



2018年第5期总65期

## 农业生物技术专题

### 本期导读

#### ▶ 前沿资讯

1. 转基因水稻“华恢1号”有望出口美国
2. 台湾百泰生物科技所研发的新颖性杀蚊生物制剂获科技部颁发“未来创新技术奖”
3. 2017年巴西农化产品登记概况：共405个产品获登记

#### ▶ 学术文献

1. 拟南芥中的Evening Complex抑制茉莉酸的表达而引起叶片衰老
2. 泛基因组分析鉴定了栽培稻和野生稻的基因变异程度

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](mailto:agri@ckcest.cn)

2018年1月29日

## ▶ 前沿资讯

### 1. 转基因水稻“华恢1号”有望出口美国

**简介:** 中科院遗传与发育研究所生物医学研究中心高级工程师姜韬评论称, 这个事件用通俗的话讲就是, FDA表示美国消费者可以放心食用中国华中农大研发的转基因抗虫水稻了。有同仁认为“这是我国转基因作物里程碑事件”, 转基因科学家都受到鼓舞。这一突破性事件的意义首先表明我国转基因安全评估严格全面, 并能顺利获得美国EPA的使用许可和FDA的食用安全认可。同时, 这对我们认识转基因产业化提供了另一个维度的视角, 美国转基因安全评估完全采用科学原则, 没有误用预防原则的干扰, 不存在转基因作物商业化的路线图, 口粮转基因也无需特殊前提或条件, 而是完全按照科学原则和市场规律, 成熟一个推广一个, 是高新技术产品迅速抢占制高点的简捷途径, 这也是同样作为国策的美国转基因产业顺利发展并保持总体领先的政策原因。新的发展时代, 没有什么是不可以调整的, 相信我国有关部门, 会积极应对国际转基因产业化的稳步发展的形势, 不断创新监管和推广机制。为了实现十三五计划的转基因产业化目标, 我们应该加快实施自主转基因作物的产业化, 让研发的转基因作物成果尽快造福社会。

**来源:** 基因农业网

**发布日期:** 2018-01-21

**全文链接:**

<http://www.agrogene.cn/info-4657.shtml>

### 2. Bion Tech Inc. Taiwan receives “Futuristic Inventive Technology Award” from Ministry of Science and Technology, Taiwan for development of innovative biological mosquitocide (台湾百泰生物科技所研发的新颖性杀蚊生物制剂获科技部颁发“未来创新技术奖”)

**简介:** 台湾优质生物农药从业者百泰生物科技股份有限公司, 在台湾科技部主办的“2017未来科技展”上获得“未来创新技术奖”。本次展览不仅展出农业创新技术研究成果, 还从全国各领域及行业研究成果中遴选, 包括人工智慧应用、绿能储能、生技制药, 奈米材料等领域, 由各界专家及官员在3个月的遴选过程中选出109名参展者。市场上常见的杀蚊剂主要为化学药剂。随着环境意识提升, 已有逐渐使用生物杀蚊剂的趋势。但市场上的生物杀蚊剂产品非常少。百泰生物科技仍持续致力于开发创新且独特的解决方案。

**来源:** AgroNews期刊

**发布日期:** 2019-01-19

**全文链接:**

<http://news.agropages.com/News/NewsDetail---25129.htm>

### 3. Record in the agribusiness in Brazil (2017): 405 agrochemical product registrations approved (2017年巴西农化产品登记概况: 共405个产品获登记)

**简介:** 2017年是巴西农企最为活跃的一年。作物丰收带动了经济发展, 扩大了农业贸易出口, 也促进了巴西农化产品登记数量的增长。巴西农业部在2017年通过了405个农化

产品的登记，数量远高于前一年的277个。巴西是全球最大的农化产品市场之一，但产品登记一直是产品进入该市场的最大障碍。为了尽快获得登记，各公司采取了多项措施，包含对法律机关和监管部门（巴西国家卫生监督局ANVISA）的各项要求诉讼，政治行动，提出植物检疫重点清单以及近期开展的公众评议。

来源：AgroNews期刊

发布日期:2018-01-16

全文链接:

<http://news.agropages.com/News/NewsDetail---25092.htm>

## ➤ 学术文献

### 1. Circadian Evening Complex represses Jasmonate-induced leaf senescence in Arabidopsis (拟南芥中的Evening Complex抑制茉莉酸的表达而引起叶片衰老)

简介: Plants initiate leaf senescence to reallocate energy and nutrients from the aging to developing tissues for optimizing growth fitness and reproduction at the end of growing season or under stress. Jasmonate (JA), a lipid-derived phytohormone, is known as an important endogenous signal in inducing leaf senescence. However, whether and how circadian clock gates JA signaling to induce leaf senescence in plants remains elusive. In this study, we show that the Evening Complex (EC), a core component of circadian oscillator, negatively regulates leaf senescence in *Arabidopsis thaliana*. Transcriptomic profiling analysis reveals that EC is closely involved in JA signaling and response, consistent with accelerated leaf senescence unanimously displayed by EC mutants upon JA induction. We found that EC directly binds the promoter of MYC2, which encodes a key activator of JA-induced leaf senescence, and represses its expression. Genetic analysis further demonstrated that the accelerated JA-induced leaf senescence in EC mutants is abrogated by *myc2 myc3 myc4* triple mutation. Collectively, these results reveal a critical molecular mechanism illustrating how the core component of circadian clock gates JA signaling to regulate leaf senescence.

来源：Molecular Plant期刊

发布日期:2018-01-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/ass/9820fd1a-3806-4f0b-8e95-8f0822248351.pdf>

### 2. Pan-genome analysis highlights the extent of genomic variation in cultivated and wild rice (泛基因组分析鉴定了栽培稻和野生稻的基因变异程度)

简介: The rich genetic diversity in *Oryza sativa* and *Oryza rufipogon* serves as the main sources in rice breeding. Large-scale resequencing has been undertaken to discover allelic variants in rice, but much of the information for genetic variation is often lost by direct mapping of short sequence reads onto the *O. sativa japonica* Nipponbare reference genome.

Here we constructed a pan-genome dataset of the *O. sativa*/*O. rufipogon* species complex through deep sequencing and de novo assembly of 66 divergent accessions. Intergenomic comparisons identified 23 million sequence variants in the rice genome. This catalog of sequence variations includes many known quantitative trait nucleotides and will be helpful in pinpointing new causal variants that underlie complex traits. In particular, we systemically investigated the whole set of coding genes using this pan-genome data, which revealed extensive presence and absence of variation among rice accessions. This pan-genome resource will further promote evolutionary and functional studies in rice.

来源: Nature genetics 期刊

发布日期: 2018-01-15

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/ass/79e98ce7-9f83-48da-9a6b-ded846e180c4.pdf>