

龙生型高油酸花生种质油酸亚油酸含量及其比值的遗传分析

韩柱强^{1,2},高国庆³,周瑞阳¹,唐荣华²,钟瑞春²,周翠球²,贺梁琼²

(¹广西大学,南宁 530004;²广西农科院经作所,南宁 530007;³广西作物遗传改良生物技术重点开放实验室,南宁 530007)

摘要:应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型,对2个龙生型花生高油酸种质与低油酸珍珠豆型品种杂交组合F₂的油酸、亚油酸含量及其比值(O/L值)进行遗传分析,结果表明:花生油酸、亚油酸含量的遗传均表现为1对主基因加性-显性模型。控制油酸含量主基因的加性、显性效应值和遗传率在组合I中分别为8.6281、-2.0164和65.26%,在组合II中则分别为10.6638、1.0652和71.39%;控制亚油酸含量主基因的加性、显性效应值和遗传率在组合I中分别为8.0327、1.2858和73.64%,在组合II中则分别为9.0885、-1.0826和71.59%。O/L值的遗传表现为2对主基因加性-显性-上位性模型。2对主基因的加性效应值分别为0.6855、0.6814(组合I)和1.6842、0.8835(组合II),显性效应值分别为-0.6838、0.024(组合I)和-1.6559、-0.5127(组合II);加性×加性效应(*i*)、加性×显性效应(*jab*)、显性×加性效应(*jba*)、显性×显性效应(*l*)分别为0.6812、0.024、-0.6803、-0.0244(组合I)和0.8822、-0.5124、-0.8594、0.496(组合II);组合I、II主基因遗传率分别为82.57%和88.64%。

关键词:主基因+多基因;龙生型花生;油酸;亚油酸;遗传

Inheritance of Oleic, Linoleic Acid Content and O/L Ratio in High Oleic Acid *Arachis hypogaea* L. var. *hirsuta*

HAN Zhu-qiang^{1,2}, GAO Guo-qing³, ZHOU Rui-yang¹, TANG Rong-hua²,

ZHONG Rui-chun², ZHOU Cui-qiu², HE Liang-qiong²

(¹ Guangxi University, Nanning 530004; ² Cash Crops Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007; ³ Guangxi Crop Genetic Improvement and Biotechnology Laboratory, Nanning 530007)

Abstract: Inheritance of oleic, linoleic acid content and O/L ratio in two crosses of high oleic acid *Arachis hypogaea* L. var. *hirsuta* low O/L ratio var. *vulgaris*, were investigated by applying the major gene plus poly-gene model of quantitative traits analysis of F₂ generation. The results showed that both oleic and linoleic acid content were controlled by one major gene with additive-dominance effects. The estimated additive, dominant effects and heritability of the major gene for oleic acid were 8.6281, -2.0164 and 65.26% in cross I, and those in cross II were 10.6638, 1.0652 and 71.39% respectively. For linoleic acid, corresponding values were 8.0327, 1.2858 and 73.64% in cross I, and 9.0885, -1.0826 and 71.59% in cross II. The O/L ratio was controlled by two major genes with additive-dominance-epistatic effects. The estimated additive effects of the two major gene were 0.6855, 0.6814 in cross I, and 1.6842, 0.8835 in cross II. The dominant effect of the two major gene were -0.6838, 0.024 in cross I, and -1.6559, -0.5127 in cross II. The interaction effect values of *i*, *jab*, *jba* and *l* were 0.6812, 0.024, -0.6803 and -0.0244 in cross I respectively, while those were 0.8822, -0.5124,

收稿日期:2009-02-01

修回日期:2009-06-01

基金项目:广西科技计划项目(桂科攻0992011-3A);广西农科院科技发展基金(2007019)

作者简介:韩柱强,副研究员,在读博士,主要从事花生遗传及育种研究。E-mail:hanzhuqiang@163.com

通讯作者:高国庆,研究员,博士,主要从事作物遗传及分子生物学研究。E-mail:gqgao@gxaas.net

-0.8594, and 0.496 in cross II. Heritability values of the major genes was 82.57% in cross I and 88.64% in cross II. The results that, both oleic and linoleic acid content were controlled by one major gene while O/L ratios were controlled by two major genes indicated that two different major genes control oleic and linoleic acid content respectively.

Key words: Major gene plus poly-gene; *Arachis hypogaea* L. var. *hirsute*; Oleic acid; Linoleic acid; Inheritance

花生(*Arachis hypogaea* L.)脂肪酸中油酸/亚油酸比值(O/L值)的提高对延长花生及其制品的货架期、降低冠心病等心脏病风险具有重要意义^[1-4],是花生品质育种的主要目标之一。1987年,Norden等^[5]发现了油酸含量高达80%、亚油酸含量仅2%的高油酸种质F435,为美国高O/L值花生育种突破打下基础,以之为亲本相继育成了SunOliee 95R等多个高O/L值花生新品种。我国目前在高O/L值花生育种方面仍未取得明显进展,对高油酸亲本种质缺乏有效发掘及相关遗传基础研究开展不足是其中的重要因素。

龙生型花生(*Arachis hypogaea* L. var. *hirsuta*)是我国最早引入栽培的花生类型。姜慧芳等^[6-7]研究表明:龙生型花生资源中高油酸资源非常丰富,其油酸含量平均值明显高于其他类型,是进行高油酸花生育种的优良亲本材料。但已有的研究主要集中在起源传播、形态分类学,以及耐旱、抗病性鉴定等方面^[8-11],对高油酸性状的遗传及育种利用研究较少。万勇善等^[12]采用Griffing双列杂交方法对包括2个龙生型品种在内的8个花生品种的脂肪酸进行Hayman遗传分析发现:花生油酸、亚油酸及其比值性状均适合“加性-显性”模型,以加性效应为主并表现部分显性遗传。丁锦平等^[13]利用植物数量性状主基因+多基因遗传模型^[14]对两个龙生型花生杂交组合F₂的O/L值分析认为:O/L值受1对负向完全显性的主基因控制。高油酸龙生型种质与珍珠豆型花生杂交后代油酸、亚油酸及O/L值遗传分析研究尚未见有报道。珍珠豆型花生是我国南方地区普遍栽培的花生品种类型,当前生产中栽培的品种O/L值普遍较低(0.9~1.2)。本研究的开展,拟在促进龙生型高油酸种质在珍珠豆型花生O/L值育种改良中的利用。

1 材料与方法

1.1 供试材料及油酸、亚油酸含量测定

选用2个广西地方龙生型高油酸花生种质

(凌乐大花生,O/L值4.4;贺县大花生,O/L值5.8)分别与低油酸珍珠豆型花生品种粤油13(O/L值1.5)配组2个杂交组合。组合I:粤油13×凌乐大花生,组合II:粤油13×贺县大花生。2007年上半年配组杂交;2008年上半年,在相同的环境及管理条件下种植亲本(各10株)及F₁(组合I、II各30株),各亲本分别混合收获,F₂种胚世代种子从F₁植株混合收获得到。选取饱满、成熟一致的种子(亲本各取20粒,组合I、II的F₂种胚世代种子分别取233粒、215粒),从远胚端处切取0.5g样品提取脂肪酸,利用安捷伦6890型气相色谱仪测定油酸、亚油酸含量,方法在López等^[15]基础上略有改进。O/L值依据油酸、亚油酸含量计算得到。

1.2 数据分析方法

采用盖钩鑑等^[14]植物数量性状混合遗传模型主基因+多基因单个分离世代数量性状分离分析方法,对亲本、F₂种胚世代种子的油酸、亚油酸含量及其比值(O/L值)进行遗传分析。通过极大似然法和IECM算法对混合分布中的有关成分分布参数做出估计,然后通过AIC值的判别和一组适合性测验,选择最优遗传模型,并估计主基因效应值、方差等遗传参数。主基因遗传率: $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$ 。

2 结果与分析

2.1 油酸、亚油酸含量的分布、均值及变幅范围

组合I、II F₂个体中油酸及亚油酸含量均表现连续分布的数量性状特点,其次数分布不呈现对称单峰的分布图型,而是具有明显的多峰或偏态特征,表明油酸、亚油酸含量的控制均存在主基因作用(图1)。两个龙生型高油酸花生亲本的油酸、亚油酸含量及O/L值存在较大的变幅(表1),其原因将在后面的讨论中分析。

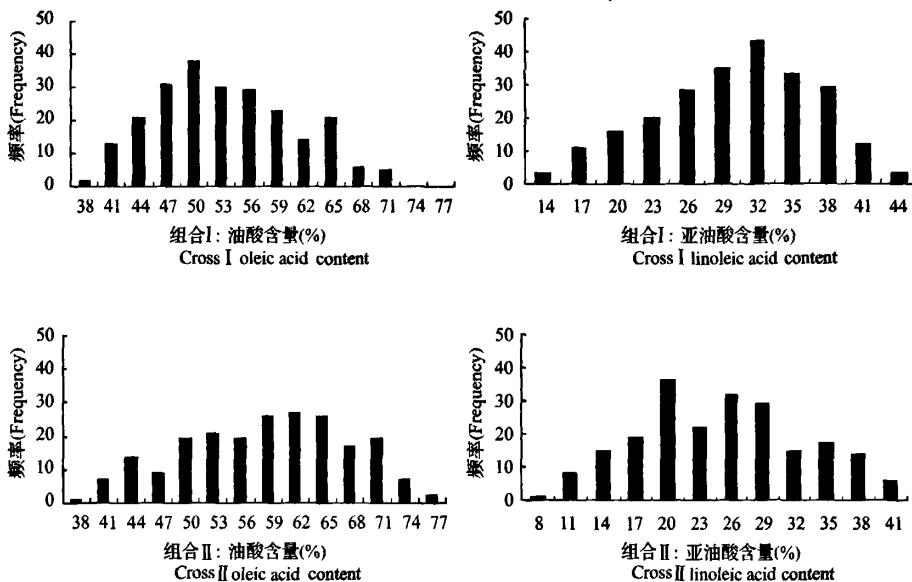
图 1 组合 I、II 的 F_2 油酸和亚油酸含量次数分布图Fig. 1 frequency distribution of oleic and linoleic acid content in F_2 for cross I and II

表 1 组合 I、II 中油酸、亚油酸含量及其比值(O/L 值)的平均值及变幅

Table 1 Average and variation of oleic, linoleic acid content and O/L ratios in P_1 , P_2 and F_2 generations derived from the cross I and II

世代	油酸含量(%)			亚油酸含量(%)			O/L 比值	
	P_1		P_2	F_1		F_2	O/L ratio	
Generation	Average	Variation	Average	Variation	Average	Variation	Average	Variation
I	47.25	43.00 ~ 56.45	31.51	23.86 ~ 35.22	1.50	1.08 ~ 2.36		
	62.75	50.66 ~ 71.10	15.64	8.28 ~ 26.54	4.41	1.91 ~ 8.64		
	52.01	36.25 ~ 70.91	28.60	12.61 ~ 42.65	1.93	0.83 ~ 5.38		
II	47.25	43.00 ~ 56.45	31.51	23.86 ~ 35.22	1.50	1.08 ~ 2.36		
	66.86	59.12 ~ 72.47	12.60	7.27 ~ 19.96	5.87	2.96 ~ 9.89		
	57.19	37.93 ~ 76.87	23.66	7.80 ~ 40.20	2.77	0.96 ~ 9.25		

2.2 遗传模型的建立

应用植物数量性状主基因+多基因遗传模型单个分离世代分离分析方法对组合 I、II 的 F_2 油酸、亚油酸含量及 O/L 比值的数据进行分析, 获得各种模型的极大似然函数值和 AIC 值(表 2)。

油酸含量遗传模型。组合 I 中 AIC 值最小的 2 个模型分别为 A-1 和 A-4, 模型间的极大似然比测验差异不显著 ($X^2 = 2.0721, 0.25 > P > 0.1$); 组合 II 中 AIC 值最小的 2 个模型分别为 A-1 和 A-2, 两模型间的极大似然比测验差异不显著 ($X^2 = 1.9993, 0.25 > P > 0.1$); 各模型的适

合性检验结果均较好, 没有统计量达到显著水平(表 3)。综合两个组合的分析结果, 选择 A-1 模型即 1 对主基因加性-显性模型作为油酸含量最适遗传模型。

亚油酸含量遗传模型。组合 I 中 AIC 值最小的 2 个模型分别为 A-1 和 B-5, 模型间的极大似然比测验差异不显著 ($X^2 = 3.9640, P > 0.05$); 组合 II 中 AIC 值最小的 2 个模型分别为 A-1 和 A-2, 模型间的极大似然比测验差异不显著 ($X^2 = 3.0369, 0.1 > P > 0.05$); 各模型的适合性检验结果均较好, 没有统计量达到显著水平(表 3)。综

合两个组合的分析结果,选择 A-1 模型即 1 对主基因加性-显性模型作为亚油酸含量最适遗传模型。

O/L 比值遗传模型。O/L 比值遗传分析是将油酸含量与亚油酸含量结合一起分析,组合 I 中 AIC 值最小的 2 个模型分别为 B-1 和 B-2, 模型间的极大似然比测验差异极显著 ($X^2 = 19.9052$,

$P < 0.01$); 组合 II 中 AIC 值最小的 2 个模型也是模型 B-1 和 B-2, 两模型间的极大似然比测验差异极显著 ($X^2 = 23.6384, P < 0.01$); 各模型的适合性检验结果均较好、没有达到显著水平(表 3)。综合两个组合的分析结果,选择 B-1 模型即 2 对主基因的加性-显性-上位性模型作为 O/L 比值最适遗传模型。

表 2 单个 F_2 世代分析遗传模型的极大似然值和 AIC 值

Table 2 Likelihood and AIC values of different models from single F_2 generation analysis

项目 Item	组合 I Cross I			组合 II Cross II		
	模型 Model	极大似然值 Likelihood value	AIC 值 AIC value	模型 Model	极大似然值 Likelihood value	AIC 值 AIC value
油酸	A-1	-798.35	1604.71	A-1	-765.89	1539.77
	A-4	-799.39	1606.78	A-2	-766.89	1539.77
亚油酸	A-1	-764.18	1536.36	A-1	-731.07	1470.15
	B-5	-766.16	1540.32	A-2	-732.59	1471.18
O/L 比值	B-1	-245.33	510.67	B-1	-352.80	725.61
	B-2	-255.29	522.57	B-2	-364.62	741.24

表 3 遗传模型的适合性测验

Table 3 Tests for goodness-of-fit of models

项目 Item	模型 Model	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
油酸	I	0.011(0.9178)	0.000(0.9994)	0.162(0.6871)	0.0327(>0.05)	0.0367(>0.05)
		0.000(0.9992)	0.040(0.8411)	0.637(0.4249)	0.0522(>0.05)	0.0403(>0.05)
	II	0.002(0.9652)	0.024(0.8760)	0.207(0.6492)	0.0411(>0.05)	0.0368(>0.05)
		0.029(0.8644)	0.060(0.8065)	0.101(0.7502)	0.0575(>0.05)	0.0462(>0.05)
亚油酸	I	0.005(0.9414)	0.028(0.8664)	0.151(0.6980)	0.0460(>0.05)	0.0334(>0.05)
		0.002(0.9621)	0.027(0.8694)	0.709(0.3998)	0.0628(>0.05)	0.0383(>0.05)
	II	0.000(0.9974)	0.017(0.8968)	0.256(0.6130)	0.0871(>0.05)	0.0626(>0.05)
		0.025(0.8749)	0.002(0.9669)	0.197(0.6573)	0.1118(>0.05)	0.0771(>0.05)
O/L 比值	I	0.170(0.6797)	0.024(0.8757)	0.947(0.3305)	0.2029(>0.05)	0.0716(>0.05)
		0.012(0.9112)	0.062(0.8029)	0.321(0.5712)	0.0803(>0.05)	0.0465(>0.05)
	II	0.116(0.7336)	0.002(0.9606)	1.255(0.2626)	0.1891(>0.05)	0.0599(>0.05)
		0.009(0.9264)	0.088(0.7673)	0.682(0.4088)	0.0941(>0.05)	0.0490(>0.05)

nW^2 的 5% 显著值为 0.461; 组合 I、II 中 Dn 的 5% 显著值分别为 0.0895 和 0.0934; U_1^2, U_2^2, U_3^2 栏中括号内数字为理论分布值

The value of nW^2 at 5% significance level is 0.461; the value of Dn at 5% significance level is 0.0895 in cross I and 0.0934 in cross II, respectively; the number in brackets in U_1^2, U_2^2, U_3^2 column is the distribution value in theory

2.3 遗传参数的估计

根据 F_2 成分分布分别计算出油酸含量遗传模型(A-1)、亚油酸含量遗传模型(A-1)以及 O/L 比值遗传模型(B-1)的极大似然估计值, 并由此

估算出相应的一阶遗传参数和二阶遗传参数(表 4~6)。

组合 I、II 中控制油酸含量主基因的加性效应值分别为 8.6281 和 10.6638, 显性效应值分别为

-2.0164 和 1.0652, 遗传率分别为 65.26% 和 71.39%。主基因对油酸含量的控制以加性效应为主, 显性效应较小且为负向(表 4)。

表 4 组合 I、II 的 F_2 油酸含量遗传模型(A-1)的遗传估计值

Table 4 The estimate values of genetic parameters (A-1 model) of oleic acid content in cross I and II

遗传参数 Genetic parameter	估计值 Estimate value		遗传参数 Genetic parameter	估计值 Estimate value	
	I	II		I	II
μ_1	61.5453	67.131	m	52.9172	56.4672
μ_2	50.9007	57.5323	d	8.6281	10.6638
μ_3	44.2891	45.8033	h	-2.0164	1.0652
σ^2	18.7222	20.1130	σ^2_{mg}	38.24	57.14
σ_p^2	58.5954	80.0387	h_{mg}^2	0.6526	0.7139

组合 I、II 控制亚油酸含量主基因的加性效应值分别为 8.0327 和 9.0885, 显性效应值分别为 1.2858 和 -1.0826, 遗传率分别为 73.64% 和 71.59%。主基因对亚油酸含量的控制也是以加性效应为主, 显性效应较小(表 5)。

表 5 组合 I、II 的 F_2 亚油酸含量遗传模型(A-1)的遗传估计值

Table 5 The estimates of genetic parameters (A-1 model) of linoleic acid content in cross I and II

遗传参数 Genetic parameter	估计值 Estimate value		遗传参数 Genetic parameter	估计值 Estimate value	
	I	II		I	II
μ_1	35.7363	33.2868	m	27.7035	24.1983
μ_2	28.9893	23.1157	d	8.0327	9.0885
μ_3	19.6708	15.1098	h	1.2858	-1.0826
σ^2	10.9311	14.5359	σ^2_{mg}	32.68	41.59
σ_p^2	44.3694	58.098	h_{mg}^2	0.7364	0.7159

组合 I 中控制 O/L 值的 2 对主基因的加性效应值分别为 0.6855(da) 和 0.6814(db), 显性效应值分别为 -0.6838(ha) 和 0.0240(hb); 加性 \times 加性效应(i)、加性 \times 显性效应(jab)、显性 \times 加性效应(jba)、显性 \times 显性效应(l) 分别为 0.6812、0.024、-0.6803、-0.0244; 主基因遗传率为 82.57%。组合 II 中 2 对主基因的加性效应值分别为 1.6842(da) 和 0.8835(db), 显性效应值分别为 -1.6559(ha) 和 -0.5127(hb); 加性 \times 加性效应(i)、加性 \times 显性效应(jab)、显性 \times 加性效应(jba)、显性 \times 显性效应(l) 分别为 0.8822、-0.5124、-0.8594、0.496; 主基因遗传率为 88.64% (表 6)。

表 6 组合 I、II 的 F_2 O/L 比值遗传模型(B-1)的遗传估计值

Table 6 The estimates of genetic parameters (B-1 model) of O/L ratio in cross I and II

遗传参数 Genetic parameter	估计值 Estimate value		遗传参数 Genetic parameter	估计值 Estimate value	
	I	II		I	II
m	2.2967	3.7943	jab	0.0240	-0.5124
da	0.6855	1.6842	jba	-0.6803	-0.8594
db	0.6814	0.8835	l	-0.0244	0.4960
ha	-0.6838	-1.6559	σ^2_p	0.7225	2.2232
hb	0.0240	-0.51279	σ^2_{mg}	0.5966	1.9707
i	0.6812	0.8822	h_{mg}^2	0.8257	0.8864

3 讨论

采用主基因 + 多基因遗传模型分离分析方法对高油酸龙生型花生种质低油酸珍珠豆型花生品种杂交 F_2 的遗传分析表明:油酸及亚油酸含量的遗传均表现为 1 对主基因加性-显性模型, O/L 值遗传表现为 2 对主基因加性-显性-上位性模型; 控制油酸、亚油酸含量的主基因以加性效应为主、显性效应较小。这与万勇善等^[12]的研究结果油酸、亚油酸及其比值遗传均适合“加性-显性”模型, 以加性效应为主并表现部分显性遗传基本一致。除此之外, 本研究结果还进一步明确了控制油酸、亚油酸含量及 O/L 值的主基因个数并估算了各基因的遗传效应值。

本研究结果中油酸、亚油酸含量遗传均受 1 对主基因控制。这与 López 等^[15]和 Isleib 等^[16]对美国特异高油酸种质 F435 进行遗传研究所获得的结果不同: López 等利用 F435 与西班牙型品种(相当于我国的珍珠豆型品种)的杂交后代群体的研究认为其高油酸性状受 2 对隐性基因($ol_1 ol_1 ol_2 ol_2$)控制。Isleib 等^[16]的研究认为 ol 基因具有多效性, 同时影响油酸、亚油酸及多种脂肪酸的含量。这些结果表明, 龙生型高油酸种质可能在控制油酸、亚油酸含量遗传方面有着与美国种质 F435 不同的机理。

Moore 等^[17]、Isleib 等^[18-19]对 F435 与弗吉尼亚型、兰娜型品种杂交的后代群体研究发现高油酸、O/L 值的分离模式对应亲本遗传背景的不同而出现单基因分离模型或两基因分离模型。本研究中, 龙生型高油酸种质的对应亲本为低油酸珍珠豆型品种时 O/L 值的遗传表现为 2 对主基因加性-显性-上位性模型, 而丁锦平等^[13]以低油酸龙生型品种为对应亲本时发现 O/L 值受 1 对负向完全显性的主基因控制, 表明龙生型高油酸种质杂交后代的遗传分离

模型也与 F435 相似,存在依对应亲本遗传背景不同出现单基因分离模型或两基因分离模型。

两个龙生型高油酸亲本的油酸、亚油酸含量及 O/L 值在实验中出现的变幅较大,而低 O/L 值珍珠豆型亲本则变幅相对较小;López 等^[15]研究报道中也存在类似情况:高油酸亲本 F435 的 O/L 比值的变幅范围在 14~45。对于其产生的原因目前尚无明确的解释,但可能与种子发育过程中的温度条件有关。由于花生是一种开花周期较长的作物,在前、后不同时间开花形成的荚果可能会处在不同的温度条件完成其成熟过程,从而导致不同种子油酸、亚油酸含量的差异。而油酸和亚油酸含量间呈极显著的负相关关系^[20],导致 O/L 比值的变幅更大。而高油酸种质中控制脂肪酸转化的相关基因的表达可能受温度的影响尤其明显。已有的研究发现:花生 O/L 比值与荚果发育期的日平均气温和 5cm 土层日平均地温呈极显著正相关^[21],气候是影响花生 O/L 比值的重要因素,同一品种 O/L 比值随纬度的升高而降低^[22]。为了提高试验的精确性,可能需要更充分地考虑各种因素的影响并对试验方法进行改进完善。

由于本研究只利用了 F₂ 进行遗传分析,对于在主基因作用之外是否还存在微效多基因的作用尚不能确定。

致谢: 脂肪酸测定分析得到广西作物遗传改良生物技术重点开放实验室潘有强博士的大力支持,并得到何庭、韦丹两位同学的协助;南京农业大学章元明教授提供数据分析软件并给予耐心指导,特此感谢。

参考文献

- [1] Grundy S M, Florentin L, Nix D, et al. Comparison of monounsaturated fatty acids and carbohydrates for reducing raised levels of plasma cholesterol in man [J]. Am J Clin Nutr, 1988, 47: 965~969
- [2] Grundy S M. Monounsaturated fatty acids and cholesterol metabolism: implications for dietary recommendations [J]. J Nutr, 1989, 119: 529~533
- [3] Higgs J. The beneficial role of peanuts in the diet—an update and rethink Peanuts and their role in CHD [J]. Nutr Food Sci, 2002, 32(6): 214~218
- [4] Higgs J. The beneficial role of peanuts in the diet—Part 2 [J]. Nutr Food Sci, 2003, 33(2): 56~64
- [5] Norden A J, Gorbet D W, Knauth D A, et al. Variability in oil quality among peanut genotypes in the Florida breeding program [J]. Peanut Sci, 1987, 14: 7~11
- [6] 姜慧芳,段乃雄. 我国龙生型花生的主要品质性状分析[J]. 花生科技, 1998(1): 1~4
- [7] 姜慧芳,任小平. 花生抗青枯病种质脂肪酸组成的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(3): 271~274
- [8] 段乃雄,姜慧芳,廖伯寿,等. 中国龙花生 I. 龙花生的来源和传播[J]. 中国油料, 1995, 17(2): 68~71
- [9] 段乃雄,姜慧芳,周蓉,等. 中国的龙花生 IV. 中国龙花生的研究现状[J]. 中国油料, 1996, 18(3): 73~75
- [10] 姜慧芳,任小平,段乃雄. 中国龙生型花生的耐旱性鉴定与综合评价[J]. 中国农业科学, 1999, 32(增刊): 59~63
- [11] 廖伯寿,段乃雄,谈宇俊,等. 龙生型花生青枯病抗性遗传研究 I. 抗性遗传属性与配合力分析[J]. 中国油料, 1994, 16(4): 4~8
- [12] 万勇善,谭忠,范晖,等. 花生脂肪酸组分的遗传效应研究[J]. 中国油料作物学报, 2002, 24(1): 26~28
- [13] 丁锦平,韩柱强,周瑞阳,等. 花生油酸/亚油酸比值(O/L 值)的遗传分析[J]. 中国油料作物学报, 2007, 29(3): 233~237
- [14] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社, 2003
- [15] López Y, Smith O D, Senseman S A, et al. Genetic factors influencing high oleic acid content in Spanish market-type peanut cultivars [J]. Crop Sci, 2001, 41: 51~56
- [16] Isleib T G, Wilson R F, Novitzky W P. Partial dominance, pleiotropism, and epistasis in the inheritance of the high-oleate trait in peanut [J]. Crop Sci, 2006, 46(3): 1331~1335
- [17] Moore K M, Knauth D A. The inheritance of high oleic acid in peanut [J]. J Hered, 1989, 80: 252~253
- [18] Isleib T G, Young C T, Knauth D A. Fatty acid genotypes of Virginia-type peanut cultivars [J]. Crop Sci, 1996, 36: 556~558
- [19] 禹山林, Isleib T G. 美国大花生脂肪酸的遗传分析[J]. 中国油料作物学报, 2000, 22(1): 34~37
- [20] 姜慧芳,段乃雄. 花生油脂品质及含油量、油酸和亚油酸含量间的相关分析[J]. 花生科技, 1993(2): 5~6
- [21] 万勇善,李向东,范晖. 花生油酸/亚油酸比率与播种期及温度的关系[J]. 山东农业科学, 1995(2): 6~8
- [22] 吴兰荣,宋文琪,韩淑梅. 几个优异花生种质的油酸、亚油酸含量及比值评价[J]. 花生科技, 1997(4): 13~16

龙生型高油酸花生种质油酸亚油酸含量及其比值的遗传分析

作者:

韩柱强, 高国庆, 周瑞阳, 唐荣华, 钟瑞春, 周翠球, 贺梁琼

作者单位:

韩柱强(广西大学, 南宁, 530004; 广西农科院经作所, 南宁, 530007), 高国庆(广西作物遗传改良生物技术重点开放实验室, 南宁, 530007), 周瑞阳(广西大学, 南宁, 530004), 唐荣华, 钟瑞春, 周翠球, 贺梁琼(广西农科院经作所, 南宁, 530007)

刊名:

植物遗传资源学报 [ISTIC PKU]

英文刊名:

JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES

年, 卷(期):

2010, 11(1)

被引用次数:

2次

参考文献(22条)

- Grundy S M; Florentin L; Nix D Comparison of monounsaturated fatty acids and carbohydrates for reducing raised levels of plasma cholesterol in man 1988
- 吴兰荣; 栾文琪; 韩淑梅 几个优异花乍种质的油酸、亚油酸含量及比值评价 1997(04)
- 万勇善; 李向东; 范晖 花生油酸/亚油酸比率与播种期及温度的关系 1995(02)
- 姜慧芳; 段乃雄 花生油脂品质及含油量、油酸和亚油酸含量间的相关分析 1993(02)
- 段乃雄; 姜慧芳; 周蓉 中国的龙花IV. 中国龙花生的研究现状 1996(03)
- 段乃雄; 姜慧芳; 廖伯寿 中国龙花生 I. 龙花生的来源和传播 1995(02)
- 姜慧芳; 任小平 花生抗青枯病种质脂肪酸组成的遗传多样性[期刊论文]-植物遗传资源学报 2007(03)
- 姜慧芳; 段乃雄 我国龙生梨花生的主要品质性状分析 1998(01)
- Norden A J; Gorbet D W; Knauf D A Variability in oil quality among peanut genotypes in the Florida breeding program 1987
- Higgs J The beneficial role of peanuts in the diet-Part 2 2003(02)
- Higgs J The beneficial role of peanuts in the diet-an update and rethink Peanuts and their role in CHD 2002(06)
- Grundy S M Monounsaturated fatty acids and cholesterol metabolism: implications for dietary recommendations 1989
- 禹山林; Isleib T G 美国大花生脂肪酸的遗传分析[期刊论文]-中国油料作物学报 2000(01)
- Isleib T G; Young C T; Knauf D A Fatty acid genotypes of Virginia-type peanut cultivars 1996
- Moore K M; Knauf D A The inheritance of high oleic acid in peanut 1989
- Isleib T G; Wilson R F; Novitzky W P Partial dominance, pleiotropism, and epistasis in the inheritance of the high-oleate trait in peanut 2006(03)
- López Y; Smith O D; Senseman S A Genetic factors influencing high oleic acid content in Spanish market-type peanut cultivars 2001
- 盖钧镒; 章元明; 王建康 植物数量性状遗传体系 2003
- 丁锦平; 韩柱强; 周瑞阳 花生油酸亚油酸比值(O/L值)的遗传分析[期刊论文]-中国油料作物学报 2007(03)
- 万勇善; 谭忠; 范晖 花生脂肪酸组分的遗传效应研究[期刊论文]-中国油料作物学报 2002(01)
- 廖伯寿; 段乃雄; 谈宇俊 龙生型花生青枯病抗性遗传研究 I. 抗性遗传属性与配合力分析 1994(04)
- 姜慧芳; 任小平; 段乃雄 中国龙生型花生的耐旱性鉴定与综合评价[期刊论文]-中国农业科学 1999(增刊)

引证文献(2条)

1. 闫世江, 司龙亭, 张建军, 张继宁, 刘洁 黄瓜苗期低温弱光下耐低温性主基因-多基因联合遗传分析 [期刊论文]-植物遗传资源学报 2011(2)
2. 陈静 高油酸花生遗传育种研究进展 [期刊论文]-植物遗传资源学报 2011(2)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201001004.aspx