



遺伝子組換え作物の最新動向 2020年1月

ニュース

- フィリピンのビタミンA強化米承認は、ゴールドライス人道委員会からの支持を得た
- PUNJAB 種子評議会が新しい BT ワタ品種を承認
- 南オーストラリアが遺伝子組換え作物の禁止を解除
- 窒素固定能のある穀類作物開発が進んだ
- 国際コンソーシアムがキャノーラゲノム配列を決定
- 遺伝子データを使用して植物の気候変動への適応策を示した
- ISAAA：1996年以降、70を超える国が遺伝子組換え作物を導入
- デングウイルスを排除するように蚊を遺伝的に改変した

研究のハイライト

- University of Hong Kong (HKU)の植物学者イネの穀物収量を高めるための戦略を特定した
- GM ポプラの実地試験でイソプレン放出なしで持続可能なバイオマス生産をもたらした
- 2週令実生からの RNA データで信頼性のある収穫を予想できる
- 1つ以上の BT 毒素を含む GM 作物は、標的外の生物に対してのリスクがない

植物育種における革新

- OSABA8OX2 は根の伸長を抑制し、イネの早魃への対応策に資する
- 機能性 FLN2 が、イネの耐塩性に必須
- 病気の検出と遺伝子組換えの識別に CRISPR-CAS12A に基づく DNA テストを利用できる

ニュース

フィリピンのビタミン A 強化米承認は、ゴールデンライス人道委員会からの支持を得た

ゴールデンライス人道委員会は、Dr. Adrian Dubock 事務局長を通じて、2019年12月18日に食品および飼料としての直接利用、及び加工品（FFP）用に GR2E ゴールデンライスを承認したことについてフィリピン規制当局への支持を表明し、称賛した。Dubock 博士は、ISAAA にリリースされた声明を通して委員会からの支持を表明した。

声明の中で、Dubock 博士は、フィリピンの規制当局は、遺伝子組換え作物（GM）の安全性の判断、即ち遺伝子組換え作物は、何ら害を与えず、農民と環境に大きな便益を与えていることをよく分かっていると強調した。遺伝子組換えトウモロコシは2003年からフィリピンで商業的に栽培されている。ゴールデンライスは、白米よりも高価ではなく、唯一の違いは、ビタミン A の供給源であるベータカロチンを多く含むことである。

この技術は、ビタミン A 欠乏症と戦うための特別なものとして、開発者の Potrykus 教授と Beyer 教授によって寄付されたものである。ビタミン A の普遍的な供給源ができることで、小児の死亡率を23~34%削減し、はしかの治療に使用すると最大50%削減できる。ビタミン A 欠乏症は、世界中の子供たちの最大の死亡原因であり、小児失明の主な原因である。Dubock 博士は、その声明の中で、人々の富と食事の多様性、およびビタミン A カプセル使用の増加にもかかわらず、6ヶ月から1歳までの子供のほぼ28%がフィリピンでビタミン A が不足していると強調した。

ゴールデンライスは安全であるとのフィリピン規制当局の決定に続いて、1993年生理学または医学のノーベル賞受賞者の Sir Richard J. Roberts は、は次のように書いている。「ノーベル賞受賞者151人とGMOを支援する共同署名者13,292人を代表して、ゴールデンライスを食料および飼料として、または加工（FFP）として直接使用することを認可するフィリピン農務省の最近の承認の発表により、開発途上国でのゴールデンライスの栽培でビタミン A 欠乏症と戦えることがさらに現実味をもってきた。その開発者である Ingo Potrykus 氏と Peter Beyer 氏は、彼らの長年の夢が間近に迫っていることを喜んでに違いありません。」

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 GoldenRice.org

PUNJAB 種子評議会が新しい BT ワタ品種を承認

新しい種類の Bt ワタが、他の新しい種子品種とともに、**PUNJAB** 種子評議会で承認された。Malik Nauman Ahmad Langrial パンジャブ農業大臣によれば、これらの新しい品種はパキスタンの厳しい気象条件や病気に対処するために開発されたものである。

大臣は、農業議会での第 53 回 **PUNJAB** 種子評議会で 1 種類の Bt ワタ品種 FH-444 と 9 種類のオリーブを含む 10 種類の種子が承認されたと述べた。

大臣は、新しい品種の開発における農業科学者の努力を称賛した。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [Agropages](#)

南オーストラリアが遺伝子組換え作物の禁止を解除

一次産業および地域開発大臣の Tim Whetstone 氏は、2020 年の初めに声明を発表した。南オーストラリア (SA) の農家は、2004 年以降、この地域での GM 作物禁止されていたことを解除する州議会の動きによって、遺伝子組換え (GM) 作物の栽培を選択できるようになった。

オーストラリアの経済学者で University of Adelaide の Kym Anderson 教授が 2018 年に GM モラトリアムについて内容の高いレビューを発表した後、モラトリアムの解除についての話し合いは 2019 年 8 月から続いてきた。それによるとこれまで数百万豪ドルの損失を計上しており、禁止が 2025 年まで続く場合は、さらに数百万ドルの損失が続くとしている。

2019 年 12 月上旬、GM モラトリアムに関する協議は、議会に提出された GM 法案の修正により、解除が延期されたので南オーストラリア (SA) の農家は、追加の許可を得る必要があり、これによって次の作付期日を遅らせることになる。これは当初 2019 年 12 月 1 日に解除される予定だったものであった。

Whetstone 大臣は、2020 年 1 月 1 日に公式に、国会が GM モラトリアムを最終的に解除する決定を下したため、SA の農家が GM 種子を使用して GM 作物を栽培する選択肢を持っていることを発表した。大臣は、GM の禁止が廃止された今、SA 農家は過去 10 年間にすでに GM 製品を手にしてきたオーストラリア全土の競合他者に匹敵することになると述べた。大臣は、GM の研究におけるより多くの機会を探索し、新しい技術を通じて環境問題と気候変動に取り組むために、SA の経済、農民の収入、科学的研究開発のよくなると予想している。2018 年、オーストラリアの農民は 793,000 ヘクタールの遺伝子組換えワタとキャノーラを商業栽培した。

しかし、GM モラトリアムは、日本での確たる非 GM キャノーラ市場を持つカンガルー島に課されたままである。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [Minister Whetstone's official statement](#)

窒素固定能のある穀類作物開発が進んだ

Massachusetts Institute of Technology (MIT)、Daniel I.C. Wang 冠教授の Christopher Voigt 教授が率いるグループの王教授が窒素固定能のある穀類作物開発にまた一歩近づいた。

窒素固定能のある穀類作物を開発するために、Voigt Lab の研究者は、マメ科植物と共生する *nif* 遺伝子と呼ばれる窒素固定細菌の特定の遺伝子を標的にした。これらの遺伝子は、空気中の窒素を固定するタンパク質構造（ニトロゲナーゼクラスター）の発現を引き起こす。ただし、*nif* 経路は非常に大きく、多くの異なる遺伝子が関与するため、この遺伝子工学の作業は主要な技術的課題である。大きな遺伝子クラスターの転送は困難な作業であり、遺伝子を移行するだけでなく、経路の制御に関与する細胞成分を複製する必要がある。

つまり研究者は、更に別の課題をやらねばならないことを示す。マメ科植物の窒素固定能の基となる微生物は細菌（原核生物）で、遺伝子発現の場は真核生物（植物）とは完全に異なる。真核生物の *nif* 経路を再設計することは、完全なシステムのオーバーホールに相当する。Voigt lab は、細胞内の回避策と標的化された細胞小器官、具体的には葉緑体とミトコンドリアを発見した。次に、チームは酵母を使用したニトロゲナーゼ遺伝子送達システムを設計した。彼らはニトロゲナーゼ遺伝子を酵母核に挿入し、ペプチド融合を使用してミトコンドリアを標的とし、ニトロゲナーゼ構造タンパク質の形成を実証する最初の真核生物をもたらした。

この研究は画期的な結果を得て、窒素固定能のある穀類作物を通じて肥料なしで育つ作物に近づくことになる。研究チームは、ニトロゲナーゼをミトコンドリアに標的化することに進め、完全な NifDK テトラマー（ニトロゲナーゼクラスターの重要なタンパク質）を酵母ミトコンドリアで発現させることができた。これらいくつものマイルストーンに到達したが、まだ多くのやるべき作業ができていない。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [MIT News](#)

国際コンソーシアムがキャノーラゲノム配列を決定

米国、カナダ、ヨーロッパ、イスラエルの主要な学術および世界的種子企業のリーダーからなる国際コンソーシアムは、キャノーラゲノムの配列決定に成功した。カナダ農業と農業食糧省（AAFC）の研究科学者である Isobel Parkin 博士と、University of Saskatchewan の食糧安全保障研究所（GIFS）のゲノミクスおよびバイオインフォマティクスの所長である Andrew Sharpe 博士が率いる University of Saskatchewan (USask) は、カナダ、米国、およびヨーロッパで栽培されている 10 種類のキャノーラ品種のゲノムをマッピングし、完全な組み立てを完了するという重要なマイルストーンに達成した。ゲノムの組み立てと完全なマッピングは、イスラエルに拠点を置くゲノムビッグデータ企業である NRGene の DeNovoMAGIC テクノロジーを使用して行われた。

「ナタネ/キャノーラの最高品質のゲノムを保持することは、主要な商業的形質の原因となる遺伝子を特定するために重要である」と Parkin 氏が述べた。「これは、ナタネ/キャノーラの収量と栄養価を高めるために必要な基礎研究の基礎となるリソースになります。」研究コンソーシアムには、全ゲノム配列のパンゲノムへの比較マッピングも含まれている。

キャノーラは、世界中の約 3500 万エーカーで栽培されている主要な植物油作物です。遺伝子組換えキャノーラは、2018 年に 1,010 万ヘクタールに植えられた。キャノーラ油は、バイオ燃料を含む食品生産および多様な産業用途で一般的に使用されている。植物の生産性を向上させると、低品質の植物油やディーゼル燃料に代わって、幅広い用途への使用が拡大する。

詳しくは、以下のサイトのニュース記事をご覧ください。 [GIFS website](#)

遺伝子データを使用して植物の気候変動への適応策を示した

デンマーク、日本、オーストリア、およびドイツの科学者チームは、気候変動の中で作物の生産性を維持し続ける方法を探索した。彼らの研究結果は、*Nature Communications* に掲載されている。

研究者らは、ゲノムの限定的な変化ではあるが、亜熱帯から温帯に至る日本の多様な気候に適応できる植物であるハスを調査した。彼らは、野外試験とゲノム配列決定からのデータを組み合わせて、日本の *L. japonicus* の継代歴史を結びつけ、植物個体群がそれぞれ温暖気候と寒冷気候に適応し、最大の遺伝的分化を示したゲノムの位置を特定した。さらに、いくつかのゲノム領域が植物の冬の生存と開花とに有意に関連していることがわかった。

調査結果は、植物種が新しい気候条件に適応できるように、自然選抜に対する適応変化に特定のゲノム領域が関与することを示した最初のデータを提供したことになる。

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

ISAAA：1996年以降、70を超える国が遺伝子組換え作物を導入

1996年に最初の遺伝子組換え作物の商業的栽培が行われて以来、世界中の70を超える国々が遺伝子組換え作物を植えているか輸入している。1996年、6つの最初の遺伝子組換え作物導入国となった米国、中国、アルゼンチン、カナダ、オーストラリア、およびメキシコが、合計170万ヘクタールにこれらの作物を植えた。

2018年には、70か国で遺伝子組換え作物が導入された。26か国で栽培され、44か国が輸入した。2018年の1億9,170万ヘクタールの遺伝子組換え作物の総栽培面積となり、26か国、21の発展途上国、5つの先進工業国、が栽培した。また、最初の栽培から23年後の2018年には、遺伝子組換え作物が約113倍に増加し、世界の累積面積は25億ヘクタールに達し、遺伝子組換え/バイテク作物は、世界で最も早く導入された作物技術となった。

これらについては、改定されたISAAAインフォグラフィックで、商業化バイテク/GM作物の世界的な動向をご覧ください：

- ・遺伝子組換え/バイテク作物の栽培地？
 - ・遺伝子組換え作物がどこで栽培されているか知っていますか？
 - ・世界の遺伝子組換え/バイテク作物の23年
-

デングウイルスを排除するように蚊を遺伝的に改変した

University of California San Diego (UC San Diego)のOmar Akbari准教授が率いる国際的な科学者チームは、デング熱ウイルスの伝播を止めるように蚊を遺伝的に改変した。UC San Diego Labは、Vanderbilt University Medical Centerの共同研究者と協力して、デング熱抑制のためのヒト広域抗体を特定した。この開発は、4種類の既知のデング熱を標的とする蚊に向けた最初の工学的アプローチであり、単一の系統に対処する以前の設計を改良したものである。

その後、研究チームは、デング熱ウイルスを媒介する雌のネッタイシマカ (*Aedes aegypti*) で合成的に発現される抗体「cargo」を設計した。Akbari氏は、

雌の蚊が血液を吸引すると、抗体が活性化されて発現すると述べた。「この抗体はウイルスの複製を妨げ、他の蚊への伝播を防ぐことができ、それがヒトへの伝播を防ぐことになる」と彼は付け加えた。

世界保健機関によると、デング熱ウイルスは熱帯および亜熱帯気候の何百万人もの人々を脅かしている。対処できる特別の治療法はない。ウイルスの拡散を防ぐための対策は、予防と制御に依存している。Akbari氏によると、遺伝子操作された蚊は、CRISPR-Cas9テクノロジーに基づいた遺伝子操作などで、野生の病気を媒介する蚊の個体群全体に抗体を広げることができる普及システムと簡単に組み合わせることができるとしている。

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

.研究のハイライト

University of Hong Kong (HKU)の植物学者イネの穀物収量を高めるための戦略を特定した

University of Hong Kong (HKU)の生物科学部の科学者およびポスドク研究員が、University of Calgary (Canada)および University of Calgary (Canada) (英国) の研究者と共同で行った研究プロジェクトで新しい戦略を提供した。穀物のサイズと重量を増やすことで、米の穀物収量を高められることに注目した。Chye教授が率いるHKU研究チームは、イネのタンパク質 ACYL-COA-BINDING PROTEIN2 (OsACBP2) を特定した。これがトランスジェニックイネで過剰発現すると、穀物のサイズと重量が10%増加し、穀物収量が増加する。

The Plant Journal に掲載された研究結果は、OsACBP2を過剰発現するトランスジェニック米粒のバイオマスがコントロールのそれを10%以上超えたことを明らかにした。OsACBP2は、種子油生産の主要な前駆体であるアシル CoA エステルなどの脂質に結合する。研究者は、トランスジェニック米粒に蓄積された油を認めた。OsACBP2は、穀物のサイズと重量を増強するだけでなく、米胚芽および全穀粒の脂質含有量を10%増加させて栄養価を向上させることが確かめられた。

詳しくは、以下のサイトにあるニュースリリース [The University of Hong Kong website](#) と研究論文をご覧ください。 [The Plant Journal](#)

.GM ポプラの实地試験でイソプレレン放出なしで持続可能なバイオマス生産をもたらした

イソプレンガスを放出しない遺伝子組換え (GM) ポプラの木の開発に成功した。米国での 2 回の実地試験では、GM ポプラはイソプレンの非生産の影響を受けず、通常のポプラと同じように正常に成長することが示された。

イソプレンは、気候ストレスへの応答として成長中にヤシやユーカリなどのポプラ系植物によって葉から生成されるガスである。イソプレンは、細胞プロセスをシグナル伝達して保護分子を生成することにより、植物がストレスに対処するのを助けている。ポプラから放出されたイソプレンが空気中の汚染ガスと反応すると、呼吸器刺激性オゾンが生成される。イソプレンのもう 1 つの効果は、地球温暖化の一因となることが知られている高レベルの大気エアロゾル生成である。ポプラの木は現在、約 36,294 平方マイルの面積を占めており、バイオ燃料、木材、および紙の生産への応用により、イソプレンの放出は過去 15 年で大幅に増加し、人間の健康と大気への脅威になる可能性がある。

University of Arizona、Helmholtz 研究センター、Portland State University と Oregon State University の研究チームが、RNA 干渉または遺伝子サイレンシングを使用して GM ポプラを開発した。科学者は、イソプレンを生成するポプラの特性をオフにした。彼らは、試験中にアリゾナ州の高温に対応するためにイソプレン生産に依存する必要がない一方で、バイオマス生産中に GM ポプラがストレスの多い気候の影響を受けないことを発見した。GM ポプラは、バイオ燃料生産のためにセルロースを製造することができ、イソプレンがなくても対処することができた。これは、ほとんどのプランテーションでの生育を 1 年の冷涼な時期に行われたためである。彼らは、ポプラの自然な季節的な成長サイクルの高いバイオマス生産は、イソプレンの必要性が最も低いときに起こると指摘した。

開発者は、ポプラはイソプレンを排出せずに栽培でき、バイオ燃料と木材の生産に十分なバイオマスを生産できるとしている。これにより、環境の持続可能性が高まり、化石燃料の代替として大規模なバイオマス生産源が開発できる。

詳しくは、以下のサイトをご覧ください。 [University of Arizona](https://www.arizona.edu)

2 週令実生からの RNA データで信頼性のある収穫を予想できる

Michigan State University (MSU) の研究者は、トウモロコシの RNA の情報を使用してモデルを作成し、トウモロコシの完全な成長と分化の前にその表現型の特徴を正確に予測した。彼らの研究で蓄積された新しい情報は、他の研究者が長年の伝統的な育種選択を経ることなく、植物のプロセスと望ましい形質を持つ育種系統の選択に関与するメカニズムを理解するのに役立つものである。

指導者の Shinhan Shiu 氏は、DNA 情報、または遺伝子型を植物体の特徴、また

は表現型に結びつけるということを行った。また、進化とゲノム生物学の問題を解決するために計算アプローチを使用できることも分かってきた。彼は、課題への答えを見つけることは、遺伝情報をどのように外見の特徴に変換できるかを理解する鍵であると信じていた。したがって、従来の育種で作物を栽培することなく、DNA と RNA のみから望ましい形質を予測し、数か月または数年かかる形質を直接推定できるとした。

MSU チームは、2 週令のトウモロコシ実生からの RNA データを使用するだけで、正確な作物予測が可能であることを証明した。DNA の転写物である RNA を用いて DNA が影響を与える特性に近づいたのである。コンピューターの学習アプローチの助けを借りて、彼らは RNA からの予測をたてて青写真を作成して、実際に役に立つものが得られることを発見した。彼らはまた、RNA を知ることで DNA だけでは提供できない追加情報を提供することも発見した。彼らが開発した遺伝子発現ベースのモデルは、開花時期に関連する 14 の重要な既知遺伝子のうち 5 つを識別できた。

これが新しい育種プログラムに役立ち、植物が種子または花を形成させる前に正確な開花と予測を行うことができたため、遺伝子検査を行う方法の改善に役立つ可能性があるとも述べている。彼らの発見は、遺伝マーカーに基づく予測を補完するものであり、遺伝マーカーによって説明されない遺伝子発現特性の関連性を特定できると彼らは述べている。

報告全文は、以下のサイトをご覧ください。 [The Plant Cell](#) また、詳細なニュースリリースは、いかなるサイトでもご覧ください。 [MSU](#)

1 つ以上の Bt 毒素を含む GM 作物は、標的外の生物に対してのリスクがない

Bt 作物は、特定の害虫に有毒なタンパク質を生産する。ますます多くの Bt 作物品種が、標的害虫をより効率的に制御し、標的害虫の範囲を拡大し、耐性の発生を遅くするために、同時に多くの Bt 毒素を生産するように設計されている。生産された個々のタンパク質は互いに相互作用する可能性があるため、Bt 作物が非標的生物へのリスクを高める可能性があることが懸念されていた。

Jörg Romeis 氏と Michael Meissle 氏は、非標的生物に予期せぬ損傷を引き起こす可能性のある Bt 毒素間の相互作用の証拠を見つけるために、すべての主要なデータベースの体系的な文献検索を実施した。彼らは、関連する結果について約 2,300 の文献をチェックし、実験室または野外試験の結果を含む 58 の科学出版物を取り上げた。実験室での調査は、24 の属と 11 科の中から合計 35 の昆虫種で実施した。主に Bt トウモロコシと Bt ワタで害虫被害の頻度を記録した野外試験は、それぞれ 5 カ国と 7 カ国で実施された。

研究者らは、組み合わせた Bt 毒素が個々のタンパク質とは異なる作用スペクトルを持っているという証拠を文献で発見できなかった。彼らは、組み合わせた Bt 毒素を含む遺伝子組換え植物は、単一の Bt 毒素を含む植物と同様に、非標的の生物にとって安全であると結論付けた。

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

植物育種における革新

***OSABA8OX2* は根の伸長を抑制し、イネの早魃への対応策に資する**

中国農業科学アカデミーの研究者は、根の成長と分化および早魃対応における *OsABA8ox* の機能を調査し、それがイネの干ばつ耐性の改善の潜在的な遺伝的標的であることを発見した。結果は、*The Crop Journal* で公開されている。

OsABA8ox は、アブシジン酸 (ABA) 8'-ヒドロキシラーゼをコードし、ABA 異化を行う反応を触媒する。根の分化における ABA 異化作用の寄与は不明のままであるため、研究者は CRISPR-Cas9 システムを使用して研究を実施した。染色分析により、*OsABA8ox* は主に実生期の根で発現し、幼根の分裂組織帯で強く発現することが示された。根での *OsABA8ox2* 発現は、ポリエチレングリコール (PEG) 処理後に減少し、再水和後に増加した。これは、*OsABA8ox2* が早魃応答性遺伝子であることを意味する。

CRISPR-Cas9 *OsABA8ox2* ノックアウトは、早魃によって誘導される ABA とインドール-3-酢酸が根に蓄積し、ABA の感度を高め、早魃耐性に有益な垂直方向のルートシステムアーキテクチャを促進した。この遺伝子の過剰発現により、根の伸長が抑制され、気孔コンダクタンスと蒸散速度が増加した。

調査結果によると、*OsABA8ox2* ノックアウトはイネの早魃耐性を著しく高める。

より詳細なことは以下のサイトをご覧ください。 [The Crop Journal](#)

機能性 FLN2 が、イネの耐塩性に必須

中国国立稲研究所の科学者たちは、フルクトキナーゼ様タンパク質 2 をコードする遺伝子である FLN2 が、塩分ストレスに対するイネの応答だけでなく糖代謝にも影響を与えると報告した。彼らの研究の結果は、*Biomolecules*. で公開されている。

変異イネ系統を耐塩性の発現に必要な遺伝子を特定するために、高塩分条件下で栽培した。FLN2 に変異があるイネ系統の中には、塩分ストレスに対する感受性を示すものがあり。塩分ストレスにさらされた野生型イネ系統は、FLN2 の上方制御を示したが、機能不全 FLN2 を伴う CRISPR-Cas9 生成系統は、塩分ストレスに対する過敏症を示した。さらに、糖代謝は、野生型植物よりもノックアウト系統で減少した。ここで、FLN2 ノックアウト植物の耐塩性が損なわれたのは、成長に必要な同化物の不足が原因であったことを意味している可能性がある。

FLN2 は実生の成長と塩分ストレスへの耐性に不可欠であると結論付けた。

研究論文は、以下のサイトでご覧下さい。 [Biomolecules](#)

病気の検出と遺伝子組換えの識別に CRISPR-CAS12A に基づく DNA テストを利用できる

DNA テストは、病気の検出と GMO の同定に広く使用されている。しかし、DNA 検査は高価であり、迅速で低コストで使いやすく、現場で使用可能な DNA 検査方法を開発する必要がある。Huazhong Agricultural University の科学者は CRISPR-Cas9 に基づく DNA 検出方法を開発した。結果は、*Molecular Breeding* で公開されている。

14 個の CRISPR RNA は、2 つのイネいもち病菌遺伝子と Bt イネで使用される合成 Cry1C 遺伝子を標的とするように設計された。蛍光レポーターを使用すると、すべての CRISPR RNA のリコンビナーゼポリメラーゼ増幅 (RPA) 後、標的遺伝子が LbCas12a で簡単に検出された。次に、研究者は、DNA 検出のために、RPA-Cas12a を使用したろ紙ベースの DNA 抽出および垂直流動分析 (LFA) 法を案出した。濾紙と LFA ストリップ以外に追加の機器は必要なかった。

イネいもち病病原体と Bt イネは、高活性 CRISPR RNA を用いた修正 DNA テスト法を使用して、リーフディスクサンプルから効率的に同定された。調査結果に

よると、最適化された DNA テスト方法は、疾患診断および GMO 検出に適用できます。

詳細は、以下のサイトをご覧ください。 [*Molecular Breeding*](#)
