



胡麻亚麻酸含量的遗传分析

王利民, 党照, 赵玮, 李闻娟, 谢亚萍, 齐燕妮, 张建平

(甘肃省农业科学院 作物研究所, 兰州 730070)

摘要 亚麻酸是胡麻脂肪酸组成的主要成分,也是胡麻品质改良的主要目标。为深入研究胡麻亚麻酸含量的遗传规律,基于6个世代遗传群体(P_1 、 F_1 、 P_2 、 $B_{1,2}$ 、 $B_{2,2}$ 、 $F_{2,3}$),采用数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析胡麻亚麻酸含量的遗传模式。结果表明,胡麻亚麻酸含量符合1对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因遗传模型,主基因的加性效应在亚麻酸含量的遗传控制中具有重要贡献; $B_{1,2}$ 、 $B_{2,2}$ 和 $F_{2,3}$ 世代主基因遗传率分别为33.59%、46.95%和53.92%,多基因遗传率分别为25.60%、19.35%和14.43%;通过群体品质分析,筛选出高亚麻酸材料15份,高含油量材料7份,这些优异材料为胡麻品质育种奠定了良好的基础。

关键词 胡麻;亚麻酸;遗传;主基因;多基因

中图分类号 S565.9

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2020)06-0942-07

胡麻(*Linum usitatissimum* L.)是中国西北和华北高寒干旱地区重要的油料作物之一。胡麻种植历史悠久,自西汉时期就引入中国种植^[1]。近年来,全国胡麻年种植面积26.7~33.3万 hm^2 ,年产胡麻籽约40万t。胡麻的用途主要以食用油为主,纤维用为辅。胡麻籽含油量40%左右,此外还含有丰富的蛋白质、膳食纤维、木酚素等营养元素和功能成分^[2]。胡麻油主要由5种脂肪酸组成(亚麻酸、亚油酸、油酸、棕榈酸和硬脂酸),其中 α -亚麻酸(ALA)含量高达50%以上。ALA属于 ω -3多不饱和脂肪酸,是人体必需脂肪酸,具有目前国际医学界和营养界公认的重要生理功能,如预防和治疗心脑血管疾病,降血压、调节血糖、血脂,抗肿瘤、预防癌症,提高自身免疫力等功能^[3]。

由于亚麻酸重要的生理和营养功能,提高亚麻酸含量是目前胡麻品质改良的主要目标之一。育种实践表明,胡麻品质改良较之产量、抗性育种目标相对困难。脂肪酸含量属于植物数量性状,其遗传受少数主基因控制外,还受大量微效多基因控制,同时受基因与环境的互作、基因表达水平修饰等的影响,遗传机制较为复杂^[4]。盖钧

镒^[5]提出的主基因+多基因混合遗传理论认为植物数量性状由主基因和多基因共同遗传控制,主基因一般可以检测,多基因则难以鉴别。基于该理论的主基因+多基因混合遗传分离分析方法可以利用不同的遗传群体材料分析数量性状主基因的存在及其遗传效应^[6]。该方法已广泛应用于作物农艺、品质、抗性等重要数量性状的遗传研究^[7-9]。相关研究表明,作物产量、品质等数量性状的遗传受1对或多对主基因和微效多基因共同遗传控制。在胡麻脂肪酸含量的遗传研究方面,张琼等^[10]采用RIL群体初步分析了胡麻脂肪酸含量的遗传效应;赵利等^[11]分析了不同环境下胡麻脂肪酸含量的遗传方式。两者均以RIL群体为研究对象,研究结果也不尽相同。

作物主基因+多基因遗传模型分析中不同分离世代鉴定主基因的效率存在差异,利用个别分离世代的遗传信息鉴定主基因和多基因存在一定的局限性,而多世代联合分析方法可以克服个别分离世代的不足,从而更全面地鉴定其遗传效应^[12]。因此,本试验从构建6个世代遗传群体材料入手,旨在通过多世代的联合分析方法深入解析胡麻亚麻酸含量的遗传规律,为亚麻酸含量的

收稿日期:2019-08-26 修回日期:2019-11-10

基金项目:甘肃省自然科学基金(1606RJZA094);现代农业产业技术体系建设专项(CARS-14-1-05);甘肃省科技计划(17ZD2NA016);甘肃省现代农业产业技术体系建设专项(GARS-07-05);甘肃省农业科学院农业科技创新专项(2017GAAS22)

第一作者:王利民,男,博士,副研究员,研究方向为胡麻遗传育种。E-mail:liminwang@aliyun.com

通信作者:张建平,男,学士,研究员,研究方向为胡麻遗传育种。E-mail:401101917@qq.com

遗传改良提供理论指导。

1 材料与方 法

1.1 材 料

以“低亚麻酸×张亚 2 号”为杂交亲本,分别由内蒙古农牧业科学院和张掖市农业科学研究院提供。2016 年夏季在甘肃兰州人工配置杂交组合,收获 F₁ 种子;同年冬季在云南元谋种植 F₁ 及亲本材料,通过杂交、自交和回交获得 F₁、F₂、B_{1,1} 和 B_{2,1} 世代种子;2017 年夏季在兰州种植 P₁、P₂、F₁、F₂、B_{1,1}、B_{2,1} 群体材料,通过杂交、自交获得 F₁、F_{2,3}、B_{1,2}、B_{2,2} 世代种子,从而构建了 P₁、F₁、P₂、B_{1,2}、B_{2,2}、F_{2,3} 6 个世代群体材料用于模型分析。

1.2 方 法

田间试验设在云南省元谋县南繁村。2017 年冬季同期种植 P₁、F₁、P₂、B_{1,2}、B_{2,2} 和 F_{2,3} 6 个世代群体材料。其中,P₁、F₁、P₂ 各种植 30 行,B_{1,2}、B_{2,2} 和 F_{2,3} 各种植 300 行。每行播种 100 粒,行长 1 m,行距 20 cm,四周设保护行,栽培管理与当地生产一致。成熟后,P₁、F₁、P₂ 世代按单株收获和脱粒,B_{1,2}、B_{2,2} 和 F_{2,3} 世代按株行收获、单行脱粒,种子精选去杂,采用近红外分析法测定亚麻酸含量。

采用盖钧镒^[5]提出的主基因+多基因混合遗传模型进行多世代联合遗传分析。该方法首先是计算不同遗传模型的极大似然函数值(MLV)和 AIC 值,再根据 AIC 值初步选择备选模型;然后对入选模型进行适合性检验,包括 5 个统计量:U₁²、U₂²、U₃²、_nW² 和 D_n;在此基础上,根据备选模型 AIC 值和适合性检验结果判定最优遗传模型^[19]。主基因遗传率和多基因遗传率计算公式如下:

主基因遗传率 $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2 \times 100\%$;多基因遗传率 $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2 \times 100\%$

σ_{mg}^2 、 σ_{pg}^2 和 σ_p^2 分别为主基因方差、多基因方差和表型方差。数据分析采用章元明教授研发的 R 语言 SEA 软件包。

2 结果与分析

2.1 不同世代亚麻酸含量的表型分布

不同世代亚麻酸含量的统计值见表 1。可以看出,P₁ 和 P₂ 亚麻酸含量均值分别为 59.80% 和 42.19%,双亲之间亚麻酸含量存在显著差异。F₁ 亚麻酸含量均值为 46.28%,介于双亲之间。B_{1,2} 和 B_{2,2} 世代亚麻酸含量均值分别为 55.60% 和 43.60%,B_{1,2} 世代亚麻酸含量显著高于 B_{2,2} 世代。F_{2,3} 世代亚麻酸含量均值为 46.29%,与 F₁ 代基本相同。从变异系数看,P₁、P₂、F₁、B_{1,2} 世代亚麻酸含量的变异度较小,变异系数为 1.94%~6.99%;B_{2,2} 和 F_{2,3} 世代亚麻酸含量的变异度较大,变异系数分别为 9.81% 和 9.53%。此外,从亚麻酸含量的极值看,B_{1,2} 世代亚麻酸含量最大值达 64.27%,具有超高亲优势;B_{2,2} 和 F_{2,3} 世代亚麻酸含量的最小值分别为 34.13% 和 36.18%,具有超低亲优势。从 B_{1,2}、B_{2,2} 和 F_{2,3} 世代亚麻酸含量的次数分布看(图 1~3),3 个世代亚麻酸含量的频率分布均符合数量性状的分布特征,表现为多峰或偏态分布,亚麻酸含量的遗传可能存在主基因遗传效应。

2.2 最优遗传模型选择

通过 R 软件包 SEA 遗传模型分析,从而获得 24 种遗传模型的极大似然函数值(MLV)和 AIC 值(表 2)。不同模型 MLV 值为 -2 079.83~-1 872.09,AIC 值为 3 768.18~4 165.66。AIC 值最小的模型为 D-0(MX1-AD-ADI),同时 C-0

表 1 不同世代亚麻酸含量的统计值

Table 1 Statistical value of linolenic acid content in six generations

世代 Generation	群体数 No. of group	最小值/% Min	最大值/% Max	极差/% Rage	平均值/% Mean	标准差 SD	变异系数/% CV
P ₁	21	57.94	62.26	4.32	59.80	1.16	1.94
F ₁	35	39.12	52.02	12.90	46.28	3.23	6.98
P ₂	24	38.12	46.22	8.10	42.19	2.19	5.20
B _{1,2}	140	42.59	64.27	21.68	55.60	3.89	6.99
B _{2,2}	167	34.13	53.96	19.83	43.60	4.28	9.81
F _{2,3}	283	36.18	56.36	20.18	46.29	4.41	9.53

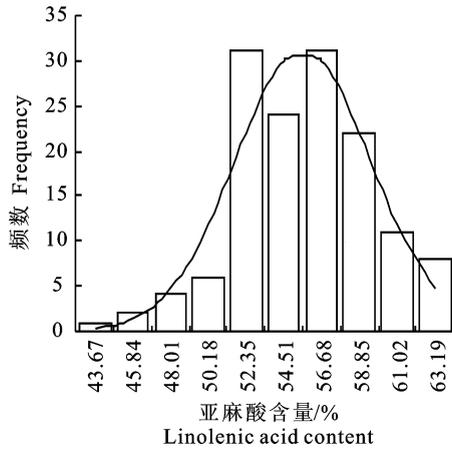


图 1 B_{1,2} 世代亚麻酸含量的次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of linolenic acid content in B_{1,2} generation

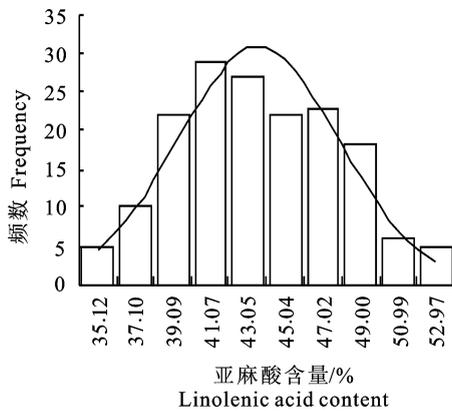


图 2 B_{2,2} 世代亚麻酸含量的次数分布

Fig. 2 Frequency distribution of linolenic acid content in B_{2,2} generation

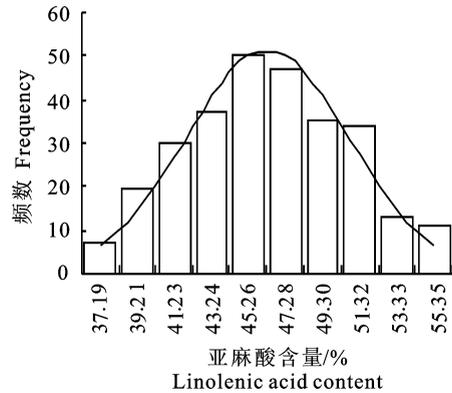


图 3 F_{2,3} 世代亚麻酸含量的次数分布

Fig. 3 Frequency distribution of linolenic acid content in F_{2,3} generation

(PG-ADI)和 E-0(MX2-ADI-ADI)这 2 个模型的 AIC 值也较小,根据 AIC 值较小的原则,初步选择这 3 个模型作为备选模型。适合性检验结果见表 3。可以看出,D-0(MX1-AD-ADI)模型 30 个统计量中有 2 个达到显著水平;C-0(PG-ADI)和 E-0(MX2-ADI-ADI)模型也分别有 2 个统计量达到显著水平。3 个模型统计量显著水平数量相同的情况下,优先选择 AIC 值较小的 D-0(MX1-AD-ADI)模型作为本试验的最佳遗传模型,即胡麻亚麻酸含量的遗传符合 1 对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型。

2.3 遗传参数估算

表 4 给出了最佳遗传模型的遗传参数估计值。从一阶遗传参数看,主基因加性效应值(*da*)和显性效应值(*ha*)分别为 3.63 和 1.78,主基因

表 2 不同遗传模型的极大似然函数值(MLV)和 AIC 值

Table 2 Max-likelihood-values and AIC values of twenty-four genetic models

代号 Code	模型 Model	极大似然函数值 Max-likelihood value	AIC 值 AIC value	代号 Code	模型 Model	极大似然函数值 Max-likelihood value	AIC 值 AIC value
A-1	1MG-AD	-1 952.209	3 912.418	D-0	MX1-AD-ADI	-1 872.089	3 768.177
A-2	1MG-A	-1 975.626	3 957.253	D-1	MX1-AD-AD	-1 910.893	3 839.786
A-3	1MG-EAD	-2 079.83	4 165.661	D-2	MX1-A-AD	-1 910.181	3 836.363
A-4	1MG-NCD	-1 964.645	3 935.289	D-3	MX1-EAD-AD	-1 917.456	3 850.912
B-1	2MG-ADI	-1 919.835	3 859.669	D-4	MX1-NCD-AD	-1 912.832	3 841.664
B-2	2MG-AD	-1 914.101	3 840.203	E-0	MX2-ADI-ADI	-1 877.697	3 791.393
B-3	2MG-A	-1 939.813	3 887.626	E-1	MX2-ADI-AD	-1 894.125	3 818.25
B-4	2MG-EA	-1 939.812	3 885.625	E-2	MX2-AD-AD	-1 907.161	3 836.322
B-5	2MG-CD	-2 060.686	4 129.372	E-2	MX2-A-AD	-1 905.996	3 829.993
B-6	2MG-EAD	-2 060.686	4 127.371	E-4	MX2-EA-AD	-1 904.976	3 825.952
C-0	PG-ADI	-1 874.719	3 769.438	E-5	MX2-CD-AD	-1 917.263	3 852.526
C-1	PG-AD	-1 943.773	3 901.545	E-6	MX2-EAD-AD	-1 912.901	3 841.802

表 3 备选模型的适合性检验

Table 3 Test for goodness-of-fit of selected genetic models

模型 Model	世代 Generation	$U_1^2(P)$	$U_2^2(P)$	$U_3^2(P)$	$nW^2(P)$	$D_n(P)$
D-0	P ₁	0.000 3(0.987 2)	0.737 5(0.390 5)	11.376 5(0.000 7)*	0.328 6(>0.05)	0.238 0(>0.05)
	F ₁	0.020 2(0.8870)	0.621 1(0.430 6)	6.772 2(0.009 3)*	0.177 7(>0.05)	0.158 8(>0.05)
	P ₂	0.000 0(0.9980)	0.008 2(0.927 9)	0.138 1(0.710 2)	0.030 9(>0.05)	0.090 7(>0.05)
	B _{1,2}	0.014 1(0.9053)	0.037 4(0.846 7)	0.097 9(0.754 4)	0.064 4(>0.05)	0.057 7(>0.05)
	B _{2,2}	0.046 0(0.830 2)	0.181 5(0.670 1)	0.763 2(0.382 3)	0.090 4(>0.05)	0.071 4(>0.05)
	F _{2,3}	0.067 3(0.795 3)	0.043 6(0.834 5)	0.028 6(0.865 6)	0.048 1(>0.05)	0.034 0(>0.05)
C-0	P ₁	0.000 3(0.987 0)	0.729 6(0.393 0)	11.247 1(0.000 8)*	0.324 0(>0.05)	0.237 0(>0.05)
	F ₁	0.020 3(0.886 8)	0.643 2(0.422 6)	7.057 3(0.007 9)*	0.182 9(>0.05)	0.160 3(>0.05)
	P ₂	0.000 0(0.997 9)	0.006 3(0.936 5)	0.108 1(0.742 3)	0.030 7(>0.05)	0.091 7(>0.05)
	B _{1,2}	0.007 9(0.929 1)	0.000 2(0.989 2)	0.084 3(0.771 5)	0.044 8(>0.05)	0.053 8(>0.05)
	B _{2,2}	0.017 0(0.896 3)	0.023 5(0.878 1)	1.250 9(0.263 4)	0.097 0(>0.05)	0.059 5(>0.05)
	F _{2,3}	0.017 9(0.893 6)	0.012 0(0.912 7)	0.915 0(0.338 8)	0.047 2(>0.05)	0.036 1(>0.05)
E-0	P ₁	0.000 4(0.983 2)	0.610 0(0.434 8)	9.257 9(0.002 3)*	0.257 1(>0.05)	0.221 3(>0.05)
	F ₁	0.020 5(0.886 2)	1.004 6(0.316 2)	11.937 5(0.000 6)*	0.268 7(>0.05)	0.183 5(>0.05)
	P ₂	0.000 0(0.997 3)	0.007 3(0.931 9)	0.108 0(0.742 4)	0.037 2(>0.05)	0.108 0(>0.05)
	B _{1,2}	0.016 5(0.897 8)	0.000 2(0.987 7)	0.190 1(0.662 8)	0.053 2(>0.05)	0.049 8(>0.05)
	B _{2,2}	0.057 1(0.811 1)	0.009 0(0.924 6)	1.701 0(0.192 2)	0.088 7(>0.05)	0.055 1(>0.05)
	F _{2,3}	0.011 2(0.915 6)	0.000 5(0.982 9)	0.105 3(0.745 5)	0.017 6(>0.05)	0.023 8(>0.05)

加性效应值显著大于其显性效应值。B_{1,2} 世代表型方差(σ_p^2)、主基因方差(σ_{mg}^2)和多基因方差(σ_{pg}^2)分别为 15.10、5.07 和 3.86,主基因遗传率(h_{mg}^2)和多基因遗传率(h_{pg}^2)分别为 33.59%和 25.60%。B_{2,2} 世代表型方差(σ_p^2)、主基因方差(σ_{mg}^2)和多基因方差(σ_{pg}^2)分别为 18.29、8.58 和 3.54,主基因遗传率(h_{mg}^2)和多基因遗传率(h_{pg}^2)

分别为 46.95%和 19.35%。F_{2,3} 世代表型方差(σ_p^2)、主基因方差(σ_{mg}^2)和多基因方差(σ_{pg}^2)分别为 19.47、10.50 和 2.81,主基因遗传率(h_{mg}^2)和多基因遗传率(h_{pg}^2)分别为 53.92%和 14.43%。B_{1,2}、B_{2,2} 和 F_{2,3} 3 个世代主基因遗传率(h_{mg}^2)均大于多基因遗传率(h_{pg}^2)。

表 4 遗传参数估计值

Table 4 Estimates of genetic parameters for linolenic acid content

一阶遗传参数 1st order genetic parameter							
m_1	m_2	m_3	m_4	m_5	m_6	da	ha
56.17	44.50	45.82	53.31	44.89	45.92	3.63	1.78
二阶遗传参数 2nd order genetic parameter							
	δ_p^2	δ_{mg}^2	δ_{pg}^2	h_{mg}^2	h_{pg}^2		
B _{1,2}	15.10	5.07	3.86	33.59	25.60		
B _{2,2}	18.29	8.58	3.54	46.95	19.35		
F _{2,3}	19.47	10.50	2.81	53.92	14.43		

2.4 优质株系筛选

通过对 B_{1,2}、B_{2,2} 和 F_{2,3} 世代群体材料亚麻酸及粗脂肪含量的测定分析,从中筛选出亚麻酸含量大于 60% 的株系材料 15 份,最高含量

(64.27%)相比国内大面积推广种植的高亚麻酸品种‘张亚 2 号’高出 2.01 个百分点。同时,还筛选出粗脂肪含量大于 43% 的株系材料 7 份,其中 1 份材料(B_{2,2}-138)粗脂肪含量高达 48.18%,显

著高于现有的胡麻品种资源及育种材料。这些优质株系材料的发现,为后续胡麻品质育种奠定了良好的基础。

3 结论与讨论

α -亚麻酸(ALA)是胡麻脂肪酸组成的主要成分。王利民等^[13]通过 256 份国内外胡麻品种资源的品质分析结果表明,胡麻亚麻酸含量为 34.6%~61.2%,其他主要油料作物,如大豆油亚麻酸含量为 2.75%~5.94%^[14],菜籽油亚麻酸含量为 4.41%~12.75%^[15],花生油亚麻酸含量 \leq 0.1%^[16]。可见,胡麻亚麻酸含量显著高于其他主要油料作物。提高亚麻酸含量是胡麻育种的主要方向之一,但目前国内品质育种水平与加拿大等国还有一定差距,育成品种的亚麻酸含量还没有重大的突破。由于亚麻酸含量的遗传机制较为复杂,这使得亚麻酸的遗传改良相对困难。

油料作物脂肪酸的遗传调控国内外研究较为深入,应用数量性状主基因+多基因遗传模型的研究相对较少。郑永战等^[17]利用 4 个世代群体材料研究结果表明,大豆亚麻酸含量受 2 对等加性主基因+多基因遗传控制,主基因和多基因遗传率分别为 41.98%和 24.17%,2 对主基因具有较大的遗传贡献。张洁夫等^[18]通过 6 个世代群体材料研究表明,油菜亚麻酸含量由 2 对加性—显性—上位性主基因+加性—显性—上位性多基因所遗传控制,但主基因遗传率并不高(\leq 5%),多基因具有相对较大的遗传贡献率(34.2%~75.7%)。本试验通过 6 个世代群体联合分析结果表明,胡麻亚麻酸含量的遗传受 1 对加性—显性主基因+加性—显性—上位性多基因控制,分离世代的主基因加性效应要大于其显性效应。 $B_{1;2}$ 、 $B_{2;2}$ 和 $F_{2;3}$ 世代主基因遗传率分别为 33.59%、46.95%和 53.92%,多基因遗传率分别为 25.60%、19.35%和 14.43%,主基因具有较大的遗传贡献率。相比大豆和油菜的研究结果,本试验仅鉴定出 1 对加性—显性—上位性主基因,主基因的遗传率相对较高。此前,张琼等^[10]研究表明胡麻亚麻酸含量为 2 对重叠作用主基因遗传,赵利等^[11]研究表明不同生态环境下胡麻亚麻酸含量分别符合 1 对主基因+多基因遗传模型、4 对主基因遗传模型和无主基因遗传模型。这与本试验的结果也存在差异。可见,亚麻酸含量的遗传受不同作物、不同群体和不同环境的影响,其分

析结果也有所不同。

通过本试验筛选出高亚麻酸材料 15 份,高含油材料 7 份。值得注意的是,其中亚麻酸最高含量达 64.27%,粗脂肪含量最高达 48.18%。这些优异材料的发现,为胡麻品质改良提供了重要的基础材料。由于亚麻酸和粗脂肪等品质性状易受环境的影响,这些材料的应用价值还有待于进一步鉴定和评价。

参考文献 Reference:

- [1] 韩茂莉. 历史时期油料作物的传播与嬗替[J]. 中国农史, 2016, 35(2): 3-14.
HAN M L. The spread and evolution of oil crops in chinese history[J]. *Agricultural History of China*, 2016, 35(2): 3-14.
- [2] KOZOWSKI R M, KRGIELCZAK A, RADU D G, et al. Flax seeds—source of biomedical and food products [J]. *Molecular Crystals and Liquid Crystals*, 2014, 603(1): 122-135.
- [3] GOYAL A, SHARMA V, UPADHYAY N, et al. Flax and flaxseed oil: an ancient medicine & modern functional food [J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2014, 51(9): 1633-1653.
- [4] 章元明. 植物数量遗传学的建立、发展与展望[J]. 南京农业大学学报, 2012, 35(5): 19-24.
ZHANG Y M. Establishment, development and prospects of quantitative genetics in plant [J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2012, 35(5): 19-24.
- [5] 盖钧镒. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J]. 遗传, 2005, 27(1): 130-136.
GAI J Y. Segregation analysis of genetic system of quantitative traits in plants [J]. *Hereditas*, 2005, 27(1): 130-136.
- [6] 王金社, 赵团结, 盖钧镒. 回交自交系(BIL)群体 4 对主基因加多基因混合遗传模型分离分析方法的建立[J]. 作物学报, 2013, 39(2): 198-206.
WANG J SH, ZHAO T J, GAI J Y. Establishment of segregation analysis of mixed inheritance model with four major genes plus polygenes in backcross inbred lines (BIL) populations [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2013, 39(2): 198-206.
- [7] 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): 82-90.
LIU X, ZHANG B B, MA B, et al. Mixed major gene plus poly-gene genetic analysis of plant height and its related traits in *Brassica napus* L. [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2018, 27(4): 82-90.
- [8] 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.
LIU X CH, FENG Z Y. Mixed major gene plus polygene in-

- heritance model analysis for grain arabinoxylan in barley [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2018, 33(3): 119-128.
- [9] 刘雅辉,王秀萍,李 强,等.棉花苗期耐盐性主基因和多基因混合遗传分析[J].西北农业学报,2015,24(8):57-61.
LIU Y H, WANG X P, LI Q, *et al.* Mixed inheritance analysis of salt tolerance in cotton seedling stage [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2015, 24(8): 57-61.
- [10] 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.
ZHANG Q, WANG L M, ZHANG J P, *et al.* A genetic analysis of fatty acid content in recombinant inbred lines of flax [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2015, 31(12): 115-121.
- [11] 赵 利,赵 玮,李闻娟,等.不同环境下胡麻脂肪酸含量的遗传分析[J].干旱地区农业研究,2018,36(6):54-61.
ZHAO L, ZHAO W, LI W J, *et al.* Genetic analysis of fatty acid contents in flax (*Linum usitatissimum* L.) grown under different environmental conditions [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2018, 36(6): 54-61.
- [12] 盖钧镒,王健康.利用回交或 $F_{2,3}$ 家系世代鉴定数量性状主基因-多基因混合遗传模型[J].作物学报,1998,24(4):402-409.
GAI J Y, WANG J K. Identification of major gene and polygene mixed inheritance model from backcrosses or $F_{2,3}$ families [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 1998, 24(4): 402-409.
- [13] 王利民,党占海,张建平,等.胡麻农艺性状与品质性状的相关性分析[J].中国农学通报,2012,29(27):88-92.
WANG L M, DANG ZH H, ZHANG J P, *et al.* Correlation analysis between agronomic traits and quality traits in flax [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2012, 29(27): 88-92.
- [14] 李文滨,冯 雷,宋 伟,等.大豆脂肪酸含量积累动态及亚麻酸代谢候选基因筛选[J].东北农业大学学报,2017(11):4-11.
LI W B, FENG L, SONG W, *et al.* Accumulation dynamics of fatty acid in soybean seed and screening of candidate gene related to linolenic acid metabolism [J]. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2017(11): 4-11.
- [15] 蔡东芳,张书芬,肖英杰,等.甘蓝型油菜油酸、亚油酸和亚麻酸含量的关联分析[J].中国油料作物学报,2016,38(4):397-405.
CAI D F, ZHANG SH F, XIAO Y J, *et al.* Association mapping of oleic acid, linoleic acid and linolenic acid in *Brassica napus* [J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2016, 38(4): 397-405.
- [16] 王玉杰,冯素萍,齐 丹.气相色谱法检测海南花生种质中脂肪酸的含量及分析[J].湖北农业科学,2017(22):142-144.
WANG Y J, FENG S P, QI D. Determination and analysis on content of fatty acids of peanut seeds in Hainan by the use of gas chromatography [J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2017(22): 142-144.
- [17] 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 ZH, GAI J Y, ZHOU R B, *et al.* Inheritance of fat and fatty acid composition contents in soybean [J]. *Soybean Science*, 2007, 26(6): 801-806.
- [18] 张洁夫,戚存扣,浦惠明,等.甘蓝型油菜主要脂肪酸的主基因+多基因遗传分析[J].中国油料作物学报,2007,29(4):359-364.
ZHANG J F, QI C K, PU H M, *et al.* Genetic analysis of fatty acid composition in rapeseed using mixed model of major gene and polygene [J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2007, 29(4): 359-364.

Genetic Analysis of Linolenic Acid Content by Using Mixed Major Gene Plus Polygene Inheritance Model in Linseed

WANG Limin, DANG Zhao, ZHAO Wei, LI Wenjuan, XIE Yaping,
QI Yanni and ZHANG Jianping

(Institute of Cash Crops, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, China)

Abstract Linolenic acid is the main component of linseed fatty acid and the main objective for improving quality of linseed. In order to understand the genetic mechanism of linolenic acid and improve the quality of linseed, in this study, the genetic effects of linolenic acid were analyzed by using the major gene plus polygene mixed genetic model. The results showed that the inheritance of linolenic acid was controlled by a pair of additive-dominant major genes plus additive-dominant-epistatic polygenes, and the additive effects of major genes were greater than dominant effects. The heritability of major genes in $B_{1,2}$, $B_{2,2}$ and $F_{2,3}$ generations was 33.59%, 46.95% and 53.92% respectively, and the polygenic heritability was 25.60%, 19.35% and 14.43% respectively. At the same time, the germplasms of 15 high linolenic acid content and 7 high oil content were screened out, which provide a foundation for improving linseed quality.

Key words Linseed; Linolenic acid; Inheritance; Major gene; Plus polygene

Received 2019-08-26

Returned 2019-11-10

Foundation item The Natural Science Foundation of Gansu Province (No. 1606RJZA094); Construction of Modern Agriculture Industry and Technology System (No. CARS-14-1-05); the Science and Technology Plan of Gansu Province (No. 17ZD2NA016); the Construction of Modern Agriculture Industry and Technology System in Gansu (No. GARS-07-05); the Agricultural Science and Technology Innovation Project of Gansu Academy of Agricultural Sciences (No. 2017GAAS22).

First author WANG Limin, male, Ph. D, associate research fellow. Research area: genetic breeding of linseed. E-mail: liminwang@aliyun.com

Corresponding author ZHANG Jianping, male, bachelor, research fellow. Research area: genetic breeding of linseed. E-mail: 401101917@qq.com

(责任编辑:潘学燕 Responsible editor: PAN Xueyan)