



遺伝子組換え技術の最新動向
2025年7月



植物

- 韓国の研究者が CRISPR の精度向上を目的としたウェブツールを発表
- ゲノム編集イネがイモチ病耐性とリグニン含有量の向上を示した
- BRIC-National Institute of Plant Genome Researchがリン酸吸収と穀物収量が向上したゲノム編集イネを開発
- Massachusetts Institute of Technology (MIT) の化学者が光合成におけるルビスコの効率を向上
- オオムギの最も近い野生近縁種のパンゲノムを解明
- トウモロコシの DNA が重要な作物特性の秘密を解明
- 葉緑体制御とストレス応答に関与するイネのタンパク質を特定
- U.S. Department of Agriculture's Animal and Plant Health Inspection Service (APHIS) が遺伝子組換え技術により改変または生産された生物の非規制ステータス判定に関する手続きの更新を発表
- Genetic Engineering Appraisal Committee (GEAC) がトウモロコシ、ワタ、ヒヨコマメの限定的野外試験の実施を承認
- 専門家が遺伝子組換え作物 (GM 作物) のリスク評価に関するグローバルモデルを提案
- オーストラリアの研究者がオーツ麦の油生産の生物学的トリガーを特定

食糧

- 台湾の研究者が遺伝子組換え生物 (GMO) に関する一般の意見を調査
- CLEMSON UNIVERSITY 研究チームがピーナッツの熱ストレス耐性を高める遺伝子を発見
- 認められた価値と社会的影響がスペインにおける遺伝子組換え食品 (GMF) の受け入れを促進

健康

- University of California (UC), Santa Cruz が CRISPR の精度向上を目指すソフトウェアプログラムを発表
- Korea Advanced Institute of Science and Technology (KAIST) の研究者が微生物を改変し、ルテインの生産量を増加

環境

- U.S. Department of Agriculture (USDA) が遺伝子組換えアメリカ栗の木に関する規制審査を完了
-

植物

韓国の研究者が CRISPR の精度向上を目的としたウェブツールを発表

韓国 Pusan National University の Jeongbin Park 教授をリーダーとする研究チームは、[CRISPR ゲノム編集](#)の精度を向上させる新たなウェブベースのツール「Variant-aware Cas-OFFinder」を開発した。ヒト[ゲノム](#)と唐辛子の栽培種を用いて開発されたこのウェブツールは、個々の遺伝的変異を組込むことで、オフターゲット部位の予測精度を向上させる。その研究成果は“*Nucleic Acids Research*”に発表された。

研究チームは、フェーズ化された単一サンプル VCF ファイルを受け入れ、ハプロタイプレベル解析を行うツールを開発し、潜在的なオフターゲット効果に関するより詳細で正確な情報を提供する。“私の見解では、ゲノム編集ツールは、標的とするゲノムと同様に個別化されるべきだ。”と Park 教授は述べた。ヒトと甘唐辛子 (*Capsicum annuum*) のゲノムを用いて、システムのテストと分析が行われた。

結果、ウェブベースのツールは、小さな遺伝的変異による独自のオフターゲット効果を特定できた。システムはヒトの染色体 10 上のオフターゲット部位を明らかにした一方、甘唐辛子の品種改良に役立つアレル特異的標的を特定した。“私たちは、Variant-aware Cas-OFFinder がより安全で効果的な CRISPR 療法と農業応用開発の中核的な役割を果たすと信じている。”と Park 教授は述べた。Variant-aware Cas-OFFinder はログイン不要のプラットフォームで、コード、ベンチマークツール、データセットは GitHub と Zenodo で利用可能である。

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

ゲノム編集イネがイモチ病耐性とリグニン含有量の向上を示した

“*New Phytologist*” に発表された研究では、イネの遺伝子 *OsPUB41* がイモチ病耐性に重要な役割を果たすことが報告された。研究チームは CRISPR-Cas9 ゲノム編集システムを用いてノックアウト変異体を生成し、遺伝子工学による過剰発現実験を実施した。これらの結果は、農学的特性に悪影響を及ぼさずにイモチ病耐性を持つイネの開発に役立つ知見を提供している。

植物 U-box (PUB) タンパク質は、植物の成長、発達、および生物的・非生物的ストレスへの応答における重要な役割が認識されている。しかし、PUB タンパク質がイネの免疫に果たす役割は不明確だった。このため、研究者はトランスクリプトーム解析と定量ポリメラーゼ連鎖反応検出を行い、*Oryza sativa* 植物 U-box 41 (*OsPUB41*) がイモチ病誘発型 PUB 遺伝子であることを発見した。

結果によると、*OsPUB41*ノックアウト株ではOsPALタンパク質のレベルが上昇し、リグニン含量が向上し、*Magnaporthe oryzae*菌（稲イモチ病を引き起こす菌）に対する防御としてより強固な細胞壁が形成された。これらの変化により、収量低下を伴わずに稲イモチ病への耐性が向上した。さらに、*OsPUB41*を過剰発現させた遺伝子組換え植物では、イモチ病耐性が低下した。

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

BRIC-National Institute of Plant Genome Researchがリン酸吸収と穀物収量が向上したゲノム編集イネを開発

New DelhiのBRIC-国立植物ゲノム研究機関（National Institute of Plant Genome Research ; NIPGR）の研究者は、[ゲノム編集](#)を用いて、低リン酸土壌条件下でもリン酸吸収量と穀物収量が向上したイネの品種を開発した。このゲノム編集イネは、リン酸肥料の必要量を減らし、栽培コストを低減し、肥料の河川への流出を防ぐ効果がある。

インドは、耕作地の36%を占めるイネなどの作物を支えるために、リン酸肥料に大きく依存している。しかし、施用されたリン酸の20%しかイネに吸収されないため、作物のリン利用効率の向上は重要な農業課題となっている。研究チームは[CRISPR-Cas9](#)を用いて、イネのリン酸吸収を向上させた。

本研究では、研究者はOsPHO1;2のプロモーターから抑制因子結合部位を除去しました。その結果、OsPHO1;2の発現量が大幅に増加し、土壌からのリン酸吸収量が増加し、低リン酸条件下で穀物収量が26%増加した。この研究の成果は、リン利用効率の向上と持続可能な稲作への有望な可能性を示している。

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

Massachusetts Institute of Technology（MIT）の化学者が光合成におけるルビスコの効率を向上

Massachusetts Institute of Technology（MIT）の化学者たちは、低酸素環境の細菌から発見されたルビスコの変異体を改良した。指向性進化と呼ばれる手法を用い、ルビスコの触媒効率を最大25%向上させる変異を特定した。

光合成において、ルビスコ酵素は二酸化炭素を有機化合物に取り込み糖を生成する重要な反応を触媒する。しかし、地球上で最も豊富な酵素とされているにもかかわらず、ルビスコは光合成に関わる他の酵素と比べて、1秒あたり1～10回の反応しか触媒できない。

ルビスコの改善のため、MITチームはShoulders研究室が開発した新しい突然変異誘導技術

「MutaT7」を採用した。MutaT7技術は、研究者が生きた細胞内で突然変異誘導とスクリーニングを同時に行うことを可能にし、プロセスを大幅に加速する。この技術は、標的遺伝子の突然変異率を向上させることも可能である。

チームは、自然界で最も速いRubiscoの一つである半嫌気性細菌のGallionellaceae科に属するRubiscoの変異体を使用した。6回の指向性進化を経て、酸素に対する耐性を向上させる3つの異なる変異が同定された。研究者たちは、これらの変異がRubiscoの二酸化炭素と酸素の選択的相互作用を促進し、結果としてカルボキシル化効率の全体的な向上をもたらすと考えている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [MIT News](#)

研究者たちが、オオムギの最も近い野生近縁種のパンゲノムを解明

IPK Leibniz Institute が率いる国際的な研究者チームは、オオムギ (*Hordeum vulgare*) の構造ゲノム進化を研究し、その最も近い野生近縁種である *Hordeum bulbosum* のパンゲノムを構築した。

IPK Leibniz Institute の Frank Blattner 博士は、地中海全域で *H. bulbosum* の遺伝子型を収集した。Blattner 博士は、遺伝子バンクからのアクセスと組み合わせ、二倍体および四倍体の細胞型からなる 263 種類の多様な遺伝子型のパネルを作成した。その集団構造を分析した後、研究チームは、球茎オオムギの 10 種類の参照品質の染色体スケールゲノムを組み立て、注釈を付けた。

この研究の第 1 著者である Jia-Wu Feng 氏によると、4 倍体には 2 つの起源があり、1 つはギリシャ、もう 1 つは南西アジアです。アジアでは 100 万年から 200 万年前に発生し、ギリシャでは 10 万年以内に発生した。Blattner 氏は、2 つのタイプが現在交配している証拠を発見し、多倍体が複数の起源を通じてゲノム多様性を豊かにする方法を提供していると説明している。

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

トウモロコシの DNA が重要な作物特性の秘密を解明

Rutgers University-New Brunswick 校の科学者を含む国際研究チームは、トウモロコシの DNA の秘密の一部を解明し、遺伝物質の特定の領域が植物の形態や害虫抵抗性などの重要な特性を制御する仕組みを明らかにした。

“Nature Plants” 誌に掲載された報告で、研究チームはトウモロコシの DNA に結合する転写因子を発見し、これらの因子が特定の組織で遺伝子の発現をオンまたはオフに切り替え

る仕組みを説明した。彼らは2つのトウモロコシ品種を比較し、これらの特定の部位における DNA 配列に顕著な違いを発見し、これが植物の形態や行動の違いを説明する要因の一つである可能性を指摘した。

Waksman Institute of Microbiology の教授で研究の共著者である Andrea Gallavotti 氏は、転写因子がゲノム内のどこに結合し、その結果、トウモロコシの遺伝子発現に影響を与えるかを発見したと述べた。研究チームは、トウモロコシゲノム内の転写因子の結合部位のマップを作成した。転写因子は、トウモロコシ植物の DNA の特殊な部分である cis 調節領域に結合する。

この情報に基づき、研究者は異なるトウモロコシ品種間でこれらの結合部位を比較し、その変動を解明しました。研究チームは、この研究において、B73 と Mo17 の2種類の異なるトウモロコシ品種を比較しました。CRISPR-Cas9 技術を用いて、これらの DNA 領域の一部を編集し、その変化が植物に与える影響を調査した。特に、耳虫に対する抵抗性を調節する遺伝子への影響も含まれていた。この発見は、科学者が新しい技術を活用してトウモロコシの耐性や生産性を向上させることを可能にする可能性がある、と研究者たちは述べている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Rutgers Today](#)

葉緑体制御とストレス応答に関与するイネのタンパク質を特定

Fujian Agriculture and Forestry University の研究者は、暗条件による葉の死滅を通じて葉緑体とストレス応答を制御するイネのタンパク質を報告した。その研究成果は “*Plant Physiology*” に発表され、イネの葉の老化を理解する上で CRISPR ゲノム編集の役割を強調している。

葉の老化は、資源の再利用を通じてストレス条件下での植物の生存確率を高める代謝変化を引き起こす可能性がある。研究者たちは、イネタンパク質 OsS40-14 が葉の老化に果たす役割を解明するため、この研究を実施した。CRISPR-Ca9 変異体と過剰発現システムを使用することで、彼らは OsS40-14 変異体が暗闇処理下で緑色の葉の形態を維持し、クロロフィルと光合成能力が保たれ、反応性酸素種 (ROS) のレベルが低下することを発見した。一方、OsS40-14 過剰発現システムでは葉の老化がより速く進行した。

これらの結果から、研究者は OsS40-14 が発達性老化および暗条件下において光合成装置と活性酸素種 (ROS) の恒常性を微調整し、これにより葉の老化を促進し、光合成同化を減少させ、イネの粒充填を阻害することを結論付けた。

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

U.S. Department of Agriculture's Animal and Plant Health Inspection Service (APHIS)が遺伝子組換え技術により改変または生産された生物の非規制ステータス判定に関する手続きの更新を発表

米国農務省動物植物衛生検査局（U.S. Department of Agriculture's Animal and Plant Health Inspection Service ; APHIS）は、7 C.F.R. 第 340 条に基づき、遺伝子工学により改変または生産された生物の非規制対象判定に関する申請の審査プロセスを更新する。これらの更新は、APHIS の申請審査プロセスが、国家環境政策法（NEPA）に関する最近の動向および植物保護法（PPA）に基づく APHIS の権限と一致するように確保するものである。

APHIS は、7 C.F.R. 第 340 条および PPA に基づき、植物害虫として潜在的なリスクを及ぼす可能性のある改変生物を規制している。APHIS が事実と科学的な審査を通じて、改変された生物が植物害虫のリスクをさらに高める可能性が低いと判断した場合、非規制ステータスを付与する。このステータスが与えられると、これらの規制に基づく APHIS の管轄権は終了し、追加の条件を課すことや環境影響を考慮することはできない。ただし、APHIS は歴史的に環境影響評価を実施してきた。同機関が NEPA 分析を実施する慣行は、そのような分析を実施する義務があることを意味するものではない。

米国議会は 2023 年に NEPA を改正し、連邦機関が環境分析を準備する必要がない状況を描写する条項を追加した。2025 年 5 月 29 日、米国最高裁判所は「NEPA の原則」を再確認し、「関連する行動に対する法的な権限が限定的であるため、機関が特定の効果を防止する能力がない場合、その機関は法的に関連する“原因”とはみなされない。」と述べた。

APHIS のニュースリリースによると、非規制ステータスの申請を評価する際、APHIS はまず改変生物がより大きな植物害虫リスクを及ぼすかどうかを判断する。植物害虫でないことが判明した場合、APHIS は審査を終了し、非規制ステータスを付与しなければならない。なぜなら、さらなる管轄権がないためである。APHIS は最終決定を行う前に、草案審査に関する一般からの意見を継続して募集する。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [APHIS website](#)

Genetic Engineering Appraisal Committee (GEAC)がトウモロコシ、ワタ、ヒヨコマメの限定的野外試験の実施を承認

Bayer Crop Science は、インド各地の State Agricultural Universities および Indian Council of Agricultural Research (ICAR) institutes において、除草剤耐性トウモロコシ [NK603](#) と害虫抵抗性トウモロコシ [MON89034](#) のそれぞれについて、限定的野外試験を実施する承認を取得した。この承認は、2025 年 6 月 9 日に開催された遺伝子工学評価委員会（Genetic Engineering Appraisal Committee ; GEAC）の第 155 回会議において付与された。

GEAC 会議の議事録によると、限定的な野外試験の目的は次の通りです：

- ・ グリホサートカリウム塩の適用による NK603 の除草効果を試験すること；
- ・ MON89034 ハイブリッドが標的の鱗翅目害虫に対する有効性を研究すること；
- ・ 遺伝子組換えハイブリッドが有益な昆虫と害虫に与える影響を観察すること；
- ・ 遺伝子組換えトウモロコシ品種とその従来型対照品種が土壌生態系、雑草性、形態、表現型特性に与える影響を比較すること；
- ・ 植物組織における遺伝子組換え遺伝子によってコードされるタンパク質の発現レベルを定期的に記録すること；および
- ・ 遺伝子組換えトウモロコシハイブリッドと非遺伝子組換え対照品種の農学的利益を区別すること。

フィールド試験の実施に関する承認は、Rasi Seeds Pvt. Ltd.に対して遺伝子組換えワタ RIRC304 および RIRC-304×MON15985、ならびに ICAR-National Institute for Plant Biotechnology に対して莢虫抵抗性を持つ4つの遺伝子組換えヒヨコマメ品種に対して付与された。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [155th Meeting of the Genetic Engineering Appraisal Committee](#)

専門家が遺伝子組換え作物（GM作物）のリスク評価に関するグローバルモデルを提案

Frontiers in Bioengineering and Biotechnology に掲載されたレビュー論文は、食品、飼料、環境安全性を網羅する遺伝子組換え作物（GM作物）の規制に関するグローバルモデルを提案している。このモデルは、安全評価の重複を削減し、開発者および規制当局の負担を軽減することを目的としている。

提案されているグローバルリスク評価モデルは、高い安全基準を維持しつつ、重複した評価を最小限に抑えるように設計されている。このモデルは、各国が既存の政策を見直し、信頼できる規制当局のリスク概要を受け入れ、意思決定のために共有された評価を活用することを奨励している。この論文では、カナダ保健省と FSANZ の協力やラテンアメリカにおける地域覚書などの例を挙げて、規制協力のメリットを実証している。

著者らは、各国の規制当局に対して、以下の実行可能な提言を提案している。

- ・ 規制の重複を削減するため、他国のリスク評価要約の利用を認めるよう政策を改定すること。
- ・ リスク評価要約および決定内容を規制当局のウェブサイトに掲載すること。
- ・ 特に RNAi 特性および再形質転換された栄養繁殖作物について、同じ特性を持つ将来の植物品種も承認の対象に含めるよう承認範囲を拡大すること。
- ・ 使用技術ではなく、最終製品の規制に焦点を当て、シスジェニック形質を持つ GM 植物を従来品種と同様に扱う。

また、著者らは、国連食糧農業機関（FAO）および世界保健機関（WHO）の加盟国の代表者に、現代バイオテクノロジー由来食品に関する CODEX ガイドラインの見直しと更新を要請している。彼らの提言は、国民の信頼と安全を優先しつつ、規制プロセスの効率的な監督を支援するものである。

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

オーストラリアの研究者がオーツ麦の油生産の生物学的トリガーを特定

University of South Australia (UNISA)で行われた新たな研究により、オーツ麦の油生産の生物学的トリガーを示す証拠が発見されました。この発見は加工プロセスに役立ち、オーストラリア産オーツ麦の需要拡大を後押しする可能性がある。

オーツ麦の粒に高濃度の油分が含まれることは、製粉工程において課題となっている。これは加工効率を低下させ、特にオーツ麦粉や植物由来タンパク質など需要の高い分野での製品開発を制限している。University of South Australia、South Australian Research and Development Institute (SARDI)、University of Adelaide の研究者は、オーツ麦の粒における油合成の生物学的プロセスを解明するための共同研究を進めている。

研究者たちは、空間画像技術を用いて2つの現代品種のオーツ麦の粒の発達過程における油の蓄積を追跡した。その後、脂質組学とタンパク質組学を適用し、脂質とタンパク質の発現を分析した。これにより、粒の形成における生物学的メカニズム、特に油合成に関連するプロセスに関する重要な洞察が得られた。彼らは、油合成に関与する複数の主要な酵素を特定し、これらの酵素を遺伝子操作することで、大麦の粒の油含有量を低下させ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。 [UNISA Media Centre](#)

食品

台湾の研究者が遺伝子組換え生物（GMO）に関する一般の意見を調査

台湾の研究チームは、[遺伝子組換え生物（GMO）](#)に対する一般の態度、そのリスクと利益の認識、および国連の持続可能な開発目標（SDGs）との関連性を理解するための調査を実施した。この調査では、台湾の成人 977 人を対象に、非 GMO 製品や有機製品に対する経済的な嗜好も分析された。

研究チームは、GMOに関する主観的・客観的な知識、態度、リスクと利益の認識、規制への信頼、非 GMO または有機食品のラベル付き製品に対する支払い意思（WTP）を評価

する包括的な調査を設計した。また、一般市民が GMO を 17 の SDGs とどのように関連付け、特に食料安全保障と環境持続可能性に関連する SDGs との関連性を評価した。

研究結果は、GMO に対する高い認知度と低い理解度、一般的に中立的な態度、および GMO 管理に対する公衆の信頼の低さを示した。調査対象者の 96.7% が GMO について少なくとも聞いたことがあると回答した一方、非常に詳しく知っているとは答えたのは 1.5% に過ぎなかった。多くの人が基本的な遺伝学概念に苦労しており、回答者間の知識のギャップが顕著だった。

公衆の態度は一般的に中立的で、リスクの認識は中程度、利益の認識は平均以上だった。GMO 管理への信頼は低く、回答者は有機食品 (30.12%) に対して非 GMO 製品 (25.4%) よりもプレミアムを支払う意欲が高かったことが判明した。興味深いことに、参加者は GMO が SDG 2 (飢餓ゼロ) と SDG 1 (貧困撲滅) にポジティブに貢献すると見ていたが、SDG 14 (水中の生命) や SDG 15 (陸の生命) などの環境目標に関しては懸念が示された。研究者は、GMO が食料安全保障に有益であると見なされていると結論付けた。しかし、国内で信頼を築き、一般の理解を向上させる必要性が依然として存在している。

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

CLEMSON UNIVERSITY 研究チームがピーナッツの熱ストレス耐性を高める遺伝子を発見

地球の気温が上昇する中、熱ストレスはピーナッツの収量を低下させる要因となっている。Clemson University の研究者たちが行った新たな研究では、ピーナッツが暑い気候下でも生産性を維持するのに役立つ DNA の重要な領域が発見された。研究チームはまた、熱ストレス下でも健康な花粉を生産する遺伝的マーカーと数種類の植物品種も特定した。

ピーナッツは開花期に特に熱に脆弱である。気温が 86 度を超えると、ピーナッツの花粉が適切に発達せず発芽しないため、さやの数が減り収量が低下する。Clemson University の Pee Dee Research and Education Center で分子育種家 Sachin Rustgi 氏が率いる研究チームは、世界中から集めた 72 のピーナッツ品種 (そのうちの一つは米国の人気品種「Georgia Green」を含む) を研究した。植物は温室に配置され、高温に曝露され、熱ストレスが花粉の生存率と発芽に与える影響を評価した。

結果、日本の PI 200441 のような一部のピーナッツ品種は高い花粉生存率を維持した一方、Colombia の PI 504614 のような品種は苦戦した。研究チームは、高度な遺伝学的ツールを用いて、染色体 20 上の「qPPVA20」と呼ばれる小さな領域を特定した。この領域は、花粉が熱ストレスに耐えるか、高温下で生存能力を維持する上で重要な役割を果たすようである。科学者たちは、この遺伝的領域に、銅の輸送やリボソームの構築に関わる重要な遺伝子が含まれていることも発見した。これらの遺伝子は、ピーナッツの花で非常に活発に

働いている。研究チームはまた、オレイン酸のような健康な脂肪に焦点を当てたピーナッツの種子品質に関連する複数の遺伝的マーカーも特定した。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Clemson News](#)

認められた価値と社会的影響がスペインにおける遺伝子組換え食品（GMF）の受け入れを促進

スペインの Universitat Rovira i Virgili、Complutense University of Madrid、Rey Juan Carlos University の研究者たちによる新たな研究は、スペインのジェネレーション Z とジェネレーション Y（ミレニアル世代）の消費者が [遺伝子組換え](#) 食品（GMF）を受け入れる際の主要な要因を明らかにした。この研究は『*Food and Humanity*』誌に掲載されている。

この研究では、18 歳から 44 歳までのジェネレーション Z とミレニアル世代を対象としたオンライン調査から、合計 470 件のアンケートを分析した。研究結果によると、認知された有用性（PU）、認められた価値（PV）、および社会的影響（SI）が、GMF の消費可能性を著しく高めることが明らかになった。また、PU と SI がジェネレーション Z とミレニアル世代の行動意図の最も強力な予測因子であることが判明した。

これらの結果は、GMF の栄養的・環境的メリットを強調することが、特に若年層でデジタル接続性の高い層における消費者受け入れを促進する可能性を示している。著者らは、有用性と同世代の影響を強調したターゲットを絞ったコミュニケーション戦略とキャンペーン、透明性の高い表示を組み合わせることが、GMF の採用を促進するために不可欠であると結論付けている。

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

健康

University of California (UC), Santa Cruz が CRISPR の精度向上を目指すソフトウェアプログラムを発表

University of California (UC), Santa Cruz 校の博士課程学生 Eric Malekos 氏は、[CRISPR](#) に基づく [ゲノム編集](#) の精度とアクセス性を向上させる新たなソフトウェアプログラム「CRISPRware」を開発した。この革新的なツールはゲノム全体をスキャンし、研究者がゲノムの任意の領域（特に特徴が十分に解明されていないコーディング領域を含む）に対してガイド RNA を設計できるようにする。

UC Santa Cruz の分子・細胞・発達生物学教授である Susan Carpenter 氏は、CRISPRware を UCSC ゲノムブラウザに統合することで、高度な計算機スキルを持たない研究者でもゲノ

ム編集ツールにアクセスし活用できるようになり、その利便性が向上すると述べている。「Eric のツールは、計算機専門知識の必要性を大幅に削減することで、CRISPR の活用を民主化しています」と Carpenter 氏は述べている。UCSC ゲノムブラウザは、異なる種のゲノムを分析するために数万人の研究者に利用されている。

CRISPRware はまた、高スループットの CRISPR ベースのスクリーニングを可能にし、研究者が数千の候補ペプチドを体系的にスクリーニングできるようになっている。Malekos 氏は、CRISPRware の使いやすさが、CRISPR の恩恵をライフサイエンスコミュニティ全体に広めるのに役立っていると述べている。このツールは、ヒト、ラット、マウス、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ、線虫を含む 6 つのモデル種の全ゲノムで検証され、コーディング領域を標的とするガイド RNA の包括的なカタログを生成している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [BMC Genomics](#) と [UC Santa Cruz](#)。

Korea Advanced Institute of Science and Technology (KAIST)の研究者が微生物を改変し、ルテインの生産量を増加

Korea Advanced Institute of Science and Technology (KAIST)の研究チームは、システム代謝工学の手法を用いて、1 リットルあたり 1 グラムの規模でルテインを生産できる微生物株の開発に成功した。改変された *Corynebacterium glutamicum* は、食品、医薬品、化粧品などに利用可能な記録的なレベルのルテインを生産する。

従来のマリーゴールドの花からのルテイン抽出は、長い培養期間、低収量、高い労働コストなどの課題に直面していた。Sang Yup Lee 教授をリーダーとする KAIST 研究チームは、*C. glutamicum* の改変によりこれらの制限を克服した。彼らのアプローチは、代謝のボトルネックを排除し、酵素スキヤフォールドに基づく電子伝達戦略を採用することで、ルテイン生合成への代謝流を改善することに焦点を当てた。

改変された *C. glutamicum* は、54 時間で 1.78 g/L という記録的な生産率を達成し、これは現在までに報告されたホストにおける最高レベルのルテイン生産性能である。このマイルストーンは、持続可能なルテイン生産における重要な進展を示すだけでなく、他の高価値天然物の効率的な微生物合成への道を開くものである。この研究の成果は “*Nature Synthesis*” に発表され、従来の植物由来ルテイン生産に代わる有望な代替手法を提供している。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [KAIST](#)

環境

U.S. Department of Agriculture (USDA) が遺伝子組換えアメリカ栗の木に関する規制審査を完了

State University of New York College of Environmental Science & Forestry (ESF)の研究者たちは、Darling-54を開発しました。この実験的な遺伝子組換えアメリカ栗の木は、USDAが6月に規制審査を完了したことで、一般公開に一步近づいた。USDAの審査報告書では、この木は「植物害虫のリスクを及ぼす可能性は低い」とされている。

Darling-54は、1世紀以上前にアメリカ栗の木をほぼ絶滅させた真菌性病害に耐えられるように設計された遺伝子組換え (GE) アメリカ栗の木です。承認されれば、Darling-54は大規模な再植林用に作られた最初のGE木となり、アメリカ栗を絶滅の危機から救う可能性がある。

USDAに加え、食品医薬品局 (FDA) と環境保護庁 (EPA) も現在 Darling-54 の審査を進めている。3つの連邦機関が、Darling-54が人間と環境に安全であると宣言するまで、遺伝子組換え樹木は研究用圃場以外での植栽が認められない。このプロセスには数年かかる可能性がある。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 Syracuse.com
