



2019年第35期总148期

农业生物技术专题

本期导读

➤ 政策法规

1. 关于废止河南省地方标准《农作物种子转基因成分检测方法》的公告

➤ 前沿资讯

1. 中国农科院植保所刘文德研究组揭示稻瘟病菌致病新机制
2. 贯穿于畜牧全链条的DNA溯源系统在我国研制成功了
3. 哈佛尹鹏组开发组织中多蛋白同时成像的新技术
4. 我国科学家发现水稻早熟高产新机制
5. 去年全球转基因作物种植面积近两亿公顷

➤ 学术文献

1. C3和C4植物中全基因组转录因子结合图谱
2. 肌醇焦磷酸盐InsP8在拟南芥中作为细胞内磷酸盐信号

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉依；顾亮亮

联系电话：010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2019年9月9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. 关于废止河南省地方标准《农作物种子转基因成分检测方法》的公告

简介: 根据《中华人民共和国标准化法》的规定和《河南省农业农村厅关于拟废止农作物种子转基因成分检测方法地方标准的函》，经研究，河南省市场监督管理局决定废止河南省地方标准《农作物种子转基因成分检测方法》（DB41/T 1210-2016）。

来源: 河南省市场监督管理局

发布日期: 2019-09-27

全文链接:

<http://www.haqi.gov.cn/sitegroup/sc/jd/html/8a80948165cd561f01675521a05c7edf/e66251e6860f4f69bcb0ce0cac6005e4.html>

前沿资讯

1. 中国农科院植保所刘文德研究组揭示稻瘟病菌致病新机制

简介: 蛋白精氨酸甲基转移酶（Protein arginine methyltransferases, PRMTs）调节包括细胞自噬在内的多种生物学过程。然而，PRMTs在细胞自噬形成过程中具体分子机制目前尚不清楚。近日，植保所作作物有害生物功能基因组研究创新团队研究发现了蛋白精氨酸甲基转移酶MoHMT1在稻瘟病菌中调节细胞自噬的分子机制。MoHMT1基因敲除突变体菌丝生长受到抑制，且致病性明显降低。GST Pull-down和LC/MS/MS分析揭示了MoHMT1与剪接体重要组分MoSNP1存在相互作用，且MoSNP1的247、251、261和271精氨酸残基为MoHMT1催化位点。RNA-seq分析表明，正常生长条件下，MoHMT1敲除突变体与野生型菌株相比，包括细胞自噬相关基因（Autophagy-related gene, ATG）MoATG4在内的558个基因的pre-mRNAs发生了非正常剪接。在光照或氮饥饿条件下，MoHMT1定位于自噬体，而MoHMT1敲除突变体的细胞自噬体形成明显受到抑制。在氮饥饿条件下，另外6个MoATG基因（MoATG5, MoATG7, MoATG12, MoATG20, MoATG29, MoATG33）的pre-mRNAs也发生了非正常剪接，导致这6个MoATG基因正常剪切的mRNA水平明显降低。研究结果证明了蛋白精氨酸甲基转移酶通过对MoSNP1的甲基化修饰精确调控ATG基因pre-mRNAs的选择性剪接，进而调节稻瘟病菌中细胞自噬的形成。相关研究结果为稻瘟病的防治提供了重要候选靶点。

来源: BioArt植物公众号

发布日期: 2019-09-04

全文链接:

<https://mp.weixin.qq.com/s/7ksz--VfeoVspMg4snmowg>

2. 贯穿于畜牧全链条的DNA溯源系统在我国研制成功了

简介: 中国农业科学院农业质量标准与检测技术研究所畜产品质量安全研究室开展了“基于DNA分子标记技术的猪牛肉产品溯源鉴定技术研究”，在我国首次建立起贯穿于“动物饲养—屠宰—加工—销售”全链条的DNA溯源系统。作为遗传物质的DNA具有个体唯一性、加工稳定性和不可更改性，每一个牛、猪、羊个体等都具有自身特异的DNA指

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

纹，而且这种DNA指纹从牲畜进栏到屠宰、加工成为生、熟肉制品都稳定存在无法更改且可检测，利用这一特性建立的DNA溯源系统可以真实的记录我国畜牧生产流动以及畜产品质量安全信息情况，结合信息溯源系统，保证数据的准确可靠性。这套成功畜牧DNA溯源系统的原理就是，在畜牧动物刚入栏或打耳标时即采集其血液样本进行保存，并记录传统RFID或二维码等编码信息。当动物经过屠宰销售、物流储运、以及最后进入超市饭桌后，对于需要检测的肉样进行采集。然后通过传统信息溯源找到原始保存的生物样本，同时对两份样本进行DNA信息分析比对，若DNA指纹图谱相同则为同一只个体，证明溯源信息可靠准确，反之则证明溯源信息不实。

来源：基因农业网

发布日期：2019-09-04

全文链接：

<http://www.agrogene.cn/info-5698.shtml>

3. 哈佛尹鹏组开发组织中多蛋白同时成像的新技术

简介：一项近日发表在《Nature Biotechnology》杂志上、由哈佛大学生物工程研究所和哈佛医学院(HMS)一组由Peng Yin博士领导的研究小组完成的最新研究已经填补了这个空白，他们开发了一种新的基于DNA-纳米技术的称为Immuno-SABER (Immunostaining with Signal Amplification By Exchange Reaction的简称)的方法。该方法将常用抗体的蛋白靶向特异性与基于DNA的信号放大策略相结合，使同一样本中的许多蛋白能够在每个目标位点上通过预先可编程和可调的荧光信号进行高度复杂的可视化。该团队已经在广泛的细胞和组织样品中验证了他们的方法。“我们证明了Immuno-SABER提供了独立调节信号强度的能力，可以使单个蛋白质目标的信号强度增加5至180倍，而且允许同时检测许多蛋白质。该技术具有速度快、相对容易使用和成本低的优点，有潜力在许多组织和疾病中快速推进正在进行的大规模蛋白质图谱研究和生物标志物发现的工作。”基于他的团队在利用DNA纳米技术驱动的条形码和信号放大技术方面的进展，Yin最近还被选为人类生物分子图谱项目(Human BioMolecular Atlas Program, HuBMAP)和人类细胞图谱项目(Human Cell Atlas Project)的获奖者。他也是威斯研究所(Wyss Institute)分子机器人计划(Molecular Robotics Initiative)的联合负责人，也是HMS的系统生物学教授。抗体是研究和临床环境中最常见的蛋白质检测试剂。它们通常带有荧光标记，以便用显微镜检测。然而，传统的抗体染色方法通常最多只能同时使用五种不同的染色剂，靶蛋白的丰度差异很大，很难从许多组织显示的背景荧光中分辨出敏感性高的罕见蛋白靶。Immuno-SABER利用Yin课题组先前报道的“引物交换反应”(Primer Exchange Reaction, PER)方法，在DNA发夹结构的催化作用下合成短DNA引物序列的长串联体。每个生成的串联体通过短处理序列连接到抗体上的DNA条形码上，这些抗体与固定细胞和组织样本中的目标蛋白结合，具有很高的特异性。在靶区，SABER串联体为互补荧光寡核苷酸(“imagers”)提供了一个具有多个结合位点的支架，从而可以放大从每个蛋白靶发出的信号。

来源：生物谷

发布日期：2019-08-28

全文链接：

<https://mp.weixin.qq.com/s/3sIiwphPyVaJy9Bgd96NsA>

4. 我国科学家发现水稻早熟高产新机制

简介:我国多个科研团队合作发现,一个名为Ef-cd的基因可将水稻成熟期提早7天至20天,不造成产量损失甚至具有不同程度的增产效果。挖掘和利用该基因,将有力促进绿色超级稻品种培育的减肥增效需求。在我国杂交水稻发展的早期阶段,“高产不早熟、早熟不高产”现象是一个重大难题。袁隆平院士团队和谢华安院士团队等经过研究攻关,培育出一批早熟高产的水稻新品种,但其分子生理机制仍未得到解析。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才研究组和四川农业大学邓晓建研究组等单位合作,历经多年,图位克隆了Ef-cd基因。大规模组学分析表明,含Ef-cd基因的水稻,氮代谢、叶绿素代谢及光合作用相关基因表达显著增强。生理试验也证明,Ef-cd基因显著提高了水稻氮吸收能力及叶片光合作用效率。上述结果表明,Ef-cd基因兼顾早熟和高产,增加水稻的氮肥利用效率和光合效率,具有资源高效利用的显著特征。研究团队表示,在当前水稻生产新形势下,该基因的挖掘和利用将有力促进绿色超级稻品种培育的减肥增效需求,同时,对解决直播稻和粮经、粮菜、粮油连作稻、双季稻的早熟丰产以及亚种间杂交稻“超亲晚熟”等问题具有重要的应用潜力。

来源:科学网

发布日期:2019-08-27

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/8/429864.shtm>

5. 去年全球转基因作物种植面积近两亿公顷

简介:国际农业生物技术应用服务组织(ISAAA)在京发布2018年全球转基因/基因改造作物商业化状况。据悉,2018年共有70个国家种植或进口了转基因作物,其中26个国家(21个发展中国家和5个发达国家)共种植了1.917亿公顷转基因作物,比2017年的种植面积增加了190万公顷。ISAAA董事会主席Paul S. Teng表示:“虽然农业生物技术不是提高全球粮食安全的唯一关键技术,但它却是多学科方案中的一种重要科学工具。”数据显示,自1996年以来,转基因作物种植面积增加了约113倍,累计面积达25亿公顷。在美国、巴西、阿根廷、加拿大和印度等转基因作物常年应用率较高的国家,主要作物的应用率已接近100%。2018年,市场满足了农民与消费者更大的需求,并且提供了多种性状的多样化转基因作物。这些转基因作物包括防挫伤、抗褐变、低丙烯酰胺和抗晚疫病的马铃薯,抗虫抗旱甘蔗,抗褐变苹果,以及高油酸油菜和红花籽。ISAAA报告还指出,2018年,种植转基因作物面积最大的前5个国家(美国、巴西、阿根廷、加拿大和印度)占全球转基因作物种植面积的91%。转基因大豆在全球的应用率最高,其种植面积占全球转基因作物面积的50%,而具有多重性状的转基因作物的种植面积持续增加,占全球转基因作物种植面积的42%。此外,各大洲也显示出不同的特点:10个拉丁美洲国家的农民共种植了7940万公顷转基因作物;亚洲和太平洋地区的9个国家种植了1913万公顷转基因作物;史瓦帝尼王国(前斯威士兰)与南非、苏丹一起,在非洲种植转基因作物,并引入了抗虫棉花;在欧洲,西班牙和葡萄牙继续种植转基因玉米控制欧洲玉米螟。ISAAA是一家非营利组织。该组织通过知识分享计划和提供专门的生物技术应用与各利益相关者分享作物生物技术的益处,尤其是资源匮乏的发展中国家农民。

来源:科学网

发布日期:2019-08-26

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/sbhtmlnews/2019/8/349029.shtm?id=349029>

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

学术文献

1. Genome-wide transcription factor binding in leaves from C3 and C4 grasses (C3和C4植物中全基因组转录因子结合图谱)

简介: The majority of plants use C3 photosynthesis, but over sixty independent lineages of angiosperms have evolved the C4 pathway. In most C4 species, photosynthesis gene expression is compartmented between mesophyll and bundle sheath cells. We performed DNase-SEQ to identify genome-wide profiles of transcription factor binding in leaves of the C4 grasses *Zea mays*, *Sorghum bicolor* and *Setaria italica* as well as C3 *Brachypodium distachyon*. In C4 species, while bundle sheath strands and whole leaves shared similarity in the broad regions of DNA accessible to transcription factors, the short sequences bound varied. Transcription factor binding was prevalent in gene bodies as well as promoters, and many of these sites could represent duons that impact gene regulation in addition to amino acid sequence. Although globally there was little correlation between any individual DNase footprint and cell-specific gene expression, within individual species transcription factor binding to the same motifs in multiple genes provided evidence for shared mechanisms governing C4 photosynthesis gene expression. Furthermore, interspecific comparisons identified a small number of highly conserved transcription factor binding sites associated with leaves from species that diverged around 60 million years ago. These data therefore provide insight into the architecture associated with C4 photosynthesis gene expression in particular and characteristics of transcription factor binding in cereal crops in general

来源: Plant Cell期刊

发布日期:2019-08-14

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0E/81/Csgk0F1wtf6AZfFTAKqbdGMttPA272.pdf>

2. Inositol Pyrophosphate InsP8 Acts as an Intracellular Phosphate Signal in Arabidopsis (肌醇焦磷酸盐InsP8在拟南芥中作为细胞内磷酸盐信号)

简介: The maintenance of cellular phosphate (Pi) homeostasis is of great importance in living organisms. The SPX domain-containing proteins, SPX1, from both *Arabidopsis* and rice have been proposed to act as sensors of Pi status. The molecule signaling the cellular Pi status to regulate Pi homeostasis in plants, however, remains to be identified, as Pi itself does not bind to the SPX domain. Here, we report the identification of the inositol pyrophosphate InsP8 as a signaling molecule that regulates Pi homeostasis in *Arabidopsis*. Polyacrylamide gel electrophoresis profiling of InsPs revealed that InsP8 level positively correlates with cellular Pi concentration. We demonstrated that the homologs of diphosphoinositol pentakisphosphate kinase PPIP5K, VIH1 and VIH2, function redundantly to synthesize InsP8, and the *vih1 vih2* double mutants over-accumulate Pi. SPX1 directly interacts with PHR1, the central regulator of Pi starvation responses, to inhibit its function

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

under Pi-replete condition. However, this interaction is compromised in vih1 vih2 double mutant, resulting in the constitutive induction of Pi starvation-induced genes, indicating that plant cells cannot sense cellular Pi status without InsP8. Furthermore, InsP8 can directly bind to the SPX domain of SPX1 and is essential for the interaction between SPX1 and PHR1. Our study revealed that InsP8 acts as the ligand that binds to the intracellular Pi sensor SPX1 to control Pi homeostasis in plants.

来源: PNAS期刊

发布日期: 2019-08-13

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0E/81/Csgk0F1wtyKAF1nRAFkg1ymzByQ568.pdf>