DOI: 10.3724/SP.J.1006.2020.94119

利用 RIL 群体创制低山嵛酸花生新种质

郭建斌 黄莉 刘念 罗怀勇 周小静 陈伟刚 吴贝
淮东欣 任小平 姜慧芳*

中国农业科学院油料作物研究所 / 农业农村部油料作物生物学与遗传育种重点实验室, 湖北武汉 430062

摘要: 花生是我国食用植物油的重要来源, 改善花生油脂品质是我国花生育种的重要目标。利用不同遗传背景的亲本(中花 10 号×ICG12625)杂交构建含有 140 个家系的重组自交系群体(RIL), 对超长链饱和脂肪酸(花生酸、山嵛酸和二十四碳烷酸)含量测定表明, RIL 家系超长链饱和脂肪酸含量的变异范围为 4.27%~7.05%, 均值为 5.54%, 最低值分别比父本和母本低 1.46 和 1.63 个百分点, 降低率达 25.27%和 27.62%; 山嵛酸含量的变异范围为 1.86%~3.37%, 均值为 2.53%, 3 份家系的山嵛酸含量稳定低于 2% (QT0002、QT0075 和 QT0120), 比低值亲本中花 10 号分别低 0.57、0.51 和 0.51 个百分点, 降低率分别为 23.45%、20.98%和 20.98%。利用前期构建的遗传图谱, 通过 WinQTLcart 软件检测到一个与山嵛酸相关的稳定的 QTL, 位于 B04 染色体 13.31~16.34 M 内, 该区间内含有 131 个预测基因。本结果为高油酸花生品种的山嵛酸遗传改良奠定了基础。

关键词: 花生; 重组自交系; 脂肪酸; 山嵛酸

Novel peanut genotype with low behenic acid developed from recombinant inbred lines

GUO Jian-Bin, HUANG Li, LIU Nian, LUO Huai-Yong, ZHOU Xiao-Jing, CHEN Wei-Gang, WU Bei, HUAI Dong-Xin, REN Xiao-Ping, and JIANG Hui-Fang*

Oil Crops Research Institute, China Academy of Agricultural Sciences / Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Oil Crops, the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuhan 430062, Hubei, China

Abstract: Peanut is an important source of edible vegetable oil in China, and improving the quality of peanut oil is an important goal in peanut breeding. In this study, the contents of very long-chain saturated fatty acids (arachidic acid, behenic acid, and tetracosanoic acid) were determined by using RIL population containing 140 lines derived from the cross between Zhonghua 10 and ICG12625 with different genetic backgrounds. The content of very long-chain saturated fatty acid in the RILs was 4.27%~7.05%, with an average of 5.54%, the minimum value was 1.46 and 1.63 percentage points lower than that of male and female parents, with reduction rates of 25.27% and 27.62%, respectively. The behenic acid content ranged from 1.86% to 3.37%, with an average of 2.53%. Three lines of QT0002, QT0075, and QT0120 had behenic acid content lower than 2%, which was 0.57, 0.51, and 0.51 percentage points lower than that of Zhonghua10 with the reduction rate of 23.45%, 20.98%, and 20.98%, respectively. A stable QTL located in 13.31–16.34 M of B04 was detected using a linkage map and WinQTLcart software. In this region of 13.31–16.34 M contained 131 prediction genes. The results lay a foundation for the genetic improvement of low behenic acid and high-oleic peanut varieties.

Keywords: peanut; recombined inbred lines (RILs); fatty acid; behenic acid

本研究由国家自然科学基金项目(31571713, 31761143005, 31801403, 31871666), 农作物种质资源保护项目(2017NWB033), 国家农作物种质资源共享服务平台(NICGR2017-36)和国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-13-花生种质资源评价)资助。

This study was supported by the National Natural Science Foundation of China (31571713, 31761143005, 31801403, 31871666), the Crop Germplasm Resources Protection Project (2017NWB033), the Plant Germplasm Resources Sharing Platform (NICGR2017-36), and the China Agricultural Research System (CARS-13-Germplasm Resource Evaluation for Peanut).

* 通信作者(Corresponding author): 姜慧芳, E-mail: peanutlab@oilcrops.cn, Tel: 027-86711550

第一作者联系方式: E-mail: guojianbin1990@163.com

Received (收稿日期): 2019-08-14; Accepted (接受日期): 2019-12-26; Published online (网络出版日期): 2020-01-16.

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20200115.1355.027.html>

花生是我国主要的油料作物和经济作物,花生籽仁中含有46%~58%的脂肪和22%~32%的蛋白质^[1],具有很高的营养价值和经济价值。随着人民生活水平的不断提高,对花生生产提出了更多和更高的要求,因此花生育种目标越来越高也越复杂。花生不同品种脂肪酸组分存在很大差异,在花生脂肪酸组分中,不饱和脂肪酸约占80%,饱和脂肪酸约占20%^[2],对人体健康有利,但与优质植物油^[3](茶籽油饱和脂肪酸含量为7.5%~18.8%,橄榄油饱和脂肪酸含量为15%)相比,其饱和脂肪酸含量偏高。在花生油脂中,亚油酸和花生烯酸为人体必需脂肪酸。亚油酸具有降低人体内血液胆固醇和甘油三酯的功能,并能软化血管和阻止血栓的形成,但亚油酸含量过高会降低油脂的耐储存性^[4-7];油酸和花生烯酸能选择性地降低人体血液中有毒的低密度胆固醇^[8]。棕榈酸含量过高会导致心血管疾病的发生^[9-10],超长链饱和脂肪酸(花生酸、山嵛酸和二十四碳烷酸)碳链长、饱和程度高、不易氧化分解,摄入过量会对人体造成病变^[11],而山嵛酸在超长链饱和脂肪酸中占比最大,因此花生油脂脂肪酸品质改良的重点是提高油酸和花生烯酸含量、减少棕榈酸和山嵛酸等超长链饱和脂肪酸含量。油酸含量和花生烯酸呈极显著正相关,与棕榈酸呈极显著负相关,但与山嵛酸无显著相关性^[12-13]。由此可见,油酸含量的提高不仅能增加花生烯酸含量还可降低棕榈酸的含量。近年来,我国高油酸花生品种的选育速度加快,培育出了如花育32、花育917、开农61、开农176、开农H03-3、冀花11、冀花13、中花24、豫花37等品种^[14]。但是,在这些高油酸花生品种中,其山嵛酸含量没有明显改善,因此高油酸花生品种的山嵛酸还有待进一步降低。目前关于低山嵛酸含量品种的选育还未见报道。郭建斌等^[12]对黄淮及长江流域产区主推的60份花生品种测试表明,山嵛酸的变异范围为1.98%~3.38%;Worthington 等^[15]对不同生态地理来源的82个基因型鉴定表明,山嵛酸的变异幅度为1.3%~5.1%,是花生育种工作中遗传变异最大的资源。所以降低山嵛酸含量的潜力是很大的。本研究选用普通油酸花生 RIL 群体(中花10×ICG12625),对群体脂肪酸进行变异分析,在群体中挖掘新的种质资源,进而为培育出低山嵛酸新品种提供条件。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以中花 10 号为母本、ICG12625 为父本进行杂

交,采用单粒传法构建包含 140 个家系的重组自交系群体(RIL)。其中,中花 10 号籽仁较大,粉色种皮;ICG12625 籽仁较小,黑色种皮。

1.2 试验设计

于 2015—2017 年在中国农业科学院油料作物研究所试验田(湖北武汉)连续种植 RIL 群体和亲本材料,每份材料 1 行,行长 2.50 m,行距 0.30 m,完全随机区组设计,2 次重复,常规田间管理。

1.3 脂肪酸测定及数据处理

根据国标法(GB/T 5510-2011)处理花生样品,用 Agilent 7890B 型气相色谱仪分析花生脂肪酸甲酯,采用 Microsoft Excel 统计与计算数据,SPSS 软件进行方差分析。

2 结果与分析

2.1 亲本及 RIL 群体中超长链饱和脂肪酸含量差异

中花 10 号和 ICG12625 在超长链饱和脂肪酸(VLC SFA)上无显著差异,3 年平均值分别为 5.90% 和 5.73%,在花生酸(C20:0)和山嵛酸(C22:0)上存在差异(图 1)。140 份 RIL 家系连续 3 年种子中超长链饱和脂肪酸均值的变异范围为 4.27%~7.05%,平均值为 5.54%,变异系数为 9.84%。在 RIL 群体中出现了超长链饱和脂肪酸含量为 4.27%的家系,分别比父本和母本低 1.46 和 1.63 个百分点,降低率达 25.27%和 27.62%,群体中含量低于 5%的家系有 21 份,占比 15%。RIL 各家系超长链饱和脂肪酸含量呈正态分布,偏度和峰度分别为 0.49 和 0.33。相关性分析表明(图 2),超长链饱和脂肪酸与花生酸、山嵛酸和二十四碳烷酸(C24:0)均呈极显著正相关,相关系数分别为 0.75、0.92 和 0.69;山嵛酸与花生酸和二十四碳烷酸也呈极显著正相关,相关系数分别为 0.52 和 0.64。超长链饱和脂肪酸中山嵛酸含量

图 1 亲本在超长链饱和脂肪酸上的差异

Fig. 1 Parents' difference in very long-chain saturated fatty acid

图 2 超长链饱和脂肪酸相关性分析
Fig. 2 Correlationship in very long-chain saturated fatty acid

最高，且与花生酸和二十四碳烷酸呈极显著正相关，所以降低山嵛酸含量是降低超长链饱和脂肪酸的关键。

2.2 亲本及 RIL 群体山嵛酸含量差异

从表 1 可看出，父本 ICG12625 连续 3 年山嵛酸含量均高于母本中花 10 号。在 RIL 群体中，山嵛酸的变异均超出了亲本间差异，表现出超亲优势。利用 SPSS 软件对 RIL 群体山嵛酸 3 年表型值方差分析表明，RIL 群体差异达到极显著水平($F=5.79$, $P<0.0001$)。2015 年山嵛酸的变异范围为 1.80%~3.51%，平均值为 2.53%，高于双亲均值 (2.44%)，家系之间山嵛酸含量相差 1.71 个百分点，而两亲本相差 0.53 个百分点，群体中山嵛酸含量低于 2%的家系有 4 份；2016 年 RIL 群体中山嵛酸含量低于 2%的家系有 4 份，2017 年山嵛酸含量低于 2%的家系有 14 份，3 年平均值低于 2%的家系有 3 份，

分别为 QT0020 (1.86%)、QT0075 (1.92%)和 QT0120 (1.92%)，所以通过 RIL 群体可以创制出山嵛酸含量低的优良后代材料。这 3 份家系及亲本其他脂肪酸含量见表 2，可看出山嵛酸含量低的家系其花生酸和二十四碳烷酸含量也低，故通过降低山嵛酸含量可达到降低超长链饱和脂肪酸的目的。对比分析 3 个环境下 RIL 群体山嵛酸含量结果，2016 (2.66%)>2015 (2.53%)>2017 (2.40%)。RIL 群体中山嵛酸含量表现出丰富的变异，3 年变异系数分别为 12.39%、13.96%和 11.99%。在 3 个环境下均呈连续分布，其偏度和丰度绝对值小于 0.48，接近正态分布，是典型的数量性状特征(图 3)。综合分析 3 年的检测结果，140 份家系 3 年山嵛酸均值的变异范围为 1.86%~3.37%，均值为 2.53%。3 份低山嵛酸家系的山嵛酸含量比低值亲本中花 10 号分别低 0.57、0.51 和 0.51 个百分点，降低率为 23.45%、20.98%和 20.98%。

表 1 亲本及 RIL 群体中山嵛酸表型统计分析
Table 1 Statistical analysis of behenic acid in parents and RIL populations

年份 Year	亲本 Parent (%)		RIL 群体 RIL population (%)						
	中花 10 号 Zhonghua 10	ICG12625	最小值 Min	最大值 Max	均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
2015	2.17	2.70	1.80	3.51	2.53	0.31	12.39	0.44	0.34
2016	2.58	3.23	1.90	3.69	2.66	0.37	13.96	0.48	0
2017	2.52	2.81	1.68	3.21	2.40	0.29	11.99	0.08	-0.12

表 2 3 份低山嵛酸家系其他脂肪酸表现
Table 2 Information of other fatty acids of the three lines with low behenic acid (%)

家系 Line	山嵛酸 Behenic acid	棕榈酸 Palmitic acid	硬脂酸 Stearic acid	油酸 Oleic acid	亚油酸 Linoleic acid	花生酸 Arachidic acid	花生烯酸 Arachidonic acid	二十四碳烷酸 Tetracosanoic acid	超长链饱和脂肪酸 Very long-chain saturated fatty acid
QT0002	1.86	11.86	2.93	48.49	31.67	1.32	0.88	1.09	4.27
QT0075	1.92	12.73	3.51	42.92	35.78	1.41	0.66	1.13	4.46
QT0120	1.92	11.83	3.69	50.47	28.76	1.54	0.69	1.20	4.65
Zhonghua 10	2.43	10.45	5.30	48.54	29.29	2.09	0.65	1.39	5.90
ICG12625	2.91	13.48	2.48	40.02	37.29	1.32	1.13	1.49	5.73

2.3 山嵛酸含量标记分析

结合本实验室前期通过该群体构建的遗传连锁图^[16]和 3 年山嵛酸的表型值, 通过 WinQTLCart2.5 进行 QTL 定位分析, 在标记区间 GM2246-2-AGGS1236 内检测到稳定的控制山嵛酸含量的 QTL (*qBAB04*), 解释表型变异的 9.13%~12.90%。在单一环境及环境均值下, QTL 加性效应均为负, 增效等位基因来自于 ICG12625。对该 QTL 的侧翼标记在 RIL 群体中进行分析, 标记 GM2246-2 和 AGGS1236

扩增出 AA 的家系与扩增出 aa 的家系在山嵛酸含量上存在极显著差异(表 3), 在多个环境中表现一致。超长链饱和脂肪酸中山嵛酸含量占比最大, 两者相关系数为 0.92。因此用标记 GM2246-2 和 AGGS1236 在 RIL 群体中对超长链饱和脂肪酸进行鉴定分析, 基因型为 AA 的家系超长链饱和脂肪酸含量低于基因型为 aa 的家系, 且差异达到了极显著水平(图 4)。所以, 此标记可用于山嵛酸和超长链饱和脂肪酸含量的鉴定并且为其精细定位提供基础。

图 3 RIL 群体山嵛酸性状在 3 年中的分布
Fig. 3 Phenotypic distribution of behenic acid in the RIL population across three years

图 4 标记在 RIL 群体中超长链饱和脂肪酸的表型效应
Fig. 4 Phenotypic effect of marker on content of VLCSCFA in RIL population
VLCSCFA: very long-chain saturated fatty acid; a: GM2246-2; b: AGGS1236.

表 3 标记 GM2246-2 和 AGGS1236 在 RIL 群体中山嵛酸含量的表型效应
Table 3 Phenotypic effect of GM2246-2 and AGGS1236 on content of behenic acid in RIL population

标记 Marker	基因型 Genotype	山嵛酸含量 Content of behenic acid (%)			
		2015	2016	2017	均值 Mean
GM2246-2	AA	2.43±0.25	2.57±0.34	2.30±0.25	2.44±0.23
	aa	2.67±0.35	2.81±0.39	2.52±0.31	2.66±0.31
	aa-AA	0.24**	0.24**	0.22**	0.22**
AGGS1236	AA	2.42±0.28	2.58±0.67	2.31±0.45	2.45±0.25
	aa	2.70±0.32	2.78±0.75	2.52±0.31	2.66±0.29
	aa-AA	0.28**	0.20**	0.21**	0.21**

AA 代表等位基因与中花 10 一致的 RIL 株系, aa 代表等位基因与 ICG12625 一致的 RIL 株系; **表示在 0.01 水平上的极显著差异。
AA represent RIL line with allele consistent with Zhonghua 10 and aa represent RIL line with allele consistent with ICG12625. ** represent significant difference at the 0.01 probability level.

图 5 GO 富集分析

Fig. 5 Analysis of gene ontology enrichments

qBAB04 位于 B04 染色体 64.24~68.79 cM 区间内, 通过侧翼标记序列与物理图谱^[17]比对, 该区间位于 B04 染色体 13.31~16.43 M 内, 在这 3.12 M 区间内含有 131 个预测基因, 其中 11 个基因未被注释, 编码未知蛋白。为了进一步分析这些基因的功能分类, 本研究对该区间内 131 个基因进行 GO (Gene Ontology) 分析。如图 5 所示, 分子功能分类中有 4 个 GO 条目显著富集, 共有 20 个基因隶属于水解酶活性和核苷酸结合等相关功能显著富集; 在生物学过程分类中富集到了 9 个 GO 条目, 29 个基因参与生物/细胞刺激反应、信号转导、防御/压力反应和碳水化合物代谢过程等; 而细胞组分这一分类的 GO 条目并没有显著富集。

3 讨论

本研究对 RIL 群体 $F_8 \sim F_{10}$ 代超长链饱和脂肪酸含量测试表明, 超长链饱和脂肪酸和山萆酸含量变异广泛, 呈正态分布, 属数量性状。多年变异系数均值分别为 9.84% 和 12.78%, 说明花生在超长链饱和脂肪酸和山萆酸含量上存在很大的遗传分化。超长链饱和脂肪酸和山萆酸存在超亲现象, 在 RIL 群体中出现了超长链饱和脂肪酸含量为 4.27% 的家系, 山萆酸含量为 1.86% 的家系, 因此, 利用不同遗传背景的品种杂交可以创制优良种质。廖伯寿等^[18-19]通过重组自交系群体的构建, 在后代中发现了 18 份抗黄曲霉或抗青枯病的高油家系, 其中抗黄曲霉兼抗青枯病高油新种质 1 份, 高油抗青枯病农艺性状优良的种质 3 份。郭建斌等^[20]通过 RIL 群体后代表型的鉴定, 获得了高油种质 1 份, 高油酸低棕榈酸的新品种奠定基础。而本研究获得了超长链饱和脂肪酸含量和山萆酸含量低的超亲重组后代, 超

长链饱和脂肪酸含量低于 5% 的种质有 21 份, 山萆酸含量低于 2% 的种质 3 份。因此, 通过杂交构建重组自交系群体以及在性状基本稳定的后代中鉴定选择, 是选育优良花生品种的有效途径。目前推广品种的山萆酸含量在 2.53% 左右^[12], 培育低山萆酸含量的品种十分有必要。

超长链脂肪酸的生物合成分为 2 个阶段。第一阶段为脂肪酸的从头合成, 由脂肪酸合酶催化完成; 第二个阶段为碳链的延伸, 由脂肪酸碳链延长酶催化完成。在碳链延伸过程中, 碳链延长酶以 C20 为底物, 生成 C22, 继续以 C22 为底物, 生成 C24。花生酸、山萆酸和二十四碳烷酸在脂肪酸生物合成途径上存在底物与产物的关系, 所以 3 种超长链饱和脂肪酸存在相关性。

本研究在染色体 B04 上检测到一个稳定的控制山萆酸的 QTL (*qBAB04*), 在不同环境下分别解释表型变异的 9.13%~12.90%。郭建斌等^[20]通过 RIL 群体在 A05 染色体上检测到一个与山萆酸相关的 QTL, 解释表型变异的 3.99%; Wang 等^[11]利用 2 个群体在 A10、A09、A07 和 B08 上均检测到与山萆酸相关的 QTL, 解释表型变异的 4.89%~9.44%。与之相比, 本研究发掘的 QTL 是新的。不同研究者利用不同遗传背景的材料, 获得的结果不一样, QTL 重复性差, 说明不同亲本在基因位点的差异不同。将 QTL 侧翼标记 GM2246-2 和 AGGS1236 的序列与物理图谱比对, 发现该 QTL 位于 B04 染色体 13.31~16.43 M 内, 在这 3.12 M 区间内含有 131 个预测基因, GO 分析表明只有 49 个基因被显著富集, 其中有 20 个基因显著富集在分子功能分类中, 有 29 个基因显著富集在生物学过程分类中。该 QTL 侧翼标记将为改良花生山萆酸性状提供重要参考以及为山萆酸的精细定位奠定基础。

4 结论

获得了 3 份山嵛酸含量低于 2% 的花生新种质, 分别为 QT0002 (1.86%)、QT0075 (1.92%) 和 QT0120 (1.92%); 1 个稳定的与山嵛酸相关的 QTL (*qBAB04*), 解释表型变异的 9.13%~12.90%。

References

- [1] 廖伯寿. 花生(中国种植业优质高产技术丛书). 武汉: 湖北科学技术出版社, 2003. pp 5–6.
Liao B S. Peanut (China's Planting Industry High-quality and High-yield Technology Series). Wuhan: Hubei Scientific and Technical Publishers, 2003. pp 5–6 (in Chinese).
- [2] 顾黎. 花生油中脂肪酸组成的气相色谱——质谱分析. 林区教学, 2007, (2): 124–125.
Gu L. Gas chromatography: mass spectrometry analysis of fatty acid composition in peanut oil. *Teach For Region*, 2007, (2): 124–125 (in Chinese).
- [3] 熊秋芳, 张效明, 文静, 李兴华, 傅廷栋, 沈金雄. 菜籽油与不同食用植物油营养品质的比较——兼论油菜品质的遗传改良. 中国粮油学报, 2014, 29(6): 122–128.
Xiong Q F, Zhang X M, Wen J, Li X H, Fu T D, Shen J X. Comparison of nutritional values between rapeseed oil and several other edible vegetable oils: discussion of rapeseed quality genetic improvement. *J Chin Cereal Oil Ass*, 2014, 29(6): 122–128 (in Chinese with English abstract).
- [4] 郑畅, 杨湄, 周琦, 黄凤洪, 邓乾春, 郭萍梅, 刘昌盛. 高油酸花生油与普通油酸花生油的脂肪酸、微量成分含量和氧化稳定性. 中国油脂, 2014, 39(11): 40–43.
Zheng C, Yang M, Zhou Q, Huang F H, Deng Q C, Guo P M, Liu C S. Contents of fatty acid and minor component and oxidative stability of high oleic peanut oil and normal oleic peanut oil. *China Oil*, 2014, 39(11): 40–43 (in Chinese with English abstract).
- [5] Braddock J C, Sims C A, O'Keefe S F. Flavor and oxidative stability of roasted high oleic acid peanuts. *J Food Sci*, 1995, 60: 489–493.
- [6] Bolton G E, Sanders T H. Effect of roasting oil composition on the stability of roasted high-oleic peanuts. *J Am Oil Chem Soc*, 2002, 79: 129–132.
- [7] Talcott S T, Passeretti S, Duncan C E, Gorbett D W. Polyphenolic content and sensory properties of normal and high oleic acid peanuts. *Food Chem*, 2005, 90: 379–388.
- [8] 苏宜香, 郭艳. 膳食脂肪酸构成及适宜推荐比值的概况. 中国油脂, 2003, 28(1): 31–34.
Su Y X, Guo Y. A review of dietary fatty acid composition and recommended optimal ratio. *China Oil*, 2003, 28(1): 31–34 (in Chinese with English abstract).
- [9] 田永全. 脂肪酸的营养功能. 中国食物与营养, 2007, (8): 51–52.
Tian Y Q. Nutritional function of fatty acids. *Food Nutr China*, 2007, (8): 51–52 (in Chinese).
- [10] 姚云游. 花生油与橄榄油营养价值的比较. 中国油脂, 2005, 30(4): 66–68.
Yao Y Y. Comparison of peanut oil and olive oil in nutritional value. *China Oil*, 2005, 30(4): 66–68 (in Chinese with English abstract).
- [11] Wang M L, Khera P, Pandey M K, Wang H, Qiao L, Feng S, Tonnis B, Barkley N A, Pinnow D, Holbrook C C, Clubreath A K, Varshney R K, Guo B. Genetic mapping of QTLs controlling fatty acids provided insights into the genetic control of fatty acid synthesis pathway in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *PLoS One*, 2015, 10: e0119454.
- [12] 郭建斌, 吴贝, 陈伟刚, 黄莉, 陈玉宁, 周小静, 罗怀勇, 刘念, 任小平, 姜慧芳. 花生品种主要脂肪酸含量在不同生态区的稳定性. 作物学报, 2019, 45: 676–682.
Guo J B, Wu B, Chen W G, Huang L, Chen Y N, Zhou X J, Luo H Y, Liu N, Ren X P, Jiang H F. Stability of major fatty acids of peanut varieties grown in different ecological regions. *Acta Agron Sin*, 2019, 45: 676–682 (in Chinese with English abstract).
- [13] 李丹阳, 刘凯歌, 卢济明, 杨鑫雷, 崔顺立, 穆国俊, 陈焕英, 刘立峰. 花生 SSR 标记与品质性状的相关分析. 分子植物育种, 2017, 15(7): 226–232.
Li D Y, Liu K G, Lu J M, Yang X L, Cui S L, Mu G J, Chen H Y, Liu L F. Correlation analysis of SSR markers and quality traits in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Mol Plant Breed*, 2017, 15(7): 226–232 (in Chinese with English abstract).
- [14] 刘芳, 王积军, 汤松. 我国高油酸花生品种选育与推广应用. 中国农技推广, 2017, 33(1): 14–15.
Liu F, Wang J J, Tang S. Breeding, extension and application of high oleic peanut varieties in China. *China Agric Technol Extension*, 2017, 33(1): 14–15 (in Chinese).
- [15] Worthington R E, Hammons R O, Allison J R. Varietal differences and seasonal effects on fatty acid composition and stability of oil from 82 peanut genotypes. *J Agric Food Chem*, 1972, 20: 729–730.
- [16] Huang L, Ren X P, Wu B, Li X P, Chen W G, Zhou X J, Chen Y N, Pandey M K, Jiao Y Q, Luo H Y, Lei Y, Varshney R K, Liao B S, Jiang H F. Development and deployment of a high-density linkage map identified quantitative trait loci for plant height in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Sci Rep*, 2016, 6: 39478.
- [17] Bertioli D J, Cannon S B, Froenicke L, Huang G, Farmer A D, Cannon E K, Liu X, Gao Y D, Clevenger J, Dash S, Ren L H, Moretzsohn M C, Shirasawa K, Huang W, Vidigal B, Abernathy B, Chu Y, Niederhuth C E, Umale P, Araújo A C G, Kozik A, Kim K D, Burow M D, Varshney R K, Wang X J, Zhang X Y, Barkley N, Guimarães P M, Isobe S, Guo B Z, Liao B S, Stalker H T, Schmitz R J, Scheffler B E, Leal-Bertioli S C M, Xun X, Jackson S A, Michelmore R, Ozias-Akins P. The genome sequences of *Arachis duranensis* and *Arachis ipaensis*, the diploid ancestors of cultivated peanut. *Nat Genet*, 2016, 48: 438–446.
- [18] 廖伯寿, 雷永, 王圣玉, 李栋, 黄家权, 姜慧芳, 任小平. 花生重组近交系群体的遗传变异与高油种质的创新. 作物学报, 2008, 34: 999–1004.
Liao B S, Lei Y, Wang S Y, Li D, Huang J Q, Jiang H F, Ren X P. Genetic diversity of peanut RILs and enhancement for high oil

- genotypes. *Acta Agron Sin*, 2008, 34: 999–1004 (in Chinese with English abstract).
- [19] 廖伯寿, 雷永, 李栋, 王圣玉, 黄家权, 任小平, 姜慧芳, 晏立英. 利用 RIL 群体创造抗黄曲霉兼抗青枯病的高油花生新种质. *作物学报*, 2010, 36: 1296–1301.
- Liao B S, Lei Y, Li D, Wang S Y, Huang J Q, Ren X P, Jiang H F, Yan L Y. Novel high oil germplasm with resistance to *Aspergillus flavus* and bacterial wilt developed from recombinant inbred lines. *Acta Agron Sin*, 2010, 36: 1296–1301 (in Chinese with English abstract).
- [20] 郭建斌. 花生含油量及脂肪酸组成的 QTL 分析. 华中农业大学硕士学位论文, 湖北武汉, 2016.
- Guo J B. QTL Analysis for Oil Content and Fatty Acid Traits in Peanut (*Arachis hypogaea* L.). MS Thesis of Huazhong Agricultural University, Wuhan, Hubei, China, 2016 (in Chinese with English abstract).