



2019年第27期总140期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ➤ 政策法规

1. 日本修订的转基因食品标识制度将于2023年生效

#### ➤ 前沿资讯

1. 基因编辑助大豆在南方丰产
2. 中科院广州生物院首次在猪上实现多位点单碱基编辑
3. 果树所系统解析手性农药乙螨唑的立体选择性
4. Science文章提议：建立作物病害全球监测系统

#### ➤ 学术文献

1. 剪接体解体因子ILP1和NTR1促进拟南芥中的miRNA生物发生
2. 通过DNA碱基编辑诱导的脱靶RNA突变及其通过诱变消除

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉侬；顾亮亮

联系电话：010-82109850

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

2019年7月8日

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

## 政策法规

### 1. 日本修订的转基因食品标识制度将于2023年生效

**简介:** 美国农业部海外农业局2019年5月29日信息提示, 日本修订后的转基因标识制度将于2023年4月1日生效。修订后的转基因标识制度为“非转基因”标识建立了一个新的定义(只有在无法检测到转基因成分时才允许使用)。

**来源:** 农业农村部科技教育司

**发布日期:** 2019-06-26

**全文链接:**

[http://www.moa.gov.cn/ztl/zjyqwgz/ckzl/201906/t20190626\\_6319318.htm](http://www.moa.gov.cn/ztl/zjyqwgz/ckzl/201906/t20190626_6319318.htm)

## 前沿资讯

### 1. 基因编辑助大豆在南方丰产

**简介:** 据中国农科院最新消息, 该院作物科学研究所植物转基因技术研究中心、大豆育种技术创新与新品种选育创新团队, 利用CRISPR/Cas9基因组编辑技术定点敲除大豆开花调控关键基因GmFT2a和GmFT5a, 创制出更适合低纬度地区种植的突变体材料; 同时系统解析了GmFT2a和GmFT5a基因在大豆花期调控中的遗传效应, 为大豆品种的区域适应性改良提供了新技术、新材料。相关研究成果新近在线发表于《植物生物技术杂志(Plant Biotechnology Journal)》。团队首席、中国农科院作科所研究员韩天富介绍, 大豆对光周期反应敏感, 绝大多数品种只有在日照长度缩短到一定程度后, 才能从营养生长转入生殖生长, 进而开花结荚; 导致大豆品种北移种植时往往晚花晚熟、生长期延长, 甚至不能开花或正常成熟; 南移种植时则一般表现为过早开花、生长期缩短, 产量降低甚至不能正常生长。这种光周期反应特性使得大豆品种适宜种植区域普遍比较狭小。已有研究表明, GmFT2a和GmFT5a基因是大豆的重要开花促进因子。团队通过构建GmFT2a和GmFT5a基因的过表达植株, 并利用CRISPR/Cas9基因组编辑技术对GmFT2a和GmFT5a进行定点敲除, 结合杂交手段, 创制出单基因和双基因突变体材料。研究表明, GmFT2a和GmFT5a虽然在大豆的花期调控中存在功能互补, 但在长、短日照条件下的开花促进效应差异较大。在短日照条件下, GmFT2a的开花促进效应比GmFT5a强, 而GmFT5a在长日照条件下的开花促进效应更强。临界光周期对GmFT5a参与的大豆花期调控影响很大, 超过品种临界光周期日长的条件下, GmFT5a基因是主要的开花促进基因, 是使大豆能够适应长日照环境的关键基因。研究还发现, 创制的双基因突变体在短日照条件下平均57.4天开花, 比野生型晚花约31.3天, 株高和节数较野生型显著提高, 单株荚数和粒数也显著增加, 这为适合低纬度地区种植的大豆品种改良提供了新的基础材料

**来源:** 基因农业网

**发布日期:** 2019-07-03

**全文链接:**

<http://www.agrogene.cn/info-5644.shtml>

### 2. 中科院广州生物院首次在猪上实现多位点单碱基编辑

**简介:** 中科院广州生物研究员赖良学课题组利用单碱基编辑器首次在猪上实现多位点单

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

碱基编辑。据悉，该成果的应用将加速生物医药相关的大动物猪模型培育和农业精准育种。相关研究6月28日发表在《自然-通讯》。赖良学表示，该研究首次从细胞、胚胎及动物三个层面探讨了单碱基编辑器对猪多基因进行同时点突变的可行性，并且通过体细胞核移植和胚胎注射两种途径获得两种单位点单碱基突变猪模型（杜氏肌营养不良症和早衰症猪模型）和一种三位点单碱基突变猪模型（重症免疫缺陷猪模型）。单碱基编辑器是近年才出现的新基因编辑系统，被认为是基因编辑技术3.0版本。而较早期的Cas9等基因编辑工具均会伴随DNA断裂，后者会造成基因组的不稳定性，对被编辑的生物机体带来安全隐患。单碱基编辑器出现以后，很快被广泛地运用于动物、植物和人细胞的基因编辑。但是，以往的研究主要集中在单位点的碱基突变。而人类遗传性疾病以及动物遗传性状改变往往涉及到多个位点的单碱基突变，因此，对基因组的多个位点进行单碱基编辑才更有可能培育出能够模拟人遗传性疾病的大动物模型和拥有优良遗传性状的畜禽新品系。研究人员利用BE3和A3A-BE3两种单碱基编辑工具，在细胞和胚胎层面，对基因组进行三基因单碱基编辑，每个基因设计一条gRNA，突变成终止密码子或者突变诱导新的mRNA剪切位点。在胚胎上，三基因同时被编辑效率最高可达50%。而细胞层面，三基因同时编辑最高可达25%。在很多动物体内存在有内源性逆转录病毒，这种基因系列相同的内源性病毒往往以多拷贝的形式分布于染色体的不同位点。而猪内源性病毒的存在，给猪作为异种移植器官供体带来安全隐患。该研究还对与猪内源性病毒复制有关的pol1基因进行了单碱基突变，制造提前的终止密码子，从而实现单基因的多位点失活。通过二代测序分析，可以看到在体细胞内，多拷贝的敲除率达到80%以上的，而在胚胎层面，71%病毒拷贝得到敲除。因此，本研究证明，单碱基编辑系统在细胞和胚胎水均可实现多基因或单基因多位点的高效碱基突变。据了解，该研究进一步通过胚胎注射以及体细胞核克隆的途径分别培育出了单基因突变猪和多基因突变猪。所获得含有单基因突变的杜氏肌肉营养不良症（Duchenne muscular dystrophy, DMD）猪模型以及早衰症（Hutchinson-Gilford Progeria Syndrome, HGPS）猪模型，均极好地模拟了病人的表型。所获得的与免疫细胞发育相关的三基因（RAG1、RAG2、IL2RG）纯合突变猪的胸腺和脾脏发育有明显缺陷，T细胞、B细胞及NK细胞缺失，免疫细胞不能进行V(D)J基因组重排，具有典型的重症免疫缺陷表型。由于猪的免疫系统与人非常相似，这种重症免疫缺陷猪模型将成为生物医药研究领域的重要基因修饰工具猪。

来源：科学网

发布日期:2019-07-03

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/7/428028.shtm>

### 3. 果树所系统解析手性农药乙螨唑的立体选择性

简介：日前，中国农业科学院果树研究所果品质量安全风险监测与评估创新团队从生物活性、急性毒性、环境行为等3个方面对手性农药乙螨唑的立体选择性进行了系统解析。研究结果对于乙螨唑的安全使用和风险评估等具有极其重要的理论意义和实践应用价值，并可为该类农药的安全应用和有效管理提供科学参考。相关研究成果在线发表在《农业与食品化学杂志（Journal of Agricultural and Food Chemistry）》上。乙螨唑是一种新型高效杀螨剂，可用于苹果、柑橘、葡萄、棉花等作物的害螨防治。然而，乙螨唑均以消旋体的形式销售和使用。乙螨唑进入环境后，不同对映体对靶标生物的生物活性、非靶标生物的生态毒性以及其在植物和土壤中的环境行为往往存在显著差异。传统的手性农药安全风险评估通常不区分对映体之间的差异，往往导致风险评估结果不可

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

靠，给人类健康和环境安全带来了诸多隐患。该研究首次系统解析了乙螨唑不同对映体在水果（苹果、草莓、葡萄）和田间土壤中的立体选择性环境行为、对靶标生物（朱砂叶螨、二斑叶螨）的生物活性和对非靶标生物（斑马鱼、大型蚤）的急性毒性。研究表明，乙螨唑不同对映体的生物活性和急性毒性均存在显著的立体选择性，其在田间土壤和水果中存在显著的立体选择性环境行为。

来源：中国农业科学院

发布日期：2019-07-01

全文链接：

<http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/297562.html>

#### 4 . A global surveillance system for crop diseases (Science文章提议： 建立作物病害全球监测系统)

简介：为了满足日益增长的粮食需求，全球农业生产必须在2050年之前增加70%。然而，作物病虫害加剧了全球粮食供应的风险。在世界范围内，由病虫害引起的小麦平均产量损失估计为21.5%、大米为30.0%、玉米为22.6%、马铃薯为17.2%、大豆为21.4%。这些作物为全球人口提供了一半的卡路里。气候变化和全球贸易进一步加大了植物病害的扩散、宿主范围和影响，其中许多病害在受到控制一段时间后还能继续传播或复发。虽然许多国家级和区域级的植物保护组织（NPPO和RPPO）致力于监测和控制作物病害的爆发，但在许多国家中，特别是低收入国家（LIC），由于没有有效的信息交换，对于防止疾病形成和传播的协调反应有延迟。为了改善对意外作物病害蔓延的反应机制，我们提出了一个全球监测系统（GSS），将已建立的生物安全实践和网络设施扩展和整合到低收入国家，使各国和各地区能够迅速应对新出现的爆发性病害，以稳定粮食供应，加强全球食品保护。全球网络改善了人类的健康状况，加快了对人类传染病爆发的全球反应。世界卫生组织（WHO）和美国疾病控制和预防中心（CDC）开发和维护这些拥有完善的网络实验室的监测系统，用于诊断和促进爆发期间共享数据和信息的规范，并由此更有效、更迅速地解决公共卫生问题。本着类似的精神，联合国大会宣布2020年为国际植物健康年，以提高公众和政策制定者对植物健康重要性的认识，我们预计GSS将有大量机会帮助政府为植物病害爆发事件提供更有针对性和更具成本效益的应对措施。1951年通过的“国际植物保护公约”（IPPC）为参与国家级和区域级的植物保护组织的国家之间合作提供了基础，以提高对限定有害生物和病原体的进入和传播对农业威胁的认识。这一由183个国家级植物保护组织和10个区域级的植物保护组织组成、与国际植保公约秘书处和植物检疫措施委员会合作的系统面临着许多挑战，有大量受监管的有害生物（仅在欧洲就有约400种）需要关注，而该系统的资源却十分有限。目前，一个国家的作物病害监测能力取决于两种类型的基础设施：特定/靶向性监测，常规/被动监测。特定/靶向性的监测基础设施包括入境口岸和贸易点、海关和边境巡逻、种子检查和植物检疫服务的实验室，并包括旨在防止特定病虫害的引入和转移的协调农业有害生物调查。“国际植保公约”和国家级植物保护组织的大多数政策努力都与靶向性监测有关，这需要受过培训的人员来识别受监管的有害生物和致病菌，并为满足贸易和检疫目的建立一个特定有害生物或疾病的“隔离区”。尽管有大量的全球靶向性监测基础设施，但进入一个国家的货物中只有约2%至6%可以接受有效的筛查；因此，潜在的生物入侵物种通过官方入境点的转移实质上几乎不设限。常规/被动监测旨在检测和诊断所有的有害生物和作物疾病，而不仅仅是那些受到监管的疾病。被动监测人员或是在实地调查期

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

间发现作物疾病，或是将样本带到分布在整个国家或地区的实验室。这些活动几乎总是病情爆发时的第一探测器，通常消息来源于非紧密互联的民众、科学家和训练有素的农学家、大学植物病理学实验室、支持种植业的按服务收费的诊所、CGIAR植物病理学实验室、国家网络互联实验室如美国国家植物诊断网（NPDP）、国家推广服务人员、私营作物顾问，以及农药销售人员和施药人员。为使该基础设施有效，必须很好地协调第一探测器和下游响应器之间的连接。但是，大多数地区在诊断能力、信息共享和通信协议方面的建设匮乏或不完善。我们从多次疾病爆发中得出的反思是，无论是在高收入国家（HIC）还是低收入国家中，被动监测基础设施所拥有的现场监测和训练有素的眼睛最多，而从地方到全球的协调程度最低。这就是我们建议为GSS建立互联机制的部分，特别是将低收入国家包括在内，其风险评估、诊断能力、数据共享和通信协议等均需要加强。

来源: Science

发布日期:2019-06-28

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/87/Csgk0F0crcSALXcCAAhDGkqPKzo047.pdf>

## ➤ 学术文献

### 1 . Spliceosome disassembly factors ILP1 and NTR1 promote miRNA biogenesis in *Arabidopsis thaliana* (剪接体解体因子ILP1和NTR1促进拟南芥中的miRNA生物发生)

简介: The intron-lariat spliceosome (ILS) complex is highly conserved among eukaryotes, and its disassembly marks the end of a canonical splicing cycle. In this study, we show that two conserved disassembly factors of the ILS complex, Increased Level of Polyploidy1-1D (ILP1) and NTC-Related protein 1 (NTR1), positively regulate microRNA (miRNA) biogenesis by facilitating transcriptional elongation of MIRNA (MIR) genes in *Arabidopsis thaliana*. ILP1 and NTR1 formed a stable complex and co-regulated alternative splicing of more than a hundred genes across the *Arabidopsis* genome, including some primary transcripts of miRNAs (pri-miRNAs). Intriguingly, pri-miRNAs, regardless of having introns or not, were globally down-regulated when the ILP1 or NTR1 function was compromised. ILP1 and NTR1 interacted with core miRNA processing proteins Dicer-like 1 and Serrate, and were required for proper RNA polymerase II occupancy at elongated regions of MIR chromatin, without affecting either MIR promoter activity or pri-miRNA decay. Our results provide further insights into the regulatory role of spliceosomal machineries in the biogenesis of miRNAs.

来源: Nucleic Acids Research期刊

发布日期:2019-06-19

全文链接:

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/87/Csgk0F0cqbKAUHWdAMfqbRKeP\\_4635.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/87/Csgk0F0cqbKAUHWdAMfqbRKeP_4635.pdf)

### 2 . Off-target RNA mutation induced by DNA base editing and its elimination by mutagenesis (通过DNA碱基编辑诱导的脱靶RNA突变及)

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

## 其通过诱变消除)

简介: Recently developed DNA base editing methods enable the direct generation of desired point mutations in genomic DNA without generating any double-strand breaks, but the issue of off-target edits has limited the application of these methods. Although several previous studies have evaluated off-target mutations in genomic DNA, it is now clear that the deaminases that are integral to commonly used DNA base editors often bind to RNA. For example, the cytosine deaminase APOBEC1—which is used in cytosine base editors (CBEs)—targets both DNA and RNA, and the adenine deaminase TadA—which is used in adenine base editors (ABEs)—induces site-specific inosine formation on RNA. However, any potential RNA mutations caused by DNA base editors have not been evaluated. Adeno-associated viruses are the most common delivery system for gene therapies that involve DNA editing; these viruses can sustain long-term gene expression in vivo, so the extent of potential RNA mutations induced by DNA base editors is of great concern. Here we quantitatively evaluated RNA single nucleotide variations (SNVs) that were induced by CBEs or ABEs. Both the cytosine base editor BE3 and the adenine base editor ABE7.10 generated tens of thousands of off-target RNA SNVs. Subsequently, by engineering deaminases, we found that three CBE variants and one ABE variant showed a reduction in off-target RNA SNVs to the baseline while maintaining efficient DNA on-target activity. This study reveals a previously overlooked aspect of off-target effects in DNA editing and also demonstrates that such effects can be eliminated by engineering deaminases.

来源: Nature期刊

发布日期:2019-06-10

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/88/Csgk0F0fCq-AfPvhAGYXA1qc0MM929.pdf>