



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

2017-06-14

新聞

美洲

[一項突破性研究進展使人工光合作用成為可能](#)
[巴西批准轉基因甘蔗商業化應用](#)

亞太地區

[研究表明水稻1萬年前首次在中國種植](#)

歐洲

[科學家發現共生真菌以脂肪酸形式從植物中獲取碳源](#)

[蘋果基因組序列公佈](#)

新育種技術

[使用CRISPR-Cas9對OSSAPK2進行功能鑒定](#)
[利用CRISPR/Cas9技術在秈稻中造成靶標基因的缺失](#)

文檔提示

[EFSA發佈關於基於RNAi的轉基因作物評估基準信息的文獻綜述](#)

<< 前一期 >>

新聞

美洲

一項突破性研究進展使人工光合作用成為可能

光合作用是自然界中最重要反應之一。除了產生氧氣，這個自然過程通過將大氣中的二氧化碳和水變成糖分子，將太陽能轉換為化學能，為植物提供生存所需的營養和能量。

科學家們試圖人為地複製這個能量轉換過程來生產環保的和可持續的燃料，如氫和甲醇。模仿這個過程一直是科學家面臨的一項挑戰，因為人工光合作用需要構建一個吸收光，傳輸和分離電荷，並催化生成燃料的反應的分子系統。這些都是複雜的過程，必須同步運行來實現高效率地能量轉換。

美國能源部(DOE)布魯克海文國家實驗室和弗吉尼亞理工大學的化學家領導的研究小組，設計了兩種光催化劑，從而將專門用於光吸收，電荷分離，或催化的部件組合成一個單一的「超分子」。每個超分子是由連接到一個銻(Rh)金屬離子催化中心的多個捕獲光的鈦(Ru)金屬離子組成。研究人員發現該超分子由六個Ru中心和一個Rh中心，比另一種系統的效率提高了7倍，循環300次，可以產氫長達10小時。較大的超分子稍微缺電子，使它更容易接受人工光合作用所需的電子。

詳情見：[Brookhaven National Laboratory](http://www.brookhaven.gov)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

[[返回頁首](#)]

巴西批准轉基因甘蔗商業化應用

[[返回頁首](#)]

2017年6月8日，巴西國家生物安全技術委員會(CTNBio)批准了首個轉基因(GM)Bt甘蔗CTC 20 BT的商業化應用，該轉基因甘蔗是由巴西CTC(Centro de Tecnologia Canavieira)公司開發的。

該Bt甘蔗是世界上首個批准種植的轉基因甘蔗，它對巴西甘蔗的主要害蟲小蔗螟(*Diatraea saccharalis*)具有抗性。根據巴西農業專家介紹，小蔗螟每年造成經濟損失約50億雷亞爾。CTC 20 BT中的Bt基因(來自蘇雲金芽孢桿菌)，已在生物技術作物(如大豆、玉米、棉花和茄子)中廣泛應用了20多年。

在2015年向CTNBio提交了使用國際標準對轉基因甘蔗進行的健康和環境安全評估的科學檔案。過程研究證明新品種中的糖和乙醇含量與傳統品種中一樣。這些研究還證明CTC 20 BT甘蔗中的Bt基因和蛋白，在生產過程中從甘蔗衍生品中完全消除。環境研究沒有發現對土壤組成、甘蔗生物降解性或昆蟲種群產生任何負面影響，除了靶標害蟲(主要是小蔗螟)。CTC公司將與生產者密切合作，從20 BT甘蔗幼苗的分配開始，然後密切監控種植區域。

詳情見文章：[Brazilian Sugarcane Industry Association \(UNICA\)](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]



亞太地區

研究表明水稻1萬年前首次在中國種植

[[返回頁首](#)]

水稻是許多國家的主要糧食作物之一，中國科學院(CAS)的研究人員發表在美國《國家科學院院刊》上的研究稱，水稻大約在1萬年前在中國開始被馴化。

研究人員在中國長江下游上山遺址發現了水稻化石。研究人員認為這些化石是水稻種植最古老的例子。他們開發了一種新方法，從粘土和碳酸鹽中分離水出稻植硅體，通過放射性碳測定樣本的年代。結果表明，這些化石約有9400年的歷史。此外，他們發現上山遺址有大約36%的植硅體的魚鱗紋飾大於9個，比馴化水稻中約67%的比例低，但比現代野生稻中大約17%的比例要高。

這個時間與近東的小麥、南美的玉米開始馴化的時間基本同步，它們都發生在約1萬年以前。

研究詳情見：[CAS](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

歐洲

科學家發現共生真菌以脂肪酸形式從植物中獲取碳源

[[返回頁首](#)]

叢枝菌根真菌感染植物根系，並幫助植物吸收營養，根據洛桑研究所和約翰英納斯中心的植物科學家們發表在《科學》雜誌上的一項最新研究，該真菌以長鏈脂肪酸的形式從它們的宿主植物中獲得自身所需的碳源。傳統理論認為植物通過碳水化合物將碳源營養傳遞給共生真菌，然後真菌合成自身的脂肪酸，這個重要發現推翻了這種認識。

研究人員最初分離了與維持共生關係相關的兩個重要基因。「在我們假設該共生關係在植物中創建了一個脂質工廠來為真菌提供營養之前，我們不知道為什麼這些基因是如此的重要，」此項研究的負責人洛桑研究所Peter Eastmond說。

Eastmond還強調他們的發現為可持續農業的發展有重要意義，特別是對正在生長的作物，使它們能夠在貧瘠的土壤中生長。他們的發現也可以用於開發綠色通道在植物中生產脂質，用於生產生物燃料，和工業用途的前體化學品，作為化石燃料的替代品。

詳情見：[Rothamsted](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

法國、意大利、德國、荷蘭和南非的一個研究機構聯合會，包括瓦赫寧根大學及研究中心的研究人員發表了高質量的蘋果基因組序列。

基因組序列為蘋果基因組的構成提供了新的見解。42000個可能基因中的93%通過RNA測序得到了驗證。這些信息對於鑒定控制人們感興趣的特徵的基因，以及對於開發可以加速新品種育種的以DNA為基礎的診斷測試是非常重要的。

有關蘋果基因組的這些新見解，包括對蘋果17條染色體的複製模式有了一個清晰的瞭解。這些信息有助於鑒定具有類似功能的基因拷貝。研究人員組裝了「重複區域」，這些區域可能參與調節基因表達。最後，發現了一種著絲粒特有的新型重複序列，這可能使人們對染色體的分裂和複製產生新見解。

詳情見新聞稿：[Wageningen University & Research](#)。

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

新育種技術

使用CRISPR-Cas9對OSSAPK2進行功能鑒定

[\[返回頁首\]](#)

SnRK2蛋白激酶家族可以調控植物高滲脅迫信號和依賴脫落酸的發育。在水稻中，滲透脅迫/ ABA激活蛋白激酶2(SAPK2)是ABA信號通路的主要調控因子。然而並沒有得到充分的研究。中國科學院的Dengji Lou利用由CRISPR-Cas9系統開發的功能缺失突變體，研究了OsSAPK2的功能。

在經過乾旱、高鹽和聚乙二醇(PEG)等條件處理後，研究人員發現OsSAPK2表達水平大幅上調。sapk2突變體表現出ABA不敏感表型，這表明OsSAPK2的角色與ABA介導的種子休眠有關。ossapk2突變體對乾旱脅迫和活性氧更敏感，說明它在水稻乾旱響應中的重要性。

進一步分析顯示，OsSAPK2通過促進氣孔關閉來減少水分損失，從而提高了水稻的抗旱性，並使脅迫相關基因表達上調，誘導抗氧化酶基因的表達來增強清除ROS的能力。

這些結果表明OsSAPK2是可用於作物改良的一個潛在候選基因。

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

[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

利用CRISPR/Cas9技術在秈稻中造成靶標基因的缺失

[\[返回頁首\]](#)

CRISPR-Cas9被廣泛用於哺乳動物和植物系統的定點基因編輯。大多數情況下在植物中產生小片段的插入缺失，大片段缺失的情況很少見。

先正達生物科技(中國)有限公司的Ying Wang團隊設計了多個CRISPR sgRNAs，並成功刪除了優良秈稻品種IR58025B中DEP1基因中的DNA片段。該研究團隊在T₀代植株中430bp靶標片段的編輯效率為2%，10 kb靶標片段的編輯效率為9%。

研究發現通過CRISPR-Cas9開發的dep1純合子T₀突變體植物中與產量相關特性得到改良，如稻穗變密、植株變矮。

研究詳情見文章：[Plant Cell Reports](#)。



[[發送好友](#) | [點評本文](#)]

文檔提示

EFSA 發佈關於基於RNAi的轉基因作物評估基準信息的文獻綜述

[\[返回頁首\]](#)

歐洲食品安全局(EFSA)發佈了一份基準信息文獻綜述，旨在對通過RNA干擾技術開發的轉基因作物進行風險評估。該報告參考了一個全面系統的文獻檢索，從檢索該研究領域的超過19萬份出版物開始，然後進一步篩選獲得一個更有針對性的標題和摘要的集合。

詳情見綜述內容：[Wiley Online Library](#)。