

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2023.24251

花生蔗糖含量与蛋白质和含油量的相关性分析及蔗糖含量 QTL 定位

郭建斌^{1,**} 成良强^{2,**} 李威涛¹ 刘 念¹ 罗怀勇¹ 丁膺宾¹ 喻博伦¹
陈伟刚¹ 黄 莉¹ 周小静¹ 雷 永¹ 廖伯寿¹ 姜慧芳^{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贵州省农业科学院油料研究所, 贵州贵阳 550006

摘 要: 随着食用型花生市场规模的日益扩大, 食用花生的品质特性备受关注。甜味是影响食用花生风味和口感的重要指标, 而花生甜味主要来源于蔗糖。提高蔗糖含量是培育食用型花生的关键, 定位蔗糖含量相关的 QTL, 将为花生高糖分子育种奠定基础。但提高蔗糖可能对蛋白质和含油量有影响。本研究以徐花 13 和中花 6 号为亲本构建的重组自交系群体(RIL)为材料, 分析了蔗糖与蛋白质和含油量的关系, 并对蔗糖含量进行了 QTL 定位。结果表明, 蔗糖含量与蛋白质含量无显著相关性, 而与含油量呈极显著负相关; RIL 群体中蔗糖含量变异广泛, 变异范围为 14.33~61.42 mg g⁻¹; 筛选出 2 份高蛋白低脂肪中等含糖量的材料。通过该群体的遗传连锁图, 在 3 个环境下共检测到 10 个 QTL, 分布在 6 条染色体上, 贡献率为 4.56%~12.25%。其中, *qSUC407* 能在 3 个环境下被重复检测到。本研究为蔗糖含量精细定位和培育性状优良的食用型花生品种提供了重要信息。

关键词: 花生; 含油量; 蛋白质; 蔗糖; QTL

Correlation analysis of sucrose content with protein and oil content and QTL mapping of sucrose content in peanut

GUO Jian-Bin^{1,**}, CHENG Liang-Qiang^{2,**}, LI Wei-Tao¹, LIU Nian¹, LUO Huai-Yong¹, DING Ying-Bin¹, YU Bo-Lun¹, CHEN Wei-Gang¹, HUANG Li¹, ZHOU Xiao-Jing¹, LEI Yong¹, LIAO Bo-Shou¹, and JIANG Hui-Fang^{1,*}

¹Oil 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; ²Guizhou Oil Research Institute, Guizhou Academy of Agricultural Sciences, Guiyang 550006, Guizhou, China

Abstract: With the increasing size of edible peanuts market, the quality characteristics of edible peanuts have attracted much attention. Sweetness is an important indicator affecting the flavor and taste of edible peanuts, and it mainly comes from sucrose. Increasing sucrose content is the key to the edible peanuts cultivation, and QTL mapping for sucrose content will lay a foundation for molecular breeding of high sucrose content. However, the increase of sucrose content may affect protein and oil content. In this study, a recombinant inbred line population derived from the cross of Xuhua 13 and Zhonghua 6 was developed. The relationships between sucrose and protein as well as oil content were investigated, and QTLs for sucrose content were mapped. The results showed that sucrose content was not significantly correlated with protein content but there was extremely significantly negatively correlated with the content. Sucrose content presented board phenotypic variations among the RILs, ranging from

本研究由贵州省科技计划项目(黔科合基础-ZK[2022]一般290), 农业农村部油料作物生物学与遗传育种重点实验室开放课题项目(KF2020008)和财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系建设专项(花生, CARS-13-种质资源评价)资助。

This study was supported by the Guizhou Provincial Science and Technology Project (QKHJC-ZK[2022]YB 290), the Open Project Program of the Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Oil Crops, the Ministry of Agriculture and Rural Affairs (KF2020008), and the China Agriculture Research System of MOF and MARA (Peanut, CARS-13-Germplasm Resource Evaluation).

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

** 同等贡献(Contributed equally to this work)

第一作者联系方式: 郭建斌, E-mail: guojianbin1990@163.com; 成良强, E-mail: chengliangmei1984@126.com

Received (收稿日期): 2022-11-11; Accepted (接受日期): 2023-02-21; Published online (网络出版日期): 2023-03-01.

URL: <https://kns.cnki.net/kcms/detail//11.1809.S.20230228.1705.010.html>

This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

14.33 mg g⁻¹ to 61.42 mg g⁻¹. Two lines with high protein, low oil content, and medium sucrose content were observed. Ten QTLs on six chromosomes were detected with 4.56%–12.25% of phenotypic variation explained (PVE) among which *qSUC407* could be repeatedly detected in three environments. The results provide an important information for QTLs fine mapping of sucrose content and cultivating edible peanut varieties with excellent traits.

Keywords: peanut; oil content; protein content; sucrose content; quantitative trait locus

我国是世界上最大的花生生产国,年产量达 1804.68 万吨(FAO, 2020)。过去 20 年,花生油消费占花生消费总量的 44%~50%,且消费主要集中在产区^[1]。随着人们生活水平的变化,花生油消费量占比呈下降趋势,花生食用消费量不断增加,花生及花生食品市场需求量逐年扩大^[2]。风味是评价食用花生的重要指标,主要由糖类和挥发性有机成分产生^[2],与甜度和细腻度呈极显著正相关^[3]。籽仁的口感包括甜度、硬度、脆性和细腻度,王强^[4]和郭曼莉等^[5]研究发现影响花生口感的因素依次为甜度、香味、细腻度和硬度。由此看来,甜味是影响食用花生风味和口感的重要因素。花生的甜味主要来源于蔗糖,且甜味是可遗传的性状^[6]。近年来,花生含糖量备受关注。雷永等^[7]建立了花生籽仁蔗糖含量近红外模型,并对 RIL 群体进行了蔗糖含量测定,发掘出蔗糖含量高于 7%的家系;秦利等^[8]利用化学方法和近红外光谱法对国内外 72 份优质食用花生进行蔗糖含量测定,变异范围为 2.82%~7.11%;唐月异等^[9]用高效液相色谱法测定了来自国内外的 167 份花生籽仁蔗糖含量,变异范围为 1.84%~8.23%。综上所述,花生资源蔗糖含量变异广泛,改良花生品种蔗糖含量具有很大的潜力。食用型花生要求品种的含油量低、蛋白质和蔗糖含量高^[3,10],因此,提高蔗糖含量是花生育种的重要目标。花生蔗糖含量的提高对蛋白质和含油量有何影响,国内外的相关研究报道很少。据研究,蔗糖含量太高对花生籽仁的细腻度有影响^[11],而且针对糖尿病患者等特殊人群,要求蔗糖含量适中(4%~5%)。

花生蔗糖含量是由多基因调控的数量性状,受 2 对加性主基因+多基因控制,具有明显的母体效应^[12]。而 QTL 定位研究是花生甜度改良的分子基础,目前关于蔗糖 QTL 定位的研究鲜有报道,仅李威涛^[13]利用 RIL 群体在 A08 染色体上重复检测到了稳定的控制蔗糖含量的主效 QTL。本研究利用蔗糖含量存在差异的徐花 13 和中花 6 号组合衍生的重组自交系(recombinant inbred lines, RIL)群体,分析含油量、蛋白质和蔗糖之间的关系,并对籽仁蔗糖含量进行 QTL 分析,旨在鉴定控制蔗糖含量的 QTL,以期对性状优良的食用型花生品种改良奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以徐花 13 为母本、中花 6 号为父本构建的包含 186 个家系的重组自交系群体 F₁₁~F₁₂ 为材料,其中徐花 13 蔗糖含量多年均值为 39.29 mg g⁻¹,中花 6 号多年均值为 27.65 mg g⁻¹。

1.2 试验方法

1.2.1 田间种植 2020—2021 年在湖北武汉中国农业科学院油料作物研究所试验田(2020WH 和 2021WH)和 2021 年福建泉州(2021QZ)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,株距 0.22 m,单粒播种,完全随机区组设计,无重复,常规田间管理,收获晒干后剥壳。

1.2.2 蔗糖、蛋白质和含油量测定 选取成熟饱满的种子 50 g,采用 FOSS 近红外谷物品质分析仪(Infratec 1241, 丹麦)对含油量和蛋白质含量进行测定。然后从中取 20 粒种子用磨样机磨成粉末用 80% 的乙醇水浴提取,采用超高效液相色谱-示差折光检测法(HPLC-RID)对 3 个环境下的 RIL 群体及其亲本进行蔗糖含量测定;利用 Microsoft Excel 统计与计算数据,SPSS 软件进行方差分析。

1.2.3 QTL 定位 基于栽培种花生参考基因组,构建的包含 1896 个 bin,全长 1490.97 cM,覆盖 20 条染色体的遗传连锁图谱(待发表数据),利用 WinQTLCart 2.5 软件,采用复合区间作图法进行 QTL 分析。作图步长设置为 1 cM,LOD 值设置为 2.5,按照 q+性状缩写+染色体的原则命名 QTL。

2 结果与分析

2.1 RIL 群体蔗糖与蛋白质含量和含油量的相关性分析

对 RIL 群体的蔗糖、蛋白质含量和含油量进行相关性分析,相关系数见表 1。3 个环境下,蔗糖含量与蛋白质的相关性不显著,相关系数低($r_{\text{mean}} = -0.077$);蔗糖含量与含油量呈极显著负相关,相关系数较高($r_{\text{mean}} = -0.443$)。表明提高花生籽仁蔗糖的同时对蛋白质含量没有影响,但可能显著降低含油量。

表 1 RIL 群体蛋白质、含油量和蔗糖含量的相关系数
Table 1 Correlation coefficients of protein, oil content and sucrose content in the RIL population

环境	性状	蛋白质	含油量	蔗糖
Environment	Trait	Protein content	Oil content	Sucrose content
2020WH	蛋白质 Protein content	1	-0.597**	-0.169
	含油量 Oil content		1	-0.299**
	蔗糖 Sucrose content			1
2021WH	蛋白质 Protein content	1	-0.643**	-0.132
	含油量 Oil content		1	-0.178*
	蔗糖 Sucrose content			1
2021QZ	蛋白质 Protein content	1	-0.576**	-0.021
	含油量 Oil content		1	-0.255**
	蔗糖 Sucrose content			1
平均 Mean	蛋白质 Protein content	1	-0.647**	-0.077
	含油量 Oil content		1	-0.443**
	蔗糖 Sucrose content			1

2020WH: 2020 武汉; 2021WH: 2021 武汉; 2121QZ: 2021 泉州。*和**分别表示在 0.05 和 0.01 概率水平差异显著。RIL: 重组自交系。
2020WH: 2020Wuhan; 2021WH: 2021Wuhan; 2021QZ: 2021Quanzhou. * and ** indicate significant difference at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively. RIL: recombinant inbred lines.

2.2 RIL 群体蔗糖含量变异

从图 1 可以看出, 两亲本在蔗糖含量上存在显著差异, 徐花 13 (Xuhua 13, XH13)蔗糖含量为 (39.29±2.67) mg g⁻¹, 中花 6 号(Zhonghua 6, ZH6)蔗糖含量为(27.65±1.90) mg g⁻¹。在 RIL 群体中, 蔗糖含量变异广泛且呈连续分布(图 2), 变异超出了亲本间差异, 表现出超亲优势。对比分析不同环境下 RIL 群体的蔗糖含量, 3 个环境下蔗糖含量的均值分别为 31.21、31.58 和 32.37 mg g⁻¹ (表 2), 且蔗糖含量大于 50 mg g⁻¹的家系分别有 7 份、8 份和 1 份。RIL 群体家系均值的变异范围为 19.48~50.18 mg g⁻¹, 蔗糖含量大于 50 mg g⁻¹的家系仅为 1 份(QT0263), 而高于高值亲本徐花 13 的家系有 28 份。Shapiro-Wilk 检验表明, RIL 群体蔗糖量在 3 个环境下均表现为偏态分布。对 3 个环境下蔗糖含量进行方差分析(表 3)表明, 环境间差异不显著, 基因型间表现极显著差异, 说明群体内变异丰富, 蔗糖含量主要受基因控制。结合蛋白质和含油量测定结果, 筛选出了 2 份

蛋白质高、含油量低和蔗糖含量中等的家系(QT0269 和 QT0272), 蛋白质含量分别为 28.81%和 28.48%, 含油量为 43.42%和 45.88%, 蔗糖含量为 46.78 mg g⁻¹ 和 46.31 mg g⁻¹。这 2 份家系可为食用型花生的选育提供种质基础。

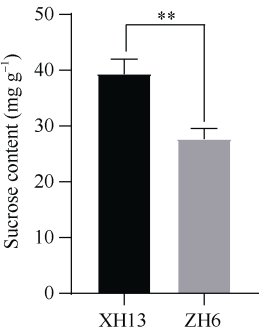


图 1 亲本蔗糖含量差异
Fig. 1 Parents' difference in sucrose content
**表示在 0.01 概率水平差异显著。XH13: 徐花 13; ZH6: 中花 6 号。
** indicates significant difference at the 0.01 probability level. XH13: Xuhua 13; ZH6: Zhonghua 6.

表 2 RIL 群体蔗糖含量统计分析
Table 2 Descriptive statistical analysis of sucrose content in the RIL population

环境	最小值	最大值	均值	标准差	偏度	峰度	夏皮洛-威尔克检验
Environment	Min.	Max.	Mean	SD	Skewness	Kurtosis	Shapiro-Wilk test W (sig.)
2020WH	16.87	57.93	31.21	9.00	0.74	0.09	0.959 (0.000)
2021WH	14.33	61.42	31.58	8.70	0.81	0.77	0.953 (0.000)
2021QZ	14.49	51.11	32.37	6.49	0.49	0.17	0.978 (0.008)

2020WH: 2020 武汉; 2021WH: 2021 武汉; 2121QZ: 2021 泉州。RIL: 重组自交系。
2020WH: 2020 Wuhan; 2021WH: 2021 Wuhan; 2021QZ: 2021 Quanzhou. RIL: recombinant inbred lines.

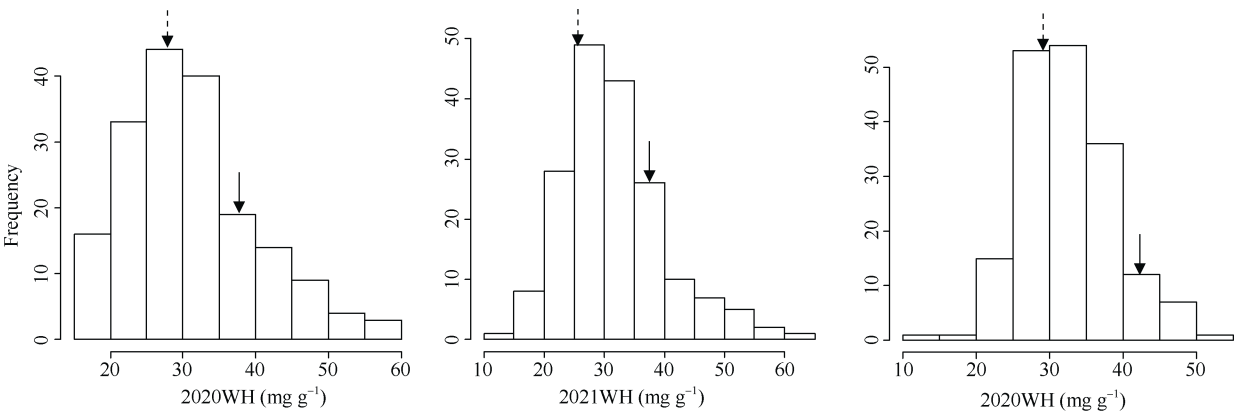


图 2 3 个环境下 RIL 群体蔗糖含量的表型分布

Fig. 2 Phenotypic distributions of sucrose content in the RIL population in three environments

横坐标为蔗糖含量，纵坐标为频数；虚线箭头为中花 6 号，实线箭头为徐花 13。2020WH: 2020 武汉; 2021WH: 2021 武汉; 2121QZ: 2021 泉州。RIL: 重组自交系。

The X-axis and Y-axis represents the sucrose content and the frequency, respectively. Dotted arrow: Zhonghua 6, Solid arrow: Xuhua 13. 2020WH: 2020 Wuhan; 2021WH: 2021 Wuhan; 2121QZ: 2021 Quanzhou. RIL: recombinant inbred lines.

表 3 3 个环境下 RIL 群体蔗糖含量的方差分析

Table 3 Analysis of variance for sucrose content in the RIL population in three environments

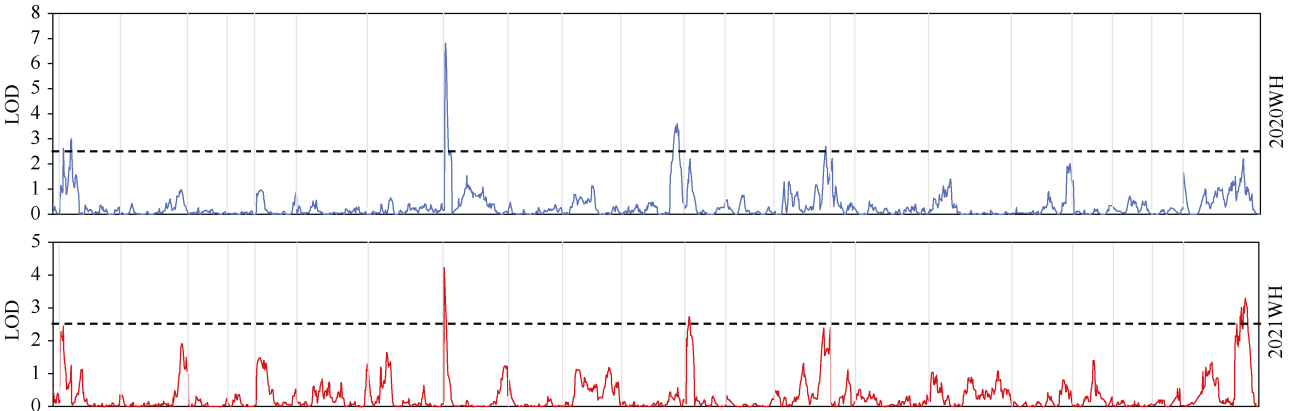
变异来源	自由度	平方和	均方	F 值	P 值
Source	DF	SS	MS	F-value	P-value
环境 Environment	2	134.050	67.025	1.576	0.208
基因型 Genotype	185	20,709.541	111.943	2.633	<0.0001
误差 Error	354	15,050.897	42.517		
总计 Total	542	581,263.608			

RIL: 重组自交系。RIL: recombinant inbred lines.

2.3 蔗糖含量 QTL 定位

利用该群体已构建的遗传连锁图，结合 3 个环境下的表型数据，采用 WinQTLCart 2.5 软件进行 QTL 定位。在 3 个环境下共检测到 10 个 QTL，分布在 A01、A07、A10、B01、B03 和 B10 等 6 条染色体上，贡献率为 4.56%~12.25% (图 3 和表 4)。其中，

qSUCA07 能在 3 个环境下被重复检测到，贡献率分别为 12.25%、7.70%和 7.05%。除 *qSUCA07* 和 *qSUCB03.1* 加性效应值为正值外，其余 QTL 加性效应值均为负值，即增效等位基因来自于中花 6 号。稳定存在的*qSUCA07*为蔗糖含量的精细定位奠定了基础。该 QTL 位于 A07 染色体 0.52~2.33 Mb 区域



(图 3)

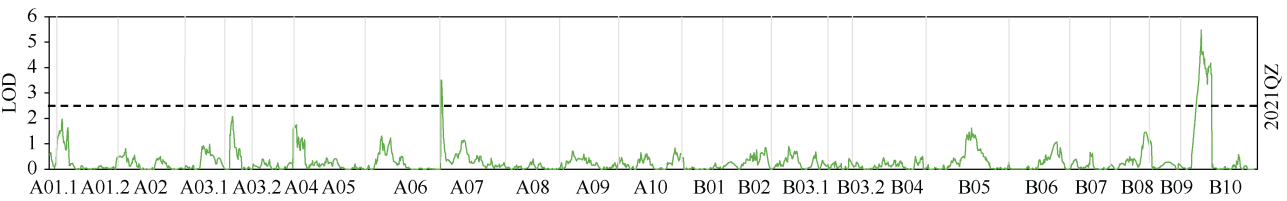


图 3 3 个环境下 RIL 群体蔗糖含量性状的 QTL 峰值图
Fig. 3 Chromosome-wise logarithm of the odds (LOD) scores of sucrose content QTLs in the RIL population in three environments
2020WH: 2020 武汉; 2021WH: 2021 武汉; 2121QZ: 2021 泉州. RIL: 重组自交系。
2020WH: 2020 Wuhan; 2021WH: 2021 Wuhan; 2021QZ: 2021 Quanzhou. RIL: recombinant inbred lines.

表 4 3 个环境下 RIL 群体蔗糖含量 QTL
Table 4 QTLs identified for sucrose content in the RIL populations in three environments

QTL	染色体 Chromosome	环境 Environment	位置 Position (cM)	置信区间 Confidence interval	LOD 值 LOD value	加性效应 Additive effect	贡献率 PVE (%)
<i>qSUC A01.1</i>	A01	2020WH	5.11	4.7–7.0	2.62	–1.94	4.60
<i>qSUC A01.2</i>	A01	2020WH	16.01	14.1–17.5	3.00	–2.09	5.23
<i>qSUC A07</i>	A07	2020WH	1.01	0–3.3	6.81	3.21	12.25
		2021WH	0.01	0–2.7	4.23	2.49	7.70
		2021QZ	0.01	0–3.0	3.51	1.79	7.05
<i>qSUC A10</i>	A10	2020WH	63.70	56.0–64.7	3.60	–2.10	7.14
<i>qSUC B01</i>	B01	2021WH	3.51	0.8–10.9	2.73	–2.06	4.94
<i>qSUC B03.1</i>	B03.1	2020WH	64.81	60.3–66.1	2.70	2.00	4.81
<i>qSUC B10.1</i>	B10	2021QZ	35.71	34.8–37.5	5.47	–2.29	11.45
<i>qSUC B10.2</i>	B10	2021QZ	45.21	43.2–45.6	4.18	–1.98	8.88
<i>qSUC B10.3</i>	B10	2021WH	60.51	59.5–60.7	2.51	–1.95	4.56
<i>qSUC B10.4</i>	B10	2021WH	68.81	67.5–72.7	3.30	–2.22	6.20

2020WH: 2020 武汉; 2021WH: 2021 武汉; 2121QZ: 2021 泉州. RIL: 重组自交系。
2020WH: 2020 Wuhan; 2021WH: 2021 Wuhan; 2021QZ: 2021 Quanzhou. PVE: phenotypic variation explained. RIL: recombinant inbred lines.

内, 对比栽培种花生(Tifrunner)基因组注释发现, 该区域内总共有 215 个基因, 其中 30 个基因未被注释, 编码未知蛋白。

3 讨论

花生是重要的油料作物和经济作物, 在世界范围内广泛种植。花生除用于榨油外, 还是食品加工所需原料的重要来源。美国和欧盟各国花生总产的 70%~90%用于食用及食品加工^[14]。我国花生长期以油用为主, 但是直接食用和食品加工的比例在不断上升。近年来, 食用花生备受欢迎, 消费群体和市场规模逐渐扩大。甜味是影响花生口感及风味的重要指标, 而花生的甜味主要来源于花生籽仁中的蔗糖。Bishi 等^[15-16]测定了 60 份西班牙类型花生的含糖量, 含糖量为 2.44%~7.61%, 41 份印度主栽品种的蔗糖含量为 2.61%~6.5%; 李威涛等^[17]对 20 份花生品种蔗糖含量进行了测定, 蔗糖含量为 16.19~83.81 mg g⁻¹, 均值为 30.41 mg g⁻¹; 陈淼等^[18]测定

322 份花生种质的蔗糖含量, 变异范围为 0.92%~7.99%。本研究对 3 个环境下种植的 RIL 群体进行蔗糖含量测定, 蔗糖含量的变异范围为 14.33~61.42 mg g⁻¹, 变异超过了亲本间差异, 说明通过 RIL 群体可以创制出高蔗糖含量材料。虽然本研究筛选出的材料蔗糖含量没有达到上述前人报道的高值, 但筛选出了 2 份高蛋白低脂肪中等蔗糖含量的材料, 而且明确了蔗糖与蛋白质含量和含油量的关系, 对于食用型花生的品质改良具有重要价值。

蔗糖是影响食用花生的关键性状, 目前关于蔗糖 QTL 定位的研究鲜有报道。李威涛^[13]首先通过 BSA-seq 方法, 在 A08 和 B06 染色体上各鉴定到一个 QTL, 但 QTL 区间较大。然后利用 SSR 和 SNP 遗传连锁图对蔗糖含量进行定位, 2 个遗传图谱在 A08 染色体上都重复检测到了一个稳定的主效 QTL, 并且区间重叠, 将 QTL 区间缩小至 2.1 Mb。此外, 张晓军等^[19]利用 BSA-seq 定位到了一个控制花生可溶性糖含量的 QTL, 该 QTL 位于 B06 染色体约 0.7

Mb 的物理区间内。蔗糖是花生中主要的可溶性糖, 推测该 QTL 很可能就是控制蔗糖含量的 QTL。本研究在 3 个环境下共检测到 10 个 QTL, 贡献率为 4.56%~12.25%。其中, *qSUC407* 在 3 个环境下被重复检测到, 并且该染色体上尚未报道过任何糖相关的 QTL 位点, 该 QTL 是新发现的 QTL。下一步将在该 QTL 区段增加分子标记, 建立局部高密度图谱, 为该 QTL 的精细定位和分子标记辅助选择育种提供分子基础。

食用花生除要求蔗糖含量高以外, 同时对籽仁大小和营养品质也有要求。高蛋白和低脂肪也是食用花生营养品质的重要指标^[3,10]。此外, 籽仁要求粒大饱满, 整齐度好^[12]。花生籽仁中蔗糖含量与含油量呈极显著负相关, 与百仁重无相关性^[11]。结合前期 QTL 定位结果^[20-21]发现, A07 染色体上与蔗糖含量相关的 QTL (*qSUC407*, 0.52~2.33 Mb)与百仁重 QTL (*qHSA07*, 0~0.85 Mb)区间有重叠, 但效应值方向相反, 即蔗糖增效等位基因来自于徐花 13, 百仁重增效等位基因来自于中花 6 号, 说明控制蔗糖含量的基因与百仁重基因得到了聚合, 并且有可能连锁。蔗糖含量与含油量虽然呈极显著负相关, 但并未在同一染色体相邻区间或同一区间内检测到控制二者的 QTL, 两者相关的原因不一定是一因多效或连锁。在大豆中, 糖转运蛋白基因 *GmSWEET10a* 和 *GmSWEET10b* 通过调节种皮到胚糖的分配比例来协同调控大豆种子大小、含油量及蛋白含量^[22]。在花生育种过程中可以对这些性状进行协同改良, 培育出性状优良的食用型花生新品种。

4 结论

明确了蔗糖与蛋白质和含油量的关系, 蔗糖含量与蛋白质含量无显著相关性, 而与含油量呈极显著负相关, 获得了 2 份高蛋白低脂肪中等含糖量的材料。基于 bin 图谱进行 QTL 定位, 获得了一个稳定的控制蔗糖含量的 QTL (*qSUC407*), 解释表型变异的 7.05%~12.25%。

References

- [1] 张立伟, 王辽卫. 我国花生产业发展状况、存在问题及政策建议. 中国油脂, 2020, 45(11): 116-122.
Zhang L W, Wang L W. Development status, existing problems and policy recommendations of peanut industry in China. *Chin Oils Fats*, 2020, 45(11): 116-122 (in Chinese with English abstract).
- [2] 王建文, 李永军, 赵国建, 李绍伟. 鲜食花生的发展前景、存

- 在问题及发展对策探讨. 陕西农业科学, 2009, 55(2): 129-130.
Wang J W, Li Y J, Zhao J G, Li S W. Discussion on the development perspectives, problems and development countermeasures of fresh peanut. *Shaanxi J Agric Sci*, 2009, 55(2): 129-130 (in Chinese with English abstract).
- [3] 房元瑾, 孙子淇, 苗利娟, 齐飞艳, 黄冰艳, 郑峥, 董文召, 汤丰收, 张新友. 花生籽仁外观和营养品质特征及食用型花生育种利用分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19: 875-886.
Fang Y J, Sun Z Q, Miao L J, Qi F Y, Huang B Y, Zheng Z, Dong W Z, Tang F S, Zhang X Y. Characterization of kernel appearance and nutritional quality in peanut accessions and its application for food-use peanut breeding. *J Plant Genet Resour*, 2018, 19: 875-886 (in Chinese with English abstract).
- [4] 王强. 粮油加工适宜性评价及风险监控. 北京: 科学出版社, 2018. pp 71-94.
Wang Q. Suitability Evaluation and Risk Monitoring of Grain and Oil Processing. Beijing: Science Press, 2018. pp 71-94 (in Chinese).
- [5] 郭曼莉, 李晓彤, 吴澎, 赵路苹, 丁秀臻, 李向阳. 花生加工副产物的综合利用及精深加工. 粮油食品科技, 2018, 26(3): 27-31.
Guo M L, Li X T, Wu P, Zhao L P, Ding X Z, Li X Y. Comprehensive utilization and intensive processing of by-products during peanut processing. *Sci Technol Cereals Oils Foods*, 2018, 26(3): 27-31 (in Chinese with English abstract).
- [6] Pattee H E, Isleib T G, Giesbrecht F G, McFeeters R F. Relationships of sweet, bitter, and roasted peanut sensory attributes with carbohydrate components in peanuts. *J Agric Food Chem*, 2000, 48: 757-763.
- [7] 雷永, 王志慧, 淮东欣, 高华援, 晏立英, 李建国, 李威涛, 陈玉宁, 康彦平, 刘海龙, 王欣, 薛晓梦, 姜慧芳, 廖伯寿. 花生籽仁蔗糖含量近红外模型构建及在高糖品种培育中的应用. 作物学报, 2021, 47: 332-341.
Lei Y, Wang Z H, Huai D X, Gao H Y, Yan L Y, Li J G, Li W T, Chen Y N, Kang Y P, Liu H L, Wang X, Xue X M, Jiang H F, Liao B S. Development and application of a near infrared spectroscopy model for predicting high sucrose content of peanut seed. *Acta Agron Sin*, 2021, 47: 332-341 (in Chinese with English abstract).
- [8] 秦利, 刘华, 杜培, 董文召, 黄冰艳, 韩锁义, 张忠信, 齐飞艳, 张新友. 基于近红外光谱法的花生籽仁中蔗糖含量的测定. 中国油料作物学报, 2016, 38: 666-671.
Qin L, Liu H, Du P, Dong W Z, Huang B Y, Han S Y, Zhang Z X, Qi F Y, Zhang X Y. Determination of sucrose content in peanut seed kernel based on near infrared spectroscopy. *Chin J Oil Crop Sci*, 2016, 38: 666-671 (in Chinese with English abstract).
- [9] 唐月昇, 王秀贞, 刘婷, 吴琪, 孙全喜, 王志伟, 张欣, 王传堂, 邵俊飞. 花生自然风干种子蔗糖含量近红外定量分析模型构建. 山东农业科学, 2018, 50(6): 159-162.
Tang Y Y, Wang X Z, Liu T, Wu Q, Sun Q X, Wang Z W, Zhang X, Wang C T, Shao J F. A near infrared spectroscopy model for predicting sucrose content of sun-dried peanut seeds. *Shandong Agric Sci*, 2018, 50(6): 159-162 (in Chinese with English abstract).
- [10] 赵廉九, 胡晖, 刘红芝, 王强. 鲜食花生品质评价和贮藏加工研究进展. 食品科学, 2023, 44: 314-320.

- Zhao G J, Hu H, Liu H Z, Wang Q. Progress in quality evaluation, storage and processing of fresh peanut. *Foods Sci*, 2023, 44: 314–320 (in Chinese with English abstract).
- [11] 卞能飞, 孙东雷, 巩佳莉, 王幸, 邢兴华, 金夏红, 王晓军. 花生烘烤食用品质评价及指标筛选. *中国农业科学*, 2022, 55: 641–653.
- Bian N F, Sun D L, Gong J L, Wang X, Xing X H, Jin X H, Wang X J. Evaluation of edible quality of roasted peanuts and indexes screening. *Sci Agric Sin*, 2022, 55: 641–653 (in Chinese with English abstract).
- [12] 秦利, 刘华, 张新友, 杜培, 代小冬, 孙子淇, 齐飞艳, 董文召, 黄冰艳, 韩锁义, 张忠信, 徐静. 花生籽仁蔗糖含量多世代联合群体主基因+多基因遗传模型分析. *中国油料作物学报*, 2021, 43: 590–599.
- Qin L, Liu H, Zhang X Y, Du P, Dai X D, Sun Z Q, Qi F Y, Dong W Z, Huang B Y, Han S Y, Zhang Z X, Xu J. Genetic analysis of sugar content in peanut kernel via mixed major gene plus poly-gene inheritance model in multi-generation combined population. *Chin J Oil Crop Sci*, 2021, 43: 590–599 (in Chinese with English abstract).
- [13] 李威涛. 花生蔗糖含量 QTL 定位及相关基因表达分析. 中国农业科学院博士学位论文, 北京, 2021.
- Li W T. QTL Mapping and Gene Expression Analysis for Sucrose Content in Peanut. PhD Dissertation of China Academy of Agricultural Sciences, Beijing, China, 2021 (in Chinese with English abstract).
- [14] 秦利, 韩锁义, 刘华. 我国食用花生研究现状. *江苏农业科学*, 2015, 43 (11): 4–7.
- Qin L, Han S Y, Liu H. Research status of edible peanuts in china. *Jiangsu Agric Sci*, 2015, 43 (11): 4–7 (in Chinese).
- [15] Bishi S K, Lokesh K, Dagla M C, Mahatma M K, Rathnakumar A L, Lalwani H B, Misra J B. Characterization of Spanish peanut germplasm (*Arachis hypogaea* L.) for sugar profiling and oil quality. *Ind Crop Prod*, 2013, 51: 46–50.
- [16] Bishi S K, Lokesh K, Mahatma M K, Khatediya N, Chauhan S M, Misra J B. Quality traits of Indian peanut cultivars and their utility as nutritional and functional food. *Food Chem*, 2015, 167: 107–114.
- [17] 李威涛, 郭建斌, 喻博伦, 徐思亮, 陈海文, 吴贝, 龚廷锋, 黄莉, 罗怀勇, 陈玉宁, 周小静, 刘念, 陈伟刚, 姜慧芳. 基于 HPLC-RID 的花生籽仁可溶性糖含量检测方法的建立. *作物学报*, 2021, 47: 368–375.
- Li W T, Guo J B, Yu B L, Xu S L, Chen H W, Wu B, Gong T F, Huang L, Luo H Y, Chen Y N, Zhou X J, Liu N, Chen W G, Jiang H F. Establishment of HPLC-RID method for the determination of soluble sugars in peanut seed. *Acta Agron Sin*, 2021, 47: 368–375 (in Chinese with English abstract).
- [18] 陈森, 侯名语, 崔顺立, 李振, 穆国俊, 刘盈茹, 李秀坤, 刘立峰. 不同种皮颜色花生糖含量近红外模型的构建. *光谱学与光谱分析*, 2022, 42: 2896–2902.
- Chen M, Hou M Y, Cui S L, Li Z, Mu G J, Liu Y R, Li X K, Liu L F. Construction of near-infrared model of peanut sugar content in different seed coat colors. *Spectrosc Spect Anal*, 2022, 42: 2896–2902 (in Chinese with English abstract).
- [19] 张晓军, 赵瑞华, 于晓娜, 司彤, 邹小霞, 王月福, 王铭伦. 花生籽仁可溶性糖含量相关位点的分子标记方法及其应用. 中国专利: 202010304681.6, 2020-06-26.
- Zhang X J, Zhao R H, Yu X N, Si T, Zou X X, Wang Y F, Wang M L. Identification and application molecular markers of soluble sugar content in peanut seeds. China patent: 202010304681.6, 2020-06-26 (in Chinese).
- [20] 郭建斌, 李威涛, 罗怀勇, 陈伟刚, 喻博伦, 黄莉, 刘念, 周小静, 姜慧芳. 花生种子大小相关性状 QTL 定位及与出仁率的关系. *植物遗传资源学报*, 2022, 23: 1465–1473.
- Guo J B, Li W T, Luo H Y, Chen W G, Yu B L, Huang L, Liu N, Zhou X J, Jiang H F. QTL mapping for seed size related traits and its relationship with shelling percentage in peanut. *J Plant Genet Resour*, 2022, 23: 1465–1473 (in Chinese with English abstract).
- [21] Liu N, Guo J, Zhou X, Wu B, Huang L, Luo H, Chen Y, Chen W, Lei Y, Huang Y, Liao B, Jiang H. High-resolution mapping of a major and consensus quantitative trait locus for oil content to a ~0.8-Mb region on chromosome A08 in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Theor Appl Genet*, 2020, 133: 37–49.
- [22] Wang S D, Liu S L, Wang J, Kengo Y, Zhou B, Yu Y C, Liu Z, Wolf B F, Ma J F, Chen L Q, Guan Y F, Shou H X, Tian Z X. Simultaneous changes in seed size, oil content and protein content driven by selection of SWEET homologues during soybean domestication. *Nat Sci Rev*, 2020, 7: 1776–1786.