



遺伝子組換え技術の最新動向
2026年5月



植物

- 2024年のバイオテクノロジーの現状と動向:アジア・オセアニア
- Biotech Updates が韓国語版で配信開始
- 遺伝子の配置がDNAの折りたたみと発現を制御していることが判明
- CSIRO が農業イノベーションの推進に向けペアワイズ社のCRISPRプラットフォームを採用
- 新たなCRISPRツールが、1回の検査で複数のウイルスを特定
- 高温条件下でのトマト種子の発芽を助ける遺伝子の発見
- フィリピンが鉄分・亜鉛分豊富なイネの商業的増殖を承認
- CRISPRシステムが、遺伝子組換え細菌のためのより安全な自己破壊メカニズムを実現
- 黒米のアントシアニン(ANTHOCYANIN)生成の謎が解明
- 国際研究チームがスイカのスーパーパンゲノムを公開
- チュニジアを代表するデュラムコムギ品種の全ゲノム解読に成功
- Wageningen University & Research (WUR)がゲノム編集ジャガイモの野外試験を開始
- University of Floridaが世界初のDNAガイド型CRISPRシステムを開発
- Humboldt Universityの研究者がコムギの収量に隠された動的な遺伝的メカニズムを解明

環境

- Netherlands Commission on Genetic Modification (COGEM) が2種類の遺伝子組換えカーネーションの認可を更新
- CRISPRシステムが遺伝子組換え細菌のためのより安全な自己破壊メカニズムを実現

植物

2024年のバイオテクノロジーの現状と動向:アジア・オセアニア

アジア・オセアニア地域は、世界の農業バイオテクノロジー分野における重要な原動力として台頭し続けており、2024年にはバイオテクノロジー作物の作付面積が2,081万ヘクタールという重要な節目に達した。これらの調査結果は、バイオテクノロジーの導入状況に関する地域別の概要および分析である“[2024年のバイオテクノロジーの現状と動向:アジアとオセアニア\(2024 Biotech Facts and Trends: Asia & Oceania\)](#)”に詳述されており、“[Brief 57: Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops in 2024](#)”を補足するものである。

本報告書では、以下の論点を取り上げている:

- ・ 同地域における導入国トップ 3
- ・ その他の導入国における最新動向
- ・ バングラデシュにおける Bt ナスの導入
- ・ 規制枠組みの進展と課題
- ・ 展望と提言

「同地域では、食料安全保障、気候変動への耐性、および持続可能性のためにバイオテクノロジー作物の重要性が引き続き強調されると予想される。これに伴い、規制の明確化、一般市民への情報発信、および農家への教育の向上に向けた取り組みが進められるだろう。透明性のある、証拠に基づいたコミュニケーションを通じて信頼を築き、バイオテクノロジーを包括的な種子システムに統合することが、より広範な導入には不可欠です」と ISAAA Inc. の Executive Director である Rhodora Romero-Aldemita 博士は、述べている。

本レポートは、“Biotech Updates”の Elite サブスクリバラー全員が閲覧可能です。この新しい出版物を入手するには、[purchase online](#) で購入するか、“Biotech Updates”の [Elite subscription](#) にご登録ください。

Biotech Updates が韓国語版で配信開始

ISAAA の電子ニュースレター“[Biotech Updates](#)”は、アジア地域での利用拡大を正式に開始した。農業バイオテクノロジーに関する最新ニュースや研究のハイライトが韓国語で閲覧可能となり、同ニュースレターの地域的な成長において重要な一歩となった。

多様な読者層により良いサービスを提供し、地域内のより多くの読者に情報を届けるため、“Biotech Updates”では以下の主要言語での翻訳を提供している：

- ・ [韓国語](#)：ニュースレターの言語ラインナップに新たに追加された
- ・ [中国語](#)：簡体字と繁体字の両方に対応している
- ・ [日本語](#)：日本の幅広いバイオテクノロジーコミュニティをサポートします

この取り組みは、東アジア全域の非英語圏の読者に対し、最新のバイオテクノロジーに関するニュースや知見を提供するという当団体の決意を示すものである。

詳しくは以下のサイトにご連絡ください。 knowledgecenter@isaaa.org.

遺伝子の配置が DNA の折りたたみと発現を制御していることが判明

Massachusetts Institute of Technology (MIT) の研究者らは、[遺伝子](#)の配置、すなわち「遺伝子シンタックス (gene syntax,)」を変えることで、相乗効果を生み出し、出力を最大化する回路を構築でき

ることを発見した。この研究により、ある遺伝子が活性化されると、その周辺の DNA の物理的構造が変化し、隣接する遺伝子の発現を促進または抑制する波及効果が生じることが明らかになった。

研究チームは、活性化した遺伝子上流側では DNA が緩み、下流側ではより強く巻き付くようになり、これが他の遺伝子へのアクセスしやすさに影響を与えることを突き止めた。さまざまなタイプの構文(タンデム; tandem、ダイバージェント; divergent、コンバージェント; convergent)を試験することで、研究者らはこれらの生物物理学的変化が遺伝子活性にどのような影響を与えるかを観察した。

研究者らは、2 つの遺伝子をタンデム、ダイバージェント、またはコンバージェントの配置で配列した遺伝子回路を構築し、多くの他の細胞タイプに分化できる(多能性)幹細胞を誘導した。その結果、予測通り、発散配置では両方の遺伝子の発現が促進される一方、タンデム配置では下流の遺伝子が抑制されることが確認された。その影響は、遺伝子発現の最大 25 倍の増加または減少に達し、遺伝子間の距離は最大 2,000 塩基対に及んだ。

Region Capture Micro-C と呼ばれる高解像度ゲノムマッピング技術を用いることで、研究者らは、活性な遺伝子の下流にある DNA がプレクトネム (plectonemes) と呼ばれる構造に強くねじれ、RNA ポリメラーゼが結合して近隣の遺伝子を活性化しにくくなることを発見した。この効果をより詳細に調べるため、彼らは STRAIGHT-IN Dual と呼ばれる新開発のシステムを使用した。このシステムにより、2 つの遺伝子を同一の DNA 鎖に効率的に挿入することが可能となる。この発見は、遺伝子治療やバイオテクノロジーへの応用に向け、科学者がより精密かつ効率的な合成遺伝子回路を設計する一助となる可能性がある。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [MIT News](#)

CSIRO が農業イノベーションの推進に向けペアワイズ社の CRISPR プラットフォームを採用

精密育種のグローバルリーダーであるペアワイズ (Pairwise) 社は、オーストラリアの国立科学機関である CSIRO との間で、大規模な商用ライセンス契約を締結したと発表した。この提携により、CSIRO は、独自の SHARC™ 酵素を含む、CRISPR ベースの遺伝子編集ツール群である Fulcrum® プラットフォームを利用できるようになる。本契約は、植物、家畜、水産養殖、微生物にわたる幅広い用途を対象としており、ペアワイズ社がこれまでに締結したライセンスの中でも最も包括的なもののひとつとなる。

Fulcrum® プラットフォームが CSIRO の研究イニシアチブに統合されることで、オーストラリアの農業における新たな形質の開発が大幅に加速することが期待されている。CSIRO の形質イノベーショングループリーダーである Jason Geijskes 博士は、これらの精密育種技術が農場の生産性と持続可能性を支えることを強調した。同機関は、発見プロセスを効率化することで、世界規模で農家と消費者の双方に利益をもたらす影響力のあるソリューションを提供することを目指している。

この提携は、複雑な環境問題や食料安全保障の課題に対処する上で、ゲノム編集技術の汎用性がますます高まっていることを示している。ペアワイズ社の CEO である Tom Adams 氏は、このライセンスの広範な範囲が、多様な生物学的分野を変革する CRISPR 技術の力を反映していると指摘した。CSIRO がこれらの先進的なツールを活用することで、このパートナーシップは科学的イノベーションの新たな時代を切り拓き、将来に向けて気候変動に強く、より栄養価の高い食料源を創出することになる。

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

新たな CRISPR ツールが、1 回の検査で複数のウイルスを特定

Korea Advanced Institute of Science & Technology (KAIST) の Sung-min Son 教授が率いる研究チームは、University of California, Berkeley (UC Berkeley) および Gladstone Institutes と共同で、[ゲノム編集](#)の反応速度を分析することで、1 回の検査で複数のウイルスを検出・識別できる新しい CRISPR ベースの診断 Sung-min Son を開発した。本研究では、反応速度を固有のシグナルとして利用し、[COVID-19](#) やインフルエンザを含む異なるウイルスを特定する手法を提案している。

[CRISPR](#) タンパク質 Cas13 がウイルスの RNA を検出すると、周囲の RNA を切断し、ウイルスの存在を示す光シグナルを発生させる。しかし、複数のウイルスを同時に特定するには、通常、数種類の [遺伝子](#) ハサミや様々な蛍光レポーターが必要であり、プロセスが複雑で現場での実用性に欠けていた。この課題を解決するため、研究者らは、Cas13 の活性速度が遭遇するウイルスによってどのように変化するかに着目した。

研究チームは、ウイルス固有の反応速度に基づいてウイルスを識別する「キネティック・バーコーディング (kinetic barcoding)」システムを開発した。ガイド RNA を調整することで、この手法は単一のツールで複数のウイルスを検出できるようにカスタマイズできるほか、RNA を DNA に変換する必要もなくなる。患者検体を用いた試験では、1 回の反応で様々な呼吸器系ウイルスや COVID-19 の変異株を正確に区別することに成功した。「遺伝子ハサミの反応速度という新たな情報を診断に活用したのは、これが初めての事例です。」と Sung-min Son 教授は述べている。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [DongA Science](#)

高温条件下でのトマト種子の発芽を助ける遺伝子の発見

筑波大学の研究者らは、極端な高温下でもトマトの種子が発芽できるようにする上で重要な役割を果たす遺伝子「*SHAA9*」を特定した。通常、高温は一般的なトマトの苗に休眠を引き起こしたり、形態異常を引き起こしたりするが、この遺伝子を持たない植物は、高い発芽率と健全な成長を維持する驚くべき能力を示した。

この研究により、*SIL1A9* 遺伝子が植物のホルモンシグナル伝達経路において抑制因子として機能することが明らかになった。研究者らは、この遺伝子を除去することで、種子がより多くの抗酸化酵素や熱ショックタンパク質を産生し、熱ストレスへの耐性を高めることができることを発見した。こうした生物学的防御機構は、細胞の損傷を中和し、過酷な環境下でも植物が正常に発育することを保証する。

この発見は、気候変動に強い作物を開発するための重要な遺伝的指針となる。地球の気温上昇が続く中、最も脆弱な成長段階で熱に耐えられるトマト品種を育種する能力は、温暖化が進む地域における食料安全保障の維持と農業産業の支援に不可欠となる可能性がある。

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

フィリピンが鉄分・亜鉛分豊富なイネの商業的増殖を承認

Philippine Bureau of Plant Industryは、Philippine Rice Research Institute (PhilRice) が所有およびライセンスを保有する「HIZ039」イネの商業的増殖について、バイオセーフティ許可証を発行した。

PhilRiceのウェブサイトに掲載された公開情報シートによると、HIZ039米は、穀粒中の鉄分と亜鉛の含有量を高めるために遺伝子組換え技術を用いて開発された。これは、イネと、*Malus baccata* として知られるアジアの野生リンゴの種の遺伝子を用いて達成された。

この許可証は、HIZ039イネが、2021年シリーズ第1号合同省庁通達(JDC)に規定された、商業的増殖に必要な厳格な生物安全評価を無事に通過したことを示している。

HIZ039イネは、鉄分および亜鉛欠乏症を抑制するための既存の取り組みを補完するよう設計された。このイネは、就学前児童および妊産婦のこれらのミネラルに対する1日平均必要量の30～50%を供給すると見込まれている。このより健康的なイネの代替品は、予防可能な小児貧血、脳発達の遅れ、発育阻害、および免疫力の低下といった問題の発生率を低減するのに役立つと期待されている。

この承認を取得した後、開発者は品種登録、種子の増殖、および認証手続きを進め、その後HIZ039がフィリピン市場で入手可能となる予定である。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [BPI website](#) 及び [PIS from PhilRice](#)

CRISPRシステムが、遺伝子組換え細菌のためのより安全な自己破壊メカニズムを実現

韓国のSeoul National UniversityとJeju National Universityの研究者らは、単一の活性化シグナルを受けると遺伝子組換え細菌が恒久的に自己破壊する[CRISPR](#)に基づく新しいバイオコンテインメントシステムを開発した。この技術は、環境、産業、医療分野で使用される[遺伝子組換え](#)微生物の安全性を向上させることを目的としている。

eEGM(editing-driven essential gene multiplex inactivation)と名付けられたこの新システムは、細菌の必須[遺伝子](#)を標的とし、不可逆的なゲノム編集を通じてその機能を阻害する。従来のヌクレアーゼを用いた手法とは異なり、この方法では、作動前に細菌の性能を低下させる可能性のある持続的な毒性を回避できる。研究者らは、*holA*、*ftsB*、*dtp*を含む複数の必須遺伝子への多重標的化を用いることで、封じ込め効果を強化し、細菌が逃亡する可能性を低減した。

この技術は、実験室、産業、および治療研究で一般的に使用される複数の大腸菌株において、試験に成功した。CRISPRを介したシチジン塩基編集を用いることで、このシステムは改変された細菌が意図した環境外で生存したり、制御不能に拡散したりすることを防いだ。本研究では、このシステムが、通常のタンパク質産生との互換性を維持しつつ、活性化後1時間以内に極めて低い脱出頻度を達成したことが示された。

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

黒米のアントシアニン (ANTHOCYANIN) 生成の謎が解明

Kyung Hee Universityの研究者らは、黒米においてアントシアニン色素を安定化させるために必要な「仕上げの役割」を果たす2つの酵素、OsA3GT1およびOsA3GT2を特定した。学術誌 *Rice* に掲載されたこの研究成果は、植物生物学における長年の謎を解明するものである。

穀粒におけるアントシアニン生成の生合成経路についてはすでに多くの知見があるものの、そのプロセスの最終段階については不明な点が残されていた。研究チームはCRISPRゲノム編集技術を用いることで、これら2つの酵素の役割を解明することに成功した。その結果、OsA3GT1の機能を停止させると、イネの種子は黒色色素を失うだけでなく、栄養成分の大部分も失うことが判明した。もう1つの酵素であるOsA3GT2も同様の機能を果たすが、その役割はより限定的で補助的なものである。

これら2つの酵素が連携することで、植物はシアニジンなどの健康増進成分を米ぬかの中に効率的に蓄積できるようになる。これらの知見は、抗酸化物質の含有量を大幅に高めた新しいイネ品種を育種するための指針となる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [Rice](#)

国際研究チームがスイカのスーパーパンゲノムを公開

Boyce Thompson Institute (BTI)のZhangjun Fei博士が率いる国際研究チームは、スイカのスーパーパンゲノムを開発した。この包括的な遺伝子マップには、同属に現存する7種すべての138のゲノムが統合されている。このスーパーパンゲノムは、栽培品種とその野生近縁種にまたがる約100万の構造変異を網羅している。この膨大なデータセットにより、科学者は数百万年にわたる進化の軌跡をたどるとともに、何世紀にもわたる栽培化育種の中で失われた高価値な形質を特定することが可能となる。

本研究では、果肉の色彩や濃淡を決定する特定の遺伝的変異体の同定など、重要な発見が得られた。野生種と市場に出回る栽培品種を区別する構造変異を分析することで、研究チームは、従来の標準的なシーケンシング手法では検出できなかった、甘味や栄養価に関連する遺伝子を特定することに成功した。この詳細な知見は、現代のスイカがどのようにして甘く色鮮やかになったのか、またなぜ害虫や環境ストレスに対して脆弱になったのかを理解するための新たな指針となる。

この遺伝資源は、精密育種に革命をもたらし、気候変動に強い作物の開発を可能にするものと期待されている。消費者が好む味や食感を損なうことなく、天然の病害抵抗性など野生祖先から受け継がれた強靱な形質を現代の品種に再導入することで、育種家はより持続可能な農業システムを構築できる。BTIチームはすでに、このスーパーパンゲノムを用いて特定の遺伝子マーカーが植物の健康や果実の品質にどのような影響を与えるかを予測するモデルの構築を開始しており、次世代の「スーパースイカ」を生み出すまでの期間を大幅に短縮することになる。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [BTI website](#)

チュニジアを代表するデュラムコムギ品種の全ゲノム解読に成功

チュニジアの研究者らが、同国を代表する2つのデュラムコムギ在来品種「Mahmoudi」と「Chili」の全ゲノム解読に成功した。University of Sfax付属Higher Institute of BiotechnologyとNational Gene Bank of Tunisiaの共同プロジェクトである本研究は、何世代にもわたって栽培されてきた品種の遺伝的構成を包括的に明らかにするものである。科学者たちは、これらの古代穀物の遺伝暗号を解読することで、過酷な環境下でも生育できる特定の形質を特定し、世界の食料安全保障にとって不可欠な資源として活用することを目指している。

これらの在来品種は、チュニジアの農業史、食文化、そして遺伝的強靱性を伝える「生きた記録」と見なされている。何世代にもわたり、チュニジアの農家は、世界中でコムギ生産を脅かす旱魃、高温、土壌塩分への天然の耐性を理由に、MahmoudiとChiliを栽培してきた。現代の商業品種とは異なり、MahmoudiとChiliには、何世紀にもわたる伝統的な農法によって形作られた、まだ活用されていない潜在能力が秘められている。Sainsbury LaboratoryのSophien Kamoun教授は、これらの配列が「生きた宝」であり、気候変動に強い次世代小麦の開発を推進し、農業が温暖化する地球の犠牲になるのではなく、それに適応できるよう保証するものだと指摘した。

このプロジェクトは、Sainsbury Laboratoryに拠点を置く非営利団体「[GetGenome](#)」からも支援を受けている。この発見のインパクトを最大化するため、ゲノムデータは[OpenDurumGPT](#) プラットフォームを通じて無料で公開されている。このオープンアクセス方式により、世界中の育種家や科学者が研究においてチュニジアの遺伝的デザイン図を活用できるようになる。古代の農業の知恵と最先端のシーケンシング技術を組み合わせることで、このプロジェクトは、地中海文化と世界の食糧供給の両方において依然として基本的な主食である作物の未来を確保することを目指している。

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

Wageningen University & Research (WUR)がゲノム編集ジャガイモの野外試験を開始

Wageningen University & Research (WUR)は、Dutch Ministry of Agriculture, Fisheries, Food Security, and Natureと提携し、遺伝子組換え(GM)ジャガイモの新たな野外試験を実施している。この試験では、新ゲノム技術(NGTs)を用いて複数の遺伝子を精密に追加または不活性化することで開発されたジャガイモ系統を評価する。破壊的な病原菌*Phytophthora infestans*によって引き起こされる疫病など、猛威を振るう害虫や病害に対する複合耐性を付与することで、研究者らは新品种が農家の化学農薬への依存を大幅に軽減できると期待している。

今回の野外試験は、WURがDuRPh(Durable Resistance against Phytophthora)プロジェクトの下で実施した前回の主要なジャガイモ野外試験から11年を経て、技術的に大きな飛躍を遂げたことを示すものである。前回のプロジェクトでは、複数の抵抗性遺伝子をスタックさせることで晩疫病に対する優れた防御効果が得られることが実証されたが、それらの作物は商業化されることはなかった。それらは従来の遺伝子組換え技術に依存していたため、EUの厳格かつ長期にわたり、費用も莫

大なGMO承認プロセスを経る必要があり、さらに一般市民や市場からの受容も不確実であった。

対照的に、CRISPRゲノム編集などの次世代遺伝子技術(NGT)は、従来の育種で達成可能な変異を模倣しつつ、ごくわずかで極めて標的を絞ったDNA改変を、従来の数分の1の時間で可能にする。これらの技術は新たな安全上のリスクをもたらさないため、EUでは現在、特定のNGT植物を厳格なGMO規制の対象外とする改正法案が審議されている。研究者らは、これらの新たな野外試験から得られる実地での性能データが、作物の生態学的メリットを実証するだけでなく、オランダにおけるゲノム編集技術と農業の持続可能性に関する、十分な情報に基づいた公的な議論を促進す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。 [WUR Resource](#)

University of Floridaが世界初のDNAガイド型CRISPRシステムを開発

University of Floridaのエンジニアチームは、[ゲノム編集](#)酵素を誘導するためにRNAの代わりにDNAを用いる、世界初の[CRISPR](#)システムを開発した。『Nature Biotechnology』誌に掲載されたこの画期的な成果は、CRISPRベースのRNA編集ツールではRNAをガイドとして使用しなければならないという長年の通説に異を唱えるものである。

研究チームは、RNAが遺伝情報の作業用コピーとして機能する一方で、これらのコピーにエラーが生じると深刻な結果を招きかねないと説明した。研究者らは、細胞内のRNA分子を選択的に標的化し調節する際の安定性と精度を向上させるため、DNAをガイドとして用いるようにCRISPRを設計した。「これにより、DNAを直ちに変更することなく、細胞が使用している指令をリアルタイムで修正または調整する方法が得られる」と、筆頭著者であり、University of Floridaの化学工学科の准教授兼Shah Rising ProfessorであるPiyush Jain氏は述べた。

このDNAガイド型システムは精度が大幅に向上し、HIVやC型肝炎などのウイルス感染を100%の精度で検出することができた。RNAガイド型CRISPRシステムに基づく数十年にわたる研究を経て、本研究は生物学において最も強力なゲノム編集ツールの一つを制御するための、根本的に新しいアプローチを提示している。研究チームは、この技術が診断法や治療法の進歩につながり、数年以内に初期の臨床応用が可能になると考えている。

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

Humboldt Universityの研究者がコムギの収量に隠された動的な遺伝的メカニズムを解明

Humboldt University of Berlin (HU)の研究者らは、コムギの収量を左右する複雑な生物学的メカニズムを解明し、気候変動が進む中での世界の食料安全保障に向けた重要な知見を提供した。

『Nature Communications』誌に掲載されたこの研究は、コムギの高収量が単一の孤立した遺伝的形質に依存しているわけではないことを明らかにした。むしろ、それは植物の遺伝学、環境要因、農業管理の間の極めて柔軟な相互作用のネットワークによって生み出されており、これによりコムギは変化する条件に合わせてその生理学的戦略を適応させることができる。

HUの集約型植物食料システム学教授であるTsu-Wei Chen博士が率いる研究チームは、コムギ育種に関する膨大な歴史的データを分析した。研究チームは、光合成による植物の炭水化物生産(the source)と、それらの栄養素が穀粒に蓄積される仕組み(the sink)との間の複雑なバランスである「source-sink dynamics」に焦点を当てた。本研究は、1960年から2010年にかけて行われた長期的な選抜育種が、特に発育初期段階において、意図せずして高温に対する作物の感受性と適応性を向上させ、植物が気候変動に耐える能力を高めたことを実証している。

これらの知見は、科学者が作物のレジリエンス(回復力)に取り組む手法を変えることで、世界の農業の将来に大きな影響を与える可能性がある。光合成と穀粒の発達との間の動的な相互作用をより深く理解することで、将来の育種プログラムは、早魃や熱波といった厳しい環境ストレス下であっても、安定的で高収量の収穫を確保できるよう調整されるだろう。本研究は、世界で最も重要な食糧供給を守るためには、遺伝学、植物生理学、農学を組み合わせた統合的なアプローチが不可欠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。 [news release from HU](#)

環境

Netherlands Commission on Genetic Modification (COGEM) が 2 種類の遺伝子組換えカーネーションの認可を更新

Netherlands Commission on Genetic Modification (COGEM)は、Florigene Flowers 社が開発した遺伝子組換え(GM)カーネーション「Moonaqua™」および「Moonvista™」の輸入、流通、販売に関する認可の更新について審査を行い、助言を行いました。

Moonaqua™ (FLO-40689-6)はパステル調のモーブ／バイオレット色のカーネーションで、その柔らかな真珠のような色合いは、結婚式や特別なイベントに最適である。2009年に初めて認可を受け、今回がEUへの輸入に関する2回目の更新となる。Moonvista™ (FLO-40685-2)は、より深みのある濃い紫色、あるいはナス色調のカーネーションで、柔らかな質感と手触りが特徴です。この色は、需要が高まる6月、8月、9月の結婚式でも人気がある。Moonvista™は2019年にEUで初めて認可された。

これらの遺伝子組換えカーネーションは、その独特な紫色合いから花卉業界で人気があり、通常は栽培用ではなく切り花として輸入されている。

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

CRISPR システムが遺伝子組換え細菌のためのより安全な自己破壊メカニズムを実現

韓国の Seoul National University と Jeju National University の研究者らは、単一の活性化シグナルを受けると [遺伝子組換え](#) 細菌が恒久的に自己破壊する [CRISPR](#) に基づく新しいバイオコンテインメントシステムを開発した。この技術は、環境、産業、医療分野で使用される遺伝子組換え微生物の安全性を向上させることを目的としている。

eEGM(editing-driven essential gene multiplex inactivation)と名付けられたこの新システムは、細菌の必須 [遺伝子](#) を標的とし、不可逆的なゲノム編集を通じてその機能を阻害する。従来のヌクレアーゼを用いた手法とは異なり、この方法では、作動前に細菌の性能を低下させる可能性のある持続的な毒性を回避できる。研究者らは、*holA*、*ftsB*、*dfp* を含む複数の必須遺伝子への多重標的化を用いることで、封じ込め効果を強化し、細菌が逃亡する可能性を低減した。

この技術は、実験室、産業、および治療研究で一般的に使用される複数の大腸菌株において、試験に成功した。CRISPR を介したシチジン塩基編集を用いることで、このシステムは改変された細菌が意図した環境外で生存したり、制御不能に拡散したりすることを防いだ。本研究では、このシステムが、通常のタンパク質産生との互換性を維持しつつ、活性化後 1 時間以内に極めて低い脱出頻度を達成したことが示された。

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