



2019年第9期总122期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 杜邦的新型转基因大豆获得最终批准
2. 中国农业农村部：加强农业转基因生物安全管理
3. 突破生命法则极限！8碱基DNA诞生，它会是外星生命的遗传密码？

▶ 学术文献

1. Single-molecule sequencing detection of N6-methyladenine in microbial reference materials
2. 3000份基因组数据描绘亚洲水稻逆转录转座全景图
3. 天津工业生物所在丝状真菌纤维素降解调控机制研究方面取得新进展
4. 水稻中总硒含量的分析

▶ 相关专利

1. 水稻白枯病抗性相关蛋白OsBBR1及其编码基因与应用

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：邹婉侬

联系电话：010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2019年3月4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. 杜邦的新型转基因大豆获得最终批准

简介: 杜邦公司 (DowDuPont) 称, 杜邦公司已经获得菲律宾的最终国际监管批准, 将在全球范围内推广一种新型转基因大豆。获批的转基因大豆名为Enlist E3大豆。美国农户最早可以在今年春季种植, 而不用担心有额外监管规定导致这种转基因大豆无法进入出口市场。Enlist E3转基因大豆由衣阿华州MS Technologies工厂研发, 是首个能够抵抗三种常用除草剂的大豆, 这三种除草剂为2, 4-D型除草剂、草甘膦除草剂和草铵膦除草剂。自从中国1月份批准Enlist E3大豆后, 美国农户和种子销售商一直等待菲律宾批准进口Enlist E3转基因大豆。菲律宾去年是美国豆粕的头号进口国。转基因种子生产商在推出新型产品之前需要得到进口国的批准, 因为这些国家会拒收未经批准的产品。监管审查及供应限制可能制约今年美国农户种植Enlist E3大豆的规模。MS Technologies公司总经理Joe Merschman称, 我们将向市场投入一些种子供应。这一数量有限。明年Enlist E3大豆将占到美国和加拿大大豆播种总面积的超过10%。美国农业部周四称, 由于中美贸易战造成大豆价格下跌, 今年美国大豆播种面积预期减少到8500万英亩, 比上年减少4.7%。

来源: 今日头条

发布日期: 2019-02-26

全文链接:

<https://www.toutiao.com/a6662146912080101891/>

2. 中国农业农村部: 加强农业转基因生物安全管理

简介: 中新社北京2月25日电 (王庆凯) 中国农业农村部办公厅25日发布关于印发《2019年农业农村科教环能工作要点》的通知。通知指出, 要加强农业转基因生物安全管理, 做好转基因科普活动。通知表示, 要突出抓好研究试验、南繁基地监管, 统筹做好育种基地监管, 强化源头管控。强化转基因农产品境外出口商、境内进口商和加工企业一体化监管。通知中提到, 要调动和引导全国农业科教力量, 开展精准科技扶贫, 实现国家级贫困县特聘农技员全覆盖, 全国贫困村农技人员全覆盖。组织各方面专家全面对接832个贫困县特色产业发展需要, 因地制宜提供新品种新技术新模式。通知还指出, 要推进职业农民制度建设。推动出台指导意见, 从队伍建设、教育培养、政策支持和社会保障等方面推动建立职业农民制度, 制定职业农民标准, 推进职业农民制度落实落地。推进农业经理人培育、现代青年农场主培养、新型农业经营主体带头人轮训和农村实用人才带头人培训四大计划, 全年培育各类职业农民不低于100万人。

来源: 中国新闻网

发布日期: 2019-02-25

全文链接:

<https://www.chinanews.com/gn/2019/02-25/8764522.shtml>

3. 突破生命法则极限! 8碱基DNA诞生, 它会是外星生命的遗传密码?

简介: 哈佛大学带头的科学团队报道了一种全新的DNA, 它不是由4种碱基构成, 而是8种。当然这种全新的DNA不是自然界产生的, 而是由科学家合成出来的, 其被称作

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

hachimoji DNA（在日语中hachi代表8，moji代表符号）。这种8碱基的DNA可以正常支持生命体的活动，就像4碱基DNA一样。其结构也能按照预期进行碱基配对，并转录成RNA并指导蛋白质合成。在生物学的研究中，最关键也离不开的就是遗传信息，无论是储存、传递还是演化，都影响着包括人类在内的所有生命体的生存。现代生物学已经发现遗传信息的载体就是DNA，双螺旋的结构上连接着同样大小的脱氧核糖核苷酸碱基，两条链相对应的碱基用氢键紧密结合。物理学家薛定谔认为，这种稳定的DNA结构得益于碱基大小刚好合适，可以让其构建成“非周期性晶体”（Aperiodic Crystal）。一般常见物质都是由周期性晶体构成，组合出来的是一个没有生命现象的物理世界，如同马赛克地板，虽然好看却没有生气；而非周期性晶体（好似不规则凸多面体）可以组成千姿百态的生命体世界，出现生命现象。薛定谔认为非周期性晶体保证了DNA分子信息的储存能力和无误的信息破解能力，并且它保证了DNA序列上碱基出现变化时不会直接对整个DNA结构产生破坏性的影响。南加州大学的分子生物学家Myron F. Goodman在上世纪末就已经证明，氢键并不是必需的。而碱基的大小统一非常重要。这让科学家开始创造碱基类似物，并将其混入到双螺旋、体外核酸链以及活细胞中。7年前，科学家就已经把基因编码碱基从4种提升至6种。

来源：环球科学公众号

发布日期:2019-02-23

全文链接:

<https://mp.weixin.qq.com/s/UHkdkbuwFXzClfjUri3DIg>

➤ 学术文献

1 . Single-molecule sequencing detection of N6-methyladenine in microbial reference materials

简介：The DNA base modification N6-methyladenine (m6A) is involved in many pathways related to the survival of bacteria and their interactions with hosts. Nanopore sequencing offers a new, portable method to detect base modifications. Here, we show that a neural network can improve m6A detection at trained sequence contexts compared to previously published methods using deviations between measured and expected current values as each adenine travels through a pore. The model, implemented as the mCaller software package, can be extended to detect known or confirm suspected methyltransferase target motifs based on predictions of methylation at untrained contexts. We use PacBio, Oxford Nanopore, methylated DNA immunoprecipitation sequencing (MeDIP-seq), and whole-genome bisulfite sequencing data to generate and orthogonally validate methylomes for eight microbial reference species. These well-characterized microbial references can serve as controls in the development and evaluation of future methods for the identification of base modifications from single-molecule sequencing data.

来源：Nature Communications

发布日期:2019-02-04

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/5F/Csgk0Fx1MNOAKoY7AA0njSBZ-Hk554.pdf>

2 . Retrotranspositional landscape of Asian rice revealed by 3000 genomes (3000份基因组数据描绘亚洲水稻逆转录转座全景图)

简介: The recent release of genomic sequences for 3000 rice varieties provides access to the genetic diversity at species level for this crop. We take advantage of this resource to unravel some features of the retrotranspositional landscape of rice. We develop software TRACKPOSON specifically for the detection of transposable elements insertion polymorphisms (TIPs) from large datasets. We apply this tool to 32 families of retrotransposons and identify more than 50,000 TIPs in the 3000 rice genomes. Most polymorphisms are found at very low frequency, suggesting that they may have occurred recently in agro. A genome-wide association study shows that these activations in rice may be triggered by external stimuli, rather than by the alteration of genetic factors involved in transposable element silencing pathways. Finally, the TIPs dataset is used to trace the origin of rice domestication. Our results suggest that rice originated from three distinct domestication events.

来源: Nature Communications volume 期刊

发布日期: 2019-01-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/5F/Csgk0Fx1LvIAIDg1ABs-2ajeoX4939.pdf>

3. 天津工业生物所在丝状真菌纤维素降解调控机制研究方面取得新进展

简介: 木质纤维素降解真菌可向胞外分泌大量降解酶系来进行生物物质的降解,这一属性可以被用来研发用于工业纤维素酶和生物基化学品生产的细胞工厂。由于纤维素降解调控涉及许多途径,其调控机制尚未被清晰阐释,极大限制了我们理性构建生物炼制细胞工厂。深入解析丝状真菌纤维素降解调控机制,提高纤维素降解效率,是构建丝状真菌生物炼制通用底盘,工业蛋白质和生物基化学品细胞工厂研发的重要基础。中国科学院天津工业生物技术研究所田朝光研究员带领的研究团队以经典的模式真菌-粗糙脉孢菌和工业真菌-嗜热毁丝霉为研究对象,对课题组前期筛选出了一个全新的Zn(II)2Cys6转录因子CLR-4调控纤维素降解机制进行了深入研究。结果表明,缺失了转录因子CLR-4显著降低粗糙脉孢菌和嗜热毁丝霉在纤维素和木聚糖上的生物量和产酶水平,而过表达CLR-4菌株显著增高纤维素酶和半纤维素酶的产量,其中粗糙脉孢菌Ncc1r-4基因能够回补嗜热毁丝霉的 Δ Mtclr-4突变表型,说明转录因子CLR-4在丝状真菌中的功能是保守的。研究发现环腺苷酸参与调控纤维素酶和半纤维素酶基因的表达,CLR-4的缺失显著影响cAMP信号途径传导。进一步EMSA实验表明纤维素酶调控因子(包括clr-1、clr-2和xyr-1)和腺苷酸环化酶(cr-1)是CLR-4的直接targets,并通过DNase I足迹分析鉴定了CLR4顺式调控元件(cis-element)。

来源: Molecular Microbiology 期刊

发布日期: 2018-11-25

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/5F/Csgk0Fx2cTiAWXc9ACAMffNvAT0420.pdf>

4 . Analysis of Total Se Content in Ric(水稻中总硒含量的分析)

简介: Total Se content in rice is normally low and it is difficult to determine it exactly because of Se volatilization and pollution during the digestion process. In this method, rice sample is digested thoroughly and Se volatilization is reduced greatly by designing a specific digestion tube, increasing digestion temperature by three steps, controlling the amount of mixed acid and adjusting the location of digestion tube in the digestion furnace. Se pollution is also reduced greatly by specific cleaning treatments.

来源: Bio-protocol期刊

发布日期:2014-10-05

全文链接:

<https://bio-protocol.org/e1248>

➤ 相关专利

1. 水稻白枯病抗性相关蛋白OsBBR1及其编码基因与应用

简介: 本发明公开了水稻白枯病抗性相关蛋白OsBBR1及其编码基因与应用。本发明公开的水稻白枯病抗性相关蛋白OsBBR1为如下A1)、A2)或A3): A1)氨基酸序列是序列3的第240-438位的蛋白质; A2)将序列表中序列3的第240-438位所示的氨基酸序列经过一个或几个氨基酸残基的取代和/或缺失和/或添加且具有相同功能的蛋白质; A3)在A1)或A2)的N端或/和C端连接标签得到的融合蛋白质。实验证明, 转OsBBR1基因的植株能显著提高植物的抗病性, 经基因编辑后OsBBR1蛋白质功能缺失的植株抗病性降低, 表明OsBBR1蛋白质及其编码基因可以用于改良植物的抗病性, 对于培育抗病植物具有重要的意义。

来源: 国家知识产权局

发布日期:2019-02-22

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/06/5F/Csgk0Fx2cnmAGBsuaAq_owdBH7Q144.pdf