

**題目：植物の翻訳過程を考慮した導入遺伝子発現システム（植物での有用タンパク質生産）**

**発表者：**加藤 晃（奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科・准教授）

**関連ミッション：**ミッション 5（高品位生存圏）

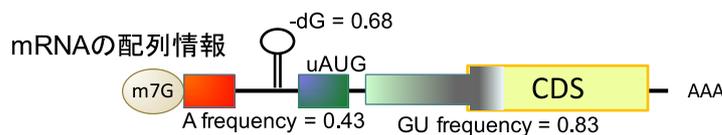
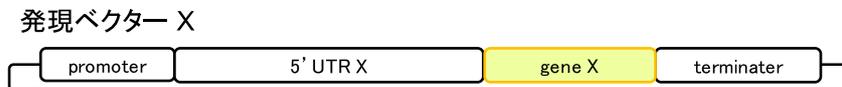
**要旨：**

近年の植物バイオテクノロジーの発展は著しく、植物体や植物培養細胞へ有用な外来遺伝子を導入することで、植物機能を改良・利用する試みが盛んに行われてきており、中でも医療用タンパク質に代表される有用タンパク質の植物での生産は注目されている。

今回のセミナーでは、植物を用いて医療用タンパク質を生産した例をまず紹介し、これまで我々が開発してきた導入遺伝子を高発現できる基盤技術（効率的な転写終結領域と高翻訳に寄与する 5'UTR の単離）に関して概説する。また、最近構築した「植物 mRNA の翻訳状態を配列情報から予測できる数理モデル」についても合わせて紹介したい。

**mRNAの配列から翻訳状態を予測する数理モデル**

$$y (\text{Log}_{10} \text{PR}_{\text{young}}) = -4.2\text{E-}1 - 1.7\text{E-}2x_{1\sim 4\text{C}} + \dots + 1.4\text{E-}2x_{\text{Motif\_P-1}} + \dots - 5.0\text{E-}2x_{\text{dG\_L100}} + \dots + 1.1\text{E-}1x_{\text{Log}_{10} \text{CDS\_length}}$$



- 現在使用している発現系の評価
- 目的遺伝子の高翻訳を可能にする5'UTR配列の選抜
- 配列の準最適化による翻訳効率の極大化