



2019年第8期总121期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 世界第一只“基因编辑鸡”将于今年问世
2. 美国农业部海外农业局发布：西班牙等六个国家和地区的农业生物技术的发展年度报告
3. 轻摆花药“自恋”传粉

▶ 学术文献

1. 金鱼草的基因组结构和进化
2. 柑橘果实发育和成熟过程中DNA甲基化的增加

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉侬

联系电话：010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2019年2月25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. 世界第一只“基因编辑鸡”将于今年问世

简介: 1996年,英国爱丁堡大学罗斯林研究所宣布“克隆绵羊”多莉问世,该研究所还创造了基因编辑的猪,使其对病毒具有抗性。如今,这一研究所又透露,世界第一只“基因编辑鸡”将于今年晚些时候诞生。“基因编辑鸡”科研项目共同负责人、流感病毒学家温迪·巴克莱教授称,2016年,其领导的小组发现了一种存在于鸡体内的基因,叫ANP32。这种基因蛋白质内含有所有流感病毒赖以生存的成份。通过基因编辑,可准确消除蛋白质中有害部分,使鸡具备完全抗流感能力。这一科研成果发表在当年《自然》杂志上。巴克莱教授说,使用CRISPR-CAS9基因编辑技术,编辑鸡体内有关基因,仅把主要蛋白质中的一小部分进行编辑,其余部分DNA遗传物质并不改变,与以前完全一样。很小的变化,就可做到阻止病毒产生。全球健康与传染病专家指出,人类流感大流行是他们最为关注的一个问题。1918年全球流感爆发,导致5000多万人死亡,是一战死亡人口的三倍。2009年至2010年全球流感由H1N1流感病毒引起,相对温和,但也死亡50万人。巴克莱教授称,现在最大担心是一种致命流感病毒毒株会存在于野生鸟类,通过禽类直接感染人类,并在这个过程中产生变异,变成在空气中散播的大规模流行疾病,在人与人之间快速轻易传播,从而导致重大伤亡。巴克莱教授说,他们的想法是生产不会感染流感的家禽,并形成“野生鸟类与人类之间的缓冲”。“基因编辑鸡”不会感染流感病毒,中止野生鸟类向鸡的传播途径。“如果我们能够防止流感病毒从野生鸟类进入鸡群,我们就会在源头阻止下一次大流行。”巴克莱教授披露,世界上第一只“基因编辑鸡”将在今年晚些时候在罗斯林研究所孵化出来。巴克莱教授表示,这种方法面临的最大障碍之一将是家禽生产者对公众接受度的担忧。她说:“人们吃养殖动物的食物,这些动物已被几十年的传统育种所改变,但他们可能会对吃基因编辑的食物感到紧张。”

来源: 基因农业网

发布日期: 2019-02-20

全文链接:

<http://www.agrogene.cn/info-5458.shtml>

2. 美国农业部海外农业局发布: 西班牙等六个国家和地区的农业生物技术发展年度报告

简介: 美国农业部海外农业局(FAS)于2019年2月12日发布相关国家和地区的农业生物技术年度报告,报告指出:西班牙是欧盟最大的转基因玉米种植国,也是饲用转基因豆粕的主要消费国。西班牙支持以科学为基础的农业生物技术商业化种植,但欧洲法院对于基因编辑技术的裁决可能会对西班牙农业生物技术的研究和农业竞争力的进一步提升产生负面影响。新西兰对转基因食品实行强制性标签制度,但使用转基因饲料喂养的肉类产品及其他产品不需要标签。近年来新西兰转基因生物安全监管政策未发生较大变化,澳新食品标准局作为监管机构,迄今已批准了77个转基因食品,这些食品可供人类直接食用或作为动物饲料。英国受脱欧影响在中短期内不会改变转基因动植物安全审批和贸易政策。英国占欧盟进口大豆、玉米和其他动物饲料产品的10%-15%,其中豆粕占比最大,主要来自于阿根廷,美国是英国DDGS的主要供应商。洪都拉斯允许转基因作物的商业化生产。洪都拉斯国家食品安全、动植物卫生服务处(SENASA)于2018年1月10日在官方公报上发布了《转基因种子产品监管系统程序和指南》。截至2018年8月,

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

洪都拉斯转基因玉米种植面积为33,727公顷,与2017年基本持平。斯里兰卡没有生产转基因作物或动物。该国目前转基因生物技术的相关研究仅停留在实验层面,尚未推进商业化;并且也未允许进口任何转基因食品、农产品或动物。此外,斯里兰卡于2004年签署并批准了《卡塔赫纳生物安全议定书》,并正在制定生物技术政策,但大部分政策并不完善或没有实施。摩洛哥禁止进口或生产人类消费的转基因作物产品,进口的转基因玉米、大豆和豆粕主要用于动物饲料。尽管摩洛哥的农业生物技术研究气氛浓厚,但目前尚未出现商业化的迹象。

来源: 基因农业网

发布日期:2019-02-20

全文链接:

<http://www.agrogene.cn/info-5459.shtml>

3. 轻摆花药“自恋”传粉

简介: 与失恋的人不同,地上的植物不能去寻找伴侣,它们依靠风或蜜蜂等传粉者将花粉从一朵花传到另一朵花,但是如果传粉者没有来拜访,许多植物可以自我受精。现在,研究人员发现了这种“自恋”发生的新方式,而且相当优雅。*Erysimum incanum*是一种端庄的花朵,生长在西班牙和非洲西北部的灌木丛中。当研究人员在实验室里研究它几毫米宽的花朵时,他们注意到当花朵开放时,它的花药,也就是小茎的授粉端,会缓慢地摆动。有时,花药直接将花粉摸到柱头上。柱头位于雌蕊的顶端,是接受花粉的部位。在其他情况下,花药相互摩擦,导致花粉脱落并落在柱头上。研究人员拍摄了这一“舞蹈”过程,并将其与其他物种进行了比较,例如有静止花药的一朵紫色花朵。研究人员近日在《美国博物学家》网络版上报告称,白花受精的种子也能长成健康的植物,且没有任何近亲繁殖的问题。另一个该生殖策略成功的标志是:白花受精的植物产生的种子数量,与人工授精的植物产生的一样多。这种“害羞”的花朵加入到了许多其他白花受精植物的行列。但对不同的花朵来说,这需要不同的方式:通常,这种孤独的授粉仅仅发生在花朵闭合,花药接触柱头的时候。*Erysimum incanum*的不寻常之处在于它的白花受精发生在花朵开放的时候。这一新举动对查尔斯·达尔文来说并不奇怪,他在1876年就提出,在授粉者较少的地方,花朵可能会采用各种方法进行自我受精。*Erysimum incanum*似乎就是这样:及时授粉你的花蕊。

来源: 科学网

发布日期:2019-02-19

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/2/423040.shtml>

学术文献

1. Genome structure and evolution of *Antirrhinum majus* L (金鱼草的基因组结构和进化)

简介: Snapdragon (*Antirrhinum majus* L.), a member of the Plantaginaceae family, is an important model for plant genetics and molecular studies on plant growth and development, transposon biology and self-incompatibility. Here we report a near-complete genome

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

assembly of *A. majus* cultivar J17 (*A. majus* cv.J17) comprising 510 Megabases (Mb) of genomic sequence and containing 37,714 annotated protein-coding genes. Scaffolds covering 97.12% of the assembled genome were anchored on eight chromosomes. Comparative and evolutionary analyses revealed that a whole-genome duplication event occurred in the Plantaginaceae around 4649 million years ago (Ma). We also uncovered the genetic architectures associated with complex traits such as flower asymmetry and self-incompatibility, identifying a unique duplication of TCP family genes dated to around 4649 Ma and reconstructing a near-complete ψ -S-locus of roughly 2 Mb. The genome sequence obtained in this study not only provides a representative genome sequenced from the Plantaginaceae but also brings the popular plant model system of *Antirrhinum* into the genomic age.

来源: Nature Plants期刊

发布日期:2019-01-28

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/5E/Csgk0FxuD0qATo1gACsJfon3Cdw018.pdf>

2 . Global increase in DNA methylation during orange fruit development and ripening (柑橘果实发育和成熟过程中DNA甲基化的增加)

简介: DNA methylation is an important epigenetic mark involved in many biological processes. The genome of the climacteric tomato fruit undergoes a global loss of DNA methylation due to active DNA demethylation during the ripening process. It is unclear whether the ripening of other fruits is also associated with global DNA demethylation. We characterized the single-base resolution DNA methylomes of sweet orange fruits. Compared with immature orange fruits, ripe orange fruits gained DNA methylation at over 30,000 genomic regions and lost DNA methylation at about 1,000 genomic regions, suggesting a global increase in DNA methylation during orange fruit ripening. This increase in DNA methylation was correlated with decreased expression of DNA demethylase genes. The application of a DNA methylation inhibitor interfered with ripening, indicating that the DNA hypermethylation is critical for the proper ripening of orange fruits. We found that ripening-associated DNA hypermethylation was associated with the repression of several hundred genes, such as photosynthesis genes, and with the activation of hundreds of genes, including genes involved in abscisic acid responses. Our results suggest important roles of DNA methylation in orange fruit ripening.

来源: PNAS期刊

发布日期:2018-11-27

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/5E/Csgk0FxDVuAZacYABqSCGQWJp8122.pdf>