



Crop Biotech Update

A weekly summary of world developments in agri-biotech for developing countries, produced by the Global Knowledge Center on Crop Biotechnology, International Service for the Acquisition of Agri-biotechApplications SEAsiaCenter (ISAAA).

www.isaaa.org/kc/cropbiotechupdate/

www.isaaa.org



ISAAA委托《中国生物工程杂志》编辑部进行《国际农业生物技术周报》(中文版)的编辑和发布,阅读全部周报请登录:www.chinabic.org 阅读手机版周报请关注微信号: **chinabio1976** 订阅周报请点击:<http://www.isaaa.org/subscribe/cn>

本期导读

2017-09-20

新闻

非洲

[乌干达成功开展另一项转基因木薯试验](#)

新育种技术

[研究人员利用CRISPR-Cas9分析与水稻耐寒性有关的转录因子](#)
[研究人员利用CRISPR剪刀打破作物产量限制](#)

美洲

[普渡大学研究人员发现新的大豆抗病基因](#)

其他生物技术

[科学家完成对深圳拟兰的基因组测序](#)

亚太地区

[FSANZ要求提交转基因油菜申请](#)
[菲律宾农民正等待Bt茄子商业化](#)

<< [前一期](#) >>

新闻

[\[返回页首\]](#)

乌干达成功开展另一项转基因木薯试验

木薯花叶病(CMD)和木薯褐条病(CBSD)仍然严重影响着撒哈拉以南非洲地区的木薯生产。乌干达人将其描述为木薯艾滋病。尽管现在已经有抗CMD的木薯品种,但该病害对农民来说仍然是一个挑战,因为很多农民还没有机会种植。仅在乌干达每年由于CMD和CBSD造成的损失估计就有6000万美元。因此急需CBSD和CMD抗性木薯。

乌干达是一直致力于通过许多项目消除这些病害的国家之一,包括VIRCA plus项目。VIRCA Plus项目是唐纳德丹福斯植物科学中心、乌干达国家农作物资源研究所(NaCRRI)和肯尼亚内罗毕的肯尼亚农业与牲畜研究组织(KALRO)的一个合作项目。

研究人员使用生物技术工具,将一个受农民欢迎的品种TME 204成功地转化为抗CBSD品种。然而,它对CMD没有明显的抗性。这就要求用常规育种来解决这一问题,因为现在已经培育出农民青睐的抗CMD的



Fresh harvest of CBD Resistant line at a CFT in Kasese District-Western Uganda

品种。第四次限制性田间试验(CFT)旨在通过将抗CBD的转基因品种与抗CMD的非转基因品种进行杂交,开发出农民青睐的同时抗这两种病害的品种。该试验提供了重要的农艺表现数据。VIRCA项目在乌干达和肯尼亚已经进行了多次多地点的限制性田间试验(CFT),最近一次试验是在乌干达西部的Kasese地区。自2010年以来,乌干达国家农业研究组织(NARO)一直在努力试验转基因木薯。

详情请咨询UBIC:ubic.nacrr@gmail.com或者[visit the UBIC website](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

美洲

普渡大学研究人员发现新的大豆抗病基因

[[返回首页](#)]

来自普渡大学和陶氏益农公司的研究人员发现了一种可以抗多种类型的大豆疫霉菌(*Phytophthora sojae*)的新大豆基因,这种土壤传播的病原体每年导致美国大豆种植者因大豆茎根腐病损失约2.5亿美元。

研究人员筛选了大量的大豆遗传物质,发现*Rps11*基因对大豆疫霉菌有很强的抗性。这一发现将允许开发分子标记,从而使抗性基因可以迅速地转入优良的大豆品种中,以帮助保护大豆产量免受茎根腐病的影响。陶氏益农公司旨在利用这项技术让种植大豆的农民受益。

详情见:[Purdue University Agriculture News](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

亚太地区

FSANZ要求提交转基因油菜申请

[[返回首页](#)]

澳大利亚新西兰食品标准委员会(FSANZ)要求提交允许一种产生O-3脂肪酸的转基因油菜用于食品生产的申请书。由英联邦科学与工业研究组织(CSIRO)和Nuseed Pty公司开发的转基因油菜的种子中含有长链脂肪酸二十二碳六烯酸(DHA)。

FSANZ首席执行官Mark Booth表示:“该申请已经声明,这种油菜可以为食品制造商提供多种产品的DHA替代来源。”他补充说,FSANZ已经对转基因油菜进行了全面的安全评估,包括营养风险评估和饮食暴露评估,并得出结论称,该油菜品种不涉及有关公共健康和安全问题。

申请书提交截止日期为2017年10月26日。详情见:[FSANZ news release](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

菲律宾农民正等待Bt茄子商业化

[[返回首页](#)]

来自菲律宾邦雅斯兰、布特加斯、奎松和达沃等地一百多位农民、市政农学家和技术人员表示全力支持Bt茄子的商业化种植。2017年9月14日在SEARCA总部举行的Bt茄子公共对话中了解到它的科学性、安全性以及潜在的社会经济利益后,他们希望尽快获得种子。该活动为农民提供了一个澄清有关该技术的问题的平台。

布特加斯巴勒特的市政农学家Reynaldo Cueto表示,Bt茄子一旦商业化,他的城市就会开放进行Bt茄子试验,他希望这些作物很快就能被农民种植,这样就能体验到它带来的好处。Bt茄子项目负责人Desiree Hautea博士说,菲律宾大学洛斯巴诺斯分

校(UPLB)欢迎农民对茄子的种植和其他作物的情况进行反馈,并将继续开发技术以满足他们的需要。参加公共对话的其他专家还有Bt茄子研究的领导者、UPLB昆虫学家Lourdes Taylo博士和Mario Navasero先生;UPLB经济学教授Cesar Quicoy博士。这次公共对话是由ISAAA和SEARCA生物技术信息中心(SEARCA BIC)共同组织的。

有关菲律宾生物技术的最新研究进展见:[SEARCA BIC's website](#)。



[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

新育种技术

研究人员利用CRISPR-Cas9分析与水稻耐寒性有关的转录因子

[[返回首页](#)]

水稻(*Oryza sativa*)幼苗对寒冷非常敏感。因此,提高水稻耐寒性可以提高水稻的质量和产量。中国贵州大学的Huang Xiao Zhen团队分离出了一个可能与水稻耐寒性有关的转录因子TIFY1b。为了探索TIFY1b及其同系物TIFY1a的功能,研究人员利用CRISPR-Cas9来编辑它们的基因组。

研究团队利用CRISPR-Cas9技术对水稻品种Nipponbare进行了改造。对T₀代转基因株系的分析显示突变频率为60%-87.5%。这些结果表明,CRISPR-Cas9系统可以有效地诱导水稻位点的特异性突变。蛋白质分析表明突变导致T₀代转基因突变体中的TIFY1a或TIFY1b基因的功能缺失。研究发现这些突变也可以稳定地遗传到下一代。

他们成功地获得了一系列tify1突变体,它们可用于研究tify1基因在水稻适应寒冷气温中的作用。这些研究可能揭示了一种控制水稻低温适应性的途径,并将有助于培育耐寒水稻品种。

该研究详情见论文:[Journal of Agricultural Biotechnology](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

研究人员利用CRISPR剪刀打破作物产量限制

[[返回首页](#)]

冷泉港实验室(CSHL)的科学家利用基因组编辑来改良农作物。以番茄为例,他们利用CRISPR-Cas9技术来快速构建这种植物变异株,这些变异株广泛地、持续地表现出三种独立的农业上的重要性状:果实大小、分枝结构和整体植物形态,这些都是决定植物产量的主要因素。该方法适用于所有的粮食、饲料和燃料作物,包括水稻、玉米、高粱和小麦。

该研究团队使用CRISPR“剪刀”在西红柿的三段被称为启动子的基因组序列上进行多次切割,启动子是相关基因附近的调节性DNA区域,调节这些“产量”基因在生长期间在何时、何处和何水平上是有活性的。科学家们能够诱导这三种目标性状中的每一种都发生广泛的变化。

CSHL团队发现通过使用CRISPR来使调控序列产生突变,能够对产量性状产生更微小的影响。鉴于这些遗传变异为改善产量性状提供的灵活性,微调基因表



达而不是删除或灭活它们编码的蛋白最有可能使商业化农业受益。

该研究的负责人,CSHL教授Zachary Lippman说:“传统育种需要大量的时间和努力将相关基因的有益变异转化为最优良的品种,而且必须每年不断地改进这些品种。”我们的方法在有利于育种的其他自然突变环境下,直接产生和选择控制基因活性的最理想变异株,从而有助于绕过这种限制。我们现在能够利用天然的DNA开展研究,充分利用大自然提供的资源,我们相信这能帮助打破产量限制。”

详情见:[CSHL News and Features](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

其他生物技术

[[返回页首](#)]

科学家完成对深圳拟兰的基因组测序

一个国际研究小组完成了在中国东南部发现的深圳拟兰(*Apostasia shenzhenica*)的基因组草图。研究人员利用10x genomics scaffolding开展短读取测序和长读取测序,从而获得深圳拟兰的基因组序列。他们还利用他们的研究结果对这种植物与其他的兰科植物进行比较,并且基于转录组数据找出它们之间的差异。

该研究小组发现深圳拟兰属于兰科植物,它的基因组大部分是其他兰科植物的虚拟拷贝。他们还发现,它在几百万年前与其他兰科植物分离,时间接近于兰科植物首次出现的时间。研究还发现,兰科植物经历了一个大灭绝时期,之后兰科植物出现了分化而形成了5个亚科。研究人员认为,正是在这一时期,产生了如著名的“唇状物(lip)”之类的特征。

详情见发表在《自然》杂志上的开放获取论文:[Nature](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]