



2019年第12期总125期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 2017 年全球转基因观察
2. 基因编辑食品有望今夏在日本上市
3. 最优质野生大豆基因组见刊
4. 被基因编辑“驯服”的洋葱菌，成为新一代生物农药的先驱
5. Nucleic Acids Res: MbCpf1和FnCpf1核酸酶在哺乳动物细胞中具有活性

#### ▶ 学术文献

1. 转座因子促进了芥属植物快速表型变异

#### ▶ 相关专利

- 1 . Genetically engineered cells and methods of making the same

## ► 科研项目

1. 基因信息传递过程中非编码RNA的调控作用机制项目指南发布

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](mailto:agri@ckcest.cn)

2019年3月25日

## ▶ 前沿资讯

### 1 .2017 Overview of Global GMO Development (2017 年全球转基因观察)

**简介:** 转基因作物商业化22年之后的2017年, 24个国家种植了1.898亿公顷转基因作物, 比2016年的1.851亿公顷增加了470万公顷(1160万英亩), 除2015年以外, 这是第21个增长年份(数据来源于ISAAA)。2018年, 全球范围内共有87项关于转基因作物的批准, 涉及70个品种, 有9个新的转基因作物品种获得批准(详情见表1), 包括红花(2种), 马铃薯(1种), 大豆(3种), 棉花(2种)和油菜(1种)。与前两年相比, 尽管批准总数有所下滑, 但涉及的品种数反而略有增加。文中将就以下三个方面对2018年全球范围内的转基因发展状况做一个简要的解读: 1) 非洲转基因市场; 2) 新性状的开发; 3) 全球对基因编辑的监管策略。

**来源:** 世界农化网

**发布日期:** 2019-03-19

**全文链接:**

<http://news.agropages.com/News/NewsDetail—25687.htm>

### 2. 基因编辑食品有望今夏在日本上市

**简介:** 如果一切顺利, 基因编辑食品将在今年夏天走上日本人的餐桌。据共同社报道, 日本厚生劳动省一个专家小组18日发布报告指出, 与转基因食品不同, 基因编辑食品不用经严格安全性审查, 只需向政府登记即可上市销售。报告认为, 与转基因食品不同, 基因编辑食品只是通过基因编辑手段编辑物种本身的基因, 不转入其他物种的基因。目前未发现基因编辑食品诱发癌症或者其他安全问题, 因此无需审查。共同社报道称, 日本正在开发的基因编辑食品包括增加降血压成分的西红柿和个头更大的真鲷等。报道还说, 基因编辑食品今年夏天就有可能在日本上市销售。日本消费者厅接下来将研究相关标识方案。基因编辑技术和良种选育或自然变异效果类似, 实际上难以区别。因此上述专家小组才提出, 基因编辑食品上市前只需向政府登记, 提供所改变的基因及是否含致敏物质等信息, 以便在发生问题后进行应对并向消费者提供信息。目前, 各国对基因编辑食品的监管各不相同。比如, 美国农业部去年发表声明说, 不会对使用一些新技术育种的农作物进行监管, 其中包括基因编辑技术。美国一家公司近日称已开始在美国销售基因编辑大豆油。位于卢森堡的欧洲法院去年则裁定, 包括基因编辑在内的基因诱变技术应被视为转基因技术, 原则上应接受欧盟转基因相关法律的监管。

**来源:** 新华网

**发布日期:** 2019-03-19

**全文链接:**

[http://www.xinhuanet.com/world/2019-03/19/c\\_1124253736.htm](http://www.xinhuanet.com/world/2019-03/19/c_1124253736.htm)

### 3. 最优质野生大豆基因组见刊

**简介:** 位于深圳的生物技术公司华大基因与香港中文大学的联合科研团队成功解析了野生大豆基因组, 这一研究成果将有助于大豆的品种改良和优化。相关论文北京时间14日下午6时发表于《自然·通讯》杂志(Nature Communications)。作为中国乃至

全球第四大优质高营养的粮食作物，大豆有极高的经济和战略价值。公开数据显示，2017年中国进口大豆达9600万吨，占消费总量87%，其中约30%产自美国。巨大的供需缺口反映出当前中国本土大豆育种改良的紧迫性。当前国产大豆在种植单产、品种品质、产业效益方面暂时还未取得突破性进展。形成这些困境的主要原因包括三点：基因资源缺乏、育种技术落后、缺乏规模化的新技术育种平台。基因资源缺乏，其深层次原因，是我们对野生资源的收集保护和利用的重视度不够，从而导致野生资源匮乏，育成品种的遗传基础狭窄，遗传性状不稳定且环境适应性差。总之，匮乏的基因源严重限制了大豆新品种的育种进展。育种技术落后成因比较复杂，其中最集中的体现是在大豆传统杂交育种及三系配套育种方面，存在选择效率低、育种周期长、人工成本高以及缺少高配组合不育系等问题。在已经找到一些大豆重要农艺性状的标记或基因的情况下，规模化的新技术育种平台是进行高效育种实践必备的，平台的缺失大大限制了大豆基因资源在育种中的高效利用。

来源： 网易新闻网

发布日期:2019-03-18

全文链接:

<http://ad.163.com/19/0318/12/EAI69AEK000189DG.html>

#### 4. 被基因编辑“驯服”的洋葱菌，成为新一代生物农药的先驱

简介：为了让农作物可以更好地生长，现代农业广泛依赖大量的农药来防止病虫害、快速清除杂草。它们虽然不会对农作物造成伤害，但自身仍具有毒性，甚至是剧毒（比如百草枯）。长期或使用不当，很可能会破坏当地自然环境，危害生态系统，甚至危害人类的健康。幸运的是，随着生物科技的进步，科学家们正在将目光转向细菌和真菌等微生物，尝试让它们起到“生物农药”的作用，摆脱对化学农药的依赖。而近日，英国卡迪夫大学的研究人员就在该领域取得了一些突破，利用基因编辑技术，他们修改了一种伯克霍尔德氏菌（*Burkholderia cepacia*）的基因，在去除它对人的毒性的同时，保留了对植物病原菌的抑制作用，具备成为新型生物农药的潜力。伯克霍尔德氏菌（属）广泛存在与大自然中，水、土壤、植物和人体中都有他的身影，已确认得有20多种。由于人类首次发现的那一种可以引起洋葱茎腐烂，因此该种类又被称为“洋葱伯克氏细菌”（下文简称“洋葱菌”）。这次研究的对象就是这种“洋葱菌”。自1949年首次发现以来，洋葱菌就凭借让人“又爱又恨”的特征吸引了很多科学家。一方面，它具有促进促进植物生长和杀菌的能力，还可以分解土壤中的残留农药，是用来替换化学农药的最佳选择之一。但另一方面，它也是一种致病菌，会使肺部囊性纤维化的病人罹患“洋葱伯克氏菌综合症”，还会引发多种感染病，严重者会出现生病危险。

来源： 基因农业网

发布日期:2019-03-14

全文链接:

<http://www.agrogene.cn/info-5507.shtml>

#### 5. Nucleic Acids Res: MbCpf1和FnCpf1核酸酶在哺乳动物细胞中具有活性

简介：Cpf1s，作为II类RNA引导的CRISPR系统，其活性需要靶序列附近存在PAM序列。在高等真核生物的基因组中，As-和LbCpf1核酸酶的TTV PAM序列相对较少。Cpf1s，作

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

为II类RNA引导的CRISPR系统，其活性需要靶序列附近存在PAM序列。在高等真核生物的基因组中，As-和LbCpf1核酸酶的TTTV PAM序列相对较少。研究人员还表明，除了活性，其PAM偏好也受靶位点影响。为了增加Fn-和MbCpf1的可用靶位点数量，研究人员生成了其他PAM特异性的RVR和RR突变体，并将它们与野生型和类似的As-和LbCpf1变体进行比较。突变体们可识别新的PAM，并且保留了对TTTV PAM的识别活性。其RR-Cpf1的PAM特异性可被分别重新定义为TTYV / TCCV。这些变体可以成为wt-Cpf1的通用型替代工具，为基因组工程应用提供更广阔的靶位点范围。

来源：基因组编辑公众号

发布日期:2018-09-25

全文链接:

<https://mp.weixin.qq.com/s/vgZe7b2wrm-04ZIbXJ-UQ>

## ➤ 学术文献

### 1 . Transposable elements drive rapid phenotypic variation in *Capsella rubella* (转座因子促进了芥属植物快速表型变异)

简介: Rapid phenotypic changes in traits of adaptive significance are crucial for organisms to thrive in changing environments. How such phenotypic variation is achieved rapidly, despite limited genetic variation in species that experience a genetic bottleneck is unknown. *Capsella rubella*, an annual and inbreeding forb (Brassicaceae), is a great system for studying this basic question. Its distribution is wider than those of its congeneric species, despite an extreme genetic bottleneck event that severely diminished its genetic variation. Here, we demonstrate that transposable elements (TEs) are an important source of genetic variation that could account for its high phenotypic diversity. TEs are (i) highly enriched in *C. rubella* compared with its outcrossing sister species *Capsella grandiflora*, and (ii) 4.2% of polymorphic TEs in *C. rubella* are associated with variation in the expression levels of their adjacent genes. Furthermore, we show that frequent TE insertions at FLOWERING LOCUS C (FLC) in natural populations of *C. rubella* could explain 12.5% of the natural variation in flowering time, a key life history trait correlated with fitness and adaptation. In particular, we show that a recent TE insertion at the 3' UTR of FLC affects mRNA stability, which results in reducing its steady-state expression levels, to promote the onset of flowering. Our results highlight that TE insertions can drive rapid phenotypic variation, which could potentially help with adaptation to changing environments in a species with limited standing genetic variation.

来源：PNAS期刊

发布日期:2019-03-19

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyUv1eAJ5QUABTRS41cGwI179.pdf>

## ➤ 相关专利

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

## 1 . Genetically engineered cells and methods of making the same

简介: Provided are CRIS PR/CAS -related methods, compositions and components for editing a target nucleic acid sequence, or modulating expression of a target nucleic acid sequence, and applications thereof in connection with cancer immunotherapy comprising adoptive transfer of engineered T cells or T cell precursors.

来源: 国家知识产权局

发布日期:2019-03-13

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/61/Csgk0FyUwD-AS7khAV0QyV3q4Z8169.pdf>

### ► 科研项目

#### 1. 基因信息传递过程中非编码RNA的调控作用机制项目指南发布

简介: 国家自然科学基金委员会现发布“基因信息传递过程中非编码RNA的调控作用机制”重大研究计划2019年度项目指南,请申请人及依托单位按项目指南中所述的要求和注意事项申请。本重大研究计划以人、重要模式生物等为对象,通过多学科交叉,创建并整合多种技术和方法,发现基因信息传递过程中新的非编码RNA,研究非编码RNA的生成和代谢,非编码RNA参与重要生命活动的生物学功能,为发现新的功能分子元件及由其引发的新的生命活动规律提供关键信息。围绕基因组中非编码RNA的系统发现和功能鉴定、非编码RNA介导的基因表达调控等重大生命科学问题,深入系统地开展非编码RNA功能及调控机制的研究。

来源: 国家自然科学基金网

发布日期:2019-03-18

全文链接:

<http://www.nsf.gov.cn/publish/porta10/zdyjjh//info75504.htm>