遺伝子組換え作物の最新動向
2019 年 11 月

ニュース

過去 **50** 年間のプロジェクト管理研究所（**PMI**）の最も影響力のあるプロジェクトの **1** つとしてゴールデンライスが讃えられた

ソルガムの収量が倍になった

クローニングで植物がどのように複製するかを明らかにする「**KARAPPO**」遺伝子を発見、

コムギキラー**UG99** の秘密を解き明かした

高精度ゲノム編集使用してキャノーラの収量を向上した

遺伝子組み換え表示製品見せられてから、表示のない製品を消費者は選ぶ傾向が出た

VERDECA 社の **HB4®**品種、旱魃と除草剤耐性大豆、がパラグアイで承認された

専門家が光合成の鍵を解き明かした

研究のハイライト

単一遺伝子の過剰発現によるトウモロコシの収量の増加

葉もの野菜（***BRASSICA RAPA***）の開花メカニズムが明らかになった

環境上の課題に対処するために「デザイナー」プラントが開発された

植物育種の革新

ゲノム編集により開発された細菌性胴枯病耐性イネ

CRISPR-CAS9 を 植物のウイルス媒介ゲノム編集に使用

ビタミン **A** 強化米の開発にゲノム編集を使用

ニュース

過去 50 年間のプロジェクト管理研究所（PMI）の最も影響力のあるプロジェクトの 1 つとしてゴールデンライスが讃えられた

ゴールデンライスの人道的プロジェクトは、過去 50 年間で最も影響力のあるプロジェクトの 1 つとしてプロジェクト管理研究所（PMI）によって認められている。受賞者リストの中で唯一の植物関連のバイオテクノロジープロジェクトである。

ゴールデンライスは非営利プロジェクトで、その開発に関与する個人や組織は、作物に金銭的利害関係を持たないということである。この技術は、発明者である Ingo Potrykus 教授と Peter Beyer 教授によって 2000 年に寄付され、資源の乏しい国々を支援し、ビタミン A 欠乏の世界的な課題に対処している。現在までに、オーストラリア、カナダ、ニュージーランド、米国でゴールデンライスが安全であると宣言されている。 Ingo Potrykus 教授は次のように述べている。「我々は、ゴールデンライスがお米のほかにほんの少しの他のものを毎日食している世界の人口の半分、35 億人の中の少しでもその視力と命を助けられるのを目にすることができることを願っている。」

最も影響力のあるプロジェクトリストは、PMI の 50 周年記念式典の一部であり、世界中のプロジェクト活動を祝福し、そのポジティブな結果についての認識を高めることを目的としている。

詳細については、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 Golden Rice Project

ソルガムの収量が倍になった

Cold Spring Harbor Laboratory（CSHL）および米国農務省農業研究サービス（USDA ARS）の科学者は、モロコシ植物が生産できる穀物の量を 2 倍にした。CSHL の非常勤教授 Doreen Ware 博士、米国農務省農業研究サービス（USDA、ARS）の研究者および同僚の Zhanguo Xin 博士が率いる研究チームは、ソルガムの MSD2 遺伝子中に新たな遺伝的変異を起こし、穀物収量を 200％増加させた。

MSD2 は、種子や花の発育を制御するホルモンであるジャスモン酸の量を減らすことにより、花の捻性を高める遺伝子系統に由来している。それは、2018 年に Ware 博士のチームによって発見された遺伝子である MSD1 によって規制されている。彼らの研究は、いずれかの遺伝子を操作すると、種子と花の生産が増加することを示している。

ソルガムは、世界で最も重要な食料、動物飼料、バイオ燃料の供給源の 1 つである。旱魃、熱波、高塩分条件に対する耐性が高いため、研究用のモデル作物と考えられている。

詳しくは、以下のサイトをご覧下さい。CSHL Newsstand

クローニングで植物がどのように複製するかを明らかにする「KARAPPO」遺伝子を発見、

国際機関横断的な研究グループは、苔（*Marchantia polymorpha*）がクローン子孫（gemmae）の生育を通じて無性生殖するメカニズムを明らかにした。チームは、苔の gemmae の生育を開始するために不可欠な遺伝子「KARAPPO」を発見した。この発見は、農業および園芸の栽培効率を高めるための技術開発に向けた基礎知識に貢献すると期待されている。

栄養繁殖は、個々の植物が親植物の組織から直接的に起こる無性生殖の一形態である。苔は、gemma cup 内でそれ自体のクローン（総称して gemmae と呼ばれる）を形成して繁殖する。これらの gemma cup は、植物の葉状体、または植物体に形成される。gemma cup の内部では、表皮細胞が細胞の伸長を受けた後、2 サイクルの非対称な細胞分裂が起こり、gemmae 細胞と基底細胞が形成される。この gemmae 細胞は分裂を続け、最終的に新しい植物を形成する。

研究チームは、*karappo-1* および *karappo-2* という名前の 2 つの変異苔類に注目した。*KARAPPO* は日本語では空を意味し、これらの植物の cup には最初の gemma が形成されなかったため、突然変異体にはこれらの名前が付けられた。変異体の次世代 DNA シーケンスにより、研究者は、gemma 発生の原因となる遺伝子を明らかにすることができた。これを「*KARAPPO*」と名付けた。

アミノ酸配列の分析により、*KARAPPO* 遺伝子は植物に見られる小さな GTP 結合タンパク質の一種である RopGEF をコードしていることが明らかになった。「スイッチ」のように機能し、さまざまな細胞プロセスに信号を送る。*KARAPPO* によってエンコードされた RopGEF は、gemma 発生の初期段階で細胞の伸長と非対称細胞分裂を引き起こすことがわかった。*KARAPPO* 遺伝子は、苔の栄養繁殖のプロセスを引き起こすのに絶対に不可欠であることが確認された。

詳しくは、以下のサイトにある論文をご覧下さい。 Kobe University's website.

コムギキラーUG99 の秘密を解き明かした

オーストラリア、米国、南アフリカの研究者グループは、世界の食糧安全を脅か

す世界で最も致命的な小麦のさび病の起源を取り巻く 20 年の謎を明らかにした。*Nature Communications* で発表された研究は、さまざまなさび株が融合して体細胞交雑と呼ばれるプロセスを経て新しいハイブリッド株を作成したときに、小麦さび病菌の壊滅的な Ug99 株が作成されたことを明らかにした。このプロセスにより、菌類は有性生殖せずに細胞を融合し、遺伝物質を交換することができる。

この研究では、Ug99 の材料の半分は 100 年以上アフリカ南部に存在し、オーストラリアでも発生している株からのものであることがわかった。それは、他の作物を破壊するさび株が世界の他の地域で交配する可能性があることを示しており、その証拠は本研究で発見された。これは、Ug99 が再び遺伝物質を他の病原体と交換して、新たな敵（病害菌）を作成できることを意味する。

今年初め、連邦科学産業研究機関（CSIRO）、University of Minnesota、および 2Blades Foundation は、5 つの抵抗性遺伝子を 1 つの小麦植物に積み重ねて小麦のさび病抵抗性の良い結果を達成した。これは、CSIRO、University of Minnesota、University of the Free State、および Australian National University の科学者間の共同研究の結果である。

Melania Figueroa 博士のグループは Ug99 のシーケンスに取り組み、Peter Dodds 博士が率いるチームは、1920 年代に南アフリカで最初に見られ、1950 年代にオーストラリアに風の流れで運ばれたと考えられているさび株 Pgt 21 をシーケンスした。グループは、2 つの病原体がほぼ同一の核を共有し、したがって DNA の半分を共有していることを発見しました。「この発見により、病気に対する強い耐性を持つ品種を選別するためのより良い方法を開発することが可能になるでしょう」と Figueroa 博士は述べた。

詳しくは、以下のサイトをご覧下さい。 CSIRO news release.

高精度ゲノム編集使用してキャノーラの収量を向上した

作物の収穫量を増やし、環境への有害な影響を減らすことができるキャノーラの 3 つの新しい形質は、農業用の精密ゲノム編集を開発したバイオテクノロジー企業である Cibus によるものである。新しい形質は、鞘の粉砕、強皮症への抵抗、および雑草防除に関係している。

新しい形質は、キャノーラのゲノムを正確に編集してさやの開きを減らす。キャノーラの種子のさやは収穫前を開く傾向があり、収穫量を最大 40％削減できる。白カビと呼ばれる病気である *Sclerotinia* に対する耐性も構築する。これは、収量を 50％も減少させる可能性があるものである。改良された雑草防除システムを導入する。これは、栄養素や日光に対する雑草との競争により、キャノーラの収穫量が減少する可能性があるためである。

Cibus の最高科学責任者兼副理事長である Greg Gocal 博士は、現在、米、トウモロコシ、小麦、大豆、ジャガイモの栽培を改善し、病気、昆虫、雑草による作物の主要な減収に対処するための重要な特性に取り組んでいると述べた。

詳しくは、以下のサイトをご覧下さい。Cibus press release

遺伝子組み換え表示製品見せられてから、表示のない製品を消費者は選ぶ傾向が出た

米国の消費者は、「遺伝子組換え」ラベルの付いた食品を見せられた後、ラベルのない GM 果物や野菜をより好んで購入した。これは、PLOS One ジャーナルに掲載された Cornell University が実施した調査結果である。この研究は、食品販売業者が 2022 年 1 月 1 日に発効する GM 食品開示ラベルを義務付ける新しい連邦法の準備をすることと同時に公開された。

「ラベリングが有効になったときに従来の製品に何が起こるかを消費者から学びたかったので、市場で「GM」および「非 GM」のラベル付き産物を導入した」と、研究の著者の 1 人である Miguel Gómez 氏が述べた。「新しいラベルが導入されたときに、買い物客は喜んで当該製品を購入しますか？」の研究を開始した。

合計 1,300 人の消費者に GM、非 GM、およびラベルなしの果物と野菜を無作為に並べて陳列した。ラベルのないリンゴが最初に提供されたとき、購入意欲は 65.2％でした。しかし、消費者が GM ラベル付きのリンゴを見た直後にラベルなしリンゴが表示された場合、ラベルなしリンゴの需要は 77.7％に増加しました。一方、非ラベル付きリンゴの前に非 GM ラベル付きリンゴが最初に提示された場合、購買意欲はそれほど増加せず、非 GM ラベルが非ラベル付き製品を悪く言っていないことを示している。

この研究の結果は、米国における全米生物工学的食品開示基準の実施に関する継続的な議論に貢献している。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。Cornell と *PLOS One*

VERDECA 社の HB4®品種、旱魃と除草剤耐性大豆、がパラグアイで承認された

パラグアイの農業大臣は、農業林業バイオ安全委員会を通じて、Verdeca 社の HB4®品種、旱魃と除草剤耐性大豆に承認を与えた。 HB4 スタックは、品質改善、ストレス緩和、管理の実践を通じて大豆生産者に利益をもたらすために開発されれ、その形質品種パイプラインにある Verdeca 社の最新製品リリースである。

「*ISAAA の 2018 年の商業化されたバイテク/ GM 作物の世界動向*」には、パラグアイが 2018 年に 335 万ヘクタールのバイテク大豆を植えたことを報告している。HB4 品種は、米国、アルゼンチン、ブラジルで既に承認されており、規制当局への申請は現在中国で検討中である。 アルゼンチンでの商業立ち上げには中国からの輸入承認が必要であり、現在 2020 年後半に予定されている。

より詳しくは、以下のサイトにあるニュースリリースをご覧ください。Verdeca

専門家が光合成の鍵を解き明かした

University of Sheffield が率いる科学者は、光合成の重要な要素の 1 つである構造を解決しました。これにより、光合成が「再設計」され、より高い収量と緊急の食料安全保障のニーズを満たすことができる。この研究は、シトクロム b6f-光合成を介して植物の成長に大きく影響するタンパク質複合体の構造を明らかにした。

チームは、高解像度の構造モデルを使用して、タンパク質複合体が、太陽光を化学エネルギーに変換する植物細胞の葉緑体に見られる 2 つの光動力クロロフィルタンパク質（光系 I および II）間の電気的接続を提供することを発見しました。単一粒子低温電子顕微鏡を使用して決定された高解像度の構造モデルは、刻々と変化する環境条件に応じて光合成効率を調整するセンサーとしてのシトクロム b6f の追加の役割の新しい詳細を明らかにしている。このメカニズムは、旱魃や過剰な光などのストレスの多い条件にさらされている間の損傷から植物を保護している。

詳しくは、以下のサイトにあるニュースをご覧ください。The University of Sheffield website

---

<u>研究のハイライト</u>

単一遺伝子の過剰発現によるトウモロコシの収量の増加

植物の成長に関与する遺伝子を過剰発現させた新しい遺伝子組換え（GM）トウモロコシは、畑での収量を 8～10％増やした。植物が最適な生育条件または劣悪な生育条件にさらされているかどうかにかかわらず、収量の増加が維持された。

GM トウモロコシは過去 23 年間世界中で栽培されており、そのほとんどは昆虫や除草剤に耐性があります。現在、Corteva Agriscience 社の科学者は、収量と収量の安定性を改善するための新しいアプローチを試みて、新しい種類の GM トウモロコシを開発している。単一のトウモロコシ遺伝子の発現を変更することに

より、彼らは複雑な遺伝学を持つことが知られていいる穀物収量形質に有意な正の変化をもたらすことができた。

特定の遺伝子は、植物の成長と収量のスイッチのように機能することが長い間確認されている。 1つの遺伝子 *zmm28* は、花の調節や果実の熟成など、植物の成長と発達にさまざまな役割を果たす遺伝子のグループである。 *zmm28* は、トウモロコシが開花し始めるとオンになることが明確に特定された。科学者はこの遺伝子を新しいプロモーターと結合させてその活性化を制御し、その結果、予想よりも早く遺伝子がオンになり、開花後も植物に対する遺伝子の有益な効果を高めた。彼らの研究は、*zmm28* の発現を延長すると、トウモロコシの栄養および生殖成長パラメータが変化し、植物の炭素同化、窒素利用、および植物成長が高まることを証明した。これらのポジティブな特性は、畑での収量の一貫した増加に関連している。

現在までに、商品化された GM ハイブリッドコーンは、従来のコーンと比較して収量が 3%から 5%増加することが知られている。 *zmm28* を過剰発現した新しい GM トウモロコシは、科学者が実施したフィールドトライアル中に、収量を 8%から 10%に増加させることが示された。収穫量の増加を特徴とする GM 作物の開発は、環境を保護しながら世界人口の増加を維持するために、穀物と食料供給の増大する需要に対処する手段として長い間考えられてきた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。*PNAS*

葉もの野菜（*BRASSICA RAPA*）の開花メカニズムが明らかになった

日本の神戸大学、新潟大学、NARO Japan、オーストラリアの CSIRO の大学院生と研究者の共同研究グループは、アブラナ科の開花時期を制御する遺伝子の役割を明らかにした。 *B. rapa* ファミリーは、白菜、チンゲン菜、カブ、コマツナなど、葉菜や根菜で構成されている。花を咲かせるには、これらの植物に春化が必要である。

シロイヌナズナの春化に関する広範な研究（At）では、2つの遺伝子が開花時間の調節に重要な役割を果たしていることがわかりました：それは、*FRIGIDA*（*FRI*）および *FLOWERING LOCUS C*（*FLC*）である。 *A. thaliana* の FRI 遺伝子（AtFRI）は、開花の原因となる AtFLC 遺伝子を調節している。植物が低温にさらされる前に、AtFRI は AtFLC 遺伝子を発現させ、開花を防ぎます。その後の春化により、AtFLC 遺伝子が阻害され、*A. thaliana* が開花する。このグループは、寒冷期がない場合の開花を抑制するためには、FLC 遺伝子の発現レベルが高いことが不可欠であることを示した。彼らはまた、寒冷暴露中の FLC 発現の抑制が開花時期に影響を及ぼすことを発見した。この発見は、気候変動に直面した場合の *B. rapa* 野菜の栽培の効率化に貢献する。

詳しくは、以下のサイトにあるニュースを御覧ください。Research at Kobe

環境上の課題に対処するために「デザイナー」プラントが開発された

University of Georgia の科学者は、「デザイナー」植物の開発を助け、重要な時期に食用作物の強化につながる遺伝子調節要素を識別する方法を発見した。結果は、*Nature Plants* の 2 つの別々の論文で公開されている。

国連食糧農業機関によると、2020 年までに 91 億人に達すると予測される世界人口が急速に増加しているため、食料生産を 70%増やす必要がある。作物の改良は、食料生産を高めるために重要な役割を果たす。Bob Schmitz 氏とそのチームは、トウモロコシ、米、インゲン、大麦などの 13 の作物でシス調節要素（CRE）を見つけることが出来た。 CRE は、隣接する遺伝子を制御する非コード DNA の領域である。遺伝子とその CRE を特定できれば、それらは biobrick と呼ばれるモジュラーユニットとして機能する。Schmitz 氏によると、編集のために CRE をターゲットにすると、ゲノム編集よりも正確な手法が提供できる。

「ゲノム編集はハンマーのようなものである。遺伝子をターゲットにすれば、遺伝子をほとんど壊すことなく編集を行える。」と彼は言った。 「遺伝子発現の制御に関与する CRE（特定の特性がどのように現れるか）をターゲットとすることにより、ダイヤルのように遺伝子発現を上下させることができる。」

biobrick が開発されると、耐塩性植物などの望ましい特性を持つ「デザイナー」植物を作成するために使用できる。旱魃や洪水などの環境問題の中でより多くの食料を生産するには、デザイナーの植物を作るためのこの能力が不可欠である。

詳細は、以下のサイトをご覧ください。*Science Daily*

植物育種の革新

ゲノム編集により開発された細菌性胴枯病耐性イネ

ゲノム編集により、世界で最も重要な食用作物が破壊的な細菌性病害に耐性を持つようになった。

Xanthomonas oryzae pathovar oryzae（*Xoo*）は、世界中の何十億もの人々にとって安定した食物であるイネの細菌病を引き起こす。この壊滅的な感染症と闘うために、Ricardo Oliva 氏と国際稲研究所（IRRI）のチームは、転写活性化因子様エフェクター（TALEs）と呼ばれるタンパク質をコードする Xoo 遺伝子について調

査した。 Xoo は TALE を使用して、イネの SWEET 遺伝子をオンにする。これは、病気にかかりやすくするために必要である。したがって、SWEET 遺伝子が発現すると、Xoo はイネの葉の栄養素にアクセスできるようになる。

研究者は、63 の Xoo 株を分析し、各株に 1 つ以上の TALEs があることを発見した。各変異種は、3 つの SWEET 遺伝子の最低 1 つをオンにすることができる。SWEET 遺伝子を改変するために、研究者はゲノム編集ツール CRISPR-Cas9 を使用した。これにより、細菌の TALE では活性化できない SWEET 遺伝子が編集された。編集された遺伝子を持つイネは、少なくとも 95 の Xoo 株に耐性があることがわかった。

調査結果は、ゲノム編集は、特に細菌病に対するイネの病害抵抗性を強化する効果的なツールである可能性があることを示している。

Xoo は、これらのタンパク質を使用して、糖輸送分子を生成する植物の SWEET 遺伝子をオンにする。これにより、細菌は植物の葉の栄養素にアクセスできます。

詳しくは、以下のサイトに発表された研究報告をご覧ください。 *Nature Biotechnology*.

CRISPR-CAS9 を 植物のウイルス媒介ゲノム編集に使用

King Abdullah University of Science and Technology の科学者は、タバコの近縁種であるベンサミアナタバコ（*Nicotiana benthamiana*）に CRISPR-Cas9 を使用したウイルス媒介ゲノム編集システムを開発した。このシステムを使用すると、ゲノム工学試薬を簡単かつ効率的な方法ですべての植物の部分に入れることができ、形質転換や組織培養を必要とせずに、目的のゲノム修飾を持つ子孫植物の回収が可能になる。

ターゲットを絞った変更は、細胞システムを研究および強化するための強力な手法であり、農業の重要かつ新規な特性の発見と開発につながる可能性がある。このように、研究者は、植物体をターゲットとしたゲノム修飾に、CRISPR-Cas9 の使用を拡大した。彼らは、タバコガラガラウイルス（*Tobacco rattle virus*、TRV）を介した *N. benthamiana* のゲノムエンジニアリングシステムの使用に関する詳細なプロトコルを提供した。このプロトコルは、ウイルスによる全身感染の影響を受けやすい他の植物に使用できる。他の RNA ウイルスを使用して同様の配信プラットフォームを開発できるため、この手法は TRV に由来するベクターに限定されない。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。*Plant Genome Editing with CRISPR Systems*

ビタミン A 強化米の開発にゲノム編集を使用

農林食品研究機構の遠藤晃らおよび石川県立大学の研究によると、ゲノム編集は作物のビタミン A 含有量を改善するためのこれまでとは違うアプローチとなる可能性がある。研究の結果は、*Rice* に掲載されている。

ビタミン A の前駆体であるベータカロチンは、発展途上国で一般的なビタミン A 欠乏の問題に対処することを目的とした、作物の生物栄養強化の重要なターゲットである。以前の研究では、オレンジ（Or）遺伝子のスプライシングバリアントの優性な発現がカリフラワーカードのベータカロチン蓄積を引き起こすことが報告された。遠藤とチームの研究では、イネのオレンジ遺伝子（Osor）に注目し、CRISPR-Cas9 を使用してイネカルスのベータカロチン含有量を増加できるかどうかをテストした。形質転換されたカルスはオレンジ色に変わり、ベータカロチンの過剰蓄積を示した。分子解析により、オレンジ色のカルスはフレーム内の異常な Osor 転写産物の強化によって引き起こされることが示されたが、フレーム外の変異はオレンジ色とは関連していなかった。

研究結果に基づいて CRISPR-Cas9 を介したゲノム編集を使用した Osor 遺伝子の直接的な遺伝子改変により、イネカルスのベータカロチン強化がもたらされると結論付けた。これは、作物のベータカロチン蓄積を改善するためのこれまでとは違うアプローチを提示している。

以下のサイトにある論文をご覧ください。 *Rice*