



## 遺伝子組換え作物の最新動向

2021年2月



### ニュース

- ゴールデンライス、1日に必要なビタミンAの平均要求量の50%まで供給することができる
- 発展途上国はGM作物の導入において先進工業国を凌駕
- 中国の科学者がハヤトウリの遺伝子配列を解明し、塊茎と果肉の改良に役立てる
- インドネシア、遺伝子組換え作物のポストモニタリング規制を可決
- 気候変動に抵抗性のある遺伝子組換え作物の有益性は、以前のまとめでは過小評価されていた
- 穀物種以外の作物で耐ウイルス性に加え、鉄と亜鉛のバイオ強化のスタックに国際協力チームが成功
- 15年間のデータによると遺伝子組換えナタネや遺伝子組換えダイズは日本の生物多様性に影響を与えていない
- ハイブリッドコムギの育種を促進する遺伝子を発見に関する画期的研究
- 疫病抵抗性をジャガイモに付与するための最良の遺伝子を特定
- パナマ病に抵抗性のあるカベンディッシュバナナを開発
- キューバの科学バイテク担当専門官が遺伝子組換え作物の安全性を支持した

### 研究のハイライト

- ナノポアテクノロジーがわずか1週間で遺伝子組換え植物の個体識別を実現
- トウモロコシ中に必須アミノ酸を増強するためのバイオ技術ツール

### 育種における革新

- University of Calgary (カナダ) がゲノム編集で高収量のカノーラを育種
- 白カビに対する耐性を示す遺伝子組換えカノーラを育種
- フランスの研究者と専門家が農業大臣の新しい植物育成技術の構想を支持

---

### ニュース

ゴールデンライスは、1日に必要なビタミンAの平均要求量の50%まで供給することができる

国際稲研究所 (IRRI)、フィリピン稲研究所 (PhilRice)、バングラデシュ稲研究所 (BRRI) の研究者チームは、[Golden Rice](#) (GR2E) の導入系統が精米中に有意な量のカロテノイドを提供できることを報告した。

研究者らは、GR2E の形質を地元の 3 つのイネ品種に導入するために、マーカー支援逆交配を行った。結果として得られた導入系統は、隔離圃場で試験され、その農学的性能とビタミン A の前駆体である  $\beta$  カロテンの発現を評価した。圃場試験の結果、導入系統は再発親系統と同様の特性を有しており、病害虫や病害反応に違いは見られなかった。最も優れた性能を持つ系統は、ビタミン A の 1 日平均食餌所要量の 30% から 50% を供給できることが判明した。

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

---

## 発展途上国は GM 作物の導入において先進工業国を凌駕

ISAAA の報告書「[Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2019](#); 商業化されたバイオテクノロジー/GM 作物の世界状況: 2019 年」によると、発展途上国が 2019 年も引き続きより多くの遺伝子組換え・バイオテクノロジー作物を栽培した。この報告書は、現在、ISAAA のウェブサイト [ISAAA website](#) で公開されている。

先進国は 1996 年に商業化が始まって以来、2011 年まではより多くの遺伝子組換え作物を栽培していましたが、2011 年には世界のバイオ作物の面積が発展途上国と均等になった。2012 年以来、開発途上国が連続して先進国を上回った。2019 年には、世界の遺伝子組換え作物の面積の 56% が途上国に植えられている。2019 年に遺伝子組換え作物を採用導入した 29 カ国のうち、24 カ国が途上国、5 カ国が先進国であった。

2019 年のバイオ作物の作付面積では、ブラジル、アルゼンチン、インドが途上国をリードした。

世界の遺伝子組換え作物導入状況は以下のサイトを御覧ください。 [ISAAA report](#) またサンプルを以下のサイトに請求ください。 [sample report](#)

---

## 中国の科学者がハヤトウリの遺伝子配列を解明し、塊茎と果肉の改良に役立てる

北京農林科学院の中国の科学者たちは、ハヤトウリのこれからの品種改良や遺伝子改良の鍵となるその [ゲノム配列](#) を解明した。

科学者たちは、ハヤトウリの [ゲノム](#) の配列解析を行うために、Hi-C データとナノポアの第三世代シーケンスを組み合わせた。ハヤトウリのゲノムサイズはウコン科にしては大きく、蛇瓜科の野菜に最も近いゲノム配列を持つことが判明した。また、科学者たちは、ハヤトウリの果実の食感、色素、風味、フラボノイド、抗酸化物質、植物ホルモンなどを担う [遺伝子](#) を発見し、ハヤトウリの果実の発生に関与していることを明らかにした。

現在、ハヤトウリの完全なゲノム解析はまだされていない。今回の発見は、ウコン科の進化の理解を深めるとともに、遺伝子組換えや育種のための知見を提供するものである。

全報告は以下のサイトの論文をご覧ください。 [Horticulture Research](#)

---

## インドネシア、遺伝子組換え作物のポストモニタリング規制を可決

農業省は、[遺伝子組換え](#) (GE)作物のポストモニタリング評価スキームを確立するためのガイドラインを示す規則 50/2020 を可決した。このガイドラインは、規制 21/2005 を通じた同国の規制枠組みに沿って策定されたものである。

インドネシアは 2005 年に国のバイオ安全規制の枠組みを採択したが、ポストモニタリングのガイドラインがないため、遺伝子組換え作物の商業化には至っていない。規制 50/2020 は、この空白を埋め、遺伝子組換え作物のリリースのための標準作業手順書(SOP)の確立に向けた方向性を提供することが期待されている。インドネシア農業バイオテクノロジー・遺伝資源センター(ICABIOGRAD)が標準作業手順書の作成を担当している。

規則 50/2020 のハイライトは、栽培開始から 3 年間、国内で栽培された遺伝子組換え作物の「定期的なモニタリング」を行うことを申請者または許可者に求めることである。モニタリングは独立した調査機関または大学によって実施され、その報告書には農家調査、科学論文、環境アンケートのガイドラインが含まれる。モニタリングは、遺伝子組換え作物が 1 州に植えられている場合は 3 つの群・都市、2 州に植えられている場合は 3 つの群・都市と 2 つの州、3 つ以上の州に植えられている場合は 3 つの州でも実施される。家畜の健康や環境への影響は、適切な規制当局に報告されるべきとしている。

規制 50/2020 は、科学的根拠に基づいた参加型の評価を通じて、遺伝子組換え/GE 作物の商業化を後押しすることが期待されている。

[USDA FAS GAIN](#) が規制のコピーとともにこれに関する報告書を提供している。

---

## 気候変動に抵抗性のある遺伝子組換え作物の有益性は、以前のまとめでは過小評価されていた

過去の研究では、[遺伝子組換え](#)(GM)作物が気候変動の影響を緩和することに寄与していることが浮き彫りになっている。しかし、新しい計算によると、遺伝子組換え作物がこれまでの研究で明らかにされていた以上の貢献をしている可能性があることが明らかになった。

これまでの研究では、[GM 作物](#)の収量増加に伴う温室効果ガス(GHG)排出量の削減は考慮されていなかったこと、また、作物の収量が増加することで、農業生産のために新たな土地を更地にする必要性が減り、それによって CO<sub>2</sub> 排出量の増加を防ぐことができることから、新しい分析では土地利用のための炭素機会費用(carbon opportunity cost、COC)を要因として考慮していることを強調している。研究者らは、2018 年に Searchinger らが開発した手法を用いて、遺伝子組換え作物の収量増加による気候への有益性の新たな計算を行った。それを検証するために、彼らは、EU が遺伝子組換え作物を広く採用しておらず、遺伝子組換え政策の再評価を受けているため、欧州連合(EU)に焦点を当てた。EU に焦点を当てることで、[遺伝子組換え作物を導入](#)した場合のシナリオと現状を比較することができ、政策変更の影響をより包括的に把握することができた。彼らの解析では、[5 つの主要遺伝子組換え作物](#)における[害虫抵抗性](#)と[除草剤抵抗性](#)の形質を特定して、これらの収量増加への寄与に加えて更に土地利用の COC と生産排出量(PEM)の温室効果ガス排出量の 2 つのコンポーネントを含む寄与を解析した。

分析後に出てきた数字では、遺伝子組換え作物を EU で栽培した場合、GHG 排出量は年間 3,300 万トンの CO<sub>2</sub> 相当量 (MtCO<sub>2</sub>e/yr) を削減できることが明らかになった。これは、2017 年の EU 農業の総温室効果ガス排出量の 7.5% に相当する。調査のために特定された 5 つの主要な遺伝子組換え作物については、COC が PEM よりも 84% 以上の潜在的な回避可能な GHG 排出量となる。このことは、農業生産と政策変更の気候影響を推定する際に COC を考慮することの重要性を示している。その上で、研究者らは、作物バイオテクノロジーの研究が続けば、より多様な形質が利用可能になり、それぞれが異なる収量への影響を持つようになるだろうとの仮説を立てた。新しい遺伝子技術は、望ましい形質の組み合わせの多様性も拡大する可能性が高い。このように、より多くの作物でより多くの収量が増加すれば、温室効果ガス排出削減量の増加につながる可能性がある。彼らの推定値である 33 MtCO<sub>2</sub>e/yr は、気候変動緩和のための遺伝子組換え作物の将来の世界的な潜在的利益のほんの一部に過ぎないかもしれないとも結論付けている。

報告全文は、以下のサイトでご覧下さい。 [bioRxiv](#)

---

## 穀物種以外の作物で耐ウイルス性に加え、鉄と亜鉛のバイオ強化のスタックに国際協力チームが成功

国際的な科学者チームは、キャッサバモザイク病 (CMD)、キャッサバ褐条病 (CBSD) に高いレベルで抵抗性を持ち、さらに鉄と亜鉛のレベルも高いキャッサバの開発に成功した。穀物以外の作物において、病気抵抗性と複数の [バイオ強化](#) 形質がこのようにスタック (積み重なった) したのは初めてのことだ。

この研究は、キャッサバの貯蔵根のミネラル含有量を増加させることが可能であることを示した 2019 年の研究に基づいている。上級研究員の Narayanan Narayanan 博士と、共同研究員の Nigel Taylor 博士、Donald Danforth 植物科学センターのアソシエイトメンバーの Dorothy J. King 特別研究員、およびナイジェリアの共同研究者で、ウムディケの国立根菜類研究所の Ihuoma Okwuonu 博士と米国農務省が主導しているものだ。

[RNAi-介在技術](#) を用いて、東アフリカの 2 品種とナイジェリアの農家が好む 2 品種の CBSD に対する抵抗性を、AtIRT1 (主要鉄輸送体) および AtFER1 (フェリチン) を遺伝子組換え導入して、キャッサバの貯蔵根における鉄および亜鉛の栄養学的に有意なレベル (それぞれ 145 および 40 μg/g 乾燥重量) を達成した。

研究チームはまた、食品加工や調理中にミネラルレベルが保持されることを確認するために、キャッサバを試験した。研究チームは、高レベルの鉄と亜鉛が調理中に保持され、消化後も腸内で吸収可能な状態が維持されていることを発見した。バイオ強化キャッサバは、西アフリカの子供と女性のために、鉄の推定平均必要量 (EAR) の 40~50 パーセント、亜鉛の EAR の 60~70 パーセントを提供できる可能性がある。

詳しくは以下のサイトの論文をご覧ください。 [Donald Danforth Plant Science Center website](#)

---

## 15年間のデータによると遺伝子組換えナタネや遺伝子組換えダイズは日本の生物多様性に影響を与えていない

日本の農林水産省は、[遺伝子組換え GM ナタネ](#)と [GM ダイズ](#)が日本の[生物多様性](#)に与える影響を監視するために、過去 15 年間毎年調査を行ってきた。今回の調査では、どちらの遺伝子組換え作物も生物多様性に影響を与える可能性はないことがわかった。

この調査は 2006 年に開始され、毎年実施されており、遺伝子組換え作物の生息地から半径約 5km の範囲をカバーしている。遺伝子組換え作物と非遺伝子組換え作物の両方を綿密に観察し、葉を分析して[除草剤耐性](#)や農薬耐性 [遺伝子](#)の存在を検出している。最新の 2020 年のデータでは、遺伝子組換え大豆と野生大豆の間で交配は行われておらず、抵抗性形質の異なる遺伝子組換え大豆の間でも交配は行われていなかった。ナタネについては、遺伝子組換え遺伝子が異なる他の GM 種や密接な関係にある非 GM 種に遺伝子組換え遺伝子が伝播したケースが約 19%であったことが観察されています。しかし、この数字はクロスオーバー率の正常範囲内に収まっており、生物多様性に大きな影響はないと考えられる。農水省はまた、2006 年から 2018 年までに収集した調査結果では、組換え遺伝子がナタネで拡散した状況は見られなかったと強調している。

同省の報告書によると、今後も生物多様性への影響や、遺伝子組換え作物の存在の可能性について調査を行い、日本における遺伝子組換え作物の影響に関する科学的な理解をさらに追求して行くとしている。

農水省からの詳しい報告(日本語) ([MAFF](#))に基づくニュース(英語)を以下のサイトでご覧下さい。  
[Food Navigator Asia](#)

---

## ハイブリッドコムギの育種を促進する遺伝子を発見に関する画期的研究

西オーストラリア大学(UWA)の科学者と植物育種の専門家及び Limagrain 社の研究者が行った研究で、より高い収量とより優れた病気や環境耐性を持つ [コムギ](#)の育種を可能にする遺伝子が特定された。

研究では、コムギの大規模育種を可能にする 3 つの [遺伝子](#)、Rf1、Rf3、ORF279 を同定した。ARC センターオブエクセレンスの植物エネルギー生物学と UWA の分子科学部の Joanna Melonek 博士によると、花粉生産のスイッチを入れることでコムギの不稔性を逆転させる役割を持つ 2 つの稔性回復 (Restorer of fertility, Rf) 遺伝子、Rf1 と Rf3 を発見したという。Rf 遺伝子の同定は、ハイブリッド品種を生産するための交配で使用できるコムギの系統の迅速な開発を可能にする鍵となった。

驚くべきことに、彼らはまた、コムギの花粉生産のスイッチをオフにして不稔性を引き起こす遺伝子として Orf279 を同定した。Orf279 は、これまでは別の遺伝子がコムギの不稔の原因であると広く信じられていたため、見落とされていたものである。

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

---

## 疫病抵抗性をジャガイモに付与するための最良の遺伝子を特定

国際的な研究者チームは、1840年代にアイルランドで発生したジャガイモの飢饉を引き起こした深刻なジャガイモ病「疫病」の原因菌である *Phytophthora infestans* の全種に対するジャガイモの抵抗性を提供する新しい [遺伝子](#) を同定した。

イギリスの Sainsbury Lab 研究室、Wageningen 大学&研究部(WUR)、および他の機関の共同研究者らは、ジャガイモに関連する野生のソラヌム植物の広い範囲で抵抗性 [遺伝子](#) の多様性を調査した。その結果、蔓延している野生植物 *Solanum nigrum* (ブラックナイトシェード) の祖先である *Solanum americanum* が疫病に対する新たな抵抗性遺伝子の優れた供給源であることを発見した。

今回の研究では、抵抗性遺伝子 Rpi-amr1 とその多くの変異体について報告している。最大 10% の配列の違いにもかかわらず、各 Rpi-amr1 の変異体は、植物が疫病の同じエフェクタータンパク質を検出することを可能にし、病気からの保護を提供している。疫病菌株は、Rpi-amr1 のほとんどの変異体によって認識される 2 つの関連するエフェクタータンパク質を持っており、Rpi-amr1 は、試験した 19 個の枯病菌株すべてに対して抵抗性を示す。Rpi-amr1 耐性遺伝子は、商業用ジャガイモである Maris Piper で、他の 2 つの耐性遺伝子、Rpi-amr3 および Rpi-vnt1 と組み合わせられている。結果として得られたジャガイモ系統は、非常に多様な病害種に対して免疫を持つことになる。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [WUR website](#)

---

### パナマ病に抵抗性のあるカベンディッシュバナナを開発

Queensland University of Technology (QUT) の研究者である James Dale 特別教授と彼のチームは、パナマ病のトロピカルレース 4 (TR4) に抵抗性のあるカベンディッシュバナナの系統の開発に成功した。

Dale 教授によると、野生のバナナに由来する RGA2 [遺伝子](#) の高発現により、TR4 病に対する抵抗性が得られることが圃場試験で明らかになったという。RGA2 はキャベンディッシュにも存在するが、発現していない。TR4 耐性品種の開発は、米国に拠点を置く国際的な生鮮果物・野菜のリーダーであるフレッシュ・デル・モンテ社との提携につながり、研究者たちは [ゲノム編集のツールである CRISPR](#) を用いて、遺伝子組換えではないキャベンディッシュの品種を開発し、同じく TR4 耐性を持つ品種を開発することになった。

TR4 は、土壌中で 40 年以上生存する菌によって引き起こされる。この壊滅的な病気は、アジア、中東、アフリカ全域で作物の衰退につながり、2019 年には中南米のコロンビアで発見され、これらが世界の輸出バナナ生育地域の約 85% を占めている。

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

---

キューバの科学バイテク担当専門官が遺伝子組換え作物の安全性を支持した

遺伝子工学・バイオテクノロジーセンター (CIGB) 農業研究担当ディレクターの Mario Pablo Estrada 氏は、遺伝子組換え作物への支持を改めて表明し、これらがキューバの農業食料生産、特に[トウモロコシ](#)と[ダイズ](#)の自給を助けることになると述べた。

Estrada 氏はさらに、バイオテクノロジーはキューバがより良い種子を開発し、収量の増加を達成するのに役立つと説明した。彼の発言は、BioCubaFarma の Eulogio Pimentel 氏とのラジオやテレビのインタビューの後に行われたもので、Pimentel 氏は、2050 年までに世界的に農業用の土地利用が減少すると予測されているため、科学者や農学者は農業生産を懸念していると述べている。遺伝子組換え作物は問題解決に役立つかもしれないが、Pimentel 氏は、人間の消費や環境に対する安全性はまだ証明されていないと述べた。一方、Estrada 氏はこれらの発言に対して、作物バイオテクノロジーはノーベル賞を受賞した複数の科学者や世界中の 200 以上の機関によって支持されており、人間の健康や環境への安全性についても同様の有益な結果が得られる技術研究が 25 年前から存在していると述べている。

キューバは、[農業バイオテクノロジー](#)を通じた種子開発に向けたキューバの科学技術力に関する国策の一環として、2020 年 7 月に「遺伝子組換え (GM) 生物の使用に関する国家委員会」を創設した。同委員会の責任は、キューバの農業開発を支援するためのバイオテクノロジーの秩序ある利用を監視することにある。現在、キューバでは、生産者が国民経済に大きな影響を与えると予測している遺伝子組換えトウモロコシとダイズの種子が開発中である。

詳しくは、以下のサイトの全文を御覧ください。[CIGB](#)

---

## 研究のハイライト

### ナノポアテクノロジーがわずか 1 週間で遺伝子組換え植物の個体識別を実現

オーストラリアの科学者たちは、[遺伝子組換え](#) (GM) 植物の分子特性評価のために開発された新しいナノポア技術を用いた方法をテストした。その結果、DNA の抽出から結果の解析までのプロセスがわずか 1 週間で完了し、手間のかかる従来の技術と比較して、より速く、よりシンプルで、より費用対効果の高い方法が実現したことを報告した。

本研究の目的は、シンプルで堅牢なバイオフィォマティクスパイプラインと、[バイオフィォマティクス](#)の能力が限られている研究者にも使いやすい戦略を用いて、[GM 植物](#)の分子特性を正確かつ迅速に評価する方法を開発することであった。科学者たちは、多年生ライグラス、シロツメクサ、[カノーラ](#)の 3 つの多様な [GM 品種](#)に MinION 装置を使用した。その結果、フランキング配列、コピー数、バックボーン配列の存在、全体的なトランスジーン挿入構造、さらには一般的に見落とされがちな中程度の大きさの二次挿入を特定することに成功した。

結論として、提案されたやり方は、遺伝子組換え品種ごとに単一のナノポアフローセルを使用して、わずか 1 週間で実行することができるので、このテスト方法は、商業化または規制緩和プロセスの前に、分子レベルでの遺伝子組換え品種の特徴を捉えるために使用することができる。また、この方法は、カスタムデータベースを使用して、ベクターや一般的な遺伝子組換え部分をスクリーニングすることで、追跡の目的で使用することも可能である。科学者たちは、これがナノポアシーケンシングのみを用いた遺伝子組換え植物の最初の評価と完全な分子特性化ができると述べている。

兼研究の詳細は、以下のサイトを御覧ください。[Frontiers in Plant Science](#)

---

## トウモロコシ中に必須アミノ酸を増強するためのバイオ技術ツール

Md.Mahmudul Hasan 氏と Rima Rima 氏によると、[トウモロコシ](#)中の必須アミノ酸を増加させるためには、様々な[遺伝子工学技術](#)が有用なツールとなる可能性があるという。彼らの論文は、ジャーナル「*Transgenic Research*」に掲載されている。

人間と反芻動物は、通常の条件下で必須アミノ酸と条件付き必須アミノ酸を生産することができないため、植物源からそれらを摂取する必要がある。しかし、トウモロコシは人間にとっても反芻動物にとっても主食であるにもかかわらず、多くの必須アミノ酸が不足している。トウモロコシの必須アミノ酸を増強するために、遺伝子工学的には、単一遺伝子形質転換、単一カセットでの複数 [遺伝子](#)形質転換、望みのアミノ酸トランスポーターの過剰発現、フィードバック阻害酵素のサイレンシング、主要な酵素の過剰発現などのアミノ酸生合成経路の工学などの様々の手法を適用することが可能である。

詳細は、以下のサイトを御覧下さい。[Transgenic Research](#)

---

## 育種における革新

### University of Calgary (カナダ) がゲノム編集で高収量のカノーラを育種

University of Calgary の生物学者は、[ゲノム編集](#)を用いてたった一つの[遺伝子](#)を改変することで、[カノーラ](#)の草丈と形容を変えることに成功し、収量を増やすことに成功した。

カノーラ野生型株に取り組んで、ストリゴラクトンホルモンの受容体である BnD14 遺伝子を標的にして、カノーラの草丈と形を改変することを狙った。これまでの研究では、ストリゴラクトンが少ない草丈の低いものほど枝が多く出ることが証明されていた。この遺伝子を改変することで、科学者たちは植物の構造を変化させ、枝や花の数がはるかに多い草丈の低いカノーラを育種して、個々の収量を高めることができた。彼らは、1 株あたりの枝の数が 20 から 60 に増加し、花の生産量が約 200% 増加したことを記録した。遺伝子を編集した後、編集したカノーラ系統を交配してゲノム編集に使用した DNA を除去し、外来 DNA の痕跡のないゲノム編集株を得た。研究者たちの次のステップは、圃場試験で成果を確認することである。

このゲノム編集されたカノーラの開発により、栽培面積はそのまま、収量の大幅な増加につながる事が期待されている。

詳しくは、以下のサイトでニュースリリースを御覧ください。[University of Calgary](#)

---

### 白カビに対する耐性を示す遺伝子組換えカノーラを育種

白カビ病は、スクレロチニア (Sclerotinia) としても知られている真菌病原体で、毎年[カノーラ](#)畑の 14-30% に影響を与え、収量を最大 50% も減少させてきた。そこで、Cibus の研究者たちは、作物に外

来遺遺伝子を組み込むことなく、つまりその非遺伝子組換え状態を保持しつつ、彼らの Rapid Trait Development System (RTDS) を使用して、ゲノム編集を行い、育種を行った。

「基本的には、植物の細胞内の自然なプロセスを利用し、遺伝子の塩基配列を変更して、変更したものを植物全体に戻した。そして、それを温室で、通常の植物育種プログラムに組み込みます。」と、Cibus 社の社長兼 CEO である Peter Beetham 氏が述べている。

白カビ病との戦いには、二酸化炭素排出量の削減など、いくつかの利点がある。殺菌剤の使用回数が少なくて済むため、農家を使用する燃料も少なくて済み、また、この病気への抵抗性は、収量を向上させ、より高い収入を保証できる。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。[Cibus](#) と Western Producer

---

## フランスの研究者と専門家が農業大臣の新しい植物育成技術の構想を支持

フランス植物バイオテクノロジー協会 (AFBV) は、[グリーンバイオテクノロジー](#) 分野の約 100 名の研究者や専門家を集めており、フランスの Julien Denormandie 農務大臣の新しい植物育種技術 (NPBT または NBT) を支持する立場を歓迎している。プレスリリースでは、AFBV は、そのような技術は植物の育種を迅速化し、より効率的にすることを可能にすると述べている。

AFBV が特に力を入れているのは [ゲノム編集](#) で、「農業や社会のニーズに対応するためには、育種家が利用できる革新的な技術の範囲に含める必要がある」としている。しかし、このようなイノベーションの可能性は、現在、世界市場での競合他社が利用可能な状態で、新規バイオテクノロジーの使用を禁止する欧州の規制によって阻まれている。

プレスリリースによると、科学の進歩に適応した新しい規制の枠組みを要求する農相のイニシアチブは、植物育種におけるイノベーションの継続を可能にするための前向きな一歩を構成しているという。この技術の導入は、フランスの食糧主権の第一の重要な種子の主権を確保するためにも必要であるとしている。

詳しくは、以下のサイトを御覧ください。 [press release](#)

---