

不同环境下胡麻脂肪酸含量的遗传分析

赵利,赵玮,李闻娟,王利民,党照

(甘肃省农业科学院作物研究所,甘肃兰州730070)

摘要:为了解胡麻脂肪酸含量的遗传方式,采用气象色谱仪测定了甘肃定西、宁夏固原和河北张家口3个环境下的胡麻亲本DYM与STS及其衍生的233个重组自交系群体($F_{6:7}$)的脂肪酸含量,运用数量性状主基因+多基因混合遗传模型对三个不同地点的胡麻脂肪酸含量进行了遗传分析。试验结果表明:(1)甘肃定西地区棕榈酸、油酸和亚麻酸含量均为1对主基因+多基因模型,硬脂酸和亚油酸含量均为4对主基因模型;(2)宁夏固原地区棕榈酸含量为多基因模型,硬脂酸和亚麻酸含量均为4对主基因模型,油酸含量为3对主基因模型,亚油酸含量为3对主基因+多基因模型;(3)河北张家口地区棕榈酸、硬脂酸和亚麻酸含量均为无主基因模型,油酸含量为多基因模型,亚油酸含量为4对主基因模型。相关分析表明,亚麻酸与棕榈酸、硬脂酸、油酸和亚油酸均呈(极)显著负相关,硬脂酸与油酸呈(极)显著正相关。因此在选育高亚麻酸含量等优质专用品种时,除注重主基因的作用外,还要注重环境的变化对 α -亚麻酸含量的影响。

关键词:胡麻;脂肪酸;主基因+多基因遗传模型;环境变化;遗传分析

中图分类号:S565.9 **文献标志码:**A

Genetic analysis of fatty acid contents in flax (*Linum usitatissimum* L.) grown under different environmental conditions

ZHAO Li, ZHAO Wei, LI Wen-juan, WANG Li-min, DANG Zhao

(Institute of Crop Research, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou, Gansu 730070, China)

Abstract: To reveal the genetic mechanism of fatty acid content in flax seed, 233 recombinant inbred lines (RILs) derived from DYM×STS ($F_{6:7}$) along with their P_1 and P_2 were planted in 3 environment conditions, i.e. Dingxi, Gansu Province; Guyuan, Ningxia Hui Autonomous Region, and Zhangjiakou, Hebei Province, respectively. Fatty acid contents were analyzed with a gas chromatograph. Mixed major gene plus polygene inheritance model was used to analyze the P_1 , P_2 , and RILs. The results showed that: (1) In the samples from Dingxi, Gansu Province, palmitic acid, oleic acid, and linolenic acid contents were with a model of 1 major gene plus polygene and stearic acid and linoleic acid were with 4 major genes inheritance models; (2) In the samples from Guyuan, Ningxia Hui Autonomous Region, palmitic acid content was with polygene inheritance model, stearic acid and linolenic acid were with 4 major genes inheritance models, oleic acid content was with 3 major genes inheritance models, and linoleic acid content was with 3 major genes plus polygene inheritance models; (3) In the samples from Zhangjiakou, Hebei Province, palmitic acid, stearic acid, and linolenic acid contents were without major genes inheritance models, oleic acid content was with polygene inheritance models, and linoleic acid content was with 4 major genes inheritance models. Correlation analysis showed that linolenic acid content had highly negatively significant correlation with palmitic acid, stearic acid, oleic acid, and linolenic acid contents while stearic acid had highly significant correlation with oleic acid content. Therefore, high linolenic acid and other special fatty acids breeding should also consider the effect of the growing environment change on α -linolenic acid content beside of genetic factors.

收稿日期:2017-11-03

修回日期:2018-10-17

基金项目:国家自然科学基金项目“油用亚麻遗传图谱构建及亚麻酸含量的QTL定位研究”(31160291),“国家特色油料产业技术体系”(CARS-14)

作者简介:赵利(1973-),女,陕西武功人,研究员,博士,主要从事亚麻遗传育种、种质资源及分子生物学研究。E-mail: zhyj0801@126.com

Keywords: flax; fatty acids; major gene plus polygene inheritance models; environmental effects; genetic analysis

胡麻 (*Linum usitatissimum* L.) 是我国西北和华北地区重要的特色油料作物。近年来,随着人民健康意识的增强和胡麻油营养成分的发掘,胡麻油的保健作用越来越受到重视。胡麻油中脂肪酸含量高达 99.91%^[1],主要包括棕榈酸、硬脂酸、油酸、亚油酸和亚麻酸 5 种脂肪酸,其中不饱和脂肪酸含量接近 90%,具有降低低密度脂蛋白胆固醇和甘油三酯,调节心脏功能,改善血液微循环,提高脑细胞的活性,增强记忆力和人体防御系统的功能等作用^[2],其功能是其它脂肪酸所无法取代的^[3]。最重要的是,胡麻油中的 α -亚麻酸含量高达 57%^[4],是植物中 α -亚麻酸的最大来源,有“植物中的深海鱼油”的美称。脂肪酸营养保健功能和特种脂肪酸开发利用已经成为国际研究的热点,因此了解胡麻脂肪酸含量的遗传规律,已成为胡麻品质育种的重要前提和基础。

盖钧铭等^[5-9]建立的数量性状的主基因+多基因混合遗传模型常作为植物数量性状遗传的通用模型。该方法已在甘蓝型油菜^[10-11]、大麦^[12]、花生^[13-19]、大豆^[20-24]、向日葵^[25]、棉花^[26-27]、甜瓜^[28]、白菜^[29]、甘蓝^[30]等作物的遗传研究中得到了广泛的应用。而通过数量性状的主基因+多基因混合模型来研究胡麻脂肪酸含量的遗传规律少见报道。因此,本研究拟以 DYM×STS 构建的重组自交系群体为材料,在甘肃定西(E_1)、宁夏固原(E_2)和河北张家口(E_3) 3 个环境下种植,采用气象色谱仪测定胡麻脂肪酸含量,运用数量性状的主基因+多基因混合遗传模型分析方法,以确定胡麻脂肪酸含量的最适遗传模型,为胡麻品质育种提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

胡麻 (*Linum usitatissimum* L.) 亲本 DYM、STS 及其衍生的 233 个重组自交系 (RIL) 种子由甘肃省农业科学院作物研究所胡麻课题组提供。2014 年春季在甘肃定西 ($104^{\circ}12'E, 35^{\circ}17'N$)、宁夏固原 ($105^{\circ}48'E, 35^{\circ}21'N$) 和河北张家口 ($114^{\circ}10'E, 40^{\circ}57'N$) 种植试验材料,完全随机区组设计,2 次重复, RIL 家系每系 1 行,行长 2 m,行距 20 cm,栽培管理同大田。成熟后按家系收获,自然晾晒、风干后测定脂肪酸含量。

1.2 脂肪酸含量测定

脂肪酸含量测定采用安捷伦气相色谱仪 (7820A) 测定。色谱条件:采用 FID 检测器, ATFFAP 色谱柱 (30 m×320 mm×0.33 μm),进样口温度:250℃;分流比:60:1;柱流速 2 mL·min⁻¹,恒流模式;FID 温度:300℃, H₂ 流速:40 mL·min⁻¹;空气流速 400 mL·min⁻¹;尾吹气 (N₂) 流速:30 mL·min⁻¹;柱温程序:210℃恒温 8 min。2 次重复。

1.3 数据分析

采用曹锡文等^[31]的 Windows 软件包 SEA-DH 进行数据分析,分析软件由章元明教授惠赠。对 2 个亲本及 RIL 群体在 3 个环境下的脂肪酸含量进行遗传分析。选择 (Akaike's information criterion) 最小的 3 个模型作为最优备选模型,同时进行一组适合性检验 (均匀性检验 U_{12} 、 U_{22} 、 U_{32})、Smirnov 检验 (nW^2) 和 Kolmogorov 检验 (Dn),综合 AIC 值及适合性检验中统计量达到显著水平的个数,选择最优遗传模型。同时估算有关遗传参数。

2 结果与分析

2.1 脂肪酸含量的遗传变异及频次分布

三个不同环境 E_1 、 E_2 和 E_3 条件下, RIL 群体中脂肪酸含量均存在一定程度的变异。以 α -亚麻酸为例,在甘肃定西,亲本 P_1 和 P_2 平均含量分别为 39.47% 和 52.23%, RIL 群体 α -亚麻酸含量出现了广泛变异和超亲遗传现象,其变异幅度为 35.56%~58.04%,群体平均值介于双亲之间。在宁夏固原和河北张家口的情况与此类似。其中在定西和固原两个环境条件下,双亲的含量差异较大,差异分别为 12.76% 和 14.63%,而在张家口双亲的含量差异不大,仅为 1.60%,但是在三个环境中群体的极值差异均较大,分别为 22.48%、22.88% 和 19.74%。不同环境中 α -亚麻酸含量变异系数较大,偏度均较为接近,分别为 -0.013、-0.148 和 -0.162;峰度值分别为 -0.886、-0.805 和 -1.124;偏度绝对值小于 1,峰度绝对值均在 1 左右,表明群体中 α -亚麻酸含量符合数量性状分布特点,其余 4 种脂肪酸情况类似 (表 1)。

RIL 群体脂肪酸表型次数分布图如图 1~图 5 所示。由图可以看出,3 个地点 5 种脂肪酸次数分布图基本一致,均呈现单峰偏态或双峰分布,初步推断

表 1 不同地点亲本及 RIL 群体脂肪酸含量变异参数

Table 1 Variation parameters of fatty acids in parents and RIL population in different areas

地点 Location	脂肪酸 Fatty acid	亲本 Parents			RIL 群体 RIL population						
		DYM P ₁	STS P ₂	平均值 Mean	最小值 Min	最大值 Max	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV/%	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
甘肃定西 Dingxi, Gansu(E ₁)	棕榈酸 Palmitic acid	6.46	5.58	6.02	4.90	7.04	6.03	0.45	7.44	-0.341	-0.706
	硬脂酸 Stearic acid	4.83	3.78	4.31	2.89	6.18	4.27	0.73	16.99	0.199	-0.774
	油酸 Oleic acid	21.94	24.91	23.43	17.65	31.29	23.89	2.62	10.97	-0.080	-0.609
	亚油酸 Linoleic acid	27.31	13.51	20.41	11.47	30.87	19.71	5.01	25.39	0.186	-1.447
	亚麻酸 Linolenic acid	39.47	52.23	45.85	35.56	58.04	46.10	4.81	10.43	-0.013	-0.886
宁夏固原 Guyuan, Ningxia(E ₂)	棕榈酸 Palmitic acid	6.87	5.54	6.21	5.13	8.15	6.26	0.48	7.70	0.142	0.173
	硬脂酸 Stearic acid	4.71	3.60	4.16	0.74	6.30	3.90	0.87	22.25	-0.363	1.533
	油酸 Oleic acid	21.25	24.51	22.88	17.87	31.08	23.60	2.70	11.46	0.308	0.127
	亚油酸 Linoleic acid	28.85	13.39	21.12	11.70	29.93	19.68	4.84	24.61	0.196	-1.353
	亚麻酸 Linolenic acid	38.32	52.95	45.64	33.51	56.39	46.56	4.91	10.54	-0.148	-0.805
河北张家口 Zhangjiakou, Hebei(E ₃)	棕榈酸 Palmitic acid	6.48	6.12	6.30	4.76	7.37	5.85	0.43	7.37	0.036	0.108
	硬脂酸 Stearic acid	3.62	3.45	3.54	1.37	5.19	3.24	0.71	21.81	0.399	-0.162
	油酸 Oleic acid	20.19	20.00	20.10	14.36	28.92	19.39	2.22	11.46	0.467	1.268
	亚油酸 Linoleic acid	25.41	24.54	24.98	13.01	29.36	20.14	4.57	22.68	0.209	-1.442
	亚麻酸 Linolenic acid	44.30	45.90	45.10	41.34	61.08	51.38	4.52	8.79	-0.162	-1.124

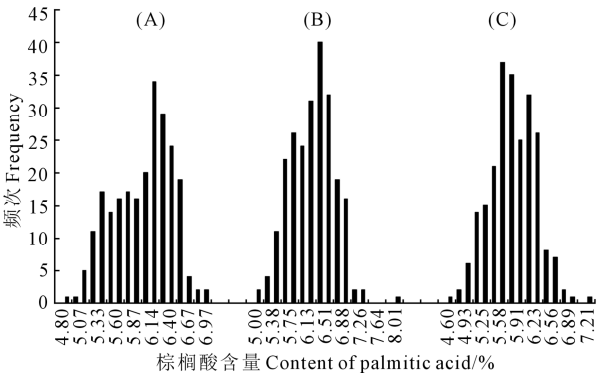


图 1 棕榈酸含量的频次分布图

Fig.1 Frequency distribution of palmitic acid content

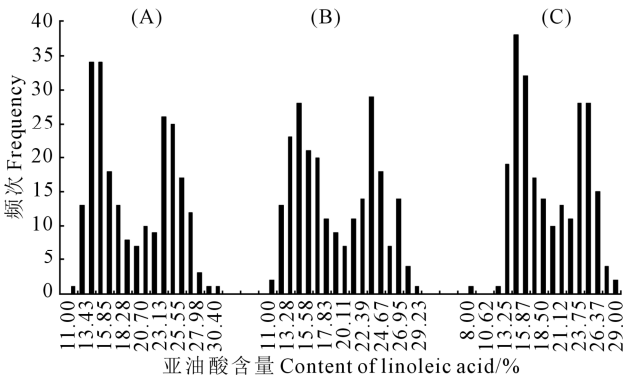


图 4 亚油酸含量的频次分布图

Fig.4 Frequency distribution of linoleic acid content

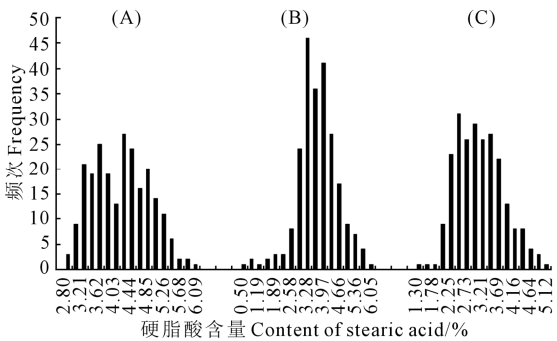


图 2 硬脂酸含量的频次分布图

Fig.2 Frequency distribution of stearic acid content

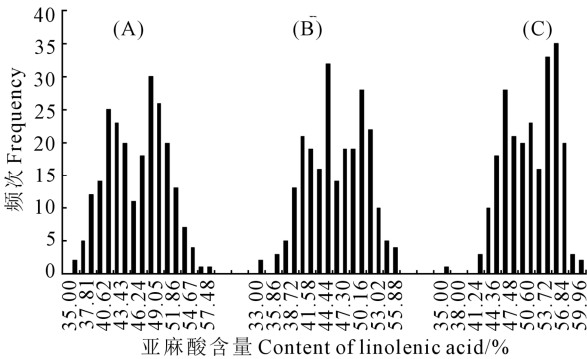


图 5 亚麻酸含量的频次分布图

Fig.5 Frequency distribution of linolenic acid content

注:图 1-5 为 3 个不同地点脂肪酸含量频次图,图中 A、B、C 分别为甘肃定西点、宁夏固原点和河北张家口点的分布图。

Note: Fig.1-5 were the frequency distribution of fatty acids in different areas. A, B, and C in each Fig. were in the location of Dingxi, Gansu Province, Guyuan, Ningxia Hui Autonomous Region, and Zhangjiakou, Hebei Province, respectively.

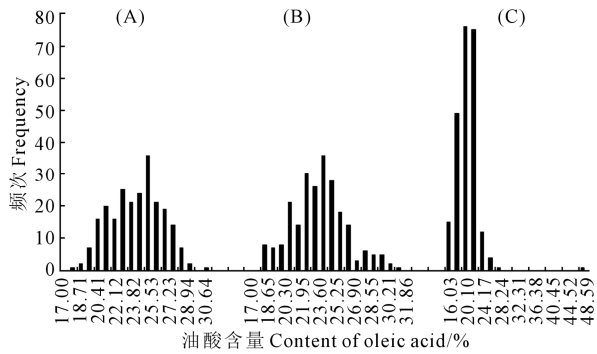


图 3 油酸含量的频次分布图

Fig.3 Frequency distribution of oleic acid content

其可能存在主效基因。按照盖钧镒、章元明等^[5-9]提出的主基因+多基因混合遗传模型进行遗传分析,选择最佳遗传模型,进而估算遗传参数。

2.2 脂肪酸含量遗传分析

2.2.1 棕榈酸含量遗传分析 根据 AIC 值和适合性测验(表 2),甘肃定西地区棕榈酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 MX1-A-AI、MX2-AI-AI 和 MX2-Inhibiting-A,统计量达到显著水平的个数均为 0,因此确定该点的最优模型为 MX1-A-AI,即 1 对主基因+多基因模型,主基因存在加性效应,多基因存在加性上位性效应。主基因遗传率为 54.35%,多基因遗传率为 45.63%(表 3)。

宁夏固原地区棕榈酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 PG-A、MX2-Inhibiting-A 和 PG-AI,统计量达到显著水平的个数均为 0,因此确定该点的最优模型为 PG-A,即多基因模型,多基因以加性效应为主。多基因遗传率为 96.14%(表 3)。

河北张家口地区棕榈酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 0MG、PG-A 和 PG-AI,统计量达到显著水平的个数分别为 2、0 和 9,虽然 PG-A 达到显著水平的个数最少,但其 AIC 值与 0MG 的相差太大,且 0MG 达到显著水平的个数仅为 2,相对较少,因此确定该点的最优模型为 0MG,即无主基因模型。

2.2.2 硬脂酸含量遗传分析 根据 AIC 值和适合性测验(表 2),甘肃定西地区硬脂酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 4MG-AI、MX1-A-A 和 MX2-AI-A,统计量达到显著水平的个数均为 0,因此确定该点的最优模型为 4MG-AI,即 4 对主基因模型,主基因存在加性上位性效应。4 对主效基因的遗传贡献率达 97.83%(表 3)。

宁夏固原地区硬脂酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 4MG-EEEE、MX2-DominanceI-A 和 MX2-RecessiveI-A,统计量达到显著水平的个数均为 0,因此确定该点的最优模型为 4MG-EEEE,即 4 对主基因模型,主基因存在相等的加性效应。4 对主效基因的遗传贡献率达 85.88%(表 3)。

河北张家口地区硬脂酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 PG-AI、MX1-A-AI 和 0MG,统计量达到显著水平的个数分别为 7、7 和 2,由于 3 个候选模型 AIC 值比较接近,但达到显著水平的个数差异较大,因此选择统计量达到显著水平的个数最少的 0MG 作为该点的最优模型,即无主基因模型。

2.2.3 油酸含量遗传分析 根据 AIC 值和适合性测验(表 2),甘肃定西地区油酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 MX1-A-A、MX2-DominanceI-A 和

MX2-RecessiveI-A,统计量达到显著水平的个数均为 0,因此确定该点的最优模型为 MX1-A-A,即 1 对主基因+多基因模型,主基因和多基因均以加性效应为主。主基因遗传率为 56.33%;多基因遗传率为 38.63%(表 3)。

宁夏固原地区油酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 3MG-AI、4MG-A 和 4MG-AI,统计量达到显著水平的个数分别为 1、3、1,因此确定该点的最优模型为 3MG-AI,即 3 对主基因模型,主基因存在加性上位性效应。3 对主效基因的遗传贡献率达 84.32%(表 3)。

河北张家口地区油酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 PG-A、0MG 和 PG-AI,统计量达到显著水平的个数分别为 1、2 和 7,因此确定该点的最优模型为 PG-A,即多基因模型,并存在加性效应,但多基因遗传率为 0(表 3)。

2.2.4 亚油酸含量遗传分析 根据 AIC 值和适合性测验(表 2),甘肃定西地区亚油酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 4MG-EEEE、4MG-AI 和 MX3-AI-A,统计量达到显著水平的个数分别为 0、1、1,因此确定该点的最优模型为 4MG-EEEE,即 4 对主基因模型,主基因存在相等的加性效应。4 对主基因遗传率高达 96.56%。

宁夏固原地区亚油酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 MX3-AI-AI、4MG-AI 和 MX3-AI-A,统计量达到显著水平的个数均为 0,因此确定该点的最优模型为 MX3-AI-AI,即 3 对主基因+多基因模型,主基因和多基因均存在加性上位性效应。3 对主效基因的遗传贡献率达 96%,多基因遗传贡献率很低,仅为 3.11%。

河北张家口地区亚油酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 PG-A、4MG-CEA 和 2MG-Complementary,统计量达到显著水平的个数分别为 7、3 和 3,由于 3 个候选模型 AIC 值比较接近,但达到显著水平的个数差异较大,因此选择 AIC 值较小、统计量达到显著水平个数较少的 4MG-CEA 作为该点的最优模型,即 4 对主基因模型,主基因存在相等的加性效应。

2.2.5 亚麻酸含量遗传分析 根据 AIC 值和适合性测验(表 2),甘肃定西地区亚麻酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 MX1-A-A、MX2-A-A 和 MX2-DominanceI-A,统计量达到显著水平的个数均为 0,因此确定该点的最优模型为 MX1-A-A,即 1 对主基因+多基因模型,主基因和多基因均存在加性效应。1 对主效基因的遗传贡献率为 69.80%,多基因遗传贡献率为 29%。

宁夏固原地区亚麻酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 4MG-EEEE、4MG-A 和 MX2-RecessiveI-A,统计量达到显著水平的个数分别为 2、0、0,由于 3 个模型的 AIC 值接近,因此确定该点的最优模型为 4MG-A,即 4 对主基因模型,主基因存在加性效

应。4 对主效基因的遗传贡献率为 85.85%(表 3)。河北张家口地区亚麻酸含量 AIC 值较小的 3 个模型分别为 0MG、PG-AI 和 MX1-A-AI,统计量达到显著水平的个数分别为 3、10 和 10,因此确定该点的最优模型为 0MG,即无主基因模型。

表 2 3 个地点 RIL 群体脂肪酸含量最适模型的 AIC 值及适合性检验
Table 2 AIC values and adaptability test of optimum models for fatty acids in RILs in different areas

脂肪酸 Fatty acid	环境 Condition	最适模型 Optimum model	世代 Generation	AIC	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
棕榈酸 Palmitic acid	E ₁	MX1-A-AI	P ₁	1297.97	0.07(0.79)	0.01(0.93)	0.44(0.51)	0.05(0.91)	0.18(0.99)
			P ₂		0.00(0.99)	0.02(0.88)	0.28(0.60)	0.02(1.00)	0.13(1.00)
			RILs		0.00(0.96)	0.00(0.96)	0.00(1.00)	0.04(0.96)	0.00(1.00)
	E ₂	PG-A	P ₁	309.33	0.45(0.50)	0.83(0.36)	1.11(0.29)	0.10(0.61)	0.31(0.63)
			P ₂		0.87(0.35)	0.35(0.55)	1.54(0.21)	0.17(0.33)	0.17(0.99)
			RILs		0.77(0.38)	1.09(0.30)	0.60(0.44)	0.18(0.30)	0.00(1.00)
	E ₃	0MG	P ₁	391.40	0.03(0.87)	0.01(0.90)	1.27(0.26)	0.21(0.25)	0.37(0.41)
			P ₂		0.02(0.89)	0.03(0.86)	1.52(0.22)	0.16(0.37)	0.35(0.48)
			RILs		0.03(0.87)	3.61(0.06)	48.15(0.00)	0.96(0.00)	0.00(1.00)
硬脂酸 Stearic acid	E ₁	4MG-AI	P ₁	468.87	2.17(0.14)	2.73(0.10)	0.81(0.37)	0.33(0.12)	0.54(0.06)
			P ₂		0.02(0.88)	0.02(0.88)	1.39(0.24)	0.06(0.83)	0.17(0.99)
			RILs		0.00(0.99)	0.00(0.98)	0.01(0.93)	0.01(1.00)	0.00(1.00)
	E ₂	4MG-EEEE	P ₁	495.64	1.62(0.20)	1.07(0.30)	0.62(0.43)	0.24(0.21)	0.14(1.00)
			P ₂		3.58(0.06)	3.62(0.06)	0.08(0.78)	0.38(0.09)	0.19(0.98)
			RILs		0.04(0.85)	0.00(0.95)	0.24(0.62)	0.04(0.91)	0.00(1.00)
	E ₃	PG-AI	P ₁	373.99	3.11(0.08)	6.20(0.01)	9.80(0.00)	0.52(0.04)	0.18(0.99)
			P ₂		3.09(0.08)	6.05(0.01)	9.21(0.00)	0.56(0.03)	0.14(1.00)
			RILs		0.00(0.96)	0.49(0.48)	8.93(0.00)	0.23(0.22)	0.00(1.00)
油酸 Oleic acid	E ₁	MX1-A-A	P ₁	1123.06	0.82(0.37)	0.55(0.46)	0.28(0.60)	0.12(0.50)	0.13(1.00)
			P ₂		0.35(0.55)	0.40(0.53)	0.06(0.81)	0.07(0.78)	0.27(0.77)
			RILs		0.21(0.65)	0.20(0.66)	0.00(0.99)	0.05(0.88)	0.00(1.00)
	E ₂	3MG-AI	P ₁	1147.56	0.30(0.58)	1.18(0.28)	4.83(0.03)	0.28(0.16)	0.49(0.12)
			P ₂		0.08(0.78)	0.01(0.91)	2.43(0.12)	0.11(0.53)	0.19(0.98)
			RILs		0.00(0.99)	0.00(1.00)	0.00(0.95)	0.02(0.99)	0.00(1.00)
	E ₃	PG-A	P ₁	1172.87	0.26(0.61)	0.32(0.57)	0.09(0.76)	0.06(0.82)	0.20(0.96)
			P ₂		0.15(0.70)	0.23(0.63)	0.17(0.68)	0.07(0.76)	0.25(0.85)
			RILs		0.20(0.66)	0.09(0.76)	0.23(0.63)	0.12(0.49)	0.00(1.00)
亚油酸 Linoleic acid	E ₁	4MG-EEEE	P ₁	1297.02	1.08(0.30)	1.57(0.21)	0.97(0.32)	0.19(0.30)	0.15(1.00)
			P ₂		0.10(0.30)	2.12(0.15)	3.12(0.08)	0.32(0.12)	0.53(0.08)
			RILs		0.00(0.97)	0.00(0.98)	0.04(0.84)	0.06(0.81)	0.00(1.00)
	E ₂	MX3-AI-AI	P ₁	1319.34	0.00(0.99)	0.09(0.76)	1.63(0.20)	0.08(0.69)	0.11(1.00)
			P ₂		0.00(0.96)	0.00(0.96)	0.00(1.00)	0.05(0.89)	0.13(1.00)
			RILs		0.00(0.99)	0.00(0.99)	0.00(0.97)	0.00(1.00)	0.00(1.00)
	E ₃	4MG-CEA	P ₁	1467.36	2.57(0.11)	5.11(0.02)	8.02(0.00)	0.43(0.06)	0.16(1.00)
			P ₂		1.83(0.18)	3.12(0.08)	3.37(0.07)	0.43(0.06)	0.12(1.00)
			RILs		0.20(0.65)	0.00(0.98)	3.29(0.07)	0.99(0.00)	0.03(0.97)
亚麻酸 Linolenic acid	E ₁	MX1-A-A	P ₁	1386.03	0.01(0.90)	0.04(0.84)	1.57(0.21)	0.06(0.80)	0.15(1.00)
			P ₂		0.02(0.88)	0.08(0.77)	0.36(0.55)	0.04(0.93)	0.15(1.00)
			RILs		0.00(0.99)	0.01(0.93)	0.11(0.74)	0.03(0.98)	0.00(1.00)
	E ₂	4MG-A	P ₁	1421.51	0.56(0.45)	1.37(0.24)	3.16(0.08)	0.20(0.27)	0.45(0.19)
			P ₂		0.26(0.61)	0.65(0.42)	1.62(0.20)	0.12(0.52)	0.10(1.00)
			RILs		0.00(0.95)	0.00(0.98)	0.14(0.71)	0.03(0.96)	0.00(1.00)
	E ₃	0MG	P ₁	1520.28	0.02(0.89)	0.03(0.86)	1.55(0.21)	0.19(0.29)	0.35(0.45)
			P ₂		0.03(0.87)	0.01(0.91)	1.26(0.26)	0.20(0.27)	0.36(0.43)
			RILs		0.29(0.59)	11.18(0.00)	127.70(0.00)	2.79(0.00)	0.00(1.00)

注: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 :均匀性检验; nW^2 :Smirnov 检验; Dn :Kolmogorov 检验,括号内数值为概率值。
Note: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 mean uniformity test; nW^2 means Smirnov test statistic; Dn means Kolmogorov test statistic; Values in parenthesis mean probability.

表 3 胡麻 RIL 群体的脂肪酸含量最优模型及遗传参数估计

Table 3 The optimal models and estimates of genetic parameters of fatty acids in flax RILs

脂肪酸 Fatty acid	地点 Location	模型 The optimum models	m (m_1)	m_2	m_3	d (d_a)	d_b	d_c	d_d	[d]	$iab(i^*)$	iac	iad	ibc	ibd	icd	$iabc$	主基因 Major gene variance	主基因 Heritability (Major gene)	多基因 Polygenes variance	多基因 Heritability (Polygenes)
棕榈酸 Palmitic acid	E ₁	MX1-A-AI	-26.82	38.85	33.28	33.28												22.91	54.35	19.23	45.63
	E ₂	PG-A	6.23							0.67										0.22	96.14
	E ₃	OMG																			
硬脂酸 Stearic acid	E ₁	4MG-AI	4.26			0.65	-0.01	-0.06	-0.14		-0.13	0.16	-0.05	-0.08	0.09	-0.10		0.52	97.83		
	E ₂	4MG-EEEE	4.34			0.24	0.24	0.24	-0.47									0.45	85.88		
	E ₃	PG-AI	2.98	2.76	5.85															0	0
油酸 Oleic acid	E ₁	MX1-A-A	23.64			-1.97				0.49								3.87	56.33	2.65	38.63
	E ₂	3MG-AI	23.77			-1.57	0.25	-1.56			-0.33	-0.16	-0.33	1.37				6.16	84.32		
	E ₃	PG-A	19.29							-0.23										0	0
亚油酸 Linoleic acid	E ₁	4MG-EEEE	20.46			2.58	2.58	2.58	-1.13									24.19	96.56		
	E ₂	MX3-AI-AI	21.43	19.07	19.79	3.51	1.77	2.28			0.62	0.11		0.14		-1.01		22.42	96	0.73	3.11
	E ₃	4MG-CEA	20.17			0.16	0.16	0.16	0.16									0	0		
亚麻酸 Linolenic acid	E ₁	MX1-A-A	45.88			-4.01				-2.37								16.14	69.80	6.64	29
	E ₂	4MG-A	46.49			-1.49	-1.49	-3.92	-1.06									20.67	85.85		
	E ₃	OMG																			

注: m 为群体均值; d 为主基因加性效应值; 下标 a, b, c, d 为主基因序号; ab, ac, ad, bc, bd, cd 分别为主基因之间的交互; i 为上位效应值。
Note: m : Population mean; d : Additive effect in major gene; subscript a, b, c , and d : Number of major-gene; ab, ac, ad, bc, bd, cd : Interaction among major genes; i : Epistasis value.

2.3 脂肪酸组分含量的相关性分析

3 个不同地区脂肪酸组分含量间的相关分析结果表明,亚麻酸与棕榈酸、硬脂酸、油酸和亚油酸均呈(极)显著负相关,硬脂酸与油酸呈(极)显著正相关。其余脂肪酸间的相关关系均因地点不同而不同。如在甘肃定西和河北张家口地区,棕榈酸与亚油酸均呈显著正相关关系,在宁夏固原和河北张家口地区,棕榈酸与硬脂酸均呈(极)显著负相关;在固原地区,棕榈酸与油酸呈显著正相关;在定西和固原地区,油酸与亚油酸均呈极显著负相关,其它相关均不显著(表 4)。

3 讨论与结论

脂肪酸是油料作物重要的品质性状,近年来针对脂肪酸遗传的研究较多^[18,21,31-36]。本研究以 DYM×STS 获得的 F_{6:7} 重组自交系群体在 3 个不同环境下脂肪酸含量的变化研究胡麻脂肪酸含量的遗传。研究结果表明,棕榈酸在 3 个地点(依次为甘肃定西、宁夏固原和河北张家口地区)的遗传模型分别为 1 对主基因+多基因模型、多基因模型和无主基因模型;硬脂酸的遗传模型分别为 4 对主基因模型、4 对主基因模型和无主基因模型;油酸的遗传模型分别为 1 对主基因+多基因模型、3 对主基因模型和多基因模型;亚油酸的遗传模型分别为 4 对主基因模型、3 对主基因模型+多基因模型和 4 对主基因模型;亚麻酸的遗传模型分别为 1 对主基因+多基因模型、4 对主基因模型和无基因模型,主基因和多基因的遗传贡献率详见表 3。可见胡麻种子中

的 5 种脂肪酸含量遗传较为复杂,不同地区的最适模型完全不同,定西地区 5 种脂肪酸主要表现为主基因或主基因+多基因模型,在固原有主基因、主基因+多基因模型以及多基因模型;而在张家口地区则表现为无主基因、多基因和主基因三种模型。表明脂肪酸遗传的复杂性,同时也表明环境效应对脂肪酸含量的遗传有一定的影响。

对大豆^[32-33]、花生^[34-35]和胡麻^[36]脂肪酸的研究表明,脂肪酸遗传基本上均为主基因+多基因遗传模式。特别是张琼^[36]等对胡麻脂肪酸的研究表明,亚麻酸含量为 2 对重叠作用主基因遗传,主基因遗传率为 36%;亚油酸含量为 3 对等加性主基因遗传,主基因遗传率为 80%;油酸、棕榈酸和硬脂酸含量均表现为无主基因效应的多基因遗传。本研究结果与此差异较大,可能是由于以下两方面的原因:一是构建 RIL 的材料不同,本研究是以 α-亚麻酸含量差异较大的 2 个材料分别做父母本构建的群体,主要考虑的是后代品质性状的变异情况;而后者所用的亲本材料是以油用型胡麻与纤维型亚麻杂交构建的群体,后代群体主要是农艺性状的差异,当然品质肯定也存在一定的差异。从目前本研究分析结果和其报道的结果来看,不同材料分析的结果差异较大。再加上与其它油料作物分析方法的差异,其分析结果的差异也就可想而知。二是种植地点的不同,本研究是在甘肃定西、宁夏固原和河北张家口 3 个地点下种植,而后者是在甘肃景泰种植,环境效应对脂肪酸含量的遗传有一定的影响,因此地点的差异也是导致结果差异的重要原因。

表 4 不同地区脂肪酸组分含量间的相关性

Table 4 Correlation coefficients of fatty acids compositions in flaxseed in different areas

地点 Location	脂肪酸类型 Fatty acids	棕榈酸 Palmitic acid	硬脂酸 Stearic acid	油酸 Oleic acid	亚油酸 Linoleic acid	亚麻酸 Linolenic acid
E ₁	棕榈酸 Palmitic acid	1				
	硬脂酸 Stearic acid	-0.066	1			
	油酸 Oleic acid	-0.035	0.234 * *	1		
	亚油酸 Linoleic acid	0.138 *	-0.036	-0.406 * *	1	
	亚麻酸 Linolenic acid	-0.208 * *	-0.235 * *	-0.154 *	-0.827 * *	1
E ₂	棕榈酸 Palmitic acid	1				
	硬脂酸 Stearic acid	-0.248 * *	1			
	油酸 Oleic acid	0.129 *	0.133 *			
	亚油酸 Linoleic acid	0.067	-0.070	-0.311 * *	1	
	亚麻酸 Linolenic acid	-0.192 * *	-0.156 *	-0.280 * *	-0.810 * *	1
E ₃	棕榈酸 Palmitic acid	1				
	硬脂酸 Stearic acid	-0.154 *	1			
	油酸 Oleic acid	0.019	0.239 * *	1		
	亚油酸 Linoleic acid	0.154 *	-0.109	-0.326	1	
	亚麻酸 Linolenic acid	-0.235 * *	-0.147 *	-0.201 * *	-0.848 * *	1

注: * * 表示 0.01 极显著水平; * 表示 0.05 显著水平。

Note: * * means significant at P=0.01 level; * means significance at P=0.05 level.

作为胡麻脂肪酸中含量最高,也是胡麻油的最大亮点的 α -亚麻酸的遗传,除了张家口表现为无主基因遗传模式外,定西和固原均表现主基因(或主基因+多基因)遗传模式,且主基因的遗传贡献率较大,因此在这两个地点,改善 α -亚麻酸的品质,要注重于主基因的利用,我们可通过早代选择的方式,即在低代测定脂肪酸含量的方式选择 α -亚麻酸含量较高的单株,从而实现亚麻酸含量的改良。而在张家口地区,则可以通过分子标记辅助选择进行基因聚合,实现对胡麻 α -亚麻酸性状的改良。

参考文献:

- [1] 王映强,赖炳森,颜晓林,等.亚麻子油中脂肪酸组成分析[J].药物分析杂志,1998,(3):33-37.
- [2] 王萍,张银波,江木兰.多不饱和脂肪酸的研究进展[J].中国油脂,2008,33(12):42-46.
- [3] 倪郁,李加纳.多不饱和脂肪酸研究及植物育种策略[J].中国油料作物学报,2003,(2):100-103.
- [4] 狄济乐.亚麻籽作为一种功能食品来源的研究[J].中国油脂,2002,27(4):55-57.
- [5] 盖钧镒,章元明,王建康. QTL 混合遗传模型扩展至 2 对主基因+多基因时的多世代联合分析[J].作物学报,2000,26(4):385-391.
- [6] 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,2003:145-156.
- [7] 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.
- [8] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of QTL model and effects[J]. Theor Appl Genet, 1998, 97:1162-1168.
- [9] Wang J K, Gai J Y. Mixed inheritance model for resistance to agromyzid beanfly (*Melanagromyza sojae* Zehntner) in soybean[J]. Euphytica, 2001, 122:9-18.
- [10] 刘霞,张冰冰,马兵,等.甘蓝型油菜株高及其相关性状的主基因+多基因遗传分析[J].西北农业学报,2018,27(4):528-536.
- [11] 李洪戈,张丽萍,伍晓明.甘蓝型油菜茎秆强度性状的主基因+多基因遗传分析[J].中国油料作物学报,2018,40(1):10-17.
- [12] 刘新春,冯宗云.大麦籽粒阿拉伯木聚糖的主基因+多基因遗传模型分析[J].华北农学报,2018,33(3):119-128.
- [13] 张新友,韩锁义,徐静,等.花生蛋白质含量的主基因+多基因遗传分析[J].中国油料作物学报,2011,33(2):118-122.
- [14] 陈四龙,李玉荣,程增书,等.花生含油量杂种优势表现及主基因+多基因遗传效应分析[J].中国农业科学,2009,42(9):3048-3057.
- [15] 刘佳琪,李英杰,杨会,等.栽培种花生 RIL 群体荚果及籽仁性状遗传变异分析[J].山东农业科学,2017,49(11):13-19.
- [16] 夏友霖,敬昱霖,毛金雄.花生晚斑病抗性遗传分离分析[J].中国油料作物学报,2015,37(2):134-140.
- [17] 李兰周,刘凤珍,万勇善,等.花生荚果和籽仁相关性状的主基因+多基因混合遗传模型分析[J].华北农学报,2013,28(5):116-123.
- [18] 黄冰艳,张新友,苗利娟,等.花生亚麻酸和亚亚麻酸含量的遗传模式分析[J].中国农业科学,2012,45(4):617-624.
- [19] 刘华,张新友,崔党群,等.花生蛋白质和脂肪含量的主基因+多基因遗传分析[J].江苏农业科学,2011,(2):127-130.
- [20] 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.
- [21] 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.
- [22] 王永军.大豆重组自交系群体的构建与调整及其在遗传作图、抗花叶病毒基因定位和农艺性状及品质性状的 QTL 分析中的应用[D].南京:南京农业大学,2001.
- [23] 郭志刚.数量性状主基因+多基因混合遗传分析的应用研究[D].南京:南京农业大学,1998.
- [24] 刘顺湖,周瑞宝,盖钧镒.大豆蛋白质有关性状遗传的分离分析[J].作物学报,2009,35(11):1958-1966.
- [25] 包海柱.基于混合线性模型的油用向日葵农艺性状及产质量遗传研究[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2013.
- [26] 董娜,李成奇,王清连,等.不同生态环境下短季棉早熟及相关性状的混合遗传[J].棉花学报,2010,22(4):304-311.
- [27] 赵树琪,庞朝友,魏恒玲,等.陆地棉早熟性状多世代联合遗传分析[J].棉花学报,2017,29(2):119-127.
- [28] 高美玲,袁成志,王玉书.甜瓜叶面积 RIL 群体主基因+多基因混合遗传模型分析[J].东北农业大学学报,2014,45(1):46-51.
- [29] 林婷婷,王立,张琳,等.不结球白菜叶绿素含量的主基因+多基因混合遗传分析[J].南京农业大学学报,2014,37(5):34-40.
- [30] 缪体云,刘玉梅,方智远,等.一个结球甘蓝 DH 群体主要农艺性状的遗传效应分析[J].园艺学报,2008,35(1):59-64.
- [31] 曹锡文,刘兵,章元明.植物数量性状分离分析 Windows 软件包 SEA 的研制[J].南京农业大学学报,2013,36(6):1-6.
- [32] Rahman S M, Anai T, Kinoshita T, et al. A novel soy bean germplasm with elevated saturated fatty acids[J]. Crop Science, 2003, 43(2):527-531.
- [33] 李侠,常玮,韩英鹏,等.大豆种子脂肪酸含量的遗传分析[J].大豆科学,2009,28(3):403-407.
- [34] Zhang X Y, Zhu S J, Han S Y, et al. Inheritance of fat and fatty acid compositions in peanut (*Arachis hypogaea* L.) [J], Agricultural Science & Technology, 2011, 12(7):943-946, 97.
- [35] 刘华,秦利,张新友,等.基于花生种间杂交遗传群体的脂肪及脂肪酸含量的遗传模型分析[J].中国油料作物学报,2016,38(2):172-178.
- [36] 张琼,王利民,张建平,等.胡麻重组自交系脂肪酸含量的遗传分析[J].生物技术通报,2015,31(12):115-121.