

· 双清论坛“新时期草学的重大基础科学问题” ·

我国乡土草选育的现状、 关键科学问题及发展方向^{*}

谢文刚^{1* * *} 刘志鹏¹ 刘公社² 陈双燕² 胡小文¹ 钱永强³
杨培志⁴ 白史且⁵ 鄢家俊⁵ 韩云华¹ 李春杰¹

1. 兰州大学 草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室/农业农村部草牧业创新重点实验室/草地农业科技学院,兰州 730020
2. 中国科学院植物研究所 北方资源植物重点实验室,北京 100093
3. 中国林业科学研究院 生态保护与修复研究所/国家林业和草原局草原研究中心,北京 100091
4. 西北农林科技大学 草业与草原学院,杨凌 712100
5. 西南科技大学 生命科学与工程学院,绵阳 621010

[摘要] 乡土草是重要的草类植物种质资源,具有抗逆性强、适应性广、类型多样等特性。可经过人工栽培和驯化选育为草类植物新品种,也可利用其优异基因资源,创制和改良现有的牧草品种。乡土草是我国畜牧业发展和生态修复的重要物质基础,但目前我国乡土草品种匮乏、种子产量低,已成为制约草种业发展的“卡脖子”问题。本文从三个方面综述了我国乡土草育种现状:(1)我国乡土草资源丰富,但亟待加强收集、保存与利用;(2)我国具有自主知识产权的乡土草品种匮乏;(3)乡土草驯化选育以常规育种为主,分子育种发展滞后。基于研究现状和发展前沿笔者认为未来应重点关注:(1)乡土草抗逆(抗寒、抗旱、抗盐碱)、高产(草产量、种子产量、落粒、裂荚、开花期等)、优质(粗蛋白含量、香豆素含量、消化率等)性状的精准鉴定;(2)乡土草抗逆、落粒、休眠、萌发、结实率等重要农艺性状形成的分子机理和调控网络;(3)乡土草新品种与土壤、家畜和微生物的互作机制等关键科学问题。围绕以上科学问题开展乡土草抗逆、高产和优质等性状形成的生物学基础研究并建立现代高效育种和繁育技术体系有助于加速选育具有我国自主知识产权的乡土草新品种,促进其推广应用,攻克草种业“卡脖子”问题,保障国家的食物安全和生态安全。

[关键词] 乡土草;选育现状;科学问题;种质创新;育种展望

乡土草(Native Grass)是指自然生长于当地的植物,主要指草本植物,也包括小半灌木和灌木等^[1]。草地是最大的陆地生态系统,我国天然草地面积约40亿亩,占国土总面积的27.6%。据统计,我国现有各类草地植物9700多种,其中饲用植物6704种^[2],是世界上草种资源最为丰富的国家之一。乡土草由于对当地环境的长期适应性,往往具



谢文刚 兰州大学草地农业科技学院教授、博士生导师。入选国家“高层次人才特殊支持计划”青年拔尖人才、国家草业产业技术体系岗位科学家、甘肃省飞天学者。主要研究领域为牧草种质资源创新及遗传育种。以第一或通讯作者发表学术论文40余篇,主持国家级和省部级项目10余项,授权国家专利3件,出版教材和专著3部。获全国高校教师教学创新大赛二等奖、甘肃省高校教师教学创新大赛一等奖、甘肃省技术标兵等荣誉。

收稿日期:2023-04-29;修回日期:2023-07-10

* 本文根据第313期双清论坛“新时期草学的重大基础科学问题”讨论的内容整理。

** 通信作者,Email: xiewg@lzu.edu.cn

本文受到财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系、国家自然科学基金项目(31971751)、青海省帅才科学家负责制项目(2023-NK-147)和甘肃省科技重大专项(22ZD6NA007)的资助。

有抗旱、抗寒、抗病虫、耐盐碱、耐贫瘠等优良特性，可以直接经过人工栽培和驯化选育为栽培牧草、草坪草、生态草和观赏草，也可以在明确其抗逆、优质和高产等性状的基础上直接利用其优异基因，创制和改良现有的牧草品种。党的二十大报告指出：要树立大食物观理念，构建多元化的食物供给体系；2023 年中央一号文件《中共中央国务院关于做好 2023 年全面推进乡村振兴重点工作的意见》指出：建设优质节水高产稳产饲草料生产基地，要深入实施种业振兴行动。在近自然恢复理念的指导下^[3]，近年来乡土草在保障生态安全、粮食安全和生物多样性保护方面发挥重要作用。根据《2023 年全国草种供需分析报告》，2023 年天然草原修复用草种需求量估计为 4~5 万吨，以 2021 年为例：全国披碱草 (*Elymus dahuricus*)、老芒麦 (*E. sibiricus*)、冰草 (*Agropyron cristatum*)、羊草 (*Leymus chinensis*) 等生态类草种总产量为 1.14 万吨，供求缺口巨大，草种业“卡脖子”问题依然严重。因此，加快乡土草驯化选育，开展种子扩繁技术研发，将进一步推动乡土草在退化草地治理和草牧业发展中的作用，对于国家大食物观战略、生态文明和种业振兴战略的实施具有重要意义。

1 我国乡土草选育现状

1.1 我国乡土草资源丰富，但亟待加强收集、保存与利用

乡土草是重要的草类植物种质资源，因其物种类型多样、适应范围广、抗逆性强、基因资源丰富、开发利用潜力大，受到植物育种领域的广泛关注。国内外对草种质资源的利用首先是加强种质资源的收集、保存和评价。以美国、新西兰、澳大利亚为主的西方发达国家历来重视乡土草资源收集、系统研究和利用。如美国农业部林务局和爱达荷大学 2000 年创办了 *Native Plants Journal*，截至目前已发表一系列乡土草相关的研究论文，内容涉及到乡土草的收集、保存、评价、基因挖掘、种质创新、品种选育、种子扩繁到生态修复治理方面。美国农业部牧草与草原研究实验站 (USDA-FRRL) 设立了草原生态和植物改良 (Rangeland Ecology and Plant Improvement)、生物量和生物燃料 (Biomass/Biofuels)、灌溉和非灌溉草地 (Irrigated and Non-irrigated Pastures) 以及草坪草 (Turgrass) 研究室，

其中草原生态和植物改良研究室是最大的一个研究室，近年来主要集中在盆地野麦 (Basin Wildrye)、蓝束冰草 (Bluebunch Wheatgrass)、绿针茅 (Green Needlegrass)、印度落芒草 (Indian Ricegrass)、桑伯格蓝草 (Sandberg Bluegrass)、蛇河冰草 (Snake River Wheatgrass) 等近 10 种乡土草资源的收集和驯化选育。研究目的在于鉴定和评价具有重要生态和经济意义的功能性植物性状 (如幼苗的建植、生长速度、竞争能力、抗逆性和种子产量等)。选育适合不同植物群落的种质资源和改良品种，并阐明这些性状对草地应用的生态学意义。目前新西兰草地农业研究所玛格福特牧草种质中心^①从 100 多个国家收集了 165 000 份植物种子样本，代表了 70 个科 500 个属的 2 500 个物种，涉及到国内外野生植物资源、育种系和品种等，其中草类植物种质资源约 14 万份。目前在全球共享的开放性植物基因资源信息平台 Genesys^②，收集的牧草种质资源有 174 449 份，其中收集牧草资源数排名前五的是苜蓿属 (*Medicago*) 45 313 份，三叶草属 (*Trifolium*) 27 477 份，豇豆属 (*Vigna*) 10 838 份，柱花草属 (*Stylosanthes*) 9 443 份，野豌豆属 (*Vicia*) 6 569 份 (表 1)。这些宝贵的草类植物种质资源是全人类共同的财富，科研人员可以通过在线平台进行获取，为全球范围乡土草的深度研究和利用奠定坚实的基础。

与西方发达国家相比，我国乡土草资源的系统收集和研究起步较晚，始于 20 世纪 80 年代初^[4]。1988 年，我国开展了第一次全国草原资源调查，初步厘清了我国乡土草资源的种类、分布和数量。随后我国先后启动了国家科技基础专项“牧草植物种质资源整理整合及共享试点”项目 (2004 年)，948 项目“俄罗斯牧草种质资源的引进、评价、鉴定及保存利用” (2007 年)，科技基础性工作专项“我国南方草地牧草资源调查” (2017 年)，2018 年农业农村部启

表 1 我国和主要国外机构草类植物种质资源保存数量

国家/研究机构	种质数 (万份)
全国畜牧总站	5.58 ^[2]
热带牧草种质库	1.53 ^[2]
美国种质资源信息网	4.62
新西兰玛格福特种质中心	约 14.00
Genesys	17.44

① <https://secure.agresearch.co.nz/seeds/Account/Login.aspx>

② <https://www.genesys-pgr.org/>

动了各省草地资源清查等。据统计,我国已保存的牧草种质资源达 5.58 万份,草地饲用植物涵盖了 246 科 1545 属 6704 种,其中豆科 1231 种、禾本科 1127 种,其中属于我国草原特有的饲用植物有 24 科 171 属 493 种,54 种草原植物被列入我国珍稀濒危保护植物名录,占全国濒危植物总数的 14%^[5]。我国建有 1 个中心库、2 个备份库、1 个组织培养离体库、17 个草种质资源圃,收集保存了约 30% 的草类植物种质资源。同时,也出版了一批学术著作,如兰州大学南志标院士等^[1]撰写的专著《乡土草抗逆生物学》、中国科学院植物研究所刘公社等^[6]撰写的《羊草种质资源研究》、西南科技大学白史且等^[7]撰写的专著《老芒麦种质资源研究与利用》、中国农业大学贾慎修等^[8]主编的《中国饲用植物》、中国农业科学院董玉琛等^[9]主编的《中国作物及其野生资源近缘植物》、蒋尤泉^[4]主编的《饲用与绿肥作物卷》、中国热带农业科学院刘国道等^[10]主编的《中国南方牧草志》、云南省草地动物科学研究院黄必志等^[11]主编的《云南常见饲用植物》等。

虽然我国在种质资源收集和保存上取得了重要成就,但对种质资源性状评价利用仍有不足。据不完全统计,我国累计评价了 1.6 万份草类植物种质资源的抗旱、抗盐、抗寒等抗性指标和粗蛋白含量等品质指标,筛选出优质苜蓿种质资源 157 份,抗白粉病等苜蓿种质资源 396 份^[12]。此外,草类植物种质资源的遗传背景仍然不清楚,仅 2% 左右开展了遗传多样性评价。因此,在种质资源收集保存基础上,开展高产、优质和抗逆性状的表型和基因型精准鉴定,厘清遗传背景,构建整合种质资源表型和基因型的数据库,是未来种质资源挖掘和创新利用的关键。

1.2 我国具有自主知识产权的乡土草品种匮乏

将野生的乡土草驯化为栽培品种,是丰富牧草品种多样性、解决饲草品种短缺,生态草品种匮乏的主要途径。我国牧草育种始于 20 世纪 80 年代,乡土草品种选育取得了重要进展。如兰州大学王彦荣教授团队经过长达 20 年的驯化选育,培育出我国第一个超早生无芒隐子草(*Cleistogenes songorica*)新品种“腾格里”无芒隐子草,由于该品种具有极强的抗旱、耐寒特性,现已在内蒙古乌海矿山、甘肃民勤荒漠、兰州北山边坡、庆阳黄土高原等地区推广应用。南志标院士团队针对青藏高原缺乏优质豆科饲草的瓶颈,经过 10 余年的驯化选育,培育出兰箭 1、2、3 号箭筈豌豆(*Vicia sativa*)和甘青歪头菜(*V. unijuga*)4 个豆科牧草新品种。“兰箭 1 号”箭筈

豆被农业农村部 and 甘肃省列为主推品种,“兰箭 2 号”和“兰箭 3 号”箭筈豌豆新品种在西藏自治区种植推广 25 万亩,有效解决青藏高原缺乏优质豆科蛋白饲草的瓶颈,产生经济、生态和社会效益超过 1000 万元。中国科学院刘公社团队针对羊草抽穗率低、结实率低、发芽率低的问题,经过 20 余年的人工驯化成功选育中科 1 号、2 号、3 号、5 号、7 号、10 号系列羊草新品种 6 个^[13],其中中科 1 号的抽穗率达到 50% 左右,结实率由野生状态下的 10%~20%,提升至 60%~70%,种子产量实现了亩产 30~50 公斤。四川省草原科学研究院/西南科技大学白史且团队根据青藏高原退化草地改良和人工草地建植的需求,培育了披碱草属老芒麦、垂穗披碱草、短芒披碱草(*E. breviaristatus*)等 6 个品种,多次入选农业农村部、国家林草局和四川省农业农村厅、省林草局主推品种,为草原保护修复和草牧业发展提供了种源保障和技术支撑。但总体而言,我国具有自主知识产权的乡土草新品种依然匮乏。截至 2022 年,我国审定登记的国审草类植物品种有 674 个,其中野生栽培品种 161 个,仅占审定品种数的 23.88%。以 2022 年为例,全年国审草类植物新品种 23 个(农业农村部 17 个、林业草原局 6 个),驯化选育的乡土草品种为 8 个,占同期审定总数的 34.78%。在审定的乡土草品种以禾本科居多,豆科次之。

1.3 乡土草驯化选育以常规育种为主,分子育种发展滞后

植物育种经历了四个主要时期:驯化育种(1.0 版)、遗传育种(2.0 版)、分子育种(3.0 版)和智能分子(4.0 版)^[14]。乡土草大多具有多倍体、异花授粉、自交不亲和特性,遗传基础复杂,生物学基础研究薄弱,而多年生的特性使其重要性状评价和鉴定周期长,育种效率低。目前我国乡土草育种方法整体停留在育种 1.0 和育种 2.0 阶段,以驯化选择、杂交等常规育种为主。如垂穗披碱草(*E. nutans*)和老芒麦是青藏高原地区分布利用最为广泛的禾本科牧草,在生态修复和草牧业发展中发挥重要作用。截至 2022 年,我国选育垂穗披碱草国审品种 5 个,老芒麦品种 11 个,均为常规育种方法选育。

乡土草蕴藏着抗寒、抗旱、耐盐碱、抗病虫等优良基因,但同时也具有落粒严重、种子结实率低、发芽率低、种子休眠性强等不利性状。开展重要农艺性状基因挖掘和性状形成的生物学基础研究是支撑现代草类植物育种的科学技术基础。我国乡土草相关基础科学研究基础仍十分薄弱,主要体现以下三

个方面：

一是乡土草基因组信息缺乏。截至目前我国在国际上首次报道了鸭茅(*Dactylis glomerata*)^[15]、无芒隐子草^[16]、白花草木樨(*Melilotus albus Desr*)^[17]、假俭草(*Eemochloa ophiuroides*)^[18]、箭筈豌豆^[19]、金花菜(*Medicago polymorpha*)^[20]、百脉根(*Lotus corniculatus*)^[21]等乡土草基因组,但大多数乡土草由于基因组复杂、测序成本高、研究关注度低等原因基因组未见报道。

二是关键基因功能研究不足,控制重要农艺性状的分子模块不清楚。近 10 年科技部委托兰州大学南志标院士组织中国科学院、中国农业科学院、四川农业大学、西南大学、中国热带农业科学院等单位的有关专家,汇集了我国草类遗传育种的主要单位和学术力量,立项并完成了两个国家重点基础研究发展计划项目：“中国西部牧草、乡土草遗传及选育的基础研究”和“重要牧草、乡土草抗逆优质高产的生物学基础”,推动了我们乡土草基础理论研究。截至目前,我国初步开展了主要乡土草耐盐、耐铝、耐寒等分子机理研究,报道了无芒隐子草^[16]、羊草^[22]、碱茅(*Puccinellia distans*)^[23]、骆驼刺(*Alhagi sparsifolia*)^[24]和苦马豆(*Sphaerophysa salsula*)^[25]、白沙蒿(*Artemisia sphaerocephala*)^[26]、微孔草(*Microula sikkimensis*)^[27]等抗逆相关基因,草木樨香豆素、高丹草氢氰酸含量等品质相关基因资源^[17, 28]和老芒麦、垂穗披碱草开花、株高等产量相关候选基因^[29]。乡土草具有严重落粒、发芽率低、繁殖率低等特性,是限制乡土草利用的重要瓶颈问题。我国学者研究了老芒麦、垂穗披碱草落粒的分子机理、从转录组学、QTL 和全基因组关联分析等方面挖掘了一批落粒候选基因^[30, 31]。阐明了钙信号系统和植物激素信号反应与羊草自交不亲和有关^[32],研究了不同羊草种质在种子发育过程中和成熟之后的萌发特性^[33],发现 *LcMYB2* 基因可以促进干旱胁迫下羊草种子萌发和根生长^[34],羊草萌发相关基因 *LcbHLH92* 也可以调控种子颜色^[35]。这些基因资源的挖掘对于深入开展关键基因的鉴定和功能分析奠定基础。但控制乡土草重要农艺性状的关键基因尚不明确,基因和蛋白之间的调控网络上不清楚,亟待深入研究。

三是转基因和基因编辑体系未建立。乡土草蕴含着重要的抗逆基因资源是牧草改良的基因库。我国学者通过乡土草抗旱、抗寒等基因资源的挖掘,利用转基因技术创制了一批优异转基因牧草新材料。

兰州大学张吉宇等^[36, 37]将无芒隐子草两个抗旱的相关基因 *CsLEA2* 和 *CsALDH12A1*,以及抗除草剂 *bar* 基因同时转化到紫花苜蓿,获得了转 *CsLEA2* 和 *CsALDH12A1* 基因的紫花苜蓿新材料,过表达 *CsLEA2* 和 *CsALDH12A1* 紫花苜蓿通过维持相对较高的叶片相对含水量、*Fv/Fm*、净光合速率、膜保护性、细胞膜内渗透调节物质等提高转基因植株的抗旱性。卢少云等^[38]研究建立了高效、可重复的柱花草遗传转化技术,获得了共表达 *SgNCED1* 和 *ALO* 基因的转基因柱花草。转基因柱花草 ABA 和 AsA 含量及 SOD、CAT、APX 等抗氧化酶活性均高于野生型,因而提高了耐冷和抗旱性。将黄花苜蓿 *MfSAMS1* 导入柱花草,提高了转基因柱花草 S-腺苷甲硫氨酸和亚精胺含量及多胺氧化酶活性,导致 H_2O_2 积累,诱导抗氧化酶基因表达,提高了 SOD 和 CAT 活性,从而提高了柱花草耐冷性。刘林波等^[39]通过农杆菌介导转化,将旱生植物霸王(*Zygophyllum xanthoxylum*)中的 *ZxABCG11* 导入紫花苜蓿。过表达 *ZxABCG11* 可通过增加角质层蜡沉积同时提高苜蓿生物量产量、抗旱性和耐热性,在炎热干旱地区的田间条件下,转基因苜蓿生长良好,干草产量比野生型苜蓿高 50%。据不完全统计,我国通过转基因育种,获得了 22 个优质、高产的转基因牧草新材料,其中紫花苜蓿 14 个、柳枝稷(*Panicum virgatum*)5 个、百脉根 5 个和柱花草(*Stylosanthes guianensis*)1 个^[2]。国外畜牧业发达国家注重分子育种技术的研究和应用,已成功培育出转基因苜蓿品种,例如,低木质素苜蓿品种 KK179 和抗除草剂苜蓿品种 J101、J163,并在生产上得到大面积推广应用^[40]。

但目前绝大部分乡土草无遗传转化体系和基因编辑体系,尚不能在乡土草自身开展基因功能研究和基因编辑研究,极大地限制了乡土草遗传改良和从头驯化研究。

2 乡土草选育与扩繁的关键科学与技术问题

在我国按照《草品种审定规程》(GB/T 30395-2013)乡土草选育的一般程序是首先开展种质资源的系统收集保存,根据育种目标对种质资源目标性状进行鉴定评价,通过杂交或者选择驯化的方式创制育种新材料,随后开展 2~3 年品种比较试验、2~3 年区域试验和生产试验,新品种种子生产技术研发与扩繁,最后向国家或者地方品种审定委员会申

请新品种审定。由于乡土草主要来源于野生材料，因此一般会审定野生栽培驯化品种(图1)。按照这一审定程序乡土草的育种周期一般为10年左右。要加快乡土草选育进程，本文认为需要解决以下关键科学问题与技术瓶颈。

一是乡土草抗逆、高产、优质性状的精准鉴定技术体系。优异的牧草种资源的挖掘和鉴定是创新利用的前提和基础，利用高通量表型平台、新一代基因测序技术和分子标记技术对主要目标性状进行精准鉴定，挖掘优异基因资源，是现代草类植物育种首先要解决的问题。

二是乡土草抗逆、落粒、休眠、萌发、结实率等重要农艺性状形成的分子机理和调控网络。乡土草具有抗寒、抗旱、耐盐碱等优良特性，同时多数乡土草具有落粒性强、种子休眠、萌发困难、结实率低等生产利用中需要改良的不利性状。破译乡土草的基因组信息、利用多组学技术挖掘控制主要目标性状的关键基因，解析其上下游分子调控网络，是乡土草主要目标性状遗传改良和未来分子设计育种的重要基础。

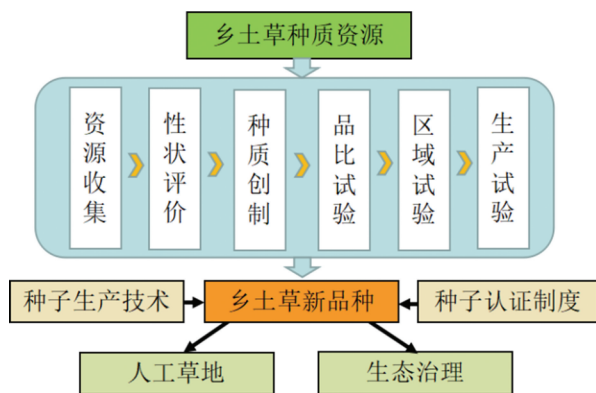


图1 乡土草选育和应用一般程序

三是乡土草现代高效育种技术体系。建立种质资源收集、保存和精准鉴定的技术；开展基因资源高效挖掘和创新利用；结合常规和分子育种技术手段创制新材料、选育新品种；研制高效种子生产技术，建立种子认证制度；对新品种进行经济、生态和社会效益综合评价。

四是乡土草新品种与土壤、家畜和微生物的互作机制。按照草地农业系统界面理论，要提高乡土草品种生产潜力和利用转化综合效率，需要揭示乡土草品种与土壤、家畜生产性能、以及根际、叶际、根际微生物等的互作机制。

3 乡土草选育的发展方向

3.1 建立高效的育种技术和评价体系

应加强对不同生态区域特色乡土草资源的广泛收集，利用表型组、育种加速器和分子标记技术对目标性状进行高效精准鉴定，厘清优异种质材料的遗传关系，建立种质资源数据库共享平台。联合选择育种、倍性育种、诱变育种等常规育种技术和分子标记辅助选择、转基因、基因编辑技术、全基因组选择和分子设计育种技术创新新种质，构建乡土草高效育种技术体系(图2)。最终对新品种进行种子生产并从生态效益、经济效益和社会效益等方面进行综合评价。

3.2 开展乡土草高产、优质和抗逆形成的生物学基础研究

乡土草对环境有极强的适应性，蕴藏着重要的抗逆基因资源，但是由于驯化时间短、野生性强，也常具有落粒、裂荚、结实率低、发芽率低、休眠、硬实等影响乡土草利用的不利性状。建议结合我国不同生态区域重要乡土草资源，如青藏高原区的老芒麦、垂穗披碱草、箭筈豌豆；北方草原区的羊草、无芒雀

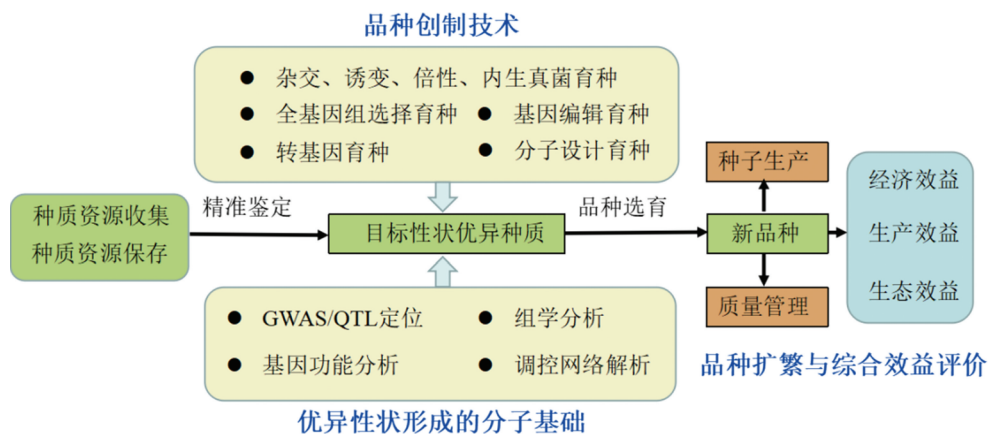


图2 乡土草高效育种技术体系

麦、冰草；南方草山区的鸭茅、高羊茅；滨海盐碱区的雀稗、草木樨等草种，开展高产（草产量、种子产量、落粒、裂荚、开花期等）、优质（香豆素含量、消化率、粗蛋白含量等）和抗逆（抗寒、抗旱、耐盐碱等）形成的生物学基础研究。利用基因组学技术、计算生物学、分子遗传学等技术方法挖掘高产、抗逆、优质等分子元件、解析重要性状形成的分子机理。此外，基于大多数乡土草无遗传转化系统、基因编辑体系的技术瓶颈，可在基因枪转化、根瘤农杆菌介导、发根农杆菌介导、花粉管通道法、茎尖或芽尖分生组织转化和纳米载体介导等不同转化技术上进行深入探索，建立高效稳定遗传转化体系，并进一步建立高效基因编辑体系，为重要乡土草基因功能研究和基因编辑育种奠定基础。

3.3 开展乡土草与微生物互作机制研究

在草地农业生态系统中，乡土草与土壤—家畜—微生物相互作用。传统植物育种过程中仅仅考虑植物本身基因控制的性状，而越来越多的研究证明植物—微生物形成了生命共同体，微生物组是植物的“第二基因组”，对植物生长发育与性状形成至关重要。大量研究表明内生真菌与寄主植物形成共生体后，可增强植物抗逆性、提高生物量。丛枝菌根真菌作为与大多数植物共生的土壤有益菌，与植物共生形成的菌根体系在提高土壤微生物群落多样性，提高植物重金属耐性、提高寄主植物养分吸收方面具有重要作用。未来可利用植物微生物组定向调控技术、沃土微生物组定向培育技术，研究乡土草微生物群落组成和功能的环境适应性机理；同时利用现代生物技术和信息技术手段揭示乡土草和微生物互作分子机理、挖掘优异等位变异，创制绿色增产和高效防控的优异新材料。

3.4 研发乡土草种子高效生产技术

目前，乡土草品种匮乏、草种质量不高是限制我国乡土草种在生态修复领域规模化利用的瓶颈之一，急需研发种子高效生产技术体系，建立长期保存的规模化种子生产基地。乡土草品种的繁殖必须提高种子产量和质量。因此，未来应基于乡土草自身繁殖特性，从种子田高效建植、养分高效利用、关键生育期调控、收获及收获后管理、全程机械化等研发乡土草新品种（系）种子高产关键技术。揭示减肥增效、生长调控、多年稳产、促生微生物作用、高效育苗移栽等种子高产资源高效利用的耦合机制。

参 考 文 献

- [1] 南志标, 王彦荣, 傅华, 等. 乡土草抗逆生物学. 北京: 科学出版社, 2021.
- [2] 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(6): 1—10.
- [3] 贺金生, 卜海燕, 胡小文, 等. 退化高寒草地的近自然恢复: 理论基础与技术途径. 科学通报, 2020, 65(34): 3898—3908.
- [4] 蒋尤泉. 我国牧草种质资源的研究成就与展望. 东北师范大学报(自然科学版), 1996, 28(3): 93—96.
- [5] 刘加文. 种质资源: 我国草种业的“芯片”. (2019-05-27)/[2023-01-04]. <http://www.forestry.gov.cn/main/72/20190527/091035542701377.html>.
- [6] 刘公社, 李晓峰. 羊草种质资源研究. 北京: 科学出版社, 2011.
- [7] 白史且, 鄢家俊. 老芒麦种质资源研究与利用. 北京: 科学出版社, 2020.
- [8] 陈默君, 贾慎修. 中国饲用植物. 北京: 中国农业出版社, 2002.
- [9] 董玉琛, 刘旭. 中国作物及其野生近缘植物. 北京: 中国农业出版社, 2015.
- [10] 刘国道, 杨虎彪. 中国南方牧草志—第一卷—豆科. 北京: 科学出版社, 2022.
- [11] 黄必志, 钟声. 云南常见饲用植物. 昆明: 云南科技出版社, 2016.
- [12] 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(6): 660—665.
- [13] 刘公社, 王德利, 石凤翎, 等. 羊草种质资源研究历程及启示. 中国草地学报, 2022, 44(4): 1—9.
- [14] Wallace JG, Rodgers-Melnick E, Buckler ES. On the road to breeding 4.0: unraveling the good, the bad, and the boring of crop quantitative genomics. Annual review of genetics, 2018, 52: 421—444.
- [15] Huang LK, Feng GY, Yan HD, et al. Genome assembly provides insights into the genome evolution and flowering regulation of orchardgrass. Plant Biotechnology Journal, 2020, 18(2): 373—388.
- [16] Zhang JY, 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 Biotechnology Journal, 2021, 19(3): 532—547.
- [17] Wu F, Duan Z, Xu P, et al. Genome and systems biology of *Melilotus albus* provides insights into coumarins biosynthesis. Plant Biotechnology Journal, 2022, 20(3): 592—609.

- [18] Wang JJ, Zi HL, Wang R, et al. A high-quality chromosome-scale assembly of the centipedegrass [*Eremochloa ophiuroides* (Munro) Hack.] genome provides insights into chromosomal structural evolution and prostrate growth habit. *Horticulture Research*, 2021, 8(1): 1–13.
- [19] Xi HW, Nguyen V, Ward C, et al. Chromosome-level assembly of the common vetch (*Vicia sativa*) reference genome. *GigaByte (Hong Kong, China)*, 2022, 2022: gigabyte38.
- [20] Cui JW, Lu ZG, Wang TY, et al. The genome of *Medicago polymorpha* provides insights into its edibility and nutritional value as a vegetable and forage legume. *Horticulture Research*, 2021, 8(1): 1–12.
- [21] Sun ZM, Jiang SJ, Wang D, et al. Single-cell RNA-seq of *Lotus japonicus* provide insights into identification and function of root cell types of legume. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2023, 65(5): 1147–1152.
- [22] Jia JT, Zhao PC, Cheng LQ, et al. MADS-box family genes in sheepgrass and their involvement in abiotic stress responses. *BMC Plant Biology*, 2018, 18(1): 1–11.
- [23] Cao SM, Yang F, Zhang HH, et al. Physiological and transcriptome profiling analyses reveal important roles of *Streptomyces rochei* D74 in improving drought tolerance of *Puccinellia distans* (Jacq.) Parl. *Environmental and Experimental Botany*, 2023, 207: 105204.
- [24] Ullah A, Tariq A, Sardans J, et al. *Alhagi sparsifolia* acclimatizes to saline stress by regulating its osmotic, antioxidant, and nitrogen assimilation potential. *BMC plant biology*, 2022, 22(1), 453.
- [25] 王若梦, 董宽虎. NaCl胁迫对苦马豆苗期脯氨酸代谢的影响. *草地学报*, 2012, 20(4): 705–710.
- [26] Zhang LJ, Hu XW, Miao XM, et al. Genome-scale transcriptome analysis of the desert shrub *Artemisia sphaerocephala*. *PLoS One*, 2016, 11(4): e0154300.
- [27] Wu SJ, Zhang LJ, Chen XL, et al. Identification and functional analysis of a $\Delta 6$ -desaturase gene and the effects of temperature and wounding stresses on its expression in *Microula sikkimensis* Leaves. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry*, 2013, 77(9): 1925–1930.
- [28] Wu GF, Yu XX, Yu Z, et al. Fine mapping of a major QTL *qPA7-1* for low hydrocyanic acid content in sorghum-sudangrass hybrid. *Genome*, 2022, 65(12): 605–619.
- [29] Zheng YY, Wang N, Zhang ZY, et al. Identification of flowering regulatory networks and hub genes expressed in the leaves of *Elymus sibiricus* L. using comparative transcriptome analysis. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 877908.
- [30] Zhang ZY, Zheng YY, Zhang JC, et al. High-altitude genetic selection and genome-wide association analysis of yield-related traits in *Elymus sibiricus* L. using SLAF sequencing. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 874409.
- [31] Zhao YQ, Zhang JC, Zhang ZY, et al. *Elymus nutans* genes for seed shattering and candidate gene-derived EST-SSR markers for germplasm evaluation. *BMC Plant Biology*, 2019, 19(1): 1–15.
- [32] Chen SY, Jia JT, Cheng LQ, et al. Transcriptomic analysis reveals a comprehensive calcium- and phytohormone-dominated signaling response in *Leymus chinensis* self-incompatibility. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(9): 2356.
- [33] Yang WG, Liu S, Yuan GX, et al. Germination characteristics among different sheepgrass (*Leymus chinensis*) germplasm during the seed development and after-ripening stages. *Peer Journal*, 2019, 7: e6688.
- [34] Zhao PC, Hou SL, Guo XF, et al. A MYB-related transcription factor from sheepgrass, *LcMYB2*, promotes seed germination and root growth under drought stress. *BMC Plant Biology*, 2019, 19: 564.
- [35] Zhao PC, Li XX, Jia JT, et al. bHLH92 from sheepgrass acts as a negative regulator of anthocyanin/proanthocyanidin accumulation and influences seed dormancy. *Journal of Experimental Botany*, 2019, 70(1): 269–284.
- [36] Zhang JY, Duan Z, Zhang DY, et al. Co-transforming *bar* and *CsLEA* enhanced tolerance to drought and salt stress in transgenic alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 2016, 472(1): 75–82.
- [37] Duan Z, Zhang DY, Zhang JQ, et al. Co-transforming *bar* and *CsALDH* genes enhanced resistance to herbicide and drought and salt stress in transgenic alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Frontiers in Plant Science*, 2015, 6: 1115.
- [38] Lu SY, Zhuo CL, Wang XH, et al. Nitrate reductase (NR)-dependent NO production mediates ABA- and H₂O₂-induced antioxidant enzymes. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2014, 74: 9–15.
- [39] Liu LB, Bao AK, Li HJ, et al. Overexpression of *ZxABCG11* from *Zygophyllum xanthoxylum* enhances tolerance to drought and heat in alfalfa by increasing cuticular wax deposition. *The Crop Journal*, 2022.
- [40] 谢华玲, 杨艳萍, 董瑜, 等. 苜蓿国际发展态势分析. *植物学报*, 2021, 56(6): 740–750.

Current Situation, Scientific Problem and Prospect of Native Grass Breeding in China

Wengang Xie^{1*} Zhipeng Liu¹ Gongshe Liu² Shuangyan Chen² Xiaowen Hu¹ Yongqiang Qian³
Peizhi Yang⁴ Shiqie Bai⁵ Jiajun Yan⁵ Yunhua Han¹ Chunjie Li¹

1. *State Key Laboratory of Herbage Improvement and Grassland Agro-ecosystems/Key Laboratory of Grass and Animal Husbandry Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Lanzhou 730020*
2. *Key Laboratory of Plant Resources Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093*
3. *Institute of Ecological Conservation and Restoration /Grassland Research Center, National Forestry and Grassland Administration, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091*
4. *College of Grassland Agriculture, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100*
5. *School of Life Science and Engineering, Southwest University of Science and Technology, Mianyang 621010*

Abstract Native grass is an important germplasm resource of herbaceous plants, which has the characteristics of strong stress resistance, wide adaptability and diverse types. It can be artificially cultivated and domesticated to develop new varieties of herbaceous plants, and its excellent genetic resources can also be used to improve existing forage varieties. Native grass varieties are important material basis for the development of animal husbandry and ecological restoration in China, but at present, there is a shortage of native grass varieties in China, and low seed yield has become a “stuck neck” problem restricting the development of grass seed industry. This study reviews the current status of native grass breeding in China from three aspects: (1) China is rich in native grass resources, but it is urgent to strengthen collection, preservation and utilization; (2) There is a shortage of native grass varieties with independent intellectual property rights in China; (3) The domestication and breeding of native grasses is mainly based on conventional breeding, and the development of molecular breeding lags behind. Based on the research status and development frontier, the author believes that in the future, we should focus on: (1) the accurate identification of stress-resistant, high-yield and high-quality traits of native grass species; (2) Molecular mechanism and regulatory network of the formation of important agronomic traits such as stress resistance, seed shattering, dormancy, germination and setting rate of native grass; (3) the interaction mechanism of new native grass varieties with soil, livestock and microorganisms. The solution of these scientific problems and the breakthrough of modern breeding technology system will help China accelerate the selection and breeding of new varieties of native grass with independent intellectual property rights, promote their popularization and application, overcome the “stuck neck” problem of grass seed industry, and ensure national food security and ecological security.

Keywords native grass; breeding situation; scientific issue; germplasm innovation; breeding prospect

(责任编辑 刘敏 姜钧译)

* Corresponding Author, Email: xiewg@lzu.edu.cn