

大豆脂肪含量的主基因 + 多基因混合遗传模型分析

李曙光, 王亚琪, 傅蒙蒙, 余希文, 赵志鑫, 徐海风*

江苏徐淮地区淮阴农业科学研究所, 江苏 淮安

收稿日期: 2026年2月7日; 录用日期: 2026年3月7日; 发布日期: 2026年3月16日

摘要

大豆是重要的油料作物和经济作物, 脂肪含量是影响大豆营养价值和经济价值的关键因素。为明确大豆脂肪含量表型变异的遗传规律, 本研究以大豆地方品种肥东黄大豆和灌云大四粒杂交衍生的重组自交系群体为试验材料, 利用主基因 + 多基因混合遗传模型对3个环境下的脂肪含量进行遗传分析。结果表明, 3个环境下的脂肪含量最优遗传模型均为3MG-CEA模型, 即3对等加性主基因控制; 在3个环境下的主基因遗传率分别为63.81%、50.38%和51.11%。本研究结果为大豆脂肪含量的基因定位和遗传改良提供了新的理论依据。

关键词

大豆, 脂肪含量, 主基因 + 多基因, 遗传模型

Genetic Analysis of Oil Content in Soybean with Mixed Major Gene + Polygene Inheritance Model

Shuguang Li, Yaqi Wang, Mengmeng Fu, Xiwen Yu, Zhixin Zhao, Haifeng Xu*

Huaiyin Institute of Agricultural Sciences of Xuhuai Region in Jiangsu, Huai'an Jiangsu

Received: February 7, 2026; accepted: March 7, 2026; published: March 16, 2026

Abstract

Soybean is an important oil and cash crop, and oil content is a key factor determining their nutritional

*通讯作者。

文章引用: 李曙光, 王亚琪, 傅蒙蒙, 余希文, 赵志鑫, 徐海风. 大豆脂肪含量的主基因 + 多基因混合遗传模型分析[J]. 农业科学, 2026, 16(3): 405-410. DOI: 10.12677/hjas.2026.163053

and economic value. To clarify the inheritance patterns governing the phenotypic variations of oil content in soybean, a recombinant inbred line (RIL) population derived from the cross between soybean landraces Feidong Huangdadou and Guanyun Dasili was constructed, and a mixed inheritance model of major gene + polygene was used to perform genetic analysis of oil content under three different environments. The results indicated that the optimal inheritance model for oil content under all three environments was the 3MG-CEA model, namely three pairs of major genes having a completely equal additive effect value. The heritabilities of the major genes under three environments were 63.81%, 50.38%, and 51.11%, respectively. This study would provide a new theoretical basis for gene mapping and genetic improvement of oil content in soybean.

Keywords

Soybean, Oil Content, Major Gene + Polygene, Inheritance Model

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

大豆(*Glycine max* (L.) Merr.)起源于中国, 是全世界重要的油料作物和经济作物, 同时也是人类食用油、优质蛋白以及动物饲料蛋白的主要来源[1][2]。近年来, 我国大豆供需矛盾日益突出, 国内产量无法满足实际市场需求。2025年我国大豆进口量更是突破历史纪录, 达到1.12亿吨, 较2024年增长6.5%, 国内大豆的自给率仅为15.8%。我国大豆长期稳定供应面临严峻考验, 因此, 提高脂肪含量成为大豆品质育种的重要目标, 可以提升国产大豆的市场竞争力, 对保障国家粮食安全和改善全民营养健康具有重要的战略意义。

作物产量、品质及农艺性状等大多数性状表现为连续性变异的数量性状, 且易受环境因素影响[3]。主基因 + 多基因混合遗传模型分析是利用双亲分离群体数量性状的表型值来分析目标性状的遗传规律, 可以初步判断目标性状是否受主基因或多基因控制, 并且可以估计基因效应和主基因、多基因遗传率等遗传参数[4]。近年来, 主基因 + 多基因混合遗传分析方法已经广泛应用于小麦[5]、谷子[6]、花生[7]、玉米[8]、烟草[9]、大豆[10]等作物的产量、品质、抗性 & 农艺性状的遗传特性分析。但目前对于多个环境下大豆脂肪含量性状的遗传分析报道相对较少。

本研究以大豆地方品种肥东黄大豆和灌云大四粒杂交构建的重组自交系(RIL)群体为试验材料, 在3个环境下测定群体及亲本的脂肪含量, 利用主基因 + 多基因遗传混合遗传模型对脂肪含量进行遗传分离分析, 明确该性状的最优遗传模型及基因效应, 为后续大豆脂肪含量基因定位、杂交育种亲本选配以及品种改良提供理论依据。

2. 材料与方法

2.1. 试验材料

以大豆地方品种肥东黄大豆为母本(P1), 以灌云大四粒为父本(P2)配制杂交组合, 得到杂交种 F_1 、 F_1 代单株自交获得 F_2 , 通过单粒传法连续多代自交获得包含201个家系的RIL群体(FG-RIL)为试验材料。

2.2. 试验方法

2019年、2020年、2021年将FG-RIL群体及其亲本种植于淮安市农业科学研究院科研创新基地, 共

计 3 个环境(E1, E2, E3)进行田间试验。采用随机区组设计, 3 次重复, 每个小区 1 行, 行长 1 m, 每行 10 个单株, 株距 10 cm, 行距 0.5 m, 试验区设置保护行消除边际效应, 常规田间管理。

选取籽粒完整、大小均匀、无杂质的大豆籽粒 90~100 g, 利用 Perten DA7250 近红外分析仪(瑞典波通仪器公司)测定籽粒脂肪含量, 每份样品扫描 2 次, 取平均值作为该样品的脂肪含量。以 3 次重复的平均值作为单个环境下该家系的脂肪含量。脂肪含量以脂肪占大豆籽粒干物质重量的百分数(%)表示。

2.3. 数据分析

使用 Microsoft Excel 2021 对表型数据进行统计分析, 计算最小值、最大值、平均值、标准差、变异系数、偏度、峰度。利用 R 软件包 SEA v2.0.1 (<https://cran.r-project.org/web/packages/SEA/index.html>)的 SEA-G3DH 群体遗传模型, 对 FG-RIL 群体及其亲本在 3 个环境下的脂肪含量进行主基因 + 多基因混合遗传模型分析[4]。计算出赤池信息量准则(Akaike's Information Criterion, AIC)值, 选出 AIC 值最小及接近最小的几个模型作为备选遗传模型, 然后通过均匀性检验(U_1^2 、 U_2^2 和 U_3^2)、Smirnov 检验(${}_nW^2$)和 Kolmogorov 检验(D_n)对备选遗传模型进行适合性检验, 最后选择 AIC 值最小或较小, 且适合性检验统计量达到显著水平个数最少的模型作为最优遗传模型[6] [7]。利用 SEA 软件包计算最优遗传模型的一阶、二阶遗传参数, 以及主基因遗传率和多基因遗传率。

3. 结果与分析

3.1. FG-RIL 群体脂肪含量的表型变异及频数分布

对 E1、E2 和 E3 环境下 FG-RIL 群体及其亲本的脂肪含量进行统计分析(表 1), 母本肥东黄大豆的脂肪含量分别为 17.08%、16.51%和 16.94%, 父本灌云大四粒的脂肪含量分别为 20.19%、19.32%和 19.57%, 两个亲本之间存在显著差异, 父本的平均值比母本高 2.85%。FG-RIL 群体在 3 个环境下脂肪含量的变异范围分别为 14.63%~21.88%、14.42%~21.70%和 14.62%~21.43%, 变异系数分别为 7.30%、6.90%和 6.64%, 表明该群体存在广泛变异和负向与正向超亲分离, 群体平均值均介于两个亲本之间, 高于低值亲本。偏度和峰度的绝对值小于 1.0, 符合典型数量性状遗传特点。FG-RIL 群体在各个环境脂肪含量的频数分布图表现为连续分布, 直观显示近似正态分布(图 1), 可以进行后续的遗传分析。

Table 1. Descriptive statistics for oil content in the FG-RIL population

表 1. FG-RIL 群体及其亲本脂肪含量的描述性统计

环境	亲本(%)		FG-RIL 群体					
	肥东黄大豆	灌云大四粒	最小值(%)	最大值(%)	平均值 ± 标准差(%)	变异系数(%)	偏度	峰度
E1	17.08	20.19	14.63	21.88	18.53 ± 1.35	7.30	-0.10	-0.30
E2	16.51	19.32	14.42	21.70	18.50 ± 1.28	6.90	-0.19	-0.12
E3	16.94	19.57	14.62	21.43	18.18 ± 1.21	6.64	-0.26	-0.08

3.2. 脂肪含量在不同环境下最优遗传模型选择

应用 R 包 SEA v2.0.1, 选择 SEA-G3DH 群体模型, 对 3 个环境下 FG-RIL 群体及亲本(P1, P2, RIL)的脂肪含量进行主基因 + 多基因混合遗传分析。通过计算获得各环境下 38 种遗传模型的 AIC 值, 选取 AIC 值最小及接近最小的模型作为备选模型, 每个环境下各选择 5 个备选模型, 然后对其进行适合性检验(U_1^2 , U_2^2 , U_3^2 , ${}_nW^2$, D_n), 确定最优遗传模型, 其结果见表 2。

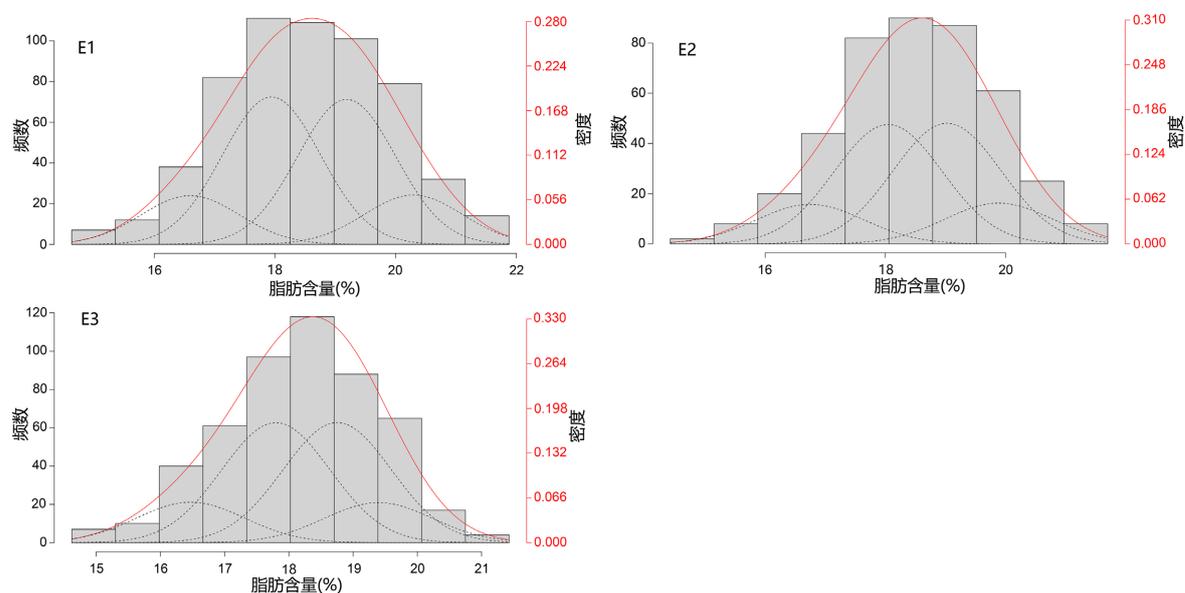


Figure 1. Frequency distribution (column), fitted mixed distribution (red line) and component distribution (black line) of oil content in FG-RIL populations grown in different environments

图 1. FG-RIL 群体在不同环境下脂肪含量的频数分布(柱形)、拟合混合分布(红线)及成分分布(黑线)

Table 2. AIC values and goodness-of-fit tests of candidate models for oil content in the FG-RIL population

表 2. FG-RIL 群体脂肪含量备选模型的 AIC 值及适合性检验

环境	备选模型	AIC 值	U_1^2	$P(U_1^2)$	U_2^2	$P(U_2^2)$	U_3^2	$P(U_3^2)$	nW^2	$P(nW^2)$	D_n	$P(D_n)$
E1	3MG-CEA	2026.938	0.001	0.981	0.002	0.961	0.081	0.776	0.037	0.946	0.020	0.968
	2MG-EA	2028.752	0.023	0.879	0.026	0.873	0.002	0.961	0.036	0.952	0.019	0.988
	4MG-EEEA	2029.807	0.030	0.862	0.055	0.814	0.071	0.791	0.038	0.942	0.022	0.950
	4MG-CEA	2030.049	0.024	0.878	0.091	0.763	0.374	0.541	0.050	0.878	0.024	0.880
	3MG-PEA	2030.062	0.023	0.879	0.043	0.836	0.057	0.811	0.037	0.948	0.021	0.961
E2	3MG-CEA	1435.712	0.023	0.878	0.040	0.842	0.043	0.836	0.026	0.987	0.021	0.991
	MX2-DE-A	1436.625	0.016	0.900	0.023	0.879	0.016	0.901	0.029	0.980	0.021	0.991
	4MG-EEEA	1436.936	0.059	0.808	0.038	0.846	0.027	0.871	0.031	0.973	0.022	0.983
	MX2-AE-A	1437.977	0.002	0.965	0.004	0.951	0.006	0.937	0.025	0.989	0.020	0.996
	MX2-IE-A	1437.992	0.031	0.861	0.057	0.811	0.077	0.781	0.032	0.971	0.026	0.942
E3	3MG-CEA	1640.426	0.000	0.985	0.006	0.939	0.054	0.817	0.022	0.994	0.020	0.984
	2MG-AE	1643.498	0.001	0.981	0.000	0.995	0.004	0.949	0.025	0.991	0.019	0.992
	2MG-CE	1643.521	0.007	0.932	0.003	0.956	0.011	0.916	0.028	0.984	0.020	0.988
	2MG-ER	1644.436	0.001	0.981	0.003	0.956	0.017	0.896	0.026	0.988	0.019	0.994
	MX2-ER-A	1645.202	0.048	0.827	0.055	0.816	0.007	0.931	0.027	0.986	0.022	0.963

FG-RIL 群体在 E1 环境下最小 AIC 值为 2026.938, 遗传模型为 3MG-CEA (3 对主基因等加性), 与最小 AIC 值接近的 4 个模型分别为 2MG-EA (2 对主基因等加性)、4MG-EEEA (4 对主基因部分等加性)

2)、4MG-CEA (4 对主基因等加性)、3MG-PEA (3 对主基因部分等加性)。经适合性检验, 这 5 个备选模型中统计量达到显著水平($p < 0.05$)的个数均是 0, 根据 AIC 值最小且适合性检验统计量达到显著水平个数最少原则进行筛选, E1 环境下最优遗传模型为 3MG-CEA 模型。

在 E2 环境下最小 AIC 值为 1435.712, 遗传模型为 3MG-CEA (3 对主基因等加性), 与最小 AIC 值接近的 4 个模型分别为 MX2-DE-A (2 对主基因重叠作用 + 多基因加性)、4MG-EEEE (4 对主基因部分等加性 2)、MX2-AE-A (2 对主基因累加作用 + 多基因加性)、MX2-IE-A (2 对主基因抑制作用 + 多基因加性)。这 5 个备选模型的适合性检验统计量均没有达到显著水平($p < 0.05$), E2 环境下最优遗传模型为具有最小 AIC 值的 3MG-CEA 模型。

在 E3 环境下最小 AIC 值为 1640.426, 遗传模型为 3MG-CEA (3 对主基因等加性), 与最小 AIC 值接近的 4 个模型分别为 2MG-AE (2 对主基因累加作用)、2MG-CE (2 对主基因互补作用)、2MG-ER (2 对主基因隐性上位)、MX2-ER-A (2 对主基因隐性上位 + 多基因加性)。这 5 个备选模型的统计量均没有达到显著水平($p < 0.05$), E3 环境下最优遗传模型为具有最小 AIC 值的 3MG-CEA 模型。

因此, FG-RIL 群体在 3 个环境下最终入选的脂肪含量最优遗传模型为 3MG-CEA 模型, 即 3 对完全等加性主基因模型, 无多基因效应。

3.3. 最优模型遗传参数估计

估算 FG-RIL 群体在最优遗传模型 3MG-CEA 下的一阶遗传参数和二阶遗传参数可知(表 3), 脂肪含量由 3 对主基因控制, 主基因的加性效应相同。在 E1、E2、E3 环境下, 3 对主基因的加性效应值相等, 分别为-0.62、-0.52 和-0.49, 均表现为负向遗传效应, 脂肪含量的主基因遗传率在 3 个环境下分别为 63.81%、50.38% 和 51.11%, 表明 FG-RIL 群体脂肪含量主要由主基因控制, 且增加脂肪含量的等位基因来源于父本灌云大四粒。

Table 3. Estimates of genetic parameters of the optimal models for oil content in the FG-RIL population

表 3. FG-RIL 群体脂肪含量备选模型的最优模型遗传参数估计

环境	最优遗传模型	一阶遗传参数				二阶遗传参数		
		m	d_a	d_b	d_c	σ^2_e	σ^2_{mg}	h^2_{mg} (%)
E1	3MG-CEA	18.51	-0.62	-0.62	-0.62	0.66	1.17	63.81
E2	3MG-CEA	18.43	-0.52	-0.52	-0.52	0.81	0.82	50.38
E3	3MG-CEA	18.10	-0.49	-0.49	-0.49	0.71	0.74	51.11

m : 群体均值; d_a 、 d_b 、 d_c : 3 对主基因的加性效应, 正值表示增效等位基因来自母本, 负值表示增效等位基因来自父本; σ^2_e : 环境方差; σ^2_{mg} : 主基因遗传方差; h^2_{mg} (%): 主基因遗传率。

4. 讨论

脂肪含量是大豆的主要品质性状之一, 解析脂肪含量性状的遗传规律是高油大豆品种选育的必要前提。主基因 + 多基因混合遗传模型分析方法, 利用表型观测值可以预测目标性状的遗传模型及主基因和多基因遗传率, 目前该方法已广泛应用于植物数量性状的遗传基础解析[6] [11] [12]。本研究以大豆地方品种肥东黄大豆为母本和灌云大四粒为父本通过单粒传法构建的 FG-RIL 群体为材料, 采用主基因 + 多基因混合遗传模型分析, 发现脂肪含量在 3 个环境下的最优遗传模型相同, 均符合 3MG-CEA 模型, 表现为 3 对完全等加性主基因模型, 且不含多基因效应, 主基因遗传率介于 50.38%~63.81%, 主要由遗传因素控制, 同时也受到环境和基因型与环境互作影响。此外, 与 F_2 、回交等临时性分离群体不同, 本研

究使用的重组自交系群体是基因型纯合的永久群体，加性效应可以在上下代遗传，在选择后代中被固定和累加。脂肪含量的遗传率较高，可以在早期世代进行单株和株行定向选择，预测其衍生家系的表现，提高育种效率。

大豆脂肪含量是一个遗传基础复杂的数量性状。郑永战等[10]研究认为，大豆脂肪含量受 2 对加性互补主基因 + 多基因控制；而姚丹等[13]研究认为，大豆脂肪含量表现为多基因遗传模型，主要受多基因控制。而本研究认为在 3 个环境下大豆脂肪含量都表现为主基因遗传模型，无多基因效应，与前人研究结果存在差异，这可能与选用的试验材料、分离群体类型、环境条件以及分析方法的不同有关，需要进一步扩展到更多亲本以及不同类型群体进行分析验证。

5. 结论

本研究明确了大豆 FG-RIL 群体脂肪含量性状在 3 个环境下的最优遗传模型，均为 3MG-CEA 模型，表现为 3 对完全等加性主基因控制，无多基因效应，主基因遗传率为 50.38%~63.81%，高油大豆育种时可以在早期世代选择，提升育种效率。

基金项目

江苏省自然科学基金(编号: BK20221278); 生物育种钟山实验室项目(ZSBBL-KY2023-03); 淮安市农业科学研究院科研发展基金(编号: HNY202223)。

参考文献

- [1] 师立松, 张艺龄, 刘方, 等. 集群分离分析法在大豆性状遗传定位中的研究进展报[J]. 植物遗传资源学, 2024, 25(1): 1-12.
- [2] 孙建强, 洪慧龙, 张勇, 等. 大豆百粒重稳定 QTL qSW20-1 定位及对产量和品质的影响[J]. 作物学报, 2023, 49(10): 2621-2632.
- [3] 童继平, 韩傲男, 王胜军, 等. 作物数量性状研究进展[J]. 生物技术进展, 2011, 1(2): 98-104.
- [4] 王靖天, 张亚雯, 杜亚雯, 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.
- [5] 解松峰, 吉万全, 王长有, 等. 小麦穗部性状的主基因 + 多基因混合遗传模型分析[J]. 中国农业科学, 2019, 52(24): 4437-4452.
- [6] 郭淑青, 宋慧, 杨清华, 等. 谷子株高及穗部性状主基因 + 多基因混合遗传模型分析[J]. 中国农业科学, 2021, 54(24): 5177-5193.
- [7] 薛云云, 田跃霞, 张鑫, 等. 利用花生 RIL 群体进行芽期耐寒性遗传特性分析[J]. 核农学报, 2023, 37(4): 690-698.
- [8] 李洪涛, 许瀚元, 李景芳, 等. 玉米叶绿素含量基因效应分析[J]. 作物杂志, 2019(5): 46-51.
- [9] 童治军, 唐石云, 徐永明, 等. 卷烟主流烟气有害成分遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2023, 44(3): 16-22.
- [10] 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(6): 801-806.
- [11] 刘齐妹, 张晓宇, 张晓吉, 等. 花生网斑病抗性基因的遗传分析及 QTL 定位[J]. 植物遗传资源学报, 2025, 26(4): 808-816.
- [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.
- [13] 姚丹, 王丕武, 张君, 等. 大豆脂肪含量遗传分析及 QTL 定位研究[J]. 华南农业大学学报, 2012, 33(4): 438-443.