



## 植物

- ゲノム編集を加速する TATSI 技術を開発
- オーストラリアで XtendFlex®ワタの商業リリースを承認
- 窒素固定を制御する遺伝子を特定
- Michigan State University (MSU)の育種家が長期保存に適した健康的なジャガイモを遺伝子工学で開発
- ナイジェリア政府、TELAトウモロコシの安全性を再確認
- 日本政府が遺伝子組換え作物と非遺伝子組換え作物との交差汚染のないことを保証
- 農家を支援する新しいワタ品質モジュールを開発
- インドの研究者が遺伝子組換え研究の動向と進化を分析
- マメ科植物の窒素固定における亜鉛の役割を発見
- 植物の亜鉛耐性を高める重要遺伝子
- エチオピアで STRIGA を抑制しソルガム収量を増加させる根粒菌を発見

## 動物

- ヴァージニア工科大学の研究者ら、蚊の個体数を制御する可能性のある方法を発見

## 食料

- Boyce Thompson Institute (BTI)の研究がジャガイモ疫病病原体の起源と世界的広がりを解明
- より美味しく、より対応力性のある作物開発のための超強力ツール
- 欧州食品安全機関 (EFSA) が遺伝子組換え *Komagataella phaffii* を含む食品添加物に関する科学的見解を発表

## ゲノム編集に関する特記事

- 生物学および非生物学のストレス耐性が強化されたゲノム編集されたジャガイモ
  - 科学者たちが多耐性・高収量米品種を開発
  - Crispr がイネの細菌性葉枯病抵抗性を高める
-

## 植物

### ゲノム編集を加速する TATSI 技術を開発

トランスポザーゼ支援標的導入法 (Transposase-Assisted Target Site Integration ; TATSI) と呼ぶ植物 [ゲノム編集](#) の効率を高めるための技術が、*Nature* 誌に発表された。この方法は、植物ゲノムの特定の場所にカスタム DNA を組み込むために、トランスポーザブルエレメントを利用するものである。DNA 統合の精度と頻度を向上させることで、TATSI は遺伝子強化作物の生産をより迅速かつ費用対効果の高いものにすることを目指している。

この研究は、作物改良における大きな課題のひとつである植物ゲノムへの外来 DNA の効率的でない挿入や、エラーを起こしやすい挿入に取り組むことを目的としている。[CRISPR-Cas](#) システムは DNA を正確に編集することができるが、編集した部位にカスタム DNA を正確に追加することには困難がある。そこで研究者たちは、CRISPR-Cas の「はさみ」機能とトランスポーザブルエレメントの自然な「接着剤」機能を組み合わせることで、標的 DNA の統合率を高めた。

Slotkin の研究室では、トウモロコシゲノムの 70% 以上を占めるトランスポーザブルエレメントを作物改良に活用してきた。米国国立科学財団 (NSF) Danforth Center からの資金援助と投資により、プロトタイプと商業化前の開発が行われた。「ビッグ・アイデア 2.0 コンペティションから生まれたこのプロジェクトは、私たちが現在、そして将来に向けて行っている研究の方向性を変えた。Danforth Center の “インパクト重視” の姿勢が如実に表れている。」と University of Missouri, Columbia の Keith Slotkin, 教授は語っている。

詳しくは以下のサイトでプレスリリースをご覧ください。 [Donald Danforth Plant Science Center](#)

---

### オーストラリアで XtendFlex®ワタの商業リリースを承認

Bayer Australia は、[除草剤耐性](#) XtendFlex®ワタのオーストラリアでの商業リリースを発表した。[オーストラリア](#)における XtendFlex [ワタ](#)は、[glyphosate](#)、dicamba、及び [glufosinate](#) に対する耐性があるため生産者に雑草防除のより多様性のある対応策を提供する。

XtendFlex 除草剤耐性技術は、ワタ除草剤耐性形質における Bayer の最新の技術開発である。この革新的な綿花形質は、glyphosate, dicamba, 及び glufosinate という作用機序の異なる 3 種類の除草剤の上乗せ散布に耐性を示し、枯れにくい雑草や除草剤抵抗性の雑草に対する効果的な解決策の選択肢を提供する。また、XtendiMax 2®除草剤に VapourGrip® 上乗せしたものが XtendFlex に加えてある。

「XtendFlex ワタは、オーストラリアのワタ栽培農家がより高い効率性と持続可能性を実現できるよう支援する我々の継続的な取り組みにおける飛躍的な進歩である。」と、Bayer Crop Science ANZ Managing Director の Warren Inwood 氏は述べている。

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

---

## 窒素固定を制御する遺伝子を特定

La Trobe Universityの研究者らは、FUN (Fixation Under Nitrate) [遺伝子](#)が大気中の[窒素](#)を利用可能な養分に変換することを制御していることを明らかにした。

エンドウ豆やインゲン豆などのマメ科植物は、土壌細菌と協力して大気中の窒素を作物の成長を促進する栄養素に変換する。しかし、自然のプロセスや肥料の使用によって土壌に利用可能な窒素が豊富にある場合、このプロセスは最小限に抑えられる。

研究者たちは、作物が窒素固定と土壌窒素吸収をどのように切り替えているのかを分析するため、遺伝子をノックアウトしたマメ科植物約15万株をスクリーニングした。その結果、遺伝子発現を制御する転写因子Fixation Under Nitrate (FUN)を発見した。その結果、亜鉛レベルがFUNの活性化を誘発し、窒素固定を停止させる可能性があることもわかった。

「農業の観点からは、窒素固定を継続させることは、マメ科植物にとっても、マメ科植物が栽培された後に土壌に残される窒素に依存する将来の作物にとっても、窒素の利用可能性を高める有益な形質となり得るのである。」と、この研究の筆頭著者であるDugald Reid博士は語っている。FUNを除去した場合のマメ科作物の動態を調査するため、別の研究が行われている。

詳しくは以下のサイトでプレスリリースをご覧ください。 [La Trobe University](#)

---

## Michigan State University (MSU)の育種家が長期保存に適した健康的なジャガイモを遺伝子工学で開発

植物・土壌・微生物科学科の教授で、Michigan State University (MSU)のジャガイモ育種・遺伝学プログラムのディレクターであるジャガイモ育種家のDave Douches氏は、低温での長期保存が可能で、より健康的で高品質なポテトチップスを生産できる [遺伝子組換え](#)ジャガイモを開発した。

Kal91.3は、スクロースをフルクトースやグルコースなどの還元糖に変換するのに使われる酵素を生成する[遺伝子](#)を沈黙させるように遺伝子操作されたものである。Kal91.3は、腐敗や水分損失を避けるために低温で長期間保存することができ、ポテトチップスを含むより健康的で高品質な製品につながる。Kal91.3はまた、貯蔵中のジャガイモを維持するために必要な多くの肥料や農薬を使

用せずにジャガイモを栽培することで、環境への影響を軽減することができる。

Kal91.3は、米国農務省動植物衛生検査局 (U.S. Department of Agriculture's Animal and Plant Health Inspection Service (USDA APHIS))により、[遺伝子組換え製品](#) バイオテクノロジー規制の適用除外が認められている。米国農務省APHISは、Kal91.3が従来の品種と比較して植物害虫のリスクを増加させないことが証明されたと結論づけた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[MSU AgBioResearch News page](#)及び[USDA APHIS website](#)

---

## ナイジェリア政府、TELAトウモロコシの安全性を再確認

ナイジェリアのBola Tinubu大統領は、TELAトウモロコシがナイジェリア国内で承認されることに対して、いくつかのグループが反対する中、遺伝子組換え種子を支持する姿勢を堅持した。また、国家バイオセーフティ管理局 (National Biosafety Management Agency ;NBMA) は、TELAトウモロコシの使用と消費は[安全](#)であるとして市民を安心させた。2024年1月11日、ナイジェリア連邦政府はTELAトウモロコシの露地栽培と商業販売を承認した。この進展は、様々な関係者から様々な意見を集めた。反対派の批判に応え、ナイジェリア国民の懸念を払拭するため、国家バイオセーフティ管理庁 (National Biosafety Management Agency ;NBMA) は声明を発表し、この決定プロセスが公平で透明性のあるものであったことを強調した。「NBMAは、ナイジェリア国民の安全と健康が最優先事項であり、この点において妥協するつもりはない。NBMAは、人間の健康と[環境](#)に対するこの製品の安全性を確保するために、適切なリスク評価と分析を行った。」とNBMAは宣言した。

TELAトウモロコシの審査は、関係機関および学識経験者からなる2つの委員会によって行われた。徹底的な審査の結果、TELAトウモロコシは安全基準を満たし、健康や環境に悪影響を与えないことが示されました。NBMAはまた、TELAトウモロコシが農薬の使用を最小限に抑え、生産性を向上させ、人々の健康に好ましいことを強調している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[NBMA](#)

---

## 日本政府が遺伝子組換え作物と非遺伝子組換え作物との交差汚染のないことを保証

日本の農林水産省は、[遺伝子組換え](#) (GM) 作物に関する定期的な年次調査と詳細な報告書の新しいデータを発表した。日本では、遺伝子組換え作物の栽培地を監視し、その地域内で同種の非遺伝子組換え作物との相互汚染がないことを確認している。今回発表されたデータは、GM作物の「偶発的な流出」に対する国民の懸念に対応するものである。

GM作物と非GM作物との相互汚染がほとんどないことを示すデータが何年もあるにもかかわらず、世間は懐疑的な見方を続けてきた。最近、GM作物の種子が誤って流出することが懸念されてい

る。日本の農林水産省は、複数の GM ナタネとダイズの作付地で実施された調査の結果、近隣の関連種からは 遺伝子組換え [遺伝子](#) は発見されなかったと発表した。

農水省は、国内での GM 作物の安全な使用と消費を保証するために厳格なプロトコルを実施している。農水省は、これらの GM 作物が地域の [生物多様性](#) に影響を与えるリスクはないと強調した。国民の懸念に対応するため、農水省は、菜種、[ダイズ](#)、[トウモロコシ](#)、ワタなど、日本で入手可能な GM 作物の調査と監視を続けると述べた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Food Navigator Asia](#) 及び [AgTechNavigator](#)

---

## 農家を支援する新しいワタ品質モジュールを開発

Mississippi State University の科学者は、変動する環境条件下で農家が作物の品質をチェックできるワタ品質モジュールを開発した。この新しいモジュールは、GOSSYM プログラムに追加される予定である。

ワタの品質は農家の収入に影響する。作物の品質を高めるには、生育に必要な最適の水と栄養分を与えなければならない。これらの要素は、特定の場所や品種の植え付け日に左右される。

研究者たちは、ワタの成長と収量に影響を与えるプロセスを再現するコンピュータープログラム GOSSYM と統合する綿花品質モジュールを作成した。GOSSYM は 1980 年代に作られたが、プログラムの精度と応用を高めるため、新しい予測モジュールが定期的に追加されている。「ワタが成長サイクルを経ている間、ワタ繊維の品質は、気温、降雨量、土壌や植物の栄養の質などの環境条件に影響される。これらすべてがワタ品質モジュールに含まれている。」と、この研究の主執筆者の一人である Kambham Raja Reddy 氏は語っている。

研究チームは、一般的に栽培されている 40 品種のワタでこのモジュールのテストに成功した。このモジュールは、作物が気候変動に強くなるのにも役立つ可能性がある。

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

---

## インドの研究者が遺伝子組換え研究の動向と進化を分析

現代のバイオテクノロジーの発展は、[遺伝子工学](#) のより精密で効率的な方法への道を開いている。[CRISPR](#) のようなツールの出現により、これらの応用の進展を理解し、さらなる研究が必要な分野を浮き彫りにすることは極めて重要である。 *Journal of Scientific Research and Reports* 誌に掲載されたこの研究は、遺伝子組換えにおける世界の研究状況を包括的にレビューしたものである。

インド農業研究所 (Indian Agricultural Research Institute ;IARI) の研究者らは、遺伝子組換え生物 (GMO) に関する世界的な書誌学的分析を行い、2000 年から 2020 年までに英語で発表された 1,172 件の研究を分析した。研究対象は、遺伝子組換え作物、遺伝子組換え食品、遺伝子組換え作物、Bt [ワタ](#)、Bt [トウモロコシ](#)、[Bt ナス](#) などである。

研究の結果、遺伝子組換え作物の論文の大半は昆虫学 (15.52%) であり、バイオテクノロジーと応用微生物学は 8.36% であった。研究者らは、2013 年から 2020 年にかけて被引用数が増加していることを観察しており、この間に GM 技術に関するトピックへの関心が高まっていることを示している。また、最も研究されているトピックは、[Bacillus thuringiensis](#) の農作物への応用であり、「Bt ワタ」という用語が最も頻繁に使用されている。

この調査結果は、遺伝子組換えに関する科学の進歩や研究を形成する上で、国際的な協力関係が極めて重要な役割を果たしていることも浮き彫りにした。研究チームは、遺伝子組換え研究の高まりを認識する一方で、遺伝子組換え技術が生態系や人間の健康に及ぼす長期的影響について、さらなる研究とモニタリング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。 [Journal of Scientific Research](#)

---

## マメ科植物の窒素固定における亜鉛の役割を発見

Aarhus University (Denmark)、Polytechnic University of Madrid (Spain)、欧州放射光施設 (European Synchrotron Radiation Facility、フランス) の研究者らは、マメ科植物の [窒素固定](#) プロセスにおいて亜鉛が重要な役割を果たしていることを発見した。この研究では、転写制御因子 Fixation Under Nitrate (FUN) が新しいタイプの亜鉛センサーであり、結節において亜鉛シグナルを解読し、窒素固定を制御していることも明らかになった。

マメ科作物は根粒菌と共生し、根粒で大気中の窒素を固定する。しかし、この根粒は、温度、旱魃、洪水、土壌塩分、高濃度の土壌窒素などの環境要因に敏感である。研究者らは、FUN は、土壌窒素濃度が高いときの結節の分解を制御していることを突き止めた。FUN は、細胞内の亜鉛濃度を直接モニターする特異なメカニズムによって制御されている。また、亜鉛によって大きなフィラメント構造に不活性化され、亜鉛濃度が低くなると活性型になる。

「植物における二次シグナルとしての亜鉛の役割を発見したことは、本当に驚くべきことである。亜鉛は重要な微量栄養素であり、これまでシグナルとして考えられたことはなかった。15 万本以上の植物をスクリーニングした結果、ようやく亜鉛センサー FUN を同定し、植物生物学のこの興味深い側面に光を当てることができた。」と、この研究の筆頭著者である Jieshun Lin 助教授は説明している。研究者たちは現在、FUN によって亜鉛シグナルがどのように生成され、解読されるかを調べており、この発見をそら豆、ダイズ、ササゲなどのマメ科作物に応用することを楽しみにしている。

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

---

## 植物の亜鉛耐性を高める重要遺伝子

中国国立稲研究所(China National Rice Research Institute)と共同研究機関の研究者らは、*Trichome Birefringence (TBR)* 遺伝子により、植物が土壌中の余分な亜鉛を処理できることを明らかにした。

亜鉛は重要な微量栄養素であるが、過剰に存在すると生きた細胞に対して毒性を示す。そのため、植物は亜鉛の毒性に耐えるメカニズムを発達させてきた。植物は、ペクチンのメチルエステル化と呼ばれるプロセスを通じて、細胞壁に亜鉛を吸収する。この過程で、細胞壁のペクチン分子の構造が変化し、亜鉛をさらに蓄えるようになった。

科学者たちは、植物の亜鉛耐性に関与する遺伝子座を特定するため、ゲノムワイド関連研究を行った。その結果、21 の重要な関連遺伝子座のうち、ペクチンのメチルエステル化を調節する主な遺伝子が *Trichome Birefringence (TBR)* であることが判明した。TBR 遺伝子が活性化すると、植物の細胞壁への亜鉛貯蔵量が増加する。この発見は、研究者がより亜鉛耐性の高い作物を開発するのに役立つ可能性がある。

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

---

## エチオピアで STRIGA を抑制しソルガム収量を増加させる根粒菌を発見

エチオピアの研究チームは、ソルガムに関連する STRIGA 抑制根粒菌の可能性を特定した。この根粒菌は、STRIGA の種子の発芽率を著しく低下させることが示されている。

STRIGA 抑制根粒菌を同定するため、エチオピアの 3 地域のソルガム 12 品種の根粒圏から 117 の細菌分離株を収集した。これらの分離株をシアン化水素 (HCN) とインドール-3-酢酸 (IAA) についてスクリーニングした。

分離株のうち、47 株は程度の差こそあれ HCN を産生し、22 株は IAA を産生した。21 の分離株は HCN と IAA の両方を共通して生産することが判明し、さらに *Striga hermonthica* の発芽に対する影響を試験した。In vitro のアッセイでは有意な発芽阻害が認められ、最も発芽率が低かったのはそれぞれ E19G12 (0%)、E29G2b (1%)、E19G10 (2.7%) であった。

さらなる特性解析の結果、これらの効果的な分離株は *Pseudomonas* 属、*Bacillus* 属、*Klebsiella* 属、*Enterobacter* 属に属することが明らかになり、ソルガムにおける STRIGA の蔓延に対抗するバイオ除草剤としての可能性が浮き彫りになった。

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

---

## 動物

### ヴァージニア工科大学の研究者ら、蚊の個体数を制御する可能性のある方法を発見

Virginia Polytechnic Institute and State University (Virginia Tech)の研究者らが、蚊の個体数制御に有用な新しい遺伝的標的を発見した。

この研究は、*Communications Biology* 誌に発表されたもので、種の不和合性の遺伝的基盤に焦点を当てたものである。Virginia Tech の研究チームは、世界的なアルボウイルス病の媒介蚊である *Aedes aegypti* と、インド洋に生息するその兄弟種である *A. mascarensis* を交配させた。片方の親と交配させると、子孫の約 10% がインターセックスとなり、繁殖ができなくなる。研究チームは、これらの間性蚊の性決定経路に異常があることを突き止め、これらの蚊は遺伝的にはオスであるが、オスとメスの両方の遺伝子を発現しており、身体的形質が混在していることを発見した。

研究者たちは、メスを排除することで蚊の数をコントロールできるような、オスばかりの蚊の集団を作るための戦略を開発したいと考えている。Virginia Tech の Igor Sharakhov の研究室で行われたこの研究は、メスの蚊の行動に影響を与える遺伝子の特定にも役立ち、将来の媒介蚊駆除法に役立つ可能性がある。

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

---

## 食料

### Boyce Thompson Institute (BTI)の研究がジャガイモ疫病病原体の起源と世界的広がりを解明

Boyce Thompson Institute (BTI)の研究者が行った新しい研究は、ジャガイモ疫病病原体 *Phytophthora infestans* の起源はメキシコであるという通説を覆すものである。BTI の Silvia Restrepo 会長率いる研究チームは、*P. infestans* の世界的な移動の歴史を綿密に再構築し、世界的に広がる前に南米のアンデス山脈で発生した可能性が高いことを発見した。

*P. infestans* は 19 世紀にアイルランドのジャガイモ飢饉を引き起こし、現在も世界のジャガイモ作物にとって大きな脅威となっている。研究者らは、世界中で収集された 1,706 株の分離株から得られた遺伝子型データを分析することにより、高度な統計的手法で移動経路を再構築した。この研究では、*P. infestans* はペルーで発生し、その後コロンビア、メキシコへと北上し、アメリカ、ヨーロッパ、アジアへと広がったと提唱している。これは、メキシコ原産でその後南米に広がったとする以前の説とは対照的である。研究チームは、これらの移動の後、病原体が南米北部に戻ったという証拠を発見していない。



顕著な発見のひとつは、病原体の遺伝子データに強い地理的シグナルが観察されたことで、継続的で小規模な移動ではなく、稀に起こる重要な移動という仮説を裏付けるものであった。Silvia Restrepo 氏は、この研究の広範な影響力を強調し、次のように述べた。「私たちの研究は、*P. infestans* の過去の移動を解明するだけでなく、将来の移動を予測するための枠組みを提供する。これは、この根強い脅威からジャガイモ作物を守るための世界的な取り組みに不可欠である。」

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [BTI website](#)

---

### より美味しく、より対応力性のある作物開発のための超強力ツール

China Agricultural University の研究者らが、ゲノム編集の強力な技術であるプライム・エディティングの改良に成功したことを報告した。強化されたプライム編集システムにより、研究者はイネ遺伝子に特定の変更を加えることができ、より美味しく、より病気に強く、より収量の多い品種を開発できる可能性がある。この研究成果は、*Journal of Integrative Plant Biology* 誌に掲載されている。

研究チームは、3つの異なるソースから入手した進化した逆転写酵素 (RT) 変異体を用いて作成した4種類のプライムエディターを使って、プライム編集ツールのバージョンを開発した。PE6c と呼ばれるバージョンは、酵母 Tfl レトロトランスポゾンの RT バリエーションを進化・操作したもので、編集効率は従来のツールの3倍以上に達した。他のタイプも有望なプライム編集効率を示し、試験したプライムエディターはすべて、育種家が望ましい形質を持つイネ品種を開発するのに役立つ可能性が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。 [Journal of Integrative Plant Biology](#)

---

### 欧州食品安全機関 (EFSA) が遺伝子組換え *Komagataella phaffii* を含む食品添加物に関する科学的見解を発表

欧州食品安全機関 (EFSA) の食品添加物および香料に関するパネル (Panel on Food Additives and Flavourings ; FAF) は、[遺伝子組換え](#) (GM) コマガタエラ (*Komagataella phaffii*) 由来のダイズレグヘモグロビンを含む食品添加物「LegH Prep」の提案に関する科学的見解を発表した。

提案されている用途に含まれるダイズレグヘモグロビンのヘム鉄の量は、異なる種類の肉の同程度の量に匹敵する。EFSA の栄養・新規食品・食物アレルギー (Nutrition, Novel Foods, and Food Allergens ; NDA) パネルによれば、提案されている食品添加物による鉄の暴露は、すべての人口集団の安全摂取レベル以下である。利用可能な毒性学的研究において試験された最高用量では、遺伝毒性および副作用は報告されていない。

EFSA パネルは、この食品添加物は提案されている用途では安全であり、一日摂取許容量 (ADI) を設定する必要はないと結論づけた。パネルはまた、ダイズレグヘモグロビン製品が摂取された場合にアレルギー反応を引き起こす可能性は低いことを示唆している。提案された食品添加物のこの安全性評価は暫定的なものであり、GMO パネル (EFSA-GMO-NL-2019-162) による継続中の評価次第である。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [EFSA Journal](#)

---

## ゲノム編集に関する特記事項

### 生物学のおよび非生物学的ストレス耐性が強化されたゲノム編集されたジャガイモ

[気候変動](#)は作物生産における様々な課題を悪化させ続けている。世界的な気温の上昇や予測不可能な気象パターンにより、生物・非生物学的ストレスに対する回復力を強化した作物の開発などの解決策が必要とされている。Nature 誌に掲載された研究で、研究者らは[ゲノム編集](#)によって[ジャガイモ](#)のストレス耐性向上を目指した。

研究者らは、*parakletos* と呼ばれるタンパク質 M1CUF4 を同定し、これがジャガイモと *Nicotiana benthamiana* (*N. benthamiana*) の植物ストレス応答を増強する効果を実証した。研究の結果、*parakletos* を過剰発現させると、*Phytophthora infestans* 感染の重症度とバイオマスが増加することが示された。また、*parakletos* が免疫関連のシグナル伝達経路を抑制することも示された。

この研究ではさらに、*parakletos* をノックアウトしたジャガイモと *N. benthamiana* 植物に対する様々なストレス条件の影響について調べた。その結果、*P. infestans* と *Alternaria solani* の両方に感染した変異体では、野生型のジャガイモ植物よりも感染の程度が軽いことがわかった。また、*parakletos* をノックアウトした *N. benthamiana* では、細菌病原体である *Dickeya dantatii* および *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 HopQ1 による感染の程度も、対照植物に比べて低かった。

また、*parakletos* がノックアウトされたジャガイモ変異体は、野生型植物よりも塩分や乾燥条件に対して耐性があることも示された。本研究の結果は、植物における *parakletos* の機能喪失は、高さ、バイオマス、その他の目に見える形質に関して有意な差はなくとも、生物学のおよび非生物学的ストレスに対する植物の回復力を高めると結論づけている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Nature](#)

---

## 科学者たちが多耐性・高収量米品種を開発

国連食糧農業機関 (Food and Agriculture Organization) の報告によると、植物の害虫や病気が原因で農作物生産の最大 40% が失われている。病害虫がもたらす課題には、病害虫や除草剤に対する抵抗性を高めた品種を開発するための、より優れた育種技術が必要である。*Plant Biotechnology Journal* 誌に掲載された研究は、多遺伝子形質転換とゲノム編集を用いた多耐性・高収量 (MR&HY) イネの開発を実証している。

研究者らは、イネに複数の抵抗性遺伝子を組み込むために、多遺伝子形質転換戦略を用いた。この研究では、除草剤耐性遺伝子 *I. variabilis-EPSPS*、褐色バッタ抵抗性遺伝子 *Bph14* および *OsLecRK1*、borer (めい虫) 抵抗性遺伝子 *Cry1C*、細菌疫病抵抗性遺伝子 *Xa23*、いもち病抵抗性遺伝子 *Pi9* を含む 6 つの抵抗性遺伝子と、*Ehd1* を標的とする CRISPR-Cas9 ベクター (Cas9-Ehd1) が用いられた。

MR&HY イネは、除草剤 (グリホサート)、害虫 (ヒメトビウンカ、茎疫病)、病害 (紋枯病、いもち病) に対して抵抗性を示し、収量も有意に増加した。圃場実験によると、無農薬で栽培した MR&HY イネは、農薬で処理した *ZH11* イネより 20% 多く、無処理の *ZH11* イネより約 3 倍多く収穫できた。このアプローチにより、農薬の必要性和環境汚染を削減し、生産コストを下げることができる。

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

---

## CRISPR がイネの細菌性葉枯病抵抗性を高める

Guangxi University の研究者らは、イネ遺伝子のゲノム編集に成功し、イネの *Xanthomonas oryzae pv. oryzicola* (*Xoc*) による細菌性葉枯病に対する抵抗性を付与した。この研究成果は *Plant Journal* 誌に掲載された。

*Xanthomonas* の転写活性化因子様エフェクター ([transcription activator-like effectors](#)、TALE) と呼ばれる特殊なタンパク質は、宿主の感受性遺伝子をオンにして感染を引き起こす。しかし、細菌の病原性を高める *Xoc* TALEs の役割に関する情報は限られている。そこで研究チームは、*Xoc* 感染における Tal10a という TALE の役割を研究した。

その結果、Tal10a が *OsHXX5* と呼ばれる遺伝子のロックを解除することが判明した。この遺伝子は、イネが糖を利用するのを助ける酵素を作る。残念ながら、Tal10a によって *OsHXX5* がオンになると、イネの防御機能が弱まり、細菌がはびこりやすくなる。この発見を受け、研究チームは [CRISPR-Cas9](#) を用いて *OsHXX5* を編集し、Tal10a によってオンされないようにした。これにより、イネは細菌に対してより抵抗性を持つようになった。

この研究結果は、*OsHXX5* が細菌性葉枯病に抵抗性を持つイネ品種を開発するためのターゲットになる可能性を示唆している。

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

---