



2019年第24期总137期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 发达国家转基因作物的监管收紧，草甘膦需求下降
2. 华南农业大学破解“亚非稻”种间生殖隔离之谜
3. 扬州大学刘巧泉课题组克隆了水稻Wx基因的祖先等位基因，阐明了栽培稻中不同Wx等位基因间的进化关系
4. 我国科学家找到影响热带玉米产量关键基因
5. 中国农业科学院
6. 美国食品药品监督管理局发布了一项转基因苹果的食用安全性评价报告

▶ 学术文献

1. 细胞分裂素调控水稻锌平衡的机制
2. 蛋白磷酸酶TOPPs植物防御反应的重要调节组分

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

2019年6月17日

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

▶ 前沿资讯

1. 发达国家转基因作物的监管收紧，草甘膦需求下降

简介：According to a recently published report on Glyphosate Market, projects that the glyphosate market revenues will reach the US\$ 4.5 Bn mark by 2019 end. The global market revenues through sales of glyphosate products are likely to increase at an approximate 4% CAGR during 2019-2029. The increasing plantation of genetically modified (GMO) plants and crops is driving the growth of the glyphosate market, especially in developing regions. In East Asia, South Asia and other developing regions, farmers are using GMO seeds in order to increase production within a short period of time and also to earn higher profit margins. Manufacturers of agricultural products are producing glyphosate-resistant GMO seeds to increase the use of glyphosate, which is not harmful to crops, as well as to protect plants from weeds and other unwanted grasses. GMO seeds are used to grow fruits, vegetables, tubers, and roots faster and to improve their weight and size, which is driving the growth of the glyphosate market.

来源：世界农化网

发布日期:2019-06-10

全文链接:

<http://news.agropages.com/News/NewsDetail---30682.htm>

2. 华南农业大学破解“亚非稻”种间生殖隔离之谜

简介：“稻属由23个种组成，其中栽培水稻分为亚洲栽培稻（*Oryza sativa*）和非洲栽培稻（*O. glaberrima*）两个种（合称“亚非稻”），其余均为野生稻种。亚非稻种间杂种具有强大的杂种优势，但种间生殖隔离导致杂种不育和结实率低，无法体现杂种的产量优势。S1座位是引起亚非稻种间杂种不育的最重要遗传座位，其作用可导致杂种中含亚洲稻型等位基因（S1-s）的雌配子和雄配子选择性败育，在后代群体产生严重的等位基因偏态遗传（偏向非洲型等位基因S1-g）。因此，S1-g是一个典型的自私基因座，对种间分化起重要作用，但其分子遗传机制一直不清楚。2017年初，陈乐天课题组和刘耀光课题组合作，率先克隆了S1座位的一个关键基因OgTPR1（后续命名为S1TPR）。随后，日本科学家于2018年克隆了S1座位另一个基因SSP。但是，这两个基因都只是S1杂种不育的部分必要因子，导致S1杂种不育功能的充分条件还不清楚。陈乐天课题组在后续研究中通过一系列基因敲除和功能互补实验发现：S1座位控制的杂种不育除了S1TPR还需要另外两个非洲稻等位基因座S1-g的特异基因S1A4和S1A6参与才能发生（其中S1A6就是SSP）。进一步研究表明：S1-g的三个连锁特异基因S1TPR，S1A4和S1A6共同形成一个杀手系统，在大孢子母细胞和小孢子母细胞中产生不育信号。该不育信号经减数分裂传递到配子产生对S1-s基因型配子的致死效应，但S1-g型配子因为有S1TPR的保护作用而育性正常。因此，陈乐天课题组提出了S1介导杂种不育的非对称遗传互作新机制。”

来源：科学网

发布日期:2019-06-10

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/6/427245.shtm>

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

3. 扬州大学刘巧泉课题组克隆了水稻W_x基因的祖先等位基因，阐明了栽培稻中不同W_x等位基因间的进化关系

简介: 水稻是我国最重要的粮食作物，也是一种古老的多型性作物。人类栽培水稻已有近一万年历史，在不同地域、不同生态环境条件下经过长期的演变和分化，形成的品种类型极为丰富，它们在品质性状上所表现出的变异也极为复杂。直链淀粉含量是衡量稻米品质，尤其是蒸煮与食味品质的最重要指标，水稻胚乳中的直链淀粉是由W_x基因编码的淀粉颗粒结合淀粉合成酶（GBSSI）催化合成的。该基因早在1984年就被报道，1990年被我国科学家洪孟民院士等克隆，是水稻中最早被克隆的重要基因。截止目前，在栽培稻中已克隆了多个W_x复等位基因，并已被广泛应用。糯稻中含有wx隐性突变基因，所以不含或含有极少的直链淀粉；多数非糯粳稻和籼稻中具有W_{xb}或W_{xa}等位基因，因此含有中等偏低或较高的直链淀粉含量；泰国香米和多数美国稻中含有W_{xin}等位基因和中等程度的直链淀粉含量；而软米类型含有较低的直链淀粉含量，其等位基因为W_{xmp}或W_{xop}。但是，目前为止，这些不同W_x等位基因间的演变和分化关系并不明确。

来源: BioArt植物公众号

发布日期:2019-06-09

全文链接:

<https://mp.weixin.qq.com/s/HkTT2T-BPHOU1WQFyRKYow>

4. 我国科学家找到影响热带玉米产量关键基因

简介: “华中农业大学严建兵教授课题组主导、华大基因等参与的科研团队成功构建热带玉米基因组及高精度结构变异图谱，找到影响热带玉米产量关键基因。据介绍，目前已发表的玉米基因组材料都来自温带，用作参考基因组，不能全面揭示热带玉米的遗传多样性。因此，构建高质量热带玉米基因组图谱对热带玉米优势抗逆性状的遗传学研究意义重大，是玉米优势农艺性状相关基因得到更充分挖掘的必要前提。该项研究首先以一个热带小粒玉米品种为材料，应用测序技术、双酶切光学图谱等，组装得到迄今为止质量最好的玉米参考基因组，注释获得了43271个基因，为后续通过比较基因组学分析提供了高质量的参考基因组和基因集。玉米籽粒的重量直接影响产量，是玉米驯化和改良过程中的关键选择性状之一。在该项目中，研究人员利用构建的重组自交系群体在玉米的1号染色体上定位到了一个同时控制粒型和粒重的位点，随后进一步定位出该位点所在的基因。通过基因表达实验证实该基因正向调控玉米粒重，且在该基因过表达和敲除实验中均未检出对其他农艺性状的影响，表明该基因在玉米品质改良当中有应用前景，可用于提升作物产量。研究人员进一步将热带小粒玉米品种基因区域进行比较，发现了与粒重表型直接相关的结构变异。由此说明，结构变异是表型差异的基础，也证明了该项研究中所构建的结构变异组图谱在农艺性状相关基因与位点定位当中的直接作用和未来应用前景。

来源: 新华社

发布日期:2019-06-07

全文链接:

http://www.xinhuanet.com/2019-06/05/c_1124586602.htm

5. 特产所定性具有刺激断肢再生能力的鹿茸干细胞(中国农业科学院)

简介: 6月5日,中国农业科学院特产研究所特种动物干细胞创新团队完成了对鹿茸干细胞全面系统地鉴定,证实鹿茸干细胞不仅具备间充质干细胞的特性,还具有一定的胚胎干细胞的特性,能够通过胚胎注射的方式嵌合到宿主生殖系统中。该研究成果定性了具有刺激断肢再生能力的鹿茸干细胞,对深入解析鹿茸再生机制具有里程碑意义。茸是哺乳动物中罕见的能够周期性完全再生的器官,鹿茸不仅是传统意义上的中药材,还是研究哺乳动物器官再生的绝好模型。该团队此前的多项研究证实,鹿茸再生是一个基于干细胞的过程,并定位了这些干细胞。然而,鹿茸干细胞究竟有哪些特征,它与其他干细胞有哪些异同,这些问题一直没有得到解决。带着这些问题,该研究首先检测了多种干细胞核心标记因子在鹿茸干细胞中的表达情况,通过转录组测序比较了鹿茸干细胞与间充质干细胞、骨祖细胞、胚胎干细胞在转录水平的异同,明确了鹿茸干细胞核心标记因子。通过胚胎嵌合实验,证实了鹿茸干细胞不像胚胎干细胞那样嵌合到整个宿主的组织中,也不像间充质干细胞那样完全消失,而是有限地嵌合到一些组织中,特别是嵌合到了生殖系统中,这就证明鹿茸干细胞在分化上介于成体干细胞与胚胎干细胞之间,为干细胞家族增添重要一员。

来源: 中国农业科学院

发布日期: 2019-06-06

全文链接:

<http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/297354.html>

6. 美国食品药品监督管理局发布了一项转基因苹果的食用安全性评价报告

简介: 2019年4月25日美国食品药品监督管理局(FDA)发布了对Okanagan Specialty Fruits(OSF)公司研发的转基因苹果NF872的食用安全性评价报告。该转基因苹果是通过基因沉默技术干扰了四种多酚氧化酶,从而防止苹果褐变。FDA根据OSF公司提交的材料认为,该转基因苹果的成分、安全性及其他参数与目前市场同类产品无实质性差异,其上市不需要上市前审查或FDA的批准。但FDA建议,该产品的上市仍需获得美国环保局(EPA)和美国农业部(USDA)的许可,同时还需要根据《国家生物工程食品信息披露标准》进行标签。

来源: 中国农业转基因管理公众号

发布日期: 2019-06-03

全文链接:

<https://mp.weixin.qq.com/s/B2y3bvCJ-u01biUc8z1XrQ>

学术文献

1. Cytokinin-dependent regulatory module underlies the maintenance of zinc nutrition in rice (细胞分裂素调控水稻锌平衡的机制)

简介: Zinc (Zn) deficiency is a critical problem in human nutrition. Rice is the main source of calories for nearly half of world's population but has the shortcoming, from a nutritional

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

perspective, of being low in Zn and other essential nutrients. Here we performed analyses with cytokinin-related mutants and transgenic lines to provide unequivocal evidence that cytokinins occupy a key position in controlling Zn status in plants. Transporters responsible for Zn uptake and chelators for the internal transport of Zn were strictly controlled by cytokinins. Moreover, cytokinin metabolism was regulated in a highly dynamic way in response to Zn status, which confers rice to adapt to heterogeneous Zn availability. Subsequently, fine-tuning of cytokinin metabolism by root-specific expression of a cytokinin degradation enzyme can improve both Zn nutrient and yield traits. Importantly, X-ray fluorescence imaging revealed that the increased Zn is broadly distributed from the aleurone layer to the inner endosperm.

来源: New Phytologist 期刊

发布日期: 2019-05-29

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/70/Csgk0F0ApQ6AHIQzAAfLKSbxZuI600.pdf>

2. Type one protein phosphatases (TOPPs) contribute to the plant defense response in Arabidopsis (蛋白磷酸酶TOPPs植物防御反应的重要调节组分)

简介: Plant immunity must be tightly controlled to avoid activation of defense mechanisms in the absence of pathogen attack. Protein phosphorylation is a common mechanism regulating immune signaling. In Arabidopsis thaliana, nine members of the type one protein phosphatase (TOPP) family (also known as the protein phosphatase 1, PP1) have been identified. Here, we characterized the autoimmune phenotype of *topp4-1*, a previously identified dominant-negative mutant of TOPP4. Epistasis analysis showed that defense activation in *topp4-1* depended on NON-RACE-SPECIFIC DISEASE RESISTANCE1, PHYTOALEXIN DEFICIENT4, and the salicylic acid pathway. We generated *topp1/4/5/6/7/8/9* septuple mutants to investigate the function of TOPPs in plant immunity. Elevated defense gene expression and enhanced resistance to *Pseudomonas syringae* pv. tomato (Pst) DC3000 in the septuple mutant indicate that TOPPs function in plant defense responses. Furthermore, TOPPs physically interacted with mitogen-activated protein kinases (MAPKs) and affected the MAPK-mediated downstream defense pathway. Thus, our study reveals that TOPPs are important regulators of plant immunity.

来源: Journal of Integrative Plant Biology 期刊

发布日期: 2019-05-24

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/70/Csgk0Fz_kN2AMwP6ABwqsfGvOWg390.pdf