



遺伝子組換え作物の最新動向
2020年11月



コロナウイルス最新情報

- すべての SARS-COV-2 遺伝子の "基本母体" を同定；初期の COVID-19 が明らかになった
- COVID-19 ウイルスの「隠れた遺伝子」を発見

ニュース

- ケニアの農業者が遺伝子組換えワタの栽培を開始
- Center for Advanced Bioenergy and Bioproducts Innovation (CABBI) がスキ (MISCANTHUS) の全ゲノム配列を決定
- 南オーストラリアは、GM 作物を禁止するために 11 の提案を拒否し、GM モラトリアムによる付加価値は作り話に過ぎないとした
- 付加遺伝子と生物学的時計が植物の重要な機能を制御している
- Texas A&M AgriLife 社が植物病との闘いに活路を見出した
- ホンジュラス農業者が遺伝子組換え (GM) トウモロコシの利点を訴えている
- オーツ麦の致命的な胴枯れ病の遺伝的解明

研究のハイライト

- シスジェニックジャガイモは土壌微生物システムを破壊しない
- ジャンク DNA から発見された高速進化する遺伝子の謎に迫る
- 遺伝子組換えトウモロコシ飼料は、ウズラにとって安全

植物育種に関する革新

- 全欧州のアカデミーがゲノム編集に関する EU 法の調和を求めた
- キクの多遺伝子ノックアウトに TALEN を使用
- ゲノム編集産物市場の健全な成長を予測する報告書

コロナウイルス最新情報

すべての SARS-CoV-2 遺伝子の "基本母体" を同定；初期の COVID-19 が明らかになった

データ解析により、[SARS-CoV-2](#) の初期の突然変異の歴史に新たな洞察をもたらした。世界中の科学者たちは、SARS-CoV-2 ウイルスがどのようにして動物を宿主とし、最初のヒトに感染したのか、また、[SARS-CoV-2 ウイルスゲノム](#) が時間の経過とともに突然変異し、世界的に広がっていった経緯を理解するために、SARS-CoV-2 の最初の感染例、すなわち「患者ゼロ」を見つけようとしてきた。大規模な努力にもかかわらず、今日までに SARS-CoV-2 のヒトへの最初の感染例を確認した者はいない。

患者ゼロが見つからない中で、テンプル大学の研究チームは、次善の策を見つけたようである。つまりすべての SARS-CoV-2 ゲノムの祖先または「基本母体」とその初期の子孫株を見つけ、これらがその後変異し、世界的なパンデミックを起こして広がっているようである。研究者らは、データ解析を用いて、2万9,681個の SARS-CoV-2 ゲノムを解析し、それぞれのゲノムには少なくとも2万8,000塩基の配列データが含まれている。これらの[ゲノム](#)は、2019年12月から2020年7月の間にサンプリングされ、世界97カ国から集められたものである。

テンプル大学ゲノム進化医学研究所の Sudhir Kumar 所長は、現在、前駆体ゲノムを再構築し、いつどこで最も初期の突然変異が起こったかをマッピングしたと述べている。Kumar 氏のチームは、SARS-CoV-2 の全ゲノム (proCoV2) のうち、前駆体 (基本母体) ゲノムの予測配列を明らかにした。proCoV2 ゲノムでは、170の非同義 (タンパク質のアミノ酸の変化を引き起こす突然変異) と958の同義置換が同定し、これを密接に関連するコウモリ (*Rhinolophus affinis*) から発見されたコロナウイルス RaTG13 のゲノムと比較した。コウモリからヒトへの中間動物はまだ不明だが、proCoV2 と RaTG13 の配列には96.12%の配列類似度があった。

また、テンプル大学の研究は、パンデミックが始まった当初の時期と、より早い時期を明らかにした。研究チームは、proCoV2 ウイルスとその初期の子孫が中国で発生し、[中国](#)で COVID-19 症例が最初に検出された時点で、proCoV2 と6つもの変異差を持つ株の集団が存在していたことを発見した。SARS-CoV-2 は年に25回変異していると推定されており、このことはウイルスがすでに2019年12月の症例の数週間前から感染していたことになる。

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

COVID-19 ウイルスの「隠れた遺伝子」を発見

[COVID-19](#)の原因となる [SARS-CoV-2](#) ウイルスの新たな「隠れた [遺伝子](#)」が、このウイルスのユニークな生物学的及びパンデミック特性に関与している可能性があることを発見した。SARS-CoV-2には約15個の遺伝子しか存在しないが、この遺伝子と重複する他の遺伝子、つまり「遺伝子の中の遺伝子」についてもっと知ることで、ウイルスとの戦いに大きな影響を与える可能性があるとして科学者たちは述べている。新しい遺伝子は、ジャーナル [eLife](#) に掲載されている。

たまたま予想以上に長いタンパク質をコードする可能性がある SARS-CoV-2 の「新たな重複遺伝子」ORF3dを同定した。ORF3dが以前に発見されたセンザンコウ (pangolin) コロナウイルスにも存在していることを発見し、おそらく SARS-CoV-2 や関連ウイルスの進化の間にこの遺伝子の損失や獲得が繰り返されたことを反映していると考えられる。ORF3dはまた、独立して同定され、COVID-19患者において強い抗体反応を誘発することが示されており、この新しい遺伝子のタンパク質がヒト感染時に産生されることを示している。

「重複する遺伝子は、コロナウイルスが効率的に複製したり、宿主免疫を妨害したり、感染したりするために進化してきた方法の一つかもしれない。」と、台湾中央研究院のポストドク研究員であり、アメリカ自然史博物館の客員研究員でもある筆頭著者の Chase Nelson 氏は述べている。「重複する遺伝子が存在し、それらがどのように機能するかを知ることは、例えば抗ウイルス薬を介して、コロナウイルス制御のための新しい道を明らかにする可能性がある。」とも述べている。

詳しくは、以下のサイトの論文を御覧下さい。 [American Museum of Natural History website](#) または、以下の雑誌の論文を御覧下さい。 [eLife](#)

ニュース

ケニアの農業者が遺伝子組換えワタの栽培を開始

ケニアの農業者がついに [遺伝子組換えワタ](#) の栽培を始めた。これは、綿花産業を復活させ、繊維やアパレルの製造を促進するために、Bt ワタの商業栽培が閣議決定を受けてのことである。Bt ワタは、ケニアで最も破滅的被害を出す綿花害虫であるアフリカン・ボルワーム (African Bollworm) に侵されないように遺伝子改良されている。ケニア西部ではこれまでに200以上のBtワタの栽培実証圃場が設置されているが、今後は他の地域にも拡大していく予定である。これは、適切な農学的慣行と管理に関するトレーニングを確実に行うことで、農業者が商業化を成功させるための準備をするための取り組みである。

2020年10月28-29日に開催されたアフリカ農業バイオテクノロジーに関するオープンフォーラム（OFAB ケニア支部）とパートナーが主催したスタディツアーの中で、農業者のリーダーたちは、収益性の高い綿花栽培の再開に向けて新たな希望を表明した。「ケニア西部の綿花農業者である Francis Apailo 氏は、「Bt ワタは私に家族を養い、子供たちの将来を確保するための黄金の機会を与えている。農業者たちは自分たちの農場での [Bt ワタ](#) の品質に自信を持っており、タイムリーな種子の供給を促している。また、アフリカの農業者が Bt ワタを完全に受け入れることができるように、国内と地域の両方で農業者同士の交流訪問を増やすことを提案した。

[農業者](#)に同行した郡のリーダーたちは、綿花産業を刷新するための政府のロードマップに信頼を寄せている。「Bt ワタの商業栽培は農家の利益を増やすだけでなく、若者のための多くの雇用を創出することになる。」と、Trans Nzoia 郡執行委員会（CEC）の農業委員であり、47のCECsの農業委員会の議長を務める Mary Nzomo 氏が述べた。参加した関係者は、Bt ワタの特性についての全国的な啓蒙と、プログラムの成功を実現するためには、すべての関係者が参加することが重要であることを確認した。

現地調査の最後には、ケニアの最高級繊維工場である Rift Valley Textiles

（RIVATEX） East Africa Ltd を訪問した。この超近代的な工場では、生産能力を最大限に発揮するために年間4万梱（バール）の生産が必要とされているが、その90%は現在近隣諸国からの輸入に頼っている。現在のケニアの生産量は1万7,000バール/年で、1つの工場に原料を供給するのにやっとの量である。Bt ワタの栽培により、この不足分を解消することが期待されている。農業者たちは、Bt ワタの市場を確保するために政府が導入したバリューチェーンの仕組みを高く評価している。7つの綿花生産郡の農業者リーダーは、CECの農業委員会メンバー、ジャーナリスト、その他の農業バイオテクノロジー関係者を伴って参加した。

上記に関する情報及びその他のアフリカのバイテク情報は、以下のサイトで Dr. Margaret Karembu に問い合わせください。 mkarembu@isaaa.org.

Center for Advanced Bioenergy and Bioproducts Innovation（CABBI）がススキ（MISCANTHUS）の全ゲノム配列を決定

国際的な研究グループが持続可能な [バイオエネルギー](#) 作物の有力候補である野生の多年草であるススキの観賞用品種の [全ゲノム](#) の配列決定に成功した。米国エネルギー省（DOE）のバイオエネルギー研究センターである Center for Advanced Bioenergy and Bioproducts Innovation（CABBI）の科学者が中心となって行われたこのプロジェクトは、この植物の生産性を最大化し、その望ましい形質の遺伝的基盤を解読するための新たな道筋を探るためのロードマップを提供している。

ススキは非常に適応性が高く、栽培が容易である。やせた土地でも生育し、限られた肥料しか必要とせず、[早魃](#)や冷涼な気温にも強く、より効率的な C4 形態の光合成を利用している。CABBI チームは、初めてススキの配列とゲノム解析を行い、これらの望ましい形質を最適化するための体系的な改良の基盤を提供した。また、このプロジェクトでは、季節的なライフサイクルの間に植物のさまざまな部分でオンとオフを切り替える[遺伝子](#)地図を作成し、バイオ[バイオ燃料](#)や他の作物にとって望ましい形質である多年性の新たな調節因子を明らかにした。

分析の結果、ススキは「古対立 4 倍体」であり、サトウキビのように単一種の中で倍数化したのではなく、2つの祖先種が古代に交配して誕生したことを意味していることが判明した。ススキの2つの前駆母体は、約 200 万年前の交配の後に絶滅したが、その染色体はススキの中で生き続けている。

詳しくは、いかなるサイトの論文を御覧下さい。[CABBI](#)

南オーストラリアは、GM 作物を禁止するために 11 の提案を拒否し、GM モラトリアムによる付加価値は作り話に過ぎないとした

南オーストラリア本土全域の地方自治体は、2021 年の穀物作付けシーズンに間に合うように、[遺伝子組換え](#) (GM) 食用作物の栽培が可能とした。2020 年 5 月、南オーストラリア州本土では遺伝子組換えモラトリアムが解除されたが、議会には 6 ヶ月間の 1 回限り、[遺伝子組換え作物](#)無栽培地域の指定を申請する権限が与えられており、68 の地方自治体地域のうち 11 の自治体が指定を選択した。

独立した遺伝子組換え作物諮問委員会は、遺伝子組換え作物を使用しないことによる経済的利益を証明することのメリットについて、11 の申請すべてを評価し、州政府に助言を提供した。しかし、11 の申請はすべて却下された。第一次産業・地域開発相の David Basham 氏は、カンガルー島以外の地域では、GM フリーのままであることを正当化する実質的な証拠はないと述べた。

Basham 大臣は「GM 作物諮問委員会は、11 の申請を評価し、GM の食用作物を栽培することができない領域として指定を推奨するのに十分な証拠がなかった。」と判断した。また、GM モラトリアムの解除により、南オーストラリア州の穀物生産者は 2021 年のシーズンに向けて必要な要件を得ることができたと付け加えた。大臣は、遺伝子組換えモラトリアムが解除されたことで、南オーストラリアの農業者や研究者は、少なくとも 10 年以上前から遺伝子組換え技術を利用できるようになっている全国の農業者や研究者と同じ土俵に立つことになることと強調した。大臣は、南オーストラリア州の GM モラトリアムのもとでのいわゆる付加価値プレミアムは作り話であり、2004 年以降、南オーストラリア州の穀

物生産者に少なくとも 3,300 万豪ドルのコストがかかっていることが [独立した調査](#)で明らかになったことを指摘した。

詳しくは、ニュースリリースを以下のサイトでご覧下さい。 [Premier of South Australia's website](#)

付加遺伝子と生物学的時計が植物の重要な機能を制御している

Dartmouth 大学で行われた研究では、一般食用作物の生物学的時計が、その [遺伝子](#)の 4 分の 3 近くを制御していることがわかった。この研究は、「eLife 誌」に掲載されたもので、植物が新しい地域に移動したり、[気候条件](#)の変化に遭遇したりした場合に、成長やストレスに対する回復力を向上させるのに役立つ遺伝子を特定するのに役立つ可能性がある。

Dartmouth 大学の研究では、作物が、概日リズムとして知られる昼夜サイクルに対する内部反応を利用して、生殖、光合成、ストレス条件への反応などのプロセスを調節していることが明らかになっている。研究チームは、一般の作物 *Brassica rapa* の遺伝子がどのように植物の内部の時間維持機構によって制御されているかを特定するために RNA 配列を使用した。植物は、日中は暖かく、夜は涼しいという通常的环境にさらされた後、この環境から植物を取り出し、2 日間かけてサンプルを採取し、植物の体内時計からの信号に反応してどの遺伝子が活性化しているかを明らかにした。

研究の結果、植物の全遺伝子の約 4 分の 3 にあたる 16,000 以上の遺伝子が、光や温度の変化がない状態でも概日リズムによって調節されていることがわかった。また、研究チームは、付加遺伝子が、その遺伝子のペアとは異なる時間帯に活動することが多いことも発見した。これらの発見に加えて、研究チームは、複製された遺伝子のうち、1 つだけが典型的に早魃に反応することを発見した。このことから、より敏感な生体時計を司る同じ遺伝子が、より多くの [早魃](#)抵抗性も生み出すという結論に至った。

詳しくは、以下のサイトにある論文を御覧下さい。 [Dartmouth College website](#)

Texas A&M AgriLife 社が植物病との闘いに活路を見出した

Texas A&M AgriLife の研究者は、米国の農業に毎年何十億ドルもかかっている難病性病原体との闘いに活路を見出した。Weslaco にある Texas A&M AgriLife Research and Extension の研究科学者であり准教授でもある Kranthi Mandadi 博士と彼の同僚たちは、何年もの間、難治性の病原体や「培養不可能な」病原体と戦

うための新しい生物学的技術の開発に取り組んできた。ここに彼らは柑橘類の緑化および他の「難治性の病気」の解決を促進するために新しいスクリーニング方法を開発した。

難治性植物病原体は、柑橘類、トマト、ジャガイモ、ブドウ、ピーマン、その他の作物に感染する。これらの病原体はしばしば昆虫媒介によって感染し、毎年数十億ドルの損害をもたらす。これらの病気の例としては、柑橘類の緑化やブドウの **Pierce** 病があり、テキサス州の 10 億ドルのワイン産業にとって No.1 の脅威となっている。

毛状根システムの形成に活路が見出された。その技術は、これは、病原体に感染した宿主組織を利用して、実験室で病原体を増殖させるための生物学的な容器としての役割を果たすいわゆる毛状根を作り出すものである。微細な毛状根は、植物から発育し、細菌の自然環境を模倣した正常な根組織に類似しており、制御された実験室条件下での難治性病原体の増殖を可能にできる。毛状根培養物は、実験室内での生産が容易であり、従来のスクリーニング方法に比べて少なくとも 4 倍の速さであり、大量培養化が可能である。

その詳細は、以下のサイトの論文をご覧ください。 [AgriLife Today](#)

ホンジュラス農業者が遺伝子組換え (GM) トウモロコシの利点を訴えている

南米ホンジュラスでの [遺伝子組換え \(GM\) トウモロコシ](#) の利点が確証された。収量と収入の増加、作物管理の容易さが、遺伝子組換えトウモロコシに対する農業者の肯定的な意見の第一の理由であった。

この研究の目的は、遺伝子組換えトウモロコシに対するホンジュラスの農業者の知識、認識、意見、態度を文書化し、決定することであった。2018 年から 2019 年にかけて、ホンジュラスの 5 つの地域のトウモロコシ生産者 32 人にインタビューを行った。そのうち 75% が基本的なバイオテクノロジーと GM トウモロコシに関する知識を持っていることが判明した。また、彼らは GM トウモロコシについて肯定的な意見を持っている理由として、従来のトウモロコシと比較して収量や収入が高いことを挙げていた。この研究では、84% の農業者が農薬を作物に適用する必要がなく、作物の管理が容易になったことも判明した。これは、遺伝子組換え作物を植えることで、害虫駆除のための農薬の使用を減らすことができるという主張を裏付けるものである。

研究者は、連邦政府が知識の普及と信頼構築の円滑化により積極的な役割を担えば、ホンジュラスにおける遺伝子組換えトウモロコシの効果はより大きくなるだろうと結論づけている。

以下の論文を御覧下さい。 [Transgenic Research](#)

オーツ麦の致命的な胴枯れ病の遺伝的解明

Cornell 大学、Western Australia 大学、オーストラリア国立大学の国際研究チームは、1940年代に米国でオーツ麦を全滅させた病気、オート麦のビクトリア胴枯れ病を引き起こす致命的な毒素、ビクトリン (Victorin) の生産にかかわる [遺伝的機構](#) を明らかにした。ビクトリンは、ゲノムの高度に反復的で急速に進化する領域に複数のコピーとして存在する小さな [遺伝子](#) によってコード化されていることを発見した。

ビクトリア病は、ビクトリン毒素を産生する菌 *Cochliobolus victoriae* によって引き起こされるが、これまで誰も関与する遺伝子やメカニズムを明らかにしていなかった。College of Agriculture and Life Sciences (CALS) の統合植物科学学部の植物病理学・植物微生物生物学部門の教授であり、部門長を務める Gillian Turgeon 氏によると、1940年代に農業者に好まれていたオート麦の品種は、クラウンサビ病に抵抗性があった。しかしこれらの品種は、ビクトリン毒素が特定の植物タンパク質を標的とするのでビクトリア病に罹患するようになったことが明らかにされた。

ほとんどの真菌の毒素は、大型の多機能酵素によって合成され、これらの酵素によって作られる小さなペプチドには、毒素と抗生物質ペニシリンのような医薬品の両方が含まれている。しかし、Turgeon 氏と西オーストラリア大学の研究者で共著者の Heng Chooi, 氏は、ビクトリン毒素が実はほとんどのタンパク質を作る細胞小器官であるリボソームで直接合成されていることを発見した。リボソームで生成されるこれらの小分子は、リボソーム合成・翻訳後修飾ペプチド (RiPP) として知られている。

Western Australia 大学の筆頭著者 Simon Kessler 氏は、ビクトリンペプチドを活性化型に変換する新規酵素を含む、いくつかのビクトリン遺伝子の酵素機能を確認した。研究チームは、これらの酵素をコードするビクトリン遺伝子が病原体ゲノム内の反復領域に散在していることを発見した。これは、一般的に真菌の染色体上にコンパクトにまとまって存在する既知の低分子の遺伝子とは対照的である。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [Cornell Chronicle](#) また以下のサイトの論文もご覧ください。 [The University of Western Australia website](#)

研究のハイライト

シスジェニックジャガイモは土壤微生物システムを破壊しない

ヨーロッパとアジアの科学者による国際的なグループが、[遺伝子組換え](#)ジャガイモの環境リスク、特に土壤微生物と関連する生態系への影響を調査した。その結果、土壤微生物菌叢への具体的な影響は見られなかった。

疫病の原因となる真菌 *Phytophthora infestans* に対する耐性を持つシスジェニック遺伝子組換えジャガイモ Desiree を用いて、根圏微生物群集の豊さと多様性への影響を分析した。アイルランドとオランダで設定された2つの別々の圃場試験が選択された。シスジェニック品種である Desiree は、2年間にわたり、非遺伝子組換えの疫病感受性品種および従来の疫病耐性品種と比較し、殺菌剤の有無について比較検討を行った。

細菌および真菌菌叢が圃場条件、ジャガイモの品種、栽培年、細菌が散発的に殺菌剤処理に反応したことを指摘した。全体的に、ジャガイモの根圏における土壤微生物の多様性には、環境の違いだけでなく、同様のパターンが見られた。研究者によると、シスジェニック修飾は土壤微生物菌叢に具体的な影響を与えないことが示された。

公開論文を以下のサイトでご覧下さい。 [Bioengineering and Biotechnology](#)

ジャンク DNA から発見された高速進化する遺伝子の謎に迫る

ショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) を対象とした新しい研究は、「ジャンク DNA」の謎に光を当てている。この研究は *eLife* 誌に報告されている。

それによると、これまで「ジャンク DNA」と呼ばれていたヘテロクロマチンと呼ばれる DNA の一種を制御しているために、いくつかの新しい[遺伝子](#)が必要不可欠なものになるという。これらの「ジャンク」は、「悪役」遺伝子を閉じ込めて厳重に保護された牢獄のような役割を果たし、それらの遺伝子のスイッチが入って大惨事になるのを防いでいるため、全く不要なものではなかったことが判明したのである。さらに、ヘテロクロマチンは、体内で最も早く変化する DNA の断片の一つであることが判明したため、それを制御する遺伝子はすぐに適応して追いつく必要がある。

Fred Hutchinson がん研究センターの進化生物学者 Harmit Malik 氏が率いる研究チームは、他の遺伝子を制御するショウジョウバエの大規模な遺伝子群を調査した。研究チームは、これらの遺伝子をオンにしたりオフにしたりしてみたところ、急

速に進化する遺伝子の67%が重要な遺伝子であることが判明したのに対し、進化の遅い遺伝子の20%だけが必須遺伝子であることを観察した。また、新たに「Nicknack」と標識された必須遺伝子の一つが、ヘテロクロマチンに結合するタンパク質の指示を出すことに関与していることも判明したが、詳細はまだ不明である。このことをさらに解明するために、研究チームは、ショウジョウバエのNicknack遺伝子を、その最も近い進化親戚である*D. simulans*のNicknack遺伝子に置き換えてみた。雌のハエは交換後も生き残ったが、雄は死んでしまった。研究者らは、Y染色体の方がヘテロクロマチンの量が多いことから、その原因をピンポイントで突き止めている。

研究の結果は、進化の速度と経路を形成する上でヘテロクロマチンの機能に多くの課題を追加した。

新しい発見については以下のサイトをご覧ください。 [eLife](#) 及び [Science News](#)

遺伝子組換えトウモロコシ飼料は、ウズラにとって安全

中国の研究チームが、日本のウズラに [遺伝子組換えトウモロコシ](#) を食べさせた研究の結果を発表した。彼らは、[遺伝子組換え \(GM\) トウモロコシ](#) はウズラにとって安全な餌であると結論付けている。

[遺伝子組換え \(GM\) トウモロコシ C0030.3.5](#) 品種がウズラの身体能力と卵の質に影響を与えるかどうかを調べるために、日本産ウズラを用いた49日間の給餌試験が行われた。また、遺伝子組換えタンパク質のウズラの体内動態も調査した。ランダムにウズラ90羽を3群に分け、雌5羽、雄5羽の計10羽ずつを3回繰り返した。1つのグループには市販の飼料を与え、1つのグループには遺伝子組換えトウモロコシの飼料を与え、最後のグループには非遺伝子組換えトウモロコシの飼料を与えた。どのグループも同じ量の飼料を与えた。

その結果、GMトウモロコシを与えたウズラは、雄ウズラ、雌ウズラともに体重、血液学、血清化学、相対臓器重量、病理組織学的外観は正常であった。また、GMトウモロコシを与えた群と非GMトウモロコシを与えた群の間には、産卵能力や卵組成の点で、異なる飼料による違いは見られなかった。遺伝子組換えトウモロコシを与えたウズラの血液、臓器、糞便、全卵のサンプルでは、トランスジェニックタンパク質は検出されなかった。遺伝子組換えトウモロコシを摂取したウズラ健康や卵の質に悪影響はなく、血液、組織、糞便、卵への遺伝子組換えタンパク質の転移は認められなかった。

報告全文は以下のサイトをご覧ください。 [Poultry Science](#)

植物育種に関する革新

全欧州のアカデミーがゲノム編集に関する EU 法の調和を求めた

欧州科学人文学術連盟（ALLEA）は、[ゲノム編集](#)に関する EU 法の調和に向けた科学的根拠と行動を提示した報告書「作物改良のためのゲノム編集」を発表した。報告書は、2019年11月にベルギーのブリュッセルで開催された公開シンポジウムでの科学専門家、政策立案者、市民社会団体の議論をもとに作成された。

「作物改良のためのゲノム編集におけるイノベーションについての一般市民との会話を広げることは、欧州全域の学術機関を含む科学界の重要な責務である。これらの新しい技術は心が躍るような機会を提供しているが、全体像を見ること、そして一般の人々の認識や文化の違いも考慮することは依然として重要である。本報告書は、これらの多様な研究をまとめたものであり、欧州の政策立案者や一般市民に包括的な概要を提供することを目的としています」と ALLEA 会長の Antonio Loprieno 教授は述べている。

報告書のハイライトは以下の通りである。

- EU の法律は、その植物の規制状況を決定するために、その植物を開発するために使用されたツールではなく、その植物の特性に注目しなければならない。
- 異種遺伝子を導入しない標的型ゲノム編集は、従来の育種戦略で得られた植物と比較して、健康や環境へのリスクはない。
- 法制や政策上の制限が続くと、より生産性が高く、多様性に富み、気候変動に強い作物を選択し、環境への影響を低減することが妨げられる可能性がある。
- 現在の商業化の期間とコストの問題から、バイオテクノロジーの新しい育種技術を用いて開発された植物を市場に導入することは（主要な産業関係者を除いて）ほとんど不可能である。
- これらの新技術は、農業の環境フットプリントの削減に貢献する可能性がある。
- [ゲノム編集製品](#)を市場に導入するための意思決定プロセスでは、市場導入の意味合いを正確に伝えるために、科学的なコミュニケーションが不可欠である。

報告書は、以下のサイトからダウンロードしてご覧ください。 [ALLEA](#)

キクの多遺伝子ノックアウトに TALEN を使用

福井県立大学と独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構の研究者らは、TALEN を介してキクの遺[遺伝子](#)を同時にノックアウトし、不稔性を付与することを報告した。今回の成果は、野生の親族への遺伝子導入を防ぐのに役立つと期待され、Scientific Reports に掲載された。

[ゲノム編集](#)は、植物を改良するために用いられる重要なツールの一つである。しかし、キクのように2組以上の相同染色体を持つ種では、機能的な重複を確実にするためには、いくつかの遺伝子のすべての座位をロックアウトする必要がある。そこで研究者らは、キクの減数分裂相同組換えに関わる CmDMC1 遺伝子の相補的 DNA (cDNA) を探索した。特定された6つの cDNA はすべて染色体の特定の位置に存在するため、TALENs を用いた同時ロックアウトが可能であった。TALEN 発現ベクターを用いた2つの栽培品種では、CmDMC1 遺伝子座が破壊された系統が発生し、雄雌不稔を誘発した。

研究報告は、以下のサイトでご覧下さい。 [Scientific Reports](#)

ゲノム編集産物市場の健全な成長を予測する報告書

世界の [CRISPR ゲノム編集](#) 産物市場は、2019年から2026年まで、23.35%の健全な複合的成長率で緩やかに成長しています。市場の成長は、世界的にがんの有病率が高まっていることと、様々な学術機関による CRISPR 技術の応用が拡大していることに起因しています。これらのデータは、Data Bridge Market Research が発表した市場レポートに含まれている。

このレポートでは、複数の一次および二次ソースからのデータの広範な調査、合成、要約に基づいて、市場の詳細な概要が記載されている。報告の重要なハイライトは、主要な市場ダイナミクス、現在の市場シナリオ、各セクターの将来展望である。また、CRISPR 業界の主な推進要因と抑制要因と同様に、業界の主要な影響要因も特定している。

詳しくは、以下のサイトをご覧下さい。 [BCFocus](#)
