

基于转录组分析的玉米耐旱性状调控机制及育种应用

秦宇锋

内蒙古利禾农业科技发展有限公司

DOI:10.12238/as.v8i6.3062

[摘要] 文章聚焦基于转录组分析的玉米耐旱性状调控与育种。在调控机制方面,干旱胁迫下玉米通过激活脱落酸依赖与非依赖信号通路,重塑碳、氮代谢及渗透调节物质合成途径,同时AP2/ERF、bZIP、MYB等转录因子协同调控,构建复杂响应网络。在育种应用上,利用转录组数据开发分子标记辅助选择,通过转基因和基因组编辑技术定向改良玉米耐旱性。转录组分析为解析玉米耐旱机制提供关键视角,相关育种技术应用则加速了耐旱玉米品种培育进程,对提升玉米抗旱能力、保障粮食安全具有重要意义。

[关键词] 转录组分析; 玉米耐旱性; 调控机制及育种

中图分类号: S435.131 文献标识码: A

Regulatory mechanism of Drought Tolerance Traits in Maize Based on transcriptome analysis and its breeding application

Yufeng Qin

Inner Mongolia Lihuo Agricultural Science and Technology Development Co., LTD.

[Abstract] This article focuses on the regulation and breeding of drought tolerance traits in maize based on transcriptome analysis. In terms of regulatory mechanisms, under drought stress, corn reshapes the carbon and nitrogen metabolism and osmotic regulatory substance synthesis pathways by activating abscisic acid-dependent and abscisic acid-independent signaling pathways. Meanwhile, transcription factors such as AP2/ERF, bZIP, and MYB coordinate and regulate, constructing a complex response network. In breeding applications, transcriptome data is utilized to develop molecular marker-assisted selection, and the drought tolerance of corn is specifically improved through transgenic and genome editing techniques. Transcriptome analysis provides a key perspective for understanding the drought tolerance mechanism of corn. The application of related breeding techniques has accelerated the breeding process of drought-resistant corn varieties, which is of great significance for enhancing the drought resistance of corn and ensuring food security.

[Key words] Transcriptome analysis Drought tolerance of corn Regulatory mechanism and breeding

玉米作为全球重要粮食作物,干旱胁迫严重威胁其产量与品质。转录组分析可从基因表达全局揭示耐旱分子机制,为育种提供关键靶点。本文综述玉米在干旱下通过信号通路激活、代谢网络重塑及转录因子协同调控耐旱的机制,同时探讨分子标记辅助选择、转基因及基因组编辑等转录组驱动的育种技术,为解析耐旱机理与培育抗旱品种提供理论与技术参考。

1 转录组分析的玉米耐旱性状调控机制

1.1 信号转导通路激活

干旱胁迫下,玉米通过转录组调控激活脱落酸(ABA)依赖与非依赖信号通路,形成精密且高效的耐旱调控网络。转录组测序分析显示,在干旱胁迫初期,玉米细胞内ABA浓度迅速升高,作为核心信号分子启动一系列级联反应。此时,PYR/PYL/RCAR

(Pyrabactin Resistance 1/PYR1-Like/Regulatory Component of ABA Receptor)家族基因表达显著上调,其编码的蛋白作为ABA的胞内受体,能特异性识别并结合ABA分子,构象发生改变后解除对蛋白磷酸酶2C(PP2C)的抑制。PP2C失活后,原本被其抑制的SnRK2(SNF1-related protein kinase 2)蛋白激酶得以释放并激活,通过磷酸化下游靶标实现信号的进一步传递。

其中,SnRK2蛋白激酶对气孔关闭相关基因的调控尤为关键。它能够磷酸化保卫细胞中的阴离子通道蛋白SLAC1(Slow Anion Channel-Associated 1)和OST1(Open Stomata 1)蛋白激酶,激活的SLAC1促使阴离子外流,降低保卫细胞膨压,引发气孔关闭,从而有效减少植株的水分散失,维持体内水分平衡。值得注意的是,研究还发现,在ABA信号通路激活过程中,存在多重反

馈调节机制,部分基因的转录水平会随着ABA信号的持续激活而发生动态变化,确保信号传递的准确性和适度性。除ABA依赖信号通路外,MAPK(Mitogen-Activated Protein Kinase)级联反应等非ABA信号通路相关基因也在干旱胁迫下被迅速激活。MAPK级联反应由MAPKKK、MAPKK和MAPK三级激酶依次激活构成,当玉米感受到干旱胁迫信号后,上游传感器将信号传递至MAPKKK,经磷酸化激活MAPKK,进而激活MAPK。激活的MAPK能够磷酸化多种下游靶蛋白,参与活性氧(ROS)稳态维持与细胞胁迫响应。

1.2 代谢途径重塑

转录组分析揭示,在干旱胁迫的严峻挑战下,玉米通过系统性调节碳、氮代谢与渗透调节物质合成,重塑代谢途径以维持干旱适应性,这一过程涉及多层面的精细调控与协同响应。

在碳代谢方面,干旱胁迫促使玉米体内参与蔗糖合成与转运的基因表达发生显著变化。蔗糖磷酸合成酶(SPS)基因家族成员在转录水平上呈现上调趋势,其编码的SPS酶催化果糖-6-磷酸与尿苷二磷酸葡萄糖(UDP-Glc)合成蔗糖磷酸,再经蔗糖磷酸酯酶水解生成蔗糖。与此同时,蔗糖转运蛋白基因(SUC)的表达也显著增强,SUC蛋白能够特异性识别并转运蔗糖,将叶片中合成的蔗糖高效运输至其他组织器官,不仅为渗透调节提供关键碳骨架,还能作为信号分子调控下游基因表达,参与植株对干旱胁迫的响应。研究发现,蔗糖的积累还可通过调节细胞内的渗透压,降低水势,从而减少水分外流,维持细胞膨压,保障植株在干旱环境下的基本生理功能。渗透调节物质的合成调控是玉米应对干旱的另一重要策略。脯氨酸作为关键的渗透调节物质,其合成关键基因 Δ 1-吡咯啉-5-羧酸合成酶(P5CS)在干旱胁迫下表达量大幅增加。P5CS催化谷氨酸合成 Δ 1-吡咯啉-5-羧酸(P5C),再经P5C还原酶催化生成脯氨酸。脯氨酸的大量积累能够有效降低细胞的渗透势,维持细胞与外界环境的水分平衡,同时还能稳定生物大分子的结构与功能,清除活性氧(ROS),减轻氧化损伤。此外,甜菜碱合成基因甜菜碱醛脱氢酶(BADH)的表达也显著上调,BADH催化甜菜碱醛氧化生成甜菜碱,甜菜碱具有高度的水溶性和稳定性,可在细胞内大量积累而不影响细胞正常代谢,通过调节细胞渗透压和保护生物膜完整性,增强玉米的耐旱能力。

1.3 转录因子协同调控

转录组数据表明,AP2/ERF、bZIP、MYB等转录因子家族在玉米耐旱调控中发挥核心作用,它们通过多层次、多维度的协同作用构建起复杂而精密的调控网络。在干旱胁迫下,AP2/ERF(APETALA2/Ethylene Responsive Factor)转录因子家族作为重要的信号枢纽,其成员如ERF109能快速响应干旱信号。研究发现,ERF109在玉米遭遇干旱时,通过与下游耐旱功能基因启动子区域的DRE(Dehydration Responsive Element)顺式作用元件特异性结合,激活一系列基因的表达,这些基因涉及渗透调节物质合成、离子转运以及抗氧化防御等多个方面。例如,ERF109可直接调控脯氨酸合成关键基因P5CS的表达,促进脯氨酸积累,增强细胞渗透调节能力;同时,还能激活水通道蛋白基因,调节水分运输,维持细胞内水分平衡^[1]。

bZIP(Basic Leucine Zipper)转录因子家族则在ABA依赖的信号通路中占据核心地位。当玉米感受到干旱胁迫,体内ABA含量升高,bZIP转录因子通过其保守的碱性亮氨酸拉链结构域与ABA响应元件(ABRE)结合,形成bZIP-ABRE复合物。该复合物进一步招募转录共激活因子,与RNA聚合酶II相互作用,激活ABA依赖的基因表达程序。如玉米中的bZIP23转录因子,在干旱胁迫下,其表达量显著上调,通过与ABRE元件结合,激活下游一系列与气孔关闭、渗透调节和胁迫响应相关基因的转录,从而增强玉米对干旱的耐受性。

2 转录组分析的玉米耐旱性状育种应用

2.1 分子标记辅助选择育种

分子标记辅助选择(MAS)育种是基于转录组分析成果,将遗传学理论与分子生物学技术深度融合的创新育种手段。在玉米耐旱育种领域,科研人员通过高通量转录组测序,系统分析干旱胁迫下玉米不同组织、发育阶段的基因表达谱,精准定位与耐旱性状紧密关联的关键基因及其调控区域。在此基础上,利用生物信息学工具,筛选出在耐旱与非耐旱材料间存在显著差异的遗传位点,进而开发出单核苷酸多态性(SNP)标记和简单序列重复(SSR)标记等分子标记类型^[2]。

SNP标记作为第三代分子标记,基于基因组水平上单个核苷酸的变异,具有数量多、分布广、稳定性强的特点。在玉米耐旱育种中,研究人员通过对转录组数据的深度挖掘,识别出关键耐旱基因(如P5CS、BADH)编码区或调控区的SNP位点。以P5CS基因的SNP标记开发为例,通过比较不同耐旱性玉米品种的转录组序列,锁定基因内特定位置的碱基变异,设计特异性引物或探针。在实际育种过程中,借助高通量基因分型技术(如KASP、SNP芯片),能够快速检测大量玉米材料中该SNP位点的基因型,精准判断个体是否携带高效表达的P5CS等位基因,从而筛选出具有潜在耐旱优势的育种材料。SSR标记则利用基因组中串联重复的短核苷酸序列(通常为1-6个碱基)的长度多态性。玉米基因组中存在丰富的SSR位点,在转录组分析确定的耐旱基因附近区域,可通过PCR扩增并检测SSR位点的片段长度差异,构建与耐旱性状紧密连锁的遗传标记。

2.2 转基因育种技术应用

在玉米耐旱性状改良领域,转录组分析为挖掘关键耐旱基因提供了重要线索,而转基因技术则成为将这些基因资源转化为实际育种成果的核心工具。通过对玉米在干旱胁迫下的转录组数据进行深度挖掘,科研人员筛选出一系列在耐旱调控网络中发挥关键作用的核心基因,其中ERF109、P5CS等基因的功能已得到充分验证。

农杆菌介导法和基因枪法是目前将耐旱基因导入玉米细胞的主要技术手段。农杆菌介导法利用根癌农杆菌Ti质粒上的T-DNA能够转移并整合到植物基因组的特性,将目的基因(如ERF109基因)构建到改造后的Ti质粒载体上,通过农杆菌侵染玉米幼胚、愈伤组织等外植体,实现外源基因的稳定整合。这种方法具有转化效率高、整合位点相对稳定、转基因拷贝数低等优势

势,适用于大多数玉米基因型。而基因枪法(又称微弹轰击法)则是利用高压气体加速金属微粒(如金粉或钨粉),将吸附在其表面的重组DNA分子直接射入玉米细胞,使目的基因随机整合到基因组中^[3]。该方法不受基因型限制,尤其适用于农杆菌难以感染的玉米材料。以转ERF109基因的玉米植株为例,大量研究表明,在干旱胁迫条件下,通过表达ERF109基因能够显著激活下游一系列与耐旱相关的基因表达。分子机制层面,ERF109转录因子可特异性结合到干旱响应元件(DRE)上,启动包括水通道蛋白基因、抗氧化酶基因以及渗透调节物质合成基因等的转录过程。实验数据显示,与野生型相比,转ERF109基因玉米植株在干旱处理后,气孔导度下降幅度更大,气孔关闭更为迅速,从而使水分散失减少了30%-40%。同时,超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)等抗氧化酶活性显著增强,有效清除细胞内积累的活性氧(ROS),将丙二醛(MDA)含量降低25%以上,极大减轻了细胞膜的氧化损伤程度。在田间试验中,转ERF109基因玉米品种在中度干旱环境下,籽粒产量较对照品种提高了15%-20%,生物量增加约22%,展现出优异的耐旱增产效果。

2.3 基因组编辑技术创新

以CRISPR/Cas9为代表的新一代基因组编辑技术,凭借其精准性、高效性和操作简便性,为玉米耐旱育种带来了革命性突破。该技术的核心在于Cas9核酸酶与单链向导RNA(sgRNA)的协同作用:sgRNA通过碱基互补配对原则,将Cas9蛋白靶向引导至玉米基因组特定的DNA序列,随后Cas9切割双链DNA,触发细胞内的DNA损伤修复机制。基于转录组分析获得的海量数据,科研人员能够系统梳理玉米耐旱调控网络,精准定位关键基因位点,为CRISPR/Cas9的靶向编辑提供精确靶点^[4]。

在实际应用中,CRISPR/Cas9技术通过两种主要策略实现玉米耐旱性状改良。其一为基因敲除策略,针对负调控耐旱性的基因(如某些ABA信号通路抑制因子或ROS清除负调控蛋白编码基因),设计特异性sgRNA,使Cas9在目标基因编码区产生双链断裂。细胞通过非同源末端连接(NHEJ)修复机制修复DNA时,常伴随碱基的随机插入或缺失,导致基因移码突变而丧失功能。例如,研究人员通过CRISPR/Cas9敲除玉米中的负调控基因ZmDR1,解

除其对下游耐旱基因的抑制作用,使植株在干旱胁迫下脯氨酸积累量显著增加,抗氧化酶活性提升,最终耐旱性提高约25%。其二为基因激活策略,对于正调控耐旱性的关键基因(如转录因子ERF家族、渗透调节物质合成酶基因),可利用CRISPR/dCas9(催化活性缺失的Cas9)与转录激活结构域融合的系统。dCas9在sgRNA引导下结合到目标基因启动子区域,招募转录激活因子,增强基因的转录水平。以玉米中关键耐旱转录因子ZmERF3为例,通过CRISPR/dCas9激活系统上调其表达后,转基因植株在干旱条件下气孔关闭更为迅速,水分利用效率提高18%-22%,显著增强了植株的耐旱能力。

3 结语

转录组分析为揭示玉米耐旱性状调控机制与育种实践搭建了桥梁。在调控机制层面,信号转导、代谢重塑及转录因子协同作用构成复杂且精密的调控网络;育种应用中,分子标记辅助选择、转基因技术及基因组编辑技术的创新应用,显著提升了耐旱玉米品种选育效率。然而,目前研究仍存在调控网络解析不够全面、育种技术转化效率待提升等问题。未来需整合多组学技术,深化机制研究,并优化育种技术体系,以培育更适应气候变化的玉米品种,保障粮食生产安全。

[参考文献]

[1]谢康财.小麦、玉米耐旱和耐寒性研究及抗逆机制分析[J].种子科技,2024,42(12):145-147.

[2]吴建忠.玉米抗旱性研究进展[J].山西农业大学学报(自然科学版),2023,43(06):18-25.

[3]刘升学,常淑杰,刘晓虎.ZmDREB2.7正调控玉米耐旱性的功能分析[J].西北农业学报,2022,31(11):1408-1414.

[4]蒿宝珍,马静丽,董嘉强.不同耐旱性玉米品种叶片光合特性和产量对干旱胁迫的响应[J].河南师范大学学报(自然科学版),2022,50(06):29-37.

作者简介:

秦宇锋(1984--),男,汉族,吉林省洮南市人,硕士研究生,农艺师。研究方向:作物遗传育种。