

Salt tolerance gene mining and functional analysis in rice

Pingkun Tian

Puyang County Bureau of Agriculture and Rural Affairs, Puyang, Henan, 457100, China

Abstract

Rice is a globally important food crop, but the expansion of saline-alkali lands has severely affected its growth and yield. In recent years, the study of salt-alkali tolerant rice has become an important topic in agricultural science. Through in-depth analysis of the genetic background and regulatory mechanisms of rice salt-alkali tolerance, scientists have identified a number of candidate genes associated with salt-alkali tolerance. The functional analysis of these genes provides a theoretical basis for the breeding of salt-alkali tolerant rice varieties. By using techniques such as gene editing, transgenic technology, and molecular markers, researchers can screen and validate salt-alkali tolerance genes, providing important tools for agricultural improvement.

Keywords

rice; salt-alkali tolerance; gene mining; functional analysis; molecular markers

水稻耐盐碱基因挖掘与功能分析

田平坤

濮阳县农业农村局, 中国 · 河南 濮阳 457100

摘要

水稻是全球重要的粮食作物, 但盐碱地的扩展严重影响了水稻的生长和产量。近年来, 耐盐碱水稻的研究已成为农业科学领域的重要课题。通过对水稻耐盐碱性状的遗传背景及其调控机制的深入分析, 科学家们已挖掘出一批与盐碱耐性相关的候选基因。这些基因的功能分析为培育耐盐碱水稻品种提供了理论依据。采用基因编辑技术、转基因技术及分子标记等手段, 研究人员能够筛选和验证耐盐碱基因, 为农业改良提供了重要工具。

关键词

水稻; 耐盐碱; 基因挖掘; 功能分析; 分子标记

1 引言

随着全球气候变化的加剧, 盐碱地的面积不断扩展, 影响了大量农作物的生长, 尤其是水稻这一重要粮食作物。水稻对盐碱的敏感性使其在盐碱地上的种植受到极大制约, 因此, 提高水稻对盐碱的耐受性成为农业研究的重要课题。近年来, 随着分子生物学技术的发展, 水稻耐盐碱基因的挖掘和功能分析取得了显著进展。通过基因组学、转基因技术及基因编辑技术等手段, 科学家已初步揭示了耐盐碱性状的遗传机制, 筛选出了多种候选基因。这些研究不仅丰富了耐盐碱机制的理论基础, 也为培育适应盐碱环境的水稻新品种提供了新的途径。此外, 分子标记辅助选择等技术的应用, 显著提高了耐盐碱水稻的育种效率, 为解决粮食安全问题提供了新的思路。因此, 水稻耐盐碱基因的深入研究, 具有重要的科学意义和应用前景。

2 水稻耐盐碱性状的遗传背景

2.1 水稻耐盐碱性状的遗传研究进展

水稻耐盐碱性状的遗传研究已取得了一定进展, 许多盐碱耐性基因的候选基因已经被鉴定。研究表明, 水稻耐盐碱性状具有复杂的遗传背景, 涉及多个基因的协同作用。早期的研究多依赖经典的遗传学方法, 如 QTL 定位技术, 发现了多个与耐盐碱相关的 QTL 位点。近年来, 随着高通量基因组学技术的发展, 研究者开始利用全基因组关联分析 (GWAS) 和转录组学技术进一步揭示耐盐碱性状的遗传基础。这些研究不仅丰富了耐盐碱性状的遗传学理论, 也为后续分子标记开发和耐盐碱水稻品种的培育奠定了基础。随着基因组编辑技术的发展, 部分关键基因的遗传调控机制得到了更为深入的探索。

2.2 耐盐碱性状相关基因的发现与筛选

耐盐碱基因的发现与筛选是水稻耐盐碱性状研究的核心内容之一。通过对不同水稻品种的基因组进行全基因组关联分析 (GWAS), 结合转录组学数据, 研究人员成功筛选出了一批与耐盐碱相关的基因, 如 OsHKT1;5、OsNHX1、

【作者简介】田平坤 (1974-), 男, 本科, 高级农艺师, 从事农业在种植业中重点推广测土配方施肥技术研究。

OsSOS1 等, 这些基因在水稻的盐胁迫应答中发挥着重要作用。基因筛选工作还依赖于大规模的基因表达谱分析, 通过对盐胁迫条件下水稻基因的表达模式进行分析, 进一步确认了多个耐盐碱相关基因的功能。随着基因编辑技术的应用, 研究者能够精准地验证这些基因在盐碱耐性中的作用, 为水稻的耐盐碱基因工程改良提供了新的方向。

3 水稻耐盐碱基因的功能分析方法

3.1 基因编辑技术在水稻耐盐碱基因功能分析中的应用

基因编辑技术, 尤其是 CRISPR/Cas9 系统, 已广泛应用于水稻耐盐碱基因的功能分析中。通过对特定耐盐碱基因进行精准编辑, 研究人员可以敲除或突变目标基因, 进而观察水稻在盐碱环境中的生长表现。CRISPR/Cas9 技术的高效性和精确性使得其成为功能基因验证的理想工具。例如, 研究人员通过敲除 OsHKT1;5 基因, 发现该基因在盐分积累过程中起到关键作用, 敲除该基因的水稻表现出较低的盐分耐受性。基因编辑技术不仅能够帮助理解基因的具体功能, 还能够为耐盐碱水稻的基因改良提供依据。

3.2 转基因技术及其在功能验证中的作用

转基因技术为水稻耐盐碱基因的功能验证提供了重要手段。通过将耐盐碱基因导入到水稻中, 可以直接观察转基因水稻在盐碱胁迫下的表现。例如, 研究人员通过将 OsNHX1 基因导入水稻, 使其在盐碱环境下表现出较高的盐分耐受性。转基因技术不仅有助于验证基因的功能, 还能进一步阐明基因在耐盐碱过程中的作用机制。此外, 利用转基因技术, 还可以对多个耐盐碱基因进行组合, 研究其在耐盐碱性状中的协同作用, 从而为耐盐碱水稻品种的培育提供重要理论依据。

3.3 表型分析与生理生化指标评估方法

表型分析是水稻耐盐碱基因功能验证的重要手段。通过对转基因水稻、基因敲除株系或野生型水稻在盐碱环境中的生长情况进行比较, 研究人员能够评估目标基因对耐盐碱性的影响。常见的表型分析方法包括测定株高、根长、叶绿素含量等生长指标, 以及通过测定 Na^+ 、 K^+ 等离子浓度, 评估水稻在盐碱胁迫下的离子平衡。此外, 生理生化指标如抗氧化酶活性、渗透调节物质(如脯氨酸、糖类)的含量等, 也可以作为耐盐碱性状的重要评估指标。通过综合表型和生理生化数据, 可以更准确地评估基因在盐碱耐性中的作用。

4 水稻耐盐碱基因的候选基因筛选与鉴定

4.1 高通量基因组学技术的应用

高通量基因组学技术为水稻耐盐碱基因的筛选和鉴定提供了强大的工具。通过全基因组关联分析(GWAS)、基因组重测序等技术, 研究人员可以在大规模的水稻群体中挖掘与盐碱耐性相关的基因。GWAS 能够通过对多个水稻品种的基因型和表型数据进行关联分析, 定位耐盐碱性状

的 QTL 位点。基因组重测序技术则能提供更加全面的基因信息, 帮助研究者识别可能的候选基因。此外, 基因组学技术还可以揭示基因的多态性, 为耐盐碱基因的功能分析提供依据。

4.2 候选基因的表达谱分析

候选基因的表达谱分析能够帮助研究人员筛选与水稻耐盐碱性状相关的基因。通过实时定量 PCR (qPCR) 和 RNA-Seq 等技术, 研究人员可以分析在盐碱胁迫下, 候选基因在不同水稻品种中的表达变化。高表达的基因通常与耐盐碱性状的增强密切相关, 而低表达或无响应的基因则可能与耐盐碱性状无关。通过对比不同品种、不同环境条件下的基因表达谱, 研究人员能够精准地筛选出关键耐盐碱基因, 为后续的功能验证和育种提供依据。

4.3 功能验证与基因突变分析

功能验证是水稻耐盐碱基因研究中的关键步骤。通过基因突变分析, 研究人员可以确认候选基因在盐碱耐性中的作用。例如, 利用 CRISPR/Cas9 等基因编辑技术将候选基因敲除或突变, 并观察突变株系在盐碱环境下的表现。突变分析不仅可以验证基因是否参与耐盐碱性状的调控, 还能够揭示其作用机制。此外, 研究者还可以通过基因过表达、RNAi 等技术进一步验证候选基因的功能, 确保其在盐碱胁迫下的真实效应。通过这一系列的功能验证与基因突变分析, 可以为水稻耐盐碱性状的分子育种提供坚实的基础。

5 水稻耐盐碱性状的分子标记研究

5.1 分子标记在耐盐碱性状中的应用

分子标记技术广泛应用于水稻耐盐碱性状的研究和改良。通过标记与耐盐碱性状相关的基因或 QTL 位点, 研究人员能够在水稻的育种过程中实现精准筛选, 提高育种效率。常见的分子标记技术包括微卫星标记(SSR)、单核苷酸多态性(SNP)标记和插入缺失标记(InDel)。这些标记能够帮助研究人员鉴定和跟踪与耐盐碱性状相关的基因, 从而加速耐盐碱水稻的选育。通过分子标记, 育种工作可以不依赖于盐碱胁迫条件下的表型表现, 从而避免了长期的试验和资源浪费。随着高通量测序技术的进步, 分子标记的开发和应用为耐盐碱水稻品种的改良提供了更为高效和精准的工具。

5.2 耐盐碱基因的标记辅助选择(MAS)

标记辅助选择(MAS)是水稻耐盐碱性状育种中一种重要的方法。MAS 通过使用与耐盐碱性状相关的分子标记来指导基因型的选择, 极大提高了育种效率。通过对耐盐碱相关基因进行分子标记, 研究人员可以在水稻的早期世代中进行基因型的筛选, 选出具有耐盐碱基因的个体, 并进行进一步的种质改良。这一方法不仅减少了盐碱胁迫下的育种周期, 还能够精准传递耐盐碱性状。MAS 已被成功应用于多种水稻品种的耐盐碱改良, 极大推动了耐盐碱水稻品种的推

广和普及。MAS技术的优势在于其高效、准确，并且能够显著提升育种过程中的遗传进展。

5.3 分子标记与基因组选择的结合

分子标记与基因组选择（GS）的结合为水稻耐盐碱基因的育种提供了新的方向。基因组选择通过评估个体基因组中所有标记的效应，结合多种标记进行整体选择，而不仅仅依赖于单个标记。这种方法能够更准确地预测目标性状的遗传表现，提升耐盐碱性状的遗传改良效率。在水稻耐盐碱性状的研究中，通过基因组选择，研究人员可以全面考虑水稻基因组中的所有耐盐碱相关标记，提高耐盐碱性状的选择准确性。同时，基因组选择能够更好地应对性状复杂性，提升整体育种效果。随着基因组数据和生物信息技术的发展，分子标记与基因组选择的结合将在水稻耐盐碱基因育种中发挥越来越重要的作用。

6 水稻耐盐碱基因的应用前景与农业改良

6.1 耐盐碱基因的遗传改良效果

水稻耐盐碱基因的遗传改良已在多个方面取得显著效果。通过对耐盐碱基因的筛选、功能分析及育种应用，研究人员已经培育出多个耐盐碱水稻品种，具有较强的盐碱耐性。这些水稻品种在盐碱土壤中表现出较高的生长和产量，相较于传统水稻品种，能够在恶劣环境下更好地适应生长。遗传改良还可以通过多基因组合的方式增强水稻的耐盐碱性，进一步提升水稻的适应性。通过分子标记辅助选择等技术，耐盐碱基因的有效传递和表达得到了确保，为农业生产提供了可持续发展的解决方案。

6.2 耐盐碱水稻品种的培育与推广

耐盐碱水稻品种的培育与推广已成为农业改良中的重要任务。通过传统育种和分子育种技术的结合，耐盐碱水稻品种的培育取得了重要进展。目前，多个耐盐碱水稻品种已在不同地区得到了推广，并在实际生产中发挥了重要作用。这些品种不仅提高了盐碱土地的利用效率，还提升了农民的生产收益。随着分子标记和基因组选择技术的进步，耐盐碱水稻品种的培育和推广将更加高效和精准。未来，随着科技的不断进步，耐盐碱水稻品种的推广将在更多的盐碱地区得到广泛应用，帮助解决全球粮食安全问题。

6.3 水稻耐盐碱性状在不同环境中的适应性

水稻耐盐碱性状在不同环境中的适应性具有广泛的应用前景。随着盐碱地面积的增加，耐盐碱水稻的适应性研究变得尤为重要。不同地区的土壤类型和气候条件对水稻的耐盐碱性状有不同的影响，因此，研究不同环境中耐盐碱性状的表现和机制，将为耐盐碱水稻的适应性改良提供重要依据。通过对水稻耐盐碱性状的多环境试验和表型分析，研究人员能够识别出适应性强的水稻品种，并进行有针对性的改良。随着耐盐碱水稻品种的不断推广，水稻的生产范围将进一步扩大，尤其是在受盐碱土壤影响较大的地区，水稻的种植将得到有效提升。

7 结语

水稻耐盐碱基因的研究与应用为农业可持续发展提供了新的方向。随着盐碱地的不断扩大，耐盐碱水稻的培育与推广成为保障粮食安全、提高土地利用效率的重要手段。通过分子标记、基因编辑、转基因技术等手段，研究人员已经在耐盐碱性状的基因筛选、功能分析及遗传改良方面取得了显著进展。标记辅助选择（MAS）和基因组选择（GS）的结合为耐盐碱水稻的育种提供了更加精准和高效的方法。此外，耐盐碱水稻品种的推广不仅提升了盐碱土地的生产能力，也为农民带来了更多的收益。未来，随着技术的不断进步和研究的深入，耐盐碱水稻的品种将更加适应不同环境条件，推动农业的绿色发展。耐盐碱基因的应用将成为农业改良的重要工具，为全球粮食安全和可持续农业发展做出更大贡献。

参考文献

- [1] 荀瑞丽,舍杨梦斐,方晶莹,田浩天,马国林,田蕾,罗成科. 不同耐盐碱类型水稻根系对盐碱胁迫的生理及分子响应差异[J].河南农业科学,2025,54(09):34-42.
- [2] 邓玉娟,乐黎辉. 基于“耐盐碱水稻培育”情境的跨模块复习教学设计[J].生物学教学,2025,50(09):21-25.
- [3] 李宛鸿,胡冰霜,孙晓丽,才晓溪,孙明哲. 过表达野生大豆耐盐碱基因GsGSTU13提高了水稻苗期耐盐碱性[J].作物学报,2024,50(10):2458-2467.
- [4] Ratan Kumar Ganapati.水稻苗期耐盐碱基因挖掘及单倍型分析[D]. 导师:徐建龙. 中国农业科学院, 2024.