



遺伝子組換え技術の最新動向
2023年10月



植物

- ニンジン^①をオレンジ色にする遺伝子が明らかになった
- トウガラシの遺伝コードから栽培種化と多様性に関する知見が得られる
- 米国における遺伝子組換え作物導入の最新動向を経済調査局 ERS が発表
- 中国の農家が害虫や洪水に強い巨大イネを収穫
- 単一の酵素がダイズ油生産を促進することを発見
- イネ科植物は遺伝子組換え作物と同じ方法で近傍の他の植物から遺伝子を受け継ぐ
- ケニアの環境裁判所、遺伝子組換え作物の輸入と栽培を争う裁判を棄却
- 国際稲研究所 (IRRI) の科学者が低・超低グリセミック米の遺伝子を発見
- 中国科学院 (Chinese Academy of Sciences) の科学者がイネのグルホシネート耐性遺伝子をクローニング
- 遺伝子組換えランが水効率に優れた光合成を示す

動物

- 鳥インフルエンザの蔓延を抑えるゲノム編集ニワトリを開発 FOOD

食品

- ゲノム編集果物・野菜の最新情報と可能性を専門家が発表

健康

- より小型で効率的な CRISPR ベースのツール

ゲノム編集に関する特記事項

- ゲノム編集によりコムギの変色と不快な風味を低減
- CRISPR イネが塩ストレスに強い耐性を示した
- CRISPR がトマトの突然変異の理解に貢献
- より安全なゲノム編集設計のためのソフトウェアツールを開発

植物

ニンジンをおレンジ色にする遺伝子が明らかになった

600 種類以上のニンジンの [遺伝子コード](#)を調査した結果、ニンジンにおレンジ色を与えるには 3 つの特定の [遺伝子](#)が必要であることが明らかになった。驚くべきことに、この 3 つの遺伝子はすべて劣性遺伝子であるか、あるいはオフにする必要がある。

North Carolina State University (NC State) と University of Wisconsin-Madison の研究者たちは、おレンジ色のニンジンの歴史と栽培種化の継続的な調査において、630 種類のニンジン [ゲノム](#)の配列決定に取り組んだ。彼らの 2016 年の研究で、最初のニンジンゲノムを作成し、黄色ニンジン色素形成に関与する遺伝子を発見した。今回の研究では、5 つの異なるニンジングループ間で選択的スイープと呼ばれる構造解析を行い、特定のグループで強く選択されているゲノム領域を発見した。その結果、開花に関わる多くの遺伝子が選択されていることがわかった。開花すると、私たちが食用とする根が木質化して食べられなくなる。

研究では、ニンジンが 9 世紀か 10 世紀に西アジアと中央アジアで栽培種化された証拠を発見した。ヨーロッパに紫色と黄色の両方が持ち込まれた。しかし、黄色いニンジンの方がより人気があったが、それは味覚によるものと考えられる。North Carolina State University、Plants for Human Health 研究所の園芸科学准教授で、*Nature Plants* 誌に掲載された研究論文の共同執筆者である Massimo Iorizzo 氏は、おレンジ色のニンジンは 15~16 世紀頃に西ヨーロッパに出現し、白ニンジンと黄ニンジンの交配から生まれた可能性があると言った。

おレンジ色のニンジンは、その色と甘い風味から農家に人気が出た。16 世紀から 17 世紀にかけて、北ヨーロッパでさまざまな種類のおレンジ色のニンジンが開発された。その後、19 世紀後半から 20 世紀初頭にかけて、食事のビタミン A の前駆体である α -および β -カロテンについての理解が進むにつれ、おレンジ色のニンジンの人気が高まっていった。「カロテノイドは、ニンジンから最初に単離されたので、その名がついたのである。」と Iorizzo 氏は言っている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [NC State News](#)

トウガラシの遺伝コードから栽培種化と多様性に関する知見が得られる

Boyce Thompson Institute (BTI) の Fei 研究室の科学者を含む国際チームが、主要な栽培種と野生種のトウガラシの [ゲノム](#)の塩基配列を決定し、トウガラシの進化、栽培種化、遺伝的多様性に関するこれまでにない洞察を提供した。

トウガラシ (*Capsicum*) 属は、一般にコショウまたはパプリカと呼ばれ、約 35 種を含むナス科に属する。研究チームは、2 つの主要な栽培種が異なる方法で選択交配され、果実の大きさ、形、辛さなどの形質に影響を及ぼしていることを発見した。また、いくつかの種は他の種から遺伝形質を借りており、害虫や環境ストレスに対抗するのに役立っていることもわかった。

研究チームは、3 種のトウガラシについて高品質なゲノムを構築し、これらのゲノムを基礎として包括的なグラフ・パンゲノムを構築した。そして、栽培種化された 5 種とその野生近縁種を網羅する 500 種のトウガラシ

のゲノムを再シーケンシングした。これらの膨大なデータを用いて、詳細な変異マップを作成し、これらの種間の遺伝的差異を分析した。

本研究の主執筆者の一人である Zhangjun Fei 教授は、「今回の発見は、トウガラシの栽培種化がこれまで考えられていたよりも複雑であることを示唆している。」と語った。また、特定されたユニークなゲノム領域は、特定の環境条件に合わせたトウガラシ品種や、果実の品質が向上した品種を開発する上で重要な意味を持つ可能性があるとして付け加えた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [BTI News](#)

米国における遺伝子組換え作物導入の最新動向を経済調査局 ERS が発表

米国農務省 (USDA) の経済調査局 (Economic Research Service、ERS) は、[米国](#)における遺伝子組換え (GE) 作物の導入に関する最新動向を発表した。米国で GE 作物の商業栽培が始まったのは 1996 年。その後、GE 種子の採用率は急速に増加した。GE 作物のほとんどは、[除草剤耐性 \(HT\)](#)、[害虫抵抗性 \(Bt\)](#)、または [スタック](#) (Bt と HT の組み合わせ) に分類される。他の GE 形質も導入されているが、HT 形質と Bt 形質が米国の生産者に最も人気がある。

2023 年のトレンドのキーポイントは以下の通りである：

- 米国のトウモロコシ、ワタ、ダイズの 90% 以上が GE 品種である。
- GE 品種の作付面積の大部分はトウモロコシ、ワタ、ダイズである。
- HT ダイズの作付面積は 2023 年には 95%、HT ワタは 94%、HT トウモロコシは 91% である。
- Bt トウモロコシの作付面積は 2023 年に 85%、Bt ワタは 89% に達した。
- ワタの作付面積の約 86%、トウモロコシの作付面積の 82% がスタックである。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [USDA ERS](#)

中国の農家が害虫や洪水に強い巨大イネを収穫

中国科学院 (Institute of Subtropical Agriculture) が開発した遺伝子組換え巨大 [イネ](#) の 2 回目の収穫が、[中国](#) の試験農場で終了した。この遺伝子組換えイネは、収量が増加したほか、病虫害や洪水に対する耐性も向上した。

高収量品種は従来の 2 倍の高さがある。試験に参加した地元農家の一人によると、収量は 1 ヘクタールあたり 12.6 トンに達したという。試験は Sanzhou county, Guizhou 省で行われた。今年報告された収量は、国家統計局が記録した 2022 年の中国米の平均収量 (1 ヘクタール当たり 7.1 トン) の約 1.8 倍であった。

この躍進は、気候危機、サプライチェーンの混乱、地政学的緊張といった複数の課題に直面しながらも、食糧生産を優先させるという中国指導者の呼びかけに沿ったものだ。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [SCMP](#)

単一の酵素がダイズ油生産を促進することを発見

ダイズは、タンパク質と油の強力な供給源であるため、世界の食糧および飼料供給に不可欠である。ダイズの改良は、農業生産性と世界経済にとって、広範囲に及ぶ意味を持つ。

Donald Danforth Plant Science Center (Danforth Center)と USDA Agricultural Research Service の研究者が行った新たな研究により、ダイズ油の生産強化においてリンゴ酸酵素が果たす重要な役割が明らかになった。リンゴ酸酵素は、細胞が成長し適切に機能するために必要な細胞内の一連の化学反応である炭素代謝の中心的役割を果たす。リンゴ酸酵素は、中心代謝における2つの重要な代謝産物ノードの間の導管を提供し、油の生産を促進する炭素配分に影響を与えることができる。研究者らは、リンゴ酸酵素の活性を高めることで、ダイズの種子油のレベルが上昇し、豆の脂肪酸プロファイルが変化することを発見した。これらの知見は、持続可能なグリーン燃料や石油代替燃料の開発に重要な意味を持つ可能性がある。

リンゴ酸酵素の炭素分配と中枢代謝における役割に関する今回の研究は、このステップを変えることで脂質が増加することを植物で初めて証明したものである。研究チームは、リンゴ酸酵素を改変したダイズ系統と、油脂生産を高めるよう操作された他の系統を交配させるなど、ダイズの油脂生産強化の道をさらに開く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。

<https://www.isaaa.org/kc/cropbiotechupdate/article/default.asp?ID=20468>

イネ科植物は遺伝子組換え作物と同じ方法で近傍の他の植物から遺伝子を受け継ぐ

[遺伝子組換え](#) (GM) 作物が作られるのと同じ方法で、イネ科植物が近傍の他の植物から[遺伝子](#)を受け継いでいる可能性があることが、新しい研究で明らかになった。この研究は、イネ科植物が、隣への遺伝子移動(水平遺伝子移動)とも呼ばれるプロセスを通じて、野生で遺伝子を頻繁に交換していることを初めて明らかにしたものである。

この進化の近道によって、イネ科植物はより早く、より大きく、より背が高く、より強く成長し、より早く新しい環境に適応することができる。イネ科植物は地球植物の30%を占め、世界の食料の大部分を生産している。研究チームは、熱帯イネ科植物 *Alloteropsis semialata* の複数の[ゲノム](#)を解読した。この研究では、ゲノム中の遺伝子の進化の歴史を辿り、外来起源を持つ遺伝子を特定した。その結果、このイネ科植物は進化の歴史を通じて継続的に遺伝子を獲得しており、およそ35,000年ごとに外来遺伝子が組み込まれていることが判明した。

遺伝子の水平移転や[遺伝子組換え作物](#)も、外来遺伝子が相手のゲノムに挿入されるという点では同じである。現在では、遺伝子組換え作物が作られるのと同じ方法で、このような遺伝子の移動が起こる可能性が高いと考えられている。

University of Sheffield の研究員でこの研究の上席著者である Luke Dunning 博士は以下の様に述べている。「遺伝子組換え作物を作るには多くの方法があり、人為的な介入を必要とするものとそうでないものがある。人為的な介入を最小限に抑えた方法の中には、自然に発生するものもあり、我々が野生のイネ科植物

で観察したような移入を促進するものもある」。また、近い将来に検証する予定である彼らの現在の作業仮説は、野生のイネ科植物で記録されている遺伝子移動は、これらと同じ方法が原因であるということである。「このことは、近い将来、論争の的となっている遺伝子組換えが、より自然なプロセスとして認識される可能性があることを意味する。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[University of Sheffield News](#) 及び [The Conversation](#). 研究結果は、以下のサイトをご覧ください。[New Phytologist](#)

ケニアの環境裁判所、遺伝子組換え作物の輸入と栽培を争う裁判を棄却

2023年10月12日、ケニアの環境裁判所は、[遺伝子組換え](#) (GM) 作物の輸入と栽培を争う裁判を棄却し、政府は国内での使用を規制する適切な措置を講じているとの判決を下した。この判決により、ケニアの農民たちは、国の食糧不安を食い止め、農業を通じて彼らの生活を向上させるために、承認された気候変動に強い [Bt トウモロコシ](#) の種子と病気に強いキャッサバの栽培に一步近づいたことになり、画期的な勝利を収めた。

「本裁判所は、被告と名指しされた機関が遺伝子組換え食品に関する法律、規制、ガイドライン、特に Bt トウモロコシの環境への放出、栽培、輸入、輸出の承認に違反したことを示すいかなる証拠も示していない。」と、事実上の判決を下した Oscar Angote 判事は述べた。

さらに裁判所は、National Biosafety Authority (NBA) は、消費者の健康を保護し、食品貿易における公正な慣行を促進するために、国際食品規約コーデックスから採用された関連ガイドラインに従っていると述べた。ケニアは、遺伝子組換え生物に由来する食品の [安全評価](#) に関する NBA のガイドラインにおいて、コーデックスに準拠していることを認めた。

Angote 判事は、国家機関には法に従う責任があるとし、ケニアに国家機関を信頼するよう呼びかけた。Angote 判事は、バイオセーフティ法に規定されているように、すべてのバイオセーフティ規制機関が緊密に協力することの重要性を強調した。「これらすべての機関があれば、私たちの健康と環境は大丈夫だと確信できるはずである。これらすべての機関が共同して、国民を本訴訟で言及されているような災難にさらすということはありません。」と裁判所は述べた。

2023年1月16日、ケニア法律協会 (LSK) は、政府が2022年10月に下した [遺伝子組換え作物](#) の栽培と輸入の10年間の禁止解除命令に異議を申し立てる訴訟を起こした。この裁判では、GM作物の安全性や、禁止解除前の市民参加の有無など、いくつかの問題が提起された。

NBAによると、ケニアでは58のGMプロジェクトが承認されており、40が実験室または温室での封じ込め使用、15が限定圃場試験、3が環境放出または商業栽培となっている。ケニアで商業栽培が承認された作物には、2020年1月に商業化された [Bt ワタ](#) と、2022年10月に NBA によって承認され、現在、国家品種リリース委員会 (National Variety Release Committee、NVRC) への提出を待っている Bt トウモロコシがある。

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

国際稲研究所 (IRRI) の科学者が低・超低グリセミック米の遺伝子を発見

国際稲研究所 (International Rice Research Institute、IRRI) の科学者が、[イネ](#)の低・超低糖化指数 (グリセミック、GI) の原因 [遺伝子](#) を特定した。この発見により、[従来育種](#) 方法によって、一般的なイネ品種を精白米用の低・超低 GI 米に転換することが可能になり、収量を損なうことなく高品質の穀物を維持することができる。

IRRI が Samba Mahsuri×IR36ae から開発した超低 GI イネサンプルの最初のバッチは、2023 年 10 月 16 日にフィリピンのマニラで開催された第 6 回国際コメ会議の開会式で、フィリピンの Ferdinand Marcos, Jr. 大統領に正式に贈呈された。

IRRI は、すでにフィリピンで発売されている 2 つの低 GI フィリピンイネ品種 IRRI 147 と IRRI 125 を [耐塩性](#) 品種として同定している。コホート研究におけるヒトボランティアの臨床的検証によると、IRRI 147 の GI 値は 55、IRRI 125 の GI 値は 51.1 であった。

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

中国科学院 (CHINESE ACADEMY OF SCIENCES) の科学者がイネのグルホシネート耐性遺伝子をクローニング

Hefei Institutes of Physical Science (HFIPS) の Wu Yuejin 教授が率いる中国科学院 (CHINESE ACADEMY OF SCIENCES、CAS) の研究者らは、イネの [グルホシネート](#) 耐性を担う新規 [遺伝子](#) をクローニングし、その機能特性を詳細に解析した。

研究者らは、[イネ](#) の種子に重イオン照射を行い、その後グルホシネートに対する抵抗性をスクリーニングした。その結果、*glr1* と *glr2* という 2 つのイネが耐性を示した。*glr1* 変異体はグルホシネートに対して顕著な抵抗性を示した。研究チームは、地図に基づくクローニングと機能解析により、*GLR1* 遺伝子がオーキシン応答因子の ARF ファミリーに属する ARF18 をコードしていることを明らかにした。

さらに研究チームは、*GLR1*/ARF18 が、*OsGS1*、*OsCYP51G3*、*OsCATA* などの下流 [遺伝子](#) のプロモーターに直接結合し、これらの遺伝子の発現を抑制することも発見した。野生型では、グルホシネート処理によって *GLR1* 遺伝子が活性化され、その結果、アンモニアと活性酸素種 (ROS) のクリアランスに関連する下流遺伝子の発現が抑制された。*GLR1* 遺伝子に変異があると、関連遺伝子の発現を抑制する能力が損なわれる。この場合、これらの遺伝子によってコードされるタンパク質は活性を維持し、蓄積したアンモニアと活性酸素の効率的なクリアランスを促進し、植物の損傷と枯死を防ぐことがわかった。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [CAS Newsroom](#)

遺伝子組換えランが水効率に優れた光合成を示す

台湾の Yuanpei University of Medical Technology の研究者らが、光合成効率と炭水化物の蓄積を改善する遺伝子組換えラン (*Phalaenopsis*) を開発した。この成果は *Transgenic Research* 誌に掲載された。

胡蝶蘭 (*Phalaenopsis orchids*) は、二酸化炭素同化に糖代謝 (crassulacean acid metabolism、CAM) を利用している。他のモデルと比較して、CAM 植物は水利用効率に優れるが、光合成効率は遅い。この研究では、トランスジェニック胡蝶蘭に植物フェレドキシン様タンパク質 (*pflp*) 遺伝子を過剰発現させると、光合成効率が向上することが示された。PFLP は、植物が太陽光をエネルギーに変換する電子伝達鎖に関連するタンパク質である。CAM 植物で PFLP を過剰発現させると、電子輸送速度と二酸化炭素同化率が向上した。また、過剰発現により、CAM 植物の炭水化物レベルが上昇し、同時に水の使用量も減少した。

この発見は、光合成時の水利用効率がより優れた新品種の開発につながる可能性がある。

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

動物

鳥インフルエンザの蔓延を抑えるゲノム編集ニワトリを開発

University of Edinburgh, Imperial College London, そして the Pirbright Institute の科学者たちが、ゲノム編集技術を用いて、ニワトリの DNA の一部を特定し、改変した。

ゲノム編集技術を用いて、科学者チームはニワトリを繁殖させ、インフルエンザウイルスが増殖するために乗っ取る ANP32A というタンパク質を生成する DNA の一部を改変した。ANP32A 遺伝子を改変したニワトリを、一般に鳥インフルエンザとして知られる鳥インフルエンザ・ウイルス H9N2-UDL 株の標準用量に暴露したところ、10羽中9羽が感染せず、他のニワトリへの感染も見られなかった。

さらに回復力を試すため、科学者たちはゲノム編集した鳥を人工的に高用量の鳥インフルエンザ・ウイルスにさらした。その結果、10羽中5羽が感染した。しかし、感染したゲノム編集ニワトリのウイルス量は、ゲノム編集をしていないニワトリの感染時に通常見られるレベルよりもはるかに少なかったため、ゲノム編集はある程度の防御に役立った。[ゲノム編集](#)はまた、同じ孵卵器に入れられた4羽の非ゲノム編集ニワトリのうち1羽だけにウイルスの拡散を抑えるのに役立った。ゲノム編集した鶏への感染は見られなかった。この発見は期待が持てる結果であるが、専門家は、世界で最も費用のかかる動物の病気のひとつである鳥インフルエンザに感染しない鶏の集団を作り出すためには、さらなるゲノム編集が必要である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。 [University of Edinburgh News](#)

食品

ゲノム編集果物・野菜の最新情報と可能性を専門家が発表

China Agricultural University の研究者は、[ゲノム編集](#)された果物や野菜の開発と将来性に関する総説を *Food Quality and Safety* 誌に発表した。

ゲノム編集技術は、[CRISPR](#)、[TALENs](#)、や ZFN などのツールを提供し、植物や動物のゲノムを正確に変化させて形質を改善することを可能にできる。これらのツールの応用は、収量の増加、栄養価の向上、ストレス耐性の強化につながる。この記事には、ゲノム編集された果物や野菜とその技術のリストが掲載されている。

[TALENs](#) は転写活性化因子様エフェクター・ヌクレアーゼの略で、ZFN よりも正確に特定の遺伝子を標的とするように設計することができ、ゲノムの他の部分に意図しない変化を与えるリスクを減らすことができる。この技術により、トランス脂肪酸を含まず飽和脂肪酸の少ないダイズ油、アルファルファベと病抵抗性コムギの改良、褐変しないジャガイモなどが開発された。著者らは、ゲノム編集食品が広く採用されるには、いくつかの課題に対処しなければならないことを強調した。即ち、安全性の研究、国際的な規制の違い、一般大衆の認識と受容などである。

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

健康

より小型で効率的な CRISPR ベースのツール

日本の研究者らは、同等の効果を持ちながらサイズが小さい、新しい [TALENs](#) ベースのツール *AsCas12f* を開発した。*AsCas12f* は、キャリアウイルスを介して生きた細胞内に輸送することができ、より効率的である。

AsCas12a と *SpCas9* はヒト細胞のゲノム編集に広く使われている。しかし、サイズが大きいため、アデノ随伴ウイルス (AAV) ベクターを使って導入するのは難しい。この問題に対処するため、研究者らは、深い変異スキャンと構造情報に基づく設計を組み合わせ、*enAsCas12f* の 2 つの変異体を作製した。

enAsCas12f 変異体は、ヒト細胞において *AsCas12a* や *SpCas9* に匹敵するゲノム編集能力を示した。*enAsCas12f* とパートナー遺伝子を AAV ベクターに組み込んだものは、マウスにおいて効率的なノックインおよびノックアウト活性と転写活性化を示した。*enAsCas12f* 変異体は、患者に対する *in vivo* 遺伝子治療に使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。 [Cell](#)

ゲノム編集に関する特記事項

ゲノム編集によりコムギの変色と不快な風味を低減

Colorado State University と Rothamsted Research の研究者らは、コムギ (*Triticum aestivum* L.) の複数の [遺伝子](#) を 1 つのシングルガイド RNA (sgRNA) で編集し、コムギ粒子中のポリフェノールオキシダーゼ (PPO) 活性を低下させることに成功した。

PPO 活性はコムギの生物ストレス抵抗性に寄与する。しかし、PPO 活性は収穫後のコムギの変色や不快な風味のような好ましくない形質をも引き起こす。コムギ粉、パン生地、その他の最終用途製品の変色は、コムギの市場価値を低下させる。そこで研究者らは、[CRISPR-Cas9](#) を用いてコムギの PPO1 および PPO2 遺伝子を 7 つすべて編集した。

この研究は、品種開発の後期段階において、PPO 活性が著しく低下することを示している。この研究結果は、作物を改良するための、より費用対効果の高いアプローチを加速させるものである。さらに、本研究は、PPO 活性を低下させ、市場価値を高めたコムギの品種を開発する機会を示している。

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

crispr イネが塩ストレスに強い耐性を示した

中国 Nanchang University の研究グループが、[塩耐性](#) に関与する [イネ](#) 遺伝子 *OsNF-YC5* を発見した。研究成果は *Gene* に掲載された。

イネは多くの国の主食作物だが、塩ストレスに弱い。研究チームは CRISPR-Cas9 を用いて、イネの *OsNF-YC5* 遺伝子を破壊した。その結果、野生型よりも塩ストレスに強い変異株が得られた。この変異株はまた、植物ホルモンであるアブシジン酸 (ABA) に対する感受性も向上していた。ABA は、塩耐性など植物のさまざまなストレス応答に関与している。

研究者らによると、*OsNF-YC5* 遺伝子を破壊すると、CAT 酵素の活性が高まり、塩ストレス応答に関与する ABA 依存性および ABA 非依存性遺伝子の発現が微調整されることで、イネの塩類耐性が向上するという。この発見は、農家が塩類土壌でより多くの食糧を生産できるよう、新しい耐塩性イネ品種の開発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。 [Gene](#)

CRISPR がトマトの突然変異の理解に貢献

Cold Spring Harbor Laboratory (CSHL) の科学者たちは、自然変異と [CRISPR](#) 変異を用いた植物育種が実際にどの程度予測可能なのかを探るために協力した。そのために、彼らは進化の時計を巻き戻した。

CSHL の教授であり HHMI の研究者である Zachary Lippman 氏と David McCandlish 准教授は、異なる自然変異と人工変異が、他の 2 つの [遺伝子](#) 変異の存在によって、トマトの大きさに同様の影響を与えるかどうかを考えた。CRISPR を用いて、彼らは SICLV3 遺伝子に一連の変異を導入した。SICLV3 遺伝子の自然

変異は果実のサイズを大きくすることが知られている。そして、これらの変異を SICLV3 と協働する遺伝子の他の変異と組み合わせた。

その結果、変異の組み合わせが異なる 46 種類のトマト系統を作ることができた。SICLV3 の突然変異は、他の特定の突然変異が存在する場合に、より予測可能な効果をもたらすことがわかった。ある遺伝子の変異はトマトの大きさに予測可能な変化をもたらしたが、別の遺伝子の変異はランダムな結果をもたらした。驚くべきことに、最も有益な効果は、数千年前に発生し、トマトの栽培種化の中心となった 2 つの突然変異が関与していた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [CSHL website](#)

より安全なゲノム編集設計のためのソフトウェアツールを開発

DANGER (Deleterious and ANticipatable Guides Evaluated by RNA-sequencing) 解析と呼ばれるソフトウェアツールが開発された。このツールは、農作物を含むトランスクリプトームを持つすべての生物に対して、より安全なゲノム編集デザインを確立する方法を提供するものである。

DANGER 解析は、[CRISPR](#) などの他の [ゲノム編集](#) ツールを使用する際の課題を克服し、研究者が参照ゲノムなしでより安全なオンターゲットおよびオフターゲット評価を行うことを可能にする。医療、農業、生物学研究への応用が期待される。

DANGER 解析パイプラインは、RNA シーケンスデータを用いた *de novo* トランスクリプトームアセンブリに基づいて、ゲノムのオンターゲット部位とオフターゲット部位を同定する。*de-novo* トランスクリプトームアセンブリでは、参照ゲノムの助けを借りずにトランスクリプトームがアセンブリされる。次に、DANGER 解析により、有害なオフターゲットが同定される。最後に、このソフトウェアは、遺伝子のオントロジーを用いて、表現型リスクを定量化する。研究チームは今後、研究を発展させ、DANGER 解析を患者や農作物のさまざまなゲノム編集サンプルに用いて、表現型の影響を明らかにし、ゲノム編集のより安全な戦略を確立したいと考えている。

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