



耐逆牧草育种与边际土地可持续利用研究进展

叶霁颖[†], 许楷茗[†], 田福平, 武生聃, 李敏洁, 刘建全^{*}, 刘舒宇^{*}

兰州大学生态学院, 草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室, 兰州 730000

[†] 同等贡献

^{*} 联系人, E-mail: liujq@lzu.edu.cn; liushuyu@lzu.edu.cn

收稿日期: 2025-05-05; 接受日期: 2025-09-10; 网络版发表日期: 2026-01-19

国家自然科学基金(批准号: 32500324)、甘肃省科技重大专项(批准号: 24ZDNA002)和兰州大学引进人才科研启动经费(批准号: 561120228)资助

摘要 牧草种质资源作为国家战略性基础资源, 在保障粮食安全、推动农业供给侧结构性改革、促进生态文明建设及服务农业高质量发展等方面发挥着关键作用。随着国民膳食结构转型升级和畜牧业快速发展, 我国对优质牧草的需求呈现持续增长态势。然而, 受“人多地少”基本国情制约, 牧草生产必须坚持“不与粮争地”的基本原则。在此背景下, 边际土地作为“藏粮于地、藏粮于技”国家战略的重要承载空间, 正被赋予新的战略内涵。合理开发利用边际土地资源, 不仅可有效缓解优质牧草供需矛盾, 降低进口依赖, 还能最大限度发挥其生态功能, 实现生态与经济效益协同增值, 进而构建资源环境承载力与生态农业发展相适应的新格局。本文系统梳理了我国近年来在耐逆牧草种质创新、新品种培育与推广应用和边际土地资源开发与生态治理等方面的核心成果, 剖析了当前面临的技术瓶颈与发展挑战, 并提出相应的战略建议, 为国家粮食安全和生态安全提供科技支撑。

关键词 边际土地, 牧草, 耐逆品种, 育种技术, 生态治理

土地资源是农业生产和生态安全的基础, 其中耕地资源更是我国土地资源的重要组成部分^[1]。近年来, 随着城镇化的快速推进、工业化用地的不断扩张, 以及极端气候对耕地的持续侵蚀, 我国优质耕地面积不断缩减, 人地矛盾愈发突出, 严重威胁着国家粮食安全和耕地可持续利用^[2]。在此背景下, 如何有效挖掘并合理利用边际土地资源, 既保障国家粮草安全, 又促进生态修复与环境改善, 成为农业可持续发展战略中的重要课题^[3]。

1 边际土地: 保障牧草安全与生态修复的重要储备资源

边际土地是指受土壤理化障碍、水热限制或地形制约等因素影响, 导致农业生产能力低下、经济效益有限且生态系统脆弱的土地资源^[4]。我国拥有广泛的边际土地资源, 类型多样, 涵盖了西北内陆盐碱地、南方山地丘陵红壤、东北苏打盐碱地、西南紫色土、西北黄绵土、黄河滩地以及滨海盐碱地等典型土壤类型。据统计, 全国边际土地总面积约为11.7亿亩, 其中

引用格式: 叶霁颖, 许楷茗, 田福平, 等. 耐逆牧草育种与边际土地可持续利用研究进展. 中国科学: 生命科学

Ye P Y, Xu K M, Tian F P, et al. Advances in stress-tolerant forage breeding and sustainable utilization of marginal lands (in Chinese). Sci Sin Vitae, doi: 10.1360/SSV-2025-0146

包括8.5亿亩未开发的后备耕地资源和3.2亿亩低产耕地^[5], 在优质耕地日益紧缺和粮食安全压力加剧的背景下, 边际土地已成为实施“藏粮于地”战略的重要储备资源。

然而, 边际土地的开发利用仍面临诸多挑战。一方面, 这类土地多分布于干旱、半干旱或高寒地区, 年降水量有限且蒸发强烈, 水热条件难以满足大部分植物的正常生长需要; 另一方面, 边际土地普遍存在土层浅薄、盐分积聚、酸性强、有机质含量低、养分贫瘠等问题, 不具备支撑作物持续高产的基础条件; 此外, 复杂的地形结构, 如陡坡和高海拔地带, 不仅增加了土地整理与开发的技术难度, 也限制了机械化作业的推广, 并加剧了水土流失风险^[6]。

在此背景下, 构建边际土地改良工程体系与作物育种技术体系的协同创新机制, 成为破解其发展困局的关键^[4]。耐逆牧草具备适应性强、生物量高、生态功能显著等多重优势, 能够在逆境中稳定生长, 通过“以草治土、以草养畜、以草固生态”的多重效益, 能够显著提升边际土地资源的利用效率与生态价值。因此, 在“粮食安全”与“生态安全”的双重目标导向下, 开展耐逆牧草种质研发与推广应用, 对强化边际土地利用具有重要意义。

2 耐逆牧草: 边际土地开发利用的关键支撑力量

国际草类植物育种目标的演变反映了人类对自然资源利用逐渐深化的进程。20世纪60年代以前, 国际牧草育种主要聚焦于产量提升; 随着动物营养学的发展, 营养品质(如粗蛋白含量、消化率)改良成为育种重点。进入21世纪, 随着气候变化与土地退化问题日益严重, 耐盐碱、耐旱、耐寒及抗病虫等逆境适应性状成为草类育种的核心目标^[7]。

为顺应这一趋势, 加快草牧业现代化进程, 我国持续出台多项政策支持。《中共中央 国务院关于做好2022年全面推进乡村振兴重点工作的意见》中提出“分类改造盐碱地, 推动由主要治理盐碱地适应作物向更多选育耐盐碱植物适应盐碱地转变”; 《关于推动饲草产业高质量发展的意见》中明确要求“积极发展盐碱地种草”“提升饲草种业水平, 强化饲草产业科技支撑”; 《国务院办公厅关于践行大食物观构建多

元化食物供给体系的意见》也明确提出“大力发展饲草产业, 增加草食畜产品供给”^[8-10]。这些政策的系统推进, 明确了未来种业发展的技术攻关方向, 即向抗逆高产、高效利用和生态服务能力并重的育种目标体系迈进。

2.1 选育耐逆牧草品种“藏粮于草”

我国草类植物育种事业起步于20世纪50年代, 较发达国家滞后约半个世纪^[11]。截至2025年, 通过国家审定的牧草新品种累计仅750个, 整体仍处于积累与发展阶段。我们对近20年国家审定品种进行统计分析发现, 各年份中育成品种数量占比较高, 引进品种和野生栽培品种在部分年份(如2009, 2018~2019, 2023~2024年)对总量增幅有显著贡献(图1A)。从草种结构看, 我国牧草育种呈现出集中化特征, 豆科苜蓿类(*Medicago*)品种数量远超其他种类, 稳居草种业核心地位; 禾本科的黑麦草(*Lolium*)、高粱(*Sorghum*)、鸭茅(*Dactylis*)、燕麦(*Avena*)等也逐步形成一定的育种体系(图1B)。然而, 仍有大量牧草物种审定品种数量较少, 反映出我国在草种质资源开发利用方面尚存在较大提升空间。

在此背景下, 挖掘和利用优质耐逆草种质资源, 对拓展草业发展空间、提升资源利用效率和支撑畜牧业提质增效具有重要的战略意义。近年来, 为规范牧草抗逆性状的评估流程、提升育种效率, 我国建立了包括抗旱性、耐盐性、抗寒性、耐热性等多项抗逆性状鉴定评价技术规范, 明确了综合评价指标体系、测定方法及分级标准^[12]。在此基础上, 对大批牧草种质材料开展了抗逆性状的系统鉴定与综合评价, 推动了新品种的精准选育。

围绕不同类型边际土地所面临的生态限制问题, 我国科研团队依托前期建立的标准体系和资源积累基础, 持续突破育种关键技术瓶颈, 成功培育出一批兼具高耐逆性与优良农艺性状的牧草新品种(表1)。这些创新成果为边际土地的绿色高效开发与生态功能提升提供了坚实的种质资源保障与技术支撑。例如, 吉林省农业科学院育成的“吉农2号”朝鲜碱茅, 具有高产、强耐盐性和高发芽率的特性, 适宜在东北、华北、西北盐碱区推广^[13]; 兰州大学培育的腾格里牛枝子兼具饲草利用与生态修复功能, 具备发达根系与强再生能力, 是西北干旱区荒漠化治理的理想草种之一^[14]。此外, 兰

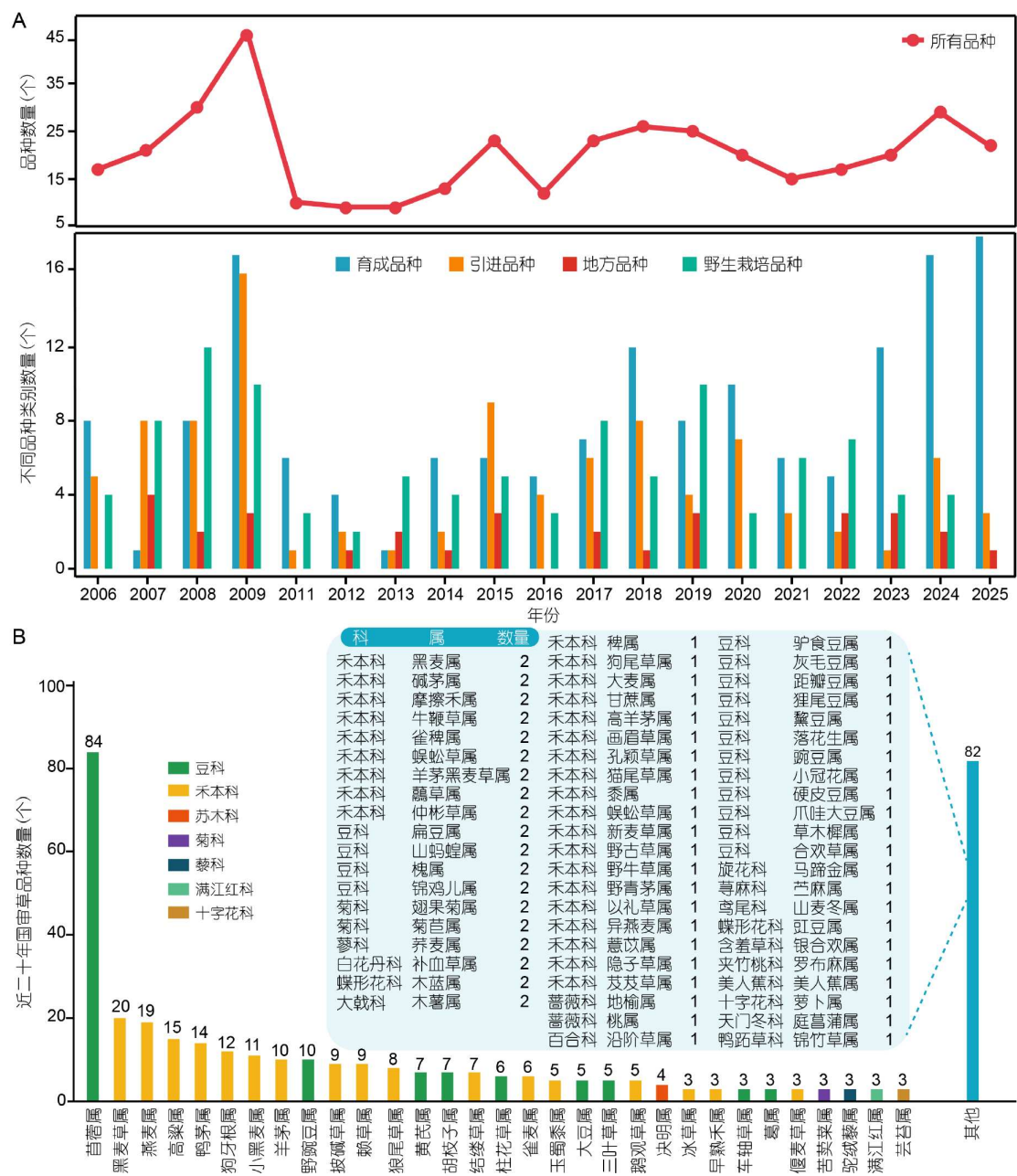


图 1 近20年全国草品种审定委员会审定通过的草品种数量统计. A: 各年度国家审定草品种的数量及类型分布; B: 国家审定草品种的科属组成结构(数据来源: 中华人民共和国农业农村部官方网站<https://www.moa.gov.cn/nybg/2025/202502/>, 其中2010年度国家审定草品种数据缺失). 本文沿用我国草品种审定公告中的分类体系, 在牧草属级统计时将象草、狼尾草归为狼尾草属(*Pennisetum*). 根据APG IV分类系统, 象草、狼尾草已被归入刺穗草属(*Cenchrus*), 其国际通用学名已由*Pennisetum purpureum*, *Pennisetum alopecuroides*更新为*Cenchrus purpureus*, *Cenchrus alopecuroides*. 本文采用更新后的学名

Figure 1 Statistics of forage varieties approved by the National Forage Variety Approval Committee over the past two decades. A: Annual number and type distribution of nationally approved forage cultivars; B: taxonomic composition (family and genus) of nationally approved forage cultivars (data were obtained from the official website of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China <https://www.moa.gov.cn/nybg/2025/202502/>, data in 2010 are not available). In line with the official cultivar approval announcement in China, we counted Napier grass and fountain grass as members of *Pennisetum* in our genus-level statistics. However, according to the APG IV classification system, Napier grass and foxtail grass have been reclassified into the genus *Cenchrus*, and their internationally accepted scientific names have been updated from *Pennisetum purpureum* and *Pennisetum alopecuroides* to *Cenchrus purpureus* and *Cenchrus alopecuroides*, respectively. These updated names are adopted throughout this article

表 1 我国近20年来国家审定的牧草品种及其边际土地适种性^{a)}

Table 1 Nationally approved forage varieties in China over the past two decades and their suitability for marginal lands^{a)}

适种范围	物种	拉丁名	科	品种名称	品种类型	审定年份
东北盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	吉苜1号紫花苜蓿	育成品种	2024
东北盐碱地	野大麦	<i>Hordeum brevisubulatum</i>	禾本科	萨尔图野大麦	野生栽培品种	2018
东北盐碱地	朝鲜碱茅	<i>Puccinellia chinampoensis</i>	禾本科	吉农2号朝鲜碱茅	育成品种	2015
东北盐碱地	稗	<i>Echinochloa crus-galli</i>	禾本科	长白稗	野生栽培品种	2013
东北盐碱地	罗布麻	<i>Apocynum venetum</i>	夹竹桃科	松原罗布麻	野生栽培品种	2009
东北盐碱地	东方野豌豆	<i>Vicia japonica</i>	豆科	延边东方野豌豆	野生栽培品种	2009
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜11号紫花苜蓿	育成品种	2024
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜10号紫花苜蓿	育成品种	2021
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜9号紫花苜蓿	育成品种	2019
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜7号紫花苜蓿	育成品种	2018
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜8号紫花苜蓿	育成品种	2017
黄河滩地以及滨海盐碱地	偃麦草	<i>Elytrigia repens</i>	禾本科	京草2号偃麦草	育成品种	2014
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜5号紫花苜蓿	育成品种	2014
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜4号紫花苜蓿	育成品种	2011
黄河滩地以及滨海盐碱地	狗牙根	<i>Cynodon dactylon</i>	禾本科	邯郸狗牙根	野生栽培品种	2009
黄河滩地以及滨海盐碱地	偃麦草	<i>Elytrigia repens</i>	禾本科	京草1号偃麦草	育成品种	2009
黄河滩地以及滨海盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜3号紫花苜蓿	育成品种	2009
内蒙古中西部地区盐碱地	羊草	<i>Leymus chinensis</i>	禾本科	中科6号羊草	育成品种	2024
内蒙古中西部地区盐碱地	苏丹草	<i>Sorghum sudanense</i>	禾本科	蒙农青饲3号苏丹草	育成品种	2021
内蒙古中西部地区盐碱地	根茎冰草	<i>Agropyron michnoi</i>	禾本科	白音希勒根茎冰草	野生栽培品种	2018
内蒙古中西部地区盐碱地	毛穗赖草	<i>Leymus paboanus</i>	禾本科	乌拉特毛穗赖草	野生栽培品种	2018
内蒙古中西部地区盐碱地	羊草	<i>Leymus chinensis</i>	禾本科	中科1号羊草	育成品种	2014
内蒙古中西部地区盐碱地	华北驼绒藜	<i>Krascheninnikovia arborescens</i>	藜科	乌兰察布型华北驼绒藜	野生栽培品种	2013
内蒙古中西部地区盐碱地	柠条锦鸡儿	<i>Caragana korshinskii</i>	禾本科	鄂尔多斯柠条锦鸡儿	野生栽培品种	2009
青藏高原高寒地区	中华羊茅	<i>Festuca sinensis</i> Keng	禾本科	藏北中华羊茅	野生栽培品种	2024
青藏高原高寒地区	黑麦	<i>Secale cereale</i>	禾本科	甘农1号黑麦	育成品种	2024
青藏高原高寒地区	小黑麦	<i>Triticale</i>	禾本科	甘农3号小黑麦	育成品种	2021
青藏高原高寒地区	羊草	<i>Leymus chinensis</i>	禾本科	中科5号羊草	育成品种	2021
青藏高原高寒地区	羊草	<i>Leymus chinensis</i>	禾本科	中科7号羊草	育成品种	2021
青藏高原高寒地区	老芒麦	<i>Elymus sibiricus</i>	禾本科	雅江老芒麦	野生栽培品种	2020
青藏高原高寒地区	寒生羊茅	<i>Festuca kryloviana</i>	禾本科	环湖寒生羊茅	育成品种	2019
青藏高原高寒地区	小黑麦	<i>Triticale</i>	禾本科	甘农2号小黑麦	育成品种	2018
青藏高原高寒地区	垂穗披碱草	<i>Elymus nutans</i>	禾本科	康北垂穗披碱草	野生栽培品种	2017
青藏高原高寒地区	箭筈豌豆	<i>Vicia sativa</i>	豆科	兰箭2号箭筈豌豆	育成品种	2015
青藏高原高寒地区	箭筈豌豆	<i>Vicia sativa</i>	豆科	兰箭3号春箭筈豌豆	育成品种	2011
青藏高原高寒地区	燕麦	<i>Avena sativa</i> 'Aba'	禾本科	阿坝燕麦	地方品种	2009
西北地区盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	甘农14号紫花苜蓿	育成品种	2024
西北地区盐碱地	牛枝子	<i>Lespedeza potaninii</i>	豆科	腾格里牛枝子	野生栽培品种	2023
西北地区盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	甘农12号紫花苜蓿	育成品种	2022
西北地区盐碱地	箭筈豌豆	<i>Vicia sativa</i>	豆科	蒙中箭筈豌豆	地方品种	2022
西北地区盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	甘农9号紫花苜蓿	育成品种	2017
西北地区盐碱地	无芒隐子草	<i>Cleistogenes songorica</i>	禾本科	腾格里无芒隐子草	野生栽培品种	2016
西北地区盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	甘农5号紫花苜蓿	育成品种	2009
西北地区盐碱地	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中苜6号紫花苜蓿	育成品种	2009

(表1续)

适种范围	物种	拉丁名	科	品种名称	品种类型	审定年份
西北黄土高原黄绵土	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中农1号紫花苜蓿	育成品种	2024
西北黄土高原黄绵土	花苜蓿	<i>Medicago ruthenica</i>	豆科	寿鹿扁蓿豆	野生栽培品种	2023
西北黄土高原黄绵土	赖草	<i>Leymus secalinus</i>	禾本科	晋北赖草	野生栽培品种	2022
西北黄土高原黄绵土	草地早熟禾	<i>Poa pratensis</i>	禾本科	太行草地早熟禾	野生栽培品种	2022
西北黄土高原黄绵土	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中天2号紫花苜蓿	育成品种	2021
西北黄土高原黄绵土	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	中天1号紫花苜蓿	育成品种	2018
西北黄土高原黄绵土	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	甘农7号紫花苜蓿	育成品种	2013
西北黄土高原黄绵土	胡枝子	<i>Lespedeza bicolor</i>	豆科	陇东达乌里胡枝子	野生栽培品种	2013
西北黄土高原黄绵土	紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	甘农6号紫花苜蓿	育成品种	2009
西南四川紫色土地区	象草	<i>Cenchrus purpureus</i>	禾本科	川育1号象草	育成品种	2024
西南四川紫色土地区	鸭茅	<i>Dactylis glomerata</i>	禾本科	渝东鸭茅	野生栽培品种	2021
西南四川紫色土地区	薏苡	<i>Coix lacryma-jobi</i>	禾本科	滇东北薏苡	野生栽培品种	2019
西南四川紫色土地区	蓝花子	<i>Raphanus sativus</i>	十字花科	攀西蓝花子	地方品种	2019
西南四川紫色土地区	菊苣	<i>Cichorium intybus</i>	菊科	欧歌菊苣	引进品种	2009
新疆荒漠盐碱地	驼绒藜	<i>Krascheninnikovia ceratoides</i>	苋科	乌拉泊驼绒藜	野生栽培品种	2006
新疆荒漠盐碱地	驼绒藜	<i>Krascheninnikovia ceratoides</i>	苋科	伊犁心叶驼绒藜	野生栽培品种	2006
亚热带红壤地区	圭亚那柱花草	<i>Stylosanthes guianensis</i>	豆科	热研22号圭亚那柱花草	育成品种	2020
亚热带红壤地区	圭亚那柱花草	<i>Stylosanthes guianensis</i>	豆科	热研24号圭亚那柱花草	育成品种	2019
亚热带红壤地区	圭亚那柱花草	<i>Stylosanthes guianensis</i>	豆科	热研25号圭亚那柱花草	育成品种	2016
亚热带红壤地区	圆叶决明	<i>Chamaecrista rotundifolia</i>	豆科	闽育2号圆叶决明	育成品种	2012
亚热带红壤地区	圆叶决明	<i>Chamaecrista rotundifolia</i>	豆科	闽育1号圆叶决明	育成品种	2011
亚热带红壤地区	圭亚那柱花草	<i>Stylosanthes guianensis</i>	豆科	热研21号圭亚那柱花草	育成品种	2011
亚热带红壤地区	圭亚那柱花草	<i>Stylosanthes guianensis</i>	豆科	热研20号圭亚那柱花草	育成品种	2009
亚热带红壤地区	象草	<i>Cenchrus purpureus</i>	禾本科	苏牧2号象草	育成品种	2009
云贵高原丘陵地区	苏丹草	<i>Sorghum sudanense</i>	禾本科	川苏2号苏丹草	育成品种	2023
云贵高原丘陵地区	苏丹草	<i>Sorghum sudanense</i>	禾本科	川苏1号苏丹草	育成品种	2022
云贵高原丘陵地区	扁穗雀麦	<i>Bromus catharticus</i>	禾本科	川西扁穗雀麦	野生栽培品种	2020
云贵高原丘陵地区	金荞麦	<i>Fagopyrum dibotrys</i>	蓼科	黔中金荞麦	野生栽培品种	2019
云贵高原丘陵地区	鸭茅	<i>Dactylis glomerata</i>	禾本科	滇中鸭茅	野生栽培品种	2017
云贵高原丘陵地区	红三叶	<i>Trifolium pratense</i>	豆科	甘红1号红三叶	育成品种	2017
云贵高原丘陵地区	高羊茅	<i>Festuca elata</i>	禾本科	水城高羊茅	野生栽培品种	2009

a) 表中仅展示近20年来部分具有代表性的国家审定牧草品种

州大学育成的兰箭系列箭筈豌豆新品种,具有耐干旱、耐高寒、耐盐碱等特性,已在甘肃、青海、西藏、四川、云南等省区大面积推广^[15,16];江苏省农业科学院育成了国内首个海滨雀稗品种“苏农科1号”,可适应长江中下游及以南的盐碱地环境,成功打破了海滨雀稗长期依赖国外引进品种的局面^[17].

通过选育和推广具有较强耐逆能力和广泛适应性的牧草品种,建立与不同类型边际土地相适应的种草模式,有效支撑了地方草牧业的发展与土地生态功能的提升.这将为边际土地的合理利用提供坚实的品种

与技术支持,在保障粮食产能的基础上,助力生态环境的持续改善.

2.2 我国牧草从基础研究到育种应用的创新进展

2.2.1 基因组学研究:多维度解码牧草生命密码

牧草普遍具有基因组庞大、多倍体化严重、杂合度高、重复序列丰富等复杂特征(表2)^[18-66],长期制约了功能基因的精确识别与分子育种进程.近年来,随着高通量测序技术和生物信息学算法的迅速发展,我国科研团队持续攻关,陆续完成了多个牧草品种的基因

表 2 我国牧草基因组研究进展^{a)}

Table 2 Research progress on genome assemblies of forage species in China^{a)}

物种	拉丁名	科	倍性	基因组大小	杂合度(%)	重复序列(%)	参考文献
罗布麻	<i>Apocynum venetum</i>	夹竹桃科	2n=2x=22	228.80 Mb	—	31.34	[27]
落花生	<i>Arachis hypogaea</i>	豆科	2n=4x=40	2.55 Gb	—	54.34	[28]
紫云英	<i>Astragalus sinicus</i>	豆科	2n=2x=16	595.52 Mb	1.21	59.84	[29]
莠麦(裸燕麦)	<i>Avena chinensis</i>	禾本科	2n=6x=42	10.76 Gb	0.011	86.95	[22]
苕麻	<i>Boehmeria nivea</i>	荨麻科	2n=4x=28	294.00 Mb	—	54.85	[30]
蕉芋	<i>Canna indica</i>	美人蕉科	2n=2x=18	821.00 Mb	0.76	63.59	[31]
柠条	<i>Caragana korshinskii</i>	豆科	2n=2x=16	1.49 Gb	1.61	66.23	[32]
象草	<i>Cenchrus purpureus</i>	禾本科	2n=4x=28	1.97 Gb	1.5	66.29	[33]
				2.01 Gb	1.02	71.36	[34]
				2.08 Gb	1.3	60.74	[24]
狼尾草	<i>Cenchrus alopecuroides</i>	禾本科	2n=2x=14	845.71 Mb	0.43	60.66	[35]
菊苣	<i>Cichorium intybus</i>	菊科	2n=2x=18	1.28 Gb	—	79.2	[36]
无芒隐子草	<i>Cleistogenes songorica</i>	禾本科	2n=4x=40	540.12 Mb	0.16	41.06	[37]
薏苡	<i>Coix lacryma-jobi</i>	禾本科	2n=2x=20	1.62 Gb	—	75.39	[38]
狗牙根	<i>Cynodon dactylon</i>	禾本科	2n=2x=18	604.03 Mb	6.8	41.1	[39]
鸭茅	<i>Dactylis glomerata</i>	禾本科	2n=2x=14	1.84 Gb	—	68.56	[25]
稗	<i>Echinochloa crus-galli</i>	禾本科	2n=6x=54	1.27 Gb	—	40.7	[40]
垂穗披碱草	<i>Elymus nutans</i>	禾本科	2n=6x=42	10.47 Gb	—	83.02	[23]
老芒麦	<i>Elymus sibiricus</i>	禾本科	2n=4x=28	6.93 Gb/6.57 Gb	—	82.49/86.9	[41]
金荞麦	<i>Fagopyrum dibotrys</i>	蓼科	2n=2x=16	1.08 Gb	1.02	68.21	[42]
野大豆	<i>Glycine soja</i>	豆科	2n=2x=40	1.01 Gb	—	—	[43]
野大麦	<i>Hordeum brevisubulatum</i>	禾本科	2n=2x=14	3.47 Gb	—	83.6	[44]
牛枝子	<i>Lespedeza potaninii</i>	豆科	2n=4x=42	1.24 Gb	—	59.02	[45]
羊草	<i>Leymus chinensis</i>	禾本科	2n=2x=48	7.85 Gb	1.37	87.76	[26]
二色补血草	<i>Limonium bicolor</i>	白花丹科	2n=2x=16	2.92 Gb	1.48	82.3	[46]
木薯	<i>Manihot esculenta</i>	大戟科	2n=2x=36	664.50 Mb	0.7-0.9	69.86	[47]
南苜蓿	<i>Medicago polymorpha</i>	豆科	2n=2x=14	457.53 Mb	0.06	38.04	[48]
紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	2n=4x=32	3.15 Gb	0.02	55	[18]
			2n=4x=32	816 Mb*4	1.79	57	[20]
			2n=4x=32	2.74 Gb	—	56.8	[21]
			2n=2x=16	793.2 Mb	1.9	55.55	[19]
白花草木樨	<i>Melilotus albus</i>	豆科	2n=2x=16	1.04 Gb	—	71.42	[49]
草木樨	<i>Melilotus officinalis</i>	豆科	2n=2x=16	1.07 Gb	1.76	71.5	[50]
狗爪豆	<i>Mucuna pruriens</i>	豆科	2n=2x=22	500.49 Mb	—	39.75	[51]
芨芨草	<i>Neotrinia splendens</i>	禾本科	2n=2x=48	1.17 Gb	—	62.37	[52]
红豆草	<i>Onobrychis viciifolia</i>	豆科	2n=4x=28	1.95 Gb	—	63.55	[53]
海滨雀稗	<i>Paspalum vaginatum</i>	禾本科	2n=2x=20	646.90 Mb	—	—	[54]
豌豆	<i>Pisum sativum</i>	豆科	2n=2x=14	3.80 Gb	0.08	85.59	[55]
碱茅	<i>Puccinellia tenuiflora</i>	禾本科	2n=2x=14	1.11 Gb	1.56	62.44	[56]
				1.50 Gb	—	54.9	[57]
蓝花子	<i>Raphanus sativus</i>	十字花科	2n=2x=18	476.32 Mb	0.14	52.31	[58]
黑麦	<i>Secale cereale</i>	禾本科	2n=2x=14	7.86 Gb	0.26	90.31	[59]
高粱	<i>Sorghum bicolor</i>	禾本科	2n=2x=20	724.85 Mb	0.1	70.41	[60]
苏丹草	<i>Sorghum sudanense</i>	禾本科	2n=2x=20	715.95 Mb	0.225	71.25	[61]
红三叶	<i>Trifolium pratense</i>	豆科	2n=2x=14	423.00 Mb	1.57	52.81	[62]
蚕豆	<i>Vicia faba</i>	豆科	2n=2x=12	11.8 Gb	0.49	94.49	[63]
箭筈豌豆	<i>Vicia sativa</i>	豆科	2n=2x=12	1.93 Gb	0.09	83.9	[64]
豇豆	<i>Vigna unguiculata</i>	豆科	2n=2x=22	G98: 632.54 Mb/ G323: 593.26 Mb	0.18/0.22	56.97/55.25	[65]
玉蜀黍	<i>Zea mays</i>	禾本科	2n=2x=20	2.18 Gb	—	88.37	[66]

a) 表中所列为近20年来获得国家审定的牧草品种

组组装工作(表2), 涵盖了紫花苜蓿(*Medicago sativa*)^[18~21]、莜麦(*Avena nuda*)^[22]、垂穗披碱草(*Elymus nutans*)^[23]、象草(*Cenchrus purpureus*)^[24]、鸭茅(*Dactylis glomerata*)^[25]、羊草(*Leymus chinensis*)^[26]等多个关键物种, 为牧草遗传改良奠定了坚实的数据基础. 值得一提的是, 田菁(*Sesbania cannabina*)基因组实现了端粒到端粒(telomere-to-telomere, T2T)水平的完整组装^[67], 为解析复杂基因结构、识别重要功能区域和推动分子设计育种提供了高质量参考.

随着研究不断深入, 单一参考基因组已难以全面反映物种内的遗传多样性. 泛基因组通过整合多个代表性个体的基因组数据, 能够系统捕获物种的非冗余基因集合及其结构变异, 为复杂性状的遗传基础解析与分子设计育种提供更具代表性的基因资源. 目前, 我国科研团队已构建了高粱(*Sorghum bicolor*)^[68]、紫花苜蓿^[69]和狼尾草(*Cenchrus alopecuroides*)^[70]的泛基因组图谱, 为重要性状的分子机制解析提供了新视角.

在群体基因组学方面, 我国科研团队对老芒麦(*Elymus sibiricus*)自然群体开展了全基因组重测序分析, 揭示了其遗传结构、演化关系及适应性分化机制, 不仅为优异等位变异的发掘与新品种选育提供了理论支撑, 也为全球披碱草属种质资源的保护与利用提供了战略依据^[71]. 此外, 我国科研人员通过对苜蓿属多物种的群体基因组数据与气候变量进行关联分析, 鉴定出一批气候适应性关键基因, 预测出不同地域苜蓿群体应对气候变化的适应性, 对培育具有气候变化适应性的优异苜蓿新品种具有重要意义^[72]. 同时, 基于445个高粱种质的群体基因组学研究, 系统揭示了从野生种到地方品种再到现代育成品种的驯化与遗传改良轨迹, 拓展了对高粱遗传改良机制的认知视野, 为分子育种与精准选育提供了新思路^[73].

这一系列里程碑的成果, 加速了牧草基因功能解析与育种应用的进程, 也标志着我国在牧草基因组学研究领域达到国际领先水平. 同时, 这些数据资源也为多组学融合分析、解析逆境响应机制奠定了坚实基础.

2.2.2 耐逆机制研究: 探寻牧草逆境生存奥秘

解析牧草应对逆境的分子机制, 是提升其生态适应能力与稳定产量的关键. 面对日益严峻的气候变化与边际土地开发压力, 培育具有耐盐、耐旱、耐寒等

多重逆境抗性的牧草新品种, 亟需在分子层面深入揭示其逆境响应的调控机制.

近年来, 我国科研团队充分发挥多组学整合分析的优势, 系统融合基因组、转录组、代谢组等组学数据, 对柠条(*Caragana korshinskii*)^[32,74~77]、无芒隐子草(*Cleistogenes songorica*)^[37,78~80]、牛枝子(*Lespedeza potaninii*)^[45]、白刺(*Nitraria tangutorum*)^[81,82]等一系列代表性耐逆牧草资源进行了深入研究, 成功筛选出一批与耐盐、耐寒、耐旱等逆境适应性状密切相关的调控基因(表3)^[20,26,37,75,76,78~105], 揭示了牧草应对复杂逆境的分子调控网络, 为耐逆基因资源挖掘与分子育种提供了坚实基础.

在此基础上, 研究进一步向细胞分辨率层面拓展. 我国科研团队通过构建二色补血草(*Limonium bicolor*)幼叶的单细胞转录图谱, 揭示了与盐腺起始、分化与命运决定密切相关的基因表达特征, 深化了对盐腺结构和组织特异性耐盐机制的理解^[83]. 此外, 针对热胁迫响应, 美洲狼尾草(*Cenchrus americanum*)单细胞转录图谱分析识别出多种对温度变化敏感的细胞类型与关键转录因子, 推测其在高温胁迫调控中的作用机制, 为揭示牧草在气候变暖背景下的适应策略提供了新的分子视角^[106].

2.2.3 基因编辑技术应用: 赋能牧草育种新变革

传统上, 牧草作物的改良主要依赖于反复杂交与选择, 这一过程不仅耗时漫长, 而且高度依赖育种者的经验. 随着基因工程技术的发展, 诸如CRISPR/Cas9介导的基因编辑等工具可实现对目标基因的精准修饰, 从而显著加快优良性状的改良进程. 基因编辑技术作为现代生物技术的前沿领域, 在牧草育种中展现出巨大的应用潜力. 近年来, 我国科研团队在牧草基因编辑体系构建方面取得实质进展, 成功建立了紫花苜蓿^[107,108]、羊草^[109]、老芒麦^[110]等重要饲草的遗传转化与基因编辑体系. 以羊草为例, 科研人员利用基因编辑技术实现了生物量相关性状的显著改良^[109], 为高产优质草种的精准改良提供了技术支撑.

2.2.4 表型组学技术创新: 开启精准鉴定新征程

表型精准鉴定是揭示牧草生长发育规律、解析基因与表型关联机制的核心环节. 然而, 传统的人工田间调查方式存在效率低、成本高、通量有限、主观误差

表 3 与非生物胁迫耐性相关的牧草功能基因汇总

Table 3 Functional genes associated with abiotic stress tolerance in forage species

物种	拉丁名	科	组学方法	耐逆性	耐逆基因	参考文献
柠条	<i>Caragana korshinskii</i>	豆科	转录组、功能基因组	耐旱	<i>CkWRKY33</i>	[75]
			转录组	耐旱	<i>CkREV</i>	[76]
无芒隐子草	<i>Cleistogenes songorica</i>	禾本科	转录组、功能基因组	耐旱	<i>CsMYB, CsAP2_9</i>	[37]
			转录组、功能基因组	耐旱	<i>CsALDH12A1</i>	[78]
			转录组	耐高温	<i>CsHSPs, CsHSFs</i>	[79]
			转录组、功能基因组	耐旱	<i>CsP5CDH1</i>	[80]
鸭茅	<i>Dactylis glomerata</i>	禾本科	转录组、功能基因组	耐旱	<i>DgARF7</i>	[84]
老芒麦	<i>Elymus sibiricus</i>	禾本科	转录组	耐旱	<i>EsSnRK2, EsLRK10, EsCIPK5, EsCER1</i>	[85]
羊草	<i>Leymus chinensis</i>	禾本科	功能基因组	耐寒	<i>LcSAMDC1</i>	[86]
			功能基因组	耐寒	<i>LcFIN1</i>	[87]
			转录组	耐旱、耐碱	<i>LcSAUR1</i>	[88]
			转录组	耐旱、耐强光	<i>LcASR</i>	[26]
二色补血草	<i>Limonium bicolor</i>	白花丹科	单细胞组	耐盐	<i>LbTRY</i>	[83]
黑麦草	<i>Lolium perenne</i>	禾本科	功能基因组	耐热	<i>LpHSFA3</i>	[89]
			转录组、功能基因组	耐热	<i>LpNAL</i>	[90]
			转录组、功能基因组	耐热	<i>LpSGR</i>	[91]
紫花苜蓿	<i>Medicago sativa</i>	豆科	转录组、代谢组	耐寒、耐盐	<i>MsMYB12</i>	[92]
			转录组、代谢组	耐旱	<i>MsC3H29</i>	[93]
			转录组、代谢组	耐旱	<i>MssPHK1</i>	[94]
			基因组、功能基因组	耐旱	<i>MsKCS10</i>	[95]
			转录组、功能基因组	耐旱	<i>MsNTF2L</i>	[96]
			转录组、功能基因组	耐旱	<i>MsTMT</i>	[97]
			基因组学、转录组、功能基因组学、蛋白质组	耐旱	<i>MsMYBH</i>	[98]
			转录组	耐旱、耐盐	<i>MsHSF3, MsHSF27, MsHSF33</i>	[99]
			转录组、功能基因组	耐盐	<i>MsSPL12</i>	[100]
			转录组、功能基因组	耐盐	<i>MsWRKY33</i>	[101]
			转录组、功能基因组	耐盐	<i>MsFLS13</i>	[102]
			功能基因组	耐盐	<i>MsRC12A, MsRC12B, MsRC12C</i>	[103]
			基因组学、转录组	耐盐	<i>MsFTa2</i>	[20]
白刺	<i>Nitraria tangutorum</i>	蒺藜科	基因组学、功能基因组	耐盐	<i>NtCIPK9</i>	[81]
			基因组学、功能基因组	耐旱	<i>NtCBL1-1</i>	[82]
草地早熟禾	<i>Poa pratensis</i>	禾本科	功能基因组	耐热	<i>PpEXP1</i>	[104]
高粱	<i>Sorghum bicolor</i>	禾本科	基因组、功能基因组	耐盐	<i>SbAT1</i>	[105]

大等问题，已难以满足现代育种对大规模、多环境、高精度表型数据的迫切需求。随着高通量表型技术的发展，牧草表型信息的采集与分析进入智能化阶段。我国科研团队研发的“高光谱-代谢”双组学技术，实现了耐盐表型的高通量、高精度鉴定^[111]，将为复杂逆境

性状的精准表征识别和优异资源的快速筛选提供全新解决方案。

2.2.5 数据库平台建设: 搭建科研数据共享桥梁

为促进牧草科研数据的高效共享与协同创新，我

国科研团队积极推进多组学数据库平台建设, 包括牧草多组学数据库(Milletdb, <http://milletdb.novogene.com>)^[112]、豆科基因组学研究平台(<https://fabaceae.cgrpoe.top>)^[113]、高粱族多组学数据分析平台(HEMU, <http://shijunpenglab.com/HEMUDb>)^[114]、高粱全基因组结构变异数据库(SorGSD, <http://sorgsd.big.ac.cn>)^[115]、紫花苜蓿数据库(MODMS, <https://modms.lzu.edu.cn>)^[116]和燕麦数据库(OatOmics, <http://www.oatomics.com>)^[117]。这些平台实现了牧草多组学数据的高效整合, 极大提升了数据的可获取性和利用效率, 为全球研究人员提供了全面、系统的科研支持。

随着基因编辑技术的快速发展, 我国科研人员也围绕牧草基因编辑开展了数据库平台的建设。例如, 紫花苜蓿基因编辑数据库(AlfalfaGEDB, <http://alfalfa-gedb.liu-lab.com/>)^[118], 这一数据库的建立有效推动了紫花苜蓿基因功能和遗传育种的相关研究。此外, 跨物种的基因编辑数据库如Plant CRISPR Database (CRISPR-P 2.0)^[119] (<http://crispr.hzau.edu.cn/CRISPR2/>)和CRISPRInc(<http://www.crisprinc.org>)^[120]广泛覆盖了多种牧草作物的靶点设计与编辑评估。这些数据库的建立为牧草基因编辑案例的整合提供了资源, 推动了牧草功能基因组学和分子育种研究的深入。

3 扩增边际土地产能, 实施“藏粮于地”战略

“藏粮于边际土地”是实施国家粮食安全战略的重要组成部分。长期以来, 我国在盐碱地治理方面主要采取“以地适种”的传统模式, 即通过降低土壤盐碱度来适应粮食作物的种植需求。然而实践表明, 这种治理方式存在明显局限性: 一方面, 采用淡水洗盐等常规方法虽能短期见效, 但盐分仅发生垂直迁移, 导致治理效果难以持续, 需要年复一年地重复投入; 另一方面, 对于中重度盐碱地, 改造的技术难度和经济成本居高不下, 严重制约了治理成效^[121]。为突破这一困境, 我国提出了“以种适地”的新思路^[11], 即在不改变盐碱地条件的基础上, 通过培育耐盐碱的特色饲草品种, 并将其应用于不适宜粮食种植的盐碱地。这一创新方法不仅有助于增强蛋白类食物供给能力, 还能降低盐碱地利用成本, 推动农业生产力转型。

东营市作为黄河三角洲盐碱地治理的典型区域, 大力发展盐碱地生态草牧业, 探索“以种适地”同“以地

适种”相结合的“双适应”模式, 成功总结出一条盐碱地综合利用新路径, 使昔日的盐碱荒滩焕发出新的生机与价值^[122]。中国科学院院士种康提出大力推广“以种适地”的东营模式, 通过科技创新加速盐碱地改良利用^[123]。在东营盐碱滩, 种康院士带领的中科院生态草牧业先导专项团队研发了多盐分梯度种植模式, 构建了完整的草牧业生态循环链条, 在提升经济效益的同时, 也显著改善了生态环境。

2013年, 中国科学院院士李振声牵头实施的“渤海粮仓科技示范工程”对4000万亩中低产田进行改良^[124], 为盐碱地的开发与利用提供了宝贵的科技示范。2020年, 李振声院士提出建立“滨海草带”的设想, 通过将长穗偃麦草为代表的深根性耐旱牧草与田菁等耐盐碱牧草混播, 建立禾本科与豆科牧草混种的“滨海草带”, 并配套开发滨海盐碱地饲草高产栽培技术体系^[125]。通过种草养畜的方式, 形成边际土地畜牧业的完整产业链, 实现环渤海地区滨海盐碱地的高效利用。这一举措不仅有助于保障我国牛羊肉和奶制品的自给自足, 减少对进口饲料的依赖, 还能解决盐碱荒地的开发难题, 缓解草与粮食生产争地的矛盾, 进而有效推动生态修复和草业发展。

在此基础上, 中国科学院院士曹晓风团队提出并实践了“南草北种”的创新思路, 以豆科植物田菁为核心, 推进其在北方盐碱地的生态重建与农业应用。他们育成的中科菁系列表现出优异的耐盐碱性 with 耐涝性, 适合在pH值超过9的苏打盐碱地生长^[126]。团队不断优化栽培技术, 研发了专用种衣剂、固氮菌剂与高效除草剂等, 显著提高了田菁的种植效益。通过构建田菁、羊草、老芒麦和星星草等多种耐盐碱牧草的优化组合混播模式, 结合轻耙浅旋土壤低扰动耕作技术和大垄多行播种技术, 实现了“良种+良法”的高效融合, 显著提高了盐碱地的利用效益^[5]。此外, 团队还通过技术的不断优化, 推动了盐碱地的高效、可持续利用。

“以种适地”是一种切实可行的边际土地利用方式, 能够有效解决传统治理模式存在的技术和经济问题。该方法通过选育和推广耐逆牧草品种, 提高了盐碱地的利用效率。随着相关技术的不断完善与产业化推进, 边际土地正逐步实现由低效利用向高效开发的转变, 为落实“藏粮于地”战略和推动农业绿色发展提供了新的方向和实践路径。

4 边际土地高效利用与耐逆牧草发展建议

为落实“藏粮于地”战略, 推动边际土地产能提升, 应以“植物先行、改土为基、水分保障、微生物调控、植物-土壤-微生物生态系统集成”为发展理念^[4], 制定边际土地保护策略和治理规划, 开展边际土地耐逆适生品种选育、水肥资源高效利用、土壤障碍因子消减与及植物-微生物互作机制等关键技术研究, 为边际土地大规模开发利用提供技术示范和理论支撑。基于当前的研究基础和实践需求, 本文提出以下建议(图2), 为边际土地高效利用和耐逆牧草产业发展提供参考。

4.1 系统评价与创新利用并举: 优化牧草种质资源布局

我国牧草种质资源丰富, 涵盖了246科1545属6704种, 其中豆科(1231种)和禾本科(1127种)所占比例最高^[127]。这些种质资源不仅为我国的畜牧业提供了丰富的饲草来源, 而且为生态修复和土壤改良提供了重要支持。然而, 目前我国牧草种质资源库的收集和保存规模有限, 已育成品种在全部资源中的占比较低, 育种对象集中, 品种类型单一, 大量具备生态功能和饲用潜力的乡土草种质尚未得到系统发掘和有效利用。

因此, 亟需加强牧草种质资源的系统性收集、规范化评价与深度挖掘, 构建统一的表型评价体系, 筛选优异材料, 解析关键农艺与抗逆性状的遗传基础, 发掘关联的优良等位基因。在此基础上, 构建多样化、功能化的牧草种质资源库及高质量遗传图谱, 为基因组学研究、分子育种与精准选育提供基础支撑, 推动兼具广适性、高抗性与高产性能牧草新品种的高效培育。

4.2 加速耐逆品种智能化选育: 聚焦边际土地的复杂环境适应性

随着育种技术的演进, 作物育种已由1.0阶段“驯化选育”发展至4.0阶段“设计育种”^[128], 并正迈向李家洋院士提出的“未来育种5.0”时代^[129], 其核心在于整合基因组、转录组、表观组、表型组等多组学数据, 结合人工智能、合成生物学与基因编辑技术, 培育具备环境感知、逆境响应与自主调控能力的“智能品种”。



图2 边际土地高效利用与耐逆牧草发展的策略建议
Figure 2 Strategies for the efficient utilization of marginal lands and the development of stress-tolerant forage

相较而言, 牧草育种整体进展相对滞后, 目前仍以野生驯化、选择育种、杂交育种及诱变育种等传统手段为主。由于基础研究相对薄弱, 牧草关键耐逆基因的遗传机制和调控网络仍未被充分解析。基因编辑和转基因等现代育种技术尚处于初步探索阶段, 表型鉴定手段的相对落后, 限制了优异耐逆性状的高通量、高精度筛选, 从而影响了耐逆牧草品种的高效选育与推广应用。

鉴于我国边际土地类型多样、环境异质性显著, 单一品种难以适应所有区域。因此, 应聚焦多样化生态条件下的“智能品种”选育, 构建融合人工智能、生物技术和高通量表型平台的智能化育种体系, 通过多维数据整合与智能决策, 加快适应性强、逆境应答能力突出的优质牧草品种创制与推广。

4.3 牧草种植技术与模式创新: 智能化管理提升边际土地利用效率

边际土地的高效利用不仅依赖于耐逆品种的选育, 也需配套先进的种植管理技术。针对盐碱地、干旱区、山地丘陵等典型边际生态类型, 应因地制宜构建高效种植模式, 实现牧草在多样环境条件下稳定产出和生态修复。同时, 应加快研发适应性强、操作灵活

的智能化播种、收割和植保机械,全面提升田间作业效率和资源利用水平,推动边际土地管理的机械化、智能化。

此外,应加强“水-肥”协同利用与生态障碍因子调控等关键技术的集成创新,揭示土壤-微生物-植物三者间的互作关系,筛选促生长、抗胁迫功能显著的关键根际微生物,促进土壤健康与牧草抗性提升。随着智慧农业的发展,应整合物联网传感器、遥感与人工智能算法,实现对环境因子的动态感知与精准调控,提升牧草种植的精准化与智能化水平。

4.4 构建长期生态监测与效益综合评价体系: 支撑生态修复决策

实现边际土地的高效利用和可持续管理,需建立完善的长期生态监测与效益综合评价体系。应聚焦典型边际土地类型,通过“空-地一体化”的遥感解译、地面调查与联网试验相结合,获取多源数据,构建边际土地资源清单,系统评估其开发潜力、生态风险与经济效益,为区域差异化治理策略与土地资源优化配置提供决策依据。

目前牧草相关研究大多集中于短期效应,缺乏对耐逆牧草中长期生态影响的连续监测与系统评价。其种植对土壤质量、水土保持、生物多样性恢复等方面的作用尚缺乏系统量化,影响了生态治理路径的科学性与草牧业的长远规划。因此,需建立集遥感、无人测量、地面调查于一体的多尺度生态监测体系,动态追踪环境变化,量化牧草种植对碳汇、生物多样性、水土保持等生态指标的影响。

4.5 政策支持与科技推广共进: 助力边际土地耐逆牧草产业发展

边际土地牧草产业的发展离不开政策引导与科技推广的协同推进。政策层面,应加大对牧草种质资源系统收集、科学评价与高效利用的支持力度,为耐逆育种提供基础材料与研发保障。同时,统筹乡村振兴、高标准农田等专项资金,构建多元化投融资机制,通过财政引导社会资本,推动边际土地治理工程实施,促进土地资源可持续利用。

科技推广方面,应加快成果转化步伐,开展多层次、多形式的技术培训与示范推广,提高基层种植主体的技术应用能力,推动耐逆品种与高效管理技术的落地实施,加速草牧业向绿色化、规模化、智能化方向发展。

5 结语

耐逆牧草在边际土地开发中的应用研究为解决耕地资源约束、生态退化与粮食安全矛盾提供了创新路径。我国在盐碱地修复治理等领域开展了实践探索,已形成示范案例,验证了“以草治地”的科学性与经济性。然而,突破边际土地水土资源约束、品种耐逆阈值不足、技术标准区域适配性差等瓶颈,仍需通过多组学育种、智慧农业技术集成和跨学科协作加以解决。通过完善政策,整合各方资源,推动边际土地转变为可持续利用的重要资源,从而缓解耕地紧缺与质量下降的压力,助力乡村振兴和生态文明建设。

致谢 感谢兰州大学超级计算中心为本研究的数据分析提供计算资源支持。

参考文献

- 1 Fan J X, Tang J L. A review of research on cultivated land quality (in Chinese). *Hous Real Estate*, 2019, 18: 248–250 [范佳旭, 汤江龙. 耕地质量相关研究综述. *住宅与房地产*, 2019, 18: 248–250]
- 2 Song G, Cai Z Y, Sui H J, et al. Influence mechanism and control strategies of cultivated land degradation based on quality-ecology feedback in the Lower Liaohe River Plain (in Chinese). *Transact Chin Soc Agric Eng*, 2024, 40: 273–282 [宋戈, 蔡钊阳, 隋虹均, 等. 基于质量和生态互馈的下辽河平原耕地退化的影响机理及治理对策. *农业工程学报*, 2024, 40: 273–282]
- 3 Mu R, Yun W J, Zhang C. Evolution of the connotation of cultivated land and cultivated land protection (in Chinese). *China Agric Dev*, 2022, 11: 12–14 [穆荣, 郇文聚, 张超. 耕地内涵的演变与耕地保护. *中国农业综合开发*, 2022, 11: 12–14]
- 4 Cao X F, Sun B, Chen H B, et al. Approaches and research progresses of marginal land productivity expansion and ecological benefit

- improvement in China (in Chinese). Bull Chin Acad Sci, 2021, 36: 336–348 [曹晓风, 孙波, 陈化榜, 等. 我国边际土地产能扩增和生态效益提升的途径与研究进展. 中国科学院院刊, 2021, 36: 336–348]
- 5 Cao X F, Cao Xiaofeng: improving marginal lands to enhance food production capacity (in Chinese). Science and China, (2025-01-09) [2025-04-24]. https://scicn.casad.cas.cn/wz/202501/t20250109_5044589.html [曹晓风. 曹晓风院士: 改良边际土地扩增食物产能. 科学与中国, (2025-01-09) [2025-04-24] https://scicn.casad.cas.cn/wz/202501/t20250109_5044589.html]
 - 6 Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China. National farmland quality grading bulletin (MOA Bulletin [2014] No. 1) (in Chinese). (2014-12-17) [2025-04-24]. http://www.moa.gov.cn/govpublic/ZZYGLS/201412/t20141217_4297895.htm [中华人民共和国农业农村部. 关于全国耕地质量等级情况的公报(农业部公报[2014]1号). (2014-12-17) [2025-04-24]. http://www.moa.gov.cn/govpublic/ZZYGLS/201412/t20141217_4297895.htm]
 - 7 Nan Z B, Wang Y R, He J S, et al. Achievements, challenges and prospects of herbage seeds industry in China (in Chinese). Acta Pratacult Sin, 2022, 31: 1–10 [南志标, 王彦荣, 贺金生, 等. 我国草种业的成就, 挑战与展望. 草业学报, 2022, 31: 1–10]
 - 8 Ministry of Ecology and Environment of the People's Republic of China. Opinions of the Central Committee of the Communist Party of China and the State Council on Doing a Good Job in Comprehensively Advancing Rural Revitalization in 2022 (in Chinese). (2024-09-15) [2025-04-24] https://www.mee.gov.cn/zcwj/zyygwj/202202/t20220223_969701.shtml [中华人民共和国生态环境部. 中共中央国务院关于2022年全面推进乡村振兴重点工作的意见. (2022-02-23) [2025-04-24] https://www.mee.gov.cn/zcwj/zyygwj/202202/t20220223_969701.shtml]
 - 9 General Office of the State Council of the People's Republic of China. Opinions on practicing the holistic food supply concept and building a diversified food supply system (State Council general office document (2024) No. 46) (in Chinese). (2024-09-15) [2025-04-24] https://www.mee.gov.cn/zcwj/gwywj/202409/t20240919_1086258.shtml [国务院办公厅. 国务院办公厅关于践行大食物观构建多元化食物供给体系的意见(国办发〔2024〕46号). (2024-09-15) [2025-04-24] https://www.mee.gov.cn/zcwj/gwywj/202409/t20240919_1086258.shtml]
 - 10 National Development and Reform Commission, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, National Forestry and Grassland Administration of China. Opinions on promoting high-quality development of the forage industry (NDRC agriculture and economy (2024) No. 1579) (in Chinese). (2024-11-13) [2025-04-24] https://www.ndrc.gov.cn/xxgk/zcfb/tz/202411/t20241113_1394430.html [国家发展改革委, 农业农村部, 国家林草局. 关于推动饲草产业高质量发展的意见(发改农经〔2024〕1579号). (2024-11-13) [2025-04-24] https://www.ndrc.gov.cn/xxgk/zcfb/tz/202411/t20241113_1394430.html]
 - 11 Jin J B, Wang T, Cheng Y F, et al. Current situation and prospect of forage breeding in China (in Chinese). Bull Chin Acad Sci, 2021, 36: 660–665 [金京波, 王台, 程佑发, 等. 我国牧草育种现状与展望. 中国科学院院刊, 2021, 36: 660–665]
 - 12 Chen Z H, Li X Y, Hong J. Current status, existing problems, and suggestions for the conservation of forage germplasm resources in China (in Chinese). Pratacult Sci, 2018, 35: 186–191 [陈志宏, 李新一, 洪军. 我国草种质资源的保护现状、存在问题及建议. 草业科学, 2018, 35: 186–191]
 - 13 Liu Z, Wang Y Z, Ren W, et al. Breeding of *Puccinellia chinampoensis* Ohwi new variety Jinong No.2 (in Chinese). J Anhui Agric Sci, 2016, 44: 119–121 [刘卓, 王英哲, 任伟, 等. 朝鲜碱茅新品种“吉农2号”的选育. 安徽农业科学, 2016, 44: 119–121]
 - 14 Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China. Announcement No. 703 of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China: catalogue of forage varieties approved by the National Forage Variety Approval Committee in 2023 (in Chinese). (2023-09-05) [2025-04-24] https://www.moa.gov.cn/govpublic/xmsyj/202309/t20230905_6435868.htm [中华人民共和国农业农村部. 中华人民共和国农业农村部公告第703号-2023年全国草品种审定委员会审定通过草品种名录. (2023-09-05) [2025-04-24] https://www.moa.gov.cn/govpublic/xmsyj/202309/t20230905_6435868.htm]
 - 15 Nan Z B, Wang Y R, Nie B, et al. Breeding of Lanjian No.3 common vetch and evaluation of its characteristics (in Chinese). Acta Pratacult Sin, 2021, 30: 111–120 [南志标, 王彦荣, 聂斌, 等. 春箭筈豌豆新品种“兰箭3号”选育与特性评价. 草业学报, 2021, 30: 111–120]
 - 16 Ma F C, Fa Y S. Sowing the seeds of hope on alpine grasslands (in Chinese). China Youth Daily, (2022-04-25) [2025-04-24] https://zqb.cyol.com/html/2022-04/25/nw.D110000zgqnb_20220425_1-08.htm [马富春, 法伊莎. 播撒高山草原希望的种子. 中国青年报, (2022-04-25) [2025-04-24] https://zqb.cyol.com/html/2022-04/25/nw.D110000zgqnb_20220425_1-08.htm]
 - 17 Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China. Announcement No. 460 of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China: catalogue of forage varieties approved by the National Forage Variety Approval Committee in 2021 (in Chinese). (2021-08-27) [2025-04-24] https://www.xmsyj.moa.gov.cn/gzdt/202108/t20210827_6375013.htm [中华人民共和国农业农村部. 中华人民共和国农业农村部公告第460号-2021年全国草品种审定委员会审定通过草品种名录. (2021-08-27) [2025-04-24] https://www.xmsyj.moa.gov.cn/gzdt/202108/t20210827_6375013.htm]

- 18 Chen H, Zeng Y, Yang Y, et al. Allele-aware chromosome-level genome assembly and efficient transgene-free genome editing for the autotetraploid cultivated alfalfa. *Nat Commun*, 2020, 11: 2494
- 19 Li A, Liu A, Du X, et al. A chromosome-scale genome assembly of a diploid alfalfa, the progenitor of autotetraploid alfalfa. *Hortic Res*, 2020, 7: 194
- 20 Shen C, Du H, Chen Z, et al. The chromosome-level genome sequence of the autotetraploid alfalfa and resequencing of core germplasms provide genomic resources for alfalfa research. *Mol Plant*, 2020, 13: 1250–1261
- 21 Long R, Zhang F, Zhang Z, et al. Genome assembly of alfalfa cultivar Zhongmu-4 and identification of SNPs associated with agronomic traits. *Genomics Proteomics Bioinf*, 2022, 20: 14–28
- 22 Peng Y, Yan H, Guo L, et al. Reference genome assemblies reveal the origin and evolution of allohexaploid oat. *Nat Genet*, 2022, 54: 1248–1258
- 23 Xiong Y, Yuan S, Xiong Y, et al. Analysis of allohexaploid wheatgrass genome reveals its Y haplome origin in Triticeae and high-altitude adaptation. *Nat Commun*, 2025, 16: 3104
- 24 Zhang S, Xia Z, Li C, et al. Chromosome-scale genome assembly provides insights into speciation of allotetraploid and massive biomass accumulation of elephant grass (*Pennisetum purpureum* Schum.). *Mol Ecol Resour*, 2022, 22: 2363–2378
- 25 Huang L, Feng G, Yan H, et al. Genome assembly provides insights into the genome evolution and flowering regulation of orchardgrass. *Plant Biotechnol J*, 2020, 18: 373–388
- 26 Li T, Tang S, Li W, et al. Genome evolution and initial breeding of the Triticeae grass *Leymus chinensis* dominating the Eurasian Steppe. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2023, 120: e2308984120
- 27 Dorjee T, Tan J, Zuo Q, et al. Chromosome-scale genome analysis of *Apocynum venetum* sheds light on *Apocynum* phylogenetics, bast fiber development, and flavonoid synthesis. *Ind Crop Prod*, 2024, 212: 118325
- 28 Chen X, Lu Q, Liu H, et al. Sequencing of cultivated peanut, arachis hypogaea, yields insights into genome evolution and oil improvement. *Mol Plant*, 2019, 12: 920–934
- 29 Chang D, Gao S, Zhou G, et al. The chromosome-level genome assembly of *Astragalus sinicus* and comparative genomic analyses provide new resources and insights for understanding legume-rhizobial interactions. *Plant Commun*, 2021, 3: 100263
- 30 Wu Z Y, Chapman M A, Liu J, et al. Genomic variation, environmental adaptation, and feralization in ramie, an ancient fiber crop. *Plant Commun*, 2024, 5: 100942
- 31 Liu M, Li C, Jiang T, et al. Chromosome-scale genome assembly provides insights into flower coloration mechanisms of *Canna indica*. *Int J Biol Macromol*, 2023, 251: 126148
- 32 Mei F, Yang T, Chao H, et al. Genomic insights into drought adaptation of the forage shrub *Caragana korshinskii* (Fabaceae) widely planted in drylands. *Plant J*, 2025, 121: e17255
- 33 Yan Q, Wu F, Xu P, et al. The elephant grass (*Cenchrus purpureus*) genome provides insights into anthocyanidin accumulation and fast growth. *Mol Ecol Resour*, 2021, 21: 526–542
- 34 Wang C, Yan H, Li J, et al. Genome survey sequencing of purple elephant grass (*Pennisetum purpureum* Schum ‘Zise’) and identification of its SSR markers. *Mol Breed*, 2018, 38: 94
- 35 Teng K, Guo Q, Liu L, et al. Chromosome-level reference genome assembly provides insights into the evolution of *Pennisetum alopecuroides*. *Front Plant Sci*, 2023, 14: 1195479
- 36 Fan W, Wang S, Wang H, et al. The genomes of chicory, endive, great burdock and yacon provide insights into Asteraceae palaeopolyploidization history and plant inulin production. *Mol Ecol Resour*, 2022, 22: 3124–3140
- 37 Zhang J, Wu F, Yan Q, et al. The genome of *Cleistogenes songorica* provides a blueprint for functional dissection of dimorphic flower differentiation and drought adaptability. *Plant Biotechnol J*, 2020, 19: 532–547
- 38 Guo C, Wang Y, Yang A, et al. The *Coix* genome provides insights into Panicoideae evolution and papery hull domestication. *Mol Plant*, 2020, 13: 309–320
- 39 Wang H, Fang T, Li X, et al. Whole-genome sequencing of allotetraploid bermudagrass reveals the origin of *Cynodon* and candidate genes for salt tolerance. *Plant J*, 2024, 118: 2068–2084
- 40 Guo L, Qiu J, Ye C, et al. Echinochloa crus-galli genome analysis provides insight into its adaptation and invasiveness as a weed. *Nat Commun*, 2017, 8: 1031

- 41 Yan J, Li X, Wang L, et al. A high-continuity and annotated reference genome of allotetraploid Siberian wildrye (*Elymus sibiricus* L., Poaceae: Triticeae). *bioRxiv*, 2024, 589894
- 42 He M, He Y, Zhang K, et al. Comparison of buckwheat genomes reveals the genetic basis of metabolomic divergence and ecotype differentiation. *New Phytol*, 2022, 235: 1927–1943
- 43 Xie M, Chung C Y L, Li M W, et al. A reference-grade wild soybean genome. *Nat Commun*, 2019, 10: 1216
- 44 Feng H, Du Q, Jiang Y, et al. Hordeum I genome unlocks adaptive evolution and genetic potential for crop improvement. *Nat Plants*, 2025, 11: 438–452
- 45 Yan Q, Xu P, Xiao Y, et al. The genome of *Lespedeza potaninii* reveals biased subgenome evolution and drought adaptation. *Plant Physiol*, 2024, 195: 2829–2842
- 46 Yuan F, Wang X, Zhao B, et al. The genome of the recretohalophyte *Limonium bicolor* provides insights into salt gland development and salinity adaptation during terrestrial evolution. *Mol Plant*, 2022, 15: 1024–1044
- 47 Xu X D, Zhao R P, Xiao L, et al. Telomere-to-telomere assembly of cassava genome reveals the evolution of cassava and divergence of allelic expression. *Hortic Res*, 2023, 10: uhad200
- 48 Cui J, Lu Z, Wang T, et al. The genome of *Medicago polymorpha* provides insights into its edibility and nutritional value as a vegetable and forage legume. *Hortic Res*, 2021, 8: 47
- 49 Wu F, Duan Z, Xu P, et al. Genome and systems biology of *Melilotus albus* provides insights into coumarins biosynthesis. *Plant Biotechnol J*, 2022, 20: 592–609
- 50 Meng A, Li X, Li Z, et al. Genome assembly of *Melilotus officinalis* provides a new reference genome for functional genomics. *BMC Genom Data*, 2024, 25: 37
- 51 Hao S, Ge Q, Shao Y, et al. Chromosomal-level genome of velvet bean (*Mucuna pruriens*) provides resources for L-DOPA synthetic research and development. *DNA Res*, 2022, 29: dsac031
- 52 Ren G, Jiang Y, Li A, et al. The genome sequence provides insights into salt tolerance of *Achnatherum splendens* (Gramineae), a constructive species of alkaline grassland. *Plant Biotechnol J*, 2021, 20: 116–128
- 53 He J, Tian D, Li X, et al. A chromosome-level genome assembly for *Onobrychis viciifolia* reveals gene copy number gain underlying enhanced proanthocyanidin biosynthesis. *Commun Biol*, 2024, 7: 19
- 54 Sun G, Wase N, Shu S, et al. Genome of *Paspalum vaginatum* and the role of trehalose mediated autophagy in increasing maize biomass. *Nat Commun*, 2022, 13: 7731
- 55 Yang T, Liu R, Luo Y, et al. Improved pea reference genome and pan-genome highlight genomic features and evolutionary characteristics. *Nat Genet*, 2022, 54: 1553–1563
- 56 Guo R, Zhao L, Zhang K, et al. Genome of extreme halophyte *Puccinellia tenuiflora*. *BMC Genomics*, 2020, 21: 311
- 57 Zhang W T, Liu J, Zhang Y X, et al. A high-quality genome sequence of alkaligrass provides insights into halophyte stress tolerance. *Sci China Life Sci*, 2020, 63: 1269–1282
- 58 Xu L, Wang Y, Dong J, et al. A chromosome-level genome assembly of radish (*Raphanus sativus* L.) reveals insights into genome adaptation and differential bolting regulation. *Plant Biotechnol J*, 2023, 21: 990–1004
- 59 Li G, Wang L, Yang J, et al. A high-quality genome assembly highlights rye genomic characteristics and agronomically important genes. *Nat Genet*, 2021, 53: 574–584
- 60 Li M, Chen C, Wang H, et al. Telomere-to-telomere genome assembly of sorghum. *Sci Data*, 2024, 11: 835
- 61 Li J, Wang L, Bible P W, et al. A chromosome-scale genome sequence of sudangrass (*Sorghum sudanense*) highlights the genome evolution and regulation of dhurrin biosynthesis. *Theor Appl Genet*, 2023, 136: 60
- 62 Yan Z, Sang L, Ma Y, et al. A *de novo* assembled high-quality chromosome-scale *Trifolium pratense* genome and fine-scale phylogenetic analysis. *BMC Plant Biol*, 2022, 22: 332
- 63 Liu R, Hu C, Gao D, et al. A special short-wing petal faba genome and genetic dissection of floral and yield-related traits accelerate breeding and improvement of faba bean. *Genome Biol*, 2025, 26: 62
- 64 Xi H, Nguyen V, Ward C, et al. Chromosome-level assembly of the common vetch (*Vicia sativa*) reference genome. *Gigabyte*, 2022, 2022: 1–20
- 65 Wu X, Hu Z, Zhang Y, et al. Differential selection of yield and quality traits has shaped genomic signatures of cowpea domestication and improvement. *Nat Genet*, 2024, 56: 992–1005

- 66 Chen J, Wang Z, Tan K, et al. A complete telomere-to-telomere assembly of the maize genome. *Nat Genet*, 2023, 55: 1221–1231
- 67 Luo H, Wang X, You C, et al. Telomere-to-telomere genome of the allotetraploid legume *Sesbania cannabina* reveals transposon-driven subgenome divergence and mechanisms of alkaline stress tolerance. *Sci China Life Sci*, 2024, 67: 149–160
- 68 Tao Y, Luo H, Xu J, et al. Extensive variation within the pan-genome of cultivated and wild sorghum. *Nat Plants*, 2021, 7: 766–773
- 69 He F, Chen S, Zhang Y, et al. Pan-genomic analysis highlights genes associated with agronomic traits and enhances genomics-assisted breeding in alfalfa. *Nat Genet*, 2025, 57: 1262–1273
- 70 Yan H, Sun M, Zhang Z, et al. Pangenomic analysis identifies structural variation associated with heat tolerance in pearl millet. *Nat Genet*, 2023, 55: 507–518
- 71 Li X, Zhang C, Wang L, et al. High-quality reference genome and population analysis of allotetraploid *Elymus sibiricus* provide insight into genome origin and environmental adaptations to the Qinghai-Tibetan Plateau. *Sci China Life Sci*, 2025, 68: 2332–2347
- 72 Zhang F, Long R, Ma Z, et al. Evolutionary genomics of climatic adaptation and resilience to climate change in alfalfa. *Mol Plant*, 2024, 17: 867–883
- 73 Wu X, Liu Y, Luo H, et al. Genomic footprints of sorghum domestication and breeding selection for multiple end uses. *Mol Plant*, 2022, 15: 537–551
- 74 Liu F, Xie L, Yao Z, et al. *Caragana korshinskii* phenylalanine ammonialyase is up-regulated in the phenylpropanoid biosynthesis pathway in response to drought stress. *Biotechnol Biotech Equipment*, 2019, 33: 842–854
- 75 Li Z, Liang F, Zhang T, et al. Enhanced tolerance to drought stress resulting from *Caragana korshinskii* CkWRKY33 in transgenic *Arabidopsis thaliana*. *BMC Genom Data*, 2021, 22: 11
- 76 Li J Y, Ren J J, Zhang T X, et al. *CkREV* enhances the drought resistance of *Caragana korshinskii* through regulating the expression of auxin synthetase gene *CkYUC5*. *Int J Mol Sci*, 2022, 23: 5902
- 77 Pu Y, Wang P, Xu J, et al. Overexpression of the *Caragana korshinskii* com58276 gene enhances tolerance to drought in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Plants*, 2023, 12: 1069
- 78 Zhang J, Duan Z, Jahufer Z, et al. Stress-inducible expression of a *Cleistogenes songorica* *ALDH* gene enhanced drought tolerance in transgenic *Arabidopsis thaliana*. *Plant Omics*, 2014, 7: 438–444
- 79 Yan Q, Zong X, Wu F, et al. Integrated analysis of co-expression, conserved genes and gene families reveal core regulatory network of heat stress response in *Cleistogenes songorica*, a xerophyte perennial desert plant. *BMC Genomics*, 2020, 21: 715
- 80 Zhang Z, Xu P, Duan Z, et al. Overexpression of P5CDH from *Cleistogenes songorica* improves alfalfa growth performance under field drought conditions. *Plant Physiol Biochem*, 2024, 209: 108551
- 81 Lu L, Chen X, Zhu L, et al. NtCIPK9: a calcineurin B-like protein-interacting protein kinase from the halophyte *Nitraria tangutorum*, enhances *Arabidopsis* salt tolerance. *Front Plant Sci*, 2020, 11: 1112
- 82 Zhu L, Wu J, Li M, et al. Genome-wide discovery of CBL genes in *Nitraria tangutorum* Bobr. and functional analysis of *NtCBL1-1* under drought and salt stress. *For Res*, 2023, 3: 28
- 83 Zhao B, Gao Y, Ma Q, et al. Global dynamics and cytokinin participation of salt gland development trajectory in recretohalophyte *Limonium bicolor*. *Plant Physiol*, 2024, 195: 2094–2110
- 84 Wang M, Liu W, Feng G, et al. Comprehensive genome-wide analysis of ARF transcription factors in orchardgrass (*Dactylis glomerata*): the positive regulatory role of *DgARF7* in drought resistance. *BMC Genomics*, 2025, 26: 101
- 85 An Y, Wang Q, Cui Y, et al. Comparative physiological and transcriptomic analyses reveal genotype specific response to drought stress in Siberian wildrye (*Elymus sibiricus*). *Sci Rep*, 2024, 14: 21060
- 86 Liu Z, Liu P, Qi D, et al. Enhancement of cold and salt tolerance of *Arabidopsis* by transgenic expression of the *S*-adenosylmethionine decarboxylase gene from *Leymus chinensis*. *J Plant Physiol*, 2017, 211: 90–99
- 87 Gao Q, Li X, Jia J, et al. Overexpression of a novel cold-responsive transcript factor LcFIN1 from sheepgrass enhances tolerance to low temperature stress in transgenic plants. *Plant Biotechnol J*, 2016, 14: 861–874
- 88 Xiao Y, Hua W, Zhang Y, et al. Overexpression of auxin early response gene *LcSAUR1* (*Leymus chinensis*) increases sensitivity to alkali and drought stresses in *Arabidopsis* and rice. *Plant Physiol Biochem*, 2025, 225: 110019
- 89 Sun T, Wang W, Hu X, et al. *HSFA3* functions as a positive regulator of *HSFA2a* to enhance thermotolerance in perennial ryegrass. *Plant Physiol Biochem*, 2024, 208: 108512

- 90 Yu G, Xie Z, Lei S, et al. The NAC factor *LpNAL* delays leaf senescence by repressing two chlorophyll catabolic genes in perennial ryegrass. *Plant Physiol*, 2022, 189: 595–610
- 91 Zhang J, Li H, Huang X, et al. STAYGREEN-mediated chlorophyll a catabolism is critical for photosystem stability during heat-induced leaf senescence in perennial ryegrass. *Plant Cell Environ*, 2022, 45: 1412–1427
- 92 Liu L, Si L, Zhang L, et al. Metabolomics and transcriptomics analysis revealed the response mechanism of alfalfa to combined cold and saline-alkali stress. *Plant J*, 2024, 119: 1900–1919
- 93 Dong X, Han B, Chen J, et al. Multiomics analyses reveal *MsC3H29* positively regulates flavonoid biosynthesis to improve drought resistance of autotetraploid cultivated alfalfa (*Medicago sativa* L.). *J Agric Food Chem*, 2024, 72: 14448–14465
- 94 Luo S, Liu J, Shi K, et al. Integrated transcriptomic and metabolomic analyses reveal that *MsSPHK1*—a sphingosine kinase gene negatively regulates drought tolerance in alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Plant Physiol Biochem*, 2025, 218: 109302
- 95 Wang Y, Liu Y, Pan X, et al. A 3-ketoacyl-CoA synthase 10 (*KCS10*) homologue from alfalfa enhances drought tolerance by regulating cuticular Wax biosynthesis. *J Agric Food Chem*, 2023, 71: 14493–14504
- 96 Luo D, Liu J, Wu Y, et al. *NUCLEAR TRANSPORT FACTOR 2-LIKE* improves drought tolerance by modulating leaf water loss in alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Plant J*, 2022, 112: 429–450
- 97 Ma J, Qiu D, Gao H, et al. Over-expression of a γ -tocopherol methyltransferase gene in vitamin E pathway confers PEG-simulated drought tolerance in alfalfa. *BMC Plant Biol*, 2020, 20: 226
- 98 Shi K, Liu J, Liang H, et al. An alfalfa MYB-like transcriptional factor *MsMYBH* positively regulates alfalfa seedling drought resistance and undergoes *MsWAV3*-mediated degradation. *J Integr Plant Biol*, 2024, 66: 683–699
- 99 Liu H, Li X, Zi Y, et al. Characterization of the heat shock transcription factor family in *Medicago sativa* L. and its potential roles in response to abiotic stresses. *Int J Mol Sci*, 2023, 24: 12683
- 100 Lin S, Yang J, Liu Y, et al. *MsSPL12* is a positive regulator in alfalfa (*Medicago sativa* L.) salt tolerance. *Plant Cell Rep*, 2024, 43: 101
- 101 Ma L, Li X, Zhang J, et al. *MsWRKY33* increases alfalfa (*Medicago sativa* L.) salt stress tolerance through altering the ROS scavenger via activating *MsERF5* transcription. *Plant Cell Environ*, 2023, 46: 3887–3901
- 102 Zhang L, Sun Y, Ji J, et al. Flavonol synthase gene *MsFLS13* regulates saline-alkali stress tolerance in alfalfa. *Crop J*, 2023, 11: 1218–1229
- 103 Li C, Song T, Zhan L, et al. Overexpression of *MsRCI2A*, *MsRCI2B*, and *MsRCI2C* in alfalfa (*Medicago sativa* L.) provides different extents of enhanced alkali and salt tolerance due to functional specialization of *MsRCI2s*. *Front Plant Sci*, 2021, 12: 702195
- 104 Xu Q, Xu X, Shi Y, et al. Transgenic tobacco plants overexpressing a grass *PpEXPI* gene exhibit enhanced tolerance to heat stress. *PLoS One*, 2014, 9: e100792
- 105 Zhang H, Yu F, Xie P, et al. A G γ protein regulates alkaline sensitivity in crops. *Science*, 2023, 379: eade8416
- 106 Jin Y, Yan H, Zhu X, et al. Single-cell transcriptomes reveal spatiotemporal heat stress response in pearl millet leaves. *New Phytol*, 2025, 247: 637–650
- 107 Ye Q, Meng X, Chen H, et al. Construction of genic male sterility system by CRISPR/Cas9 editing from model legume to alfalfa. *Plant Biotechnol J*, 2022, 20: 613–615
- 108 Zhao H, Zhao S, Cao Y, et al. Development of a single transcript CRISPR/Cas9 toolkit for efficient genome editing in autotetraploid alfalfa. *Crop J*, 2024, 12: 788–795
- 109 Lin Z, Chen L, Tang S, et al. Efficient CRISPR/Cas9-mediated genome editing in sheepgrass (*Leymus chinensis*). *J Integr Plant Biol*, 2023, 65: 2416–2420
- 110 Du P F, Wang Y, Cao Y P, et al. Establishment of a genetic transformation system for *Elymus sibiricus* mediated by gene gun (in Chinese). *Acta Bot Sin*, 2021, 56: 62–70 [杜鹏飞, 王玉, 曹英萍, 等. 基因枪介导的老芒麦遗传转化体系的建立. *植物学报*, 2021, 56: 62–70]
- 111 Deng X, Pang H, Fu Y, et al. Targeted integrating hyperspectral and metabolomic data with spectral indices and metabolite content models for efficient salt-tolerant phenotype discrimination in *Medicago truncatula*. *Plant Phenomics*, 2025, 7: 100020
- 112 Sun M, Yan H, Zhang A, et al. Milletdb: a multi-omics database to accelerate the research of functional genomics and molecular breeding of millets. *Plant Biotechnol J*, 2023, 21: 2348–2357
- 113 Yu Z, Lei T, Yi X, et al. LGRPv2: a high-value platform for the advancement of Fabaceae genomics. *Plant Biotechnol J*, 2025, 23: 4057–4075
- 114 Zhu Y, Wang Z, Zhou Z, et al. HEMU: an integrated comparative genomics database and analysis platform for Andropogoneae grasses. *Plant Commun*, 2024, 5: 100786

- 115 Luo H, Zhao W, Wang Y, et al. SorGSD: a sorghum genome SNP database. *Biotechnol Biofuels*, 2016, 9: 6
- 116 Fang L, Liu T, Li M, et al. MODMS: a multi-omics database for facilitating biological studies on alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Hortic Res*, 2024, 11: uhad245
- 117 Li W, Wang Y, Liu J, et al. A gap-free complete genome assembly of oat and OatOmics, a multi-omics database. *Mol Plant*, 2025, 18: 179–182
- 118 Jiang X K, Liu C N. Application of the alfalfa gene editing database (AlfalfaGEDB): a case study of *MsHB7* and *MsPALM1* (in Chinese). *Trop Agric Sci Technol*, 2022, 45: 49–54 [蒋晓可, 刘长宁. 紫花苜蓿基因编辑数据库(AlfalfaGEDB)的应用研究-以*MsHB7*和*MsPALM1*为例. 热带农业科技, 2022, 45: 49–54]
- 119 Liu H, Ding Y, Zhou Y, et al. CRISPR-P 2.0: an improved CRISPR-Cas9 tool for genome editing in plants. *Mol Plant*, 2017, 10: 530–532
- 120 Yu Q, Xiong Y, Su X, et al. Integrating full-length transcriptome and RNA sequencing of Siberian wildrye (*Elymus sibiricus*) to reveal molecular mechanisms in response to drought stress. *Plants*, 2023, 12: 2719
- 121 Yang Z, Wang B S. Progress in techniques of improvement and utilization of saline-alkali land in China and its future trend (in Chinese). *Soil Water Conserv*, 2014, 2: 1–11 [杨真, 王宝山. 中国盐碱地改良利用技术研究进展及未来趋势. 水土保持, 2014, 2: 1–11]
- 122 Yang Z H, Lu B B, Zhao W. Saline-alkali wasteland can also become a gold mine: observation on Dongying City's innovative approaches to improving comprehensive utilization efficiency of saline-alkali land (in Chinese). *Farmers' Daily*, (2024-06-03) [2025-04-24] https://www.thepaper.cn/newsDetail_forward_27603839 [杨志华, 吕兵兵, 赵炜. 盐碱荒滩也是金山银山—山东东营市创新治理方式提升盐碱地综合利用效益观察. 农民日报, (2024-06-03) [2025-04-24] https://www.thepaper.cn/newsDetail_forward_27603839]
- 123 Feng L F, Li C. Striving for seed industry strength and securing China's food supply through scientific and technological innovation (in Chinese). *China Science Daily*, (2025-03-12) [2025-04-24] <https://news.sciencenet.cn/dz/upload/2025/3/202531271756998.pdf> [冯丽妃, 李晨. 向“种”图强, 以科技之力“把饭碗端得更牢”. 中国科学报, (2025-03-12) [2025-04-24] <https://news.sciencenet.cn/dz/upload/2025/3/202531271756998.pdf>]
- 124 Gan X. The grain yield miracle of the “Bohai Granary” project (in Chinese). *China Science Daily*, (2014-05-23) [2025-04-24] <https://www.cas.cn/zt/kjzt/13thkexing/wzl/edj/201502/P020150212404487392774.pdf> [甘晓. “渤海粮仓”的增粮奇迹. 中国科学报, (2014-05-23) [2025-04-24] <https://www.cas.cn/zt/kjzt/13thkexing/wzl/edj/201502/P020150212404487392774.pdf>]
- 125 Xu W H, Wang J L, Liu X J, et al. Scientific rationale, content, and strategies for the construction of the “Coastal Grass Belt” in China (in Chinese). *Bull Chin Acad Sci*, 2022, 37: 238–245 [胥伟华, 王建林, 刘小京, 等. 建设“滨海草带”的科技缘由、内容与对策. 中国科学院院刊, 2022, 37: 238–245]
- 126 Wang L Z, Meng Y, Pan D F, et al. Cultivation techniques of *Sesbania cannabina* in moderately saline-alkali land in Heilongjiang Province (in Chinese). *Agric Technol*, 2025, 45: 71–73 [王立志, 孟英, 潘多锋, 等. 黑龙江省中度盐碱地田菁栽培技术. 农业与技术, 2025, 45: 71–73]
- 127 Xie W G, Liu Z P, Liu G S, et al. Current status, key scientific issues, and development directions of indigenous forage breeding in China (in Chinese). *Chin J Natl Sci Found*, 2023, 37: 552–559 [谢文刚, 刘志鹏, 刘公社, 等. 我国乡土草选育的现状、关键科学问题及发展方向. 中国科学基金, 2023, 37: 552–559]
- 128 China Science Daily. Building an ecological grassland husbandry system to create a “grassland granary” (in Chinese). *China Science Daily*, (2024-11-07) [2025-04-24] https://www.cas.cn/cm/202411/t20241107_5038822.shtml [中国科学报. 创建生态草牧业, 打造草原大粮仓. 中国科学报, (2024-11-07) [2025-04-24] https://www.cas.cn/cm/202411/t20241107_5038822.shtml]
- 129 Yu H, Bai S, Li J. Towards breeding 5.0: smart variety by intelligent breeding (in Chinese). *Chin Sci Bull*, 2024, 69: 4687–4690 [余泓, 白世伟, 李家洋. 迈向育种5.0: 智能品种的智能培育. 科学通报, 2024, 69: 4687–4690]

Advances in stress-tolerant forage breeding and sustainable utilization of marginal lands

YE PeiYing[†], XU KaiMing[†], TIAN FuPing, WU ShengDan, LI MinJie, LIU JianQuan^{*} & LIU ShuYu^{*}

State Key Laboratory of Herbage Improvement and Grassland Agro-Ecosystems, College of Ecology, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China

[†] Contributed equally to this work

^{*} Corresponding authors, E-mail: liujq@lzu.edu.cn; liushuyu@lzu.edu.cn

Forage germplasm represents a foundational strategic resource critical to China's agricultural development. It plays an indispensable role in ensuring national food security, advancing agricultural supply-side structural reform, promoting ecological civilization, and fostering high-quality agricultural development. With evolving dietary patterns and the rapid expansion of the livestock industry, the demand for high-quality forage has surged in recent years. However, constrained by China's fundamental reality of "limited arable land supporting a large population", forage production must adhere to the principle of "not competing with staple crops for arable land". In this context, marginal lands, key arenas for implementing the national strategy of "storing grain in land and technology", have assumed heightened strategic importance. The rational development and utilization of these lands not only help alleviate the shortage of high-quality forage and reduce import dependence but also enhance their ecological functions, thereby achieving synergistic ecological and economic benefits. This article provides a systematic review of China's recent progress in stress-tolerant forage germplasm innovation, breeding and dissemination of improved varieties, and development and ecological management of marginal land resources. It also analyzes key technological bottlenecks and current challenges, and proposes strategic recommendations to provide scientific and technological support for ensuring both national food security and ecological security.

marginal land, frage, stress-tolerant forage variety, breeding technology, ecological management

doi: [10.1360/SSV-2025-0146](https://doi.org/10.1360/SSV-2025-0146)