最速導入作物技術である

2018年のISAAA Pocket K 16: Biotech Crop Highlightsによると、バイオテク作物は、近代農業の歴史の中で最速で採用された作物技術と考えられている。1996年の最初の組換え作物の商業栽培が170万haであった時から2018年には、1億9170万ha、当初の約113倍になっている。

2018年に遺伝子組換え作物を栽培した26か国のうち、18か国が遺伝子組換えメガ栽培国、即ち50,000ha以上の栽培国である。米国は、世界の遺伝子組換え作物のトップ生産国であり続け、2018年には7,500万ha栽培し、世界の遺伝子組換え作物の39%となる。ブラジルは5130万ha、世界の27%で2番目になっている。

Pocket K 16は、ISAAA報告書「GM / バイテク作物の世界動向：2018」に基づいている。Pocket Kは、バイオテク作物製品および関連する課題に関する情報のポケット版である。バイオテク作物に関するグローバルナレッジセンターによって開発され、重要なアグリバイオテクノロジー情報をわかりやすいスタイルで提供し、PDFとしてダウンロードして共有と配布を容易にしている。

Pocket K 16 は、以下のサイトからダウンロードできる。[ISAAA website](#)

フィリピンは、食糧および飼料としての直接使用、または加工用にゴールデンライスを承認

2019年12月18日、フィリピン農務省植物産業局（DA-BPI）は、GR2E ゴールデンライスの食品および飼料として、または加工用（FFP）の使用に関する生物安全性承認をフィリピンライス研究所（PhilRice）および国際ライス研究所（IRRI）に与えた。厳格な生物学的安全性評価の後、DA-BPIはゴールデンライスが「従来の米と同じく安全である」とした。

PhilRice 事務局長の John de Leon 博士は、規制に関する積極的な決定を歓迎し、以下のように述べた。「この FFP の承認により、私たちの就学前の子供や妊娠中の女性の多くに影響を与えているビタミン A 欠乏症に関する我が国の問題に非常にやり易い解決策をもたらす。」

IRRI の Matthew Morrell 局長は、「IRRI は PhilRice と協力して、隠れた飢に対処するためにこの栄養についての農業での解決策を進められることを喜ばしく思っている。食糧と栄養の安全性、環境の安全性に対処し、農民の生活を改善するためにバイオテクノロジーを利用する可能性を認識した。」

フィリピンでは、ビタミン A 欠乏症（VAD）が6か月から5歳の子供の20.4%に影響を与えている。ゴールデンライスのベータカロチンは、妊娠中の女性と幼児にビタミン A の推定平均要件（EAR）の30～50%を提供することを目的としている。

フィリピンは現在、ゴールデンライスの安全性を確認している選ばれた国に入った。2018年、オーストラリア食品基準局、ニュージーランド、カナダ保健省、および米国食品医薬品局は、ゴールデンライスの肯定的な食品安全性評価を発表した。バイオセーフティアプリケーションは2017年11月に提出され、現在バングラデシュのバイオセーフティコア委員会によるレビューを受けている。

詳しくは、以下のサイトのニュースリリースを御覧下さい。 [IRRI](#)

ナイジェリアが初めて GM 食品作物、マメノメイガ (POD BORER) 耐性ササゲ、を商業栽培

ナイジェリア連邦政府は、マメノメイガ耐性バイオテク品種の商業栽培を承認した。この開発により、ナイジェリアは遺伝的に改良されたササゲを商業化した最初の国となった。

作物品種の命名、登録、リリースに関する全国委員会は、2019年12月12日に Ibadan で開催された会議で、マメノメイガ抵抗性 (PBR) ササゲの登録と商業的リリースを承認した。この承認は、遺伝子組換え (GM) ササゲの10年以上の集中的な試験の集大成であり、最大80%の収量損失を引き起こす可能性のある害虫であるマメノメイガ (*Maruca vitrata*) の根絶対策の突破口である。

SAMPEA 20-T という新しい品種は、アフリカ農業技術財団 (AATF) による調整の下、いくつかのパートナーと協力して、Zaria の Ahmadu Bello University, 農業研究所 (IAR) の科学者によって開発された。PBR ササゲプロジェクトの主任研究者である Mohammad Ishayaku 教授によると、SAMPEA 20-T はナイジェリアのほとんどの生産地域でササゲ生産の高い収量、早期の成熟性があり、しかもナイジェリア及び他の乾燥したサバンナ地域で大きな制約となる2つの悪名高い寄生雑草である Striga と Alectra に対しても耐性がある。「品種 SAMPEA 20-T のタンパク質と栄養素の含有量は、他の従来の品種と同じである。つまり、品種に導入された Bt 遺伝子は、穀物と飼料の両方の栄養組成に悪影響を与えない。」と Ishayaku 教授は、語っている。

AATF 事務局長の Denis Kyetere 博士は、ナイジェリア連邦政府に新しいササゲ品種をリリースしてくれたことに感謝し、小規模農家の生計向上に向けた強い対応策を示したと述べた。「ササゲ農民は、健康上の問題のある農薬を6~8回散布しなければならない困難な農業条件に耐えなければならない。」と Kyetere 博士は述べた。PBR ササゲは、約500,000トンの国内ササゲ需要不足への対処に貢献し、平均350kg /ヘクタールの国内生産性を改善することになるとも述べている。

詳細は、以下のサイトで Mohammad Ishiyaku 教授と連絡を取って下さい。
mffaguji@hotmail.com

ケニアで BT ワタの栽培が承認

Uhuru Kenyatta 大統領が議長を務めるケニア内閣は、5年間の圃場試験が肯定的な結果を示した後、Bt ワタの商業栽培を承認した。バイオテク作物はケニアの農民の綿花生産を増加させ、ケニアが世界の繊維およびアパレル生産の最前線に立つことを目指しているビッグ4アジェンダの主要部を高めると予想される。

ケニア農業畜産研究機関の研究者は、2020年3月までに27の綿花栽培地域の農家がBtワタの種子を入手できると発表した。

繊維作物局によると、ケニアには約50,000人の綿花農家がいる、年間の需要は368,000ベールに対して30,000ベールしか生産できていない。破壊的なアフリカタバコガに抵抗力があるBt綿の導入は、生産性を現在の推定572 kg / haから2,500 kg / haに高め、生産コストを40%削減することが期待される。2018年には、インド、アメリカ、中国、パキスタン、ブラジルを中心とする15か国にバイオテクワタが栽培された。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [State House Kenya](#)

研究のハイライト

植物の鉄吸収制御遺伝子を発見

New Hampshire 州の Dartmouth 大学の研究者は、植物の鉄吸収の調節を制御する遺伝子を発見した。IRT1 の上流レギュレーター (URI) として知られる新たに発見された遺伝子は、鉄の取り込みを開始するために植物の根で遺伝子を発現させる時期を制御する。チームによると、URI は鉄とは関係のないものも含めて1,500もの他の遺伝子を制御している。

研究者は、URI タンパク質が常に植物に存在することを発見し、この絶え間ない存在は、タンパク質がそれ自体を調節し、元素への毒性が出るほど過剰暴露を避けるために、鉄の充足の状態をどのように感知するかを発見した。しかし、研究者らは、豊富な URI タンパク質の存在は、鉄の状態によって変化しないことを発見した。鉄欠乏状態では、タンパク質はリン酸分子と結合し、一連の遺伝的イベントを活性化して鉄の取り込みシステムをオンにする。URI は、鉄が十分な条件下で植物の根を通る鉄の輸送を遮断するタンパク質も制御する。

鉄は光合成と植物の成長に重要な役割を果たすが、植物が過剰に調節する傾向があるのは非常に反応性が高く毒性を示す。研究チームは現在、より長い時間「オン」の位置にとどまるレギュレーターを備えた品種を開発している。彼らの目標は、植物が人間の消費のために十分な鉄を摂取するようにすることである。

詳しくは、以下のサイトにあるニュースリリースを御覧下さい。 [Dartmouth College](#)

研究のハイライト

ブラジルの科学者が商業用サトウキビの最も完全なゲノム配列を公開

ブラジルの Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) の科学者が率いる国際的な研究者グループは、商業用サトウキビの最も完全なゲノム配列を組み立て、373,869 遺伝子をマッピングした。これは、全ゲノムの 99.1% に相当する。このグループは、サンパウロで栽培されている上位 20 種のサトウキビ品種の 1 つである SP80-3280 の配列を決定した。科学文献では、この品種に関して他のどの品種よりも多くのデータがあるため、今回の配列決定に選択された。

研究者によると、今日の市販のサトウキビ品種は、2 種類のサトウキビ種 (*Saccharum officinarum* と *S. spontaneum*) の異なる品種を数千年にわたって交配することにより育種され、100-130 の染色体に 100 億塩基対を含む非常に複雑なゲノムを持っている。発表された配列により、遺伝子発現を制御する DNA の領域である遺伝子プロモーターを特定することが初めて可能になった。

São Paulo 大学 (USP) の研究者は現在、サトウキビの遺伝的改善のためのツールを開発し、遺伝子組換え (GM) 植物のいくつかの候補遺伝子をテストしている。また、ブラジルの遺伝子改善プログラムで使用されているサトウキビ品種への貢献を理解することを目的として、大規模な遺伝子ファミリーの比較ゲノミクス研究を行っている。研究者は、収量の増加、早魃耐性の強化、サトウキビからの新規化合物の開発に貢献できる遺伝子を見つけることを狙っている。

詳しくは、以下のサイトにあるニュースリリースを御覧ください。 [FAPESP](#)

植物育種における革新的研究

イネいもち病に対する部分的耐性を付与する NLR 遺伝子の研究

全ゲノム研究により、イネいもち病抵抗性に関連する 27 の遺伝子座が特定された。結果は、*Plant Biotechnology Journal* に掲載されている。

これまでの研究では、主要な耐性遺伝子がしばしば破壊されるので、イネの育種プログラムでは、イネいもち病に対する新しい部分耐性遺伝子の発見を目指して研究されてきた。中国農業科学アカデミーの科学者は、584 のイネ登録があり、700,000 の単一ヌクレオチド多型 (SNP) マーカーで遺伝子型が特定されたイネ多様性パネル II (C-RDP-II) のコアコレクションを使用した。C-RDP-II アクセッションに対して中国のさまざまな場所から収集された 3 つのイモチ株を接種した。これにより、イネいもち病抵抗性に関連する 27 の遺伝子座が特定されたが、22 の遺伝子座は既知のいもち病抵抗性遺伝子または QTL にリンクしていなかった。

研究者らは、遺伝子座の1つにヌクレオチド結合部位ロイシンリピート (NLR) 遺伝子クラスターを発見した。NLR 遺伝子の1つは、複数の部分耐性イネ品種で保存されていることがわかり、その発現はイネいもち病の初期段階で大幅にアップレギュレートされる。CRISPR-Cas9 を遺伝子導入植物で使用して遺伝子をノックアウトすると、4つのイモチ株で部分的なイモチ耐性が見つかった。

研究論文は、以下のサイトにあります。 [Plant Biotechnology Journal](#)

キタアケを改善するために CRISPR-CAS9 を使用

Gadjah Mada 大学とインドネシアのバイオテクノロジーおよび遺伝資源研究開発センターの科学者は、CRISPR-Cas9 法を使用して優れたイネ品種を開発することにより、より少ない土地で食糧供給を増やすことを目指した。彼らは、GA20ox-2 遺伝子を変異させて、収量と早魃耐性を高めることを目標とした。結果は *Agricultural Science journal* に掲載されている。

研究者は、GA20ox-2 遺伝子発現レベルを研究し、早魃条件下での CRISPR-Cas9-OsGA20ox-2 突然変異系統「キタアケ」T2 世代の耐性レベルを研究するために、非トランスジェニック突然変異植物 (非 Cas9 および hpt 遺伝子) を入手した。20 の非トランスジェニック植物を生成したところ、Cas9 および hpt 遺伝子の発現レベルは 0~50% の範囲だった。44 塩基の削除と 2 塩基の挿入による DNA 変異は、RNA に転写された。転写により、野生型と比較してアミノ酸が少なくなり、さまざまな表現型の発現がもたらされた。突然変異体系統の1つは、より低い草丈と葉の長さを示したが、作物の収量を低下させなかったが、早魃に対する耐性を改善できなかった。

研究論文は、以下のサイトでご覧下さい。 [Agricultural Science Journal of Universitas Gadjah Mada](#)

FSANZ、新しい育種技術を使用して得られた食品のレビューに関する最終レポートを公表

オーストラリア・ニュージーランド食品基準 (FSANZ) は、新しい育種技術 (NBT) を使用して開発された食品の最終レビューを公表した。分野により見解は異なるが、新育種技術 (NBT) 由来の食品の安全性と規制については、現在の定義には明確性がなく、今後の目的に適合しないことに賛意を示した。

FSANZ は 2018 年に、主要な関係者および各種分野の他の人々と、NBT 由来の食品に関する彼らの見解に関して協議を実施した。具体的には、これらの協議は、NBT 由来の食品を市販前承認のためにどのように捕獲すべきかについての回答者の見解を説明することを目的としていた。さらに重要なことは、「遺伝子技術を使用して生産された食品」お

よび「遺伝子技術」という用語の定義を改善し、さらに明確にする必要があるかどうかを判断することも意味していた。FSANZ のコンサルテーションペーパーは 2018 年 2 月にリリースされ、上記の両方の用語の定義が「目的に適合せず、明確性に欠けている」というフィードバックが寄せられた。

2018 年の諮問に続いて、2019 年 12 月にリリースされた NBT 由来食品に関する FSANZ の最終レビューが行われた。ここで、パネルは以下の推奨事項を作成しました。(1) FSANZ は、現在および新しい遺伝子技術を明確に定義し、これらを入れ込むために改善と時代に合った改善を提案する。(2) 提案を行う際に、FSANZ は、NBT 由来の食品が、それらがもたらすリスクに対して適切な方法で規制されることを保証する。(3) FSANZ は、遺伝子組換えと NBT についての認識を高め、提案書を作成する過程ですべての利害関係者と積極的に関わる。

FSANZ は 2020 年に提案の作業を開始する。この過程で FSANZ は、定義を修正する際に、推奨事項、提案の期間、および規制オプションを進める方法を考慮する。

詳細は、以下のサイトの全論文を御覧下さい。[FSANZ](#)

イネの科学者は CRISPR-CAS9 を使用して、高収量のセミ矮性イネ系統を開発

中国国立イネ研究所の科学者は、CRISPR-Cas9 を使用して、いくつかの望ましい農業形質を持つエリート中国イネ品種のセミ矮性イネ (SD1) をゲノム編集した。結果は *Scientific Reports* で公開されている。

イネ品種間の遺伝的多様性の拡大は、作物の遺伝的浸食または遺伝的変異の喪失を防ぐために不可欠である。このように、研究者たちはエリート在来種である Kasalath と TeTePu の SD1 をゲノム編集した。SD1 の変異により、草丈が短くなり、耐倒伏性が向上した。圃場試験により、望ましい農学的特性を維持しながら、野生株の前駆体と比較して変異株の収量が改善されたことが示された。

結果に基づいて、研究者は、利用可能な在来種とゲノム編集技術を使用した育種が現代のイネ品種の遺伝的侵食を防ぐことができると結論付けた。

研究論文は以下のサイトからダウンロードできる。[Nature](#)