



2019年第34期总147期

# 农业生物技术专题

## 本期导读

### ▶ 前沿资讯

1. Nature子刊发布CRISPR-Cas重大进展：实现同时编辑几十个基因！
2. Science述评：野生资源遗传信息再利用——野生大刍草改良作物玉米
3. 科学家成功构建藏族人群全基因组水平的适应性遗传变异图谱
4. 进行多重基因编辑不再困难！利用Cas12a和单个转录本上的CRISPR阵列进行多重基因编辑
5. 中科院张劲松研究组和陈受宜研究组发现大豆中B类热激转录因子参与胁迫反应

### ▶ 学术文献

1. 揭示组蛋白去乙酰化酶在植物热响应中的功能
2. 研究发现芸薹属植物基因组三维结构与进化机制有关

### ▶ 科研项目

1. 45项！2019年国家自然科学基金创新研究群体项目出炉

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉依；顾亮亮

联系电话：010-82109850

邮箱：[agri@ckcest.cn](mailto:agri@ckcest.cn)

2019年9月26日

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统：<http://agri.ckcest.cn/>

## ▶ 前沿资讯

### 1. Nature子刊发布CRISPR-Cas重大进展：实现同时编辑几十个基因！

**简介：**每个人都在谈论CRISPR-Cas。这种生物技术提供了一种相对快速和简单的方法来操纵细胞中的单个基因，这意味着它们可以被精确地删除、替换或修改。此外，近年来，研究人员也一直在使用基于CRISPR-Cas的技术系统地增加或减少单个基因的活性。无论是在基础生物学研究领域，还是在植物育种等应用领域，相应的方法都在很短的时间内成为了世界范围内的标准。迄今为止，在大多数情况下，研究人员只能用这种方法一次修改一个基因。有时，他们能一口气做到两三个；在一个特殊的情况下，他们能够同时编辑7个基因。现在，位于巴塞尔的苏黎世联邦理工学院生物系统科学与工程系的Randall Platt教授和他的团队已经开发出一种方法——正如他们在实验中证明的那样——可以同时修改细胞中25个目标基因位点。Platt认为这还不够，他表示这个数字还可以进一步增加，增加到几十甚至几百个基因。无论如何，这种方法为生物医学研究和生物技术提供了巨大的潜力。“多亏了这个新工具，我们和其他科学家现在可以实现我们过去只能梦想的事情。”细胞中的基因和蛋白质以许多不同的方式相互作用。由此产生的由数十个基因组成的网络确保了有机体的细胞多样性。例如，它们负责将祖细胞分化为神经元细胞和免疫细胞。Platt说：“我们的方法使我们第一次能够一次性系统地修改整个基因网络。”此外，它还为大规细胞编程铺平了道路。它可以用来增加某些基因的活性，同时降低其他基因的活性。这种活性变化的时间也可以精确控制。这对于基础研究很有用，例如研究为什么不同类型的细胞行为不同，或者研究复杂的遗传疾病。它也将被证明对细胞替代疗法有用，包括用健康细胞替代受损细胞。在这种情况下，研究人员可以使用该方法将干细胞转化为分化的细胞，如神经元细胞或产生胰岛素的β细胞，反之亦然，从分化的皮肤细胞中产生干细胞。CRISPR-Cas方法需要一种称为Cas的酶和一个小RNA分子。它的碱基序列就像一个“地址标签”，把酶精确地指向染色体上的指定作用位点。ETH的科学家们已经创造了一个质粒，它存储了Cas酶的序列和许多RNA地址分子，并按顺序排列：换句话说，包含一个更长的地址列表。在他们的实验中，研究人员将这种质粒插入人类细胞，从而证明了几个基因可以同时被修改和调控。对于这项新技术，科学家们并没有使用目前大多数CRISPR-Cas方法中所使用的Cas9酶，而是使用了相关的Cas12a酶。它不仅可以编辑基因，还可以把长长的“RNA地址列表”同时切成一个个“地址标签”。此外，Cas12a可以处理比Cas9更短的RNA地址分子。Platt说：“这些寻址序列越短，我们就能在质粒上找到越多的寻址序列。”

**来源：**基因农业网

**发布日期：**2019-08-21

**全文链接：**

<http://www.agrogene.cn/info-5683.shtml>

### 2. Science述评：野生资源遗传信息再利用——野生大刍草改良作物玉米

**简介：**玉米是世界第一大粮食作物，全世界玉米总产量已经超过10亿吨，占世界粮食总产量的41%，对全球的粮食安全起着举足轻重的作用。在过去的半个世纪，玉米的产量因为种植密度的增加而得到提高。但是，种植密度的增加需要更加紧凑的株型，主要是更小的叶夹角产生向上的叶片。叶夹角的大小直接影响玉米群体冠层的光能利用率和群

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统：<http://agri.ckcest.cn/>

体的光合效率，也决定了种植密度的高低。玉米的叶夹角主要由分隔叶片（Blade）和叶鞘（Sheath）的叶舌（Ligule）和叶耳（Auricle）决定。已有研究鉴定叶夹角主要由以下三类基因的突变决定：第一类是无叶舌和叶耳的突变，如liguleless1 (lg1)，lg2和ligulelessnarrow；第二类是调节叶耳的大小的突变，如油菜素内酯（BR）激素信号途径；第三类是主脉的厚度的变化，如缺乏主脉的drooping leaf (dr1)。尽管这些突变可以改变叶夹角，但由于其多效性（如松垂的叶子），不能直接用于提高玉米的产量。本期的《科学》杂志在线发表了中国农业大学田丰教授团队在玉米叶夹角方面的研究。科研人员利用玉米野生种——大刍草（CIMMT 8759）与玉米自交系（W22）为亲本杂交衍生得到的深入系群体，对叶夹角进行数量性状位点（QTL）的定位，并对玉米的两个主效QTLUPA1（Upright Plant Architecture1）和UPA2进行了精细定位。结果发现，UPA2造成叶夹角的差异主要是由位于240bp非编码区域内的2个核苷酸的插入/缺失造成的，而这一插入只存在于野生种大刍草中，在人工驯化的自交系中已经完全缺失。它可以作为顺式调控元件调控位于下游9.5 Kb的基因ZmRAV1。而上文提到的dr11编码的蛋白DRL1蛋白可以更好地结合在大刍草的等位基因上，并且与玉米控制叶舌的LG1互作，从而抑制LG1对ZmRAV1的激活。另一个数量性状位点UPA1的功能基因是BR途径的合成基因brd1。而ZmRAV1可以调控brd1的表达，最终导致了大刍草中brd1的下调。进而降低叶环处内源BR水平，影响叶耳细胞的增殖，最终导致叶夹角减小，株型趋于紧凑。玉米是大约9000年前由分布于墨西哥西南部的大刍草驯化而来。在其驯化过程中，由于遗传瓶颈效应和选择作用，玉米丢失了大刍草~30%的遗传多样性，其丢失的遗传多样性中可能包含可用于现代育种的优良等位基因。田间试验表明，UPA2的大刍草近等基因系在密植条件下具有显著的增产效应。借助分子标记辅助选择，该研究将UPA2的大刍草等位基因回交导入到了优良玉米杂交种农大108双亲中，获得了携带UPA2大刍草等位基因的改良农大108。田间密植试验显示，改良的农大108在密植条件下玉米籽粒产量显著增加。这些结果都说明：UPA2野生等位变异在当前密植高产育种中可能具有重要的利用价值，充分利用玉米野生种质资源是解决目前育种遗传基础狭窄的重要途径。该研究从玉米野生祖先种大刍草中克隆了控制玉米紧凑株型、密植增产的关键基因，建立了玉米紧凑株型的分子调控网络，为玉米理想株型分子育种、培育密植高产品种提供了理论和实践基础。

来源：ScienceAAAS

发布日期：2019-08-16

全文链接：

<https://mp.weixin.qq.com/s/quEBxX5wxTX8cBdguPdavQ>

### 3. 科学家成功构建藏族人群全基因组水平的适应性遗传变异图谱

简介：中国科学院—马普计算生物研究所徐书华团队通过研究分析深度基因组测序数据和藏族表型数据，构建了藏族人群全基因组水平的适应性遗传变异图谱，首次系统地将藏族人群基因组中与适应性进化相关的功能性变异呈现出来。相关研究成果近日在线发表于《国家科学评论》。经过国内外近十年的密集研究，人们对藏族高原适应的遗传学基础有了一些初步的认识；其中EPAS1是目前领域里普遍认为是藏族适应高原的关键基因，特别是由于在其他高原物种中也发现EPAS1的适应性进化的迹象，因而备受关注。但是迄今未能确定EPAS1基因中与藏族高原适应的功能性变异，这为理解人类在青藏高原上的适应性进化机制留下未解难题。为此，徐书华团队与中科院昆明动物研究所、温州医科大学、复旦大学、西藏民族大学等多家单位的研究人员合作，在全基因组水平对藏族人群的高原适应性变异进行了系统性梳理，充分利用深度基因组测序数据的优势，

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统：<http://agri.ckcest.cn/>

构建了藏族人群全基因组尺度上的适应性遗传变异图谱，鉴定了有相对明确功能的关键遗传变异，包括63个错义突变、7个失活性变异、1298个进化保守性变异，以及509个基因表达数量性状变异；这些分布在基因组范围的功能性变异不一定都与藏族人群的高原适应直接相关，但是大多数都与藏族人群的适应性演化密切相关。

来源：科学网

发布日期:2019-08-14

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/8/429299.shtm>

#### 4. Multiplexed genome engineering by Cas12a and CRISPR arrays encoded on single transcripts (进行多重基因编辑不再困难！利用Cas12a和单个转录本上的CRISPR阵列进行多重基因编辑)

**简介：**CRISPR/Cas系统是目前发现存在于大多数细菌与所有的古菌中的一种免疫系统，被用来识别和摧毁抗噬菌体和其他病原体入侵的防御系统。然而，目前的CRISPR/Cas9系统会产生脱靶效应，导致一些不理想的结果。之后，一种新型的Cas蛋白（Cas12a/Cpf1）的出现扩展了基因编辑所依赖的Cas蛋白的种类，这个新型蛋白与之前CRISPR / Cas9基因编辑系统相比，具有编辑过程简单，分子量小，更特异的PAM序列，剪切位置不同，产生粘性末端及脱靶效率低等优点，因此，由它介导的CRISPR-cas12a系统作为一类新型的基因编辑工具，在基因编辑中广泛引起人们的关注。2019年8月12日，Nature Methods 杂志在线发表了瑞士巴塞尔苏黎世联邦理工学院生物系统科学与工程部题为“Multiplexed genome engineering by Cas12a and CRISPR arrays encoded on single transcripts”的研究论文，该研究证明了Cas12a和一簇规则间隔的短回文重复序列（CRISPR）都可以通过添加稳定剂三级RNA结构编码到一个单一的转录本中。可以利用多达25个独立的CRISPR RNA在一个质粒上传递。该方法提供了一个强大的平台来研究和编排复杂细胞行为背后复杂的遗传程序。该研究中，研究人员利用了Acidaminococcus sp. Cas12a中双重的RNase/DNase 的功能开发了SiT-cas12a 系统，可以编码cas12a和几十个cRNAs在一个转录本中用于多个-复杂基因组工程。通过加入三级结构基序可以稳定SiT-cas12a转录本来提高前体crRNA的加工和Cas12a蛋白的产生。研究人员利用一个简单的瞬时转染实验评估了SiT-cas12a系统进行多重基因编辑的效率。克隆了不同的针对不同编码基因的间隔子（CD47、CD166和CD97）在SiT-cas12a环境中利用单细胞流式细胞术测量了敲除单胎（CD47、CD166或CD97）、双胎（CD47）/CD166、CD47/CD97、CD166/CD97）或三重（CD47/CD166）/CD97）的比率。确认使用sit-cas12a系统的每个基因多个位点增加了单个基因的发生率，二到三重复合基因敲除与单个crRNA条件相比增加了三倍。总之，研究结果表明sit-cas12a 可扩展和多重基因组工程。同时，研究人员利用SiT-cas12a系统进行了多基因表达的抑制和激活，他们融合了一个，两个或三个转录相关的结构域（KRAB）的拷贝，分别构建了ddcas12a-krab1、ddcas12a-krab2和ddcas12a-[repr]的系统，评估多个krab结构域赋予的转录抑制，结果表明可以实现多个基因的转录抑制，但是由于目标基因的距离的差异抑制的效率有所差异，导致有效基因抑制的cRNAs从40%到80%；同样的，研究人员融合了不同的转录激活结构域，发现该系统同样可以激活目标基因的表达，从而证明，该系统可以实现多个基因的表达调控。总之，在控制细胞行为中，遗传因素共同作用。破译这种复杂性需要多种遗传因素的共同作用。数十个cRNAs的同时编码在单个质粒中，简化了指导RNA检测和验证基因功能的

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

作用。该基因组工程平台能充分发挥Cas12a蛋白的潜能，并且能够以可定制的方式进行多重的基因编辑，转录调控。该系统可以更好的进行复杂的遗传相互作用和细胞行为。

来源: Nature Methods

发布日期: 2019-08-12

全文链接:

<https://www.nature.com/articles/s41592-019-0508-6>

## 5. 中科院张劲松研究组和陈受宜研究组发现大豆中B类热激转录因子参与胁迫反应

简介: 我国大豆的产量远远不能满足国内需求，提高大豆的耐逆性可以充分利用边际土地增加大豆种植面积从而提高大豆产量。热激转录因子基因在植物生长过程中发挥了重要作用，然而在大豆耐盐反应中热激转录因子的功能及机理仍不清楚。中国科学院遗传与发育生物学研究所张劲松研究组、陈受宜研究组与黑龙江农科院来永才研究组合作从103份野生大豆资源中筛选得到2份耐盐性强的野生大豆资源，通过RNA-Seq差异表达基因和共表达网络分析得到参与大豆盐胁迫反应的B类转录因子基因HSFB2b。在大豆转基因毛状根体系和稳定的转基因大豆中过表达HSFB2b均可以提高大豆的耐盐性。进一步研究发现HSFB2b可以直接激活黄酮类化合物合成途径，同时解除另一个转录因子GmNAC2的抑制作用，从而促进黄酮类化合物的合成，降低体内ROS的积累以提高大豆的耐盐性。将大豆资源中HSFB2b基因的启动子序列进行聚类分析，得到4个单倍型。其中来源于野生大豆Y20的单倍型II在盐处理后具有较强的转录活性，并且可能在驯化过程中被选择。而在盐处理后转录活性最强的单倍型III分布频率较低，此类型具有改良栽培大豆的潜力。这项研究对于提高大豆环境适应性和育种改良提供了重要策略依据。

来源: 中国科学院遗传与发育研究所

发布日期: 2019-08-10

全文链接:

[http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201908/t20190816\\_5361221.html](http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201908/t20190816_5361221.html)

## 学术文献

### 1. Arabidopsis histone deacetylase HDA15 directly represses plant response to elevated ambient temperature (揭示组蛋白去乙酰化酶在植物热响应中的功能)

简介: Elevated ambient temperatures affect plant growth and substantially impact biomass and crop yield. Recent results indicate that chromatin remodeling is critical in plant thermal responses but implication of histone acetylation enzymes in plant thermal response is not clearly established. Here we show that Arabidopsis histone deacetylase genes HDA9, HDA15, and HDA19 play distinct roles in plant response to elevated ambient temperature. hda9 and hda19 mutants showed a warm temperature-insensitive phenotype at 27C, whereas hda15 plants displayed a constitutive warm temperature-induced phenotype at 20C and an enhanced thermal response at 27C. The hda19 mutation led to upregulation of genes mostly related to stress response at both 20C and 27C. The hda15 mutation resulted in

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

upregulation of many warm temperature-responsive as well as metabolic genes at 20C and 27C, while hda9 led to differential expression of a large number of genes at 20C and impaired induction of warm-temperature responsive genes at 27C. HDA15 is associated with thermosensory mark genes at 20C and that the association is decreased after shifting to 27C, indicating that HDA15 is a direct repressor of plant thermal responsive genes at normal temperature. In addition, as hda9, the hda15 mutation also led to up-regulation of many metabolic genes and accumulation of primary metabolites. Furthermore, we show that HDA15 interacts with the transcription factor HFR1 (long Hypocotyl in Far Red1) to cooperatively repress warm-temperature response. Our study demonstrates that the histone deacetylases target to different sets of genes and play distinct roles in plant response to elevated ambient temperature.

来源: Plant Journal期刊

发布日期:2019-08-10

全文链接:

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0E/7F/Csgk0F1eD0-ADg\\_bACNoE18NaJY135.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0E/7F/Csgk0F1eD0-ADg_bACNoE18NaJY135.pdf)

## 2. Cadmium stress suppresses lateral root formation by interfering with the root clock (研究发现芸薹属植物基因组三维结构与进化机制有关)

简介: A biological clock activated by oscillating signals, known as root clock, has been linked to lateral root (LR) formation and is essential for regular LR spacing along the primary root. However, it remains unclear how this internal mechanism is influenced by environmental factors known to affect the LR pattern. Here, we report that excessive cadmium (Cd) inhibits LR formation by disrupting the lateral root cap (LRC)-programmed cell death (PCD)-regulated root clock. Cd restricts the frequency of the oscillating signal rather than its amplitude. This could be attributed to the inhibition on meristematic activity by Cd, which resulted in decreased LRC cell number and LRC-PCD frequency. Genetic evidence further showed that LRC cell number is positively correlated with root resistance to Cd. Our study reveals root cap dynamics as a novel mechanism mediating root responses to Cd, providing insight into the signalling pathways of the root clock responding to environmental cues.

来源: Nature Plants期刊

发布日期:2019-08-01

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0E/7F/Csgk0F1eDryAXRymAH0z2.jobCnQ406.pdf>

## ► 科研项目

### 1. 45项! 2019年国家自然科学基金创新研究群体项目出炉

简介: 8月16日, 2019年国家自然科学基金评审结果正式揭晓。34家单位获得45项创新研究群体项目。国家自然科学基金创新研究群体项目主要是支持优秀中青年科学家为学术带头人和研究骨干, 共同围绕一个重要研究方向合作开展创新研究, 培养和造就在国

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

际科学前沿占有一席之地研究群体。国家创新群体项目在国家自然科学基金项目中占有非常重要的地位，反映了研究团队在研究领域的整体实力。从统计情况上看，今年共有34家单位获得45项创新研究群体项目，单个项目的直接费用资助强度有三类：1050万元/项、1000万元/项、670万元/项，45个项目总金额达到4.45亿。其中北京大学获得4项，居各单位之首，清华大学和南京大学获得3项，并列第二位，上海交通大学、天津大学、中科院生物物理研究所、中科院遗传与发育生物研究所各获得2项。此外，华南农业大学、南京工业大学等地方高校也各获得1项，表现不俗。

**来源：**青塔公众号

**发布日期：**2019-08-16

**全文链接：**

[https://mp.weixin.qq.com/s/csq0n\\_UQ84MJ2WJsg6DCxA](https://mp.weixin.qq.com/s/csq0n_UQ84MJ2WJsg6DCxA)