



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-biotech Applications SEAsia Center (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

2017-02-08

新闻

全球

[科学家为开发更美味的番茄绘制基因图谱](#)
[科学家揭示多样性蓝图来帮助玉米适应不断变化的气候](#)
[遗传学家开发新的小麦条纹花叶病毒抗性遗传标记](#)
[研究人员对猪笼草进行测序来阐明植物食肉性的机制](#)

[意大利科学家寻找小麦中与类胡萝卜素合成相关的基因](#)
[Defra批准洛桑研究所进行转基因小麦田间试验](#)

研究

[植物铁氧化还原蛋白样蛋白提高水稻的光合作用效率](#)
[研究人员在黄瓜中发现与紧凑株型相关的候选基因](#)

亚太地区

[印尼农民准备采用生物技术玉米](#)

新育种技术

[研究人员开发MISSA 2.0来组装正交CRISPR/Cas系统](#)
[通过AvrXa23为基础的TALEN获得基因特异性水稻突变体](#)

欧洲

[对苔藓的研究使人们更好地了解植物细胞生物学](#)

<< 上一期 >>

新闻

全球

[科学家为开发更美味的番茄绘制基因图谱](#)

[\[返回首页\]](#)

科学家们正在为开发更美味的番茄铺平道路。中国农业科学院的Denise Tieman及其合作研究人员对近400个番茄品种进行了广泛的遗传分析,包括许多祖先品种和圣女果。他们发现了一些控制番茄风味的成分。结果表明,在现代商业化番茄品种中,许多控制番茄风味的成分都已经丢失或浓度变低。研究小组发现了与风味成分产生相关的基因,为如何使用分子育种来开发更美味的番茄提供了新思路。



研究详情见:[Science](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

美洲

科学家揭示多样性蓝图来帮助玉米适应不断变化的气候

研究人员利用一个具有里程碑意义的基因组学研究进展分析和描述了美洲的4000多个地方玉米品种DNA特征。

墨西哥MAB/SeeD的研究人员开发了一个独特的实验策略来研究与玉米适应性相关的基因。该研究发现组成玉米基因组的4万个基因中有100个基因影响玉米植株对纬度、海拔、生长季节,以及开花地点的适应性。

分子遗传学家Sarah Hearne表示:“这项研究为如何快速评估高变异性作物品种(如玉米)的遗传资源,以及识别地方玉米品种基因组中可能使育种者和农民受益的成分提供了一个蓝图,”。Hearne领导了MAB/SddD与国际玉米小麦改良中心(CIMMYT)合作的玉米研究。

详情见新闻稿:[CIMMYT](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

遗传学家开发新的小麦条纹花叶病毒抗性遗传标记

小麦条纹花叶病毒(WSMV)对全球小麦生产造成了重大损失,目前没有控制该病毒的有效农药。2011年研究人员在3BS染色体上发现了WSMV抗性基因,命名为*Wsm2*。

发现与目标基因紧密连锁的有效分子标记是标记辅助筛选WSMV抗性等特征成功的关键,德州农工生态农业研究所的小粒谷类作物遗传学家Shuyu Liu博士说。单核苷酸多态性(SNPs) 广泛用于植物育种项目来发现优势基因型。Liu说他的研究小组在*Wsm2*侧翼发现了8个SNP,将帮助提高WSMV抗性筛选的效率。

“与目标基因连锁的单个标记不足以实现不同遗传背景植株的筛选,” Liu说。“因此,在基因两侧的一组紧密连锁标记是准确性更高的*Wsm2*的最佳预测者。”这些紧密连锁的SNP将在WSMV抗性标记辅助筛选中发挥重要作用,他说。

详情见新闻稿:[AgriLife Today](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

研究人员对猪笼草进行测序来阐明植物食肉性的机制

食肉植物以动物作为营养来源,人们一直致力于研究它们食肉性相关性状的起源和进化。为了研究食肉性的分子机制,科罗拉多大学医学院的Kenji Fukushima领导的研究团队对猪笼草(*Cephalotus follicularis*)的基因组进行了测序。在先前的研究中,研究小组成功地控制了猪笼草食肉和非食肉叶子发育的开关。

研究小组发现了与食肉植物显著特征相关的植物基因组的变化,这些显著特征包括猎物吸引、捕获、消化和营养吸收。该小组还分析了该植物的消化液和另外三个独立进化的猪笼草。

该研究得出结论称,分别出现的消化酶通常包括相似的遗传成分,虽然它们已经在1亿多年前分离,表现出高度趋同进化,即亲缘关系较远的生物最终进化成相似结构来应对相似的环境挑战。

高度趋同进化也表明,独立进化而来的食肉植物经历了共同的进化途径,被子植物变成食肉性植物的进化途径比较单一。

研究详情见文章:[Nature Ecology and Evolution](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

亚太地区

印尼农民准备采用生物技术玉米

印尼南望安及周边地区的约3.5万农民,在参加2017年1月24日印度印尼东爪哇省南望安举办的农民会议和玉米收割活动时表示,他们已经准备好应用生物技术来实现该国玉米的自给自足。农业部的高级政府官员、总统顾问委员会主席和IndoBIC主任担任资源专家。

该活动由南望安市市长Fadeli宣布正式开始,Fadeli先生随后参加了东爪哇省南望安市DemfarmRegion、Modern Village

Banyubang和Solokuro地区的玉米收割仪式。Fadeli先生在开幕致辞中说南望安将继续通过种植改良玉米品种来提高农业产量。

南望安有望成为东爪哇省的玉米主产区之一,已经准备好作为生物技术产品在印尼市场释放的一个试点。他还认为,如果农民使用生物技术种子,产量会更高,南望安可能成为该国的一个“玉米带”。目前,南望安12个区的玉米种植面积已达到100公顷,2017年将扩大到10000公顷。

想了解更多印尼的生物技术信息,请联系IndoBIC的Dewi Suryani:catleyavanda@gmail.com,



[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

欧洲

对苔藓的研究使人们更好地了解植物细胞生物学

[[返回页首](#)]

瓦赫宁根大学及研究中心的研究团队通过研究苔藓(*Physcomitrella patens*)揭秘了植物生物学过程,研究结果发表在《现代生物学》杂志上,Jeroen de Keijzer在论文中阐述了对植物细胞分裂至关重要的一个生物学过程。

当植物细胞分裂时,必须重建一段新的细胞壁来形成两个新细胞。微管首先确保复制的遗传物质平均分到两个子细胞,形成两个相同的细胞核。微管还调节细胞核之间新细胞壁的形成。

在研究细胞壁形成中,de Keijzer关闭了使微管之间的重叠部分变小的两个基因。经过两个额外的基因组编辑步骤,de Keijzer向苔藓植物中引进了两种不同的荧光蛋白DNA:一个使微管的重叠部分可见,另一个对细胞壁构建中的膜结构起相同的作用。在苔藓植物中微管的重叠部分在细胞分裂时并没有变小,构成新细胞壁的新膜变的更宽。

详情见新闻稿:Wageningen University & Research。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

意大利科学家寻找小麦中与类胡萝卜素合成相关的基因

[[返回页首](#)]

类胡萝卜素在植物光合作用和光氧化保护中发挥重要作用,是维生素A的前体。在小麦中,类胡萝卜素影响谷粒的颜色。了解粮食黄色色素的遗传基础,并确定相关的标记可以帮助改善小麦品质。

意大利巴里大学的Pasqualina Colasuonno使用比较基因组学发现了参与类胡萝卜素合成与分解代谢的24个候选基因。该

小组还对四倍体小麦进行了全基因组关联研究(GWAS)。这个GWAS验证了之前发现的数量性状基因座(QTL),还发现了与谷粒颜色相关的新的QTL。10个类胡萝卜素基因被定位于色素含量相关的QTL,说明在候选基因和性状之间可能存在功能关系。

连锁的基于候选基因的标记可以帮助培育富含类胡萝卜素的小麦品种。识别与类胡萝卜素色素相关的QTL有助于了解与小麦谷粒类胡萝卜素积累相关的基因。

研究详情见文章:[BMC Genomics](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

Defra批准洛桑研究所进行转基因小麦田间试验

[[返回页首](#)]

英国环境、食品和农村事务部(Defra)批准洛桑研究所进行转基因小麦植物的田间试验,这种植物可以更有效地进行光合作用。田间试验将评估转基因小麦植物在田间的表现。

洛桑研究所的科学家们,与埃塞克斯大学和兰开斯特大学的研究人员合作开发了一种更高效地将光能转化为生物能的小麦。2016年11月3日洛桑研究所向Defra提交了申请,申请在2017年至2019年在洛桑农场对该转基因小麦进行田间试验。环境释放咨询委员会(ACRE)对其进行了风险评估,Defra就此征求了公众意见,为期48天。根据ACRE介绍,公众提出的与这个申请相关的所有科学问题都已经解决。



洛桑研究所植物生物学和作物科学部门主管,该田间试验的首席科学家Malcolm Hawkesford博士说:“该试验将是科技上的一大进步,我们将能够在‘实际环境条件下’评估这些植物,与非转基因植株相比使用相同的资源和土地可以生产更多的粮食。田间试验是唯一评估方案可行性的方法,可以给农民带来经济效益,确保英国纳税人从这个研究的长期投资中获得回报,促进英国经济的发展和环境的保护。”

详情见新闻稿:[Rothamsted Research](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

研究

植物铁氧化还原蛋白样蛋白提高水稻的光合作用效率

[[返回页首](#)]

根据一项发表在《转基因研究》杂志上的研究,植物铁氧化还原蛋白样蛋白(PFLP)基因的持续表达提高水稻的光合作用效率。

对植物铁氧化还原蛋白样蛋白(PFLP)基因的大多数研究都集中在其抗病作用,关于其对光合作用影响的研究很少。因此,元培医事科技大学的Hsiang Chang与其他科学家合作,研究了*pflp*的过表达对光合作用的影响。他们开发了两个过表达*pflp*的转基因水稻株系。

结果表明,两个株系均表现出光合作用效率提高。在转基因株系中,光合作用的产物含量提高,如果糖、葡萄糖、蔗糖、淀粉。*pflp*转基因水稻株系的穗数、分蘖数都明显多于非转基因植株,而观察到两个转基因水稻株系之间这些参数无显著差异。

这些发现表明*pflp*的持续表达可以通过提高光合作用效率提高水稻产量。

该研究的摘要见:[Transgenic Reseach](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

研究人员在黄瓜中发现与紧凑株型相关的候选基因

[[返回页首](#)]

矮小或紧凑株型是植物育种的一个重要特征。人们已经发现控制株高的许多基因,这些基因往往是参与植物激素的合成或信号途径,如油菜素内酯(BR)。但是,在葫芦科植物中没有发现与植物株型相关的基因。西北农大学和威斯康辛大

学的研究人员在一个突变群体中发现了一个超级紧凑(SCP)的黄瓜(*Cucumis sativus* L.)突变体C257,几乎没有节间伸长。

在黑暗的生长条件下,C257没有经过暗形态发生,下胚轴快速增长寻找阳光,突变体在添加了外源的油菜素内酯可以生长,这表明它可能是一个BR缺失突变。该团队发现了一个可能的候选基因*CsCYP85A1*,它是植物细胞色素P450单氧酶基因家族的一员。它在BR生物合成途径中编码一个BR-C6-氧化酶。

在黄瓜基因组中有三个*CsCYP85A*基因拷贝,然而,只有*scp-1 / CsCYP85A1*基因是活跃的。在花中的表达比在茎和叶中表达量多,与野生型相比在C257中的表达量减少。

该研究是关于葫芦科植物株型基因图位克隆的首次报道。

研究详情见文章:[Frontiers in Plant Science](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

新育种技术

研究人员开发MISSA 2.0来组装正交CRISPR/Cas系统

[[返回首页](#)]

在植物中产生多个基因的有效突变仍然是一个挑战。使用两个或多个正交CRISPR / Cas系统可以生成多基因突变植物。然而,这些系统的组装需要一个强大的、大容量的工具包。中国农业大学的研究人员开发了MISSA 2.0,它可以组装两个或多个CRISPR / Cas系统。

该团队开发了一种基于质粒RK2的新型自杀供体载体系统,它的克隆能力远高于原来以质粒R6K为基础的系统。然后他们通过将多个DNA片段组装到大肠杆菌染色体中,以及通过开发一个过表达多个基因的转基因拟南芥来验证MISSA 2.0的效果。

随后发现基于RK2的MISSA 2.0 供体载体的更高克隆能力能显著促进两个正交 CRISPR / Cas 系统(包括 SpCas9 和 SaCas9)的组装,从而促进了携带这些系统的转基因株系的产生。

MISSA 2.0 这一工具将有助于基于两个或多个正交 CRISPR / Cas9 系统的植物多重基因组编辑的发展。

这个有前途的技术详情见文章:[Nature](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]

通过AvrXa23为基础的TALEN获得基因特异性水稻突变体

[[返回首页](#)]

转录激活因子样效应物核酸酶(TALENs) 作为一个强大的基因组编辑工具,越来越多地应用于多种生物。先前的研究已经从*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*中克隆得到基因AvrXa23,开发了一个AvrXa23为基础的TALEN组装系统。中国农业科学院的Fu-jun Wang使用TALEN诱导水稻乙烯响应因子(ERF) 转录因子OsERF922的突变来测试AvrXa23为基础的TALEN系统的基因编辑效率。

一对TALENs (T-KJ9 / KJ10)被组装,然后用于水稻转化。该研究小组发现在转基因水稻愈伤组织中目标体细胞突变率为15.0%,并获得在设计的目标区域出现删除或插入突变的两个突变植物。这些结果表明,AvrXa23为基础的TALEN系统可用于水稻特定位置的基因组编辑。



该研究详情见文章:[Journal of Integrative Agriculture](#)。

[[发送好友](#) | [点评本文](#)]