

泽泉快讯

ZEALQUEST NEWSLETTER

2018年9月 第11卷 第3期

官方网站: www.zealquest.com

平台网站: www.agripheno.com

E-mail: newsletter@zealquest.com

泽泉
Zealquest
上海泽泉科技股份有限公司
Zealquest Scientific Technology Co., Ltd

AgriPhenoTM
Phenotyping Future
植物基因型—表型—育种平台
Plant Genotyping-Phenotyping-Breeding Platform



泽泉快讯

ZEALQUEST NEWSLETTER

2018年9月
第11卷 第3期

《泽泉快讯》编委会

主 编:刘晓岭
责任编辑:王吉生
编 委 会:甘宇宏 苟水燕 郭 峰 何红梅
黄亚东 吕中贤 马 霞 潘 婕
史建国 沈天跃 王 强 王阳阳
徐静萍 夏 琳 郑宝刚 赵志鸿
张 弘

电 话:021-32555118
传 真:021-32555117
地 址:上海市金沙江路1038号华东师大科技园2号楼8楼
E-mail:newsletter@zealquest.com

设计制作:上海九易广告有限公司



《泽泉快讯》版权声明

《泽泉快讯》由上海泽泉科技股份有限公司印制,属于上海泽泉科技股份有限公司内部刊物

版权所有:©上海泽泉科技股份有限公司,并保留所有权利

本刊物内之所有数据均为上海泽泉科技股份有限公司全权所有,并授版权及拥有权条例所保障

未经版权持有人上海泽泉科技股份有限公司的书面许可,任何人或机构一律不得复印、分发及编辑本刊物内之所有数据。

上海泽泉科技股份有限公司已尽力确保本刊物之内所有数据或其数据之来源均为可靠。所有数据并不存有任何形式的授权、代理、引申及认可。上海泽泉科技股份有限公司对任何人士采用或依靠此等方式,一概不会承担任何法律责任。

02

企业新闻 COMPANY NEWS

- 02 泽泉科技应邀赴德国参加WALZ技术升级和售后维修培训
- 05 中科院遗传发育研究所——泽泉表型技术中心在京正式挂牌成立
- 08 泽泉科技应邀参加光合作用合成生物学会议
- 10 泽泉科技应邀参加第十九届全国植物基因组学大会
- 12 泽泉科技应邀参加作物光合和荧光应用深度发掘国际研讨会
- 14 泽泉科技应邀参加第一届亚洲——大洋洲国际光合作用大会

15

企业文化 CORPORATE CULTURE

- 15 【党建】“微景观,大世界”身心合一 面对一切
- 19 入职随笔
- 20 遇见泽泉,邂逅更好的自己

21

行业动态 INDUSTRY DYNAMICS

- 21 高通量基因分型系统——GeneMatrix
- 23 ZÜRN联合收获机,为农业研究保驾护航
- 25 种子检测分析新方法——Vibe QM3
- 27 泽泉科技重磅推出温室植物表型测量解决方案
- 31 ROBIN移动式3D激光雷达在植物表型测量中的应用
- 34 EasyClus自动分析软件新增图像数据库功能
- 37 美国SEC公司推出微型高精度土壤水分测定仪——Handi-TRASE

38

基因与健康 GENE AND HEALTH

- 38 个体化营养之路
- 40 情志健康与抗衰老

42

科研动态 RESEARCH TRENDS

- 42 LemnaTec应用笔记——使用Scanalyzer PL 检测不同水分梯度处理后的青菜叶片表型参数
- 44 CYANOBACTERIAL BLOOMS 综述:蓝藻水华
- 48 AgriPheno™订阅号推送文章汇编(4-8月)

52

技术文章 TECHNICAL ARTICLE

- 52 根系生态学研究内容与方法
- 61 全新叶片生理诊断技术
- 62 扫描成像流式细胞仪CytoSense——浮游植物检测分析

泽泉科技应邀赴德国参加WALZ技术升级和售后维修培训

文/郑宝刚



一周的德国之行，日程紧凑，充实且收获巨大。在交流中，WALZ应用科学家对仪器使用要求之严谨给我们留下了深刻的印象，同时也促使我们对仪器有了新的认识。经过此次培训，泽泉科技工程师获得知识升级的同时，也与WALZ增进了友谊，作为WALZ公司在中国的服务代表，泽泉科技定当竭尽全力服务广大用户，提供最优质的技术支持。

泽泉科技工程师与德国WALZ公司博士们的合照 ▲

本次德国之行的主要内容有产品更新培训，售后维修培训。泽泉科技派遣具有丰富技术经验的工程师参加了整个培训，旨在为国内广大科研用户提供最前沿的光合荧光测量技术，最优质的售后技术支持。

2018年6月10日，泽泉科技工程师一行3人到达德国Erlangen，并访问了德国WALZ公

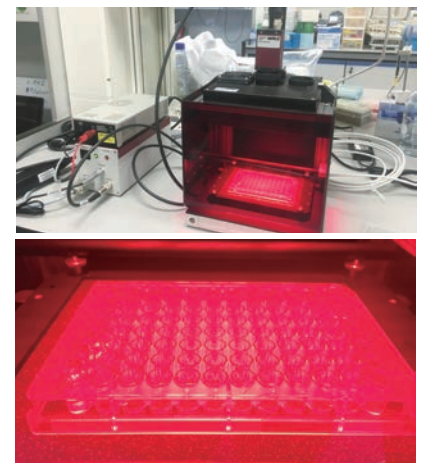
司。6月11日-15日，在为期5天的培训里，泽泉科技的技术工程师郑宝刚（上海总部技术部）、宋立新（北京办维修部）和高巧（成都办技术部）接受WALZ的应用科学家Katharina Siebke博士、Erhard Pfündel博士、Oliver Meyerhoff博士和Petra Meyerhoff博士等的专业技术培训。现将培训内容与广大用户分享。

2018年6月，盛夏时节
上海泽泉科技股份有限公司技术部/维修部
一行3人应德国WALZ公司邀请，赴德参加
为期5天的Advanced Walz Repair Training
2018。

IMAGING-PAM LED阵列升级

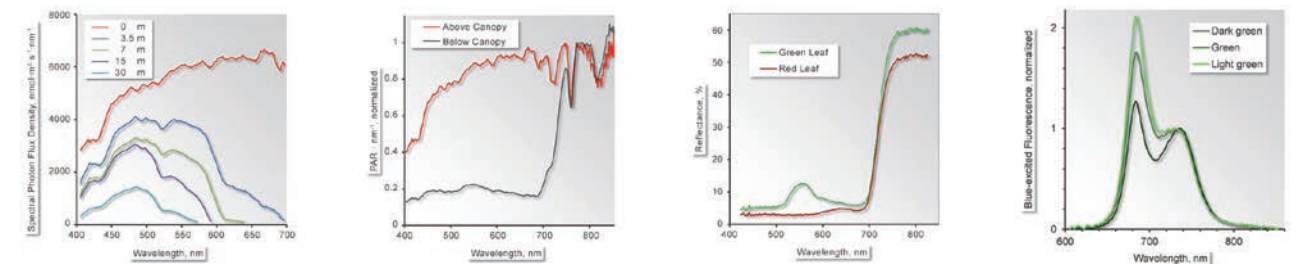
IMAGING-PAM LED阵列升级，成像区域光源一致性可以调节。调节后成像区域均一性大大提高。IMAGING-PAM作为全叶片，大面积测量的荧光成像设备，成像区域的一致性是非常重要的，这直接关系到机器的有效使用面积，只有在植物叶片受光条件一致的情况下，才可以进行全叶片的叶绿素荧光测量，分析叶片不同位点的差异，研究叶片的横向异质性。

IMAGING-PAM采用同一平面的44个LED灯，加上最新的设置，实现整个成像区域的光源均一，均一性可达±2%，近乎完全一致。



DIVING-PAM-II新附件-微型光谱仪MINI-SPEC

DIVING-PAM-II新附件-微型光谱仪MINI-SPEC，DIVING-PAM-II水下荧光仪已经面世两年了，新的附件微型光谱仪的加入极大地提高了DIVING-PAM-II的应用价值，它可以测量水下不同深度的光谱特性，可以测量植被冠层上下的光谱特性，可以测量不同叶片的反射光谱特性，可以测量不同叶绿素组分的叶片的发射光谱。



GFS-3000光合荧光测量系统最新升级的氧气附件

GFS-3000光合荧光测量系统最新升级的氧气附件可以直接加到Pump，有一根USB数据线连接电脑，氧气传感器的设置软件可以单独打开。新的氧气传感器可以更精确的测量气路内氧气的浓度，为光呼吸和光合放氧途径研究助力。



中科院遗传发育研究所——泽泉表型技术中心在京正式挂牌成立

文/李俊艳

2018年7月19日

由中国科学院遗传与发育生物学研究所和上海泽泉科技股份有限公司共同组建的“中科院遗传研究所-泽泉表型技术中心”开放型平台在北京正式挂牌成立。



遗传与发育生物学研究所-泽泉表型技术中心
IGDB-AGRIPHENO TECHNOLOGY CENTER FOR PHENOTYPING

今后，中科院遗传发育研究所和泽泉科技将深入开展表型科研项目合作，对外为广大植物育种专家提供高通量植物基因测试、高通量植物表型测试和植物基因型-表型数据分析等相关项目合作与收费性服务。

此前，上海泽泉科技股份有限公司投资建设的AgriPheno™平台，是国内第一个定位于为植物育种专家、以及科研单位提供高通量植物基因测试、高通量植物表型测试和植物基因型-表型数据分析的服务平台，从2014年正式对外运行起，已承接了国内多家科研院所、高等院校的40多个高通量表型科研服务项目。研究对象包括玉米、水稻、大豆、黄瓜、番茄、辣椒、小白菜、青菜、杨树、拟南芥等多种植物，研究内容涉及逆境生理、不同品种表型指纹图谱建立、生长模型构建等领域，平台科研团队积累了丰富的表型组学研究经验，具备强大的数据分析能力。

“中科院遗传所-泽泉表型技术中心”目前拥有可见光、近红外、根系近红外、红外及荧光五个成像单元，具备目前为止国内最为完善、最为全面的成像功能，能够满足基础科研及育种应用等领域多方面的需求，欢迎广大育种专家与我们进一步联系，来我中心共同开展表型方面的研究工作，我们将为您提供优质的服务。



表型组学是突破未来作物学研究和应用的关键研究领域，通过表型分析来描述关键性状可以为育种、栽培和农业实践提供基于大数据的决策支持。但目前相关大型表型组学仪器设备价格昂贵，并且仪器操作和分析对操作人员的专业性要求比较高。

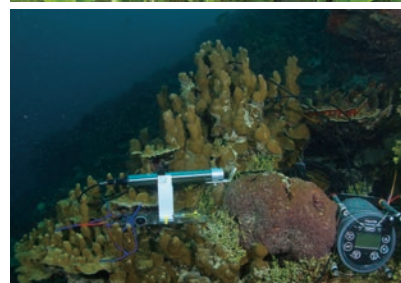
DUAL-PAM-100采用先进的COB光源

DUAL-PAM-100双通道调制叶绿素荧光仪采用先进的COB光源，超高的时间分辨率可以完全实现自定义的光源开启与关闭，诱导植物植物产生不同的光反应过程，实现光能传递，能量转化的深度分析。



MONITORING-PAM具有水下版和陆地版两个版本

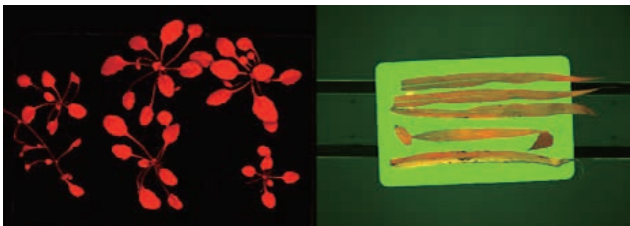
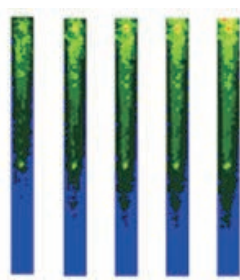
MONITORING-PAM作为野外长期监测的多通道调制叶绿素荧光仪，具有水下版和陆地版两个版本。自带的数采可以同时接7个探头，进行多位点测量。野外可以太阳能供电，配置无线模块可以远程发送数据。



PHYTO-PAM-II参考光谱可以共享 实现数据统一

PHYTO-PAM-II新一代的浮游植物分类荧光仪可以同时区分蓝藻，绿藻，硅甲藻，含藻红素的隐藻，并测量他们的光合活性。PHYTO-PAM-II有两个版本，野外便携版和实验室版。新系统的参考光谱可以共享，这样可以极大方便国内同一系统的各个地方单位实现资源共享，数据统一。更好应用到水体藻类研究，生态环境改善。



成像单元	成像结果	获得参数	应用领域
可见光VIS		植物冠层宽度、垂直高度、紧密度、对称性、叶颜色等	全面解析植物结构相关表型信息
近红外NIR		叶片、茎秆、整株相对含水量分布	进行水力学研究、胁迫生理学研究等
红外IR		叶片、茎秆、整株温度分布	进行植物干旱胁迫研究、蒸腾研究等
荧光 Fluorescence		荧光反射值	光合生理研究
根系近红外		根系或土壤的相对含水量分布(百分比)	分析植物根系和土柱中的水分分布情况

此外, AgriPheno™平台还可以提供植物生理生态指标测试服务, 包括生物量(地上生物量、地下生物量)、形态特征(叶片、茎秆、穗、根系、种子)、光合活性(气体交换、荧光、放氧)等指标, 为您解决育种过程中出现的各种问题, 加快您育种步伐, 诚邀与您进一步合作。(AgriPheno™科研服务登记表)

项目合作与服务联系方式:
北方区:
地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院2号
联系人:
李俊艳——18910035812
tracy.li@zealquest.com

南方区:
地址: 上海市浦东新区沔北路185号
孙桥现代农业园C9-1
联系人:
何红梅——15001774036
hongmei.he@agripheno.com

- ①

②

③
- ①技术中心设备 I

②技术中心设备 II

③技术中心成员照



泽泉科技应邀参加 光合作用合成生物学会会议

文/郑宝刚

本次会议由中科院分子植物科学卓越创新中心、澳大利亚光合作用转化中心、杂交水稻国家重点实验室、中国植物生物学会联合主办。担任大会主席的是中科院上海生科院植物生理与生态研究所教授朱新广和澳大利亚国立大学著名教授，澳大利亚、德国、英国三国院士Susanne von Caemmerer。

本次会议采取国际上GORDON CONFERENCE模式，有限报告数目，最大限度增加参会人员讨论时间。该会议以利用光合作用合成生物学以提高光能利用效率为核心，分三个Sessions组织报告。

Session 1:

Photosynthesis systems

Session 2:

Engineering photosynthetic systems

Session 3:

Tools sets for synthetic biology in photosynthesis

以上三个主题的报告汇聚了当前国际C4水稻项目、国际C3光合效率改良项目(RIPE)、全新CO₂固定代谢途径构建项目的主要负责人，报告各个项目的主要进展，同时深入探讨当前开展合成生物学研究所需要的关键共性技术。会议的最后一个重要环节是专门安排一下午时间开展专题讨论，共同讨论未来开展光合合成生物学研究的主要机会、瓶颈及需要的共性技术平台等，会后形成针对未来光合合成生物学发展的建议白皮书。

泽泉科技应邀参加本次会议，在现场演示了GFS-3000便携式光合荧光测量系统、DUAL-PAM-100叶绿素荧光和P700测量系统、Duallex多酚-叶绿素-花青素测量仪、Firesting GO₂光纤测氧仪等光合作用研究设备。会间很多专家老师前来沟通交流，泽泉科技技术工程师向他们介绍了各个系统的特点。参展设备人性化的设计、多功能的用途均得到了老师的认可，此外还有一些泽泉光合仪和叶绿素荧光仪的忠实用户前来咨询设备使用技巧、应用方法、数据处理难点等问题，我们的工程师都予以了详细解答，展示了泽泉科技雄厚的技术实力、完美的服务质量。

⑥	⑦
⑧	⑨

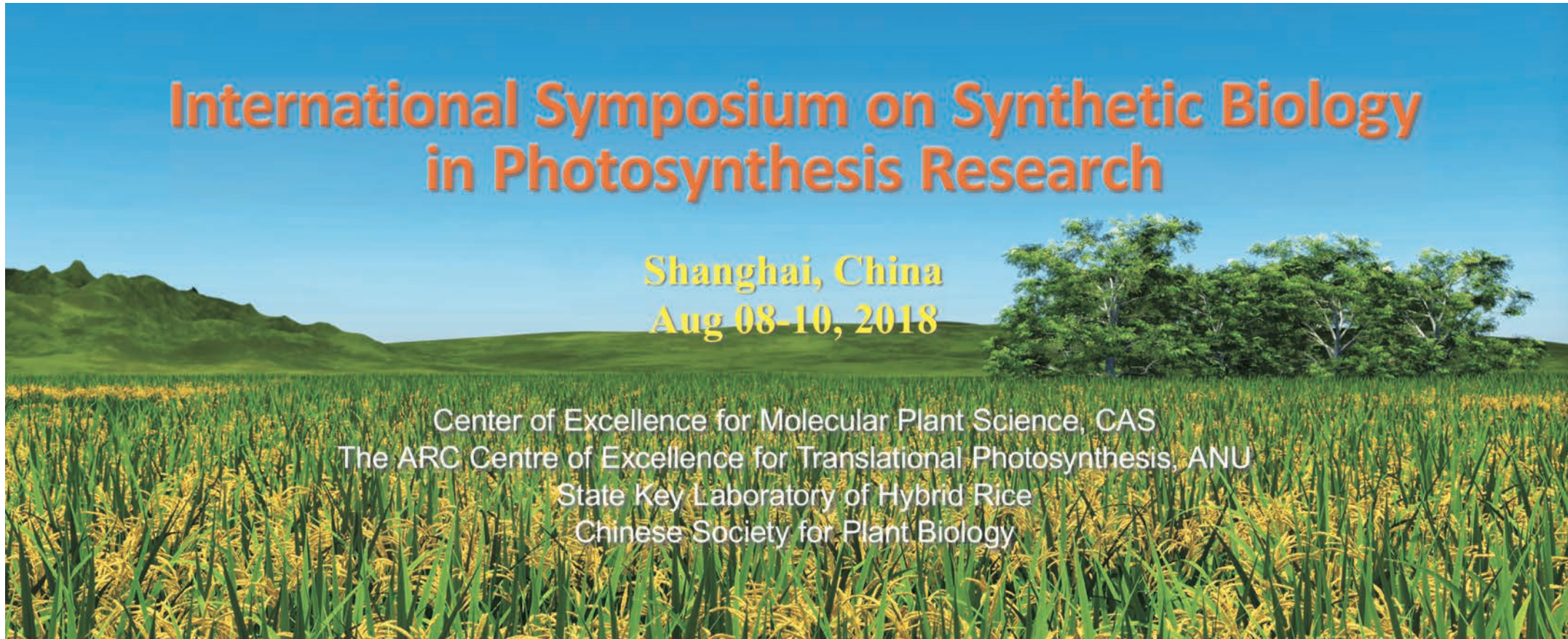
⑥泽泉展台
⑦仪器功能展示-GFS-3000
⑧仪器功能展示-Dual-PAM-100
⑨展台交流与登记

2018年8月8日-10日
光合作用合成生物学会会议
在上海北郊美兰湖国际会议中心召开



①	⑤
②	③
④	

- ①大会合影
②大会主席 Susanne von Caemmerer
③大会主席-朱新广教授
④报告嘉宾
⑤会议宣传海报





大会现场 ▲

泽泉科技应邀参加第十九届全国植物基因组学大会

文/王吉生

2018年8月19日-22日
上海泽泉科技股份有限公司应邀赴四川成都参加由中国遗传学会植物遗传与基因组学专业委员会主办,中国科学院遗传与发育生物学研究所、四川农业大学承办的第十九届全国植物基因组学大会

本次大会旨在充分展示植物基因组研究领域的最新成果和进展,推动我国植物基因组学研究的深入和农业生物技术产业的快速发展,大会邀请了国内外植物基因组学相关领域取得突出成果并具有重要学术影响的专家学者和优秀青年科学家进行学术报告。

来自国内外基因组学相关研究机构的近1500位专家及优秀中青年学者应邀参会,围绕“组学及其发展”、“功能基因组学”、“基因组测序及新技术”、“蛋白质组学、代谢组学及生物信息学”、“基因组多样性”、“表观遗传学及表观遗传组学”、“转基因技术及基于基因组学育种”等大会议题展开热烈的学术交流与讨论。

会议期间,泽泉科技向参会嘉宾展示了植物基因型-表型-育种咨询和解决方案、植物光合作用测量解决方案、植物培养系统解决方案、种子质量分析解决方案等,与前来参会的老师、同学进行了深入的交流。虽然,本次大会主要关注植物基因组学领域学术研究进展,但是不少研究基因组学的老师也在使用的生理、表型组学、代谢组学的技术和设备,来进一步拓展他们的研究工作。展台上,泽泉科技的技术工程师向老师们详细讲解了种子分析、叶绿素荧光仪等仪器的使用方法、注意事项,受到一致好评。

一直以来,泽泉科技提供了很多卓有成效的系列产品解决方案,为的就是从实验方面为客户解决一些问题,而不是单纯的产品销售。我们愿意与更多的客户合作,共同为植物科研工作做出一份贡献!



①			①学术报告
②			②泽泉科技展台
③			③展台交流 I
④			④展台交流 II
⑤			⑤展台交流 III
⑥			⑥展台交流 IV
⑦			⑦展台交流 V
⑧			⑧展台交流 VI

泽泉科技应邀参加 作物光合和荧光应用深度发掘 国际研讨会

文/豆伟峰



大会现场 ▲

2018年8月23日-26日
泽泉科技应邀参加了在黑龙江八一农垦大学举办的“作物光合和荧光应用深度发掘国际研讨会”

本次研讨会由黑龙江省科学技术协会、国家杂粮工程技术研究中心主办，黑龙江八一农垦大学和大庆市科学技术协会承办。中国科学院植物研究所、美国堪萨斯州立大学、南京农业大学、巴基斯坦白沙瓦农业大学、日

本千叶大学、中国科学院西北水土保持研究所、沈阳农业大学、四川农业大学、山东棉花研究中心、中国农业科学院等单位的多位专家做了特邀报告，吸引了来自国内外多个科研单位的300余名科研人员参会。

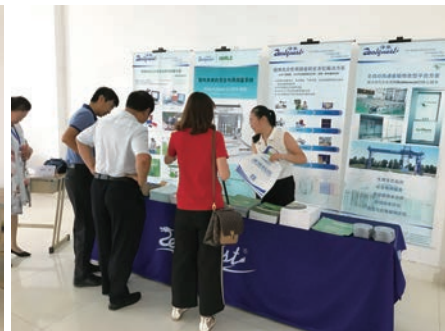


①			①泽泉科技工程师做大会报告I		
②			②泽泉科技工程师做大会报告II		
③			③泽泉科技展台		
④			④展台交流 I		
⑤			⑤展台交流 II		
⑥			⑥展台交流III		
⑦			⑦展台交流IV		
⑧			⑧展台交流 V		

本次大会主要研讨内容包括：作物光合和荧光研究最新进展、作物光合和荧光在不同作物种类上的应用、逆境条件对作物光合和荧光参数的影响、调节剂等外源物质对作物光合和荧光的调控、作物光合和荧光的深度开发和利用。大会旨在深入探索植物光合机理，推进光能利用水平提升，为农业生产的高产、优质、高效奠定基础。

会议期间，泽泉科技工程师做了题为“光合气体交换与荧光、P700、差示吸收联用技术及其应用”的大会报告，介绍了“GFS-3000便携式光合-荧光测量系统”与“Dual-PAM-100双通道PAM-100测量系统”、“P515/535模块”、“IMAGING-PAM调制叶绿素荧光成像系统”等多款设备的联用测定及应用案例，引起与会人员热烈反响。

本次参会得到了会议主办单位和与会专家的鼎力支持，上海泽泉科技股份有限公司在此表示衷心的感谢。



泽泉科技应邀参加 第一届亚洲-大洋洲国际光合作用 大会

文/马伯威

2018年8月19日-23日
泽泉科技应邀参加了在北京友谊宾馆举办的
“第一届亚洲-大洋洲国际光合作用大会”

本次大会由国际光合作用协会、中国科学院植物研究所和中国植物生理与植物分子生物学会光合作用专业委员会共同主办，来自中国中国科学院植物研究所、中国科学院生物物理所、澳大利亚悉尼大学、日本东京大学、韩国浦项科技大学、日本北海道大学等单位的多位专家为大会做了特邀报告，吸引了来自亚洲、大洋洲多个科研单位的300余名科研人员参会。

大会主题涵盖植物光合作用的多个方面，包括“类囊体膜的结构和功能”、“叶绿素基因表达”、“碳代谢在生物燃料、作物增产中的潜在应用”等热点领域。旨在为来自亚洲、大洋洲的科研人员提供机会，交流光合研究方面的最新成果和创新技术，并加深对光合作用的认识和理解。

会议期间，泽泉科技向参会代表展示光合作用研究、植物生理研究及表型测定等方面的最新技术和解决方案。其中“气体交换-叶绿素荧光-差式吸收同步测定技术”、“美国CID便携式植物生理测定设备”、“LemnaTec植物表型测定解决方案”“加拿大Coviron植物培养解决方案”等吸引了众多参会代表的关注并表示出浓厚兴趣。

本次参会得到了会议主办方和与会专家的鼎力支持，上海泽泉科技股份有限公司在此表示衷心的感谢。

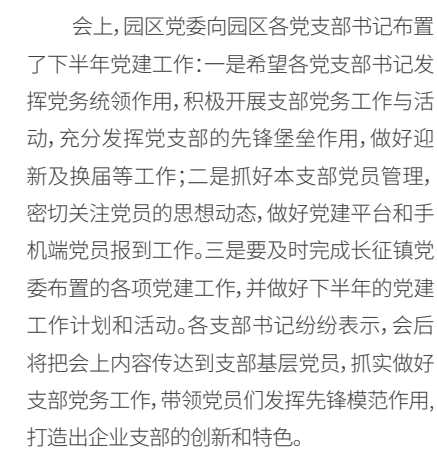
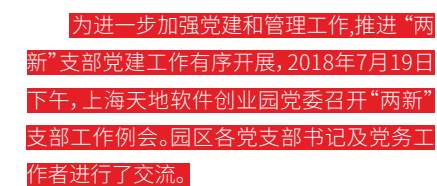


- | | | | |
|-------|---------|----------|-----------|
| ① | ② | ③ | ④ |
| ①会议照片 | ②泽泉展台 I | ③泽泉展台 II | ④泽泉展台 III |

【党建】 “微景观,大世界” 身心合一面对一切

文/赵志鸿、图/张艳





①	③	⑤
②	④	⑥

- ①“两新”支部工作例会合照 I
- ②“两新”支部工作例会 II
- ③“两新”支部工作例会 III
- ④“两新”支部工作例会 IV
- ⑤“两新”支部工作例会 V
- ⑥“微景观，大世界” DIY 活动作品展示

入职随笔



会后，园区党委为参会的书记及党务工作者送上了“微景观，大世界”——DIY活动，在老师的指导下，充分发挥自己的想象力，将营养土放入玻璃瓶内，种上清新的植物，铺上苔藓和轻石，加上各种篱笆、砂石、流水，再搭配卡通人物、动物装进一个容器里，构建成了一个富有创意、妙趣横生的场景。“苔痕上阶绿，草色入帘青”，通过绿植微景观制作活动，不仅让大家体验到创造绿植美的乐趣，还提升了对绿色低碳环保意识以及从另一视角重新感受面对这个世界。

推动形成绿色发展方式和生活方式，是发展观的一场深刻革命。习近平总书记指出：“绿色发展，就其要义来讲，是要解决好人与自然和谐共生问题。”坚持绿色发展，推进生态文明建设必须从源头抓起，争取扎扎实实的举措，形成内生动力机制。这就是要求我们，必须坚定不移不移走绿色低碳循环发展之路，引导形成绿

色发展方式和生活方式。这是我们每一位公民的责任，从自身做起，从自己的每一个行为做起，自觉为美丽中国建设作贡献。

此心不动，随机而动。王阳明心学告诉我们的最大真相，是我们根本没看到世界的真相。当我们面对这个世界时，心从来没有留下空隙。只有当我们的心理活动能够停顿下来，我们的心才能感应到世界的真实存在。地位不同，出发点不同，每个人对事物的认知难免有一定的片面性。要认识事物的真相与全貌，摆脱主观成见，需以静制动，让自己的心灵安静下来，就能洞察心灵的“动”。

生活中那一抹清新灵性的绿色，总是能增添一份生机，一份愉悦的心情。在这个嘈杂纷繁的世界里，用双手，打造一座属于你的秘密花园，它不仅仅是一份装饰，更是一份治愈系的清流。造物主视角，你创造了这个微世界。



①“两新”支部工作例会合照
②“两新”支部工作例会——会议场景 I
③“两新”支部工作例会——会议场景 II
④“两新”支部工作例会——DIY活动



孙学军

部 门:技术部

星 座:白羊座

爱 好:阅读

座右铭:苟日新，日日新，又日新

一颗刚出塔的简单青年，以阅读填充存在与自我，以行走来往世间与工作，以新知热爱宇宙与生活。

我想，我在，过去，这里，未来。

2018年7月23日早上，从住处出来，到地铁站有一段路，盛夏早晨的阳光大部分照在我的右脸上。乘坐(站着)地铁1号线到金沙江路站，出来下楼梯朝着13号线的指路标，走进前赴后继的人潮，穿过竹壁通道，转乘(挤进)13号线，一站到大渡河路站，4号口电梯出来，几步路上台阶便到公司楼下。

新员工入职，会有入职培训，我的入职岗位是产品技术支持，技术部主要负责会安排技术培训工作，人事配合安排其他部门的入职培训。这是一段认识企业结构、学习前沿应用技术的过程。在学校的时候，学的是理论知识与科研方法，而今进入公司工作，考虑更多的是了解用户需求、更好向用户介绍产品的技术以及帮助客户解决实际问题等。面试的那天，HR小赵只是与我简单、平常的聊了一会，大概是由于面试过很多应届毕业生的经历，问我道：“是不是你们刚毕业的人都挺迷茫？”我当时闪过的念头是：这题怎么回答合适。也许不过一秒，我平静地回答说：“您说的是有道理的，在我看来，我们这部分读研期间一直在实验室呆着的人，很少对职业有规划，确实不太清楚自己的专业适合什么岗位，所以我还是建议，如果想毕业出来工作，如果读研期间有时间、有机会，可以去公司实习，这样可以对职业有一定的了解，好的话也许可以遇到自己喜欢的工作。”这是回忆的原话，大意如此。对我来说，这里是我职业的出发点，我将在这里体会企业文化、管理制度、工作效率、奖惩激励、客户需求、技术难点、上级要求、同事协作、升职加薪等。我想，人生来就要面对人与自然的关系、与社会的关系、与自我的关系，公司是什么，公司里有办公区，公司里有同事，公司里有我，我将在这个时空里付出成本并收获价值。

现在，我主要负责公司高通量基因分型、育种管理软件的技术支持，需要熟悉产品的技术原理、主要优势、应用领域等，需要制作产品彩页、解决方案、招标参数、产品报价、产品PPT等，需要拜访客户、参与展会、技术交流等，需要协调同事、工作小结、反馈上级等。这里就不赘述了，一是我自己对岗位的总结，二是想如果有在校的学生看到这些话，可以对这个岗位有更实在的了解。

另外，值得一提的是公司有一个内部小图书馆，有中文、有外文、有职业、有生活、有文学、有历史。借过一本《岛上书店》，是美国作家加·泽文写的，是一本文学小说，是本简单的好书，故事从小女孩玛雅的出现开始，活过来了。书店老板从独醉的黑色泥沼中，从内心的荒岛，从书店危机，重新迎接新生命，重新感知生活，重新热爱书店。

下班后，整理好资料，关闭笔记本电脑，打卡，电梯下楼，进地铁站，手机刷过闸机验票，跨进地铁，如时空隧道。

遇见泽泉,邂逅更好的自己



唐海云

部 门:技术部

星 座:摩羯座

爱 好:足球、阅读

座右铭:你必须非常努力,才能看起来毫不费力。

大家好,我叫唐海云。唐太宗的唐,冼星海的海,邱少云的云。

我来自四川南充,于2017年获得环境工程硕士学位。

我的性格较为随和,在工作中善于团队协作。遇到问题时沉着冷静,条理清楚,立场坚定,具有较强的适应能力和幽默感(冷)。

现在的职位是泽泉科技成都办事处的产品技术支持,请大家多多指教!

现在是北京时间2018年9月13日22时58分。

今天,是我在公司正式入职的第35天,是来到上海总部接受入职培训的第23天。此刻我正坐在离公司不远的酒店里,窗外车水马龙。我看着远处不停闪烁着霓虹灯的环球港,细细回想着这些天的所见所感。

遇见泽泉绝非偶然,这两个字在我读研时就早已如雷贯耳。当时就想着如果有朝一日能够成为其中一员那必是人生一大幸事。后来我有幸得到上天眷顾,梦想成真,成为了这个大家庭的一份子。

记得在我入职的第一天,成都办的同事们都是那么友好热情。短短的相处时间里,我就为同事们扎实的技能知识和对待客户热忱的服务态度所深深折服。在这里,我开始学习如何写邮件、如何融入团队,正式开始了我的“吾日三省吾身”的泽泉生涯。

不久后我来到了上海总部,公司的写字楼远远看过去是如此高端大气上档次。到公司稍坐片刻后,与顾总的一番交谈让我醍醐灌顶。眼前的这位业界传奇就是整个公司的基石。对公司,他有着高瞻远瞩的战略布局;对员工,他知人善任,唯才是举。尤其难能可贵的是,顾总站在员工的角度上,为我们每一位新来的同事量身定做了一份趋于完美的职业愿景。我想正是因为有这样一个“中国好老板”,我们公司的事业才会一直蒸蒸日上,蓬勃发展。

培训时间一天天过去,我开始慢慢融入到这个大家庭。我才知道这里有让人强身健体的活动室,有贴着温馨照片墙的会议室,更有不用在微博转发就能亲眼见到的锦鲤,还有眼神中透露着“看我神威,无坚不摧”的兵马俑战士。一个个亮闪闪的获奖证书彰显出公司强大的实力背景,一本本精良制作的《泽泉快讯》透露着专业的学术意味与不俗的企业文化。每天下午的“吃瓜时间”可以让你实实在在地做个吃瓜群众,甘甜美味的西瓜给炎热的酷暑带来丝丝凉意。多么舒适的办公环境,多么惬意的办公氛围!在顾总的英明领导下,公司同事各司其职,在自己的工作岗位上像蜜蜂一样充实地忙碌着。

而内心深处我也始终牢记着此次来沪

的使命。对于培训师所讲的每一个知识点,我用心去记录去理解。我开始慢慢改掉拖延症,从而提高自己的工作效率;开始改掉“光说不练”的毛病,用实际操作践行着“实践是检验真理的唯一标准”。在各位培训师的讲解下,一台台冰冷的仪器变得闪闪发光,一个个难懂的名词术语也不再那么晦涩。我终于觉得那些仪器不再那么神秘,慢慢地学会了它们应该如何组装如何使用,也在渐渐地理解它们所涉及到的深奥原理以及其所能应用到的具体领域。在泽泉各位家人的帮助和指导下,一切都在向着更好的方向发展。

如今培训已然结束。这个过程中我收获了很多,也让我认识到在一些方面仍然还有不足,但我相信也正是因为有这些不足才使得我有更大的进步空间。很喜欢电影《中国合伙人》里面一句著名的台词:当你的能力还撑不起你的野心时,那你就应该静下心来学习。

所以,学习吧。趁着自己还年轻,跟顾总学习纵横疆场的本领,向各位家人同事讨教做人做事的本事。他们就像远洋上的一座灯塔,指引着你前进的方向,也时刻照耀着你来时的路。

不忘初心,方得始终。以梦为马,不负韶华。在最好的年纪遇见泽泉,我一定会收获更好的自己。

高通量基因分型系统 GeneMatrix

文/孙学军



Matrix Arrayer
反应板制备仪



Matrix Cyclor高通量水浴热循环仪



Matrix Scanner
高速荧光扫描仪

GeneMatrix高通量基因分型系统,是全国首款全自主知识产权高通量低消耗基因分型系统。主要基于两种分型方法:Taqman探针法和KASP竞争性等位基因特异性PCR,可在广泛的基因组DNA样品中,对SNPs和特定位点上的InDels进行精准的双等位基因分型。

GeneMatrix高通量基因分型系统主要包括三个部分:Matrix Arrayer反应板制备仪、Matrix Cyclor高通量水浴热循环仪和Matrix Scanner高速荧光扫描仪,同时配备Matrix Master数据管理分析系统、Matrix Plate高精度微孔板以及Matrix Master Mix基因分型试剂,这将为您提供高通量、低成本及自动化的基因分型检测流程。

GeneMatrix系统主要优点

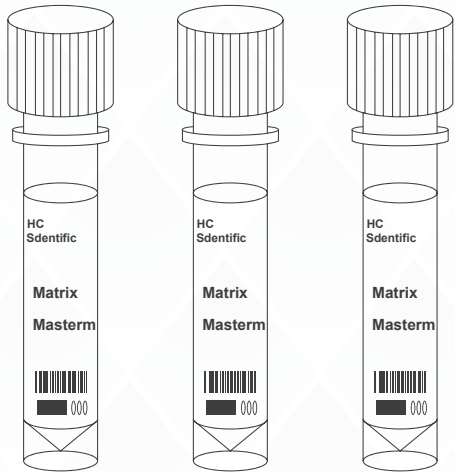
- 超高通量:单次检测20个384孔板,每天可检测10万个反应点。
- 微量反应:单孔反应体系可达2微升,节省90%检测成本,兼容常规反应体系。
- 高灵敏度检测:全自动高通量点样,非接触式超高速滴定,自动化封装,软件一键控制。
- 模块化设计:满足各类型基因分型需求检测位点数 1-200+, SNP检测样本数 100-10万+。
- 先进管理系统:新型数据分析算法,自动报告分型结果,数据与信息管理系统。

Matrix Master Mix基因分型试剂

GeneMatrix高通量基因分型系统可选配如下微体系基因分型试剂

• 基于Taqman探针法的基因分型试剂

针对染色体基因组DNA上的不同SNP位点分别设计PCR引物和TaqMan探针,进行实时荧光PCR扩增。探针的5'-端和3'-端分别标记一个报告荧光基团和一个淬灭荧光基团。当溶液中存在PCR产物时,该探针与模板退火,即产生了适合于核酸外切酶活性的底物,从而将探针5'-端连接的荧光分子从探针上切割下来,破坏两荧光分子间的PRET,发出荧光。通常用于少量SNP位点分析。



• 基于KASP(Kompetitive Allele-Specific PCR)原理的基因分型试剂

含有SNP的等位基因-A和等位基因-C作为模板,针对等位基因SNP位点设计两条正向引物和一条通用反向引物,每条正向引物尾部有特异性序列,可与荧光标记结合。第一轮PCR,能够和模板互补的正向引物得到延伸,不能和模板互补的正向引物无法延伸;第二轮PCR,正向引物互补的特异性序列得以延伸,同时完成把通用标签序列引入与SNP对应的PCR产物。随着PCR循环数增加,扩增子数量呈指数增长,荧光探针更多地退火到新合成的互补链上,发出荧光,不同颜色荧光即反映不同SNP基因型。

GeneMatrix系统应用领域

高通量的SNP基因分型检测技术在现代农业、健康管理、科学研究领域具有极广泛的应用前景:

- | | | | |
|-----------|-----------|----------|-----------|
| • 分子辅助育种 | • 农作物疾病检测 | • 转基因检测 | • 品种鉴定 |
| • 健康风险分析 | • 营养需求分析 | • 个体化医疗 | • 运动潜能分析 |
| • 动物致病源检测 | • 致病微生物检测 | • 动物育种应用 | • 肉源性成分鉴定 |
| • 药物反应检测 | • 疾病易感性研究 | • 群体遗传研究 | • 食品安全应用 |

GeneMatrix系统应用案例

已应用GeneMatrix系统的科研单位与育种公司



ZÜRN联合收获机 为农业研究保驾护航

文/王强



通用型联合收获机ZÜRN150是一款可靠的,且久经考验的机器。ZÜRN150设计紧凑,即使在非常高的产量下也能展现其优越的收获性能。

全面的附加组件使得联合收割机能够灵活地适应不同的任务。

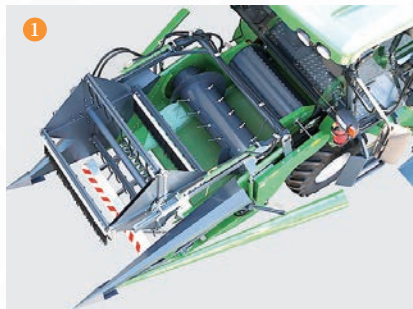
每台收获机都可根据用户的个性化需求定制。从收获宽度,机舱设备到谷物处理和样品存储,多方面选择用户的配置需求。

有不同称重系统可供选择,并提供定制化的解决方案,如:Plot weight, Test weight,含水量分析和NIRS近红外光谱分析等。收获数据管理系统(小区管理系统)记录所收获小区有价值的数据。

通用型联合收获机ZÜRN150主要优点

- 通用型小区联合收获机设计紧凑
- 即使在收获高产作物时也极其强大可靠-在收获结束能快速清理
- 收获作物纯度高-无混合收获, 最小作物损失
- 经过长期基于德国Hege expense的功能验证, 可靠稳定 (Hege System)
- 由德国设计生产, 满足客户个性化需求
- 由于是约翰迪尔零部件, 在世界范围内的可用, 易于维护, 能快速响应服务

通用型联合收获机ZÜRN150的优势



头部割台

带有传送带、进料螺旋钻和进料辊的谷物割台,可确保作物完美地流入脱粒系统。头部的气动清理系统确保无混合地块收获。



驾驶室

宽敞驾驶室为营造舒适的工作场所, 提供了清晰的符合人体工程学的控制元件, 包括多功能操纵杆。



振动筛

3级振动筛网设计, 具备更大的分离面。同时, 上筛和下筛的双筛系统确保了作物的高纯度。



承重系统

不同的称重系统提供定制的解决方案, 用于汇集Plot weight, 含水量, Test weight和NIRS.



装袋和取样系统

中控操作台, 具备多种功能, 可以在驾驶室内操作, 采样具代表性或预定义特征的样品, 及无尘装袋。

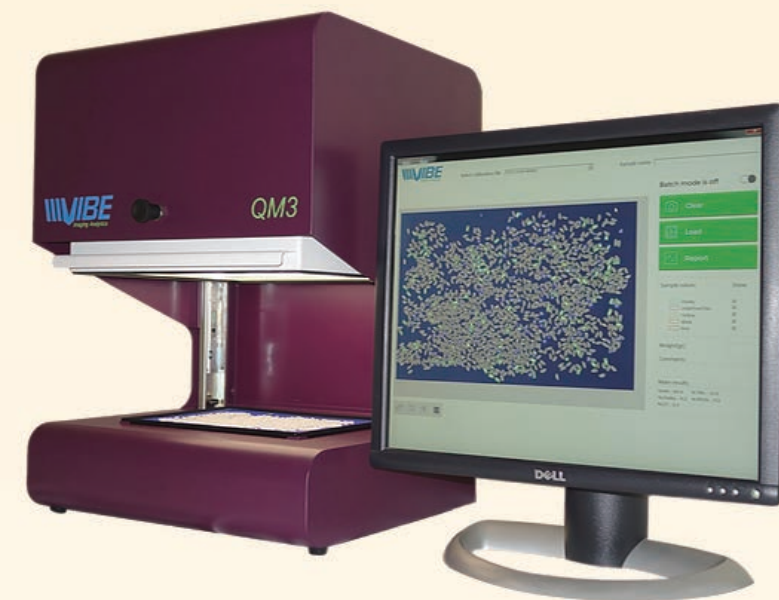


测产系统Harvest Master

数据采集和专用测产软件, 测产数据文件可以Excel打开, 方便育种人员保存、编辑测产数据。

种子检测分析新方法 Vibe QM3

文/郑宝刚



近期, 泽泉科技与美国Vibeia公司 (www.vibeia.com) 达成战略合作协议, 将Vibe QM3种子分析仪引进中国。Vibeia是一家集开发, 制造和销售于一体的美国公司, 他们为全球客户提供先进的分析设备, 传感器, 云服务。他们的服务基于一流的成像和数据处理技术, 包括光学, 照明控制, 相机成像和算法开发。

种子性状分析仪-Vibe QM3可以对种子进行测量, 计数和分类测量内容包括大小, 形状和颜色。分析结果是绝对数值, 准确高重复性好。Vibe QM3的最大的特点是分析速度快结果准确。简单的3个步骤就可以在不到1min内分析25g种子样品并生成数据报告。

Vibe QM3作为一种专业、快速的检测和分析工具, 可以为种子买家和卖家提供有力决策支持, 克服人工检验方法中存在主观性和速度局限性。Vibe QM3搭载高分辨率光学系统, 与目前市场上同类仪器相比, 具有更高的准确性和可重复性。

Vibe QM3种子分析仪软件特点

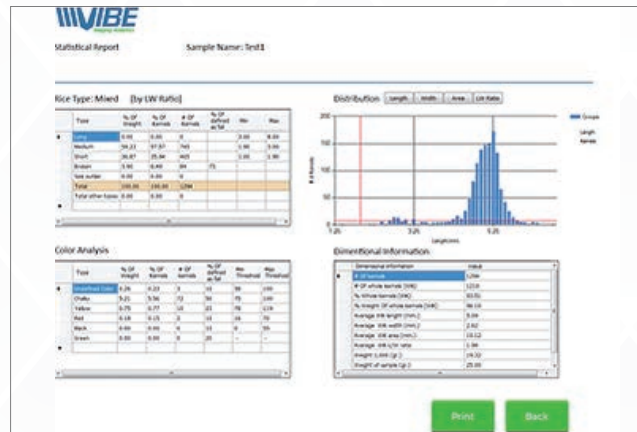
- 用户友好的界面
- 详细的Excel报告格式
- 报告和数据格式可以定制
- 图像和数据具有本地和云存储功能

Vibe QM3种子分析仪主要功能及特点

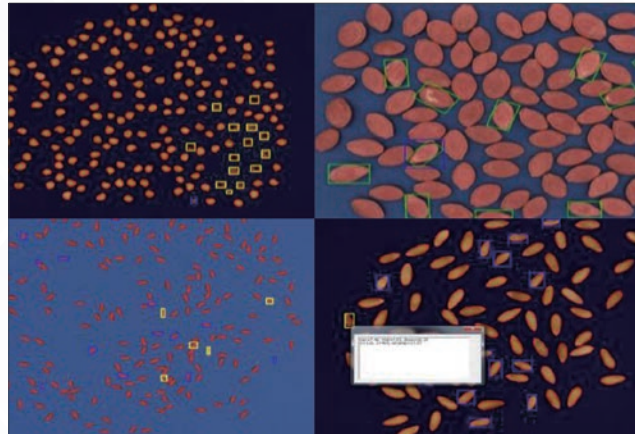
- 种子计数
- 千粒重
- 尺寸测量：长, 宽, 面积, 长宽比
- 破碎种子百分比(%)
- 异常颜色识别：苍白, 黄色, 红色, 黑色
- 分组信息
- 详细的Excel数据报告
- 检测包衣颗粒的颜色偏差
- 均匀性测试
- 样本中检测到的偏差
- 样本内特定种子的偏差检测

Vibe QM3种子分析仪软件界面预览

长宽比分组, 颜色分组, 尺寸分组, 数据分布直方图



软件分析结果展示



泽泉科技重磅推出 温室表型测量解决方案 Plantarray-Watch

基于Plant-Array与Sensor to Plant理念的移动式表型成像系统 温室/人工气候室植物表型解决方案

文/郭峰

Plantarray-Watch监测系统是一套集成式高通量, 以植物生理学研究为基础的高精度表型系统, 可以完成整个植物生长周期中不同环境作用下的SPAC因子的测量。连续不间断的获取阵列盆栽内所有植物的监测生理数据与外观表型数据, 实时监控和及时调整每个培养容器中的基质条件, 包含土壤水分、温度和电导率; 环境温湿度、光照参数等。整个系统包括两个子系统: Plantarray生理监测系统; Plant-Watch-GH移动式表型监测系统。

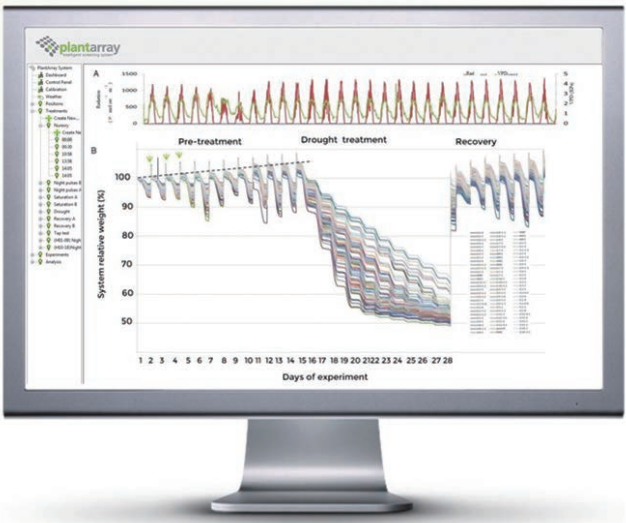
Plantarray-Watch应用领域

- 非生物逆境胁迫研究, 比如: 干旱、淹水、营养、有毒物质等胁迫研究;
- 在大田作物、模式植物、蔬菜、林木苗期、药用植物、生物燃料植物与花卉等方面的育种研究;
- 根系的土壤穿透力、水通量研究;
- 生物激素与养分研究;
- 生理生态学研究等;
- 植物生长动态变化: 植物株型、冠层高度、生物量、叶面积、叶片形态与夹角、植物体积等。

系统组成

系统一: Plantarray植物高通量生理学特征监测系统





主要优点

- 生理学特征的监测和数据高通量分析, 如生长速率、蒸腾速率、水分利用率、气孔导度等特征；
- 连续控制不同的土壤和水分环境 (如干旱模拟、盐分或化学物质)；
- 理想的实验平台：
 - 全自动；
 - 精确测量；
 - 均一检测；
 - 非破坏性；
 - 适用于不同类型植物；
 - 实现随机分组实验设计；
- 3-4周的实验相当于4-6个月的人工工作；
- 实时统计分析-为了数据的可靠快速分析, 提供多阶乘ANOVA或配对T检验；
- 实验目的-在实验运行中为了确保处理的效果可以获取最优化的实验参数；
- 快速定量选择-提供植物对于不同环境需求生理反应的评级和评分的简况；
- 复杂实验通过简要图像呈现生理参数与环境条件的空间和时间关系, 显示趋势、异常和比率。



植物生长监测部分的测量参数介绍

直接测量特性

- | | | | | | |
|---------|--------|--------|------------|---------|--------|
| • 重量 | • 空气湿度 | • 空气温度 | • 辐射 (PAR) | • 气压 | • 土壤水分 |
| • 土壤电导率 | • 土壤温度 | • 日蒸腾 | • 根穿透力 | • 根系水通量 | • VPD |

计算特性

- | | | | | | |
|-----------|---------|----------|--------|---------|----------|
| • 植物生物量增益 | • 日蒸腾 | • 水分利用效率 | • 气孔导度 | • 抗胁迫因子 | • 水分相对含量 |
| • 根穿透力 | • 根系水通量 | • VPD | | | |

系统配置(硬件)

- PIU采集单元:3个数字通道、1个模拟通道、1个称重式蒸渗仪通道, 同时连续工作；
- 高精度称重模块:Max 50kg (具体配置而定), 测量精度:±0.02%称重量；
- 生长容器:容积1.5-8升(12盆/套)、10-60升(12盆/套)两种, 防漏水、溅水设计；
- 灌溉系统:可以根据植物生长时间或生长容器重量选择灌溉模式, 灌溉系统采用以色列精准的滴灌系统控制, 能够精确的控制浇水、施肥或施加生物激素的量；
- SPAC分析软件:用于监测结果的高通量分析, 可以获取不同的植物生理生态学特征参数 (单月服务收费)
- 传感器参数:

土壤水分/温度/盐分传感器	介电常数	1~78 (空气=1, 蒸馏水=78)
	精度	±1.5%或0.2 (取二者中的大值)
	土壤水分	干至饱和 (0~100%)
	精度	±3%
	土壤电导率	0.01~1.5 S/m；
	精度	±2.0%或0.005 S/m (取二者中的大值)
环境传感器	土壤温度测量范围	-15~65℃；
	精度	±0.1℃
	测量范围：	湿度0~100%；温度-40~80℃；水气压0~47kPa；大气压49~109kPa
	分辨率：	0.1%RH; 0.1℃; 0.01kPa；

系统二:Pheno-Watch GH移动型 温室表型分析系统



Pheno-Watch系统3D中央成像单元安装在高精度导轨上, 可在X-Y-Z三维方向区域内移动, 满足特定范围或面积内的植物地上部分表型测量。系统采集的植物3D点云数据与图像信息, 经过三维构建, 获取相关表型参数。结合SPAC分析软件对植物基因型和表型的交互作用研究提供有力支持。

主要优点

标准配置高精度激光雷达 (LiDAR) 外, RGB成像单元, 可在程序控制下定时、定点从植物上方, 对植株的生长进行动态表型监测, 最新的无线控制和数据传输功能, 避免了在植物生长过程中的空间移动阻碍。

最新版本的Pheno-Watch软件集成了神经网络技术和深度学习算法, 极大提高了作物单株分割及茎叶分割处理的精度。

单株表型监测部分的测量参数介绍

针对形态较规则的植物幼苗, 如玉米、高粱、大豆、烟草、辣椒、蔬菜、花卉等

- 单株分割

• 茎叶分割

• 冠层高度

• 植株高度

• 叶片数

• 叶片宽度
- 叶片长度

• 叶夹角

• 叶面积

• 投影叶面积

• 总叶面积

• 三维体积

系统配置(硬件)

主机箱套装(含激光LiDAR扫描仪、RGB成像单元、植物多光谱成像单元)

硬件	零件	项目	数据
主机箱套装	激光扫描仪	扫描距离	0.6 ~70m
		测距噪音	0.15 mm
		测距误差	±1 mm
		角精度	19角秒(垂直角/水平角)
		三维位置精度	2 mm
	RGB成像单元	最大分辨率	2448×2048 (5MP) @22 fps
		图像传感器	CMOS 2/3' '
		像素尺寸	3.45 μm
	多光谱成像单元	光谱频段	蓝色, 绿色, 红色, 红色边缘, 近红外(全球快门, 窄带)
		捕获速率	每秒捕获1次(所有波段), 12位RAW
		视野范围	47.2° HFOV
	主机箱	重量/体积	20 kg/30 cm³

测量龙门架(含控制箱)	移动自由度:XYZ轴3自由度可移动	Y轴	跨度	标准6.7m, 即四个可移动标准苗床跨度(可定制)
			移动精度	2 mm
			最大速度	1.2 m/min
		Z轴	高度	标准4m(可定制)
			移动精度	50 mm
			最大速度	5 m/min
	X轴		长度	10m到30m(可定制)
			移动精度	50 mm
			最大速度	6 m/min

ROBIN移动式3D激光雷达在植物表型测量中的应用

灵活性极高的移动表型测绘系统

文/郭峰



整合了激光雷达(LiDAR)、工业相机与高精度导航定位系统,可移动式获取快速精确的3D信息,对周围的环境、物体、建筑、植被等进行3D测绘。结合RGB工业相机,可创建带有RGB色彩信息的三维点云图。通过专业分析软件,可在电脑中重建三维立体空间,并对其中的物体进行精细测量和分析。

ROBIN是灵活性极高的激光雷达测绘系统,可在背包模式、车载模式和飞行模式间灵活切换,满足多种移动测绘的需要。通过专业的点云表型分析软件,可获得精细的植物三维表型信息。

主要功能

WALK



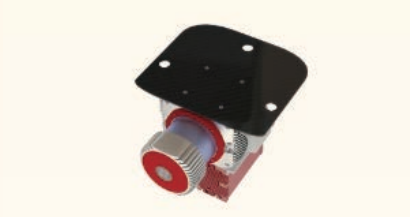
ROBIN背包模式重量不足10kg,可单人操作,能够轻易抵达山地、密林、田间地头等车辆无法通行及地形复杂的区域,可以步行或骑行测绘。

DRIVE



ROBIN车载模式可装配到汽车、卡车、火车甚至船只顶部,适用于农田、水利、草场等的测绘。

FLY



ROBIN也可装配到重载无人机或直升机上,满足更大范围的快速测绘需要。

测量参数(通过ROBIN移动式3D激光雷达可获得以下植物表型参数)

群体表型参数

采用Pheno-Watch作物表型分析软件, 针对种植的较密的作物, 如小麦、水稻、玉米等

- 群体高度
 - 可了解作物群体的生长情况, 不同品种, 不同栽培条件下的群体表型差异, 或者倒伏的情况
- 冠层遮光度
 - 有多少光能透到地面, 可反映不同基因型, 不同栽培条件下农作物一个总体的冠层生长密度, 冠层对光能的总体截获能力。
- 不同层次透光度
 - 例如10cm, 20cm, 30cm...不同高度处的透光度, 可反映作物从上到下不同层次冠层光能截获能力, 例如某种水稻上层叶片特别密, 截获光的能力很强, 下层透下来的光很少。另一种水稻上层叶片没有那么密, 截获光能力没那么强, 下层就有较多的光透下来, 结果导致第二种水稻的综合受光状况较好, 上下都有光, 结果第二种水稻产量更高, 品质更好。该参数用其他方法较难获得, 常规冠层分析仪仅能得到总的透光度, 属于激光雷达的特色参数。
- 近似的单株高度

从小苗时开始测量, 由于知道每一株的具体位置, 虽然后期生长密集, 无法区分单株, 但可以根据植株位置的最高处, 近似得到该株植物的单株高度。

单株表型参数(采用Pheno-Watch作物表型分析软件, 针对较规则的植株幼苗, 如玉米幼苗、高粱幼苗等)

- | | | | | | |
|--------|--------|--------|--------|---------|--------|
| • 单株 | • 分割 | • 茎叶分割 | • 冠层高度 | • 植株高度 | • 叶片数 |
| • 叶片宽度 | • 叶片长度 | • 叶夹角 | • 叶面积 | • 投影叶面积 | • 总叶面积 |
| • 三维体积 | | | | | |

果树、林木表型参数(采用LiDAR360林木分析软件, 针对林木和果树等)

- | | | | | | |
|--------|--------|--------|-------|-------|--------|
| • 位置 | • 株数 | • 树高 | • 胸径 | • 枝下高 | • 树冠直径 |
| • 树冠面积 | • 树冠体积 | • 立木蓄积 | • 生物量 | | |

应用领域

群体表型参数

可将农作物、蔬菜、花卉、果树、林木、植被、山坡等周围环境中的各种物体转换为带有色彩信息的3D点云数据, 可在软件中进行3D立体重构与精细测量分析。

- 主要应用领域包括
 - 植物表型研究
 - 生态调查
 - 农田水利
 - 林业测绘
 - 海岸带监测
 - 自然与人文遗迹测绘
 - 自然灾害监测与评估等

ROBIN背包版可单人操作, 非常便于组装和使用。灵活的WALK模式适合于地铁隧道、树林及茂密植被等车辆无法通行及地形复杂的环境下进行实地测量。

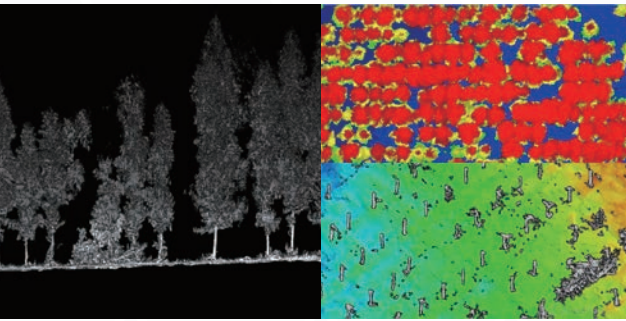
通过便捷的“快速拆装”系统, ROBIN可在5分钟内由WALK模式改装为DRIVE模式, 可在一天内对同一区域完成多次扫描。

应用案例

大田作物表型应用



林木表型与生态应用



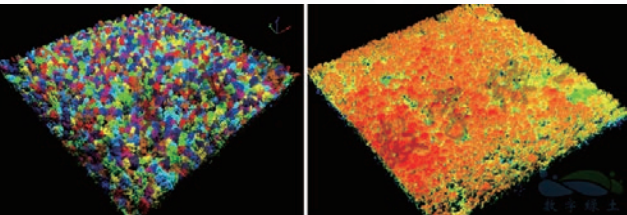
果树表型应用



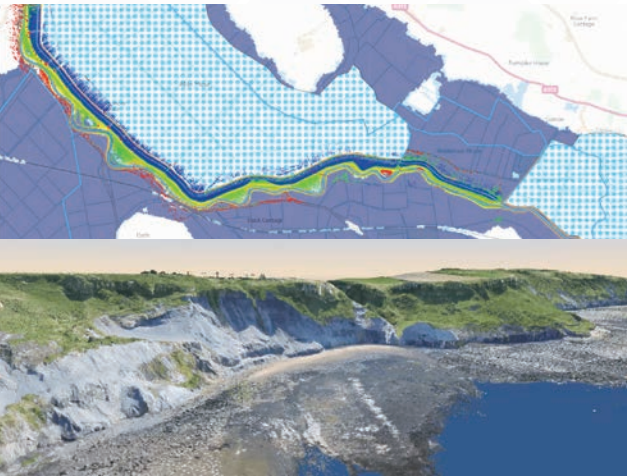
树木三维测绘成像



森林调查与研究应用



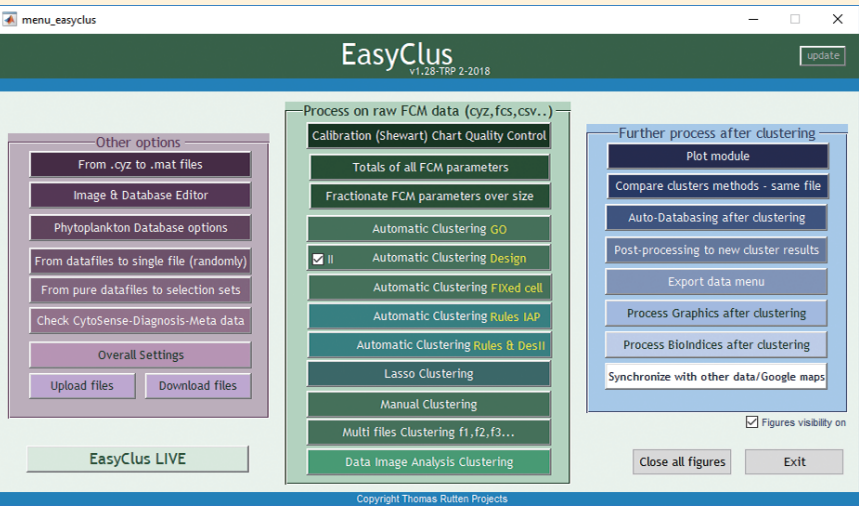
海岸带监测与地形地貌研究应用



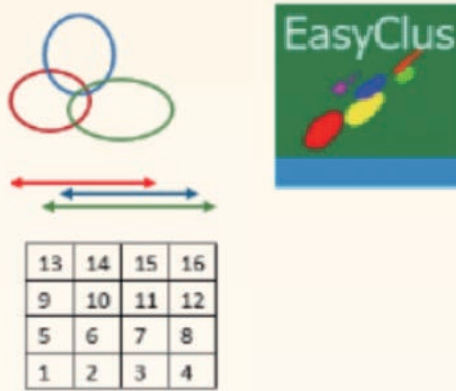
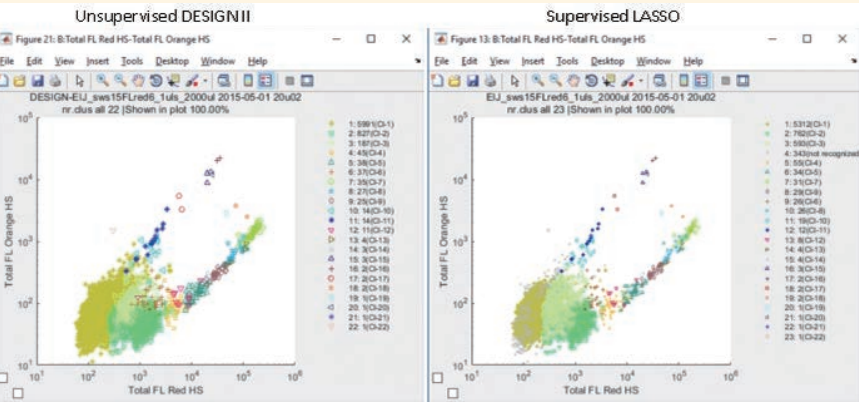
EasyClus 自动分析软件

新增图像数据库功能

文/王阳阳



聚类 (cluster) 是无监督学习的典型算法, 不需要标记结果。试图探索和发现一定的模式, 用于发现共同的群体, 按照内在相似性将数据划分为多个类别使得内内相似性大, 内间相似性小试图探索和发现一定的模式, 用于发现共同的群体, 按照内在相似性将数据划分为多个类别使得内内相似性大, 内间相似性小。



EasyClus用于自动处理流式细胞仪特别是 CytoSense 给出的数据, 提供特别是浮游植物数据的大量处理, 可手动测试和自动测试, 并以表格, 图表 (散点图) 的形式存储结果, 可使用数据库用于浮游植物种类鉴定。

- 无监督聚类方法**
- GO-method: 基于主成分分析 (PCA)
 - DESIGN1: 使用散点图&密度&所有FCM变量
 - DESIGN2: 使用散点图&密度&部分变量
- 监督聚类方法**
- LASSO: 利用自动生成的选择设置
 - RULES: 使用每个唯一聚类的规则
 - FIX : 用预设的屏障使用
 - Hybrid (DES2+RULES):无监督和有监督

探测野外数据——第一印象

例如, 在一个站点, 有几个月样品数据, 或者在一次巡航中获得了很多数据。通过整体分析所有数据, 可以使你得到一个快速的印象。如:

Q: 我的样品中有多少种?

Q: 我的流式细胞仪数据与其他技术获得的Chl-a、总浮游植物浓度或其他参数有关系吗

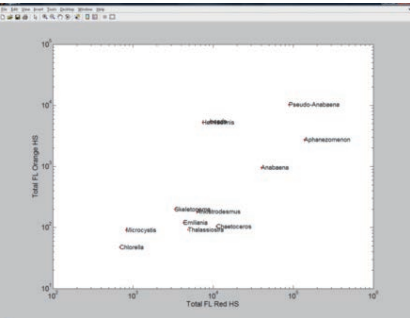
Q: 哪个样品明显显示出特定参数或特定粒径突然的增加或减少?

详细分析野外数据

一旦你对自己的数据有了更多了解, 你可以开始使用自动聚类技术检查是否有特殊种或者种群可以被区分出来, 但是请注意, 流式细胞仪基于可用的光学变量, 不能区分所有类型的种类 (分类学家有时需要电子显微镜来区分种类)。

选择一些特定的数据文件开始聚类, 将建立的聚类或种类加入到你的数据库。聚类被处理后 (手动或者自动) 形成指纹图谱, 例如每个聚类中所有颗粒的流式细胞仪变量的平均值被计算和筛选。这些值被用于和数据库比对。每个聚类的可调FCM变量与数据库中某种指纹图谱对应。需要一致的FCM变量越多, 每个FCM数据文件中的FCM变量数为最大值。需要匹配的FCM变量越多, 则考虑的匹配需求越严格。相似因子 (similarity factor) 用来表示“匹配”的程度。相似因子的最小值是可调的。这个值越低(< 1000), 其相似度要求越不严苛。

发现聚类的数量可散点图中显示。从数据库中被识别的种类的数量也在散点图显示。

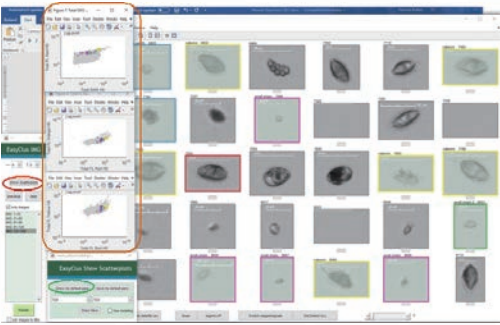


数据成像分析聚类

聚类FCM数据基于操作者对图像的识别和EasyClus软件的连续训练。

本模块打开后可显示已命名的图像, 便于知道哪个图像是哪个物种。同时, 其他FCM指纹数据被用于自动建立数据库。操作者在图像分类的过程中, 软件会在分派五个相同的物种之后给出建议物种。建立这种基于图片的数据库之后, 其他所有数据 (不含图像) 可以被分类。

2018年, EasyClus软件在原有功能基础上进行了更新, 该数据库可以添加许多藻种, 用作监督聚类的训练集。用户通过Easyclus建立数据库, 采用无监督聚类 (没有训练集) 作为流式细胞术数据和图像的预聚类工具, 并存储在一个临时数据库内。Easyclus数据库编辑器用来重命名或更改数据库的种类。主要更新如下:



更新序号	内容
1	最重要的更新是新的数据库, 包含流式细胞术属性(长度、总数、最大值……)以及流式细胞术粒子信号扫描以及粒子图像。这种信息的组合比任何其他流式细胞仪具有更强的能力来描述粒子。引入了几个新的按钮菜单和新的颜色, 更符合人体工程学“点击运行”处理。
2	数据库编辑器:编辑数据库中带图像的存储种类
3	更新3:图像编辑器:编辑图像并确定种名, 存储在数据库中
4	更新4:图像和数据库编辑器自带的新工具
5	更新5:RULES方法监督聚类
6	更新6:LASSO方法监督聚类
7	更新7:FIX 方法监督聚类 (面向所有用户)
8	更新8:(Un&)Supervised=RULES&LASSO混合聚类
9	更新9:基于FCM 数据和图像的聚类
10	更新10:监督聚类LASSO、RULES、Hybrid 使用新型数据库

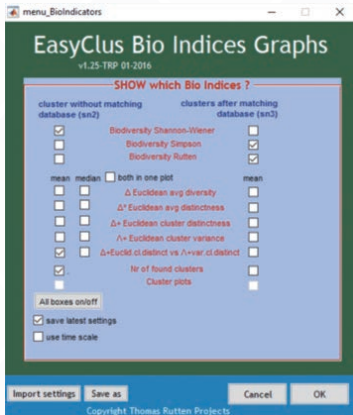
EasyClus

- 更直观的工具(即插即用)
- 重组EasyClus 界面(多年软件经验积累)
- 趋势分析工具(短期-长期)
- 样品间的相似性指数-不同参考之间
- 常化FCM数据为校准小球
- 实现自主集群工具的选项
- CytoClus 相互作用
- 使用方法描述



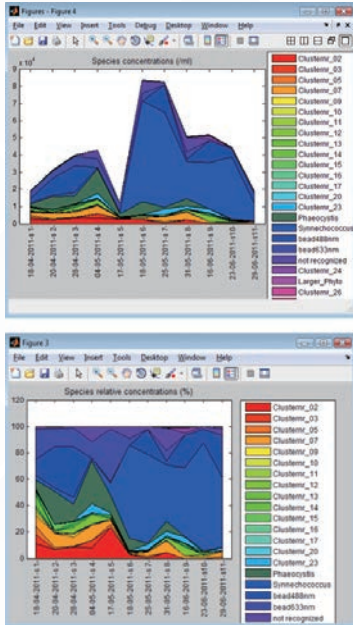
LIVE

- 实时谷歌地图可视化
- 自动交换实时图像&(数据库) 建库的分类专家验证
- 早期预警 (如通过邮件)



EasyClus

- 微调
- 额外变量特征



美国SEC公司推出 微型高精度土壤水分测定仪 ——Handi-TRASE

文/李俊艳



近期,美国SEC公司推出由Trase™时域反射仪(TDR)单元和安卓平板组成的新产品——微型高精度土壤水分测量仪Handi-TRASE。

Handi-TRASE是MiniTrase的微缩版,不仅具有MiniTrase的测量范围广、高精度等所有优势功能,而且仪器尺寸仅为巴掌大小,使野外速测更加方便快捷。

主要功能

采用时域反射仪技术(TDR)来测量一定体积的土壤或其他介质含水量;

特点:

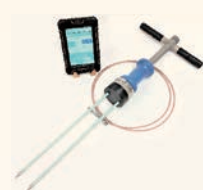
- 可连接MniTrase的所有探头,包括可埋式探头,重型波导管,普通波导连接器等
- 操作界面:操作界面简洁,操作简便
- 测量范围:0-100%
- 测量精度:精度±2%
- 可精确测量高盐和高电导率的土壤
- GPS自动定位
- 可自定义位置标签
- 测量数据的同时,可存储TDR波形图
- 测量时间:少于4s
- 可通过Email, USB, 蓝牙或者WIFI导出测量数据
- 可编辑日志记录



型号:6085K1



型号:6085K2



型号:6085K3

关于美国SEC公司

美国SEC公司成立于19世纪50年代,已经有超过60年的土壤科学服务经验,SEC公司产品主要有土壤高精度土壤水分监测系统MiniTrase, 研究土壤水份特征曲线的压力膜仪1500F2& 1600F1, Guelph& Aardvark土壤入渗仪, 3005& 3115植物水势压力室, 土壤溶液取样器, 张力计等仪器。



个体化营养之路

文/赵炜

人们已经渐渐认识到，
饮食是一件个人的事，
人们需要创建自己的健康饮食模式 ①

在《2017全球食品营养10大关键趋势 (10 Key Trends in Food, Nutrition & Health 2017)》报告中, New Nutrition Business已经指出, 个性化营养定制将成为食品营养健康领域未来五年的发展方向之一。如New Nutrition Business的主编Mellentin所说, “人们已经渐渐认识到, 饮食是一件个人的事, 人们需要创建自己的健康饮食模式”。近几年, 先进的分析技术、大数据和人工智能等新兴技术的巨大进步, 推动了食品营养品的升级, 也加速了类似金宝汤投资的Habit、与强生合作的Day Two等个性化营养公司的诞生。

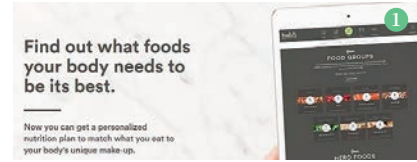
目前, 国外如Day Two公司, 可以针对用户的肠道菌群为其定制个性化的食谱, 以保证吃的健康且可以更好地控制血糖。Vitamin Packs公司则可以利用其Sage机器人, 向你推荐专属于你自己的综合维生素产品, 当前已经支持70多种维生素、矿物质、植物原料等营养素的上万种组合。其实个性化营养的关键在于其精准度和用户体验, 而这涉及到技术, 检测指标, 服务流程, 需求满足, 后续改善过程中的持续体验、服务和效果等各方面。

有些公司属于“表面型”的, 例如仅从需求、个人情况问答定制膳食补充剂的Vitamin Packs和Care/Of等; 大部分公司是“中端型”的, 其检测指标未深入到基因、微生物组里, 集中在利用重复性的数据指导消费者, 例如利用智能水杯和APP监测消费者每日饮水和咖啡因量的Ozmo、智能穿戴设备WearSens、监测食物过敏成分的便携设备Nima和Inside Tracker; “中高端型”的代表是深入基因型和微生物组学的Habit和Day Two, 以及能够持续监测动态生物指标的, 如血糖监测系统Glucovation; 我们相信既能够深入到基因型又能够重复或持续动态监测的“高端型”将是未来发展的终极目标。 ②

2017年底, 以色列威兹曼研究所的两位Eran教授公开提出, 不存在适合所有人的通用饮食方式。饮食对个体生理和疾病的作用不仅取决于基因遗传因素, 还包括人体的菌群结构等因素。遗传的差异影响了个体对营养的代谢和利用的效率, 而菌群结构则可以影响菌群的功能、代谢产物的类型以及对代谢的调控能力。他们认为, 在大数据对人类生活的影响越来越大的时代下, 可以用机器学习等计算机技术, 对个体健康相关的数据进行收集和量化, 包括遗传信息、菌群结构、生理指标、饮食营养成分、生活方式等, 然后对这些健康数据进行分析 and 挖掘, 就可以预测个体对饮食的生理反应, 从而针对性地设计个性化营养方案, 而通过智能手机等交互式终端, 可以更好地普及健康管理的理念, 提高人们对个性化营养管理的依从性。 ③

在此之前, 这两位大牛在顶级学术期刊《Cell》上发表了关于这个概念的验证实验成果。在这项研究中, 作者结合了 (i) 可穿戴式连续性血糖检测仪对 PPGR 进行的纵向监测, (ii) 肠道微生物组数据, (iii) 包含800名非糖尿病志愿者身体信息的大型群组研究。志愿者自己上报了超过大约 47000 顿饭中大约 1000 万卡路里的消耗, 并且使用人体工程微创的连续血糖监测仪自动捕捉了150万个血糖测量数据值。研究人员还整合了各种数据类型, 包括健康志愿者和糖尿病前期志愿者群组的各项信息如饮食摄入、人体测量数据、体育运动、睡眠觉醒周期、高分辨率的长期血糖监测和粪便微生物宏基因组。 ④

作者首先证实了志愿者之间的巨大差异。同样的食物会给某些人带来巨大的血糖峰值, 但是对于其他人只会造成微小的浮动。志愿者对于会引发尖锐峰值的食物也有所不同。例如, 445号参与者对香蕉反应强烈, 而644号参与者则会对餐后饼干产生强烈的反应。之后, 作者分析了每个人的人体测量数据、活动参数和肠道微生物组数据以预测针对各种食物的PPGR (餐后血糖反应) 响应的预测。结果表明, 每个人的PPGR可以通过计算方法来实现预测, 而且个性化的饮食可能更成功有效地控制PPGR。简单地讲, 作者采用了一个两阶段算法。在第一阶段, 他们开发了一种基于梯度提升回归方法的机器学习算法, 其中派生了数以千计的决策树来优化整体模型的预测能力。梯度提升回归模型适用于 PPGR 与各种预测因子之间的非线性



▲ Habit Food Groups界面。图片来源: Habit官网

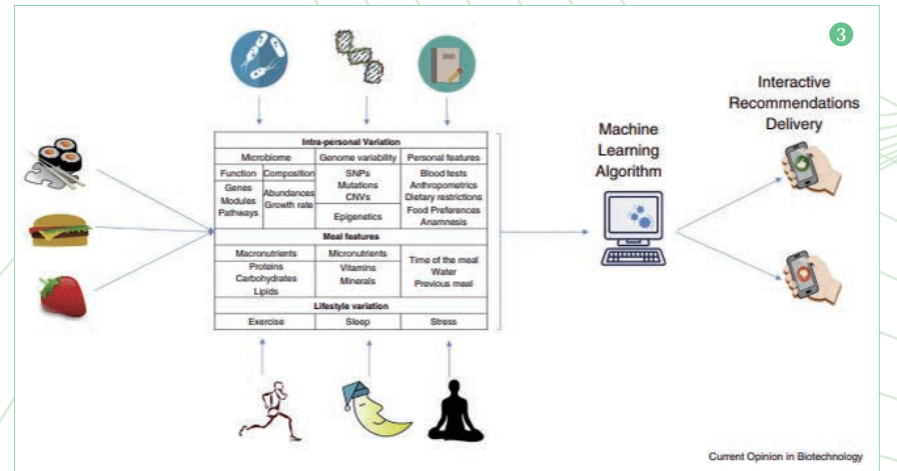


▲ Glucovation血糖监测系统。图片来源: glucovation官网

关系。研究人员利用留一交叉验证法 (leave-one-out cross-validation) 在800名个体群组中对他们的模型进行训练。在第二阶段, 他们招募了100个志愿者的独立群组, 并使用在800名志愿者的主要群组上训练好的模型来预测他们的 PPGR。

这项工作是一项重要的概念验证研究, 它在饮食反应预测中整合了微生物组的贡献。整合从大规模志愿者中得到的多维纵向数据可以使得机器学习算法的表现优于基于专家经验的PPGR预测。为了进一步提升算法的效果, 他们计划通过采集志愿者的体育运动、肠道细菌菌株甚至遗传学方面更详细的信息, 来提升模型的准确率。

在对人体的研究越来越深入的过程中, 我们发现, 个体化营养不再是针对病人或者特殊人群的治疗方案, 而是可以预防由于营养不良、营养过剩导致的多种慢性疾病发生的科学生活方式, 更多类似Day Two公司的出现, 可以逐渐为消费者提供差异化的健康服务。未来健康市场将不是“无差别”的大众健康市场, 而是“个性化”的人人健康市场。



Current Opinion in Biotechnology



情志健康与抗衰老

文/赵炜



早在二千年前,我国经典医书《内经》就已提出:“怒伤肝、思伤脾、忧伤肺、恐伤肾”。



人的精神活动和思想情绪,与人的健康衰老关系密切。这一问题,早在二千年前,我国经典医书《内经》就已提出:“怒伤肝、思伤脾、忧伤肺、恐伤肾”。这是说,七情产生的不良刺激,是造成身体内伤的重要因素。七情“喜、怒、忧、思、悲、恐、惊”。简言之,七情就是情绪。情绪乐观者,会使人愉快,有益健康。情绪悲观者,则会使人痛苦,容易衰老。

随着社会文明的不断进步,人们对幸福和健康有了更高的追求。心理健康,这项在早前容易被忽略的人类健康的重要指标,如今正受到越来越多的人的关注。

现代医学还发现,人们长期处于精神过度紧张,能使神经与内分泌系统紊乱,功能失调,脏器器官容易引起严重疾病。例如高血压病,与长期抑郁、愤怒、忧虑等有关。中风,心绞痛,心肌梗塞等病,也与不良情绪有密切关系。对于消化方面,不良情绪,可使幽门紧张,消化液分泌减少,因而引起消化不良,营养吸收不好,身体脆弱。不但如此,长期抑郁,还会使人饮食减少,体力不足,精神萎靡,很快衰老,甚至引起癌症发展。

催人衰老的不良情绪

情绪火爆

发火的时候,你会觉得血压在升高——这正是人与人吵架时经常出现的情况,其影

响将是长期的。事情过了一个星期,一想到那次吵架,你的血压会再次升高。如果最近有什么不愉快的事情或者跟别人吵过一次,最好不要耿耿于怀,忘的越快越好。有人研究过,跟恋人吵架半小时,至少让你身体的自愈时间增加一天。经常吵架的夫妻,自愈时间将成倍增加。

承受压力

经常承受压力,也就是忍受慢性压力的摧残,其影响是显而易见的。张弛有度,你的身体会进入一种长期的强健身体、恢复疲劳的良性循环。不论是记忆力还是做事的准确性都能得到恢复。如果对这种“入侵者”不加提防,你很容易疲劳、压抑,再生产的能力就会下降。如果常年处于这种慢性压力之下,高血糖和脂肪酸会使你面临患心血管病和糖尿病的风险。

忍气吞声

遇到烦恼是发泄出来好还是忍着好,真是难说。原因很简单,这两种做法都有副作用,美国密歇根大学曾经做过一个实验,几个权威莫名其妙地对受试者大喊大叫,面对这种情况而忍气吞声的女性,其因心脏病、中风或者癌症死亡的几率要多一倍。怒火发作出来,虽然只有几分钟,可是肾上腺素、血压和心律都会增加。对一个五十岁以上的人来讲,因此而患心脏病或者中风的可能性要增加五倍。就连面带愠色,包括急躁、烦恼、不悦也会损害健康,因为这些情绪会使免疫力下降。

痛哭流涕

痛哭一场确实能哭出消极情绪来。有人做过这样一个实验,即对两种眼泪进行比较。一种是因为感情原因而流泪,另一种是因为洋葱辣眼而流泪。结果发现,感情之泪含有高水平的激素以及与压力有关的神经递质。不仅如此,这种流泪可以减少压力化学品。如果



泪水不能释放,你就会处在一种完全没有必要的压力之中,你的身体很容易受到焦虑的负面影响,包括免疫力下降、记忆力损坏、消化能力减小。

醋意大发

醋意大发,也就是我们常说的嫉妒心迸发。嫉妒是人类最有杀伤力、最痛苦、也是最难以控制的情绪。男人嫉妒的典型表现是别人对其所爱女人的染指,而女人的嫉妒则是感情背叛而带来的疑心。专家说,情绪是一种复杂的充满恐惧、压力和愤怒的感情。醋意大发的时候,人们往往会血压升高,心率加快,肾上腺素水平增加,同时免疫力、焦虑或许还有失眠情况会减弱。

闷闷不乐

抑郁、悲观以及对待周围的事物漠然置之都与血清素和多巴胺水平低有关,而这两种物质是大脑中感觉良好的神经递质。血清素可以起到调节痛感的作用。也正是这个原因,百分之四十五的抑郁症患者受着疼痛的煎熬。情绪低落还与睡眠不好、疲劳、性功能障碍有关。

敌视情绪

“敌视情绪”引发的焦虑、悲观每上升1%,患心脏病的危险就增长6个百分点。因为“敌视情绪”长期郁积会破坏男性身体的免疫系统,更能对心脏系统产生压力,严重的还会导致心脏受损。

心理健康十大标准

美国心理学家马斯洛与和米特乐曼提出的十条心理健康标准,是目前公认的标准。

- 1、有足够的自我安全感。
- 2、能充分地了解自己,并能对自己的能力做出适度的评价。
- 3、生活理想切合实际。
- 4、不脱离周围现实环境。
- 5、能保持人格的完整与和谐。
- 6、善于从经验中学习。
- 7、能保持良好的人际关系。
- 8、能适度地发泄情绪和控制情绪。
- 9、在符合集体要求的前提下,能有限度地发挥个性。
- 10、在不违背社会规范的前提下,能适当地满足个人的基本要求。

防老先要远离心理衰老

心理衰老对老年人健康长寿影响极大。调查表明,心理衰老的老年人,排除其它因素,其死亡率和癌症发病率均比正常人高出两倍以上,心脑血管疾病发病率比正常人也要高出一倍。

心理衰老表现是:

- 1、无原因的心烦,情绪纷乱,失眠多梦,精力不集中,记忆力减退。
- 2、对周围环境及一切事物都没有兴趣,甚至感到厌烦,社交活动明显减少,不愿独立思考,依赖性加大。
- 3、感到孤独,喜欢回忆往事,对现实生活及将来的生活不感兴趣,甚至觉得活着没有意思。
- 4、兴趣减少,对人冷淡,不愿与朋友交往,不愿看书报,看电视无耐心,易怒,情绪低落。
- 5、总以为自己老了,或已经老到无用的地步了,把一切事物都寄托于子女身上。

老年人心理衰老,从生理方面讲是由大

脑衰老造成,但与生活环境、社会地位变化关系很大。要克服心理衰老,就要从社会、家庭和自身三方面做起。尊老、敬老、关心老年人,应从多方面做起,通过多种渠道,创造丰富的活动场所,使老年人能够经常聚会、从事文体活动,促进老年人身心健康,避免产生心理衰老。

我国绝大多数老年人与子女在一起生活。子女应关心老年人的生理变化和需,多陪伴老人,增加共同生活的时间,这是克服老年人孤独感和生理衰老的最好方式。老年人要克服心理衰老,要树立乐观的生活态度,多参加有益的活动,保障充足睡眠,劳逸结合,有疾病出现要立即看医生。保持轻松的乐观情绪,心理衰老就会远离而去。

开怀大笑

科学家发现,笑能使紧张的肌肉松弛,引起压力激素的产生也会减少。不仅如此,笑还能降低血压,增加血液的携氧量。美国马里兰州医疗中心的心脏专家发现,压力增大会破坏血管的保护层,笑可以将这种不需要的压力拒之门外,从而降低心脏病的发病风险。笑的时候,人身上有四百块肌肉会产生运动,所以笑还能减肥。有研究人员估计,笑上一百次相当于在划船机上有氧训练十分钟,在运动自行车上有氧训练一刻钟。

感激涕零

不论是获得伴侣还是取得成就,哪怕是劫后余生,只要你对所得到的深怀感激之情,



都会有助于增加免疫力,降低血压,缩短身体的自愈时间。美国著名心能研究所的洛林·麦克拉蒂博士就发现情绪与身体方面的联系。挚爱、感激以及满足都能促使催产素的产生,

这种联系激素是由心脏分泌出来的。每当你敞开心扉、心满意足的时候,所分泌的这种激素会使你的神经系统得到放松,从而释放身体所承受的压力。细胞中的含氧量会大大增加,身体的自愈功能也会大大改善。

坠入爱河

有人研究说,男女之间坠入爱河会提高神经生长因子水平一年左右。这种激素一类的物质可以促使大脑细胞的新陈代谢,从而帮助恢复神经系统、增加记忆力。被人爱或处于竞争的焦点,你是不是感觉特别好?这种感觉会对你的身心产生镇静作用。

黏黏糊糊

有一种被称为催产素的物质常被人们所忽视,正是这种激素促使夫妻之间黏黏糊糊,进而释放出一种叫做DHEA的抗衰老、抗压激素,好让身体中的细胞得到修复。还有一些形式触摸,比如按摩,也会有助于身体自愈。

情绪稳定与愉快是心理健康的重要标志,它表明一个人的中枢神经系统处于相对的平衡状态,意味着机体功能的协调。一个心理健康的人,行为协调统一,其行为受意识的支配,思想与行为是统一协调的,并有自我控制能力。

古人曰:“忧则伤身,乐则长寿”,精神情绪对人体健康和衰老起着关键性作用。现代人在心理上常处于紧张状态,社会上的骗局,造成持续的心理紧张和心理冲突会造成精神上的疲劳,使人体免疫功能下降,容易发生疾病。值得注意的是不良心理导致疾病,通常是一些无关紧要的情绪波动日积月累造成的结果。不愉快的心理情绪还影响免疫功能,削弱机体免疫能力,易引起癌症或其他疾病。

LemnaTec应用笔记

—使用Scanalyzer PL检测

不同水分梯度处理后的

青菜叶片表型参数

文/何红梅

青菜是以绿叶为产品的草本植物，生长周期短、耐寒性强。适应性广，产量高；且叶片鲜嫩，营养丰富，经济实惠，深受消费者的喜爱。植物水分生理是一种复杂的现象，充足的水分是植物生长的一个重要条件。植物可通过水分进行光合作用和干物质的积累，其积累量的大小直接反映在株高，茎粗、叶面积和产量形成的动态变化上。

本试验通过控制同一青菜品种不同处理的水分梯度，使用LemnaTec Scanalyzer PL系统对青菜商品菜期指定叶片进行表型成像，通过专业的软件分析量化青菜叶片表型数据，得出青菜指定叶片表型参数，为广大用户提供仪器使用参考。

材料与方法

a. 试验方法

小青菜品种1个，共4个梯度处理，标记为处理A、处理B、处理C、处理D，处理A到处理D土壤水分含量依次升高。

b. 图像采集

使用Scanalyzer PL成像系统，在小青菜长至商品菜时期时，统一选取每株小青菜固定叶位的叶片，平放在PL成像室内进行可见光顶部成像。

c. 数据分析

通过LemnaControl进行成像，图像保存至LemnaBase，利用LemnaGrid编辑图像处理流程来计算分析不同水分梯度处理后叶片的长、宽及其他表型参数指标，进一步可经过Colorclassification计算分析叶片茎秆和叶面部分所占的比值，利用LemnaMiner和Excel进行统计分析。(如图1)

结果与分析

a. 叶片表型分析结果(如图2)

将不同水分梯度处理后的青菜叶片进行叶片总投影面积的比较(图3)，发现随水分梯度的逐渐升



图1、Lemna Grid图像处理流程



图2、小青菜叶片整片表型分析图(I)、小青菜叶面和茎颜色分类分析图(II)

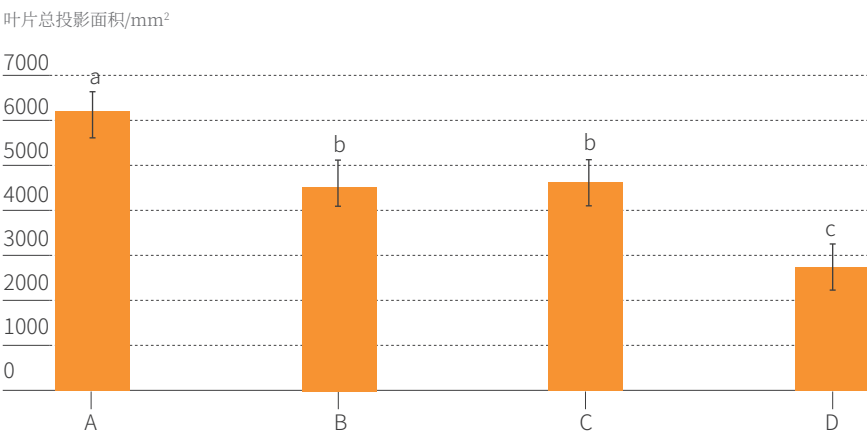


图3、不同处理组叶片总投影面积对比

高，青菜叶片总的投影面积逐渐降低，D处理的叶片总投影面积最小，较高的土壤水分梯度在一定程度上抑制了叶片的生长。从获得的其他表型参数中(图4)，也可以看出高水分梯度组D组的叶片周长、最小外接圆直径、最小外接矩形面积、外接多边形面积和周长均不同程度的低于其余3个处理组。

b. 使用颜色分类工具分别分析叶面和茎

通过在LemnaGrid建立图片分析流程时，使用Colorclassification工具，人为的通过叶片中叶面与茎颜色的不同而将整个叶片分为两种颜色(图2 II)，通过软件分析，可以得出每种颜色的面积和所占的比值等参数。由此可以进一步分析出不同处理分别对叶片的茎和叶面部分的产生的影响。

讨论

水分是植物生长过程中重要的因素，但是过高或过低都会对植物造成不同程度的影响。本试验可以看出，较高梯度的土壤水分对小青菜叶片表型参数的影响较大，对叶长、叶宽等指标均表现出抑制生长的结果。

使用颜色分类工具，可以更进一步的根据叶片中茎和叶面颜色的不同而将叶片分为两类，通过软件可以分别分析两类颜色所占的面积和比值。此工具可以拓展应用至植物叶片病斑分析，根据病斑颜色与叶片正常颜色的不同，将之与正常叶片区分开，从而可以计算出不同病斑的面积以及不同病斑占叶片总面积的比值，辅助科研工作。

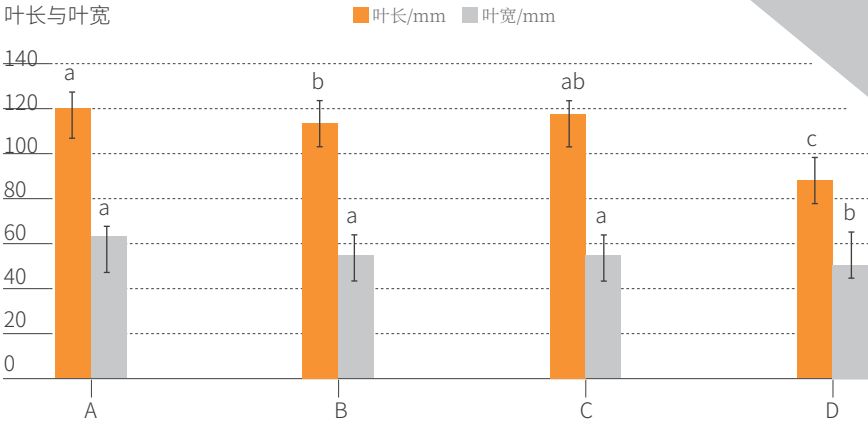


图4、不同处理组叶片叶长和叶宽对比

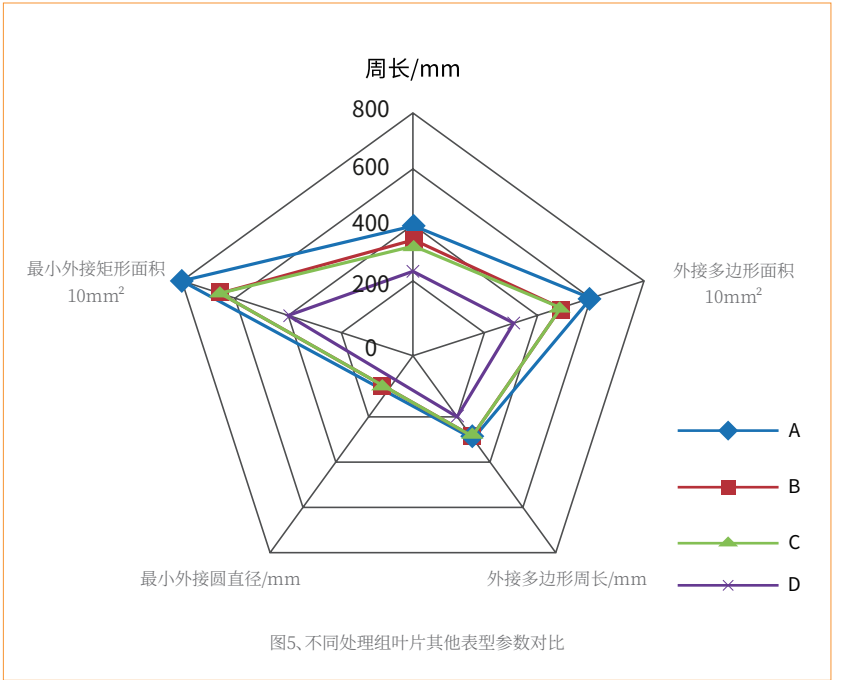


图5、不同处理组叶片其他表型参数对比

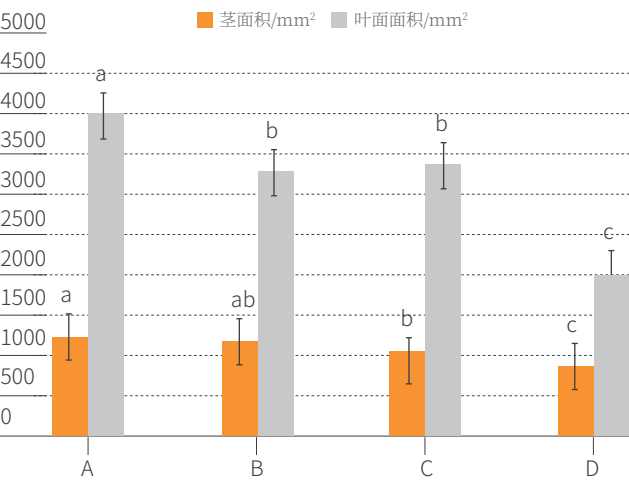


图6、不同处理组叶片茎面积与叶面面积对比

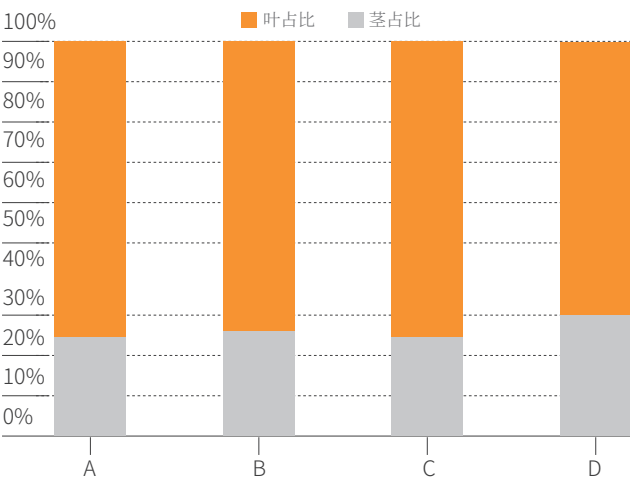


图7、不同处理组叶片茎占比与叶占比对比

CYANOBACTERIAL BLOOMS

综述: 蓝藻水华

NATURE REVIEWS | MICROBIOLOGY Volume 16 | AUGUST 2018 | 471-483

文/王阳阳

蓝藻在淡水和海洋环境中会形成密集的有害水华, 威胁着生态系统的功能, 降低娱乐、饮用水、渔业水质和人类健康。本文综述了蓝藻水华在全球范围内发生的频率、幅度和持续时间增加的证据。强调了导致蓝藻爆发的物种特性和环境条件, 并解释了为什么富营养化和气候变化导致全球蓝藻爆发增加。最后, 讨论了管理策略, 包括减少营养物负荷, 改变流体力学、化学和生物控制, 以期防止或减轻蓝藻水华的增加。

蓝藻爆发的原因

蓝藻是一组多样的有机体, 不同的物种可以改变它们的性状。这些特性提供了蓝藻比真核浮游植物明显的竞争优势, 这往往有利于他们的统治, 发展成密集的蓝藻水华。

1、固氮:

一些关键的水华蓝藻 (如长孢藻属 *dolichospermum*, 束丝藻属 *Aphanizomenon*, 节球藻属 *Nodularia* 和柱孢藻属 *Cylindrospermopsis*) 可以固定氮 (N_2), 这使他们进入广阔的真核生物不能直接使用的大气氮库。氮的固定是由固氮酶复合物进行, 遇到氧气会不可逆失活。从光合放氧的产物中分离固定的氮, 一些蓝藻形成特定的异形胞。异形胞在光合作用过程中不产生氧气并保持较高的呼吸耗氧。此外, 他们有很厚的细胞壁抑制氧扩散进入细胞的同时仍然允许足够的涌入的N氮的固定。在亚热带和热带海洋, 水华束毛藻属是主要的固氮菌。他们不产生异形胞而是在大群体中生长, 固氮作用和氧合光合作用在空间上分离。固氮蓝藻在氮限制水体中比非固氮蓝藻和真核生物有竞争优势, 如果其他营养丰富, 特别是铁和磷, 可发展成密集的水华。固氮是一个耗费精力的过程, 许多固氮蓝藻在氮的替代形式, 如铵和硝酸盐时, 可以抑制 N_2 的固定。与其它酶法类似, 固氮酶活性与温度有关。此外, 固氮细胞可以在高温下更迅速地呼出氧气, 从而降低固氮的呼吸成本。因此, 高温强烈地提高了几种固氮蓝藻的固氮率, 这可能进

全球各地藻华频发

六种常见水华藻:
a. 长孢藻 (鱼腥藻)
b. 阿氏浮丝藻
c. 铜绿微囊藻
d. 拟柱孢藻
e. 节球藻属
f. 毛束孢属



一步增加其在氮限制水域中的增殖。

2、二氧化碳浓缩机制:

和植物与藻类一样, 蓝藻固定二氧化碳用于光合作用和生长, 密集的蓝藻水华会消耗溶解的 CO_2 浓度降至 $<1\mu mol/L$, 从而将无机碳平衡转变为碳酸氢盐和碳酸盐。为了维持固定 CO_2 , 蓝藻进化出 CO_2 浓缩机制 (CCMS), 使细胞能够将细胞微粒体部分中称为羧体的 CO_2 浓度增加到碳固定酶Rubisco可以有效操作的水平。5种无机碳吸收系统已在蓝藻确定: 两个对 CO_2 的吸收和3个碳酸氢盐的吸收。这些吸收系统具有不同的底物亲和力和通量率, 蓝藻菌株可以以不同的方式将这些碳吸收系统结合在一起, 以调节它们的碳固定率到无机碳有效性的环境变化。

3、气囊:

气体囊泡是充满气体的中空蛋白质结构, 它为几种藻华蓝藻物种提供浮力, 使它们可以向上漂浮。在少风的停滞水域中, 大量的蓝藻在水面上的积累可导致强烈的水华发展。在这些水体表面的藻华细胞暴露于大量的光和紫外线辐射, 并且可能遭受无机碳和营养物的局部消耗。表面水华提供漂浮蓝藻主要的竞争优势, 然而, 因为他们拦截光和大气 CO_2 的流入和遮住了更深的水柱中浮游植物。在这种方式中, 蓝藻水华的浮力密度表面可以有效地抑制其他危害较小的浮游植物的种类。

4、藻毒素:

藻华蓝藻会产生多种次生代谢产物, 其中一些在天然存在的浓度下对植物、无脊椎动物和脊椎动物包括人类是有毒的。产生这些次级代谢产物的原因尚未查明。蓝藻毒素可能起到抑制捕食的作用, 因为有明显证据表明蓝藻和浮游动物有共进化适应。有趣的是, 蓝藻毒素最丰富的家族之一, 微囊藻毒素, 可能在其捕食动物如桡足类和枝角类之

前便已经开始进化。因此, 除了它们的毒性, 微囊藻毒素在蓝藻中可能具有完全不同的生理生态功能, 例如, 结合微囊藻毒素可能会保护碳固定酶Rubisco和其他蓝藻蛋白的氧化应激性。

蓝藻水华产生的毒素在空间和时间上是高度可变的, 且难以预测物种组成和蓝藻丰富。尽管实验室研究表明, 许多环境因素对细胞中蓝藻毒素含量的影响是微妙的, 藻毒素含量在同种不同株间差异很大, 但是蓝藻水华通常包括混合的有毒株和无毒株, 因此, 菌株组成的变化会引起蓝藻水华毒素含量和毒素组成的变化。

微囊藻毒素和球孢菌素:

微囊藻毒素是具有多种特殊氨基酸的环状七肽, 包含特征性的尾形氨基酸3-氨基-9-甲氧基-2, 6-, 8-三甲基-10-苯基羧酸-4 (E), 6 (E)-二烯酸 (ADDA)。微囊藻毒素是蛋白磷酸酶抑制剂, 具有广泛的毒性作用。可导致严重的肝脏损伤, 但也影响其他哺乳动物组织, 它们可以促进肿瘤, 肺, 神经和生殖效应。微囊藻毒素与多种鸟类、鱼类和哺乳动物的死亡有关, 包括绵羊、狗、牛甚至海獭。一些人的死亡也是众所周知的。微囊藻、微丝藻、颤藻和长孢藻等广泛存在的微囊藻毒素产生的能力, 与微囊藻毒素生物合成的早期进化起源一致。至少有246种不同的氨基酸组成和毒性的微囊藻毒素变异性被记录下来。

球孢菌素是与微囊藻毒素相似的环状五肽。球孢菌素是由微咸水种球瘤菌产生的, 目前已知十种结构变异性。很大一部分在蓝藻细胞的微囊藻毒素和节球藻毒素蛋白质结合。常用的分析方法没有检测到蛋白结合毒素, 许多研究可能因此低估了蓝藻水华的实际微胱氨酸的含量。这些发现对蓝藻风险评

估尚影响到什么程度尚不清楚。

肝毒素 (柱孢菌素):

柱孢菌素是由棒状拟球藻和其它几种蓝藻产生的瓜尼碱生物碱。它影响哺乳动物的多个器官和组织, 并抑制动物和植物中的蛋白质合成。C.raciborskii被认为是一种有害物种, 1979年在澳大利亚广金岛造成10名成人和100多名儿童中引起水性肝炎样疾病。它最初被认为是热带和亚热带物种, 但C.raciborskii在近几十年来已经扩展到温带纬度。

类毒素和贝毒素:

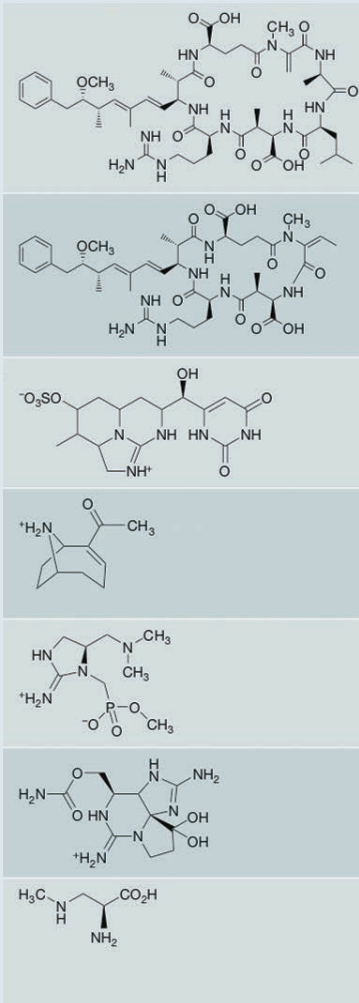
其他生物碱藻毒素包括类毒素A, 在哺乳动物和鸟类中表现出快速毒性。类毒素A (S) 在结构上与类毒素A不同, 是一种能引起过度唾液分泌的有效神经毒素。贝毒素是具有至少57种结构变体的杂环胍类化合物。它们是已知的几种最有效的天然毒素, 是由几种海洋鞭毛藻和淡水蓝藻产生的。贝毒素阻断神经元的电压门控钠通道, 阻止动作电位的传递, 并导致快速麻痹。由于贝毒素可能会积累在贝类中, 因此被称为麻痹性贝类中毒的人类疾病通常称为麻痹性贝类中毒。

BMAA:

藻类非编码氨基酸, 含 β -N-甲基氨基-L-丙氨酸, 由于其神经毒性被假设与人类神经变性疾病, 如肌萎缩侧索硬化症和阿尔茨海默病有关。该联系是否是致病的正在调查中。

脂多糖LPS:

LPS是革兰氏阴性细菌外膜的结构成分, 包括蓝藻。与蓝藻LPS接触 (例如游泳期间) 会引起人体皮肤刺激、水疱和胃肠紊乱。其他皮肤刺激性和炎症性蓝藻毒素包括海藻毒素、海兔毒素和牙买加酰胺类, 它们是由海洋蓝藻产生的。



5.群落动态：

蓝藻水华常常导致底栖和浮游微生物群落的级联变化。异养细菌与产生氧、有机碳和固定氮的蓝藻有关。一些相关的细菌附着在蓝藻细胞上，而另一些则在细胞外粘液上生长或发展自由生活的群体。它们一起栖息在“蓝藻”中，即蓝藻菌落附近的区域和富含蓝藻分子的细丝。宏基因组学研究表明蓝藻物种组成的变化伴随着蓝藻群落的显著变化。此外，蓝藻群落的分类组成和基因表达的主要变化可能发生在藻华期的不同阶段。特别是，在蓝藻水华裂解过程中，涉

及复杂有机分子生物降解的异养细菌往往占主导地位。以太湖为例，在微囊藻的分解过程中，能降解微囊藻毒素的SH卷叶蛾科的α-变形杆菌属占主导地位。

蓝藻水华也含有蓝藻的几种微生物病原体。特别是，噬藻体和寄生真菌可导致高蓝藻死亡率。然而蓝藻并不是无防御的。例如，铜绿微囊藻在其基因组中具有非常大量的抗病毒防御基因和高度多样化的CRISPR-CAS系统。浮游丝孢菌产生寡肽，减少寄生真菌的毒力，从而提高存活率。许多蓝藻病原体具有狭窄的宿主范围，并且可以是高度应变特异性的。因此，蓝藻和寄生真菌的感染可导致敏感和抗性蓝藻基因型之间的动态变化，从而有助于维持蓝藻水华中的高遗传多样性。

许多研究表明浮游动物对群体和丝状蓝藻的捕食能力有限，这促进了蓝藻水华的增殖，并限制了初级食物在食物网中向更高营养水平的转移。蓝藻的大型群落和细丝很难吸收并干扰枝角类的滤食活性，包括蚤类。此外，相比真核浮游植物物种，蓝藻往往是低质量的食物，因为它们只含有低量的多不饱和脂肪酸和甾醇。最后，一些蓝藻次级代谢产物可能对浮游动物有毒。然而，一些浮游动物物种已经进化适应了这些障碍。一些浮游动物有效地在蓝藻细丝中以吸食意大利面条的方式有效地进食；其它的浮游动物很好地适应蓝藻的低营养品质，或者已经发展出对蓝藻毒素的耐受性。野外试验表明，从水华中分离出的水蚤菌株可以抑制有毒的蓝藻种群。因此，越来越多的证据表明，在蓝藻和它们的食草动物之间形成一种共同进化的军备竞赛，这可能或不可能使蓝藻逃脱捕食的控制。

6.环境驱动因素：

a、富营养化：

人类活动，特别是加强农业，大大增加了氮磷投入到水生生态系统。造成水体富营养化的河流、湖泊和河口促进藻类和蓝藻水华，一个全球性的环境问题，已经认识到自上世纪60年代以来，以减少养分的投入已经实施的措施，提高水的质量和有害藻类水华。

这些工作通常是更有效的在减少磷比氮的输入，和氮肥的使用已逐渐超过了全球近几十年来使用磷肥。因此，氮磷比是目前在许多湖泊上升，河流和沿海水域。增加氮负荷和较高的氮磷比例可以改变蓝藻的种类组成。特别是，它们可以增加非固氮蓝藻的量，例如微囊藻和浮游藻类，以固氮蓝藻为代价。此外，增加的氮负荷可能有利于生产富含氮的蓝藻微囊藻毒素，正如在伊利湖所见证的那样。

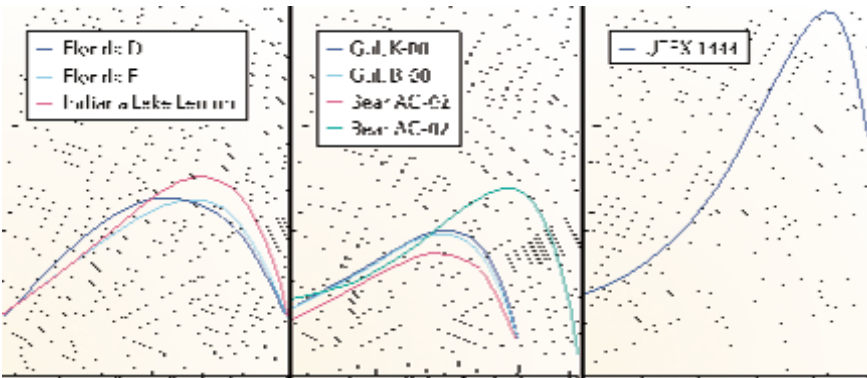
b、二氧化碳浓度升高：

大气中溶解CO₂浓度很少与大气中CO₂分压平衡。特别是，密集的水华的光合活性可以消耗溶解的CO₂ (RIFS25, 55)。相应的，蓝藻已经进化出复杂的CCM (二氧化碳浓缩机制)，包括几种CO₂和碳酸氢盐吸收系统。

因此，蓝藻通常被认为是低溶解CO₂浓度和高pH下的优势竞争者，而真核浮游植物，例如绿藻，可能受益于高溶解CO₂浓度。然而，最近的研究已经打破了这个长期存在的范式。蓝藻以不同的方式结合不同的无机碳吸收系统，这导致了在类群内和之间的CO₂响应的相当大的变化。例如，选择实验和湖泊研究表明，具有高亲和力的碳酸氢盐吸收系统的微囊藻菌株倾向于在低浓度的溶解CO₂ (RIFS5859)。相反，具有高通量碳酸氢盐吸收系统的微囊藻菌株很好地适应高浓度的溶解的无机碳，并与其他微囊藻菌株和真核浮游植物相比，在高CO₂浓度下成为强竞争对手。综上所述，最近的研究表明，蓝藻CCM的遗传多样性和生理灵活性，使藻华蓝藻快速适应以上升CO₂浓度。大气CO₂浓度的升高将导致寡CO₂水体的空气-水界面上陡峭的CO₂梯度，这将增加CO₂流入地表层，并被地表水华截获。数学模型和实验室实验因此预测，大气CO₂浓度升高可能会加剧富营养化和肥沃水体中的蓝藻水华。

c、全球变暖：

高温以几种方式刺激蓝藻水华。许多蓝藻水华(但并非全部)的形成在相对较高的温度下达到最大生长速率，通常高于25°C。此外，蓝藻的生长速率比真核浮游植物的生长速度快。水面变暖也会导致水柱分层更稳定，垂直混合较少。分层水域为漂浮蓝藻向上漂浮提供了理想的条件，在那里它们能更好地



获得明暗非活跃的浮游植物。随着全球变暖，在温带高纬度地区的湖泊在冬季会有更短的冰盖，在春季出现较早的分层，温暖的夏季和延长的分层进入秋季。这些因素都有助于延长蓝藻水华的持续时间和范围。

养分有效性和湖泊形态可以改变这种温度响应。在浅水富营养化湖泊中，营养盐和温度对蓝藻生长具有协同效应。这意味着，在未来更温暖的气候中，可能需要更多地减少营养负荷以抑制蓝藻水华。然而，在深中营养和贫营养湖泊中，较强的热分层倾向于减少营养物从下方进入表层，从而抑制而不是促进蓝藻水华的发展。

营养盐和温度对蓝藻生长的影响也各不相同。例如，在超过1000个湖泊中的蓝藻丰度的统计分析表明，一些类群对增加营养物更敏感，而其他类群对温度升高更敏感。一些物种甚至可能受益于再营养化与气候变暖相结合，如在Zürich湖中红色浮丝藻(Planktothrix rubescens)优势地位所示。自20世纪70年代以来，该湖的总磷浓度减少了5倍，伴随着真核浮游植物在表层混合层中的下降。随之而来的是，暖化导致了湖泊的热分层，这有利于夏季温跃层附近红色浮丝藻(Planktothrix rubescens)的爆发。

气候变化的另一个预期症状是，风暴事件，包括热带气旋和夏季雷暴，将变得更极端，更高的雨量，而干旱也加剧，并可能持续更长时间。在短期内，由于脱层和冲洗，剧烈的风暴和雨水会暂时破坏蓝藻水华。然而，强降雨增加养分径流，这可能导致下游水体的丰富营养富集。如果这样的降雨事件伴随着

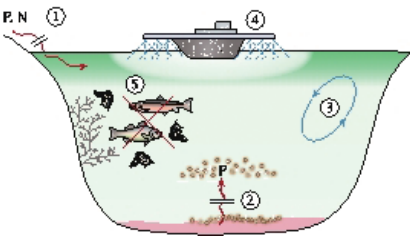
蓝藻占据了整个水生生态系统很长的地球历史阶段。但是越来越多的证据，近几十年来，有害蓝藻水华已经全球范围内增加。在未来的几十年，由于持续的富营养化进一步扩大，大气中二氧化碳浓度上升和全球变暖，很可能进一步扩大。目前已开发了几种策略，以防止或控制蓝藻水华。这些尝试有些取得了成功，而另一些不太成功的或只有短期效应。由蓝藻水华当前造成的问题及其预期的进一步扩张要求更多的努力来监测水华，同时需要进一步研究，确定蓝藻水华毒素产生的物种组成及其机制并提出合适的缓解策略。在局部和区域尺度上，蓝藻水华的防治需要有效控制水生生态系统的养盐输入。在全球范围内，限制二氧化碳和其他温室气体的排放是避免气候对蓝藻水华影响的最合乎逻辑的步骤。

水华的预防和控制

提出几种策略，以防止或抑制蓝藻水华，包括营养物负荷减少，水动力变化和化学和生物控制(图5)。这些策略中至少在有一些湖泊是成功的，但不能保证都能成功。

蓝藻水华防治策略

- (1) 养分管理通过减少外源养分输入来解决问题的根源。
- (2) 添加磷酸盐结合粘土和沉积物封盖从水体中除去营养物并将其储存在沉积物中。
- (3) 人工混合湖泊抑制浮游蓝藻。
- (4) 化学控制可用于紧急情况。
- (5) 通过去除浮游鱼类，增加捕食浮游植物的浮游动物种群以操纵水生食物网。



AgriPheno™ 订阅号 推送文章汇编(4-8月)

文/王吉生

自2018年4月下旬内容调整以来, AgriPheno™订阅号已连续4个月持续更新植物生理生态、植物表型组学和基因组学、基因分型、智能化育种及应用、激光雷达探测技术及数据分析等领域, 国内外最新资讯、战略与政策导读。本文节选了4个月来推送的代表性文章, 以供大家参阅。

植物逆境研究

植物胁迫表型的深度学习:趋势和未来

本文回顾了植物胁迫表型深度学习的最新进展, 重点关注了图像表型分析的深度学习方法, 概述了深度学习工具在植物科学研究中当前和未来的几种应用途径。

番茄繁殖性状的耐热性数量性状位点(QTL)定位

为揭示番茄耐热性变异的遗传基础, 本文分析了连续温和性高温条件下, 两个品种杂交F2代的一系列繁殖性状的表型特征, 如: 花粉活力、花粉数量、花柱长度、花药长度、花柱突起、雌性育性及开花特征, 并对这些性状的数量性状位点进行了鉴定。

表型分析:大豆对盐胁迫动态响应的量化

本文研究开发了一种能在常规温室中轻松构建、低成本的自动化表型图像分析系统。

Plant Methods:基于高光谱成像技术的大麦疾病定量评估

本文引入了一种新的高光谱表型分析系统, 该系统实现了可控环境中冠层尺度的高通量与高空间分辨率表型测量。

Crop Science:叶表皮蜡质在小麦适应高温和干旱胁迫中的作用

本文以春小麦重组近交系群体为研究材料, 旨在确定叶表皮蜡质作为干旱适应性性状的作用, 以提高小麦产量及产量稳定性。

Review: 豆科作物根系构型响应干旱胁迫的遗传多样性

本文中, 密苏里大学的HenryT. Nguyen等人总结了豆科作物根系构型(RSA)相关数量性状位点(QTLs)的最新研究进展, 以及改善根系构型提高耐旱性的最新应用。

BMC PlantBiology:低R:FR值提高番茄对盐胁迫的耐受性

本文以番茄MoneyMaker野生型和MoneyMaker光敏色素B1突变体为材料, 研究了不同的R:FR值对番茄生长和耐盐性的影响。

PhysiologiaPlantarum: 番茄对干旱胁迫、热胁迫及干热综合胁迫的生理响应

为了动态地揭示植物对干旱胁迫、热胁迫及干热综合胁迫的生理响应, 阐明单一胁迫和综合胁迫之间的关系, TongminZhao, Carl-Otto Ottosen等以两个番茄品种为材料研究干旱胁迫、热胁迫对番茄地上部和根系的影响。

阻抗流式细胞分析技术在植物激素调控小麦花粉热胁迫耐受能力研究中的应用

本文利用阻抗流式细胞仪高通量快速检测花粉发育不同阶段的活性, 确认热应激过程中花粉的耐受性, 进而进行正向遗传筛选并确认激素不敏感性对花粉发育的影响。

PNAS:深层机器视觉框架应用于植物胁迫表型研究

本文提供了一个深入的基于机器视觉的解决方案, 广泛适用于数字农业, 可以更精确并及时地对各种胁迫进行表型分析。

紫花针茅SpPIP1基因的克隆及对干旱胁迫的应答

本文中, 研究团队克隆了一个来自紫花针茅的质膜内在蛋白基因SpPIP1, 通过序列

分析、亚细胞定位、检测转基因植株干旱胁迫下的表现, 以期阐明其在植物干旱胁迫响应中的作用。

植物根系研究

Plant Soil:树木细根物候和寿命原位研究方法

本文报道了微根管法在研究细根动态领域的应用。

根系构型角度研究油菜高温/干旱胁迫耐受性

本文探讨了近年来油菜耐热性和抗旱性研究的最新进展, 重点讨论了根系缓解非生物胁迫的能力, 对比了现有植物根系构型量化方法的优点和缺点。

揭秘隐藏的一半:植物根系表型研究进展

本文综述了植物根系表型的最新研究进展, 探讨了一些有前途的新方法, 以揭示植物根系在实验室或田间条件下的生长。

根围环境重组:改变根系三维物理结构和水分动态

本文采用组合方法无损观察耐旱与干旱敏感品种鹰嘴豆发芽过程中根系的发育, 结果显示鹰嘴豆根系空间结构、孔隙大小与根系水分动态有着显著的相关性。

EZ-Root-VIS: 根系构型快速分析和可视化重构

Zaigham Shahzad等人开发了一种EZ-Root-VIS免费软件, 可以快速分析和可视化

重构根系构型, 以研究环境-基因型互作。

根系生态学研究热点之细根周转研究方法问答

根系构型和细根周转是根系生态学的两个重要研究方向, 也是当前根系生态学研究热点。本文将尝试解答一些学者提到的细根周转研究方法问题。

根系生态学研究热点之根系构型研究方法问答

根系构型和细根周转是根系生态学的两个重要研究方向, 也是当前根系生态学研究热点。本文将尝试解答一些学者提到的根系构型研究方法问题。

利用根系表型平台筛选控制水稻主根和冠状根长度的基因组区域

本文介绍了利用2D和3D根系图像分析平台量化根系构型, 筛选出控制水稻主根和冠状根长度的基因组区域。

植物表型研究方法/方案

Plant Methods:不同传感技术在高粱株高田间高通量表型分析中的表现

本文对地面车辆平台搭载的超声波传感器、LIDAR-Litev2传感器、Kinect v2相机、高分辨率相机成像阵列以及无人机(UAV)上的数码相机进行了评估, 提出了高粱株高田间高通量表型的建议方案。

表型软件应用笔记——不同水分梯度处理下青菜叶片的表型参数测定

本试验以青菜为材料, 设置4个水分梯度, 使用表型系统对青菜叶片进行表型成像, 通过软件分析, 量化青菜叶片表型数据, 得出青菜叶片表型参数。

Plant Science:生殖生长表型研究助力作物改良和生产

本文综述了近年来生殖生长表型分析的最新进展, 总结了现有的和即将出现的生殖生长表型研究方法, 重点关注了影响植物育种和作物生产的三个关键领域: 表型物候学(phenotyping phenology)、花粉发育与活

力、作物产量及构成。

RIPPS:受控环境条件下植物生长表型的定量评估

为了连续地量化植物对环境胁迫响应的表型变化, 日本科学家开发了一种自动表型分析系统, 用于评估拟南芥对各种环境条件的生长反应。

New Phytologist:一种灵活、自动化、开源的植物表型解决方案

本文提供了一种开源的植物成像和处理解决方案, 用于植物图像获取、图像处理和数据分析, 为研究植物的生物和非生物应激反应开辟新的途径。

Review:负担得起的作物表型育种解决方案

表型分析不仅取决于选择合适的研究性状和研究工具, 还取决于这些工具如何部署在承载平台上、数据获取与分析的速度与通量、处理空间变异性和表征环境条件等。本文讨论这些表型分析组件低成本的替代品, 从而构建负担得起的表型育种解决方案。

Plant Methods:玉米穗粒表型和粒重估测的高通量方法

本文报告了一种基于玉米穗数字成像(EDI)的简易低成本方法, 可进行玉米穗数量和大小、籽粒数量和大小的估测, 以及从穗部图片中估测籽粒重量。

表型软件应用笔记——花、果实的表型分析

本文讨论利用表型成像系统与专业分析软件对花卉、果实进行表型分析。

表型软件应用笔记——根系构型分析(RSA)

本文介绍了表型软件在根系构型分析(RSA)中的应用, 数字化的分析根系构型。

Plant Methods:利用时间图像序列进行植物整体表型和局部表型分析

本文的核心贡献是一种基于计算机视觉的算法, 用于自动检测单个叶片和茎干, 以计算新的组分表型, 同时公开发布基准数据集,

即UNL-CPPD。

利用无人机可见光和热红外成像估算水稻倒伏

在本文中, 研究人员在无人机可见光和热红外图像分析及田间实地调查基础上, 利用粒子群优化(PSO)算法和支撑向量机(SVM)算法开发了一种水稻倒伏识别模型。经验证, 该模型假阳性率和假阴性率均低于10%。

Review:植物表型测量传感器

本文回顾了近年来植物表型测量传感器的发展, 比较了不同传感器的测量方法及特点, 介绍了一些综合性多参数测量的高通量表型平台。

Phytopathology:植物病理学研究中常用的表型工具和方法

本文重点讨论了可见光数字成像、叶绿素荧光成像、多光谱及高光谱成像、热成像等植物病理学研究中常用的表型工具和方法。

低成本表型成像平台分析粮食作物生物量与早期活力

瑞典农业大学AakashChawade等人利用有限的条件开发了一款低成本、非破坏性、合适通量的表型平台, 以获取基础植物表型数据。

Plant Methods:基于RGB图像的田间麦穗计数算法

穗密度是决定小麦产量的主要因素之一, 人工计数非常耗时。本文提出了一种高通量、低成本、基于RGB图像, 自动估算田间小麦穗密度的算法。

如何更好的实施田间表型分析——将高通量表型转化为遗传增益

Trends in Plant Science 3月在线发表综述“Translating High-Throughput-Phenotyping into Genetic Gain”, 概述如何以有效方式弥合育种者和“表型育种者”之间的差距。

激光雷达

激光雷达在草地恢复研究中的应用

由于放牧、气候等因素的影响，部分天然草场会出现退化的现象，草场植物高度降低、密度下降、种类减少等。如何采取有效措施对草地进行维持和恢复成为重要的研究课题。本文介绍了激光雷达在草地恢复研究中的应用。

地面激光雷达 (TerrestrialLiDAR) 监测室内植物叶片运动

在本文中，MónicaHerrero-Huerta等人介绍了一种基于TLIDAR的植物叶片运动参数化方法。

基于LiDAR和3D建模的树木构型研究方法

本文验证了一种基于LiDAR、3D建模的树木构型特征研究方法。

两相机载激光雷达 (LiDAR) 对稀树草原生物量的估算

本文提出了一种两相机载激光雷达估算热带稀树草原地上生物量的方法。

新观点/新技术

Review: 整合不同学科和技术加速遗传增益、开发适应气候变化的作物

本文讨论了从种质资源库中筛选优异等位基因/单倍型的策略、基因分型和表型分析平台的开发和使用以及基因组学技术在育种中的应用，还提出了整合多学科和技术开发适应气候变化作物品种面临的挑战和机遇。

加速植物育种的全球影响:来自水稻育种的证据

为了估算加速育种过程产生的增量效益，本文开发了一种新颖、直接的方法，研究了RGA (RapidGeneration Advance) 对传统水稻育种计划所产生的倍增效应。

Review: 什么是划算的表型?不同场景下的成本优化

本文讨论了各种现实场景中表型研究的成本构成。

Review: 植物表型组学

的发展、现状与挑战

本文由南京农业大学植物表型组学研究中心周济博士主笔，介绍了植物表型组学的发展简史，表型技术的应用情况和实际问题以及表型组学的应用前景与未来展望，以期为中国表型研究提供指导和建议。

植物杂交:旧观念, 新技术

在本文中，哈佛大学的RobinHopkins等讨论了基因组学、遗传学研究手段的新进展如何变革植物杂交的研究。

Plant Methods: 高光谱成像表征植物-植物通信

本文中，Nansen等人通过高光谱成像技术研究昆虫草食引起植物叶片化合物含量的变化及植物-植物通信的途径。

Speed Breeding: 加速作物研究和育种的强大工具

该方法的核心是延长光照时间加速作物发育速度、提前采收并使用未成熟种子，从而减少生长周期。

CropQuant: 可扩展的自动化作物监测和性状测量田间表型分析平台

本文中，英国约翰英纳斯研究中心周济博士团队开发了一个可扩展的自动化田间表型分析平台——CropQuant，CropQuant专为在不同环境中轻松且经济高效地测量而设计。

FunctionalPhysiological Phenotyping: 抗逆育种和植物胁迫生理研究新工具

以色列希伯来大学Menachem-Moshelion等人提出一种新的表型研究方法，通过连续监测响应环境变化的植物生理特征，从而鉴定和比较不同水平的功能表型和生产力。

Plant Methods: 改良的X射线无损扫描技术在叶脉成像中的应用

在PlantMethods发表的文章中，JulioV. Schneider等人尝试在不使用造影剂的情况下，通过提高图像分辨率和扫描通量来改善X射线扫描技术在叶脉研究中的应用。

整合不同学科的见解进行复杂性状筛选: 谷物蒸腾效率为例

本文提出了一种将作物建模、生理学、遗传学、育种学等方面的见解整合起来，筛选作物产量相关复杂性状的综合方法。

基于核磁共振 (NMR) 测量的高通量种子分选平台

本文中，AlbrechtE. Melchinger等人构建了一个基于核磁共振测量的高通量种子筛选平台，以实现种子自动分粒、自动质量/含油量测量、自动分类分装等。该平台适用于大小、形状和含油量不同的各种油料作物，如油菜、大豆和向日葵等。

bioRxiv: 拟南芥生长动态的图像分析方法

本文提出了一种基于图像分析估算拟南芥生长动态的简易方法。该方法使用了ImageJ图像软件和R统计软件。

植物生理生态研究

Molecular Plant: 营养敏感性视角的粮食作物育种

本文综述了近年来通过植物育种对小麦、水稻和玉米中微量营养元素和必需氨基酸生物强化的研究进展。此外，还讨论了自然变异、人工诱变和基因编辑技术在粮食作物营养成分及其稳定性改良育种中的应用。

Plant Physiology: 与生物量积累相关的叶片光合参数

为了确定与生物量积累相关的叶片光合参数，本文系统地研究了由204个微核心种质和11个水稻良种组成的水稻群体的14个光合参数和4个形态学特征。

Nature Plants: 光系统II对植物光保护的动态反馈

Shazia Farooq等人利用皮秒荧光光谱技术，对完整的菠菜叶片进行了非侵入性的皮秒荧光测量，以研究在反应中心开放和关闭下的非光化学猝灭情况。

Sensors: 利用高光谱成像技术检测小

麦种子活力

本文探究了利用高光谱成像技术检测小麦种子活力的可行性。用SNV-SPA-PLS-DA模型筛选后，种子最终发芽率可达89.5%以上。

作物生理状况监测: 基于叶绿素荧光和多光谱成像的高通量方法

本研究建立了基于叶绿素荧光和多光谱成像的高通量作物生理监测方法，该系统能够以简单的方式区分典型的作物胁迫，如干旱，营养缺陷和植物病害。

ScientificReports: 利用蛋白质绝对含量快速评价种子活力

本文的目的是探索快速评估种子活力的方法。试验表明种子蛋白质绝对含量 (ACP) 与苗期植物干重显著相关。因此，ACP可用于种子活力的快速评估和筛选高活力种子。

不同碳输入途径对浅表层/深层土壤有机碳库贡献的研究

本文以长达18年的农林复合系统作为实验样地，基于土芯采样获取的SOC密度、土壤容重、SOC储量、土壤质地等，研究树木细根死亡、树木叶凋落物、作物地上地下生物量、林下草本地上地下生物量等不同碳输入途径对浅表层土壤和深层土壤有机碳库的贡献。

叶绿素荧光和P700氧化还原在植物光合作用短时调控研究中的应用

本文中，Ptushenko,V. V等人通过测量P700 (PSI) 光氧化和叶绿素荧光 (PSII) 的时间曲线，研究了白花紫露草叶片光合作用的短时调控。

人工智能/机器学习

深度学习: 植物育种中豆荚内籽粒数量的估算

本文介绍了一种基于标准CNN的深度学习方法。该方法解决了大豆豆荚内籽粒数量的估算难题，并展示了如何使用简单方法来可视化模型得到的关键特征。

贝叶斯函数回归: 现代农业高通量表型

数据的统计分析

本文讨论了函数回归分析在分析高光谱图像数据时的优点和缺点。

基于胶囊网络 (CapsNet) 的无人机水稻图像识别

本文以无人机拍摄的水稻图像为数据源，构建胶囊网络 (CapsuleNetwork，CapsNet) 模型来识别水稻图像。该方法包括三个阶段：建立图像集，图像预处理和图像识别。

植物病害检测和诊断的深度学习模型

本文采用卷积神经网络 (CNN) 模型，通过深度学习方法，使用叶片图像进行植物病害检测和诊断，成功率最高可达99.53%。

高光谱成像与卷积神经网络相结合的水稻种子品种鉴定

本文以4个水稻品种为研究对象，采用两种不同范围的光谱进行成像，研究高光谱成像结合CNN模型来鉴定水稻种子品种。

Plant Methods: 利用k近邻算法 (k-NN) 分析芒草萌发种子表型图像

在PlantMethods发表的文章中，DannyAwtyCarroll等人综合使用图像分析、ROC曲线和机器学习来评估芒草种子的萌发并比较该方法与人工评估的优劣。

无人机多角度光谱数据改进马铃薯LAI和LCC的估算

在本文中，荷兰瓦格宁根大学PeterP.J.Roosjen等人研究了通过PROSAIL模型数值反演无人机多角度光谱数据提高叶面积指数 (LAI) 和叶片叶绿素含量 (LCC) 估算准确性的潜力。

FCN法: 制作基于无人机图像的高分辨率杂草覆盖图

本文提出运用全卷积网络方法 (FullyConvolutional Network, FCN) 处理无人机图像制作高分辨率杂草覆盖图。

分享: 利用机器学习与传感器融合技术进行植物精准表型分析

人工智能 (AI) 亦称机器智能，是指由人

制造出来的机器所表现出来的智能，通常人工智能是指通过普通计算机程序的手段实现的类人智能技术。机器学习 (ML) 是人工智能的一种形式，能赋予计算机无需复杂的程序化设计的学习能力，从而产生巨大的数据量。

其他

会议 | 第五届国际植物表型研讨会 (IPPS 2018)

第五届国际植物表型研讨会 (IPPS2018) 是国际植物表型分析网络 (IPPN) 两年一度的盛会，今年由澳大利亚植物表型设施 (APPF) 主办。

会议时间: 2018年10月2-6日

会议地点: 澳大利亚阿德莱德

中科院遗传发育研究所-泽泉表型技术中心在京正式挂牌成立

2018年7月19日，由中国科学院遗传与发育生物学研究所和上海泽泉科技股份有限公司共同组建的“中科院遗传研究所-泽泉表型技术中心”开放型平台在北京正式挂牌成立。

感谢各位老师、同学的关注、推荐与积极转发，AgriPheno™将不忘初心，坚持把国内外最新资讯、战略与政策导读分享给大家，以支持到大家的研究工作。作为开放公众平台，我们欢迎大家撰写各自已发表文章的介绍投稿，分享最新研究成果。此外，如您有最新的业内信息需要推送，我们也乐意效劳。



▲ 扫描以上二维码，即可阅读以上推文。

根系生态学 研究内容与方法

文/高巧

摘要:细根作为植物地下部分重要的资源获取器官,其功能属性沿环境梯度的变化规律,能够反映植物资源利用策略及对环境变化的适应性。当前,以根系生态学为核心的地下生态学,主要从解剖、构型、化学、机械、形态、生理、细根动态、根-微生物互作和根系统9个方面开展相关功能属性研究,在细根分级、细根动态、菌根真菌、根际激发效应、地上/地下相关性、土壤呼吸等领域取得了丰硕成果。本文旨在梳理根系生态学研究热点及其研究方法,供研究学者们参考。作者认为,根系分析系统WinRHIZO Pro和根系生长监测系统CI-600作为细根功能属性研究最常用的两种方法,还有待进一步开发其应用潜力;类似于植物根系X-光扫描成像分析系统RootViz FS等新技术,为根系生态学研究注入了新的活力,让根系研究具有更多可能。

关键词:根序分级理论、先锋根/纤维根、外生菌根真菌/内生菌根真菌、细根周转、根系分泌物、自养呼吸/异养呼吸、地上/地下相关性

根系在发挥植物生理功能和生态系统功能方面扮演着重要角色。生理生态学领域(个体尺度),重点研究根系与环境之间的相互作用,比如养分/水分吸收与运输、支撑地上部分、合成和分泌根系分泌物(影响根际区域,产生根际激发效应)等;生态系统生态学领域(生态系统尺度),重点关注与根系相关的物质循环和能量流动过程,根系作为碳从生物圈(交换碳库或循环碳库,容积小、物质流动较活跃)到土壤圈(储存碳库,容积大、物质流动缓慢)的重要载体,其输入量以及滞留时间是影响大气中温室气体浓度的重要因素。但是土壤的不透明性,严重限制了根系功能的认识,生理学领域和生态学领域都有诸多亟待解决的科学问题。

近年来,国内外学者纷纷将目光转移到以根系为中心的地下生态学研究,也取得了诸多研究成果,《Science》和《植物生态学报》曾先后专辑报道相关研究成果。但地下生态学研究内容广泛,涉及土壤动物、根系、微生物等,即使作为地下生态学重要组成部分的根系生态学,不同学者的研究兴趣也迥异,虽

然有利于拓宽根系生态学的研究内容,但不利于不同物种、不同区域的研究成果相互比较,形成区域尺度、全球尺度对根系的整体认识,亟需具有引导性的研究范式出现,提升根系生态学研究系统性、可比性。

该背景下,明尼苏达大学的M.Luke McCormack等(M.Luke McCormack, et al., 2017),基于FRED (Fine-Root Ecology Database, <https://roots.ornl.gov/>),广泛收集不同环境条件下不同物种的细根功能属性,并将细根功能与形态联系起来,通过对细根功能属性进行分类,制作出细根功能属性关系图(图1),可以引导研究者对科学问题进行分解和关联,定位研究内容,并且从研究内容中提炼出具体的研究指标,筛选出相应的研究方法。该文在根系生态学研究领域已产生极大影响。

M. Luke McCormack等对根系生态学研究内容做了全面总结,但研究重点和未来趋势不突出。而Etienne Laliberté (Etien ne Laliberté,2016)从植物功能属性视角提出6个地下生态学前沿方向(图2),侧重强调与养

分吸收相关的功能属性:重新定义细根;量化细根功能属性维数;整合菌根真菌到根系生态学;拓展根系生理属性测量;认识细根功能属性与环境因子之间的相关性;理解细根和菌根真菌对生态系统功能的重要性(表1)。该文可以帮助研究学者轻松锁定根系生态学研究热点。

上述两篇根系生态学研究领域的综述性文章,虽侧重点存在差异,但相互补充,共同勾画了当前根系生态学的研究范式。

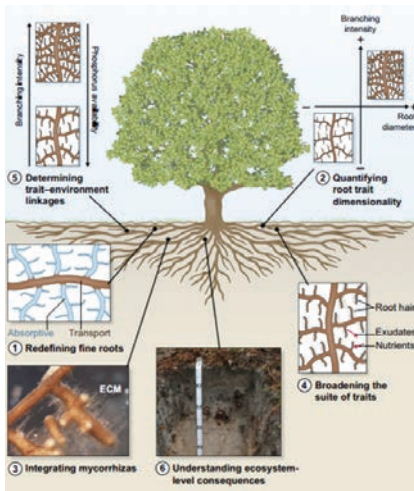


图2.植物功能属性视角的6个地下生态学前沿方向

表1.六个地下生态学前沿方向的主要问题、进一步研究建议、突出的科学问题和重要的参考文献汇总

Below-ground frontier	Problem	Suggestions	Outstanding questions	References
(1) Redefining fine roots	Trait data are collected on different root orders, complicating syntheses and cross-study comparisons	Separating fine roots ≤ 2 mm diameter into two pools (absorptive and transport) before standardized trait measurement	Adopting a standardized definition of fine roots is a prerequisite for answering all the questions below	McCormack <i>et al.</i> (2015)
(2) Quantifying trait dimensionality	It is not clear whether a root economics spectrum exists and whether variation in above-ground traits is coordinated with that of root traits	Explore correlations among below- and above-ground traits across a wide range of plant species and ecosystems	What is/are the leading dimension(s) of root functional variation? Is variation in above-ground traits coordinated with that of root traits?	Kong <i>et al.</i> (2014); Kramer-Walter <i>et al.</i> (2016); Weemstra <i>et al.</i> (2016)
(3) Integrating mycorrhizas	Mycorrhizas are ubiquitous and can strongly influence plant performance but are not given enough consideration	Classify plant species into different mycorrhizal types; measure the degree of mycorrhizal root colonization; measure fungal traits directly	Do mycorrhizas represent independent dimensions of plant below-ground functional variation? Do correlations among root traits vary among mycorrhizal types?	Chagnon <i>et al.</i> (2013); Comas <i>et al.</i> (2014); McCormack <i>et al.</i> (2015); Weemstra <i>et al.</i> (2016)
(4) Broadening the suite of traits	Too few below-ground traits are typically measured	Consider physiological traits (e.g. root exudation, respiration); evaluate whether certain leaf traits can act as proxies for root functioning; measure root hair length and density	Is root morphology correlated with root physiology?	Hobbie & Höglberg (2012); Lambers <i>et al.</i> (2015); Roumet <i>et al.</i> (2016); Weemstra <i>et al.</i> (2016)
(5) Determining trait-environment linkages	We have limited knowledge about below-ground trait variation across environmental gradients	Quantify shifts in below-ground traits (composition, diversity) across environmental gradients (e.g. retrogressive soil chronosequences)	Do trait patterns across gradients indicate different community assembly processes above or below ground? Which root traits explain shifts in plant species abundances across gradients? How do soil abiotic factors interact with soil biota to influence plant species and functional diversity?	Holdaway <i>et al.</i> (2011); Laliberté <i>et al.</i> (2015); Zemanik <i>et al.</i> (2015)
(6) Understanding ecosystem-level consequences	The importance of root and fungal traits for ecosystem functioning, particularly soil carbon (C) storage, is increasingly recognized but still not well understood	Determine which root and mycorrhizal fungal traits drive organic matter decomposition and soil aggregation	Does soil C cycling depend on mycorrhizal type? Can root and fungal traits help to predict soil C storage? How should root traits be incorporated into Earth system models?	Phillips <i>et al.</i> (2013); Bardgett <i>et al.</i> (2014); Rillig <i>et al.</i> (2015); Soudzilovskaia <i>et al.</i> (2015)

有了好的研究内容,需要相应的研究方法作技术支撑。根系生态学的研究内容涉及多个领域、多个学科,现仅就研究热点及其研究方法,做如下梳理,供研究学者们参考:

重新定义细根

随着细根研究内容的逐步深入,根序分级、纤维根/先锋根等新概念、新认识不断产生,且很快被广泛接受。

a. 细根分级

细根分级主要有两种理论,一种是按照直径大小分级,但存在诸多问题,如分级标准不统一;形态和功能异质化的多个根段,按照直径归入同一直径级;不利于不同植物细根功能属性相互比较等。另一种是按照根序分级(Kurt S. Pregitzer, 2002; Kurt S. Pregitzer, et al., 2002),末端最短最细的根尖作为一级根,生长一级根的母根称为二级根,生长二级根的母根称为三级根……以此类推。如果出现某些根段同时属于不同的两个根级,按照高级根来划分(图3)。按照根序分级理论,同一根序级在形态和功能上相对同质,有利于开展养分吸收、物质循环等细根功能研究

(Grégoire T. Freschet, et al., 2017),也有利于不同植物细根功能属性的比较(图4),但分级工作繁琐,费时费力。



图3. 细根根序分级示意图和根序分级现场工作照

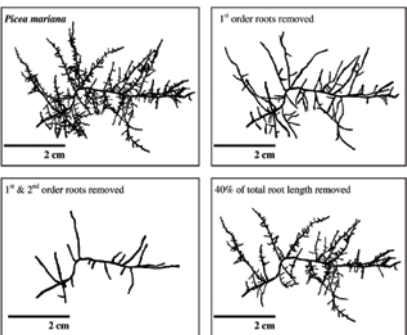


图4. 基于细根构型认识相同根序级的同质性

虽然基于图像的细根分级通常是按照直径进行的细根分级(图5),但是通过软件也可以实现细根根序分级(图6),在很大程度上可以节约人力成本,让繁琐的根序分级变得简单。

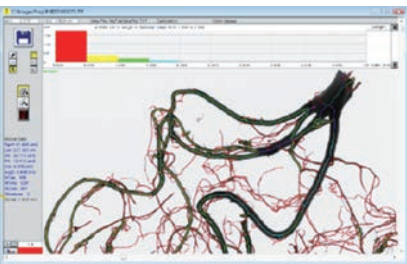


图5. 根系分析系统WinRHIZO Pro的分析界面(按照直径大小分级)



图6. 根系分析系统WinRHIZO Pro的根序分级功能介绍

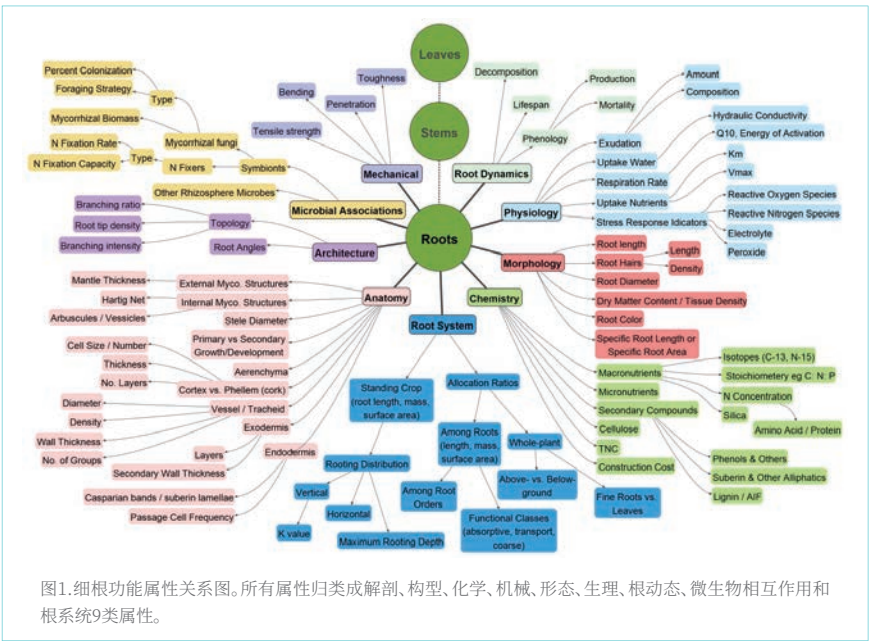


图1.细根功能属性关系图。所有属性归类成解剖、构型、化学、机械、形态、生理、根动态、微生物相互作用和根系统9类属性。

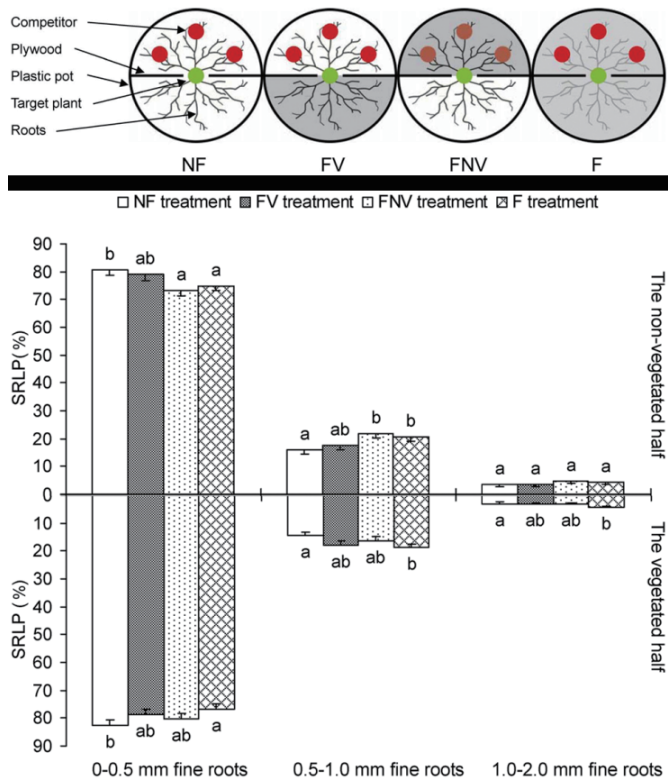


图7. 存在竞争和不存在竞争条件下细根各直径级根长占总根长的百分比。直径分为0-0.5mm、0.5-1.0 mm、1.0-2.0 mm。FV: 存在竞争侧施肥; FNV: 不存在竞争侧施肥; F: 两侧均施肥; NF: 两侧均不施肥。

表2. 长叶松各根序级形态和生物量评价

Order	Diameter (mm)	Length (mm)	Specific root length (m g^{-1})	Biomass (g m^{-2})	Total length (m m^{-2})	Total surface area ($\text{m}^2 \text{m}^{-2}$)
1	0.35 ^a (0.02)	3.2 ^a (0.2)	32.9 ^a (4.2)	13.3 ^a (2.2)	436.4 ^a (75.5)	0.48 ^a (0.07)
2	0.34 ^a (0.03)	3.5 ^a (0.2)	22.1 ^b (2.9)	9.3 ^a (1.2)	205.7 ^b (28.3)	0.22 ^b (0.03)
3	0.51 ^b (0.03)	12.2 ^b (0.8)	10.6 ^b (0.8)	15.1 ^b (1.8)	159.8 ^b (18.7)	0.26 ^b (0.04)
4	0.79 ^b (0.07)	57.1 ^b (4.4)	2.5 ^b (0.5)	14.3 ^b (2.1)	35.0 ^b (5.5)	0.09 ^b (0.01)
5	1.56 ^b (0.15)	115.3 ^b (12.7)	0.7 ^b (0.2)	26.4 ^b (4.2)	19.3 ^b (3.4)	0.09 ^b (0.01)
LLR	33.40 (3.30)	—	—	—	—	—

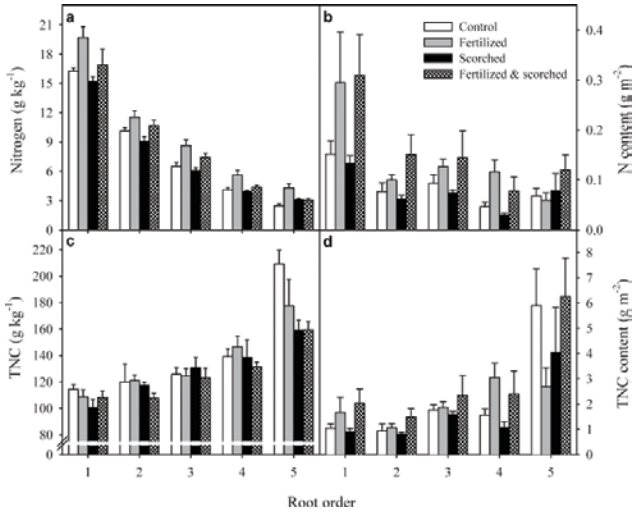


图8. 施氮和冠层灼烧对长叶松各根序级的影响。a. N浓度; b. N含量; c. TNC浓度; d. TNC含量。

南宏伟等(Nan HW, et al., 2013)以云杉幼苗为研究对象,采用洗根扫描法,通过WinRHIZO Pro软件,获取不同直径级根长、根表面积等细根功能属性指标,尝试揭示养分异质性和竞争对细根功能属性的影响。

结果表明,各直径级细根在种间竞争存在或不存在情况下,各根级根长占总根长的比例(SRLP)相当,表明种间竞争对根系生物量分配的影响较小;0- 0.5 mm径级细根是根系养分吸收的主要区域,其根长占总根长的比例约为80%,表明植物通过分配更多生物量到低径级细根,以获取更多养分;施肥处理会降低0-0.5mm径级细根的比例,表明施氮处理会缓和种间竞争和种内竞争(图7)。

郭大立等(Guo DL, et al., 2004)采用根序分级理论研究了施氮和冠层灼烧处理对长叶松细根功能属性的影响。细根形态和生物量指标随根序级增加发生显著变化(表2);细根N浓度和含量随根序级增加而减小,TNC(非结构性碳水化合物)的浓度和含量随根序级增加而增加;施氮显著增加细根N浓度,灼烧显著降低细根N浓度;施氮对TNC浓度影响不显著,灼烧对TNC浓度影响显著(图8)。

b. 纤维根/先锋根

就木本植物而言,先锋根的主要功能是扩展根系统,纤维根的主要功能是吸收水分和养分(需要注意,纤维根不等同于文献里面出现的吸收根,郭大立等把根序级前三级根视为吸收根)。先锋根和纤维根是从细根功能角度进行的分类,但通常是借助形态指标将细根划分成先锋根和纤维根(图9),其中直径是最重要的形态分类指标,颜色、真菌侵染、生长速度等形态学参数也可作为先锋根和纤维根分类的依据(表3)。

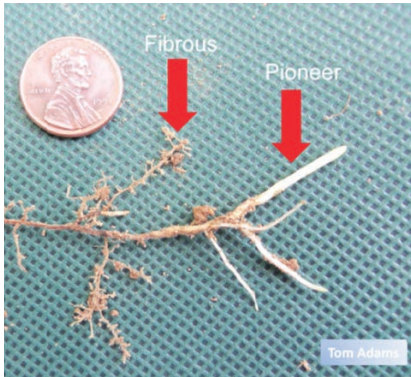


图9. 纤维根和先锋根

表3. 先锋根和纤维根对比

先锋根 Pioneer root	纤维根 Fibrous root
相对粗	相对细
生长快、长	相对短
垂直或水平扩展根系统	水和营养吸收
寿命长	寿命短
真菌侵染率低	真菌侵染率高
经历次生长	不经历次生长

先锋根和纤维根受土壤含水量或土壤养分限制的影响,可通过根系生长监测系统CI-600等获取原位彩色图像(图10),借助WinRHIZO Tron等分析软件,利用根长、根表面积、根尖、根密度、根生长速率和根分解速率等形态生理指标,呈现水分处理或养分处理的效应。



图10. 根系原位成像(先锋根和纤维根判别)

Polverigiani等(Polverigiani S., et al., 2011)研究了橄榄幼苗先锋根和纤维根对不同水分限制的响应。结果表明,先锋根的TNC(非结构性碳水化合物)浓度高于纤维根的TNC浓度;水分亏缺导致先锋根和纤维根的TNC浓度均出现轻微下降(图11)。

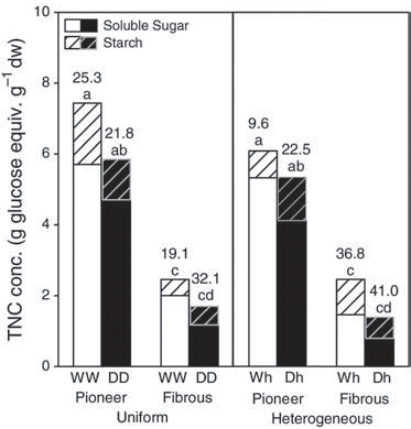


图11. 先锋根和纤维根的非结构形态水化合物浓度,分成淀粉和可溶性糖两部分。

整合菌根真菌到根系生态学

菌根真菌是植物根系养分获取的一种

重要策略,超过80 %的陆地植物通过侵染真菌,形成菌根,提高养分获取能力(Richard P. Phillips, et al., 2013);也是吸收根的一个关键性状,其作用既可以被根毛替代,也可以替代根毛在资源获取方面的作用,但是两者在吸收机制上存在差异,可相互补充。菌根真菌的菌丝较细,伸展距离可达1-2m远,可利用较大空间范围的养分,被认为是获取生长限制营养元素的主要途径;根毛较粗且伸展距离有限,一般不会超过1 cm,只能利用根际的养分,容易造成根际养分亏缺,限制植物的生长(苗原等, 2013)。

内生菌根真菌(AM)和外生菌根真菌

(ECM)是两种最重要的菌根真菌生态型(Richard P. Phillips, et al., 2013),不同的物种通常只被内生菌根真菌或外生菌根真菌中的一种侵染,且两种菌根真菌在养分获取模式上存在差异(表4;表5;图12)。菌根侵染率是菌根真菌研究领域的核心参数,受到环境养分可利用性的影响,通常采用显微计数获取。但H. Wallander等(H. Wallander, et al., 2013)在评估森林土壤外生菌根真菌菌丝生产力、生物量和周转方法的综述文章中提到,根系生长监测系统CI-600等可用于区分外生菌根真菌菌丝和腐生真菌菌丝,意味着也可用于菌根侵染率计数。

表4. 内生菌根真菌和外生菌根真菌对比

内生菌根真菌AM	外生菌根真菌ECM
种类相对少,但侵染约80%的陆生植物(大部分草本)	种类较多,主要侵染树木
AM植物通过菌丝提升养分匮乏区的P元素获取能力,在N元素获取方面的作用也有新的认识	ECM植物根尖被菌丝包裹,且菌丝向土壤延伸,相比AM菌丝周转缓慢,因此ECM真菌相比AM真菌有更大的C同化成本,可进入AM真菌不能进入的养分库
大部分AM的腐生性能力有限,在有机N含量高的土壤繁殖快	ECM真菌可侵入N限制、P限制的矿质土壤,通过释放胞外水解酶和氧化酶分解SOM
AM植物可吸收和运输无机N和有机N,主要利用无机氮	吸收氨基酸相比吸收无机N可降低同化成本,ECM植物吸收有机N
AM植物的叶凋落物分解迅速	ECM真菌分解凋落物的速度慢
AM植物细根分枝密度低,相对瘦长,皮层厚,以至于AM真菌侵染率高	ECM植物通过增加细根分枝密度,提高ECM真菌侵染率,表明细根功能属性与真菌侵染率之间的相关性 with 真菌类型有关

表5. 内生菌根真菌和外生菌根真菌对碳氮磷循环的影响

	AM	ECM	P value
Leaf litter			
Decomposition rate (% mass loss)	17.7 (2.8)	9.8 (1.6)	0.0002
C cycling			
Extractable DOC (mg organic C g ⁻¹ soil)	0.32 (0.04)	0.64 (0.06)	0.0007
N cycling			
Organic N : inorganic N	159 (28)	277 (50)	0.0768
NAGase enzyme activity (μmol h ⁻¹ g ⁻¹)	0.006 (0.0004)	0.014 (0.003)	0.0328
Nitrification (μg NO ₃ ⁻ N g ⁻¹ soil d ⁻¹)	1.05 (0.21)	<0.001	0.0023
P cycling			
Phosphatase enzyme activity (μmol h ⁻¹ g ⁻¹)	0.034 (0.004)	0.055 (0.004)	0.0009
Other variables			
Soil pH	5.23 (0.24)	4.27 (0.09)	0.0027

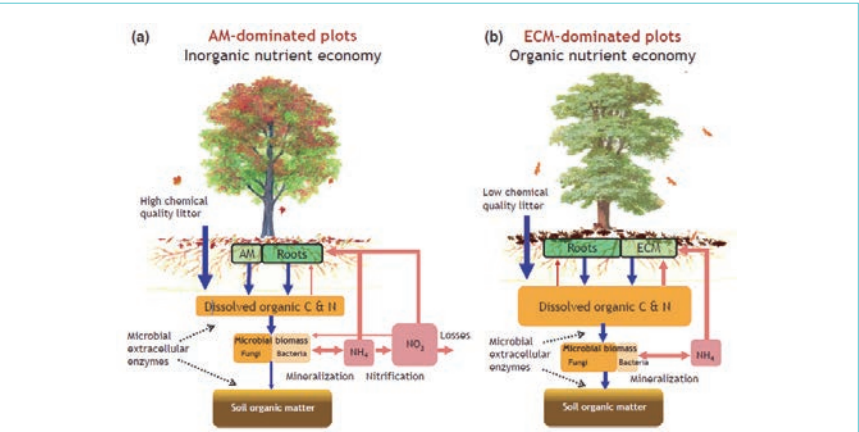


图12. 内生菌根真菌和外生菌根真菌的营养策略模式。内生菌根真菌：快速分解高质量凋落物，提高碳氮矿化速率，采用无机营养策略；外生菌根真菌：分解低质量凋落物，碳氮周转速率慢，采用有机营养策略。

拓展根系生理属性测量

a.根系分泌物

根系分泌物是根际沉积的重要组成部分，是植物根系介导的土壤有机碳输入的主要途径 (Feth el Zahar Haichar, et al., 2014)。由于植物通过根系分泌物向根际输入的化学物质，是可被土壤微生物直接利用的含C有机物，导致根际微生物数量和活性发生改变，产生根际激发效应，深刻地影响土壤有机质分解和养分转化过程。

Huajun Yin等 (Huajun Yin, et al., 2014) 采用野外原位根系分泌物收集方法 (见Phillips et al., 2008), 获取了根系分泌分泌物速率 (图13), 结合菌根真菌分类, 分析了内生菌根真菌树种和外生菌根真菌树种的根际激发效应差异 (表6)。

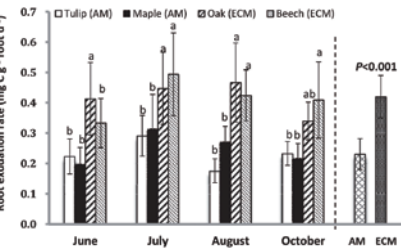


图13. 4种植物根系分泌物速率季节性动态

Tree species	FRL (km m ⁻²) ^a	Rhizo. volume (%)	RE _{4min} (%)	Root contrib. to ecosys C cycling (%)	RE _{4min} (%)	Root contrib. to ecosys. N cycling (%)
AM trees	6	18	34	43	34	6
ECM trees	22	58	56	67	56	32
Ecosystem	13	35	43	21	43	18

^a Mean fine root length for AM and ECM tree species present at GW was estimated from Comas and Eisenstat 2009 and McCormack et al., 2013.

表6. 根际激发效应和根际激发效应对碳氮循环的贡献

该文提到的根系分泌物收集方法, 可参考图14组装。

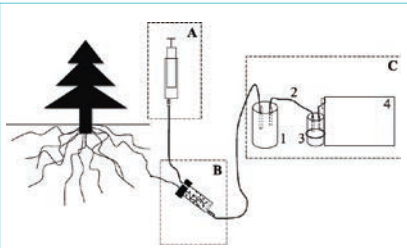


图14. 根系分泌物取样装置结构示意图。

a. 进样单元; b. 收集单元; c. 抽滤单元。
①. 抽滤瓶; ②. 硅胶管; ③. 干燥管; ④. 真空泵

b.根呼吸

土壤呼吸 (R_{soil}/μmol CO₂m⁻²s⁻¹) 是陆地生态系统碳循环过程的重要组成部分, 是异养呼吸和自养呼吸的总和 (图15)。在样地和景观尺度上受土壤温度、土壤湿度、土层深度等因素影响, 存在时空变异。大多数研究把测量的土壤呼吸通量 (F_{CO2}/mmolCO₂ m⁻²s⁻¹) 默认为实时的土壤呼吸。在长时间尺度上, 土壤里面产生的CO₂都必须从土壤表面排出, 土壤CO₂通量肯定与土壤呼吸一致。但在短时间尺度上, 土壤CO₂通量大小受CO₂产生过程 (土壤呼吸) 和CO₂传输过程共同影响, CO₂传输

注: 根际体积 (Rhizo.Vol) 是基于假设根系分泌物的扩散距离为根长1mm, 内生菌根真菌和外生菌根真菌树种平均根长 (FRL) 和直径的乘积。REC_{4min}和 REN_{4min}是土壤培养4天的净碳氮矿化速率的根际激发效应。生态系统尺度上根系对碳氮循环的贡献是通过REC_{4min}和 REN_{4min}的大小和根际土壤体积表示。该生态系统, 内生菌根真菌树种占57%, 外生菌根真菌树种占43%。

过程会导致土壤CO₂通量高于或低于土壤呼吸 (Hui DF, et al., 2004; Ryan M.G., et al., 2005; Maier M., et al., 2011)。

自养呼吸和异养呼吸在概念上的区分是很明确的 (图16), 但是在测量方法上, 还很难将自然生态系统的自养呼吸和异养呼吸分离开来, 通常采用土壤呼吸测量系统 (SRS-SD1000/SRS-SD 2000等) 测量土壤总呼吸速率 (Total CO₂ efflux from soil) 和异养呼吸速率 (SOM-derived CO₂, basal respiration), 用两者差值表示自养呼吸速率 (Rhizosphere-derived CO₂, 通常被视为根呼吸速率Root respiration)。目前用于获取自养呼吸速率和异养呼吸速率的研究方法汇总, 见表7 (Y. Kuzyakov, 2006) ;

基于土壤呼吸速率R与土壤温度之间的关系模型 $Q_{10} = \frac{R(T+10)}{R(T)}$ = e^{10b}, 常用温度系数 (温度每变化10°C, 呼吸速率的相对变化) 来反映土壤呼吸对温度变化的敏感程度。对于两个不同的测量温度T1和T2, $Q_{10} = \left(\frac{R(T_2)}{R(T_1)} \right)^{\frac{10}{T_2-T_1}}$ 。

Marjan Jongen等 (Marjan Jongen, et al., 2013) 通过土壤呼吸测量系统SRS-2000测量土壤呼吸速率, 研究了不同灌溉频率对土壤呼吸速率季节性动态的影响 (图17)。

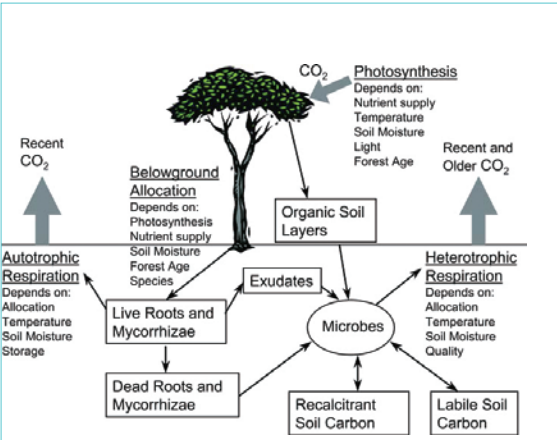


图15. 土壤CO₂通量组分和来源模型。自养呼吸和异养呼吸均受基质可利用性控制, 根和菌根真菌代谢初皮部运输来的碳水化合物产生自养呼吸; 微生物代谢死的有机质产生异养呼吸。

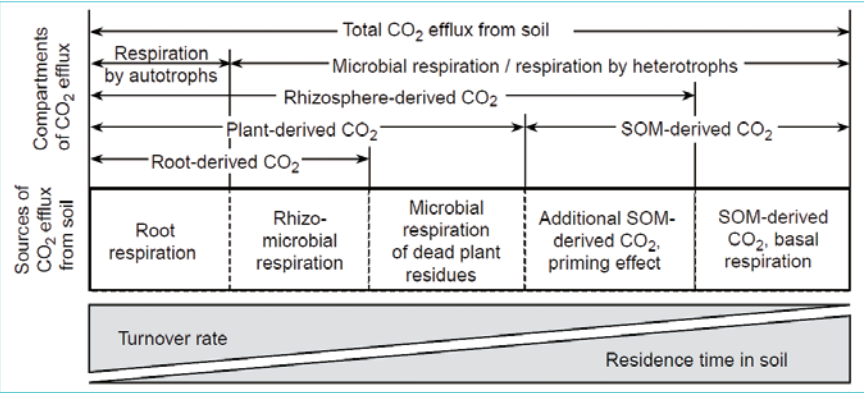


图16. 土壤呼吸和土壤碳通量各组分区分

表7. 自养呼吸速率和异养呼吸速率分离方法汇总

Table 2 Summary of methods allowing partitioning of total CO ₂ efflux from soil into root-derived CO ₂ and SOM-derived CO ₂				
Method	Principle	Use ^a	Advantages	Disadvantages
Non-isotopic methods				
Planted vs. unplanted soil = Root exclusion (Section 3.1.1.1)	Difference of CO ₂ from planted and unplanted soil	F, L	Simple, cheap, various eco-systems	Different C, N and H ₂ O budget, different MO activity in planted vs. unplanted soil results in different SOM decomposition intensity
Trenching (Section 3.1.1.1)	Difference of CO ₂ from planted soil without and with trenched roots	F	Simple, cheap, mainly forest and shrubs	Dead root decomposition should be considered; different H ₂ O and nutrient budget, different MO activity in trenched vs. non-trenched soil → different SOM decomposition
Gap formation (Section 3.1.1.1)	Difference of CO ₂ from soil with vegetation and from the soil under the gap	F	Natural formation of gaps, mainly for forest	Mainly for forest vegetation; different C, N and H ₂ O budget, different MO activity in the soils under gap and trees → different SOM decomposition; differences in above litter decomposition
Shading (Section 3.1.1.2)	Difference of CO ₂ from soil with non-shaded and shaded plants	F, L	Simple, cheap, mainly grass-lands and crops; mainly natural N uptake	Contribution of decomposition of previous rhizodeposits; RR and RMR are not completely eliminated; different H ₂ O budget, different MO activity in shaded vs. non-shaded soil → different SOM decomposition
Clipping, clear felling (Section 3.1.1.2)	Difference of CO ₂ from soil with non-clipped and clipped plants	F, L	Simple, cheap, various eco-systems	Contribution of decomposition of previous rhizodeposits; dead root decomposition should be considered; RR and RMR are not completely eliminated; different H ₂ O budget, different MO activity under clipped vs. non-clipped plants → different SOM decomposition
Tree girdling (Section 3.1.1.3)	Interruption of C flows into roots by phloem girdling, difference of CO ₂ from soil under non-girdled and girdled trees	F, L	Suitable for forest ecosystems, natural H ₂ O regime and N uptake	Forest ecosystems only; dying of trees after girdling, contribution of dying roots to CO ₂ ; different C and N budget and MO activity under girdled and non-girdled trees → different SOM decomposition
Regression technique (Section 3.1.1.4)	Linear relation between root mass and root-derived CO ₂	F, L	Simple, cheap, various eco-systems	High number of replications is necessary; overestimation of root-derived CO ₂ when big and old roots are present; frequently poor correlation between root amount and total CO ₂ ; SOM-derived CO ₂ could be biased by far extrapolation of the regression line
Component integration (Section 3.1.1.5)	Manual separation of CO ₂ sources and measuring CO ₂ from each source	F → L	Separation of 3 (or 4) CO ₂ sources, cheap, various eco-systems	Strong CO ₂ flush after disturbance and root injuries; different CO ₂ decrease after the flush → dependence of the results on the CO ₂ trapping period
Excised roots (Section 3.1.1.6)	Measuring of respiration of excised roots separated from soil	F → L	Cheap, useful for roots of various plants	Strong CO ₂ flush after the disturbance and root injuries; different CO ₂ decrease after the flush → dependence of the results on the CO ₂ trapping period; extrapolation on field conditions is inexact; SOM-derived CO ₂ is estimated as difference to the total CO ₂ efflux
In situ root respiration (Section 3.1.1.7)	Respiration of living roots placed in a cuvette located in the soil	F, L	Respiration of living roots under field conditions	Extrapolation on field conditions is inexact; SOM-derived CO ₂ is estimated as difference to the total CO ₂ efflux; water and nutrient supply in the cuvette is necessary; mainly for trees and shrubs
Isotopic methods				
Continuous labeling of shoots in ¹⁴ CO ₂ or ¹³ CO ₂ atmosphere (Section 3.1.2.1)	Growing plants in ¹⁴ CO ₂ or ¹³ CO ₂ atmosphere and dilution of root-derived CO ₂ by unlabeled CO ₂ from SOM	L	The only one fully correct and exact method	Maintenance of a constant specific ¹⁴ C activity or ¹³ C: ¹² C ratio during long time period; temperature and air moisture control in the chamber; only laboratory application, special equipment is necessary; isolation of below-ground atmosphere is necessary
Pulse labeling of shoots in ¹⁴ CO ₂ or ¹³ CO ₂ atmosphere (Section 3.1.2.1)	Short-time labeling of shoots in ¹⁴ CO ₂ or ¹³ CO ₂ atmosphere + tracing of ¹⁴ CO ₂ or ¹³ CO ₂ from the soil	L, (F)	Easier than continuous labeling, recently assimilated C is mainly considered	Uneven distribution of labeled C between plant organs and C fluxes including CO ₂ ; calculations consider mainly the recently assimilated C; calculation of root-derived CO ₂ is based on many assumptions; isolation of below-ground atmosphere is necessary
¹³ C natural abundance (Section 3.1.2.2)	Growing C ₄ plants on a C ₃ soil or vice versa + tracing of ^δ ¹³ C in CO ₂ from the soil	F, L	Reasonable alternative for continuous labeling	Only for some soil-plant combinations applicable; not precise; high variation of ^δ ¹³ C in CO ₂ ; contamination with air CO ₂ should be considered
Free air carbon dioxide enrichment (FACE) (Section 3.1.2.2)	Application of additional CO ₂ with changed ^δ ¹³ C signature compared to air + tracing of ^δ ¹³ C of CO ₂ from the soil	F, L	Suitable for various ecosystems, wide range of plants	Expensive (additional CO ₂); correct only for the first year after FACE start; not precise; high variation of ^δ ¹³ C in CO ₂
Radiocarbon dating of soil CO ₂ (Section 3.1.2.3)	Different turnover rates of SOM and recent plant-derived C flows	F, L	Suitable for various ecosystems	Weighted age (Δ ¹⁴ C) of SOM-derived CO ₂ is necessary; can be biased by bomb- ¹⁴ C; very expensive (AMS analyses)
Bomb- ¹⁴ C (Section 3.1.2.3)	Different turnover rates of SOM estimated by 'pulse labeling' of SOM by bomb-derived ¹⁴ CO ₂ and of root-derived CO ₂	F, L	Suitable for various ecosystems	Weighted age (Δ ¹⁴ C) of SOM-derived CO ₂ is necessary, control of bomb- ¹⁴ C-affected SOM is necessary; very expensive (AMS analyses)
¹⁸ O of CO ₂ (Section 3.1.2.4)	Different ^δ ¹⁸ O of plant-derived CO ₂ and soil water CO ₂ and isotopic exchange between CO ₂ and H ₂ O	-		Not applicable until now, many uncertainties: see text
^a Application in 'F' field, 'L' laboratory, 'F → L' samples taken from field are analyzed in the laboratory (is also suitable for laboratory studies).				

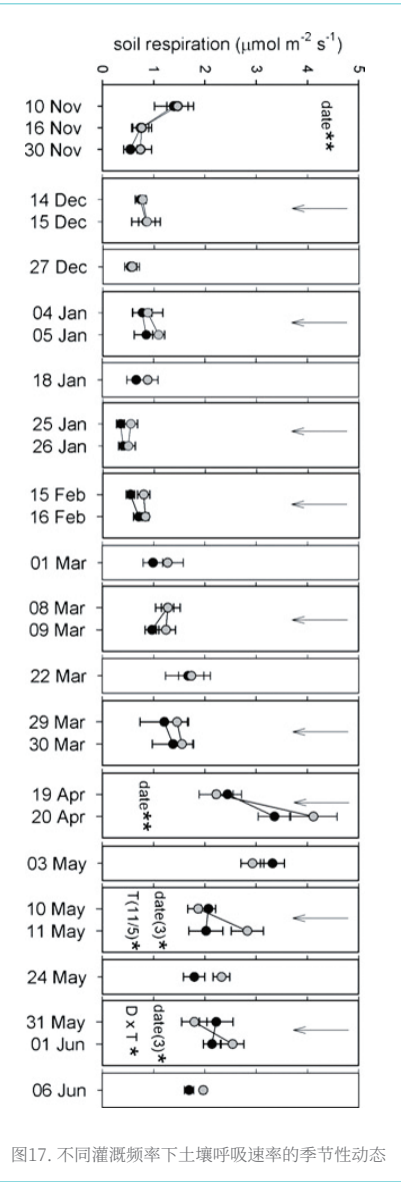


图17. 不同灌溉频率下土壤呼吸速率的季节性动态

量化细根功能属性维数

Etienne Laliberté (Etienne Laliberté, 2016)提到细根功能属性之间存在相关性,通过筛选最少的最大程度相对独立的细根功能属性,可以改进、简化全球植被动态模型,但是目前还没能筛选到这种能够表征物种之间显著差异的细根功能属性;也提到明确整株尺度上地上功能属性与地下功能属性在资源利用策略上是否具有-致性,是当前面临的一个重大科学问题。Monique Weenstra等 (Monique Weenstra, et al., 2016)认为不能直接通过地上功能属性变化推测细根功能属性(图18),已有研究发现叶寿命和细根寿命

之间不存在相关性,可能是因为叶片适应营养限制所采取的策略,是通过增加叶片寿命来减少养分损失,而细根采取的策略是增加单位质量吸收面积(如高比根长SRL)来平衡细根寿命短的不利影响。

无论在筛选能够体现物种之间显著差异的细根功能属性方面,还是在通过地上功能属性变化推测细根功能属性方面取得突破,

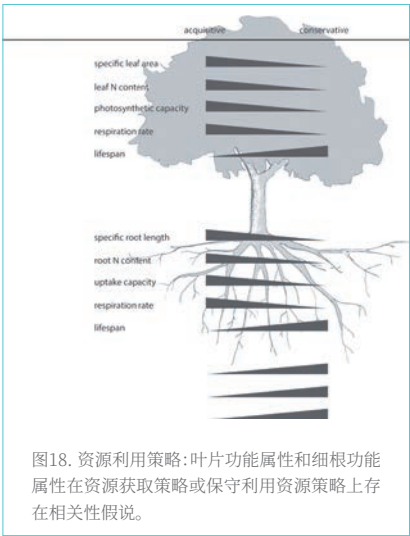


图18. 资源利用策略:叶片功能属性和细根功能属性在资源获取策略或保守利用资源策略上存在相关性假说。

都可以加深对细根功能的认识。期待见到基于FRED细根生态数据库(<https://roots.ornl.gov/>),采用整合分析方法获取的细根功能属性结构方程模型-的报道。也期待地上/地下相关性研究热潮中,能够揭示出更多的叶片功能属性与细根功能属性在养分利用策略上的相关性,进而加深植株尺度经济-济的认识。

认识细根功能属性与环境因子之间的相关性

在个体尺度和生态系统尺度,细根与环境之间均存在紧密的联系,这种联系表现为细根功能属性与环境因子之间的相关性(Grégoire T. Freschet, et al., 2017)。Grégoire T.Freschet等基于细根功能异质性的认识,认为分别测量各根序级细根功能属性,并将其按一级细根、前三级细根(吸收根)、整个根系统(不包括贮藏器官)进行归类分析(图19),对于研究细根功能属性与环境因子之间的相关性非常重要。

以草本植物的比根长为例,整个根系统的比根长是产生和维持成本高低的综合体现,是细根开拓利用特定土壤区域时权衡利弊的结果,数值越大,一方面说明开拓利用的土壤相对多,另一方面说明该区域土壤可利用性高;前三级细根的比根长是开拓利用土壤空间能力的体现;一级细根的比根长是对时间空间尺度上资源可利用性的响应。这种归类分析,可以获取到个体功能尺度更全面的信息。

土壤养分条件对细根功能属性的影响,存在复杂性,亟需深入研究,提升认识,进而促进改善农业管理措施。以氮营养为例,Knute J. Nadelhoffer (Knute J. Nadelhoffer, 2000)在综述前人研究成果的基础上,提出氮有效性对细根生产力和周转率产生影响的四个假说(图20)。

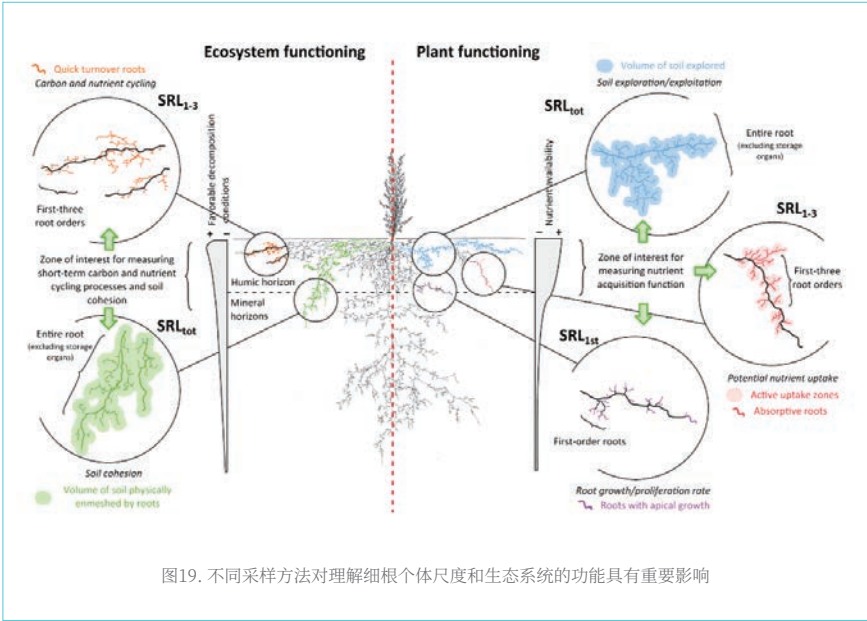


图19. 不同采样方法对理解细根个体尺度和生态系统的功能具有重要影响

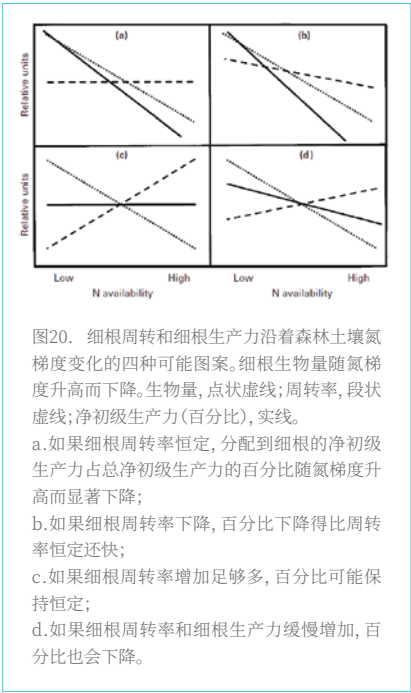


图20. 细根周转和细根生产力沿着森林土壤氮梯度变化的四种可能图案。细根生物量随氮梯度升高而下降。生物量,点状虚线;周转率,段状虚线;净初级生产力(百分比),实线。
a.如果细根周转率恒定,分配到细根的净初级生产力占总净初级生产力的百分比随氮梯度升高而显著下降;
b.如果细根周转率下降,百分比下降得比周转率恒定还快;
c.如果细根周转率增加足够多,百分比可能保持恒定;
d.如果细根周转率和细根生产力缓慢增加,百分比也会下降。

除了土壤本身养分条件会改变细根功能属性外,农药、植物激素等也会对细根功能属性产生影响。Daniel W. McDonald等(产品资料,未公开发表数据)通过植物根系X-光扫描成像分析系统RootViz FS,观察经激素处理的玉米种子萌发过程,分析根表面积、根长、根叉数等关键细根功能属性指标,发现激素处理过的种子均呈现增加趋势(图21)。

RootViz FS具有原位、立体、非破坏呈现根系生长动态等优点,特别适合植物病理、植物营养等研究领域开展精细控制条件下根系功能属性研究。

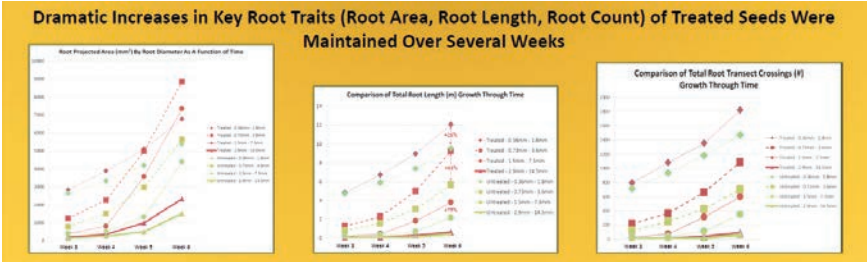


图21. 激素处理种子对根系形态建成的影响研究

理解细根和菌根真菌对生态系统功能的重要性

细根和菌根真菌在植物养分吸收中的作用,上文已有体现;其在生生态系统物质循环过程中也扮演着重要角色,陆地生态系统每年

长袋/土芯法以细根年生产力占活细根生物量之比作为细根周转率;微根管/窗法则通过获取细根中值寿命(ML, median longevity),将其倒数(即细根生物量年周转次数)作为细根周转率,该方法基于细根数量,受一级根寿命主导;13C/14C同位素法则基于质量,获取碳平均滞留时间(MRT, mean residence time,即细根寿命或细根周转一次所需时间),进而获取细根周转率。由于微根管法基于细根数量获取细根中值寿命,13C/14C同位素法基于细根质量获取C平均滞留时间(细根寿命),所以两种方法得到的细根周转率可能出现较大差异,受各根序级重量分布影响(Dali Guo, 2008)。Dali Guo,等 (Dali Guo, et al., 2008)建议用微根管法测定前三级细根的寿命,用C同位素法(最好用14C同位素法,相比FACE 13C

同位素法使用更广泛)测定四级以上根(不局限于细根)的寿命。

Amandine Germon等(Amandine Germon, et al., 2016)在法国南部城市Montpellier的Restinclières农场,以农林复合生态系统为研究对象,巧妙分层、分距离布设16根微根管,采用根系生长监测系统CI-600采集面积为21.59cm×19.56cm的彩色图像,通过根系分析软件WinRHIO Tron获取单位土壤面积根生长率、根长死亡率、根寿命和根周转等参数。该文对微根管法及相关参数计算进行了详细介绍,是少见的仅基于16根微根管数据发表的SCI I区文献(Plant Soil,该实验室前期也有基于根系分析系统WinRHIZO Pro的研究成果报道,后期又从有机碳输入角度报道了相关研究成果,可作为实验设计范例)。

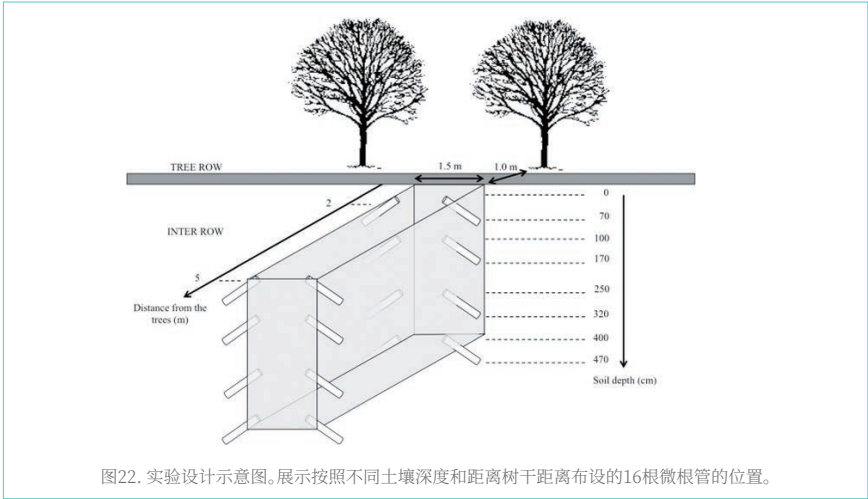


图22. 实验设计示意图。展示按照不同土壤深度和距离树干距离布设的16根微根管的位置。

正如前文所述,根系生态学涉及多个领域、多个学科,受能力所限,本文仅抛砖引玉,不对具体案例做过多分析,不足之处,还望海涵。

参考文献

1.

M. Luke McCormack, et al. (2017). Building a better foundation: improving root-trait measurements to understand and model plant and ecosystem processes. New Phytologist, 215,27-37.

2.

Etienne Laliberté (2017). Below-ground frontiers in trait-based plant ecology. New Phytologist, 213,1579-1603.

3.

Kurt S. Pregitzer(2002) . Fine roots of trees – a new perspective. New Phytologist, 154, 267-273.

4.

Kurt S. Pregitzer, Jared L. Deforest, Andrew J. Burton, Michael F. Allen, Roger W. Ruess, Ronald L. Hendrick (2002). Fine root architecture of nine North American trees. Ecological Monographs, 72(2), 293-309.

5.

Grégoire T. Freschet, Catherine Roumet (2017). Sampling roots to capture plant and soil functions. Functional Ecology, 31, 1506-1518.

6.

Hongwei Nan, Qing Liu, Jinsong Chen, Xinying Cheng, Huajun Yin, Chunying Yin, Chunzhang Zhao (2013). Effects of nutrient heterogeneity and competition on root architecture of Spruce seedlings: implications for an essential feature of root foraging. Plos one, 8(6), e65650.

7.

Dali Guo, Robert J. Mitchell, Joseph J. Hendricks (2004). Fine root branch orders respond differentially to carbon source-sink manipulations in a longleaf pine forest. Oecologia, 140, 450-457.

8.

S. Polverigiani, M.L. McCormack, C.W. Mueller, D.M. Eissenstat (2011). Growth and physiology of olive pioneer and fibrous roots exposed to soil moisture deficits. Tree Physiology, 31, 1228-1237.

9.

苗原, 吴会芳, 马承恩, 孔德良(2013). 菌根真菌与吸收根功能性状的关系:研究进展与评述. 植物生态学报, 2013, 37(11),1035-1042.

10.

Richard P. Phillips, Edward Brzostek, Meghan G. Midgley (2013). The mycorrhizal - associated nutrient economy: a new framework for predicting carbon - nutrient couplings in temperate forests. New Phytologist, 199, 41-51.

11.

H. Wallander, A. Ekblad, D.L. Godbold, D. Johnson, A. Bahr, P. Baldrian, P.G. Björk, B. Kieliszewska-Rokicka, R. Kjøller, H. Kraigher, C. Plassard, M. Rudawska (2013). Evaluation of methods to estimate production, biomass and turnover of ectomycorrhizal mycelium in forests soils-A review. Soil Biology & Biochemistry, 57, 1034-1047.

12.

Feth el Zahar Haichar, Catherine Santaella, Thierry Heulin, Wafa Achouak (2014). Root exudates mediated interactions belowground. Soil Biology & Biochemistry, 77, 69-80.

13.

Huajun Yin, Emily Wheeler, Richard P. Phillips (2014). Root-induced changes in nutrient cycling in forests depend on exudation rates. Soil Biology & Biochemistry, 78, 213-221.

14.

Phillips R.P., ERLITZ Y., Bier R., Bernhardt E.S. (2008). A new approach for capturing soluble root exudates in forest soils. Functional Ecology, 22, 990-999.

15.

M. Maier, H. Schack-Kirchner, E.E. Hildebrand, D. Schindler (2011). Soil CO₂ efflux vs. soil respiration: Implications for flux models. Agricultural and Forest Meteorology, 151, 1723-1730.

16.

Dafeng Hui, Yiqi Luo (2004). Evaluation of soil CO₂ production and transport in Duke Forest using a process-based modeling approach. Global Biogeochemical Cycles. 18(4).

17.

Michael G. Ryan, Beverly E. Law (2005). Interpreting, measuring, and modeling soil respiration. Biogeochemistry, 73, 3-27.

18.

Y. Kuzyakov (2006). Sources of CO₂ efflux from soil and review of partitioning methods. Soil Biology & Biochemistry, 38, 425-448.

19.

Marjan Jongen, Xavier Lecomte, Stephan Unger, David Fangueiro, João Santos Pereira (2013). Precipitation variability does not affect soil respiration and nitrogen dynamics in the understory of a Mediterranean oak woodland. Plant Soil, 2013.

20.

Monique Weemstra, Liesje Mommer, Eric J. W. Visser, Jasper van Ruijven, Thomas W. Kuyper, Godefridus M. J. Mohren, Frank J. Sterck (2016). Towards a multidimensional root trait framework: a tree root review. New Phytologist, 211, 1159-1169.

21.

Knute J. Nadelhoffer (2000). The potential effects of nitrogen deposition on fine-root production in forest ecosystems. New Phytologist, 147, 131-139.

22.

Dali Guo, Harbin Li, Robert J. Mitchell, Wenxuan Han, Joseph J. Hendricks, Timothy J. Fahey, Ronald L. Hendrick (2008). Fine root heterogeneity by branch order: exploring the discrepancy in root turnover estimates between minirhizotron and carbon isotopic methods. New Phytologist, 177, 443-456.

23.

Amandine Germon, Rémi Cardinael, Iván Prieto, Zhun Mao, John Kim, Alexia Stokes, Christian Dupraz, Jean-Paul Laclau, Christophe Jourdan (2016). Unexpected phenology and lifespan of shallow and deep fine roots of walnut trees grown in a silvoarable Mediterranean agroforestry system. Plant Soil, 401, 409-426.

全新叶片生理诊断技术

优化葡萄栽培技术路线的强大管理工具

文/马伯威

Force-A公司的Dualux Scientific+植物多酚-叶绿素测量计可实时快速观测植物叶片生理状况。



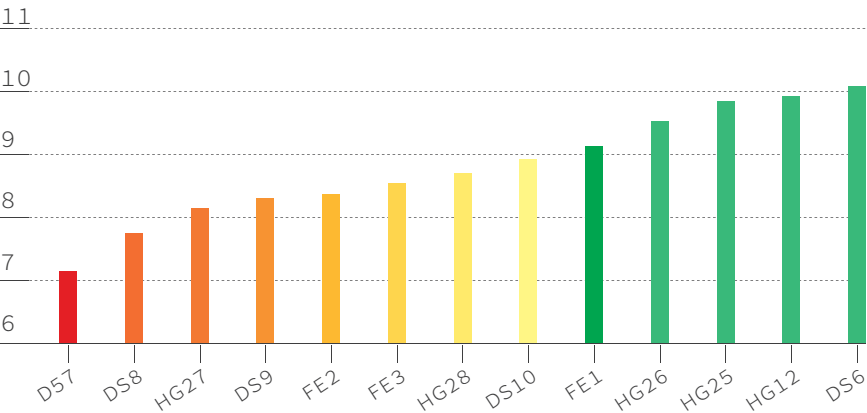


图1、NBI®(氮平衡指数):植物氮素状态

- 施肥监测管理:**
- 叶形修正
 - 固体和有机肥料输入
 - 叶片地面覆盖管理

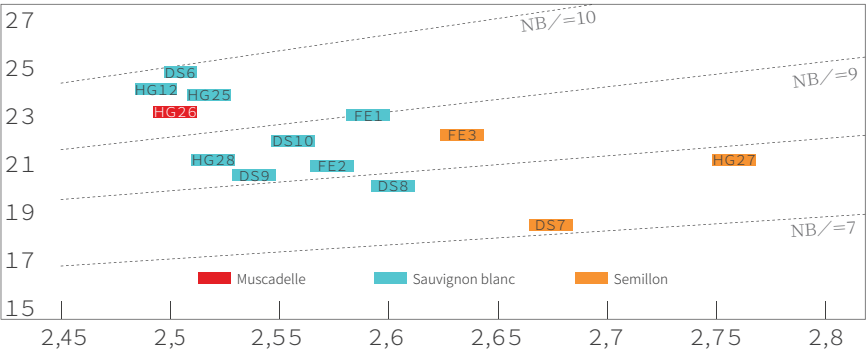
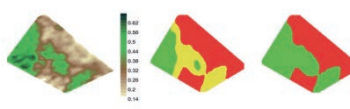


图2、叶片表面的类黄酮指数

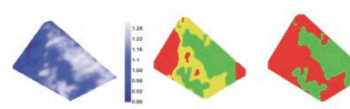
- 植物生理特征参数**
- 葡萄园的地块动态:
- 氮素状况— NBI®
 - 光合活性— Chl
 - 应激标记 (水分、营养、光照)—FLAV
 - 果实成熟度预测—Anth

叶片覆盖度绘图



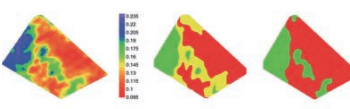
- n. 葡萄园的产量和品质
- n. 监测果实成熟度的收获管理工具
- n. 植被保护量

类黄酮含量绘图



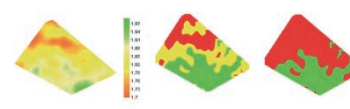
- n. 寻找胁迫区域 (水分, 营养和光照)
- n. 疾病爆发预测

氮素状态绘图, NBI®



- n. 氮素摄入量管理
- n. 葡萄生长状况管理
- n. 芳香物质提前(白素维农葡萄 白葡萄酒原料)

叶绿素含量绘图



- n. 缺绿症检测
- n. 相关区域土壤分析的查找

扫描成像流式细胞仪CytoSense

浮游植物检测分析

——原理及优势

文/王阳阳

Q: 浮游植物的天然色素如何通过激光检测?

浮游植物有天然的光合色素。

一些生物学家只是想量化浮游植物的生物量和/或初级生产力, 则可以利用主要光合色素的荧光信号: 叶绿素a - 这以典型的“红色”荧光。

另一些生物学家对是否存在“蓝绿藻”(蓝细菌)感兴趣——可以使用其他色素(辅助色素)的荧光值——通常是“橙色”和“黄色”荧光。

还有一些生物学家希望通过不同色素组成来分辨不同的藻类, 在这种情况下, 他们希望使用尽可能多的荧光通道, 以便在不同的色素群体之间产生最优的区别(如: 绿藻、蓝绿色藻类、硅藻、褐藻、红藻等)。

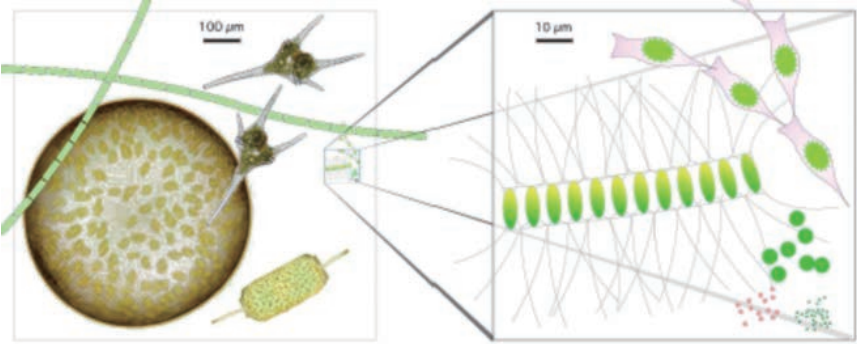
这些激发颜色之间的发射比率取决于藻类的色素组成: 例如“绿藻”只有叶绿素荧光(只有红色荧光-没有橙色和黄色荧光-这意味着极低的OF/RF和YF/RF比率), 而蓝藻可能含有很多藻青蛋白色素, 这意味着高的OF/RF比率。

请注意, 在这里只讨论色素类型: 对于物种之间的区别, 我们还必须考虑形态信息(脉冲形状)、振幅(细胞大小和色素数量)和不同散射类型的比率, 甚至是否去极化(如果需要的话)。

Q: 流式细胞仪与bbe/PAM藻类分类功能的区别?

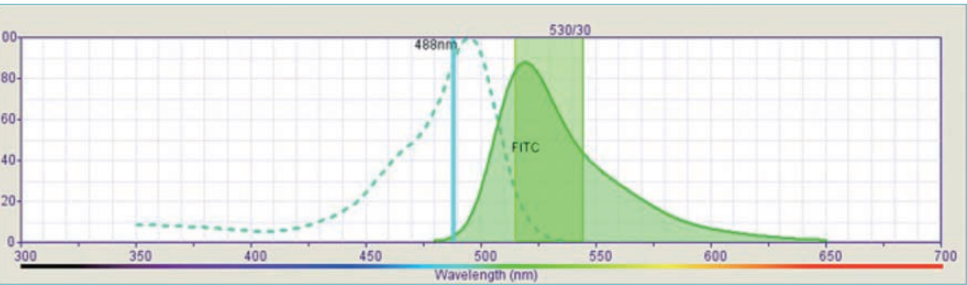
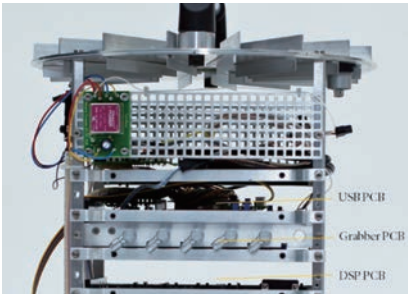
藻类中各种色素类型之间辨别, 可以通过例如多波长光源(通常是从蓝色到橙色5个连续窄波长激发带)激发色素和在主要叶绿素条带(大约685nm测量单个发射荧光实现(如bbe的荧光计、WalZ的Phyto-PAM)。但这些仪器主要测量整个样本, 因此它们只给出平均值, 对稀有或新兴物种没有很好的灵敏度。

众所周知, 流式细胞仪是一种单细胞检测仪器, 所以它对稀有和新物种的灵敏度最高。CytoSense不仅分析小颗粒, 也可分析细长的细胞, 丝状的或者成团体的藻类, 其他技术容易忽略、遗漏的颗粒。



Q: 多激光器多色流式细胞仪在藻类检测中是否更有利?

我们标准的设备, 提供1个激光器和3个发射颜色(除了前向和侧向散射)——这可以扩展为1个激发激光器和/或1个发射荧光带。这似乎适用于当今大多数藻色素类型的区分。而检测器通道的数量取决于所要检测的环境及研究领域。



然而, 当构建流式细胞仪时, 在通道中放置5个激光器和5个分离的光学探测点是非常困难和昂贵的——同时还需保持数据采集的可靠性。因此通常采用第二种最佳选择, 即一个激发光源和多个发射通道。目前我们可以在CytoSense容纳4种发射色(通常是3种), 在我们的新一代设备中, 可以放置最多6种颜色。

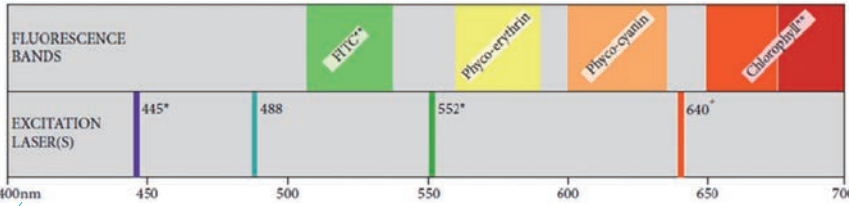
叶绿素是所有藻类都含有的色素, 因此红色荧光通道为必配; 海洋蓝细菌、红藻、和隐藻普遍存在藻红蛋白, 需增加橙色荧光通道, 因此对于海洋环境藻类的检测, 最少配置两种荧光检测通道(橙色荧光可作为区分海洋聚球藻和原绿球藻的依据); 而对于含有藻蓝蛋白的淡水蓝细菌如微囊藻等, 需要增加黄色荧光检测通道。

使用我们的标准488(蓝色)激光器, 在黄色、橙色和红色波段收集荧光, 可以很好的区分主要的藻类色素类型。如果再加一束激光, 这种识别的可能性会进一步增强——它可以在样品中发现更多不同种类的藻类色素。现有的3或4个发射波段, 每个都被两个不同颜色的激光束激发(通常是488 + 552 nm或488 + 640 nm / , 而光束是叠加的)。

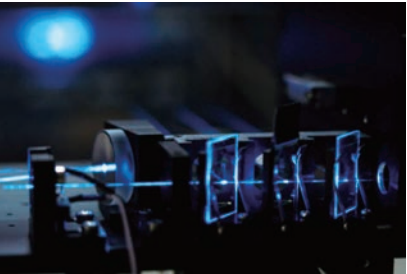
再此之前我们用解调电子器将每个发射波段分成两个通道(一个用于激光1激发, 一个用于激光2激发), 但最近的后期的实验显示, 这只增加了很少的分辨能力, 却增加了噪音水平和人工干扰。所以这个方案暂时被放弃。

在不久的将来, 我们将提供最多6个荧光波段(总共7个PMT: 1个用于侧向散射, 6个用于荧光散射-和2个光敏二极管用于前向散射)。我们仍在研究一种更好的解调器作为侧线。如果这能正常工作, 我们可以将荧光数据通道的数量增加一倍, 同时仍然对每一种发射颜色使用单一的PMT。然而, 就目前而言, 不太可能会有很大的市场需求。

另一种(更好的)方法是将每个激光器集中在流通道中的不同点上, 以分离每个激光器的不同荧光通道的发射。这些细胞在连续的时间间隔内与每个单独的激光焦点相交。每个焦点都有自己的PMT/检测器集, 它们只从特定的点收集发射光。这意味着电子设备需要多条延迟线, 并将不同的探测器信号保存在一起, 以备特定的细胞或粒子使用, 并防止粒子间的混淆。而对于可测定包括团体和丝状藻在内的大颗粒范围的

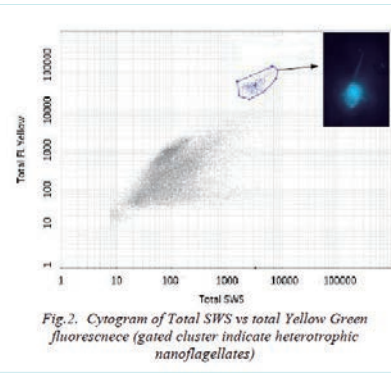


CytoSense的特殊设计来说, 这更加困难。激光焦点分开太远会导致分析的速度变得太慢。另一个缺点是, 仪器的尺寸增大了, 价格也提高了(更多的检测器和激光器), 而且对浮游植物的分析没有或很少优势, 因此我们现在不开发这种设备。这些多激光-多色机器通常用于医学中, 在这种情况下, 细胞没有自身荧光, 细胞的各种功能/成分可以通过与特定试剂的特定荧光色素结合进行定量。这并不适用于浮游植物研究——当然也不适用于原位监测, 因为这类多色分析通常是需要实验室工作。



Q: CytoSense是否可以用于检测细菌?

目前, 我们确实预计水务部门监控水中细菌的存在将非常重要。CytoSense在实验室可以很容易地完成, 而且在实验室里进行基本的分析, 不需要比现有CytoSense更多的荧光发射通道。CytoSense的灵敏度对于检测细菌来说已经足够高(可能比许多类型的流式细胞仪要好), 西班牙LabAqua公司对细菌检测进行了成功的测试。最大的问题是如何做到原位监测——因此我们开发了一种自动的细菌染色装置, 它可以与CytoSense相结合, 并能自动运行。目前, 马赛海洋学研究所已经对其进行了测试并发表了文章。(A new automated flow cytometer for high frequency in situ characterisation of heterotrophic microorganisms and their dynamics in aquatic ecosystems. MEKO International Conference on Metrology for The Sea .Naples, Italy, October 11-13, 2017)



结论: 在经典的生物医学应用中, 我们不能与3-5激光/20彩色机器竞争。这将违背我们在水域检测领域的发展方向。CytoSense竞争优势是:

- a. 大尺寸测量范围: 从检测小细胞的非常/极敏感(荧光非常敏感, 侧向散射极敏感)到检测包括团体和丝状藻在内的极大细胞;
- b. 专门为浮游植物荧光激发/发射优化配置的流式细胞仪;
- c. 定量数据采集——我们测量光子以精确地跟踪藻类细胞的生理变化——从小到大/长粒子(如微囊藻或水月藻等困难物种)具有很高的线性度;
- d. 扫描数据, 形态鉴别高, 分析速度快;
- e. 图像数据作为最终确认依据;
- f. 原位布放(无需人工样品预处理-过滤将破坏质量)您可以做船舶横断面/水下/浮标/自动化——附件如深度剖析-自动染色装置等/传感器集成。

