



遺伝子組換え技術の最新動向  
2024年6月  
)



### 植物

- 室内の空気を通常の観葉植物の30倍浄化する生物工学的スーパープラントが米国で販売開始
- 小さなシダ植物が地球最大のゲノムを持つ
- UNIVERSITY OF NEBRASKA-LINCOLNのチームがトウモロコシの遺伝子同定をスピードアップする技術を開発
- サトウキビの葉の角度に手を加えてバイオマス増産に成功
- ルビスコ因子の遺伝子組換え発現によりトウモロコシの光合成と耐冷性が向上
- 農作物のいもち病抵抗性を高める遺伝子を発見
- 歴史的コムギコレクションから未開拓の多様性を発見する国際研究
- パキスタンが遺伝子組換えサトウキビの栽培を承認
- イタリア、ゲノム編集リゾット米の初の野外試験を開始
- フィリピン、食品廃棄物削減のために開発されたゲノム編集バナナを認可

### 健康

- ニワトリの羽のアミノ酸が化学療法薬の送達に役立つ
- 二重らせん鎖を切断せずに編集できる新しいゲノム編集ツールを開発
- より健康的な母乳を作るために植物を遺伝子操作する科学者たち
- オーストラリアの研究者らがCRISPRを上回る精度のゲノム編集ツールを開発

### ゲノム編集に関する特記事

- CRISPR-CAS9を用いて初めて光合成を変化させた
  - CRISPRで油分の多いカメリナを育種
  - Pairwise社が初のゲノム編集種なしブラックベリーを開発
  - CRISPRにより環状RNAがイネの病気を弱体化させることを明らかにした
-

## 植物

室内の空気を通常の観葉植物の 30 倍浄化する生物工学的スーパープラントが米国で販売開始

4 月にパリを拠点とする新興企業 Neoplants が米国で Neo Px の販売を開始した。これは、生物学によって開発された初の生物工学的空気清浄機であり、揮発性有機化合物 (VOC) として知られる室内空気汚染と戦うための自然ベースの解決策である。Neo Px は、通常の観葉植物に比べて空気浄化効率が最大 30 倍も高い。

Neo Px は、ベンゼン、トルエン、エチルベンゼン、キシレン (BTEX) を含む、最も一般的で、有害で、対象が難しい室内空気中の VOC と戦うように設計されている。Neoplants が pothos (*Epipremnum aureum*) を選んだ理由は、その生理的特徴にある。この植物はまた、優れたファイトレメディエーション能力を誇り、単位質量あたりかなりの量の VOC を吸収することができる。pothos はまた、特定の VOC を軽減することができる内因性酵素をコードする遺伝子を保有している。最後に、pothos は何十年も生存し、成長し続けることができる優れた観葉植物である。

Neo Px を開発するために、Neoplants は、生物学処理されたマイクロバイーム、非常に効果的な空気清浄機能を持つ観葉植物、そして「シェル; Shell.」と呼ばれる綿密に最適化されたプランターという 3 つのユニークなコンポーネントを統合したものである。生物学処理されたゲノムは、この生物学的システムの汚染除去能力を増幅するように設定されている。Neo Px は、PLA-Flax (ビートルートやサトウキビなどの持続可能な作物から抽出されたバイオコンポジット) で作られ、最大 30% の亜麻繊維で強化された「シェル; Shell.」と呼ばれるプランターを備えている。

将来的には、Neoplants は遺伝子組換え植物を生産し、その代謝が直接空気浄化を行うことを計画している。

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

---

## 小さなシダ植物が地球最大のゲノムを持っている

多国籍の研究者グループが、地球上で最大の [ゲノム](#) を持つシダ植物を発見した。この発見は、ゲノムの巨大化がどのように進化してきたかを研究する新たな機会を提供するものである。

維管束植物は、その卓越したゲノムサイズの多様性から研究者の関心を集めている。現在のデータは、真核生物全体で大きなゲノムが制約されていることを示しているが、ゲノムサイズの拡大に対する生物学的な限界はまだ明らかにされていない。

Institut Botànic de Barcelona の研究者らは、太平洋の離島 New Caledonian でフォークシダ (*Tmesipteris oblancoolata*) を発見し、そのゲノムサイズは 160.45 Gbp/1C であることを明らかにし

た。このフォークシダのゲノムは、ヒトゲノムの 50 倍以上であり、世界最大のゲノム記録を持つカンゾウ (*Paris japonica*) よりも 7% 大きい。この発見により、フォークシダはその驚異的なゲノムサイズにより、最近ギネス世界記録に認定された。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [iScience](#)

---

## UNIVERSITY OF NEBRASKA-LINCOLNのチームがトウモロコシの遺伝子同定をスピード アップする技術を開発

UNIVERSITY OF NEBRASKA-LINCOLN (UNL) 農学・園芸学部の Vladimir Torres-Rodriguez 博士研究員率いる研究チームは、教授でトウモロコシ遺伝学のスペシャリストである James Schnable 氏と共同で、[トウモロコシ遺伝子](#)の機能同定に大きな一歩を踏み出した。Torres-Rodriguez 博士は DNA ではなく、RNA を使用する技術を開発しテストした。この革新的なアプローチにより、開花時期に影響するトウモロコシ遺伝子を、広く使用されている DNA ベースの遺伝子同定法よりも約 10 倍多く同定することができた。

トウモロコシの [ゲノム](#) には約 4 万個の遺伝子が含まれており、これはヒトゲノムよりも数千個多い。トウモロコシゲノムの最初の草稿が発表されてから 15 年が経過したが、これらの遺伝子の 98% が、トウモロコシ植物を作る上で、あるいはトウモロコシがさまざまな生育条件にどのように反応するかを決定する上で、どのような役割を果たしているかは未知のままである。

研究チームは、Lincoln にある同大学の Havelock 農場で栽培された植物を用いて、およそ 700 品種のトウモロコシそれぞれについて、39,000 以上のトウモロコシ遺伝子の RNA レベルを測定した。そして、Havelock と Michigan State University の共同研究者の両方によって収集されたトウモロコシの植物自体の RNA 測定値と組み合わせた。その結果、「UNL は世界最大のトウモロコシ遺伝子発現測定データセットを作成した。」と Torres-Rodriguez 教授は語った。

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

---

## 専門家がサトウキビの葉の角度に手を加えてバイオマス増産に成功

University of Florida、Center for Advanced Bioenergy and Bioproducts Innovation (CABBI) の研究者らが、サトウキビに遺伝的な微調整を施し、収量の向上に成功した。この画期的な成果は *Plant Biotechnology Journal* 誌に掲載された。

サトウキビは、バイオマス収量で世界最大の作物であり、世界の砂糖の 80%、バイオ燃料の 40% を生産している。サトウキビの植物体サイズと水利用効率は、高度で再生可能な付加価値の高いバイオ製品やバイオ燃料を開発するための最良の候補のひとつとなっている。しかし、サトウキビ

はゲノムが複雑なため、育種家が従来の方法で形質を改良するのは難しい。そこで研究チームは、ゲノム編集ツールを用いて、サトウキビのゲノム、特に葉の角度の制御に関わる遺伝子を微調整した。この形質は、バイオマス生産に不可欠な光を植物がどれだけ取り込めるかを決定するため、極めて重要である。

ゲノム編集したサトウキビの圃場試験では、ある系統のサトウキビの葉の傾斜角度が56%減少し、乾燥バイオマス収量が18%増加した。この改良により、畑に肥料を追加することなくバイオマスの向上が達成された。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [CABBI](#)

---

### ルビスコ因子の遺伝子組換え発現によりトウモロコシの光合成と耐冷性が向上

トウモロコシは世界中で広く栽培されている作物であり、世界の食料安全保障に不可欠である。しかし、他の植物と同様に、光合成中の炭素同化を担う酵素であるルビスコの活性が遅いため、その成長と生産性は制限されている。Boyce Thompson Institute (BTI) の科学者たちは、光合成と植物全体の成長を改善するために、Rubiscoの生産を増強する有望なアプローチを実証した。

BTIの研究では、ルビスコ蓄積因子2 (Raf2) と大小のルビスコサブユニットという3つの重要なタンパク質を遺伝子導入で発現させた。研究チームは、これらのタンパク質を過剰発現させたところ、トウモロコシのルビスコ含量が増加し、炭素同化が促進され、草丈が伸びた。BTIの研究チームは、Raf1とRaf2が、ルビスコアセンブリーの異なるステップで作用しながらも、それぞれ独立してルビスコ量を増加させ、植物のパフォーマンスを向上させることを発見した。このことは、Raf1とRaf2を組み合わせることで、光合成能力をさらに向上させることができる可能性を示している。

BTIチームが開発した遺伝子組換え植物は、作物の収量に深刻な影響を与える一般的な環境的課題である冷ストレスに対する耐性も向上していた。研究者らは、これらの植物が寒冷にさらされている間、より高い光合成速度を維持し、ストレスが収まった後はより速やかに回復することを観察した。これらの知見は、トウモロコシと同様の光合成経路を持つソルガム、キビ、[サトウキビ](#)などの主食作物にも応用できる可能性がある。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [BTI website](#)

---

### 農作物のいもち病抵抗性を高める遺伝子を発見

National Research Institute for Agriculture, Food, and the Environment of France を中心とする多国籍研究者チームが、いもち病に対する抵抗性をもたらす植物 [遺伝子](#) を特定した。この発見は、いもち病に感染する可能性のあるイネや [コムギ](#) の保護に役立つという。

いもち病は、*Magnaporthe oryzae* によって引き起こされる破壊的な農作物病害である。もともとは稲作にのみ被害があったが、1980年代以降は小麦にも被害が及ぶようになった。いもち病から作物を守るためには、病害抵抗性遺伝子の同定が必要である。

フランス、イラン、中国、フィリピンの科学者たちは、イネのいもち病抵抗性の分子メカニズムを研究した。研究チームは、いもち病に対するイネの免疫力を高める新しいタイプの植物病害抵抗性遺伝子 *Ptr* を発見した。彼らの研究は、*Ptr* やその他の新規成分に基づく新たな抵抗性メカニズムの研究への道を開き、病害抵抗性や作物保護に役立つものである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Nature Plants](#)

---

### 歴史的コムギコレクションから未開拓の多様性を発見する国際研究

John Innes Centre (JIC) と Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS) の科学者が主導する 10 年にわたる機関横断的な共同研究が、現代のコムギ品種に未開拓の巨大な遺伝的可能性を発見した。

JIC の Simon Griffiths 博士と CAAS の Shifeng Cheng 教授は、歴史的な A.E. Watkins Landrace Collection を研究した。この研究により、A.E. Watkins Landrace Collection に見られる遺伝的多様性の少なくとも 60% が未利用であることが明らかになり、現代の小麦を改良し、増加する世界人口に持続可能な食糧を供給するための前例のない機会がもたらされた。

国際的な研究チームは、英国の 3 つの実験ステーションと中国北部から南部にかけての 5 ヶ所の圃場評価を網羅し、綿密な表現型調査を実施した。本研究では合計 137 形質が調査された。チームはコムギのゲノム変異地図、ハプロタイプ-表現型関連地図を作成した。陸上品種と栽培品種の比較から、現代のコムギ品種は Watkins Collection に見られる遺伝的多様性の 40% しか利用していないことが明らかになったが、残りの 60% は現代のコムギを改良する可能性の宝庫である、と Griffiths 博士は言っている。

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

---

### パキスタンが遺伝子組換えサトウキビの栽培を承認

パキスタンの Technical Advisory Committee of the Environment Protection Agency は、University of Agriculture, Faisalabad. の専門家が開発した 2 つの高収量サトウキビ品種の商業化承認を発表した。

サトウキビは世界の砂糖需要の 70%を満たし、重要なバイオエタノール原料として有望視されているが、パキスタンのサトウキビ栽培量は 5 位で、世界生産量は 11 位に過ぎない。パキスタンのサトウキビ収量は世界平均を下回っており、世界の標準が 1 ヘクタール当たり約 60 トンであるのに対し、パキスタンは 1 ヘクタール当たり平均 45~50 トンに過ぎない。この生産量の差は、おそらく雑草や害虫などの要因によるものだろう。したがって、2 つの GM サトウキビ品種は、農民の主要な懸念に対処するものである。GM サトウキビ品種の 1 つは昆虫抵抗性形質 (CABB-IRS) を持ち、もう 1 つは除草剤耐性形質 (CABB-HTS) を持つ。

主に家畜の飼料や採油に使用される Bt ワタの承認に続き、サトウキビはパキスタンで栽培が許可された 2 番目の遺伝子組換え作物となった。サトウキビは、パキスタンで初めて採用された遺伝子組換え作物である。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [The News International](#) 及び [University of Agriculture, Faisalabad](#)

---

### イタリア、ゲノム編集リゾット米の初の野外試験を開始

University of Milan の研究者らが、リゾットによく使われるイタリアのアルボリオ米を改良した新品種「RIS8imo」のイタリア初の [ゲノム編集](#) 作物の圃場試験を開始した。

研究者たちは、いもち病菌に利用される 3 つの [遺伝子](#) を標的とし、DNA コードの小さな部分を除去して、病原菌に効かないようにした。世界的な穀物作物への深刻な脅威であるいもち病に対する抵抗性を高めるため、RIS8imo から DNA の小さな断片が取り除かれた。

2024 年 5 月 13 日にイタリアの Pavia 近郊の農場で開始されたこの新しい圃場試験は、28 平方メートルの広さを持ち、ヨーロッパのバイオテクノロジー研究における大きな飛躍を示すものである。この実地試験は、University of Milan の Vittoria Brambilla と Fabio Fornara、Sainsbury Laboratory (Norwich, UK) の Sophien Kamoun、Max-Planck-Institute for Biology in Germany の Thorsten Langner による実りある共同研究の成果でもある。

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

---

### フィリピン、食品廃棄物削減のために開発されたゲノム編集バナナを認可

褐変を抑えたバナナの新品種が、フィリピンで遺伝子組換えでないとは判定された。2024 年 6 月 21 日に Department of Agriculture - Bureau of Plant Industry (BPI) より JDC No.01 s.2021 の非被覆証明書 (Certificates of Non-Coverage) が交付された。

褐変抑制バナナ (TRB011001、TRB011002) は、Tropic Biosciences 社が CRISPR-Cas9 ゲノム編集システムを用いて開発したものである。これらのバナナは、年間 200 万台の自動車を道路から排除するのと同等の食品廃棄物と CO<sub>2</sub> 排出量を削減する可能性がある。

製品開発者は、非被覆証明書を取得するために BPI に科学的根拠を提出した。BPI によると、この決定は、DOST-DA DENR-DOH-DILG Joint Department Circular No.01 s.2021 のもと、DA Memorandum Circular No.08 s. 2022 Rules and Regulation to Evaluate and Determine when Products of Plant Breeding Innovations (PBIs) are Covered (植物育種イノベーション製品 (PBIs) が対象となる場合の評価および決定に関する規則) に記載されている Technical Consultation for Evaluation and Determination (評価および決定のための技術協議) の手順に基づくものである。

BPI は 2023 年に [Tropic](#) 社の別の褐変抑制バナナにも同じ認証を与えている。ガンマアミノ酪酸を多く含む [Sanatech](#) シードのシシリアンルージュトマトも今年認証された。この認定により、当該ゲノム編集作物の輸入と国内での栽培が可能となった。

非被覆証明書 (Certificates of Non-Coverage from JDC No. 01 s.2021 ) の詳細は、以下のサイトをご覧ください。 [Bureau of Plant Industry](#)

---

## 健康

### ニワトリの羽のアミノ酸が化学療法薬の送達に役立つ

King's College London の科学者たちが、ニワトリの羽毛から抽出した [アミノ酸](#)、プロリンを用いた新しい薬剤デリバリー技術を開発した。彼らの研究は、化学療法の副作用を軽減し、必須酵素を修復する可能性がある。

化学療法は癌患者の一般的な治療法である。しかし、化学療法は腫瘍を取り囲む健康な細胞も除去してしまうため、神経損傷や脱毛などの副作用を引き起こす可能性がある。このため、研究者たちは、より安全な方法で薬物を送達する代替方法を見つけなければならない。

英国の研究者たちは、プロリンペプチドを用いて、様々なサイズの薬物を支持し、人体に正確に送達できる金属-ペプチドケージを設計した。この技術は、癌腫瘍に直接薬効を渡し、健康な細胞を保護するために使用することができる。「やがては、化学療法による脱毛や吐き気などの不快な副作用を抑えることができるようになる」と期待している。癌の発生に影響する酵素の誤作動を修復することもできるかもしれない。」とこの研究のグループリーダーである Charlie McTernan 博士が語っている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [King's College London](#)

---

## 二重らせん鎖を切断せずに編集できる新しいゲノム編集ツールを開発

東京大学の首藤祐太郎教授、中川亮也教授、濡木理教授らの研究グループは、プライムエディターと呼ばれる**ゲノム編集**ツールの空間構造とそのメカニズムを明らかにし、二重らせんの両鎖を切断することなく逆転写を行う能力を明らかにした。この研究成果は *Nature* 誌に掲載され、**遺伝子**治療のための精密な遺伝子編集ツールの設計に貢献するものである。

プライムエディターとプライム編集ガイド RNA (pegRNA) で構成されるプライム編集システムは、ゲノム情報を正確に置き換えることで「ワードプロセッサ」として機能する。このシステムは、さまざまな生物への導入に成功しているが、その空間構造に関する情報が不十分なため、編集プロセスの詳細な実行については不明な点が多い。

研究チームは、低温電子顕微鏡を用いてプライムエディター複合体をほぼ原子スケールで観察し、その立体構造を決定することに成功した。解析の結果、逆転写酵素は **Cas9** タンパク質との相対的な位置を維持し、さらに望ましくない挿入をもたらす可能性があることが明らかになった。

「本研究の構造決定戦略は、異なる **Cas9** タンパク質と逆転写酵素からなるプライム・エディターにも適用できる。新たに得られた構造情報を活用し、改良型プライム・エディターの開発につなげたいと考えています」と論文の筆頭著者である首藤氏は言っている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [The University of Tokyo School of Science](https://www.u-tokyo.ac.jp/en/news/2022/03/20220301_01)

---

## より健康的な母乳を作るために植物を遺伝子操作する科学者たち

University of California, Berkeley と University of California, Davis の科学者が主導した研究により、**遺伝子操作**された植物が、ヒトの母乳に含まれるプレバイオティック糖を生産する可能性が示された。*Nature Food* 誌に掲載されたこの研究結果は、赤ちゃんにより健康的で乳製品を含まない植物性ミルクを提供するための重要なヒントを与えてくれるだろう。

世界中の新生児の約 75% が、生後 6 ヶ月間は粉ミルクを飲んでいる。しかし、粉ミルクは、製造が困難なプレバイオティクス糖分子のために、人間の母乳の栄養価を再現することはできない。そこで研究チームは、ヒトの母乳オリゴ糖を作る**遺伝子**を遺伝子工学的に操作した。これらの遺伝子操作された遺伝子は、*Nicotiana benthamiana* 植物に導入され、11 種類の既知のヒト母乳オリゴ糖と、同様の連鎖パターンを持つ他の様々な複合糖類を生産した。

「我々は、ヒト乳汁オリゴ糖の 3 つの主要グループ全てを作りました。」と、この研究の上級著者である Patrick Shih 氏 (Plant and Microbial Biology 助教授、UC Berkeley's Innovative Genomics Institute 研究員) は語った。「私の知る限り、1 つの生物でこれら 3 つの基を同時に作ることを実証した人はいません。」とも語った。この研究はまた、工業的規模で植物からヒト用ミルク



オリゴ糖を生産するコストは、微生物系のシステムを使用するよりも安くなる可能性が高いことも示した。

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

---

## オーストラリアの研究者らが、CRISPR を上回る精度のゲノム編集ツールを開発

University of Sydney の研究者らが、[CRISPR](#) よりも高い精度と柔軟性を持つ [ゲノム編集ツール](#) seekRNA を開発した。この技術はバクテリアでのテストに成功しており、複雑な真核細胞への応用が可能かどうか調査される予定である。

CRISPR は DNA の 2 本の鎖に切れ目を作り、新しい DNA 配列を追加するために他のタンパク質を必要とする。CRISPR は様々な産業で応用されているが、この方法は DNA に意図しないエラーを引き起こす可能性がある。

科学者たちは、CRISPR に代わるものとして seekRNA を開発することにした。シーク RNA は、DNA 配列の挿入部位を検出するプログラム可能なリボ核酸 (RNA) 鎖を利用する。他のタンパク質を必要としないため、編集プロセスが短く、エラーも最小限に抑えられる。「ゲノム編集の可能性については、まだ始まったばかりである。ゲノム編集という新しいアプローチを開発することで、健康、農業、バイオテクノロジーの進歩に貢献できることを願っています」と、この研究の著者の一人である Ruth Hall, 教授は語っている。

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

---

## ゲノム編集に関する特記事項

### CRISPR-CAS9 を用いて初めて光合成を変化させた

University of California, Berkeley (UCB) の Innovative Genomics Institute (IGI) の研究チームは、制御 DNA 上流を変化させることにより、食用作物の遺伝子発現の増加をもたらした。他の研究では、CRISPR-Cas9 ゲノム編集を用いて遺伝子発現をノックアウトまたは減少させているが、今回の研究は、遺伝子発現と下流の光合成活性を増加させる初めての偏りのないゲノム編集アプローチである。

この研究は、University of Illinois が主導する国際研究プロジェクト Realizing Increased Photosynthetic Efficiency (RIPE) の一環として、IGI の Niyogi Lab が進めたもので、太陽エネルギーをより効率的に食料に変える食用作物を開発することで、世界的な食料増産を目指すものである。研究室では、CRISPR-Cas9 を使って標的遺伝子の上流にある DNA を変化させることを計画

し、その変化が下流の活性に影響を与えるかどうか、またどの程度影響を与えるかを考えた。その結果、遺伝子発現を増加させる DNA の変化は、予想されていたよりもはるかに大きく、他の同様の研究でも報告されていることがわかった。この研究で RIPE の研究者たちは、調節 DNA の逆位、すなわち「反転」が、遺伝子 *PsbS* の遺伝子発現を増加させることもわかった。

DNA に最大の反転を加えた後、研究者らは RNA 配列決定実験を行い、イネゲノム中の全遺伝子の活性が、その改変の有無によってどのように変化するかを比較した。その結果、発現量の異なる遺伝子の数は非常に少なく、同様のトランスクリプトーム研究よりもはるかに少ないことがわかった。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [RIPE website](#)

---

### CRISPR で油分の多いカメリナを育種

U.S. Department of Energy's Brookhaven National Laboratory の科学者たちが、CRISPR を用いて *Camelina sativa* の高油分品種を開発した。彼らの研究は、ネット・ゼロ・カーボンのバイオエコノミーの実現に役立つかもしれない。

カメリナ (*Camelina sativa*) はカノーラの近縁種で、バイオ燃料原料の生産に必要な植物油の供給源として開発されている。しかし、カメリナから高い油分を得るためには、カメリナの黄色の種子表現型が必要であるが、現在のところ不明である。

研究チームは、[CRISPR-Cas9](#) を用いてカメリナのトランスペアレント・テスト 8 (TT8) 転写因子 [遺伝子](#) を破壊し、種皮の色を褐色から黄色に変化させた。その結果、脂肪酸合成、総脂肪酸 (TFA) 蓄積、トリアシルグリセロール (TAG) が増加した。タンパク質とデンプンのレベルには大きな変化は見られなかった。

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

---

### PAIRWISE 社が初のゲノム編集種なしブラックベリーを開発

食と農業における CRISPR 技術の応用のパイオニアである米 PAIRWISE 社は、植物における [CRISPR](#) 応用のための新規ツール一式である同社独自の Fulcrum™ Platform を用いて、世界初の種なしブラックベリーを開発した。

この画期的な技術は、タネナシで初めて実現したものである。PAIRWISE 社の最高技術責任者 (CTO) である Ryan Bartlett 氏によると、同社の科学者たちは、植物遺伝学の深い知識、CRISPR ツールの幅広いスイート、および多重編集技術を駆使して、ベリーの果実の硬い種を除去し、一

一般的に種なしと表示されるブドウやスイカに見られるような柔らかく小さな種を作り出した。さらに、この形質はブラックベリー市場を一変させるだけでなく、チェリーなど他の多くの果実の種子や種子の除去を加速度的に進展させる下地となるだろうと付け加えた。

PAIRWISE 社の共同設立者で最高事業責任者の Haven Baker 氏によると、ベリーの購入者の 30%以上が種を嫌い、さらに多くの人が種を理由に果物を買わないというデータがある。PAIRWISE 社が編集したベリー品種は、一年中安定して甘く、出荷中も持ちが良い。消費者は、種のない栄養価の高いブラックベリーを選べるようになり、味と品質も確実に向上すると Baker 氏は語った。PAIRWISE 社はまた、同じブラックベリーの品種改良に成功し、とげをなくし、収穫者、栽培者、環境に利益をもたらす、よりコンパクトな株を作った。とげなしとコンパクトな形質は、より効率的な果実の収穫を可能にし、生産者の生産性と収益性を向上させる。新しいコンパクトな形質は、植物がより小さくなり、1 エーカーあたりの作付密度を高くできることを意味する。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Pairwise](#)

---

## CRISPR により環状 RNA がイネの病気を弱体化させることを明らかにした

中国 Shanghai Jiao Tong University の研究者らは、イネにおける環状 RNA の役割と病原性細菌との相互作用を解明した。このような相互作用における環状 RNA の制御メカニズムは、研究以前は不明であった。

植物における環状 RNA のノックダウンは、その塩基配列が親遺伝子と類似しているために困難であった。そこで研究チームは、CRISPR-Cas13d システムを開発し、Os-circANK と名付けられたイネの環状 RNA を特異的に標的とし、その発現を低下させることに成功した。

その結果、Os-circANK が特定のマイクロ RNA-Osa-miR398b のスポンジのように働くことが判明した。この作用により、Osa-miR398b が *OsCSD1/OsCSD2* を切断するのを防ぎ、イネにおける活性酸素種のレベルを低下させ、細菌病に対する抵抗性を低下させた。

この研究結果は、Os-circANK が Osa-miR398b/*OsCSD1/OsCSD2* 経路に影響を与えることにより、イネの細菌病に対する抵抗性に負の役割を果たしていることを示す証拠となった。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [bioRxiv](#)

---