



遺伝子組換え作物の最新動向
2021年12月
)



新型コロナウイルス(COVID-19)に関する最新情報

- Omicron 変種はコロナワクチンによる保護機能を弱める可能性がある
- コロナウイルスにさらされると光るマスクを開発

ニュース

- ゲノム支援育種により、人気の高いトウジンビエの交配種を改良
- さまざまな病原体への耐性を示すオオムギの遺伝子を発見
- 環境負荷を小さくしたイネの高収量化
- 国際アグリ事業団 (ISAAA) が、その最新報告 (Brief 56) 「育種による障壁の打破; 食糧安全保障に向けて新たな育種革新への入門」を発刊

研究のハイライト

- カメリナ種子のリジン含量をアップ
- C4 光合成の重要なメカニズムが解明された
- イネ遺伝子 OSNAC5 は根のリグニン蓄積により早魃耐性に寄与

育種における革新

- CRISPR-CAS 9 を用いて新しい抗生物質を生産
 - ドナーDNA を必要としない CRISPR-CAS を用いたイネの遺伝子ノックアップ法の研究成果を発表
 - The University of Texas の科学者が新しい遺伝子編集ツールの可能性を発見
 - TALEN を使ってスマを編集
 - 異種の生物集団の中で育つ微生物のゲノム編集に成功
 - 米国の大学がゲノム編集における体細胞胚発生の可能性を探るためワタを宇宙へ送り出した
-

新型コロナウイルス(COVID-19)に関する最新情報

Omicron 変種はコロナワクチンによる保護機能を弱める可能性がある

[SARS-CoV-2](#) オミクロン変種に関する初期段階の実験研究によるとコロナワクチンによる防御作用を損なう可能性が高いことが示された。南アフリカ、ドイツ、スウェーデンの研究者および Pfizer-BioNtech の共同研究によると現行のコロナ ([COVID](#)) ワクチンによる保護作用は、特にブースター(再接種増大作用)を使用すれば、まだ有用であると述べている。

南アフリカ、Johannesburg の University of Witwatersrand のウイルス学者で、研究報告の共同執筆した Penny Moore 氏は、「感染予防に対するワクチンの効果は低下すると思われる」と述べている。また同氏は、「南アフリカでのブースターの接種には、十分な議論も必要である」とも述べている。

血液中の抗体が細胞への感染をブロックする能力や、ワクチンが [COVID-19](#) を防御する能力を測定するには、まだまだ研究が必要である。

詳しくは、以下の報告を御覧ください。 [Nature](#)

コロナウイルスにさらされると光るマスクを開発

京都府立大学塚本康浩学長らの研究チームは、ダチョウの卵から抽出した抗体を用いて、コロナウイルス [COVID-19](#) の痕跡があれば紫外線(UV)を照射すると光るマスクを開発した。

2020年2月、研究チームは、不活性で害を与えない形態のコロナウイルスをダチョウの雌に注射し、産んだ卵から大量の抗体を抽出することに成功した。次に、マスクの内側に装着する特殊なフィルターを開発した。このフィルターを取り出して、ダチョウの卵から採取したコロナウイルスの抗体を含む蛍光色素を吹き付けることができる。ウイルスが存在すると、フィルターが紫外線で光る。

COVID-19に感染した32人を対象に10日間の実験を行ったところ、着用したマスクはすべて紫外線で光り、時間が経つと薄れ、ウイルス量が減少することがわかった。

詳しくは、以下のサイトを御覧ください。 [this article](#)

ニュース

ゲノム支援育種により、人気の高いトウジンビエの交配種を改良

国際半乾燥熱帯作物研究所(International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics、ICRISAT)の科学者たちは、人気の高いトウジンビエの交配種GHB 538の改良版として復活する手助けをしている。

この新しいGHB538は、現地語で「マルソナ」または「デザートゴールド」と命名され、壊滅的なべと病から身を守る[遺伝子](#)を備えており、最近インドのGujarat州で栽培が開始された。Maru Sonalは、GHB538の特徴である早生開花(44日)を維持しながら、原種と比較して、べと病に対する高い抵抗

性(82.0%)、穀物収量(3.5%)および飼料収量(10.8%)の増加、いもち病(28.6%)およびさび病(91.4%)に対する抵抗性および高タンパク量(12.5%)を示すようになった。

2004年から2005年にかけて発売されたGHB 538は、インドの乾燥地帯であるRajasthan州、Gujarat州、Haryana州での雨期および雨期後の夏期の栽培を想定した品種であった。すぐに人気が出て、2006年から2007年にかけてGujarat州で栽培用に利用開始された。しかし、発売後5年以内にべト病にかかり、感受性が高くなってきたので改良の必要性が指摘された。

詳しくは以下のサイトの論文を御覧ください。 [ICRISAT Happenings Newsletter](#)

さまざまな病原体への耐性を示すオオムギの遺伝子を発見

Sainsbury LaboratoryとNorwich Research Parkの科学者たちは、オオムギとコムギに条斑病に対する抵抗性を付与する遺伝子が、全く異なる病原菌に対しても同じように抵抗性を示すことを発見した。

真菌病原体である条斑病菌 (*Puccinia striiformis*) は、穀物、特にコムギの収量に世界的に大きな損失を与えている。この菌は、コムギに感染するコムギ条斑病菌とオオムギに感染するオオムギ条斑病菌のように、多様な穀物種に感染する独立した系統を有している。

*Nature Communications*誌に掲載された研究では、オオムギがどのようにしてコムギ条斑病菌の感染に抵抗しているのかがあきらかになった。その結果、3つの抵抗性遺伝子Rps6、Rps7、Rps8が、小麦の非適応病原菌に対するオオムギの免疫反応に寄与していることがわかった。また、Rps7はMla遺伝子座でオオムギうどんこ病抵抗性と共有しており、両者は一緒に遺伝することも明らかになった。このことは、Mlaの2つの異なるハプロタイプが、適応した病原菌であるオオムギうどんこ病と適応していない病原菌であるコムギストライプさび病に対する抵抗性を結合していることを示している。

詳しくは、以下のサイトのニュースをご覧ください。 [The Sainsbury Laboratory website](#)

環境負荷を小さくしたイネの高収量化

Huazhong Agricultural University農学部Shaobing Peng教授とUniversity of Nebraska-Lincoln農学部のPatricio Grassini准教授(Global Yield Gap Atlasの共同リーダー)が主導する新しい研究は、より大きな世界のイネ生産に向けて、持続的集約化の道筋を解析したものである。

この研究は、7カ国10研究機関の協力のもと、世界の稲作面積の半分を占める32の稲作システムにおいて、稲の収量と水、肥料、農薬、労働力の使用効率を評価したものである。

その結果、イネの生産量を増加させ、環境への悪影響を低減する余地はまだ十分にあることがわかった。また、食糧生産と環境目標は矛盾しないということも、この研究の重要な発見である。Peng氏は、環境への影響を抑えながら高い収量を達成することは可能であると述べている。「農法が改善され、適切な制度や政策によって補完されれば、稲作をより環境に優しいものにすることができる」とGrassini氏は付け加えている。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧ください。 [Nebraska Today](#)

国際アグリ事業団 (ISAAA) が、その最新報告 (Brief 56) 「育種による障壁の打破; 食糧安全保障に向けて新たな育種革新への入門」を発刊

現代のバイオテクノロジーが急速に発展する中、[ISAAA](#) は最新の育種イノベーションとそのグローバルな課題への影響について最新の出版物を作成し、関係者や受益者のネットワークに最新の最先端バイオテクノロジーを伝え続けている。

[育種による障壁の打破; 食糧安全保障に向けて新たな育種における革新への入門に向けて \(ISAAA Brief 56\)](#) は、ISAAA の報告書シリーズの最新書である。これは、ゲノム編集で頻繁に使用されるツールと、世界の食糧安全保障に対するその影響に焦点を当てている。この入門書は、植物や動物の新しい育種技術、それらに関連する規制、アフリカや東南アジアでの展望、食糧安全保障への貢献の可能性、そしてこれらの技術革新の利点をさまざまな利害関係者に効果的に伝える方法について探っています。

Brief 56 の発刊は 2021 年 12 月 13 日に Zoom で開催され、世界各国から 100 人以上の聴衆が集まった。SEAsiaCenter と AfriCenter から、それぞれのセンター長である Rhodora Romero-Aldemita 博士と Margaret Karembu 博士を中心とした ISAAA チームが出席した。また、ISAAA グローバル・コーディネーターの Dr. Mahaletchumy Arujanan と、ISAAA 理事長の Dr. Paul S. Teng が基調講演を行った。また、全員が本書の著者であり、それぞれが 1 章を執筆しています。このほか、米国農務省の Diane Wray-Cahen 博士と Justin Bredlau 博士、フィリピン種子産業協会の Gabriel O. Romero 専務理事が出席し、執筆に携わった。また、フィリピン農務省バイオテクノロジー・プログラム・オフィスのディレクター・コーディネーターである Annalyn L. Lopez 女史も出席し、歓迎のメッセージを述べた。また、フィリピンバイオテック連合の事務局長である Abraham J. Manalo 博士が発刊会の閉会挨拶を述べた。

ISAAA の報告書 (Brief) シリーズは 1996 年に始まり、商業化されたバイオテクノロジー／遺伝子組換え作物に関する年次世界状況報告書を筆頭に、現代バイオテクノロジーの進歩に関する数々の出版物で構成されている。Brief 56 は、ISAAA にとって新たな節目となるもので、作物のトランスジェニック技術に焦点を当てるだけでなく、植物や動物の育種における最新の画期的な技術革新にも視野を広げている。

[Brief 56](#) は誰でも[無料](#)でダウンロードできる。発刊会の様子は、[Science Speaks Blog](#) をご覧ください。[ISAAA.org](#) の YouTube チャンネルで発表会の様子 ([Watch the launch](#)) をオンデマンドで見することもできる。

研究のハイライト

カメラナ種子のリジン含量をアップ

[カナダ](#) 農業食糧省の専門家は、細菌由来のジヒドロジピコリン酸合成酵素 (DHDPS) のフィードバック阻害非感受性型の発現により、カメラナ (*Camelina sativa*) のリジン含有量を高めたことを報告した。この成果は、*Transgenic Research* 誌に掲載された。

カメリナは、生育サイクルが短く、投入資材が少なく済み、生育環境があまり良くない場合でも適応でき、バイオ燃料や工業用途に最適な種子油プロファイルを持つことから、代替油糧種子作物として人気が高まっている。しかし、カメリナには、リジンを含む特定のアミノ酸が不足している。他の植物では、リジンは DHDPS が触媒する反応によって生産され、フィードバック阻害によるリジンの制御を受けている。そこで研究チームは、カメリナにおける DHDPS をコードする [遺伝子](#) を同定し、部位特異的変異導入法により、シロイヌナズナ DHDPS (W53R)、タバコ (N80I)、[トウモロコシ](#) (E84K) のリジン感受性の DHDPS 遺伝子において、その変化がカメリナの DHDPS リジン感受性に与える影響を検討した。その結果、CgDHDPS 遺伝子導入株では種子リジン含量が 13.6~22.6%、mCsDHDPS 遺伝子導入株では 7.6~13.2%押し上げられることが明らかになった。

詳しくは以下のサイトを御覧ください。 [Transgenic Research](#)

C4 光合成の重要なメカニズムが解明された

University of Bonn を中心に、[アルゼンチン](#)、[カナダ](#)、University of Düsseldorf の研究者からなる研究チームは、C4 光合成で重要な役割を果たす酵素について新たな知見を得た。

全植物の約 3%は、C4 光合成において、ごく少量の二酸化炭素でも利用できるようにするための仕掛けを身につけている。C4 光合成では、まず CO₂ を輸送分子と結合させて固定化し、炭素数 4 の有機化合物を生成する(これが C4 光合成の名の由来)。これを維管束鞘細胞という特殊な密閉された場所に運び込む。ここで再び二酸化炭素が放出され、光合成のさらなる反応に利用される。この放出工程は、NAD-リンゴ酸酵素 (C4-NAD-ME) により触媒される。

C4-NAD-ME がどのように機能しているかは、長い間、正確に分かっていなかった。研究チームは、観賞用のクレオメ属の植物を使って、この点を研究した。その結果、NAD-ME は α サブユニットと β サブユニットという 2 つの大きな構成単位からなることが判明した。 α サブユニットは二酸化炭素の放出に関与しているが、 β サブユニットは主に酵素の活性を調節する役割を担っている。

CO₂ の放出は、重要な代謝プロセスが常に行われているミトコンドリア内で行われるため、この調節は非常に重要である。ベータサブユニットは、2 つの酵素が互いに邪魔し合うのを防ぎ、C4-NAD-ME の反応速度を調節しているようだ。そのために、C4 光合成サイクルの中間生成物であるアスパラギン酸を結合させる。アスパラギン酸は、NAD-ME の「光合成型変種」が特に活性化するようにする。こうして、光合成のためにあらかじめ固定された CO₂ は、主に「マッチング」する酵素変異体によって処理される(しかも、はるかに速く働く)。

詳しくは、以下のサイトのニュースをご覧ください。 [University of Bonn website](#)

イネ遺伝子 OSNAC5 は根のリグニン蓄積により乾燥耐性に寄与

Seoul National University の研究者らは、根に蓄積されたリグニンによって [イネ](#) の [旱魃](#) 耐性が向上することを報告した。この研究成果は、Plant *Biotechnology Journal* に掲載されました。

早魘は、作物の成長や収量に影響を与える最も破壊的な生物的ストレスの1つである。これまでの研究で、リグニンの生成と早魘耐性との関連性が示されてきたが、その分子機構はまだ明らかにされていない。そこで研究チームは、イネの遺伝子 CINNAMOYL-CoA REDUCTASE 10 (OsCCR10) の役割について研究した。その結果、この遺伝子は、リグニンの蓄積を制御することで早魘耐性を媒介する転写因子 OsNAC5 によって直接活性化されることを見いだした。また、OsCCR10 の転写レベルは、早魘、高塩分、アブシジン酸などの外来ストレスに応答して増加することがわかった。この転写産物は、すべての発生段階において根に存在することがわかった。

OsCCR10 を過剰発現させた遺伝子組換えイネは、非遺伝子組換えネと比較して、生長段階で早魘耐性が向上し、光合成効率が高く、水分損失率が低く、根中のリグニン含量が高いことがわかった。一方、CRISPR-Cas9 を用いた OsCCR10 ノックアウト変異体は、根におけるリグニン蓄積量が減少し、早魘耐性が低下していた。

研究報告は、以下のサイトでご覧下さい。 [Plant Biotechnology Journal](#)

育種における革新

CRISPR-Cas9 を用いて新しい抗生物質を生産

University of Manchester の科学者たちは、[CRISPR](#) ゲノム編集を用いて複雑な抗生物質を生産する新しい方法を発見し、抗菌剤耐性との戦い、顧みられない病気の治療、将来の [パンデミック](#) への対処に緊急に必要となる未来の薬への経路を再構成した。

Manchester の研究者たちは、[CRISPR-Cas9](#) を用いて、臨床的に重要な抗生物質を供給する新しい非リボソームペプチド合成酵素 (NRPS) を作製した。NRPS 酵素は、ペニシリンなどの天然抗生物質を大量に生産する酵素である。しかし、この複雑な酵素を操作して、より効果的な新しい抗生物質を生産することは、これまで科学者にとって大きな課題であった。

研究チームは、ゲノム編集を行うことで、改良型抗生物質の生産が可能になり、将来的には、薬剤耐性の病原菌や病気と闘うための新しい治療法の開発につながる可能性があるとしている。英国 Manchester 生物工学研究所 (MIB) の化学生物学教授である Jason Micklefield 氏は、次のように説明している。「抗生物質耐性の病原体の出現は、現在私たちが直面している最大の脅威の一つである。我々が開発したゲノム編集法は、潜在的に改善された特性を持つ新しい抗生物質構造を作り出すことができる複雑な組立式酵素を、非常に効率的かつ迅速に操作する方法である。」と述べている。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧ください。 [The University of Manchester Newsroom](#)

ドナーDNAを必要としない CRISPR-CAS を用いたイネの遺伝子ノックアップ法の研究成果を発表

China Agricultural University の研究者とその共同研究者は、[CRISPR-Cas9](#) を用いて設計された大規模なゲノム逆位または複製によって、イネに新しい [遺伝子](#) と形質を導入できることを報告した。この成果は、*Nature Plants* に掲載されている。

逆位や重複などの構造変異は、作物の重要な農作物特性に貢献するとともに、遺伝子の多様化を促進する。ゲノム編集ツールを用いた育種において、設計された構造変異の可能性はまだ検討されていない。そこで研究グループは、イネの1番染色体に逆位を起こしてプロモーターを交換し、2番染色体に重複を起こすことで、新規の遺伝子カセットを作製しました。そして、元の CP12 とユビキチン2 遺伝子が葉で高発現し、ホモ接合型 SV 対立遺伝子を持つ編集植物で PPO1 と HPPD の発現が増加し、他の重要な農作物特性に大きな影響を与えることなく除草剤抵抗性が付与されることを確認した。

本研究の結果は、ドナーDNA を必要としない戦略を提供し、植物や動物の改良における CRISPR-Cas9 の利用を拡大させるものである。

詳しくは以下のサイトの論文を御覧ください。 [Nature Plants](#)

The University of Texas の科学者が新しい遺伝子編集ツールの可能性を発見

The University of Texas at Austin における新研究により、自然界に存在する [CRISPR-Cas](#) システムの数が増え、大規模な [ゲノム編集](#) のための新しいツールの可能性を研究者にもたらした。

CRISPR 関連トランスポゾン (CAST) と呼ばれる、CRISPR を利用して生物のゲノムのさまざまな場所に挿入する遺伝子のクラスターが同定された。以前の研究では、少なくとも細菌については、遺伝子全体や大きな DNA 配列をゲノムに追加するために使用できることが示されている。UT Austin の Ilya Finkelstein 氏と Claus Wilke 氏が率いるチームは、CAST の候補を約 10 個から 1,500 個近くまで拡大した。

「CAST を使えば、複数の複雑な機能をコードする『遺伝子カセット』と呼ばれる遺伝子をたくさん挿入できる可能性がある」と、この研究を発案し主導した分子生物学准教授の Finkelstein 氏は語っている。CRISPR の研究者でノーベル賞受賞者の Jennifer Doudna 氏は、CAST が遺伝子工学者のツールキットを拡張する重要な要素になり、10 年以内に「あらゆる生物の、あらゆる遺伝子位置に、あらゆる変化を導入」できるようになるだろうと予測している。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧ください。 [UT News](#)

TALEN を使ってスマを編集

日本の研究者は、転写活性化因子様エフェクターヌクレアーゼ ([TALENs](#)) を用いて、スマ (kawakawa) の表現型に大きな変化をもたらす小さな変異を誘発することに成功した。Platinum TALEN を用いた [遺伝子](#) slc24a5 の破壊を魚で実証した彼らの研究は、[ゲノム編集](#) 技術をマグロ類の色彩変異の研究に用いた初めての例である。

研究者らは、スマ (kawakawa) で TALENs を用いて slc24a5 という遺伝子を用いたシンプルで効率的な遺伝子ノックアウトを提示するために研究を計画した。この遺伝子は、劣性形質であるスマの黄金色の表現型を担っている。研究チームは、2 つの TALEN、+153/+47 と +136/+63 と標的の slc24a5 の間で、遺伝子の発現と機能的な差異を調べた。リアルタイム PCR 法を用いて、魚類の初期胚にお

ける slc24a5 の転写産物の発達的变化を観察することができた。さらに、Platinum TALEN を用いて 4 種類の TALEN を構築し、in vitro で一本鎖アニーリングアッセイにより評価した後、接合体の 2 細胞期に TALEN mRNA を注入して in vivo で再度評価した。その結果、網膜色素にモザイク模様があり、体内のメラニン色素が対照のスマと比較して少ない変異体が確認された。これらは、この遺伝子がメラニン色素の形成に関係していることを証明するものである。最後に、ヘテロ二重鎖移動度測定法を用いて、TALEN によって誘発された内因性遺伝子座の置換、挿入、欠失の変異をゲノムシーケンサーで確認した。

以上のことから、TALEN を用いた slc24a5 遺伝子の破壊は、対照のスマと比較して、変異スマの眼や皮膚におけるメラニン生成の順序を変化させたと思われる。このように、マグロ類の研究に適した海洋モデル生物において、TALENs を用いたゲノム編集技術を確立することができ、成長、生存、耐病性の向上による効率的な養殖生産が期待される。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧ください。 [Journal of Marine Science and Engineering](#)

異種の生物集団の中で育つ微生物のゲノム編集に成功

CRISPR 酵素は、その発見以来、一度に 1 種類の細胞のゲノムを編集するために使用されてきた。そして今回、約 10 年前に CRISPR-Cas9 ゲノム編集技術を発明したグループが、多くの異なる種からなるコミュニティ内で同時に遺伝子を追加・修正する方法を発見し、“コミュニティ編集”と呼ぶべきものへの扉を開いた。

この技術はまだ実験室での応用にとどまっているが、腸内や植物の根の上など、自然のコミュニティで編集した微生物を追跡するために利用できる可能性がある。研究チームはまず、コミュニティ内のどの微生物が実際にゲノム編集の影響を受けやすいかを判断するためのアプローチを開発した。ET-seq (Environmental Transformation Sequencing) と呼ばれるスクリーニング手法では、多くの微生物ゲノムにランダムに挿入されやすいトランスポゾン(ジャンピング遺伝子)をプローブとして使用する。トランスポゾンを導入する前と後の群集 DNA の塩基配列を決定することで、どの種の微生物がトランスポゾン遺伝子を組み込むことができるかを突き止めることに成功した。9 種類の微生物からなる群集を対象としたある実験では、異なる形質転換法を用いて、5 種類の微生物に同じトランスポゾンを挿入することに成功した。

さらに、CRISPR-CAS 9 に似た CRISPR-CAS 酵素を用いて、特定の DNA 配列に照準を合わせてバーコード付きのトランスポゾンを挿入する、DNA 編集型オールインワン RNA ガイド CRISPR-CAS トランスポゼ(DART)という標的送達システムも開発された。研究チームは、DART 技術をより現実的な微生物群集で検証するため、乳児から便を採取して培養し、14 種類の微生物を主成分とする安定した群集を作製した。そして、その群集の中にある個々の大腸菌株を編集し、病気と関連する遺伝子をターゲットにすることができた。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧ください。 [Innovative Genomics Institute](#)

米国の大学がゲノム編集における体細胞胚発生の可能性を探るためワタを宇宙へ送り出した

体細胞胚発生の遺伝学を解き明かすために微小重力下での実験を行う目的で、[ワタ](#)を宇宙へ送り出した。

2021年12月21日、Clemson University のワタ研究がフロリダ州の NASA ケネディ宇宙センターから SpaceX ドラゴン宇宙船で国際宇宙ステーションに向けて送り出される予定である。このプロジェクトは微小重力下で行われ、従来の長い育種プロセスを避けながら、病害抵抗性と早魃耐性の形質を持つエリートワタ品種の[ゲノム](#)を直接編集する能力を見極めるために行われる予定である。

このプロジェクトでは、体細胞胚発生の遺伝学を解明するためのユニークな環境である微小重力下で行われた実験から、科学者が結論を導き出すことができそうである。また、宇宙でカルス細胞がどのように分裂・再生し、それが形質転換細胞の品質にどのような影響を与えるかについても理解することができると考えられる。科学者たちによると、体細胞胚発生のメカニズムと遺伝的要因を発見することで、体細胞胚発生の細胞再プログラミングをより深く理解し、複数の望ましい形質を持つ綿花品種の提供を加速させることができるとのことである。体細胞胚発生の遺伝的構造、および調整を理解することで、ワタだけでなくさまざまな作物品種に対してゲノム編集や遺伝子操作を容易に行うための遺伝子研究プログラムをさらに進め、食糧、燃料、繊維の世界的需要に貢献することが期待される。

Clemson University によるプロジェクト「ワタゲノムの精密解析を目指して、Unlocking the Cotton Genome to Precision Genetics」の詳細については、以下のサイトのニュースリリースをご覧ください。
[Clemson University](#)
