



遺伝子組換え技術の最新動向 2026 年 8 月



植物

- CRISPR を活用した検査法がコムギウドンコ病の検出を迅速化
- コムギにおける H13 害虫抵抗性遺伝子のクローニングが、精密作物保護の新たなターゲットを切り拓く
- 15 年間にわたる研究で、Bt イネが土壌微生物に与える影響はごくわずかであることが判明
- CRISPR ゲノム編集により、冬のトマトの収量が向上
- 種子内で乳タンパク質を生産する遺伝子組換え植物
- International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics が CRISPR-Cas9 の利用に関する人道目的ライセンスを取得
- 米国農務省 (U.S. Department of Agriculture; USDA) 動植物衛生検査局 (Animal and Plant Health Inspection Service ; APHIS) が複数の除草剤耐性を有する遺伝子組換えトウモロコシの規制を解除
- 肉タンパク質を生産する遺伝子組換えレタスとタバコ
- 欧州食品安全機関 (European Food Safety Authority; EFSA) の評価: MON 810 に予期せぬ安全上のリスクは認められない
- 2024 年のアジア・オセアニア地域における農業バイオテクノロジーの導入状況をまとめたレポート
- 遺伝子組換えソルガムは、バイオ燃料の原料として有望視されている

食品

- 遺伝子のスイッチの発見により、アボカドの育種期間が数年短縮される可能性

環境

- 研究結果: 世界的な作物モデルは、極端な暑さによる米の収量減少を過小評価している

ゲノム編集に関する特記事項

- King Abdullah University of Science and Technology (KAUST) の画期的な成果により、作物への精密かつ大規模なゲノム編集が可能になった
- ゲノム編集により、トマトの早魃およびキュウリモザイクウイルスに対する耐性が向上
- ゲノム編集でダイズの *Phytophthora sojae* 抵抗性を強化
- イネのタンパク質キナーゼの変異が早魃耐性をもたらす

植物

CRISPR を活用した検査法がコムギウドンコ病の検出を迅速化

Henan Normal University の専門家らは、パートナー機関と共同で、[コムギ](#)ウドンコ病の原因菌である *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* (*Bgt*) を迅速に目視で検出する方法を開発した。このワンポット RPA-[CRISPR](#)-Cas12a アッセイは、PCR 装置、遠心分離機、ゲルイメージングシステムを必要とせず、75 分で病原体を検出できる。

この方法は、RPA と CRISPR-Cas12a を単一のチューブ内で組み合わせ、37° C で反応を行う。密閉チューブ設計により汚染リスクを低減しつつ、従来の PCR よりも 1,000 倍感度の高い検出限界を実現している。また、このアッセイでは、通常 3〜7 日後に目に見える症状が現れる前に、接種から 1 日後の感染コムギの葉から *Bgt* を検出することに成功した。

研究者らは、このアッセイの結果が従来の PCR 法と一致し、いくつかの一般的なコムギ病原体との交差反応も認められなかったことを確認した。彼らは、このプラットフォームが病気の早期検出のための簡便かつ高感度のツールとなり得ると結論付けた一方で、実地導入に先立ち、自然感染した圃場サンプルやより幅広い *Bgt* 分離株を用いたさらなる検証を行うことを推奨している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Physiological and Molecular Plant Pathology](#)

コムギにおける H13 害虫抵抗性遺伝子のクローニングが、精密作物保護の新たなターゲットを切り拓く

University of Maryland の研究チームとその共同研究者は、長らく求められてきた Hessian fly 抵抗性遺伝子「H13」をコムギゲノムから分離・クローニングすることに成功した。その正確な DNA 配列を特定したことで、コムギがどのように害虫の攻撃を認識し、防御しているのかについて、より明確な理解が得られるようになった。この発見は、害虫抵抗性を持つコムギ品種の開発に向けた重要な基盤となり、世界的なコムギ生産における作物の損失を大幅に軽減し、化学農薬への依存度を低減させる可能性がある。

H13 が Hessian fly の幼虫からコムギを保護することは半世紀近く前から知られていたが、コムギゲノムの規模と複雑さのため、その単離はほぼ不可能とされてきた。高解像度のゲノムマッピングと放射線ハイブリッドマッピングを組み合わせることで、科学者たちはついに H13 を単離し、幼虫との相互作用を解析することに成功した。

分析の結果、H13 免疫受容体が、幼虫が摂食中に分泌する特定の唾液タンパク質を認識する「鍵と鍵穴」のようなメカニズムが明らかになった。認識されると、植物は過敏反応を引き起こし、摂食部位で局所的な細胞死を誘発することで、昆虫を効果的に餓死させる。分析の結果、H13 免疫受容体が、幼虫が摂食中に分泌する特定の唾液タンパク質を認識する「鍵と鍵穴」のようなメカニズムが明らかになった。この認識を受けると、植物は過敏反応を引き起こし、摂食部位で局所的な細胞死を誘発することで、昆虫を事実上餓死させる。研究者らは、この画期的な発見が、精密な作物保護のための分子的枠組みを提供し、マーカー支援育種や長期的な防御のための遺伝子スタックといった戦略を可能にするものだと示唆している。

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

15 年間にわたる研究で、Bt イネが土壤微生物に与える影響はごくわずかであることが判明

China National Rice Research Institute の研究者らが実施した 15 年間にわたる研究により、Bt [イネ](#) が土壤に生息する細菌に与える影響はごくわずかであることが明らかになった。その一方で、サンプリング時期、作物の生育段階、土壤の深さといった要因の方が、土壤細菌群集に大きな影響を及ぼしていた。研究者らは、Bt イネの栽培が土壤マイクロバイオームにどのような影響を与えるかを評価するため、長期にわたる圃場モニタリングと解釈可能な機械学習を組み合わせた。

分析の結果、Bt イネが栽培された土壤と非 Bt イネが栽培された土壤の間で、細菌の多様性に有意な違いは見られなかった。むしろ、時間の経過に伴う変化や土壤深度の違いが、微生物群集を形作る最も強力な要因であった。機械学習により、Bt イネ栽培土壤と非 Bt イネ栽培土壤を一貫して区別するのに役立ついくつかの細菌群が特定されたが、それらの存在量の差は小さく、生態学的役割は依然として不明である。

研究者らは、Bt イネが土壤細菌群集の全体的な構造に及ぼす影響は比較的小さいと結論付けた。また、[遺伝子組換え](#) (GM) 作物の環境への影響を評価する上で、長期モニタリングと透明性の高い機械学習アプローチの重要性を強調し、特定された微生物の変化が意味のある生態学的機能を持つかどうかを明らかにするためのさらなる研究を推奨した。

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

CRISPR ゲノム編集により、冬のトマトの収量が向上

Hebrew University of Jerusalem の科学者たちは、低温下でもトマトが確実に果実を生産できるようにする分子レベルの解決策を特定した。CRISPR ゲノム編集を用いて、マイクロ RNA miR167 およびオーキシン応答因子遺伝子 (ARF8) が関与するホルモン制御経路を改変することで、科学者たちは受精なしに果実の成長を誘発することに成功した。これは単為結実と呼ばれる現象である。

トマトのような温暖期作物では、低温によって葯が開かず、花粉が放出されないことが頻繁に起こる。受精がなければ、受粉していない花は果実が形成される前に脱落してしまう。*SIMIR167a* および *SIARF8B* 遺伝子に対して標的を絞った CRISPR 遺伝子編集を行うことで、この生殖上のボトルネックを回避した。受粉とは無関係に子房の成長が誘発され、寒冷な天候によって自然な受精が阻害された場合でも、種なしトマトの発育が可能となった。

暖房のない冬の温室での試験では、ゲノム編集されたトマトは、野生型対照群と比較して、完熟果実の数が 6 倍、完熟果実の総重量が 10 倍に増加した。現時点ではまだ商業化は進められておらず、実験段階であるため規制当局への承認申請も行われていないが、この標的経路は、耐寒性作物の育種において有望なメカニズムと見なされている。

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

種子内で乳タンパク質を生産する遺伝子組換え植物

Hebrew University of Jerusalem の科学者たちは、遺伝子組換え植物の種子内で、乳タンパク質である β -カゼインを生産する方法を見出した。このタンパク質をオレオシンと呼ばれる植物油タンパク質と融合させることで、トランスジェニックシロイヌナズナの種子内で乳タンパク質の生産に成功し、これは植物分子農業における大きな進歩である。

種子内の最適な貯蔵場所を見つけるため、タンパク質を異なる細胞小器官へと誘導する 3 種類のシグナルが試験された。タンパク質は液胞に沈着すると予想されていたが、顕微鏡画像からは、融合タンパク質が細胞質へと誘導され、特殊な油貯蔵小体を形成していることが明らかになった。この予期せぬ迂回にもかかわらず、これらの遺伝子組換え種子は総可溶性タンパク質の 1.26%を生産し、ジャガイモやトマトなどの作物におけるこれまでの試みに比べて大幅な改善を示した。

この技術はまだ実験の初期段階にあり、商業規模での実用化にはさらなる最適化が必要だが、こうした細胞内経路の解明は重要なマイルストーンと見なされている。こうした標的を絞った貯蔵メカニズムを継続的に改良することで、科学者たちは最終的に種子由来の乳タンパク質を生産できるようになり、農業由来の排出量を大幅に削減しつつ、増加する世界人口に栄養価の高い食料を供給することに貢献できるだろう。

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

International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics が CRISPR-Cas9 の利用に関する人道的なライセンスを取得

International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT) は、Corteva 社および Broad Institute と、研究目的での CRISPR-Cas9 ゲノム編集システム利用に関する人道的なライセンス契約を締結した。この画期的な進展により、旱魃、高温、害虫、病害に対する耐性を備えた改良作物の開発が促進されると同時に、生産性や栄養価、さらには農家や消費者にとって不可欠なその他の特性の向上にも寄与することが期待されている。

「ゲノム編集分野における Broad Institute と Corteva 社のリーダーシップに、ICRISAT の世界トップクラスの育種プログラムや各国の農業研究機関との長年にわたるパートナーシップが相まって、この新たな能力は、アジアおよびアフリカ全域において、食料安全保障を強化し、生計を改善し、より強靱な農業システムを構築する実用的な作物イノベーションの実現を加速させるだろう」と、ICRISAT の Dr. Himanshu Pathak 所長は述べた。

このライセンスにより、ICRISAT の研究者たちは、研究や製品開発から、ソルガム、トウジンビエ (pearl millet) やその他のヒエ (millet)、ひよこ豆、ピジョンピー、ピーナッツといった ICRISAT の担当作物における新規のゲノム編集ソリューションの開発に至るまで、不可欠なツールを手にするようになる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [ICRISAT](#)

米国農務省 (U.S. Department of Agriculture ; USDA) 動植物衛生検査局 (Animal and Plant Health Inspection Service ; APHIS) が複数の除草剤耐性を有する遺伝子組換えトウモロコシの規制を解除

米国農務省 (U.S. Department of Agriculture ; USDA) 動植物衛生検査局 (Animal and Plant Health Inspection Service ; APHIS) は、Bayer CropScience (Monsanto) が開発した遺伝子組換え (GE) トウモロコシ品種「MON 87429」に対し、正式に規制対象外としての地位を認定した。この規制上の決定により、7 CFR 第 340 条に基づく APHIS の監督が解除され、この遺伝子組換えトウモロコシは従来のトウモロコシ品種と比較して植物害虫リスクをもたらす可能性が低いと判断された。この決定により、商業栽培への道が開かれ、育種プログラムへの当該形質のより広範な導入が可能となる。

マルチ形質技術を用いて開発された MON 87429 トウモロコシは、ディカンバ (dicamba)、グルホシネート (glufosinate)、キザロフオップ (quizalofop)、2,4-D (2,4-dichlorophenoxyacetic acid ; 2,4-ジクロロフェノキシ酢酸) という 4 種類の異なる除草剤に対して耐性を備えている。幅広い雑草防除の柔軟性に加え、この系統には組織特異的なグリホサート耐性メカニズムが組み込まれている。この特殊な機能は、従来の機械的な雄穂除去に頼ることなく、標的を絞った雄性不稔および受粉制御を可能にすることで、商業用ハイブリッドトウモロコシ種子の生産を合理化し、効率を向上させるように設計されている。

この決定は、Docket No. APHIS-2020-0021 に基づき、数年間にわたって行われた包括的な科学的評価および公的審査プロセスを経て下されたものである。APHIS は、Bayer 社が提出した申請書に含まれるデータの分析、植物害虫リスク評価 (PPRA) の実施、環境影響評価書 (EIS) の作成、および数千件に及ぶ一般からの意見の検討を経て、この結論に至った。承認が確定したことで、生産者は、手強い雑草の脅威に対処し、ハイブリッド種子の増殖を最適化するための汎用性の高い手段を手に入れることになる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [APHIS website](#)

肉タンパク質を生産する遺伝子組換えレタスとタバコ

Imperial College London の科学者らと共同研究チームは、動物の筋肉に含まれる肉の赤い色を与え、肉風味に寄与するタンパク質であるミオグロビンを生産するように、レタスとタバコ植物を遺伝子組換えた。この手法により、肉代替品に不可欠な成分を生産する植物由来の代替手段が提供される可能性があり、同時に家畜生産に伴う土地、水、および排出量の削減も期待される。

研究チームは、タバコとレタスの葉緑体ゲノムに、ブタとウシのミオグロビン [遺伝子](#) を導入した。葉緑体はゲノムを多数保有しており、大量のタンパク質を生産できるため、これらの植物は、核ゲノムを改変して遺伝子組換えを行った植物よりも、はるかに多くのミオグロビンを生産した。「これは、植物由来の肉製品にとって重要な成分を生産するための、より持続可能な方法となる可能性がある」と、Imperial College London の研究員である Alexia Groff, 博士は述べた。

遺伝子組換えされたタバコとレタスは、乾燥重量 1 キログラムあたり、それぞれ約 800~810 ミリigram のミオグロビンを生産した。これは、核ゲノムにトランスジーンが組み込まれたタバコ植物に比べて、少なくとも 3 倍の収量であった。研究者らは、このタンパク質を抽出して精製し、肉代替品に使用できる可能性があると述べた。商品化には、さらなる開発と規制当局の承認が必要となる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。ニュースは、[Frontiers](#) また研究内容は、[Frontiers in Plant Science](#).
をご覧ください。

欧州食品安全機関(European Food Safety Authority;EFSA)の評価:MON 810 に予期せぬ安全上のリスクは認められない

欧州食品安全機関(European Food Safety Authority;EFSA)は、欧州連合(EU)で栽培されている遺伝子組換え害虫抵抗性トウモロコシ「MON 810」に関する 2024 年の市販後環境モニタリング(PMEM)報告書に対する欧州食品安全機関科学的評価を公表した。EFSA は、承認保持者およびポルトガル・スペインの所管当局から提供されたデータに対する「証拠の総体」に基づく評価に基づき、MON 810 の栽培について、人間の健康、動物の健康、あるいは環境に対する予期せぬ悪影響の証拠は依然として認められないとの結論を下した。

この評価では、特にポルトガルとスペインにおいて、害虫の耐性発生を防ぐために設けられた避難圃場の要件が厳格に遵守されていることが指摘された。スペイン北東部におけるヨーロッパトウモロコシガの個体群に対する圃場サンプリングでは、この作物の殺虫性タンパク質(Cry1Ab)に対する実質的な耐性は確認されなかった。しかし、研究者らは同地域の地中海トウモロコシガの個体群において、持続的な感受性の低さと耐性対立遺伝子の兆候を観察しており、これを受けて EFSA は、今後の耐性モニタリング戦略において感度を高めるよう求めた。

継続的な環境への配慮に対応するため、EFSA は、非標的の蝶や蛾の種を花粉への曝露から保護するための隔離距離に関して、より明確なデータと管理措置が必要であることを強調した。今後については、MON 810 の栽培が 20 年以上にわたり行われてきたものの、予期せぬ環境被害の証拠は確認されていないことを踏まえ、同機関は、確立された各国の植物検疫監視システムと統合された、農家からの苦情対応体制の強化に焦点を当てることで、一般的な監視体制の効率化を図ることを推奨した。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[EFSA Journal](#)

2024 年のアジア・オセアニア地域における農業バイオテクノロジーの導入状況をまとめたレポート

アジア・オセアニア地域は、世界の農業バイオテクノロジーにおける中心的な拠点として台頭しており、2024 年には 9 つの先駆的な国々で計 2,081 万ヘクタールが栽培された。[ISAAA Brief 57 Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops in 2024](#)によると、この拡大は世界のバイオテクノロジー作物の総作付面積の 10% 近くを占めており、その原動力となっているのは、積極的な成長と規制面での重要な節目である。インドは BT 綿の世界市場で引き続き支配的な地位を維持している一方、中国は広範な承認を受けて、遺伝子組換えトウモロコシおよびダイズの商業規模への拡大を急速に加速させている。さらにイノベーションを推進する動きとして、オーストラリアは、病害抵抗性を持つ遺伝子組換えバナナに対する世界初の規制承認を、気候変動に強い新たな作物形質とともに下し、世界的な歴史を刻んだ。

こうした全体的な勢いにもかかわらず、同地域の各国における導入の動向には大きなばらつきが見られる。パキスタンとミャンマーは、導入率が 94% を超えるなど、インドのワタにおける成功を再現している一方、フィリピンやベトナムといった東南アジア諸国では、バイオテクノロジートウモロコシの生産が着実かつ堅調に

伸び続けている。一方で、バングラデシュにおける BT ナスの普及ペースの鈍化や、インドネシアでの導入水準が依然として低いことなどが示すように、市場は地域特有の課題に直面している。

業界のリーダー、投資家、研究者がこの変化し続ける状況を把握できるよう支援するため、ISAAA は [Biotech Facts and Trends: Asia & Oceania](#) レポートを発行した。このレポートは 15 米ドルで購入可能である。

遺伝子組換えソルガムは、バイオ燃料の原料として有望視されている

University of Illinois at Urbana-Champaign と University of Nebraska-Lincoln による研究で、[遺伝子組換え](#)油用ソルガムは、圃場での優れた生育性能を維持しつつ、葉や茎に大幅に多くの油を蓄積できることが明らかになった。この研究結果は、遺伝子組換えソルガムが持続可能な航空燃料 (SAF) の原料としての可能性を裏付けるものである。

遺伝子組換え穀物用ソルガム (TX430) および甘味用ソルガム (Ramada) の系統は、SAF やその他のバイオ燃料に使用される高エネルギー油であるトリアシルグリセロール (TAG) を、その栄養組織に蓄積するように設計されたものである。研究チームは、ネブラスカ州とイリノイ州の複数の圃場で 2 つの生育シーズンにわたり、遺伝子組換え系統を評価し、異なる環境条件下での油生産量と農学的性能を調査した。

その結果、穀物用ソルガム系統では従来の品種に比べて約 19 倍の TAG が生産されたのに対し、スイートソルガム系統では葉に最大 25 倍の TAG が蓄積されたことが明らかになった。遺伝子組換え穀物用ソルガムではバイオマスが 18% 減少したものの、スイートソルガムは従来の品種と同等のバイオマスを維持しつつ、最高の油収量を達成した。これらの改変は、構造的炭水化物や灰分含有量には影響を及ぼさなかった。

研究者らは、栄養組織における油分の蓄積量を増やすことが、二用途型バイオ燃料作物として高バイオマス量のソルガムを生産するための有望な戦略であると結論づけている。また、持続可能な航空燃料やその他のバイオ燃料向けのオイルソルガムの商業的開発を支援するため、穀物用ソルガムにおけるバイオマス収量の低下を抑制し、栄養利用効率を向上させるための今後の研究を推奨している。

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

食品

遺伝子のスイッチの発見により、アボカドの育種期間が数年短縮される可能性

University of California (UC) Davis および UC Riverside の科学者たちは、アボカドの開花パターンを制御する遺伝子を特定し、1 世紀にわたる農業上の謎を解明した。 *Proceedings of the National Academy of Sciences* に掲載されたこの発見により、アボカドの木が A 型または B 型の開花リズムを示すかを決定づける「SDMYB」という花転写因子遺伝子が特定された。

アボカドの開花時期は、商業用果樹園にとって極めて重要である。アボカドの花はすべて、最初は雌花として開花し、その後雄花として再び開花するが、A 型と B 型の品種は、隣接する木同士が相互受粉できるよう、開花時期がずらされている。これまで、育種家は苗木が成熟して開花し、花の種類を特定するだけでも 5 年から 10 年待たなければならなかった。この長い待ち時間のため、生産者はしばしば、商業的価値の低い果実しか生産しない B 型の受粉用樹木に、農地の最大 10% を割くことを余儀なくされていた。

新たに発見された遺伝子マーカーにより、研究者は実生の DNA を検査し、ほぼ即座に花の種類を特定できるようになった。長年にわたる試行錯誤が不要になったことで、育種家は、UCR の人気品種「Luna」アボカドと同様に、受粉を最大限に高めつつ市場向けの最高品質の果実を生産する、高品質な B 型品種を迅速に選抜・育成することが可能になる。

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

環境

研究結果: 世界的な作物モデルは、極端な暑さによる米の収量減少を過小評価している

Science Advances 誌に掲載された新たな研究によると、現在の世界的な気候モデルは、極端な暑さが世界の米生産に与える影響を大幅に過小評価しているという。Helmholtz Centre for Environmental Research が主導し、Potsdam Institute for Climate Impact Research (PIK) と共同で実施されたこの研究では、214 件の野外温暖化実験のデータと、主要な 7 つの作物モデルを比較した。その結果、地球平均気温が 1° C 上昇した場合に実際に生じる米の収量減少は、従来のモデル予測の 2 倍以上であることが判明した。標準モデルによる推定値が 3.8% であったのに対し、野外実験で観測された収量減少率は 8.1% に達した。

この乖離の主な原因は、既存の作物モデルが、イネの重要な生殖段階における熱被害を十分に考慮できていないことにある。気温が 30° C を超えると、穂や穀粒の発育期に極端な高温にさらされることで深刻な被害が生じ、観測地点の 70% 以上において、総収量損失の半分以上を占めている。研究者らは、現在のモデルは季節平均気温の緩やかな変化は捉えているものの、作物が最も脆弱な時期に見られる急激な日単位の高温ピークを見落としていると指摘した。

この調査結果は、世界の食料安全保障、とりわけ米が主食となっている南アジアおよび東南アジア全域にとって、重大な意味を持つ。改訂された推計によると、インド、パキスタン、バングラデシュなどの国々では潜在的な収量損失が 2.1% から 6.6% に、タイ、フィリピン、ミャンマーでは 3.7% から 7.7% に上昇する見込みである。こうしたリスクを軽減するため、本研究の著者らは、耐熱性イネ品種の育成、作付け時期の調整、灌漑方法の最適化など、的を絞った適応戦略の緊急の必要性を強調している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [PIK website](#)

ゲノム編集に関する特記事項

King Abdullah University of Science and Technology (KAUST) の画期的な成果により、作物への精密かつ大規模なゲノム編集が可能になった

King Abdullah University of Science and Technology (KAUST)の研究者らは、植物に大規模な遺伝情報を精密に挿入できる新しい手法を開発した。*Nature Biotechnology*に掲載されたこの研究は、植物科学における長年の課題を克服するものである。従来、全長遺伝子の導入は単純なゲノム編集よりもはるかに困難であることが分かっていた。タバコとイネの両作物で試験に成功したこの手法により、科学者はゲノム内のどこに外来遺伝物質を配置するかを精密に制御できるようになる。通常、DNA 鎖を切断して改変を行うCRISPR のような従来のゲノム編集ツールとは異なり、KAUST の新しいアプローチは、構造的な切断を引き起こすことなく大規模な遺伝子配列を挿入する。このより安全でクリーンな挿入手法は、複数の遺伝的指令が調和して機能することを必要とする多遺伝子形質の導入に不可欠である。筆頭著者の Magdy Mahfouz 教授は、植物バイオテクノロジーの今後の進歩は、既存の遺伝情報を単に微調整するのではなく、まったく新しい遺伝情報を追加する能力に大きく依存していると強調した。

この技術は現在、研究段階にあるものの、農業の弾力性やバイオ製造における大きな飛躍への道を開くものです。科学者たちは、この技術を活用して、極端な気候条件や病害に対してより強い耐性を持つ作物を開発することを目指しています。農業の分野にとどまらず、この革新は合成生物学に新たな可能性をもたらし、植物を、複雑な医薬品、ワクチン、高付加価値のバイオ医薬品を生産できる、拡張性のある生物工場へと変える可能性を秘めている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [KAUST website](#)

ゲノム編集により、トマトの早魃およびキュウリモザイクウイルスに対する耐性が向上

Seoul National University の研究者らと韓国の共同研究チームは、トマトがウイルス感染と早魃の両方に耐える能力を高めるために編集可能な遺伝子を特定した。研究チームは [CRISPR-Cas9 gene editing](#) を用いたゲノム編集技術により、トマトの *SICNGC18* 遺伝子を不活性化したところ、された植物はキュウリモザイクウイルス(CMV)に対する耐性が向上するとともに、早魃条件下でもより効果的に生き延びることが判明した。

研究者らは、編集された植物では、未編集の植物と比較してウイルス蓄積量が3分の1以下に抑えられ、病気の症状も軽度であることを確認した。また、これらの植物ではサリチル酸の濃度が高く、防御関連遺伝子の発現も増加していた。早魃条件下では、変異体の生存率は約7倍高くなり、水分損失も少なかった。

この発見は、*SICNGC18* がトマトにおいてウイルス抵抗性と早魃耐性の両方の負の調節因子として機能していることを示している。研究者らは、この遺伝子を標的とすることで、育種家が複数の環境ストレスや病害ストレスに対する耐性を高めたトマト品種を開発するのに役立つ可能性があるとし唆している。

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

ゲノム編集でダイズの *Phytophthora sojae* 抵抗性を強化

Northeast Agricultural University の研究者らは、*Plants* において、CRISPR-Cas9 を用いたダイズ遺伝子の過剰発現が、収量や品質に影響を与える主要なダイズ病害である *Phytophthora* 根腐病に対する耐性を向上させると報告した。

研究チームは、特定のダイズタンパク質「GmHIR1」が、植物がこの病害に対する防御に役立つかどうかを調べた。従来のダイズとゲノム編集された品種 (GmHIR1) を過剰に産生するように改変されたものと、このタンパク質を完全に不活性化させたものとを比較した結果、このタンパク質が重要な防御ラインとして機能していることが判明した。病原菌に感染した場合、このタンパク質を欠く植物では広範囲にわたる細胞死と深刻な被害が生じたのに対し、GmHIR1 を過剰に発現する植物では感染をうまく封じ込め、病原菌の拡散を防ぐことができた。

この研究は、GmHIR1 がダイズの自然免疫システムを強化する上で極めて重要な役割を果たしていることを実証している。このタンパク質は、早期の防御シグナルを誘発し、化学的ストレスを管理し、病気を阻止する防御経路を活性化することができる。このタンパク質がどのようにして植物を保護しているかを正確に解明したことで、研究者たちは、将来、より強靱で病害抵抗性の高いダイズ品種を育種するために活用できる有望な遺伝学的ツールを発見した。

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

イネのタンパク質キナーゼの変異が旱魃耐性をもたらす

旱魃はイネ栽培にとって大きな脅威であり、科学者がより耐性のある作物を育種するためには、植物がどのように水ストレスに対処しているかを理解することが極めて重要である。Kangwon National University の研究者らが実施した研究により、ある特異な変異系統のイネが、いかにして旱魃に驚くほどよく耐えるかが解明された。その遺伝的特徴を解析した結果、この旱魃耐性は *OsRRK1* と呼ばれる遺伝子の特定の変異に起因することが判明した。通常、この遺伝子は旱魃防御のための化学的な「オフスイッチ」として機能する。ゲノム編集と交配によってこのスイッチを無効化することで、研究者らは、標準品種よりもはるかに優れた旱魃耐性を自然に備えたイネを作り出した。

細胞レベルでは、この遺伝的スイッチは植物のエネルギー代謝の仕組みを変えることで機能する。従来のイネでは、*OsRRK1* 遺伝子が重要な酵素を修飾し、旱魃時に糖の生成を遅らせる。しかし、耐性を持つ変異イネでは、この修飾が阻害される。この阻害により、植物は糖代謝を活発化させ、可溶性糖を大量に蓄積することで、細胞の乾燥を防ぐのである。

学術誌 *Plant Physiology* に掲載されたこの研究は、植物の代謝と気候変動下での生存との間に直接的な関連があることを明らかにしており、世界的な旱魃の悪化から米の生産を守るための、育種家にとって強力な新たな遺伝的写真を提供している。

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