



遺伝子組換え作物の最新動向  
2021年7月



新型コロナウイルス(COVID-19)に関する最新情報

○Crispr を用いるゲノム編集でヒト感染細胞での COVID-19 の複製を阻止

ニュース

- 遺伝子組換えの早魘耐性イネは、非遺伝子組換えのものと同様に安全である
- New South Wales 州が 18 年間にわたる遺伝子組換え作物禁止を解除
- タンパク質が豊富なソラ豆の有用性を引き出した；反栄養素の遺伝子を発見
- 遺伝子ドライブが媒介性疾患の持続的管理法を専門家にもたらず
- 米国農務省動植物衛生検査局が従来の品種改良に類似した遺伝子改変をバイオテク規制の対象外とすることを提案
- Wageningen University & Research (WUR)の科学者がジャガイモ疫病の病原体が植物に浸透する仕組みを発見
- 野生のソルガムが気候変動に強い作物のためのツールキットを提供
- オーストラリアの研究者が病気の原因となる真菌に強い植物遺伝子を特定するツールを開発
- 政府の決定が遺伝子組換え食品に対する消費者の認識に影響を与える

植物育種における革新

- ロシア初の遺伝子組換え子牛が誕生
  - 日本の研究者が非遺伝子組換え (GM) 作物を作る新しいゲノム編集ツールを開発
  - 植物の遺伝子を高効率で活性化する CRISPR 3.0 システムを公開
  - ゲノム編集に対する 5 カ国の市民の反応を調査
  - 米国エネルギー省先端バイオエネルギー・バイオプロダクツ革新センター (CABBI) が CRISPR-CAS9 を用いたサトウキビの精密交配に初めて成功
  - CRISPR-CAS9 を用いて窒素利用効率の高いコムギを開発
-

## 新型コロナウイルス(COVID-19)に関する最新情報

### Crispr を用いるゲノム編集でヒト感染細胞での COVID-19 の複製を阻止

[COVID-19](#) およびパンデミックウイルスに対する新たな治療法開発に向けた大きな一歩として、オーストラリアの The Peter MacCallum Cancer Centre (Peter Mac) と The Peter Doherty Institute for Infection and Immunity (Doherty Institute ; 感染・免疫研究所) の科学者が、[SARS-CoV-2](#) ウイルスが感染したヒト細胞で複製されるのを阻止する方法を発見した。

この画期的な成果は、Mohamed Fareh 博士と Joe Trapani 教授による 2019 年の Peter Mac の研究で、[CRISPR](#) ゲノム編集ツールを用いて小児がんを引き起こす異常な RNA を排除できることを示したことによる。また、Doherty 研究所所長の Sharon Lewin 教授は Wei Zhao 博士とともに、同じ手法を用いて試験管内で RNA ウイルス SARS-CoV-2 とその亜種の複製を抑制することが示した。研究チームは、標的となる RNA に結合して、細胞内での複製に必要なウイルスのゲノムの一部を分解する CRISPR-Cas13b を使用した。共同研究チームは今後、この手法を動物実験で検証し、最終的には臨床試験を行う予定である。

Lewin 教授によると、パンデミックへの対応は、予防的なワクチンの展開に重点が置かれているが、COVID-19 の患者に特化した治療法の必要性は依然として緊急性が高い。Fareh 博士は、この方法は既存の多くのウイルスにも適用でき、現在の治療法を大きく変える可能性があるとして述べている。

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

---

## ニュース

### 遺伝子組換えの早魃耐性イネは、非遺伝子組換えのものと同様に安全である

韓国の研究者らは、遺伝子組換えの早魃に強い [イネ](#) の品種の環境安全性を、選択した農業形質と遺伝子の流れの観点から調査した。その結果、[遺伝子組換え \(GM\) イネ](#) は、[気候変動](#) による食糧問題に対処する手段として利用できると結論づけた。

研究者たちが注目したのは、CaMsrb2 遺伝子を挿入した [GM イネ](#) 品種 HV8 と HV23 である。この遺伝子は、イネの酸化ストレスに対する防御制御因子として機能する。遺伝子組換えイネを非組換えイネと比較したところ、農業形質、発芽率、潜在的な雑草性、栄養組成などの点で両者は同じであった。また、GM イネ

では遺伝子の移動が起こらなかった。この研究は、遺伝子組換え作物を導入する前に、まずその安全性を証明することが重要であると考えて行われたものである。

報告全文と討論は、以下のサイトを御覧ください。 [Environmental Sciences Europe](#)

---

## **New South Wales 州が 18 年間にわたる遺伝子組換え作物禁止を解除**

[オーストラリア](#) New South Wales 州 (NSW) の農家は、2021 年 7 月 1 日より、NSW 州で実施されていた 18 年間の GM 作物モラトリアムが終了し、国内で承認されているすべての [GM 作物](#) の栽培ができるようになった。

CropLife Australia の CEO である Matthew Cossey 氏は、モラトリアムが終了したことで、連邦遺伝子技術規制機関によって承認された GM 作物に関するイノベーションを利用する機会が増えたことに感謝の意を表している。

「農家は、自分の農業環境やビジネスモデルに最適な作物を自分で選択すべきである。遺伝子組換え作物を利用することは、農家が旱魃や気候変動に伴う厳しい環境に直面し続ける中で、ますます重要になってくるでしょう」と CropLife 社のメディアリリースで述べている。オーストラリア本土のすべての州で遺伝子組換え作物が解禁されたことで、オーストラリアの農業界とともに遺伝子組換え作物の研究やイノベーションが盛んになることが期待される。

メディアリリースは、以下のサイトで御覧ください。 [CropLife Australia](#)

---

## **タンパク質が豊富なソラ豆の有用性を引き出した；反栄養素の遺伝子を発見**

Universities of Helsinki、Universities of Copenhagen、Luke Natural Resources Institute (フィンランド) を中心とするデンマーク、フィンランド、ドイツ、英国、カナダの国際研究チームは、タンパク質が豊富なソラ豆に含まれる有害物質を生成する遺伝子を特定した。

ソラ豆は優れたタンパク源だが、マラリアが流行しているほとんどの地域のである種の突然変異を持つ人はソラ豆を食べることができない。そこで研究者たちは、これらの人々にとって有害なビシン (vicine) とコンビシン (convicine) を生成する遺伝子を特定した。

科学者たちは、ビシンとコンビシンの含有量をつかさどる [VC1 遺伝子](#) を特定した。また、この遺伝子の中に、合成量の減少を引き起こす特定の変異があることも突き止めた。ビシンとコンビシン含有量が少ないソラ豆品種はすべて、遺伝子

バンクで見つかった1つの品種の子孫であることがわかった。この品種は、VC1 遺伝子内に2つのヌクレオチドが挿入されていた。この挿入は VC1 の機能を破壊しており、ビシン・コンビシン含有量が低いことの唯一の遺伝的原因となっていた。本研究により、ビシンおよびコンビシンの生合成経路が完全に解明され、最終的には、これらの反栄養化合物を全く含まないソラ豆品種の育種、生産、商業利用への道が開かれた。

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

---

## 遺伝子ドライブが媒介性疾患の持続的管理法を専門家にもたらす

デング熱やマラリアは蚊によって媒介され、毎年、世界中で数百万人もの死者を出している。遺伝子組換えの蚊を使った遺伝子ドライブは、致命的なウイルス性疾患に立ち向かうための、効果的で経済的、かつ労力のかからない解決法である。

これに関するウェビナーが2021年7月8日に Zoom 経由でライブ配信された。このウェビナーは、ISAAA がバイオテクノロジー情報センター (BIC) および Outreach Network for Gene Drive Research と共同で開催したものである。シンガポール、台湾、イタリアから専門家が招かれ、媒介性疾患を軽減する手段としての遺伝子ドライブとその可能性について講演した。

シンガポールの Duke-NUS Medical School の Programme in Emerging Infectious Diseases の Eng Eong Ooi 教授がアフリカとアジアにおけるマラリアとデング熱の現状について説明した。毎年何百万人もの人々がこの2つの病気に感染し、特に子供の場合は死に至るケースもあると説明した。製薬会社はこれらの病気を抑制するために抗マラリア薬や抗デング薬の開発を続けているが、これらの薬の効果は時間とともに薄れたり、承認前の試験で失敗することもある。

[遺伝子ドライブ](#)は、病気を軽減するためのツールである。台湾国立衛生研究所感染症・ワクチン研究所の Chun Hong Chen 博士によると、マラリアとデング熱は蚊によって媒介され、公衆衛生上の脅威となっている。感染者が蚊に刺されると、その蚊がウイルスの媒介者となる。蚊が上陸して他の人を刺すと、その人も感染する。このようなサイクルが繰り返され、病気は時に制御不能までに広がっていく。現在、蚊の数をコントロールするために、清掃活動や化学物質の噴霧などの伝統的な方法が使われているが、これらは費用も労力もかかると Chun 氏は言っている。遺伝子ドライブは、より持続可能でコスト効率の高い解決策である。

イタリアの Polo di Genomica of the Genetica e Biologia の Maria Vittoria Mancini 博士も、共同演者の発言を支持している。Mancini 博士は、遺伝子ドライブの利点とは別に、時間の経過とともに技術の有効性が低下すること、世間の認識や倫理

的な問題、国際的な規制、生態系への影響など、この技術の限界についても説明した。媒介虫対策におけるさらなるイノベーションの必要性が高まる一方で、遺伝子制御技術を責任をもって評価・開発するためには、透明性が高く、包括的で、十分な情報に基づいた議論が不可欠であるとも述べている。

このウェビナーは、ISAAAのグローバルコーディネーターである Mahaletchumy Arujanan 博士によって開会され、南アフリカの University of Cape Town にある Modelling and Simulation Hub Africa の Sheetal Silal 博士がモデレーターを務めた。ISAAA SEAsiaCenter の Rhodora Romero-Aldemita 博士が閉会の辞を述べた。セッションの様子は、[ISAAA's YouTube channel](#) でご覧下さい。

---

### 米国農務省動植物衛生検査局が従来の品種改良に類似した遺伝子改変をバイオテック規制の対象外とすることを提案

米国農務省動植物衛生検査局 (USDA APHIS) は、植物の[遺伝子改変](#)の一部をバイオテック[規制](#)の対象外とする提案についてコメントを募集している。

米国農務省によると、以下の3つの改変は、[従来の育種法](#)で実現できる改変と類似しており、機能的にも同等であるとしている。その内容は以下の通りである。

1. 修復テンプレートが存在しない状態で、2つの相同染色体上の同じ位置にある標的DNA切断を修復した結果、1つの遺伝子の父方および母方の対立遺伝子に、同一または異なる機能喪失変異が生じること。
2. 外部から提供された修復鋳型を用いて、1本または2本の相同染色体上に生成された連続した欠失または任意のサイズの欠失。
3. 1本の染色体上、または2本の相同染色体上の同じ位置にある2つの標的二本鎖切断を修復した結果生じる変化であって、修復鋳型の有無にかかわらず、任意のサイズの連続した欠失が生じた場合、または修復テンプレートがない場合にDNAの挿入と組み合わされた任意のサイズの連続した欠失が生じた場合。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。[USDA APHIS proposal](#) 及び [Federal Register Notice](#)

---

### Wageningen University & Research (WUR)の科学者がジャガイモ疫病の病原体が植物に浸透する仕組みを発見

19世紀にアイルランドをはじめとする西欧諸国に飢饉をもたらした病原体 *Phytophthora infestans* は、現在でも世界中の食糧生産にとって大きな脅威となっ

ている。この病原体が、農作物の葉の外側の保護層をどのようにして通過するのかは、長い間、謎だった。このたび、Wageningen University & Research (WUR) の研究者たちは、独自の共同研究により、この疑問に対する答えを見つけた。

毎年、*Phytophthora* は、ジャガイモ、トマト、ナス、ココア、ピーマン、ダイズ、ヤシなど、あらゆる種類の農作物に甚大な被害をもたらしている。ジャガイモだけでも約 60~70 億ユーロの被害が出ている。この病原菌との戦いは依然として難しく、耐性のある作物を開発するための研究が行われている。*Phytophthora* 対策のもう一つの可能性は、植物への侵入を一切防ぐことである。植物には、*Phytophthora* のような侵入者を狙う保護層があるが、この病原体はこの層を突破して植物の病気のプロセスを開始する。WUR の植物病理学者、細胞生物学者、物理学者が協力して、この謎を解明することができた。

物理化学・ソフトマター学科の Joris Sprakel 教授によると、*Phytophthora* は巧妙なトリックを使って管状の感染構造を鋭くし、鋭いナイフのように植物の表面を切り裂くことを発見した。この戦略により、*Phytophthora* は、力づくではなく、最小限のエネルギー消費で宿主に感染させることができる。Sprakel 教授は、「このメカニズムが明らかになったのは初めてのことで、まさに基礎的な発見である。」と語っている。

詳しくは、以下のサイトの WUR ニュースの記事をご覧ください。 [WUR News](#).

---

## 野生のソルガムが気候変動に強い作物のためのツールキットを提供

CWR (Crop Wild Relatives) プロジェクトの研究者たちは、より気候変動に強い品種の育成に役立つ、これまで説明されていなかった遺伝子や形質のツールキットを開発した。

[オーストラリア](#)の研究グループが行った研究では、[遺伝子配列](#)やマッピングの最新技術を用いて、アフリカのさまざまな環境から収集した作物の野生種や現地品種を用いて、新しいソルガムを開発した。これらの野生の近縁種が持つさまざまな形質は、[気候変動](#)への適応の可能性を秘めている。さまざまな環境で得られた遺伝子や形質を網羅したこの新しいセットは、さまざまな地域や条件に適応した、回復力のある新しいソルガム品種の開発を加速し、向上させると考えられる。

「野生の近縁種からの遺伝子も含めて、このような幅広い遺伝子を研究者や育種家が利用できるようになったことは、大きな成果である。」と CWR プロジェクトを統括する Benjamin Kilian 氏は、語っている。「気候変動の影響を受けにくい作物の開発につながり、世界の多くの地域で食料安全保障が向上するでしょう」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。 [Crop Trust](#).

---

## オーストラリアの研究者が病気の原因となる真菌に強い植物遺伝子を特定するツールを開発

University of Western Australia (UWA) と UWA 農業研究所 (UWA Institute of Agriculture) の研究者らは、University of Melbourne と共同で、病気の原因となる真菌に耐性を持つ植物 [遺伝子](#) を特定し、より耐性の高い作物を作るためのツールを開発した。

研究者らは、病気に対する耐久性のある抵抗メカニズムを開発するために、黒脚病 (blackleg) に対する抵抗遺伝子に注目した。黒脚病は、作物を枯らしてしまうことの原因となる真菌で、キャノーラの生産者にとっては深刻な問題であり、年間平均 10% の収量減が発生している。研究チームは、キャノーラ植物の黒脚病に対する抵抗性の基盤となる遺伝子を特定するスクリーニングプラットフォームを開発した。これらの遺伝子は、キャノーラ作物を保護するための育種プログラムに導入することができる。

詳しくは以下のサイトの論文を御覧ください [UWA website](#)

---

## 政府の決定が遺伝子組換え食品に対する消費者の認識に影響を与える

インドとカナダの研究者が、過去 20 年間に出版された何百もの論文を分析し、遺伝子組換え食品、政策、消費者の受容に関連する動向を記録した。分析の結果、消費者の認識は、政府の決定、利点の伝え方、メディアなどの要因に影響されるという結論に達した。

1981 年から 2021 年までの合計 543 の科学雑誌論文を、Web of Science データベースと BibExcel および VOSviewer 可視化ソフトウェアツールを用いて書誌的に分析し、GM 食品の嗜好と認識に関連するフレーズのトピックベース検索を活用した。その目的は、GM 食品に対する消費者の認識と嗜好、およびその承認と消費を規制する政策に関する動向をマッピングすることだった。主な調査結果は以下の通りである。

- GM 食品に対する消費者の反応に関する出版物は増加傾向にある。
- 遺伝子組換え研究は、農業および食品科学技術と強い関連性がある。
- 消費者の反応は、遺伝子組換え作物を禁止するか承認するかという政府の決定に大きく影響される。

- 潜在的な利益が十分に説明されていれば、国民の支持は高まる。
- 価格を下げると消費が増える。
- メディアによるポジティブな影響は、政府への信頼と科学への信頼を高める。

また、研究者は、サンプル論文の大半が先進国のものであり、発展途上国が遺伝子組換え食品を成功させるためには、より多くの研究を行う必要があると指摘している。そして、遺伝子組換え食品の安全性、消費者の受け入れ、国民の意識を確保するためには、研究、農業食品産業、社会を重視した政策が必要であると提言している。

論文は以下のサイトでご覧下さい。 [AgriRxiv](#)

---

## 植物育種における革新

### ロシア初の遺伝子組換え子牛が誕生

Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry、Skolkovo Institute of Science and Technology (Skoltech) と Moscow State University の研究者は、ロシアで初めてクローン子牛を生産し、先日その子牛が誕生した。

Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry の Galina Singina 氏が率いるチームは、体細胞核移植 (SCNT) を用いて、胚性線維芽細胞を核の提供者とした子牛のクローンを作ることに成功した。この子牛は、2020年4月10日に誕生し、出生時の体重は63キログラムだった。今では410kgを超える成獣となり、生殖周期も規則正しくなっています。1歳になるまでは母親と別室で飼育されていたが、5月からは研究所の他の牛たちと一緒に毎日放牧されています。

関連する実験として、研究チームは、人間のミルクアレルギーの原因となるタンパク質であるβ-ラクトグロブリンの原因となる遺伝子をノックアウトすることに成功し、低アレルギー性のミルクを出すゲノム編集牛を作ることを目指した。研究チームは、CRISPR-Cas9技術を用いて、ウシのゲノム上でβ-ラクトグロブリンをコードする2つの遺伝子 PAEP と LOC100848610 をノックアウトし、ゲノム編集した胚性線維芽細胞のラインを得た。β-ラクトグロブリンは、牛のゲノム上に4つの遺伝子コピー（各遺伝子2つずつ）が存在し、不活性化するため、簡単な標的ではない。研究チームは、4つのうち3つを不活性化することができた。

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

---

## 日本の研究者が非遺伝子組換え（GM）作物を作る新しいゲノム編集ツールを開発

東京大学の研究者らは、遺伝子組換え技術の痕跡を残さずに植物の葉緑体遺伝子を改変するという、[ゲノム編集](#)の新しいやり方を開発した。

研究者らは、ゲノム編集ツールである [TALENs](#) (Transcription activator-like effector nucleases) に、さらに「葉緑体を標的とする」シグナルを組み合わせ、「ptpTALECDs」と名付けた。この研究の目的は、葉緑体 DNA の特定の部分だけに、均一で継承可能な改変を施すことである。ptpTALECDs の DNA 配列を設計する際には、大型の TALENs タンパク質と葉緑体を標的とする成分のペアを、核 DNA から一つのユニットとして同時に発現させる必要がある。そして、この配列をシロイヌナズナの植物に挿入し、修正されていない植物と交配させる。

その結果、第一世代の子孫の核 DNA が恒久的に変化して、ptpTALECDs の配列が含まれていることがわかった。次の世代の植物は、核 DNA を自然に継承し、その結果、ptpTALECDs の配列を持つ種子と持たない種子ができる。しかし、植物は常に雌の親から葉緑体全体を完全に受け継ぐ。つまり、次の世代の植物は、核 DNA の有無にかかわらず、母親の改変した葉緑体 DNA を受け継ぐことになる。

実証実験の結果は、ptpTALECDs のメカニズムによって、その2代目や将来の子孫に非 GM 植物ができることを示している。この方法は、ポイントとなる変異を加えるだけなので、農家や消費者に受け入れられやすい品種の品質を確保することができる。

詳しくは、以下のサイトのプレスリリースや科学雑誌の論文を御覧ください。  
[University of Tokyo](#)、[Nature Plants](#).

---

## 植物の遺伝子を高効率で活性化する CRISPR 3.0 システムを公開

University of Maryland (UMD), の Yiping Qi 准教授（植物科学）は、従来の [ゲノム編集](#) ではなく、遺伝子活性化に焦点を当てた新しい改良型の [CRISPR 3.0](#) システムを植物に導入した。

CRISPR 3.0 システムは、多重 [遺伝子](#) 活性化に焦点を当てており、複数の遺伝子の機能を同時に高めることができることを意味している。このシステムは、現在の最先端の CRISPR 技術の 4~6 倍の活性化能力を持ち、最大 7 つの遺伝子を同時に高精度かつ効率的に活性化する。CRISPR は、望ましくない遺伝子をロックアウトできるゲノム編集機能の方がよく知られているが、遺伝子を活性化して機

能性を獲得することは、将来に向けてより優れた植物や作物を生み出すために不可欠である。

Qi 氏のチームは、すでにイネ、トマト、シロイヌナズナで CRISPR 3.0 システムを検証し、品種改良のスピードを上げるために開花を早めるなど、多くの種類の遺伝子を同時に活性化することを示している。しかし、これは多重活性化の数多くの利点のひとつにすぎないと Qi 氏は延べている。このチームは、このシステムを使って、気候変動や世界的な飢餓との戦いに役立つ遺伝子を、より効果的かつ効率的にゲノム上でスクリーニングすることを期待している。また「重要な遺伝子をスクリーニングするために、この新しいシステムを使って、遺伝子の活性化をデザインし、調整し、追跡することができる。」と付け加えた。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧ください。 [UMD College of Agriculture and Natural Resources website](#)

---

## ゲノム編集に対する 5 カ国の市民の反応を調査

ドイツの University of Göttingen と [カナダ](#) のバンクーバーにある University of British Columbia の研究者たちは、ゲノム編集の農業へのさまざまな応用に対して、5 カ国の市民がどのような反応を示すか、どのような応用が受け入れられるか、新しい育種技術のリスクと利益がどのように評価されるかを調査した。

その結果、ドイツ、イタリア、カナダ、オーストリア、米国の 5 カ国では、わずかな違いしかなかった。しかし、5 カ国ともに、家畜よりも作物のゲノムの変化の方が受け入れられている。2019 年 6 月から 11 月にかけて、5 カ国の 3,700 人がこのトピックに関するオンライン調査に参加した。ゲノム編集の 5 つの異なる応用例を分析した。3 つの応用例は、人間、植物、動物の 3 つの種における病気の耐性に関するもので、2 つの応用例は、同じ種の異なる目標（牛における製品の質や量の変化）に関するものである。

University of Göttingen の Gesa Busch 博士によると、遺伝子改変の目的が評価に大きな影響を与えるという。Busch 博士は、「病気に強い動物を作るための技術であれば、動物のパフォーマンスを向上させるための技術よりも承認が高くなる」と述べている。しかし、全体的には、新しい育種法の使用について、回答者の反応は非常に異なっていた。この技術に対する強い支持者、支持者、中立者、不支持者の 4 つのグループに分けられる。この技術を強く支持するグループ（21%）は、リスクはほとんどなく、多くの利点があると考えている。しかし、反対派（24%）は強いリスクを認識しており、潜在的なメリットにかかわらず、この技術を禁止することを主張している。

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

---

## 米国エネルギー省先端バイオエネルギー・バイオプロダクツ革新センター (CABBI) が CRISPR-CAS9 を用いたサトウキビの精密交配に初めて成功

米国エネルギー省先端バイオエネルギー・バイオプロダクツ革新センター (CABBI) のフロリダ大学の研究者らは、[CRISPR-Cas9](#) ゲノム編集を用いて [サトウキビ](#) の精密交配に初めて成功したことを、*Frontiers in Genome Editing* に2つの論文を発表した。

1つ目の報告では、サトウキビのクロロフィル生合成の鍵となる酵素であるマグネシウムケラターゼ [遺伝子](#) のコピーを可変的にオフにする能力を実証し、薄緑色から黄色の葉を持つ植物を迅速に同定することができた。薄緑色の葉を持つ植物は成長の低下が見られず、同じ量のバイオマスを生産するために必要な窒素肥料の量が少なくて済む可能性がある。2つ目の研究では、サトウキビにおいて効率的かつ再現性のある遺伝子ターゲティングを行い、複数の標的遺伝子を優れた遺伝子に正確に置換し、除草剤耐性を付与することに成功した。

CABBI の研究者である University of Florida、Institute of Food and Agricultural Sciences (IFAS) の Fredy Altpeter 教授は、「サトウキビをより高い生産性や持続可能性を備えた作物に改変するための非常に有効なツールができた。サトウキビは、新興のバイオエコノミーを促進するための理想的な作物であるため、これは重要なことである」と述べた。

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

---

## CRISPR-CAS9 を用いて窒素利用効率の高いコムギを開発

中国農業科学院の研究者らは、[CRISPR-Cas9](#) を用いて、窒素利用効率を高め、コムギの収量を増加させました。この成果は、*Journal of Integrative Plant Biology* に掲載された。

コムギは、経済的に重要な作物であり、世界人口の30%以上に食料を供給している。[コムギ](#) の収量を向上させるために、コムギ畑では [窒素](#) (N) 肥料が広く使用されている。しかし、過剰な施肥やコムギの窒素利用効率 (NUE) の低下は、環境汚染や生態系の悪化の原因となっている。イネでは、*are1* 変異体が窒素利用効率を高め、収量を向上させることがわかっている。そこで研究者らは、コムギの *ARE1* を単離・同定した後、CRISPR-Cas9 を用いた Ta*ARE1* の標的変異導入に

より、**taare1** を部分的または三重に欠損した遺伝子フリーの変異株を作製した。その結果、これらの変異体は、窒素欠乏に対する耐性が向上し、穀物収量も増加したが、生育には何の障害も見られなかった。

この結果は、**ARE1** をゲノム編集で変異することがコムギの窒素利用効率（**NUE**）を向上することが分かった。詳しくは、以下のサイトをご覧ください。  
[research article](#)

---