



2019年第25期总25期

设施园艺专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 美国众议院考虑将基因编辑引入有机生产
2. 2019-2020中国食品消费趋势及产品创新白皮书
3. 世界首个野生梨基因组图谱组装成功
4. 农业农村部发布2019年上半年国家农产品质量安全例行监测（风险监测）信息

▶ 学术文献

1. RNA甲基体揭示m6A介导的DNA去甲基酶基因SIDML2在番茄果实成熟中的调控作用

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：孟思达；顾亮亮

联系电话：024-88342256

邮箱：agri@ckcest.cn

2019年8月19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. 美国众议院考虑将基因编辑引入有机生产

简介: 基因农业网 (Panda) 编译报道, 近日, 美国众议院农业小组委员会在一次听证会中讨论了允许在有机生产中进行基因编辑的可能性。美国农业部负责市场营销和监管项目的副部长格雷格·伊巴赫 (Greg Ibach) 向生物技术、园艺和研究小组委员会表示, 可能是时候重新评估有机生产中的一些标准了。

来源: 基因农业

发布日期: 2019-08-08

全文链接:

<http://www.agrogene.cn/info-5666.shtml>

2. 2019-2020中国食品消费趋势及产品创新白皮书

简介: 得益于中国经济的快速发展, 国民生活水平的不断提升, 中国食品消费规模也迎来了高速增长。健康、安全、质优、个性化、多元化的食品消费升级趋势, 让基于消费大数据的“强科技”创新成为新一轮食品产业变革的增长机遇。得益于中国经济的快速发展, 国民生活水平的不断提升, 中国食品消费规模也迎来了高速增长。健康、安全、质优、个性化、多元化的食品消费升级趋势, 让基于消费大数据的“强科技”创新成为新一轮食品产业变革的增长机遇。近日, 京东集团联合中国食品工业协会、中粮营养健康研究院, 以京东大数据为基础, 共同编制发布了《中国食品消费趋势及产品创新白皮书》。

来源: 中国设施园艺信息网

发布日期: 2019-08-08

全文链接:

<http://www.sheshiyuanyi.com/news-id-1987.html>

3. 世界首个野生梨基因组图谱组装成功

简介: 8月1日, 国际植物学领域权威期刊《植物生物技术杂志》(Plant Biotechnology Journal) 在线发表世界首个野生梨高质量基因组图谱。该研究成果由中国农业科学院果树研究所研究员曹玉芬团队和中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员田志喜团队等合作完成。

来源: 科学网

发布日期: 2019-08-05

全文链接:

<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2019/8/429046.shtm>

4. 农业农村部发布2019年上半年国家农产品质量安全例行监测(风险监测)信息

简介: 近日, 农业农村部发布2019年上半年国家农产品质量安全例行监测(风险监测)信息。监测结果显示, 2019年上半年农产品质量安全水平持续稳定向好。

来源: 农业农村部新闻办公室

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

发布日期:2019-08-05

全文链接:

http://www.moa.gov.cn/xw/zwdt/201908/t20190805_6322076.htm

➤ 学术文献

1 . RNA methylomes reveal the m6A-mediated regulation of DNA demethylase gene SIDML2 in tomato fruit ripening (RNA甲基体揭示m6A介导的DNA去甲基酶基因SIDML2在番茄果实成熟中的调控作用)

简介: Background: Methylation of nucleotides, notably in the forms of 5-methylcytosine (5mC) in DNA and N6-methyladenosine (m6A) in mRNA, carries important information for gene regulation. 5mC has been elucidated to participate in the regulation of fruit ripening, whereas the function of m6A in this process and the interplay between 5mC and m6A remain uncharacterized. Results: Here, we show that mRNA m6A methylation exhibits dynamic changes similar to DNA methylation during tomato fruit ripening. RNA methylome analysis reveals that m6A methylation is a prevalent modification in the mRNA of tomato fruit, and the m6A sites are enriched around the stop codons and within the 3' untranslated regions. In the fruit of the ripening-deficient epimutant Colorless non-ripening (Cnr) which harbors DNA hypermethylation, over 1100 transcripts display increased m6A levels, while only 134 transcripts show decreased m6A enrichment, suggesting a global increase in m6A. The m6A deposition is generally negatively correlated with transcript abundance. Further analysis demonstrates that the overall increase in m6A methylation in Cnr mutant fruit is associated with the decreased expression of RNA demethylase gene SIALKBH2, which is regulated by DNA methylation. Interestingly, SIALKBH2 has the ability to bind the transcript of SIDML2, a DNA demethylase gene required for tomato fruit ripening, and modulates its stability via m6A demethylation. Mutation of SIALKBH2 decreases the abundance of SIDML2 mRNA and delays fruit ripening. Conclusions: Our study identifies a novel layer of gene regulation for key ripening genes and establishes an essential molecular link between DNA methylation and mRNA m6A methylation during fruit ripening.

来源: Genome Biology

发布日期:2019-08-06

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/0E/7D/Csgk0F1SBPCAFRx-AIYSPxqwmk914.pdf>