



2019年第25期总138期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 中国科学家成功绘制玉米高分辨三维基因组图谱
2. 致癌官司不断 孟山都母公司投50亿欧元开发新除草剂
3. “基因魔剪”新系统无需断链编辑基因
4. 特朗普签行政令要求简化转基因作物审批流程
5. 攻克世界级难题 我科学家破译栽培种花生基因组

▶ 学术文献

1. 玉米ZmHSFA2和ZmHSBP2调控棉子糖生物合成和植物热胁迫耐受性的机制
2. 通过介体复合物亚基MED16对APC / C活化剂基因CCS52A1 / A2的转录抑制控制拟南芥中的核内复制和细胞生长

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

2019年6月24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. 中国科学家成功绘制玉米高分辨三维基因组图谱

简介: 华中农业大学科研团队近日成功绘制玉米活跃表达基因参与的高分辨率三维基因组图谱, 鉴定了基因组顺式调控元件三维互作模式, 揭示了玉米三维基因组结构调控基因的表达进而影响表型变异的潜在机理。系列成果表明, 玉米高分辨率三维基因组的研究对于玉米功能基因组的研究, 以及对于玉米复杂农艺性状的研究都有重要的意义。该校李兴旺教授、严建兵教授和李国亮教授团队合作的这一研究成果, 近日在线发表在国际学术期刊《自然·通讯》。玉米基因组中超过80%序列都位于基因间区, 其中包含许多已经鉴定的影响重要农艺形状的遗传变异, 但是, 玉米中这些位于基因间区的顺式调控元件影响基因表达的机制尚不清楚。三维基因组手段是破解遗传机理的“关键钥匙”, 通过三维基因组的手段来解析玉米中顺式调控元件的作用机制显得尤为重要。而传统三维结构研究方法受限于精度不高等因素, 很难得到高分辨率的三维结构图谱, 制约了科学家对这一机制的破解。来自华中农业大学生科院、植科院和信息学院的研究团队跨领域合作, 利用创新的实验方法, 产生了有关数据, 成功构建了精确到基因水平的高分辨率玉米三维基因组结构图谱。基于高分辨率的图谱, 研究团队进一步详细展示了启动子和启动子交互基因的基本特征, 同时研究人员提出三维空间的邻近为基因的表达调控提供了基础。

来源: 中国新闻网

发布日期: 2019-06-16

全文链接:

<http://www.chinanews.com/gn/2019/06-16/8866270.shtml>

2. 致癌官司不断 孟山都母公司投50亿欧元开发新除草剂

简介: 孟山都的母公司德国拜耳集团周五表示, 将投资50亿欧元(约合56亿美元)开发新的除草剂产品, 争取到2030年将其对环境的影响减少30%。这是该公司为应对美国草甘膦除草剂致癌诉讼的影响而做出的最新努力。拜耳在一份声明中表示: “虽然草甘膦将继续在农业和拜耳的产品组合中发挥重要作用, 但公司将致力于为种植者提供更多的选择。”拜耳表示, 这些措施旨在解决公众对其收购孟山都的担忧。孟山都因其“农达”(Roundup)除草剂的致癌问题在美国面临1万多起诉讼。上月旧金山一个陪审团裁决, 拜耳须向一对因使用“农达”除草剂而患上癌症的夫妻支付逾25亿美元赔款。在此前的两起判决中, 该公司被判赔偿另外两位员工共计1.59亿美元。

来源: 新浪财经网

发布日期: 2019-06-14

全文链接:

<http://finance.sina.com.cn/stock/usstock/c/2019-06-14/doc-ihvnews8838050.shtml>

3. “基因魔剪”新系统无需断链编辑基因

简介: 国《自然》杂志12日在线发表的论文称, 美国科学家团队开发出一种完全可编辑的CRISPR-Cas基因组编辑系统, 其可以介导DNA精准插入基因组。该方法无需在靶DNA中产生双链断裂, 避免了由此导致的遗传编码的非预期改变。CRISPR-Cas系统又称“基

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

因魔剪”，自问世以来迅速成为生物科学领域的游戏规则改变者。不过，传统的CRISPR-Cas基因组编辑系统，要利用一个向导RNA将细菌蛋白质靶向定位到需要改变的特定基因组位点。这种系统通过造成DNA的双链断裂来插入新的遗传信息。然而修复双链断裂所需的机制，有时候很容易出错，这几乎成为阻碍CRISPR-Cas技术发展的绊脚石。此次，美国哥伦比亚大学科学家萨姆·斯登伯格及其同事证明，一种源自霍乱弧菌（*Vibrio cholerae*）的CRISPR-Cas系统，可以在不产生双链断裂的情况下实现DNA的插入。研究人员发现，一种Tn7样转座子编码的蛋白质，能够利用向导RNA和CRISPR系统Cascade复合物，帮助介导转座子序列直接整合到大肠杆菌的基因组中。CRISPR系统参与了促进转座子在基因组内的扩散——这一过程也被称为“跳跃”，其促进了科学家对转座过程的全新认识。此外，研究人员表示，该系统还为提高CRISPR基因组编辑特异性提供了一种全新替代方式，未来这一系统将可用于基因疗法以及作物工程同类领域。这项研究同时有助于加深科学家对CRISPR机制的进一步理解，提高基因编辑的效率。

来源：光明日报

发布日期:2019-06-13

全文链接:

http://tech.gmw.cn/2019-06/13/content_32915910.htm

4. 特朗普签行政令要求简化转基因作物审批流程

简介：美国总统特朗普11日签署一项行政命令，要求美国联邦政府相关监管机构简化、加快转基因农作物及其他农业生物技术产品的审批流程。据白宫网站发布的新闻公报介绍，这项行政令中涉及的监管机构包括美国农业部、美国食品和药物管理局、美国环境保护局，特朗普要求这些机构对转基因农作物等农业生物技术产品的监管和审批一定要“以科学为基础、及时、高效、透明。特朗普当天是在参观美国农业大州艾奥瓦州的一个乙醇工厂时签署这一行政命令的。白宫称，这一行政令旨在加快农业生物技术新品的审批、降低开发者的成本、鼓励对转基因农作物进行更多投资。美国对转基因农产品或动物制品的审批过程十分漫长。据白宫公布的统计数据，1993年至2017年间，美国农业部每年审批处理的农业生物技术新品申请平均仅有5份。

来源：新华网

发布日期:2019-06-12

全文链接:

http://www.xinhuanet.com/fortune/2019-06/12/c_1124612607.htm

5. 攻克世界级难题 我科学家破译栽培种花生基因组

简介：花生因有助于延年益寿而被誉为“长生果”，如何让其更具有滋养补益之效呢？全世界有106个国家种植花生，每年种植面积达2500万公顷，科学研究能否促使花生产业更上一层楼？这些问题在最近一项研究成果中得到了解答。日前，福建农林大学召开发布会宣布，由该校庄伟建教授领衔的科研团队，在国际上首次破译了四倍体栽培种花生全基因组，奠定了我国在栽培种花生基因组、花生物种起源与分子育种研究等方面的国际领先地位，相关成果在线发表于国际学术权威刊物《自然·遗传学》上。“这是因为花生属有近80个物种，却只有一个栽培种，其基因组大、重复序列比例高、组装难度大。”庄伟建向科技日报记者解释道，同时，花生的基础生物学研究、重要基因精细定位与功能鉴定、分子遗传育种和生物技术研究落后，也长期影响了产业发展。为

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

攻克这一世界级的技术难题，推动花生基础生物学研究的发展，福建农林大学在10余年研究的基础上，牵头联合印度国际半干旱热带作物研究所、华北理工大学、美国佛罗里达大学等23个单位的优秀科技人才组成研究团队，于2016年启动了栽培种花生基因组研究。2017年，该研究团队在国际上率先完成并公布了高质量栽培种花生全基因组序列和精细结构框架，并精确注释到无冗余等位基因水平，进而全面系统地解析了花生一系列的生物学问题。为破译栽培种花生的基因组，研究团队利用具有全国70%育成品种血缘的“狮头企”为材料，利用三代单分子测序技术、染色体构象捕获技术和超高密度遗传图谱，以及其他生物信息学、遗传学、功能基因组学等手段，突破复杂基因组组装的困难，获得了高质量的重叠群，基因组支架组装总长达到花生基因组总长的94.1%，进而精确组装到20条染色体水平的高质量四倍体花生基因组。“这是世界上首个完成花生全基因组测序和染色体精细结构框架注释的花生基因组，序列错误率和序列覆盖深度评价达到高质量水平，并经国内外专家、院士评审为多倍体大基因组植物国际领先。”庄伟建介绍，团队还首次精确注释了四倍体栽培种花生的编码基因和无冗余同源基因。研究人员用创新技术确定花生有30596个无冗余等位性同源基因对和27913个重复基因。

“这些同源基因对应着普遍存在的表达显性现象，大多分布在B亚基因组，说明栽培花生的生物学性状更多起源于B基因组基因。”庄伟建告诉记者，这些发现为准确研究基因功能、表达、剂量效应和遗传模式奠定了坚实基础。在首次高质量破译了四倍体栽培种花生的全基因组基础上，研究团队全面揭示了花生及其他豆科物的染色体起源、核型进化和栽培种花生基因组结构变异，全面解析了花生种子大小、种皮颜色和叶片抗性等一系列的生物学问题。不仅如此，研究团队还通过EMS（一种人工化学诱变技术）和 γ -射线诱变，首次创制了双基因隐性突变高油酸花生的较耐冷品种和品系，有望克服目前全世界在用的高油酸育种难以克服的怕冷不出苗等弊病。有专家表示，该项目的完成是世界花生基础生物学研究的一个里程碑，将极大地促进国际花生分子生物学、系统生物学和遗传育种学的快速发展，提高花生遗传改良效率，缩短育种周期，培育更高产、优质、抗病、安全新品种，对促进我国和世界花生产业可持续发展具有重大意义。

来源：科技日报

发布日期：2019-06-12

全文链接：

http://www.xinhuanet.com/science/2019-06/12/c_138133800.htm

学术文献

1 . Maize HSFA2 and HSBP2 antagonistically modulate raffinose biosynthesis and heat tolerance in Arabidopsis (玉米ZmHSFA2和ZmHSBP2调控棉子糖生物合成和植物热胁迫耐受性的机制)

简介：Raffinose is thought to play an important role in plant abiotic stress tolerance. We report here that maize HEAT SHOCK FACTOR A2 (ZmHSFA2) and HEAT SHOCK BINDING PROTEIN 2 (ZmHSBP2) physically interact with each other and antagonistically modulate GALACTINOL SYNTHASE2 (ZmGOLS2) expression and raffinose biosynthesis in transformed maize protoplasts and Arabidopsis plants. Overexpression of ZmHSFA2 in Arabidopsis increased the expression of Arabidopsis AtGOLS1, AtGOLS2 and AtRS5 (RAFFINOSE

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

SYNTHASE), increased the raffinose content in leaves, and enhanced the plant heat stress tolerance. Contrary to ZmHSFA2, overexpression of ZmHSBP2 in Arabidopsis decreased AtGOLS1, AtGOLS2 and AtRS5 expression, decreased raffinose contents in leaves, and reduced the plant heat stress tolerance. ZmHSFA2 and ZmHSBP2 also interact with their Arabidopsis counterparts AtHSBP and AtHSFA2 as determined using BiFC assays. Furthermore, endogenous ZmHSBP2 and Rluc, controlled by the ZmHSBP2 promoter, are transcriptionally activated by ZmHSFA2 and inhibited by ZmHSBP2 in maize protoplasts. These findings provide insights into the transcriptional regulation of raffinose biosynthetic genes, and the tolerance their product confers, to plant heat stress.

来源: Plant Journal 期刊

发布日期: 2019-06-10

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/80/Csgk0F0LMRCAOK3aAA4L0oKpLIM247.pdf>

2 . Transcriptional Repression of the APC/C Activator Genes

CCS52A1/A2 by the Mediator Complex Subunit MED16 Controls

Endoreduplication and Cell Growth in Arabidopsis (通过介体复合物亚基MED16对APC / C活化剂基因CCS52A1 / A2的转录抑制控制拟南芥中的核内复制和细胞生长)

简介: Endoreduplication is often associated with cell growth and differentiation in plants and animals, but molecular mechanisms of plant endoreduplication have not been fully understood. Here, we describe that the Mediator complex subunit MED16 acts as a negative regulator of endoreduplication to influence cell growth in Arabidopsis. The med16 mutations cause larger and more cells, resulting in large organs. The large cells in med16 are associated with high DNA ploidy levels. MED16 associates with the promoters of the Anaphase Promoting Complex/Cyclosome (APC/C) activators CCS52A1 and CCS52A2, which are the important factors for endoreduplication and cell growth in Arabidopsis, and represses their expression. MED16 interacts physically with the transcription repressor DEL1 to repress expression of CCS52A2. Genetic analyses suggest that MED16 is partially dependent on CCS52A1/A2 to control endoreduplication and cell growth. Thus, our results reveal that the transcriptional repression of CCS52A1/A2 by MED16 regulates endoreduplication and cell growth in Arabidopsis.

来源: The Plant Cell 期刊

发布日期: 2019-05-28

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/80/Csgk0F0LL8SAf8ZhAM0x-YY7FYI708.pdf>