



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委託《中國生物工程雜誌》編輯部進行《國際農業生物技術週報》(中文版)的編輯和發佈，閱讀全部週報請登錄：www.chinabic.org 閱讀手機版週報請關注微信號：**chinabio1976** 訂閱週報請點擊：<http://www.isaaa.org/subscribe/cn>

本期導讀

2017-02-08

新聞

全球

[科學家為開發更美味的番茄繪製基因圖譜](#)
[科學家揭示多樣性藍圖來幫助玉米適應不斷變化的氣候](#)
[遺傳學家開發新的小麥條紋花葉病毒抗性遺傳標記](#)
[研究人員對豬籠草進行測序來闡明植物食肉性的機制](#)

[意大利科學家尋找小麥中與類胡蘿蔔素合成相關的基因](#)
[Defra批准洛桑研究所進行轉基因小麥田間試驗](#)

研究

[植物鐵氧化還原蛋白樣蛋白提高水稻的光合作用效率](#)
[研究人員在黃瓜中發現與緊湊株型相關的候選基因](#)

新育種技術

[研究人員開發MISSA 2.0來組裝正交CRISPR/Cas系統](#)
[通過AvrXa23為基礎的TALEN獲得基因特異性水稻突變體](#)

亞太地區

[印尼農民準備採用生物技術玉米](#)

歐洲

[對苔蘚的研究使人們更好地瞭解植物細胞生物學](#)

<< 前一期 >>

新聞

全球

[科學家為開發更美味的番茄繪製基因圖譜](#)

[\[返回頁首\]](#)

科學家們正在為開發更美味的番茄鋪平道路。中國農業科學院的Denise Tieman及其合作研究人員對近400個番茄品種進行了廣泛的遺傳分析，包括許多祖先品種和聖女果。他們發現了一些控制番茄風味的成分。結果表明，在現代商業化番茄品種中，許多控制番茄風味的成分都已經丟失或濃度變低。研究小組發現了與風味成分產生相關的基因，為如何使用分子育種來開發更美味的番茄提供了新思路。



研究詳情見：[Science](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

科學家揭示多樣性藍圖來幫助玉米適應不斷變化的氣候

研究人員利用一個具有里程碑意義的基因組學研究進展分析和描述了美洲的4000多個地方玉米品種的DNA特徵。

墨西哥MAB/SeeD的研究人員開發了一個獨特的實驗策略來研究與玉米適應性相關的基因。該研究發現組成玉米基因組的4萬個基因中有100個基因影響玉米植株對緯度、海拔、生長季節，以及開花地點的適應性。

分子遺傳學家Sarah Hearne表示：「這項研究為如何快速評估高變異性作物品種（如玉米）的遺傳資源，以及識別地方玉米品種基因組中可能使育種者和農民受益的成分提供了一個藍圖，」。Hearne領導了MAB/SddD與國際玉米小麥改良中心(CIMMYT)合作的玉米研究。

詳情見新聞稿：[CIMMYT](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

遺傳學家開發新的小麥條紋花葉病毒抗性遺傳標記

小麥條紋花葉病毒(WSMV)對全球小麥生產造成了重大損失，目前沒有控制該病毒的有效農藥。2011年研究人員在3BS染色體上發現了WSMV抗性基因，命名為*Wsm2*。

發現與目標基因緊密連鎖的有效分子標記是標記輔助篩選WSMV抗性等特徵成功的關鍵，德州農工生態農業研究所的小粒穀類作物遺傳學家Shuyu Liu博士說。單核甘酸多態性(SNPs) 廣泛用於植物育種項目來發現優勢基因型。Liu說他的研究小組在*Wsm2*側翼發現了8個SNP，將幫助提高WSMV抗性篩選的效率。

「與目標基因連鎖的單個標記不足以實現不同遺傳背景植株的篩選，」Liu說。「因此，在基因兩側的一組緊密連鎖標記是準確性更高的*Wsm2*的最佳預測者。」這些緊密連鎖的SNP將在WSMV抗性標記輔助篩選中發揮重要作用，他說。

詳情見新聞稿：[AgriLife Today](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

研究人員對豬籠草進行測序來闡明植物食肉性的機制

食肉植物以動物作為營養來源，人們一直致力於研究它們食肉性相關性狀的起源和進化。為了研究食肉性的分子機制，科羅拉多大學醫學院的Kenji Fukushima領導的研究團隊對豬籠草(*Cephalotus follicularis*)的基因組進行了測序。在先前的研究中，研究小組成功地控制了豬籠草食肉和非食肉葉子發育的開關。

研究小組發現了與食肉植物顯著特徵相關的植物基因組的變化，這些顯著特徵包括獵物吸引、捕獲、消化和營養吸收。該小組還分析了該植物的消化液和另外三個獨立進化的豬籠草。

該研究得出結論稱，分別出現的消化酶通常包括相似的遺傳成分，雖然它們已經在1億多年前分離，表現出高度趨同進化，即親緣關係較遠的生物最終進化出相似結構來應對相似的環境挑戰。

高度趨同進化也表明，獨立進化而來的食肉植物經歷了共同的進化途徑，被子植物變成食肉性植物的進化途徑比較單一。

研究詳情見文章：[Nature Ecology and Evolution](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

亞太地區

印尼農民準備採用生物技術玉米

印尼南望安及周邊地區的約3.5萬農民，在參加2017年1月24日印度印尼東爪哇省南望安舉辦的農民會議和玉米收割活動時表示，他們已經準備好應用生物技術來實現該國玉米的自給自足。農業部的高級政府官員、總統顧問委員會主席

和IndoBIC主任擔任資源專家。

該活動由南望安市市長Fadeli宣佈正式開始，Fadeli先生隨後參加了東爪哇省南望安市DemfarmRegion、Modern Village Banyubang和Solokuro地區的玉米收割儀式。Fadeli先生在開幕致辭中說南望安將繼續通過種植改良玉米品種來提高農業產量。

南望安有望成為東爪哇省的玉米主產區之一，已經準備好作為生物技術產品在印尼市場釋放的一個試點。他還認為，如果農民使用生物技術種子，產量會更高，南望安可能成為該國的一個「玉米帶」。目前，南望安12個區的玉米種植面積已達到100公頃，2017年將擴大到10000公頃。

想瞭解更多印尼的生物技術信息，請聯繫IndoBIC的Dewi Suryani：catleyavanda@gmail.com，



[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

歐洲

對苔蘚的研究使人們更好地瞭解植物細胞生物學

[[返回頁首](#)]

瓦赫寧根大學及研究中心的研究團隊通過研究苔蘚（*Physcomitrella patens*）揭秘了植物生物學過程，研究結果發表在《現代生物學》雜誌上，Jeroen de Keijzer在論文中闡述了對植物細胞分裂至關重要的一個生物學過程。

當植物細胞分裂時，必須重建一段新的細胞壁來形成兩個新細胞。微管首先確保複製的遺傳物質平均分到兩個子細胞，形成兩個相同的細胞核。微管還調節細胞核之間新細胞壁的形成。

在研究細胞壁形成中，de Keijzer關閉了使微管之間的重疊部分變小的兩個基因。經過兩個額外的基因組編輯步驟，de Keijzer向苔蘚植物中引進了兩種不同的螢光蛋白DNA：一個使微管的重疊部分可見，另一個對細胞壁構建中的膜結構起相同的作用。在苔蘚植物中微管的重疊部分在細胞分裂時並沒有變小，構成新細胞壁的新膜變的更寬。

詳情見新聞稿：Wageningen University & Research。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

意大利科學家尋找小麥中與類胡蘿蔔素合成相關的基因

[[返回頁首](#)]

類胡蘿蔔素在植物光合作用和光氧化保護中發揮重要作用，是維生素A的前體。在小麥中，類胡蘿蔔素影響谷粒的

顏色。瞭解糧食黃色色素的遺傳基礎，並確定相關的標記可以幫助改善小麥品質。

意大利巴裡大學的Pasqualina Colasuonno使用比較基因組學發現了參與類胡蘿蔔素合成與分解代謝的24個候選基因。該小組還對四倍體小麥進行了全基因組關聯研究(GWAS)。這個GWAS驗證了之前發現的數量性狀基因座(QTL)，還發現了與谷粒顏色相關的新的QTL。10個類胡蘿蔔素基因被定位於色素含量相關的QTL，說明在候選基因和性狀之間可能存在功能關係。

連鎖的基於候選基因的標記可以幫助培育富含類胡蘿蔔素的小麥品種。識別與類胡蘿蔔素色素相關的QTL有助於瞭解與小麥谷粒類胡蘿蔔素積累相關的基因。

研究詳情見文章：[BMC Genomics](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

Defra批准洛桑研究所進行轉基因小麥田間試驗

[[返回頁首](#)]

英國環境、食品和農村事務部(Defra)批准洛桑研究所進行轉基因小麥植物的田間試驗，這種植物可以更有效地進行光合作用。田間試驗將評估轉基因小麥植物在田間的表現。



洛桑研究所的科學家們，與埃塞克斯大學和蘭開斯特大學的研究人員合作開發了一種更高效地將光能轉化為生物能的小麥。2016年11月3日洛桑研究所向Defra提交了申請，申請在2017年至2019年在洛桑農場對該轉基因小麥進行田間試驗。環境釋放諮詢委員會(ACRE)對其進行了風險評估，Defra就此徵求了公眾意見，為期48天。根據ACRE介紹，公眾提出的與這個申請相關的所有科學問題都已經解決。

洛桑研究所植物生物學和作物科學部門主管，該田間試驗的首席科學家Malcolm Hawkesford博士說：「該試驗將是科技上的一大進步，我們將能夠在『實際環境條件下』評估這些植物，與非轉基因植株相比使用相同的資源和土地可以生產更多的糧食。田間試驗是唯一評估方案可行性的方法，可以給農民帶來經濟效益，確保英國納稅人從這個研究的長期投資中獲得回報，促進英國經濟的發展和環境的保護。」

詳情見新聞稿：[Rothamsted Research](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

研究

植物鐵氧化還原蛋白樣蛋白提高水稻的光合作用效率

[[返回頁首](#)]

根據一項發表在《轉基因研究》雜誌上的研究，植物鐵氧化還原蛋白樣蛋白(PFLP)基因的持續表達提高水稻的光合作用效率。

對植物鐵氧化還原蛋白樣蛋白(PFLP)基因的大多數研究都集中在其抗病作用，關於其對光合作用影響的研究很少。因此，元培醫事科技大學的Hsiang Chang與其他科學家合作，研究了*pflp*的過表達對光合作用的影響。他們開發了兩個過表達*pflp*的轉基因水稻株系。

結果表明，兩個株系均表現出光合作用效率提高。在轉基因株系中，光合作用的產物含量提高，如果糖、葡萄糖、蔗糖、澱粉。*pflp*轉基因水稻株系的穗數、分蘗數都明顯多於非轉基因植株，而觀察到兩個轉基因水稻株系之間這些參數無顯著差異。

這些發現表明*pflp*的持續表達可以通過提高光合作用效率提高水稻產量。

該研究的摘要見：[Transgenic Research](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

矮小或緊湊株型是植物育種的一個重要特徵。人們已經發現控制株高的許多基因，這些基因往往是參與植物激素的合成或信號途徑，如油菜素內酯(BR)。但是，在葫蘆科植物中沒有發現與植物株型相關的基因。西北農大學和威斯康辛大學的研究人員在一個突變群體中發現了一個超級緊湊(SCP)的黃瓜(*Cucumis sativus* L.)突變體C257，幾乎沒有節間伸長。

在黑暗的生長條件下，C257沒有經過暗形態發生，下胚軸快速增長尋找陽光，突變體在添加了外源的油菜素內酯可以生長，這表明它可能是一個BR缺失突變。該團隊發現了一個可能的候選基因*CsCYP85A1*，它是植物細胞色素P450單氧酶基因家族的一員。它在BR生物合成途徑中編碼一個BR-C6-氧化酶。

在黃瓜基因組中有三個*CsCYP85A*基因拷貝，然而，只有*scp-1 / CsCYP85A1*基因是活躍的。在花中的表達比在莖和葉中表達量多，與野生型相比在C257中的表達量減少。

該研究是關於葫蘆科植物株型基因圖位克隆的首次報道。

研究詳情見文章：[Frontiers in Plant Science](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

新育種技術

研究人員開發MISSA 2.0來組裝正交CRISPR/Cas系統

[[返回頁首](#)]

在植物中產生多個基因的有效突變仍然是一個挑戰。使用兩個或多個正交CRISPR / Cas系統可以生成多基因突變植物。然而，這些系統的組裝需要一個強大的、大容量的工具包。中國農業大學的研究人員開發了MISSA 2.0，它可以組裝兩個或多個CRISPR / Cas系統。

該團隊開發了一種基於質粒RK2的新型自殺供體載體系統，它的克隆能力遠高於原來以質粒R6K為基礎的系統。然後他們通過將多個DNA片段組裝到大腸桿菌染色體中，以及通過開發一個過表達多個基因的轉基因擬南芥來驗證MISSA 2.0的效果。

隨後發現基於RK2的MISSA 2.0 供體載體的更高克隆能力顯著促進兩個正交 CRISPR / Cas 系統（包括 SpCas9 和 SaCas9）的組裝，從而促進了攜帶這些系統的轉基因株系的產生。

MISSA 2.0 這一工具將有助於基於兩個或多個正交 CRISPR / Cas9 系統的植物多重基因組編輯的發展。

這個有前途的技術詳情見文章：[Nature](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

通過AvrXa23為基礎的TALEN獲得基因特異性水稻突變體

[[返回頁首](#)]

轉錄激活因子樣效應物核酸酶(TALENs) 作為一個強大的基因組編輯工具，越來越多地應用於多種生物。先前的研究已經從*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*中克隆得到基因AvrXa23，開發了一個AvrXa23為基礎的TALEN組裝系統。中國農業科學院的Fu-jun Wang使用TALEN誘導水稻乙烯響應因子(ERF) 轉錄因子*OsERF922*的突變來測試AvrXa23為基礎的TALEN系統的基因編輯效率。



一對TALENs (T-KJ9 / KJ10)被組裝，然後用於水稻轉化。該研究小組發現在轉基因水稻愈傷組織中目標體細胞突變率為15.0%，並獲得在設計的目標區域出現刪除或插入突變的兩個突變植物。這些結果表明，AvrXa23為基礎的TALEN系統可用於水稻特定位點的基因組編輯。

該研究詳情見文章：[Journal of Integrative Agriculture](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

Copyright 2017 ISAAA
[Editorial Policy](#)