



2023年第143期总341期

农业生物技术专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. Mehran工程技术大学利用模型自动检测棉花病害
2. 亚里士多德大学利用叶绿素成像分析检测植物胁迫
3. 布宜诺斯艾利斯大学发现PIF4通过增强SAUR基因调控植物生长
4. 塞恩斯伯里实验室揭示微生物诱导气孔免疫的机制

▶ 学术文献

1. 日本国立遗传研究所揭示水稻茎中细胞命运

中国农业科学院农业信息研究所

联系人：李龙鑫;顾亮亮

联系电话：010-82109850

邮箱：agri@ckcest.cn

2023年10月2日

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

▶ 前沿资讯

1. Mehran工程技术大学利用模型自动检测棉花病害

简介: 棉花是巴基斯坦最重要的农产品之一，与巴基斯坦的经济发展密切相关。然而，棉花容易受到细菌和病毒性疾病的影响，这些疾病可以迅速传播并损害植物，最终影响棉花产量。对受影响植物的自动化早期检测可以显著减少疾病的潜在传播。本文介绍了基于深度学习技术的棉花白叶枯病和旋毛虫病毒疾病检测的实现和性能分析。通过对DenseNet121、DenseNet169、MobileNetV2、ResNet50V2、VGG16、VGG19 6个预训练深度学习模型进行迁移学习，实现自动化疾病检测。使用1362张当地农田的图像和1292张在线资源图像对模型进行训练和验证。采用执行图像增强技术以增加数据集的多样性和大小。迁移学习实现了不同的图像分辨率范围从 32×32 到 256×256 像素，并对每个实现的模型评估了准确率、精确率、召回率、F1分数和预测时间等性能指标。结果表明，当在 256×256 像素图像数据集上训练时，DenseNet169和ResNet50V2模型的准确率更高达96%。在对低分辨率 32×32 图像进行训练时，MobileNetV2模型获得了最低的52%的准确率。混淆矩阵分析表明，当在 128×128 像素或更高分辨率的图像数据集上进行训练和测试时，所有实现的模型对新鲜叶片的真阳性预测率高于91%，对细菌枯萎病的真阳性预测率高于87%，对curl病毒的检测率高于76%。本项研究介绍了基于迁移学习的六个最先进的预训练深度学习网络（包括DenseNet121、DenseNet169、MobileNetV2、ResNet50V2、VGG16和VGG19）的棉花植株自动疾病检测的实现和性能分析。考虑了棉花最常见的两种病害，即细菌性枯萎病和卷曲病毒。应用标准图像增强技术来增加数据集的大小和多功能性。在四种不同的图像分辨率下实现了迁移学习，代表了图像特征的多个层次。所实现模型的性能比较表明，在低分辨率图像上训练时，准确率较低。模型间比较表明，DenseNet169模型最准确，训练准确率高达96%。本研究为将迁移学习模型应用于棉花病害实时检测系统提供了实用的见解，但也存在一些局限性，需要进一步研究。目前的研究仅包括从两个地点收集的有限的本地数据集。通过在全国范围内收集具有不同地理和气候特征的数据集，可以进一步提高模型的可靠性和准确性。此外，在CPU上执行当前的实现，限制了其实际应用。未来在智能手机和嵌入式控制器等移动平台上实施的模型将提升其影响，并使其能够覆盖最终用户。

来源: 植物表型资讯

发布日期: 2023-09-28

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/31/Csgk0GUVPWCAUeoSADXdeEaoP08784.pdf>

2. 亚里士多德大学利用叶绿素成像分析检测植物胁迫

简介: 由于气候变化，大多数农业用地经受着严重的影响，导致农业产量显著降低。通过成像技术对作物进行监测，可以在早期发现生物或非生物胁迫，以避免损害和重大的产量损失。叶绿素荧光成像技术是目前公认的植物胁迫检测成像技术之一，叶绿素荧光成像可以评估叶片的时空变化，在可见症状在出现之前就可以对植物的生理状态进行监测，从而进行高通量评估。因此，我们回顾了叶绿素荧光成像分析如何用于评估生物和非生物胁迫的不同实例，比如甜菜夜蛾（*Spodoptera exigua*）取食15分钟后，或在番茄植株上施用灰葡萄孢菌（*Botrytis cinerea*）30分钟后，或在缺水胁迫开始时，叶绿素a（Chlorophyll a）就感受到生物胁迫，因此具有早期检测胁迫的潜力。叶绿素荧

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

光(Chlorophyll fluorescence, ChlF)分析是一种快速、非侵入、易操作、低成本和高灵敏度的方法,可用于评估植物的光合性能和检测各种胁迫对植物的影响。在叶绿素荧光参数中,开放光系统(open photosystem II, PS II)反应中心(qp)可用于早期胁迫检测,最近的研究中发现它是叶绿素荧光筛选环境胁迫对植物影响最准确的指标。叶绿素a荧光测定:采用经过暗适应叶片材料,利用光化学幅度调制(PAM)法测量叶绿素a基本荧光参数 F_0 、 F_m 、 F_0' 、 F_m' 和 F_s 。在黑暗中通过低光强测量叶绿素最小荧光(F_0),称为测量光(ML)。经过暗适应后用短暂的饱和光脉冲测得的最大荧光产量(F_m)。 F_m 与 F_0 的差值即为可变荧光 F_v 。在作用光(AL)照射下,可以用另一个饱和脉冲来测量光适应状态下的最大荧光(F_m'),在关闭AL之前,测量光下稳态荧光(F_s)水平,在关闭AL后,测量光下叶绿素荧光的最低水平(F_0'), F_m 与 F_0' 的差值即为作用光下的可变荧光(F_v')。

来源: 植物表型资讯

发布日期:2023-09-27

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/5F/Csgk0Y1r8amAIEBkACRgvPp0Ssw550.pdf>

3. 布宜诺斯艾利斯大学发现PIF4通过增强SAUR基因调控植物生长

简介: 硝酸盐作为植物生长发育过程中的主要无机氮源,不仅是植物的营养元素,也可以作为信号分子调控植物的形态建成、生理响应和相关基因的表达。同时会促进茎高增加,加剧了倒伏和产量降低的风险。尽管硝酸盐对农业具有重要意义,但目前对于其促进茎生长的机制仍然知之甚少。近日,Matias Ezequiel Pereyra等人在国际著名学术期刊PNAS发表了题为“PIF4 enhances the expression of SAUR genes to promote growth in response to nitrate”的文章,该文主要介绍了植物响应硝酸盐需要通过PIF4来增强生长素快速响应基因(SAUR)的表达来调控。SAUR参与调节非生物胁迫适应性生长的生长素响应基因。该家族基因在染色体上成簇排列,单个基因序列通常较短(200-500 bp),在拟南芥中有79个成员。PIF4最早被鉴定为植物光敏色素信号途径的组成部分。光诱导的phyB受体可以直接与PIF4相互作用并促进其磷酸化,研究表明PIF4对硝酸盐的反应需要活性phyB。硝酸盐的施加会导致植株较高,造成植株根系不稳,因此倒伏风险更高。该团队研究表明,硝酸盐通过NRT1.1, NLP7和PIF4促进拟南芥的下胚轴生长,这增强了许多SAUR基因的表达。该团队研究结果表明,硝酸盐的增加会导致PIF4在下胚轴细胞中增加,且PIF4能够直接结合SAUR基因启动子并增强其活性。

来源: 植物生物技术Pbj

发布日期:2023-09-27

全文链接:

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/03/5F/Csgk0Y1r8SiABpVqAAmofU1b3NQ420.pdf>

4. 塞恩斯伯里实验室揭示微生物诱导气孔免疫的机制

简介: NETWORKED (NET) 蛋白家族是植物肌动蛋白-膜相互作用的关键分子成分。因此,它们直接与肌动蛋白细胞骨架结合,并定位到膜区。不同的NET蛋白将肌动蛋白与特定的膜连接起来,包括肌动蛋白-液泡相互作用(NET4A)、肌动蛋白-核膜相互作用(NET3A)、肌动蛋白-质膜(PM)相互作用(NET2A)、肌动蛋白-胞间连丝相互作用(NET1A)、肌动蛋白-内质网(ER)相互作用(NET3B)和肌动蛋白-PM/ER接触点(EPCS)相互作用

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

用（NET3C）。这些肌动蛋白与膜的相互作用被认为会影响肌动蛋白的动力学和膜的形态，从而控制根和花粉管的发育、细胞扩增和铺板细胞的形态发生。近日，国际权威学术期刊Nature Communications发表了英国塞恩斯伯里实验室Silke Robatzek和杜伦大学Patrick J. Hussey团队的最新相关研究成果，题为NET4 and RabG3 link actin to the tonoplast and facilitate cytoskeletal remodelling during stomatal immunity的研究论文。科研人员在这里发现，NET家族的两个成员——NET4A和NET4B——对于正常的保卫细胞肌动蛋白重组至关重要，而肌动蛋白重组是植物免疫中气孔关闭的关键过程。NET4蛋白通过两个不同的结构域与F-肌动蛋白以及Rab7 GTPase RABG3家族成员相互作用，从而能够同时定位到肌动蛋白丝和液泡膜。NET4蛋白与GTP结合的活性RABG3成员相互作用，表明它们具有下游效应蛋白的功能。科研人员还发现，RABG3b对于微生物模式诱导的气孔关闭至关重要。综上所述，科研人员得出结论，气孔关闭过程中的肌动蛋白细胞骨架重塑涉及肌动蛋白丝和液泡膜之间的分子联系，而这种联系是由NET4-RABG3b相互作用介导的。科研人员认为，气孔对微生物模式的关闭涉及免疫触发的渗透变化和肌动蛋白细胞骨架重塑的协调作用，这可能会驱动紧凑的液泡形态。

来源：Ad植物微生物

发布日期：2023-09-27

全文链接：

<http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/31/Csgk0GUVPPaAEUF1ADWov90fiCk196.pdf>

➤ 学术文献

1. 日本国立遗传研究所揭示水稻茎中细胞命运

简介：茎由节和节间组成，是支撑地上器官并连接根部的茎轴，并使水分运输和溶质交换成为可能。与其他器官相比，茎的发育过程仍然知之甚少，尤其是那些起始节点和节间的发育过程。种子植物的茎由节和节间的重复组成，茎节是叶片与茎的附着点，其中的纵向生长非常有限，而节间是茎的一个区域，它会大幅伸长以提升叶片以捕捉光线（图1）。因此，茎已成为作物育种的重要目标。然而，尽管茎的发育很重要，但对它的研究仍然很少。克隆分析是解决植物发育中重要问题的有力方法，随着植物组织学和发育知识的积累，对不同物种进行了克隆分析。2023年9月27日，Katsutoshi Tsuda等人在国际著名杂志《The Plant Cell》上发表了一篇题为“Heat shock inducible clonal analysis reveals the stepwise establishment of cell fate in the rice stem”的研究文章，作者通过在Cre重组酶基因中引入内含子，建立了单二元载体热休克诱导克隆分析体系，并应用于水稻旗叶植物体的茎部，研究了一个给定细胞的命运是否决定了一个特定器官，为揭示茎发育的分子机制奠定了基础，并为克隆分析提供了有价值的工具。该研究中的热休克诱导克隆分析系统最初在拟南芥中建立，由两个二元载体组成。将pHS_iCre_LGG_ver.1转入水稻愈伤组织，用RT-PCR检测了Cre基因的表达，Cre基因产物的剪接形式非常微弱，大多数为非剪接形式（图2），可能是由于引入Cre基因的内含子的剪接效率不高。为了提高剪接效率，将插入的内含子剪接供体和受体位点周围的序列与水稻基因组中一致的序列进行了比较（图2）。将内含子插入位点向5'侧移动了1bp，将Cat-1基因的内含子替换为水稻肌动蛋白基因RAc1的内含子。为了测试该系统的性能，选择了三个独立的品系，并在不同程度的热休克处理下检测了Cre基因的诱导率。结果表明内含子的改进对于有效诱导至关重要。

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

来源: The Plant Cell

发布日期: 2023-09-27

全文链接:

http://agri.nais.net.cn/file1/M00/10/31/Csgk0GUVPemAe-18AAj4Ruyv_0s317.pdf