



生物与信息技术赋能小麦超高产育种研究进展

陈向东, 臧毅浩, 茹振钢*

河南省小麦生物学与规模化高效生产重点实验室, 小麦玉米两熟高效生产全国重点实验室, 河南科技学院小麦中心, 新乡 453003

* 联系人, E-mail: rzgh58@163.com

2026-03-22 收稿, 2026-04-24 修回, 2026-06-02 接受, 2026-06-03 网络版发表

国家自然科学基金(31701502)、河南省重点研发专项(261111113000)和河南省科技研发计划联合基金(252301420019, 252301420020)资助

摘要 全球气候变化导致极端天气频发和人口增长带来粮食需求压力, 为保障全球粮食安全, 不断提高小麦产量潜力是育种工作的长期目标. 传统育种方法极大地推动了不同年代的小麦产量水平跃升, 但是难以满足超高产育种的发展需求, 亟需基因编辑、全基因组选择和智能预测大模型等现代生物育种技术和信息技术协同突破. 本文综述了小麦品种高产潜力和实现途径, 系统梳理了生物技术与信息技术在小麦育种中的应用现状, 并展望了未来小麦超高产的发展趋势和育种方向.

关键词 小麦, 生物技术, 信息技术, 产量, 育种

随着全球人口持续增长、气候变化日益加剧以及耕地资源不断减少, 作物种业科技创新正迎来前所未有的机遇与挑战^[1]. 小麦、水稻、玉米作为我国核心粮食作物, 稳产增产与生态友好协同发展的矛盾日益凸显. 破解产业发展瓶颈, 必须强化育种领域科技创新, 显著提升粮食作物单位面积产能^[2,3]. 20世纪60年代的绿色革命使小麦等主粮作物的产量急剧增加, 从而满足了全球人口不断增长的需求. 20世纪80年代, 通过基因工程技术使作物具有抗除草剂和抗虫的特性, 大大减少了土壤耕作和杀虫剂的使用. 借助新一代基因组学与合成生物学技术, 作物遗传改良进程显著加快, 步入后绿色革命时代. 抗逆高产高效育种已成为新兴核心目标, 旨在提升品种气候适应性, 保障气候变化背景下作物的可持续稳定生产^[1].

我国是世界第一大小麦生产国和消费国, 小麦产量的持续提高关系我国粮食安全. 新中国成立以来, 我国小麦育种取得了显著成效, 单产从建国初期的不足 100 kg 提高到现在的 399 kg, 有力支撑了国家粮食安全. 然而, 纵观近20年的育成品种, 可发现我国小麦产

量的持续提升进入瓶颈期^[4], 现代品种遗传多样性的缩小导致小麦产量的增长已经放缓.

如何挖掘小麦的产量潜力、利用现代生物和信息技术提高小麦育种效率是我们主要的育种方向. 为实现上述目标, 需要拓宽小麦遗传基础, 充分挖掘和利用小麦地方品种、野生祖先种及近缘野生种等丰富的种质资源^[5,6], 并结合新一代育种技术, 如基因组编辑、表观遗传育种、合成生物学、单倍体加倍技术、快速育种技术及人工智能辅助育种等, 实现性状的精准改良和快速聚合, 显著提升育种选择效率, 推动小麦分子设计育种的快速发展, 为小麦重大新品种培育奠定坚实的基础^[7].

1 小麦品种高产潜力分析

以我国主产区黄淮海区各时期小麦品种的产量水平为例(表1), 从20世纪50年代小麦品种产量水平 3000 kg/hm² 上升到20世纪80年代的 5500 kg/hm², 主要是通过降低株高增强了群体抗倒性, 进而提高了群体密度和经济系数. 前30年是成穗数和穗粒数并重的多

引用格式: 陈向东, 臧毅浩, 茹振钢. 生物与信息技术赋能小麦超高产育种研究进展. 科学通报, 2026, 71: 4674–4681

Chen X, Zang Y, Ru Z. Advances in wheat ultra-high yield breeding research enabled by biotechnology and information technology (in Chinese). Chin Sci Bull, 2026, 71: 4674–4681, doi: 10.1360/CSB-2026-0354

表 1 不同年代小麦高产品种产量结构比较

Table 1 Comparison of yield components in high-yielding wheat cultivars of different eras

时间	株高(cm)	成穗数($\times 10^4/\text{hm}^2$)	穗粒数	千粒重(g)	产量水平(kg/hm^2)	代表品种
1950~1959	113	462.0	19.6	33.2	3010.5	碧蚂1号
1960~1969	107	406.5	23.6	40.0	3802.5	内乡5号、阿勃
1970~1979	107	559.5	26.1	34.3	4434.0	郑引1号、济南2号
1980~1989	88	631.5	28.6	34.5	5427.0	百农3217、济南13
1990~1999	81	622.5	30.1	36.6	6300.0	豫麦18、豫麦21、豫麦49
2000~2009	82	618.0	31.4	39.9	7035.0	郑麦9023、烟农19、邯鄹6172
2010~2025	73.21	612.10	34.34	42.93	8122.30	矮抗58、济麦22、济麦44、郑麦136、郑麦379、郑麦1860、郑麦7698、百农207、百农4199、西农511、西农979、中麦578、山农20、鲁原502、山农28、山农29、烟农999、众信麦998、马兰1号、周麦27、周麦36等

穗多花多实育种阶段, 20世纪80年代之后, 小麦品种的成穗数略有降低, 维持在620万/hm²左右, 而品种产量水平则由5500 kg/hm²提高到8100 kg/hm², 主要是通过提高千粒重和穗粒数来实现的. 这45年是千粒重与穗粒数并重的多穗多花大粒育种阶段. 然而, 纵观近年的育成品种, 可发现我国小麦产量的持续提升进入瓶颈期.

小麦的产量潜力是指某一发展时期所能达到的最高产量, 是各性状相互协调的结果. 近年, 我国小麦主产区河南、山东、安徽等地报道了冬小麦高产试验攻关田单产超过13500 kg/hm², 新疆的春小麦高产示范田亩产达12720 kg/hm², 一系列高产纪录充分印证了我国小麦具备优异的高产挖掘潜力. 另外, 英国、智利、新西兰等地先后报道了冬小麦单产超16500 kg/hm², 为目前世界冬小麦的高产纪录. 可见, 在现今条件下我国小麦单产还有相当大的提升空间, 这为我国冬小麦的超高产育种提出了更高的育种目标.

茹振钢等人^[8]探讨了小麦品种的高产空间与创育思路, 为我国主产区黄淮麦区的小麦高产育种实践提供思路和方法借鉴: (1) 提高抗倒条件下群体生物产量. 在保持现有收获指数基本不变的情况下, 通过提高茎秆强度, 实现植株适当增高、耐密植, 改善植株株型结构, 从而实现小麦品种生物产量的大幅度提高, 将是提高小麦产量潜力的重要途径. 近10年, 不少育种单位已开始将株高目标由矮秆变为中高秆, 强化穗层与叶层相分离的小麦株型结构的调整和创新. (2) 提升光合利用效率的高光效生理育种. 小麦叶片和穗部均具有高光效潜质, 通过剪叶和套袋试验即可证实^[9]. 在当前小麦超高产育种的探索中, 应充分挖掘和利用穗叶器官的光合效率, 对于挖掘小麦品种超产量潜力至关重

要. 例如本团队育成叶色深、叶片厚、小叶形、绿穗灌浆的高光效小麦品种百农4199, 穗、叶光合产量较对照提高22%和16%以上, 大幅度提高了产量潜力. (3) 有效利用小麦杂种优势. 基于光温敏雄性不育系的二系杂交小麦的产业化应用取得进展, 黄淮麦区的小麦百农温敏核雄性不育系(Bainong thermo-sensitive genic male sterile line, BNS)型矮秆、多穗、强根系亲本, 与西南类群的大穗大粒亲本及南美洲智利的壮秆特大穗亲本组配优势明显, 未来与生物技术、智能农机等多技术手段的融合将是推动二系杂交小麦创新与产业化发展的重要方向^[10].

参照世界小麦单产水平与产量结构动态变化的发展趋势(图1)^[8], 目前, 在黄淮麦区的土壤、气候条件下, 安全产量首先是要由8000 kg/hm²提升至10500 kg/hm². 在今后相当长的一段时间, 继续提高小麦新品种的产量潜力, 千粒重与穗粒数仍需并重发展, 千粒重可提升至50 g, 穗粒数可提升至38~42粒, 成穗数600万/hm²以上. 未来实现1000 kg亩产水平则需要稳定亩穗数前提下, 提高千粒重, 尤其是大幅提升穗粒数水平, 同时, 还需考虑理想株型遗传改良, 培育株型紧凑、旗叶小、分蘖适中、茎秆基部节间较短, 且抗倒性强的品种. 现阶段仅依靠传统育种手段, 已难以进一步大幅提升小麦生产潜力. 传统育种方法大多通过经验、目测或简单测量的评价方法进行选择, 育种效率不高. 生物育种技术的兴起, 使小麦育种技术有了革命性的进步, 为超高产育种突破提供新的机遇^[11].

2 生物技术与小麦育种应用

转基因、基因编辑和合成生物学等现代生物技术, 大幅提升小麦育种精准度与效率, 打破传统育种周期

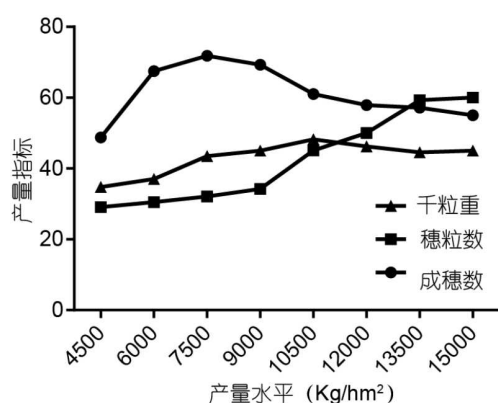


图1 小麦产量及产量结构动态变化. 成穗数, $\times 10^5/\text{hm}^2$; 穗粒数, 粒; 千粒重(g)

Figure 1 The dynamic changes of yield and yield component. Spike number, $\times 10^5/\text{hm}^2$; Kernel number per spike, number; 1000-grain weight (g)

长、预见性差的瓶颈, 已成为小麦超高产育种的核心技术支撑. 而小麦基因组测序与组装的持续突破, 更为基因挖掘、性状改良筑牢了底层数据根基. 2018年国际小麦基因组测序联盟发布中国春参考基因组, 成为全球通用研究数据^[12]. Jia等人^[13]完成主栽品种矮抗58基因组测序, 完善了现代主栽小麦品种的研究数据体系, 弥补现有研究数据不足; Wang等人^[14]利用牛津纳米孔技术(Oxford Nanopore Technologies, ONT)超长读长、PacBio HiFi高精度测序及Hi-C技术, 成功构建了中国春小麦基因组的近完整组装(Chinese Spring near-complete genome assembly, CS). 此外, Liu等人^[15]首次成功绘制六倍体小麦T2T(telomere-to-telomere)完整基因组图谱, 实现无缺口精准组装, 为挖掘产量、抗病、抗逆关键基因提供了精准靶点.

依托高质量基因组、多组学数据积累、高效遗传转化体系完善以及基因编辑技术迭代, 进一步深化了小麦重要农艺性状遗传解析. Cheng等人^[6]从地方品种中发掘优异基因, 实现产量提升与株高稳定的协同改良. Yao等人^[7]整合多组学与前沿技术, 系统解析产量相关关键基因功能, 为分子设计育种指明实操方向. 与此同时, 基因编辑技术实现跨越式升级, Sun等人^[16]研发的可编程染色体工程(programmable chromosome engineering, PCE)技术, 可完成大片段DNA精准无痕编辑, 大幅提升基因组操纵能力. Yang等人^[17]从野生冰草中鉴定穗粒数调控基因*AcRR1*(*Agropyron cristatum Response Regulator 1*), 阐明其增产分子机制, 为产量改良提供优质新基因资源.

基因资源与编辑技术的成熟, 进一步推动生物技术与人工智能跨界融合, 直接催生育种范式革新. Xie等人^[18]提出作物-机器人协同育种理念, 通过基因编辑创制适配机械化生产的雄性不育系, 配套研发智能育种机器人, 打破杂交制种瓶颈, 显著降本增效. 与此同时, 分子标记辅助选择等成熟技术已实现产业化落地, 多款重大小麦品种成功育成: 例如近期报道的通过黑麦、冰草远缘杂交和分子育种技术选育的济麦23、普冰03等. 本团队将十倍体长穗偃麦草的染色体导入普通小麦, 成功创制了“T5ES/5DL”易位系——百农5ESAK58新品系, 高抗白粉病、条锈病和叶锈病. 在此基础上, 开展小麦模块育种, 创制出百农成竹22等高产模块, 百农9928、5ESAK58等抗病模块, 百农3699等优质模块新种质, 已成为高产品种遗传改良的重要亲本. Li等人^[19]解析了抗白粉病小麦的增产作用机理, 并成功利用基因编辑技术直接在小麦主栽品种中创制了兼具感病基因突变和产量基因表达的抗白粉病小麦.

针对小麦育种中高产与抗病难以协同的瓶颈难题, 依托分子标记辅助回交、矮败小麦育种等定制化育种策略, 已取得显著成效. 培育出的百农4299、百农成安221等品种, 聚合了多个抗赤霉病优异基因, 轮选20则精准适配黄淮麦区生态条件, 实现了高产稳产与抗病性的高效协同改良^[20,21]. 全基因组选择技术依托高通量测序与大数据分析, 可早期精准预测复杂性状表现, 优化育种组合、预判环境互作效应, 进一步提升育种效率^[22]. 各类生物技术协同落地, 夯实了小麦分子育种根基, 也为后续与信息技术深度融合、实现智能设计育种搭建了稳固技术桥梁.

3 信息技术与育种应用

信息技术的应用实现了作物表型感知、解析与预测的全方位升级. 其中, 高通量表型组技术借助无人机、地面移动机器人及龙门架等搭载各类传感器, 可实现小麦全生育期生长性状的无损、快速、量化采集, 成功将育种家对“理想株型”的定性经验描述, 转化为可量化、可分析的数字化指标^[23]. 人工智能与机器学习作为表型大数据解析的核心工具, 可高效处理海量多源数据, 构建基因型-表型-环境互作精准预测模型, 搭配国际玉米小麦改良中心育种管理系统(breeding management system, BMS)等数字平台, 大幅提升亲本选配、后代选择的效率与准确性^[24]. 此外, 室内外可控高通量表型平台可以全程监测种质与育种材料的表型

变化,为基因功能解析、抗逆性鉴定提供关键支撑,完善了全周期表型解析技术体系。

高通量表型技术获取的海量表型数据对解析效率提出更高要求,而以深度学习为核心的AI技术为此提供了革命性解决方案。卷积神经网络、Transformer等模型已广泛应用于小麦表型智能解析,精准完成小麦株高、生物量、抗倒性、穗数、籽粒性状、产量和病害程度等关键表型的评估与分析,其效率与一致性优于人工鉴定。Pound等人^[25]首次将深度学习用于小麦表型图像分析,验证了技术可行性。随着分析模型持续优化,表型解析精度与应用场景不断拓展,基于多光谱图像与深度学习的产量预测系统,可在灌浆期精准预判小麦产量,预测精度超90%,为育种早期选择提供核心依据^[26]。此外,人工智能在基因型-表型关联分析、功能基因挖掘中潜力巨大,能精准定位调控产量、抗逆性等复杂性状的关键基因,推动小麦育种从“经验驱动”转向“数据驱动”^[27]。

小麦产量、品质和抗性等关键性状受基因型、环境及G×E互作共同调控,解析互作机制、精准预测表型表现是超高产育种的核心难题。特别是基因和环境的互作机制尤为复杂,表型分析的准确程度,直接影响小麦育种过程中产量、品质和抗逆性的协同提升。传统育种需多年多点田间试验,耗时耗力、成本高昂,大数据与机器学习驱动的预测模型有效破解这一困境。使用随机森林、循环神经网络等模型,结合基因组数据、试验中积累的多年多点的表型组数据和环境数据,构建高精度G×E互作模型,可以实现跨环境的表型预测,同时可以在育种早期对不同基因型的表型表现进行预测,提升决策效率。Costa-Neto等人^[28]研究证实,融入环境组数据的全基因组选择模型,使小麦产量预测精度提升30%以上,极端环境下提升效果更显著。在杂交小麦育种中,基于机器学习的杂种优势预测模型实现突破,整合多组学数据可精准预判杂交组合优势,省去大量田间测配,大幅提速强优势组合选育。

4 生物与信息技术集成与育种应用

生物技术(biotechnology, BT)与信息技术(information technology, IT)深度融合,推动小麦育种实现范式革新,跨越分子育种、基因组育种阶段,正式迈入“数据驱动、模型预测、智能设计”的育种5.0时代。二者融合构建了“基因挖掘-精准编辑-智能筛选-定向培育”的全链条育种体系,打通基因组到表型组的数据壁垒,突

破传统育种瓶颈,为小麦超高产育种提供了全新技术支撑,加速优良品种培育进程(图2)。

智能设计育种的核心是BT与IT的深度协同,通过整合多组学大数据,构建基因型-表型-环境互作预测模型,实现品种定向设计与精准培育。完整的BT+IT融合育种体系,包含种质资源数字化、基因型鉴定修饰、表型环境采集、大数据智能分析四大核心模块,各模块闭环联动,实现育种从“经验选择”到“智能设计”的根本跨越。Varshney等人^[27]提出的“5Gs”育种体系,系统搭建了BT与IT融合的现代育种框架,为小麦智能育种提供理论支撑。

AI与基因组学、基因编辑技术的深度融合,助推基因组设计育种快速落地。高彩霞团队整合多组学、基因编辑与AI技术,提出“AI辅助优异作物物质设计”框架,将小麦育种从经验依赖转为数据精准设计^[29]。该框架整合多组学大数据、基因功能及种质资源数据,构建育种知识图谱与数据库,依托深度学习搭建全链路预测模型,实现基因到表型的智能预判,为育种家提供全流程决策支持^[29]。此外,严建兵团队构建“数据-模型-设计-验证”育种闭环,指出生物大数据与AI融合将重塑育种底层逻辑,实现全流程智能化升级^[30]。

如今,大语言模型驱动的小麦育种大模型,成为BT+IT融合的核心发展方向,可整合多源异构数据,实现育种目标到方案的端到端智能输出。目前国内外已初步构建相关模型,程时锋团队提出全基因组设计育种4D策略,提供全链条解决方案^[6]。Fu等人^[31]阐释育种5.0内涵,明确AI在育种全流程重构的核心作用。Jiao等人^[5]剖析小麦品种演变规律、挖掘优异基因,为基因组辅助育种提供支撑。小麦育种大模型可深度解析复杂性状遗传机制,针对超高产目标智能设计最优方案,进一步提升育种效率与成功率^[30,32]。

5 展望

随着作物复杂性状机制认知深化、农业大数据持续积累,智能设计育种逐步落地,有望培育超高产小麦新品种、保障全球粮食安全。尽管BT与IT融合带来重大机遇,但我国小麦超高产育种仍面临诸多瓶颈,制约突破性品种培育与产业化,未来需聚焦四大方向重点突破。

首先,解析小麦产量遗传调控网络、挖掘核心育种基因。依托小麦T2T完整基因组与泛基因组,结合高通量基因编辑、多组学技术,系统解析产量、光合效

BT+IT协同驱动的小麦超高产育种



图2 生物技术与信息技术协同驱动小麦超高产育种。CRISPR图片、大数据/大模型右侧图片和基因组选择育种左侧图片在作者的指导下由人工智能ChatGPT绘制

Figure 2 Synergistic driving effect of BT and IT on wheat super-high yield breeding. Images of CRISPR, the right-side illustrations for big data/large language models and the left-side figures for genomic selection breeding were generated via AI ChatGPT under the supervision of the author

率等性状调控机制，克隆自主知识产权高产主效基因；破解产量三要素负相关遗传基础，挖掘协同改良基因，突破产量遗传瓶颈。

其次，在获得核心育种基因的基础上，以小麦野生近缘植物突破点，拓宽小麦遗传基础，创制突破性种质。例如：利用小麦与冰草属间远缘杂交技术创制的小麦品种普冰03，将野生冰草的高产、抗病、抗逆基因导入小麦；本团队利用十倍体长穗偃麦草创制的“T5ES/5DL”易位系，高抗白粉病、条锈病和叶锈病。系统挖掘小麦野生近缘种优异基因，通过远缘杂交、基因编辑等技术导入栽培品种，解决遗传基础狭窄问题；利用合成生物学优化光合、代谢途径，从根源提升产量潜力，开辟超高产育种新路径。

再次，深化BT+IT融合，完善智能育种体系，推进杂交小麦育种产业化。当前杂交小麦智能育种仍面临训练数据不足、模型可解释性弱、跨环境预测误差大、基因型-环境互作(G×E)解析不精准等关键瓶颈，严重制约了育种效率与品种广适性。为此，需要针对性的优化育种大模型，构建数据驱动、机制可解释、环境自适应的新一代智能育种范式，全面提升G×E互作预测

精度，形成“目标设定—智能设计—精准创制—田间验证”的全闭环育种体系。目前我国农业科学院作物科学研究所发布的“iWheat小麦智能设计育种平台”，整合了3万余份小麦种质资源基因型、6000余个功能位点及40余万条表型数据；平台还搭载10余项自主研发的育种算法，综合考虑G×E亲本选配精准度达80%，大幅缩短了小麦育种周期。除此之外，国内学者通过搭建杂种优势精准预测模型，提速强优势组合选育，结合机器学习解析杂种优势效应，为黄淮麦区杂交小麦应用提供支撑^[33-36]。本团队结合多年育种经验，通过生态分析技术构建地块评估体系，基于环境参数对大量冬小麦种质资源进行配型计算及生育期推演，研发了一套以冬小麦亲本杂交推演与决策为基础的数智化科研平台，该平台视口支持3D形式展现超高产冬小麦株型构建模拟。

最后，构建“良种-良法-良机”一体化超高产体系。小麦超高产潜力释放需品种与栽培、农机农艺深度融合，聚焦病害防控、逆胁迫抵御、光合优化等关键技术^[1]。针对超高产品种研发精准播种、水肥高效利用等配套技术，打造“品种-栽培-农机-农艺”协同模式。例

如针对具有高光效、多穗多粒型特征的超高产小麦品种百农5819, 通过多年多点定位试验, 掌握其关键生育期水肥需求阈值, 结合多源环境数据, 建立精确的水肥管理模型。针对超高产品种株型紧凑、茎秆韧性增强的特点, 制定缩距匀播与全程机械化作业规范。同时进一步利用信息技术, 如将无人机多光谱高通量表型监

测数据与精确水肥管理模型相结合, 构建AI辅助的跨环境水肥决策模型, 对水肥管理方案进行动态优化, 实现超高产潜力大面积稳定释放, 筑牢国家粮食安全防线。针对超高产品种研发精准播种、水肥高效利用等配套技术, 打造“品种-栽培-农机-农艺”协同模式, 实现超高产潜力大面积稳定释放, 筑牢国家粮食安全防线。

参考文献

- 1 Bailey-Serres J, Parker J E, Ainsworth E A, et al. Genetic strategies for improving crop yields. *Nature*, 2019, 575: 109–118
- 2 Hickey L T, N. Hafeez A, Robinson H, et al. Breeding crops to feed 10 billion. *Nat Biotechnol*, 2019, 37: 744–754
- 3 Asseng S, Guarin J R, Raman M, et al. Wheat yield potential in controlled-environment vertical farms. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2020, 117: 19131–19135
- 4 Gao Y, Jing M, Chen W, et al. Analysis of yield and quality traits of wheat cultivars over the past 20 years in China (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2024, 44: 1152–1160 [高艳梅, 景茂雅, 陈薇薇, 等. 近20年来中国小麦品种产量和品质性状变化分析. 麦类作物学报, 2024, 44: 1152–1160]
- 5 Jiao C, Xie X, Hao C, et al. Pan-genome bridges wheat structural variations with habitat and breeding. *Nature*, 2025, 637: 384–393
- 6 Cheng S, Feng C, Wingen L U, et al. Harnessing landrace diversity empowers wheat breeding. *Nature*, 2024, 632: 823–831
- 7 Yao Y, Guo W, Gou J, et al. Wheat2035: integrating pan-omics and advanced biotechnology for future wheat design. *Mol Plant*, 2025, 18: 272–297
- 8 Ru Z, Feng S, Li G. High-yield potential and effective ways of wheat in Yellow & Huai River valley facultative winter wheat region (in Chinese). *Sci Agric Sin*, 2015, 48: 3388–3393 [茹振钢, 冯素伟, 李淦. 黄淮麦区小麦品种的高产潜力与实现途径. 中国农业科学, 2015, 48: 3388–3393]
- 9 Liu W, Yin J, Zhu G. Effects of leaf removal on dry matter accumulation and grain yield in different spike-type wheat varieties (in Chinese). *Sci Agric Sin*, 2007, (7): 1353–1360 [刘万代, 尹钧, 朱高纪. 剪叶对不同穗型小麦品种干物质积累及籽粒产量的影响. 中国农业科学, 2007, (7): 1353–1360]
- 10 Zhao C, Wang D, Zhang F, et al. Research progress of two-line hybrid wheat (in Chinese). *Chin Sci Bull*, 2025, 70: 3115–3125 [赵昌平, 汪德州, 张风廷, 等. 二系杂交小麦研究进展. 科学通报, 2025, 70: 3115–3125]
- 11 Li H, Chen M, Li S, et al. Wheat biotech-breeding: progresses, opportunities and challenges (in Chinese). *China Basic Sci*, 2022, 24: 1–8+28 [李洪杰, 陈明, 李少雅, 等. 小麦生物育种: 进展、机遇和挑战. 中国基础科学, 2022, 24: 1–8+28]
- 12 Appels R, Eversole K, Stein N, et al. Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*, 2018, 361: eaar7191
- 13 Jia J, Zhao G, Li D, et al. Genome resources for the elite bread wheat cultivar Aikang 58 and mining of elite homeologous haplotypes for accelerating wheat improvement. *Mol Plant*, 2023, 16: 1893–1910
- 14 Wang Z, Miao L, Tan K, et al. Near-complete assembly and comprehensive annotation of the wheat Chinese Spring genome. *Mol Plant*, 2025, 18: 892–907
- 15 Liu S, Li K, Dai X, et al. A telomere-to-telomere genome assembly coupled with multi-omic data provides insights into the evolution of hexaploid bread wheat. *Nat Genet*, 2025, 57: 1008–1020
- 16 Sun C, Li H, Liu Y, et al. Iterative recombinase technologies for efficient and precise genome engineering across kilobase to megabase scales. *Cell*, 2025, 188: 4693–4710.e15
- 17 Yang W, Han H, Ma H, et al. *AcRR1* of *Agropyron cristatum* boosts wheat yield by regulating grain number per spike and heading date. *Nat Commun*, 2025, 16: 6638
- 18 Xie Y, Zhang T, Yang M, et al. Engineering crop flower morphology facilitates robotization of cross-pollination and speed breeding. *Cell*, 2025, 188: 5809–5830.e27
- 19 Li S, Lin D, Zhang Y, et al. Genome-edited powdery mildew resistance in wheat without growth penalties. *Nature*, 2022, 602: 455–460
- 20 Zhang Y D, Li G Q, Kong Z X, et al. Breeding of FHB-resistant wheat line Bainong 4299 by gene pyramiding (in Chinese). *Acta Agronom Sin*, 2022, 48: 2221–2227 [张一铎, 李国强, 孔忠新, 等. 基因聚合选育抗赤霉病小麦新品系百农4299. 作物学报, 2022, 48: 2221–2227]
- 21 Mai C, Liu Y, Liu H, et al. Breeding of the fusarium head blight (FHB)-resistant wheat cultivar Luxian 20 using the dwarf-male sterile wheat molecular strategy in the Yellow and Huai River valley winter wheat region (in Chinese). *Sci Agrin Sin*, 2024, 57: 3719–3729 [买春艳, 刘易科, 刘宏伟, 等. 基于矮败小麦分子育种策略培育黄淮抗赤霉病小麦新品种轮选20. 中国农业科学, 2024, 57: 3719–3729]
- 22 Song X, Chen C, Xu J, et al. Current status and future prospects of wheat breeding in China (in Chinese). *J Seed Ind Guid*, 2025, (4): 7–11 [宋新田,

- 陈春霞, 徐静, 等. 我国小麦育种的现状与未来展望. 种业导刊, 2025, (4): 7–11]
- 23 Araus J L, Kefauver S C. Breeding to adapt agriculture to climate change: affordable phenotyping solutions. *Curr Opin Plant Biol*, 2018, 45: 237–247
- 24 Crossa J, Fritsche-Neto R, Montesinos-Lopez O A, et al. The modern plant breeding triangle: optimizing the use of genomics, phenomics, and Environics data. *Front Plant Sci*, 2021, 12: 651480
- 25 Pound M P, Atkinson J A, Townsend A J, et al. Deep machine learning provides state-of-the-art performance in image-based plant phenotyping. *GigaScience*, 2017, 6: 1
- 26 Hassan M A, Yang M, Rasheed A, et al. A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform. *Plant Sci*, 2019, 282: 95–103
- 27 Varshney R K, Sinha P, Singh V K, et al. 5Gs for crop genetic improvement. *Curr Opin Plant Biol*, 2020, 56: 190–196
- 28 Costa-Neto G, Crespo-Herrera L, Fradgley N, et al. Envirome-wide associations enhance multi-year genome-based prediction of historical wheat breeding data. *G3*, 2023, 13: jkac313
- 29 Li G, An L, Yang W, et al. Integrated biotechnological and AI innovations for crop improvement. *Nature*, 2025, 643: 925–937
- 30 Liu L, Zhan J, Yan J. Engineering the future cereal crops with big biological data: toward intelligence-driven breeding by design. *J Genet Genomics*, 2024, 51: 781–789
- 31 Fu J, Lan Y, Liang Y, et al. Weighted gene co-expression network analysis and alternative splicing analysis reveal key genes regulating overfeeding-induced fatty liver in lion-head goose. *Int J Mol Sci*, 2026, 27: 407
- 32 Zhu W, Li W, Zhang H, et al. Big data and artificial intelligence-aided crop breeding: progress and prospects. *J Integr Plant Biol*, 2025, 67: 722–739
- 33 Cui Y, Li R, Li G, et al. Hybrid breeding of rice via genomic selection. *Plant Biotechnol J*, 2020, 18: 57–67
- 34 Fu J, Hao Y, Li H, et al. Integration of genomic selection with doubled-haploid evaluation in hybrid breeding: from GS 1.0 to GS 4.0 and beyond. *Mol Plant*, 2022, 15: 577–580
- 35 Yang L, Liu P, Wang X, et al. A central circadian oscillator confers defense heterosis in hybrids without growth vigor costs. *Nat Commun*, 2021, 12: 2317
- 36 Liu W, Zhang Y, He H, et al. From hybrid genomes to heterotic trait output: challenges and opportunities. *Curr Opin Plant Biol*, 2022, 66: 102193

Summary for “生物与信息技术赋能小麦超高产育种研究进展”

Advances in wheat ultra-high yield breeding research enabled by biotechnology and information technology

Xiangdong Chen, Yihao Zang & Zhengang Ru*

Henan Key Laboratory of Wheat Biology and Large-Scale Efficient Production, Key Laboratory of High-Efficiency Production of Wheat-Maize Double Cropping, Center of Wheat Research, Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang 453003, China

* Corresponding author, E-mail: rzgh58@163.com

Global climate change has led to increasingly frequent extreme weather events, including high temperatures, drought, and heavy rainfall, severely disrupting stable crop production. Concurrently, continuous global population growth intensifies food market demand, placing unprecedented pressure on global food security. As one of the most important staple cereal crops worldwide, wheat plays a central role in ensuring food supply, and persistent improvement of wheat yield potential has consistently remained a major long-term objective of modern breeding research. China ranks first globally in both wheat production and consumption; therefore, achieving stable yield increase and quality improvement is crucial to national food security and agricultural sustainable development. Traditional breeding technologies have contributed tremendously to the iterative yield improvement of wheat cultivars across different historical periods and have established a solid foundation for solving food shortage problems. Nevertheless, conventional breeding relies heavily on empirical phenotypic evaluation and artificial field selection, resulting in long breeding cycles, low selection efficiency, and poor predictability of complex quantitative traits. These constraints are insufficient to meet the rigorous requirements for the coordinated improvement of ultra-high-yield potential, stress-resistance, and high quality in modern wheat breeding. To overcome the long-standing bottleneck of stagnant wheat yield improvement caused by the narrowed genetic diversity of modern cultivars, synergistic innovation and breakthroughs of modern agricultural technologies are urgently needed. The integration of cutting-edge biotechnologies, including telomere-to-telomere (T2T) genome mining, gene editing, distant hybridization, and genome-wide selection, together with information technologies such as high-throughput phenotyping and artificial intelligence-based predictive models, has become the core driving force to achieve ultra-high-yield breeding goals. This paper systematically reviews the yield potential characteristics and evolutionary trends of wheat cultivars in the core Yellow & Huai River valley wheat-producing region, clarifies the structural optimization pathways underlying ultra-high yield formation, and summarizes the application progress of cutting-edge biotechnologies and digital information technologies in wheat genetic improvement. It further elaborates on the innovative achievements in germplasm resource development, precise trait modification, and heterosis utilization in wheat breeding. Furthermore, this study critically discusses in-depth the current technical bottlenecks limiting breakthroughs in wheat ultra-high yield breeding, as well as future development trends and key research directions of modern wheat breeding within an integrated biotechnology–information technology framework. The relevant results aim to provide a systematic theoretical foundation and practical technical reference for breaking the wheat yield ceiling, developing novel ultra-high-yield wheat varieties, and promoting the sustainable high-quality development of the wheat industry.

wheat, biotechnology, information technology, grain yield, breeding

doi: [10.1360/CSB-2026-0354](https://doi.org/10.1360/CSB-2026-0354)