

科学研究动态监测快报

2017年 6月30日 第6期(总第226期)

生物科技专辑

中国科学院成都文献情报中心

中国科学院成都文献情报中心
邮编: 610041

地址: 四川省成都市一环路南二段16号
网址: <http://www.clas.ac.cn/>

目 录

热点观察

合成生物学的外延与发展..... 1

战略规划

欧盟宣布 2017 年生物基研发行动预算 5
美国筹建 NSF-Simons 复杂生物系统数学研究中心..... 6
欧盟 BioBarr 计划开发新的食品包装用生物材料 6

研究开发

伊利诺伊大学新研究加强酵母的全基因组编辑 7
新型酶复合物或可加速可持续性燃料和药品开发 8
耶鲁大学研究者开发新型抗生素合成新方法 9
多国合作研究揭示细菌内部结构 9
研究发现海洋微生物的超强产物多样性 10
新研究利用太阳能将二氧化碳转化为一氧化碳 11
斯坦福研究人员实现 CO₂ 生产可持续乙醇 11
新基因编辑技术可消除蚊子传播疾病 12
斯克里普斯研究所成功优化 CRISPR-Cpf1 技术 12
Broad 研究所发布新版基因组分析工具..... 13

产业市场

欧洲 42 家领先的合成生物学初创公司 14

本期责编：陈方

E-mail: chenf@clas.ac.cn

出版日期：2017 年 6 月 30 日

合成生物学的外延与发展

2017年6月15日，美国 GEN 杂志刊载专题文章《合成生物的外延与发展》指出，合成生物学的外延正发展壮大，快速发展的新领域融合了遗传学、自动化和计算机算法等研究。

合成生物学是一个令人激动的、快速发展的研究领域，可广义定义为设计（或重新设计）和建造新的人造生物通道、生物体或装置。将工程原理应用于生物组件开发，可以使我们对细胞功能进行探测、操作和修改。

合成生物学的核心工具箱综合了生物研究和工程探索，主要包括：分子操作、深度数据分析和计算机算法。以下是今年4月在伦敦举行的 SynBioBeta 会议上被重点介绍的几项创新。

1、大数据与知识管理

德国 Biomax 公司（Biomax Informatics Ag）顾问 John Sgouros 指出，合成生物学时代已然来临，合成分子和整个微生物的定制创造了制药工业、环境生物技术和工业材料的巨大机遇。然而，要想通过对发现、基因工程和制造过程的不断优化来驱动这些创新，则高度依赖于对海量数据的系统分析。数据正以一种非结构化的方式呈指数级快速增长。

Biomax 公司的 BioXM 知识管理平台以系统的方式处理数据——包括从数字化到各种内容和工作流的语义集成，以及进一步的系统反馈，最终找到最优的方法。数据库集成是通过配置完成的，不需要再写源代码，这是该平台的一个巨大优势。

对于终端用户，BioXM 平台为特定主题的生物医学知识进行了可视化展示，通过单击任一数据字段以及表示关系的连接箭头，可以很容易地进行探索性浏览。隐藏在用户界面后台的是一个庞大的语义组织的知识空间，包含了来自自己发布的遗传和生物化学信息、实验室笔记本、制药数据库、电子健康记录和其他资源的成千上万个数据资源。

Biomax 的专有算法也从文献中提取知识，并以交互式地图的方式，为终端用于提供有关基因、生物分子、药物等系统的概述。BioXM 的一个优秀应用案例是用于个性化医疗，基于并发症和康复反应来分析慢性阻塞性肺病（COPD）患者。研究人员对来自荷兰的 5000 名 COPD 患者的多维数据与 BioXM 进行集成，并使用 Biomax 的 Viscovery 软件进行了分析。

自组织地图结果识别出了具有明显不同特征的患者群，在临床上为每位新患

者提供了一种基于不同聚类的自定义治疗方法，可为医院节省相当大的治疗费用。BioXM 也为 PREPARE 平台（欧洲新发（再发）传染病预防平台）开发了知识管理核心模块，分析病原菌与病理生理学之间的关系。BioXM 是一个独特的知识管理平台，它将临床表型与生化途径、药理学和遗传变异、药物发现和合成生物学结合在一起。

2、首个合成病毒

识别 DNA、RNA 和转录机制之间关系的自然法则是合成生物学的“圣杯”，以色列的 SynVaccine 公司一直在不断完善一种称为 SynRad 的合成生物学方法，该方法可系统地评估不同核酸特征对转录本乃至整个生物体表型的影响。研究人员一旦掌握了因果关系的规则，则可以对这些规则进行修改，以构建具有工程特征的完全合成生物。

SynVaccine 公司正在设计/开发用于生产人类和动物疫苗等应用的病毒，特别是用于肿瘤免疫的疫苗。传统的通过随机诱变或操纵特定的基因来修改病毒既费时又费力，病毒合成的理性设计提供了一种持续不断的个性化癌症治疗前景。合成疫苗可以改变病毒的复制率，或对宿主的特异性。

SynRad 算法的特别之处是可以保护期望的病毒特征，如核心蛋白质功能或免疫原性，并引入数百种沉默突变以最佳方式衰减病毒特性。例如，登革热病毒的复制依赖于不同区域 mRNA 折叠的强度，SynVaccine 公司对基因组不同位置中登革热 RNA 折叠强度和复制率的相互作用进行了大规模基因组分析，通过将数百个单独的登革热编码区域进行比较，来识别影响折叠强度的信号。再对具有弱/强的折叠信号的计算预测位置进行修饰，以创建一系列具有可变复制速率的合成病毒。最初的动物实验数据证明，一些衰减的变异能够在宿主中持续存在，而不会引发疾病。

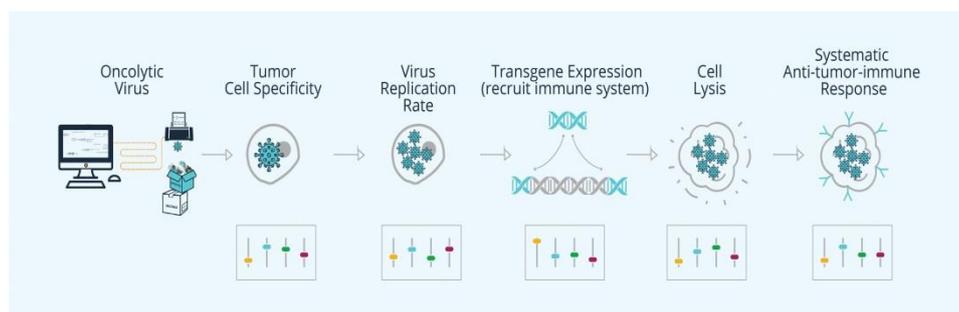


图 1 SynVaccine 公司利用 CAD/CAM 平台设计、制造和验证病毒（包括溶瘤病毒）

3、生物积块

未来多数药物都将是基于 DNA 的生物制剂。随着遗传数据变得更易获取，基于 DNA 的药物将成为个性化疗法中不可获取的一部分，当前我们开展生物制剂研

发所面临的主要挑战包括：新分子发现、分子工程的复杂性、生物制造业效率低、以及交付系统的缺陷。

英国 Oxford Genetics 公司开发的 SnapFAST 基础技术，是一个类似乐高的核心 DNA 系统模块。通过选择预先设计的 DNA 部件，如启动子和增强子，结合自身的优化序列，该公司的客户可以在建立新的治疗方案中取得快速进步。例如，一种可以将 DNA 传输到多种细胞类型的新型腺病毒基因治疗系统，一种用于设计和发现新 DNA 序列、并开发针对复杂哺乳动物膜抗原（如 GPCRs）的抗体的专利算法。

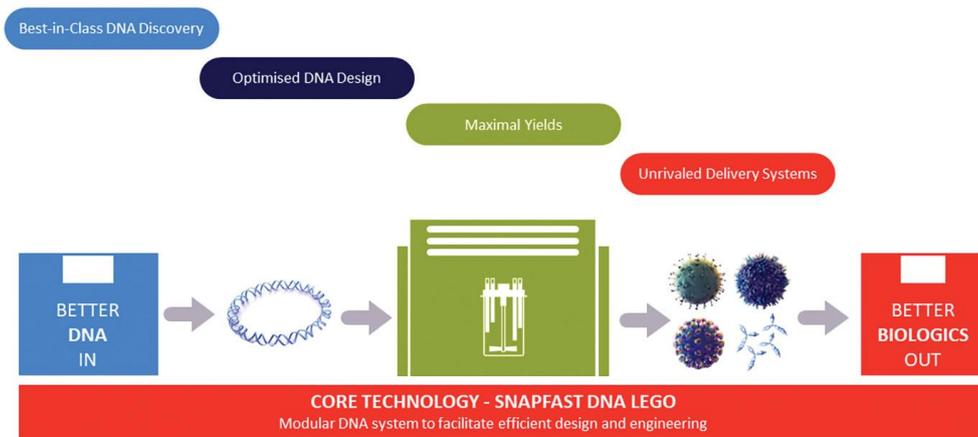


图 2 Oxford Genetics 公司的 SnapFast 平台

4、虚拟云计算实验室

美国的 Transcriptic 公司提供了访问云端的按需的、自动化实验室的通道，从而消除了对实验室自动化、设备甚至实验室空间的需求。用户可随时随地通过网络 APP 访问 Transcriptic 公司的虚拟云计算实验室，利用其提供的实验设计和数据之间的无缝连接来加速知识和发现，每个实验的设计都由之前的实验数据进行支持。

Transcriptic 公司的云实验室是一个集成了生物学、机器人和软件的整合技术包，通过互联网向用户提供服务，它将用户的协议转化为一种名为“自动协议”的开放数据标准，还提供包括一系列典型实验的预设协议。

一旦用户提交一个实验申请，机器人云实验室就会动态地提供足够的机器人和试剂来完成实验。机器人基础设施是一系列集装箱大小的“工作间”，填满了集成化的实验设备。这些工作间组成了一个由软件连接的单一虚拟实验室，都与用户有单独的接口，每个工作间都可以单独编程，并远程操作。

通过与 Synthego 公司合作，Transcriptic 公司正推出一个概念验证项目，设计了自动化的、可扩展的解决方案，可实现 CRISPR/Cas9 完整工作流的基因编辑操

作，整个过程不超过三周。Transcriptic 通过与 EpiBiome 合作，开发了一个自动化、高通量、可再生的微生物样品制备和核糖体 16S 测序 workflow，整个过程仅需 7-10 天。

5、基因优化

美国赛默飞世尔科技公司（Thermo Fisher Scientific）当前重点开展基因合成、克隆和表达等合成生物学研究工作。其 GeneArt™ 基因合成产品和服务允许简单的设计人工序列及对期望宿主的无缝适应，用户可以整合不同生物体的特征并在不影响蛋白质功能的情况下对功能进行优化，从而合成有价值的 DNA 序列。GeneArt 支持设计复杂度高达 100kb 的基因序列。

基因序列优化是在目标生物体中产生功能 DNA 的关键，GeneArt GeneOptimizer™ 则致力于解决传统蛋白表达的产率低、不稳定和瞬时表达等局限。

整合利用文献数据与专有数据，GeneOptimizer 算法即可确定给定表达实验的最佳基因序列。该公司强调设计算法的高度可靠性，其云计算套件通过设定的程序交互式地引导客户，突出问题区域，并实现顺序优化，直到实现最佳结果。基因和 DNA 片段的优化已经被实验证明可以在多种宿主系统中增加 100 倍的蛋白质表达速率。

例如，美国 Mapp Biopharmaceutical 公司可以对用于埃博拉 ZMapp™ 疗法的多个单克隆抗体实现优化表达，GeneArt 基因合成产品最近也被用于生产首个寨卡病毒诊断试剂盒。

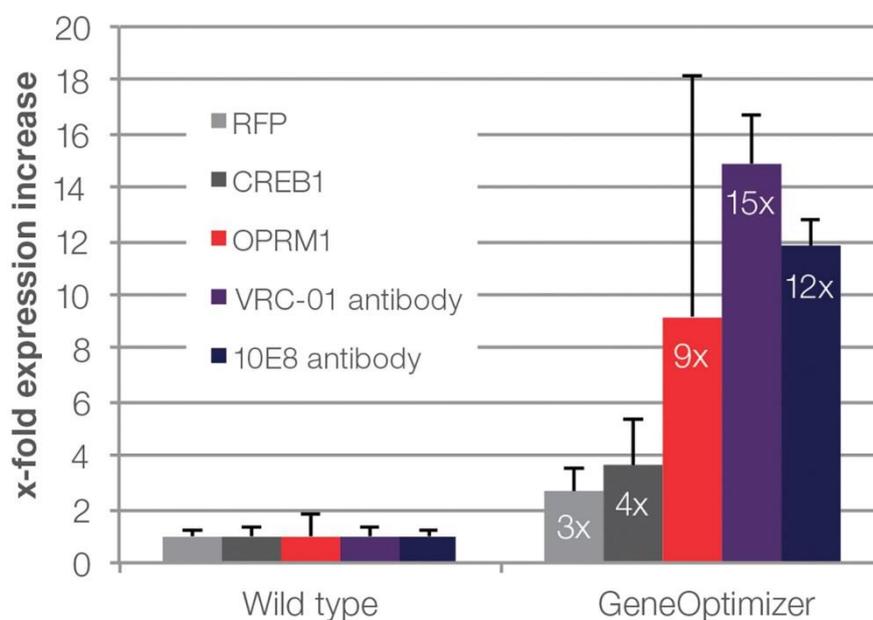


图 3 GeneOptimizer 算法的应用示例

陈云伟 编译自

<http://www.genengnews.com/gen-articles/synthetic-biology-expands-and-grows/6083?page=1>

原文标题：Synthetic Biology Expands and Grows

战略规划

欧盟宣布 2017 年生物基研发行动预算

2017 年 4 月 11 日，欧盟生物基产业联盟（The Bio-Based Industries Joint Undertaking, BBI JU）宣布 2017 年将投入 8100 万欧元项目研发经费，并在 BBI JU 网站上公布了项目征集指南。这是 2014 年以来 BBI JU 第四次征集项目，旨在进一步加强欧盟利用工业、研究和可再生资源的能力。本年度立足于四大战略要点：原料、加工、产品和市场。与 2016 年度相比较，2017 年度工作将逐步从严格地原料推动传统价值链，转向使生物质的加工过程充分响应终端市场的拉动，同时支持的项目数与经费总数也有所下降。

表 1 2017 年 BBI JU 计划研发行动预算

行动名称	研发主题	预算/百万欧元
研究和创 新行动	生物基转化为化工模块的气化侧流增值	36
	木质素原料的前处理和分离创新技术，以及在保留主要特性的同时复杂成分流的价值分化。	
	利用微生物和极端酶将生物质转化为高价值产物的加工条件	
	从侧流和残留物中获取蛋白质和其他生物活性成分	
	新型生物基化学前体，提升大宗消费品的性能	
创新行动 —“示范” 行动	竞争性可生物降解的，用于可持续性末期的可堆肥和/或可回收生物塑料	22
	没有化学基同类产品且具良好应用前景的生物基创新二级化学品	
	从转化生物基为高附加值产品到创建新原料的生物基产品等液体和固体边流的增值过程	
创新行动 —“旗舰” 行动	整合藻类转化为先进材料和高附加值添加剂的多种增值过程	21
	突破没有同类且具有高市场价值的重要化石基的初级生物基化学品生产技术	
合作与支 撑行动	创新生物基肥料产品，增强农业施肥的可持续性	2
	大规模应用的先进的生物基纤维和材料	
创新行动 —“旗舰” 行动	综合性“零残留”生物精炼厂利用所有部分的原料来生产化学品和材料	21
合作与支 撑行动	利用替代的可持续性原料大规模生产食品和饲料用蛋白质	2
	与品牌拥有者和消费者代表建立合作和伙伴关系，来促进可持续生物基产品进入市场	
合作与支 撑行动	通过信息与通信技术来提高生物基产业的生物质供应链的效率	

郑颖 编译自 <https://www.bbi-europe.eu/participate/calls-proposals-2017>
原文标题：BBI JU CALLS FOR PROPOSALS

美国筹建 NSF-Simons 复杂生物系统数学研究中心

2017年5月23日，美国国家科学基金会（NSF）宣布资助 NSF-Simons 复杂生物系统数学研究中心（NSF-Simons Research Centers for Mathematics of Complex Biological Systems, MathBioSys）计划，目的是促进数学和分子、细胞和有机体生物学的交叉协同创新研究，建立两两学科之间的新关系，并促进跨学科教育和职业培训。计划将获得 NSF 的数学和物理科学理事会（MPS）、NSF 生物科学理事会（BIO）、Simons 基金会数学和物理科学分部（MPS）和生命科学分部共同资助。NSF-Simons 复杂生物系统数学研究中心计划是一个全新的计划，预期在未来五年建立三家研究中心，每年每家中心将获得来自 NSF 和 Simons 基金会平均 200 万美元经费支持，NSF 和 Simons 基金会分别承担 1500 万美元。计划主要支持数学和生物学基础研究，人类健康相关的研究或临床项目不适用于该计划。

计划重点支持（不仅限于）以下几个研究领域：

(1) 提高、垂直整合（基因到表型、多尺度）表型鲁棒性的数学描述和因果理解（面对遗传和/或环境变化时表型的稳定性机理）。

(2) 开发数学、统计和计算方法来严格规范组成复杂网络的生物数据背后的规则。

(3) 用于生物时空过程（例如，表型可塑性、胚胎发育中分子与细胞相互作用的动力学）的多尺度确定性和随机模型参数估计与推断。

(4) 开发用于具有不确定性的高维度生物数据（例如异质性分子相互作用的转录、蛋白质、代谢等和相关动力学）的稀疏和低维度预测模型。

(5) 形态分析的数学和统计基础及其在生物图像分析中的应用。

(6) 运用数学、统计学和计算方法来剖析生物系统中的噪音、变异和异质性。

(7) 开发复杂生物系统中离散和连续动力学的混合和随机方法。

尽管 MathBioSys 计划偏重于支持数学、计算机和统计学方法的研究，以加深对分子、细胞和生物体突变性的理解；计划还将着力推动先进领域的跨学科合作，以及开发数学、计算机和统计学的经验性和实验性数学模型。

郑颖 编译自 https://www.nsf.gov/pubs/2017/nsf17560/nsf17560.htm?WT.mc_id=USNSF_25&WT.mc_ev=click

原文标题：NSF-Simons Research Centers for Mathematics of Complex Biological Systems

欧盟 BioBarr 计划开发新的食品包装用生物材料

欧盟宣布于 2017 年 6 月 1 日启动“增强屏障性能的新型生物基食品包装材料（New bio-based food packaging materials with enhanced barrier properties, BioBarr）”项目支持生物塑料的开发，创造新的可持续和生物降解的食品包装材料。该项目

获得了“地平线 2020”计划支持的生物基产业联盟（Bio Based Industries Joint Undertaking, BBI JU）的资助。BioBarr 项目接受了欧盟与 Tecnoalimenti S.C.p.A 公司的独立科学家们的联合评估，在未来 4 年间该项目将有来自意大利、西班牙、丹麦和芬兰的 7 家欧洲著名企业共同参与该计划。BioBarr 项目将研究人员和公司技术人员组织起来，研究和提升生物塑料在食品包装中的应用，力争使其成为消费者的重要选项，这将为达成欧洲和全球的可持续发展和环境保护目标做出重要贡献。

项目的研究目标是开发新的生物基可降解食品包装材料，提高和加强它们的屏障功能和验证其在食品行业实际工作环境中的应用。研发项目将运用 Bio-on 公司开发的 PHA（聚羟基烷酯）生物聚合物生产技术，来提高 PHA 的热机械性能和流变性能、延展性和美观，以及适应市场需求。

由 Bio-on 开发的 PHA 生物塑料是由不侵占食品链的可再生原料制成的。它的热机械性能与传统的塑料等同，且具有 100%生态可持续性和在环境温度天然可降解的优势。此类生物塑料已经显示出替代当前食品包装所使用的传统聚合物的巨大潜力。BioBarr 项目将重点研发和验证 PHA 实现保护（屏障）不同保质期食品的技术和能力。计划的主要科学伙伴 Borsaltaliana 将负责开发和示范达到计划目标的 PHA 薄膜。Bio-on 还将依据现代 LCA 原则研究产品的生命周期。

郑颖 编译自 <http://polymer-additives.specialchem.com/news/industry-news/bioplastics-barrier-properties-food-packaging-000187048>

原文标题：Bio-based Food Packaging Materials with Enhanced Barrier Properties

研究 开发

伊利诺伊大学新研究加强酵母的全基因组编辑

伊利诺伊大学香槟分校赵惠民研究组在《自然-通讯》上发文称，他们成功整合了标准化遗传组分、定制基因组编辑工具和大规模自动化分子生物学实验这几项尖端技术，为生产新型酵母菌株用于工业生产、探索复杂的酵母基因组提供了可能，这将大大提高对酵母的利用能力。

酵母以前被用于酿造啤酒和发酵面包，现在被用于合成生物燃料和进行重要的生物医学研究，但是如今人类探索和影响其基因组活性的能力已经略显滞后。研究者表示，这项工作的目标是要为酵母开发一个基因组规模的工程工具，因为传统的代谢工程仅集中在几个基因上，而现有的基因组工程工具只适用于细菌，并不适用于酵母。研究创新地结合了合成生物学概念、部件的模块化，以及机器人集成系统来实现高通量。酵母具有分隔的细胞结构和控制其基因活性的复杂机

制，因此对酵母基因组功能的研究也是生物医学研究的关键。但人们对这些复杂系统的理解还很有限，酵母大约有 6000 种基因，人类已知功能的还不足 1000 种。

该小组通过创建 cDNA 文库，从面包酵母基因组中收集了超过 90% 的基因，排列定制 DNA 片段，使每个基因在一个版本中活性增强，而在另一个版本中活性降低。他们还利用 CRISPR-Cas 系统对酵母基因组进行精确切割，插入标准化遗传基因。CRISPR 系统使基因修饰率由原来的 1% 上升到了 70%。将基因活性部位高效整合到基因组中，随机产生许多不同的酵母菌株，每种酵母菌株具有其独特的一组修饰，再人工选择所需性状的菌株。而这个选择过程得到了伊利诺伊先进生物制造平台（Illinois Biological Foundry for Advanced Biomanufacturing, iBioFAB）的帮助，iBioFAB 以自动化方式执行机器人系统，选择潜在的酵母菌株，大大加快了工作速率，同时创建和测试了许多独特的菌株。在伊利诺伊州高性能生物计算研究小组（High Performance Biological Computing Group at Illinois）的支持下，研究者分析了最有潜力的酵母菌株的修饰基因组，确定了改变活性促成所需性状的基因组合，其中一些基因的功能是以往未知的，说明该技术能够帮助发现新的生物学知识。

陈云伟 检索，吴晓燕 编译自 <https://www.sciencedaily.com/releases/2017/05/170504083043.htm>

原文标题：New capabilities for genome-wide engineering of yeast

新型酶复合物或可加速可持续性燃料和药品开发

美国加州大学圣巴巴拉分校的研究人员发表在 2017 年 5 月 30 日的《自然-微生物》期刊上的论文描述了其在食草动物肠道内发现的真菌纤维素酶新型复合物。对于这些复合物的研究或可应用于完善合成装配生产线以制造新型化合物和药物等。

纤维素酶体是多蛋白的大型复合物，其将植物的生物降解酶结合在一起以提高水解效率。这些复合物首先在厌氧细菌中被发现，其中物种特异性的对接结构域（dockerin domain）介导酶与散布在蛋白质骨架中的粘连模块的组装。细菌凝聚素-对接因子相互作用执行的通用蛋白质组装机制目前是合成生物学的标准设计原理。几十年来已有关于厌氧真菌中类似结构的报道，已知它是通过序列分散的非催化对接结构域（NCDD）组装。然而，真菌纤维素酶的组分，模块化装配机制和功能作用仍然未知。

该研究小组描述了一系列对真菌纤维素酶组装有重要影响的蛋白质，包括新美鞭菌门特有的保守性骨架蛋白。利用长读长单分子测序技术，研究小组完成了厌氧真菌 *Anaeromyces robustus*, *Neocallimastixcaliforniae* 和 *Piromyces finnis* 基因组的高质量装配。基因组分析与蛋白质组学验证结果显示，每个真菌菌株平均拥

有 312 个含 NCDD 的蛋白质，其中绝大多数为碳水化合物活性酶（CAZymes），包含 95 个与 NCDD 结合的大分子真菌骨架。真菌对接因子和骨架蛋白与细菌对应物没有相似性，但是通过与肠细菌的水平基因转移形成了几个催化结构域。这些发现表明，真菌纤维素酶体是一种进化上的嵌合体结构，即独立进化的真菌复合物从肠道微生物群落的相邻细菌中选用有用的活性。

丁陈君 编译自 *Nature Microbiology*, 2017(2)

原文标题: A parts list for fungal cellulosomes revealed by comparative genomics

耶鲁大学研究者开发新型抗生素合成新方法

2017 年 6 月 2 日，耶鲁大学的科学家在《科学》杂志上发表论文，描述了一种合成新型截短侧耳素（pleuromutilin）类抗生素的新方法，该方法有望推广应用于开发出其他新型抗生素。如今多种细菌都开始对抗生素产生耐受性，新型抗生素的开发对于感染性疾病治疗和公众健康维护有着重要意义。

早在 20 世纪 50 年代研究人员就发现真菌天然产物截短侧耳素具有抗菌特性，学术界和制药领域研究者就开始通过半合成的方法开发了数千种截短侧耳素衍生物。但半合成的方法仅对截短侧耳素本身进行化学性修饰，大部分仅在分子的单一位置发生改变，而完全合成方法虽然能够开发出新型抗生素，但其技术难题一直并未被克服。耶鲁大学研究者公开了通过使用酰胺与双官能碘醚的会聚联合合成截短侧耳素的同分异构体的方法，该化合物与截短侧耳素具有相同的连接性，但分子排列不同，而且在合成的最后步骤还能进行重排。此外，该非天然性的同分异构体具有更好的抗菌特性，这就为研究者后期开发改进奠定了基础。

这种合成方法还可以用于创建其他优化结构（如原子取代和/或替代模式），进一步解决了半合成方法固有的约束条件，并且具有合成时间更短，更高产的特点。最近在合成四环素和大环内酯类抗生素方面的成功就表明通过完全合成法开发新型抗生物体的潜力。

吴晓燕 编译自 <http://science.sciencemag.org/content/356/6341/956>

原文标题: A modular and enantioselective synthesis of the pleuromutilin antibiotics

多国合作研究揭示细菌内部结构

多年来，科学家始终认为细菌没有内部结构，基本上仅是装着酶的包裹。然而，今年 6 月有两篇独立的文章分别揭示了细菌的内部结构。第一篇来自美国、丹麦、新加坡等国家的联合课题组，他们描述了细菌大量神秘的结构和隔室，研究成果发表在 6 月 12 日的《微生物学》期刊，另一篇是 6 月 23 日《科学》杂志发表的来自

美国多家高校的联合团队的研究成果，这两项研究揭示了细菌内部结构的复杂性。

当前，许多研究人员想对微室进行工程改良来生产药物、工业化学品或生物燃料，但面临的难点之一就是科学家尚不完全了解微室结构的构建机制。科学家们已经知道了蛋白质合在一起形成五边形和六边形的亚基，但不知道这些亚基是如何在多面球体中聚集的。除此之外，每个单元是弯曲的，一边形状像杯子，另一边是凸起，但尚不清楚是“杯子”还是凸起会聚集到微室里面。

发表在《科学》上的文章利用 X-射线晶体学和低温电子显微镜的组合技术来检查来自细菌 *Haliangium ochraceum* 的微室，回答了上述疑问，指出了“杯子”覆盖在微室外侧。

研究人员指出，微室是一种蛋白质壳，细菌用其负责某些特定的化学反应，了解了微室的结构，将会在生物技术和医学上有重要的应用。

陈云伟 编译自 <https://www.sciencenews.org/article/scientists-spy-secret-inner-life-bacteria>

原文标题：Scientists spy on the secret inner life of bacteria

研究发现海洋微生物的超强产物多样性

微生物是地球上最微小和最丰富的生物，最新的研究又为它们增加了一个新的世界之最：麻省理工大学和伊利诺伊大学联合开展的一项研究发现，原绿球藻（*Prochlorococcus* 属的海洋细菌）拥有一个比其他物种更多的代谢产物种类 lanthipeptides。

大多数细菌都可以生产一到两种这类肽，但原绿球藻属的品种能够产生二十多种不同的这类肽。同时，与陆生细菌不同，世界上不同海洋地区的原绿球藻能够生产出数以千计的独特的肽。这项研究成果发表在最新出版的《美国国家科学院院刊》上，而在此之前的研究并没有发现这类产物具有如此巨大的分子多样性。

研究人员开展了大量的实地采集，研究了多种原绿球藻的野生型和培养株 DNA 片段的基因组，确定其中蕴含了以前从未发现的数量庞大的肽类产物。自然界中的大部分进化是在保留遗传结构的同时，通过微小的变化逐渐进行的，但原绿球藻的这种基因进化却恰恰相反：它们以某种方式经历了突变式的进化，从而形成了这种多样化代谢产物的生产能力。研究人员认为，编码这些多肽的基因进化的方式并没有遵循经典的系统发育进化规则，而是采取了全然不同的进化途径。

研究人员尚没有在实验室条件下深入研究这些种类丰富的肽的功能，已知的一些类似结构的肽可以作为细菌信号传导装置或抗菌素成分，进一步的筛选和鉴别工作将为药物、材料或其他生物产品提供可选项。

陈云伟 检索，陈方 编译自 PNAS, 2017, 114(27):E5424-33

原文标题：Evolutionary radiation of lanthipeptides in marine cyanobacteria

新研究利用太阳能将二氧化碳转化为一氧化碳

瑞士联邦理工学院 Michael Graetzel 团队开发的一种廉价新型催化剂，可高效利用太阳能电池的电力，以将二氧化碳转化为富含能量的一氧化碳和氧气。相关研究成果发表在 2017 年 6 月 5 日的《自然-能源》期刊上。同期《科学》杂志也报道了该成果。

利用太阳能驱动的电化学还原反应将二氧化碳还原成燃料和化学品是一种终结人为碳循环的具有前景的方法。但缺乏具有选择性的、地球上含量丰富的且能够在水性基质中实现期望的转化反应的催化剂是目前主要的障碍。该研究小组将单一原子厚度的二氧化锡覆盖氧化铜纳米线电极，使产物主要为一氧化碳。该催化剂在析出生氧气方面的活性使其可以作为阴极和阳极用于完全电解二氧化碳。在所得的器件中，电极被双极膜隔开，是的每个半反应在其最佳电解质环境中运行。整个过程将捕获的太阳能转化的效率达到 13.4%，远远高于以 1% 效率储存太阳能的植物。

丁陈君 编译自 *Nature Energy*. 2017(2)

原文标题: Solar conversion of CO₂ to CO using Earth-abundant electrocatalysts prepared by atomic layer modification of CuO

斯坦福研究人员实现 CO₂ 生产可持续乙醇

最近斯坦福大学科学家在《美国国家科学院学报》上发表论文称，他们发现了一种利用 CO₂ 合成乙醇的方法。该方式将以不影响全球粮食供应的方式生产可再生乙醇。

该技术有三个基本组成部分：水、二氧化碳和通过铜催化剂输送的电力。铜催化剂可以选择性地将二氧化碳转化为如乙醇和丙醇等高价值的化学品和燃料，同时减少副产物产生。

研究团队选择了表面原子排列差异很大三种结晶铜样品，称为铜（100），铜（111）和铜（751），来研究铜的哪些方面影响电催化性能。为了解决晶体体积小的问题，研究者在硅晶片和蓝宝石的大晶片上生长单晶铜，来创造更大的表面积，以确定和量化表面上产生的分子，了解其化学反应。为了比较电催化性能，研究人员将三个大电极置于水中，将其暴露于二氧化碳气体中并产生电流。结果显示，当施加特定电压时，铜（751）比铜（100）或（111）制成的电极，产生的液体更有选择性，这可能是因为铜原子在三个表面上对齐方式不同。在铜（100）和（111）中，表面原子紧密堆叠在一起，这样会使表面更加惰性。在铜（751）中，表面原子距离更远，可以更强地与进入的反应物结合，如二氧化碳。

研究者还计划在镍和其他金属上使用这种方法来进一步了解表面的化学性质，

这将为工业规模可选择地生产碳中和燃料和化学品的技术开辟新的研究道路。

陈方 检索, 吴晓燕 编译自

<https://phys.org/news/2017-06-discovery-sustainable-ethanol-carbon-dioxide.html>

原文标题: Discovery could lead to sustainable ethanol made from carbon dioxide

新基因编辑技术可消除蚊子传播疾病

美国加州大学伯克利分校和河滨分校的科学家发现了一种编辑蚊子基因组的方法,让人们更接近于在大陆范围内控制它们。该方法将 CRISPR/Cas9 基因编辑技术用于蚊子,并计划在未来十年内,在公众和监管机构的批准下,帮助抗击疟疾和其他蚊子传播的疾病。研究成果发表在近期出版的 Nature Scientific Reports 期刊。

该研究基于对已有研究基因驱动技术的计算结果,即可能会导致 99% 的后代继承插入基因。然而,少数未继承基因的后代则带来很大的问题,这些后代中的一小部分还会对基因驱动免疫。因此,任何试图以这种方式消灭蚊子的尝试都将导致基因驱动免疫的快速反弹,这种抗性对基因驱动传播和抑制种群能力的影响之前曾被讨论过,但没有得到彻底的评估。

该新研究利用数学模型研究发现,这种耐药性会对试图在大陆范围内消灭蚊子种类产生重大影响,为了解决这个难题,研究小组设计了一项新技术,他们确定可以在大陆范围内抑制蚊子的种类。该新技术称为“多路技术”,包括一个 CRISPR 系统,一个引导 RNA,来同时瞄准一个基因的多个位置。

研究人员通过计算机模拟分析表明,可抑制的蚊子数量会随着这些引导 RNA 的数量呈指数增长,利用四、五种多路引导 RNA,一种蚊子则可能被控制在大陆尺度上。具备了这些知识,研究人员就可以通过仔细的工程操作和多路技术,克服抗性的问题。

多路技术潜力巨大,利用一个引导 RNA,我们可以抑制一个房间的蚊子。利用四个引导 RNA,我们可能会抑制一个大陆的蚊子及其携带疾病的传播。但大自然有办法找到绕过抑制的方法,所以还需开展更多的评估工作。

陈云伟 编译自 <https://phys.org/news/2017-06-gene-editing-technique-mosquito-borne-disease.html>

原文标题: New gene-editing technique could drive out mosquito-borne disease

斯克里普斯研究所成功优化 CRISPR-Cpf1 技术

斯克里普斯研究所的研究人员于 2017 年 6 月 19 日在《自然-化学生物学》杂志上发表文章称,他们通过研究改善了当前最先进的基因编辑技术,使其能够更加精准地靶向切割并且粘贴人类和动物细胞中的基因,同时研究者还扩展了 CRISPR-Cpf1 基因编辑系统使其能够用来研究以及帮助抵御人类疾病。

CRISPR 基因编辑系统给生物学研究的发展带来了巨大变革，但其技术也存在缺点，需要利用病毒外壳作为运输内容，CRISPR 分子太大而无法和多个导向 RNAs 匹配。目前 Cas9 和 Cpf1 是最常用的两种分子剪刀，研究者重点对 Cpf1 进行关注，其能够更加精确地对哺乳动物细胞进行作用，Cpf1 分子来自两种类型的细菌：拉克诺螺旋菌科细菌和嗜酸菌属细菌，这些分子的关键特性就是能够对 RNAs 进行引导，研究者通过将萤火虫发光基因编辑到细胞的染色体中进行深入研究发现，修饰后的 CRISPR-Cpf1 系统能够像预期一样发挥作用。

研究人员通过将导向 RNAs 和“复用”能力合并，改善了 CRISPR-Cpf1 基因编辑系统的作用效率，这种系统能够简单、明显改善同时对多个基因或单个基因多个位点的编辑能力，这或许对于靶向作用多个疾病相关的基因或疾病相关基因的多个位点非常有帮助。例如，这种改进型的 CRISPR-Cpf1 系统具有“多重”作用，在肝脏出现不可逆转的损伤之前就能够高效地消化病毒的 DNA。研究者还指出，效率是非常重要的，如果修饰肝脏中的 25 个细胞，似乎无意义，但如果能够对肝脏中一半的细胞进行修饰，那么就具有重大意义。如果该系统还能够修复肌肉细胞基因，或许就能够帮助恢复肌肉功能。最后研究者说道，Cpf1 作为基因疗法载体还需要更加深入的研究。

吴晓燕 编译自 <http://www.nature.com/nchembio/journal/vaop/ncurrent/full/nchembio.2410.html>
原文标题：Cpf1 proteins excise CRISPR RNAs from mRNA transcripts in mammalian cells

Broad 研究所发布新版基因组分析工具

2017 年 5 月 25 日，美国麻省理工学院和哈佛大学博德研究所（The Broad Institute of MIT and Harvard）公布了基因组分析工具包 GATK 的第四版。GATK4 包含了新的工具和重建的结构。目前该软件的 α 预览版已在博德研究所主页发布，而进一步改进的 β 版将于 6 月中旬以开源产品的形式放在 Bio-IT World 网站供人们使用。

新版软件是由大幅精简的独立工具和 ApacheSpark™ 等增强性能的技术所构成。这个新结构提升了云部署的并行运算能力，使海量基因组数据的分析过程变得更加简化、快捷和有效。开发人员还希望它能在消除传统规模障碍的同时为用户提供期待中的高质量数据。

GATK4 是由博德研究所和英特尔公司合作开发的，目标是利用高性能分析计算来处理来自全球的各种类型的大量基因组数据。在过去几个月中，软件工程师们和研究人员协同创建、优化和广泛分享了新工具和基础设施，来帮助科学家整合和处理基因组数据。通过此次合作，工程师们优化了基因组分析的软件和硬件，使其能有效合并和应用公、私混合云中的研究数据集。

目前，GATK 在全球有 45000 名学术和产业用户，他们正在用它开展数以百万计的分析工作。GATK 已成为辨识生殖细胞 DNA 和 RNA 序列数据中的单核苷酸多态性 (SNPs) 和插入缺失位点 (indels) 的工业标准。除了提升这些工具的性能以外，GATK4 还将分析范围拓展至生殖细胞和体细胞研究中的拷贝数和结构的变化等应用。

丁陈君 编译自 <https://phys.org/news/2017-05-genome-analysis-toolkit-gatk4-source.html>
 原文标题: Genome Analysis Toolkit 4 (GATK4) released as open source resource to accelerate research

产业·市场

欧洲 42 家领先的合成生物学初创公司

合成生物学正迅速渗透到从生物塑料到食品技术和医疗保健等众多领域，欧洲的初创公司正在拓展合成生物学前沿技术的应用，以多种不同的方式来改善大众的生活。

在不久的将来，合成生物学将能为我们提供从蜘蛛丝运动鞋到喷气式飞机用的可持续燃料等任何产品，并正在不断刷新人们的想象。例如，Oxitec 公司正在利用基因工程蚊子来减少疟疾、寨卡和登革热的传播；Avantium 公司正在帮助像达能和可口可乐这样的大公司开发生物塑料；Eligo Bioscience 公司发现了一种在不破坏微生物群的情况下专门消灭有害细菌的方法。当前对于合成生物学来说是一个激动人心的时刻，甚至将来人类照明使用的灯也可能是有生命的。德国杜塞尔多夫大学博士生 Justine Braguy 整理了欧洲 42 家合成生物学初创公司及研究领域情况。

表 2 欧洲 42 家领先的合成生物学初创公司

领域	始创公司
工业生物技术	GreenBiologics, Biosyntia, Evolva, DEINOVE, AMSilk
基因编辑	GEEN, TARGETGENE, Horizon, Biomillenia, Ers GENOMICS, EXPLORA BIOTECH
生物塑料	Avantium, Carbios
生物燃料	GLOBAL BIOENERGIES, ZUVASYNTHA, Globalyeast
病虫害防治	OXITEC
医疗保健	APTA BIOSCIENCES, CHAINbiotech, SynVaccine, ELIGO BIOSCIENCE, Spybiotech, Biotangents, Isomerase Therapeutics, MOIRAI BIODESIGN,
软件	Desktop Genetics, SILICOLIFE, SYNTHACEI, Biomax,

LabGenius

食品 MicroSynbiotiX, AGERIA, Aranex Biotech, MilisBio, Genus

合成 DNA SCRIPT, Synpromics, Helixworks, OXFORD GENETICS,

DNA/RNA Nuclera Nucleics

陈云伟 编译自 <http://www.lybsoo.fr/ynnews/news/view/check-out-these-42-european-synbio-startups-reimagining-the-industry>
原文标题: Check Out these 42 European SynBio Startups Reimagining the Industry

《科学研究动态监测快报》

《科学研究动态监测快报》（以下简称《监测快报》）是由中国科学院文献情报中心、中国科学院成都文献情报中心、中国科学院武汉文献情报中心以及中国科学院兰州文献情报中心和中国科学院上海生命科学信息中心分别编辑的主要科学创新研究领域的科学前沿研究进展动态监测报道类信息快报。按照“统筹规划、系统布局、分工负责、整体集成、长期积累、深度分析、协同服务、支撑决策”的发展思路，《监测快报》的不同专门学科领域专辑，分别聚焦特定的专门科学创新研究领域，介绍特定专门科学创新研究领域的前沿研究进展动态。《监测快报》的内容主要聚焦于报道各相应专门科学研究领域的科学前沿研究进展、科学研究热点方向、科学研究重大发现与突破等，以及相应专门科学领域的国际科技战略与规划、科技计划与预算、重大研发布局、重要科技政策与管理等方面的最新进展与发展动态。《监测快报》的重点服务对象，一是相应专门科学创新研究领域的科学家；二是相应专门科学创新研究领域的主要学科战略研究专家；三是关注相关科学创新研究领域前沿进展动态的科研管理与决策者。

《监测快报》主要有以下专门性科学领域专辑，分别为由中国科学院文献情报中心编辑的《空间光电科技专辑》等；由中国科学院成都文献情报中心编辑的《信息技术专辑》、《生物科技专辑》；由中科院武汉文献情报中心编辑的《先进能源科技专辑》、《先进制造与新材料科技专辑》、《生物安全专辑》；由中国科学院兰州文献情报中心编辑的《资源环境科学专辑》、《地球科学专辑》、《气候变化科学专辑》；由中国科学院上海生命科学信息中心编辑的《BioInsight》等。

《监测快报》是内部资料，不公开出版发行；除了其所报道的专题分析报告代表相应署名作者的观点外，其所刊载报道的中文翻译信息并不代表译者及其所在单位的观点。

版权及合理使用声明

《科学研究动态监测快报》(以下简称《监测快报》)是由中国科学院文献情报中心、中国科学院成都文献情报中心、中国科学院武汉文献情报中心以及中国科学院兰州文献情报中心和中国科学院上海生命科学信息中心按照主要科学研究领域分工编辑的科学研究进展动态监测报道类信息快报。

《监测快报》遵守国家知识产权法的规定,保护知识产权,保障著作权人的合法权益,并要求参阅人员及研究人员遵守中国版权法的有关规定,严禁将《监测快报》用于任何商业或其他营利性用途。读者在个人学习、研究目的中使用信息报道稿件,应注明版权信息和信息来源。未经编辑单位允许,有关单位和用户不能以任何方式全辑转载、链接或发布相关科学领域专辑《监测快报》内容。有关用户单位要链接、整期发布或转载相关学科领域专辑《监测快报》内容,应向具体编辑单位发送正式的需求函,说明其用途,征得同意,并与具体编辑单位签订服务协议。

欢迎对《科学研究动态监测快报》提出意见与建议。

生物科技专辑:

编辑出版:中国科学院成都文献情报中心

联系地址:四川省成都市一环路南二段16号(610041)

联系人:陈方 陈云伟 丁陈君 郑颖

电话:(028)85235075

电子邮件:chenf@clas.ac.cn;chenyw@clas.ac.cn;dingcj@clas.ac.cn;zhengy@clas.ac.cn