中国油料作物学报
Chinese Journal of Oil Crop Sciences
2026,48(4):39-46
doi:10.19802/j.issn.1007-9084.2025280

花生高油×高油RIL群体的含油量遗传分析与超高油种质创制

郭建斌[1],黄莉[1],淮东欣[1],罗怀勇[1],王志慧[1],王瑾[2],苗建利[3],原小燕[4],白冬梅[5],刘珏[6],赵剑锋[6],姜慧芳[1],雷永[1*],刘念[1*]

(1.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;
2.河北省农林科学院粮油作物研究所,河北 石家庄,050035;
3.开封市农林科学院,河南 开封,475000;
4.云南省农业科学院经济作物研究所,云南 昆明,650205;
5.山西农业大学经济作物研究所,山西 太原,030031;
6.德宏州农业技术推广中心,云南 芒市,678400)

摘要:花生是我国主要的油料作物,选育含油量≥58%的超高油花生品种有助于提升产业效益、增强市场竞争力及保障国家食用油安全。本研究利用两个高油亲本中花12(含油量57.14%,含有野生花生亲缘)和徐花13(含油量56.16%,推广品种),通过杂交构建了包含305个家系的重组自交系(RIL)群体,对其种子进行含油量测试,群体家系含油量在50.54%~60.89%之间,变异广泛且存在超亲现象。采用主基因+多基因混合遗传模型对RIL群体的含油量性状进行遗传分析,符合4对主基因-部分等加性1(4MG-EEA)遗传模型。对RIL群体中发掘的含油量超过58%的66份高油家系连续3年(2022-2024)在湖北武汉鉴定,发现了10份含油量均值高于58%的超高油家系。在不同生态区的四个代表性地区(云南德宏、河北石家庄、湖北武汉和河南开封)评价这10份超高油家系的含油量性状,发现家系QT0531在四个生态区的含油量均超过59%,均值达62.05%,最高值达64.18%。上述结果表明,利用亲缘关系较远的高油亲本杂交以聚合不同的高油位点,是创制超高油种质的重要途径,将为超高油花生品种选育和基因挖掘奠定材料基础。

关键词:花生;含油量;遗传模型;超高油种质
中图分类号:S565.2　　**文献标识码:**A　　**文章编号:**1007-9084(2026)04-0039-08

Genetic analysis of oil content in RIL population derived from high-oil×high-oil crosses and development of ultra-high-oil peanut germplasm

GUO Jian-bin[1], HUANG Li[1], HUAI Dong-xin[1], LUO Huai-yong[1], WANG Zhi-hui[1], WANG Jin[2], MIAO Jian-li[3], YUAN Xiao-yan[4], BAI Dong-mei[5], LIU Jue[6], ZHAO Jian-feng[6], JIANG Hui-fang[1], LEI Yong[1*], LIU Nian[1*]

(1. *Oil Crops Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences/ Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Oil Crops, the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuhan* 430062, *China*; 2. *Institute of Cereal and Oil Crops, Hebei Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Shijiazhuang* 050035, *China*; 3. *Kaifeng Academy of Agriculture and Forestry, Kaifeng* 475000, *China*; 4. *Industrial Crops Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming* 650205, *China*; 5. *Industrial Crop Research Institute, Shanxi Agricultural University, Taiyuan* 030031, *China*; 6. *Dehong Agricultural Technology Extension Center, Mangshi* 678400, *China*)

Abstract: Development of ultra-high-oil (≥58%) cultivars was expected to improve peanut industrial efficiency, and to enhance market competitiveness, and also to ensure national edible oil security. In this study, we devel-

收稿日期:2025-12-09
基金项目:国家重点研发计划(2023YFD1202800);国家自然科学基金青年基金(31801403);农业农村部国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-13);国家科技资源共享服务平台项目(NCGRC-2025-036)
作者简介:郭建斌(1990-),男,助理研究员,从事花生育种研究,E-mail: guojianbin1990@163.com
* 通讯作者:雷永(1972-),男,研究员,从事花生遗传育种研究,E-mail: leiyong@caas.cn;
刘念(1988-),男,副研究员,从事花生育种研究,E-mail: lnian0531@163.com

oped a recombinant inbred line (RIL) population consisting of 305 lines by crossing 2 elite high-oil parental lines as Zhonghua 12 (oil content 57.14%, containing introgressions from wild peanut species) and Xuhua 13 (oil content 56.16%, a widely cultivated variety). Seed oil content among 305 lines ranged from 50.54% to 60.89%, exhibiting broad variation and transgressive segregation. By using a major gene plus polygene mixed inheritance model, genetic analysis results indicated that oil content inheritance followed a four-major-gene partial equal-additive (4MG-EEA) model. From the RIL population, we identified 66 high-oil lines (oil content >58%) and evaluated them consecutively for 3 years (2022 - 2024) in Wuhan. Among them, 10 ultra-high-oil lines maintained oil content above 58%. Multi-environment testing included 4 representative ecological regions: Dehong (Yunnan), Shijiazhuang (Hebei), Wuhan (Hubei), and Kaifeng (Henan). Results revealed that line QT0531 exhibited high oil content consistently exceeding 59% (mean 62.05%, up to 64.18%). These findings demonstrate that strategic hybridization between genetically divergent high-oil parents could effectively pyramid complementary high-oil loci, providing both valuable germplasm resources for ultra-high-oil cultivar development and foundational materials for gene discovery research.

Key words: peanut; oil content; inheritance model; ultra-high-oil germplasm

花生是我国重要的油料作物和经济作物,已成为我国总产量最大的油料作物,2024年国内花生总产达1923.07万吨,其中约55%用于榨油,年产花生油340万吨,是仅次于菜籽油的第二大国产食用油[1]。目前,我国食用油的自给率仅为35%左右,远低于国际50%的安全线[2]。在我国油脂油料进口依存度高,食用油供给高度依赖国际市场的背景下,增加种植面积、提高油料单产和出油率是增加食用油产能的重要途径[3,4]。

花生作为产油效率最高的油料作物[3],在国内耕地优先保障主粮生产,油料作物种植面积和亩产增长幅度有限的前提下,提高品种的含油量是我国花生育种的核心目标之一[2]。我国目前生产上应用的大多数花生品种含油量偏低。虽然近年来我国育成了一批高油(含油量≥55%)品种[5],但这些品种的含油量容易受到高温干旱等逆境的影响,表现不够稳定,生产上需要创制和挖掘出含油量稳定高于58%的超高油种质。因此,需要明确花生含油量的遗传特性,创制优良稳定的高油花生新种质。

含油量遗传机制与基因调控和种质筛选密切相关。含油量属数量性状,遗传力较高,但个体间差异显著。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[6]。花生含油量遗传规律较为复杂,涉及多种遗传控制体系的影响。遗传模型分析可为基因挖掘和品种改良提供理论参考,对育种实践具有重要的指导意义。主基因+多基因混合遗传模型分析方法广泛应用于数量性状遗传规律研究中,在不同作物(油菜[7]、棉花[8]、小麦[9]、玉米[10]和水稻[11])及花生[12,13]不同性状中均已有研究。含油量等复杂性状通常由多基因控制,且受环境因素的影响显著。混合遗传模型通过整合加性效应、显性效应、上位性效应及基因与环境的互作,能够更全面地解析复杂性状的遗传基础。

研究表明,利用遗传差异较大的优良亲本杂交是聚合优异位点、提升作物品质性状的重要途径[14]。现有研究表明,野生花生的含油量普遍高于栽培种花生[15],野生花生含有栽培种花生不具有的特异高油位点[16]。本研究以含有野生亲缘的高油品种中花12和大面积推广的高油品种徐花13为亲本,杂交构建了包含305个家系的重组自交系群体,对该群体的含油量进行了表型测定和遗传模型分析及遗传效应评估,并对其中的高油品系进行了多年份和多环境的测试鉴定,从中发掘出优良稳定的超高油材料,以期为花生超高油育种奠定理论和材料基础。

1 材料与方法

1.1 材料

以中花12和徐花13为父母本杂交构建的包含305个家系的重组自交系群体。其中徐花13为中早熟大花生,中花12为中粒型品种,两者均为高油品种。

1.2 田间试验与表型调查

于2021年在中国农业科学院油料作物研究所试验田(湖北武汉)种植RIL群体和亲本材料,每份材料1行,行长2.50 m,行距0.30m,完全随机区组设计,3次重复,常规田间管理。收获时调查株高、分枝数和单株饱果数等农艺性状,晒干剥壳后,选

取成熟饱满的种子100粒,称重得到百仁重。利用已知含油量的花生种子建立标准曲线,称取含水量低于10%的花生种子3~5 g,利用核磁共振含油含水率分析仪(PQ001)测定含油量,每份样品测定3次。将2021年种植材料中筛选得到的高油家系,于2022-2024连续3年在武汉种植并测定含油量。选取年份间表现稳定的高油家系于2025年在云南德宏、河北石家庄、湖北武汉和河南开封4个不同生态区种植,收获后晒干测定含油量。采用Microsoft Excel软件进行数据统计与分析。

1.3 RIL群体含油量性状遗传模型分析

采用数量性状主基因+多基因混合遗传分析方法,利用R软件包SEA v2.0[17]对RIL群体含油量性状进行不同遗传模型下的极大对数似然函数值估计,根据AIC值最小准则和适合性检验($U1^2$、$U2^2$、$U3^2$、nW^2和D_n)来确定含油量性状的最优遗传模型。利用最小二乘法对遗传模型的参数进行估算。

2 结果与分析

2.1 RIL群体含油量的变异分析

亲本徐花13(XH13)和中花12(ZH12)均属高油品种,2021年含油量分别为57.14%±0.39%和56.16%±0.03%,在含油量上无显著差异(t检验:P = 0.12)。由图1可知,在2021年武汉种植环境下,RIL群体含油量变异广泛且呈连续分布,表现为正态分布(Shapiro-Wilk检验:W= 0.994,P = 0.265)。RIL群体含油量的变异范围为50.54%~60.89%,平均值为56.23%,变异系数为3.76%。含油量在RIL群体中呈现超亲分离,鉴定到了含油量高于60%的高油家系,说明双亲可能在不同位点上携带了不同的增效等位基因。

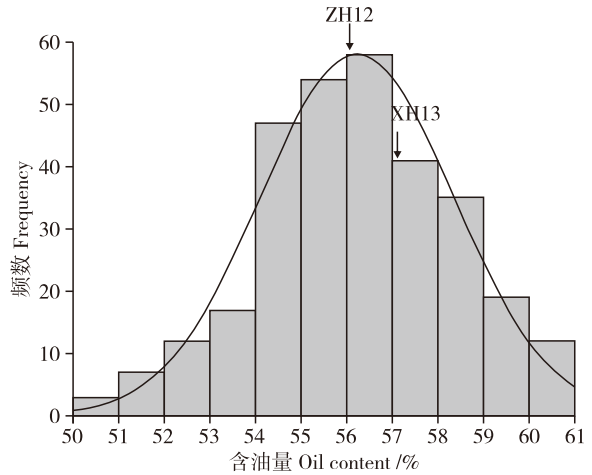


图1 RIL群体家系含油量的表型值分布

Fig. 1 Phenotypic distribution of oil content in RIL population

2.2 含油量遗传模型分析

为探究花生含油量的遗传特性,基于SEA v2.0对RIL群体含油量性状所有遗传模型的极大对数似然函数值和AIC值进行运算。获得了18种遗传模型(表1),18个遗传模型中主基因数目分别为0~4对,极大对数似然函数值为-660.791~-648.9548,AIC值为1305.892~1351.305。发现4对主基因-部分等加性1(4MG-EEA)的AIC值最小。进行适合性检验($U1^2$、$U2^2$、$U3^2$、nW^2、Dn),发现4MG-EEA模型的参数统计量达到显著水平个数最少,且P值最大(表2)。由此可知,4MG-EEA为RIL群体含油量的最适遗传模型。

利用最小二乘法对4对主基因-部分等加性1(4MG-EEA)模型的遗传参数进行估算(表2)。RIL群体含油量的均值为56.40%,主基因1的加性效应为1.18,主基因2的加性效应为0.90,主基因的遗传方差为4.43,主基因遗传率为98.90%,多基因遗传方差为0.05。结果表明RIL群体含油量可能受4对主效基因控制。

2.3 花生RIL群体含油量多年评价及高油种质筛选

含油量常受环境的影响而表现不稳定。为筛选得到稳定的高油家系,将2021年含油量大于58%的66份高油家系继续在武汉(2022-2024年)种植并调查含油量表型。如图2所示,66份家系在4年间整体含油量存在差异,2021年武汉环境下均值最高,为59.12%,依次为2023年、2024年和2022年,2022年均值最小,为55.64%。含油量在年份间的相关系数为0.40~0.64,不同年份间66份材料含油量存在一定的正相关,说明这些家系的含油量性状在响应不同年份环境变化的趋势是一致的,但是相关系数不到0.7,说明不同家系与环境互作的效应也存在明显差异。综合4年鉴定结果筛选得到了10份含油量均值高于58%的家系(表3),含油量为58.29%~60.57%,均值为59.05%,年份间变异系数均不超过5%。选取2024年含油量大于60%的两份家系材料于农业农村部油料及制品质量检验测试中心测定其含油量。如图3所示,QT0531和QT0591的含油量可达64.18%和62.42%,这两份家系的百仁重均值分别为93.84 g和101.26 g,超过高油父本(75.03 g),与高产大果亲本徐花13(99.10 g)的百仁重相当。

2.4 高油(超高油)家系在不同生态区下含油量性状评价

为了进一步筛选获得稳定且广适性的高油家

表1 RIL群体含油量遗传模型分析

Table 1 Genetic models for oil content analysis in RIL population

遗传模型 Model	极大对数似然函数值 Log_Max_likelihood_Value	AIC
无主效基因 0MG	−660.7837	1325.567
1对主效基因-加性 1MG-A	−660.5336	1327.067
2对主效基因-加性-上位性 2MG-AI	−660.5444	1331.089
2对主效基因-加性 2MG-A	−660.3961	1328.792
2对主效基因-等加性 2MG-EA	−659.2426	1324.485
2对主效基因-显性上位 2MG-ED	−660.5884	1329.177
2对主效基因-隐性上位 2MG-ER	−660.791	1329.582
2对主效基因-累加作用 2MG-AE	−660.5914	1329.183
2对主效基因-互补作用 2MG-CE	−660.3685	1326.737
2对主效基因-重叠作用 2MG-DE	−660.5802	1327.16
3对主效基因-加性-上位性 3MG-AI	−660.5911	1339.182
3对主效基因-加性 3MG-A	−660.1731	1330.346
3对主效基因-等加性 3MG-CEA	−658.3315	1322.663
3对主效基因-部分等加性 3MG-PEA	−654.9454	1317.891
4对主效基因-加性-上位性 4MG-AI	−655.6527	1351.305
4对主效基因-等加性 4MG-CEA	−652.3152	1310.63
4对主效基因-部分等加性1 4MG-EEA	−648.9458	1305.892
4对主效基因-部分等加性2 4MG-EEEA	−653.3964	1314.793

表2 最优遗传模型的适合性检验及遗传参数估计

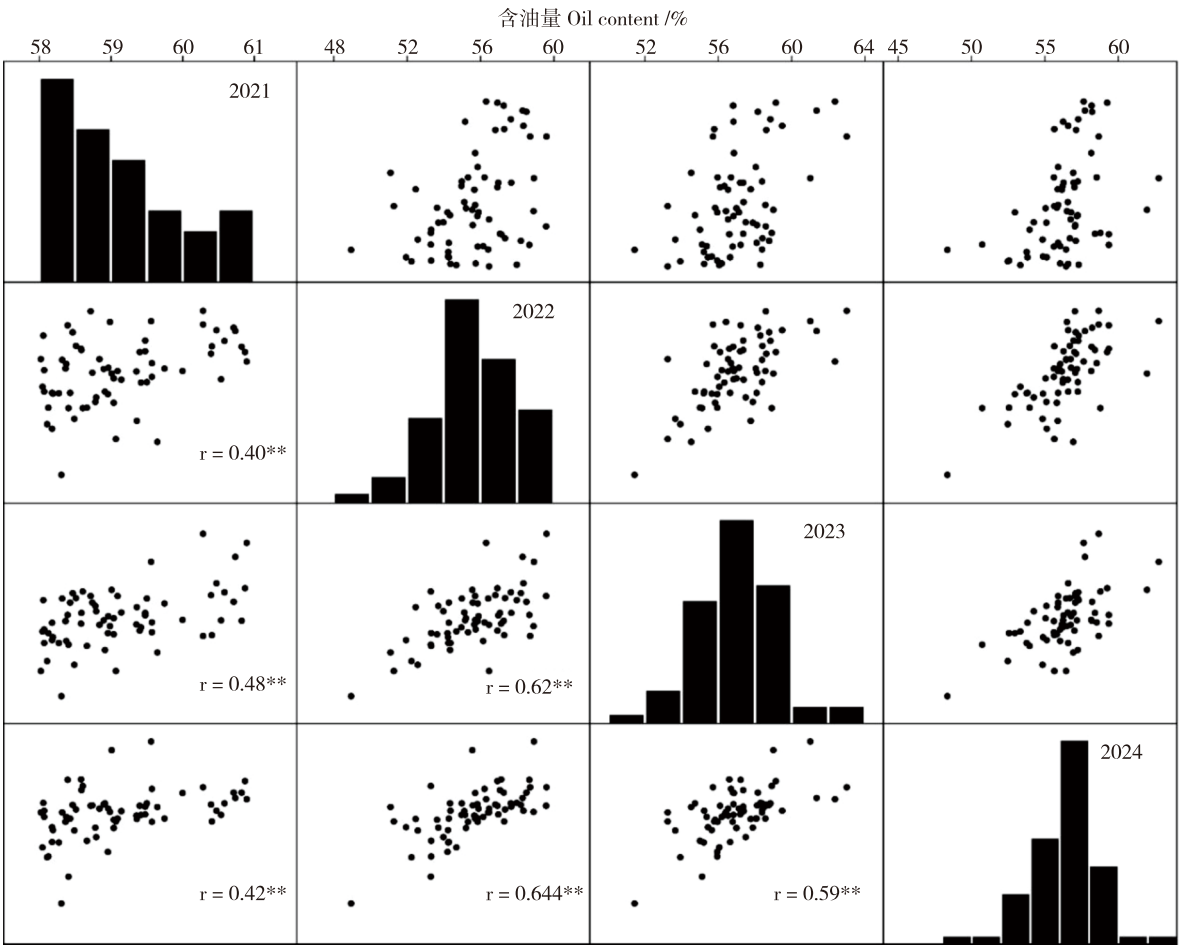
Table 2 Suitability test and estimation of genetic parameters in 4MG-EEA model

模型	4MG-EEA
$U1^2$	0.0039 (0.9499)
$U2^2$	0.0142 (0.9051)
$U3^2$	0.0546 (0.8153)
nW^2	0.0129 (0.9999)
D_n	0.0247 (0.9922)
主基因1加性效应 da	1.18
主基因2加性效应 db	0.90
主基因遗传方差 Mgjor-gene Var	4.43
主基因遗传率 Major-gene heritablity /%	98.90

注:$U1^2$、$U2^2$、$U3^2$:均匀性检验;nW^2:Smirnov检验,D_n:Kolmogorov检验

Note: $U1^2$, $U2^2$, $U3^2$: equality test; nW^2: Smirnov test; Dn: Kolmogorov test

系,将上述鉴定获得的10份高油家系于云南德宏、河北石家庄、湖北武汉和河南开封4个不同生态区种植并测试含油量。方差分析表明,不同家系(F=6.49,p<0.01)和环境间(F=4.45,p<0.01)均表现出极显著差异。如图4所示,德宏生态区含油量最高,均值为59.30%;石家庄生态区含油量最低,均值为56.10%。在武汉、德宏、石家庄和开封环境下含油量超过60%的材料分别有2份、2份、0份和2份。综合分析4个环境下10份家系的含油量表型(图5),含油量的变异范围为54.73%~62.05%,均值为57.71%,环境间变异系数为0.78%~7.61%。其中QT0591变异系数最小,为0.78%,含油量为57.75%;变异系数最大的为QT0502,变异系数为7.61%。QT0531在3个环境下含油量均超过60%,最高达63.90%,在石家庄环境下含油量也接近60%,达到了59.70%。该家系在4个不同生态区的平均含油量为62.05%,并对该家系的农艺性状进行考察,其主茎高为39.2 cm,显著低于亲本(亲本分别为62 cm和62.1 cm);侧枝长为57.9 cm,显著低于亲本(71.8 cm和79.7 cm);总分枝数为13.8条,与中花12(11.8条)相当,显著高于徐花13(6.6条);单株饱果数为27.5个,与亲本差异不显著(24



注/Note:**:$P < 0.01$

图2 66份家系不同年份间含油量表型值分布及相关性分析

Fig. 2 Correlation analysis and phenotypic distribution of oil content in 66 lines across different years

表3 亲本及10份超亲高油家系百仁重和含油量的表现

Table 3 Information on hundred seed weight (HSW) and oil content of 10 lines and parents

家系	百仁重 HSW /g	含油量 Oil content /%				
Line	Mean±SD	2021	2022	2023	2024	变异系数 CV /%
QT0331	84.19±8.60	60.83	57.30	56.81	58.21	3.07
QT0348	70.28±8.34	60.47	58.36	59.48	56.60	2.83
QT0376	56.18±1.58	60.89	56.33	62.37	57.65	4.72
QT0390	94.78±7.82	58.72	59.61	58.59	57.07	1.81
QT0393	64.28±9.97	60.29	58.73	55.73	58.68	3.26
QT0430	77.32±10.85	60.88	56.95	59.14	59.24	2.73
QT0447	82.16±10.84	60.29	59.61	63.00	58.69	3.08
QT0502	93.79±19.22	58.40	58.68	57.23	59.36	1.52
QT0531	93.84±10.74	59.56	58.95	61.01	62.76	2.80
QT0591	101.26±16.02	59.01	55.57	59.02	61.98	4.45
徐花13 XH13	99.10±8.47	57.14	56.57	55.21	56.42	1.44
中花12 ZH12	75.03±9.05	56.16	54.17	54.64	54.34	1.66

个和27个),百仁重为93.84 g。结果表明该家系为株高中等,分枝数多,单株产量高的大粒优良材料。

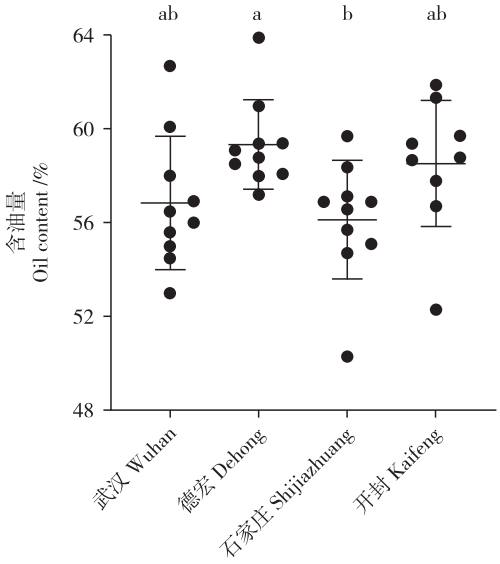
3 讨论

我国是植物油消费大国,消费量仍呈现持续增加的趋势,但我国油脂的自给率一直保持在较低水



图3 优异高油种质展示

Fig. 3 Seeds of the excellent high oil lines



注:不同小写字母代表差异显著(P< 0.5)

Note: Different lowercase letters indicate significances at 0.05 by Tukey's multiple comparison test

图4 不同环境下高油材料的含油量

Fig. 4 Oil content of high oil peanut lines under different environments

平,为满足国内需求,油脂油料严重依赖进口[2,18]。在国内耕地和水资源不足、消费需求维持高位背景下,培育和种植高含油量的油用型花生品种对于增加单位面积产油量及保障花生油供给、促进油脂产业发展、增强花生油市场竞争力等方面具有重要意义。创制高油新种质是花生品质育种取得突破的基础,利用亲缘关系远的亲本杂交能显著提升高油花生品种的选育效率。本研究利用高油品种中花12(含野生种亲缘)和徐花13为父母本杂交构建了重组自交系群体,并进行含油量测试,结果表明RIL群体含油量变异广泛,变异范围为50.54%~60.89%,具有超亲变异。可见通过选择亲缘关系较远的高油亲本杂交和构建RIL群体能够创造出比亲本含油量更高的优良后代材料。为了获得稳定的高油家系,将2021年筛选得到的66份高油家系继续种植,经过2022-2024连续3年的鉴定,最终获得了10份含油量均值高于58%的家系。为获得广适性的高油材料,于不同生态区种植10份高油家系,发现不同生态区含油量存在差异,说明含油量受环境生态因子的影响较大,基因型与环境存在互作效应。有的家系在不同生态区下表现稳定,如QT0591;有的家系在个别生态区显著高于其他生态区,在其他生态区表现较差,说明该家系只适应特定环境,如QT0502在四个生态区下整体波动大,而在德宏环境下含油量相对较高,说明该家系适应德宏的特定环境,与该环境的互作效应值较高且为为正向。通过鉴定获得一份相对稳定(变异系数为2.85%)且含油量超60%的家系(QT0531),在4个生态区的平均含油量为62.05%,最高可达64.18%,该超高油种质的发掘为花生突破性高油育种奠定了基础。高油种质的发掘和利用可以推动花生新品

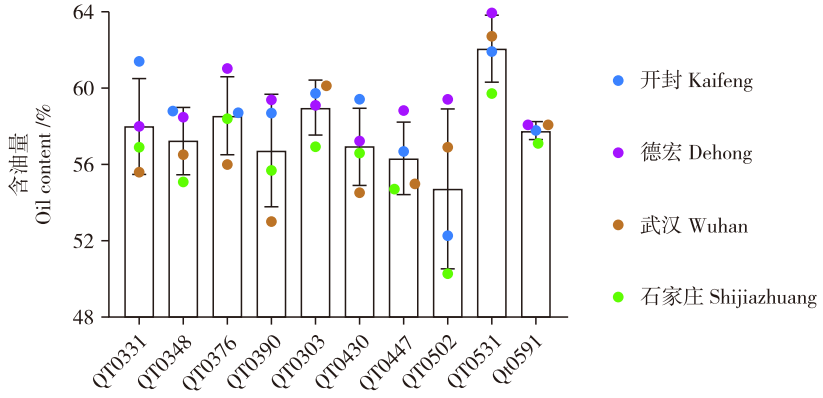


图5 高油家系不同环境下含油量的稳定性分析

Fig. 5 Stability analysis of oil content in high oil lines under different environments

种的培育,提高育种效率和增加花生的经济价值。

含油量是油用型花生最为关键的品质性状,含油量性状的遗传规律分析是选育高油花生品种的基础。张胜忠等[19]对RIL群体含油量性状进行遗传模型分析,发现含油量符合2对主基因+加性多基因模型;Zhang等[20]对RIL群体含油量的遗传模型分析表明,含油量受2对加性互补主基因+多基因控制,其中多基因遗传率更高;樊美玉等[21]对不同组合F2群体的含油量进行遗传模型分析,发现含油量受2对主基因与加性效应影响;于海洋等[22]对多个组合的F2群体含油量进行遗传模型分析,6个组合分别符合3种遗传模型;陈四龙等[23]对4个杂交组合后代群体的含油量进行主基因+多基因遗传分析,发现2对组合受1对主基因控制,另外2对组合受多基因控制。本研究利用植物数量性状主基因+多基因混合遗传分析软件SEA v2.0对RIL群体的含油量性状进行分析。结果表明,RIL群体的含油量受4对主基因与部分加性效应影响,这与前人研究结果不太一致。可见,含油量遗传基础复杂,含油量的遗传模型受不同组合双亲遗传背景差异和不同世代的影响。本研究两亲本均为高油材料,可能携带不同调控含油量的基因。前人研究是利用含油量存在显著差异的高低油亲本杂交构建的群体进行遗传模型分析,这可能是造成本研究发现含油量由4对主基因控制与前人多为2对主基因控制结果不一致的原因。本研究通过杂交获得了一批具有超亲优势的高油种质,说明其双亲均含有不同的增效等位基因,导致后代部分家系携带不同位点的增效等位基因,出现含油量表型超60%的家系,这与遗传模型分析受多对主效基因控制相符合。含油量的遗传模型分析,不仅为花生高油育种提供理论依据,也为基因挖掘奠定基础。

4 结论

获得了一份含油量稳定的超高油种质QT0531,其在不同生态区的含油量均值为62.05%,最高值为64.18%。该RIL群体遗传背景下的含油量可能由4对主效基因控制。

参考文献:

[1] 国家统计局. 2024 中国统计年鉴[M]// 北京: 中国统计出版社, 2024.

[2] 方振, 刘鹏凌. 我国三大油料作物产能提升的源泉[J]. 中国油料作物学报, 2025, 47(2): 243-259. DOI: 10.19802/j.issn.1007-9084.2024294.

[3] 廖伯寿. 我国花生生产发展现状与潜力分析[J]. 中国油料作物学报, 2020, 42(2): 161-166. DOI: 10.19802/j.issn.1007-9084.2020115.

[4] 侯旭民. 我国花生生产现状及竞争力分析[J]. 中国种业, 2025(4): 196.

[5] 宋江春, 李拴柱, 王建玉, 等. 我国高油花生育种研究进展[J]. 作物杂志, 2018, (3): 25-31. DOI: 10.16035/j.issn.1001-7283.2018.03.004.

[6] 廖伯寿, 雷永, 李栋, 等. 利用RIL群体创造抗黄曲霉兼抗青枯病的高油花生新种质[J]. 作物学报, 2010, 36(8): 1296-1301. DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.01296

[7] 裴大妹, 赵洪平, 王龙, 等. 白菜型油菜分枝角度主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 浙江农业学报, 2025, 37(4): 745-753. DOI: 10.3969/j. issn. 1004-1524.20240262.

[8] 马麒, 李吉莲, 徐守振, 等. 陆地棉果枝夹角性状的主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 生物技术通报, 2022, 38(10): 148-158. DOI: 10.13560/j. cnki. biotech.bull.1985.2021-1606.

[9] 姚维成, 丁明亮, 吴坤, 等. 小麦面筋相关性状的主基因+多基因遗传模型分析[J]. 南方农业学报, 2023, 54(4): 1002-1009. DOI: 10.3969/j.issn.2095-1191.2023.04.004.

[10] 蒋锋, 闫艳, 麦嘉埼, 等. 甜玉米品质性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 中国农学通报, 2022, 38(30): 14-20. DOI: 10.11924/j. issn. 1000-6850. casb2021-1155.

[11] 江建华, 张武汉, 党小景, 等. 水稻核不育系柱头性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 作物学报, 2021, 47(7): 1215-1227. DOI: 10.3724/SP.J.1006.2021.02057.

[12] 郅晨阳, 薛晓梦, 吴洁, 等. 花生籽仁蔗糖含量遗传模型分析[J]. 作物学报, 2024, 50(1): 32-41.DOI: 10.3724/SP.J.1006.2024.34050.

[13] 张毛宁, 张新友, 孙子淇, 等. 巢式杂交群体的花生荚果性状遗传模型分析[J]. 中国油料作物学报, 2021, 43(3): 573-581. DOI: 10.19802/j. issn. 1007-9084.2020247.

[14] 鲁秀梅, 张宁, 陈劲枫, 等. 作物基因聚合育种的研究进展[J]. 分子植物育种, 2017, 15(4): 1445-1454. DOI: 10.13271/j.mpb.015.001445.

[15] 姜慧芳, 任小平, 王圣玉, 等. 野生花生高油基因资源的发掘与鉴定[J]. 中国油料作物学报, 2010, 32(1): 30-34. DOI: CNKI:SUN:ZGYW.0.2010-01-008.

[16] 赵新燕. 野生花生含油量与SSR标记的关联分析[D]. 北京: 中国农业科学院研究生院, 2011. DOI: 10.7666/d.Y1932531.

[17] 王靖天, 张亚雯, 杜应雯, 等. 数量性状主基因+多基因混合遗传分析R软件包SEA v2.0[J]. 作物学报, 2022,

48(6): 1416-1424. DOI: 10.3724/SP.J.1006.2022.14088.
[18] 廖伯寿. 关于大食物安全战略背景下我国油料保障底线目标及对策的商榷[J]. 中国油料作物学报, 2024, 46(1): 1-6. DOI: 10.19802/j.issn.1007-9084.2024051.
[19] 张胜忠, 焦坤, 胡晓辉, 等. 花生百仁质量和含油量的遗传分析[J]. 花生学报, 2018, 47(4): 7-12. DOI: CNKI:SUN:PEAN.0.2018-04-002.
[20] Zhang X Y, Zhu S J, Han S Y, et al. Inheritance of fat and fatty acid compositions in peanut (*Arachis hypogaea* L.)[J]. Agric Sci and Technol, 2011, 12(7): 943-946, 974. DOI: 10.16175/j.cnki.1009-4229.2011.07.014.
[21] 樊美玉, 王成永, 梁风建, 等. 花生主要生化品质性状主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 江苏农业科学, 2025, 53(1): 157-163. DOI: 10.15889/j.issn.1002-1302.2025.01.022.
[22] 于海洋, 李玉颖, 吕玉英, 等. 多群体解析高油花生籽仁含油量的遗传效应[J]. 中国油料作物学报, 2021, 43(3): 487-494. DOI: 10.19802/j.issn.1007-9084.2021058.
[23] 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. DOI: CNKI: SUN: ZNYK.0.2009-09-006.

(责任编辑:郭学兰)