

## 大豆种子脂肪酸含量的遗传分析

李 侠,常 玮,韩英鹏,滕卫丽,李文滨

(东北农业大学大豆研究所,大豆生物学教育部重点实验室,黑龙江 哈尔滨 150030)

**摘 要:**利用气相色谱脂肪酸甲酯化法测定了大豆品种绥农10与L-9及其杂交衍生的197个重组自交系种子的棕榈酸、硬脂酸、油酸、亚油酸、亚麻酸的含量,运用主基因+多基因混合遗传模型,对大豆种子的5种脂肪酸进行了遗传分析。结果表明:硬脂酸、油酸和亚油酸均为2对主基因+多基因遗传模型;棕榈酸与亚麻酸均为3对主基因+多基因遗传模型,且五种脂肪酸含量的主基因遗传率大于多基因遗传率,即五种脂肪酸的遗传主要受主基因控制。

**关键词:**大豆;脂肪酸含量;主基因+多基因遗传模型;遗传分析

**中图分类号:**S565.1 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-9841(2009)03-0403-06

## Genetic Analysis on Fatty Acid Composition Contents in Soybean Seed

LI Xia, CHANG Wei, HAN Ying-peng, TENG Wei-li, LI Wen-bin

(Soybean Research Institute of Northeast Agricultural University, Key Laboratory of Soybean Biology of Chinese Education Ministry, Harbin 150030, Heilongjiang, China)

**Abstract:** Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] is the principal oilseed crop in the world. Soybean oil has various industrial and food applications. The quality of soybean oil is determined by its fatty acid composition. Fatty acid composition content in soybean seed were studied using 197 lines of a RIL population from a cross between Suinong 10 and L-9. Fatty acids was analyzed through mixed major gene plus polygene inheritance models, the results showed that palmitic acids content were controlled by three major genes, stearic acids content were controlled by two major genes, oleic acids content were controlled by two major genes, linolenic acids content were controlled by two major genes and polygenes, linoleic acids content were controlled by three major genes, respectively. The heritability of major genes was larger than that of polygenes in all the five fatty acids, indicating that the fatty acids investigated in the present study were mainly governed by major genes.

**Key words:** Soybean; Fatty acid composition; Major genes plus poly-gene model; Genetic analysis

大豆是重要的油料作物之一,大豆油占全世界食用油的31%;且随着人们健康意识的增强,合理的脂肪酸组分含量已成为评价大豆油脂的重要指标。因此,探明大豆种子中脂肪酸组分含量的遗传机制,已成为开展大豆油脂育种的重要前提和现实基础。

一般认为,脂肪酸组分含量是以加性效应为主的数量性状形式遗传<sup>[1]</sup>,但有的研究认为脂肪酸组分含量主要受少数主基因控制<sup>[2-5]</sup>。大豆脂肪酸的数量性状基因座位(QTL)定位结果表明:与大豆脂肪酸相关QTL的遗传效应差别很大<sup>[6]</sup>,部分遗传效应较大的QTL表现为主基因的遗传特点,而遗传效应较小的QTL表现为多基因的遗传特点。因此,大

豆脂肪酸组分含量以主基因加多基因方式遗传。

利用气相色谱脂肪酸甲酯化法,测定了大豆品种绥农10与L-9及其杂交衍生的197个重组自交系种子的5种脂肪酸(棕榈酸、硬脂酸、油酸、亚油酸和亚麻酸)的含量,运用主基因+多基因混合遗传模型<sup>[7]</sup>对大豆种子的5种脂肪酸进行了遗传分析,以期为大豆油脂育种奠定基础。

### 1 材料与方法

#### 1.1 材料

选用绥农10(棕榈酸、硬脂酸、油酸、亚油酸和亚麻酸组分含量分别为10.5%、5.2%、25.9%、

收稿日期:2009-01-25

基金项目:国家高技术研究发展计划(863计划)资助项目(2006AA10Z1F1);国家高技术研究发展计划(863计划)重点资助项目(2006AA100104-4)。

作者简介:李侠(1983-),男,硕士研究生,研究方向为作物遗传育种及生物技术。E-mail: l59x@yahoo.com.cn。

通讯作者:李文滨,教授,博士生导师。E-mail: wenbinli@neau.edu.cn。

51.1%和7.2%)和L<sub>9</sub>(棕榈酸、硬脂酸、油酸、亚油酸和亚麻酸组分含量分别为10.5%、5.1%、41.2%、38.6%和4.6%)杂交衍生的197个重组自交系为研究材料,这些研究材料于2007年种植于东北农业大学香坊试验站温室内,每个重组自交系种10株,3次重复,待完全成熟时,收获种子并测定其5种脂肪酸含量。

## 1.2 大豆种子脂肪酸含量的测定

利用气相色谱脂肪酸甲酯化法<sup>[8]</sup>,测定大豆种子脂肪酸含量。其气谱条件具体为:进样口温度为250℃,检测器温度为250℃,N<sub>2</sub>流速为1.4 mL·min<sup>-1</sup>;分馏比为30:1;恒定柱温210℃;峰面积归一

法计算脂肪酸含量。

## 1.3 遗传数据分析方法

利用主基因+多基因混合遗传模型中的单个世代数量性状分离分析法<sup>[7]</sup>,包括1个主基因、2个主基因、3个主基因、多基因、1个主基因+多基因、2个主基因+多基因和3个主基因+多基因共53个模型<sup>[7]</sup>,分析软件由南京农业大学章元明博士提供。主基因遗传率: $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$ ;多基因遗传率: $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$ 。其中 $\sigma_{pg}^2$ 为群体的表型方差; $\sigma_{mg}^2$ 为群体主基因遗传方差; $h_{mg}^2$ 为群体主基因遗传率; $\sigma_{pg}^2$ 为群体多基因遗传方差; $h_{pg}^2$ 为群体多基因遗传率。

表1 RIL群体主基因+多基因混合遗传模型

Table 1 Mixed inheritance models of major gene plus polygene for RIL population

序号 Serial	模型 Model	主基因座位数 Number of major gene locus	成分分布比例及主基因遗传模型 Component distribution ratio and inheritance model of major gene	多基因有无及多基因遗传类型 Existence and inheritance model of polygene
1	A-0	0	无主基因 No major gene	无多基因 No polygene
2	A-1	1	单个成分分布,加性 Single component distribution, additive	无多基因 No polygene
3	B-1-1	2	等比例,加性-上位性 Identical proportion, additive-epistatic	无多基因 No polygene
4	B-1-2	2	等比例,加性 Identical proportion, additive	无多基因 No polygene
5	B-1-3	2	1:2:1,等加性 Identical additive	无多基因 No polygene
6	B-1-4		2:1:1,显性上位 Epistatic dominance	无多基因 No polygene
7	B-1-5		1:1:2,隐性上位 Epistatic recessiveness	无多基因 No polygene
8	B-1-6		1:2:1,累加作用 Additive effect	无多基因 No polygene
9	B-1-7		1:3,互补作用 Complementary effect	无多基因 No polygene
10	B-1-8		3:1,重叠作用 Duplicate effect	无多基因 No polygene
11	B-1-9		3:1,抑制作用 Inhibiting effect	无多基因 No polygene
12	C-0	0	无主基因 No major gene	有,加性-上位性多基因 Additive-epistatic polygene
13	C-1	0	无主基因 No major gene	有,加性多基因 Additive polygene
14	D-0	1	单个成分分布,加性 Single component distribution, additive	有,加性-上位性多基因 Additive-epistatic polygene
15	D-1	1	单个成分分布,加性 Single component distribution, additive	有,加性多基因 Additive polygene
16	E-1-0	2	等比例,加性-上位性 Identical proportion, additive-epistatic	有,加性-上位性多基因 Additive-epistatic polygene
17	E-1-1	2	等比例,加性-上位性 Identical proportion, additive-epistatic	有,加性多基因 Additive polygene
18	E-1-2	2	等比例,加性 Identical proportion, additive	有,加性多基因 Additive polygene
19	E-1-3	2	1:2:1,等加性 Identical additive	有,加性多基因 Additive polygene
20	E-1-4	2	2:1:1,显性上位 Epistatic dominance	有,加性多基因 Additive polygene
21	E-1-5	2	1:1:2,隐性上位 Epistatic recessiveness	有,加性多基因 Additive polygene
22	E-1-6	2	1:2:1,累加作用 Additive effect	有,加性多基因 Additive polygene
23	E-1-7	2	1:3,互补作用 Complementary effect	有,加性多基因 Additive polygene
24	E-1-8	2	3:1,重叠作用 Duplicate effect	有,加性多基因 Additive polygene
25	E-1-9	2	3:1,抑制作用 Inhibiting effect	有,加性多基因 Additive polygene
26	F-1	3	等比例,加性-上位性 Identical proportion, additive-epistatic	无多基因 No polygene
27	F-2	3	等比例,加性 Identical proportion, additive	无多基因 No polygene
28	F-3	3	1:3:3:1,等加性(da=db或db=dc) Identical additive	无多基因 No polygene
29	F-4	3	1:1:2:2:1:1,等加性(da=db=dc) Identical additive	无多基因 No polygene
30	G-0	3	等比例,加性-上位性 Identical proportion, additive-epistatic	有,加性-上位性多基因 Additive-epistatic polygene
31	G-1	3	等比例,加性-上位性 Identical proportion, additive-epistatic	有,加性多基因 Additive polygene
32	G-2	3	等比例,加性 Identical proportion, additive	有,加性多基因 Additive polygene
33	G-3	3	1:3:3:1,等加性(da=db或db=dc) Identical additive	有,加性多基因 Additive polygene
34	G-4	3	1:1:2:2:1:1,等加性(da=db=dc) Identical additive	有,加性多基因 Additive polygene

2 结果与分析

RIL 群体表型次数分布图呈偏态和多峰现象 (图 1),初步推断其可能存在主效基因。按照盖钧镒、章元明等<sup>[7]</sup>提出的主基因 + 多基因混合遗传模型单个世代数量性状分离分析的方法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(表 2)。

2.1 棕榈酸含量的遗传分析

棕榈酸含量遗传存在超亲分离现象,表型次数呈多峰分布,初步推断其存在主基因。根据 AIC 值

和适合性测验,棕榈酸含量遗传的最适模型为 G-0,即 3 对主基因 + 多基因遗传模型,其中主基因效应为加性-上位性 + 加性-上位性多基因遗传模型。棕榈酸含量遗传在最适遗传模型 G-0 条件下,RIL 群体 8 个成分的均值分别为 12. 203、12. 204、12. 206、12. 209、12. 206、12. 209、12. 224、16. 333 权重分别为 0. 133、0. 133、0. 133、0. 133、0. 133、0. 133、0. 133、0. 066,成分分布方差为 1. 019。主基因遗传率为 51.07%;多基因遗传率为 30.21%。棕榈酸含量遗传体系中 3 对主效基因的遗传贡献率达 50% 以上,多基因遗传贡献率只有 30% 左右。

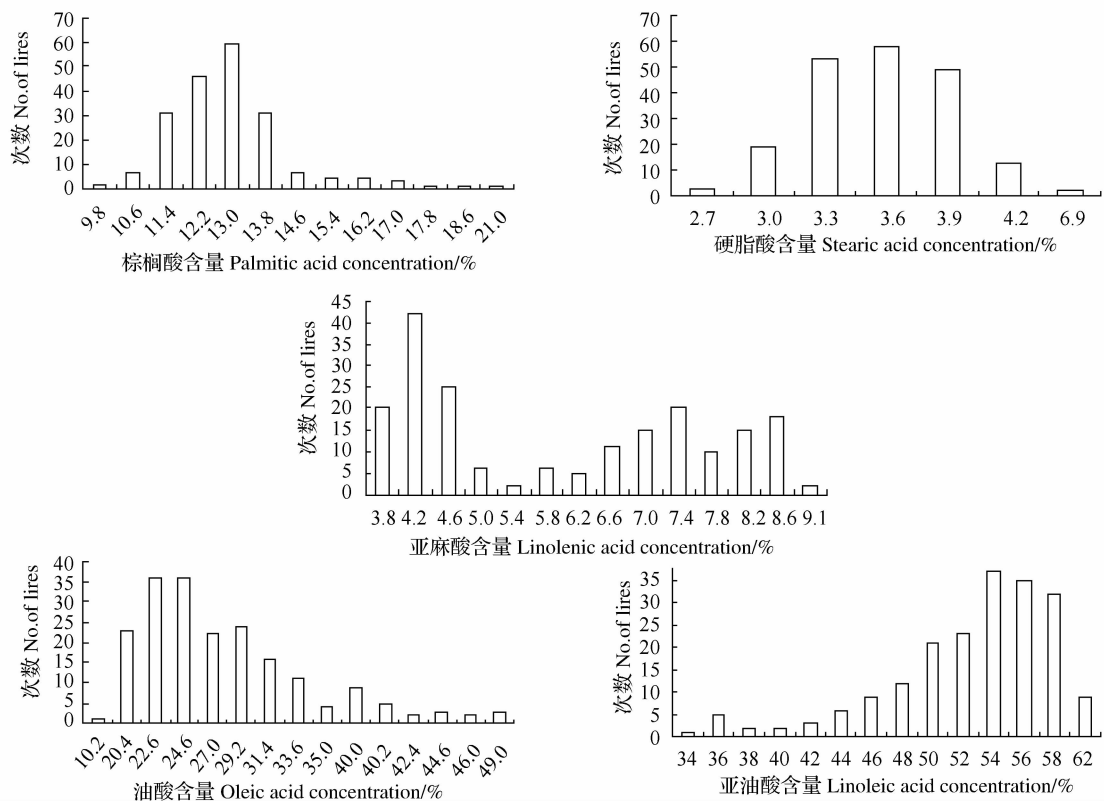


图 1 大豆脂肪酸组分含量次数分布

Fig. 1 Frequency distribution for fatty acid content of soybean

表 2 五种脂肪酸的遗传参数估计

Table 2 Estimates of genetic parameters

性状 Trait	模型 Model	遗传参数 Genetic parameter											
		m	d <sub>a</sub>	d <sub>b</sub>	d <sub>c</sub>	i <sub>ab</sub>	i <sub>ac</sub>	i <sub>bc</sub>	i <sub>abc</sub>	σ <sup>2</sup> <sub>mg</sub>	h <sup>2</sup> <sub>mg</sub> /%	σ <sup>2</sup> <sub>p</sub>	h <sup>2</sup> <sub>pg</sub> /%
棕榈酸 Palmitic	G-0	12. 724	-0. 519	-0. 514	-0. 519	0. 513	0. 517	0. 513	-0. 513	1. 064	51. 07	0. 629	30. 21
硬脂酸 Stearic	E-2-4	4. 278	-0. 622	-1. 706						0. 105	60. 76	0. 008	4. 82
油酸 Oleic	E-2-6	28. 918	-2. 872			4. 692				26. 876	62. 64	14. 390	33. 54
亚油酸 Linoleic	E-2-6	49. 150	2. 193			-4. 356				17. 985	60. 75	10. 226	34. 54
亚麻酸 Linolenic	G-1	5. 612	1. 002	0. 436	0. 778	0. 056	0. 398	-0. 169	-0. 792	2. 927	96. 53	< 0	-

2.2 硬脂酸含量的遗传分析

硬脂酸含量遗传存在超亲分离现象,表型次数

呈偏态分布,初步推断其存在主效基因。根据 AIC 值和适合性测验,硬脂酸含量遗传的最适模型为 E-

2-4, 即 2 对主基因 + 多基因遗传模型, 其中主基因效应为显性上位 + 加性多基因遗传模型。

硬脂酸含量遗传在最适遗传模型 E-2-4 条件下, RIL 群体 3 个成分的均值分别为 3.656、3.194、6.606, 权重分别为 0.488、0.507、0.005, 成分分布方差为 0.068。主基因遗传率为 60.76%; 多基因遗传率为 4.82%。硬脂酸含量遗传中, 2 对主效基因的遗传贡献率达 60% 以上, 多基因遗传贡献率很低、仅为 4.82%。

### 2.3 油酸含量的遗传分析

油酸含量遗传存在超亲分离现象, 表型次数呈多峰分布, 初步推断其存在主效基因。根据 AIC 值和适合性测验, 油酸含量遗传的最适模型为 E-2-6, 即 2 对主基因 + 多基因遗传模型, 其中主基因效应为累加作用 + 加性多基因遗传模型。油酸含量遗传在最适遗传模型 E-2-6 条件下, RIL 群体 3 个成分分布的均值分别为 27.867、24.226、39.354, 权重分别为 0.137、0.730、0.133, 成分方差为 16.031。主基因遗传率为 62.64%; 多基因遗传率为 33.54%。油酸含量遗传体系中, 2 对主效基因的遗传贡献率达 60% 以上, 多基因遗传贡献率在 30% 左右。

### 2.4 亚油酸含量的遗传分析

亚油酸含量遗传存在超亲分离现象, 表型次数呈多峰分布, 初步推断其存在主效基因。根据 AIC 值和适合性测验, 亚油酸含量遗传的最适模型为 E-2-6, 即 2 对主基因 + 多基因遗传模型, 其中主基因效应为累加作用 + 加性多基因遗传模型。亚油酸含量遗传的最适遗传模型 E-2-6 下, RIL 群体 3 个成分的均值分别为 49.179、53.505、40.409, 权重分别为 0.115、0.777、0.108, 成分分布方差为 11.620。主基因遗传率为 60.75%; 多基因遗传率为 33.54%。亚油酸含量遗传体系中, 2 对主效基因的遗传贡献率达 60% 以上, 多基因遗传贡献率在 30% 左右。

### 2.5 亚麻酸含量的遗传分析

亚麻酸含量遗传存在超亲分离现象, 表型次数呈多峰分布, 初步推断其存在主效基因。根据 AIC 值和适合性测验, 亚麻酸含量遗传的最适模型为 G-1, 即 3 对主基因 + 多基因遗传模型, 其中主基因效应为加性-上位性 + 加性多基因遗传模型。亚麻酸含量遗传在最适遗传模型 G-1 条件下, RIL 群体 8 个成分的均值分别为 7.320、8.259、5.992、3.987、6.890、3.987、3.987、4.473, 权重分别为 0.129、

0.173、0.173、0.123、0.133、0.123、0.123、0.114, 成分方差为 0.105。主基因遗传率为 96.53%, 多基因遗传率没有被估测。亚麻酸含量遗传体系中, 3 对主效基因的遗传贡献率非常高、达 95% 以上, 多基因的遗传贡献率很低。

### 2.6 脂肪酸组分含量的相关性分析

结果表明: 油酸与其它四种脂肪酸均呈极显著负相关, 相关系数为 -0.518、-0.358、-0.917、-0.380; 棕榈酸与除油酸外的三种脂肪酸均呈极显著正相关, 相关系数为 0.192、0.272、0.224; 硬脂酸与亚油酸和亚麻酸呈极显著正相关, 相关系数分别为 0.200、0.325; 亚油酸与亚麻酸呈正相关, 但未达到显著水平(表 3)。

表 3 脂肪酸组分简单相关系数

Table 3 Correlation coefficients of fatty acid compositions in soybean

性状 Trait	棕榈酸 Palmitic	硬脂酸 Stearic	油酸 Oleic	亚油酸 Linoleic
硬脂酸 Stearic	0.192 **			
油酸 Oleic	-0.518 **	-0.358 **		
亚油酸 Linoleic	0.272 **	0.200 **	-0.917 **	
亚麻酸 Linolenic	0.224 **	0.325 **	-0.380 **	0.053

\*\* 表示达 0.01 显著水平

\*\* indicate significant at 0.01 significance probability level

## 3 讨论

### 3.1 大豆脂肪酸甲酯化方法的讨论

大豆种子脂肪酸组分含量采用气相色谱脂肪酸甲酯化法测定, 因为大豆籽粒中的脂肪酸多以甘油酯的形式存在, 不宜用气相色谱法直接测定, 应先将提取出的油脂甲酯化处理, 通过测定脂肪酸甲酯间接测定脂肪酸含量。脂肪酸甲酯化的方法很多, 而比较大多数的脂肪酸甲酯化的方法, 氢氧化钾—甲醇法具有简单方便, 易于操作等优点<sup>[8]</sup>。所以应用氢氧化钾—甲醇溶液迅速酯化大豆油脂为脂肪酸甲酯的方法。

### 3.2 植物数量遗传方法的探讨

以往对植物数量性状的遗传研究主要采用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<sup>[9]</sup>, 而通过不同的方法已经证明植物的数量性状基因座位的遗传效应存在大小的分别, 因此植物的数量性状多表现为主基因加多基因的混合遗传模式。以往的方法仅

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行为和效应,但人类在动植物育种的实践中还需识别和掌握控制数量性状的主效基因,及各自的相互作用效果<sup>[10]</sup>。盖钧镒等<sup>[7]</sup>的理论基础是混合分布理论与数量遗传学结合起来,将分离世代的分布看成基因在环境修饰下形成的正态分布的混合分布,通过极大似然法和 IECM 算法对混合分布中的有关成份分布参数做出估计,然后通过 AIC 值判别及一组适合性检验,从中选择最适模型,并由此估计出相应遗传参数。其方法的建立突破了原有的数量遗传学的理论假设,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分析。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<sup>[7]</sup>,应用到棉花、水稻和玉米等多种作物遗传机制的研究中<sup>[11-14]</sup>。但主基因 + 多基因的混合遗传模型的数量还是太少,并且不能分析三对主基因的连锁,所以主基因 + 多基因模型的这种方法仍需扩展。

### 3.3 大豆脂肪酸组成的遗传机制

对于大豆脂肪酸的遗传机制已有较多报道,前人的研究结果主要集中在是否存在母体效应和细胞质效应。近几年来,多数学者通过对不同种类脂肪酸突变体的遗传机制的研究,普遍认为大豆脂肪酸含量是受少数几个核基因控制的,没有母体效应和细胞质效应<sup>[15-16]</sup>。应用脂肪酸差异较大的大豆品种,以混合遗传模型分离分析方法研究大豆脂肪中主要五种脂肪酸组分的遗传。遗传分析表明:大豆脂肪酸遗传主要是受主基因控制,多基因的遗传率较小。通过广义遗传率公式  $h_B^2 = h_{pg}^2 + h_{mg}^2$  算出大豆五种脂肪酸的广义遗传率,可以发现棕榈酸和硬脂酸的遗传率较低,分别只有 81.23% 和 65.58%;而其他三种脂肪酸的遗传率均在 95% 以上,从遗传率的结果可以看出,棕榈酸和硬脂酸受环境的影响较大,其它三种脂肪酸受到环境的影响较小。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,与郑永战等<sup>[6]</sup>的研究相同,但最适的遗传模型与本研究的结果存在差异,这有可能是选用的材料差异造成的。相关分析结果表明:大豆籽粒中的油酸与亚油酸和亚麻酸呈显著的负相关,亚油酸与亚麻酸呈正相关,与前人的研究结果相一致;棕榈酸和硬脂酸与其它脂肪酸的相关性在不同的生态环境中

相关性与前人的研究表现不一致,也可能与这两种脂肪酸的遗传率较低有关<sup>[17-18]</sup>。

### 3.4 大豆脂肪酸品质育种目标的探讨

从营养价值看,大豆油中含棕榈酸 7% ~ 10%,硬脂酸 2% ~ 5%,油酸 22% ~ 30%,亚油酸 50% ~ 60%,亚麻油酸 5% ~ 9%。大豆油脂的脂肪酸构成较好,饱和脂肪酸含量较低,不饱和脂肪酸含量较高,有显著的降低血清胆固醇含量,预防心血管疾病的功效,对人体健康均非常有益,是一种营养价值很高的优良食用油。但是大豆油脂中多不饱和脂肪酸的含量过高会降低预防心血管疾病的功效,并降低油脂的氧化稳定性<sup>[21-22]</sup>。因此大豆油脂品质育种的目标应培育高油酸低亚麻酸的品种。结果表明:脂肪酸的遗传主要受到几个主效基因的控制,油酸与亚麻酸呈显著负相关,因此培育高油酸的大豆,可以间接选择低亚麻酸的品种。

## 4 结论

脂肪酸组分含量的遗传符合主基因 + 多基因遗传模型,脂肪酸主基因遗传率均在 50% 以上。在大豆油脂品质育种中,改善脂肪品质应该充分了解各种脂肪酸间的关系,着重培育品质优良的大豆品种。

## 参考文献

- [1] 王金陵. 中国东北大豆[M]. 哈尔滨:黑龙江科技出版社, 1999:309-314. (Wang J L. Soybean of Northeast China[M]. Harbin: Technological Press of Heilongjiang, 1999:309-314.)
- [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] Stoltzfus D L, Fehr W R, Welke G A, et al. A fap 7 allele for elevated palmitate in soybean [J]. Crop Science, 2000, 40: 1538-1542.
- [5] Rahman S M, Anai T, Kinoshita T, et al. A novel soybean germplasm with elevated saturated fatty acids[J]. Crop Science, 2003, 43: 527-531.
- [6] 郑永战, 盖钧镒, 周瑞宝, 等. 大豆脂肪及脂肪酸组分含量的遗传分析[J]. 大豆科学, 2007, 26(6): 801-806. (Zheng Y Z, Gai J Y, Zhou R B, et al. Inheritance of fat and fatty acid compositions in soybean[J]. Soybean Science, 2007, 26(6): 801-806.)
- [7] 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: 120-126. (Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K.

- Genetic system of quantitative traits in plant[M]. Beijing: Science Press, 2003: 120-126. )
- [8] 寇秀颖, 于国萍. 脂肪和脂肪酸甲酯化方法的研究[J]. 食品研究与开发, 2005, 26(2): 46-47. (Kou X Y, Yu G P. Methyl esterification methods of fatty oil and fatty acid[J]. Journal of Food Research and Development, 2005, 26(2): 46-47. )
- [9] 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. (Zhu J, Ji D F, Xu F H. Genetic approach for analyzing intra-cultivar heterosis in crops[J]. Acta Genetica Sinica, 1993, 20(3): 262-271. )
- [10] 孔繁玲. 植物数量遗传学[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2006. (Kong F L. Quantitative genetics in plants[M]. Beijing: China Agricultural University Press, 2006)
- [11] 王庆钰, 朱立宏. 水稻广亲和性遗传的主基因多基因混合模型分析[J]. 遗传, 2004, 26(6): 898-902. (Wang Q Y, Zhu L H. Analysis on the major gene and multigene mixed inheritance of wide compatibility gene in rice[J]. Hereditas, 2004, 26(6): 898-902. )
- [12] 袁有禄, 张天真, 郭旺珍, 等. 棉花高品质纤维性状的主基因与多基因遗传分析[J]. 遗传学报, 2002, 29(9): 827-834. (Yuan Y L, Zhang T Z, Guo W Z. Major-polygene effect analysis of super quality fiber properties in upland cotton (*G. hirsutum* L.) [J]. Acta Genetica Sinica, 2002, 29(9): 827-834. )
- [13] 向道权, 黄烈健, 曹永国, 等. 玉米产量性状主基因-多基因遗传效应的初步研究[J]. 华北农学报, 2001, 16(3): 1-3. (Xiang D Q, Huang L J, Cao Y G, et al. A preliminary study on genetic effect of maize yield component traits based on major gene and polygene mixed inheritance[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2001, 16(3): 1-3. )
- [14] 戚存扣, 盖钧镒, 章元明. 甘蓝型油菜芥酸含量的主基因+多基因遗传[J]. 遗传学报, 2001, 28(2): 182-187. (Qi C K, Gai J Y, Zhang Y M. Major gene plus poly-gene inheritance of erucic acid content in *Brassica napus* L. [J]. Acta Genetica Sinica, 2001, 28(2): 182-187. )
- [15] Shaikh M Rahman, Takagi Y, Kumamaru T. Low linolenate sources at the Fan locus in soybean lines M25 and IL28 [J]. Breed-Science, 1996, 46: 155-158.
- [16] Rahman S M, Kinoshita T, Anai T, et al. Genetic relationships between loci for palmitate contents in soybean mutants [J]. Journal Heredity, 1999, 90: 423-428.
- [17] 年海, 王金陵, 杨庆凯. 大豆脂肪酸与主要农艺性状和品质性状的相关分析[J]. 大豆科学, 1996, 15(3): 213-221. (Nian H, Wang J L, Yang Q K, et al. Correlation analysis between fatty acids and main chemical and agronomic traits [J]. Soybean Science, 1996, 15(3): 213-221. )
- [18] 胡超越, 王振民. 大豆油脂脂肪酸含量与主要农艺性状的遗传相关及通径分析[J]. 大豆科学, 2006, 25(1): 18-22. (Hu C Y, Wang Z M. Genetic correlation and path-coefficient of important oil fatty acid content with the major agronomic characters in soybean [J]. Soybean Science, 2006, 25(1): 18-22. )
- [19] Rahman S M, 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.
- [20] Rahman S M, Takagi Y, Kinoshita T. Genetic control of oleic acid content in the seed oil of two soybean mutants [J]. Crop Science, 1996, 36: 1125-1128.
- [21] 陈银基, 鞠兴荣, 周光宏. 饱和脂肪酸分类与生理功能[J]. 中国油脂, 2008, 33(3): 35-39. (Chen Y J, Ju X R, Zhou G H. Classification and physiological function of saturated fatty acids [J]. China Oils and Fats, 2008, 33(3): 35-39. )
- [22] 田秀红. 食用油脂的营养及安全性分析[J]. 食品科学, 2007, 28(9): 613-617. (Tian X H. Nourishment and safety analysis of edible grease [J]. Food Science, 2007, 28(9): 613-617. )
- 
- (上接第 402 页)
- [5] 王萍, 王军军, 商德虎. 影响大豆子叶节丛生芽形成的诱导因子研究[J]. 吉林农业科学, 2001(3): 45-49. (Wang P, Wang J J, Shang D H. Effect of induce factors on multiple bud formation of cotyledonary node in soybean [J]. Journal of Jilin Agricultural Sciences, 2001(3): 45-49. )
- [6] 刘海坤, 卫志明. 一种大豆成熟种子的消毒方法[J]. 植物生理学通讯, 2002, 38(3): 260-261. (Liu H K, Wei Z M. A method for sterilizing mature seeds of soybean [J]. Plant Physiology Communications, 2002, 38(3): 260-261. )
- [7] 李明春, 蔡易, 赵桂兰, 等. 改良大豆子叶再生系统的研究[J]. 作物学报, 2006, 32(2): 223-227. (Li M C, Cai Y, Zhao G L, et al. Improvement of cotyledon node regeneration system in soybean (*Glycine max* L) [J]. Acta Agronomic Sinica, 2006, 32(2): 223-227. )
- [8] Paz M M, Martinez J C, Kalvig A B, et al. Improved cotyledonary node method using an alternative explant derived from mature seed for efficient Agrobacterium-mediated soybean transformation [J]. Plant Cell Reports, 2006, 25: 206-213.
- [9] 陈新, 朱成松, 顾和平, 等. 抗草甘膦大豆的遗传研究[J]. 江苏农业科学, 2002(6): 21-23. (Chen X, Zhu C S, Gu H P, et al. Genetic study on the soybean with resistibility to Roundup [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2002(6): 21-23. )