

様式第3（第3の1の（2）の①関係）

ゲノム編集技術の利用により得られた生物の使用等に関する情報提供
（情報提供書の提出）

2026年 7月 16日

農林水産省消費・安全局農産安全管理課長 宛

氏名 グランドグリーン株式会社
（法人番号：8180001127379）
提出者 代表取締役 丹羽 優喜
住所 愛知県名古屋市中千種区東山通五丁目112番地
電話番号 052-753-3870

ゲノム編集技術の利用により得られた生物の使用等をするため、「農林水産分野におけるゲノム編集技術の利用により得られた生物の生物多様性影響に関する情報提供等の具体的な手続について」（令和元年10月9日付け元消安第2743号農林水産省消費・安全局長通知）第3の1の（2）の①の規定に基づき、当該生物の使用等に関する情報提供書を提出します。

〔備考〕

様式第1により作成し、事前相談を終えた「ゲノム編集技術の利用により得られた生物の使用等に関する情報提供書」を添付すること。

様式第1（第3の1の（1）の①関係）

ゲノム編集技術の利用により得られた生物の使用等に関する情報提供書

項目		記入欄
1 ゲノム編集技術の利用により得られた生物の名称及び概要		名称：低アントシアニンユーストマ（GG-Y1） 概要：ユーストマのアントシアニン合成遺伝子（ <i>ANS</i> ）の一部を改変し、花色を変えた。
2 当該生物の用途		栽培用および観賞用。 作出した系統を観賞用や育種系統を作出するための親系統として使用し、食用・飼料用としては利用されない。情報提供の対象範囲は T ₁ 世代以降である。
3 使用施設の概要		—
4 カルタヘナ法第2条第2項第1号の細胞外において核酸を加工する技術の利用により得られた核酸又はその複製物を有していないことが確認された生物であること	(1) 細胞外で加工した核酸の移入の有無（移入した場合は、移入した核酸に関する情報を含む。）	有 自社で開発した GG-YL1（以下、WT と記載）に対してパーティクルボンバードメント法により、5つのベクターを同時に宿主細胞に移入した。5つのベクターの内訳として、植物体再生率を向上させる遺伝子を有するベクターが2種類、蛍光マーカーである <i>tdTomato</i> 遺伝子を有するベクターが1種類、Casヌクレアーゼおよび gRNA を有するベクターが2種類である（図1）。これらのベクターは上記遺伝子の一過的な発現を目的として移入した。 なお、情報提供の対象範囲は、上記を自家受粉させた後代の分離系統から選抜した T ₁ 世代以降（GG-Y1）である（図2）。
	(2) 移入した核酸の残存の有無（選抜・育成の経過及び当該核酸の残存の有無を確認した方法に関する情報を含む。）	無 パーティクルボンバードメント法により、宿主細胞に上記5種のベクターを移入し、118個体の T ₀ 世代を得た。 このうち、標的配列に変異が確認できた6個体を自家受粉し、6系統の T ₁ 種子を得た。 これら6系統の T ₁ 種子の一部を播種しサンガーシーケンス解析した結果、1系統のみに <i>ANS</i> 遺伝子に変異が確認された。 この1系統の残る種子を播種した個体群（T ₁ 個体群、40個体）をサンガー法で解析した結果、11個体がホモ変異体であった。これらのホモ変異体は WT とは異なる淡黄色の花色を示した。これら11

		個体の中から、他の形態的特徴などを踏まえて1個体を選抜し、GG-Y1とした(図2)。 このGG-Y1個体においてショートリード法およびロングリード法を合わせた全ゲノムシーケンス法を用いて移入した5種のベクターの残存の有無の確認を行った。全ゲノムシーケンス法によりGG-Y1とWT間の配列比較を行い、5種のベクターの有無の確認を行った結果、GG-Y1において残存は確認されなかった(資料1)。 以上の作業は、研究開発等に係る遺伝子組換え生物等の第二種使用等に当たって執るべき拡散防止措置の下で実施した。
5 改変した生物の分類学上の種	(1) 分類学上の種の名称及び宿主の品種名又は系統名等	和名；ユーストマ (トルコギキョウ) 英名；Eustoma 学名；<i>Eustoma grandiflorum</i> 系統名；GG-YL1 (自社で開発した系統)
	(2) 自然環境における分布状況、使用等の歴史及び現状並びに生理学的及び生態学的特性	(自然環境における分布状況) リンドウ科ユーストマ (<i>Eustoma</i>) 属には3つの種がある。<i>E. grandiflorum</i> は北米のネブラスカ、コロラド、カンサス、オクラホマ、テキサス、ニューメキシコ、ユタを中心に北はサウス・ダコタ、ワイオミングから、南はメキシコ北部までの石灰岩地帯の草原に広く自生している。<i>E. exaltatum</i> は大アンティル諸島とバハマ諸島の温暖な沿岸の砂丘、フロリダからカリフォルニアに至る北米南部の低湿地と中央部の林間地、およびメキシコからベネズエラに至る中央アメリカに自生している。<i>E. barkleyi</i> はメキシコ北部の Coahuila 地方のみに自生しており、<i>E. exaltatum</i> の変異種あるいは品種(野生品種)とするのが適当との見解もある(大川 2003)。 これらの種は米国を含む南北アメリカ大陸の一部に分布しているが (Turner 2014; 大川 2003)、これまでに、我が国の自然環境下においてユーストマ属の野生種が自生しているという報告はない。 (使用等の歴史及び現状) 日本には昭和10年(1935年)に坂田商会(現在の(株)サカタのタネ)が導入したとされている。アメリカにおけるユーストマの品種改良が1980年代に入って始まったことから、当時導入されていたのは野生品種で、テキサスやオクラホマなどの自生地 of 南限に近い野生品種が導入されたと考えられる(大川 2003)

		現在ユーストマはアジア、ヨーロッパ、北米等、世界の様々な国で栽培されている。日本での栽培面積は380ha、生産量は78,300千本で、地域別の主な生産地は長野県（11,200千本）、熊本県（9,510千本）、福岡県（7,500千本）、静岡県（3,610千本）、高知県（3,310千本）、山形県（3,050千本）である（令和6年産都道府県別の作付（収穫）面積及び出荷量（農林水産省））。 （生理学的及び生態学的特性） ア．基本的特性 ユーストマは二倍体（体細胞染色体数 $2n=72$、基本染色体数 $x=36$）の双子葉植物で、切り花の生産地では一年生作物として栽培されている。 イ．生育可能な環境の条件 発芽適温は $20\sim 25^{\circ}\text{C}$ で、光発芽性種子であるため良質な苗を得るには $5,000\text{lux}$ 以上の照度が必要で、$1,000\text{lux}$ 以下では発芽率や子葉展開率が低下し、胚軸が徒長する。発芽～本葉3対展開までに高温や低温、乾燥、低日照など生育に適さない環境に遭遇するとロゼット化する。半耐寒性でもあり、具体的には、生育適温は夜温 15°C 前後、昼温 25°C 程度で、5°C 以下になると生育を停止しロゼット化する。最低気温 13°C、平均気温 22°C 以上になると花芽分化が始まり、これより高温になると促進される。また、花芽分化には一定の日射量が必要で、花芽分化後に低温や低日照に遭遇するとブラッシングが発生する。好適な土壌 pH は 6.5 前後で、酸性土壌（pH5.0～5.5）では生育不良、生育の不揃い等の障害が発生しやすく、pH7.5 以上のアルカリ性土壌で生育が阻害される。EC は土質に関係なく 1.0dS/m 以上になると枯死株が発生し、切り花品質も低下する（島根県 トルコギキョウ栽培指針，2005 年）。 ウ．繁殖又は増殖の様式 組織培養や挿し木等の栄養繁殖も可能であるが、1 莢当たりの種子数が 2,000～3,000 粒程度と非常に多いため、現在日本で栽培されているユーストマの殆どが F_1 品種であり、種子繁殖で増殖されたものである。ユーストマは 3～4 日程度の雄ずい先熟で、人工交配により自殖系統を得ることが可能であるが、一般的に $S_6\sim S_8$ 世代で自殖弱性による発芽勢や発芽率の低下が認められる。また、適切な処理と保管条件が揃えば少なくとも 1 年間は
--	--	--

		高い発芽能力と生育の質を維持できることが確認されている（Phan et al.2024）。 本種は我が国に自生するリンドウ（<i>Gentiana</i>）属の植物とは属が異なり、交雑しない。なお、上述の通り、交雑可能な近縁野生種の自生地は南北アメリカ大陸の一部であり、我が国の自然環境下において自生しているという報告はない。 エ．有害物質の産生性 ユーストマの植物体には有害物質は含まれておらず、植物体から有害物質が産生されることも無い。
6 改変に利用したゲノム編集の方法	(1) 利用した人工ヌクレアーゼ等に関する情報	CRISPR/Cas を人工ヌクレアーゼとして用いた。利用した2種類の人工ヌクレアーゼベクターには Cas ヌクレアーゼ遺伝子発現カセット、sgRNA 発現カセット及び導入したベクターの発現を安定化させるカセットが搭載されている。その他に3種類のベクターを使用しており、植物体の再生率を向上させる遺伝子が搭載されたベクターが2種類、宿主細胞にベクターが導入されたことを確かめるための蛍光マーカーである <i>tdTomato</i> 遺伝子が搭載されたベクターが1種類である。これら導入に使用したベクターの詳細は図1に記載した。
	(2) 当該人工ヌクレアーゼ等の導入方法	パーティクルボンバードメント法によって WT の宿主細胞に上記（6（1））ベクターを移入した。
7 改変した遺伝子及び当該遺伝子の機能	(1) 標的とし切断等した宿主のゲノム上の部位及び当該部位に生じた変化	<i>ANS</i> 遺伝子（GenBank: AB551412.2）を CRISPR/Cas の標的とした。変異導入が確認された1系統についてサンガーシーケンス解析を実施した結果、第1エキソンの末端からイントロンの開始部位にかけて 11 bp の欠損が認められた。選抜した GG-Y1 個体は 11 bp 欠損型をホモ接合で有する（図3）。 この変異によるスプライシングの変化を確認するため、GG-Y1 の花弁から合成した cDNA をサンガーシーケンスにより解析した。その結果、第1エキソンの延長により、欠損部位の 10 bp 下流に早期終止コドン（PTC）が出現することが確認された。これにより、WT の <i>ANS</i> アミノ酸配列（362 aa）に対し、GG-Y1 は 169 aa に短縮される（図4）。

	(2) 標的とした遺伝子に関する情報及び改変により生じると理論上考えられる形質の変化	ユーストマの花弁における花色は、主としてアントシアニンの蓄積量およびその組成により決定される (Noda et al. 2004)。アントシアニンはフラボノイド生合成経路に属する二次代謝産物であり、フェニルアラニンを出発物質として段階的な酵素反応を経て合成される。Anthocyanidin synthase (ANS) は本経路の後半に位置する酵素であり、ロイコアントシアニジンをアントシアニンへ酸化する反応を触媒する鍵酵素である (Fan et al. 2023; Sunil et al. 2022; Zhang et al. 2015) (図 5)。 本件で標的とした ANS 遺伝子 (GenBank: AB551412.2) は、アントシアニン合成酵素をコードする。ANS の機能が喪失した場合、ロイコアントシアニンからアントシアニンへの変換が阻害され、その結果、最終産物であるアントシアニンの生成量が著しく低下すると理論上考えられる。従って、花弁におけるアントシアニン含量が減少し、花色の淡色化あるいは白色化が生じると予測される。 実際に、ANS 遺伝子の機能が欠失した園芸品種では、アントシアニンを蓄積しない無色 (acyanic) 花系統となることが報告されている (Shimizu et al. 2011)。以上の知見から、本ゲノム編集系統においても同様にアントシアニン含量の低下、ならびに花色の変化が生じることが期待される。次に、11 bp の欠損によって生じうるタンパク質を評価するため、<i>in silico</i> 解析を実施した。 まず、ANS が短縮された 169aa のタンパク質についてデータベース検索したところ、ANS の exon1 との相同性がみられる一方、ANS の酵素活性ドメインが exon2 にコードされていること、花色の変化が認められることから本タンパク質が機能している可能性は極めて低い。このほか、新規 ORF 予測ツールによって 1 つの候補が予測されたが、アンチセンス鎖上に位置し、機能的なプロモーターや適切な翻訳開始に係る配列等が認められないことから、転写・翻訳される可能性は極めて低いと考えられ、既知のタンパク質と相同性も見られなかった。さらに、意図せぬスプライシングパターンの変化がないか NetGene2 (https://services.healthtech.dtu.dk/services/NetGene2-2.42/) を用いて検証したところ、意図しないスプライシングパターンの変化や、それに伴う新規タンパク質生成の可能性は低いことが示唆された。この検証結果は、7 (1) で述べた cDNA シーケンス解析結果 (図 4) と矛盾しないものであった。
--	---	---

		なお、このほかに、<i>FLS</i> (<i>Flavonol Synthase</i>) 遺伝子を標的とする sgRNA を発現するプラスミドベクターを移入したが、選抜した GG-Y1 において <i>FLS</i> 遺伝子に変異は確認されなかった (図 6)。 <i>FLS</i> は淡黄色のコピグメント物質であるフラボノールの蓄積に関与している (Iwashina et al. 2015、図 5)。フラボノール生合成系はアントシアニンの蓄積と密接に関連しており、本酵素をノックアウトすることで花色の変化を誘起できると考えられている (Nielsen et al. 2002, Luo et al. 2016)。
8 当該改変により付与された形質の変化		<i>ANS</i> をノックアウトすることで花色の改変が期待されることから、T₁ 世代において、本改変領域が分離したホモ型 (<i>ans/ans</i>)、ヘテロ型 (<i>Ans/ans</i>)、非変異型 (<i>Ans/Ans</i>) 間で花色を比較した。ヘテロ型および非変異型の花色は淡いピンクであったのに対して、ホモ型は淡い黄色であった。この結果は、<i>ANS</i> の機能欠損による花色の変化が潜性形質であることを示唆している。次に、T₂ 世代において GG-Y1 と WT 間で花色を比較した結果、WT の花色は淡いピンクであり、GG-Y1 は淡い黄色であった (図 7)。2 世代を通じて花色の変化を確認できたことから花色の変化形質が安定していると考えられた。 また、WT および GG-Y1 の花卉における最終生成物であるアントシアニン含有量においては、WT と比べて GG-Y1 の方が統計的に有意に低かった (図 7)。 以上の調査より、GG-Y1 における <i>ans</i> 変異は、花卉のアントシアニン含量を大幅に減少させ、その結果、花色の変化をもたらすことを確認できた。
9 8 以外に生じた形質の変化の有無 (ある場合はその内容)	(1) 標的以外の部位が改変された可能性に関する情報	無 標的とした 2 種類の標的遺伝子配列 (<i>ANS</i> および <i>FLS</i>) 以外の改変の有無について調査するため、CRISPOR (https://crispor.gi.ucsc.edu/crispor.py) および Cas-OFFinder (http://www.rgenome.net/cas-offinder/) の 2 つを用いてオフターゲット検索を実施した。NCBI Genome Assembly に登録される GCA_036186865.1 (<i>Eustoma grandiflorum</i>, 10B-620) の全ゲノムをリファレンスとして、3 bp 以下の差異を検索する条件で <i>ANS</i> の 3 種類と <i>FLS</i> の 3 種類の gRNA 配列との相同性を検索した。 <i>ANS</i> 遺伝子を標的とした gRNA 配列では、CRISPOR と Cas-OFFinder においてそれぞれ 10 箇所

		と 25 箇所のオフターゲット候補配列が検索された（表 1）。これらの候補配列のうち、遺伝子領域またはプロモーター領域についてはすべての候補、その他の領域（ncDNA）については両ツールで共通して検索された候補の合計 21 箇所について変異の有無を調査した。 <i>FLS</i> 遺伝子を標的とした gRNA 配列では、CRISPOR と Cas-OFFinder においてそれぞれ 5 箇所と 15 箇所のオフターゲット候補配列が検索された（表 2）。これらの候補配列のうち、上記と同様の条件で合計 11 箇所について変異の有無を調査した。 その結果、GG-Y1 において、オフターゲット候補すべてについて、オフターゲット変異は確認されなかった（図 8,9）。よって <i>ANS</i> 以外の部位が改変された可能性は低いと考えられる。
	(2) 宿主と比較して作出した生物に生じた 8 以外の形質の変化	T₁ 世代において、ホモ型 (<i>ans/ans</i>) および非変異型 (<i>Ans/Ans</i>) 間で生育特性を調査した。調査形質としては、播種後抽苔日数、播種後開花日数、草丈（播種後 141 日目）、開花から種子の収穫日数、蒴果あたりの種子重量である。全ての調査形質においてこれら遺伝子型間で統計的有意な差はなかった（図 10）。また、植物体の形態においてもこれら遺伝子型間で違いはなかった（図 10）。 種子の発芽能力に関しても調査した。適温条件下および低温条件下の二つの環境で GG-Y1 から収穫した種子と WT 間で調査した。適温条件下では GG-Y1 と WT 間で統計的有意な差はなく、低温下では両系統とも発芽個体数 0 であった（図 11）。 これまでに多くの植物種において <i>ANS</i> 遺伝子が同定されており、その機能喪失変異は主としてアントシアニン蓄積の低下または消失を引き起こし、花、果実、茎等の色調の変化として表れることが報告されている。例えば、ユーストマでは <i>ANS</i> 遺伝子に 94 bp の欠損を有する園芸品種においてアントシアニンの蓄積が失われ、白色や淡黄色などの無色系花色を示すことが報告されている（Shimizu et al. 2011）。ラズベリーにおいては <i>ANS</i> 遺伝子の変異により果実中のアントシアニン蓄積が低下し、黄色果実となることが報告されている（Rafique et al. 2016）。さらに、タマネギやバジルにおいても <i>ANS</i> 遺伝子の機能喪失変異が色素蓄積の低下に起因する色調の変化と関連することが示されている（Kim et al. 2016, Gonda et al. 2023）。これらの報告では、<i>ANS</i> 遺伝子の機能喪失に起因し

		て植物体の形態形成や生育に関する形質が変化したとの報告は確認されていない。また、ANS はアントシアニン生合成経路に関与する酵素である。花卉におけるアントシアニンの生物学的な役割およびその作用機序を考慮すると、本遺伝子の改変によって植物体の形態形成や基本生育に関わる変化が生じるとは考えにくい。 以上のことから、ANS 遺伝子の機能低下または喪失は主としてアントシアニン含量に依存した色調の変化として現れる形質であると考えられる。GG-Y1 においても、花卉においてアントシアニン含量の低下に伴う花色の変化が確認された（図 7）。一方、葉や茎などの栄養器官については、図 10 に示す通り、外観上の色素沈着において本ゲノム編集体と非ゲノム編集体間に差異は認められなかった。したがって、GG-Y1 における ANS 遺伝子の改変による主要な表現型の変化は花色の変化であり、8 に示した形質以外の特性については WT と同等であると考えられる。
10 当該生物の使用等をした場合に生物多様性影響が生ずる可能性に関する考察	(1) 競合における優位性	交雑可能な近縁野生種について、項目 5 (2) に記載の通り、日本国内において自然環境下で近縁野生種および栽培ユーストマが野生化した報告例はない。また、国立環境研究所の「侵入生物データベース」（https://www.nies.go.jp/biodiversity/invasive/DB/toc8_plants.html）においても本種は記載されておらず、日本の生態系に対する侵略的リスクは極めて低いと考えられる。 形態や生育特性等について、上記 9 (2) で示した通り、本ゲノム編集体と非ゲノム編集体間で差は観察されなかった。また、WT と GG-Y1 間で種子数並びに適温条件下及び低温下における発芽率に統計的に有意な差は観察されなかった。加えて、これまでに花色が異なる品種において、種子の休眠性や越冬性が高まる例も知られていない。以上の結果より、GG-Y1 の競合における優位性により生物多様性に影響が生ずる可能性はないと判断した。
	(2) 捕食性又は寄生性	—

	(3) 有害物質の 産生性	ユーストマの植物体には有害物質は含まれておらず、改変の結果、GG-Y1 から有害物質が産生されるとは考えにくい。
	(4) 交雑性	リンドウ科ユーストマ (<i>Eustoma</i>) 属には 3 つの種があるが、いずれも北米から中米にかけての地域を原産とする植物である (大川 2003)。これらの種は生育に必要な環境条件から我が国で越冬することはできず、日本国内において自生しているという報告はない。したがって、我が国において本種と交雑可能な近縁野生種は存在しないため、交雑性により生物多様性に影響が生ずるおそれはないと考えられる。
	(5) その他の性質	—
	(6) 総合的考察	GG-Y1 において、競合における優位性および有害物質の産生性に関し、WT と同等と考えられる点、近縁野生種と交雑するおそれがない点を踏まえると、GG-Y1 を栽培することにより生物多様性へ影響を及ぼすということは想定されない。

ゲノム編集技術の利用により得られた生物の使用等に関する情報提供書 資料一覧

【図表】

- 図 1 導入したベクターの構造
- 図 2 GG-Y1 の育成図と情報提供の範囲
- 図 3 ゲノム編集による *ANS* の変異箇所および変異パターン
- 図 4 GG-Y1 の *ANS* における cDNA シーケンス解析結果とアミノ酸配列
- 図 5 アントシアニン生合成経路の簡略図
- 図 6 *FLS* における guideRNA 標的領域の変異の確認
- 図 7 *ANS* ゲノム編集による花卉の色の変化および総アントシアニン含量の変化
- 図 8 GGv701 に搭載した guideRNA に対するオフターゲット候補の変異の確認
- 図 9 GGv702 に搭載した guideRNA に対するオフターゲット候補の変異の確認
- 図 10 T₁ 世代におけるゲノム編集体の農業関連形質
- 図 11 WT および GG-Y1 の発芽率
- 表 1 GGv701 に搭載した guideRNA に対するオフターゲット候補配列の一覧
- 表 2 GGv702 に搭載した guideRNA に対するオフターゲット候補配列の一覧
- 資料 1 GG-Y1 における NGS 法による導入ベクター及びその断片の有無の確認

【引用文献】

大川清 (2003) トルコギキョウー栽培管理と開花調節. 誠文堂新光社, 東京.

国立環境研究所 (年不明) 侵入生物データベース.

https://www.nies.go.jp/biodiversity/invasive/DB/toc8_plants.html

(閲覧日: 2026 年 3 月 5 日)

島根県農業試験場 (2005) トルコギキョウ栽培指針. 島根県農業試験場.

農林水産省 (2025) 令和 6 年産花きの作付 (収穫) 面積及び出荷量. 農林水産省統計部.

Fan, Yong, et al. "Integrated metabolome and transcriptome analysis of anthocyanin accumulation during the color formation of bicolor flowers in *Eustoma grandiflorum*." *Scientia Horticulturae* 314 (2023): 111952.

Gonda, Itay, et al. "Two independent loss-of-function mutations in anthocyanidin synthase homeologous genes are responsible for the all-green phenotype of sweet basil." *Physiologia Plantarum* 175.1 (2023): e13870.

Iwashina, Tsukasa. "Contribution to flower colors of flavonoids including anthocyanins: a review." *Natural product communications* 10.3 (2015): 1934578X1501000335.

Kim, Eun-Young, Cheol-Woo Kim, and Sunggil Kim. "Identification of two novel mutant *ANS* alleles responsible for inactivation of anthocyanidin synthase and failure of anthocyanin production in onion (*Allium cepa* L.)." *Euphytica* 212.3 (2016): 427-437.

Luo, Ping, et al. "Disequilibrium of flavonol synthase and dihydroflavonol-4-reductase expression associated tightly to white vs. red color flower formation in plants." *Frontiers in plant science* 6 (2016): 1257.

- Nielsen, Karen, et al. "Antisense flavonol synthase alters copigmentation and flower color in lisianthus." *Molecular Breeding* 9.4 (2002): 217-229.
- Noda, Naonobu, et al. "Regulation of gene expression involved in flavonol and anthocyanin biosynthesis during petal development in lisianthus (*Eustoma grandiflorum*)." *Physiologia Plantarum* 122.3 (2004): 305-313.
- Phan, Thao Thu, et al. "Effect of seed cold PEG-priming and subsequent long storage on germination, growth and flowering of *Eustoma grandiflorum* (Raf.) Shinn 'Exe Lavender'." Scientific Reports of the Faculty of Agriculture, 岡山大学農学部学術報告 113 (2024): 7-10.
- Rafique, Muhammad Z., et al. "Nonsense mutation inside anthocyanidin synthase gene controls pigmentation in yellow raspberry (*Rubus idaeus* L.)." *Frontiers in plant science* 7 (2016): 1892.
- Shimizu, Keiichi, et al. "A 94-bp deletion of anthocyanidin synthase gene in acyanic flower lines of lisianthus [*Eustoma grandiflorum* (Raf.) Shinn.]." *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science* 80.4 (2011): 434-442.
- Sunil, L., and Nandini P. Shetty. "Biosynthesis and regulation of anthocyanin pathway genes." *Applied Microbiology and Biotechnology* 106.5 (2022): 1783-1798.
- Turner, B. L. "Taxonomic overview of *Eustoma* (Gentianaceae)." *Phytologia* 96.1 (2014): 7-11.
- Zhang, Jie, et al. "The expression level of anthocyanidin synthase determines the anthocyanin content of crabapple (*Malus* sp.) petals." *Acta Physiologiae Plantarum* 37.6 (2015): 109.