

张文香,赵丹,刘蕊,等.作物干旱响应机制:根系分泌物和微生物研究进展[J].江苏农业科学,2025,53(9):1-8.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.09.001

# 作物干旱响应机制:根系分泌物和微生物研究进展

张文香<sup>1</sup>,赵丹<sup>1</sup>,刘蕊<sup>2</sup>,马建辉<sup>3</sup>

(1.衡水学院生命科学学院,河北衡水 053000; 2.衡水学院湿地保护与研究中心,河北衡水 053000;  
3.河南师范大学生命科学学院,河南新乡 453007)

**摘要:**干旱胁迫对作物生长和产量构成严重威胁,是作物重要的非生物胁迫之一。作物根系作为水分吸收与传递的核心,在干旱时通过改变结构提升耐旱性,在此过程中,根系分泌物、植物激素和根系微生物形成复杂的互作网络,共同抵御干旱。本文综述了干旱胁迫下作物根系与根系微生物的交互作用及其对抗旱性的影响。干旱条件下,作物的根系结构会进行优化,根长和根面积增加,同时根系分泌物(如氨基酸、有机酸等)的种类和数量也会发生变化。多种植物激素,包括 ABA、IAA、GA、JA 和 ETH,在根系响应干旱中具有调控作用,尤其是 ABA 在根茎通信和气孔调节中起到了关键作用。干旱胁迫还会导致土壤微生物种群结构显著变化,影响微生物的多样性和功能。同时,根系微生物在作物响应干旱胁迫中通过产生植物激素和代谢物帮助植物抵御干旱,改善根系结构和水分养分吸收。最后,本文提出了作物根系、根系分泌物与根际微生物之间的互作网络,为深入理解作物抗旱机制提供了新视角,也为研究根系-微生物互作机制以提高作物抗旱性、保障农业生产安全提供了科学依据。

**关键词:**作物干旱响应;根系结构;根系分泌物;根系微生物;植物激素

**中图分类号:**S182;S184 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)09-0001-07

水是植物生存不可或缺的资源,植物器官需维持足够的水分含量以保证正常生长。然而,全球范围内由于温室气体排放导致的干旱现象频发,给植物的生长带来巨大的压力<sup>[1-2]</sup>。干旱胁迫不仅影响植物的代谢活动,严重时还会引起细胞内电解质失衡,导致植物死亡,对作物的生长和产量构成严重威胁,是作物重要的非生物胁迫之一<sup>[3-5]</sup>。因此,加强对作物抗旱能力的研究,提高作物在干旱胁迫下的生存率和产量,对于保障农业生产、维护粮食安全具有重要意义<sup>[6]</sup>。

作物根系作为直接从土壤中吸收水分并且运送到其他部位的器官,当土壤水分不足时,根系感应到水分胁迫并将信号传递到其他部位,从而引起一系列生长发育、生理生化和分子水平的变化,最终影响作物产量和品质<sup>[7-13]</sup>,因此,根系在干旱胁迫下的响应一直是研究的重点。在干旱胁迫下,作

物的根系结构会改变,根数更多、根长更长,从而更好地吸收深层土壤的水分,提高耐旱性<sup>[14]</sup>。植物激素在作物响应干旱胁迫中也发挥了重要的作用,目前主要报道的有脱落酸(ABA)依赖的和非 ABA 依赖的 2 类作物干旱胁迫响应机制<sup>[15-17]</sup>。

近年来,根系干旱胁迫的研究焦点逐渐转向了作物如何受到根际微生物在缺水状态下的影响。这一关联凸显了植物与之密切相关的微生物群落,包括植物促生长细菌和真菌,在植物生长以及应对包括干旱在内的环境变化中的重要作用<sup>[9,18]</sup>。干旱条件下,植物根系的结构发生变化,根系分泌物随之改变,这些变化进而影响了根际微生物的丰富度、构成和活性,从而调节了作物与土壤微生物之间的相互作用。此外,植物根系在维护那些对作物生长、营养吸收和健康至关重要的固有微生物群落方面扮演了关键角色。先前的研究还揭示了干旱可能对土壤微生物群落产生长期的影响,反之,与根系共存的微生物群落能够协助植物抵抗干旱并促进植物适应干旱<sup>[9,19]</sup>。

尽管已有许多作物根系响应干旱的机制以及作物根系微生物的报道,但是他们的交互研究,即作物干旱胁迫对作物根系微生物的影响研究较少,且主要集中在一些模式植物或作物上。在此基础

收稿日期:2024-07-22

基金项目:衡水学院高层次人才科研启动项目(编号:2022GC03);河北省果蔬发酵技术创新中心专项课题(编号:2022XJZX59);河北省湿地保护与绿色发展协同创新中心专项课题(编号:2023XTCX005)。

作者简介:张文香(1984—),女,河北武邑人,博士,副教授,主要从事植物生理与分子生物学研究。E-mail:zwx26\_2006@163.com。

上,本文查阅了大量有关作物抗旱机制及根系微生物、根系分泌物参与作物抗旱的研究进展,经过归纳、总结,综述了以下方面的内容:(1)干旱胁迫对作物根系生长和根系分泌物的影响;(2)干旱胁迫下植物激素的作用和信号通路;(3)干旱诱导的作物根系对根际微生物的调控及根系微生物如何响应作物抗旱。旨在为理解作物与微生物交互作用在干旱条件下的响应机制提供重要的指导和借鉴。

## 1 干旱胁迫对根系生长和分泌物的影响

### 1.1 影响根系结构和生长

作物的根系由主根和侧根构成,其中主根是种子萌发后首个接触环境的根组织,主要具有吸收水分和养分、固定植株、贮存养分等作用;侧根构成了根系的主要部分,它与土壤接触面积广,对于水分的获取至关重要,主要有吸收水分、稳固植株、改良土壤、防治土壤侵蚀等作用<sup>[20-22]</sup>。一般情况下,干旱胁迫下对根的多项指标,如长度、直径、表面积、组织密度、生长速率以及分支数量等均会产生不利影响,干旱条件下,作物根分支数、根尖数和根体积显著减少,根系的生长速率会显著减缓,根系细胞分裂速度降低<sup>[22-24]</sup>。但在一定程度的缺水胁迫下,以上特征是作物适应干旱环境的一种有效策略,有助于减少水分消耗,提高生存能力能够优化其生长状态,构建出更为发达的根系网络,向更深层、更湿润的土壤生长,获取宝贵的水资源,确保水分的稳定供应,并提升作物对干旱胁迫的适应能力<sup>[25-27]</sup>。主根在水分相对匮乏的条件下,可以通过维持顶端区域的细胞伸长来维持生长,其中涉及到的相关机制包括渗透式的积累、激素的调节、细胞壁的修饰以及抗氧化系统的调节等<sup>[21,28]</sup>。侧根在缺水条件下,会被诱导出更多的分支,这样不仅增加了根系的总长度,也增加了根系的总面积,从而增加了根系的吸水能力,使其更加有利于在干旱条件下生存<sup>[29]</sup>。

在不同的环境刺激下,作物会产生不同的根系结构,从而更好地适应不同的环境,提高产量和品质。目前有很多关于干旱调控根系结构的报道,不同品种具有不同的基因型和根系特征,对干旱的响应情况不同。研究发现,分蘖期水稻发生干旱胁迫后,单株总根长、根表面积、整株干物质质量、地上部干物质质量和根干物质质量均显著降低,且抗旱性强的品种降幅小于抗旱性弱的品种<sup>[30-31]</sup>。具有更粗、更深根系的水稻品种,尤其是在 30~45 cm 的

土壤层中具有更深、更密集根系的水稻品种,表现出更好的耐旱性,具有更高的生物量和产量<sup>[32-33]</sup>。耐旱程度不同的小麦品种,其根系的垂直分布和根尖特征存在差异,抗旱品种在不同深度土层中的根长度、根干重、根冠比、根尖数和根表面积均高于干旱敏感品种<sup>[34-35]</sup>。具有更深、更长、更密的根和窄根脚的抗旱型大豆品种,在干旱胁迫下总根长、根表面积、根鲜重、根干重、产量以及平均根直径为 0.5~1.0 mm 的根长比例方面,均优于干旱敏感型大豆品种,说明其具有更好的抗旱性,可以用来探索植物对水分胁迫的适应性<sup>[36-37]</sup>。糜子在轻度水分胁迫下,根长、根总表面积、根冠比、根系活力均显著提高,但在重度水分胁迫下根长、根表面积、根冠比及根系活力均随着水分胁迫程度的加剧而减小,且重度水分胁迫下抗旱品种的各项指标均优于干旱敏感品种,具有更好的根系形态和更强的根系活力<sup>[38]</sup>。

### 1.2 影响根系分泌物

根系分泌物是植物在生长过程中,从根系的不同部位分泌(主动运输)或渗出(被动扩散)到根系环境中的初级或次级代谢产物,占植物光合产物的 10% 以上,包括低分子物质如有机酸和酚酸,高分子物质如黏胶物质和黏液,以及细胞脱落物如脱落的根冠细胞、根毛和细胞碎片等<sup>[10,39-40]</sup>。根系分泌物在作物与土壤环境的互作中扮演着至关重要的角色<sup>[12]</sup>。作为植物与土壤之间物质交换和信息传递的桥梁,根系分泌物通过分泌到根际的各类化合物,不仅为作物提供了必要的养分支持,还参与构建了根际微生态系统,影响着土壤的物理、化学和生物性质<sup>[40-41]</sup>。

在干旱胁迫下,作物根系分泌物的种类、数量等会发生显著变化。大豆在干旱胁迫下,其根系分泌物的分泌速率没有变化,但其组成随着渗透物浓度的增加而改变,且根系分泌物中氨基酸、有机酸和根的生物量等指标均显著正相关<sup>[42]</sup>。玉米在干旱胁迫下,根系分泌物中的有机酸(苹果酸、乳酸、乙酸、琥珀酸、柠檬酸和马来酸)含量显著增加,这些增加的有机酸可以提高玉米抗旱能力,溶解磷酸等养分,促进作物生长,调节土壤 pH 值,提高土壤养分的生物有效性<sup>[43]</sup>。干旱胁迫后,耐旱水稻品种的根系新陈代谢活动更旺盛,但其分泌的糖及醇类、鞘脂等大多数物质的表达量均显著降低,干旱敏感品种根系分泌物中则积累了氨基酸及其衍生物等物质<sup>[30]</sup>。

## 2 根系干旱胁迫下植物激素的作用

植物激素对植物的生命活动起着关键的调节作用。在干旱条件下,一些植物激素,如脱落酸、生长素(IAA)、赤霉素(GA)、茉莉酸(JA)、乙烯(ETH)的含量会发生变化,在根系遭遇干旱胁迫时,起关键的信号传导和调控作用<sup>[16,44-45]</sup>。

### 2.1 ABA 对作物根系响应干旱的作用

目前,ABA 在作物根系干旱胁迫下的作用,研究的最为清楚。它在水分胁迫的植物组织中积累,包括在缺水条件下的植物根部,主要通过直接调控根细胞生长和调控根茎通信 2 方面来起作用<sup>[10,46]</sup>。ABA 调控根细胞生长主要依赖于根系的向水反应。根系会根据土壤湿度梯度显示向水性,这是指导根系生长以获取水分的核心机制。ABA 通过调节根尖过渡区和伸长区的作用来参与根系的向水反应,这些区域在根尖发生差异生长反应,这种向水性依赖于 PYR/PYL/RCAR - PP2Cs - SnRK2s 途径,这是 ABA 信号传递的核心<sup>[16,47-48]</sup>。在水稻、小麦、玉米和大豆等多种作物中,缺水会诱导根系 ABA 的积累,进而加速根尖分生组织的分化,促进根系的生长<sup>[10]</sup>。此外,ABA 作为一个重要的激素信号分子,还参与根茎通信和气孔开闭。作物受到干旱胁迫时,通过维管束压力将缺水信号远距离传递到叶片,导致叶片 ABA 含量增加,诱导叶片气孔关闭,减少叶片的蒸腾失水,以减少水分流失,进而有效提高了根部的抗旱性。当感知到土壤持续干旱时,根部会产生更多的包括 ABA 在内的化学信号,调节植物上部的生长和发育。木质部 ABA 浓度和根部 ABA 浓度存在正相关关系,因此,木质部 ABA 浓度可以作为根部产生 ABA 的定量指标,用来反映根部是否缺水。这种由根部产生的信号可以在叶片组织感知到水分亏缺之前,通过气孔调节大大减少水分损失,是植物抗旱的第 1 道屏障。随着胁迫的持续,较老和较低的叶片开始枯萎,这可能是植物抗旱的第 2 道屏障<sup>[10]</sup>。

### 2.2 非 ABA 途径

其他激素主要通过与 ABA 相互作用来调节作物根系生长和对干旱胁迫的响应。水稻和拟南芥在适度水分胁迫下,根尖 ABA 积累,进而调节 IAA 的运输,从而在适度水分胁迫下维持根的生长<sup>[49]</sup>。大麦中轻度土壤干旱诱导了 ABA 积累,进一步介导了生长素合成和反应以及根和根毛伸长,促进了大

麦根鞘的形成<sup>[50]</sup>。干旱胁迫下柑橘根中 JA 含量迅速积累,导致 ABA 的进一步积累,说明 JA 可能参与了逆境下 ABA 的生物合成<sup>[51]</sup>。在低水势下,玉米幼苗根中 ABA 积累,限制了乙烯的过量产生,以确保初根的伸长<sup>[52]</sup>。ABA 和 GA 之间也存在拮抗作用,ABA 信号增强有助于维持根分生组织和腋生分生组织的大小,通过 SnRK2 - APC/CTE 通路 with GA 及其下游信号对抗,从而维持水稻根的生长和分蘖<sup>[53]</sup>。总之,在根系响应干旱胁迫的过程中,IAA、JA 与 ABA 呈现出正向的协同作用,它们在根系适应干旱环境中扮演了积极的角色。ETH、GA 则与 ABA 显示出一种拮抗关系,它们在根系对于干旱胁迫的响应中可能起到了不同的调控作用。

## 3 干旱胁迫对根系微生物的影响

土壤微生物对土壤环境的变化具有高度敏感性和迅速的反应能力。即使是微小的土壤环境变化,也会导致土壤微生物种群结构发生显著变动,因此成为陆地生态系统微小变化的敏感预警器。除了土壤本体所含的微生物之外,有几个高丰度的细菌门,往往特异地存在于根系中,如变形菌门、放线菌门和厚壁菌门,被称为根系微生物。近年来,根系微生物的研究已经成为植物微生物互作研究领域的热点之一<sup>[54-55]</sup>。根据其受根系影响和调控的程度,根系微生物可以被分为根际微生物(根周围约 2 mm 范围内)、根表微生物以及根内微生物 3 种类型。土壤含水量与土壤微生物的活性密切相关,干旱条件对根系微生物群落具有显著影响。一方面,干旱胁迫会导致土壤微生物面临渗透胁迫,影响微生物的生存状态,严重时会导致土壤微生物细胞裂解,甚至死亡。另一方面,干旱通过影响作物光合作用从而间接影响根系微生物,干旱条件下植物光合作用减弱,改变了根系微生物可获取的碳源的质量和数量,这进一步间接影响了根系的健康和功能。

水稻、小麦、高粱、玉米和大豆等作物在干旱胁迫下,根系微生物的组成、结构、数量等会发生变化。水稻分蘖期干旱胁迫后,抗旱性较弱的日本晴富集了放线菌门(Actinobacteria)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes),减少了厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidetes),其根际土壤细菌菌群的碳水化合物代谢、氨基酸代谢、能量代谢、核苷酸代谢、脂质代谢、萜类和多酮类代谢显著增强;抗旱性较强的洛稻 998 则富集了髌骨菌(Patescibacteria),

其根际土壤细菌菌群的多糖生物合成和代谢、免疫系统显著增强<sup>[30]</sup>。水稻苗期干旱胁迫下,根际土壤细菌网络变得更加紧密,结构稳定性更弱,根际土壤细菌群落组成与对照存在显著差异,芽孢杆菌属(*Bacillus*)相对丰度均显著增加;同时,敏感型水稻品种根系内生细菌群落的 $\alpha$ 多样性指数发生显著变化,细菌中假单胞菌属(*Pseudomonas*)相对丰度显著下降,红球菌属(*Rhodococcus*)相对丰度显著上升<sup>[56]</sup>。此外,干旱胁迫下,水稻内生真菌微生物群落的组成也受到宿主基因型的影响,干旱改变了根际真菌群落的组成,并增加了真菌的生物多样性,其中多数 OTU 属于子囊菌亚门(Ascomycotina),其中 37 个与干旱下更高的植物产量显著相关,其中一个被归类为暗色节菱孢(*Arthrinium phaeospermum*)<sup>[57]</sup>。另有研究表明,水稻根际和根内细菌微生物群在干旱胁迫下表现为多种放线菌(Actinobacteria)和绿弯菌(Chloroflexi)丰富增加,而几种酸杆菌(Acidobacteria)和 $\delta$ -变形菌(Deltaproteobacteria)丰度减少<sup>[19,58]</sup>。以河北省衡水市冬小麦农田为研究对象,研究干旱对冬小麦农田根际微生物群落构建及功能微生物菌群的影响,结果发现干旱胁迫下非根际土壤细菌群落变化不大,干旱主要影响根际和根内细菌群落结构,非根际和根际放线菌门的相对丰度增加,根内 $\alpha$ -变形菌门的相对丰度升高<sup>[59]</sup>。干旱对高粱生长和氮营养产生负面影响,接种植物促生长细菌后,茎中的氮积累增强,适当减轻了干旱对其造成的负面影响<sup>[60]</sup>。大豆干旱胁迫也会影响根际微生物群落的结构和功能,在干旱条件下,与栽培大豆相比,野生大豆基因型具有更强的抗旱性,脱水胁迫显著抑制了 2 种宿主植物的真菌多样性,增加了其细菌多样性<sup>[61]</sup>。此外,施肥对作物干旱胁迫下根系微生物群落结构也有影响,与对照相比,干旱胁迫下化肥处理、液体有机肥处理、贵州木霉 NJAU4742 液体生物有机肥处理和贝莱斯芽孢杆菌 SQR9 液体生物有机肥处理的玉米和小麦地下部生物量显著积累,根长显著增长,芽孢杆菌属、黄杆菌属(*Flavobacterium*)和蛭弧菌(*Bdellovibrio*)等细菌以及担子酵母属(*Saitozyma*)、木霉属(*Trichoderma*)和球托霉属(*Gongronella*)等真菌界微生物大量富集<sup>[62]</sup>。

#### 4 根系微生物在作物响应干旱胁迫下的作用

干旱胁迫下根系生长和结构的变化会影响根

系微生物的组成和分布,反之,根系微生物也会显著影响根系的发育和生长<sup>[63]</sup>。多种根系微生物,包括细菌、植物促生根际细菌和丛枝菌根真菌,在干旱胁迫下通过产生多种化合物和植物激素如脱落酸等,帮助植物抵御干旱,同时与植物形成共生关系,改善根系结构和水分养分的吸收,调节作物的抗旱性和根系结构<sup>[64]</sup>。

干旱胁迫下为了减少水分蒸发,作物叶面积会减小并将根系延伸到更深的土壤中,以吸收更多的水分,同时,体内合成不同的渗透调节物质(如脯氨酸、甘氨酸、甜菜碱和钾离子)、植物激素(如脱落酸、水杨酸、生长素和赤霉素)以及抗氧化剂(如多酚)等,来应对干旱。细菌在此过程中起到了一定的作用,非生物胁迫下脯氨酸的积累不仅发生在作物中,也发生在细菌中,由此帮助细菌抵御干旱,进一步促进细菌-植物互作来帮助作物抵抗非生物胁迫<sup>[9]</sup>。研究表明,干旱引起的植物代谢变化导致其根部富集单细胞壁细菌(缺乏外膜并具有较厚的细胞壁),进而增强宿主抗旱性,细菌组成变化反过来又影响了作物根系与根际之间的联系<sup>[65]</sup>。通过多组学联合分析,发现干旱会导致高粱根系中单细胞壁的革兰氏阳性菌丰度和活性增加,微生物组结构的变化又使高粱根系化合物中 ABC 转运蛋白活性增加,表明干旱诱导作物-微生物之间代谢物的富集和交换,改善了高粱的适应性<sup>[66]</sup>。链霉素可以在干旱胁迫下提高作物耐旱性,根内微生物中链霉素相对丰度的特异性变化与宿主的抗旱性有关,高粱幼苗干旱条件下,接种链霉素可以促进根系生长,从而抵御干旱<sup>[10,66]</sup>。

植物促生根际细菌主要通过分泌丰富的代谢物来调节作物根系中的发育信号,从而影响根系结构,促进植物生长,并帮助植物抵抗生物和非生物胁迫。例如,植物促生根际细菌促进了侧根和根毛的生长,增加了鹰嘴豆整个根系的生物量<sup>[67]</sup>。水通道蛋白在固氮、养分转运、改善水分状况和提高非生物胁迫耐受性方面发挥重要作用,水通道蛋白与 harpins 蛋白或者复制酶的直接相互作用,可以直接扰乱植物与细菌或病原体的互作,来减轻非生物胁迫带来的损伤<sup>[68]</sup>。干旱下对核桃接种植物根际促生细菌:假单胞菌 YT3、枯草芽孢杆菌 DZ1、蜡芽孢杆菌 L90 和纺锤芽孢杆菌 L13,对核桃根际土壤细菌群落的结构有较大影响,Margalef 指数和 Shannon 指数显著降低,Simpson 指数显著增加<sup>[69]</sup>。

除细菌外,丛枝菌根真菌也可以通过增强抗氧化酶活性来帮助宿主植物提高抗旱性,从而提高水分利用效率和生物量。丛枝菌根真菌可以与宿主植物形成菌根,超过 80% 的植物都有菌根,水稻、玉米、小麦、大豆等粮食作物都是菌根植物<sup>[9]</sup>。玉米在干旱胁迫下增加了丛枝菌根真菌的菌根定殖率,降低了植物干重、鲜重、叶含水量、水分利用效率、再水合速率、碳磷比和氮磷比<sup>[70]</sup>。大豆干旱条件下接种丛枝菌根真菌可以提高大豆生物量和脯氨酸含量,提高干旱期间水分的可持续利用<sup>[71]</sup>。

## 5 结论与展望

### 5.1 结论

本文综述了干旱胁迫下根系生长变化、根系分

泌物调整、植物激素调控以及根际微生物群落重构等方面的研究进展(图 1)。干旱胁迫下,土壤水分含量降低,作物会优化自身根系结构,向更深、更长和水向生长,增加根长和根面积;根系分泌物,如氨基酸、有机酸、糖、醇类和鞘脂含量增加,ABA、IAA、GA、JA 和 ETH 等植物激素含量也随着发生改变,响应干旱胁迫。这些根系的变化会诱导根系微生物随之发生变化,表现为细菌、植物促生根际细菌和丛枝菌根真菌等菌落群落组成结构和不同菌种丰度的改变。作物根系、根系分泌物与根际微生物之间存在复杂的相互作用,从而抵御干旱,提高作物在干旱条件下的生存能力。本文为深入理解作物抗旱机制提供了新视角,也为研究根系-微生物互作机制,以提高作物抗旱性、保障农业生产安全提供了科学依据。

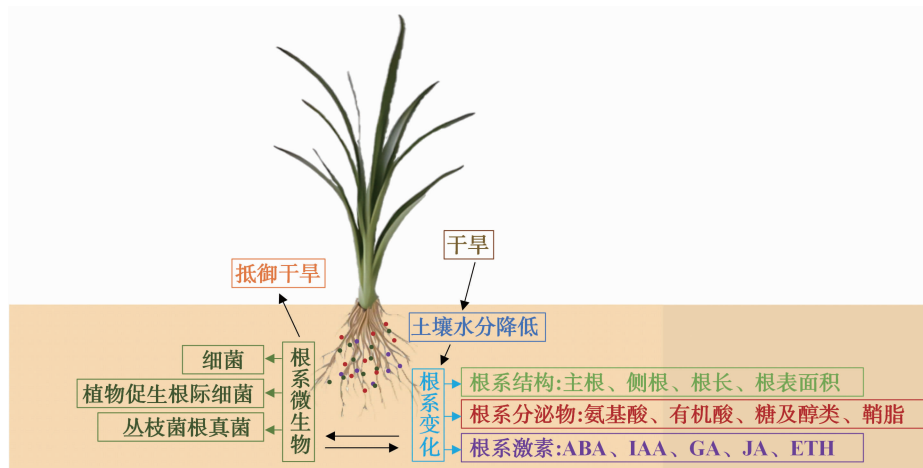


图1 干旱胁迫下作物根系响应干旱示意

### 5.2 展望

面对全球气候变化带来的日益严峻的干旱挑战,深入探索并有效利用根系-微生物互作机制提升作物抗旱性,是未来农业可持续发展的关键方向。未来研究可聚焦于以下几个方面:一是干旱胁迫下植物根系-土壤微生物相互作用的研究重点从实验室向真实大田环境中转变;二是深入解析根系分泌物中关键成分的分子机制,明确其在调控根际微生物群落结构和功能中的具体作用;三是利用高通量测序和组学技术,全面揭示干旱胁迫下根系微生物群落的动态变化及其与作物抗旱性的关系;四是开发基于根系-微生物互作的生物肥料和生物制剂,通过精准调控微生物群落结构,促进作物生长,提高抗旱能力;五是加强跨学科合作,结合分子生物学、生态学、农学等多领域知识,将基因表达、蛋白质调控、代谢物积累以及营养施肥与作物

根系的生长特性和表型联系起来,构建更加全面、系统的作物抗旱性调控网络,如植物激素的相互作用、水和养分的相互作用以及植物-土壤微生物反馈等,以更全面地理解作物根系抗旱性的机制。

#### 参考文献:

- [1] Xu C G, McDowell N G, Fisher R A, et al. Increasing impacts of extreme droughts on vegetation productivity under climate change [J]. *Nature Climate Change*, 2019, 9: 948-953.
- [2] Shen M C, Huang W, Chen M, et al. (Micro) plastic crisis: unignorable contribution to global greenhouse gas emissions and climate change [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2020, 254: 120138.
- [3] Lobell D B, Roberts M J, Schlenker W, et al. Greater sensitivity to drought accompanies maize yield increase in the U. S. Midwest [J]. *Science*, 2014, 344(6183): 516-519.
- [4] 任洪雷, 朱 筱, 张丰屹, 等. 干旱胁迫的影响及抗旱性研究进展 [J/OL]. *分子植物育种*, 2024: 1-10(2024-01-22) [2024-07-22]. <https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20240119.1548>.

- 002.
- [5] 赵 杨, 杨永青, 丁杨林, 等. 植物非生物逆境学科发展综述[J]. 植物生理学报, 2024, 60(2): 248 – 270.
- [6] 王 硕, 贾潇倩, 何 璐, 等. 作物对于旱胁迫的响应机制及提高作物抗旱能力的调控措施研究进展[J]. 中国农学通报, 2022, 38(29): 31 – 44.
- [7] Yamaguchi M, Sharp R E. Complexity and coordination of root growth at low water potentials; recent advances from transcriptomic and proteomic analyses[J]. Plant, Cell & Environment, 2010, 33(4): 590 – 603.
- [8] Sharp R E, Poroyko V, Hejlek L G, et al. Root growth maintenance during water deficits; physiology to functional genomics[J]. Journal of Experimental Botany, 2004, 55(407): 2343 – 2351.
- [9] Chen Y L, Yao Z M, Sun Y, et al. Current studies of the effects of drought stress on root exudates and rhizosphere microbiomes of crop plant species[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(4): 2374.
- [10] Kang J, Peng Y F, Xu W F. Crop root responses to drought stress: molecular mechanisms, nutrient regulations, and interactions with microorganisms in the rhizosphere[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(16): 9310.
- [11] 张余周, 王一钊, 高茹茜, 等. 小麦根系构型及抗旱性研究进展[J]. 中国农业科学, 2024, 57(9): 1633 – 1645.
- [12] 龙吉兰, 蒋 铮, 刘定琴, 等. 干旱下植物根系分泌物及其介导的根际激发效应研究进展[J]. 植物生态学报, 2024, 48(7): 817 – 827.
- [13] 陈兰兰, 王 丽, 吴亚娟, 等. 植物响应干旱胁迫的分子和微生态机制[J/OL]. 分子植物育种, 2023; 1 – 15 (2023 – 04 – 07) [2024 – 07 – 22]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230406.1634.006.html>.
- [14] Wasson A P, Richards R A, Chatrath R, et al. Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in water – limited wheat crops[J]. Journal of Experimental Botany, 2012, 63(9): 3485 – 3498.
- [15] Schulz P, Piepenburg K, Lintermann R, et al. Improving plant drought tolerance and growth under water limitation through combinatorial engineering of signalling networks[J]. Plant Biotechnology Journal, 2021, 19(1): 74 – 86.
- [16] Roychoudhury A, Paul S, Basu S. Cross – talk between abscisic acid – dependent and abscisic acid – independent pathways during abiotic stress[J]. Plant Cell Reports, 2013, 32(7): 985 – 1006.
- [17] Bahrun A, Jensen C R, Asch F, et al. Drought – induced changes in xylem pH, ionic composition, and ABA concentration act as early signals in field – grown maize (*Zea mays* L.) [J]. Journal of Experimental Botany, 2002, 53(367): 251 – 263.
- [18] García de Salamone I E, Funes J M, di Salvo L P, et al. Inoculation of paddy rice with *Azospirillum brasilense* and *Pseudomonas fluorescens*: impact of plant genotypes on rhizosphere microbial communities and field crop production[J]. Applied Soil Ecology, 2012, 61: 196 – 204.
- [19] Santos – Medellín C, Liechty Z, Edwards J, et al. Prolonged drought imparts lasting compositional changes to the rice root microbiome[J]. Nature Plants, 2021, 7(8): 1065 – 1077.
- [20] 吕晴晴, 何 宁, 张永江, 等. 间作和轮作通过根冠互作调控作物产量形成的生理生态机制[J]. 植物生理学报, 2023, 59(7): 1277 – 1290.
- [21] Sharp R E, Silk W K, Hsiao T C. Growth of the maize primary root at low water potentials; I. Spatial distribution of expansive growth[J]. Plant Physiology, 1988, 87(1): 50 – 57.
- [22] Durand M, Porcheron B, Hennion N, et al. Water deficit enhances C export to the roots in *Arabidopsis thaliana* plants with contribution of sucrose transporters in both shoot and roots[J]. Plant Physiology, 2016, 170(3): 1460 – 1479.
- [23] 秦 岭, 陈二影, 杨延兵, 等. 干旱及复水对谷子苗期根系形态特征及叶片解剖结构的影响[J]. 山东农业科学, 2024, 56(1): 50 – 57.
- [24] Lee D K, Chung P J, Jeong J S, et al. The rice OsNAC6 transcription factor orchestrates multiple molecular mechanisms involving root structural adaptations and nicotianamine biosynthesis for drought tolerance[J]. Plant Biotechnology Journal, 2017, 15(6): 754 – 764.
- [25] Sharp R E, Davies W J. Solute regulation and growth by roots and shoots of water – stressed maize plants[J]. Planta, 1979, 147(1): 43 – 49.
- [26] Dietrich D. Hydrotropism: how roots search for water[J]. Journal of Experimental Botany, 2018, 69(11): 2759 – 2771.
- [27] Moriwaki T, Miyazawa Y, Kobayashi A, et al. Molecular mechanisms of hydrotropism in seedling roots of *Arabidopsis thaliana* (Brassicaceae)[J]. American Journal of Botany, 2013, 100(1): 25 – 34.
- [28] Yamaguchi M, Valliyodan B, Zhang J, et al. Regulation of growth response to water stress in the soybean primary root. I. Proteomic analysis reveals region – specific regulation of phenylpropanoid metabolism and control of free iron in the elongation zone[J]. Plant, Cell & Environment, 2010, 33(2): 223 – 243.
- [29] Pardales J R, Yamauchi A. Regulation of root development in sweetpotato and cassava by soil moisture during their establishment period[J]. Plant and Soil, 2003, 255(1): 201 – 208.
- [30] 李格格. 分蘖期干旱胁迫对不同抗旱性水稻根际微生物群落的影响及其机制[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2021: 13 – 18.
- [31] 王 琛, 张 瑛, 顾汉柱, 等. 水稻对于旱复水过程的响应机制研究进展[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 2024, 55(2): 137 – 145.
- [32] Venuprasad R, Shashidhar H E, Hittalmani S, et al. Tagging quantitative trait loci associated with grain yield and root morphological traits in rice (*Oryza sativa* L.) under contrasting moisture regimes[J]. Euphytica, 2002, 128(3): 293 – 300.
- [33] Henry A, Gowda V R P, Torres R O, et al. Variation in root system architecture and drought response in rice (*Oryza sativa*): phenotyping of the OryzaSNP panel in rainfed lowland fields[J]. Field Crops Research, 2011, 120(2): 205 – 214.
- [34] 滕政凯, 王春艳, 卜明娜, 等. 抗旱小麦品种根系垂直分布和根尖

- 特征分析研究[J]. 麦类作物学报, 2024, 44(9): 1172 - 1184.
- [35] 薛鑫雨, 詹文博, 陈新宜, 等. 灌浆期干旱胁迫对不同小麦品种的生理性状与根系生长的影响[J]. 作物杂志, 2024(3): 192 - 200.
- [36] Dayoub E, Lamichhane J R, Schoving C, et al. Early - stage phenotyping of root traits provides insights into the drought tolerance level of soybean cultivars[J]. Agronomy, 2021, 11(1): 188.
- [37] 闫春娟, 王昌陵, 孙旭刚, 等. 不同时期水分胁迫对大豆根系特性及产量的影响[J]. 节水灌溉, 2024(8): 43 - 52.
- [38] 冯晓敏, 高翔, 吕慧卿, 等. 抗旱糜子根系生长特性及叶片表皮结构对水分胁迫的响应[J]. 作物杂志, 2024(4): 172 - 179.
- [39] Gewin V. Food: an underground revolution[J]. Nature, 2010, 466(7306): 552 - 553.
- [40] 施奇, 卢杰. 根系分泌物的影响因素及对植物的影响研究概况[J]. 农业与技术, 2023, 43(11): 13 - 17.
- [41] 努兰·拜都拉, 恩特马克·布拉提白. 植物根系分泌物对农作物生长发育的影响研究进展[J]. 现代农业科技, 2024(5): 69 - 71.
- [42] Canarini A, Merchant A, Dijkstra F A. Drought effects on *Helianthus annuus* and *Glycine max* metabolites: from phloem to root exudates[J]. Rhizosphere, 2016, 2: 85 - 97.
- [43] Song F B, Han X Y, Zhu X C, et al. Response to water stress of soil enzymes and root exudates from drought and non - drought tolerant corn hybrids at different growth stages[J]. Canadian Journal of Soil Science, 2012, 92(3): 501 - 507.
- [44] Singh R, Jwa N S. The rice MAPKK - MAPK interactome: the biological significance of MAPK components in hormone signal transduction[J]. Plant Cell Reports, 2013, 32(6): 923 - 931.
- [45] Wilkinson S, Davies W J. Drought, ozone, ABA and ethylene: new insights from cell to plant to community[J]. Plant, Cell & Environment, 2010, 33(4): 510 - 525.
- [46] 赵志光, 李海燕, 陈拓, 等. 干旱与氧化胁迫对小麦根氧化还原状态和叶片 ABA 积累的影响[J]. 西北植物学报, 2006, 26(4): 736 - 742.
- [47] Dietrich D, Pang L, Kobayashi A, et al. Root hydrotropism is controlled via a cortex - specific growth mechanism[J]. Nature Plants, 2017, 3: 17057.
- [48] Antoni R, Gonzalez - Guzman M, Rodriguez L, et al. PYRABACTIN RESISTANCE1 - LIKE8 plays an important role for the regulation of abscisic acid signaling in root[J]. Plant Physiology, 2013, 161(2): 931 - 941.
- [49] Xu W F, Jia L G, Shi W M, et al. Abscisic acid accumulation modulates auxin transport in the root tip to enhance proton secretion for maintaining root growth under moderate water stress[J]. New Phytologist, 2013, 197(1): 139 - 150.
- [50] Zhang Y J, Xu F Y, Ding Y X, et al. Abscisic acid mediates barley rhizosphere formation under mild soil drying by promoting root hair growth and auxin response[J]. Plant, Cell & Environment, 2021, 44(6): 1935 - 1945.
- [51] de Ollas C, Hernando B, Arbona V, et al. Jasmonic acid transient accumulation is needed for abscisic acid increase in *Citrus* roots under drought stress conditions[J]. Physiologia Plantarum, 2013, 147(3): 296 - 306.
- [52] Spollen W G, LeNoble M E, Samuels T D, et al. Abscisic acid accumulation maintains maize primary root elongation at low water potentials by restricting ethylene production[J]. Plant Physiology, 2000, 122(3): 967 - 976.
- [53] Lin Q B, Zhang Z, Wu F Q, et al. The APC/C<sup>TE</sup> E3 ubiquitin ligase complex mediates the antagonistic regulation of root growth and tillering by ABA and GA[J]. The Plant Cell, 2020, 32(6): 1973 - 1987.
- [54] 丁兆军, 白洋. 根系发育和微生物组研究现状及未来发展趋势[J]. 中国科学(生命科学), 2021, 51(10): 1447 - 1456.
- [55] 刘雨佳, 张鹏, 李书鑫, 等. 作物 - 内生微生物响应 CO<sub>2</sub> 浓度升高与干旱胁迫的作用机制研究进展[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2024, 32(8): 1331 - 1340.
- [56] 郭官清, 葛蕾, 李鹏, 等. 水稻根系细菌对干旱胁迫的响应[J/OL]. 土壤, 2024: 1 - 13(2024 - 05 - 29) [2024 - 07 - 22]. <https://link.cnki.net/urlid/32.1118.P.20240528.1751.002>.
- [57] Andreo - Jimenez B, Vandenkoornhuise P, Lê Van A, et al. Plant host and drought shape the root associated fungal microbiota in rice[J]. PeerJ, 2019, 7: e7463.
- [58] Santos - Medellín C, Edwards J, Liechty Z, et al. Drought stress results in a compartment - specific restructuring of the rice root - associated microbiomes[J]. mBio, 2017, 8(4): e00764 - 17.
- [59] 潘彦硕. 干旱胁迫下冬小麦 - 根际微生物互作研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2023: 5 - 7.
- [60] Santana S R A, Voltolini T V, dos Reis Antunes G, et al. Inoculation of plant growth - promoting bacteria attenuates the negative effects of drought on sorghum[J]. Archives of Microbiology, 2020, 202: 1015 - 1024.
- [61] Zhang J F, Nasir F, Kong Y F, et al. Drought stress shapes the root - associated bacterial and fungal community structure in soybean genotypes[J]. Pakistan Journal of Botany, 2017, 49(5): 1933 - 1942.
- [62] 贾南豫, 朱水英, 蒋栋, 等. 施用液体有机肥对干旱胁迫下玉米和小麦生长及根际微生物的影响[J/OL]. 南京农业大学学报, 2024: 1 - 11(2024 - 07 - 04) [2024 - 07 - 22]. <https://link.cnki.net/urlid/32.1148.S.20240703.1204.005>.
- [63] 高志远, 袁鸣, 姚槐应, 等. 极端干旱对土壤微生物群落和功能的影响研究进展[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(13): 35 - 45.
- [64] 李月明, 杨帆, 韩沛霖, 等. 植物根系分泌物响应非生物胁迫机理研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2022, 28(5): 1384 - 1392.
- [65] Xu L, Coleman - Derr D. Causes and consequences of a conserved bacterial root microbiome response to drought stress[J]. Current Opinion in Microbiology, 2019, 49: 1 - 6.
- [66] Xu L, Naylor D, Dong Z B, et al. Drought delays development of the *Sorghum* root microbiome and enriches for monoderm bacteria[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2018, 115(18): E4284 - E4293.
- [67] Shahzad S M, Khalid A, Arshad M, et al. Improving nodulation, growth and yield of *Cicer arietinum* L. through bacterial ACC - deaminase induced changes in root architecture[J]. European Journal of Soil Biology, 2010, 46(5): 342 - 347.

许娜丽,王新华,陈宏,等. 小麦遗传多样性及近缘种产量性状的研究进展[J]. 江苏农业科学,2025,53(9):8-14.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.09.002

# 小麦遗传多样性及近缘种产量性状的研究进展

许娜丽<sup>1</sup>, 王新华<sup>2</sup>, 陈宏<sup>1</sup>, 朱保磊<sup>1</sup>, 周国勤<sup>1</sup>, 尹志刚<sup>1</sup>, 许坤<sup>1</sup>, 汪丽平<sup>1</sup>, 易宏岩<sup>1</sup>, 冉忠萍<sup>1</sup>, 石守设<sup>1</sup>

(1. 信阳市农业科学院,河南信阳 464000; 2. 四川农业大学西南作物基因资源发掘与利用国家重点实验室,四川成都 611130)

**摘要:**遗传多样性是作物遗传改良目标性状的重要物质基础,其丰富度是影响小麦产量和品质的重要因素,它决定着小麦抵御各种来自生物和非生物胁迫的能力。目前,我国小麦的遗传背景狭窄严重制约小麦产量的提高,因此扩大小麦的遗传基础、丰富其遗传多样性是小麦增产和增质的关键。小麦的近缘种中含有丰富的关于产量性状的优异基因,将近缘种中的优异基因通过远缘杂交的方式导入到小麦遗传背景中是拓宽小麦基因库、丰富其遗传多样性的有效途径。本文论述了我国小麦遗传多样性的研究现状以及引起小麦遗传基础狭窄的原因,概述了近缘种如冰草属、簇毛麦属、华中新麦草、偃麦草属等,在小麦育种实践中对于改良小麦产量相关性状的应用与研究进展,明确了小麦近缘种中有大量的优异产量性状可供利用。通过分析期望能丰富小麦的遗传基础,为小麦提质增产提供一定的理论依据。

**关键词:**小麦;遗传多样性;近缘种;外源染色体;产量性状

**中图分类号:**S512.103.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)09-0008-07

小麦(*Triticum aestivum* L.)是世界上最早栽培的粮食作物之一,在世界范围内广泛种植。目前,小麦在全球的种植面积达 2.2 亿 hm<sup>2</sup>,年产量 7.76 亿 t,为全球 35%~40% 的人口提供主食,同时为人类提供约 20% 的蛋白质和 21% 的食物热量,为保障世界的粮食安全、提高人民生活水平作出了巨大贡献<sup>[1-2]</sup>。预计到 2050 年,对小麦的需求量将比现在的水平增加 70%,小麦生产依然面临着严峻的挑战,并且这些挑战仍在不断加剧。较低的年增长率及因疾病、气候变化、干旱等生物和非生物的胁迫严重影响了小麦产量的提高<sup>[3]</sup>。作物育种者需要获得新的基因多样性来提升小麦的产量,以满足因日益增长的人口、气候不断变化等情况下人们对

粮食的需求,并向消费者提供所需的具有营养和健康效益的高质量粮食<sup>[4]</sup>。

当前我国小麦育种中面临的巨大育种瓶颈是缺乏可用的、新的种质资源。而小麦的野生近缘种作为小麦的三级基因库,具有许多遗传变异广泛、遗传多样性丰富的优异基因可用于小麦的遗传改良,特别需要指出的是,小麦大部分本身并不具备这些基因,但它们却又是小麦高效、持续发展的关键基因<sup>[5-7]</sup>。小麦近缘种与小麦的染色体具有相似的基因和高度的共线性,使得它们能很好地融合到小麦基因组中而不容易丢失。根据遗传交互的易变性,可利用小麦的近缘种来增加小麦的遗传多样性<sup>[8]</sup>。将小麦野生近缘种中的高产、抗病、抗逆等优异基因转移到小麦基因组中,突破了常规育种的种内资源限制,弥补了传统育种遗传的资源不足,拓宽了小麦的遗传基础,是提高小麦产量的有效途径<sup>[9]</sup>。本文从我国小麦遗传多样性现状、小麦遗传瓶颈成因、小麦外源染色体的识别与鉴定、小麦近缘种中产量相关性状的转移与利用 4 个方面进行概述,并对当前研究和应用中存在的不足进行讨论,

收稿日期:2024-04-03

基金项目:河南省小麦产业技术体系资助项目(编号:Z2010-01-01);河南省科技厅揭榜挂帅项目(编号:211110110800)。

作者简介:许娜丽(1995—),女,河南周口人,硕士,研究实习员,主要从事小麦遗传育种研究。E-mail:441259781@qq.com。

通信作者:石守设,硕士,研究员,主要从事小麦遗传育种研究。E-mail:shiss68@163.com。

[68] Wang R R, Wang M, Chen K H, et al. Exploring the roles of aquaporins in Plant - Microbe interactions[J]. *Cells*, 2018, 7(12):267.

[69] 刘方春, 邢尚军, 马海林, 等. 干旱生境中接种根际促生细菌对核桃根际土壤生物学特征的影响[J]. *应用生态学报*, 2014, 25(5):1475-1482.

[70] Zhao R X, Guo W, Bi N, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi affect

the growth, nutrient uptake and water status of maize (*Zea mays* L.) grown in two types of coal mine spoils under drought stress[J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, 88:41-49.

[71] Pavithra D, Yapa N. Arbuscular mycorrhizal fungi inoculation enhances drought stress tolerance of plants[J]. *Groundwater for Sustainable Development*, 2018, 7:490-494.