



遺伝子組換え作物の最新動向 2020年4月



ニュース

- University of Connecticut 生物医学工学部 (UCONN) の研究者が COVID-19 の簡易低コストの CRISPR ベースの診断テストキットを開発
- 遺伝子組換え生物に関する事実を明らかにすることが気候変動に懐疑的な考えを変えるのに役に立つ
- 遺伝子多重 (スタッキング) 手法は、世界で拡大し続けている
- 遺伝子組換え (GE) 作物の継続的な導入は、従来種との共存が実現可能であることを確認している
- インドの専門家が栄養価の高い早魃耐性のヒヨコマメを開発
- 国際研究チームがフザリウム赤カビ病抵抗性コムギを開発に向けての遺伝子を発見
- スペインの研究者は植物で SARS-COV-2 ワクチンを生産するためにバイオテックを活用
- 世界 5 か国でバイオテック作物の 90% 以上を生産
- 新規な急速に生育するタバコ技術を用いた COVID-19 ワクチンの開発
- 科学は語る (*Science Speaks*) というブログを国際アグリバイオ事業団 (ISAAA) が立ち上げた

研究のハイライト

- 植物が温度感知する新しいメカニズムが分かった
- 野生コムギで発見されたうどんこ病耐性の新しい情報源
- 国際チームがワタ品種を改良するためのワタゲノミックス研究を完了

植物育種における革新

- イネとコムギの麦の新規ゲノム編集 (プライム編集) を最適化
- CRISPR-CAS9 を使った通常のトウモロコシのもち種への変換
- CRISPR-CAS9 に代わる CAS-CLOVER

ニュース

University of Connecticut 生物医学工学部(UCONN)の研究者が COVID-19 の簡易低コストの CRISPR ベースの診断テストキットを開発

University of Connecticut 生物医学工学部(UCONN)の研究者が新しいコロナウイルス(SARS-CoV-2)を含む感染症を検出するための新しい低コストの CRISPR ベースの診断テストキットの開発に取り組んでいる。Changchun Liu 准教授は自宅または小さなクリニックで使える「All-In-One-Dual CRISPR-Cas12a」(AIOD-CRISPR)法を開発した。

「最近の新しいコロナウイルスの発生は世界中で急速に広がっている。」と Liu 氏は述べている。「SARS-CoV-2 ウイルスを迅速かつ早期に検出することで、早期の介入が容易になり、疾患の伝染リスクが軽減される。この方法は、次世代のポイントオブケア分子診断法として大きな可能性を秘めている。」とも述べている。

ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)法は現在、疾患診断の「ゴールドスタンダード」と見なされていますが、高価な装置とよく訓練された要員が必要である。Liu 氏の方法は、PCRとは異なり、一定温度(〜37° C)で行い、他の等温増幅技術とは異なり、感度と特異性が優れている。Liu 氏の研究室では、AIOD-CRISPR システムで SARS-CoV-2 および HIV の RNA 及びそれらの DNA の検出に成功した。さらに、この方法は、ヒト血漿サンプルから抽出された HIV-1 RNA を検出することで評価され、PCR 法と同等の結果が得られている。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。[UConn Today](#) この研究の論文は以下のサイトから入手できる。[BioRxiv preprint platform](#)

遺伝子組換え生物に関する事実を明らかにすることが気候変動に懐疑的な考えを変えるのに役に立つ

すぐに入手できる事実が環境政策の方向に与える影響および科学への信頼やそのメッセージの発信元への信頼などの要因がどのように抑制的に働くかに関する研究が発表された。結果は、元々科学的メッセージとその方向性と矛盾していた人が、科学的情報を得ることでその主なる科学的見解が政策の選定に大きな変化をもたらしたことを示した。

この研究は、情報処理のベイズモデル(Bayesian モデル)に基づいており、ドイツと米国の気候変動と遺伝子組換え生物(GMO)の政策選択について 3,000 人の回答者の調査を使用して実施された。これは、情報を提供することは、証拠に基づく環境政策のサポートを増やすための非効率的方法であるという主張に対処するために設計されたものであり、政策伝達者のほとんどが推奨する方策である。

ベイズモデルで予測されたように、最初の結果には 2 つの傾向があった。第一は懐疑論者、または科学的メッセージに対して以前に対立する態度を持っていた回答者は、科学的メッセージを受け取った後、主流の「科学的見解」にシフトした。一方、信奉者、または態度がすでに科学的メッセージに沿っている回答者は、好みの変化を最小限に抑えました。これは、科学的情報の提供が科学的コンセンサスに向けた政策選択に影響を与える可能性があるという証拠になっている。

研究者によると、彼らの見つけたことは環境政策のコミュニケーションに影響を与えるものである。

彼らは、政策情報を提供することは、特に科学的コンセンサスについての対立する態度がそもそも弱かった懐疑者にとって、政策の選択を変えるのに効果的であると述べている。彼らはまた、科学への信頼とメッセージの発信元への信頼は、情報の受け渡し方法を変えるものではないようだと述べた。一般的に、彼らは科学コミュニケーションが主導的な科学的意見の受容性を決めるにあたり、国民に影響を与えることに貢献できると結論した。

要旨は、以下のサイトにある。[Environmental Politics](#) また、この論文の著者は、詳細を以下のサイトに出している。[Genetic Literacy Project](#)

遺伝子多重(スタッキング)手法は、世界で拡大し続けている

遺伝子積重ね(スタッキング)バイオテク手法は、ゴールデンライス、ブルーローズ、SmartStax™などの多くの注目すべき製品をもたらした。遺伝子多重化とは何ですか、なぜバイオテク作物市場に「遺伝子多重化」があるのですか？バイオテクスタック(遺伝子多重化)の将来はどうなりますか？の疑問に答えている。

遺伝子多重化とは、対象となる 2 つ以上の遺伝子を単一の植物に組み合わせるプロセスを指す。このプロセスの結果として組み合わせられた特性は、スタック特性と呼ばれます。積み重ねられた特性を持つ遺伝子組換え作物品種は、遺伝子組換えスタックまたは単にスタックと呼ばれます。

2018 年には、合計 80.5 百万 ha にバイオテクスタックに栽培されたと推定されている。これは、世界中で栽培されている 1 億 9,170 万 ha のバイオテク作物の 42%以上を占めている。米国農務省は、2019 年に綿の栽培面積の 89%とトウモロコシのその 80%に遺伝子多重化種子を栽培したと推定した。

詳しくは、[ISAAA Pocket K No. 42](#) にある [Stacked Traits in Biotech Crops](#) をご覧下さい。また改定版の Pocket Ks には、Bt に関するものが以下のサイトにある。[Insect Resistance Technology](#), [Herbicide Tolerance Technology](#) 及び [Delayed Ripening Technology](#)

遺伝子組換え(GE)作物の継続的な導入は、従来種との共存が実現可能であることを確証している

2020 年の世界の人口は約 78 億人である。2050 年までに、世界の人口は 98 億人に達すると予測されている。人口が指数関数的に増加し、資源が減少し、気候変動が激化する中、食料安全保障を達成するためにさまざまな生産システムを導入することが求められている。したがって、異なる生産システムの共存は、一部の国では実行可能な選択肢になっている。

米国農務省は、共存を、消費者の好みと農家の選択に沿って、隣接する場所に在来型、有機、同一性を維持型、遺伝子組換え作物(GE)またはバイオテク作物を同時に植えることと定義している。従来の作物は非 GE 作物品種で、有機農産物の栽培基準に準拠していない。有機作物は国の有機規制に基づいて植えられている。同一性が保たれた(IP)作物は、育種ストックと同じ品質を保証している。GE 作物は、現代のバイオテクノロジー技術によって開発された種子を使用して生産されている。したがって、共存により、農家は最良の生産システムを選択し、これらの選択から

最大の価値を引き出すことができる。

GE 作物は 1996 年以来栽培されており、2018 年までに 26 か国ですでに 1 億 9,170 万ヘクタールが栽培されている。これらの国での GE 作物の継続的な栽培は、非 GE 作物とともに、共存が達成可能であることを確認している。

詳しくは、[ISAAA Pocket K No. 51](#) の [Coexistence of Biotech and Non-biotech Crops](#) をご覧下さい。また、[Pocket K No. 5](#) にある以下のサイトをご覧下さい。[Documented Benefits of GM Crops](#)

インドの専門家が栄養価の高い旱魃耐性のヒヨコマメを開発

ニューデリーに拠点を置く国立植物ゲノム研究所バイオテクノロジー部門、University of Hyderabad、Indian Institute of Pulses Research の専門家チームが耐旱魃性で高い鉄と亜鉛含有量を備えた遺伝子組換えの新しいヒヨコマメを開発した、

ヒヨコマメはインドの主要なタンパク質源である。モンスーン後に半乾燥地域にヒヨコマメが栽培される。したがって、定期的な水欠乏状態に耐えることができる高収量のヒヨコマメ品種の開発が不可欠である。ミネラル含有量を改善することも、栄養面での利益のために必要である。したがって、研究者たちは、根のサイトカイニンとして知られている植物成長物質のレベルを下げることで、種子に鉄と亜鉛を多く含む耐旱魃性のヒヨコマメ品種を開発した。

詳しくは以下のサイトをご覧下さい。[The Genetic Literacy Project](#)

国際研究チームがフザリウム赤カビ病抵抗性コムギを開発に向けての遺伝子を発見

米国農務省農業研究サービス(USDA ARS)の研究者と中国の Shandong Agricultural University の共同研究者は、世界中のコムギ作物にとって大きな脅威であるフザリウム赤カビ病(FHB)に耐性のあるコムギ品種の開発に使用できる遺伝子を発見した。FHB は穀粒を減らし、コムギとオオムギの収穫を大幅に減らす。さらに悪いことに、真菌の *Fusarium graminearum* によって生産される毒素は、ヨーロッパ、北アメリカ、および中国の穀倉地帯で問題が増大している。

研究者達は彼らの遺伝子 Fhb7 の発見とそのクローニングを Science 誌に発表した。Fhb7 は、サビ病耐性や干ばつ耐性などの有益な特性を持つコムギ品種を開発するために以前に使用された遺伝子で、これは、コムギの野生種である *Thinopyrum* ウィートグラスで発見されたものである。研究チームは、この遺伝子が病原体から分泌されたマイコキシンを解毒することによって FHB を効果的に減少させることを発見した。この遺伝子はまた、関連する病原体によって引き起こされるコムギの病気である根腐病に対する耐性も付与する。

彼らは遺伝子をクローン化し、異なる遺伝的プロファイルを持つ 7 つのコムギ栽培品種に導入して、野外条件下で栽培された植物への影響を研究した。結果は、この遺伝子が新しい植物に赤カビ病への耐性を与えるだけで収量やその他の重要な形質に悪影響を及ぼさないことを示した。

詳しくは、以下のサイトのニュースをご覧ください。[USDA ARS](#) 及び [Science](#)

スペインの研究者は植物で SARS-CoV-2 ワクチンを生産するためにバイテクを活用

農業ゲノミクス研究センター (CRAG) にあるスペイン研究会議 (CSIC) の María Coca 氏 と Juan José López-Moya 氏は、植物バイオテクノロジーとウイルス学の専門知識を利用して、ワクチンに使用する SARS-CoV-2 抗原を製造している。研究者たちは、植物のさまざまな発現システムを実験し、コロナウイルスの免疫学専門家を含むチームを結成する予定である。

げ

「私たちが提案する生産システムは、量産化の難しさや、抗原を分離して精製する必要性など、他のワクチン生産システムに関連するいくつかの問題を克服できる。植物システムには、他のヒトの病原体も含まれていない。時間とお金の面ではるかに少ないコストで安全に生産ができるようになる。」と María Coca 氏が述べている。

植物は、上等なタンパク質生産方法がない発展途上国でも簡単に育てることができるので、この世界的危機の大規模な解決策に貢献できる。CRAG の研究者たちは、植物由来の技術を、SARS-CoV-2 抗原の生産に適応できる他のプラットフォーム、たとえば抗真菌性化合物の生産に成功した急成長酵母培養などに適応させました。これらのアプローチにより、SARS-CoV-2 抗原は、数日で工業規模の生産ができる。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。[CRAG News](#)

世界 5 か国でバイテク作物の 90% 以上を生産

バイオテクノロジー作物の高い採用は 2018 年も続き、世界の 26 か国で 1 億 9,170 万ヘクタール植えられている。この面積は、前年の面積から 190 万ヘクタールまたは 1% 増加している。遺伝子組み換え作物の栽培上位 5 か国の平均採用率は増加し、飽和に近づいた。米国は 93.3% (大豆、トウモロコシ、キャノーラの平均)、ブラジルは 93%、アルゼンチンは 100% 近くでした。カナダは 92.5%、インドは 95% である。

遺伝子組換え作物を栽培している上位 5 か国は、合計 1 億 7,450 万ヘクタールの遺伝子組換え作物を栽培しており、これは全世界の総面積の 90% 以上に相当する。米国は 1996 年以来、遺伝子組換え作物の商業栽培において他の国を先導しており、2018 年には 7,500 万ヘクタールを生産した。ブラジルは、2 番目に大きく、開発途上国のトップの遺伝子組換え作物生産国は 5130 万ヘクタールを植えました。アルゼンチンは、世界で 3 番目に大きいバイオテクノロジー作物の生産者としてのランキングを維持し、2,390 万ヘクタールを植えた。2018 年にバイオテクノロジー作物の 4 番目に大きい生産国であるカナダは 1275 万ヘクタールを植え、インドでは 600 万人の農家が 1160 万ヘクタールの Bt 綿を植えた。

バイテク作物栽培面積上位 5 か国の近況は、以下のサイトをご覧ください。[Biotech Country Facts and Trends](#)

新規な急速に生育するタバコ技術を用いた COVID-19 ワクチンの開発

ブリティッシュアメリカンタバコ(BAT)は、新規な急速に生育するタバコ技術を用いた COVID-19 ワクチンの開発競争に参加している。BAT の米国のバイオテクノロジー子会社である Kentucky BioProcessing(KBP)は、COVID-19 のワクチンを開発中であり、現在、前臨床試験中である。BAT と KBP は、米国食品医薬品局(FDA)、米国生物医学高度研究開発局(BARDA)、英国の保健社会福祉省と緊密に連携している。

英国の Sky News 社の Ian King Live でのインタビューで、BAT のマーケティング最高責任者である Kingsley Wheaton 氏は、ワクチンに関する彼らの研究は非営利で行われていると述べた。KBP は COVID-19 の遺伝子配列の一部をクローン化し、抗原の開発につなげた。次に、抗原をタバコ植物に挿入して増やした。抗原は、集めてから精製され、現在、前臨床試験が行われている。

開発中のワクチンは、従来のワクチン製造技術に比べていくつかの利点を持つ BAT 独自の新規な急速に生育するタバコ技術を使用している。タバコはヒトの病気を引き起こす病原体を作らないので安全であり、また、ワクチンがタバコで、きわめて速く蓄積するため、従来の方法を使用した場合の数か月に比べて、タバコでは 6 週間で行える。開発中のワクチン製剤は、冷蔵を必要とすることが多い従来のワクチンとは異なり、室温で安定である。また、単回投与で効果的な免疫応答をもたらす可能性がある。

詳しくは以下のサイトをご覧ください。 [news release from BAT](#)

科学は語る (*Science Speaks*) というブログを国際アグリバイオ事業団(ISAAA)が立ち上げた

世界のさまざまな地域からの主要な関係者に科学を伝える効果的なプラットフォームを提供するという目標を継続するために、国際アグリバイオ事業団(ISAAA)は、科学は語る (*Science Speaks*) というブログを立ち上げた。これは、ISAAA の新規事業でその活動やバイオテクノロジー情報センターのグローバルネットワーク、およびその他のパートナーの活動を伝えるものである。ISAAA のグローバルコーディネーターである Mahaletchumy Arujanan 博士が Science Speaks をご覧いただくように勧誘を行っている。

Science Speaks は ISAAA ウェブサイトによって提供され、科学的知識と世界的な農業の持続可能性と開発の達成におけるその重要な役割を共有、普及、促進することを目的としている。

COVID-19 や作物バイテクに関する記事などが以下のサイトにあるのでご覧ください。 [Science Speaks](#) また、以下のサイトでも *Science Speaks* をご覧ください。 [Facebook](#) と [Twitter](#)

研究のハイライト

植物が温度感知する新しいメカニズムが分かった

University of California, Riverside 校の Meng Chen 博士が率いる細胞生物学者のグループは、光と温度を感知できる phytochrome B (フィトクロム B) と呼ばれるタンパク質が植物の成長を引き起こし、開花時期を制御することもできることを確認した。 *Nature Communications* に掲載された論文で、研究グループは、フィトクロム B 分子が温度によって活性化される予期しないダイナミクスを持ち、温度と光のタイプに応じて異なる動作をすることを明らかにした。

フィトクロムは、光と温度によって制御されるバイナリスイッチのように、アクティブと非アクティブの型を切り替える。直射日光が当たる野外では、フィトクロムが「オン」になり、遠赤色光を吸収する。この活性型は茎の伸長を阻害し、直射日光下での植物の高さを制限する。日陰では、フィトクロムはあまりアクティブではない。この「オフ」の型は、茎の成長の抑制を解除するので、植物は日陰で他の植物と競争してより多くの日光を得るために背が高くなる。

細胞内では、光が「オン」のフィトクロムを細胞核内の photobodies (フォトボディ) と呼ばれる単位に結合させる。フィトクロム B がオフの場合、フィトクロム B は細胞核の外に存在する。「オン」の場合、フィトクロム B は核内を移動し、遺伝子の発現と成長パターンを変化させる。Chen 氏のグループは、 *Arabidopsis thaliana* の葉と茎のさまざまな温度と光の条件にさらされた細胞の動きを調べた。目標は、温度に応じて光体がどのように変化するかを観察することだった。温度の上昇がすべての photobodies をすぐに消さなかった。代わりに、特定のフォトボディは特定の温度範囲で消失した。温度が上がると、選択的に消えるフォトボディの数が徐々に減少した。フォトボディを選択的に消滅させるメカニズムは、それらを日陰で消滅させるメカニズムとは異なることになる。これは、個々のフォトボディが特定の温度範囲のセンサーである可能性を示唆している。

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

野生コムギで発見されたうどんこ病耐性の新しい情報源

Jiangxi Normal University の科学者は、うどんこ病菌 (*Blumeria graminis f.sp. tritici*) と野生コムギ (*Triticum urartu*) の相互作用を微視的レベルで検討して、野生コムギの真菌感染に対する抵抗性の原因を検討した。その結果は *The Crop Journal* に掲載されている。

研究員の Fukai Zhao 氏のチームは、カビに対する反応を試験するために、野生コムギ 227 種の系統を試験した。これにより、コレクション内でこれまでに確認されていないうどんこ病耐性が発見されました。研究によって、少なくとも 3 つの機能的変異体、 *Pm60*, *Pm60a*, 及び *Pm60b* を有するうどんこ病耐性遺伝子である *Pm60* に関するより多くの情報があることが分かった。マーカー支援選別によっての *Pm60a'* 命名した *Pm60a* の非機能型が見つかった。 *Pm60a'* と *Pm60a* の塩基配列を比較すると、58 個のヌクレオチド置換と 1 つの 3 個のヌクレオチドの欠失が明らかになった。シーケンスのバリエーションに基づいて、研究者は機能的な *Pm60a* 対立遺伝子を非機能的な *Pm60a'* と区別するために 2 つの分子マーカー ([molecular markers](#)) を開発した。

この発見を利用して、うどんこ病抵抗性コムギの育種に使用できる他のうどんこ病抵抗性遺伝子をさらに見つけることができる。

詳しいことは以下のサイトをご覧ください。 [The Crop Journal](#)

国際チームがワタ品種を改良するためのワタゲノミクス研究を完了

野生種のワタと栽培種のワタ([cotton](#))のゲノム([genomic](#))相同性を比較が行われ、気候変動([climate change](#))に抵抗性のある品種改良に向けての新しい情報が得られた。

国際的な専門家チームが遺伝子の塩基配列([genetic sequencing](#))を決定を市販の2つの栽培種と5つの野生ワタについて行った。環境変化に適応しなければならないワタ栽培者に役に立つように栽培種と野生種の両方にゲノム配列決定で進歩をもたらすことを目的としている。

このチームは、5つの異質倍数体(allopolyploid、AP)ワタ種すべてのゲノム進化と多様化に焦点を当てた。彼らは特に倍数性、または生物の染色体の2つ以上の完全なセットを持つ遺伝的条件を調べた。彼らは、倍数性の一般的な発生は、その利点と選択と適応の可能性を示唆している可能性があり、ワタは倍数性へのゲノム洞察を明らかにする強力なモデルであると考えている。結果は、彼らが取り組んだ5つのAPワタ種のゲノムの違いはかなり微妙であることが示された。これは、長い白い種繊維を生産しない3つの野生綿種の遺伝的配列決定が、栽培種の耐性を改善する方法を理解するために重要であることを意味している。

このゲノム配列情報は、他の研究者が細菌性、ウイルス性、真菌性の病気に耐性のある市販の綿系統を改善するのに役立つ。しかし、より重要なのは、気候変動に耐えられるワタ系統の将来の研究にもつながる可能性があることである。

この研究に関与した機関は、HudsonAlpha Institute for Biotechnology、the University of Texas at Austin、the U.S. Department of Agriculture's Agricultural Research Service、Nanjing Agricultural University in [China](#)、the Chinese Zhejiang A&F University、Alcorn State University、Clemson University、Texas A&M University、とIowa State Universityである。

研究結果は以下のサイトをご覧ください。 [Nature](#)

植物育種における革新

イネとコムギの麦の新規ゲノム編集(プライム編集)を最適化

Harvard UniversityのDavid R. Liu氏とその共同研究者は、プライム編集ガイドRNA(a prime editing guide RNA、pegRNA)と対になった操作されたCas9 ニッカーゼ(nickase)(H840A)-逆転写酵素(RT)融合タンパク質を使用する新しいゲノム編集法であるプライム編集を開発した。中国科学院遺伝学研究所(Institute of Genetics and Developmental Biology of the Chinese Academy of Sciences)のGao Caixia教授とそのチームは、2つの主要な穀物作物であるイネとコムギの望ましい点突然変異、挿入、および削除を作成するためのプライム編集システム(PPEシステム)の最適化を報告した。PPEシステムの主要要素は、Cas9 ニッカーゼ-RT融合タンパク質とpegRNAである。

PPEシステムを使用して、プロトプラストのイネ9箇所とコムギ7箇所で12種類すべての単一塩基置換、複数の点変異、小さなDNAの挿入と削除を行い、効率は最大19.2%だった。PPEの効率は、プライマー結合部位(PBS)の長さやRTテンプレートの影響を強く受けた。Gao氏とそのチームは、元のRTがCaMV-RT(カリフラワーモザイクウイルス由来)とレトロン由来のRT(E. coli

BL21 由来)に置き換えられることも発見した。一部のターゲットでは、PPE リボザイム(PPE-R)を使用し、37°Cでインキュベートすることにより、プライム編集効率も向上した。

Gao 氏とその共同研究者は、G から T への点突然変異、マルチヌクレオチド置換、および多くの望ましい 6 ヌクレオチド欠失を運ぶ安定した突然変異イネを作成することができ、突然変異生産効率は 22%に近づいた。これらの 3 種類の突然変異は、現在の編集ツールで作成するのが非常に困難だった。

詳しくは以下のサイトにあるニュースをご覧ください。 [Chinese Academy of Science website](#)

CRISPR-CAS9 を使った通常のトウモロコシのもち種への変換

Chinese Academy of Agricultural Sciences (中国農業科学院)と Anhui Agricultural University の科学者たちは、CRISPR-Cas9 ([CRISPR-Cas9](#)) 変異を使用して、通常のトウモロコシをもち種への変換研究を行った。その研究は、*The Crop Journal* に報告されている。

もちトウモロコシ([maize](#))は、食品や業界で特別な価値を持つアミロペクチン澱粉を作る特別なトウモロコシである。通常種からもち種への育種効率を確保するために、CRISPR-Cas9 システムを使用して、ZC01 特性を持つ品種の Wx 遺伝子座(ZC01-DTMwx)にある望ましい標的変異の移行を試みた。研究者らは、分離遺伝子にトリプルセレクションを適用して、導入遺伝子を含まない wx 変異による高いゲノムバックグラウンド回復を実現した。ZC01-DTMwx と交配した後代から合計 6 つの変異体が得られた。突然変異系統は、野生型対照と比較して胚乳デンプンでより高いアミロペクチン含有量を示し、農学的性能はそのままであった。

研究の結果は、やりにくかった種の形質転換に CRISPR-Cas9 変異を適用できる実際的な例を示している。

詳しくは研究論文を以下のサイトをご覧ください。 [The Crop Journal](#)

CRISPR-CAS9 に代わる CAS-CLOVER

CRISPR-Cas9 は、植物、動物、およびその他の生物の遺伝子改良に使用される最も使用されているゲノム編集システムである。2020 年 4 月 14 日に Genetic Engineering and Biotechnology News (GEN) が開催した webinar (オンラインセミナー、ウェビナー) で、Cas-CLOVER と呼ばれる新しいゲノム編集技術が紹介された。

Hera BioLabs によって開発された Cas-CLOVER は、機能的には CRISPR-Cas9 と似ているが、Clo51 と呼ばれる別のヌクレアーゼタンパク質を使用している。したがって、Cas-CLOVER は、Clo51 エンドヌクレアーゼに融合したヌクレアーゼ不活化 Cas9 タンパク質を含む融合タンパク質である。CRISPR-Cas9 と比較して、堅牢な編集効率を維持しながら、オフターゲットを検出することなく高い精度を示す。

Cas-CLOVER についての詳しいことは以下のサイトをご覧ください。 [Hera BioLabs](#) と [GEN](#)

