



遺伝子組換え作物の最新動向 2020年7月



新型コロナウイルス(COVID-19)に関する最新情報

- ネアンデルタール人から受け継がれた COVID-19 リスクに関連する遺伝子
- 植物ベース技術による COVID-19 ワクチンのヒト試験が始まる
- COVID-19 スパイクタンパク質の構造解析でその進化を説明できる

ニュース

- スウェーデンで遺伝子組換え樹木の野外試験を完了
- リンの取込みを促進する植物の遺伝子
- GM と非 GM のトウモロコシの比較したところ、その組成成分、農業特性に違いがないことが分かった
- 米国のワタ 92%、トウモロコシ 90%の面積が遺伝子組換え(GE)種子を使用
- 遺伝子組換え(GE)作物の影響がハロー現象を生み出している
- ISAAA がゲノム編集に関する情報集を無料公開

研究のハイライト

- 天然抗高血圧薬を作る GM イネの開発
- ジャガイモの塊茎形成用の育種マーカーが同定された
- 遺伝子サイレンシングの微調整法が開発された

植物育種のイノベーション

- ゲノム編集によるイネの高収量化と香りの強化
 - ジャガイモの標的を絞ったゲノム編集に TALEN を使用
 - CRISPR ゲノム編集を利用して青酸化合物のないキャッサバを育種
 - CRISPR と TALENS を組み合わせてミトコンドリア DNA を編集
-

新型コロナウイルス(COVID-19)に関する最新情報

ネアンデルタール人から受け継がれた COVID-19 リスクに関連する遺伝子

Max Planck 進化人類学研究所と沖縄科学技術大学院大学の研究者が行った研究で、患者の [COVID-19](#) 症状を重度化させる [遺伝子](#)は、6 万年前のネアンデルタール人から受け継がれていることが示された。結果は [bioRxiv](#) で公開されている。

3 番染色体上の 6 つの遺伝子を含む [ゲノム](#) 部分は、不可解な進化を遂げ、現在、バングラデシュ人口の半分以上が少なくとも 1 つのコピーを持っているのが一般的である。南アジアでは、人口の約 3 分の 1 がこの断片を継承している。一方、アフリカなどの他の地域では、ほとんど完全に欠けている。

著者の 1 人である Hugo Zegeberg 氏によれば、どのような進化パターンが DNA 断片の分布を引き起こしたのかは明らかではない。ネアンデルタール人型は有害であり、希少になっていると考えられる。これで南アジアの人々の健康が改善され、この地域でのウイルスへの耐性を改善したと考えられる。

DNA 断片が、バングラデシュ系の人々がイギリスで COVID-19 感染で高い死亡率である理由の 1 つの可能性がある。

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

植物ベース技術による COVID-19 ワクチンのヒト試験が始まる

[Medicago](#) 社は、COVID-19 に対するワクチンを初めて志願者に投与したと発表した。結果は、この 10 月に発表される予定である。

ケベック市に本拠を置くこの会社は、植物を用いる技術を使用して、数週間で臨床グレードのワクチン候補を開発することができるとしている。彼らは、動物性製品や生ウイルスではなく、ウイルス様粒子 (VLP) を使用した製品を作成している。VLP はウイルスの形状を模倣して、人体がそれらを認識できるようにすることで、非感染性の方法で免疫応答を引き出せる。

第 1 相臨床試験は、180 人の健康な参加者による部分盲検研究である。組換えコロナウイルス様粒子 (CoVLP) ワクチン候補は、3 用量、即ち 3.75、7.5、および 15 マイクログラムで評価される。投与は、ワクチン候補単独で行うか、プライムブースト療法と同じくアジュバントとともに行うことになる。アジュバントは、免疫反応を高め、1 回の投与に必要な抗原の量を減らすため、パンデミックにある中で重要と見なされている。このよう

にするとより多くの人々にワクチンを与えられるので保護できる人数を最大化できるからである。

フェーズ 2/3 試験も 2020 年 10 月に開始される予定である。

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

COVID-19 スパイクタンパク質の構造解析でその進化を説明できる

Francis Crick Institute の研究者たちは、[SARS-CoV-2](#) スパイクタンパク質の構造と、その最も類似したコウモリコロナウイルスのスパイクタンパク質を比較した。スパイクタンパク質はウイルスの表面を覆い、ヒト細胞との結合やヒト細胞への侵入に利用されるものである。

低温電子顕微鏡を使用してスパイクタンパク質を高解像度で解明し、以前に報告された構造よりも詳細な情報を得た。次に、この構造を、SARS-CoV-2 と最も類似したスパイクを持つコウモリコロナウイルスのスパイクタンパク質 RaTG13 と比較した。スパイクは 97% 以上類似していたが、SARS-CoV-2 が ACE2 と呼ばれるヒト細胞の受容体と結合する場所と、スパイクのサブユニットをまとめて保持する表面で多く違いを発見した。これらの違いは、SARS-CoV-2 のスパイクがより安定しており、このコウモリウイルスよりも約 1000 倍強くヒト細胞に結合できることを示した。

この発見に基づいて、研究者らは、類似した RaTG13 をもつコウモリウイルスがヒト細胞に感染する可能性は低いとした。これらの結果は、[SARS-CoV-2](#) がさまざまなコロナウイルスと一緒に時間をかけて進化し、場合によっては複数の宿主種を介して進化したものであることを示している。

Francis Crick Institute の Structural Biology of Disease Processes Laboratory の共同執筆者およびポストドクフェローである Antoni Wrobel 氏は、次のように述べている。「このウイルスは進化の過程で、ここに発見されたような違いを取り込みヒトに感染出来るようになったと考えられる。」

詳しくは、以下のサイトにあるニュースをご覧ください。 [The Francis Crick Institute website](#)

ニュース

スウェーデンで遺伝子組換え樹木の野外試験を完了

2014年に植えた遺伝子組換えポプラ樹木について昆虫、真菌、霜、およびその他の非生物学的ストレス要因による損傷に対してどれだけうまく機能したかを評価した。この樹木は、バイオ燃料の生産のためのより高いエネルギー収量を持っているとされている。

このポプラは、ヨーロッパとアメリカのポプラの交配による雑種で知られている。Umeå Plant Science Centre の研究者がバイオ燃料生産を改善するために、この雑種ポプラを遺伝子組換えした。遺伝子組換え樹木は、細胞壁成分キシランのアセチル化を低下し、木材が酵素によって消化されやすくして、より多くの糖が放出されてバイオエタノールに変換する。従来のポプラは、広範囲にアセチル化されたキシランを含んでいるため、木材からバイオエタノールを生産するための処理が困難である。

GM ポプラは、Våxtorp で圃場試験を受け、GM 植物の取り扱いに関するスウェーデンおよびヨーロッパの規則に準拠しながら、636本の樹木が2014年に植えられ、4年間観察された。ここでバイオリファイナリー用広葉樹を育種し、キシランを標的とするアセチル化を低減することによる改善が可能であることを証明した。また、限定的な変更のある木が、害虫の被害を受けやすい樹木全体が変更されたものよりも性能が優れていることを観察した。また、細胞壁のアセチル化の低下は、従来のポプラと比較して、成長や害虫や病気への耐性に大きな違いを引き起こさなかったとも結論付けた。次の段階は、GM ポプラをより大規模で行い、また適切な品種を選別する必要があるとした。

詳細は、以下のサイトにあるニュースをご覧ください。[Umeå University](#).

リンの取込みを促進する植物の遺伝子

植物と菌根菌は独特のパートナーシップを持っている。植物は、菌根菌に根の間をすみかとして与え、一方、菌根菌は、植物に脂肪と砂糖を与えている。また、菌根菌は、菌糸を広範囲に糸状の拡げ、菌糸を利用して、土壌から重要な無機リンなどの植物に不可欠な土壌栄養素を吸収する。University of Copenhagen の植物環境科学科の研究者チームは、菌根菌と植物の共同作業を制御する特異な植物遺伝子 CLE53 遺伝子を発見した。

リンは植物の成長の重要な要素である。ただし、実際に作物が吸収できる量よりも多くのリンが施肥されると施用されたリンの30%のみが植物に入るが、70%が土壌に蓄積すると推定されている。雨が降ると、蓄積されたリンの一部が河川、湖、海に排出されることになる。

逆説的なことであるが、土壌中のリン濃度が高いと、植物が菌根菌と協力する可能性が低くなり、栄養素の吸収が悪くなることを観察した。実験を通じて、彼らはリンが不足している場合、植物は CLE53 遺伝子を生産しないことを発見した。しかし、植物中のリン濃度が高い場合、または植物がすでに菌根菌と共生関係があると CLE53 レベルが増加する。

詳しくは、以下のサイトの論文をご覧ください。 [University of Copenhagen website](#)

GM と非 GM のトウモロコシの比較したところ、その組成成分、農業特性に違いがないことが分かった

根切り虫 (rootworm) 抵抗性遺伝子組換え (GM) トウモロコシをその非 GM 対応品種および市販のトウモロコシと比較した。結果は、遺伝子組換えトウモロコシは非遺伝子組換えトウモロコシと実質的に同等であった。

GM トウモロコシ DP23211 は、根切り虫の制御やグルフォシネートに対する耐性などの特性を備えて開発された。2018 年に複数の場所での野外試験に向けて、米国とカナダの主要なトウモロコシ栽培地域を代表する 12 の異なる地域で栽培された。野外試験で収穫された穀物と飼料は、GM トウモロコシの非 GM 近縁対照種および非 GM 商業トウモロコシと標準的な農学的エンドポイントと組成分析物の比較評価を受けた。

結果は、農学的エンドポイントが対照トウモロコシと比較して統計的に有意差があったが、偽発見率 (false discovery rate、FDR) 法を使用したところ生物学的に関連性がないことを示された。組成分析物も統計的に有意差があったが、FDR 法を使用して調整した後、分析物の値は自然変動の範囲内に収まった。これは、GM トウモロコシ DP23211 の穀物と飼料の組成は、従来のトウモロコシと実質的に同等であると結論付けている。また、GM 作物の開発に関連する生物学的に関連する組成の変化は確認されていないという 25 年以上にわたる GM 作物栽培から得られた結果も支持している。

研究の全文は、以下のサイトをご覧ください。 [GM Crops and Food](#)

米国のワタ 92%、トウモロコシ 90%の面積が遺伝子組換え (GE) 種子を使用

[米国](#)は、1996 年に [遺伝子組換え](#) 作物を商品化し、世界で最も遺伝子組換え作物を栽培している国である。米国では、[多重\(スタック\)品種](#)の導入が近年加速している。2019 年に [ワタ](#)の栽培面積の約 89%と [トウモロコシ](#)のその 80%にスタック品種が栽培され

た。これは、米国農務省経済研究局 (USDA-ERS) が発表した「米国での遺伝子組換え作物の導入」によるものである。

強力な除草剤に耐える[除草剤耐性](#) (HT) 作物は、効果的な雑草防除のための幅広い選択肢を [農業者](#) に提供している。HT 作物は 1996 年以来米国で導入されている。HT [ダイズ](#) は 1997 年の 17% から 2001 年には 68% に上昇し、2014 年には 94% の最大値になった。HT ワタ栽培面積は 1997 年の約 10% から 2001 年には 56% に拡大し、2019 年には 95% になった。HT トウモロコシの導入率は、世紀の変わり目に増加して、現在、米国の国内トウモロコシ地域の約 90% で HT 種子が植えられている。

土壌細菌 *Bacillus thuringiensis* (Bt) からの遺伝子を含み、殺虫性タンパク質を生産する耐虫性品種は、1996 年以来トウモロコシとワタで利用可能である。Bt トウモロコシの栽培面積は、1997 年の 8% から 2000 年に 19% になり、2019 年には 83% に上った。Bt ワタの栽培面積も拡大し、1997 年の米国のワタ栽培面積は 1997 年の 15% から 2001 年の 37% に拡大した。現在、米国のワタの 92% は、[遺伝子組換え耐虫性種子](#) を使って栽培されている。

最近の遺伝子組換え (GE) 作物導入の動向は、以下のサイトをご覧ください。

[USDA-ERS website](#)

遺伝子組換え (GE) 作物の影響がハロー現象を生み出している

PG Economics の農業経済学者 Graham Brookes 氏は、ISAAA ウェビナーシリーズで最近講演を行った専門家である。彼は、講演で過去 23 年間の世界的な[遺伝子組換え \(GM\) 作物](#) の経済的および環境的影響に関する [PG Economics の最新に報告](#) に焦点を当てた。

「GM 作物技術は、農業の環境への足跡を削減し、持続可能な方法で世界の食料供給を確保することに重要な貢献を続けている。また、途上国の多くの小規模で資源の乏しい農家とその家族を貧困から救うのにも役立った。」と Brookes 氏は述べた。GM 作物を栽培した農家の総収入の増加は、2018 年に約 190 億ドルに達した。GM 作物の導入により、二酸化炭素排出量も 230 億 kg 削減された。これは、1,530 万台の自動車を道路から外したことに相当する。

Brookes 氏は特定の地域での GM 作物の作付けから始まる GM 作物の影響を強調し、その普及により、GM 作物を植えた農業者だけでなく、従来の対応作物を植えた農業者も助け、「ハロー効果」を引き起こしている。彼は、ハワイのウイルス耐性パパイヤの事例を例に挙げ、その広範囲にわたる導入により、島でのウイルスの影響が大幅に減少したと述べた。これにより、非 GM パパイヤ生産者も、ウイルスの地域全体でのウイルスの停

止の恩恵を受けて作物を栽培し続けることが可能になり、それによってハワイのパパイヤ産業救済に貢献した。

ウェビナーには、世界中の 1,936 人が Zoom に参加した。YouTubeFacebook ライブで同時に放映され、世界中で合計 3,372 人が視聴した。

[ISAAA](#) の YouTube チャンネルでウェビナー再放送をご覧ください。ニュースリリースは以下のサイトにあります。[Science Speaks](#)

ISAAA がゲノム編集に関する情報集を無料公開

ISAAA は、ゲノム編集の進歩と、食品および農業におけるその影響に目を配ってきている。査読付きジャーナルに基づく記事は、Crop Biotech Update で毎週発行され、[ゲノム編集情報集](#)としてまとめられている。このページには、技術に関する情報に基づいた論説を意思決定を促進することを目的として、情報を公開している。

ゲノム編集は、植物、動物、細菌などの生物の特性を改良できる新しい育種技術の 1 つである。ゲノム編集に使用される技術は、特定の場所でハサミのように DNA を切断し、次に切断が行われた DNA を削除、追加、または交換できる。ゲノム編集で最も使用されているテクノロジーは、クラスター化された規則的な間隔の短いパルンドローム反復 (CRISPR)-CRISPR 関連タンパク質 9 (Cas9)「[clustered regularly interspaced short palindromic repeats \(CRISPR\)-CRISPR-associated protein 9 \(Cas9\)](#)」、転写活性化因子様エフェクターヌクレアーゼ (TALEN)、ジンクフィンガーヌクレアーゼ (ZFN)、ホーミングエンドヌクレアーゼまたはメガヌクレアーゼである。

Crop Biotech Update に投稿したい方は、要旨を以下のサイトに送ってください。knowledge.center@isaaa.org

研究のハイライト

天然抗高血圧薬を作る GM イネの開発

副作用なしに高血圧を低下させることができる[遺伝子組換え\(GM\)イネ](#)の開発に成功した。

中国科学院の科学者たちは、9 つのアンジオテンシン変換酵素 (ACE) 阻害ペプチドと、これに結合した血液弛緩ペプチドで構成される[遺伝子](#)を導入することにより、さまざまな遺伝子組換えイネを開発した。ACE 阻害剤は高血圧の治療に使用される合成的に製

造された薬剤だが、皮膚の発疹から腎臓の障害に至るまで、さまざまな副作用があることが知られている。一方、GM イネに導入された ACE 阻害ペプチドは天然由来であり、副作用が少ないことが知られている。天然の食物由来の ACE 阻害ペプチドの例は、牛乳、卵、魚、肉、植物である。

研究者は、[GM イネ](#)に高レベルのペプチドが存在することを確認できたので種子からペプチドを抽出し、高血圧ラットに胃内投与した。ラットは、わずか 2 時間後に収縮期血圧が大幅に低下することが観察された。さらに、GM 米粉を 5 週間与えたラットは一貫した改善が見られ、治療を停止してから 1 週間もその効果が残っていた。処理されたラットには成長、分化、または血液化学に対する影響はなかったと述べた。ペプチドが人間に同じ効果をもたらすならば、天然降圧剤の代替となり得ると結論付けた。

以下の雑誌で投稿内容をご覧ください。 [ACS' Journal of Agriculture and Food Chemistry](#) また、レポートは以下のサイトをご覧ください。 [Science Daily](#)

ジャガイモの塊茎形成用の育種マーカーが同定された

James Hutton Institute の研究者たちは、塊茎の成長の開始を指令するジャガイモゲノム内の特定のタンパク質を特定することができた。この発見は、世界の食料安全保障にとって極めて重要であると考えられているジャガイモの生産性を高めるための新しい戦略を提供することになる。

ジャガイモにおいてその成熟度は非常に重要であり、それは、塊茎化の早期化により決定される。これに関する研究をすすめるために、ジャガイモの塊茎形成における StCEN と呼ばれる TERMINAL FLOWER-1 / CENTRORADIALIS 遺伝子ファミリーの役割を検討した。その減少が塊茎形成を加速する一方で、その過剰発現が塊茎形成の遅延と塊茎収量の減少を引き起こすことを発見した。さらに、特定の塊茎化シグナル StSP6A は、結核活性化複合体の活性化標的であることがわかった。StCEN は、ストロン内の StSP6A に直接拮抗することにより、塊茎形成を抑制する。

研究者たちは、StCEN が塊茎の発生と収量を改善するための繁殖マーカーとして役立つと結論付けた。これは、ジャガイモ育種家が[気象変動](#)に耐えることができる品種や早生で回復力のあるジャガイモ品種を開発するのに役立つと言える。

研究の詳しい内容は、以下のサイトをご覧ください。 [The Plant Journal](#) また、ニュースリリースは、以下のサイトをご覧ください。 [James Hutton Institute](#)

遺伝子サイレンシングの微調整法が開発された

スペインの Consejo Superior de Investigaciones Científicas–Universitat Politècnica de València の研究者は、植物の遺伝子によって誘発されるサイレンシングの程度を微調整するためのトランス作用性の低分子干渉 RNA (syn-tasiRNA) に基づく 2 つの技術を開発した。結果は、*Nucleic Acids Research* に公開されている。

[RNA 干渉 \(RNAi\)](#) は、植物で遺伝子をサイレンシングし、遺伝子機能を研究したり、作物を改良したりするためによく使用される。しかし誘導されるサイレンシングの程度を微調整する方法はなかった。そこで Lucio López-Dolz 氏とそのチームは、植物における RNAi の微調整機能を有効に使うために人工低分子 RNA (sRNA) に基づく 2 つの手法を考え出した。

最初の方法は、syn-tasiRNA が発現する前駆体位置の変更によるものである。この手法を使用して、syn-tasiRNA がトリガー-miR173 標的位置からより遠位の位置で発現されると、シロイヌナズナの TAS1c ベースの syn-tasiRNA の蓄積と有効性が徐々に低下することが示されました。2 番目の方法は、syn-tasiRNA の 3' 末端と標的 RNA の 5' 末端の間の塩基対合の長さを微調整することである。

どちらの方法も、シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) とタバコ (*Nicotiana benthamiana*) でうまく応用できた。

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

植物育種のイノベーション

ゲノム編集によるイネの高収量化と香りの強化

Guangxi University と South China Agricultural University の研究者たちは、高収量で香りの高いイネ変異体の開発に成功した。これは、[Plants](#) 誌で報告誌されているようにゲノム編集ツールの CRISPR-Cas9 を使用して実現した。

穀物の収量と品質を高める両方の形質を変化させる機構は拮抗的であるため通常困難であるが、育種者と消費者にとってはどちらの改善も不可欠である。以前の研究では、[イネ](#)の器官の成長を制御するチトクローム P450 ファミリーに関連するいくつかの [遺伝子](#) を特定したが、穀物収量の調節におけるそれらの機能は不明であった。そこで研究チームは CRISPR-Cas9 を使用して、3 つのチトクローム P450 ホモログ (Os03g0603100、Os03g0568400、および GL3.2) と OsBADH2 を同時に編集した。イネ変異体は、RNA シーケンスとプロテオーム解析を使用して確認した。

その結果は、高い突然変異効率が達成されたこと、および発生した突然変異は、ほとんどが標的外突然変異のない欠失であったことを示しました。他の農学的形質に影響を与えることなく、粒子サイズと芳香化合物の増加が達成された。

研究成果については、以下のサイトでご覧下さい。 [Plants](#)

ジャガイモの標的を絞ったゲノム編集に TALEN を使用

大阪大学とその共同研究者は、[CRISPR-Cas9](#) や TALEN を使用したジャガイモの標的ゲノム編集を報告した。結果は、*Plant Biotechnology* 誌ジャーナルに掲載されている。

CRISPR-Cas9 や TALEN などの位置特異的なヌクレアーゼを使用したゲノム編集は、作物育種に非常に役立つ。この研究では、研究者たちはステロール側鎖レダクターゼ 2 (SSR2) 遺伝子を標的とする TALEN 発現ベクターを保有する *Agrobacterium tumefaciens* をジャガイモに感染し、選択せずに芽を再生した。これにより、SSR2 遺伝子が破壊され、TALEN 遺伝子の導入遺伝子がない再生系統が得られ、一過性の遺伝子発現を示した。

結果に基づいて、アグロバクテリウム変異誘発は、ヘテロ接合性植物ゲノム改変するためのゲノム編集技術としての使用できることが示された。

研究論文は以下のサイトでご覧下さい。 [Plant Biotechnology](#)

CRISPR ゲノム編集を利用して青酸化合物のないキャッサバを育種

キャッサバは多くの名前と呼ばれ、世界で最も重要な根菜の 1 つである。この根菜のデンプンは、タピオカティー (boba tea) の歯ごたえのある真珠、タピオカプディングの塊 (blobs) 製造に使用され、さまざまなグルテンフリー製品に含まれている。Innovative Genomics Institute (IGI) のキャッサバ [ゲノム編集](#) プロジェクトの主任研究員である Jessica Lyons 氏は、カロリー源として世界中のおよそ 10 億人がキャッサバに依存しており、その 40% がアフリカ人である。しかしキャッサバには本質的問題：青酸化合物があり、IGI チームは、[CRISPR](#) ゲノム編集技術を使用して青酸化合物を含まないキャッサバ開発に取り組んでいる。

青酸を含まないキャッサバを開発するため、IGI の研究者は Danforth Plant Science Center と共同で CRISPR ゲノム編集を使用して青酸化合物の生成を止めることを試み

ている。キャッサバにおける青酸化合物の生合成経路はすでに十分に解明されているのでこれが、ゲノム編集のロードマップとなっている。さらに、他の研究者たちは、[RNA 干渉](#) (RNAi)を使用してこの経路を妨害し、青酸化合物レベルを明らかに低下させることが可能であることを示した。

「ゲノム編集は RNAi よりも優れている。完全なノックダウンを提供し、ゲノムに安定性と遺伝性の両方の変化をもたらす」と Lyons 氏は述べている。理論的には、従来の育種技術でも青酸化合物を除去することができるはずであるが、栽培化後 7000 年以上のこれまでにまだできていない。キャッサバは茎の挿し木から育てられるので親植物のクローンが出来ることになるので、望ましくない特性を引き継ぐという課題がある。Lyons 氏は、「CRISPR は従来の育種よりもはるかに速く、正確である」と付け加えている。

詳しくは以下のサイトで御覧下さい。 [news release from IGI](#)

CRISPR と TALENS を組み合わせてミトコンドリア DNA を編集

大学間共同研究チームは、2 つの新しい育種技術である [CRISPR](#) と TALEN を組み合わせることにより、生細胞内のミトコンドリア DNA を正確に編集する方法を開発した。

科学者たちは、チアミンをコードする DNA 中のシトシン塩基を変える細菌の毒素を発見した。これによってミトコンドリアゲノムの突然変異を起こせることを発見した。その毒性を打ち消す編集機能を提供し、ミトコンドリア膜を通過できるプロテインガイド TALEN とペアリングすることでさらにその変更作用を強化できた。これにより、ミトコンドリア DNA が正確に編集された。

CRISPR ベースの編集と古い TALEN 手法の機能を組み合わせた新たに発見されたアプローチは、これから科学者がミトコンドリア疾患の治療に使用できるツールになる可能性を開いたことになる。

詳細は、以下のサイトをご覧ください。 [Nature](#) と [BioNews](#)
