



遺伝子組換え技術の最新動向
2025年4月



植物

- 鉄欠乏性貧血対策に役立つ鉄強化バイオイネを開発
- スイスが新しい育種技術（NBT）に関する新法案を発表
- ソルガムの大きな気候変動への対応力を生み出す新しい技術
- 中国で2つの耐虫性トウモロコシがフモニシン汚染を軽減
- インドにおける Bt ワタ採用を支援する政策戦略を専門家が提言
- 野生近縁種の遺伝子を導入したジャガイモの晩枯病圃場抵抗性
- パンゲノム(pangenome)からイネの遺伝的多様性、進化、栽培種化が明らかに

食糧

- 細胞培養魚が魚介類のアレルギーリスクを減少させる
- 圃場条件下で安定した葉酸バイオ強化化レタス
- Food Standards Australia New Zealand (FSANZ)がオーストラリアとニュージーランドで販売される初の細胞培養食品を認可

健康

- 専門家らがコメから Covid-19 ワクチンを開発
- 遺伝子全体を置き換える新しいゲノム編集ツールを開発

環境

- 遺伝子組換えのないゲノム編集ポプラの木を開発
- 農業土壌からの温室効果ガス（GHG）排出を示す長期研究

ゲノム編集に関する特記事項

- 植物における大規模スクリーニングのためのオールインワン CRISPR ツールボックスを開発
 - Z 世代が英国に於けるゲノム編集を強力に支援
-

植物

鉄欠乏性貧血対策に役立つ鉄強化バイオイネを開発

Vietnam National University の研究者らが、[CRISPR-Cas9](#) ゲノム編集を用いて鉄分の多いイネを開発したことを報告した。この成果は、*Journal of Plant Biotechnology* に掲載された。

鉄欠乏性貧血は、特にコメの消費地で、世界的に数十億人に影響を及ぼしている。鉄欠乏性貧血のさらなる蔓延と闘う戦略のひとつが、バイオイネの開発である。ベトナムのコメ品種 TBR225 は、その高収量特性と優れた品質から、鉄のバイオ強化の理想的な候補である。

以前の研究では、CRISPR を用いて TBR225 の主要な鉄トランスポーター遺伝子 (*OsNRAMP7*) を過剰発現させた。そこで、本研究では *OsNRAMP7* を過剰発現させた TBR225 系統の遺伝子型と表現型を評価した。

分子生物学的解析の結果、*OsNRAMP7* の過剰発現が成功し、温室条件下で生育させたゲノム編集イネ系統において、他の金属取り込みや農業形質に影響を与えることなく、鉄蓄積量が有意に増加したことが確認された。これらの結果は、*OsNRAMP7* の過剰発現が鉄強化イネ品種の開発に有効であることを示している。このアプローチは、農業生産性を維持しながら、イネ消費集団の鉄欠乏に対処する有望な戦略である。

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

スイスが新しい育種技術 (NBT) に関する新法案を発表

2025年4月2日、スイス連邦議会は、CRISPRなどの新しいゲノム技術によって開発された植物に対する規制を緩和するための育種技術法 (BTA) 案を発表した。この法案はまた、農業革新と栽培の拠点としてのスイスの地位を強化することも目的としている。

現行法では、これらの植物は、従来の遺伝子工学によって開発された植物と同じように扱われる。スイスでの栽培は現在モラトリアム (一時停止) されており、遺伝子組換え法 (GEA) の厳格な規定が適用される。今回の提案は、スイスの規制状況に変化をもたらすものであり、新しい育種技術 (NBT) の可能性と適切な保護措置の必要性を反映したリスクベースの認可によって開発された植物を規制することを提案しており、農業、林業、園芸を含むすべての関連分野に適用される。

提案されているBTAは、NBTからの植物を取り扱うための簡略化された3段階のプロセスを概説している。第一に、研究室や温室のような管理された環境でのクローズドシステムでの取り扱いは、初期研究とリスク評価のために必要であり、封じ込め措置と、植物のリスクに応じて通知または認可のいずれかが必要である。第二に、野外での適用に移行するためには、管理された野外環境での放飼試験が必要であり、そのためには認可が必要であ

るが、これは閉鎖系では必要不可欠なデータが得られない場合に限られる。最後に、商業化（販売、交換、輸入）には市場認可が必要で、農業、環境、消費者にとって具体的な利益があることを証明することが求められ、その裏付けとなるのが、オリジナルの未改変植物との比較試験データである。

BTA草案は、NBTによって開発された植物の認可プロセスを、現行のGEAに比べて簡素化することを目的としており、現在の知見に基づく2つの主な手続きを提案している。比較可能性に基づく認可は、新しい植物の生物学的特性と遺伝子組換えがすでに認可されている植物と同等であれば、複雑な環境リスク評価を免除するという合理的なルートを提供する。これは重要な簡素化である。同等の植物が存在しない場合は、ヒト、動物、環境に対する潜在的リスクを包括的に評価する標準的な認可プロセスを含む、完全な環境アセスメントが必要となる。この完全なアセスメントによって安全とみなされた植物は、関連データとともに、法的確実性と透明性を確保するために公表される。

BTA草案では、NBTによって開発された植物が上市された場合、明確なラベル表示が義務付けられる。ラベルには、その製品が「新しい育種技術によるもの」または「新しいゲノムプロセスによるもの」であることを明記しなければならない。BTA草案は、まず完全な立法手続きを経なければならない。現在、2025年7月8日まで協議期間に入っており、利害関係者が支持や懸念を表明できるようになっている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Lexology](#)

ソルガムの大きな気候変動への対応力を生み出す新しい技術

ソルガムは、気候変動、旱魃、洪水が増加する未来において、この作物に大きな可能性を見出す研究者や産業界の注目を集めている。しかし、ソルガムがどのように旱魃や洪水に耐えているのかは謎のままである。

University of Copenhagen, the Carlsberg Laboratory、オーストラリアUniversity of Queenslandの研究者らは、大規模な種子コレクションから特定の遺伝子の新たな変異を効率的に特定できる「FIND-IT」と呼ばれる技術を開発した。新たに確立された大規模なソルガム種子コレクションにより、研究チームは、北緯と南緯の両方で効果的に栽培できる作物品種が記録的な速さで開発されることを期待している。

*Physiologia Plantarum*に掲載された別の学術論文で、研究チームは新しい育種技術に焦点を当て、University of Copenhagen, the Carlsberg LaboratoryとオーストラリアのUniversity of Queensland in Australiaの緊密な協力により開発された2つの新しい研究資源を紹介している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [University of Copenhagen News](#)、 [FIND-IT](#)、と [scientific paper](#)

中国で2つの耐虫性トウモロコシがフモニシン汚染を軽減

中国の研究者が実施した研究によると、2つの[遺伝子組換え](#) (GM) 耐虫性トウモロコシ [aize](#)、CM 8101とReuifeng 8は、鱗翅目昆虫 (*Ostrinia furnacalis*と*Helicoverpa armigera*) のストレス下でフモニシン (fumonisin) 汚染を軽減した。

世界第2位のトウモロコシ生産国である中国は、フザリウム属に起因する広範なフモニシン (fumonisin) 汚染に直面している。フモニシンはトウモロコシ生産地域の80%以上に影響を及ぼしており、真菌の増殖に好都合な条件のため、Zhuozhouのような地域ではより高い汚染レベルが見られる。2018年から2019年にかけて行われた圃場試験では、耐虫性トウモロコシのハイブリッドを植えることでフモニシンレベルが大幅に低下することが示された。

本研究では、鱗翅目昆虫のストレス下でBtトウモロコシ中のフモニシンの総量が有意に減少することが示された。この研究により、2つの昆虫抵抗性組換え遺伝子を持つBtトウモロコシは、フモニシン汚染を70%以上削減できることが確認された。研究者らは、CM 8101とRuifeng 8は中国の畑作物の汚染レベルを大幅に削減する可能性があるかと結論づけた。

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

インドにおける Bt ワタ採用を支援する政策戦略を専門家が提言

インド農業研究評議会 (Indian Council of Agricultural Research、ICAR) -中央綿花研究所 (Central Institute for Cotton Research、CICR) は、1996年から2022年までの[インド](#)におけるBt [ワタ](#)導入の傾向と影響について調査し、政策的な必要性を提示した。分析したデータは、FAOSTAT (Food and Agriculture Organization Statistics、国連食糧農業機関統計局) による政府の栽培コストと貿易データに基づいている。

2002年の導入以来、Btワタはインドの農業生産性を大幅に向上させ、農家所得を増加させ、農薬使用量を削減した。しかし、最近の収量の伸び悩みと害虫の抵抗性の高まりは、Btワタの長期的な持続可能性に懸念を抱かせている。著者らは、同国の綿花生産と農村を支援するため、以下の政策提言を提案している：

- 害虫問題や農学的ニーズに取り組むための研究開発努力を強化する。
- 20年にわたるBtワタの経験を生かし、明確でエビデンスに基づいた[遺伝子組換え](#) (GM) 政策を策定する。
- 節水、排出削減、乾燥地農家支援のためのインセンティブを通じて綿花栽培を支援する。

著者らはまた、遺伝子組換え作物に関する政策マトリックスと、可能な解決策とその結果も示している。教育プログラムの実施、財政的インセンティブの提供、研究開発への投資

など、インドにおける他の作物への科学主導型技術の利用を促すような戦略を推奨している。これらの方策は、この技術の成功を再現し、同国の農業の進歩に貢献す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。 [policy paper](#)

野生近縁種の遺伝子を導入したジャガイモの晩枯病圃場抵抗性

Swedish University of Agricultural Sciences の研究者らは、ジャガイモ (*Solanum tuberosum* L.) に野生の近縁種であるアメリカ黒ナタネ (*Solanum americanum*) の抵抗性遺伝子を導入した晩枯病圃場抵抗性を報告した。この研究成果は *GM Crops & Food* に掲載された。

ジャガイモは世界で最も重要な作物のひとつであるが、ジャガイモ畑は晩枯病によって深刻な被害を受けることがある。この病気は *Phytophthora infestans* という病原菌によって引き起こされ、ジャガイモ生産者に経済的な不安を与える。現在の防除方法は主に殺菌剤の使用に頼っているが、規制や環境への懸念が高まっている。そのため、研究者によって使用されている有利な技術の1つは、野生ジャガイモの近縁種から耐性遺伝子を持つジャガイモの開発である。

スウェーデンにおける3年間の圃場研究(2018~2020年)では、アメリカ黒ナタネ抵抗性遺伝子 *Rpi-amr3* と *Rpi-amr1* を含むように遺伝子操作されたジャガイモ系統 (Maris Piper) の晩枯病に対する抵抗性を評価した。自然感染条件下で、これらの遺伝子組換え系統は、感受性の対照群と比較して、晩枯病に対して強い抵抗性を示した。遺伝子組換えジャガイモ系統では、わずかな晩枯症状が観察された。従って、研究者らは、有効性を改善・維持するために複数の抵抗性遺伝子を積み重ねることの重要性を強調した。

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

パンゲノム(pangenome)からイネの遺伝的多様性、進化、栽培種化が明らかに

中国科学院 (Chinese Academy of Sciences、CAS) 分子植物科学研究センター (Center for Excellence in Molecular Plant Sciences) で行われた研究により、野生イネと栽培イネの前例のないパンゲノムマップが構築された。

HAN Bin 教授のチームが率いるこの研究は、育種と農業革新のための強力なリソースを提供し、イネの進化と栽培種化の歴史を示している。研究チームは、129の野生品種と16の栽培品種を含む145のイネゲノムの塩基配列を決定した。これらの品種は、地理的および遺伝的多様性を考慮して選択された。解析の結果、*Oryza sativa ssp. japonica cv. Nipponbare* の参照ゲノムにはない38億7,000万塩基対の新規遺伝子配列と、パンゲノムにまたがる69,531個の遺伝子が明らかになった。これらの遺伝子の20%近くは野生イネにのみ存在

し、その多くが病気耐性や環境適応などの形質に関連している。これらの遺伝子は、病害虫や気候の問題に耐える現代的なイネ品種を開発するための「遺伝的金鉱」である。

アジアの様々な栽培イネグループにおける初期の主要家畜化遺伝子のハプロタイプ解析により、すべての家畜化遺伝子座がジャポニカ種の祖先 **Or-IIIa** に由来することが確認された。

研究チームはまた、インディカ種とジャポニカ種 (*O. sativa* の2つの主要な亜種) の間の遺伝的分岐を調べ、85万以上の一塩基多型と1万3,000以上の存在-非存在変異を同定した。これらの違いは、両者の祖先系統間の分岐と、ジャポニカにおけるより大きな遺伝的ボトルネックに由来し、異なるイネ亜種から有益な遺伝子を組み合わせる新たな機会を生み出した。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [CAS Newsroom](#)

食糧

細胞培養魚が魚介類のアレルギーリスクを減少させる

オーストラリアの James Cook University (JCU) の研究者らは、シンガポールにある JCU のトロピカル・フューチャーズ研究所と共同で、養殖ニホンウナギ (ウナギ) を分析した結果、細胞を利用した魚が、アレルギーリスクを大幅に低減した、より安全な水産物の生産につながる可能性があることを発見した。

魚介類は、世界の多くの地域で食物誘発性アナフィラキシーの主要な引き金となっているが、このほど開催された世界アレルギー (World Allergy Congress) 学会で発表された同グループの研究により、養殖ウナギに含まれる魚類アレルギーは、従来のウナギに比べて10倍以上低いことが明らかになった。養殖ウナギは、20人の魚アレルギー患者に対してアレルギーを誘発する IgE 結合を示さなかったことから、感作された人々に対するリスクが低いか、全くないことが示唆された。

JCU's Molecular Allergy Research Laboratory の Andreas L. Lopata 教授は、この研究は非常に有望な結果であると述べた。「基本的には魚から幹細胞を採取し、組織培養で食用サイズに成長させるわけですが、アレルギーのリスクも含めて、基本的には通常の魚と同じだろうと誰もが言っていました。」 Lopata 教授によれば、そのリスクは減少し、細胞培養された魚はアレルギーの含有量が非常に少なく、魚アレルギーの主成分であるパルバルブミンは1000分の1まで減少したとのことである。

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

圃場条件下で安定した葉酸バイオ強化化レタス

ブラジルの Embrapa Genetic Resources and Biotechnology 社は、2年間にわたり圃場条件下で安定したレタスの葉酸バイオ強化を報告した。この結果は *Transgenic Research* 掲載された。ビタミン B9 としても知られる葉酸は、いくつかの身体機能において重要な役割を果たす必須栄養素である。葉酸の欠乏は、巨赤芽球性貧血、発育中の胎児の神経管欠損、心血管疾患のリスク増加などの健康問題を引き起こす可能性がある。そのため、従来の育種や分子育種によって食品中の葉酸濃度を高めることに、研究者の間で大きな関心が寄せられている。

Embrapa の研究者たちは、葉酸合成経路を操作することにより、特にシロイヌナズナの GTP- cyclohydrolase I と aminodeoxychorismate 合成酵素のコード配列を発現させることにより、遺伝子組換えレタスを開発した。遺伝子組換え植物は、温室条件下で栽培され、その後 2年間圃場条件下で栽培された。圃場試験の結果、遺伝子組換え植物における安定した葉酸バイオ強化が示された。

その結果、バイオ強化を受けたレタスは、非遺伝子組換えレタスの 3.4 倍、葉酸含有量の多い野菜として知られるハウレンソウの 1.9 倍の葉酸を含んでいた。研究者らによれば、葉酸強化レタス 1 個で、1 日の推奨摂取量の約 36~64% を摂取できるという。

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

Food Standards Australia New Zealand (FSANZ) がオーストラリアとニュージーランドで販売される初の細胞培養食品を認可

オーストラリア・ニュージーランド食品基準局 (Food Standards Australia New Zealand、FSANZ) は、初の細胞培養食品を承認し、オーストラリアとニュージーランドで販売される食品に、細胞培養ウズラを新たな食品成分として使用することを許可した。

この細胞培養ウズラは、オーストラリアのシドニーに本社を置くバイオテクノロジー企業、Vow Group Pty Ltd によって生産されたもので、食品、パテ、その他様々な製品に使用される動物細胞を培養している。バウ・グループは、これらの製品は販売前に調理され、当初は高級レストランをターゲットにする予定であると伝えた。

承認プロセスは食品大臣に引き継がれ、大臣は 60 日以内に FSANZ の決定を検討する。今回の認可は、広範な科学的評価と 2 回にわたる一般コンサルテーションを経たものである。この認可により、細胞培養食品は「細胞培養」または「細胞培養」と表示され、消費者が十分な情報を得た上で選択できるようになる。

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

健康

専門家がコメから Covid-19 ワクチンを開発

中国の Yangzhou University の研究者が、イネ由来の SARS-CoV-2 糖タンパク質 S1 サブユニットワクチンを開発した。この成果は *Plant Biotechnology Journal* に掲載された。

COVID-19 の原因である SARS-CoV-2 ウイルスは、市販ワクチンが承認され使用されているにもかかわらず、世界的に拡散し変異し続けている。従って、安全で効果的かつ安価なワクチンの開発は、依然として世界的な需要である。植物は、医薬品やワクチン用に組換えタンパク質を発現させる効果的なプラットフォームとして登場し、研究者は COVID-19 ワクチンの開発にイネを用いることになった。

異なるプロモーターを持つ 2 つのバイナリーベクターが構築され、アグロバクテリウムを用いてイネの形質転換に用いられた。この結果、56 系統の独立した形質転換イネが再生された。発現解析の結果、pGt1 プロモーターの制御下で、イネ由来の S1 (rS1) タンパク質が形質転換イネ種子中に産生されていることが確認された。次に、精製した rS1 タンパク質を用いて、ヒトのアンジオテンシン変換酵素 2 との相互作用と、異なるアジュバントを用いてマウスに投与したときの免疫原性を評価した。その結果、rS1 は体液性免疫応答と細胞性免疫応答の両方を誘導できることが示唆された。

報告された知見に基づき、rS1 タンパク質は手頃な COVID-19 ワクチン開発に使用でき、また他のウイルスワクチンにも応用できる。

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

遺伝子全体を置き換える新しいゲノム編集ツールを開発

Yangzhou University と Beth Israel Deaconess Medical Center の科学者が、STITCHR と呼ばれる新しい [ゲノム](#) 編集ツールを開発した。従来の [CRISPR](#) とは異なり、STITCHR は [遺伝子](#) 全体を正確な位置に挿入し、意図しない変異を最小限に抑える。このゲノム編集ツールは使用を簡素化し、遺伝性疾患の 1 回限りの治療法としての可能性を提供する。

この技術は、すべての真核生物に見られる自然発生的な「ジャンピング遺伝子」であるレトロトランスポゾンを利用する。研究者らは、計算機スクリーニングを用いて、特定のレトロトランスポゾンと同定し、CRISPR のニッカーゼ酵素と協働するように再プログラムした結果、ゲノムへの正確でシームレスな遺伝子挿入を可能にする完全な STITCHR システムが形成された。

STITCHR は、遺伝子全体を置き換えたり補ったりする可能性を提供し、さまざまな遺伝性疾患に対するより普遍的な治療の選択肢を生み出す。研究チームは現在、STITCHR の効率を向上させ、臨床利用に向けて取り組んでいる。*Nature* に掲載された彼らの研究は、基礎的な細胞生物学からの洞察がいかにより遺伝医学の革新を促し、新たな治療手段につながるかを浮き彫りにしている。

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

環境

遺伝子組換えのないゲノム編集ポプラの木を開発

VIB-UGENT の Wout Boerjan 教授率いる研究チームは、[ゲノム](#)編集を用いて、外来 DNA の痕跡を残すことなく、ポプラの木に正確な修正を加えることを可能にした。この技術革新は、規制のハードルを下げると同時に、改良された樹木品種の開発を合理化する可能性がある。

外来 DNA を植物[ゲノム](#)に組み込むことは、特にポプラのような長寿種の場合、遺伝子要素を除去するための育種が容易でないため、承認プロセスでしばしば問題に直面する。この問題に対処するため、研究者らは、一過性の形質転換を用いて、植物のゲノムを永久的に変化させることなく遺伝子編集を可能にした。アグロバクテリウム・ツメファシエンス (*Agrobacterium tumefaciens*) を用いて [CRISPR](#) 分子をポプラの細胞に導入し、樹木の DNA の一部となることなくゲノム編集を行った。

研究チームは、ロングリード全ゲノムシーケンシング (long-read whole-genome sequencing) を用いて、外来 DNA が存在しないことを確認した。その結果、再生されたポプラの新芽の 50% 近くは、CRISPR の痕跡が全くなかった。「この方法は、より持続可能で、気候変動に強く、規制しやすい樹木を作るための明確で実用的な道を提供する。この方法は、環境とバイオ経済の両方に利益をもたらす、遺伝子組換え樹木の普及を加速させる可能性がある。」と Boerjan 教授は語った。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [article](#)

農業土壌からの温室効果ガス (GHG) 排出を示す長期研究

University of Illinois Urbana-Champaign の研究は、温室効果ガス (GHG) の土壌排出を記述するために、複数年、複数サイト、フィールドスケール、全季節のデータセットを収集した。このデータセットは、緩和策を提案し、将来の気候モデルを改良することができる。

研究者たちは、商業用のトウモロコシ畑とダイズ畑から、亜酸化窒素と二酸化炭素の排出サンプルを複数年にわたって採取した。彼らは、亜酸化窒素と二酸化炭素の濃度を測定する機械を持って、2年間シーズンを通して毎週または隔週で訪問した。常に高濃度のガスを排出している場所をホットスポットと呼んだ。ホットな瞬間とは、降雨や施肥などのイベントの後に、場所のほとんど、あるいはすべてで濃度が上昇することである。

研究チームは、個々の圃場、場所、年、あるいはトウモロコシとダイズのシステム間でも、二酸化炭素のフラックスは同様であることを発見した。Department of Crop Sciences at Illinois の Chunhwa Jang 研究員は、これらの結果から、二酸化炭素の排出量は一貫しており、圃場全体のフラックスを推定するには、空間分解能の高いサンプリングで十分である可能性が高いと述べた。一方、亜酸化窒素は一貫していなかった。特定の煙突における亜酸化窒素の量は、あるサンプリング・セッションから次のセッション（ホット・モーメント）へと劇的に変化しただけでなく、研究者たちは、任意の日にフィールドのどこでホット・スポットを見つけるか予測できないことも発見した。

この研究結果は、経営と作付体系が温室効果ガス排出量にどのように影響するかも明らかにした。二酸化炭素の排出量は、トウモロコシとダイズ、および保全耕と不耕起では同程度であったが、慣行的なチゼル耕と連作トウモロコシではより高濃度であった。一方亜酸化窒素は、保全耕起と不耕起ではダイズよりトウモロコシの方がはるかに高く、チゼル8 chisel) 耕起の連続トウモロコシではほぼ桁外れであった。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [ACES Ne と Agriculture, Ecosystems & Environment](#)

ゲノム編集に関する特記事項

植物における大規模スクリーニングのためのオールインワン CRISPR ツールボックスを開発

米国 University of Maryland の研究者らは、植物における大規模 [CRISPR](#) スクリーニングの課題に対応する、包括的なオールインワン CRISPR ツールボックスを開発した。研究成果は、*The Plant Cell* に掲載された。

この新しい CRISPR ツールボックスは、単子葉植物（イネ）と双子葉植物（トマト）の両方において、シトシン塩基編集（CBE）、アデニン塩基編集（ABE）、Cas12a ベースのゲノム編集と ABE、CRISPR-Act3.0 ベースの遺伝子活性化に効果的に用いることができる。

大規模なゲノム編集実験においてベクターがどの程度機能するかをさらに検証するため、科学者たちは sgRNA と呼ばれるインストラクションガイドのコレクションを作成し、イネの細胞でテストした。これにより、最も効果的なガイドを素早く特定することができた。また、これらのガイドのライブラリーを用いて、ACETOLACTATE SYNTHASE と呼ばれるイネの特定の遺伝子に的を絞った変更を加えることができることも示した。その結果、

イネに除草剤耐性を持たせることができる新しいバージョンの遺伝子が見つかった。さらに、彼らはシロイヌナズナの遺伝子活性化ツールを使って、**FLOWERING LOCUS T**と呼ばれる遺伝子をオンにする最適なガイドをスクリーニングした。この遺伝子をオンにすることで植物の開花を早められる。

この 61 種類の多用途オールインワン・ベクターの完全セットは、一般的に使用される **CRISPR** 技術のほとんどすべてをカバーしている。これにより、植物の遺伝子をオフにしたり（機能喪失）、オンにしたり（機能獲得）する大規模な研究がより容易になり、作物の改良と植物生物学の理解のための多くのエキサイティングな可能性が開かれる。

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

Z 世代が英国に於けるゲノム編集を強力に支援

英国の **British Sugar** が実施した最近の調査によると、69%の英国人が英国農業の持続可能で活発な未来を創造するためのゲノム編集を強く支持している。この調査では、Z 世代がゲノム編集技術の導入を呼びかけており、なんと 80%がこの技術を支持していることが分かった。

調査に参加したすべての年齢層は、持続可能性を主な動機と見なしており、44%がゲノム編集の支持理由として環境への配慮を挙げている。ゲノム編集は、持続可能な農業慣行を促進し、作物の効率を改善することで排出量を削減し、水や肥料の使用を減らす。手頃な価格も重要な動機であり、調査参加者の 50%が近年の食料費の高騰が重要な要因であると強調している。ゲノム編集は作物の病気を減少させ、より安定した価格で食料供給の増加と保証を助ける。

British Sugar 社は、**John Innes Centre (JIC)** および **Tropic Biosciences** と提携し、ゲノム編集技術を使用した甜菜研究プロジェクトを主導している。このプロジェクトは、イギリス政府からの部分的な資金提供を受けており、**Tropic** 社のゲノム編集誘導遺伝子サイレンシング (**GEiGS®**) 技術プラットフォームを使用して、甜菜の自然なイエローウイルス抵抗性を開発するものである。イエローウイルスはアブラムシによって広がる作物病害で、2020年には英国産砂糖産業に深刻な影響を及ぼし、イギリスの甜菜生産者の生計にも大きな影響を与えた。

詳しくは以下のサイトのニュースをご覧ください。 [British Sugar](#)
