

郝智勇,胡尊艳,孙邦升,等. 高粱颖壳颜色发育的转录组测序分析[J]. 江苏农业科学,2026,54(3):56-63.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2026.03.008

# 高粱颖壳颜色发育的转录组测序分析

郝智勇,胡尊艳,孙邦升,李菁华,杨广东,王海艳

(黑龙江省农业科学院克山分院,黑龙江齐齐哈尔 161600)

**摘要:**为研究不同颖壳颜色高粱的基因表达差异,初步明确参与或者调控高粱颖壳颜色发育的基因,以 2 种颖壳颜色差异较大的高粱品种 ZY0156(黑色颖壳)、ZY0318(白色颖壳)为试验材料,利用 Illumina Novaseq 6000 高通量测序平台对灌浆期高粱颖壳样品进行转录组分析。结果显示,共筛选到 2583 个差异表达基因,其中上调表达基因 1 322 个,下调表达基因 1 261 个。将差异表达基因进行 GO 富集分析得出,差异表达基因主要富集在离子结合、小分子结合、阴离子结合、核苷酸结合、核苷磷酸结合等生物途径;通过对差异表达基因进行 KEGG 富集分析发现,差异表达基因主要富集在植物-病原互作、苯丙烷生物合成、DNA 复制、脂肪酸延伸等信号通路。KEGG 代谢通路中与颖壳花色素苷合成相关的通路有苯丙烷生物合成通路(phenylpropanoid biosynthesis)、类黄酮生物合成通路(flavonoid biosynthesis)、黄酮和黄酮醇生物合成通路(flavone and flavonol biosynthesis)。筛选出 14 个差异表达的基因,起调控作用的酶有 CSE、PAL、4CL5、X1、PHT1、CCR1、HCT4、HCT4-like、CHS5、CHI、CHI3、DFR、FLA、3GT。在转录因子家族中,bHLH 家族、WRKY 家族、ERF 家族、NAC 家族含有的差异表达基因较多。本研究可为调控高粱颖壳颜色生物合成网络提供更多的候选基因,为下一步高粱颖壳颜色关键基因的功能分析和高粱新品种培育提供理论基础。

**关键词:**高粱;颖壳;差异表达基因;转录组;花色素苷

**中图分类号:**S188;S514.01 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2026)03-0056-07

高粱是我国第五大禾本科栽培作物,别称蜀黍、红粱等,可以作为食物,同时可为动物提供饲料,为工业利用提供原料<sup>[1]</sup>。高粱是 C<sub>4</sub> 作物,具有高效的光合作用和水分利用率,且耐干旱、耐贫瘠、耐盐碱<sup>[2]</sup>。高粱在全球 100 多个国家种植<sup>[3]</sup>,在贫困地区作为主要食物;在发达国家则主要作为牲畜的饲料和工业原料。高粱中含有的生物活性物质可以预防人类慢性病,促进身体健康<sup>[4]</sup>。

在市场销售中,着壳率是影响高粱销售的重要负面因素。高粱颖壳颜色是鉴定高粱品种和品质的一个重要标准,当其与其种皮的颜色相近时,非常有利于高粱种子的市场销售。高粱颖壳中含有的红色素无毒、无特殊气味,可以醇溶和水溶,作为着

色剂在食品、饮料、化妆品和药品行业被广泛应用<sup>[5]</sup>。

转录组测序技术的应用领域广泛,包括植物的基因表达调控、遗传育种、逆境和疾病的抵抗机制等<sup>[6]</sup>。随着高通量测序技术的发展,高通量转录组测序技术在不同作物差异表达基因的筛选和分析中应用较多。高通量转录组测序技术需要的样品量很少,而且可以实现对基因的精准双端测序,但是在高粱上的应用较少。吴林等通过转录组测序技术对马铃薯块茎采后发芽的关键基因进行挖掘,结果发现,费乌瑞它块茎在收获后 30 d 解除休眠,芽生长期为 45 d,在这 2 个阶段表达量发生显著变化的基因分别有 1 008 个和 4 576 个<sup>[7]</sup>。刘松涛等对高抗、中抗、低抗倒伏的 3 个玉米品种进行转录组测序分析,挖掘玉米抗倒性相关基因,共鉴定到 10 093 个与抗倒性相关的差异表达基因,并对关键候选基因进行了注释<sup>[8]</sup>。郭静文等利用转录组测序技术对大豆籽粒蛋白合成相关基因进行挖掘,发现 336 个差异表达基因,并从中筛选出 9 个候选基因,然后采用荧光定量 PCR 方法对候选基因的表达量进行检测,发现表达趋势与 RNA-Seq 检测结果相符<sup>[9]</sup>。董俐利发现,耐镉高粱品种的幼苗在浓度

收稿日期:2025-02-21

基金项目:黑龙江省农业科学院克山分院 2023 年度先导培育项目(编号:XDYBB2023-04);黑龙江省农业科技创新跨越工程农业特色产业科技创新支撑项目(编号:CX23TS06);齐齐哈尔市科技计划联合引导项目(编号:LNYGG-2024010)。

作者简介:郝智勇(1985—),男,黑龙江齐齐哈尔人,硕士,助理研究员,主要从事高粱遗传育种研究。E-mail:haohzyh@126.com。

通信作者:胡尊艳,硕士,副研究员,主要从事高粱遗传育种研究。E-mail:liping04230319@126.com。

为 1 mmol CdCl<sub>2</sub> · 2.5H<sub>2</sub>O 处理 24、48 h 时, 分别有 232 和 816 个差异表达基因, 而镉敏感高粱品种分别有 805、154 个差异表达基因, 这 2 个品种差异表达基因显著富集的趋势有很大差别<sup>[10]</sup>。

长期以来, 传统育种主要通过个体表型进行颖壳颜色选择, 效率低且周期长, 而通过分子标记技术可以在育种过程中对目标进行选择, 方便识别与目标性状紧密连锁的染色体区域。本研究以 2 个颖壳颜色有明显差异的高粱品种为试验材料, 基于高粱转录组测序数据, 对调控颖壳颜色的相关差异基因进行筛选, 并对其 KEGG 代谢通路进行富集分析, 最终确定调控颖壳颜色的基因和相关酶。高粱颖壳颜色遗传规律的研究对于高粱的品质、市场销售等具有重要的理论及实践意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料为颖壳颜色有明显差异的 2 个高粱品种——ZY0156(黑壳)和 ZY0318(白壳), 2023 年 5 月种植于黑龙江省农业科学院克山分院试验地内, 在灌浆期颖壳变色之前, 采集 2 个高粱品种的颖壳样品, 其中黑色颖壳样品用 M 表示, 白色颖壳样品用 F 表示, 每个品种 3 次重复。将采集后的样品立即放入液氮中, 带回实验室, 置于 -80 ℃ 冰箱中保存, 用于转录组测序。

### 1.2 RNA 的提取检测

利用 RNA 试剂盒(上海美吉生物医药科技有限公司)提取高粱颖壳 RNA, 并采用琼脂糖凝胶电泳检测 RNA 的完整性, 采用 NanoDrop2000 检测 RNA 样品的浓度和纯度, 将检测过的样品送至上海

美吉生物医药科技有限公司进行 mRNA 文库的构建, 采用 Illumina Novaseq 6000 高通量测序平台对高粱转录组文库进行测序。

### 1.3 测序数据质量控制

测序数据的 Q30 碱基比例主要在 80% 以上, 可以保证后续数据分析的正常进行, 根据测序技术的特点, 测序片段前端的碱基质量一般比末端的高。

### 1.4 差异表达基因筛选及功能富集分析

在 DESeq 软件中采用  $P$  值  $< 0.05$  且  $FC \geq 2$  的筛选标准分析高粱颖壳样品的差异表达基因, 计算差异倍数(fold change, FC)并进行显著性检验。

将高粱颖壳样品的差异表达基因在六大功能数据库(NR、GO、Swiss - Prot、Pfam、EggNOG 和 KEGG)中进行比对、功能注释及富集分析, 并在 KEGG 数据库中对相关代谢通路的差异表达基因进行筛选。

## 2 结果与分析

### 2.1 数据组装与比对

对 2 个高粱品种的颖壳转录组数据进行质量评估比对, 结果(表 1)发现, 从黑色颖壳高粱样品中共获得有效数据 133 759 798 条, 白色颖壳高粱样品中共获得有效数据 131 924 936 条, 各样品的 Q20 碱基比例均  $\geq 96.27\%$ , Q30 碱基比例  $\geq 93.78\%$ 。clean data 中 G 和 C 2 种碱基的数量占总碱基的比例在 51.68% ~ 52.46% 之间。将各样品数据与参考基因组进行比对, 总比对率均  $\geq 83.26\%$ , 其中比对至参考基因组唯一位置的数据在 79.76% 及以上。说明测序数据质量较好, 符合测序数据要求, 数据可靠, 可以进行后续分析。

表 1 测序数据质量统计

样品名称	有效数据 (条)	Q20 碱基比例 (%)	Q30 碱基比例 (%)	GC 含量 (%)	总比对数	总比对率 (%)	唯一比对率 (%)
M1	42 232 190	96.32	93.85	52.36	36 012 178	85.27	83.18
M2	46 798 254	96.46	94.09	52.46	40 827 453	87.24	84.93
M3	44 729 354	96.34	93.90	51.68	37 749 880	84.40	82.02
F1	45 469 386	96.65	94.38	51.88	37 857 203	83.26	79.76
F2	43 246 438	96.52	94.18	51.77	36 745 179	84.97	82.71
F3	43 209 112	96.27	93.78	51.87	36 262 942	83.92	81.72

### 2.2 转录组功能注释

将转录组组装获得的所有基因在六大数据库(NR、GO、Swiss - Prot、Pfam、EggNOG 和 KEGG)中进行比对, 共有 27 228 个基因得到功能注释, 注释到

NR、GO、Swiss - Prot、Pfam、EggNOG 和 KEGG 数据库的基因分别有 26 937、21 349、20 264、20 711、25 239、10 118 个(图 1), 注释率分别为 98.93%、78.41%、74.42%、76.07%、92.70%、37.16%。

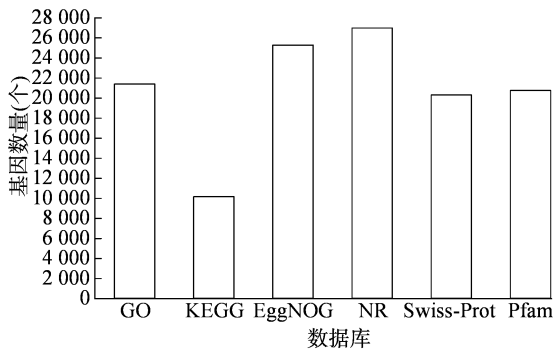


图1 基因功能注释结果

### 2.3 差异表达基因分析

检验实验可靠性及取样合理性的标准是基因表达水平在样本生物学重复间的相关性。差异表达基因可靠程度的评估、异常样品的辅助筛查均可以通过样本生物学重复间的相关性来进行检验。样品间重复性的好坏可以通过相关系数( $r^2$ )反映出来,数值越接近1,重复性越好,表达模式相似度越高。从相关性分析结果(图2)中可知,测序样品生物学重复间的相关系数在0.729~0.952之间,样品重复间存在极强的相关性,表明样品间具有较好的重复性和一致性,可以进行后续分析。

利用 DESeq2 方法筛选 2 个品种颖壳的差异表达基因,结果(图3)表明,从 M 和 F 中共筛选到 2 583 个 DEG,其中上调表达基因数为 1 322 个,下调表达基因数为 1 261 个。根据 2 个品种的差异基因 FPKM 值进行层次聚类分析,结果(图4)显示,组

外差异基因表达量差异较大,而组内差异基因表达量相似,无较大差异。

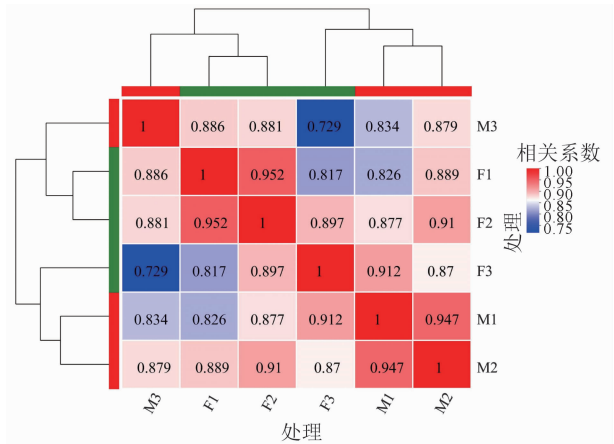


图2 测序样品间相关性分析

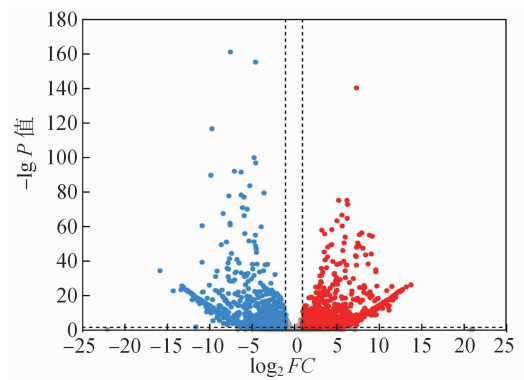


图3 差异基因表达火山图

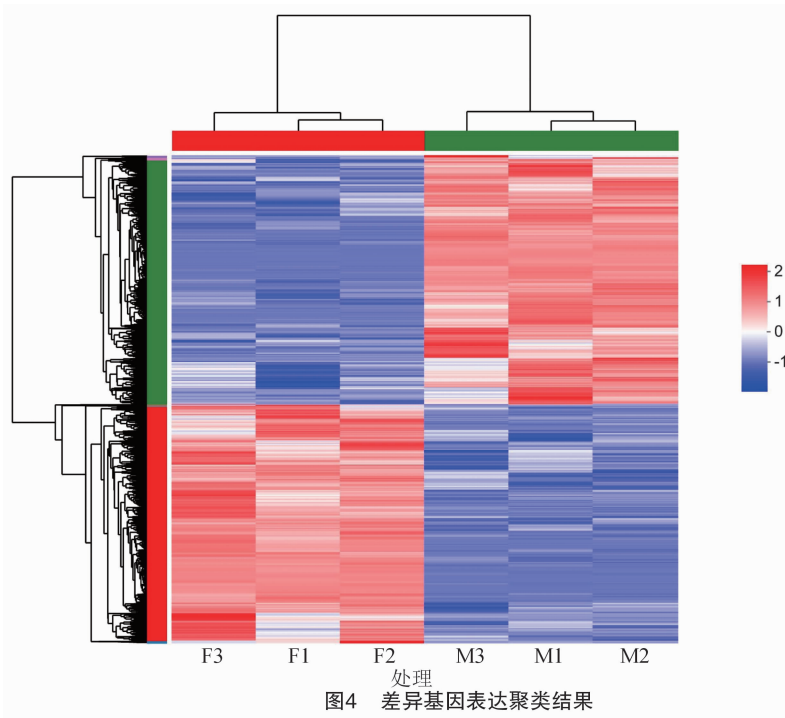


图4 差异基因表达聚类结果

## 2.4 高粱颖壳差异表达基因 GO 功能注释

利用 GO (gene ontology) 数据库对获得的差异基因进行富集分析, 结果 (图 5) 显示, 差异基因被注释在生物过程 (biological process)、细胞组成 (cellular component) 和分子功能 (molecular function) 3 个方面, 共计 20 个功能小类。生物过程包含 9 个亚类, 主要集中在细胞过程 (GO:0009987)、代谢过程 (GO:0008152)、生物调节 (GO:0065007) 3 个途径, 参与这 3 个途径的基因数分别为 664、595、296 个。

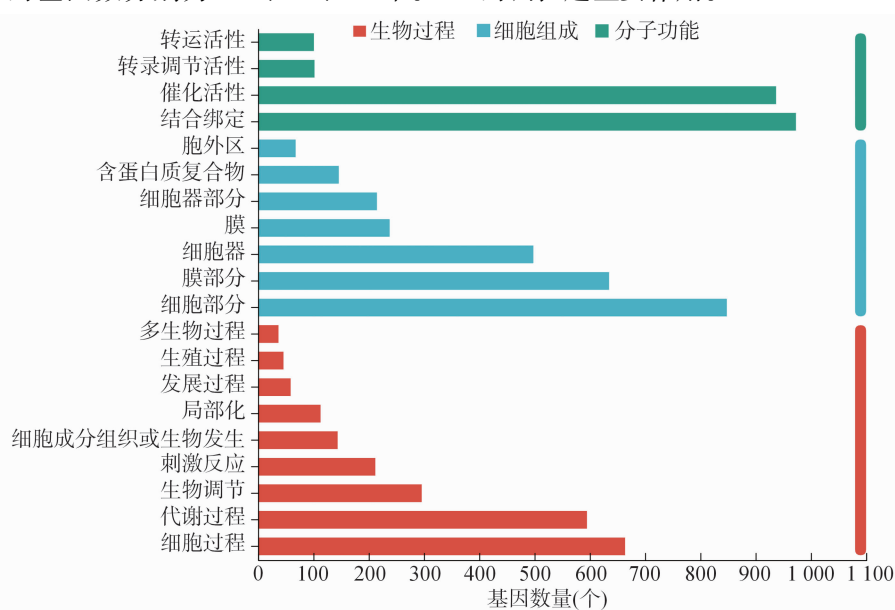


图5 GO 功能分布统计

## 2.5 高粱颖壳差异表达基因 KEGG 功能注释

将差异表达基因在 KEGG 数据库中进行比对, 结果 (图 6) 显示, 注释到 504 个差异基因, 富集到 19 条代谢通路上。注释到新陈代谢过程的基因有 10 类, 主要集中在 3 个途径上, 分别是其他次生代谢产物的合成、碳水化合物代谢、脂类代谢, 参与基因数分别为 61、52、52 个。注释到遗传信息处理的基因有 5 类, 其中前 3 类分别是折叠、分类和降解, 注释基因均为 40 个, 此外有翻译注释基因 26 个, 复制和修复注释基因 20 个。注释到环境信息处理的基因有 2 类, 涉及信号传导注释基因 28 个, 膜运输注释基因 12 个。细胞过程和有机系统基因注释分别集中在运输和分解代谢、环境适应方面, 参与基因分别为 23 个、33 个。

## 2.6 高粱颖壳差异表达基因 GO 富集

将差异表达基因进行 GO 富集分类, 结果 (图 7) 发现, 共富集到 1 836 个基因, 显著富集在 20 个过程中。富集差异基因程度较高的前 5 个亚类分别

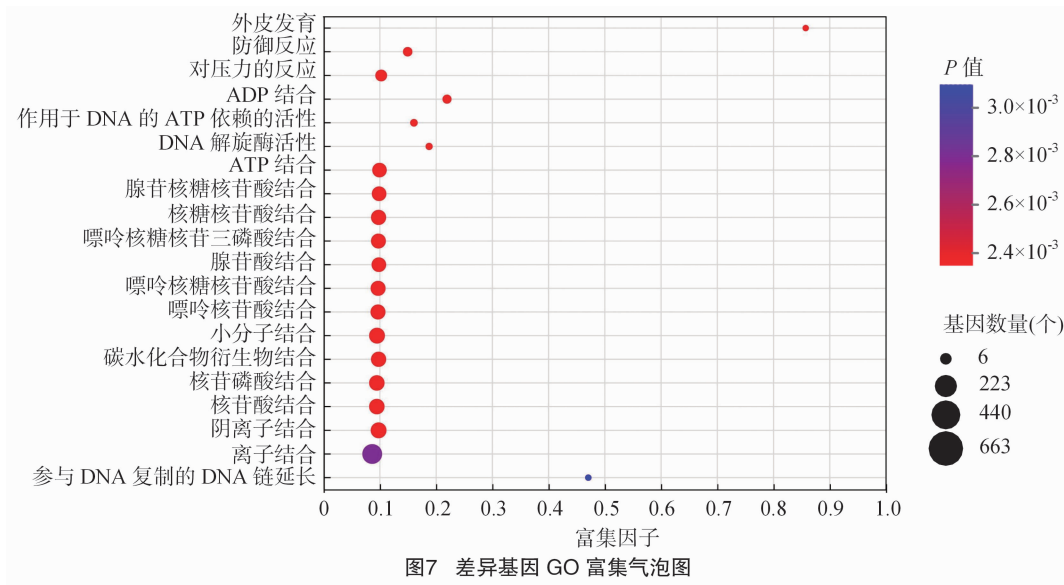
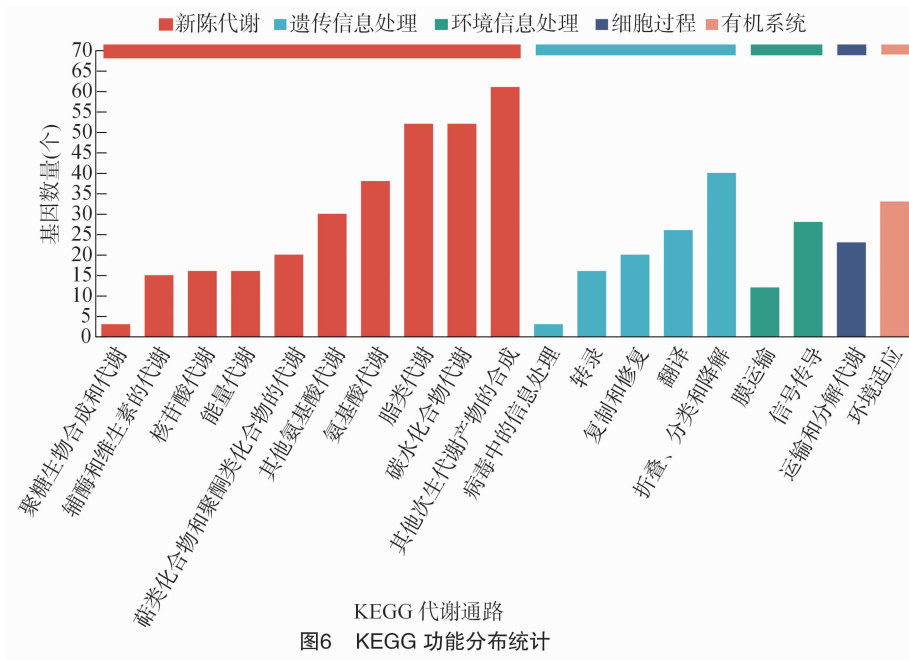
细胞组成为 7 个亚类, 主要集中分布在细胞部分 (GO: 0044464)、膜部分 (GO: 0044425)、细胞器 (GO:0043226) 3 个方面, 参与的基因数分别为 848、635、498 个。分子功能包含 4 个亚类, 分布在结合绑定 (GO:0005488)、催化活性 (GO:0003824)、转录调节活性 (GO:0140110)、转运活性 (GO:0005215), 参与的基因数分别为 973、937、102、101 个。说明具有结合功能和催化作用的基因对于高粱颖壳颜色的调控起主要作用。

是离子结合 (GO: 0043167, 663 个)、小分子结合 (GO:0036094, 401 个)、阴离子结合 (GO:0043168, 401 个)、核苷酸结合 (GO:0000166, 380 个)、核苷磷酸结合 (GO: 1901265, 380 个), 富集率分别是 0.086、0.095、0.098、0.095、0.095。

## 2.7 高粱颖壳差异表达基因 KEGG Pathway 分析

对差异表达基因进行 KEGG 富集分类, 共有 653 个差异基因得到功能注释, 富集到 113 条代谢通路中。对富集率高的前 20 条代谢通路进行分析, 结果 (图 8) 显示, 差异基因富集程度较高的前 4 个亚类分别是植物-病原互作 (map04626, 28 个)、苯丙烷生物合成 (map00940, 24 个)、DNA 复制 (map03030, 15 个)、脂肪酸延伸 (map00062, 14 个), 富集率分别为 0.118、0.099、0.2142、0.280。

在 20 条代谢通路中有 3 条与颖壳花色素苷的合成相关, 分别是黄酮和黄酮醇生物合成通路 (flavone and flavonol biosynthesis)、类黄酮生物合成通路 (flavonoid biosynthesis)、苯丙烷生物合成通路



(phenylpropanoid biosynthesis), 共找到 14 个差异表达基因(表 2)。与黄酮和黄酮醇生物合成有关的基因是 *3GT*, 表达量上调; 与类黄酮生物合成有关的基因有 8 个, 其中表达量上调的有 *CHS5*、*CHI3*、*CHI*、*DFR*, 表达量下调的有 *PHT1*、*HCT4*、*HCT4-like*、*FLA*; 与苯丙烷生物合成有关的基因有 8 个, 其中表达量上调的有 *CSE*、*PAL*, 表达量下调的有 *4CL5*、*X1*、*CCR1*、*PHT1*、*HCT4*、*HCT4-like*。

### 2.8 转录因子

根据 PlantTFDB 数据库中的信息(图 9), 在 2 个高粱样本中筛选出 250 个差异表达基因, 分属于 27 个转录因子家族, 其中 bHLH 家族和 WRKY 家族

基因最多, 均为 13 个; 其次是 ERF 家族, 有 12 个基因; 第 3 是 NAC 家族, 有 11 个基因。

### 3 结论与讨论

高粱颖壳颜色不仅是重要的形态学标记, 而且与籽粒的营养品质有很大的关系, 当颖壳颜色与种皮颜色相近时, 非常有利于高粱种子的市场销售。高粱颖壳中含有的红色素无毒、无特殊气味, 可以醇溶和水溶, 作为着色剂在食品、饮料、化妆品和药品行业有广泛的用途。随着测序技术的发展, 植物基因表达信息的测定成为可能, 且能进一步分析调控其表型特征的关键基因。通过转录组测序技术

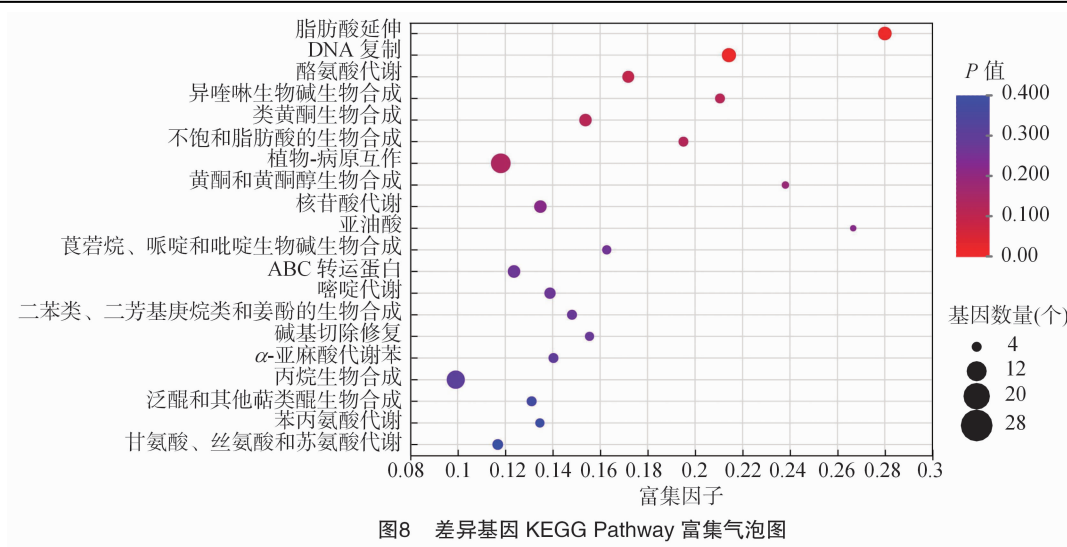


图8 差异基因 KEGG Pathway 富集气泡图

表 2 差异表达基因

代谢途径	基因 ID	表达量变化比率	基因描述	表达量 上调/下调	
黄酮和黄酮醇生物合成	LOC8069309	3.264 53	花青素 3 - O - 糖基转移酶(3GT)	上调	
类黄酮生物合成通路	LOC8056975	1.503 06	查尔酮合成酶( CHS5)	上调	
	LOC8081980	-1.837 92	腐胺羟基肉桂酰转移酶 1(PHT1)	下调	
	LOC8060773	-5.775 64	羟基肉桂酰基转移酶 4(HCT4)	下调	
	LOC110433669	-1.788 94	羟基肉桂酰基转移酶 4 同源物(HCT4 - like)	下调	
	LOC110429758	1.899 03	查尔酮 - 黄烷酮异构酶 3(CHI3)	上调	
	LOC8057048	2.043 43	查尔酮 - 黄烷酮异构酶(CHI)	上调	
	LOC8076097	1.529 14	二氢黄酮醇 - 4 - 还原酶(DFR)	上调	
	LOC8078926	-10.826 50	黄酮醇合成酶/黄烷酮 3 - 羟化酶(FLA)	下调	
	苯丙烷生物合成	LOC8079634	3.163 74	咖啡酰莽草酸酯酶(CSE)	上调
		LOC8054282	1.959 15	苯丙氨酸解氨酶(PAL)	上调
LOC8056122		-1.686 41	4 - 香豆酸 - 辅酶 A 连接酶样 5(4CL5)	下调	
LOC8079406		-1.389 38	肉桂酰辅酶 A 还原酶异构体 X1	下调	
LOC8056423		-12.490 64	肉桂酰辅酶 A 还原酶 1(CCR1)	下调	
LOC8081980		-1.837 92	腐胺羟基肉桂酰转移酶 1(PHT1)	下调	
LOC8060773		-5.775 64	羟基肉桂酰基转移酶 4(HCT4)	下调	
LOC110433669	-1.788 94	羟基肉桂酰基转移酶 4 同源物(HCT4 - like)	下调		

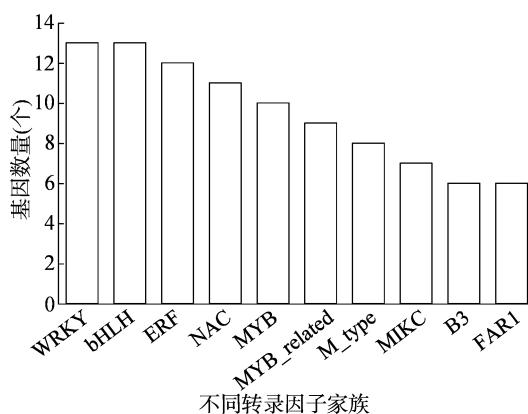


图9 不同转录因子家族  
转录因子家族统计结果

获得的高效和定向分子标记可以用于植物新品种的筛选,加速优良品种的选育。

转录组测序针对的是生物的所有 mRNA,不仅可以对新基因进行挖掘,还可以绘制指纹图谱、明确代谢途径,已在马铃薯、大豆、玉米、小麦上被应用。吴林等通过转录组测序技术对马铃薯块茎采后发芽的关键基因进行挖掘,共获得 156 个转录因子基因,大多属于 AP2、MYB、bHLH 转录因子家族<sup>[7]</sup>。魏嘉等利用转录组测序技术研究野生大豆对盐碱胁迫的耐受性,共筛选出 22 122 个差异表达基因,主要富集在核糖体、植物 - 病原体相互作用、

氧化磷酸化过程中<sup>[11]</sup>。贾思年等对调控玉米胚性愈伤组织形成的基因进行挖掘,通过对 I 型(愈伤生长好)、II 型(无愈伤生成)愈伤进行转录组测序分析,筛选出 4 419 个差异表达的基因,其中有 1 571 个上调表达基因,2 848 个下调表达基因;参与调控愈伤组织形成的转录因子有 2 986 个,其中起关键作用的有 AP2、WOX、LBD 转录因子家族<sup>[12]</sup>。刘秀坤等对灌浆期小麦旗叶在高温胁迫下的转录组进行分析,筛选出 4715 个差异表达基因,这些基因在高温胁迫条件下大多数上调表达,主要富集在代谢过程、细胞、催化活性上,转录因子主要包括 AP2-EREBP、MYB、NAC、WRKY、HSF,该研究为选育耐热小麦品种奠定了基础<sup>[13]</sup>。

为研究引起表型性状差异的原因,本试验对 2 个颖壳颜色具有明显差异的亲本进行转录组测序,共获得 265 684 734 条 clean reads,将转录组组装获得的所有基因在六大数据库(NR、GO、Swiss-Prot、Pfam、EggNOG 和 KEGG)中进行比对,共有 27 228 个基因得到功能注释。每个样品都获得较高质量的数据,Q30 碱基百分比均大于等于 93.78%,表明 cDNA 文库构建质量较好。共筛选到 2 583 个差异表达基因,其中上调表达基因数为 1 322 个,下调表达基因数为 1 261 个。通过 GO 功能注释,将差异表达基因分类注释到生物过程、细胞组成和分子功能 3 个方面,共计 20 个功能小类,有 504 条基因注释到 KEGG 数据库的 19 个代谢通路中。

植物花、果实、种子、叶片呈现不同的颜色,主要是由于黄酮类化合物的种类和含量存在差异<sup>[14]</sup>,其中各器官中花青素、叶绿素和类胡萝卜素的含量比例和分布情况起主要的作用,这些色素的代谢受结构基因和转录因子调控<sup>[15-16]</sup>。沈梦茹对调控高粱叶片颜色的关键基因进行挖掘分析,发现在花青素合成途径中有 5 种关键酶编码基因均上调表达,这些酶分别是苯丙氨酸解氨酶(PAL)、查尔酮合酶(CHS)、黄烷酮-3-羟化酶(F3H)、二氢黄酮醇 4-还原酶(DFR)、花青素合成酶(ANS),这些基因的协同作用为花色素苷的产生提供了更多底物,促进了花色素苷的积累,导致高粱叶片的颜色有差异<sup>[17]</sup>。胡晓丹研究了鲜食玉米花青素合成的规律,发现 ANS、DFR、GST、F3'H 基因具有重要正向调控作用,在籽粒发育过程中表达量比较高<sup>[18]</sup>。陈微等对控制洋葱皮颜色形成的关键基因进行研究,发现与黄酮类合成相关的结构基因 F3'H、FLS、CHI 和

DFR 是引起洋葱皮颜色发生改变的主要控制基因<sup>[19]</sup>。本研究发现,KEGG 代谢通路中有 3 条代谢通路与颖壳花色素苷的形成有关,分别是黄酮和黄酮醇生物合成通路、类黄酮生物合成通路、苯丙烷生物合成通路,共筛选出差异表达基因 14 个,起调控作用的酶有 CSE、PAL、4CL5、X1、PHT1、CCR1、HCT4、HCT4-like、CHS5、CHI、CHI3、DFR、FLA、3GT,这些基因的差异表达使花青素类衍生物得到积累,进而呈现不同颜色。调控花色素苷生物合成的转录因子主要有 MYB 转录因子、bHLH 转录因子和 WD40 重复蛋白(WDR)<sup>[20]</sup>。植物中最大的转录因子家族之一就是 MYB 家族,它可以调控植物生长发育的很多过程,且起到关键作用,如细胞的生长分化、代谢物质的合成与积累、生物与非生物胁迫、植物器官的发育等<sup>[21]</sup>。bHLH 家族属于植物转录因子第二大家族,在真核生物中分布广泛<sup>[22]</sup>。在花青素生物合成过程中,MYB 和 bHLH 家族的转录因子可以对基因的表达进行调控<sup>[23]</sup>。本研究筛选到 13 个 bHLH 家族基因,有助于对后续高粱颖壳颜色调控机制开展深入研究。

#### 参考文献:

- [1]刘秀慧,陈合云,邹桂花,等. 浙江地方高粱种质资源表型鉴定评价分析及利用[J]. 浙江农业科学,2022,63(8):1887-1890,1895.
- [2]郭士伟. 江苏高粱发展前景分析[J]. 中国农学通报,2015,31(21):82-85.
- [3]赵欣蕊,任根增,韩永亮,等. 高粱株型表型性状精准鉴定及综合评价[J]. 植物遗传资源学报,2022,23(6):1644-1659.
- [4]吴丽. 加工过程对高粱功效成分与功能活性的影响[D]. 北京:中国农业科学院,2012.
- [5]苗桂珍,陈维斌. 高粱壳红色素开发与利用[J]. 杂粮作物,2001(2):48-49.
- [6]邵丹阳. 干旱胁迫下甜高粱(辽甜一)转录组分析[D]. 开封:河南大学,2018.
- [7]吴林,杨苏渝,杨阳,等. 基于转录组测序挖掘马铃薯块茎采后发芽关键基因[J]. 西南大学学报(自然科学版),2023,45(11):70-80.
- [8]刘松涛,田再民,刘子刚,等. 基于转录组测序揭示玉米抗倒伏相关基因和代谢通路[J]. 作物杂志,2023(4):31-37.
- [9]郭静文,史晓蕾,刘茜,等. 基于转录组测序技术挖掘大豆蛋白质合成相关基因[J]. 华北农学报,2019,34(1):61-73.
- [10]董俐利. 高粱种质资源耐镉性鉴定及镉胁迫下转录组分析[D]. 贵阳:贵州大学,2023.
- [11]魏嘉,于志晶,钱雪艳,等. 野生大豆响应盐碱胁迫转录组分析[J/OL]. 分子植物育种,2023;1-12(2023-10-31)[2024-04-15]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20231031.0854.004.html>.

艾明军, 尤燕聪, 马帅国, 等. 89 份小麦萌发期抗旱性综合评价及利用[J]. 江苏农业科学, 2026, 54(3): 63-71.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2026.03.009

## 89 份小麦萌发期抗旱性综合评价及利用

艾明军<sup>1,3</sup>, 尤燕聪<sup>1,3</sup>, 马帅国<sup>1,3</sup>, 胡银岗<sup>2</sup>, 翟云龙<sup>1,3</sup>, 文卿琳<sup>1,2,3</sup>

(1. 塔里木大学农学院, 新疆阿拉尔 843300; 2. 西北农林科技大学农学院, 陕西杨凌 712100;

3. 新疆干旱区特色作物遗传改良与高效生产兵团重点实验室, 新疆阿拉尔 843300)

**摘要:**为筛选抗旱型小麦, 建立抗旱小麦指标评价体系, 对 PEG 模拟干旱胁迫下 89 份小麦品种的根本数、根长、根系表面积、根体积等性状进行分析。通过主成分分析将 7 个单项指标转化成 3 个相对独立的综合指标, 代表了原先各指标 83.356% 的信息, 其综合评价价值 > 1.500 的分别为赛德麦 1 号、华成 863、洛早 7 号、洛早 6 号、轮选 715; 基于隶属函数计算出综合评价价值、综合抗旱系数、加权抗旱系数, 综合抗旱系数与加权抗旱系数值的范围、平均值及变异系数均大致相近, 代表信息基本相同, 总结综合评价价值发现前 10 个品种中均有洛早 6 号、宁冬 6 号、华成 863、宁冬 10 号; 通过聚类分析将 89 个品种(系)划分为 4 类, 其中强耐旱型 1 个, 抗旱型 17 个, 旱敏感型 23 个, 干旱极敏感型 48 个; 根据综合评价价值、综合抗旱系数、加权抗旱系数建立回归方程, 发现  $x_2$ (根长)、 $x_5$ (地下鲜重) 2 个根系指标对小麦抗旱性具有极显著影响。通过抗旱研究与综合抗旱型多元分析发现, 洛早 6 号、宁冬 6 号、华成 863、291 转 8、宁冬 10 号等 5 个小麦品种(系)的萌发期抗旱性较强, 根长、地下鲜重可作为鉴定小麦萌发期抗旱性指标。

**关键词:**小麦; 根系指标; 萌发期; 抗旱性; 综合评价; 主成分分析; 回归方程

**中图分类号:**S512.103.7 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2026)03-0063-09

小麦是世界上三大谷物之一, 其种植面积约占粮食作物总面积的 1/3, 粮食产量的 1/5<sup>[1-2]</sup>, 是我

国必不可少的战略物质, 提高小麦产量与改善小麦品质对保障国家粮食安全具有重要意义<sup>[3-4]</sup>。小麦种植地区干旱少水<sup>[5]</sup>, 且干旱是限制小麦生长的主要生态因素<sup>[6]</sup>, 世界范围内小麦近一半种植区域受到影响, 减产 10% ~ 70%, 因此选育高抗品种是应对逆境的重要途径之一<sup>[7-8]</sup>。现如今, 分子标记辅助育种逐渐成为主流, 育种效率大大提升。Shoailb 等发现产量性状与优异等位基因呈显著关系<sup>[9]</sup>; 李玮等通过 31 份小麦材料利用 29 个标记进行 KASP 标记, 发现 2 个有优异等位基因仅存于抗旱品种中,

收稿日期: 2025-04-16

基金项目: 新疆生产建设兵团科技计划项目/科技创新人才计划(编号: 2023CB009-08); 新疆生产建设兵团科技计划项目/重点领域科技攻关发展专项(编号: 2024AB008); 塔里木大学重大培育项目(编号: TDZKZD202103)。

作者简介: 艾明军(2001—), 男, 新疆奎屯人, 硕士研究生, 主要从事小麦抗逆种质筛选研究。E-mail: 691741402@qq.com。

通信作者: 文卿琳, 博士, 教授, 主要从事小麦抗逆种质筛选与高产栽培研究。E-mail: wenqinglin@nwsuaf.edu。

[12] 贾思年, 魏倩涵, 苗蓉, 等. 玉米愈伤组织形成的转录组分析[J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(4): 1151-1160.

[13] 刘秀坤, 韩冉, 李晓明, 等. 灌浆期小麦旗叶在高温胁迫下的转录组分析[J]. 山东农业科学, 2022, 54(10): 1-10, 16.

[14] 陈思琪, 孟晗, 衡蒙, 等. 铁筷子花瓣中花青素苷成分及含量对其呈色的影响[J]. 西北植物学报, 2022, 42(12): 2103-2111.

[15] 陈璇, 谢军, 岳远征, 等. 彩叶植物叶片呈色分子机制研究进展[J]. 西北植物学报, 2020, 40(2): 358-364.

[16] 李卫星, 杨舜博, 何智冲, 等. 植物叶色变化机制研究进展[J]. 园艺学报, 2017, 44(9): 1811-1824.

[17] 沈梦茹. 高粱紫叶性状基因 PL1 定位和转录组分析[D]. 滁州: 安徽科技学院, 2021.

[18] 胡晓丹. 鲜食玉米籽粒花青素合成规律及其对糖脂代谢的调节

作用[D]. 广州: 华南理工大学, 2021.

[19] 陈微, 潘美红, 惠林冲, 等. 洋葱转录组测序及黄酮类化合物合成相关基因的分析[J]. 分子植物育种, 2024, 22(12): 3851-3856.

[20] Hichri I, Barrieu F, Bogs J, et al. Recent advances in the transcriptional regulation of the flavonoid biosynthetic pathway[J]. Journal of Experimental Botany, 2011, 62(8): 2465-2483.

[21] Dubos C, Stracke R, Grotewold E, et al. MYB transcription factors in *Arabidopsis*[J]. Trends in Plant Science, 2010, 15(10): 573-581.

[22] 施丽愉. MYB-bHLH 转录复合体调控杨梅果实原花色苷合成研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2018.

[23] 刘恺媛, 王茂良, 辛海波, 等. 植物花青素合成与调控研究进展[J]. 中国农学通报, 2021, 37(14): 41-51.