遺伝子組換え技術の最新動向
2025 年 11 月

植物

〇Pairwise 社が気候変動に強い栄養価の高いイネ開発に向け IRRI に CRISPR プラットフォームをライセンス供与
〇イネのいもち病に対する主要防御戦略を発見
〇国際研究チームがオーツ麦の汎ゲノムと起源を解読
〇日本の国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構（National Agriculture and Food Research Organization ;NARO）の研究者らは、ECO CRISPR-CAS3のイネでの利用に成功
〇成長を損なわない耐寒性トマトを開発
〇イネの葉幅を狭くすると光合成効率が向上
〇ゲノム編集ワタがレニフォーム線虫に対する抵抗性を示す
〇国際研究チームがナスのパンゲノムとパンフェノムを発表
〇ゲノム編集技術が農作物を害虫に「消化不能」に
〇エクアドル、壊滅的なバナナ病害対策にゲノム編集技術を導入
〇精密育種法が英国で施行

食糧
〇単一遺伝子の発見が茶の風味と収量向上
〇CRISPR 真菌：高タンパク・持続可能・肉のような味わい

ゲノム編集に関する特記事項
〇多重ゲノム編集による野生イネの農学的形質の改良
〇ゲノム編集技術が解明したイネの重要な防御スイッチ
〇ゲノム編集技術がライチの褐変を抑制

植物

Pairwise 社が気候変動に強い栄養価の高いイネ開発に向け IRRI に CRISPR プラットフォームをライセンス供与

ゲノム編集技術が、世界で最も重要な主食の一つを守るために活用されている。Pairwise 社は 2025 年 11 月 3 日、非営利農業研究機関である国際イネ研究所（IRRI）に対し、同社の Fulcrum ® CRISPR プラットフォームの使用権を供与したことを発表した。本契約は、より高い収量、優れた気候変動耐性、強化された栄養価を備えたイネ品種の開発を加速することを目的としており、より健康的な食生活を支援する研究も含まれる。

契約条件に基づき、IRRI は SHARC™酵素システムを含む Fulcrum®技術を、イネに関する研究・開発・商業利用において非独占的に使用する権利を獲得した。この強力なゲノム編集技術により、IRRI の研究者は作物の生産性、耐性、栄養価を高める形質を迅速に開発でき、同研究所の既存育種プログラムを補完する。IRRI バイオテクノロジー主任研究員の Inez Slamet-Loedin 博士は、この提携が「世界中の農家と消費者に向けて、最新の育種技術を活用し成果を迅速に届けるという我々の取り組みを強化する」と述べた。

IRRI との本提携は、Pairwise 社にとって Consultative Group on International Agricultural Research（CGIAR）センターとの 3 件目の合意となる。これまでに 2025 年に国際トウモロコシ・小麦改良センター（CIMMYT）と、2024 年に国際熱帯農業研究所（IITA）とそれぞれ提携を結んでいる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。press release from Pairwise

イネのいもち病に対する主要防御戦略を発見

Yunnan Agricultural Universityなどの研究者による研究で、イネにおいて真菌エフェクター遺伝子*PWL2*を過剰発現させると、イネいもち病（*Magnaporthe oryzae*による）に対する抵抗性が向上することが判明した。*PWL2*を導入したイネでは免疫応答が強化され、これまで知られていなかった防御機構が明らかになった。

研究では、*PWL2*を発現する遺伝子組換えイネ系統は、非組換え植物と比較して病斑が小さく、病害レベルが低いことが示された。感染初期段階では、植物防御を誘発するホルモンであるサリチル酸（SA）が主要な免疫遺伝子を活性化したが、感染が進行するにつれてそれらの活性が低下することが判明した。この研究は、SAがイネの*M. oryzae*抵抗性において重要な役割を果たすことを裏付けた。

研究者らは、イネがイモチ病に対してSA依存性防御とRNAi媒介防御を時間的に分離して利用していると結論付けた。初期抵抗性はSA依存性防御によって制御され、後期段階の防御はsiRNA媒介防御の優位性に依存する。本研究はイネが複数の防御システムを組み合わせて真菌感染と戦う仕組みに関する新たな知見を提供し、将来の病害抵抗性作物品種開発に寄与する可能性がある。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。MPDI

国際研究チームがオーツ麦の汎ゲノムと起源を解読

農業科学における画期的な成果として、ドイツのIPK Leibniz Institute研究所が主導する国際研究チームは、普通オーツ麦（*Avena sativa*）の汎ゲノムと汎トランスクリプトームの解読に成功した。高繊維・グルテンフリー特性など健康効果で世界的に評価されるオーツ麦は、そのゲノムが特に巨大かつ複雑であることで知られている。本研究は、新たな改良オーツ品種開発を加速させる上で不可欠な完全な遺伝子マップを提供する。

研究者たちは、詳細なパンゲノムを確立し、33 種類の栽培オーツ麦および野生オーツ麦のゲノムをシーケンスして分析し、特定の品種にのみ存在する遺伝子も明らかにした。トランスクリプトームを作成するために、彼らは 23 種類のオーツ麦の 6 種類の組織および発生段階における遺伝子発現パターンを調査した。PanOat コンソーシアムのコーディネーターであるMartin Mascher博士によると、この遺伝的青写真は、気

候変動の課題に直面する世界において、収量、適応性、健康成分などの特性を改善するためにどの遺伝子が重要かを育種者がよりよく理解するのに役立つとしている。

詳細なゲノム解析により、オート麦の 3 つのサブゲノムのうち 1 つでかなりの数の遺伝子損失が見られ、植物が他の遺伝子のコピーを使用してそれを補っているという驚くべき知見も得られた。重要なことに、研究者たちは、ゲノム内の構造的変異が、作物を地域の栽培条件に適応させる上で重要な特性である開花時期の制御に関与する遺伝子に影響を与えていることを突き止めた。このチームの研究成果は、オート麦の進化の起源に関する 2 つ目の関連研究も含め、*Nature* 誌および *Nature Communications* 誌に掲載された。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。IPK Leibniz Institute

日本の国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構（National Agriculture and Food Research Organization ；NARO）の研究者らは、ECO CRISPR-CAS3のイネでの利用に成功

国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構（NARO）の研究者らは、標的部位で大規模な欠失を生じさせる強力なイネゲノム編集ツールの開発に成功したと報告した。この成果は学術誌*Plant and Cell Physiology*に掲載された。

大腸菌由来の遺伝子編集ツール「Eco CRISPR-Cas3」は、哺乳類においてDNAの大規模欠失を効果的に引き起こすことが実証されている。しかし、このツールを植物に適用するには、システムを構成する7つの要素（6つのタンパク質と1つのガイドRNA）が細胞内で同時に活性化する必要があるため、課題となっていた。

研究チームは大腸菌媒介形質転換法を用い、Eco CRISPR-Cas3を強化しイネ遺伝子で機能させることに成功した。このツールにより、多数のイネカルスで意図したDNA欠失が確認され、最大71％の細胞で編集が達成された。この高い成功率は編集植物開発の可能性を示唆している。こうして編集された細胞を用いて、大小のDNA欠失を示すイネ植物を生成し、これらは次世代へ受け継がれた。同じツールを用いて塩基編集も達成された。

これらの知見に基づき、Eco CRISPR-Cas3は、遺伝子スイッチオフ、大規模DNA領域の除去、精密な単一塩基編集を含む、イネにおける有望な遺伝子改良ツールである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。*Plant and Cell Physiology*

成長を損なわない耐寒性トマトを開発

トマトは低温ストレスに極めて弱く、12℃を下回る温度では成長と発育が著しく阻害される。この感受性により、特に天候が不安定な地域では作物の不作や食品廃棄が発生している。この課題解決に向け、University of Barcelona とCentre for Research in Agricultural Genomics (CRAG)の研究チームは、成長を損なわずに耐寒性を維持する新たなトマト品種を開発した。

トマトにおける糖化ステロール（GS）濃度の上昇が細胞膜を安定化させ、ホルモンシグナル伝達経路を活

性化することで耐寒性を向上させることを発見した。ほとんどの植物ではGSは微量成分であるが、ナス科（*Solanaceae*）植物ではこれらの分子が優勢である。GSレベルを増加させること（具体的にはSlSGT2酵素の過剰発現により）、これらの分子が重要な低温センサーとして機能することを科学者らは発見した。それらは原形質膜を安定化させるだけでなく、完全な保護的分子応答を活性化し、植物を効果的に「事前調整」する。

この事前調整状態は、特にジャスモン酸関連のものを含むホルモンシグナル伝達経路の活性化、抗酸化酵素や防御遺伝子の発現亢進といった早期防御機構を誘発する。その結果、植物は寒冷ストレスの有害な影響に耐える準備が整い、農業における新たなバイオテクノロジーの道が開かれる。この革新は、収量の増加、寒波による収穫前の食品廃棄物の削減、エネルギー集約的な温室暖房の必要性を低減する可能性による持続可能な栽培手法の実現を約束する。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。CRAG News

イネの葉幅を狭くすると光合成効率が向上

新たな研究により、イネの葉幅を狭くすることで光合成が大幅に促進され、収量増加につながる可能性が明らかになった。*The Plant Journal* に掲載された本研究では、作物の生産性に寄与する主要な葉の特性を解明し、葉幅が光合成性能と水分利用効率に与える影響を調査した。

研究では、葉幅の異なる 14 のイネ遺伝子型と、*NARROW LEAF 1 (NAL1)*遺伝子を導入した遺伝子組換えイネ系統を分析した。葉幅が狭い植物ほど光合成効率が高いことが判明した。改変系統 *NAL1-K* では葉幅が 48.2%減少した結果、光合成速度が約 50%向上した。葉幅の狭小化は気孔密度の増加と葉水力伝導度の向上をもたらした。

本知見は葉形態が光合成機構に及ぼす影響に関する貴重な知見を提供した。葉幅の狭小化が光合成を改善する一方で、研究者らは水利用効率の向上が認められなかった点を指摘している。本研究は、葉幅の最適化がイネの光合成能力向上に向けた有望な戦略となり得ることを示唆している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。*The Plant Journal*

ゲノム編集ワタがレニフォーム線虫に対する抵抗性を示す

新たな研究により、ゲノム編集されたアップランドワタ（*Gossypium hirsutum L.*）がレニフォーム線虫に対する耐性を大幅に改善したことが明らかになった。Clemson University、A&L Scientific Editing Inc.及び Cotton Incorporated の研究者らは、CRISPR-Cas9 を用いて *MLO3* 異伝子を標的とし、この遺伝子がワタの最も深刻な害虫の一つから守る役割を解明した。

4 つの独立したノックアウト系統（A1、D3、E1、P3）を創出し、温室試験で従来品種と比較した線虫繁殖抑制能力を評価した。その結果、2 種のゲノム編集系統の D3 と E1 では、対照遺伝子型である Coker 312（野生型）、Delta Pearl、Jin668 と比較して、線虫卵数が大幅に減少するとともに、蠕虫型生活環段階の個体数が減少したことが示された。

生育面での若干のトレードオフは認められたものの、*MLO3* ノックアウトがレニフォーム線虫の個体群を抑制できることが確認され、耐性綿花品種開発への有望な道筋を示した。研究者らは、特に D3 と E1 について、レニフォーム線虫およびその他の植物寄生性線虫に対する耐性を検証するため、ゲノム編集ワタ系統の野外条件下でのさらなる試験を推奨している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。MDPI

国際研究チームがナスのパンゲノムとパンフェノムを発表

国際研究チームは、ナスに関する史上最も包括的な遺伝子マップを発表した。この発見は、この人気野菜の育種力に革命をもたらす可能性を秘めている。INRAE（National Research Institute for Agriculture, Food and Environment、フランス）の研究者らを含む共同研究チームは、ナス属植物のパンゲノム（全遺伝子セット）とパンフェノーム（農学的形質の全集合）の解読に成功した。

本研究では、世界中から収集した 3,400 種以上の栽培種・野生種ナスを分析対象とした。研究者らは 2 万以上の遺伝子ファミリーを同定し、真菌性萎凋病への耐性や果実の抗酸化能力など 218 の主要農学的形質を特徴付けした。最先端のバイオインフォマティクス解析を用い、特定の形質とそれを引き起こす DNA 変異との関連性を 3,000 以上確立した。

Nature Communications に掲載されたこのオープンアクセスデータセットは、育種家にカスタムメイドのナス品種開発に向けた前例のない資源を提供する。この情報により、地域の環境制約、変化する農業慣行、進行する気候変動の課題に特化した植物の創出が可能となる。本研究はまた、ナスの栽培種化の歴史を追跡することに成功し、世界的な拡散前にインドと東南アジアに起源があることを確認した。科学者らは、この発見が遺伝的多様性の保全が将来の食料安全保障課題に対応する世界農業にとって極めて重要であることを強調していると述べている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。INRAE website

ゲノム編集技術が農作物を害虫に「消化不能」に

国際的な研究レビューは、ゲノム編集技術がトウモロコシ、マメ、エンドウなどの主要農作物を、デンプンを摂取する昆虫に対する固有の防御力を強化することで自然に保護する可能性を強調している。この研究は、野生植物の種子に天然に存在するα-アミラーゼ阻害タンパク質（AIP）に焦点を当てている。これらのタンパク質は、種子中のデンプンをゾウムシ、カブトムシ、キクイムシなどの一般的な害虫にとって消化不能にし、畑や貯蔵庫での害虫の成長と繁殖を阻害する働きをする。

研究者らは、生産性の向上と人間にとっての種子の消化性・嗜好性向上を目的とした何世紀にもわたる植物の栽培化が、意図せずこれらの天然阻害タンパク質の生成を減少させた可能性があると指摘している。この減少により、現代の商業用作物は、特に貯蔵穀物において世界的に甚大な経済的損失をもたらす害虫に対して脆弱な状態に置かれている。*Biotechnology Journal* に掲載された新たな研究は、CRISPR など

のゲノム編集技術を用いることで、植物が既に持つ AIP 遺伝子の発現を促進し、他種からの遺伝子導入（トランスジェニック）を必要とせずに防御バリアを強化できる可能性を強調している。

この手法は、特定の規制枠組下では遺伝子組換え生物（GMO）に分類されない次世代の害虫抵抗性作物を創出する有望な道筋を提供する。科学者らは、強化された阻害物質が選択性を維持し、標的害虫のみに影響を与えつつ、人間や家畜にとって消化可能な状態を保つことの重要性を強調している。こうした遺伝子改変を慎重に設計することで、本技術は化学農薬に代わる持続可能な選択肢を提供し、特に脆弱な作物への依存度が高い地域において、世界の食料安全保障を強化することを目指している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。read this article

エクアドル、壊滅的なバナナ病害対策にゲノム編集技術を導入

エクアドルの科学者たちは、世界的なバナナ産業に持続的な脅威をもたらす最も破壊的な植物病害の一つであるフザリウム萎凋病と戦うためのバイオテクノロジー解決策を開拓している。世界最大のバナナ輸出国であるエクアドルは、この菌の攻撃的な亜種「Tropical Race 4(Foc TR4)」の直撃を受けている。この菌はバナナの根に定着し、水分と養分の供給を遮断して最終的に植物を枯死させる。Foc TR4 は土壌中で数十年にわたり生存するため、殺菌剤や検疫といった従来の手法は効果が認められていない。

この従来の課題に直面し、研究者チームはゲノム編集ツール CRISPR-Cas9 を用いた革新的な戦略を開発した。バナナ植物自体を編集する代わりに、科学者たちは病気を引き起こす菌類を標的としている。具体的には、菌が植物への感染・定着に依存する主要な病原性遺伝子「SIX9」を不活性化した。微生物の DNA に精密な標的切断を施すことで、分子レベルで病原菌の侵襲性を大幅に弱体化させた。

この画期的な成果は *Frontiers in Plant Science* に掲載され、熱帯地域で数千の雇用を支え食料安全保障の柱である数十億ドル規模の国際バナナ貿易を守る希望をもたらす。ゲノム編集技術が Foc TR4 のような病原体を無力化できることを実証したエクアドルの研究は、従来の手法では制御不能だった壊滅的な作物病害に対処する熱帯農業の新たな重要な道筋を確立した。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 read this article

精密育種法が英国で施行

英国は 2025 年 11 月 13 日、遺伝子技術（精密育種）法 2023 年が施行され、作物科学の新たな時代を正式に幕開けした。この画期的な法律は、イングランドにおける精密育種植物の新たな規制枠組みを導入し、従来の遺伝子組換え（GM）作物と区別するものである。これらの規制は、CRISPR-Cas9 ゲノム編集技術などを用いて開発された植物を対象とする。これらの技術により、自然発生または従来型育種で起こり得る小規模な遺伝子変化を、より迅速かつ高精度で実現可能となった。

科学者や育種家は、これらの新たな作物品種の登録申請を提出できるようになり、先進的な農業ソリューションへの道が開かれた。英国のこの動きは、農業における歴史的な画期的な出来事として称賛されており、革新的なプロジェクトにとって明確で待望の市場参入経路を提供する。National Institute of Agricultural

Botany (NIAB)の最高経営責任者である Mario Caccamo 教授は、同法の施行を歴史的な節目と評した。「英国農業における先進的遺伝子技術の利用を制限するのではなく、促進しようとする立法が推進されたのは、この世代で初めてのことです。これは改良された作物品種の開発を加速させ、農家、消費者、環境にとって潜在的な利益をもたらすでしょう。」

Sainsbury Laboratory (TSL)や NIAB を含む作物科学機関は、これを食料安全保障と持続可能性強化に向けた重要な一歩と位置付けている。新政策により、既に開発パイプラインにある多様な改良作物の開発が加速すると期待される。早期応用例としては、高収量イチゴ、栄養強化油糧種子、耐病性テンサイ、ジャガイモなどが挙げられる。投入資材を削減し気候変動への耐性を高めた作物の迅速な創出を可能にする精密育種により、専門家は英国がより健康的な食料を生産し、食品廃棄物を削減し、科学に基づく持続可能な農業で世界をリードすると確信している。本法への政治的支持は依然として強く、世界の食料問題に対する科学的解決策への世論と政治的見解の決定的な転換を反映している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。TSL News and Insights 及び NIAB News

食糧

単一遺伝子の発見が茶の風味と収量向上

中国の研究者らが、茶の品質と収量向上に向けた新たな道筋を示す重要な遺伝学的ブレークスルーを達成した。Tea Research Institute at the Chinese Academy of Agricultural Sciences の科学者らは、茶の芽の大きさを制御する上で重要な役割を果たす遺伝子「CsKNOX6」を特定した。この発見が重要なのは、通常「一芽二葉」の段階で収穫される若芽のサイズが、茶の味、加工適性、市場品質全体に直接影響するためである。

研究では、280 種以上の多様な茶樹系統に対し、デジタルフェノタイピングやゲノムワイド関連解析(GWAS)などの先進技術を用いた。研究チームは、CsKNOX6 が芽と葉のサイズの負の調節因子として機能することを発見した。モデル植物でこの遺伝子の機能を検証したところ、著しく小さな葉を発達させ、成長を制限する役割を確認した。これは、従来の育種では遺伝的改良が困難とされてきた形質について、初めて明確な分子レベルの理解をもたらすものである。

CsKNOX6 の同定は、精密育種戦略のための直接的な遺伝的標的を提供する。この単一遺伝子を制御することで、育種家は茶芽のサイズと均一性を微調整し、様々な商業的ニーズに対応できるようになる。例えば、この遺伝子を用いて、高級で繊細な手摘み茶に適した品種や、機械収穫に適した高収量品種を最適化できる。この画期的な発見は、芽の特性をカスタマイズした新品種の開発基盤を築き、世界の茶産業に長期的な経済的利益をもたらす。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。Chinese Academy of Sciences

CRISPR 真菌：高タンパク・持続可能・肉のような味わい

研究者らは CRISPR ゲノム編集技術を用いて、天然種よりも高効率で栄養価が高く、持続可能性が大幅に向上した菌株の開発に成功した。*Fusarium venenatum* は肉のような風味と食感で既に注目されており、複数の国で食品利用が承認されている。この画期的な成果は学術誌 *Trends in Biotechnology* に掲載され、世界の温室効果ガス排出量の約 14%を占める従来の畜産に代わる、より優れた環境配慮型代替品の必要性に応えるものだ。

Jiangnan University の Xiao Liu 氏を筆頭著者とする研究チームは、CRISPR を用いて 2 つの特定遺伝子を削除した。最初の改変であるキチン合成酵素遺伝子の除去により、菌糸の細胞壁が薄くなった。この変化は、菌糸タンパク質の人体での消化を容易にし、生体利用率を高める点で極めて重要である。2 つ目の改変では、ピルビン酸脱炭酸酵素遺伝子を削除し、菌糸の代謝を最適化した。この微調整により、FCPD と名付けられた新株は生産性が向上し、同量のタンパク質生産に必要な糖分が 44%削減され、生産速度は従来株より 88%高速化した。

大規模生産時、FCPD の製造は場所を問わず環境負荷が低く、ライフサイクル全体で従来の菌類タンパク質生産と比較して温室効果ガス排出量を最大 60%削減した。さらに、中国の鶏肉生産と比較すると、この新しいマイオプロテインは必要な土地が 70%少なく、淡水汚染のリスクを 78%低減する。研究者らによれば、この種のゲノム編集食品は、従来の農業に伴う多大な環境コストを伴わずに世界の食糧需要を満たすのに役立ち、持続可能な食品技術の分野における大きな進歩を表している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。this article または以下のサイトをダウンロードしてください。open-access paper

---

ゲノム編集に関する特記事項

多重ゲノム編集による野生イネの農学的形質の改良

Chinese Academy of Agricultural Sciences の研究者らは、7 つの遺伝子に対する多重ゲノム編集技術を用いて野生イネ（*Oryza rufipogon*）の形質を迅速に改良した。この成果は Journal of Integrative Plant Biology に掲載された。

CRISPR-Cas9 などのゲノム編集技術は、既存作物の改良や野生植物の迅速な栽培化を加速させており、これは世界の食料安全保障の強化と持続可能な低投入農業の推進に極めて重要である。主要な課題は、複数の染色体セットを持つ野生イネを直接栽培化する複雑さである。そこで研究チームは二倍体野生イネを研究の出発材料として選択。この簡略化されたアプローチでは、複数の特定栽培化遺伝子を標的とした多遺伝子同時編集戦略を採用し、望ましい農学的形質を迅速に野生イネへ組み込み、革新的なイネ品種の新たな源を提供した。

結果として、7 重変異体は直立した植物形態、短毛、黄色がかった籾殻色、脱粒性の低減、白色果皮といった主要形質において同時に顕著な改善を示した。この発見は、複数の野生イネ遺伝子を共同編集することで農芸形質が標的指向的に改良されることを実験的に証明し、イネ育種のための新たな遺伝資源を提供するものである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。*Journal of Integrative Plant Biology*

ゲノム編集技術が解明したイネの重要な防御スイッチ

Tamil Nadu Agricultural University の研究者らは、CRISPR-Cas9 を用いてイネの重要遺伝子「OsNH2」を調査し、病害に対する植物の防御メカニズムを解明した。研究成果は *BioRXiv* で公開されている。

研究により、*OsNH2* 遺伝子が実質的に破壊または除去されたイネは、鞘枯病（真菌感染症）と細菌性葉枯病（BLB）という二大脅威に対して劇的に脆弱化することが判明した。この発見により、*OsNH2* が植物の総合的な健康と抵抗性において重要な遺伝子であることが即座に立証された。

研究者らは、*OsNH2* が関連遺伝子である *OsNH1* および *OsNH3* と連携し、複数の農業病原体に対する強力かつ包括的な防御機構を構築していることを発見した。脆弱性が増した理由は、OsNH2 遺伝子がイネの内部防御化学を制御する仕組みにある。*OsNH2* が破壊されると、植物の天然サリチル酸レベルが大幅に低下した。この急激な減少は、感染と戦う多くの重要な防御遺伝子や因子のスイッチオフなど、一連の反応を引き起こした。科学者が弱った植物にサリチル酸を手動で添加して処理すると、その抵抗性は部分的に回復し、*OsNH2* が防御と病気からの保護を維持するために高レベルのサリチル酸を保つ役割を果たしていることが証明された。

この発見は、より強く、自然に抵抗性を持つイネ品種の育種に向けた有望な新たな標的を提供するものである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。BioRXiv

ゲノム編集技術がライチの褐変を抑制

Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences の研究により、ライチの収穫後における水分損失と褐変を制御する *LcMYB306* の作用機序が解明された。*Horticulture Research* に掲載された本研究では、*LcMYB306* が水分輸送に関わる別の重要遺伝子と相互作用することも示されている。

研究では、果実が水分を失い褐変し始めると *LcPIP2;4* の活性が低下することが判明した。実験により、アクアポリン活性を阻害すると水分損失と褐変の両方が遅延することが示された。さらに解析を進めた結果、*LcMYB306* が *LcPIP2;4* のプロモーター領域に結合し、その活性を抑制していることが明らかになった。*LcMYB306* を過剰発現させると褐変が顕著に遅延し、一方 CRISPR による遺伝子ノックアウトでは褐変プロセスが加速した。

これらの知見は、*LcMYB306* が *LcPIP2;4* の発現を抑制することで水分損失と褐変の負の調節因子として機能することを裏付ける。本研究結果は、褐変遅延ライチ品種の開発に向けた有望な標的を提供するものである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。*Horticulture Research*