



## 遺伝子組換え作物の最新動向 2020年8月

### コロナウイルス最新情報

- 国際研究チームは、SARS-COV-2 の進化の起源を同定
- SARS-COV-2 には、6 つの株がある
- 植物由来の SARS-COV-2 抗原に対するヒト免疫システムの反応
- COVID-19 ウイルス用点鼻スプレーを開発

### ニュース

- キューバは、GMOS 使用のための規制委員会を設立する法律を可決
- ドイツの研究者たちがヨーロッパ産トウモロコシの遺伝子を解読
- 光合成の革新で高収量化と水節約を第三革新技術で達成
- GM 食品が不妊症を引き起こさない証拠
- インドでの BT ナスの圃場試験推進活動グループ

### 研究のハイライト

- 植物の草丈を決める遺伝子が決定された
- パンジャブ州全体の BT ワタ圃場の調査では、CRY タンパク質 (CRY PROTEIN) の蓄積量にばらつきが見られることが明らかになった

### 育種に関する革新技術

- カリフォルニア大学デービス校の科学者は、生産する子牛の 75% を雄化する技術に CRISPR 技術を使用
- CRISPR-CAS9 はコメの小穂分化に光を当てた
- 最も大きく、最も複雑な CRISPR システムを地図上に表示
- イネの病害抵抗性の開発に使用できるゲノム編集の戦略をレビュー

## コロナウイルス最新情報

### 国際研究チームは、SARS-CoV-2 の進化の起源を同定

中国、ヨーロッパ、米国の国際研究チームは、[COVID-19](#) パンデミックの原因となったウイルスである [SARS-CoV-2](#) を生み出した系統が、数十年前からコウモリの中で循環しており、ヒトに感染する能力を持つ他のウイルスも含まれている可能性が高いことを発見した。

研究チームは、組換え、系統発生学、ウイルスのサンプリング、分子およびウイルスの進化に関する専門知識を結集して、SARS-CoV-2 が属するウイルスの系統が、約 40~70 年前に他のコウモリウイルスから分岐したことを発見した。SARS-CoV-2 は、2013 年に中国雲南省のカブトコウモリ (horseshoe bats, *Rhinolophus affinis*) から採取された RaTG13 コロナウイルスと遺伝的に類似している (約 96%) が、研究チームの重要な貢献は、これが RaTG13 から 1969 年に分岐したことを発見したことである。研究チームはまた、SARS-CoV-2 が近縁種と共通している古い形質の 1 つに、Spike タンパク質上に位置する受容体結合ドメイン (RBD) があり、これによってウイルスがヒト細胞表面の受容体を認識して結合することを可能にしていることを発見した。

グラスゴー大学の計算ウイルス学 (computational virology) の David L. Robertson 教授は、このことは、ヒトに感染する可能性のある他のウイルスが中国のカブトコウモリで循環していることを意味していると述べた。さらに、SARS-CoV-2 の RBD 配列は、これまでのところ数種類のセンザンコウ (pangolin) ウイルスでしか発見されておらず、SARS-CoV-2 のヒトへの感染能力は、SARS-CoV-2 ウイルスの近縁種である別のコウモリではまだ確認されていないと付け加えた。Robertson 氏はさらに、カブトコウモリが SARS-CoV-2 のヒトへの感染を促進する中間宿主として作用した可能性はあるが、コウモリウイルスがヒトに感染するためにはカブトコウモリへの感染が必要であることを示唆する証拠は存在しないと説明している。研究チームは、SARS-CoV-2 がヒトとセンザンコウの両方の上気道で複製する能力を進化させた可能性を示唆している。

詳しくは以下のサイトのニュースをご覧ください。 [University of Glasgow website](#)

---

### SARS-CoV-2 には、6 つの株がある

ボローニャ大学の研究では、COVID-19 パンデミックの原因となったウイルスである [SARS-CoV-2](#) は、少なくとも 6 つの株があることを示している。変異にもかかわらず、このウイルスはほとんど変化をしめていない。これは実用的なワクチンに取り組んでいる研究者に歓迎される良いニュースである。SARS-CoV-2 の配列決定に関するこれまでで最も大規模な研究は、世界中の研究者によって分離された 48,635 個のコロनावirus ゲノム ([genomes](#)) の解析から導き出されたものである。

現在、コロナウイルスには 6 つの株がある。元々のものは、2019 年 12 月に中国の武漢で出現した L 株。その最初の突然変異である S 株は、2020 年の初めに登場した。2020 年 1 月中旬以降、V 株と G 株が登場した。2020 年 2 月末までに、最も広く拡がっている G 株が GR 株と GH 株に変異した。研究者によると、G 株とその関連株 GR と GH は圧倒的に拡がっており、分析し

た全遺伝子配列の 74%を占めている。これらの株には 4 つの変異があり、そのうちの 2 つはウイルスの RNA ポリメラーゼとスパイク蛋白質の配列が変わっている。この特徴がウイルスの拡散を促進していると考えられる。

G 株と GR 株は、ヨーロッパとイタリアで最も頻度が高い。しかし、GH 株はイタリアでは非存在に近く、フランスやドイツではより頻繁に発生している。北米では GH 株が最も多く、南米では GR 株が多い。武漢 L 株が最初に出現したアジアでは、G、GH、GR の拡散が進んでいる。これらがアジアに上陸したのは欧州での拡散から1ヶ月以上経過した3月上旬のことである。世界的に見て、G、GH、GR 株は増加の一途をたどっている。S 株は、米国とスペインの一部の限定された地域で確認されている。L 株と V 株は徐々に消滅しつつある。

詳しくは以下のサイトのニュースをご覧ください。 [University of Bologna website](#)

---

## 植物由来の SARS-CoV-2 抗原に対するヒト免疫システムの反応

南アフリカの研究チームは、COVID-19 パンデミック ([COVID-19](#)) の原因ウイルスである [SARS-CoV-2](#) に対する防御免疫を理解し、血清有病率を測定するために、植物由来の組換えウイルスタンパク質を用いた血清学的アッセイを開発した。COVID-19 患者では抗体反応が記憶されており、良好な結果が得られた。

研究チームは、タバコ植物 (*Nicotiana benthamiana*) で発現している SARS-CoV-2 のスパイクタンパク質の S1 と受容体結合ドメイン (RBD) 部分を用いて、軽度から中等度の症状を示した COVID-19 陽性患者 77 人の抗体反応を測定するための間接酵素結合免疫吸収測定法 (ELISA) を確立した。S1 に対する反応性は 66% の患者で記録され、RBD に対する反応性は 62% の患者で検出された。また、市販の ELISA を用いて S1 特異的抗体を有すると同定されたサンプルの 100% が検出されたことも確認された。

また、バンクに保管されているヒトサンプル 58 例のパンデミック前の血漿反応性を用いて、開発した ELISA と市販の測定法の性能を比較しました。その結果、開発した ELISA を用いると SARS-CoV2 に対して高い特異性を示すことができた。最後に、開発した ELISA 法が SARS-CoV-2 特異的 IgG および IgA を唾液中に検出できるかどうかについても検証したところ、両方の抗体が回復期のボランティアの唾液中に検出されました。研究チームは、植物由来の組換え SARS-CoV-2 タンパク質は体液性反応によって強く検出されると結論付けた。

また、バンクに保管されているヒトサンプル 58 例のパンデミック前血漿の反応性を用いて、開発した ELISA と市販の測定法の性能を比較した。その結果、開発した ELISA を用いて SARS-CoV2 に対して高い特異性を示すことができた。最後に、開発した ELISA 法が SARS-CoV-2 特異的 IgG および IgA を唾液中に検出できるかどうかについても検証したところ、両方の抗体が回復期のボランティアの唾液中に検出された。研究チームは、植物由来の組換え SARS-CoV-2 タンパク質は体液性反応によって強く検出されると結論付けた。

報告の全文を以下のサイトをご覧ください。 [medRxiv](#)

---

## COVID-19 ウイルス用点鼻スプレーを開発

カリフォルニア大学サンフランシスコ校は、これまでに発見された中で最も強力な [SARS-CoV-2](#) 抗ウイルス剤の一つである点鼻スプレーの開発に成功した。AeroNabs として知られているこの抗ウイルス剤は、ワクチンが利用可能になるまでの間、COVID-19 ウイルス対応作用が期待されている。この抗ウイルス剤の性能は、[bioRxiv](#) に掲載されている。

本発明者らは、AeroNabs を個人用保護機材(PPE)の分子形態であると説明しており、マスクやスーツなどの着用可能な形態の PPE よりもはるかに効果的であるとしている。開発者チームは、生化学、細胞生物学、ウイルス学、構造生物学の分野の専門家で構成されている。AeroNabs の開発は、ナノボディ、すなわち、ラマやラクダなどの動物に自然に存在する抗体様免疫タンパク質にヒントを得ている。研究者によると、ナノボディは人間の免疫系の抗体に似ていますが、より小さく、ユニークな特性を持っているため、SARS-CoV-2 に対する有効な治療薬となる。例えば、ナノボディのサイズが小さいため、実験室での操作や変更が容易である。小さいサイズはまた、それらを哺乳類の免疫系の他の抗体よりも安定したものになっている。ナノボディを構築するための分子設計図を持つ遺伝子を微生物に挿入し、その微生物が高出力のナノボディ生産の場として機能するようにするなど、安価な方法でナノボディを容易に大量生産することができる。この技術は、数十年前からインスリンの製造に成功裏に用いられている。

本発明者らは、AeroNabs の製造および臨床試験を進めるために、商業パートナーと協議中である。

詳細は、以下のサイトをご覧ください。 [bioRxiv](#) と [Science Blog](#)

---

## ニュース

### キューバは、GMOS 使用のための規制委員会を設立する法律を可決

キューバは、[遺伝子組換え生物](#) (GMO) の使用を規制するための委員会を設立する政令を公表した。Ministerio de Ciencia, Tecnología y Medio Ambiente (CITMA) は、キューバの農業部門のすべての活動に適用され、同時に国家の利益を考慮しながら、遺伝子組換え作物 ([GMOs](#)) を規制する上で一貫性のある包括的な意思決定プロセスがあることを確認するために、新しい委員会を取り仕切る。

法律は、科学、技術、イノベーション、大学、民間企業、政府および国家機関の参加を促進しながら、遺伝子組換え作物の研究、開発、生産、使用、輸入、輸出を規制することを目的としている。この法律はまた、すべての GMO 関連の活動は、実施時に十分なリスク評価、予防措置、透明性、十分なコミュニケーション ([communication](#))、倫理的責任を持つことを強制している。また、独自の差別化された GMO トレーサビリティと表示 ([labeling](#)) システムの開発も求められており、これは製品の商業化に先立って実施されなければならない。

この法律は、科学的で実行可能な評価方法を用いて、環境と生物学的安全性に基づいた構造を構築し、首尾一貫した透明性のある承認システムを構築することを意図している。また、バイオセーフティに関するカルタヘナ議定書 ([Cartagena Protocol on Biosafety](#) や CODEX Alimentarius) のような既存の国際的な文書とキューバの慣行を調和させる。これは、持続可能な農業開発を促進し、従来の農業を補完するために遺伝子組換え技術を利用する政府の対応である。

ニュースリリースの全文を以下のサイトでご覧下さい。 [CITMA](#)

---

## ドイツの研究者たちがヨーロッパ産トウモロコシの遺伝子を解読

ドイツの様々な機関の研究者が、ヨーロッパ産トウモロコシのゲノム解読に初めて成功した。研究者たちは、最新の配列決定技術とバイオインフォマティクスのアプローチを用いて、4つの異なるヨーロッパ産トウモロコシの系統を分析した。北米産の2つの系統と比較したところ、これらの系統の遺伝的内容とゲノム構造には、数百年から数千年の遺伝的分離の後に、大きな違いがあることがわかった。

コロンブスは、アメリカ大陸からヨーロッパにトウモロコシをもたらした。トウモロコシは、指示された育種と淘汰によって新しい生育環境と気候に適応し、最終的には世界中に広がった。今日のトウモロコシの系統は、見た目の違いだけでなく、ゲノムにも多くの違い(遺伝子の有無や構造的な違い)が含まれている。2009年には、北米のトウモロコシ「B73」のゲノムが配列決定された。しかし、この参照配列は、全世界のトウモロコシゲノム(パンゲノム)のごく一部をカバーしているに過ぎず、ヨーロッパの系統の基準としての利用は限られている。

いわゆる「ノブ、knob」領域(トウモロコシのDNA内のクロマチンが凝縮された領域)は、これらのトウモロコシ系統で大きく異なっている。ノブ領域は隣接する遺伝子に影響を与え、ノブ領域がより顕著な領域では、周囲の遺伝子を読み取ることができない。その結果、遺伝的機能が失われてしまう。研究者らは、遺伝子の内容の違い、遺伝子の調節、ノブ領域の影響がヘテロシス効果を引き起こすのではないかと仮説を立てた。ヘテロシスは、交雑種の子孫が親世代よりも著しく大きくなり、高い収量を生み出す場合に出現する。

親世代の特定の遺伝子が特定の領域に存在しなかったり、読み取れなかったりすると、子孫の茎長にも影響を与える。必要な遺伝因子を含む植物との交配により、次の世代でその欠陥を補うことができ、結果としてより大きな植物をより高い収量で生産することができる。長い間育種に利用されてきたが、ヘテロシスの遺伝的・分子的基盤はまだ完全には解明されておらず、研究者らは次のステップでその仮説を検証していくことになる。

詳細な内容は、以下のサイトにあるニュースをご覧下さい。 [Helmholtz Zentrum München website](#)

---

光合成の革新で高収量化と水節約を第三革新技術で達成



University of Essex の科学者たちは、*Nature Plants* 誌に発表された新しい研究結果にあるように研究プロジェクト「光合成効率上昇、Realizing Increased Photosynthetic Efficiency (RIPE)」を通じて、2 つの主要な光合成のボトルネックを解決し、実際の圃場条件で植物の生産性を 27% 向上させた。この光合成の革新で水を節約できることも示された。何が光合成を制限しているのかを知るために、研究者たちは光合成の 170 のステップのそれぞれをモデル化し、植物がより効率的に糖を製造する方法を特定した。研究チームは、光合成の最初の部分で植物が光エネルギーを化学エネルギーに変換する部分と、二酸化炭素を糖に固定する部分の 2 つの制約を解決することで、作物の成長を 27 パーセント増加させた。

2 つの光合成システムの中で、太陽光を取り込んで化学エネルギーに変換し、それを光合成の他のプロセスに利用することができる。プラストシアニンと呼ばれる輸送タンパク質が電子を光合成系内に移動させるので、このプロセスの燃料源となっている。しかし、プラストシアニンは光合成系内のアクセプタータンパク質との親和性が高いため、電子を効率的に往復させることができなかった。この最初のボトルネックは、藻類でも同様の機能を持つ、より効率的な輸送タンパク質であるチトクロム c6 を加えることで、プラストシアニンが負荷を分担できるようにすることで解決された。プラストシアニンは銅を必要とし、チトクロムは鉄を必要とする。藻類は、これらの栄養素の利用可能性に応じて、この 2 つの輸送タンパク質を選択することができる。

同時に、研究チームは、二酸化炭素が糖に固定されるカルビン・ベンソンサイクルの光合成のボトルネックである SBPase と呼ばれる重要な酵素の量を増やすために別の植物種やシアノバクテリアから追加の細胞機能を借りて、光合成のボトルネックを改善した。この 2 つの改良を組み合わせると、温室内では作物の生産性が 52% 向上し、実際の栽培条件では作物の生育が最大 27% 向上することが示された。

詳しくは、以下のサイトにある論文をご覧ください。 [RIPE website](#)

---

## GM 食品が不妊症を引き起こさない証拠

[遺伝子組換え](#) (GM) 植物が不妊指数に与える潜在的な影響を調べるために、公表されている文献の系統的なレビューを行った。利用可能なオンライン文献に基づいて、レビュアーは、[遺伝子組換え作物](#) は不妊の原因にはならないという結論に達した。英語で書かれた重複しないオンライン出版物 1,467 件を選び、3 名の研究者が独自に審査した。要旨のスクリーニングと全文レビューの結果、関連する 39 の出版物が特定され、7 つの出版物がさらに評価された。論文の質の評価には、STROBE チェックリストを用いた。質の評価により除外された論文はなかった。

文献の系統的なレビューに基づいて、[GM 製品](#) は不妊指数だけでなく、妊娠指数にも悪影響を及ぼさないことが判明した。著者らは、レビューの結果をさらに確立するためには、長期的な研究が必要であると勧告した。

出版されたレビューの全文は、以下のサイトにある。 [Hindawi](#)

---

## インドでの BT ナスの圃場試験推進活動グループ

インド種子産業連盟 (FSII) のグループである Alliance for Agri Innovation (AAI) は、[インド](#)での [Bt ナス](#) の圃場試験を許可するよう中央政府と州政府に求め、Madhya Pradesh、Karnataka、Biha、Chhattisgarh、Jharkhand、Tamil Nadu、Odisha と West Bengal の農務省と首席大臣に書簡を送り、この問題に注意を喚起した。

現在行われている圃場試験中の Bt ナスは、2020 年 5 月に遺伝子工学評価委員会 (GEAC) で承認され、ICAR-国立植物バイオテクノロジー研究所が開発したもので、インド企業にライセンスして商業化している。この技術は、GEAC の承認を受けたにもかかわらず、インドではモラトリアム状態に置かれていた Bt ナス技術とは異なる。

FSII-AI の Ram Kaundinya 事務局長は、「ナスは野菜の中で最も農薬を消費する作物の一つである。農家はナスの 1 シーズンに 25 回以上の農薬を噴霧する。致命的な果実とシュートのメイガは、[農家](#)にとって脅威であり、その幼虫はまた、感染したナスを介して入ってくる。Bt 技術でこれを制御することで、農家の収入を確保し、環境への農薬負荷を減らし、消費者に農薬や虫のいないナスを提供することになる。国立研究所が開発した独自技術は、現場で試験をしなければならない。

詳しくは以下のサイトにある論文をご覧ください。[AgriculturePost](#)

---

## 研究のハイライト

### 植物の草丈を決める遺伝子が決定された

科学者たちは、イネの草丈に関係する 2 つの重要な [遺伝子](#) を特定することができ、[イネ](#) だけでなく、同じ遺伝子を持つ他の作物でも、望ましい草丈と収量の形質を持つ品種の育種の可能性を切り開くことができた。

研究者たちは、深水型水稻品種と浅水型水稻品種の 2 つの研究を行い、両方とも温室下で研究を行った。その結果、2 つの重要な遺伝子を特定することができた。まず、深水型水稻では、水に浸かるとスイッチが入り、茎の細胞分裂を刺激して植物を成長させる「間節伸長促進因子 (ACE1)」が発見された。これが浅水型品種では変異していることがわかった。もう一つは、茎の成長を抑制する「節間伸長抑制因子 (DEC1)」である。これは、浅水型では水没しても活性を示すが、深水型では洪水にさらされると発現が停止することがわかった。科学者たちは、この 2 つの遺伝子を植物の草丈のスイッチと命名した。

もう一つの興味深い事実は、この 2 つの遺伝子はイネだけでなく、[サトウキビ](#)、大麦、草の *Brachypodium distachyon* など他の植物にも存在しているということである。ACE1 は、[トウモロコシ](#) にも存在し、トウモロコシには DEC1 と同等の遺伝子がある。今回の遺伝子の発見は、[気候変動](#) がもたらすストレス要因に強い植物品種の開発につながる可能性がある。その可能性は、すでに季節的な洪水に適応した低収量品種の改良品種の開発から、洪水に耐えられる高収量短品種の改良品種の開発まで多岐にわたる。

全文は、以下のサイトでご覧下さい。 [Nature](#)

---

パンジャブ州全体の BT ワタ圃場の調査では、CRY タンパク質 (CRY PROTEIN) の蓄積量にばらつきが見られることが明らかになった

[パキスタン](#)と [中国](#)の研究者は、パキスタンのパンジャブ州の全綿花栽培地区を対象に、[Bt ワタ](#)の検出、同定、定量化を目的とした生物物理学的調査を実施した。その結果は、*GM Crops and Food* 誌に掲載されている。

調査には、合計 400 人の綿花生産者とその圃場が含まれている。Bt ワタの生産状況についての質問を受け、各圃場で 25 の抜き取り試験を実施した。10,000 サンプルのうち、9,682 サンプルが Bt と [農業者](#)が表示していたが、310 サンプルが非 Bt であった。抜き取り試験に基づき、1,009 サンプルが偽陰性 (Bt と申告したが Bt ではなかった)、87 サンプルが偽陽性 (非 Bt と申告したが Bt であった) であった。約 53 サンプルが Cry2Ab、214 サンプルが EPSPS、Vip3Aa、[遺伝子](#)が陽性であったが、Vip3Aa 遺伝子が陽性ではなかった。Cry エンドトキシンの定量化およびバイオアッセイ研究により、Bt タンパク質の発現は、異なる群落や結実部分の間で有意に変動していることが示された。また、Cry エンドトキシンの発現や昆虫死亡率も品種間で大きく変動していた。これらの結果から、研究者らは、Bt ワタにおける Cry タンパク質の蓄積は、遺伝学、生育期のサンプリング時期、地理的条件、気候条件、農学的慣行に大きく影響されると結論づけた。

詳しくは以下のサイトにある論文をご覧ください。 [GM Crops and Food](#)

---

## 育種に関する革新技術

カリフォルニア大学デービス校の科学者は、生産する子牛の 75% を雄化する技術に CRISPR 技術を使用

カリフォルニア大学デービス校の科学者たちは、より多くの雄の子を産むように胚に [ゲノム編集](#)して雄牛を産むことに成功した。コスモと名付けられたこの雄牛が 2020 年 7 月 23 日に開催される米国動物科学学会でポスター発表された。

[CRISPR](#) 技術を用いて、研究者は特定の [ゲノム](#) に標的となる切り口を作ったり、有用な [遺伝子](#) を挿入したりするが、これは遺伝子ノックインと呼ばれている。コスモの場合、科学者たちは雄の発生を開始させる役割を持つ遺伝子であるウシの SRY 遺伝子をウシの胚に挿入またはノックインすることに成功した。これは、ウシの胚を媒介とした [ゲノム編集](#) を介して、大きな配列の DNA を標的とした遺伝子のノックインを行った最初の実証である。

SRY 遺伝子が、ウシの 17 番染色体に挿入され、これがゲノム上での安全な挿入サイトであることも確認した。これは、遺伝的要素が予測通りに機能し、隣接する遺伝子の発現または調節を乱さないことを保証していることになる。雄のみを生むことになる X 染色体に遺伝子をノックイン



する試みが失敗したため、17 番染色体が選択された。コスモは 75%の雄牛の子孫を産むと予想されており、通常の 50%の XY 牛と、さらに 25%の SRY 遺伝子を受け継ぐ XX 牛の子孫を産むことになる。

「この SRY 遺伝子を受け継いだコスモの子孫は、Y 染色体を受け継ぐかどうかに関わらず、成長してオスのようになると予想しています」と、UC Davis 動物科学科の動物遺伝学者 Alison Van Eenennaam 氏は述べている。彼女によると、雄牛をより多く生産しようとする動機の一部は、雄牛の方が飼料を体重増加に変換する効率が約 15% 高く、雌牛よりも飼料効率が良いことで、さらに、雄牛はより重い体重で処理される傾向にある。

詳しくは、以下のサイトにあるニュースをご覧ください。 [UC Davis News](#)

---

### CRISPR-CAS9 はコメの小穂分化に光を当てた

中国国立イネ研究所の研究者らは、[CRISPR-Cas9](#) を用いて、MORE FLORET 1 がイネにおける器官の特性と小穂の機能性の調節に重要な役割を果たしていることを明らかにした。この知見は Plant Physiology 誌に報告されている。

イネの小穂は独特の花序構造を示しており、その発生のメカニズムは不明な点が多い。研究者らは、小穂の形成を制御することが穀物収量に影響を与える可能性があると考えている。そこで、Deyong Ren 氏と研究チームは、劣性小穂変異体 more floret 1 (mof1) を同定し、その特徴を明らかにした。mof1 変異体は、小穂から花形メリステムへの移行の遅れを示し、これには余分な外花穎 (Lemma) 様器官や内花穎 (Palea) 様器官の発達が含まれていた。さらに、内花穎 (Palea) の本体は縮小し、不稔な外花穎 (Lemma) は拡大し、部分的に外皮の同一性を獲得した。研究チームは、マップベースのクローニングにより MOF1 遺伝子を同定し、CRISPR-Cas9 ゲノム編集を用いて、相補的に新しい MOF1 対立遺伝子を生成することで、その遺伝子を確認した。

詳しいことは以下のサイトの論文を御覧ください。 [Plant Physiology](#)

---

### 最も大きく、最も複雑な CRISPR システムを地図上に表示

University of Copenhagen の研究者らは、新しい研究で、最大かつ最も複雑な [CRISPR](#) システムをマッピングし、解析した。研究者らは、いわゆる III-B 型 CRISPR-Cas 複合体のサブグループに属する Cmr-β と呼ばれる複合体を研究した。研究者らは、このシステムが生物医学やバイオテクノロジーに応用できる可能性があると考えている。

今回の研究では、免疫系における Cmr の役割を研究し、フェージに対する免疫応答の背後にあるメカニズムと、それがどのように調節されているかを掘り下げた。「私たちの発見は、理学部の She 氏グループとの共同研究で、III 型複合体の多様な防御戦略を浮き彫りにしました。また、複合体の活性を制御していると思われる Cmr7 と呼ばれるユニークなサブユニットを同定し、さ

らに、それが将来的なウイルスの抗 CRISPR タンパク質から防御する可能性があると考えている。」と共著者の Nicholas Heelund Sofos 氏は述べている。

ここでマップされた Cmr システムは、多くのことが出来できるが中でも一本鎖 RNA と DNA を削除することができる; これは、CRISPR-Cas9 のような [ゲノム編集](#) に使用することは非常に困難であった。つまりこれは大きすぎて複雑である。しかし、将来的には、細菌の免疫応答を理解する鍵となるだろうし、抗生物質耐性との戦いにも使えるようになるだろう。

詳しくは、以下のサイトにある論文を御覧下さい。 [University of Copenhagen website](#)

---

### イネの病害抵抗性の開発に使用できるゲノム編集の戦略をレビュー

中国農業科学院の研究者とその共同研究者が、イネの病害抵抗性向上のために使用されている現在の [ゲノム編集](#) 戦略をレビューした。論文は *Rice Science* journal に掲載されている。 [イネ](#) は世界人口の 3 分の 2 の主食である。その農業生産性は、新興の害虫や植物病原体によってリスクにさらされ続けており、作物の収量と品質の低下につながり、世界の食糧安全保障に影響を与えている。伝統的な育種方法とゲノム編集ツールの出現により、イネの改良の将来は有望視されている。そこで、研究者らは、ゲノム編集がどのように病気の抵抗性を改善したかについて、出版されたものを集めた。

レビュー論文によると、 [CRISPR-Cas9](#) は、細菌、真菌、ウイルス病に対する抵抗性が改善されたイネ品種の開発において、最も強力なゲノム編集ツールの一つとなっている。近年、より多くの Cas9 変異体 (Cas9-VQR、Cas9-VRER、Cpf1-RR、Cpf1-RVR、SaCas9) が開発され、正確なゲノム改変を可能にする新規な核酸塩基編集ツールやリボ核タンパク質を介した DNA フリーのゲノム編集が出現したことは、イネの病原体特異的な免疫力を効果的に向上させることができる将来の戦略の開発に大きな期待が持てることを示している。

レビュー論文は以下のサイトでご覧下さい。 [Rice Science](#)

---