

分類	導入あるいは改変遺伝子(特徴)	開発国	文献
バイオリアクター	ヒト血液凝固第9因子(ラットにおける薬物動態を調べた)	台湾	82
	ヒト顆粒状コロニー刺激因子	韓国	83
	ヒト血液凝固第9因子(N-グリカンを分析した)	米国	84
	ヒトヴィレブランド因子	韓国	85
	ヒトエリスロポエチン	韓国	86
	ヒトリゾチーム	中国	87
	ヒトリゾチーム(糞中の微生物叢、土壌への影響を調べた)	中国	88
	血液凝固第9因子(ミルク中で生産)	中国	89
	ヒト型コラーゲン、ヒトアルブミン	中国	90
	ヒトエリスロポエチン(精巢を調べた)	韓国	91
環境浄化	フィターゼ(肥料を分析した)	米国	92
病原菌耐性付与	SIGLEC1遺伝子、CD163遺伝子不活性化(PRRSVに耐性になった)	米国	93
	O型口蹄疫ウイルスshRNA(線維芽細胞はウイルスを阻害した)	中国	94
	古典的ブタ熱ウイルスの複製を阻害するRNAi	中国	95
	ベータディフェンシン2(抗バクテリア活性を持つ)	中国	96
	口蹄疫ウイルス受容体インテグリンβ6サブユニット遺伝子をノックアウトした(感染率が低下した)	中国	97
	PRRSVのORF1b, ORF5, ORF6, ORF7遺伝子に対するshRNAをコードするDNA(ウイルスに耐性になった)	中国	98
	IFITM3(抗ウイルス活性を持つ可能性あり)	中国	99
その他	線虫Fat-1(脂肪酸組成のn-6/n-3比を下げた)	中国	100
	sFat-1(導入遺伝子の次世代への伝達を調べた)	中国	101

表4 非食用モダンバイオテクノロジー応用ブタを作成した研究報告(2008-2012年、臓器移植用以外)

略語:sialic acid binding Ig-like lectin 1(SIGLEC1), porcine respiratory reproductive syndrome virus(PRRSV), RNA interference (RNAi), interferon induced transmembrane protein 3 (IFITM3), fatty acid desaturase (Fat-1), omega-3 fatty acid desaturase (sFat-1)

開発国	非食用GM動物			
	魚	ニワトリ	ブタ	合計
米国	3	1	29	33
中国	3		12	15
台湾	6		5	11
韓国	1	2	8	11
ドイツ			10	10
日本	2	5	1	8
カナダ	3			3
スペイン			2	2
フランス			1	1
イスラエル		1		1
イギリス		1		1
イタリア			1	1
ベルギー			1	1
香港	1			1
バングラディッシュ	1			1
不明			1	1
合計	20	10	71	101

表5 非食用モダンバイオテクノロジー応用魚、ニワトリ、ブタについての開発国ごとの分類（2008-2012年）

サンプル	ゲノミックDNA			Ct値(ニワトリ cytochrome b遺伝子)	Ct値 (hEpo遺伝子)	
	収量(μg/g)	A ₂₆₀ / A ₂₈₀	A ₂₆₀ / A ₂₃₀			
生の鶏肉	ムネ	58	1.85	2.33	16.5±0.2	u.d. (9)
	ササミ	110	1.91	2.36	18.2±0.6	u.d. (9)
	レバー	1000	1.90	2.36	17.2±0.9	u.d. (9)
	モモ	190	1.91	2.35	16.8±0.3	39.1 (1), u.d. (8)
	手羽元	170	1.90	2.41	16.3±0.3	u.d. (9)
	ひき肉	150	1.93	2.36	17.3±0.6	u.d. (9)
加工食品	唐揚げ	290	1.96	2.34	17.0±1.1	u.d. (9)
中の鶏肉	親子丼	430	1.95	2.30	18.2±0.4	39.5 (1), u.d. (8)
	焼き鳥(レバー)	770	1.96	2.31	16.1±0.3	39.4 (1), u.d. (8)
	チキンカツ	100	1.75	2.44	17.5±0.8	u.d. (9)
	照り焼き	69	1.73	2.41	16.8±1.0	39.8 (1), u.d. (8)
	チキンカレー	300	1.84	2.42	17.5±0.2	u.d. (9)

表6 ニワトリゲノミックDNAの性質と、ニワトリ cytochrome b 遺伝子と hEpo 遺伝子の Ct 値

A₂₆₀/A₂₈₀ と A₂₆₀/A₂₃₀ はそれぞれ紫外吸収 260 nm と 280 nm の比と 260 nm と 230 nm の比である。リアルタイム PCR はトリプレケートで 3 回測定した。すなわち各サンプルは9つのウエルで測定した。ニワトリ cytochrome b 遺伝子の Ct 値については平均と標準偏差を示した。hEpo 遺伝子の Ct 値における括弧はその結果が得られたウエルの数を意味する。

ATAACTTCGTATAATGTATGCTATACGAAGTTAT
TATTGAAGCATATTACATACGATATGCTTCAATA

図1 LoxP 配列

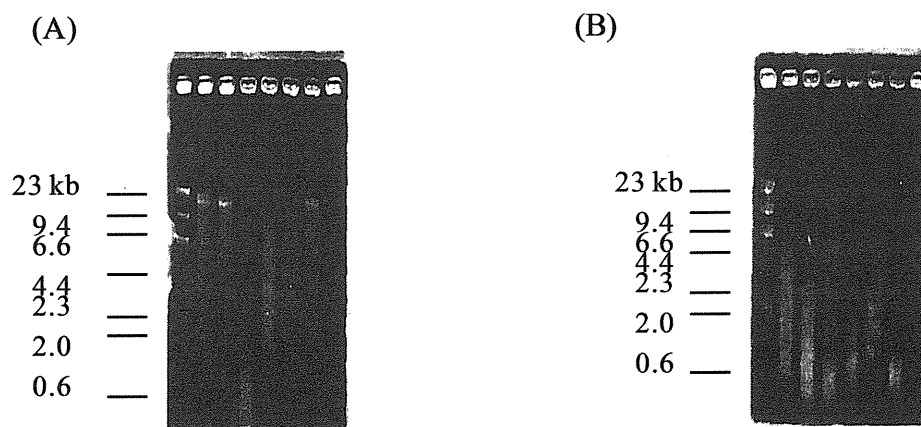


図2 0.8% (w/v)アガロースゲル電気泳動によるゲノミック DNA の分析

(A) 生の鶏肉のサンプルを分析した。左から右にレーンの番号を付ける。レーン1:DNA 分子量マーカー、
レーン 2-7:ムネ、ササミ、レバー、モモ、手羽元、ひき肉から抽出したゲノミック DNA。

(B) 加工食品のサンプル中の鶏肉を分析した。レーン1:DNA 分子量マーカー、レーン 2-7:唐揚げ、親子丼、焼き
鳥(レバー)、チキンカツ、照り焼き、チキンカレーから抽出したゲノミック DNA。

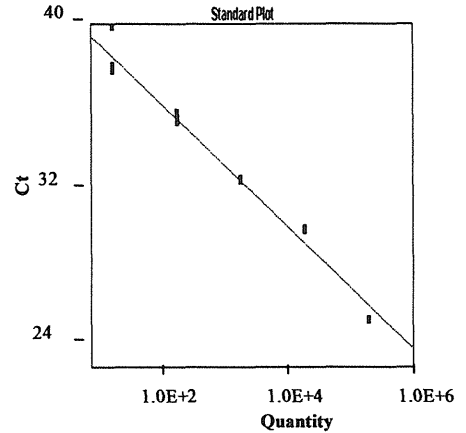
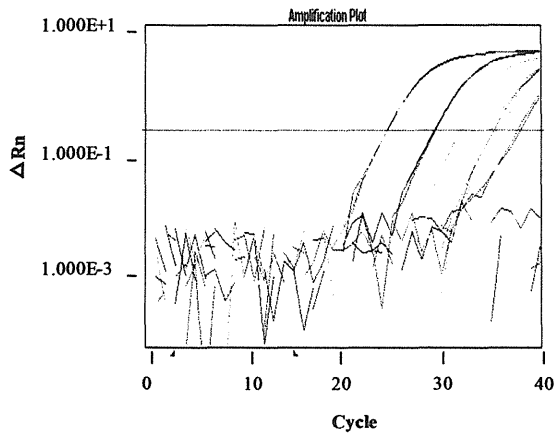


図3 ニワトリゲノミック DNA の非存在下での hEpo 遺伝子のリアルタイム PCR による分析

測定は 5 回行った。スタンダードプロットの式は以下の通りである。 $y = -3.29x + 42.7$ (R^2 0.985), $y = -3.21x + 42.4$ (R^2 0.971), $y = -3.07x + 42.8$ (R^2 0.975), $y = -3.21x + 42.5$ (R^2 0.978), $y = -3.21x + 43.3$ (R^2 0.970)。最初の測定結果を図に示す。

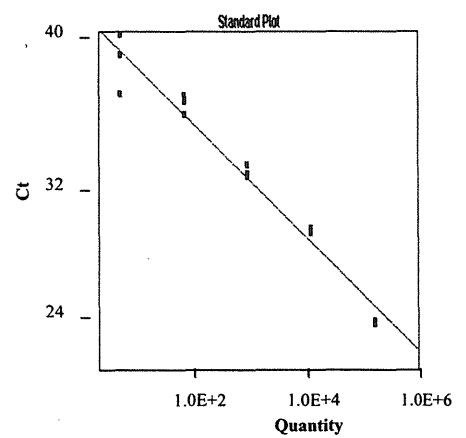
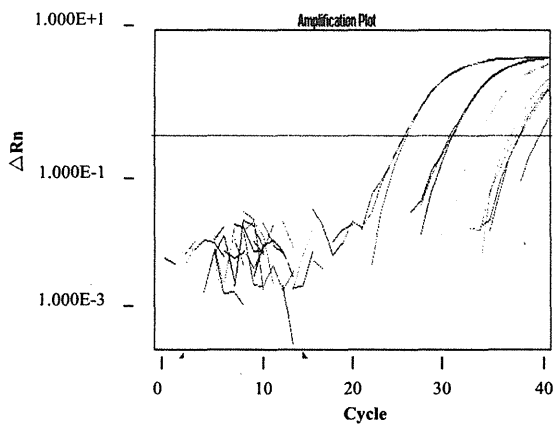


図4 ニワトリゲノミック DNA の存在下での hEpo 遺伝子のリアルタイム PCR による分析

測定は 5 回行った。スタンダードプロットの式は以下の通りである。 $y = -3.24x + 43.4$ (R^2 0.964), $y = -3.39x + 43.5$ (R^2 0.978), $y = -3.15x + 43.1$ (R^2 0.965), $y = -3.29x + 43.4$ (R^2 0.986), $y = -3.02x + 42.1$ (R^2 0.967)。最初の測定結果を図に示す。

