



遺伝子組換え技術の最新動向 2023年2月



植物

- ソルガムの炭疽病に対する遺伝子を発見
- ダイズの汎 3D ゲノムを構築
- モデル植物のゲノム解読で植物研究のスピードアップを図る
- オーストラリア、遺伝子組換えキクの輸入・流通を許可
- 植物の微小進化の歴史が抗がん剤開発のカギを握る
- 気候変動に強いイチゴを温暖な地域で実現するために、ゲノミクスが貢献

動物

- ティラピアの完全なゲノム解析が、世界の食糧安全保障に弾みをつける

食品

- タイがGM食品に関する規制を更新
- 植物由来の代替食肉の可能性と影響に関する研究
- 農業団体が米国バイオテクノロジー枠組みへの提案を行った

健康

- Covid-19 mRNA ブースターワクチンの日本での製造販売承認申請について

ゲノム編集に関する特記事項

- CRISPR-CAS9 を介したアプローチでイネの光合成を改善
- 新しい人工知能モデルにより、スピーディーなゲノム編集を実現
- 欧州初のゲノム編集コムギの圃場試験成功
- CRISPR-CAS9 を用いた Badh2 のゲノム編集によるイネの香りの改善

植物

ソルガムの炭疽病に対する遺伝子を発見

米国農務省農業研究局(USDA ARS)とPurdue University の科学者は、収量を最大 50% 減少させる可能性のある病気(炭疽病)に対するソルガムの防御を強化するのに役立つ可能性のある遺伝子をソルガムで発見した。この発見により、殺菌剤に頼らない耐病性ソルガムの品種開発につながる可能性がある。

ソルガムは食用作物のほか、家畜の飼料やバイオエネルギーの原料としても利用されている。しかし、炭疽病は感受性の高いソルガム品種のあらゆる部分を攻撃する

ため、遺伝子に基づく耐病性が最も効果的かつ持続可能な防除方法である。インディアナ州 West Lafayette にある ARS の作物生産・害虫制御研究ユニットの分子生物学者、Matthew Helm 氏によると、ソルガムでこの抵抗性が実際にどのように働くかはほとんど分かっておらず、この知識のギャップは、異なるタイプの炭疽病菌の間で遺伝的多様性があり、時間とともに品種の耐性遺伝子を克服する可能性があるという点で憂慮すべきものである。また、炭疽病抵抗性は温度に依存することがあり、作物は高温で感染しやすくなる可能性がある。

Helm 氏と Demeke Mewa 氏率いる Purdue University の科学者チームは、このギャップを埋めようと動き始めた。彼らは「ANTHRACNOSE RESISTANCE GENE 2」(ARG2)と呼ばれる病害抵抗性遺伝子を同定し、炭疽病の初期感染に対する一連の防御反応を組織化して、植物の残りの部分や穀物の頭部への感染を防いでいる。ARG2を持つソルガムは、温室の温度が 38°Cまで上昇しても、菌に抵抗することに成功した。研究チームはまた、ARG2 が耐性ソルガム細胞の細胞膜にあるタンパク質をコードしており、炭疽病菌が植物に感染する際に用いる特定のタンパク質によって引き起こされる侵入者警報のような役割を果たすことも突き止めた。ARG2 はすべての種類の炭疽病からソルガムを守るわけではないが、他の類似遺伝子と組み合わせることで、従来 の育種法またはバイオテクノロジーによる育種法での防御の幅を広げができる可能性があるという。

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

ダイズの汎 3D ゲノムを構築

中国科学院(CAS)遺伝発生生物学研究所の TIAN Zhixi 教授率いる研究グループは、ダイズの汎 3D ゲノムを構築し、ダイズゲノム、3D ゲノム、遺伝子発現の内部関係を明らかにした。

*Genome Biology*誌に掲載されたこの研究は、以前の研究で de novo アセンブルされた 27 種のダイズ生殖関連物質に対してハイスクレーブットのクロマチンコンフォメーションキャプチャー実験を行い、高品質の 3D ゲノムデータを取得したものである。

また、研究チームは、野生ダイズ、ランドレース、栽培品種における 3D ゲノムの選択過程を家畜化および品種改良の過程で探索し、3D ゲノムの選択は主に家畜化時に起こったことを明らかにした。この選択により、遺伝子制御が再構築され、ダイズ遺伝子の発現が変化した。

詳しくは以下のサイトの論文をご覧ください。[CAS Newsroom](#)

モデル植物のゲノム解読で植物研究のスピードアップを図る

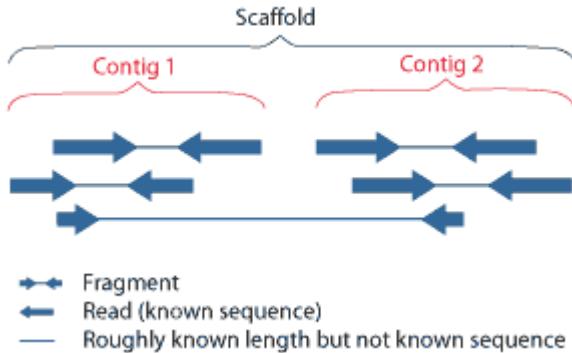
Nicotiana benthamiana(通称 benth または benthi)は、植物科学において最も広く用いられている実験モデルの一つである。その複雑なゲノムがほぼ完全に解明されたことで、より効果的な実験方法の迅速な開発とともに、植物科学研究の飛躍的な発展が期待されている。*N. benthamiana*は、異なる科の植物との接ぎ木ができる珍しい植物として知られている。しかし、この植物がどのようにして接ぎ木をすることができるのか、研究者たちはよく分かっていなかった。しかもこの植物の染色体は雑種に由来することが分かっているが、そのゲノム構造から、遺伝子間の状態や遺伝子発現制御領域の配列情報などに疑問を感じていた。

名古屋大学の研究者らは、最新の技術を用いて、1,668 個のスキャフォールド*をジグソーパズルのようにつなぎ合わせ、*N. benthamiana*全ゲノムの 95.6%の配列を決定することに成功した。このうち 21 本は染色体全体と同じ大きさであった。このことから、この植物には交雑した植物種のゲノム配列が複雑に混在しており、それらが互いにリンクして区別がつかないことがわかった。また、交雑の起源が古くからあることも示された。*N. benthamiana*は、父方の *Sylvestres*と母方の *Tomentosae*が交配してできた植物である。交配は約 1000 万年前に起こり、その後、進化を続けてきた。*N. benthamiana*とその親戚の *N. tabacum*は、おそらく 300 万年から 700 万年前に迂回したと思われる。

今回の研究により、*N. benthamiana*の遺伝子の発現制御領域の配列、染色体上の連鎖、遺伝子の数など、これまで研究者に不足していた情報を提供することができた。これらの新しいデータにより、研究者がモデル植物を研究対象として扱いやすくなり、ゲノム編集技術の植物への応用が容易になると期待される。

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

*スキャフォールドとは、全ゲノムショットガンクローンの末端配列から再構成されたゲノム配列の一部分。スキャフォールドはコンティグとギャップから構成されている。コンティグとは、塩基の順番が高い信頼度で分かっている連續した長さのゲノム配列のことである。ギャップは、少なくとも 1 つのフラグメントの両端のリードが、2 つの異なるコンティグ内の他のリードと重なった場合に発生する(配列のコンティグが隣接していることと矛盾しない限り)。断片の長さは大体わかっているので、コンティグ間の塩基数を推定することができる。



オーストラリア、遺伝子組換えキクの輸入・流通を許可

オーストラリアの遺伝子技術規制機関(OGTR)は、International Flower Developments Pty. Ltd.にライセンス DIR191 を発行し、花色を変えるために遺伝子操作されたキクの商業的な輸入と流通を許可するライセンス DIR 191 を発行しました。

遺伝子組換えキクの切り花はオーストラリア全土で販売することが許可されているが、国内で栽培されることはなく、商業的な人間の食物や動物飼料に使用されることはない。この許可決定は、一般市民、州・準州政府、地方議会、オーストラリア政府機関、環境大臣、遺伝子技術諮問委員会との協議を含む全国の利害関係者からの情報とともに、OGTR がリスク評価およびリスク管理計画(RARMP)を実施したものである。

RARMP は、この商業的放出が人と環境に与えるリスクはごくわずかであると結論づけている。確定した RARMP とその概要、ライセンス、およびこの決定に関する Q&A は、[OGTR website](#) の [DIR 191 ページ](#)からオンラインで入手できる。

植物の微小進化の歴史が抗がん剤開発のカギを握る

国際的な研究者の共同研究により、スカルキヤップ植物のゲノム配列が決定された。その結果、さまざまがん細胞に対して作用することが知られている scutellarin A と呼ばれる化合物を、植物がどのように生産しているかが明らかになった。

スカルキヤップ(*Scutellaria barbata*)は、中国では banzhilian としてより一般的に知られている植物である。中国伝統医学(TCM)では、さまざまな病状の治療に使用されている。中国伝統医学者は、この植物を 2 時間煮沸し、その抽出物を乾燥させて、薬効成分の分離した粉末を製造する。その粉末を煎じ薬として患者さんに飲んでいただくのである。以前の臨床研究では、化学療法中にスカルキヤップ植物をベースにした製剤が、患者の転移性腫瘍のリスクを低減することが示された。

John Innes Centre と中国科学アカデミーの研究者たちは、英國王立協会からの支援を受けて、この植物のゲノム配列をつなぎ合わせることができた。彼らは、一次代謝産物が癌細胞に対して活性を持つが、癌細胞とは活性を持たないことを発見した。これは、薬に含まれる抗癌剤の代謝物にとって不可欠なものである。研究チームは、今回の発見により、酵母を使って抗がん化合物を大量に合成するための持続可能で迅速な方法の開発につながる可能性があるとしている。

植物由来の伝統的な医薬品が、現代の研究者が新薬発見の糸口を見つけるのに役立っていることは、過去のデータからも明らかである。中国伝統医学から得られる抗がん剤は、化学合成薬よりも効果が高く、毒性副作用が少ない。

詳しくは以下のサイトの論文をご覧ください。[Molecular Plant](#) 及び [SciTechDaily](#)

気候変動に強いイチゴを温暖な地域で実現するために、ゲノミクスが貢献

シンガポールのある企業がこのほど、世界初の気候変動に強いイチゴを発売した。その目的は、イチゴの生産に伴う環境への影響を軽減しながら、消費者がより購入しやすい価格にすることである。

[ゲノミクス](#)に基づく科学は、食品産業、特に旱魃や病気に強い栄養豊富な植物品種の開発で人気を博している。先進的なゲノミクスは、季節や気温の壁を破ることで、熱帯地方でのイチゴの大規模生産を助けると期待されている。これは生産者にとってはチャンスであり、消費者にとってはコスト削減につながる可能性がある。

イチゴは従来、温暖な気候の地域で栽培され、東南アジアなどの熱帯地域に輸出されてきた。輸出することでコストがかさみ、消費者にとっては高価な果物となり、また大きな二酸化炭素排出量も残る。しかし、Singrow 社はゲノム解析により、気温の変化に耐え、高収量の品質を示す持続可能なイチゴの商業品種を開発した。

開発者によると、ゲノムを使った技術は従来育種よりも生産性が高いとのことである。この技術は、コメ、トウモロコシなどの他の主食作物や、気候変動がもたらす問題に直面している特定の野菜にも利用できる。現在、開発した作物の種類を増やしていくところである。

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

動物

ティラピアの完全なゲノム解析が、世界の食糧安全保障に弾みをつける

Earlham Institute 研究所、Roslin Institute、WorldFish の共同研究により、遺伝的に改良されたティラピアの完全かつ高品質なゲノム地図初めて作成された。この基本的な知見は、より大きく、早く成長し、温暖化する地球の環境問題に対する回復力を向上させた系統の開発を目指す養魚業者にとって有益なものとなるでしょう。

WorldFish が主導する Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT) プログラムは、完全なゲノム地図を持たない選択的育種によって、今日見られるエリートティラピア系統の一つを生み出し、世界中に流通させている。ゲノム選抜による改良型 GIFT 株の開発を加速するため、Earlham 研究所と Roslin Institutes の研究者は、WorldFish から提供された組織からほぼ完全で高品質のゲノム地図を作成することに取り組んだ。その後、Earlham 研究所の Swarbreck グループが開発した最先端の手法により、ゲノムの意味付けが行われた。

その結果、GIFT 株はもともとナイルティラピアの商業株と野生株、および他種との交配を組み合わせて開発されたものであることが判明した。研究チームは、近縁種の *Oreochromis mossambicus* (モザンビークティラピア) や *O. aureus* のゲノムを用いて、過去にどの程度、種間で遺伝物質が受け渡されたかを明らかにし、GIFT ゲノムの特定領域を特定することに成功した。GIFT ゲノムの中には、免疫や成長速度に関連する遺伝子など、1100 万塩基以上のモサンビカスのゲノム物質が含まれていることが判明した。この発見は、今後の育種計画に役立つと期待される。

詳しくは以下のサイトのニュースリリースをご覧ください。[Earlham Institute](#)

食品

タイがGM食品に関する規制を更新

タイは遺伝子組換え生物 (GMO) に関する規制を更新した。米国農務省海外農業サービスGAINレポートによると、公衆衛生省(MOPH)通達第431 B.E. 2565(2022)号(遺伝子組換え生物由来の食品)および大臣通達第432号(GM食品の表示)が2022年12月4日に発効された。これらの規制の更新や施行状況は、タイ食品医薬品局ホームページにも掲載されている。

MOPH大臣告示第431号および第432号は、遺伝子組換え食品を3つのグループに分類している。

- グループ1: 植物、動物、微生物で、現代のバイオテクノロジーにより、遺伝物質を編集、トリミング、修正、改変、または新しい遺伝物質を組み込んで食品として消費されるもの。
- グループ2: グループ1を食品原料として使用した食品、またはグループ1から製造された食品
- グループ3: グループ1から製造され、食品成分、食品添加物、または栄養分とし

て使用されるもの。

告示第432号では、検出可能なGMOとバイオテクノロジーによって生じた組換えタンパク質を含むGM原料が総重量の5%以上含まれる包装食品には、GMOを含む旨を表示することが義務付けられている。また、意図的な遺伝子組換え植物や動物が5%未満である包装食品にもラベル付けが必要である。

タイの最新GMO規制の詳細は以下のサイトをご覧下さい。[GAIN Report](#)

植物由来の代替食肉の可能性と影響に関する研究

イタリアとオランダの研究者が、植物由来の代替食肉(PBMA)製品の生産と消費に関する機会、課題、研究のギャップを明らかにした。その考え方は、従来の食生活から持続可能な植物由来の食生活への移行を支援するために、さまざまな利害関係者が協力する道を開く可能性がある。

過去数年にわたり、PBMAが開発され、世界的に市場に投入してきた。PBMAは、食肉の消費量を減らし、人と動物の健康を改善しながら、食品システムが環境に与える有害な影響を緩和するための手段として、近年注目を集めている。PBMAは、食肉消費を減らすという最初のアプローチにつながる消費者の障壁を取り除くなどの機会を提供する。また、PBMAを開発することで、革新的な技術や新規成分の創造と活用を最大化し、非ベジタリアンの消費者を惹きつけることができる官能特性を持つ製品を作ることができる。

しかし、多くのPBMAは成分・配合が非常に複雑な製品であり、技術的な投資が必要であることも指摘されている。PBMAの開発で最も言及される課題の1つは、食品の形状を維持しながら、形が崩れる危険性が高いことに対処することである。また、PBMAは食肉の感覚を模倣するために、なじみのない成分を多く含んでいるため、栄養価が実際の食肉と大きく異なるという問題もある。そのため、PBMAは動物性食品の栄養的な代替品とはなりえない。また、PBMAのラベル表示についても、国によってはまだ議論中であり、課題となっている。

今後の展望として、研究者らは、消費者の感覚的な魅力が第2世代のPBMAの障壁となるかどうか、またどのように障壁となるかを調査することを推奨している。また、市場に出回る新しい植物性食肉製品の品質モニタリングや、その代替が人間の健康に与える影響に関するさらなる研究も提案された。

消費者との関係については、動物性食品と植物性食品の違いに関する知識と意識を向上させるための適切な栄養教育プログラムが重要であるとされた。また、ヴィーガン表示が消費者のおいしさや健康に対する認識、植物性ミートボールの購入意欲にマイナスの影響を与えたという過去の経験から、表示に関する議論の結果は、消費者の嗜好に影響を与える可能性が高いと考えられる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。[Nutrients](#)

農業団体が米国バイオテクノロジー枠組みへの提案を行った

穀物および油糧種子団体は、科学技術ホワイトハウス(OSTP)にコメントを送り、国内での**バイオテクノロジー製品**の開発および商業化における米国政府機関の透明性の向上、コミュニケーションの改善、およびより広い説明責任の遂行を求めた。

この団体は、2017年に最終更新された「バイオテクノロジー規制のための調整された枠組み」に改正を提言した。彼らは農業におけるバイオテクノロジーの応用を支持することを確認し、透明性と、バイオテクノロジー製品の承認の時間枠を予測することを難しくしている機関の管轄の曖昧さについて懸念を示した。また、農業マーケティングサービス、外国農業サービス、米国通商代表部など、規制プロセスに関与する追加的な機関も提案した。

まとめて意見を提出したのは、北米製粉業者協会、米国冷凍食品協会、トウモロコシ精製業者協会、ショートニング・食用油協会、全米穀物・飼料協会、全米食料品業者協会、全米油糧加工業者協会、北米輸出穀物である。

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

健康

Covid-19 mRNA ブースターワクチンの日本での製造販売承認申請について

mRNA ワクチン DS-5670 が、製造販売元である第一三共により、日本の規制当局に販売申請された。このワクチンは、**COVID-19** 対策として開発されたもので、ブースターワクチンとして使用することが提案されている。

今回の申請は、DS-5670 の mRNA ワクチンを 2 回接種した健康な成人および高齢者 5,000 人が参加した 1/2/3 相試験段階が成功裏に終了したことを受け行われたものだ。また、第一三共は、販売承認取得に向けて、利用可能な非臨床、臨床、品質データについて、医薬品医療機器総合機構と常に協議を続けてきた。

DS-5670 は、新型コロナウイルスのスパイクタンパク質の受容体結合ドメインに対する抗体を産生するように設計された新規核酸デリバリー技術を使用して開発された。COVID-19 に対する防御効果が期待される。その特長は、ワクチンの品質に影響を与えることなく、2~8°C の間で保存が可能のことだ。

また、DS-5670 は、オミクロンやその他の新型ウイルスと考えられるものに対する開発についても、さらなる研究が予定されている。これは、感染症の発生や再流行に備え、国内に十分なワクチンを供給するための取り組みの一環である。

DS-5670 についての詳細は以下のプレスリリースをご覧下さい。[Daiichi Sankyo](#)

ゲノム編集に関する特記事項

CRISPR-CAS9 を介したアプローチでイネの光合成を改善

Frontiers in Plant Science によると、[イネ](#) の光捕集に関わる 2 つの遺伝子を編集することで、光合成が改善される可能性があることが報告された。農務省農業研究局 (USDA ARS)、University of California at Berkeley、Utah State University、Texas A&M University の専門家がこの研究を実施した。

植物は光と競合するために、葉にクロロフィルを過剰に生産する。このため、光の吸収率が高く、群集の中で他の植物に打ち勝つための有効な手法となる。しかし、下葉への太陽光の伝達を妨げ、密集した農作物のキャノピーでは光合成が制限される。

研究グループは、[CRISPR-Cas9](#) を用いて、アンテナ集合体構成遺伝子 CpSRP43、CpSRP54a、およびそのパラログ (類似遺伝子) である CpSRP54b を個別にノックアウト変異させ、集光アンテナ (TLA) が切断されたイネを作出した。研究グループは、成長速度、光合成の量子収率、クロロフィル密度など、さまざまなパラメータをもとに、当該構成要素が光合成に与える影響を解析した。

その結果、調査したいずれかの遺伝子に変異が生じると、クロロフィル量と光吸收量が減少し、光合成の量子収率が向上することがわかった。この知見は、高葉面積指數作物単収の改善につながる知見を提供するものである。

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

新しい人工知能モデルにより、スピーディーなゲノム編集を実現

NYU Grossman School of Medicine と University of Toronto の研究チームは、[遺伝子](#) をオン・オフして病気を治療するためのカスタマイズ可能な亜鉛フィンガーを作り出すことができる人工知能 (AI) プログラムを設計した。

囊胞性線維症、Tay-Sachs 病、鎌状赤血球症などの病気は、すべてのヒト細胞の動作命令をコード化する DNA 文字の順番に誤りがあることが原因となっている。これらのエラーは、科学者がゲノム編集法を用いて文字を並べ替えることで修正すること

ができる。その他にも、糖尿病、癌、神経障害など、エピジェネティクスに起因する疾患もある。研究者が探求している技術のひとつに、遺伝子を変化させ制御する亜鉛フィンガー編集がある。亜鉛フィンガーは人体に多く存在し、はさみのような酵素につかまって、コードから欠陥のあるセグメントを切り出すように指示することで、DNA修復を誘導することができる。研究者らは、亜鉛フィンガーの人工的な設計は、特定のタスクのために行うには困難であることを発見した。そのわけは、このタンパク質は複雑なグループでDNAに付着するため、研究者は無数の可能な組み合わせの中から、遺伝子を変化させるためにどのような亜鉛フィンガーが隣のグループと相互作用するかを見分ける必要があるからだ。

ZFDesignと呼ばれるこの新しい技術は、AIを使ってこれらの相互作用をモデル化し設計することで、この障害を克服している。ZFDesignは、研究者らの研究室で行われた500億近い亜鉛フィンガーとDNAの相互作用の可能性のスクリーニングによって得られたデータに基づいている。この研究の主執筆者で、NYU Langone Healthの元大学院生であるDavid Ichikawa博士は、彼らのプログラムは、あらゆる修正に適した亜鉛フィンガーのグループ分けを特定できるため、この種の遺伝子編集をこれまで以上に高速に行えると述べている。また、Ichikawa博士は、亜鉛フィンガー編集は、バクテリアのタンパク質に依存するCRISPRに代わる、より安全な方法である可能性があると指摘している。

詳しくは以下のサイトのプレスリリースをご覧ください。[NYU Langone Health NewsHub](#)

欧州初のゲノム編集コムギの圃場試験成功

Rothamsted研究所は、英国におけるゲノム編集コムギの圃場試験完了を報告した。これにより、アスパラギン濃度の低いコムギを農家や消費者に提供することに一步近づいた。

今回の試験で、ゲノム編集コムギのアスパラギンレベルは、対照品種であるCadenzaと比較して50%低いことが確認された。コムギ粒に含まれるアスパラギンは、加熱調理すると発がん性物質のアクリルアミドに変化する可能性がある。ゲノム編集コムギから作られたコムギ粉は、アクリルアミドレベルを最大45%減少させることができた。この圃場試験データは、以前に実施された試験で得られた結果を裏付けるものである。

アクリルアミドレベルの管理は、食品加工業者にとって大きな関心事であり、生産ラインの変更や製品の品質低下といったコストをかけずに、食品中のアクリルアミドに関する規制を遵守することが求められている。アスパラギンを含まないコムギ粉があれば、消費者の食事からのアクリルアミド摂取量に大きな影響を与えられる。また、ゲノム編集コムギは、「遺伝子技術(精密育種)法案」が国会で可決されれば、より早く農家の手に渡るだろうと研究者は期待している。

圃場試験の詳細は以下のサイトをご覧ください。[Rothamsted Research](#)

CRISPR-CAS9 を用いた Badh2 のゲノム編集によるイネの香りの改善

イネの育種において最も重要な特性の 1 つは香りである。2-アセチル-1-ピロリン(2-AP)と呼ばれる香りの鍵となる化合物は、香り米に含まれる 200 以上の物質のうちの 1 つに過ぎない。他の植物にもこのような香りを出す物質があり、BETAINE ALDEHYDE DEHYDROGENASE 2 (BADH2) の濃度が低いことが分っている。

South China Agricultural University と University of Western Ontario の専門家は、[CRISPR-Cas9](#) を用いた BADH2 遺伝子操作に関する最近の研究をレビューした。イネの BADH2 を操作することで、2-AP の生産量を増やすことができることが判明したが、その適用方法にはまだ多くの制約が残っている。CRISPR-Cas9 を用いた BADH2 のゲノム編集について得られた知見をもとに、BADH2 を効果的にターゲットとし、イネの香りをより良くするための今後のアプローチの可能性が提案された。

この研究の概要は、以下のサイトをご覧ください。[Physiologia Plantarum](#)
