



2018年第40期总100期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 基因组编辑技术解决马铃薯自交不亲和难题
2. 美国已种植百万棵转基因苹果树

▶ 相关专利

1. Compositions and methods for increasing nematode resistance in plants
2. 分离的多核苷酸和多肽，以及使用它们提高植物产量和/或农业特性的方法

▶ 学术文献

1. 组蛋白修饰可调控mRNA剪切来决定胚胎干细胞命运

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉依

联系电话： 010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2018年10月1日

前沿资讯

1. 基因组编辑技术解决马铃薯自交不亲和难题

简介：马铃薯是世界上最重要块茎类粮食作物。长期以来，马铃薯的研究和生产以四倍体为主要对象，使马铃薯产业面临两个结构性障碍。一是四倍体的遗传非常复杂，导致马铃薯育种周期长，品种更新慢。二是马铃薯以薯块进行繁殖，存在繁殖系数低、储运成本高、易携带病虫害等缺陷。为了彻底打破产业发展中的障碍，在农业农村部支持下，基因组所黄三文研究员联合国内外优势单位发起了“优薯计划”，即用基因组学和合成生物学指导马铃薯产业的“绿色革命”，用二倍体替代四倍体，并用杂交种子替代薯块，对马铃薯的育种和繁殖方式进行颠覆性创新。该项目被中国农业科学院列为“重大产出科研选题”之一。自然界中70%的马铃薯种质为二倍体，其丰富的遗传变异为“优薯计划”的实施提供了基础。但是二倍体马铃薯普遍存在自交不亲和的现象，限制了自交系的创制。要实现“优薯计划”，首先需要解决自交不亲和的难题。克服自交不亲和的传统方式是利用来自野生马铃薯中的自交不亲和抑制基因（S-locus inhibitor，简称Sli），但是Sli基因被导入栽培种后会产生长匍匐茎、高龙葵素含量等一系列不良的农艺性状，增加了遗传改良的难度。为了寻找一种更有效的克服自交不亲和的方法，该团队创新性地利用基因组编辑技术解决这一难题。马铃薯的自交不亲和是由核糖核酸酶基因（S-RNase）控制的，该基因在不同材料中的多态性非常高，很难通过同源克隆的方法克隆到S-RNase基因的全长。研究人员通过对柱头转录组进行从头拼接，获得了S-RNase基因的全长序列，并利用基因组编辑技术对此基因进行了定点突变，获得了自交亲和的二倍体马铃薯，并通过自交获得了不含有外源片段的马铃薯新材料。利用该方法获得的自交亲和马铃薯新种质不含有任何野生基因组片段，可以直接应用到育种过程中，为“优薯计划”的顺利实施提供保障。

来源：基因农业网

发布日期：2018-08-13

全文链接：

<http://www.agrogene.cn/info-5228.shtml>

2. 美国已种植百万棵转基因苹果树

简介：“转基因北极苹果（Arctic apples）所打的果汁，就如同水一样，不会褐变，也不会变黑。我们已在美国种植了上百万棵这种苹果树。”19日，在由中国生物工程学会、基因农业网主办的转基因科学沙龙上，Intrexon咨询公司高级副总裁兼首席通讯官、美国国务院前食品政策与生物技术高级顾问杰克·波波博士告诉科技日报记者。据了解，2017年2月，北极苹果开始在美国中西部少数几个州销售，此后，在美国全面上市。“苹果细胞的液泡中含有一些不寻常的有机物——多酚类，细胞器叶绿体和线粒体中则含有多酚氧化酶。正常情况下两者分处不同场所，不会相遇。”中科院遗传与发育研究所生物医学研究中心高级工程师姜韬说，当苹果被切开或细胞受损，多酚氧化酶与多酚类就会相遇，这时前者就利用空气中的氧气，把多酚类氧化生成醌类物质，然后经过一系列反应，颜色变得越来越重，由浅褐变为棕色。研究人员通过一种叫“基因沉默”的技术，在多酚氧化酶基因表达活性不变的情况下，使控制多酚氧化酶的合成模板mRNA的量降低，从而减少了多酚氧化酶的量。美国北卡罗莱纳大学医学院药理系博士后任金琪介绍，“基因沉默”技术是科学家探索的一种分子生物学技术，并成功在调整基因表达的相关

基础研究中得到广泛的应用，但应用到社会消费的食品方面则为首次。“这种苹果给生产商、运输商、销售商和消费者都会带来益处，因为没有褐变反应，苹果汁会一直保持透明的状态；如果早晨把苹果切片给孩子们作为学校的便当，他们在下午打开吃的时候，仍然是早上的颜色。”杰克说。杰克透露，他们还在研究转基因防褐变的牛油果、生菜等。“我们相信这些产品会给消费者带去切切实实的益处，也会改变他们对转基因的看法。”他说。

来源：基因农业网

发布日期:2018-09-21

全文链接:

<http://www.agrogene.cn/info-5272.shtml>

相关专利

1. Compositions and methods for increasing nematode resistance in plants

简介：The invention relates to methods and compositions for increasing resistance or tolerance to a nematode plant pest in a plant or part thereof. Nucleotide sequences that confer resistance or tolerance to nematode plant pests when expressed in a plant are provided as well as compositions comprising the polypeptides encoded by the nucleotide sequences, and transgenic plants and parts thereof comprising the nucleotide sequences.

来源：国家知识产权局

发布日期:2018-09-13

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/ass/b9160640-cd53-452c-b5a0-525750e60251.pdf>

2. Isolated polynucleotides and polypeptides and polypeptides, and methods of using same for increasing plant yield and/or agricultural characteristics (分离的多核苷酸和多肽，以及使用它们提高植物产量和/或农业特性的方法)

简介：Provided are isolated polynucleotides at least 80% identical to SEQ ID NOs: 1-479, 813-5173, 8511, 8513, 8515, 8517, 8519, 8521, 8523, 9096-9141 and 9142; and isolated polypeptides at least 80% homologous to an amino acid sequence selected from the group consisting of SEQ ID NOs: 624, 480-623, 625-812, 5174-7015, 7017-7021, 7024, 7026-8510, 8512, 8514, 8516, 8518, 8520, 8522, 8524, 9143-9177, such as the polypeptides set forth in SEQ ID NO:480-812, 5174-8510, 8512, 8514, 8516, 8518, 8520, 8522, 8524, and 9143-9177, nucleic acid constructs comprising same, transgenic cells and plants expressing same and methods of using same for increasing yield, biomass, growth rate, vigor, oil content, fiber yield, fiber quality, nitrogen use efficiency, and/or abiotic stress tolerance of a plant.

来源：国家知识产权局

发布日期:2018-08-30

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/ass/aaad91b7-6215-4307-b778-bc812496c406.pdf>

学术文献

1. Alternative splicing links histone modifications to stem cell fate decision (组蛋白修饰可调控mRNA剪切来决定胚胎干细胞命运)

简介: Understanding the embryonic stem cell (ESC) fate decision between self-renewal and proper differentiation is important for developmental biology and regenerative medicine. Attention has focused on mechanisms involving histone modifications, alternative pre-messenger RNA splicing, and cell-cycle progression. However, their intricate interrelations and joint contributions to ESC fate decision remain unclear. We analyze the transcriptomes and epigenomes of human ESC and five types of differentiated cells. We identify thousands of alternatively spliced exons and reveal their development and lineage-dependent characterizations. Several histone modifications show dynamic changes in alternatively spliced exons and three are strongly associated with 52.8% of alternative splicing events upon hESC differentiation. The histone modification-associated alternatively spliced genes predominantly function in G2/M phases and ATM/ATR-mediated DNA damage response pathway for cell differentiation, whereas other alternatively spliced genes are enriched in the G1 phase and pathways for self-renewal. These results imply a potential epigenetic mechanism by which some histone modifications contribute to ESC fate decision through the regulation of alternative splicing in specific pathways and cell-cycle genes. Supported by experimental validations and extended datasets from Roadmap/ENCODE projects, we exemplify this mechanism by a cell-cycle-related transcription factor, PBX1, which regulates the pluripotency regulatory network by binding to NANOG. We suggest that the isoform switch from PBX1a to PBX1b links H3K36me3 to hESC fate determination through the PSIP1/SRSF1 adaptor, which results in the exon skipping of PBX1. We reveal the mechanism by which alternative splicing links histone modifications to stem cell fate decision.

来源: Genome Biology 期刊

发布日期: 2018-09-14

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/ass/8e789288-c3e3-4cd0-bf9d-27c7d798c7b4.pdf>