



遺伝子組換え作物の最新動向 2020年6月

ニュース

- ヒト COVID-19 に関する最初の免疫学研究で普遍的に有効な抗体を特定
- COVID-19 ワクチンのターゲット候補を見つけた
- CRISPR 技術で SARS-COV-2 コロナウイルスの 90%以上削減が可能
- COVID-19 から回復した患者から超強力なヒト抗体を発見
- BT ナス生産農家は、21.7%増収で、収穫量と作物の品質にも満足している
- 遺伝子組換え作物栽培の上位5カ国で全遺伝子組換え栽培面積の99%を占める
- 世界の専門家が次世代作物に向けてのロードマップを発表
- 土壌研究の先駆者が 2020 年度世界食品賞を受賞
- 専門家によるとバイオテクノロジー規制の再定義と再整合性が必要
- GM サトウキビ由来の砂糖は、従来のものと同じ

研究のハイライト

- イランの遺伝子組換え (GM) イネが環境保全に貢献
- イネの葉緑体形成には OSCPN60 β 1 が必須
- いもち病抵抗性に関与する遺伝子を決めた

植物育種における革新

- USDA は、ゲノム編集ダイズは、規制不要とした
- 異種遺伝子なしのゲノム編集を植物で行うためにウイルスを使用
- 植物のための多機能ゲノム編集方法が報告された

ニュース

ヒト COVID-19 に関する最初の免疫学研究で普遍的に有効な抗体を特定

[COVID-19](#) から回復した 149 人に対する最初の免疫学的研究によると生成した抗体の量は、それぞれ大きく異なるがそれらのほとんどは少なくとも本質的に SARS-CoV-2 を中和できるいくつかの抗体を生成したことを示した。[SARS-CoV-2](#) の中和に最も強力であることが示されている 3 つの異なる抗体が見つかった。

COVID-19 から回復して 4 月 1 日から 5 週間以上たった 149 人がロックフェラー病院を訪れ、血漿、抗体を含む血液の一部、および免疫 B 細胞を寄付した。血漿サンプルの中和活性を試験し、大多数が弱から中程度の中和活性を示したが、供与者の 1% は著しく高かった。

それらの優良感応者は、血清中の中和抗体の数が多いため、抗体を作る希少な B 細胞を集めるために重要なものである。研究チームは、血漿の性能が最も優れた優良感応者によって生成された多数の抗体のうち、ウイルスを中和し、非常に低い濃度でもゼロにまで中和できる 3 つを含めゼロにした 40 個を特定できた。これらの最も強力な抗体のクローンを作成し、現在臨床使用のための開発に取り組んでいる。

詳しくは、以下のサイトにある科学報道をご覧ください。[The Rockefeller University website](#)

COVID-19 ワクチンのターゲット候補を見つけた

University of Manchester (UoM) の科学者は、免疫応答を活性化し、[ワクチン開発](#) の標的となりうる可能性がある [SARS-CoV-2](#) コロナウイルスの一部を明らかにした。*Annals of Rheumatic Diseases* で発表された小規模な研究では、新しい技術を使用して筋骨格系疾患である皮膚筋炎の患者の総免疫反応を分析し、コロナウイルス感染への生涯暴露との関連を確かめた。

チームは、新規の不偏な方法を使用して、健康な患者と比較して、皮膚筋炎の患者に一生のうちに独特または濃縮された、あらゆる種類の感染に対する免疫系によって産生された抗体を確かめた。

自己免疫性皮膚筋炎の患者では、UoM チームがコウモリコロナウイルスタンパク質に特異的な 3 つの部位を見つけた。これは、COVID-19 疾患を引き起こすヒト SARS-CoV-2 ウイルスと非常に類似した免疫応答を刺激した。これらの部位は、[COVID-19](#) に対するワクチン開発のための SARS-CoV-2 ターゲットを示している可能性がある

詳しくは、以下のサイトにあるニュースをご覧ください。[University of Manchester](#) また論文は以下のサイトをご覧ください。[Annals of Rheumatic Diseases](#).

CRISPR 技術で SARS-COV-2 コロナウイルスの 90%以上の削減が可能

Stanford University およびエネルギー省ローレンスバークレー国立研究所 (Berkeley Lab) の分子ファウンドリーの科学者たちは、[COVID-19](#) に対する遺伝子標的抗ウイルス剤の開発に取り組んでいる。昨年、Stanford University の Stanley Qi 助教は、ゲノム編集ツール CRISPR を使用してインフルエンザに対抗する PAC-MAN (またはヒト細胞における予防的抗ウイルス CRISPR) と呼ばれる手法の研究を開始しました。COVID-19 のパンデミックのニュースが出たとき、Qi 氏と彼のチームは PAC-MAN 技術を使って病気と闘うことを考えた。

PAC-MAN は酵素 (この場合はウイルスを殺す酵素 Cas13) と、コロナウイルスのゲノム内の特定のヌクレオチド配列を破壊するように Cas13 に命令する一連のガイド RNA で構成されている。PAC-MAN はウイルスの遺伝暗号を解読することで、コロナウイルスを中和し、細胞内での複製を阻止することができる。しかし、Qi 氏は、PAC-MAN を分子ツールから抗 COVID-19 療法に変換するための主要な課題は、それを肺細胞に送達する効果的な方法を見つけることであると述べた。

Michael Connolly 氏が率いる分子ファウンドリーの研究者は、リピトイド (Lipitoids) と呼ばれる合成分子に取り組んでいる。これは、さまざまな細胞株への DNA および RNA の送達に効果的なペプトイド (peptoid) として知られている合成ペプチドの模倣体である。リピトイドは体に無毒であり、ウイルスのサイズの小さなナノ粒子にそれらをカプセル化することによりヌクレオチドを送達することができる。4 月下旬にスタンフォードチームが試験した Lipitoid 1 は、好成績を収めた。コロナウイルスを標的とする PAC-MAN と一緒にパッケージ化すると、このシステムは溶液中の合成 SARS-CoV-2 の量を 90% 以上削減しました。チームは次に、システムを実際の SARS-CoV-2 ウイルスに対して試験することを計画している。

詳しくは、以下のサイトの論文をご覧ください。[Berkeley Lab News Center](#)

COVID-19 から回復した患者から超強力なヒト抗体を発見

Scripps Research、International AIDS Vaccine Initiative (IAVI)、University of California San Diego 医学部の研究者たちは、COVID-19 から回復した患者の血液中に、コロナウイルスである SARS-CoV-2 に動物よびヒトの細胞培養で試験した場合に強力な保護作用をする抗体を発見した。この研究により、現在、COVID-19 の潜在的な治療法と予防

薬として生産されている抗体の臨床試験と追加の試験の準備が整ったと言える。

Scripps Research の免疫学および微生物学部門の非常勤助教授である Thomas Rogers 博士と、UC San Diego 医学部の助教および彼の同僚は、軽度から重度の COVID-19 から回復した患者から血液サンプルを採取した。同時に、Scripps Research と IAVI の科学者は、SARS-CoV-2 がヒト細胞に侵入するために使用する受容体である ACE2 を発現するテスト細胞を開発した。最初の実験で患者からの [抗体](#)を含む血液がウイルスに結合し、テスト細胞への感染を強力に阻止できるかどうかを試験した。

7 週間未満で、科学者は B 細胞と呼ばれる 1,000 を超える異なる抗体産生免疫細胞を分離することができ、それぞれが異なる抗 SARS-CoV-2 抗体を産生した。その後、チームはこれらの B 細胞から抗体 [遺伝子](#)配列を取得し、研究室で抗体を産生できるようにした。チームはこれらの抗体を個別にスクリーニングし、少量でも試験細胞内のウイルスをブロックする可能性のあるものおよびウイルスの大量曝露からハムスターを保護する可能性があるものを明らかにした。COVID-19 患者から抗 SARS-CoV-2 抗体を分離しようとする彼らの試みの中で、研究者らはまた、重度の急性呼吸器症候群 (SARS) の 2002-2004 にアジアで発生した関連コロナウイルスである SARS-CoV を中和できるものも発見した。

詳しくは、以下のサイトにある論文を御覧下さい。 [Scripps Research News and Events](#)

BT ナス生産農家は、21.7%増収で、収穫量と作物の品質にも満足している

Cornell University が実施した新しい研究によると、バングラデシュの [ナス](#)農家は、耐虫性の遺伝子組換え (GE) [Bt ナス](#)を栽培することで、収穫量と収益を大幅に向上させた。 *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* で発表された研究によると、4 つの Bt ナス品種は、非 Bt 品種よりも平均で 19.6%多くナスを生産し、栽培者は 21.7%高い収益を上げた。

昆虫学の教授であり、Feed the Future South Asia ナス改善パートナーシップの元ディレクターである Anthony Shelton 博士が率いるこの研究は、バングラデシュの市場チェーンを通じて 4 つの Bt ナス品種の経済的利益と農家と消費者への受容性をまとめた最初のものである。

調査は、バングラデシュの 5 つの最も重要なナス生産地-Rangpur, Bogra, Rajshahi, Jessore, and Tangail -で、195 人の Bt 農家と 196 人の非 Bt 農家との対面インタビューを通じて行われた。

Bt ナス農家の 83.1%は収穫量に満足し、80.6%は作物の品質に満足した。しかし、Bt

ではないナス農家の 58.7%だけが収穫量に満足しており、28%は果実の大部分にナスの果実とシュートボラー (EFSB) の幼虫が蔓延していると述べているが、これは Bt ナスでは EFSB に対する固有の抵抗性があるので問題にならない。収量の増加、収益の増加、果実の品質の向上により、Bt ナスの農家の約 4 分の 3 が、来シーズンも再び作物を栽培する計画を立てていると述べている。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。[Cornell Chronicle](#) また、論文は、以下のサイトでご覧下さい。[Frontiers in Bioengineering and Biotechnology](#)

遺伝子組換え作物栽培の上位5ヵ国で全遺伝子組換え栽培面積の99%を占める

2018年全体で70ヵ国が遺伝子組換え作物を導入した。そのうち栽培国は26で輸入国が44ヵ国だった。[ISAAA GM Approval Database](#)によると食用、飼料用、環境用に承認された31種のうち2018年に26ヵ国で13作物が栽培された。これらの国では5種の作物で2018年の世界全体の遺伝子組換え作物栽培の99%を占める。100万ヘクタール以上栽培された5種の作物は、[ダイズ](#) (9590 万ヘクタール)、次いで [トウモロコシ](#) (5890 万ヘクタール)、[ワタ](#) (2490 万ヘクタール)、[ナタネ](#) (1010 万ヘクタール)、そして [アルファルファ](#) (120 万ヘクタール)の順であった。

詳しくは、国際アグリバイオ事業団のインフォグラフィックスを以下のサイトからダウンロードして下さい。[Top 5 Biotech Crops in the World](#)

世界の専門家が次世代作物に向けてのロードマップを発表

University of Newcastle の Yong-Ling Ruan 教授を含む世界の専門家チームは、植物の生産性と作物の収量を制約する主要な生物学的ボトルネックを明らかにする調査結果とそれに基づく考察を発表した。*Nature Plants* で発表された研究は、著者自身の研究を含む既存の情報を批判的に分析し、チームが農業生産の将来に重要な情報を抽出した。

Ruan 教授は、農業は人口爆発と環境の悪化による需要の大幅な増加に直面しているため、植物体内の資源とエネルギーの分布を制御する生物学的プロセスを理解し、それにより[遺伝子工学](#)に向けての主要な標的[遺伝子](#)を定めて、育種することが不可欠であると述べた。Ruan 教授のチームは、植物の成長と繁殖を制限するいくつかの障壁を発見した。彼らの研究の重要性は、世界が 2050 年までに作物の収穫量を 2 倍にし、少ない耕地でより多くの人々を養う必要があるという予測によるものである。作物の収穫量を増やすという非常に大きなニーズに加えて、地球温暖化に関連する旱魃、塩害、熱ストレス、病原体や害虫の感染は、植物をより生産的であるものにするための改変に

よる将来の植物の能力改善がヒトの生存にとって最も重要であることを意味している。

研究チームは、ジャガイモとキャッサバをトマト、[イネ](#)、[ワタ](#)などの他の種とともにモデルとして使用し、太陽エネルギーを効率的に利用して同化物質（主にスクロース）を作る葉の能力や種子、果物、根などの貯蔵器官内の同化物質への転流とその利用を制限する一連の遺伝子とタンパク質を特定しました。これらのボトルネックを明らかにすることで Ruan 教授のチームは、貯蔵器官の成長を誘発または開始するシグナル伝達分子と調節遺伝子、つまり種子、花、または果物の数を決定するものも発見した。

詳しくは以下のサイトにある論文を御覧下さい。[The University of Newcastle Australia](#)

土壌研究の先駆者が 2020 年度世界食品賞を受賞

土壌科学の第一人者である Rattan Lal 博士の天然資源を保全し [気候変動](#)を緩和し、食糧生産の増加に対する研究に対して土壌中心のアプローチで取り組んだことに 2020 年世界食糧賞が授与された。2020 年の受賞者発表式では、米国国務長官 Michael R. Pompeo 氏と米国農業長官 Sonny Perdue 氏が、世界食糧賞基金の会長 Barbara Stinson 氏とともに、「土壌科学の先駆者」と呼ばれる Lal 博士に授与した。

発表式の最中、Pompeo 長官は Lal 博士の土壌科学研究は、世界の推定 5 億の小規模農家が、管理の改善、土壌劣化の軽減、栄養素のリサイクルを通じて、土地の厳重な管理を行うことに役立ったと述べた。これらの農地に依存している何十億もの人々が Lal 博士の仕事から大いに利益を得ることになった。

インドの小さな自給自足農場で育った難民としての謙虚な始まりから、Lal 博士は学校で学び成功しようという決意をもって、彼は世界有数の土壌科学者の 1 人になるように邁進した。アフリカ、アジア、ラテンアメリカにおける土壌の健全性の回復に関する彼の先駆的な研究は、農業の収穫量、天然資源の保全、気候変動の緩和に大きな影響と結果をもたらした。彼が提唱した農業法は現在、熱帯地域および世界的に農業システムを改善するための取り組みの中心にある。

Lal 博士は、ナイジェリアの国際熱帯農業研究所で研究者として出発し、アジア、アフリカ、ラテンアメリカ全体で土壌の健康回復プロジェクトを発展させた。1987 年、彼は母校である Ohio State University に戻り、そこで大気中の炭素を土壌に保持する方法を研究した。この画期的な研究により、世界の土壌の見方が変わった。3 つの別個の国連気候変動会議は、炭素を保持する手段として土壌の健康を回復するという彼の戦略を採用した。2007 年、IPCC がノーベル賞の共同受賞者に指名されたとき、彼は気候変動に関する政府間パネル (IPCC) レポートへの貢献が認められ、ノーベル平和賞の認定を受けた人の 1 人だった。

2020年の受賞者に関する詳細は、以下のサイトをご覧ください。[World Food Prize website](#)

専門家によるとバイオテクノロジー規制の再定義と再整合性が必要

さまざまなバイオテクノロジーの規制枠組みは、もはや適用が出来なくなっており、その可能性と有益性を最大化するには再調整が必要であると Dr. Markus Wyss (スイスのグローバル規制問題と品質管理; DSM Switzerland's Global Regulatory Affairs and Quality Management の常務理事で 2020 年 6 月 19 日に Zoom を通じて開催された ISAAA Webinar Genome Editing 101: Healthcare and Industrial Applications and Regulations の講演者の 1 人) が述べている。

この Webinar は、ゲノム編集の背後にある科学、ゲノム編集に関するさまざまな規制の展望、およびゲノム編集の現在の医療および産業への応用について議論することを目的としている。Wyss 博士の他に、他の話題提供講演者は、フィリピン科学技術省のワクチン専門家委員会の委員長である Nina Gloriani 博士、および[アルゼンチン](#)国立バイオセーフティ安全委員会の元委員長であった Martin Lema 博士だった。Gloriani 博士は、遺伝子疾患、癌、およびウイルスに対する医学的介入の最新情報を含む、医療および健康アプリケーションのための [CRISPR](#) のさまざまな応用例を発表した。Lema 博士は、各国の規制の定義を展開する際の問題を克服するために、世界中で統一された規制のありかたを求めた。ISAAA SEAsiaCenter ディレクターの Dr. Rhodora R. Aldemita がディスカッションのモデレーターを務めました。

ISAAA SEAsiaCenter が主催する無料の webinar には、53 か国から約 5,214 人が参加しました。Youtube でリプレイをご覧ください。次回の ISAAA ウェビナーは 2020 年 7 月 3 日に開催され、ISAAA AfriCenter が主催する。[ISAAA.org](#) に参加するには、ISAAA Web セミナーの最新情報を入手下さい。

GM サトウキビ由来の砂糖は、従来のものと同じ

ブラジルの Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) は、[遺伝子組換え](#) (GM) サトウキビの砂糖を従来のサトウキビで作られた砂糖と比較評価した。その結果、2 つの間に区別できる違いはなかった。

CTC は、従来のサトウキビと比較するために、サトウキビ害虫 (borer) の損傷を制御する

ように設計された耐害虫性サトウキビの 3 種類を調べた。これらを 4 つの異なる区画で栽培し、それぞれ加工粗糖の 4 つの試料とし、合計 12 の独立した試料を作成した。次に、研究者らは品種固有のプローブと DNA 検出方法を使用して、サトウキビのゲノム DNA と 2 つの GM 品種の挿入 DNA の接合部を明らかにした。同じアプローチが第 3 の GM 品種にも適応した。実験は ELISA アッセイを使用して検証した。この研究では、GM サトウキビからの 12 バッチすべての試料で固有の DNA および GM タンパク質は検出されなかった。GM 系統から生産された糖と非 GM からの糖との間に区別できる差異はないと結論した。

この結果を、以下のサイトにあるように公表した。 [GM Crops & Food](#)

研究のハイライト

イランの遺伝子組換え (GM) イネが環境保全に貢献

イランの科学者が率いるチームは、[遺伝子組換え \(GM\) イネ](#)が、従来の対応品種と比較して、環境への悪影響とエネルギー使用量の削減に役立つことを見出した。

イランの農業バイオテクノロジー研究所 (ABRII) の研究者たちは、GM イネが、化学物質の投入による環境排出に関して、非 GM イネとどのように異なっているかを調査した。4 つの GM 系統とその非 GM の親を従来の栽培品種として使用して、イラン北部の 3 つの独立した地域における低および中位栽培品種の個別の分析の平均を使用して、ライフサイクル分析を行った。3 つの地域で影響カテゴリや指標の間に違いはなかった。

GM 栽培品種の分析では、農薬散布の減少により、エネルギー利用、温室効果ガスの排出、および地球温暖化指標が低下した。GM 栽培品種によって大気中および土壌中に放出された重金属も、非 GM 親のものよりも少ないことが観察された。GM ライスと非 GM ライスを比較することにより、科学者は環境排出量のレベルが農場管理の実践、特に投下資材と方法に直接関連していることを確認した。

科学論文は以下のサイトでご覧下さい。 [Arabian Journal of Geosciences](#)

イネの葉緑体形成には OSCP60 β 1 が必須

Zhejiang University と Zhejiang Academy の研究者たちは、[イネ](#)の葉緑体の形成における OsCpn60 β 1 の役割を解明した。彼らの発見は *International Journal of Molecular Sciences* に掲載されている。

シャペロニン 60 (Cpn60) タンパク質は、数種の葉緑体タンパク質ポリペプチドの折り畳みを制御することが知られている。葉緑体では、Cpn60 には 2 つのサブユニットタイプ (Cpn60 α と Cpn60 β) があり、イネのゲノムは 3 つの α と 3 つの β 色素体シャペロニンサブユニットをコードしている。ただし、Cpn60 ファミリーメンバーの機能は不明なままである。OsCpn60 β 1 の分子メカニズムを理解するために、研究者らは CRISPR-Cas9 を使用して遺伝子を破壊した。

結果は、OsCpn60 β 1 破壊イネが白色 (アルビノ) の葉をつけ、苗が死亡した。葉を電子顕微鏡で観察したところ、葉緑体が激しく破壊されていることがわかった。OsCpn60 β 1 は、葉緑体で発見され、OsCpn60 β 1 はさまざまな組織、特に緑色の組織で構成的に発現している。さらなる分析により、OsCpn60 β 1 変異体では光合成関連経路とリボソーム経路が明らかに阻害されたことが示された。

調査結果に基づいて、研究者たちは OsCpn60 β 1 がイネの葉緑体の分化に必須であると結論付けた。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [International Journal of Molecular Sciences](#)

いもち病抵抗性に関与する遺伝子を決めた

Sichuan Agricultural University の研究者たちは、イネいもち病菌 (*Magnaporthe oryzae*) に対するイネの耐性に関与している可能性のあるフェロニア様受容体 (FERONIA-like receptor、FLR) をコードするイネ受容体様キナーゼ (RLK) FERONIA 遺伝子を報告した。調査結果は、*BMC Phytopathology Research* で公開されている。

これまでの研究では、RLK フェロニアがシロイヌナズナの免疫系で機能することが示されている。イネの耐病性の発現におけるこれらの遺伝子の可能性を探究するために、16 個の FLR 遺伝子がイネいもち病のさまざまな品種間でのいもち病感染に応答していることが観察された。CRISPR-Cas9 を使用して、各遺伝子に対して 2 つの独立した変異体を作成された。いもち病判定で FLR1 と FLR13 の遺伝子の変異体が感受性の増加を示したのに対し、FLR2 と FLR11 の変異体は耐性の改善を示したことを明らかにした。さらに、FLR1 変異体はイネいもち病の進行を促進し、FLR2 変異体は防御関連遺伝子の発現変化に関連して疾病遅延を示す可能性がある。

結果は、FLR1、FLR13、FLR2、および FLR11 がイネいもち病抵抗性に不可欠であることを示している。

研究論文は以下のサイトをご覧ください。 [Phytopathology Research](#)

植物育種における革新

USDA は、ゲノム編集ダイズは、規制不要とした

米国農務省 (USDA) の動植物健康検査サービス (APHIS) は、Calyxt 社の高オレイン酸低リノレン酸 (HOLL) [ダイズ](#) を規制対象外とした。これは、[ゲノム編集](#) ダイズが 2 年後に米国市場で利用可能になることを意味する。

HOLL ダイズは、TALEN[®] テクノロジーを使用して開発されたものである。TALEN[®] は Transcription Activator-Like Effector Nuclease の略で、植物の遺伝子を特異的標的に望ましい形質の選択と育種を促進するように設計された育種技術である。HOLL ダイズは、まだ開発段階にある第 2 世代の製品であり、安定性の向上や心臓の健康保持に良い油の生産などの特性を備えている。

開発者への文書の中で、USDA APHIS の Biotechnology Regulatory Services (BRS) は、5 つの標的遺伝子が削除された元の大豆植物の遺伝物質のみが含まれているため、ゲノム編集ダイズを規制対象外のものと見なした。規制されていないが、BRS は、意図的に導入された遺伝物質を含むゲノム編集ダイズの偶発的な放出は規制違反であり、懲戒に値する可能性があることを開発者に念押しをした。

ニュースリリースは以下のサイトをご覧ください。[USDA](#) また詳しくは、以下のサイトをご覧ください。[Calyxt](#)

異種遺伝子なしのゲノム編集を植物で行うためにウイルスを使用

[ゲノム編集](#) における異種遺伝子を排除するための基礎研究が *Nature Plants* に報告されている。University of California Davis とカリフォルニア大学デービス校と University of Minnesota の研究者は共同で、植物に直接遺伝子変異を誘発するためにウイルスを送達媒体として使用した研究を行った。

ゲノム編集に関するほとんどの植物生物学研究では、CRISPR-Cas9 システムを介した遺伝子導入を仲介するためにアグロバクテリウムを使用している。そのような場合、遺伝的突然変異は達成されますが、継代分離されない限り、導入異種遺伝子は残る。

「私たちが使用したウイルスは RNA ウィルスなので、ゲノムに組み込まれることはない」と UC Davis の植物生物学 Savithramma Dinesh-Kumar 教授は述べた。「種子が形成されると、それらは完全にウイルスを含まないので、入れたものの足跡はありませんが、

望ましい突然変異は残る。」

チームの次のステップは、植物のゲノムとシングルガイド RNA を一緒に切り取り、編集するために使用される酵素を運ぶウイルスを操作する方法を見つけることである。この謎が解ければ、より良い作物を育てる新しいシステムの開発につながる可能性がある。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [UC Davis](#)

植物のための多機能ゲノム編集方法が報告された

中国科学院の専門家は、植物での多機能ゲノム編集を可能にする単一システム (SWISS) によって誘発される [CRISPR](#) 同時およびワイド編集と呼ばれる新しい手法を導入した。SWISS の詳細な説明は、*Genome Biology* に掲載されている。

この新しい方法では、crRNA 足場で設計された RNA アプタマーが、シチジンデアミナーゼおよびアデノシンデアミナーゼと融合した同族結合タンパク質を Cas9 ニッカーゼターゲットサイトに動員し、多重化された塩基編集につながります。ペアの sgRNA を使用すると、SWISS はベース編集に加えて挿入または削除を引き起こす可能性があります。この方法をイネで試験するとき、生成された変異体は、25.5% のシトシン変換、16.4% のアデニン変換、52.7% の挿入欠失 (indels)、7.3% の同時三重突然変異の効率を示しました。

試験に基づくと、SWISS システムは植物の多機能ゲノム編集の強力なツールである。

詳しくは、公開論文を以下のサイトをご覧ください。 [Genome Biology](#)
