



遺伝子組換え技術の最新動向 2024年1月



植物

- 斑点細菌病 (bacterial blight) からイネを守る微細藻類
- 植物のマイクロバイオームを初めて操作し、作物を病気から守ることに成功
- ワタの収量と繊維品質の鍵となる遺伝子を発見
- 植物の成長を30%促進する植物ホルモンを発見
- 新しい ISAAA のインフォグラフィックは、ゲノム編集作物に関する世界的な規制の状況を示している
- ナイジェリア連邦政府が遺伝子組換えトウモロコシの商業化を承認
- オオムギの粒を大きくする遺伝子を解明
- OSBZIP1 の変異がイネの収量向上に寄与
- イネの根の発達とマルチストレス耐性を高める遺伝子
- TALENS によるより良い穀物作物の開発
- 欧州食品安全機関 (EFSA) が食品および飼料用途の 2 種の遺伝子組換えトウモロコシの評価を発表
- 米国農務省 (USDA) 動植物検疫局 (APHIS) が 4 種の遺伝子組換え植物の規制状況を発表

食料

- IRRI、イネ初のスピード育種プロトコル「SPEEDFLOWER」を開発
- ノーベル賞受賞者と科学者が NGT に関する欧州委員会への公開書簡を発表 [FOOD](#)

ゲノム編集に関する特記事項

- イネのゲノム編集に有効なマーカーを発見
- ゲノム編集によりトマトの生物・非生物ストレス応答が改善
- コムギの温度耐性遺伝子を発見
- 耐病性ゲノム編集イネがアフリカの小規模農家に希望をもたらす

植物

斑点細菌病 (bacterial blight) からイネを守る微細藻類

インドの科学者たちは、微細藻類 (*Chlorella thermophila*, CT) が、斑点細菌病 (bacterial rice blight) を引き起こす病原菌に対して抗菌活性を持つことを突き止めた。また、この微細藻類は廃水処理にも役立つ。

[イネ](#) は世界人口の 65% 以上が主食としているため、各国で大量に供給する必要がある。しかし、その生産はさまざまな脅威の影響を受けており、そのひとつが細菌葉枯病 (bacterial leaf blight, BLB) である。この病気は稲わらの品質に悪影響を及ぼし、穀物収量を最大 80% 減少させる。

この問題に対処するため、Indian Institute of Technology Guwahati と Karunya Institute of Technology and Sciences の研究者たちは、BLB の原因となる細菌病原体である内穎褐変病菌 (*Pantoea agglomerans*) と 白葉枯病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae*) を駆除するための研究を行った。*Chlorella thermophila* を栄養豊富な酪農廃水で培養し、2 つの細菌性病原菌の増殖を抑制するバイオマス抽出物を生産した。この結果は、微細藻類が作物の収量に影響を与えることなく、有害な農薬の代替として [作物](#) を斑点細菌病 (bacterial blight) から保護できることを示している。

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

植物のマイクロバイオームを初めて操作し、作物を病気から守ることに成功

University of Southampton の研究者らが、植物の善玉菌を増やすことで作物の健康を増進させるため、植物のマイクロバイオーム (microbiome) の遺伝子組換えに初めて成功した。*Nature Communications* に掲載されたこの論文は、この研究は環境に有害な農薬の必要性や依存性を減らす可能性があることを示している。

ヒトのマイクロバイオーム (腸内細菌叢) は、病気を引き起こす生物と闘う免疫系に影響を与える。植物では、根、茎、葉に存在する細菌、真菌、ウイルスなどのマイクロバイオームが、さまざまな病気に対する植物の脆弱性に影響を与える。

研究チームは、[イネ](#) のリグニン生合成クラスターに見られる特定の遺伝子を過剰発現させると、植物マイクロバイオーム内の有益な細菌が増加することを発見した。その結果、アジア諸国で収量減の原因となっているイネ斑点細菌病 (bacterial blight) に対して、遺伝子組換え植物が耐性を持つことが判明した。

この論文の共著者で University of Southampton 准教授の Tomislav Cernava 博士は、「今回初めて、植物のマイクロバイオームの構成を標的として絞った方法で変化させることができ、植物を他の有害なバクテリアから守ることができる有益なバクテリアの数を増やすことができた。」と語った。現在、研究者たちは植物の健康をさらに改善するために、他の有益な微生物の存在を探っている。

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

ワタの収量と繊維品質の鍵となる遺伝子を発見

Institute of Cotton Research of the Chinese Academy of Agricultural Sciences の研究者らは、遺伝連鎖地図、多環境表現型データ、[トランスクリプトーム](#) 研究を通じて、ワタの繊維品質と収量形質を制御する遺伝子を発見した。研究成果は *Journal of Advanced Research* に掲載されている。

[ワタ](#) は、植物からの天然繊維の最大の供給源である。良好な繊維品質と収量形質を持つより優れたワタ品種の育種は、研究者の課題であった。したがって、ワタの改良において、収量と繊維品質の遺伝的基盤を見つけることは非常に重要である。

研究者らは、複数の技術を用いて、繊維品質と収量に関する複数の綿形質に影響を与える遺伝子

*GhCesA4*を特定することができた。例えば、この遺伝子は繊維長と強度を正に制御するが、リント率を負に制御している。

本研究は、ワタの多形質共同改良のための遺伝資源に関する関連データに貢献するものである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[Institute of Cotton Research](#) 及び [Journal of Advanced Research](#)

植物の成長を30%促進する植物ホルモンを発見

National University of Singapore (NUS) と Singapore Centre for Environmental Life Sciences Engineering (SCELSE) の科学者は、作物と微生物の相乗効果を高め、最終的に作物の収量と生産性を向上させることができる農業微生物を発見した。

2018年から5年間にわたって実施された研究で、科学者たちは、植物ホルモンであるジャスモン酸メチル (MeJA) が、ストレスのある時期に植物が通常地上に放出する揮発性有機化合物であり、植物が土壌に埋め込まれた周囲の微生物とコミュニケーションをとるための、共有の、おそらく秘密の、言語として機能していることを発見した。

研究チームは、MeJAが植物の根から揮発性の形態で地中に放出されること、揮発性のMeJAが植物の根から離れた場所にいるバクテリアのバイオフィーム形成を誘発・促進すること、バイオフィーム内のバクテリアが別の揮発性化合物を放出し、植物の成長を最大30%促進することを発見した。

農業微生物には、植物の成長促進、病気の予防、窒素固定といった重要な機能を果たす、作物に関連する微生物群が含まれる。また、有機物を分解し、栄養分を再利用し、水分を保持する腐植を作ることによって、土壌を肥沃に保つのに役立っている。研究チームは今後、土壌微生物環境から放出される化合物の化学的性質をさらに詳しく調べ、植物の生育を促進する新たな知見を得る予定である。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[NUS News](#)

新しい ISAAA のインフォグラフィックは、ゲノム編集作物に関する世界的な規制の状況を示している

過去 10 年間、ゲノム編集をはじめとする分子生物学の飛躍的進歩は、遺伝子改良を容易にする新たな技術につながった。これらの技術は、以前の技術で得られたものと異なる結果をもたらすものではなく、同じ結果をより簡単に、より早く、より多くの知識と結果をコントロールしながら得ることを可能にするだけである。

これらの技術は現在、世界的に議論されており、多くの人々がゲノム編集の規制について質問している。遺伝子組換え製品に対する規制は、ゲノム編集製品にも適用されるのか？いくつかの国では、新しい育種技術革新に対する規制ガイドラインを制定している。これらは 2021 年 12 月に発行された ISAAA Brief 56 にまとめられている。ゲノム編集作物に関する規制の状況を示す新しいインフォグラフィックが公開され、各国のガイドラインや CRISPR および TALEN を使用して開発された製品に関する最新情報が掲載されている。

新しいインフォグラフィックは、以下のサイトからダウンロードできる。[infographics](#)

ナイジェリア連邦政府が遺伝子組換えトウモロコシの商業化を承認

[ナイジェリア](#)連邦政府は、TELAトウモロコシとして知られる遺伝子組換えの耐虫性・耐乾燥性トウモロコシの商業化を承認した。この最新の進展により、遺伝子組換えトウモロコシは、[Bt ササゲ](#)に次いでナイジェリアで商業化される2番目の食用作物となった。

この承認は、2024年1月11日にIbadanで開催された作物品種、畜産品種、水産品種の命名、登録、リリースに関する国家委員会(National Committee on Naming, Registration, and Release of Crop Varieties, Livestock Breeds/Fisheries, NCNRRCVLF)NCNRRCVLF)によって行われた。承認された品種は、SAMMAZ 72T、SAMMAZ 73T、SAMMAZ 74T、SAMMAZ 75Tである。

新品種は早魃に強く、芯喰い虫とツマジロクサヨトウに抵抗性があるため、適切な農法が実施された場合、1ヘクタール当たり最大10トンの収量メリットがある。同様の品種の全国平均は1ヘクタール当たり6トンである。この品種は、熱帯雨林、ギニア、スーダンのサバンナに適している。芯喰い虫はアフリカのいくつかの国でトウモロコシの生産を減少させ、ツマジロクサヨトウはアフリカで毎年2,000万トンものトウモロコシに被害を与え、100万人の食料を損失する可能性がある。

この4品種のリリースと登録は、バイオセーフティ・マネジメント機関(NBMA)からの[2021年10月の環境へのリリース承認](#)に続くものである。改良品種の開発は、アフリカ農業技術財団(African Agricultural Technology Foundation、AATF)がコーディネートするTELAトウモロコシ官民パートナーシップ(TELA Maize Public-Private Partnership)を通じて、Ahmadu Bello University Zariaザリア校のInstitute for Agricultural Research(IAR)Samaruが主導した。TELAトウモロコシプロジェクトは、エチオピア、ケニア、モザンビーク、ナイジェリア、南アフリカの5カ国で実施されている。

TELAトウモロコシプロジェクトマネージャーのSylvester Oikeh博士は、ナイジェリアの決定を祝い、他のアフリカ諸国にも農民のために行動するよう以下の様に呼びかけた。「ナイジェリア連邦政府によるこの決定は、農民のニーズに対する彼らのコミットメントを反映したものであり、勇気づけられる。科学者たちの懸命な努力と献身のおかげで、この製品が農家にとってより身近なものになったことを祝福するとともに、他の国々が農家のために同様の決定を下すことを期待している。」

この承認に関する詳細は、以下のプレスリリースをご覧ください。[AATF](#)

オオムギの粒を大きくする遺伝子を解明

Hungarian University of Agricultureの研究者らが、オオムギの粒の大きさとタンパク質含有量を制御する遺伝子を特定した。研究成果は*Plant Science*誌掲載された。

*Grain Width and Weight 2(GW2)*は、穀物の大きさと重さを制御する遺伝子である。この遺伝子をオフにすることで、作物の生産性が向上する可能性がある。研究チームは、CRISPR-Cas9を用いてオオムギのGW2.1を不活性化したところ、粒が長くなり、タンパク質含量が向上した。この対照的な効果は、様々な生

育条件においても一貫しており、遺伝子内の微妙なバランスが、個々の穀物の品質と作物全体の生産量に影響を及ぼしていることを示している。

この発見は、栄養価の高い大麦の品種改良に役立つ可能性があるが、収量減少を克服する方法を見つける必要がある。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Plant Science](#)

OSBZIP1 の変異がイネの収量向上に寄与

Plant Journal に掲載された研究によると、*OsbZIP1* の変異が、根の角度の変化と根におけるリン輸送 [遺伝子](#) の活性化に寄与していることが示された。この変異により、リンや窒素などの植物養分の取り込みが改善され、イネの収量が向上する可能性が示された。

作物の収量を向上させるためには、植物の養分吸収を高めることが不可欠である。リンと窒素は植物の成長と発育に重要な役割を果たす。そこで研究者らは、イネの養分取り込みを増加させるために、イネ *OsbZIP1* 変異体 88n を開発した。

National Agriculture and Food Research Organization と共同研究機関の研究者らは、*OsbZIP1* が窒素とリンの輸送に重要な調節因子であることを発見した。圃場試験の結果、88n はより長く、より大きな穂を形成したが、これは高いリンと窒素の取り込みが原因かもしれない。しかし、研究者らは、88n の穂形成に関するさらなる研究を行う必要があると述べている。

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

イネの根の発達とマルチストレス耐性を高める遺伝子

科学者らは、イネの根の発達を促進し、生物学的ストレスに耐性を与える新規 [遺伝子](#) を発見した。この遺伝子は、極端な環境条件に強いイネを開発するための分子マーカーとして利用できる。

根の構造と機能は、植物が土壌から水と養分を得るために不可欠である。しかし、環境ストレスは根の発達に影響を与える。植物の成長とストレス応答を制御する植物ホルモンであるジャスモン酸 (JA) は、この問題に役立つが、環境適応性のための根の発達におけるその機能は、十分に研究されていなかった。

台湾のさまざまな研究機関の研究者らは、[イネ](#) において JA と協力してさまざまな機能を発揮する JA Upregulated Protein 1 遺伝子 (*JAUPI*) を発見した。

JAUPI は JA の生合成を誘導し、イネの根の成長とマルチストレス耐性を促進する一連の遺伝子を活性化させる。また、*JAUPI* の発現が増加すると、水の供給が限られていても穀物の収量低下を最小限に抑えることができ、節水に役立つと言える。

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

TALENs によるより良い穀物作物の開発

穀物作物の改良は、世界の食料安全保障を確保するために不可欠である。これは、Application of ZFNs and TALENs for Improvement in Cereal Crops (穀物改良のための ZFN と TALEN の応用) という本の中の、Arunima Chakraborty 氏が執筆したゲノム編集ツールに関する章によると、このようになる。

従来の育種ツールは作物の改良に不可欠だが、例えば、正確な遺伝子組換えを導入するのは面倒で時間がかかり、しばしば望ましくない形質を伴うことがある。そこで、最先端のゲノム編集技術である TALEN (Transcription Activator-Like Effector Nucleases) が登場する。

この本の章によれば、TALEN は使いやすく、非常に正確で、あらゆる遺伝子を標的にすることができる。現時点では、このツールの開発と使用にはまだコストがかかるが、ツールの改良が進むにつれて、TALEN はすぐに手頃な価格になると予想される。TALEN は、トビイロウンカ抵抗性イネ、早魃や暑さに強い小麦、より栄養価の高いオオムギ品種など、穀物作物の改良に使われてきた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [ResearchGate](#) または、以下から本を購入下さい。 [Amazon](#)

欧州食品安全機関 (EFSA) が食品および飼料用途の 2 種の遺伝子組換えトウモロコシの評価を発表

欧州食品安全機関 (EFSA) の遺伝子組換え生物に関するパネル (Panel on Genetically Modified Organisms、GMO パネル) で、Corteva Agriscience Belgium の DP23211 と Pioneer Hi-Bred International の DP915635 の 2 種類の [遺伝子組換え \(GM\) トウモロコシ](#) のリスク評価の結果を報告する科学的意見を公表した。

[トウモロコシ DP23211](#) の規則 (EC) No 1829/2003 に基づく申請 EFSA-GMO-NL-2019-163 は、欧州連合 (EU) 内での輸入、加工、食品・飼料用途であり、栽培は含まれない。GMO パネルは、トウモロコシ DP23211 で新たに発現した IPD072Aa、PAT、PMI タンパク質、*DvSSJ1* dsRNA および派生 siRNA の毒性およびアレルギー性に関する安全性の懸念は認められない。

規則 (EC) No 1829/2003 に基づく申請 FSA-GMO-NL-2020-172 も、[トウモロコシ DP915635](#) の EU 域内における輸入、加工、食品・飼料用途であり、栽培は含まれていない。GMO パネルは、トウモロコシ DP915635 に発現している IPD079Ea、PAT、PMI タンパク質の毒性およびアレルギー性に関する安全性の懸念は認められていない。

科学的意見によると、トウモロコシ DP23211 と DP915635 の食品と飼料の消費は、ヒトと動物において栄養上の懸念はない。GMO パネルは、トウモロコシ DP23211 と DP915635 は、ヒトと動物の健康および環境への潜在的影響について、従来の同等品種および試験済みの非遺伝子組換えトウモロコシ基準品種と同様に安全であると結論づけた。

GM トウモロコシに対する科学的意見にそれぞれ以下のサイトをご覧ください。 [DP23211](#) 及び [DP915635](#)

米国農務省 (USDA) 動植物検疫局 (APHIS) が 4 種の遺伝子組換え植物の規制状況を発表

米国農務省 (USDA) 動植物検疫局 (APHIS) は、[遺伝子組換え](#)により作出された 4 種類の植物について、非組換え植物と比較して植物害虫のリスクが増加するかどうかのレビューを発表した。

APHIS は、これらの遺伝子組換え植物は、他の栽培植物と比較して、植物害虫のリスクを増加させる可能性は低く、7 CFR part 340 の規制対象ではなく、米国内で安全に栽培・繁殖が可能であると判断した。

その 4 つの植物とは以下のものである：

- BioHeuris 社が開発した除草剤抵抗性の改良ワタと改良ダイズ
- PlantArcBio 社が開発した除草剤抵抗性の改良ダイズ
- Bayer Crop Science 社が開発した除草剤抵抗性の改良トウモロコシ

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [APHIS website](#)

食料

IRRI、イネ初のスピード育種プロトコル「SPEEDFLOWER」を開発

国際稲研究所 (IRRI) の科学者たちは、1 年で 4~5 作の [イネ](#) の収穫を可能にする、堅牢な史上初のイネのスピード育種プロトコルである SpeedFlower を開発した。

SpeedFlower (スピードフラワー) は、イネの成長、開花、成熟を早めるために、光スペクトル、光強度、光周期、温度、湿度、栄養レベル、ホルモン調節を最適化することに焦点を当てている。試験したイネ品種では、わずか 60 日以内の開花を実証し、自然開花期間に関係なく、種子成熟期間の 50% 短縮を達成した。このプロトコルは、インディカ種やジャポニカ種を含む、世界中で栽培されているイネの大部分に適している。

インドの Varanasi にある IRRI 南アジア地域センター (ISARC) のスピード育種施設で SpeedFlower を検証するために、3,000 Rice Genomes Project (3K RGP) の *Oryza sativa L.* の 12 の多様なサブグループから 198 の遺伝子型のサブセットが選ばれた。圃場条件では、これらの遺伝子型の開花期間は 58~127 日であった。しかし、最適化された SpeedFlower のもとで栽培した場合、198 の遺伝子型すべてが 58 日以内に開花した。

「SpeedFlower は、スピード育種が作物研究に著しい影響を与えることを示している。このプロトコルにより、交配や近親交配を迅速化することができ、通常 6~7 年かかる交配を 1.5~2 年で完了させることができる。」と ISARC 所長の Sudhanshu Singh 博士は語った。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [IRRI News and Events](#)

ノーベル賞受賞者と科学者が NGT に関する欧州委員会への公開書簡を発表

ノーベル賞受賞者で CRISPR の開発者である Jennifer Doudna 氏、その他のノーベル賞受賞者、および 1,000 人以上の科学者が、EU および世界にとっての新しいゲノム技術 (NGs) の利点を求めて結集した。彼らは、欧州における NGT の規制に関する今後の議会決定を踏まえ、欧州議会議員 (MEP) に宛てた公開書簡を発表した。

「We Planet」に掲載された書簡の中で、受賞者と科学者たちは、NGT が病虫害や気候危機といった緊急の問題に対して、より迅速かつ的確な解決策を提供することを指摘した。

「NGT はこの状況を劇的に改善することができる。NGT は、遺伝子コードの正確で目的を絞った編集によって、作物植物を病気に強い植物にする手助けをする。その結果、ヨーロッパの勤勉な農家の多く (有機栽培農家の増加も含む) が NGT を熱狂的に支持していることは、驚くことではない。」と、受賞者や科学者たちは書簡の中で述べている。

専門家たちは、NGT の決定に際し、科学的根拠に基づいたエビデンスを考慮するよう求めた。彼らは、この技術を支持することは、EU を責任あるエビデンスに基づいた政策決定における世界的リーダーとして位置づけることになると述べた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [open letter](#)

ゲノム編集に関する特記事項

イネのゲノム編集に有効なマーカーを発見

科学者たちは、[TALENs](#)、[CRISPR](#)、プライムエディティングなどのツールを用いて植物遺伝子を改変している。従来、編集酵素をコードする遺伝子、ガイド RNA、および選択可能なマーカーは、植物形質転換の際に DNA に導入される。しかし、これらのマーカーはスペースをとるため、TALEN やガイド RNA の有効数が制限され、また他の遺伝子を沈黙させる可能性もある。

University of Missouri, Columbia の研究者らは、植物を毒素に対して抵抗性にする遺伝子に基づく別のマーカーを用いる新しいアプローチを導入した。彼らはイネで 3 つの関連遺伝子をテストし、*OsLAT5* がイネで効率的なマーカーであることを発見した。このアプローチは、スペースを節約し、サイレンシングの問題を回避する。また、毒素耐性をチェックするだけで、編集をうまく追跡することができる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [BioRxiv](#)

ゲノム編集によりトマトの生物・非生物ストレス応答が改善

トマトの *SlHyPRP1* と *SIDEA1* [遺伝子](#) を編集することで、トマトの生物・非生物ストレス応答が改善されることが、*Frontiers in Plant Science* に発表された。この研究は、トマトの乾燥、塩分、細菌性葉斑病、細菌性萎凋病の耐性応答を評価したものである。

トマトは長い間、世界の様々な地域や国々で欠かせない作物であった。しかしながら、トマトの生産は、植物の様々なストレスに関連する様々な課題にも直面してきた。これまでの研究で、トマトのストレス応答における *SlHyPRP1* と *SIDEAI* 遺伝子の役割が示されている。そこで研究者らは、[CRISPR-Cas9](#) ゲノム編集技術を用いて、トマトのストレス耐性を向上させた。

編集された植物は、非生物学的ストレス条件下で、より高いクロロフィルおよびプロリン含量レベルを示した。活性酸素種 (ROS) の蓄積および葉と根の総面積あたりの細胞死数も、編集植物では生物ストレス下で減少した。この研究結果は、気候変動によるストレスに耐える作物品種の開発における現在の研究を加速させるものである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Frontiers in Plant Science](#)

コムギの温度耐性遺伝子を発見

John Innes Centre (JIC) の Graham Moore 教授の研究グループが、[気候変動](#)による予測不可能な課題から[コムギ](#)を守る可能性のある温度耐性因子を発見した。研究者らは、高温または低温にさらされたコムギの繁殖力を調べる実験中にこの発見をした。

コムギの減数分裂は、摂氏 17~23 度で最も効率的に機能する。コムギは高温にうまく対処できず、夏の低温時に失敗することがある。最適温度外でのコムギの繁殖力を安定させる遺伝的要因は、将来の気候変動に強い作物を開発する上で非常に重要である。これまでの研究で、主要な減数分裂[遺伝子](#)である *DMC1* が、低温・高温時のコムギの減数分裂を維持する有力な候補であることが示されていた。

JIC の研究者らは、[ゲノム編集](#)技術を用いて Chinese Spring Wheat から *DMC1* を欠失させ、変異した植物の減数分裂に対するさまざまな温度の影響を観察する対照実験を行った。約 1 週間後、ゲノム編集された変異植物は、13 度の温度で栽培した場合に顕著な影響を受け、95% の植物が交雑数の減少を示した。また、30 度で生育させたコムギ植物も、対照植物と比較して交雑数の減少を示した。これらの結果は、*DMC1* が低温や、より低い程度ではあるが高温でも減数分裂の交雑を維持する役割を担っているという仮説を裏付けるものである。

Moore 教授は、「ゲノム編集のおかげで、コムギの重要な温度耐性遺伝子を単離することができた。気候変動が我々の主要作物の栽培方法に挑戦している今、価値ある新しい形質を見出すという楽観的な見方ができるようになった。」言っている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [JIC website](#)

耐病性ゲノム編集イネがアフリカの小規模農家に希望をもたらす

イネ黄斑病ウイルス (RYMV) は、アフリカ、特に小規模農家において高い作物損失の原因となっている。Heinrich Heine University Düsseldorf (HHU) と French National Research Institute for Sustainable

Development (IRD)の研究チームはこのほど、[ゲノム編集](#)を用いてこの病気に抵抗性を持つイネ系統を開発した。

RYMV はカイガラムシや葉と葉の直接接触によって伝播する RNA ウイルスである。このウイルスに対する有効な防御策は知られておらず、唯一の真の防御策は、RYMV に対する抵抗性 [遺伝子](#)を持つイネ品種を開発することである。現在、3 つの抵抗性遺伝子が知られており、*RYMV1*、*2*、*3*と呼ばれる遺伝子のうち1 つの変異だけで抵抗性を獲得できる。耐性型 *rymv2*は収量の少ないアフリカイネ (*Oryza glaberrima*) 品種に見られる。*CPR5.1*としても知られ、細胞核の孔から重要なタンパク質をコードしている。シロイヌナズナでは、*CPR5*の唯一の遺伝子コピーを失うと、ウイルスだけでなく細菌や真菌に対しても幅広い抵抗性を示すようになる。しかし、この欠損は生育を著しく制限し、植物は自然病変を示し、収量は低い。そのため、*rymv2* 抵抗性を他のイネ品種に悪影響を及ぼすことなく移植できるかどうかを調べることが重要であった。

研究グループは今回、[CRISPR-Cas](#) ゲノム編集法を用いて、*RYMV2* 遺伝子の変異をアジアのイネ品種に導入することで、アフリカ型と同様にウイルスに耐性を持つようになることを明らかにした。研究チームは、密接に関連する *CPR5.2* 遺伝子のスイッチを切っても、温室条件下で *RYMV2* と *CPR5.2* の2 つの遺伝子のスイッチを切っても、障害にはつながらないことを発見した。また、*CPR5.2* の欠損が *RYMV* 抵抗性につながらないことも注目に値する。これらのことは、*RYMV2* 遺伝子の編集がアフリカにおけるイネの病害と闘うための有望なアプローチであることを示している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [HHU website](#)
