



遺伝子組換え技術の最新動向
2025 年 8 月



植物

- Clemson University の研究者らがゲノム編集技術で高収量・高品質繊維のワタを開発
- Heidelberg University の研究者がゲノム編集用2種のタンパク質予測AIモデルを開発
- ジャガイモがトマトから進化したことを発見
- 食品安全大臣が追加DNAを含まない遺伝子組換え食品の表示規則にFood Standards Australia New Zealand (FSANZ)基準を採用
- TEXAS A&M UNIVERSITY とウズベキスタン、超低ゴシポールワタの人道的利用に向けた次段階へ提携
- サツマイモの DNA 解読され、その祖先が明らかになった
- 国際チームがジャガイモの成長と防御のトレードオフを分析するモデルを開発
- AI でゲノム編集の精度向上を実現
- International Rice Research Institute (IRRI) の研究者が早粳下で収量を向上させるイネ遺伝子変異体を特定した
- チリ、ゲノム編集による高繊維コムギを承認
- 専門家がゲノム編集実験の自動化を実現する CRISPR-GPT を導入

食糧

- クチナシ茶 (GARDENIA TEA) の特有の香りを解読
- Pairwise 社が、カカオ研究開発向けに FULCRUM® CRISPR プラットフォームを MARS 社にライセンス供与
- 研究により LIBERICA コーヒーは 3 つの異なる種から成り、気候変動に強い選択肢があることが判明

ゲノム編集に関する特記事項

- フィリピン、日本、中国におけるゲノム編集バナナの消費者受容度調査
- CRISPR 技術が紫米開発の鍵を解明
- ゲノム編集技術がダイズ種子形質を制御する遺伝モジュールの同定に貢献

植物

Clemson University の研究者らがゲノム編集技術で高収量・高品質繊維のワタを開発

Clemson University の修士課程学生である Jacob Johnson 氏は、「より優れたワタづくり:ゲノム編集によるワタの油分・タンパク質・繊維品質の向上」研究プロジェクトへの参加を通じて、ワタ栽培の未来に貢献している。植物遺伝学者 Christopher Saski 氏が率いるこの取り組みは、米国農務省国立食糧農業研究所(USDA-NIFA)および Cotton Incorporated の資金提供を受けている。

研究チームはゲノム編集ツール CRISPR-Cas12a を用いて、二用途型アップランドワタ品種を開発中である。この新品種はアップランドワタの高収量性と Pima 綿の高品質繊維を併せ持っている。さらに、改良された種子特性と、破壊的な病害であるフザリウム萎凋病(FOV4)への耐性も備えている。この研究は、ワタ農家にとってより経済的・環境的に持続可能な作物の創出を目指している。

ゲノム編集プロジェクトが進展するにつれ、研究者らは自らの研究が育種家、農家、そしてより広範な農業コミュニティに利益をもたらす新たなワタ遺伝資源の開発につながることを期待している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Clemson News](#)

Heidelberg University の研究者がゲノム編集用2種のタンパク質予測AIモデルを開発

Heidelberg University の研究チームは、機能的で調整可能な新規タンパク質を設計するために2つのタンパク質を予測できる新たなAIツール「ProDomino」を開発した。薬学・分子生物工学研究so(Institute of Pharmacy and Molecular Biotechnology ;IPMB)のDominik Niopek教授が率いるこの研究は、バイオテクノロジーや医療分野での幅広い応用可能性を秘めている。

タンパク質はドメインと呼ばれる相互連結したサブユニットで構成され、外部シグナルの認識や化学反応の触媒など様々な生命プロセスを調節している。このプロセスに着想を得て、研究チームは10万種以上のタンパク質から成る特化データセットを用い、タンパク質ドメインの人工的再結合に関するAIモデルを開発した。新たな特性を持つ融合タンパク質を生成するドメイン組み合わせを特定した。

ProDominoを用いて、チームはオン/オフ可能な[CRISPR-Cas](#) 変異体を含むハイブリッドタンパク質を設計し、[ゲノム編集](#)の安全性を向上させた。「我々のAIモデルは、人工タンパク質を従来よりも容易に、かつより標的指向的に生成することを可能にする。」とNiopek教授は述べている。研究者らはこのソフトウェアをオープンソースツールとして公開し、多くの科学者による利用を容易にしている。

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

ジャガイモがトマトから進化したことを発見

国際研究チームはジャガイモの起源の謎を解明し、現代のジャガイモが約900万年前の自然交雑によって誕生したことを発見した。学術誌「Cell」に掲載された本研究は、古代のトマトと南米産のジャガイモ類似種が交雑し、ジャガイモの特徴である栄養貯蔵器官である塊茎の進化を引き起こしたことを明らかにしている。

ジャガイモの起源は長年科学者を困惑させてきた。現代のジャガイモはチリ原産のEtuberosum属3種とほぼ同一に見えるが、これらは塊茎を持たない。系統解析によれば、ジャガイモはトマトとより近縁である。

栽培種450系統と野生種56系統のゲノム解析により、研究者らはジャガイモの塊茎形成に重要な遺伝子が両親の遺伝物質の組み合わせであることを発見した。すべてのジャガイモ種がEtuberosumとトマトの両方の遺伝物質を安定かつ均衡よく含有していることが判明し、ジャガイモが両者の古代交雑に起源を持つことを示唆している。Etuberosumとトマトは別種だが、約1400万年前に共通の祖先を共有していた。

研究チームはまた、親双方からの遺伝物質の組み合わせであるジャガイモの主要な塊茎形成遺伝子の起源を追跡した。塊茎形成を制御するSP6A遺伝子はトマト由来である一方、地下茎の成長を助けるIT1遺伝子はジャガイモ類似種由来であることが判明した。この進化的革新はアンデス山脈の隆起と時期を同じくし、ジャガイモが多様で過酷な新たな環境で繁栄することを可能にした。

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

食品安全大臣が追加DNAを含まない遺伝子組換え食品の表示規則にFood Standards Australia New Zealand (FSANZ)基準を採用

ニュージーランドの食品安全担当大臣Andrew Hoggard氏とオーストラリアの担当大臣らは、Food Standards Australia New Zealand (FSANZ)基準における[遺伝子組換え](#)〔GM〕食品の定義更新を、Food Standards Australia New Zealand (FSANZ)基準の定義に基づき採用することを決定した。この決定は、FSANZが定義更新を承認した後の7月下旬に行われた。

FSANZのP1055提案によれば、新規育種技術(NBT)を用いて生産された食品は、新規DNAが導入されていない場合、遺伝子組換え食品として表示されない。Hoggard大臣は、生産者が食品製造工程で[遺伝子](#)技術が使用されたか否かの開示を選択できると述べた。また同大臣は、自身の知る限り、遺伝子組換え製品の摂取による健康問題は報告されていないと付言した。

GE-Free New ZealandのスポークスマンJon Carapiet氏はこの政策を「根本的に非倫理的」と批判し、消費者が情報に基づいた選択をする権利を奪うと指摘した。スーパーマーケットが更新された表示規則への準拠を確認する中、Carapiet氏はサプライヤーに対し、遺伝子技術の使用、原産国、正確な環境・社会主張の開示を求め、透明性と信頼の維持を促した。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[The New Zealand Herald](#) 及び[FSANZ](#)

TEXAS A&M UNIVERSITY とウズベキスタン、超低ゴシポールワタの人道的利用に向けた次段階へ提携

Texas A&M AgriLife 研究所は、食品原料用綿実の商業化に向けた第一歩を踏み出し、ワタの価値向上における重要な節目を達成した。数十年にわたる研究の末、Texas A&M AgriLife 研究所の Keerti Rathore 博士は超低ゴシポール含有の綿実品種を開発。この革新により、家禽・豚・魚向けの高価値食品原料・飼料源としての種子の可能性が開かれた。

超低ゴシポール綿種「[TAM 66274](#)」は米国で完全規制解除され、世界的な導入準備が整った。[ISAAA GM Approval Database](#) によれば、TAM 66274 は種子中のゴシポール含有量を低減する遺伝子組換えワタ品種である。この特性により、従来は乳牛用飼料に限定されていた市場が拡大し、家禽・豚・水産養殖種への飼料供給に加え、人間用タンパク源としての直接利用も可能となった。

ウズベキスタンは、この特性をワタ栽培に導入するため Texas A&M University System と正式に提携した初の国となった。この協力関係は同国の国家食料安全保障目標を支援する。この提携は、Rathore 氏が掲げる「ワタを繊維と種子の両面で価値ある二用途作物とする。」という目標に向けた重要な一歩である。この進展は世界的な綿花栽培の持続可能性向上に寄与すると期待され、将来的に米国の綿花生産者が共有遺伝資源の恩恵を受ける可能性も秘めている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[AgriLife Today](#)

サツマイモの DNA 解読され、その祖先が明らかになった

何十年もの間、数百万の人々にとって重要な作物であるサツマイモは、その複雑なゲノムゆえに遺伝的秘密を秘めてきた。ヒトが 2 組の染色体を持つのと異なり、サツマイモは 6 組の染色体を持つ六倍体という状態であり、これが DNA 解読を極めて困難な課題としてきた。Boyce Thompson Institute の Zhangjun Fei 教授率いる科学者チームは、病害抵抗性で知られる「Tanzania」品種のサツマイモの完全なゲノムを解読することに成功した。

Nature Plants に掲載された研究では、高度な DNA シーケンシング技術を用いて、植物の 90 本の染色体を解きほぐし、元の 6 組のセットに分離した。Fei 教授によれば、この画期的な成果は「前例のない明瞭さ」をもたらしている。

研究により、サツマイモの DNA は複数の野生祖先種のモザイク構造であることが判明した。その一部は未だ同定されていない。ゲノムの 3 分の 1 はエクアドル原産の野生種 *Ipomoea aequatoriensis* 由来であり、別の部分は中央アメリカ原産の *Ipomoea batatas* 4x に類似している。祖先の遺伝的配列が同一染色体上で特異的に絡み合っていることが、この植物の高い適応性と病害抵抗性の要因となっている。

この遺伝物質の絡み合いと 6 組の染色体が、サツマイモの驚異的な回復力の鍵である。重要な遺伝子の複数コピーはバックアップとして機能し、旱魃や害虫、その他の環境ストレスに耐えるのを助けている。この特性は「倍数体バッファリング」として知られている。

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

国際チームがジャガイモの成長と防御のトレードオフを分析するモデルを開発

Potsdam 大学、Erlangen 大学、Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology、National Institute of Biology、Ljubljana の科学者らが、ジャガイモゲノム初の大規模代謝モデル「potato-GEM」を構築した。このモデルはジャガイモの代謝、特に防御物質生成に関わる二次代謝を包括的に捉えることができる。

ジャガイモは世界的に重要な作物だが、コロラドハムシ (Colorado potato beetle) などの害虫やウイルス感染により年間最大 80% の収穫損失が発生している。植物は成長を遅らせて防御機構に資源を振り向けることで脅威に対応する。逆に、成長を優先し防御を後回しにする植物は、害虫や病原体に対して脆弱になりがちである。これは「成長と防御のトレードオフ」として知られている。

研究チームは potato-GEM モデルを用いて、このトレードオフの背景にある分子プロセスを分析できた。ジャガイモが成長と防御をどのようにバランスさせているかを理解することで、育種家は気候変動や世界人口増加による食糧不足に対処するため、ストレス耐性・収量・品質を向上させた新品種を開発できるだろう。

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

AI でゲノム編集の精度向上を実現

University of Zurich (UZH)、ベルギーの Ghent University、ETH Zurich の科学者チームは、人工知能(AI)とゲノム編集技術を組み合わせた新たな[ゲノム編集](#)手法を開発し、DNA の精密な編集を実現した。Pythia と名付けられたこのツールは、より安全な[遺伝子](#)治療法の開発を加速させ、疾患モデル構築の精度向上に寄与する可能性がある。

Pythia は、[CRISPR-Cas9](#) などのゲノム編集ツールによって切断された後、細胞がどのように DNA を修復するかを予測するために AI を活用する。「我々のチームは分子接着剤のように機能し、細胞に精密な遺伝子変更を誘導する微小な DNA 修復テンプレートを開発した。」と、Ghent University の博士研究員で筆頭著者の Thomas Naert 氏は説明している。ヒト細胞培養で最初に試験されたこの手法は、その後カエルやマウスなどの動物モデルで検証され、脳細胞の DNA 編集に成功した。

研究により、DNA 修復は予測可能なパターンに従うことが判明し、AI がこれをモデル化・予測できることが示された。この手法により、望ましくない突然変異を減らし、編集の制御性を高められる可能性がある。「気象学者が AI で天気を予測するように、我々は細胞が遺伝子介入にどう反応するかを予測するために AI を活用している。」と、筆頭著者で UZH) および ETH Zurich の教授である Soeren Lienkamp は述べている。研究者らは、このアプローチが将来のより安全で効果的な遺伝子治療の強固な基盤を提供すると指摘している。

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

International Rice Research Institute (IRRI) の研究者が旱魃下で収量を向上させるイネ遺伝子変異体を特定した

食料安全保障における重大な進展として、国際稲研究所(IRRI)の研究者らとインドの共同研究チームは、[旱魃](#)時にイネの収量を大幅に増加させる[遺伝子](#)変異体を特定した。これらの遺伝子は、旱魃が壊滅的な収量損失を引き起こす危険な時期である生殖成長期において、植物の水分ストレス耐性を高める。

Journal of Experimental Botany に掲載された研究には、広く栽培されている品種 DRR Dhan 44 に導入した際に高い潜在能力を示す *OsIRO2* 遺伝子の変異体の発見が報告されている。研究チームは 450 以上のイネ系統を試験し、旱魃耐性を向上させる遺伝子変異体を特定した。研究チームは、優れたハプロタイプとして知られる独自の遺伝子変異を持つ新たなイネ系統を開発した。これらは複数の圃場試験において、元の親系統 (DRR Dhan 44) および供与親系統 (ADT 12) との比較試験が行われた。計 450 系統が様々な地域と生育期にわたって評価され、研究者らは旱魃耐性に重要な形質に関連する 67 の遺伝的連関を発見し、育種プログラムで優先的に取り組むべき 10 の主要遺伝子を特定した。

「この発見により、研究者は水不足に耐えながら高収量を維持する優れたイネ品種をより精密に開発できるようになった。農家にとっては、特に気候変動が深刻化する中で、収穫量の向上と耐性の強化を意味する。」と IRRI の科学者、Pallavi Sinha 博士は述べた。

「先進的な遺伝子解析ツールを活用し、インドのパートナー機関と緊密に連携することで、イネが旱魃を生き延びるのに寄与するゲノムの正確な部位を特定できました。」と、IRRI 南アジア地域育種責任者の Vikas Singh 博士が説明した。「これにより育種家は、農家の収穫を守る改良品種を開発するための明確かつ実践的な目標を得たのである。」

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

チリ、ゲノム編集による高繊維コムギを承認

チリ Agriculture and Livestock Service (SAG)は 2025 年 7 月 25 日、Neocrop Technologies 社が CRISPR ゲノム編集技術を遺伝子用いて開発した高繊維コムギ系統について、新たな遺伝物質の組み合わせが存在しないため遺伝子組換え生物 (GMO) とは見なされないとする決議を発表した。これにより、CRISPR 編集コムギ系統は GMO 向けに施行されている国内規制の対象外となる。

この高繊維コムギは、ゲノム編集技術、独自開発の遺伝子発見ソフトウェア、スピードブリーディングを組み合わせた Neotrait Engine[®]プラットフォームの成果である。育種に用いられた優良コムギ系統は、チリを代表する種子企業である Campex Baer と Buck Semillas から提供された。本プロジェクトは当初、National Agency for Research and Development (ANID)および Foundation for Agrarian Innovation (FIA)から資金提供を受けていた。

チリとアルゼンチンは、平均的な食物繊維摂取量が公式健康ガイドラインで推奨される量(1 日 25 グラム)の 50%未満という栄養上の課題に直面している。食物繊維含有量が 5~10 倍に増加したゲノム編集コムギを用いた栄養価向上型白粉の生産は、パンやその他の白小麦粉派生食品といった日常的な食品を通じて、食物繊維摂取量の不足解消に貢献する見込みである。

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

専門家がゲノム編集実験の自動化を実現する CRISPR-GPT を導入

Stanford University School of Medicine、Princeton University、University of California, Berkeley、及び Google DeepMind の研究者らは、[CRISPR](#) ベースの[ゲノム編集](#)実験を自動化・高度化する人工知能 (AI) システム「CRISPR-GPT」を開発した。研究成果は *Nature Biomedical Engineering* に掲載された。

CRISPR-GPT は、CRISPR システムの選択、実験計画、ガイド RNA の設計、導入方法の選択、プロトコルの作成、アッセイの設計、データ解析といったプロセスを効率化する。このツールは、大規模言語モデル (LLM) の推論能力を、専門知識、検索技術、外部ツールと組み合わせて活用する。また、CRISPR-GPT の誤用を防ぐ安全機能も統合されている。

初期の実証実験では、CRISPR-GPT がヒト肺腺癌細胞株において CRISPR-Cas12a を用いて 4 つの遺伝子をノックアウトすることに成功し、またヒト黒色腫細胞株において CRISPR-dCas9 を用いて 2 つの遺伝子を活性化することに成功した。研究者らは、CRISPR-GPT を AI によるゲノム編集の画期的な進展として位置付け、将来的な応用分野としてロボティクスや自動化実験プラットフォームを挙げている。

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

食糧

クチナシ茶 (GARDENIA TEA) の特有の香りを解説

Tea Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences(中国農業科学院茶業研究所) の Yanqin Yang 氏と Yongwen Jiang 氏の研究チームは、クチナシ香茶 (GET) の複雑な香りを調査した。GET は中国で人気の香り茶だが、その特定の香りのプロファイルはこれまで完全に解明されていなかった。

研究チームは高度な分析・統計手法を用い、クチナシ茶の独特な香りを構成する揮発性化合物を包括的に解明。202 種の揮発性成分と 24 種の主要芳香化合物を特定し、6 つの主要香気属性(フルーティー、グリーン、フローラル、焙煎、ウッディ、その他)を強調した詳細な香気輪を構築した。これにより、この数世紀にわたる歴史を持つ茶の感覚的本質を視覚的に表現した。GET に含まれる 202 種の揮発性化合物はエステル、アルケン、アルコールであり、エステルが最も豊富である。無香料のベース茶 (GE) と比較すると、GET はメチルチグレートや安息香酸メチルエステルなどの特定のエステル含有量が高い一方、ほとんどのアルケン、アルコール、ケトンの含有量は低い。

GC-O-MS 嗅覚分析により、リナロール、シス-ジャスモン、サリチル酸メチルなどの化合物が、GET の花と果実の香りの主要な要因として特定された。本研究で採用された多手法アプローチは、GET の香りの複雑性を定量化しただけでなく、科学的精度で香りのプロファイルを可視化し、香り付け茶における将来の品質管理と風味強化戦略の基盤を築いた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [American Association for the Advancement of Science \(AAAS\) website](#)

Pairwise 社が、カカオ研究開発向けに FULCRUM® CRISPR プラットフォームを MARS 社にライセンス供与

Mars 社は、カカオ研究向けに Pairwise 社のゲノム編集プラットフォーム「Fulcrum® [CRISPR ゲノム編集](#)」の使用に関するライセンス契約を締結した。SHARC™酵素を含むこの技術により、植物遺伝子の精密な編集が可能となり、新たな形質の開発が加速される。

Mars 社はこの先進的な植物育種技術を活用し、カカオ生産の改善と農業課題への効果的対応を図る計画である。最終目標は、カカオ植物が[気候変動](#)・病害・環境ストレスに耐性を高め、世界のカカオ供給網を強化することにある。同社植物科学部門責任者 Carl Jones 氏によれば、透明性と責任ある姿勢で研究を進める方針であるという。

Pairwise Fulcrum® platform は、ゲノム編集ツール、酵素、形質ライブラリを含み、植物が本来持つ潜在能力を引き出す精密な改変を可能にする。これにより、従来の育種手法と比較して、影響力のある作物形質の開発を大幅に加速できる。この協業は、革新的な植物育種が主要な農業課題に対処できることを示し、ゲノム編集技術がより多様性のある作物を創出する可能性を強調している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Pairwise News](#)

研究により LIBERICA コーヒーは 3 つの異なる種から成り、気候変動に強い選択肢があることが判明

世界のコーヒー供給は Arabica 種 (*Coffea arabica*) と Robusta 種 (*C. canephora*) の 2 種に依存している。気候変動、気温上昇、予測不能な気象パターンにより、農家がこれらのコーヒーを栽培することがますます困難になり、業界に重大な脅威をもたらしている。

気候変動が主要な 2 つのコーヒー種である Arabica 種と Robusta 種を脅かす中、研究者たちは代替品を探している。Nature Plants に掲載された Liberica コーヒー (*C. liberica*) に関する新たな遺伝子研究により、これは単一種ではなく 3 つの異なる種であることが明らかになった。各種は高温、早魃、異常気象に対する耐性を高める独自の特性を持っている。Liberica は既にウガンダ、南スーダン、インド、ベトナム、マレーシア、フィリピン、インドネシア、太平洋諸国などで栽培されているが、世界生産量の 1% 未満を占めるに過ぎない。

新研究によれば、*C. liberica*、*C. dewevrei*、そしてあまり知られていない *C. klainei* の 3 種はそれぞれ独自の気候耐性を有する。*C. dewevrei* は早魃耐性が強く、*C. liberica* は季節的な降雨と長い乾季がある地域に適している。これらの種、特に *C. liberica* と *C. dewevrei* は、Arabica 種や Robusta 種が生育困難な高温多湿気候下での栽培に大きな可能性を秘めている。適応性の確認

にはさらなる研究と現地試験が必要だが、この発見は将来のコーヒー供給を確保するための品種改良に有望な新たな道筋を示すものである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Global Coffee Report](#) 及び [Nature Plants](#)

ゲノム編集に関する特記事項

フィリピン、日本、中国におけるゲノム編集バナナの消費者受容度調査

University of Arkansas (UARK) の Alexandra Pittman 氏は、フィリピン、日本、中国におけるゲノム編集バナナの消費者受容度を把握するため、回答者の文化的信念、新食品への懸念、バナナの安全性に関する認識を考慮した調査を実施した。本研究の要旨は [Scholar Works at UARK](#) で閲覧可能。

バナナの傷みややすさは深刻な食品廃棄を招く。この問題がゲノム編集による褐変抑制バナナの開発につながった。アジア 3 カ国から計 1,309 名の消費者を対象に、消費意欲と表示に関する選好を調査した。

主な調査結果は次の通り：

- ・ 安全性が最重要。安全と認識した場合、消費意欲が大幅に高まる。この傾向は中国で特に顕著(オッズ比 267.4%増加)、次いで日本(171.2%増加)、フィリピン(95.1%増加)であった。
- ・ 新食品への恐怖はゲノム編集バナナの購入意欲を低下させる。新食品を試すことに不安を感じる場合、3 カ国全てでゲノム編集バナナの摂取意欲が低下した。
- ・ ゲノム編集バナナの消費には文化的要因が作用する。フィリピンでは文化的信念がバナナ摂取の意思決定に影響し、日本では消費者が好む表示の種類にも影響を与えた。
- ・ 環境メッセージは回答者によって異なる効果を示した。ゲノム編集バナナの環境的利点について説明すると、日本では摂取意欲が高まったが、中国では逆に意欲が低下した。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Scholar Works at UARK](#)

CRISPR 技術が紫米開発の鍵を解明

Yunnan Agricultural University の研究者らは共同研究チームと共に、栄養価の高い紫色・赤色の色素であるアントシアニンの生成をイネが制御する仕組みを解明した。学術誌 *Plant Science* に掲載された本研究は、R2R3-MYB 転写因子(TF)群に焦点を当て、このプロセスにおける主役として *OsMYB1* 遺伝子を特定した。

研究チームはまずイネゲノムから 105 個の R2R3-MYB TF を同定。それらの相互関係と構造を詳細に解析し、遺伝子発現データと組み合わせることで、*OsMYB1* が色素生合成遺伝子 *OsDFR* お

よび *OsANS* と結合し、その発現を抑制していることを発見した。CRISPR-Cas9 を用いて *OsMYB1* をノックアウトしたところ、紫イネの果皮および葉組織におけるアントシアニン生産量が増加した。

これらの知見から、*OsMYB1* はイネにおけるアントシアニン生産の主要な抑制因子であり、栄養強化や作物改良の取り組みにおける標的となり得ることが分かった。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Plant Science](#)

ゲノム編集技術がダイズ種子形質を制御する遺伝モジュールの同定に貢献

ダイズは人間の食料から工業製品まで幅広く利用される重要な世界的な作物である。ダイズの収量向上は世界の食料安全保障にとって極めて重要だが、主要な種子形質を制御する遺伝的メカニズムは未だ完全には解明されていない。

Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences の研究チームは、ダイズ発育における *miR172a* 遺伝子の役割を調査した。研究者らは、ダイズにおいてこの遺伝子を過剰発現させると、種子サイズと重量が著しく減少することを発見した。改変ダイズの 100 粒重量は対照群の 17.01 グラムから 6.02～9.23 グラムの範囲に低下した。タンパク質含有量は増加し、*miR172a* がダイズ種子表現型および脂肪酸・タンパク質蓄積の調節に重要な役割を果たしていることを示唆している。

研究チームは CRISPR-Cas9 ゲノム編集技術を用いて *ERF416* および *ERF413* 変異体を構築し、ダイズ種子表現型の変化を調査した。変異体は種子サイズが小さく百粒重も低かったが、株当たり収量が最大 31.8%増加するなど著しい収量向上を示した。これらの変異体は脂肪酸含有量、特にオレイン酸 (18:1) が増加したが、タンパク質は減少した。

ERF416 を過剰発現させると、種子が大型化し 100 粒重が最大 13%増加し、脂肪酸含有量、特にリノール酸 (18:2) が著しく減少した。本研究では、*ERF416* および *ERF413* が他の遺伝子を調節し、種子肥大を促進する遺伝子 *GmKIX8-1* を抑制するとともに、遺伝子 *GmSWEET10a* を活性化することが明らかになった。*miR172a*-*ERF416/413* モジュールがダイズの種子サイズと重量を調節し、異なる経路を通じて脂肪酸含有量を調節する可能性が示された。

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