

泽泉快讯

Zealquest Newsletter



2018年6月第11卷第2期

Vol.11 No.2 June 2018

泽泉 快讯

Zealquest Newsletter

2018年6月第11卷第2期

《泽泉快讯》编委会

荣誉主编：顾群

顾问：徐静萍

主编：寇洁

责任编辑：王吉生

特约摄影：黄亚东

编委

苟水燕 郭峰 黄亚东 寇洁

吕中贤 沈熔 石薪楠 王吉生

王阳阳 徐静萍 张骏蕾 郑宝刚

(排名不分先后)

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

《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拥有，并受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内之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。

设计：寇洁

企业新闻

- 聚焦基因检测与大健康市场
——慧算健康、泽泉科技、华夏基因达成战略合作 01
- 泽泉科技与 Azure 在 AgriPhenoCloud
农业物联网解决方案上深度合作 03
- 泽泉科技应邀参加 2018 国际油菜基因组研讨会 04
- 2018 泽泉植物生理生态
及表型育种研讨会圆满成功 05
- 泽泉科技应邀参加第十七届中国生态学大会
助力美丽中国建设 07
- 泽泉科技应邀参加
第三届全国植物逆境生物学研讨会 09
- 泽泉科技应邀参加
陕西省植物学会 2018 年学术研讨会 10
- 泽泉科技成功参加
2018 年 CERN 生物监测新技术
与新版规范培训研讨会 12
- 泽泉科技成功参加第二届水工河工模型模拟
与量测技术国际学术会议 13

目录 catalog

2018.06

企业文化

- 隐秘的头号玩家 15
- 攀岩初体验 17
- 鹧鸪天·赠褚君行 19

行业动态

- 新一代 CytoSense 发布 20
- Ampha Z32 阻抗微流式细胞仪
——花粉活力测量的新技术 23
- 草业科学专用的叶绿素荧光成像系统
Weed-PAM 25

基因与健康

- 睡眠习惯对衰老的影响 27

科研动态

- 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 33

- PNAS: 深层机器视觉框架
应用于植物胁迫表型研究 35

- PLOS ONE: 利用扫描流式细胞仪、机器学习和无监督集群等方法对浮游植物群落和功能群体的细胞密度和生物量进行定量分析 38

技术文章

- 双通道调制叶绿素荧光仪 Dual-PAM-100
在光合作用研究中的常见结合技术（下） 43

聚焦基因检测与大健康市场 ——慧算健康、泽泉科技、 华夏基因达成战略合作

近日，慧算健康管理（上海）有限公司【简称慧算健康】、上海泽泉科技股份有限公司【简称泽泉科技】、上海三誉华夏基因科技有限公司【简称华夏基因】就项目合作、渠道整合、资源共享等方面达成战略合作协议。三方将展开新产品线开发合作、技术交流、市场推广及人才培养，充分发挥各方优势，共同聚焦基因检测与大健康市场。

人对未知，尤其是与己相关的未知，有一种复杂而微妙的情感。一方面是好奇，想要尽可能的探索自己、获取信息而消除不确定性。毫不夸张的说，这种对未来的好奇是人类进步的原动力之一。剧透人生就像考前“划重点”，知道考什么心里才踏实。

自 2008 年卫生部提出“健康中国 2020”战略研究以来，大健康理念不断在中国得到普及。虽说与美国相比，中国大健康产业的发展仍处于初创期，但在全球占有的市场份额却越来越大，并且重要性越来越强。2016 年 10 月，中共中央、国务院印发了《“健康中国 2030”规划纲要》，并指出推进健康中国建设是全面建成小康社会、基本实现社会主义现代化的重要基础。

另外，根据《2016-2021 年中国大健康产业市场运营暨产业发展趋势研究报告》可以看出，到 2021 年，中国大健康产业将达到 12.9 万亿，较 2017 年相比大概会有 2.6 倍增长。如果按年

来计算，每年将增长 27.26%。

为进一步开展新产品研发、市场推广等各方面的深度合作，华夏基因董事长杨国防先生、泽泉科技董事长顾群先生、慧算健康总经理邓锡银先生就“精准健康管理研究中心”在上海泽泉科技股份有限公司孙桥研发基地举行了揭牌仪式。

此次揭牌预示着三家公司正式达成战略合作，将共同聚焦基因检测与大健康市场，致力于为广大人群打造一套属于自己、适合自己的精准健康管理体系。

【关于慧算健康】

慧算健康管理（上海）有限公司，是国内首家提供基因数据解读和健康生活个性方案的新型高科技服务企业。慧算作为发改委首批“国家基因检测技术应用示范中心”和“高发肿瘤及遗传性疾病基因检测示范中心”，构建了基于生物数据和医学数据的知识库和智能化评价模型。慧算健康依托于强大的生物信息数据分析实力，建立起最全面的人类健康、疾病、药物等相关基因知识解读算法体系，打造了 SmartHealth 旗下全方位检测套餐和营养优选系列绿色产品，为基因数据惠民和国家大健康保障工程贡献技术力量。

【关于泽泉科技】

上海泽泉科技股份有限公司是一



合作合影

家专注于高端科研设备研发、系统集成、技术推广、咨询、销售和服務的高新技术企业。公司总部位于上海大张江国家高新技术产业开发區华师大科技园区，是国家级高新技术产业开发區的高新技术企业。公司在北京設有分公司，在广州、成都、武汉分別設有代表处。公司全體員工均具有高等教育背景，其中 80% 的技术研发、技术支持和销售人員具有硕士和博士学位，参加过很多国家重大科研项目，具有丰富的科研工作經驗与一定的学术能力。公司下设泽泉开放实验室，对外进行科研合作和项目研发；并已投资建设成国内第一套开放式“植物基因型 - 表型 - 育种”服务平台 AgriPheno™。

上海泽泉科技有限公司秉承推进中国生态环境改善、农业兴国的理念，服务涉及植物表型组学和基因组学、植物生理生态、土壤、环境气象、水文水利等领域的科研和技术支持，主要客户

为各级科研单位、大学和政府部门。

【关于华夏基因】

上海三誉华夏基因科技有限公司秉承“预防为主”的预防医学思想，从事生物科技、医药科技、基因科技、生物医药、细胞分子生物学技术领域内的技术开发、技术咨询、技术服务，化妆品销售，健康管理咨询服务（非诊疗服务、心理咨询），“华夏基因”为其注册商标。

上海三誉华夏基因科技有限公司打造了全方位疾病预防体系，为华人提供个性化、系统化的疾病预防解决方案，并致力于用基因科技造福于全球华人的健康，帮助华人远离重大慢性疾病。

泽泉科技与 Azure 在 AgriPhenoCloud 农业物联网解决方案上深度合作

作为中国专业设备和技术研发的先行者，泽泉科技自 2000 年成立至今一直秉承推进中国生态环境改善、农业兴国的理念，服务涉及植物表型组学和基因组学、植物生理生态、土壤、环境气象、水文水利等领域的科研和技术支持，服务对象主要为各级科研单位、高校和政府机构。公司先后为科技部“973”项目和“863”项目、国家科技重大专项、国家科技支撑计划、国家“211”工程和“985”工程、中科院知识创新工程、农业部“948”项目、水利部“948”项目等提供技术咨询、仪器设备、系统解决方案和系统集成服务，为项目的顺利完成提供了有力支持。

泽泉科技深耕农业科研领域近二十年，拥有相当丰富的行业经验，并与各农业科研机构保持着良好合作关系。目前对于许多农业科研研究者来说，每日往返于实验室和农场之间采集植物生长数据是一件需要耗费大量精力和时间的事情，并且在采集数据之后还需要大量的人工处理过程。为帮助农业科研人员提升工作效率，泽泉科技具有前瞻性的面向市场推出 AgriPhenoCloud 智慧农业云物联网平台，这一解决方案将当前热门的云计算、工业物联网技术引入农业种植科研领域，改变传统农业数据采集分析的工作模式，给相关从业人员提供便利。此外，泽泉科技也非常注重自主知识产权的保护，希望运行在公有云平台上的农业物联网应用和数据能够被充分的保护，从而保障自己的业务创新成果和行业竞争力。因此，

AgriPhenoCloud 作为原生基于云的解决方案，泽泉科技在该解决方案的研发中希望寻找一个可靠的公有云提供商，让自己可以专注于技术研发，而无需考虑底层基础架构的维护。

在公有云平台的选型过程中，泽泉科技的研发团队对业内的主要公有云和物联网技术提供商进行了细致的对比，最终选择了 Azure 智能云平台。之所以做出这样的选择，泽泉科技正是看中了 Azure 作为一个完全中立的云平台，Azure 只负责提供技术和云服务，而不会与客户的业务产生冲突与竞争关系，并且 Azure 在合同中明确承诺不会将用户的数据用于数据挖掘和商业目的，从而确保企业的创新和业务不会被复制，能够为泽泉科技和农业科研机构提供有效的安全保障。

在研发阶段，泽泉科技与 Azure 深度合作，并引入 Azure 合作伙伴美名软件进行相关的技术与软件开发。美名软件拥有三十年的工业自动化软件开发经验，早在 2014 年，工业物联网与工业云真正兴起之前，美名软件就已经开始了自有工业云平台的研发，并在 Azure 智能云平台上部署了客户项目，积累了丰富的知识与经验。泽泉科技与美名软件携手，将先进的工业自动化领域技术带入农业种植领域，为农业智能化产业提供稳定可靠的解决方案。该解决方案的核心功能包括：

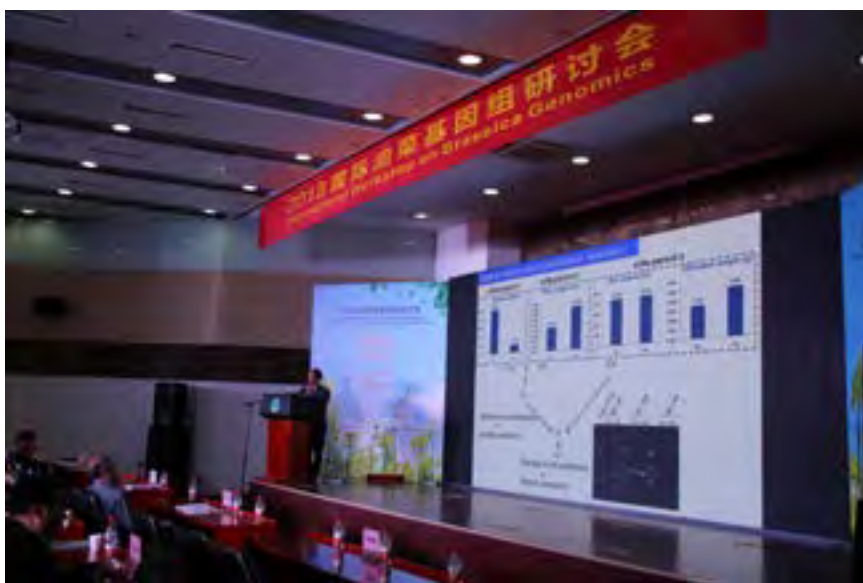
农业数据采集：AgriPhenoCloud

平台采用服务器层、数据采集层和传感器层的三层架构，数据采集层可使用 WAGO PFC200 系列 PLC 或 WAGO IoT 网关，两者均由 Azure 合作伙伴美名软件研发的 Embedded DataAgent 应用，负责将下层不同设备的不同类型信号装入黑盒，统一以 MQTT 协议与部署在 Azure 智能云上的后端进行通讯。

数据展现：部署在 Azure 智能云上的数据库和分析模块能够提供快速的数据处理与分析服务，让 AgriPhenoCloud 可以提供多种数据呈现方式，农业科研人员可选文本、饼图、曲线的方式对数据进行组态，支持任意排列。并且 AgriPhenoCloud 还针对行业特点增大了文本展示方式的字号，使得关键信息一目了然。以大数据推动农业科技的发展。

智能灌溉：将生境感知技术引入灌溉测控装备中，研发出基于 GBI (Growth-Based Irrigation) 植物生长感知技术和 BDI (Big-Data Irrigation) 大数据灌溉技术的智能灌溉控制系统。通过对生境感知数据进行分析，智能识别植物不同生长阶段，气象情况对植物需水量的影响，根据作物需求在适当的时候提供适量的水肥，最大限度地提高种植成效，实现对水资源高效管控，从而确立最优化的灌溉策略。

泽泉科技应邀参加 2018 国际油菜基因组研讨会



大会现场



展台交流



展台交流

2018年3月26-28日，上海泽泉科技股份有限公司应邀参加了在武汉举办的“2018国际油菜基因组研讨会”。会议由中国农业科学院油料作物研究所与加拿大农业部萨斯卡通研发中心共同主办，会议的主题为“芸薹属作物关键性状遗传改良中的基因组研究”，是广大油料作物遗传育种科研人员交流合作的重要盛会。

参会人员以国内科研人员为主，来自华中农业大学、西南大学、安徽省农科院、河南省农业科学院、中国农科院油料所、四川绵阳农科院、扬州大学等单位的200余人参加了此次会议。会议特别邀请了加拿大、德国、澳大利亚等国相关专家，安排了20个学术报告与相应讨论，主要集中于油菜基因组、油菜抗病性、抗裂角研究领域，供会场的科研人员和学者头脑风暴。

会议期间，泽泉科技向参会人员展示了德国 LemnaTec 表型成像系统、德国 WALZ 植物光合、荧光测量系统，种子活力测定系统，植物多酚、糖类测量系统、加拿大 CONVIRON 培养箱等，以及在乾菲诺 AgriPheno™ 开展的植物生理生态、表型、环境测试服务等，吸引了参会人员的关注。现场的技术人员与我们的老客户和感兴趣的科研工作者交流了最新研究技术及相关设备的使用技巧和心得等。会议期间收到多位客户的详细咨询和留言。

2018 泽泉植物生理生态及

2018年4月12-13日和4月19-20日，由上海泽泉科技股份有限公司主办的2018泽泉植物生理生态及表型育种研讨会分别在北京和成都胜利召开。来自北京林业大学、中科院植物所、中国农业大学、北京市植物园、天津师范大学、山西农业大学、河北农业大学、衡水学院、山西农科院、毕节市中药研究所、成都大学、成都理工大学、成都中医药大学、贵州省烟草科学研究所、黑龙江大学、辽宁师范大学、绵阳师范学院、南充市农科院、青海大学、山西省农科院、石河子大学、四川农业大学、四川省农科院、四川省原子能研究院、四川师范大学、西南科技大学、西南民族大学、云南农业大学、云南省热带作物科学研究所、中科院成都生物所、中国热带农业科学院品资所、中科院成都山地所等50多家科研单位和科技公司的近200位专家学者参加了此次研讨会。本次会议旨在更好地服务全国科研用户，促进植物表型育种、生理生态领域的研究，整合有效资源，同时促进相关研究设施和平台的建设。

来自中科院植物所、中科院地理所、中科院遗传所、中医科学院中药研究所、四川农业大学、四川省农科院、九宇金泰的多位专家学者围绕植物生理生态、植物表型、种子质量分析、农业物联网等内容作了主题报告，与参会嘉宾进行了深入的沟通和交流。



北京场合影



研讨会现场

表型育种研讨会圆满成功

作为本次研讨会主办方，泽泉科技也展示了不俗的实力。泽泉科技技术专家带来的“光合荧光联用技术及其应用”，“植物表型分析最新技术与应用介绍”，“花粉活性与种子质量分析解决方案”，“植物培养解决方案”，“植物叶片和根系功能属性研究：方法追溯”、“调制叶绿素荧光和 P700 的原理及应用”等报告内容，不仅专业，而且贴近实际，完美的解决了与会老师遇到的各种科研问题。



成都场合影



研讨会现场

本次研讨会第二天，北京会场和成都会场都安排了全天的分组讨论，以加强知识消化与沟通交流。“调制叶绿素荧光及 P700 的原理及应用”，“光合仪测量光合作用，光响应曲线，CO₂ 响应曲线”，“根系监测系统使用技巧及根系分析软件操作演示”等 3 个讨论组分次同时进行，与会嘉宾根据自己的需求自行选择轮流参加。每个讨论组主讲人专业、详细的讲解获得了老师的交口称赞，许多老师表示研讨会这种新颖的交流模式对加深技术原理及应用的理理解非常管用。

2018 泽泉植物生理生态及表型育种研讨会受到全国科研单位老师同学的大力支持，获得圆满成功，上海泽泉科技股份有限公司在此表示衷心的感谢！通过研讨会，泽泉科技进一步加强了与广大专家学者的合作，我们将一如既往的为广大客户提供优质的产品和完善的服务。



大会现场

泽泉科技应邀参加 第十七届中国生态学大会 助力美丽中国建设



展台交流



展台交流

2018年5月4日上午，由中国生态学学会主办，南京林业大学承办的第十七届中国生态学大会在江苏南京林业大学新体育馆隆重开幕。来自全国近百所高校、科研院所的2300余名生态科技工作者齐聚一堂，交流生态科学研究前沿成果，共商美丽中国建设新举措。

开幕式伊始，中国生态学学会理事长刘世荣介绍了近年来中国生态学学会从服务国家、服务社会大局出发开展的大量卓有成效的工作，以及所取得的标志性工作成果。中国科协学会学术部副部长刘宴兵代表中国科协学会学术部高度肯定了中国生态学学会为我国生态科学发展和进步所作出的重要贡献，期待学会继续秉持融合共享普惠的生态文明理念，推动生态科学的创新和科学发展。中国工程院院士李文华回顾了生态学学科百年发展史，他指出，作为当今发展活力最强的学科之一，针对科学前沿和社会需求开展研究是推进生态学学科向纵深发展的现实路径。南京林业大学党委书记蒋建清在致辞中热忱地欢迎各位领导、专家、代表莅临南林，蒋书记表示，南林期待借大会召开的契机，与同道者一起，致力于服务国家战略需要，立足于生态文明建设主战场，勇挑

重担、奋力而为，为建设绿色家园、美丽中国贡献智慧和力量。

本届大会积极响应国家重大战略部署，围绕“创新生态科学，建设美丽中国”主题，特邀中国科学院秦大河院士，中国科学院动物研究所魏辅文院士，中山大学彭少麟教授，南京林业大学博士生导师薛建辉教授分别从气候变化科学与可持续发展、野生动物保护基因组学与宏基因组学研究进展与展望、植被演替与植被的生态恢复、滨湖生态缓冲带调控农田面源污染的研究等方面做了精彩的主题报告。

本届大会为期三天，大会围绕城市群生态安全、农业生态与农业可持续发展、生态海洋等35个主题设置18个分会场。394位专家学者和青年科技工作者做分会场口头报告，90位青年生态学工作者通过学术墙报展示研究进展与成果。大会还设立了“全国生态研究生论坛”，267位优秀生态研究生在论坛上做口头报告。其中，南林大生物与环境学院陈斌等9名生态学青年骨干教师和杜妍等8名研究生参加了论坛与墙报交流。



展台交流

5日上午，大会举行了第十次全国会员代表大会，选举产生中国生态学新一届理事会。

泽泉科技应邀参加本次大会，现场为参会老师展示了WALZ光合作用解决方案、基于生态定位的表型研究方案、CID便携式植物生理生态测量设备、SEC土壤科学研究设备、Force-A植物次生代谢测量设备、CytoBuoy藻类专用流式细胞仪、GreenEyes水体营养盐监测系统、YSI多功能水质监测仪等。涵盖土壤，植物，大气，水生态各层面的调查与研究。会议现场，泽泉科技的技术人员与老用户、感兴趣的科研工作者交流了最新研究技术及相关设备的使用技巧和心得等。会议期间收到多位客户的详细咨询和留言。

绿水青山就是金山银山，良好的生态环境是国家可持续发展的重要保障，是人们生活健康密切相关的社会热点，泽泉科技将长期为各大高校和研究所提供完善的生态研究解决方案，致力和生态研究工作者一道为全国的生态环境日益美好而共同努力。

泽泉科技应邀参加 第三届全国植物逆境生物学研讨会

泽泉科技应邀于 2018 年 5 月 16 至 19 日参加了在河南开封举办的第三届全国植物逆境生物学研讨会。本次大会由中国农业大学植物生理学与生物化学国家重点实验室、西北农林科技大学旱区作物逆境生物学国家重点实验室、河南大学棉花生物学国家重点实验室、中国科学院上海植物逆境生物学研究中心主办，河南大学棉花生物学国家重点实验室承办，吸引了来自河南农业大学、河南大学、河南省农业科学院、中国农业大学、西北农林科技大学、中国农科院、兰州大学等全国 30 多个科研机构及院校的近 1000 名专家学者参会。

会议期间，泽泉科技与参会老师热烈讨论了许多技术问题，推广了很多结合实验的技术解决方案。例如，与来自河南科技大学、中国农业大学、兰州大学的老师探讨了根系研究的解决方案。很多老师都在寻找原位测量根系的方法，而美国 CID 公司的 CI-600 和 CI-602 就是一种能够提供原位测量根系仪器设备，该设备利用微根窗原理，配合预埋的透明根管，逐段扫描生长在地下植物根系，最后通过软件分析根系生长发育情况。另外，我们还可以提供一种 X 光根系扫描技术，植物生长在特殊的对 X 光无干扰的容器和基质中，能够动态地监测和分析植物根系的整个生长过程。X 光根系扫描系统能够测量最长 1m 的根系，解决了同类 CT 产品只有 25cm 测量范围的局限问题。同时，



大会现场

该 X 光扫描系统还能够测量植物果实、种子等，应用范围广泛。

我们还与参会老师探讨了植物培养、植物光合荧光测量、植物多酚测量、种子性状测量等植物生理生态先进技术解决方案。泽泉科技在会场展示的“高通量植物基因型-表型育种平台”——AgriPheno™，也深受专家学者的欢迎，大家热烈讨论了如何从基因型过渡到表型研究，表型研究对分子育种有哪些帮助以及我们为什么要运用高通量的技术手段来研究表型。



展台交流

泽泉科技应邀参加陕西省植物学会 2018 年学术研讨会



大会合影

2018年5月19-20日，由陕西省植物学会主办，咸阳师范学院承办的陕西省植物学会2018年学术研讨会在陕西省咸阳市成功召开。本次研讨会主题为：植物系统与进化研究与生态环境文明建设。上海泽泉科技股份有限公司应邀参加本次会议。

来自兰州大学、复旦大学、中国科学院植物研究所、西安交通大学、西北大学、西北农林科技大学、陕西师范大学、北京中医药大学、陕西中医药大学、延安大学、宝鸡文理学院、西安文理学院、陕西学前师范学院、咸阳师范

学院等单位的100多位代表参会，66位代表提交了大会论文，27位代表进行了学术交流报告。大会特邀中科院植物所孔宏智研究员、兰州大学刘建全教授、复旦大学杨继教授，分别以毛茛科与花的进化发育、横断山植物相应温度升高的分布变迁、基因的表型效应与基因表达的生态和发育情境为题做了大会报告，与参会代表进行了深入的探讨交流。

上海泽泉科技股份有限公司在现场设置了展台，向参会代表展示了德国 LemnaTec 表型成像系统，德国 WALZ



大会现场



展台交流



泽泉展台

植物光合、荧光测量系统，美国 CID 便携式测量仪器，植物多酚、糖类测量系统，加拿大 Conviron 培养箱等，以及在乾菲诺 AgriPheno 开展的植物生理生态、表型、环境测试服务等，吸引了众多新老客户前来咨询交流最新研究技术及相关设备的使用技巧和心得等。

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。

泽泉科技成功参加 2018 年 CERN 生物监测新技术与新版规范研讨班

2018 年 5 月 21 至 24 日，泽泉科技应邀参加了在湖南常德桃源站举办的 2018 年 CERN 生物监测新技术与新版规范培训研讨班。本次培训班由 CERN 生物分中心主办，桃源农业生态试验站承办。本次研讨班特别邀请多位专家在大会上做了植物物候、大型动物观测、群落调查、区域生态评估、遥感技术的应用、3D 技术在植物群落的应用等报告。同期还进行了生物监测规范、新修订指标体系和规范的研讨。泽泉科技此次展示了 WALZ、CID 产品，展示了 3DRobin 应用。来自 CERN 生物分中心以及全国各地 40 个生态站的专家和学员共 100 余人参加了本次培训班。

会议间隙，桃源站、千烟洲站、北京师范大学、禹城站、策勒站、沙坡头站等单位的老新用户来到泽泉展台进行产品和技术沟通交流。通过跟各位与会老师的沟通，我们对生态站的科研动态、技术需求有了进一步的了解。泽泉科技祝贺大会圆满成功。



大会现场



展台交流



大会现场

泽泉科技成功参加 第二届水工河工模型模拟 与量测技术国际学术会议

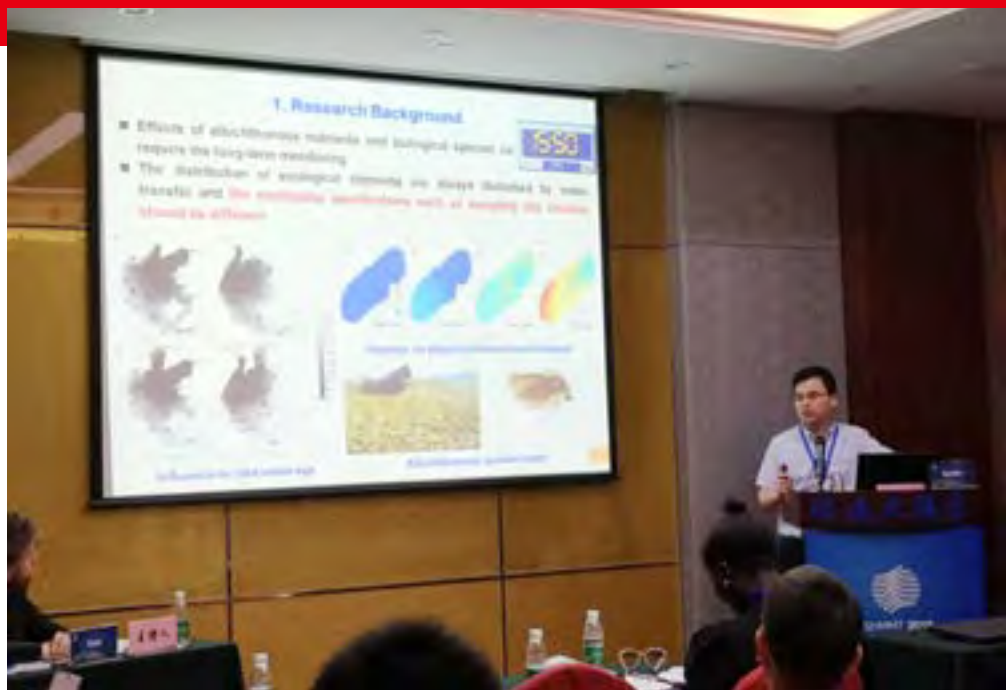
2018年5月29日-6月1日，由南京水利科学研究院、国际水利与环境工程学会和河海大学联合主办的第二届水工（河工）模型模拟与量测技术国际学术会议在南京成功召开。大会围绕“模

拟与量测技术在水科学研究中的重要角色”这一主题，特邀国内外专家分享水工（河工）物理模型试验、数值模拟计算、原型观测、量测仪器等方面的最新成果，泽泉科技作为水文水利测量仪器

设备供应商应邀参加，为水科学研究提供解决方案与技术支持。

南京水利科学研究所水工水力学研究所所长吴时强在开幕式做了开场介绍。大会共三场主旨报告及七个分论坛，分别对水工模拟与量测技术，河工模拟与量测技术，生态环境模拟与量测技术进行新技术的探讨以及经验和应用案例分享。大会同时设置了研究生学术沙龙和参展商模拟与量测技术宣展。泽泉科技产品经理黄亚东做了“水利水电工程鱼类通过情况的声学自动监测”报告，介绍了回声探测技术在水利工程中鱼类洄游的生态行为的监测应用。

本次会议，泽泉科技同时展示了 YSI 水质监测系统、藻华在线监测解决方案、GreenEyes 营养盐原位监测系统等，引起了与会专家的广泛关注。在此对会务组老师的大力支持表示衷心感谢！



现场报告



报告领奖



展台交流



隐秘的头号玩家

文 / Lily 图片来源于网络

贫民区里，男主韦德跟姨妈以及她那个有暴力倾向的男友一起生活，他们的邻居，那个时代的芸芸大众，都像南朝离不开四百八十寺一样，一心皈依一个戴上 VR 设备就能忘却眼前事的伟大游戏——绿洲。这个游戏，由一个叫哈利迪的天才花费了从少年到耄耋的一生全情打造。临死之前，他发布公告征集头号玩家，胜利者可以获得巨额财产以改变命运，同时还可获得掌管游戏世界的权力。大家都在跃跃欲试，因为游戏世界里人人平等。

命运之神最终把幸运“扔”给了年青男孩儿韦德。他在谨遵提示并全情代入哈利迪一生的过程中获得了诸多顿悟，最后成功通关。三次通关及一次考验背后折射的价值观，认真观影的人都不难感受，此不再赘述。我当然不认为一个人可以轻易地获得顿悟，更多时候，少年的思想能在某刻醍醐灌顶往往是因为发生了一些生活的巨变。电影中韦德的现实经历如能更丰富一些，他的顿悟可能生发得更为自然，至少看起来不会像是命运随随便便扔给了某个人一份运气。不过，这并不是重点。

能成功把导演个人价值观输出的片子，大多我都喜欢。头号玩家，看不懂数百个彩蛋的我，看到了一个埋在心里很久了梗——我们为什么要玩游戏？

大二时被安利“植物大战僵尸”，几乎不玩游戏的我，以及宿舍的其他少女们，全情投入课余时间，想尽办法通关。事实证明，那并不难。通关的感觉是很奇妙的，通过第一关就会被未知的第二关吸引，完成第二关就迫不及待地研究第三关，仿佛游戏是一个可以证明自己智力和能力的新渠道，在领先其他同学的情况下、或者分享通关秘籍的时候，确实是有一种难以明说的快乐。为了通关，我努力收集向日葵产生的能量并以此购买道具，直到某天隔壁寝室有个女孩子兴冲冲地跑来一脸明媚、手舞足蹈地告诉我们，给向日葵吃咖啡豆的时候，向日葵摆动的频率会加快，整个向日葵田里集体超快速摆动的场面超级可爱。看到她眼睛里抑制不住的兴奋的那刻，一刹那间我浑身冰凉，并且意

识到——我，可能并没有在享受游戏本身，我只是在心急地花时间证明着些什么。

亚当奥尔有本书叫《欲罢不能》，里面戳穿了目前大多数网络游戏的阴谋诡计，它们是从这六个方面让我们上钩的——

1. 设定诱人的目标
2. 提供不可抗拒的积极反馈
3. 让你毫不费力就感到进步
4. 给予逐渐升级的挑战
5. 营造未完成带来的紧张感
6. 增加令人痴迷的社会互动

你看，植物大战僵尸是这么一回事，目前市面上的大多数游戏是不是也无非就是这么一回事呢？而这些诱人的诡计里没有一条关心我们是否快乐。

艺术概论的开篇说的是艺术的起源，众多学说里我最推崇“游戏说”。这个学说认为，艺术活动是无功利无目的自由的游戏活动，是人与生俱来的本能。康德、席勒、斯宾塞等人为此学说打 Call，不断演进的游戏说有了几个关键词“无目的”“冲动”“过剩精力”等等，康德在此基础上还提出“美



是一种无目的的快乐”。我不强调艺术的起源，却要借用他们对游戏说里“游戏”二字的修饰作为文字铺垫。即，游戏是有着过剩精力的人们进行的自由而无目的的本能活动。它的本质和特点，是一种快乐。

反观我们周身沉迷游戏的朋友，有多少是牺牲了正常社会生活时间而游戏的玩家？有多少是牺牲了个人正常休息时间而游戏的玩家？有多少是为了在朋友圈里排名靠前而不惜重金添置道具的玩家？我不知道他们的心理活动，但我在他们游戏的时候，鲜少看到过快乐的表情，更多的是麻木或者眉头紧锁的表情。我猜，这样的玩家已经掉到了欲罢不能的陷阱里去了吧。

拿宏观的游戏精神来烹饪当今的网络游戏，似乎有点不公平。但如果一道菜没有了色香味，我们还能说做菜的那位是个厨子吗？所以我说，《头号玩家》里的男主不是头号玩家。一切沉迷网络游戏的人，即便是排位赛已经打到第一名的玩家，都不是真正的头号玩家。网游、手游的领域里，头号玩家，不存在的。

头号玩家会在哪？你去看啊！哪里有欢声笑语、哪里有心满意足，那里一定至少有一个头号玩家。

READY PLAYER ONE

THE ADVENTURE IS BIGGER IN



攀岩初体验

人生最遗憾的，莫过于轻易地放弃了不该放弃的，固执地坚持了不该坚持的。

——柏拉图

文、图 / 王阳阳

清明小长假，和同事一起去了浪漫的星空艺术馆。结束后，当我提出想去攀岩的时候，没想到一拍即合，于是，便有了这第一次的体验。确实，对于我这样的胆小鬼，假如没有人陪伴，我也是很难迈出这第一步。

一直觉得攀岩是一种酷酷的运动，我这样怂的人却有着一种莫名的带着害怕的渴望。对于我来说，这项运动意味着勇敢，力量和坚持不懈。而这些，正是我一直想要具备的品质。其实我是个连过山车都害怕的胆小鬼，每次出差飞机的颠簸也总是让我吓的浑身发软，可内心却总渴望去做一些有挑战的事，没尝试过的新鲜的东西，我都想去试试。而且，室内攀岩，也不算极限运动，总归是脚下有支撑的。

在来到攀岩馆之前，我简单的以为，只要有足够的臂力，爬到顶也没那么困难吧。于是，检测装备，热身，教练简单介绍之后便开始了攀爬。讲真，上去之前跟之后的感受真的不太一样。健身锻炼也快两年了，我以为自己力量上

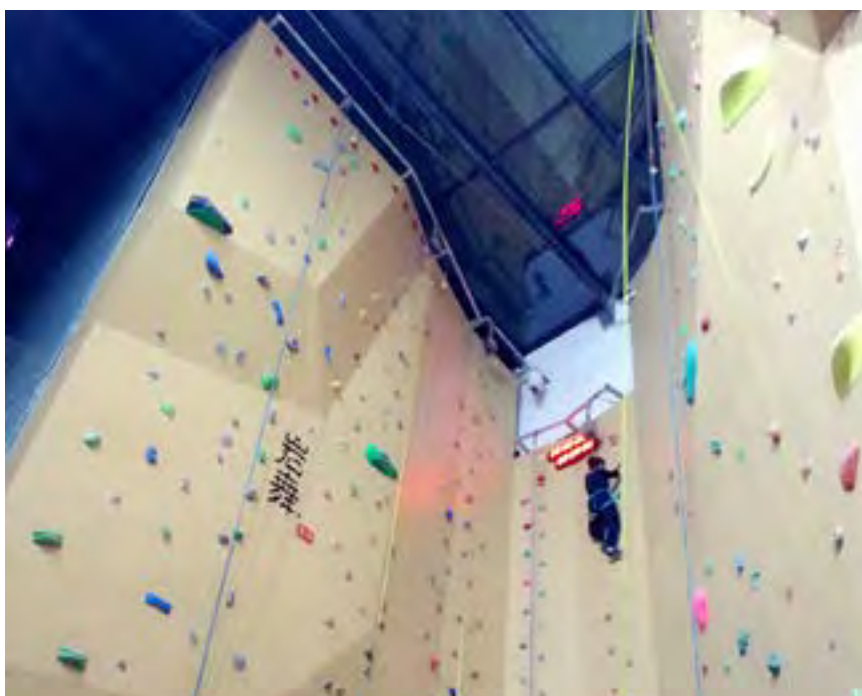
应该有一些了，但事实是，手臂力量严重不够啊，每往上挪一步都感到手的力度不够，而且有些挂点太小或太滑，根本无法抓住。我挂在岩壁上，手指紧抠着岩壁，但没有力气多坚持一秒，更别提移到下一个挂点，脚下更是进退两难。既然上不去了，那么下去恢复下体力再来吧。然后，我便遇到了最最恐怖的问题：我要跳下去！虽说有安全绳，教练也一直说这绳子可以吊起一头大象，可是，我真的很！害！怕！一边是已经坚持不住的体力，一边是恐怖的自由落体，这恐怖的感觉居然让我在上面大约坚持了一分钟的时间进行思想建设。但是怎么办呢，已经爬到半墙腰的我，根本不能等到谁的救援，要么坚持不住了自行滑落，要么按照教练的指令规范下落保护自己不被墙壁撞倒。岩壁上

的我想到的，是即将掉下悬崖的、对死的恐惧。也许很夸张，但是好像是第一次真实的感受到绝望。那种无力的、绝望的感觉，突然让我体味到极限运动的魅力。

第一次下来的时候，腿软到不能站立。练习了几次之后，我知道攀岩不是靠蛮力的引体向上，而是要配合脚下的平衡，而且，在选好一条路线之前，一定要提前计划好每一个落点和挂点，避免在半路无路可走的境地。后来，竟有了熟练的感觉，同事说，我从顶上下来的时候，简直像个老手了，稳稳的站回地面。我似乎克服了对失重的恐惧。

恐惧，来自于害怕失控，勇敢，在于在害怕之下依然去做了尝试。恐怖的情绪真的很糟糕，因为它意味着你不能专注于正在做的事情，你关注的是失败的后果。而且，你会在身体要放弃之前，自己已经考虑放弃。比起做平板撑多坚持一秒的挑战自我，这种感觉更浸入灵魂，像是置之死地而后生的顿悟。

快节奏的城市生活常常让我们压力重重，平日里江河湖海安装设备，或往奔波于展会推广和客户 ABC 之间，总是希望把自己当成个战无不胜的小战士，生怕一个不留神，被后浪拍在沙滩上。而运动的精神，除了不认输和不服输，也教会了我从容淡定，有目标，有计划，更重要是更自信。





鹧鸪天·赠褚君行

文 / 史建国 图片来源于网络

林断山明忘水长，十年无憾亦无妨。

鹰击穹顶飞双翼，龙霸深渊翻四章。

新柳绿，旧亭长，

吴姬只懂劝壶觞。

行人去棹依波转，留待居人饮画堂。

行业动态

新一代 CytoSense 发布

经过电子工程师和软件工程师几个月的研发测试，CytoBuoy 发布了新一代 CytoSense 流式细胞仪，并于 5 月份发往中国用户。



新特性

同时分析更多样品
每次分析可获得 1000 张高质量颗粒照片
预留更多空间用于后期增加模块和升级
更低功耗

新一代 CytoSense 有哪些技术创新和改进?

硬件

全新的带数字信号处理器 (DSP) 的电子元件单元

噪音水平 (最低信号水平) 从 5mv 降低至 0.625mv

最大信号水平从 5000mv 增高至 7500mv

低噪音, 信噪比提高

目标成像可适用于所有通道: 可以利用粒子扫描功能来对更多定义好的粒子群成像。

数据流从 Cytosense 到 PC 实现连续: 泵入体积与分析体积相同, 可更快更有效的分析设定体积的样品

不再配置单独的 DSP 模块: 更加节省功耗

软件

随着带有新的的电子元件的 CytoSense 诞生, 最近 CytoUSB 和 CytoClus 也已经发布。

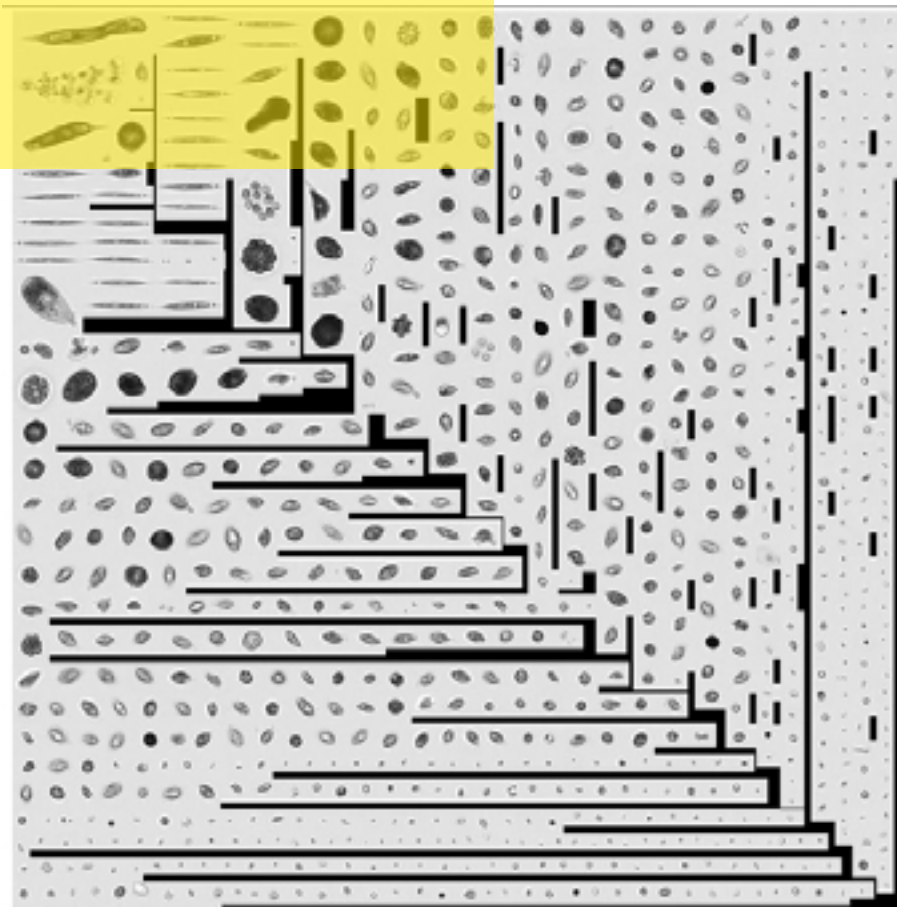
CytoUSB 5.8

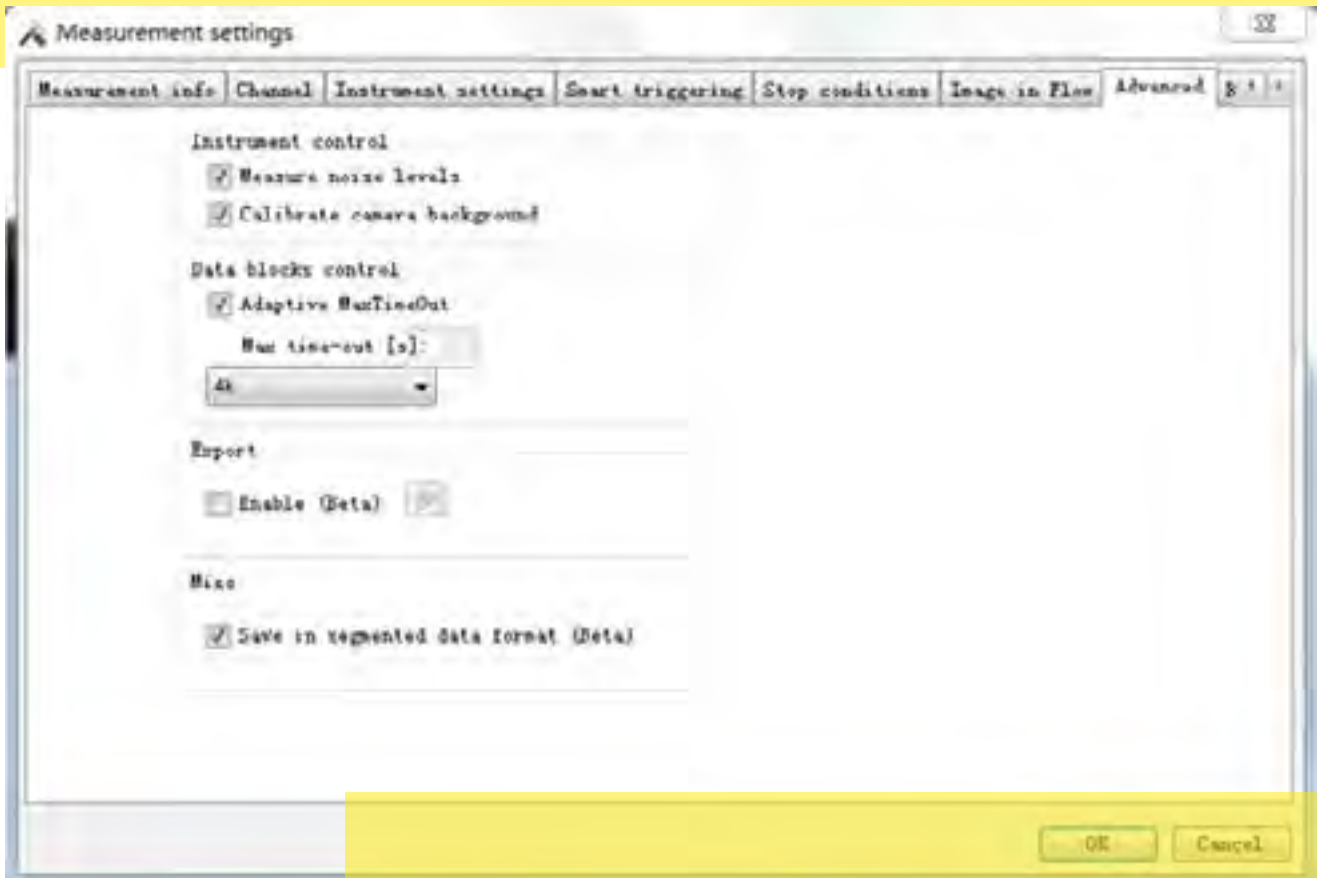
新版软件可保存更多信息, 测定更多颗粒且每个测量文件可获得最多 1000 张照片

从这个版本开始, CytoUSB 更新为 64 位软件, 安装前需先卸载旧版本软件
旧的数据格式也可以在新版软件中使用。

CytoClus 4.5

只需在旧版软件基础上更新即可。





新的 CytoUSB 软件（5.8 及更高版本）获取的数据和旧软件（5.7 及以前）获取的数据可以进行对比吗？

可以，但是只能使用新的 CytoClus(4.5 或更高版本)。也就是说旧版本(4.4 及以前或者 CytoClus3)保存的 workspaces 不能继续使用了。

或者，您可以开始使用新的 CytoUSB(5.8 或更高版本)，并选择在以前的数据格式(使用旧的 CytoUSB[5.7 或更早的版本])中测量的设置选项。这将允许您使用旧的 CytoClus(4.4 和早期版本 Cytoclus3)与之前的数据进行比较。这里我们介绍了如何在使用新 CytoUSB(5.8 或更高版本)时，参考之前的数据格式，建立一个测量。新建测试之前，需做如上图设置。

Ampha Z32 阻抗微流式细胞仪 —花粉活力测量的新技术

花粉不仅是植物遗传、育种、进化、生殖的重要研究对象，也是孢粉分析、蜂群培育、药物制造、医疗及生理实验的重要材料。在农业生产及常规杂交育种中，花粉质量直接关系到后期结籽率及作物的产量，因此研究花粉的活性和育性成为不可缺少的基础性工作。花粉活力是花粉具有的生长、萌发、或发育的能力。掌握快速、精准分析花粉活力的测定方法，对于提高育种效率具有重要的作用和意义。

目前，花粉活力检测主要的研究方法有基于荧光染色的流式细胞分析法、显微镜观察法、萌发率测定等。这些方法往往操作复杂，需要有专业人员花费较长的时间进行预处理，需使用染色剂、测量通量低且重复性差，实验结果受人为因素影响较大。如图 1，当使用基于荧光信号的流式细胞分析方法时，预处理时间长，实验结果可重复性低；当在显微镜下观察时，我们可以观察花粉的形态特征，但却不能得到量化的形态参数。

针对这些情况，瑞士 Amphasys 公司基于传统流式细胞法和库尔特计数法，研发出一款利用阻抗微流式细胞分析技术测量花粉活力的新设备—Ampha Z32，揭开了花粉活力研究的新篇章。该方法无需染色标记、操作简单，可实现花粉大小、活性的实时、高通量、快速、精准测量，大大节省了科研工作者的时间和劳动支出。

IFC 法：

样品量：每个点约 20,000 个花粉

测量时间：每个点约 2min

标准偏差：1%

FDA/PI 法：

样品量：每个点约 300-1000 个花粉

测量时间：每个需分析 60 张图片、每张
图片约 5min

标准偏差：10%

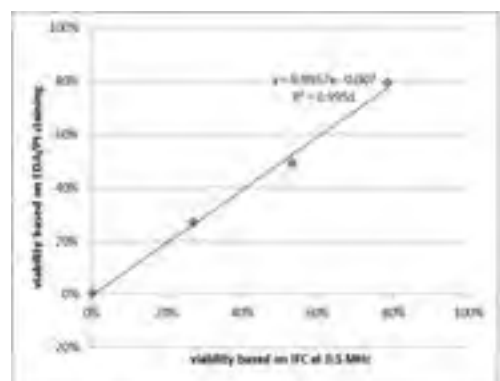


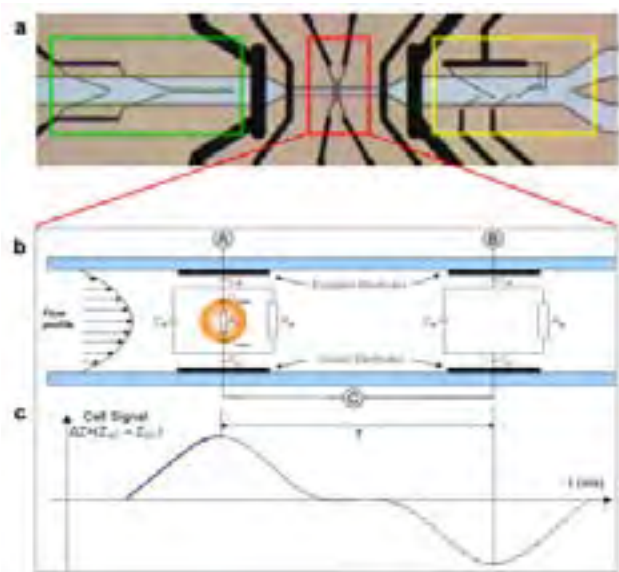
图 2. 传统染色镜检法 (FDA/PI) 和阻抗微流式细胞法 (IFC) 测量结果对比 & 相关性分析

采集甜椒花粉分别用传统染色镜检法和阻抗微流式细胞法测量花粉活力，结果表明两种方法测量结果具有非常好的相关性， $R^2=0.9951$ （如图 2）。其中，使用阻抗微流式细胞法进行 4 次测量，总共仅需不到 15 分钟，且测量标准差 1%，而使用传统染色镜检法，4 次测量结果却要耗费近 20 个小时，测量标准差小于 10%。由此可见，阻抗微流式细胞法不仅节约了大量的测量时间，还可以得到与传统方法一致甚至是优于传统方法的测量结果。

工作原理

花粉活力分析仪 Ampha Z32 的测量核心是内置微电极的微流控芯片。细胞（或颗粒）在注入区（图 3 绿色框所示区域，通道尺寸为 $20 \times 200 \mu\text{m}$ ）双向电泳作用下，自动排成一列并依次通过检测区域（红色框区域，通道尺寸 $10 \times 10 \mu\text{m} \sim 40 \times 40 \mu\text{m}$ ），此区域内有两个不同的电场，当细胞（或颗粒）的大小、形状甚至是细胞活力状况不同时，就会产生不同信号差（图 3 中 b、c），

从而得到细胞（或颗粒）的数量、活性等参数，检测完的细胞（或颗粒）随流体介质沿管道排出。



AmphaChip

专利芯片

单细胞分析

可重复多次使用



主要功能

检测花粉等非生物颗粒以及细菌，酵母菌（含孢子），动植物细胞，及藻类等的生物细胞的大小、细胞形态、样品浓度、细胞活性、细胞凋亡、细胞分化等指标。

应用领域

- 农学
- 园艺
- 植物病理
- 毒理学
- 农业生产管理
- 发酵工程
- 血液学
- 林学
- 植物生理
- 种子科学
- 遗传育种
- 食品科学
- 水生生物学

草业科学专用的叶绿素荧光成像系统 Weed-PAM

基于强大的 IMAGING-PAM，升级后完美适用于野外杂草，草坪等光合作用研究



MAXI- 版

- 标准蓝光版，450 nm
- 红光版，620 nm



MINI- 版

- 标准版，蓝色，450 nm
- 红光版，620nm
- GFP 版，蓝色，480 nm，通过切换滤光片选择测量叶绿素荧光或测绿色荧光蛋白荧光

>> 主要功能 <<

• **成像功能**：对 Ft、Fo、Fm、Fv/Fm、F、Fm'、Y(II)、Y(NO)、Y(NPQ)、NPQ、qN、qP、qL、ETR、Abs、NIR、Red 等至少 17 种参数进行成像分析。测定调节性能量耗散 Y(NPQ)，反映植物光保护能力，测定非调节性能量耗散 Y(NO)，反映植物光损伤程度。

• **程序测量功能**：可程序测量荧光诱导曲线、快速光曲线和暗弛豫，也可手动测量；在测量过程中能自动分析所有荧光参数的变化趋势

• **AOI 功能**：可在测量前或测量后任意选择感兴趣的区域 (AOI)，程序将自动对选择的 AOI 的数据进行变化趋势分析，并在报告文件中显示相关 AOI 的数据。所有报告文件中显示的数据都可导出到 EXCEL 文件中。

• **成像异质性分析功能**：对任意参数任意时间的成像，可在图像上任意选取两点，软件自动对两点间的数据进行横向异质性分析，并可导出到 EXCEL 文件中。

• **成像数据范围分析功能**：对任意参数任意时间的成像，

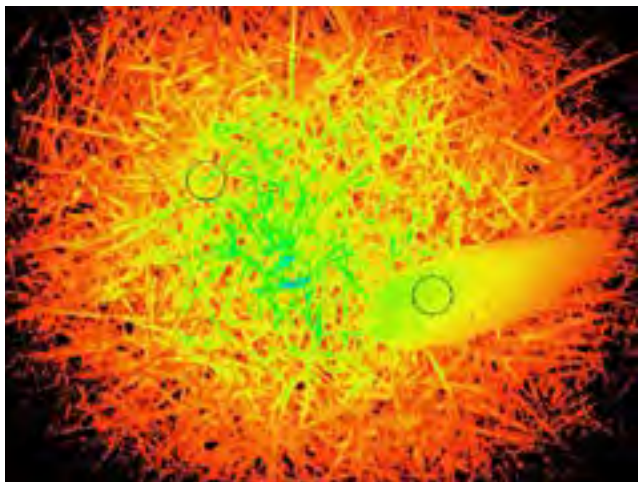
可分析任意两个荧光数值之间有多少个像素点，多少面积 (cm²)。

• **突变株筛选功能：**可跟据成像结果快速筛选光合、产氢 / 油、抗逆（抗盐、抗旱、抗病等）等突变株。

• **吸光系数测量功能：**快速测量叶片的吸光系数。吸光系数测量光源：16 个红光 (650 nm) 和 16 个近红外 (780 nm) LED，用于测量植物叶片或藻类样品 PAR 吸光系数。



野外 MAXI 版



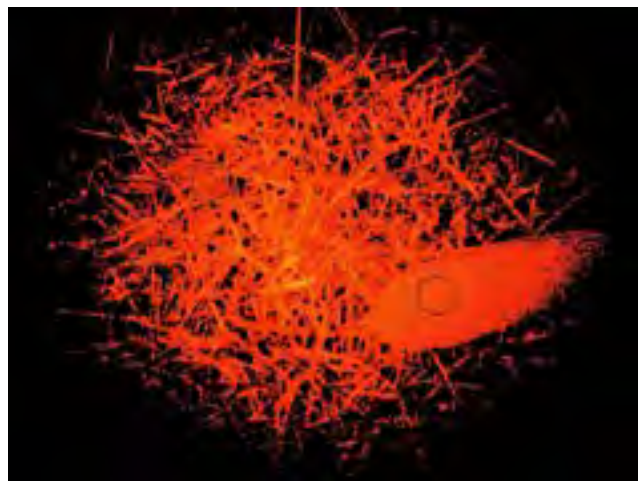
草坪 Fm 成像

>> 成像参数 <<

Fo, Fm, F, Ft, Fm', Fv/Fm, Y(II), qL, qP, qN, NPQ, Y(NPQ), Y(NO), ETR, Abs, NIR 和 Red 等。

>> 应用领域 <<

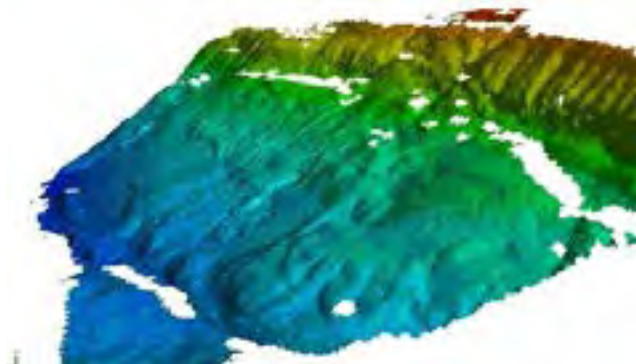
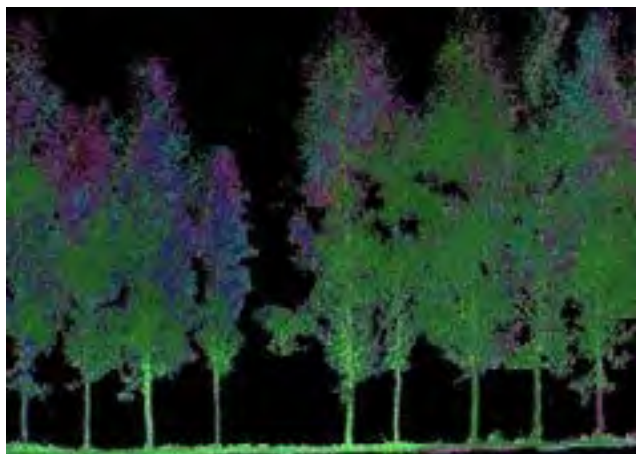
- **光合作用研究：**可以在完全相同的条件下同时对大量样品进行成像。
- **植物病理学：**病斑部位（包括肉眼不可见时）成像以及病斑扩散的时空动力学
- **植物胁迫生理学：**肉眼不可见胁迫损伤的早期检测
- **遗传育种：**出苗后大规模快速筛选高光合 / 抗旱 / 抗热 / 抗冻 / 抗病等植株
- **突变株筛选：**快速筛选模式植物的光合突变株、抗逆突变株、产氢微藻突变株等
- **分子生物学：**宏观水平上检测样品的绿色荧光蛋白 (GFP) 荧光
- 其它多种扩展研究



草坪 Fo 成像

全新的多平台移动测绘系统——Robin

诞生于 20 世纪 90 年代初的移动测绘技术是测绘界发展最快的领域之一，其市场化也不过十多年。激光雷达探测技术 (LiDAR) 更以其主动性 (不受自然光影响)、穿透性、灵活性 (多种搭载方式)、精准性 (mm 级) 等特点，在移动测绘领域备受青睐，结合 GPS、GIS、GNSS 和 CCD 技术，满足各种测绘需要，在农业、林业、城市建设、工程监测、资源调查各领域得到了广泛应用。



3D Laser Mapping 公司即是应这种发展趋势而生的地理空间技术与 3D 测绘技术供应商。自 1999 年成立以来，一直处于国际领先地位，其分支机构和分销网络遍布英国、南非、美国和澳大利亚各国。3D Laser Mapping 公司是第一批给移动测绘领域带来变革的公司之一，早在 2004 年就推出了第一款移动测绘系统 StreetMapper。此后不断革新，始终保持以市场为导向，持续满足客户需要。至今，StreetMapper 依然是市面上最为精准、最值得信赖的系统之一。





2016年5月，在GeoBusiness展销会上，3D Laser Mapping公司推出了全新的多平台移动测绘系统——Robin。Robin是市场上首个兼备机载、车载与徒步三种搭载模式的移动测绘设备，搭载了12MP（车载）或18MP（徒步或机载）的相机、2个GNSS天线、GIS级IMU巡航系统、触控单元，还有更大范围或更高精度的版本可选。正如3D Laser Mapping总经理Graham Hunter所说：“Robin是个令人激动的产品，它是市场上首个三合一系统。通过大范围的地面扫描，Robin能够从只能步行的地区获取高质量数据。客户们一直在寻找一种能提供高回报的灵活方案，Robin正好提供了这一独特的价值定位。”

Robin可以在机载（无人飞行器、直升机）、车载和徒步的方式下对地面进行扫描和绘制。步行车载模式单元重10kg，机载模式单元只有6kg。和大多数测绘系统不同，Robin可以从只能步行的地方采集数据，比如羊肠小道、崎岖的山路或海岸等。雷达的最大测量范围是920m，相对精度为5mm。还有两种配置模式可供选择：Robin-Wings是机载模式的高端配置，可在1350m高度上保持10mm的精度，Robin-Precision可在350m处保持3mm精度，满足您更高的科研与测绘要求。



睡眠习惯对衰老的影响

1. 前言

回想人的一生，婴幼儿大部时间在睡眠；成熟期，睡得深，效率高；然而，就在人的智力发育顶峰时期，管理睡眠的生物钟密码却开始下降；更年期以后，睡眠质量进一步下降。

固然，人的衰老有早有晚，个体差异很大：但无一例外，睡眠质量下降总是人类进入衰老最早发生的表现之一。它源于生物钟进入衰老程序。



2. 睡眠与细胞寿命

缺乏睡眠对细胞氧化更新的后果，其主要导致组织的损坏，这一过程是通过酶的作用来修复的，对于分子间的不断修复和细胞的总体最高寿命是分不开的，就衰老而言，最重要的检出 DNA 的损伤并修复他们，而细胞的完整性又是其分裂增殖寿命的基础，而这种修复机制是在生命体进行高深度睡眠下完成的。

有科研实验表明，高强度的睡眠时间是平均机体花费在修复 DNA 损伤的力度最大，在细胞分子学上来说，DNA 损伤与 DNA 修复间的这种平衡是细胞衰老的最重要指标。

当机体缺乏修复这一机制时，细胞的分裂增殖寿命只是完整细胞的五分之一左右，这可以看作睡眠对机体生理影响的重要意义。

3. 睡眠与机体免疫

无论是缺乏睡眠，还是缺乏完整的睡眠，对于人体的免疫系统是崩溃性的打击，人体的胸腺会急剧性萎缩。这是人体最重要的免疫器官，在通常情况下，只有在中老年时期，胸腺会缩小成一个樱桃大小，而 T 细胞的增值会大幅度下降，不仅白细胞和淋巴细胞大量减少，并使巨噬细胞有了抑制作用。

在人体缺乏免疫系统的保护下，各种致癌疾病对人体的威胁可以说是致命的。即使是在短期，人体会感到恶心，昏头昏脑，精神萎缩，四肢乏力，这不仅是免疫力直接下降的生理趋势，还是疾病的前兆。

通过临床取样调查，在短期缺乏睡眠人群中，普遍出现了免疫力大幅度下降的症状，而且有近 76% 的人身体组织器官有轻微癌变的趋势，这一比例是相当高的。

4. 睡眠与生物钟系统

神经系统是机体主要的机能调节系统，它直接地调节着机体内各器官，系统的机能，而睡眠与中枢神经的生理作用这一关系是紧密分不开的。作为一种调节机制，睡眠是通过下丘脑是用于调节内脏的活动及激素内分泌，而神经内分泌不仅取决于中枢神经的指令，更是生命体本有的“生物钟”的活动周

期。

从生理学来说，生物钟本就是 DNA 起遗传作用的记忆编码，如下丘脑组织，在人体深度睡眠下，平均夜晚 10 点到左右会分泌还原性谷胱甘肽，超氧化物歧化酶 (SOD) 等等，这些都是不可合成的人体必需激素，主要用来修复细胞的损伤，促进细胞的增殖与分化，确保各组织、各器官的正常生长、发育。



5. 生物钟障碍发病机制

实验已经表明，即使是短期性的缺乏睡眠以及缺乏足够的睡眠时间，人体会急剧化的衰老，免疫力大幅度低下。夜晚的深度睡眠，通过下丘脑的神经中枢作用，实则是调节各种组织细胞的代谢活动来影响人体的生理活动，主要用来修复细胞的损伤以及还原组织功能的完整性。

生物钟是受大脑的下丘脑“视交叉上核”（简称 SCN）控制的，通过内分泌激素的分泌周期向中枢神经系统发放“时间信号”，从而影响机体时间生物

效应，这说明机体的修复机制必须是在夜晚进行的。松果体受“光照”抑制，这是功能性暂停。松果体休息后，仍然可以恢复工作。灯光应该是无害的，为什么灯光会杀伤松果体细胞呢？松果体内有极为丰富的毛细血管网，其血管密度仅次于肾脏。所以，松果体又是清除脑内自由基的“净化血池”。松果体褪黑素，首先是用来清除自身血池内的自由基，又从松果体“后侧泡”渗透进入第三脑室，来清除脑脊液中的自由基。余下的褪黑素从松果体大静脉运输到血液循环中去。

1978 年以来应用放射免疫微量测定法监测 40 岁成人夜间血液循环中褪黑素总量为 3 毫克。但是，松果体所生产的褪黑素总量远远不止 3 毫克〔总产量二清除自由基（细胞杀手）用量 + 分泌量〕。如果松果体被强光所抑制，不能生产褪黑素，以至血池内自由基积累起来。那么，松果体就不再是“净化血池”而是“污染血池”。这时，首当其冲的受害者便是松果体！杀手是自由基，祸首是夜间强烈的光照！脑力劳动越是强烈，时间越长，产生的自由基也越多。长期透支的后果，造成脑细胞提前发生凋亡：精英耗竭，变成痴呆、脑萎缩、帕金森病。

健康

基因



6. 生物钟障碍对衰老的影响

生物的生存要依靠褪黑素的昼夜节律。褪黑素能自然地由细胞膜上的受体接受，好比是具有特殊的细胞通行证；它更能穿过细胞核膜进入 DNA。在一切抗氧化剂中褪黑素是最有效的自由基清除剂，因此它是细胞的保镖。科学家证明：合理地应用褪黑素对于人体无害。褪黑素是统帅脑垂体的神经内分泌微量化学信使。褪黑素没有那些终端激素的副作用（没有对垂体的负性反馈作用）。

按照这样的生理节律，人们应该在 9-10 点钟发困入睡，12-2 点钟沉睡，7-8 点钟醒来。但是现代人晚间生活在灯光照明之中，直到 1 点或更晚。这时松果体停止工作，因而没有褪黑素产生。久而久之，松果体萎缩，钙化。

但是随着年龄的增长，松果体萎缩直至钙化，造成生物钟的节律性减弱或消失，特别是 35 岁以后，体内自身分泌的褪黑素明显下降，平均每 10 年降低 10-15%，导致睡眠紊乱以及一系列功能失调，而褪黑素水平降低、睡眠减少是人类衰老的重要标志之一。因此，从体外补充褪黑素，可使体内的褪黑素水平维持在年轻状态，调整和恢复昼夜节律，不仅能加深睡眠，提高睡眠质量，更重要的是改善整个身体的机能状态，提高生活质量，延缓衰老的进程。

7. 生物钟障碍的预防和治疗

一级防护从小学生做起，养成良好的睡眠习惯。先天睡眠节律有个性差别：有的是早睡早起，学习为“早晨型”或“百灵鸟”；有的喜晚睡晚起，学习为“晚间型”或“猫头鹰”。有的天生睡眠多，有的天生睡眠少。不少天生睡眠少者是高才，智商高，效率好。但是，天生睡眠少对于他本人来说，是优点也是缺点。因为这类型的大脑虽然敏锐，但是神经比较脆弱，容易生病。如果认为：睡眠少比睡眠多更为优越，长此以往就会陷入生物钟早衰。

二级防护从有睡眠规律紊乱的人群做起。力图保护生物钟而不是去依赖安眠药。在洲际旅行中，纠正“时差反应”，应用人工褪黑素舌下含化，可以将生物钟倒拨 12 小时，或是拨前 12 小时。

三级防护是针对已经发生生物钟障碍的人。这些人有睡眠障碍，排除了脑系科病因，解除了心理障碍，仍然离不开安眠药物。这是因为他们已经发生了安眠药依赖。

对于这些人，不可突然撤离安眠药物。他们依赖安眠药，却仍然睡得很差，醒来全身困乏（睡比不睡还累）。因为安眠药物只能麻醉大脑，不能重建生物钟。还需要通过舌下含化褪黑素来恢复丘脑睡眠中枢的功能。

8. 养成良好的睡眠习惯

8.1. 晚上 11 点前一定要睡觉

熬夜伤肝伤肾。长年熬夜的人，无论男女，直接伤肝，日久伤肾，逐步造成身体气血双亏，每天照镜子时会觉得脸色灰土一片。这时候就是天天营养品、天天锻炼身体，也不能挽回睡眠不足或者睡眠不好带来的伤害。习惯晚睡者，眼睛往往也不好使，心情多抑郁，肺气也受影响，长期得不到宣泄。还有的人认为晚上睡得晚了，白天可以补回来。其实根本补不回来，要么睡不着，要么睡不够，即使感觉补过来了，其实身体的血气也已经损伤大半了。

8.2. 睡时宜一切不思

很多时候，失眠源于人睡时有挥之不去的杂念。此时，不要在床上辗转反侧，以免耗神，最好的办法是起来坐一会儿再睡。实际上，对于现代人来说，要想在晚上 11 点前入眠，早早地上床酝酿情绪也很关键，以便给心神一段慢慢沉静下来的时间。如果还是不行，可以尝试在睡觉前简单地压腿，然后在床上自然盘坐，两手重叠放于腿上，自然呼吸，感觉全身毛孔随呼吸一张一合，若能流泪打哈欠效果最佳，到了想睡觉时倒下便睡。

8.3. 午时宜小睡或静坐养神

午时，相当于上午 11 点至中午 1 点。此时，如条件有限，不能睡觉，可静坐 15 分钟闭目养神。在禅堂打坐修行的禅师都习惯于在午时打个盹儿。其实，正午只要闭眼真正睡着 3 分钟，就相当于睡了两个钟头，不过要对好正午的时间。

8.4. 睡眠的起居注意

环境上，睡觉时注意关窗，不能开风扇和空调，否则容易损伤气血。所以说晚上睡觉不开窗，不开空调，不开风扇，连房门也关上，效果最好。如果热，就把房门打开，窗户关上。

饮食上，晚上不能暴饮暴食，否则肚子鼓胀，翻来覆去也睡不着，既影响胃的功能，也降低睡眠质量，得不偿失。

睡觉时四肢要暖。四肢不暖者多半肾阳不足，应该在睡觉之前把手脚捂暖，尤其是手脚、肚脐和背后的命门都要盖好。这里教肾阳虚的人一个好方法，就是睡觉时穿上棉袜子并戴上手套。刚开始可能不太习惯，慢慢就好了，坚持一段时间效果会非常明显。

健康

科研动态

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

文 / 张弘

越来越多的人认为无法高效实施高通量的田间表型是限制育种中遗传增益的关键因素。

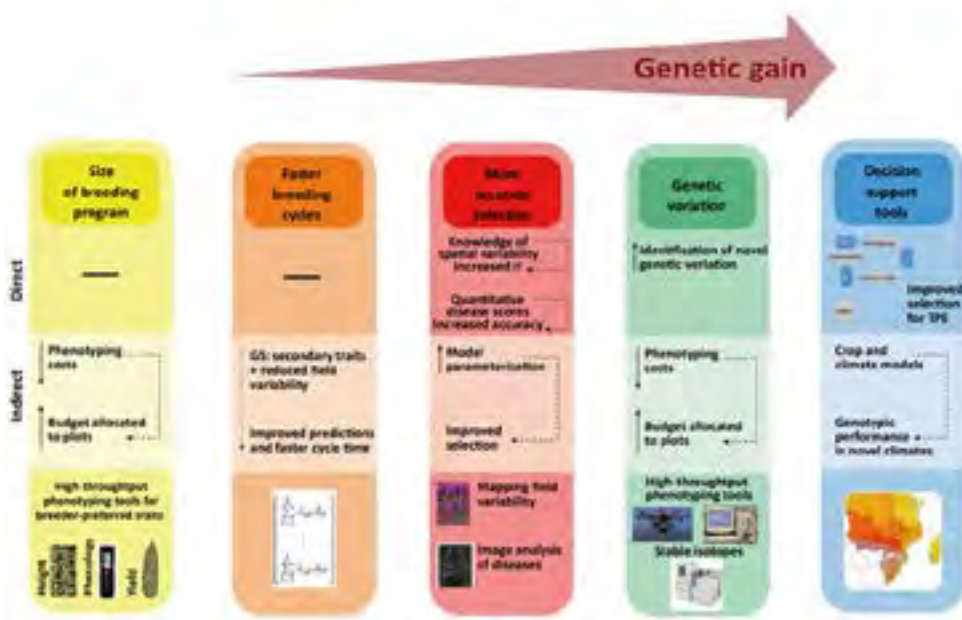
田间表型分析必须融入到更广泛的环境中，而不仅仅是选择正确的性状特征、表型分析工具、评估平台或基本的数据管理方法。表型分析不仅意味着以资源有效的方式开展，还需要适当的试验管理和空间变异处理、定义目标环境中普遍存在的关键约束条件、以及开发更全面的数据管理，包括作物建模。

Trends in Plant Science 2018年3月在线发表了此篇综述，将为表型研究者提供一个广泛的视野，指导研究人员如何最好地实施田间表型分析。此文还概述如何以有效的方式弥合育种者和“表型育种者”之间的差距。

词汇：

田间表型：植物经历的真实（即野外）条件下的表型评估。

遗传增益：通过人工选择每单位时间每年实现的性能增加量。

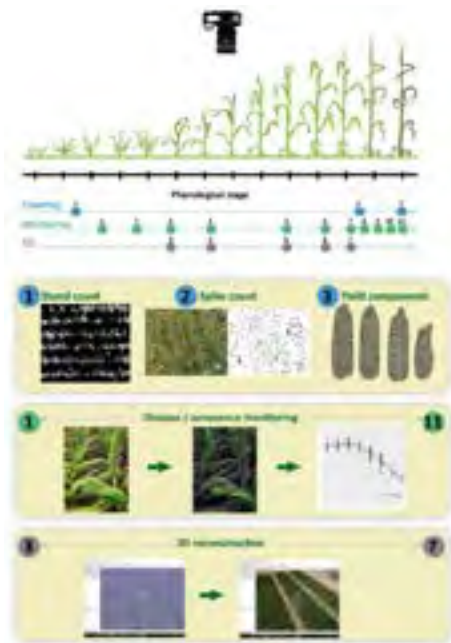


由左图可知，高通量的表型分析直接影响三个方面：更精确的遗传筛选、鉴定新的遗传变异以及改进对 TPEs (target populations of environments, 目标群体环境因子) 的筛选以帮助更好的做遗传决策。此外，高通量表型分析也间接影响了育种规模以及育种周期。

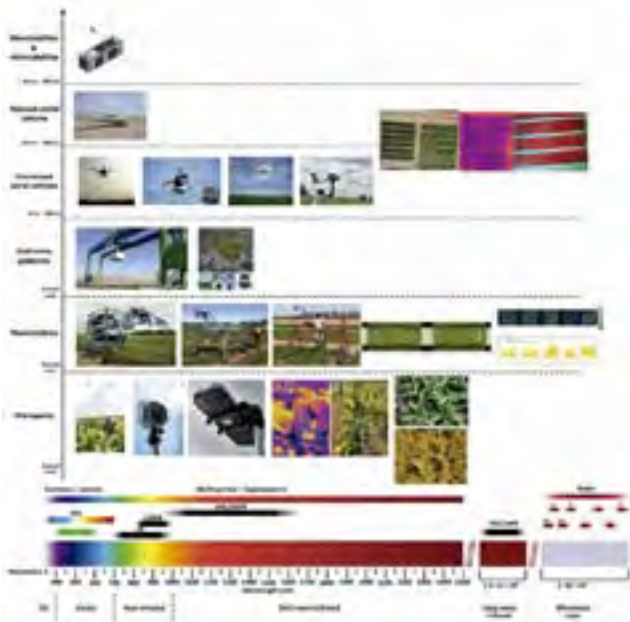
Traits	Tools				TRL (Technological readiness level)															
	Sat	Aerial/terrestrial	UAV	Ground																
					1	2	3	4	5	6	7	8	9							
Plant density @ emergence																				
Cover fraction																				
Plant/canopy height																				
Ear density																				
Fruit/inflorescence size																				
Grain number and size																				
Leaf/plant glaucousness																				
Phenology (e.g., heading, anthesis...)																				
Lodging																				
Weed infestation																				
Diseases																				
Vegetation index monitoring																				
Green area index (GAI)																				
Senescence																				
Fraction of intercepted radiation																				
Leaf orientation																				
Leaf rolling																				
Chlorophyll content																				
Leaf/canopy temperature																				
Leaf/canopy chlorophyll fluorescence																				

最常用于评估大田作物苗期特征的不同遥感工具的总结

作者利用相机获取的图像，进一步分析，获得了田间玉米不同类别的特征：作物特征的计数、植物 / 作物生长的监测和发育以及三维重建。



利用红 - 绿 - 蓝 (RGB) 图像进行田间表型分析的应用实例



不同应用场景 & 不同尺度的表型平台

这些平台使用了基于不同光谱范围的遥感工具，包括 RGB 相机 (VIS)、多光谱和高光谱传感器和相机、光探测和测距 (LiDAR) 传感器、热传感器和相机 (TIR / LWIR) 以及不同类别的雷达。

小结:

表型分析和作物生长模型不断发展，使育种者能够获取有关植物适应性方面的生理决定因素的信息，从而精确选择适合目标环境的品种。在不同的层面上，使用大数据将有助于完善新品种的对生长环境的需求，以了解基因分型 环境管理 (G×E×M) 互作。

事实上，最近欧洲的一项研究表明，如何将来自重要目标环境下，当前以及预期 (气候变化驱动) 环境变量的作物模型与多地点试验及其相关遗传学的产量数据相结合，可以检测到特定的数量性状基因与特定的生长条件有关。预计这种信息的综合利用可以提高重要目标环境下遗传增益。

原文:

José Luis Araus, Shawn C. Kefauver, Mainassara Zaman-Allah, Mike S. Olsen, and Jill E. Cairns. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. Trends in Plant Science, 2018.

PNAS: 深层机器视觉框架应用于植物胁迫表型研究

文 / 张弘

传统的植物胁迫鉴别和分类总是依靠科学家肉眼识别症状作为分类的手段。这个过程肯定是主观和容易出错的。计算机视觉和机器学习有能力解决这个问题，并实现准确、高通量的表型分析。在机器学习方法中，深度学习已经成为现代科学各个领域中最有效的技术之一，例如医学成像应用，已经实现了皮肤病学家对皮肤癌的准确分类，以及预测 DNA 和 RNA 结合蛋白的序列特异性。同样，基于深度学习的技术已经进行了复杂的演变，来完成更复杂的识别任务，例如达到人类水平或更高水平，来玩 Atari 游戏，甚至在 Go 游戏中击败人类专家。

Sambuddha Ghosal 等人通过建立一个**深度学习的模型—DCNN(deep convolutional neural network)**，从大豆叶片 RGB 图像中，精确鉴定出一系列逆境胁迫特征。该模型强调视觉症状（如胁迫表型参数）的识别涉及一个**完全无监督的**

过程，不需要任何详细的规则（例如涉及颜色，尺寸和形状）来识别叶上的症状区域；因此，这个模型是极具**扩展性**。此外，自动识别视觉线索可以被植物病理学家用来进行胁迫症状的早期识别。所以，此模型不仅可以提供“病理学家级别”的鉴定、分类和定量功能，还可以解释使用哪些胁迫特征进行预测。该文也证明此方法适用于各种各样的生物和非生物胁迫，并可适用于其他成像条件和植物。**该模型可以从此网站获取**：<https://github.com/SCSLabISU/xPLNet>

此文作者选取了 25000 多张不同的大豆叶片图像，这些图像上的大豆叶片特征特性均具有一定代表性，不仅包括健康状态下的大豆，也包括 8 种不同胁迫下的大豆（图 1）。**八种胁迫包括：细菌性枯萎病，细菌性脓胞病，Septoria 褐斑病，猝倒综合症（SDS），青蛙眼叶斑病，除草剂损伤，缺钾和 IDC。**

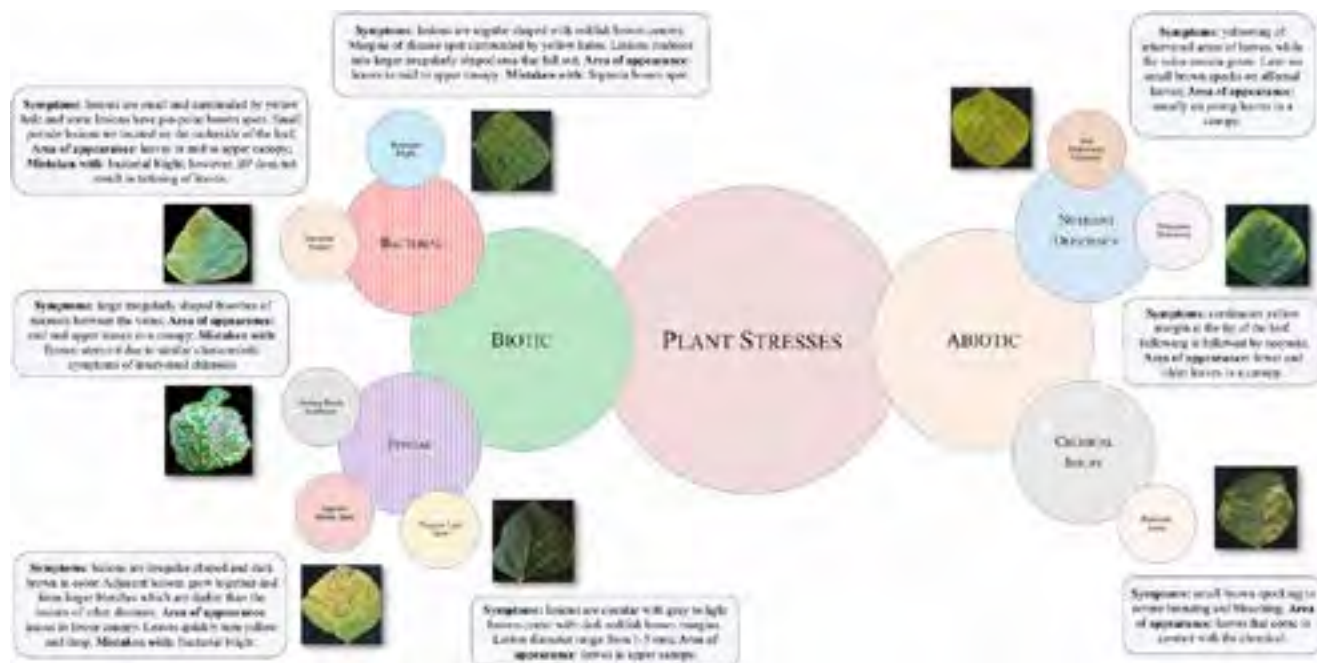


图 1: 大豆叶片胁迫的示意图。胁迫分为两大类，即生物（细菌和真菌）和非生物（营养缺陷和化学伤害）胁迫。

DCNN 模型参数:

该 DCNN 体系结构由五个卷积层（包括 128 个特征，每个层的尺寸为 3×3 ），4 个汇合层（通过 2×2 最大汇集的 down sampling）以及 4 个批处理归一化层和 2 个全连接（FC）层（每层分别具有 500 个和 100 个隐藏单元）。总体原理图请见图 2。

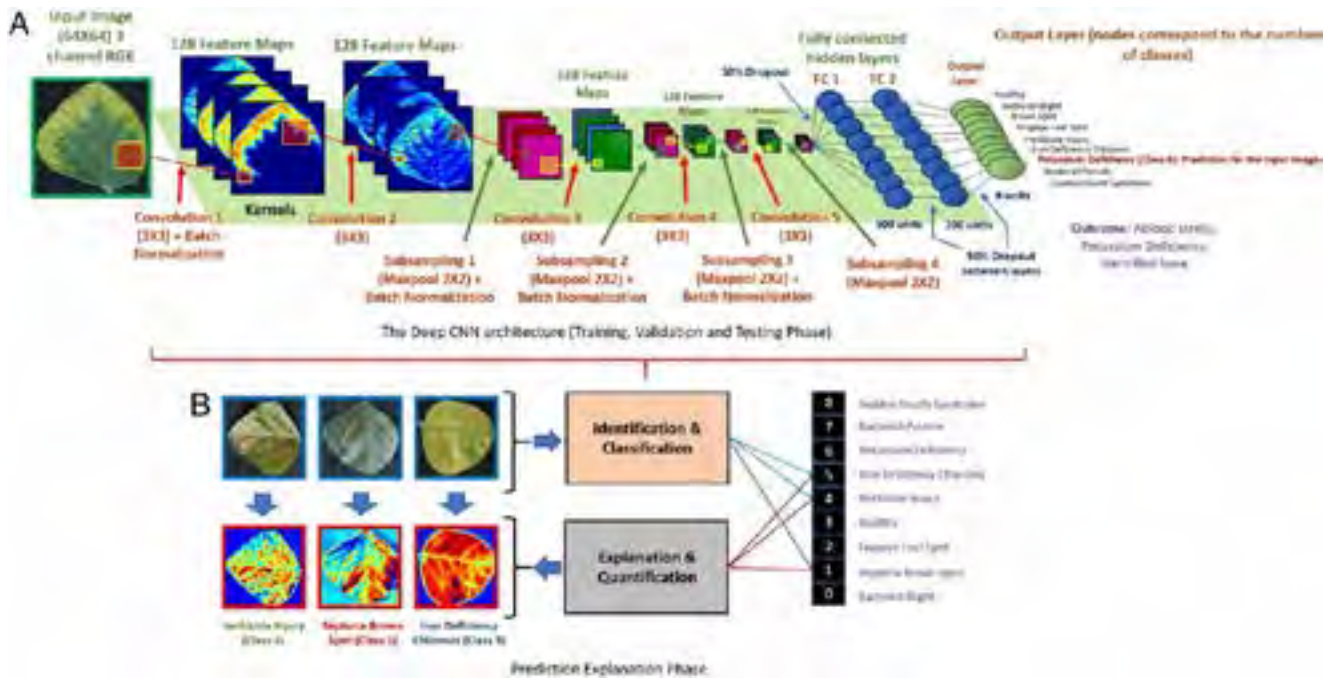


图 2: xPINet 框架的总体原理图

基于超参数探索后建立的 DCNN 模型的结果，进一步证实该模型在分类准确性和可解释的逆境特征之间提供了良好的平衡。在图 3 中，作者给出了训练后的 DCNN 用于压力识别、分类和量化的定性结果。

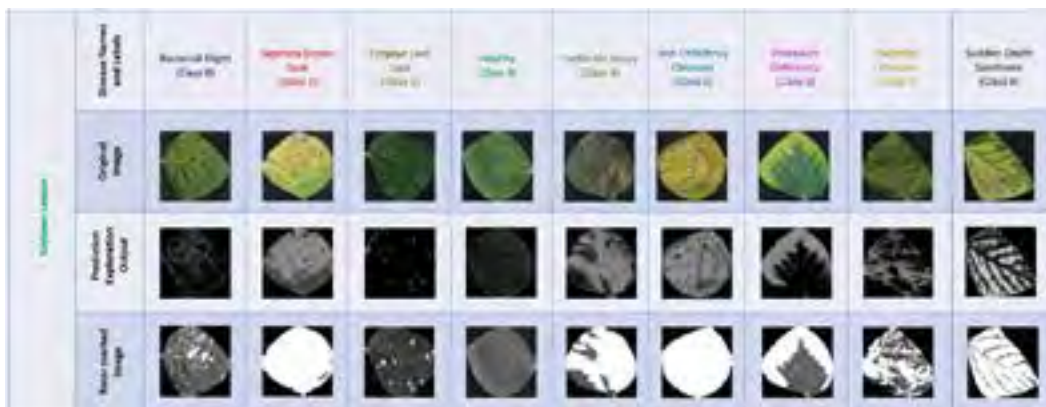


图 3: 由 DCNN 模型正确识别的不同胁迫后大豆叶子图像实例

科研动态

我们使用大量不同数据集的未经验证的测试实例（约 6000 张图像，每种胁迫约 600 个实例），发现了较高的整体分类准确率（94.13%）。如下图 4。

结果显示机器和人类评分之间高度一致，这证明了基于可解释的 DCNN 框架的完全无监督的严重度量化技术的可行性。利用人工鉴定与机器学习两种不同的方法，对四种胁迫（Septoria 褐斑病，IDC，除草剂伤害和 SDS）下，大豆叶片表型进行了分析与验证。如图 5，分布明显偏向高相关值，因此它们显示了基于 DCNN 成功的估计框架，能正确识别这些胁迫表型。

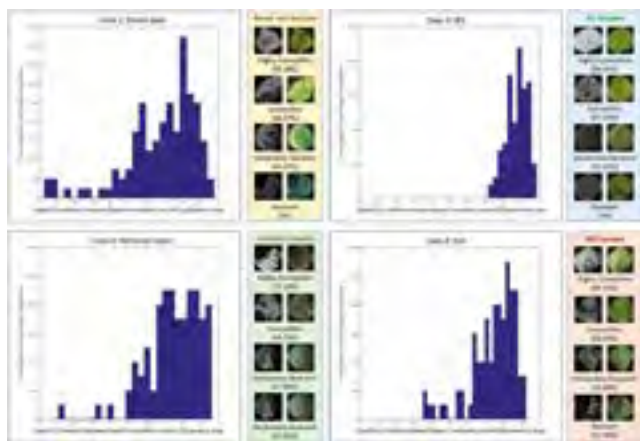


图 5：利用人工标记胁迫特征与机器学习解释两种方法，对四种胁迫表型进行分析，其空间相关性分布图

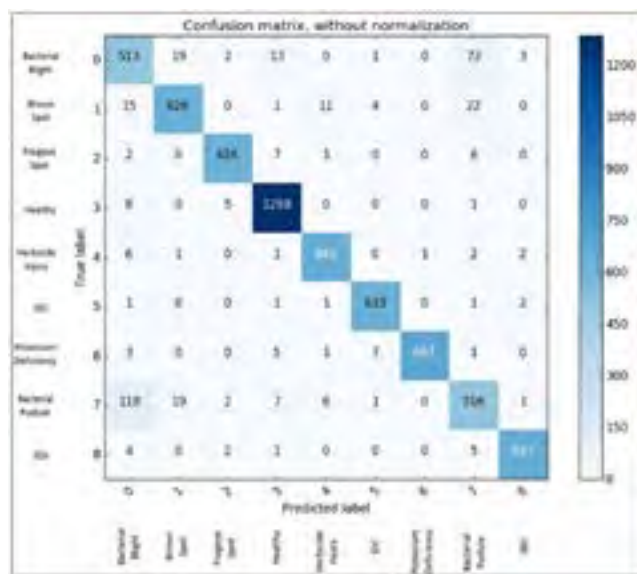


图 4：DCNN 模型对 8 种不同胁迫和健康叶片的分类结果

本文提供了一个深入的基于机器视觉的解决方案，文章介绍的方法广泛适用于数字农业，并可以更精确并及时地对各种胁迫进行表型分析。这种方法对光照变化具有相当的稳定性，为高通量表型分型提供了一种简单的方法。来自不同成像平台、无人机、地面成像装置、卫星的数据，均可利用此模型进行训练。本文作者预计这种方法可以轻松扩展更多应用，如动物和人类疾病分析，以及其他成像模式（高光谱和尺度（地面和空中），有利于更可持续的农业，食物生产和保健等领域的发展。

参考文献：Ghosal S, Blystone D, Singh AK, Ganapathysubramanian B, Singh A, Sarkar S. An explainable deep machine vision framework for plant stress phenotyping. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 2018 May 01 ;115(18)

PLOS ONE: 利用扫描流式细胞仪、机器学习和无监督集群等方法对浮游植物群落和功能群体的细胞密度和生物量进行定量分析

文 / 王阳阳

研究背景

一般而言，同一门类的浮游植物群体在生物地球化学循环中具有生物化学、可食性、毒性和作用上的相似性，因此，确定浮游植物所属的门类，是了解其生态模式的重要前提。

浮游植物特有的色素组成，使得流式细胞对单个细胞的检测成为可能，CytoSense 浮游植物流式细胞仪因具备单细胞脉冲扫描功能，又被成为 Scan Flow Cytometry(SFCM)。

SFCM 扫描流式细胞仪可以实现对自然浮游植物群落的实时高频监测，提高我们了解其生态过程的能力。对于一些生态问题，例如与短期环境变化对数量和群落造成的影响等问题，它们是目前唯一可行的测量工具（包括成像流式细胞仪）。而自动分析 FCM 和 SFCM 数据的工具将大大提高这些设备的使用效率，提高我们理解自然群体高频动态的驱动因素的能力。

扫描流式细胞仪 (SFCM) 的特点是测量荧光和散射光的时间分辨脉冲，使高通量浮游植物的形态和色素量化。将单个细胞和群落水平上变异量化可以提高我们理解自然群落动态的能力。目前，由于缺乏可重复的、快速的分析 SFCM 数据集的规程，对这些群落进行自动化的高频监测受到限制，在这些数据集中，单个粒子的图像是不可用的。瑞士联邦水产科学技术研究所 Mridul K. Thomas 等人提出了利用扫描流式细胞仪、机器学习和无监督集群等方法对浮游植物群落和功能群体的细胞密度和生物量进行定量分析。该理论利用扫描流式细胞仪 CytoSense、机器学习工具随机森林 (Random Forest) 以及无监督聚类算法 (Flowpeaks)，对流式细胞仪获得的大量数据通过多个决策树进行训练做成分类器。同时使用 FlowPeaks 这一早已应用于浮游植物种群的算法，并利用相对有限的计算资源，提供快速、合理的结果。

研究方法

在这里，作者演示了提供了一个可重复的、半自动化的协议，通过使用现成的计算资源和自由软件工具 (R 软件环境和包随机森林和 Flowpeaks) 来处理大型的 FCM 和 SFCM 数据集：

(1) 通过从浮游植物群体中删除非活的浮游植物细胞信号，快速清理 SFCM 数据。

(2) 将单个细胞进行分类成对应于官能团的特征集群。

(3) 分别量化单个细胞生物体积，整个群落的总生物体积和主要门类的的总生物体积。

该方法包括使用实验室培养种进行的训练数据集的开发，使用无监督的聚类算法来识别特征簇，使用机器学习工具 (随机森林) 来：a. 评估变量的重要性 b. 分类数据点 c. 估计单细胞的生物体积。同时，还提供了示例数据集和 R 代码，适用于其他流式细胞仪或扫描流式细胞仪的进行数据集分析。

科研动态

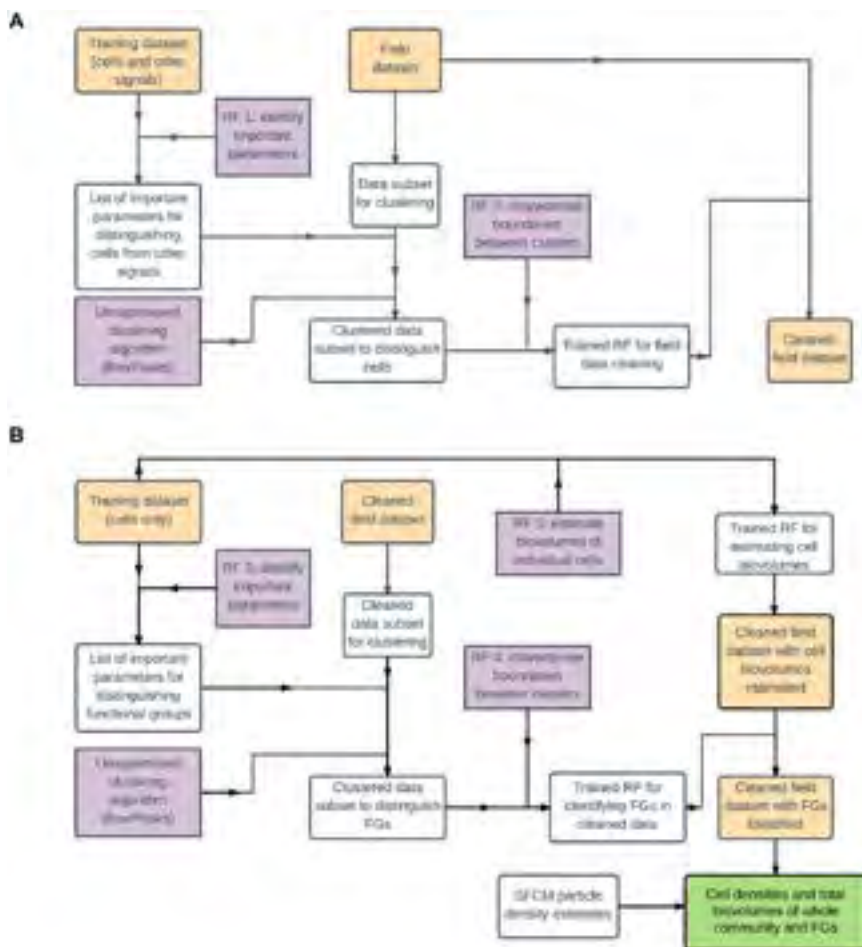


图 1

流程图 1 描述了本文的研究方法：分为两部分：A) 数据清理，B) 细胞密度和生物体积估计；

A 部分的输出是 B 部分的主要输入。RF 代表“random forest”，FG 代表“functional group”。黄色方框表示数据集，紫色框表示算法，绿色方框表示获得的最终产品，白色方框包含其他操作、对象或数据操作。

具体步骤：

1. 利用实验室培养的已知物种特征、门类特征和平均细胞生物体积等参数生成训练数据集。
2. 通过训练数据集，找出最精确地区分活细胞和所有其他信号的参数（细菌、碎石和电子噪声的组合）。
3. 根据步骤 2 中确定的参数，在字段数据集的子集中识别相似点的集群。
4. 将来自完整字段数据集的点分类到这些集群中，并除去那些来自活细胞（数据清理）之外的所有点。

5. 使用训练数据集识别最准确区分不同功能组的参数。
6. 根据步骤 5 中标识的参数，在清理的字段数据集的子集中识别相似点（对应于不同门类）的集群。
7. 将所有的细胞从已清理的字段数据集分类到这些集群中。
8. 利用训练数据集，根据所有测量的 SFCM 参数估计单个细胞的生物体积，训练一种机器学习算法（随机森林），
9. 利用第 8 步所训练的随机森林，在所有测量的 SFCM 参数的基础上，估计干净的现场数据集中的每一个细胞的生物体积。
10. 通过对每个单独的细胞（从第 7 步）和它们的生物体积估计（第 9 步）和细胞密度估计，估计整个浮游植物群落和主要集群（对应于门类）的细胞密度和生物量。

SFCM 扫描流式细胞仪 CytoSense 应用

实验室所用 CytoSense 配置两个 15mW 相干固态激光器（488 nm 和 642 nm）。可测量 6 个独立脉冲：前向散射（FWS）、侧向散射（SWS）、红色荧光 1（FL Red）、红色荧光 2（X2 FL Red）、橙色荧光（FL Orange）和黄色荧光（FL Yellow）。除 FWS 外，所有的脉冲都由一个检测器来测量。通过平均两个检测器之间的信号来测量 FWS。速率脉冲表示两个 FWS 脉冲之间的偏差。由于特定的色素组成，浮游植物细胞在这些激光器照射下有吸收峰并产生散射，同时，产生波长较长的荧光。即：散射（前向和侧向）以及三个通道荧光红色（668-734nm），橙色（601-667nm）和黄色（536-601nm）。

黄色和橙色通道的荧光完全由 488nm 激光激发，而红色通道的荧光是由两种激光激发的。因此，红色通道通过电子方式将其解压缩为 Red1（来自 488nm 激光）和 Red2（来

自 642nm 激光器的较弱信号)。这些波长的波段并不是特别针对目标色素,但通常目标是叶绿素 a(Red1)、藻青素 (Red1 和 Red2)、藻红素 (Orange)、类胡萝卜素和衰减色素 (Yellow)

每个粒子产生的信号是每一个通道的时间序列,它描述了粒子长度的散射和荧光变化。这个高分辨率时间序列描述了每个通道的脉冲(4 个荧光和 2 个散射)。这些脉冲在形状上可能是非常不规则的(S1 图),因此具有许多参数。

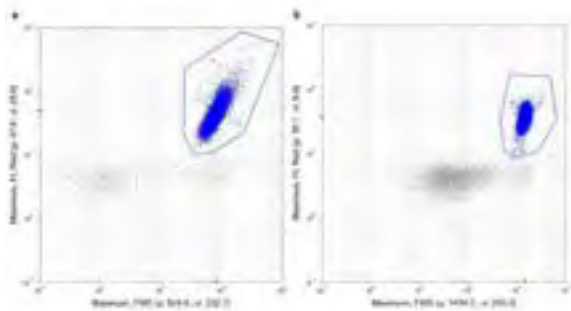


图 S2

门类识别:

1. 通过重复进行数据清理程序来定义单细胞属于哪个门类,

鉴别浮游植物分类参数。使用实验室纯培养的五种不同藻种(金藻、隐藻、蓝藻、绿藻和硅藻)共 1200 个测量进行数据集训练。

2. 识别从其他信号中分辨活的浮游植物细胞信号参数。

CytoSense 可测量每个粒子的 94 个参数。然而,由于聚类算法存在“维数束缚”的问题,因此我们选择了减少被检测变量的数量。采用机器学习算法——随机森林,确定最能区分活细胞和其他信号的变量。

3. 将集群分配给特定的门类。

4. 使用随机森林定义这些门类之间的最明显区别的变量。经过 10001 个决策树的随机森林训练,找出 8 个变量可以明确区分不同门类的细胞:

FL.Red. Range, Red1Red2.ratio, FWS. Length, FL.Orange. Range, X2.FL.Red.Range, FL.Red. First, X2.FL.Red.Gradient, FWS. Fill.factor

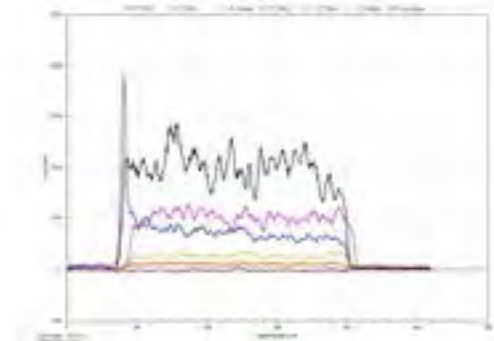


图 S1

CytoSense 可测量浮游植物长度范围内的大部分粒子,长度大约在 2 微米到 1 毫米之间。虽然这台仪器能够拍摄图像,但它不能清晰地分辨出小细胞(大约 <10 μm)。由于这些小细胞在淡水湖泊等自然系统中是丰富的,因此更加需要这里提出的开发方法。

使用实验室培养藻来识别最能区分活细胞和其他信号的变量。

基于先验知识,我们在浮游植物的实验室培养藻中人工识别活细胞和其他信号。在这里我们展示了两个例子 (a) 小球藻和 (b) 微囊藻,利用 Maximum, FL.Red 和 Maximum, FWS 信号来说明这种分离。

Species	Automated group	Comments	Mean fluorescence (a.u.)
Chlorella vulgaris	Chlorella vulgaris	Chlorella vulgaris	151.8
Microcystis aeruginosa	Microcystis aeruginosa	Microcystis aeruginosa	171.8
Chlorella	Chlorella	Chlorella	201.7
Microcystis aeruginosa	Chlorella	Chlorella	201.8
Chlorella	Chlorella	Chlorella	201.9
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.0
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.1
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.2
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.3
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.4
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.5
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.6
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.7
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.8
Chlorella	Chlorella	Chlorella	202.9
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.0
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.1
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.2
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.3
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.4
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.5
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.6
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.7
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.8
Chlorella	Chlorella	Chlorella	203.9
Chlorella	Chlorella	Chlorella	204.0

项目信息

这项工作由瑞士国家科学基金会项目 CRSII2_147654 (用于了解快速微尺度浮游生物动力学的现场传感工具) 和 Villum 基金会支持。

科研动态

基于这些聚类的荧光和散射信号及其在显微镜数据下的相对丰度，我们将 4 个聚类定义为 4 个门类。注意到显微镜数据显示，在采样期间，硅藻、甲藻、裸藻和鼓藻，几乎完全没有。而金藻、隐藻、蓝藻和绿藻却大量存在。

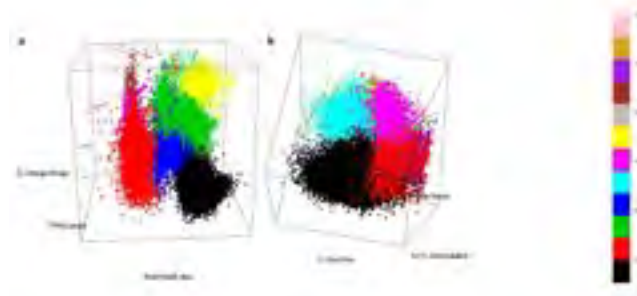
蓝藻，淡水有害藻华藻，具有利用仪器配置特别容易区分的荧光特性。因此，该分类单元的识别和量化很简单。对更广泛的蓝藻的检测可以识别出潜在有毒和非有毒的蓝藻类群的特征，从而提高水质监测工作的范围和准确性。

我们对剩下的集群的分配必然更具有推测性，并将通过使用实验室培养的这些群体的表型多样性进行更广泛的抽样。

蓝藻的特征是 red1/red2 ratio 值低（代表高的藻青蛋白含量），如图中 Cluster2(红色)

Cluster1(黑色) 是 SFCM 数据中最丰富的一组，被命名为金藻，也是显微镜下最丰富的真核细胞群。

Cluster3 (绿色) 特征是 X2.FL.red.Gradient 和 X2.FL.red.First 值低，Red1Red2.ratio 值居中，表明是隐藻。



Cluster4 (蓝色) 有相对高的 Red1Red2.ratio 和 FL.Red.Range, 表明是绿藻

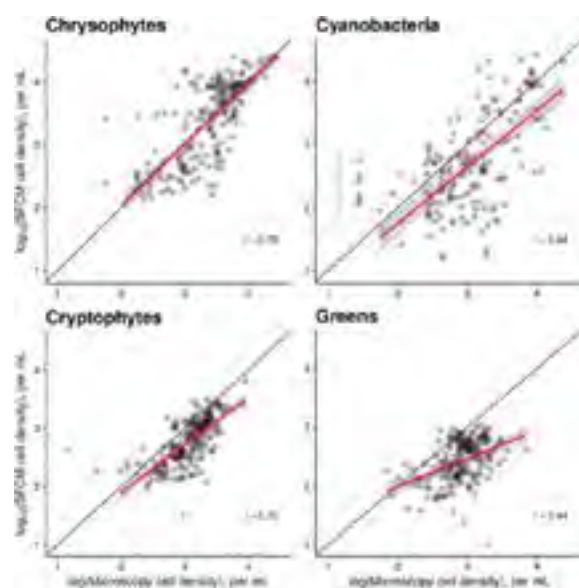
注意，在大多数情况下，除了 Red1Red2.ratio, 我们没有先验的期望这些变量与区分不同门类的重要性有关。因此，我们不推测其重要性背后的原因。

SFCM CytoSense 可获得被测颗粒的几何形态参数列表：

CytoSense 参数	含义
Total	每个脉冲下的积分面积
Maximum	每个脉冲记录的最大强度（峰值）
Minimum	每个脉冲记录的最小强度
Range	最大值 - 最小值
Average	每个脉冲完整长度下的平均强度
First	每个脉冲的第一个测量值
Last	每个脉冲的最后一个测量值
Gradient	第一个和最后一个 + 0.1 之间的绝对差值 (添加以启用后续日志转换)
Length	脉冲最大值 50% 之间的宽度 (半宽度), μm
Number of cells	群体细胞数量的连续测量, 通过脉冲的傅里叶变换产生
Fill factor	脉冲的面积与相同长度的矩形的面积的比值, 其高度等于脉冲的最大值。
Inertia	一种用于捕获脉冲过程中信号高度变化的参数。
Center of gravity	指示脉冲区域信号最集中的区域的参数。
Asymmetry	连续测量脉冲的对称性
Curvature	FWS 是通过平均两个独立探测器之间的信号来测量的。曲率脉冲表示两个 FWS 脉冲之间的偏差。

在本方法中为提高数据的准确性，利用传统显微镜观测方法对相关数据进行了相关性验证。

该方法将大大提高我们研究浮游植物群落的生理、生态和演化的基本方面的效率，使监测的时间尺度比显微镜观测手段更低。



参考文献:

1. Hammes F, Egli T. Cytometric methods for measuring bacteria in water: Advantages, pitfalls and applications. *Anal Bioanal Chem.* 2010; 397: 1083 ± 1095.
2. Sosik HM, Olson RJ, Armbrust EV. Flow cytometry in phytoplankton research. In: Suggest DJ, PraÅšil O, Borowitzka MA, editors. *Chlorophyll a Fluorescence in Aquatic Sciences: Methods and Applications.* Dordrecht: Springer Netherlands; 2010. pp. 171 ± 185.
3. Wang Y, Hammes F, De Roy K, Verstraete W, Boon N. Past, present and future applications of flow cytometry in aquatic microbiology. *Trends Biotechnol.* 2010; 28: 416 ± 424.
4. Pomati F, Jokela J, Simona M, Veronesi M, Ibelings BW. An automated platform for phytoplankton ecology and aquatic ecosystem monitoring. *Environ Sci Technol.* 2011; 45: 9658 ± 65.
5. Arnoldini M, Heck T, Blanco-FernaÂndez A, Hammes F. Monitoring of dynamic microbiological processes using real-time flow cytometry. *PLoS One.* 2013; 8: e80117.
6. Hunter-Cevera KR, Neubert MG, Solow AR, Olson RJ, Shalapyonok A, Sosik HM. Diel size distributions reveal seasonal growth dynamics of a coastal phytoplankton. *PNAS.* 2014; 111: 11111 ± 11116.
7. Besmer MD, Weissbrodt DG, Kratochvil BE, Sigrist JA, Weyland MS, Hammes F. The feasibility of automated online flow cytometry for in-situ monitoring of microbial dynamics in aquatic ecosystems. *Front Microbiol.* 2014; 5: 1 ± 12.
8. Dubelaar GBJ, Gerritzen PL. A Step Forward towards Using Flow Cytometry in Operational Oceanography. *Sci Mar.* 2000; 64: 255 ± 265.
9. Pomati F, Kraft NJB, Posch T, Eugster B, Jokela J, Ibelings BW. Individual cell based traits obtained by scanning flow-cytometry show selection by biotic and abiotic environmental factors during a phytoplankton spring bloom. *PLoS One.* 2013; 8: e71677.
10. Pomati F, Nizzetto L. Assessing triclosan-induced ecological and trans-generational effects in natural phytoplankton communities: a trait-based field method. *Ecotoxicology.* 2013; 22: 779 ± 94.
11. Dubelaar GBJ, Jonker RR. Flow cytometry as a tool for the study of phytoplankton. *Sci Mar.* 2000; 64: 135 ± 156.

技术 文章

双通道调制叶绿素荧光仪 Dual-PAM-100 在光合作用研究中的常见结合手段

郑宝刚

上海泽泉科技股份有限公司, 上海 200062

摘要:

光合作用作为一个巨大的能量转换过程, 叶绿体光合膜 (即类囊体膜) 是这一过程最初发生的场所。类囊体膜上镶嵌着许多光合作用的关键蛋白质, 其中最主要的四种膜蛋白复合物: 光系统 I (Photosystem I, PS I)、光系统 II (Photosystem II, PS II)、细胞色素 b6/f 复合物 (Cytochrome b6/f complex, Cyt b6/f) 和 ATP 合酶复合物 (ATP synthase complex, ATPase)。以上四种蛋白复合物一直以来都是光合作用研究的重点。对其蛋白质组学的分析有助于揭示参与光反应和能量传递过程的蛋白质组成和调控方式, 具有重要的研究价值。BN-PAGE 作为一种温和的非变性凝胶电泳, 常见于类囊体膜蛋白复合物大分子的分离与分析。Dual-PAM-100 可以原位活体测量两个光系统的光能转换活性, ATP 合酶的活性等。以上两种方法结合可以透过现象看本质, 更好的了解光合作用机理的变化。77 K 低温荧光发射光谱是获得光合系统信息的另一技术。室温环境下, 可变荧光几乎全部由 PSII 发射, 然而, 温度降低至 77K 时, 可以诱导 PSI 发出可变荧光。77K 低温荧光测量常用于状态转换的检测, PSII 和 PSI 光谱带的相对振幅变化是状态转换的指标。状态转换主要表现为光系统捕光天线的迁移, 影响到光能的吸收, 进一步影响到传递给反应中心的光能多少。Dual-PAM-100 可以测量不同状态下的光能转换效率, 与 77K 低温荧光发射光谱技术结合可以系统的分析光合作用过程中光能吸收、传递、转化的细节信息。

关键词: 调制叶绿素荧光、Dual-PAM-100、BN-PAGE, 荧光成像, 77K 低温荧光

叶绿素荧光与蛋白质组学结合分析

蓝绿温和凝胶电泳系统 (Blue-Native polyacrylamide gel-electrophoresis, BN-PAGE), 可以在凝胶中直接展示各种丰度的膜蛋白, 分离过程保持了蛋白质的结构和活性, 目前在类囊体膜蛋白分离中运用最普遍, 在膜蛋白复合物结构分析、胶内酶活性检测和蛋白质相互作用领域都有运用。BN-PAGE 用温和的去污剂, 如十二烷基麦芽糖苷 (DM)、TritonX-100、脱氧胆酸 (DOC) 和毛地黄皂苷等增溶膜蛋白, 这些非离子性表面活性剂将蛋白质与脂质分离, 同时负电荷减弱了膜蛋白发生聚集的能力从而降低被变性的风险。蛋白质在胶内的分离原则是复合物的维度与复杂程度。在类囊体蛋白复合物的分析研究中, BN-PAGE 可以分离 10 kD 到 10 MD 的蛋白质, 突破了传统电泳分离 1 MD 的上限, 适合于大分子蛋白质, 比凝胶过滤和蔗糖密度超速离心更高效, 并使复合物以近似天然的形态分离, 可以进行多样的后续分析。将 BN-PAGE 第一向电泳条带切下, 结合变性电泳作为 BN/SDS-PAGE 二维电泳, 可将复合物彻底解离成蛋白亚基, 得到其分子量以及单个蛋白质之间的相互作用信息。目前 BN-PAGE 常用于拟南芥、水稻等叶绿体突变型的类囊体膜构成分析。

Yagut Allahverdiyeva 等人研究了缺乏 PsbQ 和 PsbR 亚基的拟南芥植株, 发现放氧复合体上这两个亚基的缺失, 使得 PSII 超复杂机构发生改变并表现出短期适应机制。研究人员使用基因插入的拟南芥突变体系, 研究表明 PsbP1 是光合自养生长所必需的, 而缺乏 PsbQ 和 / 或 PsbR 两种形式的植物显示正常的生长速率。研究人员又采用了完全敲除 PsbQ 的样品进行测试, 发现 PsbQ 对 PSII 功能影响较小, 但缺乏 PsbR 或 PsbR+PsbQ 的植物在 PSII 活性中具有更明显的缺陷。

该研究中, 研究人员使用 Dual-PAM-100 双通道调制叶绿素荧光仪测量暗适应之后的 PSII 的最大量子产量 F_v/F_m , 实际的量子产量 Φ_{PSII} , 非光化学淬灭 NPQ 和慢速荧光动力学曲线。发现拟南芥突变体的最大量子产量 F_v/F_m 和实际量子产量 Φ_{PSII} 均比野生型要低, 非光化学淬灭 NPQ 也表现出同样规律, 在高光下这种差异表现得更为明显。高光下拟南芥突变体耗散过剩光能的能力比野生型要弱很多 (32-55%), 突变体通过调整类囊体膜结构减少电子流。

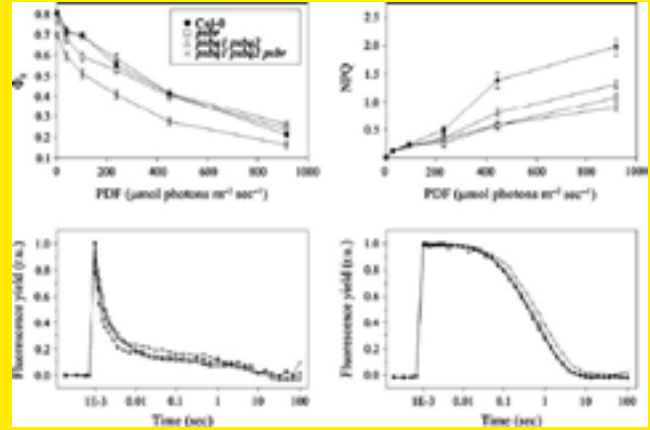


图 1. 野生型拟南芥和突变体之间叶绿素荧光的差异

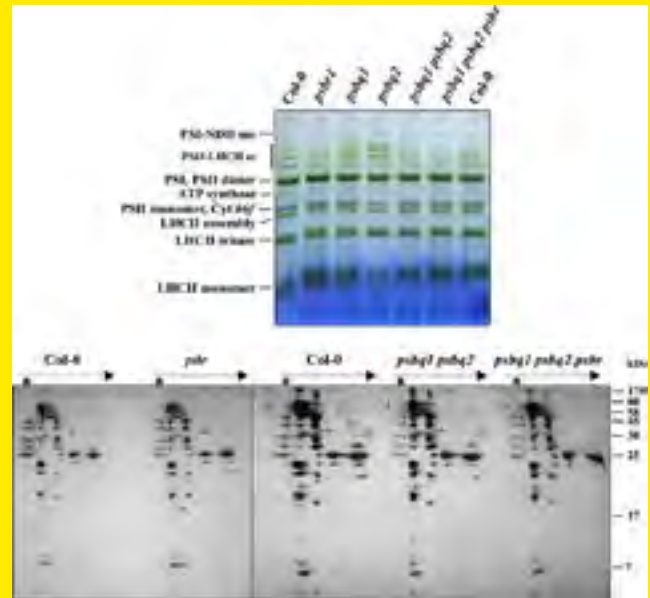


图 2. 野生型拟南芥和突变体类囊体膜蛋白 BN-PAGE 和 SDS-PAGE 分析

类囊体膜用 1% w/v β -十二烷基麦芽糖苷溶解
NDH:NADPH 脱氢酶; PS: 光系统; LHC: 捕光复合物; Cyt b6/f: 细胞色素 b6/f。

* 表示在培养光强条件下 PSII-LHCII 超级复合物的位置

a&b: 为暗适应 30min, 然后照光 15min 后测得的 Φ PSII 和 NPQ

c: 未添加 50 μ M DCMU 和 d: 添加 50 μ M DCMU 的拟南芥叶片照射单周转后的弛豫动力学曲线

该研究中 Yagut Allahverdiyeva 等人使用 BN-PAGE 分析了类囊体膜蛋白的变化, 进一步使用 SDS-PAGE 分析了蛋白复合体亚基的变化。从图 2 中的结果显示, 拟南芥野生型和突变体类囊体膜 PSII-LHCII 超级复合体存在明显差异。突变体拟南芥类囊体膜 PSII-LHCII 超级复合体含量下降 36%-58%。

叶绿素荧光与低温荧光发射光谱结合

77K 荧光指的是在零下 196 度的温度条件下观测的叶绿素荧光, 77K 下只有物理过程, 没有生化过程, 这样的低温条件避免了与温度有关的酶反应和电子传递对荧光测量的影响, 因此只有原初光化学反应的变化才能被反映出来。目前 77K 荧光常用于两个光系统之间状态转化的研究, 反应光能在两个光系统间的分配。高等植物的 77K 荧光发射峰有三个, 分别是 685, 695 和 730nm, 其中 730nm 长波荧光峰是高等植物光系统 I (PSI) 的重要表征, 已经确定它是 PS I 的捕光色素-蛋白复合物 LHC I 上的 Chla 发出的荧光。

Samuel L. Benson 等人研究了实验室培养箱内生长的野生型拟南芥与 T-DNA 敲除光捕获复合体 I 天线基因的突变体。研究发现, 尽管 LHCII 磷酸化水平不变, LHCA 亚基缺失同样削弱拟南芥的状态转变。通过蓝绿光和胶电泳 (BN-PAGE) 提取到的 PSI-LHCI-LHCII 超复合体的量, 与野生型和突变体 Δ Lhca 相似。荧光发射光谱显示, 在野生型样品中, PSI-LHCI-LHCII 超复合体在状态 II 通过能量传递由 LHCII 三聚体补充。LHCII 结合物对毛地黄皂苷反应敏感, 并且在 Δ Lhca4 突变株中缺失。类囊体膜的基粒的边缘被认为是外置 LHCII 和状态 II PSI-LHCI-LHCII 超复合体相互作用的主站点。

该研究中, 研究人员使用 Dual-PAM-00 测量了两种拟南芥暗适应之后的最小荧光 F_0 , 最大荧光 F_m 和光化光诱导的最大荧光 F_m' , 使用双波长体系 (830nm&875nm) 测量了 P700 的氧化曲线变化 (氧化态 P700+ 生成曲线), 使用 BN-PAGE 分析了类囊体膜蛋白超级复合体的变化。利用荧光光谱仪测量类囊体膜低温荧光发射光谱。

研究人员使用脉冲幅度调制 (PAM) 叶绿素荧光来测量状态转换, 使用红色 (635nm) 和远红色 (720nm) 光分别激发 PSII 和 PSI。图 3 比较野生型和突变体 (Δ Lhca1, Δ Lhca2, Δ Lhca3 和 Δ Lhca4) 的荧光动力学轨迹, 第一部分由红光和远红光照射, 表明与电子传输和卡尔文循环激活相关的瞬态变化。5 分钟后, 远红光关闭, 导致荧光水平 (F_s) 快速升高。由于 PQ 过度还原, 光化学对 PSII 天线的有效猝灭下降导致 F_s 的增加。在随后的 20 分钟内, 野外型 F_s 逐渐恢复到与远红光关闭前相似但不相同的值 (图 1a)。 F_s 的下降与状态转换有关, 状态转化增加 PSI 的光化学速率, 还原态 PQ 被氧化。此时施加饱和光脉冲来测量 F_m'' (状态 II 中的最大荧光)。在此循环之后, 再次打开远红光, 随着 LHCII 去磷酸化并重新连接至 PSII, F_s 在 20 分钟内逐渐升高。此时施加第二个饱和脉冲来确定 F_m' (状态 I 中的最大荧光)。关闭远红光后, 突变体的 F_s 上升较多, 表现出较慢且不太完整的状态转变 (图 3b-f)。

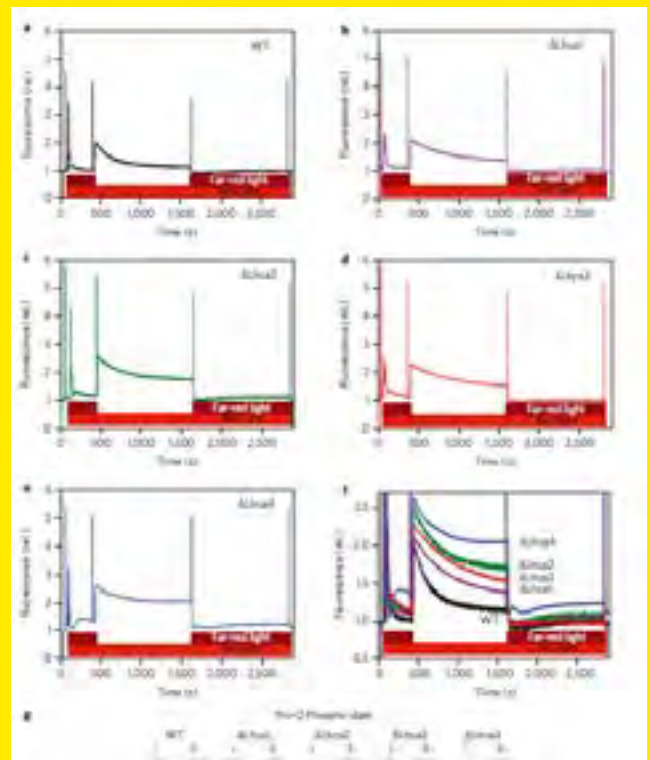


图 3, Dual-PAM-100 测量野生型拟南芥和突变体状态转换和类囊体蛋白质磷酸化。

Lhca 亚基的缺失损害了从 LHCII 到 PSI 的能量转移。通过差示吸收光谱法测量 PSI 反应中心 (P700) 的光氧化动力学来测量野生型和突变体中 PSI 的天线大小 (图 2a, b)。使用单指数函数对曲线进行拟合显示, 突变体 Δ Lhca1,2,3 和 4 状态 I 下的 PSI 天线大小分别为其野生型的 84,74,82 和 55% (图 2a 和表 2)。在状态 II, 我们计算得到野生型 PSI 天线尺寸增加了 28%, 与先前报道的增加 25-33% (图 2b 和表 2) 一致。如果状态转换在突变体中不受干扰, 则可以预测状态 II 中的天线尺寸的更大比例增加, 因为它们的状态 I 中的天线尺寸更小。P700+ 吸收数据表明在状态 II 下耦合到 PSI 的 LHCII 的能量绝对量减少。

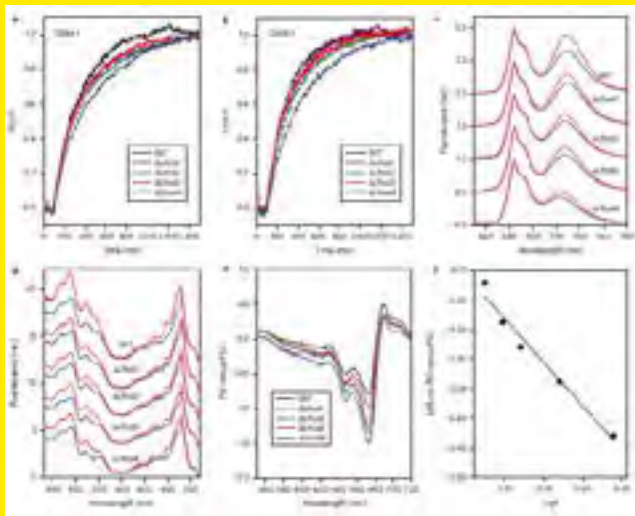


图 4. Dual-PAM-100 测量野生型拟南芥和突变体 P700 氧化动力学曲线
野生型拟南芥和突变体 77K 低温荧光变化曲线

通过低温 (77 K) 荧光发射和激发光谱定量 PSI 天线尺寸。在野生型类囊体中, 荧光发射显示 730nm PSI 谱带与 685nm PSII 谱带的比率大幅增加 (图 2c)。 Δ Lhca1,2,3 和 4 类囊体中的 PSI 发射分别从野生型的 730nm 蓝移到 728,724,725 和 722nm (图 2c)。状态 II 中相对于 685nm PSII 带的 PSI 带强度增加在突变体中也更小 (图 2c)。可以通过比较 735nm 发射的激发光谱来计算由于状态转换引起的 PSI 天线尺寸的增加, 其中 PSI 贡献占主导地位。光谱在 705nm 处标准化, 即 PSI-LHCI 末端发射区, 该区不存在 PSII 或 LHCII 吸收 (图 2d)。计算得到野生型拟南芥 PSI 天线尺寸增加 32%, 表示为差值光谱和状态 I 光谱之间的比率。突变体的 PSI 激发光谱与野生型存在差异, 这与每种情况下特异性 Lhca 亚基的选择性丢失一致。PSI 天线尺寸在突变体 Δ Lhca1,2,3 和 4 分别增加了 18,16,21 和 23%, 从而证实了 P700+ 的测量结果所显示的突变株 PSI 天线尺寸变化小于野生型。状态转换期间 PSII 天线尺寸的变化也通过监测 705nm 发射的激发光谱来测量。在野生型中, II 状态下 PSII 天线尺寸减小 13%, 而在 Δ Lhca1,2,3 和 4 中分别记录到 9,8,8 和 4% 的较小减少量。因此, 在状态 II 条件下, 在突变体中, 更大比例的 LHCII 天线保持能量耦合到 PSII。

参考文献

DUAL-PAM-100&BN-PAGE

1. Liu, X., et al. (2018). "Effects of Photosystem II Manganese-stabilizing Protein Succinylation on Photosynthesis in the Model Cyanobacterium *Synechococcus* sp. PCC 7002." *Plant and Cell Physiology*: pcy080-ncy080.
2. Liu, X., et al. (2018). "Effects of PSII Manganese-Stabilizing Protein Succinylation on Photosynthesis in the Model Cyanobacterium *Synechococcus* sp. PCC 7002."

3. Wood, W. H., et al. (2018). "Dynamic thylakoid stacking regulates the balance between linear and cyclic photosynthetic electron transfer." *Nature Plants*: 1.
4. Giovanardi, M., et al. (2017). "Higher packing of thylakoid complexes ensures a preserved Photosystem II activity in mixotrophic *Neochloris oleoabundans*." *Algal Research* 25: 322-332.
5. Huang, D., et al. (2017). "Dual-Located WHIRLY1 Interacting with LHCA1 Alters Photochemical Activities of Photosystem I and Is Involved in Light Adaptation in *Arabidopsis*." *International journal of molecular sciences* 18(11): 2352.
6. Wittenberg, G., et al. (2017). "Identification and characterization of a stable intermediate in photosystem I assembly in tobacco." *The Plant Journal*.
7. Zagari, N., et al. (2017). "SNOWY COTYLEDON 2 Promotes Chloroplast Development and Has a Role in Leaf Variegation in Both *Lotus japonicus* and *Arabidopsis thaliana*." *Molecular Plant* 10(5): 721-734.
8. Bersanini, L. (2016). "Alternative electron transfer routes involved in photoprotection of cyanobacteria."
9. Chen, M., et al. (2016). "Loss of algal Proton Gradient Regulation 5 increases ROS scavenging and H₂ evolution." *Journal of Integrative Plant Biology*: n/a-n/a.
10. Ferroni, L., et al. (2016). "Light acclimation in the lycophyte *Selaginella martensii* depends on changes in the amount of photosystems and on the flexibility of the light-harvesting complex II antenna association with both photosystems." *New Phytologist*: n/a-n/a.
11. Gao, F., et al. (2016). "The NDH-1L-PSI Supercomplex Is Important for Efficient Cyclic Electron Transport in Cyanobacteria." *Plant Physiology* 172(3): 1451-1464.
12. Giovanardi, M., et al. (2017). "Higher packing of thylakoid complexes ensures a preserved Photosystem II activity in mixotrophic *Neochloris oleoabundans*." *Algal Research* 25: 322-332.
13. Huang, D., et al. (2017). "Dual-Located WHIRLY1 Interacting with LHCA1 Alters Photochemical Activities of Photosystem I and Is Involved in Light Adaptation in *Arabidopsis*." *International journal of molecular sciences* 18(11): 2352.
14. Romanowska, E., et al. (2016). "Differences in photosynthetic responses of NADP-ME type C4 species to high light." *Planta*: 1-17.
15. Wang, X., et al. (2016). "A cytoplasmic protein Ssl3829 is important for NDH-1 hydrophilic arm assembly in *Synechocystis* sp. strain PCC 6803." *Plant Physiology* 171(2): 864-877.
16. Wittenberg, G., et al. (2017). "Identification and characterization of a stable intermediate in photosystem I assembly in tobacco." *The Plant Journal*.
17. Xue, X., et al. (2016). "Development of the photosynthetic apparatus of *Cunninghamia lanceolata* in light and darkness." *New Phytologist*: n/a-n/a.
18. Zagari, N., et al. (2017). "SNOWY COTYLEDON 2 Promotes Chloroplast Development and Has a Role in Leaf Variegation in Both *Lotus japonicus* and *Arabidopsis thaliana*." *Molecular Plant* 10(5): 721-734.
19. Zhan, J., et al. (2016). "Thf1 interacts with PS I and stabilizes the PS I complex in *Synechococcus* sp. PCC7942." *Molecular Microbiology*: n/a-n/a.
20. Benson, S. L., et al. (2015). "An intact light harvesting complex I antenna system is required for complete state transitions in *Arabidopsis*." *Nature Plants* 1: 15176.
21. Gao, F., et al. (2015). "NdhV Is a Subunit of NADPH Dehydrogenase Essential for Cyclic Electron Transport in *Synechocystis* sp. Strain PCC 6803." *Plant Physiology*: pp. 01430.02015.
22. Gao, S., et al. (2015). "Desiccation enhances phosphorylation of PSII and affects the distribution of protein complexes in the thylakoid membrane." *Physiologia plantarum*.
23. He, Z., et al. (2015). "NdhM is required for the stability and the function of NAD (P) H dehydrogenase complexes involved in CO₂ uptake in *Synechocystis* sp. strain PCC 6803." *Journal of Biological Chemistry*: jbc. M115. 698084.
24. Urbiscek, M., et al. (2015). "The extreme Albino3 (Alb3) C terminus is required for Alb3 stability and function in *Arabidopsis thaliana*." *Planta* 242(3): 733-746.
25. Zhao, J., et al. (2015). "NdhQ Is Required to Stabilize the Large Complex of NADPH Dehydrogenase in *Synechocystis* sp. Strain PCC 6803." *Plant Physiology*: pp. 00503.02015.

DUAL-PAM-100&77K 低温荧光发射光谱

26. Liu, X., et al. (2018). "Effects of Photosystem II Manganese-stabilizing Protein Succinylation on Photosynthesis in the Model Cyanobacterium *Synechococcus* sp. PCC 7002." *Plant and Cell Physiology*: pcy080-ncy080.
27. Liu, X., et al. (2018). "Effects of PSII Manganese-Stabilizing Protein Succinylation on Photosynthesis in the Model Cyanobacterium *Synechococcus* sp. PCC 7002."
28. Townsend, A. J., et al. (2018). "The causes of altered chlorophyll fluorescence quenching induction in the *Arabidopsis* mutant lacking all minor antenna complexes." *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics*.
29. Larosa, V., et al. (2018). "Mitochondria affects photosynthetic electron transport and photo-sensitivity in a green alga." *Plant Physiology*: pp. 01249.02017.
30. Jokel, M. (2017). "Regulation of photosynthesis under dynamic light conditions in *Chlamydomonas reinhardtii*: Impact on hydrogen production."
31. Kämäräinen, J., et al. (2017). "Pyridine nucleotide transhydrogenase PntAB is essential for optimal growth and photosynthetic integrity under low - light mixotrophic conditions in *Synechocystis* sp. PCC 6803." *New Phytologist* 214(1): 194-204.
32. Köhl, K., et al. (2017). "Performance of *Arabidopsis thaliana* under different light qualities: comparison of light-emitting diodes to fluorescent lamp." *Functional Plant Biology*.
33. Masuda, T., et al. (2017). "Diel regulation of photosynthetic activity in the oceanic unicellular diazotrophic cyanobacterium *Crocospaera watsonii* WH8501." *Environmental Microbiology*: n/a-n/a.
34. Murakami, K., et al. (2017). "Quantification of excitation energy distribution between photosystems based on a mechanistic model of photosynthetic electron transport." *Plant, Cell & Environment*.
35. Snellenburg, J. J., et al. (2017). "A four state parametric model for the kinetics of the non-photochemical quenching in Photosystem II." *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*.
36. Townsend, A. J., et al. (2017). "Dynamic interplay between photodamage and photoprotection in photosystem II." *Plant, Cell & Environment*.
37. Wittenberg, G., et al. (2017). "Identification and characterization of a stable intermediate in photosystem I assembly in tobacco." *The Plant Journal*.
38. Zagari, N., et al. (2017). "SNOWY COTYLEDON 2 Promotes Chloroplast Development and Has a Role in Leaf Variegation in Both *Lotus japonicus* and *Arabidopsis thaliana*." *Molecular Plant* 10(5): 721-734.
39. Giovagnetti, V. and A. V. Ruban (2016). "Detachment of the fucoxanthin chlorophyll a/c binding protein (FCP) antenna is not involved in the acclimative regulation of photoprotection in the pennate diatom *Phaeodactylum tricorutum*." *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*.
40. He, J., et al. (2016). "Intrinsic Mechanism of UV-C-Induced Inactivation of *Microcystis aeruginosa*: Impairment on Photosynthetic System." *Water, Air, & Soil Pollution* 227(3): 1-14.
41. Kamarainen, J., et al. (2016). "Pyridine nucleotide transhydrogenase PntAB is essential for optimal growth and photosynthetic integrity under low-light mixotrophic conditions in *Synechocystis* sp. PCC 6803." *New Phytol.*
42. Pavlovi, A., et al. (2016). "Light-induced gradual activation of photosystem II in dark-grown Norway spruce seedlings." *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*.
43. Wang, L., et al. (2016). "The Phytol Phosphorylation Pathway Is Essential for the Biosynthesis of Phylloquinone that Is Required for Photosystem I Stability in *Arabidopsis*." *Molecular Plant*.
44. Zhan, J., et al. (2016). "Thf1 interacts with PS I and stabilizes the PS I complex in *Synechococcus* sp. PCC7942." *Molecular Microbiology*: n/a-n/a.
45. Zhang, Z., et al. (2016). "A new paradigm for producing astaxanthin from the unicellular green alga *Haematococcus pluvialis*." *Biotechnology and Bioengineering*: n/a-n/a.



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



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

官方网站: www.zealquest.com

平台网站: www.agripheno.com

E-mail: newsletter@zealquest.com

