

大豆脂肪及脂肪酸组分含量的遗传分析

郑永战^{1,3}, 盖钧镒¹, 周瑞宝², 田少君², 卢为国^{1,3}, 李卫东³

(1. 南京农业大学大豆研究所/国家大豆改良中心/作物遗传与种质创新国家重点实验室, 南京 210095;
2. 河南工业大学大豆精深加工研究所, 郑州 450052; 3. 河南省农科院棉花油料作物研究所, 郑州 450002)

摘要 以 Essex × ZDD2315 的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 BC_1F_3 为材料, 用主基因 + 多基因混合遗传模型, 分析大豆脂肪及脂肪酸组分含量的遗传机制及相关关系。结果表明, 大豆脂肪含量受 2 对加性互补主基因 + 多基因控制, 主基因遗传率为 16.23%, 多基因遗传率为 53.49%; 棕榈酸、硬脂酸和亚油酸均为 3 对主基因 + 多基因遗传模型, 其中均有 2 对主基因效应为等加性, 主基因遗传率分别为 71.63%, 91.51% 和 91.59%, 棕榈酸多基因遗传率为 14.78%, 硬脂酸和亚油酸未估计出多基因遗传率; 油酸为 3 对加性主基因遗传模型, 其中 2 对主基因效应为等加性, 主基因遗传率为 74.66%; 亚麻酸为 2 对等加性主基因 + 多基因遗传模型, 主基因遗传率为 41.98%, 多基因遗传率为 24.17%。相关分析结果, 棕榈酸、亚麻酸与脂肪呈极显著负相关 (-0.272 、 -0.325); 油酸与亚油酸亚麻酸呈极显著负相关 (-0.833 、 -0.604); 亚油酸和亚麻酸呈极显著正相关 (0.287); 棕榈酸与油酸亚油酸呈极显著和显著负相关 (-0.255 和 -0.211); 硬脂酸与亚油酸呈极显著负相关 (-0.310)。因此, 脂肪及脂肪酸组分含量的遗传涉及到主效基因和多基因, 脂肪及亚麻酸含量的主基因遗传率较低, 其它性状主基因遗传率均在 70% 以上, 改善脂肪含量要注重多基因的积累, 改善脂肪酸组分可着重在主基因的利用, 提高脂肪含量与改善脂肪酸组分无突出矛盾。

关键词 大豆; 脂肪; 脂肪酸组分; 遗传机制; 主基因 + 多基因混合遗传模型

中图分类号 S565.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-9841(2007)06-0801-06

INHERITANCE OF FAT AND FATTY ACID COMPOSITION CONTENTS IN SOYBEAN

ZHENG Yong-zhan^{1,3}, GAI Jun-yi¹, ZHOU Rui-bao², TIAN Shao-jun², LU Wei-guo^{1,3}, LI Wei-dong³

(1. Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural University/National Center for Soybean Improvement/National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing 210095; 2. Soybean Processing Research Institute, Henan University of Technology, Zhengzhou 450052; 3. Institute of Cotton and Oil Crops, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002)

Abstract Genetic improvement of fat and fatty acid composition content of soybean seed is interesting to both farmers and processors. The objective of this study was aimed at revealing the genetic mechanism of fat and fatty acid composition content in soybean. Genetic analysis were performed under major gene +

收稿日期: 2007-06-25

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30490250); 国家重点基础研究发展规划项目(2002CB111304, 2004CB7206, 2006CB101708); 国家 863 项目(2002AA211052, 2006AA100104); 长江学者和创新团队发展计划资助项目(PCSIRT)

作者简介: 郑永战(1963-), 男, 博士研究生, 副研究员, 研究方向为油料作物遗传育种。E-mail: zhengyongzhan@yahoo.com.cn

通讯作者: 盖钧镒, 教授, 中国工程院院士。Tel: 025-84395405; E-mail: sri@njau.edu.cn

周瑞宝, 教授。Tel: 0371-67788985; E-mail: rbzhou0615@163.com

polygene mixed inheritance model in the P_1, P_2, F_1 , and BC_1F_3 of the cross Esse \times ZDD2315. The results showed that fat content and linolenic acid content of the cross were controlled by two major genes plus polygenes, with the major gene heritability of 16.23%, and 41.98%, respectively, and polygene heritability of 53.49%, and 24.17%, respectively. Three major genes and polygenes contributed to the inheritance of palmitic, linoleic and stearic acids contents, with the major gene heritability of 71.63%, 91.59%, and 91.51%, respectively, and polygene heritability of 14.78% in palmitic acid, but no polygenes detected in linoleic and stearic acids. The inheritance of oleic acid content was controlled by three major additive genes, with the heritability of 74.66%. The conclusions were as follows: the inheritance of fat and fatty acid composition content in soybean involved with both major genes and polygenes; while for other fatty acids mainly due to major genes with their heritability of more than 70%, the major gene heritability of fat and linolenic acid contents were smaller. In the improvement of fat content, accumulating polygenes should be emphasized, while utilization of major genes is preferred for fatty acid improvement. There will be no serious contradictions in the improvement of both fat content and fat quality traits.

Key words Soybean [*Glycine max*(L.) Merr.]; Fat; Fatty acid composition; Inheritance; Major gene + polygene mixed inheritance model

大豆 [*Glycine max*(L.) Merr.] 是世界上重要的粮油兼用作物之一, 占世界油料作物产量的 39%。随着人们健康要求的日益提高, 对大豆品种不仅要求含油量高, 而且要求有合理的脂肪酸组成。探讨脂肪及脂肪酸组分含量的遗传机制是开展大豆油脂品质育种的重要前提。关于大豆脂肪及脂肪酸组分含量的遗传机制, 国内外大豆遗传育种学家研究结果表明, 油脂含量属数量遗传性状, 主要受基因加性效应控制, 并有一定的显性和上位效应^[1]; 一些学者认为脂肪酸组分含量的遗传是数量性状遗传, 以加性效应为主, 有的学者则认为由少数几对基因控制^[2-5]。上述不同研究大多涉及个别油脂成分性状, 缺少在同一遗传背景下对脂肪及脂肪酸组分遗传及相关的综合分析。以往对植物数量性状的遗传研究, 主要采用微效多基因模型下的双亲本杂种或双列杂交杂种的世代平均数或遗传方差组成分析方法研究性状的整体基因效应^[6]。这些方法仅能分析一组基因的综合效应及其相对重要性, 不能分解出单个基因的效应。

目前, 对植物数量性状基因座位 (Quantitative trait loci, QTLs) 定位结果发现, 控制数量性状遗传的基因效应存在大小之别。大效应基因表现出主基因遗传特性, 遗传效应较小的基因表现为多基因遗传特性, 性状的遗传表现为主基因加多基因的混合遗传模式。盖钧镒、王建康及章元明等在前人研究的基础上, 将混合分布理论与数量遗传学结合起来, 建立了主基因 + 多基因混合遗传模型, 提出了一套

完整的分析主基因与多基因的存在与效应的方法^[7-9]。模型的建立突破了经典的数量性状由微效多基因控制的理论假设, 通过对分离世代群体的分析, 提供主基因与多基因两方面的量化信息。目前, 该方法已扩展至 3 对主基因 + 多基因的混合遗传模型分析^[10-11]。本研究采用混合遗传模型分离分析方法研究大豆脂肪及脂肪酸组分含量的遗传体系, 并分析脂肪及脂肪酸组分相互间的相关, 为大豆油脂品质育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料及群体构建

2001 年在郑州配置杂交组合 Essex \times ZDD2315, 收获 F_1 种子。2002 年用 F_1 植株为母本, 以 ZDD2315 做父本进行回交, 2002 年冬季在海南三亚加代种植 BC_1F_1 , 分单株收获, 2003 年夏季在郑州种植 BC_1F_2 家系, 分系收获, 以备试验。Essex 为有限结荚习性, 直立生长型, 黄种皮, 高含油量; ZDD2315 无限结荚习性, 蔓生型, 黑种皮, 低含油量。

1.2 田间试验设计

2004 年在郑州设置田间试验, 供试材料为 Essex \times ZDD2315 的 4 个世代: P_1, P_2, F_1, BC_1F_3 家系 (112 个), 随机区组设计, 3 次重复, 2 行区, 行长 2 m, 行距 0.4 m, 株距 0.13 m。成熟后, 每小区收获 10 株进行考种, 所收种子供品质分析用。

1.3 脂肪与脂肪酸含量测定

1.3.1 样品含水量测定 取适量待测样品,放入微型植物试样粉碎机进行粉碎,粉碎后用密封塑料袋装好备用。用分析天平精确称量试样(粉)(不超过 5 g),置于烘箱中烘干至恒重(105℃,≥3 h),根据烘干前后重量,计算含水量(以百分率%表示)。

1.3.2 含油量测定 利用自动索氏抽提器(2050 SOXTEC Auto Extraction Unit)提取脂肪,并测定脂肪含量。索氏抽提包括浸泡、回流、脱溶、干燥四个阶段,2050 SOXTEC Drive Unit 的工作参数为:抽提温度 75℃,浸泡时间 138 min,溶剂回流时间 138 min,蒸发溶剂时间 56 min,干燥时间 5 min。具体步骤:用分析天平精确称量试样(不超过 3 g),放入索氏抽提筒中,然后放入少许脱脂棉,再将样品放入抽提器中,调节好参数后按启动键开始抽油。经索氏抽油后,待溶剂(无水乙醚)完全挥发后称油重。根据油重和样品重量计算含油量(以百分率%表示)。根据样品含水量,将含油量换算成干基含油量。

1.3.3 脂肪酸组分含量测定 首先对油样进行甲酯化,具体步骤为:用移液管取油样 35 μL,放入事先经干燥过的试管中,然后,取 1.5 mL 正己烷(分析纯)放入试管中,使油样充分溶解;再取 2.5 mL 的甲醇钠溶液(0.5 mol L⁻¹)放入试管中,使其发生反应,生成脂肪酸甲酯;最后用小勺在试管中加少量无水硫酸钠,以除去可能的水分。将试管盖上盖子,轻轻摇动,静置一段时间后备用。应用气相色谱仪(Shimadzu GC-9A)测定脂肪酸组分含量。气象色谱的工作参数:色谱柱类型:担体+15% DEGS、柱规格:2.8 m×2.1 mm;载气类型为氮气(N₂),载气流量为 80 mL min⁻¹;空气流量为 600 mL min⁻¹;氢气流量为 35 mL min⁻¹;柱温 185℃,进样口温度 210℃;采用氢离子火焰检测器;进样量为 3 μL。采用面积归一法计算脂肪酸组分的相对含量。气相色谱仪的具体操作步骤为:首先开启气相色谱仪,待仪器达到稳定后,用微量进样器抽取甲酯化静置后的上清液 3 μL,进样器垂直从进样口插入,并迅速注入样品,同时按下数据采集按钮。待一个样品的全部峰出来(约 45 min),按停止采集键,加下一个样品,如此循环。

1.4 遗传数据分析方法

采用 SAS8.20 进行方差分析及相关分析,检验家系间遗传差异显著性。将 BC₁F₃家系看作回交自交系(backcross inbred line,BIL),按何小红等^[11]的

方法进行数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析。首先建立包括无遗传控制、只有多基因控制、1至3对主基因控制和1至3对主基因+多基因控制遗传模型下的混合分布函数,并由极大似然法和 ECM 算法估计成分分布参数,以最大熵(最小 AIC)准则和 5 组适合性测验选择最优最适遗传模型,进而根据所估计的成分分布参数,用最小二乘法估算遗传参数。具体方法见文献[9~11]。

2 结果与分析

方差分析结果表明,家系间脂肪及脂肪酸组分含量遗传变异达到极显著水平,表型次数分布呈现偏态和多峰现象(图 1),可能存在主效基因。按分离分析方法对全部可能存在的遗传模型进行极大似然分析,根据 AIC 值和适合性测验选定最适遗传模型,根据最适模型各个成分分布的均值和权重,用最小二乘法估计出各性状的遗传参数(表 1)。

2.1 脂肪含量的遗传分析

F₁的脂肪含量位于双亲之间,偏向于高含量亲本 P₁;BC₁F₃家系的脂肪含量存在一定的超亲分离,表型次数呈偏态分布(图 1),可能存在主基因控制。根据 AIC 值和适合性测验,脂肪含量最适遗传模型为 E-1-7,即 2 对加性互补主基因+多基因遗传模型。主基因加性效应及加性(加性互作效应两项合计为 1.920,多基因加性及互作效应分别为 1.502 和 -2.006;主基因遗传率为 16.23%,多基因遗传率为 53.49%。脂肪含量的遗传体系中,微效多基因的遗传贡献占主要部分,虽然有 2 对主效基因,但其贡献只占微效多基因的 1/3 左右。

2.2 棕榈酸含量的遗传分析

F₁的棕榈酸含量位于双亲之间,偏向于低含量亲本 P₁;BC₁F₃家系的棕榈酸含量存在超亲分离现象,表型次数呈偏态分布,可能存在主基因控制。根据 AIC 值和适合性测验,棕榈酸含量遗传的最适模型为 G-4,即 3 对主基因+多基因遗传模型,其中 2 对主基因效应为等加性,存在多基因效应。主基因效应值为 0.399、0.399 和 0.407,主基因遗传率为 71.63%;多基因加性及互作效应分别为 -0.936 和 0.234,多基因遗传率为 14.78%。棕榈酸含量遗传体系中 3 对主效基因占遗传贡献的主要部分,多基因遗传贡献只有其 1/5 左右。

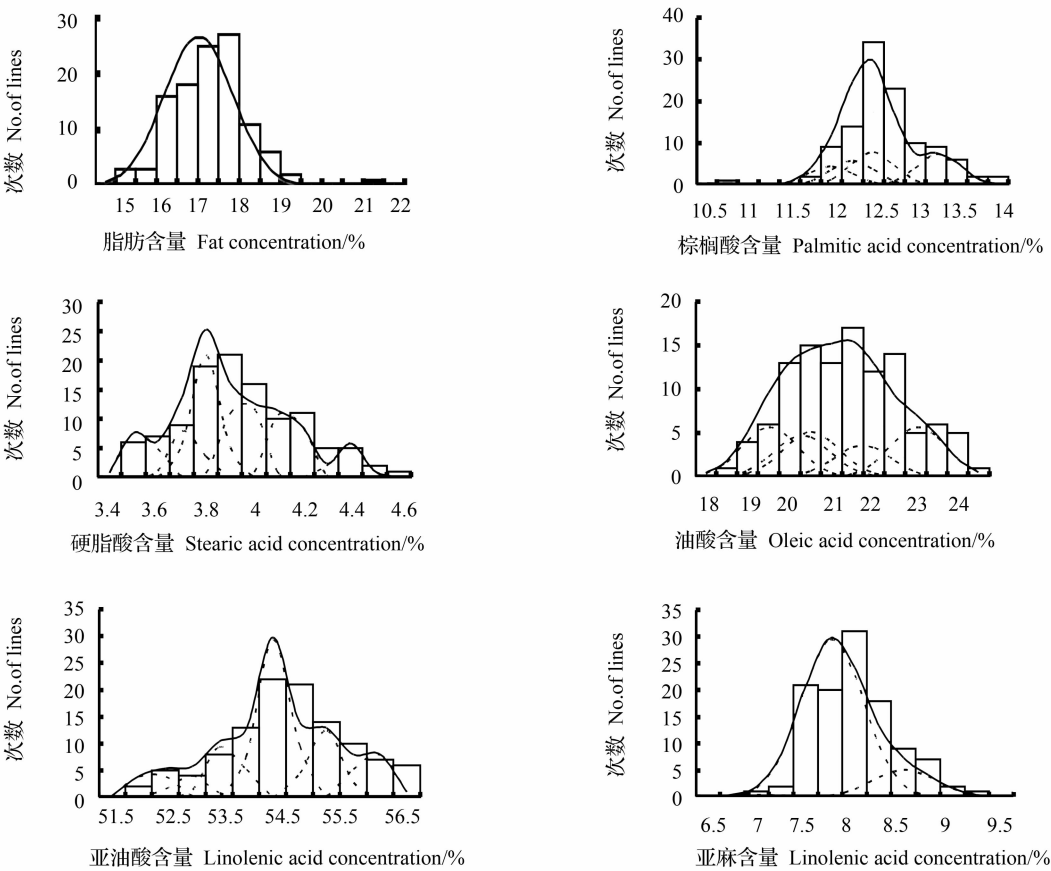


图 1 大豆脂肪及脂肪酸组分含量次数分布及拟合混合分布

Fig.1 Frequency distribution and fitted mixed distribution for fat and fatty acid content of soybean

表 1 遗传参数估计结果

Table 1 Estimates of genetic parameters

性 状 Trait	模 型 Model	遗 传 参 数 Genetic parameter												
		m	a_A	a_B	a_C	i	$[d]$	$[i]$	σ_p^2	σ_e^2	σ_{mg}^2	σ_{pg}^2	h_{mg}^2 /%	h_{ng}^2 /%
脂肪 Fat	E-1-7	19.185				1.920	1.502	-2.006	0.827	0.251	0.134	0.443	16.23	53.49
棕榈酸 Palmitic	G-4	12.187	0.399	0.399	0.407		-0.936	0.234	0.243	0.033	0.174	0.036	71.63	14.78
硬脂酸 Stearic	G-4	3.923	0.107	0.107	0.047		0.118	0.414	0.058	0.011	0.053	<0	91.51	-
油酸 Oleic	F-4	21.119	0.593	0.593	0.598				1.732	0.430	1.293		74.66	
亚油酸 Linoleic	G-4	54.191	0.824	0.824	0.411		-1.393	0.441	1.330	0.209	1.218	<0	91.59	-
亚麻酸 Linolenic	E-1-3	7.772	0.369	0.369			-0.215	0.166	0.179	0.061	0.075	0.043	41.98	24.17

“ - ”表示有而估计不出。

“ - ”denotes being not estimated due to the restriction of the model.

2.3 硬脂酸含量的遗传分析

F₁的硬脂酸含量位于双亲之间,偏向于低含量亲本 P₂;BC₁F₃家系的硬脂酸含量存在单项超亲分离现象,表型次数呈多峰分布,可能存在主基因控制。根据 AIC 值和适合性测验,硬脂酸的最适遗传模型为 G-4,即 3 对主基因 + 多基因遗传模型,其中 2 对主基因效

应为等加性,存在多基因效应。主基因效应值为 0.107、0.107 和 0.047,主基因遗传率为 91.51%;多基因加性及互作效应分别为 0.118 和 0.414,没有估计出多基因遗传率。硬脂酸含量遗传体系中 3 对主效基因几乎占遗传贡献的全部,多基因的遗传贡献极微。

2.4 油酸含量的遗传分析

F₁的油酸含量位于双亲之间,偏向于高含量亲本 P₁;BC₁F₃家系的油酸含量存在较强的超亲分离现象,表型次数分布呈多峰状态,可能存在主基因控制。根据 AIC 值和适合性测验,油酸含量的最适遗传模型为 F-4,即 3 对加性主基因遗传模型,其中 2 对主基因效应为等加性,不存在多基因效应。主基因效应值为 0.593、0.593 和 0.598,主基因遗传率为 74.66%。油酸含量遗传体系中,3 对主效基因约占了全部贡献。

2.5 亚油酸含量的遗传分析

F₁的亚油酸含量位于双亲之间,偏向于高含量亲本 P₂;BC₁F₃家系的亚油酸含量存在较强的超亲分离现象,表型次数呈多峰分布,可能存在主基因控制。根据 AIC 值和适合性测验,亚油酸含量的最适模型为 G-4,即 3 对主基因 + 多基因遗传模型,其中 2 对主基因效应为等加性,存在多基因效应。主基因效应值为 0.824、0.824 和 0.411,主基因遗传率为 91.59%;多基因加性及互作效应分别为 -1.393 和 0.441,没有估计出多基因遗传率。亚油酸含量遗传体系中 3 对主效基因几乎占遗传贡献的全部,多基因的遗传贡献极微。

2.6 亚麻酸含量的遗传分析

F₁的亚麻酸含量位于双亲之间,偏向于高含量亲本 P₂;BC₁F₃家系的亚麻酸含量存在一定的超亲分离,表型次数呈偏态分布,可能存在主基因控制。根据 AIC 值和适合性测验,亚麻酸含量的最适遗传模型为 E-1-3,即 2 对等加性主基因 + 多基因遗传模型,存在多基因效应。主基因加性效应为 0.369,主基因遗传率为 41.98%;多基因加性及互作效应分别为 -0.215 和 0.166,多基因遗传率为 24.17%。亚麻酸含量遗传体系中,2 对主效基因的遗传贡献为主,微效多基因的遗传贡献仅为其 1/2 左右。

2.7 脂肪及脂肪酸组分含量的相关性

脂肪与脂肪酸组分含量的简单相关分析结果,只有棕榈酸、亚麻酸含量与脂肪含量呈负相关,相关系数分别为 -0.272、-0.325,均达极显著水平。硬脂酸与脂肪呈负相关,但不显著;油酸和亚油酸与脂肪呈正相关关系,但均未达到显著水平。脂肪酸组分含量间的相关分析结果,油酸与亚油酸和亚麻酸呈极显著负相关,相关系数为 -0.833、-0.604;亚油酸和亚麻酸呈极显著正相关,相关系数为 0.287;棕榈酸与油酸和亚油酸呈极显著和显著负相关,相关系数为 -0.255 和 -0.211;硬脂酸与亚油酸呈极

显著负相关,相关系数为 -0.310;其它相关不显著(表 2)。

表 2 脂肪及脂肪酸组分简单相关系数
Table 2 Correlation coefficients of fat and fatty acid compositions in soybean

性状 Trait	棕榈酸 Palmitic	硬脂酸 Stearic	油酸 Oleic	亚油酸 Linoleic	亚麻酸 Linolenic
硬脂酸 Stearic	0.083				
油酸 Oleic	-0.255 **	0.104			
亚油酸 Linoleic	-0.211 *	-0.310 **	-0.833 **		
亚麻酸 Linolenic	0.157	-0.147	-0.604 **	0.287 **	
脂肪 Fat	-0.272 **	-0.015	0.100	0.125	-0.325 **

*, ** 分别表示 0.05 和 0.01 显著水平 *, ** indicate significant at 0.05 and 0.01 significance probability level, respectively

3 讨论

3.1 关于大豆脂肪及其脂肪酸组成遗传体系的讨论

大豆脂肪主要由油酸、亚油酸、棕榈酸、亚麻酸和硬脂酸等 5 种脂肪酸组成,其中油酸约占 21%,亚油酸约占 54%,棕榈酸约占 12%、亚麻酸约占 8% 和硬脂酸约占 4%。遗传分析表明,这 5 种脂肪酸的遗传体系均主要由主基因控制,多基因的遗传贡献相对较小。但是脂肪含量的遗传体系则以多基因为主,主基因贡献相对较小。脂肪含量是 5 种脂肪酸组分的总和,说明各脂肪酸组成的主基因合计数量较多,每一个主基因在决定脂肪含量的遗传中相对较小,只起到微效多基因的作用,控制脂肪含量的 2 个主基因可能是脂肪酸组分中效应较大的主基因的作用,其中很可能是亚油酸含量的 2 个大效应的主基因起了作用,因为亚油酸其所占的比例大,基因效应也较大。本研究结果只是两个亲本间的分析,有待扩展到更多亲本间的分析。

3.2 大豆脂肪酸组分含量的遗传机制及对脂肪品质育种的启示

关于大豆脂肪品质性状的遗传机制,前人的研究结果认为,棕榈酸和亚麻酸的遗传受单个或 2 个主基因位点控制^[12-13];硬脂酸含量在不同的材料中受不同的主基因位点控制^[14];在不同材料的同一位点,具有不同的等位基因控制着油酸含量,而且油酸与亚油酸具有完全相反的相关关系^[3,15]。上述不同研究者的结果具有相对一致性,但不同材料间仍有一定的差异。本研究结果表明,脂肪酸组分含量的

遗传主要受主效基因和多基因控制,除脂肪及亚麻酸含量的主基因遗传率较低外,其它性状主基因遗传率均在 70% 以上,高者达到 90% 以上。因此,在大豆脂肪酸组分改良育种中可以考虑早代选择。鉴于大豆脂肪酸组分涉及数量较多的位点,可考虑通过标记辅助选择进行基因聚合,实现对大豆品质性状的综合改良。大豆脂肪品质改良的方向,从人体健康出发,希望增加油酸的含量,降低亚麻酸(易氧化)和棕榈酸的含量。从相关分析结果看,增加油酸会降低棕榈酸和亚麻酸,但要注意到亚油酸的下降。这在综合选择时要十分注意。当然期望的提高油酸、降低棕榈酸和亚麻酸含量还不够,必然要以亚油酸的部分降低换取油酸的提高。因此,育种中要设定亚油酸含量的控制线。

4 结论

脂肪及脂肪酸组分含量的遗传机制涉及到主效基因和多基因,脂肪及亚麻酸含量的主基因遗传率较低,其它性状主基因遗传率均在 70% 以上。在大豆油脂品质育种中,提高脂肪含量要注重多基因的积累,改善脂肪品质可着重于主基因的利用。提高脂肪含量与改善脂肪酸组分无突出矛盾。

参 考 文 献

[1] 宋启建,盖钧镒,马育华. 大豆品种蛋白质,油分含量的遗传特点[J]. 中国农业科学,1989,22(6):24-29.

[2] Wilcox J R,Cavins J F. Inheritance of low linolenic acid content of the seed oil of a mutant in *Glycine max*[J]. Theory and Applied Genetics,1985,71:74-78.

[3] Takagi Y,Rahman S M. Inheritance of high oleic acid content in the seed oil of soybean mutant M23[J]. Theory and Applied Genetics,1996,92:179-182.

[4] David L Stoltzfus,Walter R Fehr,Grace A Welke,et al. A *fap7* allele for elevated palmitate in soybean[J]. Crop Science,2000,40:1538-1542.

[5] Shaikh M Rahman,Toyoaki Anai,Takehito Kinoshita,et al. A novel soybean germplasm with elevated saturated fatty acids[J]. Crop Science,2003,43:527-531.

[6] 朱军,季道藩,徐馥华. 作物品种间杂种优势遗传分析的新方法[J]. 遗传学报,1993,20(3):262-271.

[7] 王建康,盖钧镒. 利用杂种 F₂ 世代鉴定数量性状主基因-多基因混合遗传模型并估计其遗传效应[J]. 遗传学报,1997,24(5):432-440.

[8] 王建康,盖钧镒. 数量性状主-多基因混合遗传的 P₁、P₂、F₁、F₂ 和 F_{2,3} 联合分析方法[J]. 作物学报,1998,24:(6):651-659.

[9] 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,2003:22-24.

[10] 章元明,盖钧镒. 利用 DH 或 RIL 群体检测 QTL 体系并估计其遗传效应[J]. 遗传学报,2000,27(7):634-640.

[11] 何小红,盖钧镒. 回交自交系群体数量性状遗传体系的分离分析方法[J]. 作物学报,2006,32(2):210-216.

[12] Shaikh M Rahman,Takagi Y,Kumamaru T. Low linolenate sources at the Fan locus in soybean lines M-5 and IL-8[J]. Breed Science,1996,46:155-158.

[13] Rahman S M,Kinoshita T,Anai T,Takagi Y. Genetic relationships between loci for palmitate contents in soybean mutants[J]. Journal Heredity,1999,90:423-428.

[14] Shaikh M Rahman,Takagi Y,Kinoshita T. Genetic control of high stearic acid content in seed oil of two soybean mutants[J]. Theory and Applied Genetics,1997,95:772-776.

[15] Shaikh M Rahman,Yutaka Takagi,Takehito Kinoshita. Genetic control of oleic acid content in the seed oil of two soybean mutants[J]. Crop Science,1996,36:1125-1128.