



刘悦上,王胜利,刘宏元,等.棉花基因组编辑技术在关键性状改良中的靶点研究与实践进展[J].黑龙江农业科学,2026(1):91-99.

棉花基因组编辑技术在关键性状改良中的 靶点研究与实践进展

刘悦上¹,王胜利²,刘宏元^{3,4},齐高相^{3,4},刘明云⁵,牛娜⁵

(1.滨州市农业农村局,山东 滨州 256600; 2.山东省农业科学院 经济作物研究所/山东棉花研究中心,山东 济南 250131; 3.山东省农业科学院 湿地农业与生态研究所/养分资源高效利用全国重点实验室,山东 济南 250131; 4.国家盐碱地综合利用技术创新中心,山东 东营 257347; 5.滨州市农业技术推广中心,山东 滨州 256600)

摘要:棉花作为全球重要的经济作物,其优质纤维和多样化利用价值在农业和工业领域占据核心地位。近年来,基因组编辑技术,尤其是 CRISPR/Cas 系统的迅速发展,为棉花关键农艺性状的精准改良提供了全新手段。为促进我国棉花种质创新与品种改良,系统综述了基因编辑技术在棉花纤维品质、抗虫性、除草剂耐受性及干旱、盐碱、温度等逆境耐受性状中的应用进展,重点梳理了代表性靶基因及编辑策略,归纳了相关实践案例,并分析了技术瓶颈与未来发展方向。基因编辑正推动棉花育种由传统经验型向精准设计型转变,助力构建绿色、高效、可持续的现代育种体系。

关键词:棉花;基因组编辑;CRISPR/Cas;纤维品质;抗虫性;除草剂耐受性;抗逆性

棉花(*Gossypium hirsutum* L.)是全球范围内最重要的经济作物之一,兼具农业和工业双重属性。作为历史最悠久的栽培植物之一,棉花主要以其优质纤维广泛应用于服装、家用纺织品及工业面料生产,在纺织工业中占据核心地位^[1]。除纤维用途外,棉籽也是重要的油料与饲料资源,棉籽油为人类提供植物蛋白与脂肪来源,棉籽粕则广泛用于高蛋白动物饲料,有效拓展了棉花的综合利用价值^[2]。

我国在全球棉花产业链中占据不可替代的核心地位,是全球棉花生产、加工和消费的重要引擎^[3]。近年来,我国棉花种植面积稳定在约 5 000 万 hm²,年产量维持在 600 万 t 左右,约占全球总产量的 25%。与此同时,我国棉花消费量约占全球总消费的 30%,纺织品及服装出口总额位居全球前列,在国际市场中占据超过 30%的份额。

随着全球人口不断增长与消费结构持续升级,棉花产品的功能性与多样性需求显著提升,推动棉花生产系统向更高效、更可持续方向转型。在当前气候变迁与资源约束双重压力下,棉花作为具备广泛生态适应性的作物,正面临虫害、干

旱、盐碱等多重逆境胁迫。传统育种手段在应对这些挑战方面存在育种周期长、效率低及性状聚合困难等问题,亟需引入更加精准、可控、高效的分子育种技术^[4-5]。

借助 CRISPR/Cas 等新一代基因组编辑工具的快速发展,棉花分子育种正加速迈入“精准、高效、可设计”的新时代。基因编辑技术可在无外源基因导入的前提下,实现目标基因的敲除、敲入与碱基替换,已在多个复杂农艺性状改良中展现出广阔的应用前景。本文系统回顾了近年来棉花基因组编辑体系的发展进展,重点梳理其在纤维品质、抗虫性、除草剂耐受性,以及干旱、盐碱、温度等逆境耐受性状中的代表性靶基因及编辑策略,归纳应用实践案例,剖析技术瓶颈与产业化挑战,并展望其在推动棉花绿色、智能、高产育种中的潜力,期望为我国棉花种质创新与品种改良提供理论基础与技术路径支持。

1 棉花基因组编辑技术体系发展

1.1 棉花育种技术的演进与局限

棉花育种技术已历经从传统育种、分子育种到转基因育种的多轮迭代演进。人工选择、杂交

收稿日期:2025-08-06

基金项目:国家棉花现代产业体系基金(CARS-15-05);国家盐碱地综合利用技术创新中心“揭榜挂帅”项目(GYJ2023003);山东省农业科学院农业科技工程(CXGC2024B12,CXGC2023B01);山东省重点研发计划(2024SFGC0403)。

第一作者:刘悦上(1981-),女,学士,高级农艺师,从事棉花栽培技术及植物保护研究。E-mail:liuyueshang1981@163.com。

通信作者:牛娜(1983-),女,硕士,高级农艺师,从事棉花育种策略及栽培技术研究。E-mail:na_niu2020@163.com。

与回交等传统育种方法为棉花性状改良奠定了基础,但存在育种周期长、改良效率低、优异性状聚合难等突出问题^[6-7]。分子标记辅助选择(MAS)和基因组选择(GS)在一定程度上提升了选择精度与效率,尤其在苗期筛选优异基因型方面展现出优势,然而其高度依赖已有的遗传多样性,难以实现对复杂数量性状的精准操控^[8-11]。转基因技术则通过外源基因导入,在抗虫和耐除草剂棉花品种培育方面取得显著成效,但其在实际推广中受制于外源基因插入带来的伦理争议、较低的社会接受度以及严格的监管政策,制约了大规模产业化的进程^[12]。传统育种技术在棉花性状改良中存在效率、精准性及社会接受度等瓶颈,为新一代精准育种工具的应用创造了需求。

1.2 基因编辑技术的兴起与优势

随着分子生物学与工具酶技术的发展,基因编辑逐渐成为植物育种的重要路径。早期的锌指核酸酶(ZFNs)与转录激活因子样效应物核酸酶(TALENs)虽为靶向改良提供了可行方案,但普遍存在设计复杂、操作繁琐、成本高、靶标限制强及通用性差等问题,限制了其在棉花等复杂作物中的广泛应用^[13-16]。

自2013年起,CRISPR/Cas系统因其gRNA设计简单、靶点灵活、效率高、可实现多基因并行编辑等优势,迅速取代前述工具,成为当前主流的基因组编辑平台。该系统可在无外源基因整合的前提下,实现基因敲除、敲入、启动子调控、碱基替换等多种遗传修饰,为精确调控棉花的纤维品质、抗虫性、抗逆性等关键性状提供了有力工具。目前,CRISPR/Cas9、CRISPR/Cas12a(Cpf1)、碱基编辑(BE)、原位编辑(PE)等技术体系已在棉花中获得成功应用^[16-20],构建了一批具备重要性状改良潜力的棉花品系(表1)。CRISPR类技术的优势不仅体现在编辑效率与操作简便性上,更在于其打破了传统分子育种对天然变异的依赖,使得“设计型变异”成为可能,这是棉花复杂性状定向改良的关键突破。

总体而言,基因组编辑技术正逐步成为支撑棉花现代分子育种体系的核心工具。随着新型编辑系统的不断优化(如高保真Cas酶、诱导型编辑系统)、转化效率提升与特异性控制技术成熟,未来有望实现更大规模、低脱靶、高通量的多基因复合编辑,推动棉花从“经验育种”向“智能设计”转变,构建更加高效、绿色、可持续的现代育种模式。

表1 用于棉花基因编辑的CRISPR/Cas介导的基因编辑技术汇总

基因编辑工具	描述	挑战	参考文献
CRISPR/Cas9	CRISPR/Cas9使用向导RNA(gRNA)将Cas9核酸酶引导至特定基因组序列,诱导DSB。通过NHEJ或HDR修复导致靶向基因修饰	递送挑战;潜在的脱靶效应;意外的遗传变化;需要持续研究进行改进	[16-17]
CRISPR/Cas12a(Cpf1)	CRISPR/Cas12a产生交错切割并识别TTTV PAM序列。相比之下,Cas9的PAM因物种和变体而异;例如,SpCas9靶向NGG,拓宽了基因编辑的可能性	递送方法可能具有挑战性;需要优化以提高效率和精确性;多重能力需要进一步发展	[16,18]
CRISPR/Cas13a(C2c2)	Cas13a(C2c2)是II类VI型CRISPR系统,专门靶向单链RNA。它表现出顺式和反式切割活性,并能加工自身的crRNA,实现多个RNA靶标	附带RNA切割(反式活性)引发对脱靶效应的担忧;植物系统中的递送效率需要进一步改进;在DNA靶向修饰中的应用有限	[16]
碱基编辑器	碱基编辑器,如腺嘌呤碱基编辑器(ABEs)和胞嘧啶碱基编辑器(CBEs),能够进行精确的单核苷酸修饰,无需诱导DSB。ABEs将腺嘌呤转化为鸟嘌呤,而CBEs将胞嘧啶转化为胸腺嘧啶	递送效率;潜在的脱靶效应;需要高保真变体以提高特异性	[19]
引导编辑	引导编辑使用逆转录酶和引导编辑向导RNA(pegRNA)进行靶向插入、缺失和碱基转换,无需产生DSBs	优化pegRNA设计;递送方法需要改进;大规模应用需要提高效率和准确性	[20]

2 改良棉花纤维品质

2.1 棉花纤维品质的重要性与传统育种局限

纤维长度与强度是衡量棉花商品价值的核心指标,直接关系到纺织加工效率及最终产品的机械性能、舒适性与市场竞争力。长期以来,改善纤

维品质是棉花育种工作的重点和难点之一。传统杂交与分子育种手段虽在纤维性状优化方面取得一定进展,但受限于数量性状遗传复杂、环境影响大、聚合效率低等问题,育种进程相对缓慢。

在常规育种体系下,从初始杂交到材料纯化

与区域试验、品种审定通常需 10 年以上,部分体系甚至超过 10 年。跨年度大样本统计显示,美国棉花纤维强度每年的遗传增益约 $0.25 \text{ g} \cdot \text{tex}^{-1}$, 总体改良速度有限^[21]。此外,纤维品质与产量之间常存在负相关,即“负向权衡”,使得在提升品质的同时保证产量更具挑战。同时,环境变异也放大了多点多年验证需求。这种长期投入与有限增益不仅增加了育种成本,也难以在市场需求快速变化的背景下及时推出具有显著竞争优势的新品种。

近年来,CRISPR/Cas9 等基因组编辑技术凭借其高效、精准的靶向改良能力,为实现单基因乃至多基因精确操控提供了可行路径,已成为棉花纤维品质精准改良的重要技术手段^[22]。

2.2 基因编辑用于改良棉花纤维品质的进展

基因编辑技术在棉花纤维性状改良中的应用主要聚焦于若干关键代谢与调控通路,主要包括:参与纤维素合成与次生细胞壁沉积的结构基因;调控细胞壁松弛和可塑性的细胞壁改构酶;调节上述通路的上游转录因子。

例如,*GhMYB25-like* 基因是调控纤维伸长与次生细胞壁生物合成的核心转录因子,CRISPR/Cas9 介导的精准编辑可显著提升纤维长度与强度^[23]。针对 *GhCESA* 家族基因(编码纤维素合酶),通过基因敲除或定点修饰可促进纤维素积累增强,从而增强纤维的机械强度^[24]。Suo 等^[25]利用 CRISPR/Cas9 技术解析了 *GhMYB201* (R2R3-MYB 家族成员)在棉花纤维发育中的作用,发现其可激活细胞壁松弛蛋白(*GhRDLs*)与超长链脂肪酸合酶(*GhKCSs*)等蛋白的表达,从而促进纤维细胞纵向扩展,敲除该基因可显著抑制纤维伸长过程。此外,*GhEXL3* 基因作为油菜素内酯信号途径中的关键响应因子,其过表达可显著增强纤维延伸能力,而缺失则严重抑制该过程^[26]。

尽管已有多项基因编辑成果显示出改善纤维品质的潜力,但整体研究仍集中于有限的几个基因,主要处于功能验证与新品系创制阶段。纤维品质是典型的多基因调控数量性状,涉及细胞扩展、细胞壁合成与重塑、激素信号转导等多层级网络。未来有必要结合转录组、表观组及空间转录

组等多组学技术,系统识别关键调控节点,推动从“单基因精准改良”向“复杂调控网络优化”转变。同时,应加强田间多环境评价、性状稳定性验证及产业化配套技术研究,以提升基因编辑棉花品种在生产体系中的可推广性。

3 基因编辑在棉花非生物胁迫性状改良中的应用

干旱和盐碱胁迫是棉花生产中最常见且影响显著的非生物胁迫因素,尤其在干旱区、雨养农业区及盐碱共生区域,其对植株生长发育、产量和纤维品质均构成严重威胁^[27-28]。在实际生产中,这两类胁迫往往同时出现,呈现复合性与复杂性。因此,提升棉花在干旱与盐碱环境下的适应能力,成为保障稳产增产、推动绿色高效农业的关键环节。

3.1 增强棉花干旱胁迫耐受性

在植物对干旱胁迫的应答中,转录因子发挥着核心调控作用。转录因子通常通过增强下游抗旱相关基因,以调控气孔开闭、调节渗透压调控有关物料合成、抗氧化系统活化等功能,提高植株在缺水条件下的生理适应性。

其中,DREB(脱水响应元件结合蛋白)家族与 AREB(ABA 响应元件结合蛋白)家族是两个关键转录调控因子类群,分别介导非 ABA 依赖性与 ABA 依赖性干旱响应通路^[29]。利用 CRISPR/Cas9 上调或激活 *GhDREB1* 和 *GhAREB1* 等基因的表达,可增强下游脱水蛋白、保护酶类、渗透调节物质合成酶等基因的转录水平,从而提升在干旱胁迫下的棉花细胞水分保持能力^[30]。棉花中,这些靶点遗传稳定,且存在与明显表型-剂量相关效应,是当前耐旱基因编辑研究的重要方向。

除上述通路外,NAC(NAM、ATAF、CUC)类转录因子也在植物应对干旱胁迫中发挥关键作用。例如,通过 CRISPR/Cas9 靶向编辑 *GhNAC2* 基因,可上调其介导的胁迫响应网络,提高棉花在干旱条件下的存活率与生长表现^[31]。此类转录因子通常为信号网络的中枢节点,具备高度调控潜力与良好的育种应用前景。

根系结构的优化是增强作物干旱适应性的另一核心策略。深根性、根长延伸能力和根系分枝密度等性状直接决定了植物对深层水分与养分的

获取能力。通过 CRISPR/Cas9 增强表达棉花中如 *GhMYB*、*GhGPCR* 等调控根系发育的关键基因,以及 *GhWRKY* 等与根系结构形成密切相关的基因,研究人员成功培育出根长更长、根系更为发达、抗旱能力更强的棉花品系^[32-33]。这种改良有助于棉花植株规避盐分聚集较高的表层土壤,从而进一步提升其在干旱与盐碱环境中的生长优势。根系定向改良有望提升植株在长期干旱或断续干旱条件下的水分利用效率,实现“少灌高产”的目标。

除 DNA 水平的编辑外, RNA 靶向编辑技术也为非永久性调控耐旱性状提供了全新策略。Yu 等^[34]利用 CRISPR/dCas13 系统构建 RNA 靶向的 N⁶-甲基腺苷(m⁶A)修饰调控平台,通过干预 GhECA1 和 GhDi19 等关键转录本的表观修饰状态,实现对根长与耐旱能力的可逆性增强调控。该方法避免了永久性基因组改动,为实现时空可控、动态响应的抗旱育种提供了重要参考路径,能够在一定程度上弱化永久性基因编辑带来的伦理考量和市场质疑。

总体来看,棉花干旱耐受性性状受多基因、多通路协同调控,涉及信号感知、转录调控、细胞保护与根系建成等多个层面。未来应更加关注多通路整合与转录因子调控网络构建,借助表观组、转录组和时空表达图谱等组学手段挖掘关键靶点,推动从“单基因编辑”向“系统级设计”转型。此外,根系优化虽已被证实是提升抗旱性的有效途径,但也应注意其与地上部生长的资源竞争关系,防止“根-冠失衡”现象影响产量。随着基因编辑精准性与调控复杂度的持续提升,抗旱棉花的定向设计与高效育种将更加可行。

3.2 增强棉花盐碱胁迫耐受性

高盐环境会引发离子毒害、渗透胁迫及氧化失衡等连锁反应,进而干扰细胞稳态、光合效率与代谢平衡,严重影响棉花的产量与品质^[35-36]。借助基因编辑手段构建具有强盐碱适应能力的棉花品种,已成为提升棉区生态稳定性和粮棉安全的重要育种策略。

SOS1 (Salt Overly Sensitive 1) 基因是调控棉花盐胁迫响应中的关键靶点之一,其编码的 Na⁺/H⁺ 反向转运蛋白在维持细胞膜电位和排盐稳态中发挥重要作用。利用 CRISPR/Cas9 系统

上调 *GhSOS1* 表达,显著增强了棉花根系对 Na⁺ 的外排能力,从而有效缓解了盐胁迫带来的毒害效应,显著优化了棉花在高盐条件下的生长表现和生理耐性^[37]。

除了外排机制,钠钾离子选择性吸收与运输同样是耐盐性的核心调控环节。*HKT1* (High-Affinity K⁺ Transporter 1) 基因在限制钠离子向茎叶运输、提高钾离子保留能力方面具有关键作用。通过 CRISPR/Cas9 介导的 *GhHKT1* 表达调控,研究人员改善了棉花细胞在高盐环境下的离子选择性运输与离子再分布,增强了植株的盐胁迫适应能力^[38]。该基因的定向修饰不仅降低了 Na⁺ 毒性,同时有助于维持根冠离子稳态与基本代谢过程的正常运行。

Na⁺/H⁺ 交换器(NHX)基因家族也是盐胁迫耐性改良的重要目标。*GhNHX1* 编码液泡膜上的 Na⁺/H⁺ 反向转运蛋白,可将胞质中的 Na⁺ 隔离至液泡中,从而降低细胞毒性。利用 CRISPR/Cas9 对 *GhNHX1* 进行靶向激活或编辑,可增强 Na⁺ 隔离能力与细胞渗透调节功能,进而提升棉花对盐胁迫的耐受性^[39]。这一修饰策略不仅促进了细胞内离子稳态维持,也为盐渍土环境下的高产栽培提供了可靠保障。

植物在盐胁迫下激活多种次生代谢途径,这些代谢产物在抗氧化、渗透调节和信号转导中具有关键作用。因此,盐碱耐受性是由多个互作基因与通路共同调控的复杂数量性状,涉及离子动态平衡、渗透调节、抗氧化系统激活等多个生理过程^[40]。因此,未来研究应更多聚焦于关键基因间的调控网络与信号协同作用,推动从单基因改良向系统级优化过渡。同时需警惕过度增强根系生长可能对植株地上部生长、花芽分化和生殖器官发育产生潜在负面影响,强调在改良策略中实现不同性状间的协调与平衡。

4 基因编辑在棉花温度胁迫中的应用

温度胁迫,特别是高温与低温的极端气候事件,已成为影响棉花种植安全与产量稳定的主要非生物胁迫之一^[41]。越来越高发的极端气候严重干扰了棉花的生长发育、产量形成和纤维品质。近年来,CRISPR/Cas9 等基因编辑技术的发展为棉花温度胁迫耐性受性状的精准改良提供了全新思路和技术支持。

4.1 高温胁迫

高温胁迫常导致蛋白质构象破坏和聚集,引发代谢紊乱与细胞凋亡。因此,增强与蛋白质稳态维持相关基因的表达成为提升棉花热耐性的核心策略。

热休克蛋白(HSP)家族成员,如 HSP70、HSP101 等,在高温应答中发挥关键功能。研究表明,CRISPR/Cas9 介导的 *GhHSP101* 或 *GhHSP70* 基因表达持续上调,显著提高了热休克蛋白的积累,有助于修复受损蛋白并抑制其聚集,从而增强棉花植株的热耐受性^[41-42]。

除蛋白稳态外,高温还会引发活性氧在细胞内大量积累,造成细胞氧化应激。棉花通过激活抗氧化系统来缓解此类压力。CRISPR/Cas9 介导的 *GhSOD1* 编辑,显著增强超氧化物歧化酶(SOD)活性,提高对高温诱导产生的活性氧的清除效率,从而减轻细胞膜脂过氧化与代谢失衡,提升植株在热胁迫条件下的生理稳定性与产量表现^[41]。

在转录调控层面,多个转录因子在高温信号传导中发挥调节作用。例如,CRISPR/Cas9 上调 *GhDREB* 基因表达可激活一系列热应激相关下游通路,增强植物对高温胁迫的转录应答能力,从而提高细胞稳态维持与生存能力^[43]。该策略代表了从结构蛋白保护向信号转导调控的层次拓展,是热胁迫耐性改良的关键突破口之一。

4.2 低温胁迫

与高温类似,在冬末春初或高纬地区常见的发育期低温胁迫同样严重威胁棉花发芽等早期发育过程。突发性低温会造成细胞膜损伤、代谢抑制甚至冻害死亡。为增强棉花对冷胁迫的适应能力,研究者利用 CRISPR/Cas9 技术靶向调控低温响应相关基因。

CBF(C-repeat Binding Factor)转录因子是植物冷应答信号途径中的核心调节元件。CRISPR/Cas9 介导的 *GhCBF* 基因上调可诱导下游冷响应基因(如 *CORs*)的激活,显著增强棉花的低温耐受性^[44]。同时,CBF 的上游调控因子 ICE(Inducer of CBF Expression)也是关键靶点。通过编辑 *GhICE* 基因,提高其在低温下的表达活性,可进一步提升 CBF 路径的响应效率,从而增强冷信号的快速感知与防御能力^[45]。

COR(Cold-Responsive)基因家族编码多种

低温诱导蛋白,参与膜稳定性维护与细胞抗冻机制。研究显示,CRISPR/Cas9 介导的 *GhCOR15a* 编辑可增强细胞膜结构的完整性,防止冷冻伤害过程中细胞液结晶,显著提高植株的低温存活率^[46]。此外,LEA(Late Embryogenesis Abundant)蛋白在冷冻脱水保护与冰晶形成抵御中具有独特功能。通过提升 *GhLEA* 基因表达水平,可进一步增强细胞对低温干扰的耐受性,为棉花在高纬或寒冷区域的推广种植提供了理论与实践支持^[47]。

5 基因编辑在棉花生物胁迫与农业管理中的应用

5.1 改良棉花抗虫性

抗虫性是保障棉花稳产高产的核心目标之一。传统依赖化学农药的防治方式存在成本高、环境污染和抗药性演化等多重隐患。近年来,CRISPR/Cas9 等基因编辑工具的引入为棉花抗虫性状的精准改良提供了全新解决方案。通过靶向修饰与虫害防御相关的关键基因位点,可有效增强棉花对鳞翅目、刺吸式等多类害虫的内在抗性,减少对农药的依赖,推动绿色防控体系建设^[48]。

Bt(*Bacillus thuringiensis*)毒素在棉花抗虫育种中应用广泛,其可表达对棉铃虫等鳞翅目害虫具有特异毒性的蛋白。然而,传统 *Bt* 棉多采用外源基因转入,存在公众接受度低、生态风险争议及监管阻碍等问题。借助基因编辑工具,研究人员可通过定点插入、自身基因调控区改造或转录激活系统增强 *Bt* 相关毒素表达,实现更精细化的表达控制,提升抗性效果的同时避免传统转基因技术的风险负担^[49]。

除转基因表达外源毒素外,棉花自身固有的信号转导与次生代谢调控机制亦是抗虫性状的重要基础。Wang 等^[50]利用 CRISPR/Cas9 技术,针对陆地棉的 *GhCPK*(钙依赖性蛋白激酶)基因家族设计 246 个 sgRNA,构建突变体文库,从中筛选出多个对棉铃虫表现出显著抗性的突变体材料。CPK 家族成员是 Ca^{+} 信号通路的重要组分,参与激素信号整合及抗虫相关防御代谢物的调控,推测其可能通过促进黄酮类、酚类等物质积累,提高棉花对咀嚼式害虫的抗性。

在抗虫性状调控中,植物的次生代谢产物与激素应答路径发挥着关键作用。通过编辑编码

参与挥发性物质合成的关键酶的基因,可增强植物对害虫的排斥能力。例如,GhTPS11(编码萜烯合酶)是萜类化合物生物合成通路中的限速酶,其基因编辑可提升挥发性萜类的积累,提高对鳞翅目害虫的排斥能力^[51]。在激素通路方面,GhJAZ2作为茉莉酸信号通路的负调控因子,通过CRISPR/Cas9敲除该基因,可解除其对茉莉酸类物质的表达抑制作用,增强下游防御途径活性,从而提升棉花对棉铃虫等害虫的抗性水平^[52]。通过碱基编辑技术,对参与茉莉酸介导的抗虫应答的*GhMYC2*基因进行腺嘌呤替换,可提高棉花植株对刺吸式害虫(如蚜虫)抗性显著提升^[53]。该策略通过碱基水平的精准替换,在提高抗虫水平的同时,降低脱靶效应及染色体重排等风险,为多类型害虫的定向抗性培育打开了新路径。

当前基因编辑在棉花抗虫育种中已取得阶段性进展,但仍面临一些挑战:一是,不同害虫种类对抗性基因响应存在差异,需构建更系统的虫-植互作网络以指导靶点筛选;二是,棉花异源四倍体基因组结构复杂,靶基因拷贝多、同源性高,易造成编辑效率低或表型表达不一致;三是,田间生态安全、抗性持久性与害虫抗性演化等问题尚缺乏长期评估。未来应加强多基因联合编辑策略开发,并结合诱导表达系统与组织特异型调控元件,实现对抗虫性状的空间-时间精控,推动绿色、高效棉花保护体系构建。

5.2 改良棉花除草剂耐受性

除草剂耐受性是现代棉花育种的重要目标之一,对提升田间杂草控制效率、减少耕作次数与劳动力投入、实现集约化生产具有重要意义^[54]。传统除草剂抗性多通过外源基因转化实现,存在监管壁垒和公众接受度低等问题。随着杂草抗性问题的日益严峻,单一除草剂抗性已难以满足田间管理需求。通过基因编辑手段在同一棉花品系中实现对5-烯醇丙酮酸莽草酸-3-磷酸合成酶(EPSPS)、乙酰辅酶A羧化酶(ACCase)及乙酰乳酸合酶(ALS)等多个靶标的复合抗性,有望形成多机制协同的除草剂耐受体系,有效应对复杂田间杂草谱及抗药性杂草的持续演化,提升除草策略的灵活性与持久性,为绿色农业发展提供了可操作性更强、环境友好度更高的技术路径^[55-56]。

草甘膦是全球应用最广的非选择性除草剂,其作用靶标为EPSPS。通过CRISPR/Cas9介导的定点突变,科研人员成功构建出可耐受草甘膦胁迫的棉花品系,实现杂草选择性控制的同时确保棉花正常生长^[57]。另一个重要的进展是在*ACCase*基因上的编辑,*ACCase*是芳氧苯氧丙酸酯类和环己二酮类等几类除草剂的靶标。利用CRISPR/Cas9技术,在*ACCase*基因中引入靶向突变,阻止除草剂与其结合,但又不会影响其在脂肪酸生物合成中的正常功能^[58]。ALS为调控支链氨基酸合成的关键酶,是磺酰脲类、咪唑啉酮类等多种除草剂的作用靶点,该类除草剂在作物田间广泛使用,但对棉花等非靶植物也具有一定毒性。通过在棉花ALS基因关键位点进行碱基替换或非同义突变,科研人员获得了对乙酰乳酸合酶类除草剂耐受的突变体品系^[59],为构建多重除草剂抗性基因堆叠的育种路径提供了新的遗传资源。该策略不仅提升了杂草管理效率,减少耕作成本与劳动力投入,也降低了对机械除草的依赖,减轻了对土壤结构与微生物群落的干扰,助力保护性农业的发展。

总体而言,CRISPR/Cas等基因编辑技术为棉花除草剂耐性性状的定向改良提供了全新技术手段,其高效、可控、可组合的特点使其在构建多重除草剂复合抗性品种中展现出广阔前景。未来应进一步聚焦靶点精细调控、诱导型表达系统开发以及耐逆抗病等性状的协同设计,推动棉花除草剂耐受性育种向“多抗叠加+精准表达+生态安全”的方向迈进^[60-62]。

6 挑战与展望

近年来,基因编辑技术,特别是CRISPR/Cas系统,在棉花遗传改良中的应用取得了显著进展,成为解决复杂农艺性状改良难题的前沿工具。研究者已在抗虫性、耐除草剂性、抗逆性(如干旱、盐碱与温度胁迫)等多个关键领域实现了靶向基因的精修修饰,显著加快了优异棉花品种的选育进程。这一系列成果标志着棉花育种正由传统“经验导向”迈向“精准设计”阶段,为应对全球气候变化、资源压力与生态安全等农业可持续发展的关键挑战提供了重要技术支撑。

尽管如此,基因编辑在棉花育种中的实际应用仍面临若干瓶颈。首先,棉花为异源四倍体物

种,基因组结构复杂,存在大量冗余与同源基因拷贝,给目标位点的识别、编辑效率的提升与脱靶效应的控制带来较大技术难度。其次,棉花诸多农艺性状如产量、品质和抗逆性等均为多基因控制性状,涉及复杂的基因网络与代谢通路,当前以单基因为主的编辑策略在实现系统性改良方面仍存在局限。此外,虽然部分国家和地区已对基因编辑农作物实施宽松监管政策,但全球范围内仍缺乏统一的法规体系,伦理争议、安全性评价标准等尚未明确,限制了基因编辑棉花的商业化应用与国际化推广。

面向未来,棉花基因编辑育种的发展应聚焦于更高精度、多功能性与系统层次的协同优化。一方面,新一代基因编辑工具如 CRISPR/Cas12、碱基编辑器、表观遗传调控系统以及 RNA 水平编辑技术,正逐步实现温和、高效且可控的复杂性状改良;另一方面,构建多基因协同编辑体系、诱导性表达系统及组织特异性调控模块,将为定制化、环境适应性育种提供重要技术平台。与此同时,转录组、表观组、代谢组、单细胞组学等多组学融合,以及人工智能驱动的功能基因预测与编辑位点优化,也将推动基因编辑从“靶点改造”向“系统优化”跃升。

综上所述,基因编辑技术正引领棉花育种进入精准、高效、智能的新纪元。通过持续深化棉花基因功能的系统研究,整合先进的分子育种技术与生态适应理念,未来有望构建出绿色、高产、抗逆的现代棉花育种新体系,为保障全球棉花产业链的稳定与可持续发展提供坚实的科技支撑。

参考文献:

[1] SMITH C W, COTHREN J T. Cotton: origin, history, technology, and production[M]. Hoboken: John Wiley & Sons, 1999.

[2] RIAZ T, IQBAL M W, MAHMOOD S, et al. Cottonseed oil: a review of extraction techniques, physicochemical, functional, and nutritional properties[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2023, 63(9): 1219-1237.

[3] 牛若宇,高瞻,熊显鹏,等.棉花野生种质资源的育种应用研究与前景[J].生物技术通报,2025,41(4):21-32.

[4] 侯文婷,孙琳,张艳军,等.基因编辑技术在棉花种质创新和遗传改良中的应用[J].生物技术通报,2024,40(7):68-77.

[5] 杨光琴,王冠英,余露,等.棉花基因组编辑工具开发及分子育种进展与展望[J].科学通报,2025,70(16):2495-2508.

[6] RAUF S, SHEHZAD M, AL-KHAYRI J M, et al. Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) breeding strategies [M]//

Advances in Plant Breeding Strategies: Industrial and Food Crops. Cham: Springer International Publishing, 2019: 29-59.

[7] SINGH S B, KUMAR B, SINGH A, et al. Conventional and advance breeding approaches for developing abiotic stress tolerant maize[M]//Adapting to Climate Change in Agriculture-Theories and Practices. Cham: Springer Nature Switzerland, 2024: 281-302.

[8] COLLARD B C Y, MACKILL D J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences, 2008, 363(1491): 557-572.

[9] KUSHANOV F N, TURAEV O S, ERNAZAROVA D K, et al. Genetic diversity, QTL mapping, and marker-assisted selection technology in cotton (*Gossypium* spp.) [J]. Frontiers in Plant Science, 2021, 12: 779386.

[10] BOLEK Y. Insight in the utilization of marker assisted selection in cotton (a review) [J]. Molecular Plant Breeding, 2016: 7.

[11] 韩光明,蓝家祥,陈全求,等.棉花分子育种研究进展与展望[J].湖北农业科学,2024,63(S1):1-4.

[12] KHAN Z, ALI Z, KHAN A A. Role of breeding and biotechnology in sustainable cotton production [M]// Cotton Breeding and Biotechnology. CRC Press, 2022.

[13] KIM H, KIM J S. A guide to genome engineering with programmable nucleases[J]. Nature Reviews. Genetics, 2014, 15(5): 321-334.

[14] JOUNG J K, SANDER J D. TALENs: a widely applicable technology for targeted genome editing [J]. Nature Reviews. Molecular Cell Biology, 2013, 14(1): 49-55.

[15] LI T, LIU B, SPALDING M H, et al. High-efficiency TALEN-based gene editing produces disease-resistant rice [J]. Nature Biotechnology, 2012, 30(5): 390-392.

[16] ZHANG F, WEN Y, GUO X. CRISPR/Cas9 for genome editing: progress, implications and challenges[J]. Human Molecular Genetics, 2014, 23(R1): R40-R46.

[17] 刘迪,刘琳琳,甄军波,等.植物中 CRISPR/Cas9 基因编辑技术的研究进展及在棉花中的应用[J/OL]. 分子植物育种, 2023: 1-23 [2025-06-11]. <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=FZZW20230810003&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.

[18] 霍贯中,张欣濡,田士军,等. CRISPR/Cas12a 基因编辑技术在植物中的研究进展[J].生物技术通报,2025,41(6):1-11.

[19] 王冠英.棉花碱基编辑系统的创建及在株型改良中的应用[D].武汉:华中农业大学,2023.

[20] 王志成.陆地棉引导编辑瞬时转化体系的建立与优化[D].北京:中国农业科学院,2024.

[21] KURAPARTHY V, BOWMAN D T. Gains in breeding upland cotton for fiber quality [J]. Journal of Cotton Science, 2013, 17(3):157-162.

- [22] 王晓元, 柏锡, 王建胜, 等. 纤维改良转基因棉花的研究现状[J]. 生物技术进展, 2025, 15(1): 11-18.
- [23] LI C, UNVER T, ZHANG B. A high-efficiency CRISPR/Cas9 system for targeted mutagenesis in Cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Scientific Reports, 2017, 7(1): 43902.
- [24] TIAN Z L, ZHANG Y Z, ZHU L P, et al. Strigolactones act downstream of gibberellins to regulate fiber cell elongation and cell wall thickness in cotton (*Gossypium hirsutum*)[J]. The Plant Cell, 2022, 34(12): 4816-4839.
- [25] SUO Q W, FANG N J, ZENG J Y, et al. R2R3 MYB transcription factor GhMYB201 promotes cotton fiber elongation via cell wall loosening and very-long-chain fatty acid synthesis [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2024, 25(17): 9559.
- [26] ZHANG C S, LIU Z, SHU S, et al. GhEXL3 participates in brassinosteroids regulation of fiber elongation in *Gossypium hirsutum* [J]. The Plant Journal, 2024, 120(2): 491-504.
- [27] 房佰涵, 李钥瑶, 杨茂琪, 等. 干旱区棉秆不同还田量对土壤理化性质及棉花生长的影响[J]. 水土保持学报, 2025, 39(2): 230-237, 249.
- [28] 吉春容, 白书军, 胡启瑞, 等. 棉田干旱指标研究进展[J]. 沙漠与绿洲气象, 2019, 13(1): 136-143.
- [29] SADAU S B, LIU Z X, NINKUU V, et al. DREB transcription factors are crucial regulators of abiotic stress responses in *Gossypium* spp. [J]. Plant Stress, 2024, 11: 100350.
- [30] WANG G Y, XU Z P, WANG F Q, et al. Development of an efficient and precise adenine base editor (ABE) with expanded target range in allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum*)[J]. BMC Biology, 2022, 20(1): 45.
- [31] MAHMOOD T, KHALID S, ABDULLAH M, et al. Insights into drought stress signaling in plants and the molecular genetic basis of cotton drought tolerance[J]. Cells, 2020, 9(1): 105.
- [32] LU P, MAGWANGA R O, KIRUNGU J N, et al. Genome-wide analysis of the cotton G-coupled receptor proteins (GPCR) and functional analysis of GTOM1 a novel cotton GPCR gene under drought and cold stress [J]. BMC Genomics, 2019, 20(1): 651.
- [33] ADJIBOLOSOO D, NARTEY M A, ABOAGYE E T, et al. Genome-wide studies and expression profiling of GhWRKY41 family genes in different tissues and stress conditions in upland cotton (*Gossypium hirsutum*) [J]. Industrial Crops and Products, 2024, 215: 118486.
- [34] YU L, ALARIQI M, LI B Q, et al. CRISPR/dCas13 (Rx) Derived RNA N6-methyladenosine (m6A) Dynamic Modification in Plant [J]. Advanced Science, 2024, 11(39): 2401118.
- [35] 于功霞, 李迎, 刘宏元, 等. 我国盐碱地改良与利用技术研究进展[J]. 黑龙江农业科学, 2025(7): 96-103.
- [36] 孙志宇. 盐碱地棉花改良种植技术实践探究[J]. 棉花科学, 2025, 47(2): 75-77.
- [37] MANIVANNAN A, CHEERAN AMAL T. Deciphering the complex cotton genome for improving fiber traits and abiotic stress resilience in sustainable agriculture [J]. Molecular Biology Reports, 2023, 50(8): 6937-6953.
- [38] MARYUM Z, LUQMAN T, NADEEM S, et al. An overview of salinity stress, mechanism of salinity tolerance and strategies for its management in cotton[J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 907937.
- [39] LONG L, ZHAO J R, GUO D D, et al. Identification of NHXs in *Gossypium* species and the positive role of GhNHX1 in salt tolerance[J]. BMC Plant Biology, 2020, 20(1): 147.
- [40] PRAKASH S, KUMAR M, RADHA, et al. The resilient cotton plant: uncovering the effects of stresses on secondary metabolomics and its underlying molecular mechanisms [J]. Functional & Integrative Genomics, 2023, 23(2): 183.
- [41] 王雨茜, 邓森鑫, 武宇欣, 等. 气候变暖背景下极端温度对棉花产量的影响: 以新疆为例[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2025, 33(7): 1348-1359.
- [42] IJAZ A, ANWAR Z, ALI A, et al. Unraveling the genetic and molecular basis of heat stress in cotton[J]. Frontiers in Genetics, 2024, 15: 1296622.
- [43] VERMA K, SHARMA P, TRIPATHI K, et al. Recent advances in genetic improvement of cotton[M]//Genetic Engineering of Crop Plants for Food and Health Security: Volume 1. Singapore: Springer Nature Singapore, 2023: 69-99.
- [44] LIU J, MAGWANGA R, XU Y, et al. Genome Wide Identification of Cotton C-Repeat Binding Factor (CBF) and Overexpression of Gthu17439 (GthCBF4) Gene Confer Cold Stress Tolerance in Arabidopsis thaliana[J]. Frontiers in Plant Science, 2021, 12: 766130.
- [45] GAO W, LONG L, TIAN X Q, et al. Genome editing in cotton with the CRISPR/Cas9 system [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 1364.
- [46] LI Y Y, WU X Z, ZHANG Y, et al. CRISPR/Cas genome editing improves abiotic and biotic stress tolerance of crops[J]. Frontiers in Genome Editing, 2022, 4: 987817.
- [47] MAGWANGA R O, LU P, KIRUNGU J N, et al. Characterization of the late embryogenesis abundant (LEA) proteins family and their role in drought stress tolerance in upland cotton[J]. BMC Genetics, 2018, 19(1): 6.
- [48] 张文斌, 焦英敏, 王者勋, 等. 转基因抗虫耐除草剂棉花研究进展[J]. 现代农业科技, 2025(8): 32-36, 46.
- [49] RAZZAQ A, ZAFAR M M, ALI A, et al. Biotechnology and solutions: insect-pest-resistance management for

- improvement and development of bt cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. *Plants*, 2023, 12(23): 4071.
- [50] WANG F Q, LIANG S J, WANG G Y, et al. CRISPR-Cas9-mediated construction of a cotton *CDPK* mutant library for identification of insect-resistance genes [J]. *Plant Communications*, 2024, 5(11): 101047.
- [51] MEHARI T G, SKORIĆ M, FANG H, et al. Insights into the role of *GhCYP* and *GhTPS* in the gossypol biosynthesis pathway *via* a multiomics and functional-based approach in cotton [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2025, 24(5): 1671-1687.
- [52] LI Y, XI W, HAO J F, et al. A novel tandem zinc finger protein in *Gossypium hirsutum*, GhTZF2, interacts with GhMORF8 to regulate cotton fiber cell development [J]. *Agronomy*, 2023, 13(2): 519.
- [53] WANG Y X, ZHU C Y, CHEN G F, et al. Cotton bollworm (*H. armigera*) effector PPI5 targets FKBP17-2 to inhibit ER immunity and JA/SA responses, enhancing insect feeding [J]. *Advanced Science*, 2024, 11(44): 2407826.
- [54] 马克鹤, 郑凯, 陈全家. 转基因棉花耐除草剂鉴定及遗传稳定性分析 [J]. *种子科技*, 2024, 42(6): 6-8.
- [55] 李香菊. 我国耐除草剂转基因作物研发与产业化应用前景 [J]. *植物保护*, 2023, 49(5): 316-324.
- [56] 李香菊. 我国转基因耐除草剂作物研发与应用 [J]. *现代农药*, 2023, 22(1): 5-10.
- [57] KUMAR R, DAS J, PUTTASWAMY R K, et al. Targeted genome editing for cotton improvement: prospects and challenges [J]. *The Nucleus*, 2024, 67(1): 181-203.
- [58] GANGULY S, ATHREYA A G, PATEL D. Role of CRISPR-cas and its application in mitigating plant stress [M]// *Gene Editing in Plants*. Singapore: Springer Nature Singapore, 2024: 281-308.
- [59] KUANG Y J, YU H Y, QI F Y, et al. Developing herbicide-resistant crops through genome editing technologies: a review [J]. *Crop Protection*, 2024, 183: 106745.
- [60] 张教海, 刘鑫泽, 王孝刚, 等. 棉田除草剂登记情况及应用策略 [J]. *中南农业科技*, 2024(12): 66-69.
- [61] VERMA K, SHARMA P, TRIPATHI K, et al. Recent advances in genetic improvement of cotton [M]// *Genetic Engineering of Crop Plants for Food and Health Security: Volume 1*. Singapore: Springer Nature Singapore, 2023: 69-99.
- [62] 纪明山. 除草剂药害的产生与控制 [J]. *现代农药*, 2024, 23(3): 13-16.

Targeted Research and Practical Advances of Genome Editing Technologies in Cotton for Key Trait Improvement

LIU Yueshang¹, WANG Shengli², LIU Hongyuan^{3,4}, QI Gaoxiang^{3,4}, LIU Mingyun⁵, NIU Na⁵

(1. Binzhou Municipal Agriculture and Rural Affairs Bureau, Binzhou 256600, China; 2. Institute of Industrial Crops, Shandong Academy of Agricultural Sciences/Shandong Cotton Research Center, Jinan 250131, China; 3. Institute of Wetland Agriculture and Ecology, Shandong Academy of Agricultural Sciences / State Key Laboratory of Nutrient Use and Management, Jinan 250131, China; 4. National Technological Innovation Center for Comprehensive Utilization of Saline-Alkali Land, Dongying 257347, China; 5. Binzhou Public Employment and Talent Service Center, Binzhou 256600, China)

Abstract: Cotton, as a globally important economic crop, holds a central position in agriculture and industry due to its high-quality fiber and diverse applications. In recent years, the rapid development of genome editing technologies, especially the CRISPR/Cas system, has provided novel tools for precise improvement of key agronomic traits in cotton. In order to promote the innovation of cotton germplasm and the improvement of cotton varieties in our country, this review systematically summarized the advances in genome editing applications targeting cotton fiber quality, insect resistance, herbicide tolerance, and tolerance to abiotic stresses such as drought, salinity-alkalinity, and temperature extremes. Representative target genes and editing strategies were highlighted alongside practical case studies, followed by an analysis of technical challenges and future prospects. Evidence suggests that genome editing is accelerating the transition of cotton breeding from traditional empirical methods to precision design, facilitating the development of a green, efficient, and sustainable modern breeding system.

Keywords: cotton; genome editing; CRISPR/Cas; fiber quality; insect resistance; herbicide tolerance; abiotic stress resistance