

小麦耐旱性种质资源的挖掘与利用研究

王运国

曹县梁堤头镇人民政府 山东 菏泽 274409

摘要: 干旱是限制小麦生产的主要非生物胁迫因子, 挖掘和利用耐旱种质资源是保障小麦稳产的重要途径。本文系统阐述了小麦耐旱性的生理生化与遗传基础, 分析了耐旱种质资源的筛选鉴定方法与技术体系, 探讨了耐旱基因的挖掘策略及其在分子育种中的应用途径。通过表型鉴定与分子标记相结合的种质筛选策略, 可显著提高耐旱资源的发掘效率。本文为小麦耐旱性遗传改良提供了种质资源支撑与技术参考, 对推动旱地小麦育种具有重要指导意义。

关键词: 小麦; 耐旱性; 种质资源; 分子标记; 遗传改良

引言: 我国小麦种植面积约2400万公顷, 其中约40%分布于干旱半干旱地区, 干旱缺水已成为制约小麦产量提升的关键因素。随着全球气候变化加剧, 极端干旱事件频发, 培育耐旱小麦品种的需求日益迫切。耐旱种质资源的挖掘与利用是品种改良的基础, 然而我国小麦耐旱种质资源储备不足、鉴定体系不完善、优异基因利用率低等问题突出。本文立足于小麦耐旱性研究现状, 系统梳理种质资源挖掘的关键技术与利用途径, 旨在为我国耐旱小麦育种提供理论支撑和实践指导。

1 小麦耐旱性的生理生化与遗传基础

1.1 耐旱性的生理响应机制

小麦对干旱胁迫的生理响应涉及多个过程的协同变化。干旱初期, 气孔导度下降以减少水分丧失; 随着胁迫加剧, 细胞膨压丧失, 叶片相对含水量下降。耐旱品种能维持较高的叶片水势, 表现出更强的渗透调节能力, 通过积累脯氨酸、可溶性糖等相容溶质降低细胞渗透势。同时, 抗氧化防御系统被激活, 超氧化物歧化酶、过氧化物酶等协同清除活性氧自由基, 减轻氧化损伤。

1.2 耐旱性的遗传调控网络

小麦耐旱性是由多基因控制的数量性状。目前已定位的耐旱相关QTL超过200个, 分布于21条染色体上, 其中5A、5B、5D染色体上的QTL效应较大。耐旱性调控涉及ABA信号通路和转录因子网络。ABA是响应干旱的核心激素, 其合成关键酶NCED在干旱诱导下上调表达。DREB、NAC等转录因子识别特定顺式作用元件, 启动抗旱功能基因表达。DREB转录因子可激活rd29A、cor15A等靶基因, 增强植株耐旱性^[1]。

1.3 耐旱性与产量性状的平衡

耐旱性遗传改良面临的一个核心问题是耐旱性与产量性状之间的平衡。在水分充足条件下, 一些耐旱相关性状(如叶片较小、气孔密度低、根系深扎)可能导

致产量潜力下降。因此, 理想耐旱种质应具备“旱时抗旱、涝时高产”的特性, 即在水分胁迫条件下保持较高产量, 在水分充足条件下产量潜力不显著降低。实现这一目标的策略包括: 发掘具有“组成型”耐旱基因的种质资源, 这类基因在不同水分条件下均能稳定表达, 对产量影响较小; 利用“诱导型”启动子驱动耐旱基因表达, 使耐旱性状仅在干旱条件下表现; 通过分子设计育种, 将耐旱QTL与高产QTL进行聚合。近年来提出的“节节麦-普通小麦”渐渗系策略, 成功将节节麦的耐旱基因导入普通小麦, 创制了既耐旱又高产的优异种质。这一方向为打破耐旱与高产的负相关性提供了新思路。

2 小麦耐旱种质资源的筛选与鉴定

2.1 种质资源的收集与整理

小麦耐旱种质资源的收集是挖掘与利用工作的第一步。我国拥有丰富的小麦种质资源, 国家种质库保存小麦种质约4.5万份, 包括地方品种、育成品种、国外引进种质和野生近缘种。地方品种是长期自然选择和人工选择的结果, 蕴藏着丰富的耐旱基因, 如“小白麦”“红芒麦”等传统品种在干旱条件下表现出较强的适应能力。野生近缘种如节节麦、粗山羊草、二倍体山羊草等, 是耐旱基因的重要来源, 它们经历了极端环境的自然选择, 携带普通小麦所不具备的优异等位基因。种质收集后需进行系统的性状调查和分类, 建立耐旱种质资源数据库, 记录其来源、生态型、主要农艺性状及已有的耐旱评价数据。近年来, 通过“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”, 新收集小麦种质3000余份, 其中不乏耐旱特性突出的材料, 丰富了耐旱育种的基因源。

2.2 表型鉴定方法与指标体系

准确的表型鉴定是耐旱种质筛选的关键环节。根据鉴定环境的不同, 可分为田间直接鉴定和人工模拟鉴定两大类。田间鉴定在自然干旱条件下进行, 结果最接

近生产实际,但受年度间降雨变异性影响大,需要多年多点重复试验。人工模拟鉴定在温室或人工气候室中进行,通过控制水分供给实现干旱胁迫,条件可控、重复性好。常用的胁迫方式包括:苗期停水培养、聚乙二醇(PEG)模拟渗透胁迫、盆栽控水等。鉴定指标可分为直接指标和间接指标。直接指标以产量为核心,包括单株产量、千粒重、穗粒数及其干旱胁迫下的稳定性^[2]。间接指标包括生理生化指标(相对含水量、脯氨酸含量、丙二醛含量)、形态指标(根冠比、叶面积、卷叶程度)和生长指标(株高生长速率、生物量积累)。高效的鉴定体系应综合运用多种指标,采用隶属函数法或主成分分析法进行综合评价,筛选出耐旱性强、产量稳定的优异种质。

2.3 分子标记辅助筛选技术

分子标记技术的发展为耐旱种质的快速筛选提供了有力工具。与传统表型鉴定相比,分子标记辅助筛选不受环境条件影响,可在苗期完成,显著提高筛选效率。目前用于耐旱种质筛选的分子标记主要包括SSR(简单序列重复)、SNP(单核苷酸多态性)和功能标记三大类。SSR标记技术成熟、成本较低,适合大规模种质的遗传多样性分析和QTL关联分析。SNP标记密度高、通量大,可用于全基因组关联分析和基因组选择育种。功能标记是根据耐旱基因的功能位点设计的特异性标记,具有选择准确性高的优点,如与TaDREB1、TaNAC2、TaSnRK2等耐旱基因连锁的功能标记已在种质筛选中得到应用。具体操作流程为:提取种质DNA→PCR扩增目标标记→聚丙烯酰胺凝胶电泳或荧光检测→数据分析。通过分子标记筛选,可从大量种质中快速锁定携带目标耐旱基因的材料,再结合表型鉴定进行验证,实现“预筛选+精准鉴定”的分层筛选策略。

3 耐旱优异基因的挖掘与功能解析

3.1 基于连锁分析的QTL定位

连锁分析是挖掘耐旱QTL的传统方法,其原理是利用分离群体(如F₂、RIL、DH群体)中分子标记与表型性状的共分离关系,定位控制耐旱性的染色体区间。构建遗传群体是QTL定位的基础,常用亲本为耐旱性差异显著的品种组合,如“旱选10号(耐旱)×京411(干旱敏感)”构建的RIL群体已用于多个耐旱QTL的定位。QTL检测方法包括区间作图法、复合区间作图法和完备区间作图法,其中完备区间作图法因其对背景效应的有效控制而被广泛采用。目前已定位的小麦耐旱QTL覆盖所有21条染色体,其中4A、5A、6B、7B染色体上存在多个稳定表达的QTL。单个QTL的表型贡献率一般在5%-

15%之间,表明耐旱性受微效多基因控制。QTL定位结果需在不同环境条件下验证,确保QTL的稳定性和普适性。将稳定的主效QTL进一步精细定位,可缩小候选区间,为基因克隆奠定基础。

3.2 基于关联分析的功能标记开发

关联分析是QTL定位的补充和升级,它利用自然群体的历史重组事件,具有更高的作图分辨率和更广的等位基因覆盖范围。与连锁分析需要构建专门群体不同,关联分析可直接对种质资源库进行扫描,检测与目标性状显著关联的标记位点。开展关联分析需具备三个条件:具有代表性的自然群体、高密度的分子标记覆盖、合理的群体结构控制。小麦中常用的关联分析平台包括90K SNP芯片、660K SNP芯片和重测序技术。通过关联分析,已鉴定出与小麦根系深度、渗透调节能力、水分利用效率等耐旱组分性状显著关联的SNP位点,部分位点位于候选基因内部或附近。这些关联标记可直接转化为功能标记,用于种质筛选和分子标记辅助育种^[1]。例如,与TaDREB2基因相关的SNP标记已在小麦种质中验证,能够有效区分耐旱与敏感基因型,展现出良好的应用前景。

3.3 关键耐旱基因的克隆与功能验证

随着基因组学技术的进步,小麦耐旱基因的克隆取得了重要突破。基于图位克隆策略,研究人员成功克隆了位于5A染色体上的主效耐旱QTL-TaSnRK2.8,该基因编码蔗糖非酵解型蛋白激酶,参与ABA信号通路调控,过表达该基因可显著增强转基因小麦的耐旱性和水分利用效率。通过同源克隆方法,从节节麦中克隆了耐旱基因Drb2,导入普通小麦后使转基因株系在干旱胁迫下的存活率提高35%。功能验证主要采用过表达和基因沉默两种策略。在模式植物拟南芥或水稻中进行快速验证后,通过农杆菌介导转化法或基因枪法将目标基因转入小麦,获得转基因株系。在干旱胁迫条件下,比较转基因植株与对照的表型差异、生理指标和产量表现。基因沉默可通过RNAi技术或CRISPR/Cas9基因编辑技术实现,用于验证基因的功能。这些研究为耐旱分子育种提供了重要的基因资源和功能信息。

4 耐旱种质资源的利用途径

4.1 常规杂交育种中的应用

耐旱种质资源在常规杂交育种中的利用是历史最久、应用最广的途径。其核心策略是将耐旱种质作为亲本,与高产、优质、抗病的优良品种杂交,在后代群体中选择兼具耐旱性和优良农艺性状的重组个体。杂交设计应根据耐旱种质的特性灵活选择:供体亲本为地方品种或野生近缘种时,通常采用“回交育种”策略,通过

多次回交减少不利连锁累赘,同时利用分子标记辅助选择加快目标基因的导入;供体亲本为耐旱性突出的育成品种时,可采用“单交-系谱法”或“双交-混合法”,在后代中进行系统选育。选择时机的把握至关重要,耐旱性鉴定应在早期世代(F2-F4)进行,以便及早淘汰不抗旱的个体;而产量性状应在较高世代(F5-F7)重点评价,此时遗传背景趋于纯合,产量表现稳定。通过常规杂交育种,我国已选育出一批耐旱小麦新品种,如“晋麦47”“长6878”等,在旱地推广面积超过千万亩。

4.2 分子标记辅助选择育种

分子标记辅助选择(MAS)是提高耐旱育种效率的关键技术。与传统表型选择相比,MAS可在苗期进行,不受环境条件干扰,选择准确性高,尤其适合耐旱性这类遗传力较低、鉴定成本较高的性状。实施MAS的基本条件包括:获得与耐旱QTL紧密连锁的分子标记、目标QTL在育种群体中能够稳定遗传、建立高效的低成本检测体系^[4]。具体应用可分为三种模式:前景选择,针对目标耐旱基因或QTL进行选择,确保优异等位基因的导入;背景选择,利用覆盖全基因组的标记筛选遗传背景最接近轮回亲本的单株,加速遗传背景恢复;金字塔选择,将多个耐旱QTL或耐旱基因聚合到同一遗传背景中,实现效应的累加。MAS技术已成功应用于将TaDREB1、TaNAC2等耐旱基因导入主栽品种,定向改良了抗旱性。随着SNP芯片和KASP标记技术的普及,MAS的通量和效率将进一步提升。

4.3 全基因组选择与基因编辑育种

全基因组选择(GS)通过建立标记与表型的预测模

型,仅依据标记信息即可预测育种价值,适合微效多基因控制的耐旱性状。训练群体规模需300-500份,标记密度>10000个SNP。GS建立预测模型后,后续世代无需每代表型鉴定,可缩短育种周期2-3年。CRISPR/Cas9基因编辑技术可对目标基因进行定点敲除或插入,目前已敲除负调控基因TaOST1和TaWRKY2,显著提高植株耐旱性。

结束语

小麦耐旱性种质资源的挖掘与利用是应对干旱胁迫的根本途径。本文系统分析了耐旱性的生理遗传基础,阐述了种质筛选鉴定的方法体系,探讨了耐旱基因挖掘与利用的技术策略。随着高通量表型组学、基因组学和基因编辑技术的快速发展,耐旱种质资源的鉴定精度和利用效率将大幅提升。未来应进一步加强耐旱种质资源的深度评价与共享利用,推动耐旱育种从“经验选择”向“分子设计”转变,为保障国家粮食安全提供种源支撑。

参考文献

- [1]王永刚,张胜军,刘亚丽,等.新疆冬小麦品种资源萌发期耐旱性鉴定与筛选[J].新疆农业科学,2021,58(11):2024-2034.
- [2]李海洋,杨姗姗,桑萌,等.根际促生菌株*Pantoea cypripedii* TA1对小麦耐旱性的影响[J].干旱地区农业研究,2025,43(4):32-42.
- [3]关睿捷,温嘉茂,张恬畅,等.114份春小麦苗期耐旱性综合评价与筛选[J].种子,2025,44(10):28-36.
- [4]李卫华.气候变化背景下小麦耐旱性品种的筛选与推广[J].种子科技,2026,44(3):32-34.