



遺伝子組換え作物の最新動向 2020年9月



コロナウイルス最新情報

- SARS-COV-2の最も包括的な遺伝子構造地図が発表された

ニュース

- 3つの最も厄介な農業上の雑草の遺伝子が公表された
- ルビスコの進化史で欠落しているリンクをUC DAVIS主導の研究で発見
- 第3回農業バイオ技術・バイオ安全に関する規制・広報に関するアジア短期コースが開講
- 米国環境保護庁は、特定の植物体内獲得保護産物 (plant-incorporated protectants、PIP) に対する規制を緩和することを提案
- キャッサバ育種を促進するための新知見 8 万以上の大規模な遺伝的研究でコムギの多様性を明らかにした
- 中国での BT ワタの生産量が 10 倍に増加
- 縞さび病 (黄さび病) 抵抗性のために同定された 10 の新遺伝子
- アイルランド飢饉の原因となったジャガイモ疫病に対する新しい抵抗性遺伝子を同定

研究のハイライト

- 食用植物由来ワクチンの可能性についてのレビュー
- 土壌中の無脊椎生物に対する BT 作物の影響のメタ分析調査
- 大腸菌による光合成を改善するための方策を提供

育種に関する革新技术

- 韓国が初の遺伝子組換え食用作物を推進
 - 韓国初のゲノム編集ペチュニアが米国で承認
 - CRISPR-CAS9 を用いてイネの出穂期に関与する遺伝子を明らかにした
-

コロナウイルス最新情報

SARS-CoV-2 の最も包括的な遺伝子構造地図が発表された

[SARS-CoV-2](#) が細胞に感染するために使用するその RNA 内の構造が科学者によって確認され、SARS-CoV-2 [ゲノム](#) のこれまでで最も包括的な遺伝子地図が作成された。RNA 科学者の Anna Marie Pyle 氏が率いる Howard Hughes Medical Institute (HMHI) のチームは、このたび、このゲノム構造について、これまでで最も包括的な遺伝子地図を作成した。

Pyle 氏のチームは、生細胞とコンピューター解析を用いて、コロナウイルス SARS-CoV-2 の RNA ゲノム全体の構造をマッピングした。SARS-CoV-2 のゲノムは約 30,000 文字の RNA で、RNA ウィルスとしては異例の長さである。それでも、ヒトや植物はいうに及ばず細菌に比べてもそのゲノム大きくはない。SARS-CoV-2 の RNA を立体的な形にして、限られた遺伝子数を補うための別の方策がとられている。「RNA ウィルスは、そのゲノムをどのように利用するかという点で、最も大きな遺伝子の活用を図っている。」と Pyle 氏は述べている。

Pyle 氏のチームは、2 つの並行したアプローチで SARS-CoV-2 のゲノムを解読した。1 つは、感染した細胞内から RNA の構造を調べたもので、チームは RNA ゲノムの全構造のスナップショットを作成した。これは、生細胞内でのウィルスゲノムの包括的な画像を捉えた初めての研究である。関連する研究では、研究チームは、SARS-CoV-2 の RNA ゲノムがどのように折りたたまれ、自分自身と相互作用するかを予測しようとした。この 2 つの研究は、まだピアレビューと呼ばれる科学的な審査を受けていないが、これらの研究を合わせると、SARS-CoV-2 のゲノムが複雑でコンパクトな構造を持っていることが明らかになった。「コロナウイルスゲノムは、私の研究室が過去に研究したどの RNA よりも多くの構造を持っている。」と Pyle 氏は、述べている。

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

ニュース

3 つの最も厄介な農業上の雑草の遺伝子が公表された

科学者たちは、最も厄介な農業上の雑草の 3 種すべてについて、これまでで最も包括的な [ゲノム](#) 情報を発表し、有用な雑草解決策に向けた科学的発見の新時代を迎えるにふさわしいものを提供した。ヒユ (Waterhemp)、ホソアオゲイトウ (Smooth pigweed)、ブタクサ (Palmer amaranth) の 3 種は、[米国](#) および世界中の作物生産に影響を与えている。

これは、大きなパズルのピースが小さなピースよりも全体像を明確に把握できるのと同様に、ゲノムの完全性と連続性を保ちながらゲノムの長い配列決定が可能な先進技術を用いて三種のゲノムを組み上げたものである。ブタクサ (Palmer amaranth) の解析に当たっては追加のシーケンス技術(クロマチンコン構造捕捉配列決定)が使用された。同様に、ヒユ (Waterhemp) とホソアオゲイトウ (Smooth pigweed) のゲノムの組み上げを改善するために、研究チームは、牛の研究で開発されたトリオビンニング (trio binning) *として知られているこれまで植物では用いられたことのない革新的なアプローチを用いた。

*トリオビンニングは二倍体ゲノムのアセンブリーを改善するものであり、ハプロタイプの多様性の解明に有効な方法で、両親のゲノムのショートリードを用いるものである。最初の試みは、仔牛のロングリードをハプロタイプ特異的なセットに分割し、続いて個々のハプロタイプを別々に組み立て、完全な二倍体を再構築する方法である。Nature Biotechnology, 26,1174-1182(2018)

この3種すべてのゲノムは、これらの雑草の [除草剤耐性](#)問題を解決するための大きな一歩となる。ヒユ (Waterhemp) やブタクサ (Palmer amaranth) では、非標的部位や代謝抵抗性について雑草がダメージを受ける前に除草剤を無害化することができるようになってきている証拠の発見が増えてきている。研究者たちは、原因となる酵素をノックアウトするか、除草剤の分子を修正して無害化を回避することを期待できるものをリスト化できるようにもなっている。

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

ルビスコの進化史で欠落しているリンクを UC DAVIS 主導の研究で発見

カリフォルニア大学デービス校 (UC DAVIS) の研究者たちは、光合成と炭素固定の進化史で欠けていたリンクを発見した。新たに発見された植物酵素ルビスコの形は、24 億年以上前にさかのぼり、植物の進化と育種に新たな知見を与えることになる。

ルビスコは地球上で最も豊富に存在する酵素であり、植物、藍藻類 (アオコ)、その他の光合成生物に存在する。第一型ルビスコは、炭素固定のプロセスの中心であり、地球上で最も古い炭素固定酵素の一つである。第一型ルビスコは、シアノバクテリアが光合成によって酸素を生成して地球の大気を変化させた大酸素化現象の前の 24 億年以上前に出現した。地球上の炭素固定の大部分を担っているのは、この第一型ルビスコである。

8 月 31 日に *Nature Plants* 誌に掲載された研究では、UC Davis 生物科学部の博士研究員である Doug Banda 氏と UC Davis、UC Berkeley、Lawrence Berkeley 国立研究所の研究者が、これまで知られていなかった第一型ルビスコの類似型を発見したことを報告している。この新しいプライム I 型ルビスコと呼ばれ、環境から得られたサンプルと研究室で合成されたもののゲノム配列決定して発見された。この新しい型のルビスコは、

第一型ルビスコルビスコの構造進化について新たな知見を与え、この酵素がどのようにして地球を変えていったかについての手がかりを与える可能性がある。

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

第3回農業バイオ技術・バイオ安全に関する規制・広報に関するアジア短期コースが開講

持続可能な農業に資する農業バイオ技術の可能性を引き出すには、研究開発だけでなく、効果的な広報、科学的根拠に基づいた国内規制の枠組み、国際的な法的手段の十分な理解など、その他の要素を統合することに依存している。農業バイオ技術とバイオセーフティ分野のキープレイヤー間の強力な協力関係を促進し、知識を深めるために、ISAAAは、2020年11月23-26日にISAAA SEAsiaCenterが主催する「農業バイオ技術・バイオ安全に関する規制・広報に関するアジア短期コース(ASCA)」の第3回をZoomを介して開催する。

このショートコースの目的は以下の通りである。

- 参加者は、LMOの研究、開発、商業化、取引に関連するバリューチェーン全体をよりよく理解することができる。
- LMOに関連する国内および国際的な法的枠組
- 農業バイオ技術・バイオ安全に関する規制 と
- 効果的な広報活動で一般社会メディアに農業バイオ技術を正しく伝える

参加費；US\$150（+情報移転費）は、ワークショップ及びトレーニングキットに充当される。以下のサイトで参加登録下さい。bit.ly/registerASCA2020

米国環境保護庁は、特定の植物体内獲得保護産物(plant-incorporated protectants、PIP)に対する規制を緩和することを提案

米国環境保護庁(US EPA)は、一部の国家優先リストサイトの規制を緩和する新規則案を発表した。一般市民は、この提案に対するコメントを求められている。

米国環境保護庁(US EPA)は、バイオテクノロジーを利用して開発された特定の植物体内獲得保護剤産物(plant-incorporated protectants、PIP)は、ヒトや環境に危害をもたらさないことが判明したため、連邦殺虫剤・殺菌剤・殺鼠剤法および連邦食品・医薬品・化粧品法の下での適用除外を提案している。この提案の目的は、国の食糧供給を増やすために、バイオテクノロジー製品の市場へのアクセスを妨げる時代遅れの規制を減ら

すことで、科学的根拠に基づいた農業イノベーションを農家が利用できるようにすることである。また、提案されているバイテクによる植物体内獲得保護剤産物 (plant-incorporated protectants、PIP) の適用除外は、作物保護や害虫防除のための新しいツールの開発を支援することを目的としている。

要約すると、提案されている規則は、米国環境保護庁の安全要件を満たしている PIP よりも大きなリスクをもたらさず、[従来育種法](#)を利用して開発できた場合には、バイテクによる開発 PIP を免除するものである。開発者は、自社の PIP が免除基準を満たしていることを記載した自己決定書、または確認要求書、あるいはその両方を米国 EPA に提出することが求められる。

詳しくは、以下の米国環境保護庁サイトをご覧ください。 [news release](#) また、以下のサイトの出版予定書をご覧ください。 [proposal](#)

キャッサバ育種を促進するための新知見

国際熱帯農業研究所 (IITA) の研究者と NextGen キャッサバ育種プロジェクトの共同研究者は、アフリカの重要な作物であるキャッサバの [遺伝子構造](#) について新たな知見を得た。研究者らは、ゲノムワイド関連研究 (GWAS) を実施し、ナイジェリアの IITA キャッサバ育種プログラムで開発された 5,130 クローンからなる大規模な育種集団を解析した。

4 年間の研究では、ナイジェリアの 4 つの IITA の圃場試験で大規模な多拠点試験が行われた。この解析では、世界中で 5 億人以上の人々のカロリー源となっている食用作物であるキャッサバの望ましい形質に関する [ゲノム領域](#) を探索した。14 の形質に関連する 40 以上の定量的形質遺伝子座 (QTL) が発見された。これらは、病気への対応、栄養の質、収量などの特徴に関係している。形質は、生物学的ストレス、根の状況、植物の農学特性、農業形態学の 4 つのカテゴリーに大別された。

NextGen プログラムディレクターの Chiedozi Egesi 氏は、キャッサバは食用作物としても工業作物としても重要であると指摘している。「キャッサバの遺伝的構造を完全に理解することは、遺伝的改良を加速させ、世界中の食糧と収入のためにキャッサバに依存している農家と消費者に永続的な利益をもたらすために必要な重要なステップである。」と Egesi 氏は述べている。

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

キャッサバ育種を促進するための新知見 8 万以上の大規模な遺伝的研究でコムギの多様性を明らかにした

研究者たちは、国際トウモロコシ・コムギ改良センター (CIMMYT) と国際乾燥地域農業研究センター (ICARDA) の遺伝子形質バンクから、79,191 サンプルのコムギの遺伝解析を行った。これらは、[トウモロコシ](#)とコムギの遺伝的多様性の有効利用を促進することを目的とした「Seeds of Discovery (SeeD)」先導研究の一部である。この研究は、世界的に栽培されている 2 つのタイプのコムギ (パン用小麦とパスタ用小麦) と 27 の既知の野生種について、大規模な遺伝子型解析と多様性解析を行ったものである。

その結果、パン用コムギの中に明確な生物学的グループ分けが見られ、栽培地に存在する遺伝的多様性の大部分が、高収量で弾力性があり、栄養価の高い新品種の開発に利用されていないことが示唆された。この研究では、エチオピアのサンプルのサブグループを除いて、パスタコムギの遺伝的多様性は現代の品種の方がよりよく表現されていることも分かった。

研究者らは、コムギサンプルの遺伝子タイプ分けから得られたゲノムデータをマッピングし、コムギの 2 つのタイプとその野生類縁種に存在する特徴に関連する分子マーカーの物理的・遺伝的位置を特定した。研究者らは、得られたマーカーの平均 72% が 3 つの分子参照マップ上に一義的に配置されており、そのうちの約半数が、暑さや[旱魃](#)に対する耐性、収量、タンパク質含有量など、品種改良者、農家、消費者にとって価値のある特定の特性を制御する遺伝子を持つ興味深い領域に存在することを発見した。

データ、その解析と研究成果は、以下のサイトにあり、自由に入手できる。[here](#) また、さらに詳しくは以下のサイトをご覧ください。[CIMMYT press release](#)

中国での BT ワタの生産量が 10 倍に増加

Hebei 省 Gaobeidian 市の農民技術協会の会長である Maotang Zu 氏は、Bt 綿の生産量が平均 10 倍に増加し、農民の生活が改善されたことを紹介した。同氏は、ISAAA SEAsiaCenter が PG Economics、中国バイオテクノロジー情報センター、CropLife Asia と共同で主催した「遺伝子組換え作物の世界的影響」に関するウェビナーでこのように述べた。

このウェビナーは、2020 年 9 月 21 日に Zoom を介して開催された。PG Economics の農業エコノミスト、Graham Brookes 氏は、1996 年から 2018 年までに収集されたデータの分析に続いて、遺伝子組換え作物の世界的な影響を発表し、様々な国への社会的・環境的影響を紹介した。彼は、中国がウェビナーシリーズの最初のホスト国であることから、中国経済への影響に特別に言及した。ウェビナーでは、ISAAA SEAsiaCenter

所長の Rhodora Aldemita 博士による 2018 年の遺伝子組換え作物の世界的な状況についてのショートプレゼンテーションも行われた。

ウェビナーは、WeChat、Youtube、Facebook でも生中継され、最大限の広報活動を実現した。中国農業科学院作物科学研究所の Chunyi Zang 博士がパネルディスカッションの司会を務め、中国で新たに承認された遺伝子組換えトウモロコシと遺伝子組換えダイズの影響や、遺伝子組換え作物生産の重要性、質の高い食料と自然の生物多様性のための要件など、特別なトピックスが詳しく説明された。ISAAA グローバルコーディネーターの Dr. Mahaletchumy Arujanan は、中国は世界の主要な経済国であり、バイオテクノロジーと新しい育種技術におけるイノベーションの面で注目すべき重要な国であると述べて、ウェビナーを閉じた。また、バイオテクノロジーを批判する人々には、農家のために話をする前に、まず農家の人々に話をするべきだと述べた。

ウェビナーは、以下のサイトから入手できる。 [ISAAA Youtube channel](#)

縞さび病(黄さび病)抵抗性のために同定された 10 の新遺伝子

[コムギ](#)の最も破壊的な病気の一つである縞さび病(黄さび病)は、世界中、特に[米国](#)の生産に影響を与えている。この病気は化学薬品で防除することができるが、ヒト、動物、[環境](#)に有害であると考えられている。このような化学薬品の散布には非常にコストがかかるため、農家は縞さび病に抵抗性のある品種を好む傾向にあり、そのような品種の開発はコムギの育種プログラムの最優先事項となっている。

このような品種の開発を支援するために、米国農務省農業研究局(USDA-ARS)とワシントン州立大学の科学者たちは、全ゲノム研究アプローチを用いて、春コムギ 616 品種の縞さび病抵抗性遺伝子を調査した。彼らは、USDA-ARS コムギ保全、遺伝学、品質研究部(Wheat Health, Genetics, and Quality Research Unit)が最近開発した GMS プラットフォームを使用した。

ワシントン州立大学の研究植物病理学者であり、USDA-ARS の研究遺伝学者でもある Xianming Chen 博士によると、制御された温室条件で、コムギ縞さび病病原体の 5 つの優先株を用いてコムギ品種を試験し、また、病原体の自然感染下の圃場で試験した。彼らは、縞さび病に対する抵抗性を示す 10 の新しい遺伝子を含む 37 の遺伝子を同定することができた。

詳しくは、公開論文 8 月号を以下のサイトでご覧下さい。 [Plant Disease](#)

アイルランド飢饉の原因となったジャガイモ疫病に対する新しい抵抗性遺伝子を同定

ジャガイモの最も重要で最も破壊的な病気である疫病は、微生物の *Phytophthora infestans* によって引き起こされる。疫病は、1840年代のアイルランド飢饉を引き起こした病気であり、現在でも世界的に大きな経済的損失をもたらすジャガイモ生産にとって最も深刻な脅威の一つである。

中国農業科学院と James Hutton 研究所の科学者たちは、*P. infestans* に対して高い抵抗性を持つ二倍体の野生ジャガイモを発見した。彼らは、dRenSeq 解析を用いてこのジャガイモから新規の R [遺伝子](#)を発見し、さらに転写解析を行った結果、野生ジャガイモの植物免疫における複数のシグナル伝達経路と二次代謝経路が重要な役割を果たしていることを明らかにした。

今回の研究に携わった研究者の一人である Guangcun Li 氏は、「野生のジャガイモで観察された抵抗性は、これまでに明らかにされていなかった新規の抵抗性遺伝子によるものであることがわかった。」と説明している。「また、免疫応答を促進するために光合成が阻害されていることも発見した。」ジャガイモの光合成阻害は新しい発見だ。また、科学者たちは、葉の物理的なバリアが非常に重要であることも発見した。「この野生のジャガイモの葉は硬く、低濃度で *P. infestans* を接種すると免疫力を示す。」と Li 氏は述べている。

詳しくは、公開論文を以下のサイトでご覧下さい。 [Phytopathology](#)

研究のハイライト

食用植物由来ワクチンの可能性についてのレビュー

食用植物由来 [ワクチン](#)は、非経口ワクチンに関連するリスクに対処するための解決策の一つとなるように開発された。インドの専門家によると、食用ワクチンは最終的には世界的な感染症の流行を根絶する可能性があるという。

専門家によると、食用ワクチンは、植物細胞に抗原性タンパク質を導入して作られる。植物細胞内の特定の遺伝子は、植物内で望ましいコード化されたタンパク質を産生し、これらは今日一般的に使用されている従来のワクチンと同様の効果を有する。しかしながら、食用植物由来ワクチンは、従来のワクチンと比較すると、より多くの利点を提供できる。例えば、製造コストが低く、輸送が容易であるため、食用ワクチンは、最も必要とされる開発途上国や未開発国に容易に持ち込むことができる。

食用ワクチンは経口的に体内に導入される。専門家によると、食用ワクチンは抗原性タンパク質で構成されており、病原性遺伝子を含まないため、安全であり、感染源にはな

らず、消化管内膜と接触したときに粘膜免疫を刺激するという重要な役割を果たす。粘膜免疫と末梢免疫の誘導とワクチンの投与の容易さが組み合わされているため、食用ワクチンに関する研究がさらに進む大きな機会が生まれている。すべての利点が確認されると、経口ワクチンの新しい技術は、従来のワクチンで経験した課題を克服するのに役立つと信じている。

全論文は、以下のサイトに公開されている。[Life Sciences](#)

土壌中の無脊椎生物に対する BT 作物の影響のメタ分析調査

22 の研究のメタ分析によると、[Bt 作物](#)は、土壌の無脊椎動物に有意な影響を与えないことがわかった。Aarhus University とアグロバイオ研究所 (Agrobiointitute) の研究者の知見は、*Transgenic Research* に掲載されている。

[Bt 作物](#)の研究が始まって以来、Bt 作物が土壌の生物多様性やその生態系に与える影響は疑問視されてきた。Bt 作物には、*Bacillus thuringiensis* 由来の[遺伝子](#)が含まれており、この遺伝子は作物に害虫抵抗性を付与する。非標的土壌無脊椎動物は、植物の栄養供給や有機物のリサイクルに重要な役割を果たしているため、Bt 作物の栽培が[土壌生物多様性](#)に影響を与えないことを確認する必要がある。この研究では、原生生物、線虫、トビムシ、ダニ、ヒメミズ、ミズなどの土壌無脊椎動物を対象に、それらの個体数やバイオマスが Bt 作物の影響を受けるかどうかを調べるために、36 箇所、4 種類の Bt タンパク質を用いた 2,046 件の記録からなる 22 誌をレビューした。

その結果、土壌無脊椎動物の目のレベルにはかなりのばらつきがあることがわかったが、サンプルサイズが十分ではなく、またサンプルの不均一性が大きすぎて、目のレベルでの結論を出すには不十分であった。しかし、各目レベル間では、Bt タンパク質は土壌無脊椎動物に大きな影響を与えないことが判明した。

メタ分析結果の詳細は、以下のサイトをご覧ください。[Transgenic Research](#)

大腸菌が、光合成を改善するための方策を提供

Nature Plants 誌に発表された論文では、植物の重要な酵素であるルビスコを遺伝子組換えし、大腸菌に導入して、作物の収量向上の聖域である光合成のスピードアップを研究するための最適な実験環境を構築したことが紹介されている。

研究者たちが注目したのは、ルビスコという速度の遅い酵素で、二酸化炭素から炭素を引っ張って(または固定して)蔗糖を作ることができる。ルビスコは二酸化炭素と一緒に

空気中の酸素と反応を触媒することがあり、その際には有毒な副産物を生成し、エネルギーを浪費するため、光合成の効率が悪くなる。Cornell University の Liberty Hyde Bailey 教授 (植物分子生物学) の Maureen Hanson 氏は、ルビスコが酸素と相互作用しないようにして、より速く作用するようにしたいと考えている。

そのために、研究者たちはタバコの植物からルビスコを取り出し、大腸菌に遺伝子組換えを行った。研究者たちは、酵素が組み上がる過程を分解し、大腸菌で 1 種類の大型サブユニットと 1 種類の小型サブユニットを一緒に発現させることで、酵素の性質を理解することができた。そうすることで、大腸菌で植物と同じような酵素の発現を得ることができた。また、トリコーム (trichomes) に存在するルビスコのサブユニットは、葉の細胞に存在するどのサブユニットよりも速く機能することを発見した。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Cornell Chronicle](#)

育種に関する革新技术

韓国が初の遺伝子組換え食用作物を推進

米国農務省 (USDA) が [CRISPR-Cas9](#) を用いて改良した [ダイズ](#) は遺伝子組換えではないと判断したため、CRISPR を用いた種子プロジェクトが開始される。

Toolgen 種子事業部の Ji-Hak Han 部長は、「抗酸化物質であるアンチエイジングオレイン酸を 2 倍量含有するゲノム編集したダイズは、遺伝子組換えではないとの判断を農務省から受けた。」と述べた。Toolgen が同様の決定を受けたのは今回が 2 回目で、1 回目はペチュニアの新品種に対するものだった。

Toolgen は今年初めから中央アジアでダイズ種子の商品化と量産地域の発掘のための圃場試験を行ってきた。「小規模な圃場試験栽培に成功した後、3 年以内に徐々に規模を拡大して事業化する。」と Han 氏は付け加えた。

詳しくは、以下のサイトの論文をご覧ください。 [Hankyung](#) (韓国語)

韓国初のゲノム編集ペチュニアが米国で承認

Chungnam National University の Geung-Ju Lee 教授と Toolgen の研究チームは、[CRISPR ゲノム編集](#) を用いて共同開発したペチュニアの新品種が、米国農務省から非遺伝子組換え作物であると判定されたと発表した。

この決定は、米国農務省の「Am I Regulated? (規制対象ですか?)」プログラムは、CRISPR 技術などの新しい育種技術を用いて開発された作物について、遺伝子組換え作物の有無を確認するためのものである。韓国で開発されたゲノム編集ペチュニアは、米国農務省が承認した初めてのゲノム編集ペチュニアである。

「CRISPR システムを導入して世界で初めて淡いピンクパープル色のペチュニアの新品種の開発に成功した。」と Geung-Ju Lee 教授は述べた。「Chungnam National University と Toolgen が設立した動植物ゲノム編集研究センターを通じて、新たな高付加価値ゲノム編集品種作物の開発を推進し、国内の規制問題に共同で対応していく計画である。」とも述べた。

詳しくは、以下のサイトの論文をご覧ください。 [Hankyung](#) (韓国語)

CRISPR-CAS9 を用いてイネの出穂期に関与する遺伝子を明らかにした

CRISPR-Cas9 を用いて、イネの出穂期の制御に関与する新規追加 [遺伝子](#) が同定された。Huazhong Agricultural University の科学者が行った研究は、*Journal of Integrative Plant Biology* に掲載されている。

CO、CO-LIKE、と TOC1 (CCT) ドメインタンパク質は、多くの植物種で開花時期を調節することが知られている。しかし、[イネ](#) では、41 個の CCT 遺伝子のうち、出穂期を調節することが示されたのはわずか数個だけだった。このメカニズムに関与するより多くの遺伝子を同定するために、研究者らは CCT ファミリー遺伝子を日中の発現パターンに従ってグループ化した。

CRISPR-Cas9 を用いて、全遺伝子ファミリーのノックアウト変異体を作成した。解析の結果、OsCCT22、OsCCT38、OsCCT41 は、長日条件下では出穂を抑制し、短日条件下では出穂を促進することがわかった。また、OsCCT03 は、両方の条件で出穂を助け、出穂期 1(Hd1) と早期出穂期 1(Ehd1) 遺伝子の発現を増加させた。

今回の遺伝子追加により、出穂期に関与する 18 の CCT ドメイン含有遺伝子が明らかになり、さまざまな出穂期を持つイネ品種の開発に向けて、より多くの遺伝子の組み合わせが可能になった。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [Journal of Integrative Plant Biology](#)
