

BERITA COVID-19

Peneliti Rekayasa Senyawa Mirip Obat yang Menonaktifkan Mesin Replikasi SARS-CoV-2

Para peneliti di Scripps Research yang dipimpin oleh Dr. Matthew Disney telah menciptakan senyawa seperti obat yang, dalam studi sel manusia, mengikat dan menghancurkan apa yang disebut "elemen pengubah bingkai" pandemi virus corona untuk menghentikan replikasi virus. Frameshifter adalah perangkat seperti koping yang dibutuhkan virus untuk menghasilkan salinan baru dari dirinya sendiri setelah menginfeksi sel.

Bekerja sama dengan Asisten Profesor Universitas Negeri Iowa, Walter Moss, tim tersebut menganalisis dan memprediksi struktur molekul yang dikodekan oleh genom virus, untuk mencari kerentanannya. Mereka fokus pada elemen pengubah bingkai virus, sebagian, karena fitur segmen berbentuk jepit rambut yang stabil, bertindak seperti joystick untuk mengontrol pembentukan protein. Mereka memperkirakan bahwa mengikat joystick dengan senyawa mirip obat akan menonaktifkan kemampuannya untuk mengontrol pengalihan bingkai. Virus membutuhkan semua proteinnya untuk membuat salinan lengkap, jadi mengganggu shifter dan mendistorsi bahkan salah satu protein yang seharusnya secara teori, menghentikan virus sama sekali.

Dari database entitas kimia pengikat RNA Dr. Disney, mereka menemukan 26 kandidat senyawa. Pengujian lebih lanjut dengan varian berbeda dari struktur frameshifting mengungkapkan tiga kandidat yang mengikat semuanya dengan baik, kata Disney. Tes yang dilakukan pada sel manusia dengan elemen pengubah bingkai COVID-19 mengungkapkan satu, C5, memiliki efek yang paling menonjol, dengan cara yang bergantung pada dosis, dan tidak mengikat RNA yang tidak diinginkan. Tim melangkah lebih jauh dan merekayasa senyawa C5 untuk membawa sinyal pengeditan RNA yang menyebabkan sel secara khusus menghancurkan RNA virus. Dengan tambahan editor RNA, "senyawa ini pada dasarnya dirancang untuk menghilangkan virus," ujar Disney.

Untuk informasi lebih detail, baca artikel di [Scripps Research](#).

Berita Dunia

Peneliti Urutkan Genom 600 Tanaman Millet Hijau, Temukan Gen untuk Dispersal

Elizabeth Kellogg dan timnya di Donald Danforth Plant Science Center (Danforth Center) telah menghasilkan urutan genom dari hampir 600 tanaman millet hijau dan merilis referensi urutan genom *Setaria viridis* yang sangat berkualitas tinggi. Analisis mereka juga mengarah pada identifikasi gen yang terkait dengan penyebaran benih di populasi liar untuk pertama kalinya.

Selama bertahun-tahun, Dr. Kellogg dan peneliti lain di Danforth Center berkendara naik turun jalan raya di benua Amerika Serikat, sesekali menepi ke pinggir jalan untuk mengumpulkan tanaman kecil dan membawanya kembali ke lab. Tanaman kurus ini adalah millet hijau, rumput model kecil dengan siklus hidup pendek yang menggunakan jalur C4 yang secara khusus membantu tanaman tumbuh subur di lingkungan yang hangat dan kering. Jagung dan tebu termasuk di antara tanaman utama C4 dengan hasil tinggi, begitu pula calon bahan baku biofuel *Miscanthus* dan switchgrass.

Penyebaran benih sangat penting untuk tanaman di alam liar, tetapi ini merupakan sifat yang tidak diinginkan untuk tanaman peliharaan karena menyebabkan penurunan hasil panen. Selama ribuan tahun, para petani telah memilih tanaman sereal tanpa sifat merusak ini. Melalui pemetaan asosiasi, tim mengidentifikasi gen yang disebut Less Shattering 1 (*SvLes1*) dan studi pengeditan gen mengkonfirmasi bahwa gen itu terlibat dalam penghancuran dengan mematikannya.

Data genom juga mengungkapkan bahwa millet hijau diperkenalkan ke Amerika Serikat beberapa kali dari Eurasia. Tim juga mengidentifikasi gen yang terkait dengan sudut daun, yang menentukan berapa banyak sinar matahari yang bisa didapat daun dan pada gilirannya berfungsi sebagai prediktor hasil.

Untuk informasi lebih rinci, baca rilis beritanya dari [Danforth Center](#).

Survei Petani Ungkap Manfaat Ekonomi yang Signifikan, Manfaat Lingkungan dari Jagung RG di Vietnam

Survei petani yang dilakukan di Vietnam pada 2018-2019 mengungkapkan bahwa penanaman jagung hasil rekayasa genetika (GM) secara signifikan mengurangi biaya produksi, meningkatkan pendapatan petani, dan menurunkan penggunaan pestisida. Temuan ini mendukung studi yang tak terhitung jumlahnya terkait manfaat tanaman GM yang telah diselesaikan dan dipublikasikan sebelumnya.

Survei dilakukan melalui wawancara pribadi di antara 735 petani jagung di berbagai wilayah di Vietnam dari 2018 hingga 2019. Tujuan survei adalah untuk menilai dampak

ekonomi dan lingkungan tingkat petani dari pemanfaatan jagung GM yang tahan serangga dan toleran herbisida.

Di antara dampak ekonomi yang ditunjukkan oleh hasil studi tersebut adalah bahwa varietas jagung GM menghasilkan +30,4% lebih banyak daripada varietas konvensional. Biaya produksi juga berkurang antara USD 26,47 hingga USD 31,30 per hektar. Survei tersebut juga mengungkapkan bahwa untuk setiap tambahan USD 1,00 yang dikeluarkan oleh petani untuk benih jagung GM dibandingkan dengan benih jagung konvensional, para petani memperoleh pendapatan tambahan antara USD 6,84 hingga USD 12,55.

Untuk manfaat lingkungan, hasil survei menunjukkan berkurangnya penggunaan insektisida dan herbisida saat menanam jagung GM. Jumlah rata-rata bahan aktif herbisida yang diaplikasikan pada area jagung GM turun 26% dari nilai rata-rata yang digunakan untuk area jagung konvensional. Dengan menggunakan indikator Environmental Impact Quotient (EIQ), dicatat bahwa dampak lingkungan terkait penggunaan herbisida dalam jagung GM diturunkan 36% dibandingkan dengan nilai yang berlaku untuk jagung konvensional. Terakhir, jumlah rata-rata insektisida yang digunakan untuk jagung GM menurun sebesar 78%, dan penggunaan terkait dampak lingkungan dengan menggunakan indikator EIQ menurun sebesar 77%.

Artikel lengkapnya diterbitkan oleh [GM Crops & Food](#).

Sorotan Penelitian

Meta-analisis Deteksi Kandidat Gen Padi yang Terlibat dalam Toleransi Garam

Sebuah meta-analisis genom telah dirancang untuk membantu para peneliti di Institut Penelitian Bioteknologi Pertanian Iran menentukan kandidat gen yang terlibat dalam toleransi garam dalam tanaman padi. Hasilnya dipublikasikan dalam jurnal BMC Plant Biology.

Salinitas adalah salah satu penyebab utama stres pada tanaman, yang berdampak pada pertumbuhan dan kesuburannya, sehingga para peneliti mengusulkan strategi meta-analisis integratif yang melibatkan mikroarray dan data RNA-seq yang akan membantu mengungkap mekanisme molekuler yang terlibat dalam toleransi garam.

Sebanyak 3.449 gen yang diekspresikan secara berbeda (DEG) telah diidentifikasi. Dengan menggunakan analisis meta-QTL dan tinjauan pustaka, para peneliti mendeteksi 23 calon gen potensial yang terlibat dalam komponen hasil dan sifat homeostasis ion; di antaranya, ada banyak gen responsif salinitas yang tidak dilaporkan. Lebih lanjut, ditemukan lebih banyak kandidat gen yang merupakan kode untuk pektinesterase, peroksidase, regulator transkripsi, transporter kalium berafinitas tinggi, pengorganisasian dinding sel, protein serin/treonin fosfatase, dan protein yang mengandung domain CBS.

Baca lebih lanjut di [BMC Plant Biology](#).

Inovasi Pemuliaan Tanaman

Sistem Penyaringan Bebas DNA untuk Pengeditan Gen pada Paprika Pedas dan Manis

Protoplas paprika yang berasal dari daun atau kalus dari tanah adalah sistem yang berguna dalam paprika panas dan manis untuk skrining RNA panduan yang efisien untuk CRISPR-Cas9 atau CRISPR-Cas12a (Cpf1). Terobosan ini dilaporkan peneliti dari Kangwon National University, Korea Selatan, dan dipublikasikan di BMC Plant Biology.

Pengeditan genom berbasis CRISPR bebas DNA adalah teknik sederhana dan menjanjikan yang digunakan dalam perbaikan tanaman. Kemanjuran alat pengeditan genom berbasis CRISPR yang dirancang sangat penting untuk pengeditan gen tanaman yang presisi dan berhasil. Dengan demikian, penelitian ini mengungkapkan sistem efisien bagi skrining RNA panduan yang efisien untuk CRISPR-Cas9 atau CRISPR-Cas12a (Cpf1). CRISPR-Cas9 atau Cpf1 dikirimkan sebagai kompleks CRISPR-RNP endonuklease yang dimurnikan dicampur dengan RNA pemandu tunggal yang dirancang dapat mengedit gen target, CaMLO2 dalam dua kultivar lada dengan sekuen seluruh genom. RNA panduan yang dirancang tersebut disimpan untuk CaMLO2 di paprika pedas dan manis dan CaMLO2 yang dibelah secara in vitro. CRISPR-Cas9- atau -Cpf1-RNP kompleks ditransfeksi menjadi protoplas murni dari cabai dan paprika. Analisis lebih lanjut mengungkapkan bahwa gen CaMLO2 yang ditargetkan diedit secara berbeda di kedua kultivar, tergantung pada CRISPR / RNP yang diterapkan.

Baca penemuan lebih lanjut dari [research article](#).

Peneliti Kembangkan Petunia Pink Keunguan Lewat Metode CRISPR-Cas9

Ilmuwan Universitas Hanyang mengembangkan Petunia merah muda agak keunguan pucat dengan menggunakan CRISPR-Cas9. Temuan mereka diterbitkan dalam Plant Cell Reports.

Tim peneliti melakukan mutagenesis spesifik lokasi pada tanaman Petunia untuk mengubah warna bunga. Kultivar Petunia komersial 'Madness Midnight' telah diketahui memiliki dua gen pengkode F3H dan dengan demikian mereka merancang satu RNA pemandu yang menargetkan kedua gen F3H sekaligus. Hal ini menghasilkan 67 tanaman beregenerasi dari protoplas Cas9-RNP yang ditransfeksi. Kemudian mereka memperoleh tujuh garis mutan dengan mutasi pada gen F3HA atau F3HB dan satu garis mutan lengkap yang mengalami mutasi pada kedua gen tanpa penanda yang dapat dipilih. Hanya f3ha f3hb yang menunjukkan warna bunga merah muda keunguan yang dimodifikasi dengan jelas, sementara yang lain memiliki bunga ungu-ungu yang mirip dengan Petunia tipe liar.

Baca lebih lanjut penemuannya dalam [*Plant Cell Reports*](#).