

DOI:10.12405/j.issn.2097-1486.2024.04.002

编者按:

苜蓿作为兼具饲用价值与生态效益的战略性作物,其育种创新对保障我国草牧业安全、粮食安全以及农业可持续发展具有重要战略意义。本文梳理了基因编辑和全基因组关联分析等前沿生物技术在苜蓿育种中的应用,介绍了我国在这一领域取得的进展,讨论了当前苜蓿领域基础研究与产业发展中存在的问题,并对未来的研究方向进行了展望。这对实现饲草供给安全与生态保护的双赢目标具有重要参考价值,同时也方便读者了解该领域的前沿动态。

生物技术在苜蓿育种中的应用进展与挑战

李一诺,刘纹琪,裴雁曦*

山西大学 生命科学学院,山西 太原 237016

摘要:苜蓿(*Medicago sativa* L.)是一种多年生豆科牧草,因其卓越的营养价值、生态效益和经济价值而受到广泛重视。在这一领域,我国的科学研究、育种技术和国际合作等多个方面取得了显著进展,但仍面临诸多挑战。这要求我们加强自主创新能力,提高苜蓿品种的质量与产量,以满足市场对优质饲草日益增长的需求。本文综述了苜蓿研究领域的主要进展,重点介绍了植物基因编辑系统、全基因组关联分析、转基因技术及分子标记辅助选择等生物技术在苜蓿育种中的应用。此外,本文还讨论了当前苜蓿领域基础研究与产业发展中存在的问题,并对未来的研究方向进行了展望。

关键词:苜蓿;生物技术;育种方法;育种目标

中图分类号:S567

文献标志码:A

文章编号:2097-1486(2024)04-0323-10

Application and challenges of biotechnology in alfalfa breeding

LI Yinuo, LIU Wenqi, PEI Yanxi*

School of Life Science, Shanxi University, Taiyuan 237016, China

Abstract: *Medicago sativa* L. is the perennial leguminous forage grass. It is widely valued for its excellent nutritional value, ecological benefit and economic value. We have made significant progress in this field, especially in the aspects of scientific research, breeding technology, and international cooperation, but we still face many challenges. This requires us to enhance our independent innovation capabilities and to improve the quality and yield of alfalfa varieties in order to meet the growing market demand for high-quality forage. In this paper, the main progress in alfalfa research was summarized, and the application of biotechnology such as plant gene editing system, genome-wide association study, transgenic technology and molecular marker-assisted selection in alfalfa breeding was emphatically introduced. This paper also discusses the problems existing in the basic research and the industrial development of alfalfa at present, and looks forward to the future research.

Key words: *Medicago sativa* L.; biotechnology; breeding methods; breeding goal

*通信作者

收稿日期:2024-11-07;修回日期:2024-12-11

0 引言

苜蓿(*Medicago sativa* L.)是一种多年生草本豆科植物,以其强大的适应性、丰富的营养价值和卓越的饲用价值而闻名,它是全球分布最广泛、栽培面积最大的豆科牧草,被誉为“牧草之王”^[1]。世界范围内,苜蓿属植物的种类超过 100 种,其中大约有 67% 的品种为一年生植物,而剩下的约 33% 则为多年生植物^[2-3]。我国是苜蓿属资源分布较为丰富的地区之一,但由于种内和种间杂交等因素的影响,苜蓿属的种类数量在我国存在不同的记载,例如在《中国高等植物图鉴》记录了 7 种苜蓿属植物,《中国苜蓿》中记载了 12 个种以及 3 个变种、6 个变型;根据 1982 年修订版的《中国种子植物科属词典》记载的苜蓿属植物有 16 种,《中国沙漠植物志》记载有 10 种,而《中国植物志》记录的是 13 个种和 1 个变种^[4]。苜蓿属的物种主要有紫花苜蓿、黄花苜蓿(*Medicago falcata*)、杂花苜蓿(*Medicago rivularis*)、天蓝苜蓿(*Medicago lupulina*)、南苜蓿(*Medicago polymorpha*)、小苜蓿(*Medicago minima*)等。其中紫花苜蓿最具经济价值,因而成为世界范围内主要的优质栽培牧草种之一,也是苜蓿属栽培最多的种。

紫花苜蓿富含蛋白质、维生素和矿物质,可以作为优质的饲料资源,特别适合牛、羊、马等畜牧动物的饲养。其根部共生的固氮菌能够将大气中的氮气转化为植物可利用的形式,从而提升土壤肥力并减少化肥的使用。紫花苜蓿拥有发达的根系,有助于防止水土流失,改善土壤结构,增强土壤的保水和保肥能力,改良贫瘠土壤,增加土壤有机质,恢复土地的生产力。现代研究还发现,紫花苜蓿含有多种活性成分,含有皂苷和黄酮类化合物,这些成分具有降血糖、抗炎和抗氧化等多种药理作用,进一步提升了苜蓿在农业和医学领域的应用价值^[5]。此外,在荒漠化治理和生态恢复项目中,紫花苜蓿常被用作先锋植物,促进生态系统的恢复和重建。黄花苜蓿具有出色的抗寒性和耐寒性,适应性广泛,是豆科牧草中一种优秀的抗性种质资源。杂花苜蓿是紫花苜蓿与黄花苜蓿的种间杂交品种,由于其花朵颜色丰富多变,所以也被称为多变苜蓿。杂花苜蓿自身携带的变异基因,包含了紫花苜蓿的许多优良特性,也继承了黄花苜蓿的优点,具有较强的抗寒性、抗旱性和抗逆性,适合在我国北方的干旱、半干旱地区以及轻度盐渍化的土壤中种植^[6]。天蓝苜蓿具有天蓝色或淡蓝色的花朵,其美观的花色,有时也会被种植用于

景观美化,具有一定的耐旱性和适应性,能够在较为贫瘠的土地上生长,包括那些不适合其他作物生长的土壤类型。南苜蓿又称为多变苜蓿或斑翅苜蓿,常见于温暖气候区,相较于其他苜蓿品种,南苜蓿对干旱、瘠薄土壤以及一定程度的盐碱地都有较好的耐受性,但不如紫花苜蓿那样耐寒。小苜蓿植株低矮,通常高度在 5~20 cm 之间,茎匍匐地面生长,能够形成密集的植被覆盖,适合砂质土壤生长,适合用于环境恢复项目和贫瘠土地的改良工作。由此可见,苜蓿适应性强、品种多、栽培历史长、分布范围广,具有生产力稳定、利用年限长、营养价值高、适口性好、饲喂畜禽效果佳、蓄水保土、防风固沙、改土肥田、后作增产和恢复植被、保护生态等应用价值,深深地植根于我国传统的农业体系之中,发挥了极大的作用,被广泛应用于农业、畜牧业、生态建设和食品工业等领域。

作为我国栽培时间最久、经济价值最高的豆科牧草之一,紫花苜蓿在中国已有超过两千年的种植历史,其产量的提升将显著推动全国牧草总产量的增加^[7]。优质牧草不仅是我国畜牧业发展的基础,也是保障国家食品安全的重要组成部分^[8]。近年来,受国家政策和社会需求的拉动,苜蓿越来越受到人们的重视,使我国苜蓿产业得到了快速地发展,但中国苜蓿育种方面存在多个短板。

草食畜牧业的发展既符合了农业结构调整,也满足了消费者多样膳食结构的变化。近年来,随着居民生活水平的进一步提升,消费市场对牛羊肉及奶制品的需求日益增加^[9]。2022 年农业农村部发布的《“十四五”全国饲草产业发展规划》预计对优质饲草的需求将会超过 1.2 亿吨,而当前仍然存在的供应缺口高达 5 000 万吨的^[10]。其中的关键原因有两点:一是我国自主研发培育的牧草品种较少。于 2022 年底统计,美国和欧洲国家拥有牧草品种多达 5 000 余个,而我国仅有 674 个新品种。二是引进品种的生产性能、饲用品质都远超我国自主研发培育的牧草品种,导致进口的商业化牧草种源超过 1/3^[11]。由于育种数量不足,市场上可供选择的优良苜蓿品种较少,导致整体产量难以提升,无法满足国内畜牧业对优质饲草的需求。同时,国内优质苜蓿供应不足,迫使大量进口苜蓿干草,增加了养殖成本,影响了畜牧业的可持续发展,对我国的饲料制造业和畜牧业安全带来严重风险。

苜蓿作为不可或缺的优质牧草,在促进畜牧业发展、保障食品安全以及生态恢复等方面具有至关重要的作用。面对当前国内苜蓿遇到的挑战,需要

我们加强自主创新能力,提升苜蓿品种的质量与产量,以满足市场对优质饲草日益增长的需求。未来,随着苜蓿产业的不断壮大,我们有望见证一个更加繁荣苜蓿农业生态系统。

1 生物技术在苜蓿育种中的主要应用

生物技术在苜蓿育种过程中日益重要,利用先进的现代生物技术手段,研究人员能够更精准地改良苜蓿的遗传特性,培育优质、抗逆、高产的苜蓿品种。

1.1 clustered regularly interspaced short palindromic repeats/CRISPR-associated protein 9 (CRISPR/Cas9) 基因编辑系统

CRISPR/Cas9 基因编辑系统(CRISPR/Cas9)技术是一种新型的基因组精准编辑工具,由导向RNA和Cas9核酸酶构成。导向RNA与特定的基因组序列进行特异性结合,引导Cas9蛋白到指定的位置进行切割,使双链断裂。这一过程会激活细胞内的DNA修复机制,在修复时可能引入变异,完成对目标基因的精确编辑^[12]。CRISPR/Cas9基因编辑技术与传统方法相比,具有操作简单、高效、广泛应用和成本低的优点,为基因工程领域提供了新的研究思路和方法,在生物技术领域发挥了积极作用^[13]。

2015年,明尼苏达大学开发了预测CRISPR/Cas9目标位点的在线工具。研究人员利用优化的大豆密码子构建了一个包含sgRNA的CRISPR/Cas9载体,并通过根毛转染技术将载体转化大豆以及蒺藜苜蓿。分子检测结果显示靶标基因在两种植物的根毛细胞中均成功诱导了多种突变^[14]。2016年,MENG等人进一步改进CRISPR/Cas9系统后,使用农杆菌侵染技术诱导了蒺藜苜蓿*MtPDS*基因的编辑并获得纯合突变体,进而验证了CRISPR/Cas9系统在蒺藜苜蓿中的有效性和可行性^[15]。2017年,Curtin^[16]运用CRISPR/Cas9技术成功同时编辑了蒺藜苜蓿的*Medtr4g020620*与*Medtr2g013650*。这些研究结果证明,CRISPR/Cas9系统在蒺藜苜蓿的基因功能研究中已经被广泛应用,对于促进共生固氮、植物发育及植物抗逆境等领域的研究起到了重要作用。2021年,科学家在蒺藜苜蓿中使用了CRISPR/Cas9的方法指导RNA来敲除两个负责苜蓿属物种中大豆皂苷元B合成的基因,以期观察皂苷途径基因的差异表达,为CRISPR/Cas9在植物来源的高价值化合物代谢工程中提供新的见解,并且有利于研究皂苷在植物中的生理功能^[17]。2023年,通过使用CRISPR/Cas9系统和优化的农杆菌转化

方法,对苜蓿*R108*基因型进行了高效的基因敲除,并成功获得了无外源转基因的纯合突变体^[18]。

未来,随着研究的深入,CRISPR/Cas9系统的应用范围将进一步扩展到如紫花苜蓿这样的复杂基因组栽培豆科牧草上,将大大加速这类植物的遗传优化进程。

1.2 全基因组关联分析

全基因组关联分析(Genome-Wide Association Study, GWAS),是利用群体中的连锁不平衡特征,在全基因组范围内评估大量遗传变异最终识别出目标性状与分子标记之间的联系,筛选到与表型特征相关的分子标记。自21世纪初首次用于人类疾病研究以来,GWAS已经彻底革新了我们对复杂性状遗传研究的理解,并在农业和生态学等多个领域得到广泛应用^[19]。

GWAS有助于提升作物的耐盐性,研究人员对198个紫花苜蓿品种在盐胁迫下的株高、干重、气孔导度和叶绿素含量进行统计分析,筛选出42个SNP位点与耐盐性相关^[20]。而Medina等研究学者^[21]通过GWAS评估了紫花苜蓿在盐胁迫下的产量和活力性状,GWAS筛选了27个与耐盐性相关的SNP标记,并对多个候选基因进行定位。这些发现为改良紫花苜蓿的耐盐性和提高产量提供了重要工具,有助于加速育种进程。

2017年,研究人员使用三个不同休眠级别的紫花苜蓿进行杂交,随后利用产生的154株F1代植株进行GWAS分析。最终成功鉴定得到83个与饲草品质相关的单核苷酸多态性位点,并构建了相关物理图谱^[22]。这一研究结果提供了新的标记性状关联与候选基因座,为等位基因整合到紫花苜蓿奠定了基础。在2023年,利用三年内的表型数据,对220个紫花苜蓿种质进行了GWAS分析,从而剖析了叶长和叶宽的遗传结构^[23]。在2023年,通过对来自地中海地区的242个样本进行GWAS分析,研究了苜蓿黄萎病菌新分离物抗性的遗传控制,结果显示,温度升高可能增强病原体的适应性,对作物生产构成威胁^[24]。2024年,有研究学者通过GWAS分析了171个苜蓿基因型的根系构型和产量性状,鉴定出了60个显著的单核苷酸多态性和19个与根发育相关的候选基因,结果表明,有利单倍型能够显著增加苜蓿的干重和饲料产量,且这些基因尚未受到人类选择的影响,为苜蓿根系发育的遗传基础提供了新的见解^[25]。

全基因组关联分析的应用,能够帮助研究人员在苜蓿中鉴定出特定性状的遗传变异,阐明这些性

状背后的遗传调控网络。这一研究成果为紫花苜蓿的遗传研究和新品种开发提供了依据和方法。

1.3 遗传转化技术

遗传转化技术是分子育种的关键技术,在植物科学领域功能基因组学研究中也发挥重要的作用。遗传转化技术是利用分子生物学工具,在成熟的植物组织培养体系或植物特殊的发育阶段将重组DNA导入生物体内的现代生物技术手段^[26]。

杂花苜蓿广泛生长在高寒及荒漠草原区域,具备耐寒、耐旱、耐盐碱以及耐践踏等优良特性,相比紫花苜蓿及其他豆科牧草,杂花苜蓿具有出色的抗旱能力^[27]。研究人员将来自杂花苜蓿的克隆基因 *MrDREB1*、*MrLEA2* 和 *MrDHN3* 导入紫花苜蓿,培育新的紫花苜蓿品种,脱落酸和生长素信号通路作为关键调节因子,通过调节渗透调节系统和光合作用,帮助紫花苜蓿适应干旱条件,从而增强其对恶劣环境的耐受性^[28]。同时,它也可以成为提高苜蓿和其他牧草豆科植物抗逆性的良好基因资源。

研究显示 RAV 蛋白在应对环境胁迫(如干旱、盐分、低温和病害感染)以及调控植物生长发育(如开花、芽生长、叶片老化以及向激素的积累)中发挥着多方面的作用^[29]。研究人员分离了来自蒺藜苜蓿中的 *MtRAV3* 基因,并在蒺藜苜蓿中过表达 *MtRAV3* 基因,研究发现过表达 *MtRAV3* 的植株出现矮化、开花时间延迟、枝条增加,对甘露醇、干旱和盐胁迫的耐受性增强的现象^[30]。*MtRAV3* 可以作为豆科植物分子育种的良好候选基因。

研究人员将 *ZxABCG11* 基因导入紫花苜蓿后,苜蓿产生的角质层结构能够通过减少植物表皮的蒸腾作用,提高苜蓿的抗旱能力^[31]。将水稻金属硫蛋白基因 *rgMT* 导入紫花苜蓿,使 *rgMT* 基因在植株中稳定表达,苜蓿的耐盐性显著提高^[32]。将 *ZxNHX1-Pc* 基因导入紫花苜蓿后,转基因的苜蓿会积累更多的 Na^+ 、 Cl^- ,在盐胁迫条件下自身的渗透调节能力提高,从而在生长过程中长势良好且有较高的营养品质^[33]。

遗传转化技术作为现代生物技术的核心工具,已经成为植物基因工程 and 现代农业分子育种不可或缺的重要手段,目前常用的遗传转化方法是农杆菌转化法和 DNA 直接导入法。开发既安全,又能高效表达的遗传转化方法是当前分子生物学、遗传育种和基因工程领域的研究关键。

1.4 分子标记辅助选择

分子标记辅助选择(Marker-Assisted Selection,

MAS)可以整合使用DNA标记获得的信息以及数量性状表型测量的方法,通过分子标记检测目的基因,进而达到选择目标性状的目的。分子标记辅助选择技术具有检测准确、不受环境影响等优点^[34]。

MAS技术在紫花苜蓿栽培抗逆性、抗病性和品质改良方面发挥极大的推动作用,为紫花苜蓿不同性状相关分子标记的开发提供了重要的基础信息。MAS技术可以用来提升作物抗旱能力,通过连锁定位和RNA-seq分析,揭示了紫花苜蓿耐旱性的遗传和分子机制,鉴定了多个与耐旱性相关的QTL和候选基因,这些发现将有助于利用MAS提高苜蓿的耐旱性,推动基因克隆和机制研究,最终开发出更具抗逆性和高产的苜蓿品种^[35]。美国新墨西哥州开展了为期三年的亏缺灌溉试验,首次采用MAS方法来增强紫花苜蓿的抗旱能力,通过引入与牧草和冠根生物量相关的10个QTL的有利等位基因,使MAS衍生种群在干旱条件下产量从-13%增长至26%,表明QTL MAS可以显著提高干旱环境下苜蓿的牧草生产力^[36]。MAS技术可以用来提升作物抗寒能力,通过鉴定与耐冻性相关的QTL及其相关标记,研究人员为MAS提供了重要的基因组资源,可以帮助苜蓿育种者更有效地选择耐寒的种质,开发出能够在冬季生长的高产、耐寒苜蓿品种^[37]。

利用MAS技术可以显著提高苜蓿的育种效率,缩短育种周期,为开发优良性状的苜蓿品种提供技术支持^[38]。

2 苜蓿育种目标

苜蓿育种的目标集中在提高产量、提升品质、增强抗逆性和缩短生长周期四个方面,以全面优化苜蓿的生产性能和适应性,满足现代农业发展的需求。

2.1 提高产量

增加单位面积的干草、鲜草或种子的产量,以满足日益增长的牲畜饲料需求。为了选择既高产又适合当地种植的苜蓿品种,在种植前进行引种示范试验,如国内的“会宁苜蓿”和国外引进的“苜蓿王”等。

紫花苜蓿的水分利用效率和磷肥利用效率均随施磷量的增加先提高后降低,表明适量的磷肥可以增强植物的水分利用能力和磷肥吸收效率,当使用地下滴灌并施加100 kg/hm²磷肥时,紫花苜蓿的水磷利用效率最高,生产性能和营养品质也明显改善。因此,合理的水肥管理,可以有效提高紫花苜蓿的产量和品质,同时减少水资源浪费和磷肥过量使用带来的环境问题^[39]。生物刺激剂Tytanite的活性成分

是钛,这种化学元素是一种微量营养素,钛刺激过氧化氢酶、过氧化物酶、脂氧合酶或硝酸还原酶等酶的活性,对植物生物化学有积极影响,加速植物生长和植物物质积累的过程,研究发现在紫花苜蓿生长过程中施用 0.6 dm^3 的Tytanite,可以使产量提高38%,增产效果显著^[40]。

利用诱变育种等技术,可以培育苜蓿新品种,从而改良性状,提高产量。等离子体是一种高能物质,是由中性粒子、离子和电子组成的电中性气体,具有独特的物理和化学性质,研究人员用血浆及其血浆活化水处理紫花苜蓿种子,观察发现处理组植株的根长是对照组植株的1.56倍,对照组植株的茎长是处理组植株的3.98倍^[41]。而高产的“中天1号”紫花苜蓿是2002年搭载于神舟三号飞船,经过太空诱变育种手段获得的种子。

2.2 提升品质

通过营养成分分析、氨基酸谱型分析和口感评价等方法,筛选和培育高品质的牧草品种。利用适度的UV-B辐射提高紫花苜蓿的营养品质,表现为适度UV-B辐射组蛋白质含量22%,比对照组提高4%;总酚含量达到 3.5 mg/g ,相比对照组提高了 1.0 mg/g ;类黄酮含量 1.5 mg/g ,比对照组提高 0.5 mg/g ^[42]。适度的UV-B辐射可以作为一种有效的手段来改善紫花苜蓿的品质,但需要控制在适宜范围内。

施肥是提高苜蓿产量和质量的直接有效的管理策略,根据2004年至2022年间发表的86项研究的数据集进行了一项荟萃分析,结果表明,相较于未施肥的对照组,施肥不仅使苜蓿产量提高了19.2%,而且通过增加苜蓿中粗蛋白含量7.7%以及减少酸性洗涤纤维和中性洗涤纤维的比例分别达到2.9%和1.8%,有效改善了苜蓿的质量。氮、磷和钾配施以及氮磷配施的产量提高了27.0%,粗蛋白浓度提高了13.5%^[43]。进一步研究表明,低土壤有机质土壤施肥对产量的影响更加显著。综上所述,施肥是提高中国紫花苜蓿产量和品质的有效策略,特别是生长在低土壤有机质土壤中的紫花苜蓿。

早期刈割和快速干燥方法可以显著提高苜蓿的蛋白质含量和可溶性糖含量,同时减少纤维素和木质素的含量,优化饲料的营养价值,提升饲喂效果,以满足不同畜禽的饲养需求^[44]。

2.3 增强非生物胁迫抗性

干旱、寒冷和盐碱等环境因素是苜蓿生长面临的主要挑战,也是培育优良苜蓿品种时需要解决的

重要问题。通过基因工程、分子标记辅助选择和环境胁迫筛选等技术,研究人员致力于培育抗逆性更强的苜蓿品种。提高牧草在干旱、盐碱等恶劣环境条件下的生存能力和产量,降低生产风险。

过量表达抗性基因可显著提高苜蓿的非生物胁迫抗性。中国科研人员克隆得到紫花苜蓿*MsCCD4*基因后,通过发根农杆菌菌株LBA9402将*MsCCD4*成功转化紫花苜蓿。在盐胁迫条件下,过表达*MsCCD4*基因的紫花苜蓿的毛状根生长状态更佳,表明该基因可以增强紫花苜蓿的耐盐性^[45]。将*ZrABCG11*基因导入紫花苜蓿后,苜蓿产生的角质层结构能够通过减少植物表皮的蒸腾作用,提高苜蓿的抗旱能力^[46]。转基因苜蓿中过表达玉米的*ZmABP9*基因,可使苜蓿的耐旱性得到显著增强^[47]。克隆拟南芥*AtCBF1*基因导入紫花苜蓿,对转基因植株进行寒冷处理,观察发现转基因植株的叶片长度缩短,但蛋白质含量、产量以及生长速度较野生型均有所提高^[48]。

2.4 增强生物胁迫抗性

病虫害在苜蓿生长过程中会严重影响其生长,导致减产或死亡。为控制害虫,通常使用化学农药,但这可能对环境造成负面影响,并促使害虫发展出抗药性。化学方法虽然能暂时解决问题,但长期来看可能会带来新的挑战。通过导入外源基因,提高苜蓿酶抑制剂含量、过量表达酶类编码基因和生物毒素可以赋予苜蓿抗生物胁迫的能力,以减少化学农药的使用。

在紫花苜蓿中导入花生(*Arachis hypogaea*)白藜芦醇合酶(Resveratrol synthase, RS)基因可使转基因植株积累白藜芦醇衍生物(反式白藜芦醇),保持正常形态学特征的同时,对真菌茎点霉的抗性显著增强^[49]。通过农杆菌介导的基因转移技术,将*LYZ-GFP*二元基因导入三个苜蓿品种,使转基因苜蓿带有溶菌酶基因,结果发现,过量表达溶菌酶等酶类编码基因能够显著增强豆科牧草的抗病性^[50]。将红豆草*OvBAN/bar*转入紫花苜蓿中,统计发现转基因苜蓿对蚜虫的抑制率达到78%~93%,与野生型相比有较高的缩合单宁含量及花青素还原酶活性,由此表明,提高酶抑制剂含量能够提高转基因植株的抗虫性^[51]。

2.5 缩短生长周期

选择快速生长、早熟的牧草品种,某些早熟品种如“中苜1号”“中苜2号”“金皇后”“牧草王”等品种在中国已被广泛研究和应用^[52]。进行小规模试验,在选定的地块上进行小规模试验,观察不同品种的

生长情况和产量,选择生长周期短的苜蓿品种进行种植,以缩短生长周期,提高轮换利用效率,增强草地的生产能力。

这些育种目标旨在全面提升牧草的综合性能,促进现代畜牧业的可持续发展,保障食品安全和维护生态平衡。

2.6 保护生态系统

苜蓿是一种优质的多年生豆科牧草,常被用作退化草地的植被恢复和退化土壤生态修复的先锋植物,苜蓿种植可以有效减少土壤有机质分解,改善土壤肥力,提高土壤质量,保持土壤水分,兼具生态效应和经济效应。

苜蓿枝叶繁多,具有较高的植被覆盖度,能够减少土壤水分的蒸发,使0~20 cm土层保持较高的含水量,对表层土壤起到良好的保水作用^[53]。苜蓿属于优质豆科牧草,种植多年生苜蓿可以减少对土壤的扰动,且其根瘤固氮作用可以改善土壤结构,增加腐殖质的转化,减少有机质分解^[54]。土壤碳磷比指数是一个敏感的指标,用于表征养分供应能力和土壤有机碳的变化,能够有效反映农业生产对土壤肥力和碳库动态的影响。苜蓿种植显著提高碳磷比指数,有利于土壤质量改善和肥力提高,为生物改土和增强固碳提供可能^[55]。

3 我国苜蓿育种技术与国际上的差距

我国在苜蓿的栽培和育种方面已经取得了一定的进展,但在基础研究、育种技术的应用、品种多样性、市场需求和生态保护方面与国际领先水平仍有一定的提升空间。

3.1 基础研究

国际上,尤其是美国和欧洲,在牧草育种的基础研究上投入了大量资源,积累了丰富的基因组学、分子生物学等方面的知识,已经在苜蓿的基因组测序、功能基因鉴定和分子标记开发方面取得了显著进展。例如,美国农业部完成了多个苜蓿品种的高质量基因组测序,并开发了大量的分子标记,为基因功能研究和遗传改良提供了坚实的基础^[56]。相比之下,我国虽然也有一些基因组测序项目,但整体质量和数量仍有较大差距。

3.2 育种技术

国际上,美国和欧洲的一些研究机构已经建立了高效的离体培养系统,能够大规模生产无病毒、无菌的优质种苗。这些系统不仅提高了繁殖效率,还显著提升了种苗的质量和一致性^[57]。我国的牧草

育种工作起步相对较晚,育种方法多为传统方法,且目前大多数牧草品种是通过驯化选育和常规育种方法培育而成。在国际上已经广泛采用了基因编辑技术,特别是碱基编辑器方面的最新进展,这些技术已被用于多种作物的改良来加速育种进程,大大提高了育种效率和品种质量^[58]。我国在紫花苜蓿的育种和栽培技术方面也在不断提高,但与国际相比仍有差距。国内常规育种方法存在周期长、不良基因连锁以及筛选难度大等问题,这些缺陷严重制约了牧草遗传改良的进展^[59]。

3.3 品种多样性

国际上,尤其在美国和加拿大,苜蓿的品种资源非常丰富,这些国家通过长期的育种研究,培育出了许多高产、抗逆性强、适应不同生态环境的优良品种。例如,美国研究人员通过传统的杂交育种和分子标记辅助选择,育成了多个高产、抗逆性强的苜蓿品种^[60]。我国的紫花苜蓿品种相对较少,遗传基础较为单一,且大多数品种是从国外引进。虽然近年来国内育种研究取得了一定进展,但与国际相比,在品种的多样性和适应性方面仍需加强。

3.4 市场需求

国际市场上对高质量牧草的需求较高,特别是乳制品和肉类产品市场对优质牧草的需求非常大。因此,国际上在紫花苜蓿的育种和栽培方面更加注重品质和营养价值^[61]。我国的市场需求相对多样化。虽然优质牧草的需求也在增加,但由于畜牧业的发展水平和消费习惯的不同,市场上对普通牧草的需求仍然较大^[44]。这在一定程度上影响了育种和栽培技术的发展方向。

3.5 生态保护

国际上较为重视苜蓿的生态适应性育种,旨在培育能够在不同生态环境中稳定生长的品种。美国和欧洲的苜蓿育种项目针对干旱、半干旱地区、盐碱地等特殊环境,开发了多种适应性强的品种,能够有效改善土壤结构、增加土壤有机质含量,并减少水土流失^[62]。我国的苜蓿育种虽然在抗逆性方面取得了一定进展,但对于苜蓿的生态功能关注相对较少。目前,我国的苜蓿育种更多侧重于生产性能的提升,而对生态效益的考量不够充分。

4 未来展望

近年来,随着中国畜牧业的快速发展以及对优质饲料需求的不断增加,苜蓿作为重要的牧草作物,其在中国的种植面积和消费量呈现出显著的增长趋

势,使中国苜蓿产业经历了快速的发展。虽然产量上实现了大幅跃升,且在科学研究、育种技术和国际合作等多个方面也取得了令人瞩目的成就,但在某些关键环节上仍面临诸多挑战。

值得肯定的是,中国市场对苜蓿的需求增长迅速,中国苜蓿消费量从2008年的1 725 200吨增长到2015年的5 380 000吨,年均增长率高达17%,呈现出线性增长的趋势,反映出巨大的市场需求和发展潜力^[63]。在科研方面的成果十分显著,中国农业科学院与国内外科研机构合作,在基因组测序和基因编辑技术方面取得了重要进展,如完成蒺藜苜蓿的基因编辑,为单倍体育种技术奠定了基础^[64]。在国际合作方面不断加强,通过与美国、法国和澳大利亚等国家的种质资源交换和合作研究,中国已收集和保存了超过1 000份苜蓿种质资源,为育种研究提供了丰富的材料^[65]。同时,建立种质资源库,收集和保存国内外的优良种质资源,为育种提供更多选择,提高品种多样性。

为了保护生态环境并实现农业的可持续发展,我国学者对苜蓿、人工杂草、油松等植物进行研究,通过检测土壤理化性质的改变和微生物群落结构的组成,揭示植被种类对土壤修复效果的差异。结果显示,苜蓿种植地的土壤中放线菌的相对丰度更高,变形菌门的含量更高,土壤含水量增加,土壤pH值明显降低,厚壁菌门的相对丰度下降,表明苜蓿对土壤修复效果显著,有利于科学高效的生态修复^[66]。未来,应进一步加强苜蓿育种的基础研究,根据各地的不同生态条件,探索更多适应各种环境的优良基因,开发了适合当地环境的苜蓿品种,从而提高了苜蓿适应性和生态效益。

在苜蓿研究方面存在空白或少人涉足的领域,例如野生种质资源的利用,虽然中国已经收集和保存了大量苜蓿种质资源,但在野生种质资源的筛选、评价和利用方面仍存在不足,需要进一步挖掘其潜在价值。对119个国内外苜蓿品种通过表型和简单重复序列分子标记方面进行了遗传多样性和群体遗传结构分析,结果表明其变异系数范围为10.57%~45.09%,证实了野生苜蓿种质资源具有丰富的遗传多样性^[67]。除了高产和抗逆性外,功能性育种,如提高营养价值、改善土壤结构等也是未来发展的方向,但目前这方面的研究较少。

我国在紫花苜蓿的栽培和育种方面虽然取得了一定进展,但在基础研究、现代育种技术应用、品种多样性、市场需求和生态保护等方面与国际先进水

平仍存在一定差距,需要加强科研投入和技术创新,以提升整体竞争力。

虽然生物技术的应用为多个领域带来便利,但对于这些技术在实际应用中可能面临一些限制与挑战。在生物技术相关政策方面,目前的政策框架存在不足,这些不足可能限制了该领域的进一步发展。

在资金支持方面,虽然国家自然科学基金等项目为科研活动提供了资金支持,但在新兴生物技术领域,例如CRISPR/Cas9基因编辑、全基因组关联分析及转基因技术的应用方面,专门的经费和支持仍然不足,这限制了许多前沿研究进行深入探索^[59]。知识产权保护力度有待加强。虽然我国已经建立了植物新品种保护制度,但在实际操作中,知识产权保护力度不足,对于新型生物技术产品的专利申请和维权仍面临诸多挑战,影响了科研人员和企业创新积极性。在国际合作与交流上,虽然我国已与多个国家开展了种质资源交换和技术合作,但在促进更深层次的技术转移和共享机制方面,还需要更加开放和灵活的政策支持,以便更好地利用全球资源推动国内生物技术的发展。在生物技术监管方面,现行的法规和监管体系对于快速发展的生物技术而言较为滞后,特别是在对基因编辑作物进行安全评估和市场准入的过程中,目前还缺乏明确的规范和指导原则,导致新技术的应用推广受到一定阻碍^[59]。技术创新需要配套的法规支持,来保障其安全性和有效性。这些问题的存在表明我们需要进一步优化相关政策和监管体系,以加速生物技术的发展。

我国在牧草育种方面展现出巨大的发展潜力。通过多种政策的实施,我们有理由相信,未来我国牧草育种将取得重要突破,培育出更多高产、优质、抗逆性强的新品种,为畜牧业的可持续发展提供坚实保障。不仅能满足畜牧业的需求,还能保护和改善生态环境,实现经济与生态的协调发展。

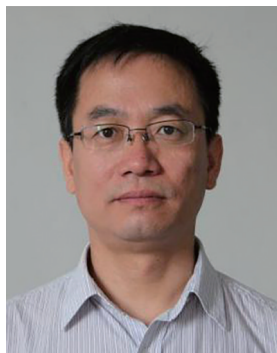
参考文献:

- [1] YANG S, ZU Y, LI B, *et al.* Response and intraspecific differences in nitrogen metabolism of alfalfa (*Medicago sativa* L.) under cadmium stress[J]. *Chemosphere*, 2019, 220: 69-76. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2018.12.101.
- [2] CHEN Z, LI X, WANG J, *et al.* Conservation and innovative utilization of alfalfa germplasm resources in China[J]. *Seed*, 2020, 39(5): 59-63. DOI: 10.16590/j.cnki.1001-4705.2020.05.059.
- [3] ZANELLA M, BORGHI G, PIRONE C, *et al.* β -amy-

- lase 1 (BAM1) degrades transitory starch to sustain proline biosynthesis during drought stress [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2016, 67(6): 1819-1826. DOI: 10.1093/jxb/erv572.
- [4] 陈彩锦, 包明芳, 王文虎, 等. 紫花苜蓿抗旱育种研究现状及展望[J/OL]. 草业学报, [2024-12-08]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/62.1105.S.20241216.1635.006.html>.
- [5] 邹强, 李丹琦, 刘学贵, 等. 紫花苜蓿中黄酮类化合物抗肝癌的网络药理学研究[J]. 中南药学, 2023, 21(3): 685-691. DOI: 10.7539/j.issn.1672-2981.2023.03.021.
- [6] 张辰昊, 热孜亚·艾力, 晁跃辉, 等. 21 份杂花苜蓿种质萌发期抗旱性评价[J]. 中国草地学报, 2022, 44(3): 58-65. DOI: 10.16742/j.zgdx.20210105.
- [7] 马青霞, 殷鹏程, 林浩, 等. 蒺藜苜蓿赤霉素氧化酶基因 *MtGA20ox* 的功能解析[J]. 生物技术进展, 2019, 9(2): 161-168. DOI: 10.19586/j.2095-2341.2019.0009.
- [8] 景海春, 王台, 林荣呈, 等. 加强饲草基础生物学研究, 保障饲草种业与国家大粮食安全[J]. 植物学报, 2022, 57(6): 719-724. DOI: 10.11983/CBB22275.
- [9] 王娜, 牛丽芳, 林浩, 等. 单倍体育种技术研究进展及其在苜蓿等豆科牧草中的应用[J]. 植物学报, 2022, 57(6): 719-724. DOI: 10.11983/CBB22275.
- [10] 刘志鹏, 刘文献, 杨青川, 等. 我国牧草育种进展及存在问题[J]. 中国科学基金, 2023, 37(4): 528-536. DOI: 10.16262/j.cnki.1000-8217.2023.04.006.
- [11] 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. DOI: 10.11686/cyxb20220601.
- [12] 牛丽芳, 夏秀芝, 王娜, 等. 紫花苜蓿 CRISPR/Cas9 多靶点编辑系统及其应用[P]. 中国专利: 202311297975, 2024-11-20.
- [13] 李宇赫, 裴悦, 沈怡彤, 等. 利用 CRISPR/Cas9 编辑蒺藜苜蓿串联重复基因[J]. 草业科学, 2022, 39(10): 2102-2111. DOI: 10.11829/j.issn.1001-0629.2021-0586.
- [14] MICHNO J, WANG X, LIU J, *et al.* CRISPR/Cas9 mutagenesis of soybean and *medicago truncatula* using a new web-tool and a modified Cas9 enzyme[J]. *GM Crops Food*, 2015, 6(4): 243-252. DOI: 10.1080/21645698.2015.1106063.
- [15] MENG Y, HOU Y, WANG H, *et al.* Targeted mutagenesis by CRISPR/Cas9 system in the model legume *medicago truncatula*[J]. *Plant Cell Reports*, 2017, 36(2): 371-374. DOI: 10.1007/s00299-016-2069-9.
- [16] CURTIN S, TIFFIN P, GUHLIN J, *et al.* Validating genome-wide association candidates controlling quantitative variation in nodulation [J]. *Plant Physiology*, 2017, 173(2): 921-931. DOI: 10.1104/pp.16.01923.
- [17] CONFALONIERI M, CARELLI M, GIANOGGIO S, *et al.* CRISPR/Cas9-Mediated targeted mutagenesis of *CYP93E2* modulates the triterpene saponin biosynthesis in *medicago truncatula*[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 690231. DOI: 10.3389/fpls.2021.690231.
- [18] LAWRENSON T, ATKINSON N, FORNER M, *et al.* Highly efficient gene knockout in *medicago truncatula* genotype R108 using CRISPR/Cas9 system and an optimized agrobacterium transformation method[J]. *Methods in molecular biology*, 2023, 2653: 221-252. DOI: 10.1007/978-1-0716-3131-7_15.
- [19] VISSCHER P, BROWN M, MCCARTHY M, *et al.* Five years of GWAS discovery[J]. *American Journal of Human Genetics*, 2012, 90(1): 7-24. DOI: 10.1016/j.ajhg.2011.11.029.
- [20] LIU X, YU L. Genome-Wide association mapping of loci associated with plant growth and forage production under salt stress in alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 853. DOI: 10.3389/fpls.2017.00853.
- [21] MEDINA C, HAWKINS C, PEEL M, *et al.* Genome-Wide association and prediction of traits related to salt tolerance in autotetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2020, 21(9): 3361. DOI: 10.3390/ijms21093361.
- [22] BIAZZI E, NAZZICARI N, PECETTI L, *et al.* Genome-Wide association mapping and genomic selection for alfalfa (*Medicago sativa*) forage quality traits[J]. *Plos One*, 2017, 12(1): 169-234. DOI: 10.1371/journal.pone.0169234.
- [23] XU M, JIANG X, HE F, *et al.* Genome-Wide association study (GWAS) identifies key candidate genes associated with leaf size in alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. *Agriculture Basel*, 2023, 13(12). DOI: 10.3390/agriculture13122237.
- [24] FARTASH A, BEN C, MAZURIER M, *et al.* *Medicago truncatula* quantitative resistance to a new strain of *Verticillium alfalfae* from Iran revealed by a genome-wide association study[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1125551. DOI: 10.3389/fpls.2023.1125551.
- [25] JIANG X, ZENG X, XU M, *et al.* The whole-genome dissection of root system architecture provides new insights for the genetic improvement of alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J/OL]. *Horticulture Research*, [2024-12-11]. <https://academic.oup.com/hr/advance-article/doi/10.1093/hr/uhae271/7874937>.
- [26] YAN Y, ZHU X, YU Y, *et al.* Nanotechnology strategies for plant genetic engineering[J]. *Advanced Mate-*

- rials, 2022, 34 (7): 2106945. DOI: 10.1002/adma.202106945.
- [27] 郝新艳, 赵淑文, 刘嘉伟, 等. 杂花苜蓿叶绿体基因组特征及系统发育分析[J]. 草地学报, 2023, 31(06): 1665-1672. DOI: 10.11733/j.issn.1007-0435.2023.06.008.
- [28] WU R, XU B, Shi F. Leaf transcriptome analysis of *Medicago ruthenica* revealed its response and adaptive strategy to drought and drought recovery [J]. *BMC Plant Biol*, 2022, 22(1): 562. DOI: 10.1186/s12870-022-03918-w.
- [29] SHAHZAD A, FAN Y, QIAN M, *et al.* Genome-wide characterization of Related to ABI3/VP1 transcription factors among U's triangle Brassica species reveals a negative role for BnaA06.RAV3L in seed size [J]. *Plant Physiol Biochem*, 2024, 213: 108854. DOI: 10.1016/j.plaphy.2024.108854.
- [30] WANG S, GUO T, SHEN Y, *et al.* Overexpression of *MtRAV3* enhances osmotic and salt tolerance and inhibits growth of *Medicago truncatula* [J]. *Plant Physiol Biochem*, 2021, 163: 154-165. DOI: 10.1016/j.plaphy.2021.04.003.
- [31] TIAN Y. Functional verification of *ZxABCG11* from *zygophyllum xanthoxylum* and genetic transformation to alfalfa (*Medicago sativa* L.) [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2017.
- [32] XU C, HE H, LI G, *et al.* Salt stress tolerance analysis of *rgMT* gene transformed *medicago sativa* [J]. *Prata cultural Science*, 2018, 12 (4): 829-838. DOI: 10.11829/j.issn.1001-0629.2017-0321.
- [33] LIN S. Molecular identification of *ZxNHX1-VP1-1* co-overexpressing alfalfa, and the evaluation of salt tolerance in alfalfa cover expressing *ZxNHX1-PcCLCg* [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2021.
- [34] RAINA V, KOUR A, CHAKRAVARTY A, *et al.* Marker-assisted selection vis-à-vis bull fertility: coming full circle-a review [J]. *Molecular Biology Reports*, 2020, 47(11): 9123-9133. DOI: 10.1007/s11033-020-05919-0.
- [35] JIANG X, YU A, ZHANG F, *et al.* Identification of QTL and candidate genes associated with biomass yield and feed quality in response to water deficit in alfalfa (*Medicago sativa* L.) using linkage mapping and RNA-Seq [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 996672. DOI: 10.3389/fpls.2022.996672.
- [36] SINGH L, PIERCE C, SABBANTONIO N, *et al.* Validation of DNA marker-assisted selection for forage biomass productivity under deficit irrigation in alfalfa [J]. *Plant Genome*, 2022, 15(1): e20195. DOI: 10.1002/tpg2.20195.
- [37] ADHIKARI L, MAKAJU SO, LINDSTROM OM, *et al.* Mapping freezing tolerance QTL in alfalfa: based on indoor phenotyping [J]. *BMC Plant Biol*, 2021, 21(1): 403. DOI: 10.1186/s12870-021-03182-4.
- [38] 冯雅琪, 陈嘉慧, 张静妮, 等. 基于重测序紫花苜蓿高蛋白高产关联 InDel 分子标记开发 [J/OL]. 草业学报, [2024-11-09]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/62.1105.S.20240923.1630.044.html>.
- [39] YANG K, ZHAO J, WANG X, *et al.* Effects of different irrigation methods and phosphorus application on alfalfa yield, quality and water and phosphorus use efficiency [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2023, 39 (21): 130-138. DOI: 10.11975/j.issn.1002-6819.202305161.
- [40] SOSNOWSKI J, TRUBA M, REDZIK P, *et al.* The effect of growth regulator Tytanit dose on *Medicago x varia* T. Martin and *Trifolium pratense* L. yield and nutritional value [J]. *Saudi J Biol Sci*, 2020, 27(11): 2890-2901. DOI: 10.1016/j.sjbs.2020.09.013.
- [41] XU F, CHEN H, CHEN C, *et al.* The mutagenic effect of cold plasma on *Medicago sativa* L [J]. *Free Radic Biol Med*, 2024, 223: 18-29. DOI: 10.1016/j.freeradbiomed.2024.07.016.
- [42] RAI N, NEUGART S, SCHRÖTER D, *et al.* Responses of flavonoids to solar UV radiation and gradual soil drying in two *Medicago truncatula* accessions [J]. *Photochem Photobiol Sci*, 2023, 22(7): 1637-1654. DOI: 10.1007/s43630-023-00404-6.
- [43] WAN W, LI Y, LI H. Yield and quality of alfalfa (*Medicago sativa* L.) in response to fertilizer application in China: A meta-analysis. *Front Plant Sci*, 2022, 13: 1051725. DOI: 10.3389/fpls.2022.1051725.
- [44] 刘晓红, 陈思远, 李艳. 紫花苜蓿在土壤改良和生态治理中的应用 [J]. 生态学杂志, 2020, 39(3), 85-92.
- [45] 陈筱冉, 张铭笑, 严建萍, 等. 紫花苜蓿 *MsCCD4* 基因克隆及耐盐功能鉴定 [J]. 草地学报, 2022, 30(10): 2572-2580. DOI: 10.11733/j.issn.1007-0435.2022.10.006.
- [46] TIAN Y. Functional verification of *ZxABCG11* from *Zygophyllum xanthoxylum* and genetic transformation to alfalfa (*Medicago sativa* L.) [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2017.
- [47] LI J. Expression of *ABP9* enhances tolerance to drought stress in transgenic alfalfa [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2012.
- [48] XU C. Transferring *AtCBF1* gene to improves cold tolerance in alfalfa [D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2016.
- [49] RODRIGUEZ-DECUADRO S, ROSA G, RADIO S,

- et al.* Antimicrobial peptides in the seedling transcriptome of the tree legume *Peltophorum dubium* [J]. *Biochimie*, 2021, 180: 229-242. DOI: 10.1016/j.biochi.2020.11.005.
- [50] ZHANG J. The transformation of *LYZ-GFP* dual genes by *Agrobacterium* mediated and its expression analysis in 3 varieties of alfalfa [D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2016.
- [51] DONG W, CHEN C, MA H. Analysis of insect resistance and herbicide resistance in transgenic alfalfa plants overexpressing the *OvBAN/bar* gene [J]. *Acta Prata-culturae Sinica*, 2019, 28 (7): 159-167. DOI: 10.11686/cyxb2019152.
- [52] 吕会刚, 康俊梅, 龙瑞才, 等. 河北地区 22 个紫花苜蓿品种的生产性能比较研究 [J]. 草地学报, 2018, 26(4): 948-958. DOI: 10.11733/j.issn.1007-0435.2018.04.021.
- [53] WANG Y, SHAO M, SHAO H. A preliminary investigation of the dynamic characteristics of dried soil layers on the loess plateau of China [J]. *Journal of Hydrology*, 2010, 381(1/2): 9-17. DOI: 10.1016/j.jhydrol.2009.09.042.
- [54] WU Y, LIU X, LIN F, *et al.* Nitrogen application effect and soil carbon and nitrogen characteristics of rotation alfalfa in vegetable field in Hexi irrigated area, Gansu province, northwest china [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, 32(11): 4011-4020. DOI: 10.13287/j.1001-9332.202111.029.
- [55] MING Y, ZHU T, ZHANG J, *et al.* Effect of long-term alfalfa cultivation on soil carbon, nitrogen and phosphorus nutrient transformation in reclaimed lands [J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2024, 40(1): 78-86. DOI: 10.19741/j.issn.1673-4831.2022.1036.
- [56] VINCENT K, BRUMMER E, BOUTON J. Advances in alfalfa genomics and breeding [J]. *Plant Science*, 2019, 284, 110-118.
- [57] RAO M, REDDY K, REDDY V. Advances in tissue culture techniques for alfalfa improvement [J]. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 2017, 130(2), 213-226.
- [58] GAO C, ZHAO K, ZHAO Y, *et al.* Precision genome engineering through base editing [J]. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 2020, 21(10), 587-602.
- [59] 刘志鹏, 周强, 刘文献, 等. 中国牧草育种中的若干科学问题 [J]. 草业学报, 2021, 30(12): 184-193. DOI: 10.11686/cyxb2021314.
- [60] TICHÁ M, ILLÉSOVÁ P, HRBÁČKOVÁ M, *et al.* Tissue culture, genetic transformation, interaction with beneficial microbes, and modern bio-imaging techniques in alfalfa research [J]. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2020, 40 (8): 1265-1280. DOI: 10.1080/07388551.2020.1814689.
- [61] KERR B, SHURSON G. Forage quality and feeding value for dairy cattle [J]. *Journal of Dairy Science*, 2013, 96(1): 1-18.
- [62] MOORE P, GURETZKY J, WEDIN D. Alfalfa breeding for improved adaptation to water-limited environments [J]. *Crop Science*, 2011, 51(4): 1395-1406.
- [63] 王熙遥. 中国苜蓿市场供给和需求关系研究 [D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2017.
- [64] WANG N, XIA X, JIANG T, *et al.* In planta haploid induction by genome editing of DMP in the model legume *medicago truncatula* [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2022, 20(1): 22-24. DOI: 10.1111/pbi.13740.
- [65] 中国农业科学院生物技术研究所. 中国苜蓿品种资源遗传多样性研究 [J]. 中国农业科学, 2004, 37(1): 1-8.
- [66] MA J, LI C, HUI L, *et al.* Soil properties under different ecological restoration modes for the quarry in Yanshan mountains of Hebei province China [J]. *PeerJ*, 2022, 10: e14359. DOI: 10.7717/peerj.14359.
- [67] 杨婉君, 潘香逾, 王秀华, 等. 119 个苜蓿品种 (系) 产量和农艺性状的遗传多样性分析 [J]. 作物杂志, 2020 (6): 6. DOI: 10.16035/j.issn.1001-7283.2020.06.003.



裴雁曦, 男, 教授, 博士, 博士生导师。“特色植物资源研究利用”山西省重点实验室主任; 山西省高校教学名师; 山西省高校优秀青年学术带头人; 山西省植物学会副理事长; 山西省园艺学会副理事长; 任《中国生物化学与分子生物学学报》《植物生理学报》《生物工程学报》《生命的化学》《山西农业大学学报》和《生物技术》等学术期刊编委。先后主持国家自然科学基金项目 8 项, 其他国家级项目 4 项, 省部级项目多项, 获得国家发明专利 12 项, 第一或通讯作者发表 SCI 论文近 50 篇, 论文被 *Nature*, *Physiol Reviews*, *Nat. Genet.*, *Nat. Rev. Genet.*, *PNAS* 等期刊引用近 3 600 余次, WOS 统计 H 指数 33. Email: peiyanxi@sxu.edu.cn