

爆裂玉米蛋白质含量的主基因+ 多基因遗传效应分析

包和平, 毕成龙, 李 颖, 王利强
(吉林农业大学 农学院, 吉林 长春 130118)

摘要: 应用植物数量性状主基因+ 多基因混合遗传模型, 以爆裂玉米杂交组合吉爆902(吉 812× 吉 704)的 P₁、F₁、P₂、B₁: 2、B₂: 2 和 F₂: 3 6 个家系世代群体为材料, 对爆裂玉米蛋白质含量进行多世代联合分析, 结果表明, 爆裂玉米蛋白质含量受 1 对完全显性主基因+ 加性- 显性多基因控制遗传。主基因存在显性效应, 显性效应为负值($h = -2.3804$)。该组合的蛋白质含量存在负向杂种优势, 多基因显性效应为正, 多基因显性效应使 F₁ 代的蛋白质含量增加。该杂交组合的 B₁: 2、F₂: 3 群体的蛋白质含量主基因遗传力为 50.16%、52.80%, 表现出较高的遗传力, 可早期对蛋白质含量进行选择。
关键词: 爆裂玉米; 主基因+ 多基因; 蛋白质; 遗传分析
中图分类号: S513 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-3268(2011)05-0033-05

Analysis of Major Gene Plus Polygene Inheritance Effects on Popcorn Protein Content

BAO He-ping, BI Cheng-long, LI Ying, WANG Li-qiang
(College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

Abstract: The major gene and polygene mixed genetic model of plants quantitative traits was applied for multi-generational joint analysis of popcorn protein content, with 6 pedigrees of the hybrid Jibao 902 (Ji 812 × Ji 704), P₁, F₁, P₂, B₁: 2, B₂: 2 and F₂: 3 as materials. The results showed that the inheritance of popcorn protein content was controlled by a pair of dominant major gene plus additive-dominant multiple gene. The major gene had dominant effect, which was negative ($h = -2.3804$). Negative heterosis existed for the protein content. The multi-gene dominant effect was positive, which could increase the protein content of F₁ generation. The groups of B₁: 2 and F₂: 3 pedigrees showed a relatively high major gene heritability of protein content, which was 50.16% and 52.80%, respectively, so that an early selection on the protein content could be made.
Key words: Popcorn; Major gene plus polygene genetic model; Protein; Genetic analysis

爆裂玉米(*Zea mays* L. everta Sturt)是一种富含蛋白质、淀粉、纤维素、无机盐和维生素 B₁、维生素 B₂ 等多种营养素的多用途玉米。营养分析表明, 1.5 OZ(42.525 g)的爆裂玉米籽粒相当于 2 个鸡蛋的能量, 与同样质量的牛排相比, 蛋白质是牛排的 67%, 而铁和钙是牛排的 110%, 并富含营养纤维、磷脂、维生素 A、维生素 B₁、维生素 E 及人体必需的脂肪酸等成分^[1-3]。世界上利用爆裂玉米膨胀性最早的国家是美国, 同时也是爆裂玉米的主要生产国, 种植面积约 13.3 万 hm²^[2]。作物品质多为复杂的数量性状, 受基因型和环境共同作用^[4-8]。兰海等^[9]研究发现, 玉米蛋白质、淀粉和油分含量同时受

控于胚乳、胚、母体植株和细胞质等 4 套遗传体系, 但蛋白质受细胞质效应的影响较大。魏良明等^[10]研究认为, 作物蛋白质含量主要受基因型× 环境互作的影响, 在遗传主效应中, 蛋白质含量受控于种子和母体效应。以往对蛋白质等品质性状遗传的研究, 主要是用经典数量遗传学的方法, 估算了基因型总的遗传效应与环境间的互作^[11-14]。由于经典数量遗传学不能对个别基因进行检测, 对于不同基因在效应上的差异还不能区分。近年来, 植物数量性状主基因+ 多基因混合遗传模型分析方法^[15-18]解决了这一难题, 并得到了广泛的应用, 不仅可以鉴别主基因, 而且可以检测多基因效应, 并估计相应的遗传参

收稿日期: 2010-11-11
基金项目: 吉林省教育厅科研育种专项(2008(71)号)
作者简介: 包和平(1964), 男, 吉林长春人, 教授, 博士, 主要从事玉米遗传育种研究。E-mail: baohp2006@yahoo.com.cn

数。该方法已在大豆、水稻、油菜、玉米^[19-22]等作物上得到广泛应用,但在爆裂玉米蛋白质含量的遗传研究方面尚未见报道。本研究首次应用植物数量性状主基因+多基因遗传多世代联合分析方法,分析爆裂玉米蛋白质含量,明确其遗传方式,以期对爆裂玉米品质育种和分子标记辅助选择(MAS)提供理论参考。

1 材料和方法

1.1 供试材料

以吉林农业大学培育的爆裂玉米杂交组合吉爆902为材料,即吉812(P_1)和吉704(P_2)作为杂交亲本。用上述2个亲本配置6个家系世代。2006年在吉林农业大学试验田种植亲本。套袋自交,并人工配置 $P_1 \times P_2$ 组合。2007年对 $(P_1 \times P_2) F_1$ 进行自交,并配置 $(P_1 \times P_2) \times P_1$ 和 $(P_1 \times P_2) \times P_2$ 组合。2007年10月在海南种植 P_1 、 P_2 、 $(P_1 \times P_2) F_2$ 、 $[(P_1 \times P_2) \times P_1] B_{1:2}$ 和 $[(P_1 \times P_2) \times P_2] B_{2:2}$ 等组合并自交,经杂交、自交获得 P_1 、 P_2 、 $[(P_1 \times P_2) \times P_1] B_{1:2}$ 、 $(P_1 \times P_2) F_1$ 和 $[(P_1 \times P_2) \times P_2] B_{2:2}$ 、 $(P_1 \times P_2) F_2$ 等6个家系世代种子。2008年春在吉林农业大学试验田种植经杂交、自交获得双亲本杂交组合的6个家系(种子)世代的材料,从 P_1 、 P_2 群体中分别随机各抽取20株,从 F_1 群体中随机抽取10株,从 $B_{1:2}$ 、 $B_{2:2}$ 、 $F_{2:3}$ 群体中分别随机抽取100株,共350份材料。田间试验设计采用重复内分组随机区组设计。2行区,行长10m,2次重复。

1.2 蛋白质含量测定方法

采用BUCHI N1Lab-200谷物分析仪进行整粒测试。

1.3 统计分析方法

采用植物数量性状混合遗传模型主基因+多基因多世代联合分析方法^[18],对吉爆902杂交组合6个家系世代的种子蛋白质含量进行分析。通过极大似然法和IECM算法对混合分布中的有关成分分布参数作出估计,通过AIC值的判别和一组适合性测验,选择最优遗传模型,并估计主基因和多基因效应值、方差等遗传参数。主基因遗传率: $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$,多基因遗传率: $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$ 。分离分析软件由南京农业大学章元明教授提供。

2 结果与分析

2.1 6个家系世代蛋白质含量的次数分布

6个家系世代的爆裂玉米蛋白质含量次数分布见图1-图4。从图1可知,吉812(P_1)的蛋白质含量较高,平均为13.49%;吉704(P_2)的蛋白质含量

较低,平均8.05%, F_1 蛋白质含量为10.34%,低于中亲值。

$B_{1:2}$ 、 $B_{2:2}$ 、 $F_{2:3}$ 3个群体蛋白质含量均呈双峰分布(图2-图4)。因此,可能有主基因效应和微效多基因效应共同控制蛋白质含量的现象。

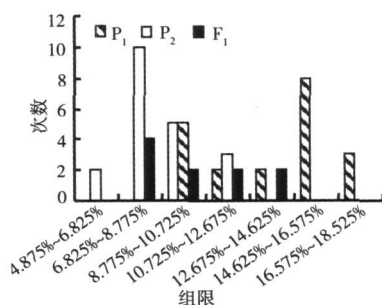


图1 F_1 和 P_2 蛋白质含量次数分布

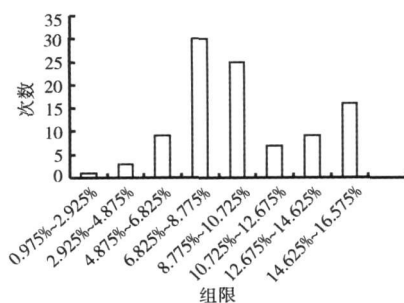


图2 $B_{1:2}$ 家系世代蛋白质含量次数分布

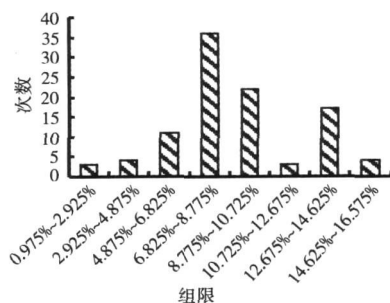


图3 $B_{2:2}$ 家系世代蛋白质含量次数分布

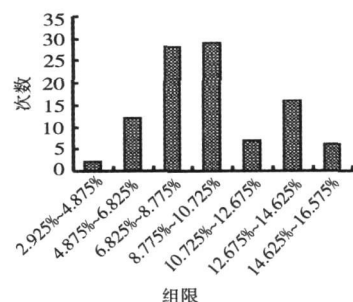


图4 $F_{2:3}$ 家系世代蛋白质含量次数分布

2.2 蛋白质含量主基因+ 多基因模型

2.2.1 遗传模型 经蛋白质含量主基因+ 多基因混合遗传模型多世代联合分析, 获得 1 对主基因(A)、2 对主基因(B)、多基因(C)、1 对主基因+ 多基因(D)和 2 对主基因+ 多基因(E)等 5 类 24 种遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC 值, 并选出 AIC 值相对低的模型作为候选模型(表 1)。由表 1 可知, D-1(1 对加性- 显性主基因), D-2(1 对加性主基因)和 D-3 模型(1 对完全显性主基因)等 3 个模型的 AIC 值较小, 分别为 1851.8125, 1847.2356 和 1848.9182。初步选取这 3 个模型为 $P_1 \times P_2$ 组合爆裂玉米蛋白质含量遗传的备选模型。这 3 个模型均属 1 对主基因范畴。可见, $P_1 \times P_2$ 组合爆裂玉米蛋白质含量遗传是受 1 对主基因控制的。

对 D-1 和 D-2、D-3 3 个备选模型的选优是

在进行一组 (U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 W^2 和 D_n) 适合性检验后, 选择统计量达到显著水平个数较少的模型作为最优模型。D-1 和 D-2、D-3 模型的适合性检验结果见表 2, 6 个世代的 30 个统计量中, D-1 模型只有 4 个统计量达到显著水平; D-2 模型有 7 个统计量达到显著水平和 D-3 模型有 4 个统计量达到显著水平, 对 D-1 与 D-3 极大似然比测验 (LRT) 结果, $\chi^2 = 5.7886 (P < 0.05)$, 即两模型有显著差异。因此, D-3 模型, 即 1 对完全显性主基因+ 加性- 显性多基因模型为爆裂玉米 $P_1 \times P_2$ 组合蛋白质含量遗传的最佳模型。

表 1 爆裂玉米蛋白质含量不同遗传模型的 AIC 值		
模型	极大对数似然函数值	AIC 值
D-1	- 916.4063	1851.8125
D-2	- 915.6178	1847.2356
D-3	- 916.4591	1848.9182

表 2 爆裂玉米蛋白质模型适合性检验						
模型	群体	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
D-1	P ₁	1.59(0.21)	1.06(0.30)	0.59(0.44)	0.295(> 0.05)	0.229(> 0.05)
	F ₁	1.23(0.27)	0.38(0.54)	3.36(0.07)	0.262(> 0.05)	0.318(> 0.05)
	P ₂	1.01(0.32)	1.25(0.26)	0.36(0.55)	0.260(> 0.05)	0.242(> 0.05)
	B _{1:2}	2.53(0.11)	2.45(0.12)	0.01(0.92)	0.756(< 0.05)	0.192(< 0.05)
	B _{2:2}	0.44(0.51)	0.82(0.37)	1.09(0.30)	0.398(> 0.05)	0.144(< 0.05)
	F _{2:3}	0.01(0.91)	0.21(0.65)	4.97(0.03)	0.337(> 0.05)	0.119(> 0.05)
D-2	P ₁	0.01(0.92)	0.02(0.90)	0.02(0.89)	0.080(> 0.05)	0.122(> 0.05)
	F ₁	0.04(0.85)	0.00(0.96)	0.81(0.37)	0.084(> 0.05)	0.194(> 0.05)
	P ₂	0.07(0.79)	0.00(0.97)	1.39(0.24)	0.142(> 0.05)	0.209(> 0.05)
	B _{1:2}	2.21(0.14)	2.13(0.14)	0.01(0.93)	0.720(< 0.05)	0.189(< 0.05)
	B _{2:2}	0.44(0.51)	0.82(0.37)	1.09(0.03)	0.398(> 0.05)	0.144(< 0.05)
	F _{2:3}	2.76(0.10)	3.78(0.05)	1.82(0.18)	0.651(< 0.05)	0.186(< 0.05)
D-3	P ₁	1.99(0.16)	1.26(0.26)	0.93(0.34)	0.342(> 0.05)	0.243(> 0.05)
	F ₁	1.49(0.22)	0.46(0.50)	4.02(0.07)	0.299(> 0.05)	0.335(> 0.05)
	P ₂	1.36(0.24)	1.53(0.22)	0.19(0.66)	0.298(> 0.05)	0.255(> 0.05)
	B _{1:2}	2.15(0.14)	2.11(0.15)	0.02(0.89)	0.691(< 0.05)	0.184(< 0.05)
	B _{2:2}	0.45(0.50)	0.82(0.37)	1.04(0.31)	0.392(> 0.05)	0.144(< 0.05)
	F _{2:3}	0.07(0.80)	0.92(0.34)	8.09(0.00)	0.385(> 0.05)	0.127(> 0.05)

注: ${}_nW^2$ 的 5% 显著值为 0.461, U_1^2 、 U_2^2 和 U_3^2 列中括号内数字为理论分布值

2.2.2 遗传参数估计 由表 3 可知, $P_1 \times P_2$ 组合蛋白质含量的群体均值 $m = 9.7915$, 主基因完全显性效应为 $h = d = -2.3804$, 多基因加性效应值为 $[d] = -2.9420$ 。控制蛋白质含量性状的多基因显性效应($[h] = 3.7539$)较大。主基因的显性效应和多基因的加性效应使蛋白质含量减少。主基因存在显性效应, 为负值, 表明吉 812 \times 吉 704 组合的蛋白质含量存在负向杂种优势, 多基因显性效应为正值, 表明多基因显性效应使 F₁ 代蛋白质含量增加。

表 3 爆裂玉米蛋白质含量 D-3 模型的遗传参数估计值					
一阶参数	估计值	二阶参数	估计值		
			B _{1:2}	B _{2:2}	F _{2:3}
m	9.7915	σ_p^2	12.0192	11.9162	12.6926
h	- 2.3804	σ_{mg}^2	6.0288	1.2121	6.7022
$[d]$	- 2.9420	σ_{pg}^2	4.1498	7.9904	4.1498
$[h]$	3.7539	σ_e^2	1.8406	1.8406	1.8406
		$h_{pg}^2 / \%$	50.16	10.17	52.80
		$h_{pg}^2 / \%$	34.53	67.05	32.69

注: m 为群体平均数; h 为主基因的显性效应; $[d]$ 为多基因加性效应; $[h]$ 为多基因显性效应; σ_p^2 为表型方差; σ_{pg}^2 为多基因方差; σ_{mg}^2 为主基因方差; σ_e^2 为环境方差; $h_{pg}^2 / \%$ 为主基因遗传率; h_{pg}^2 为多基因遗传率

B₁:₂和 F₂:₃家系群体主基因表现出较高的遗传力,分别为 50.16%和 52.80%;多基因遗传率分别为 34.53%和 32.69%。B₁:₂和 F₂:₃家系世代的主基因+多基因效应决定了蛋白质含量表型变异 84.69%和 85.49%,尚有 15.31%和 14.51%是由环境因素决定的。B₂:₂家系世代主基因遗传力较低,为 10.17%,多基因遗传力为 67.05%,由此推断 B₂:₂家系世代的蛋白质含量可能由多基因控制。

3 结论与讨论

吉 812×吉 704 组合蛋白质含量的遗传受 1 对完全显性主基因+加性-显性多基因控制,吉 812×吉 704 组合的蛋白质含量存在负向杂种优势,多基因显性效应使 F₁ 代蛋白质含量增加;B₁:₂、F₂:₃ 家系的蛋白质含量主基因遗传力表现较高,应在早期进行选择。B₂:₂家系世代主基因遗传率相对较低,其蛋白质含量主要是由多基因控制。吉 812×吉 704 组合蛋白质含量改良可能受到主基因显性效应为负值的制约。

有研究指出^[23],玉米蛋白质含量的积累表现为一种复杂的数量性状,受多基因控制,低蛋白质含量为部分显性。确定低蛋白质含量为显性,至少有 22 个基因控制蛋白质含量,不过其中只有几个是主效基因,其余的起修饰作用。用不同蛋白质含量的亲本杂交,在所得的 F₁ 代材料中,基本上都是蛋白质含量低的为完全显性,低蛋白质含量的超亲或中亲都很少见。周正卿^[24]的研究表明,F₁ 的蛋白质含量低于双亲,具有负的杂种优势,这就造成了选育高蛋白含量杂交种的困难,要想获得高蛋白含量杂交种,就必须使双亲都具有高蛋白含量。同时,用高含量的自交系改良低含量自交系时,因早代材料中的显性成分很大,因此,应重点在晚代进行。研究表明,蛋白质含量不表现明显的杂种优势,甚至存在负向杂种优势^[25-29]。牛素贞等^[30]对在 2 个环境条件下,220 个普通玉米×爆裂玉米 BC4S 家系籽粒营养品质性状及其与膨化倍数的相关分析表明,蛋白质含量是由主效基因存在的多基因控制的性状。本研究认为,爆裂玉米吉 812×吉 704 组合蛋白质含量的遗传可能由 1 对完全显性主基因控制,伴随加性-显性多基因修饰作用,主基因存在负的显性效应,表明吉 812×吉 704 组合的蛋白质含量存在负向杂种优势,多基因显性效应为正值,表明多基因显性效应使蛋白质含量增加。

参考文献:

- [1] 陆卫平,荀根勤,彭顺林,等.爆裂玉米高产生育特性的研究[J].江苏农学院学报,1997,18(2):27-35.
- [2] 楼辰军,王鹏文,王国琴.爆裂玉米研究现状[J].天津农业科学,2000,6(3):45-48.
- [3] 史振声.美国爆裂玉米的历史和发展[J].玉米科学,2001,9(2):8-10.
- [4] Ryavfi B. Proteins and amino acids in maize kernels [M]. Berlin & Heidelberg: Springer-Verlag, 1994: 555-570.
- [5] 朱军.包括基因型×环境互作效应的种子遗传模型及其分析方法[J].遗传学报,1996,23(1):56-58.
- [6] 朱军.数量性状遗传分析的新方法及其在育种中的应用[J].浙江大学学报:农业与生命科学版,2000,26(1):1-6.
- [7] 刘淑云,董树亭,胡昌浩,等.玉米产量和品质与生态环境的关系[J].作物学报,2005,31(5):571-576.
- [8] 石春海,何慈信,朱军.稻米碾磨品质性状遗传主效应及其与环境互作的遗传分析[J].遗传学报,1998,25(1):46-53.
- [9] 兰海,谭登峰,高世斌,等.普通玉米主要营养品质性状的遗传效应分析[J].作物学报,2006,32(5):716-722.
- [10] 魏良明,戴景瑞,刘占先.普通玉米蛋白质、淀粉和油分含量的遗传效应分析[J].中国农业科学,2008,41(11):3845-3850.
- [11] Pollmer W G, Klein D, Dhillon B S. Differences in reciprocal crosses of maize inbred lines diverse for protein content[J]. Euphytica, 1979, 28: 325-328.
- [12] Berke T G, Rocheford T R. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height, and kernel traits in maize[J]. Crop Science, 1995, 35: 1542-1549.
- [13] 潘相文,金益,王立丰.玉米部分品质指标的遗传变异研究[J].东北农业大学学报,2002,33(4):331-336.
- [14] 库丽霞,吴连成,刘新香,等.环境对玉米杂交种品质性状的影响研究[J].玉米科学,2006,14(6):23-27.
- [15] 盖钧镒.植物数量性状 QTL 体系检测的遗传试验方法[J].世界科技研究与发展,1999,21(1):34-40.
- [16] 盖钧镒.数量性状主-多基因混合遗传的 P₁, P₂, F₁, F₂ 和 F_{2,3} 联合分析方法[J].作物学报,1998,19(6):561-568.
- [17] 盖钧镒,章元明,王健康. QTL 混合模型扩展至两对主基因+多基因时的多世代联合分析[J].作物学报,2000,26(4):385-391.
- [18] 章元明,盖钧镒.数量性状分离分析中分布参数估计的 IECM 算法[J].作物学报,2000,26(6):699-706.
- [19] 李河南,汪霞,李广军.大豆粒形的主基因+多基因混合遗传[J].大豆科学,2009,28(1):16-20.

(下转第 41 页)

3.2 关于玉米地方品种耐旱种质的筛选
研究低氮胁迫下的生物学特性是筛选耐低氮种质(氮高效种质)的基础, 获得耐低氮种质材料是耐低氮遗传学研究和氮高效品种选育的前提。我国有着丰富的玉米品种资源, 保存于国家种质库的玉米品种资源 1.5 万余份, 其中玉米地方种质约占 90%^[11]。由于玉米地方品种独特的环境适应性和丰富的遗传基础, 长期低氮胁迫下的玉米地方品种存在着丰富的氮高效种质, 鉴定、筛选玉米地方品种中的这一特殊种质, 对杂交玉米进行耐低氮特性的遗传改良, 是玉米育种界面临的一项重要任务。本试验结合前人的研究结果, 得出玉米地方品种表现出不同程度的耐低氮能力, 其中不乏有氮高效种质, 这为氮高效玉米杂交种的培育奠定了物质基础。

参考文献:

[1] 张福锁. 环境胁迫与植物营养[M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1996: 86-109.
[2] 刘宗华, 卫晓轶, 汤继华, 等. 低氮胁迫对不同基因型玉米根部性状的影响[J]. 玉米科学, 2008, 16(5): 53-57.
[3] 钱晓刚, 滕应, 吴敏, 等. 玉米耐瘠种质资源的研究I 玉

米耐瘠种质资源鉴定技术体系的研究[J]. 种子, 2002, 21(6): 22-25.
[4] 曹敏建, 衣莹, 佟占昌, 等. 耐低氮胁迫玉米地筛选与评价[J]. 玉米科学, 2008(4): 64-69.
[5] 张凤路, Beck D. 耐旱和低氮胁迫玉米种质筛选技术[J]. 玉米科学, 2001, 9(2): 14-17.
[6] 李春亮. 玉米自交系对低氮反应的田间与盆栽评价[J]. 玉米科学, 2005, 13(1): 28-32.
[7] 孙世友. 氮胁迫下不同效率玉米基因型的生理特性[J]. 河北农业科学, 2006, 10(1): 26-28.
[8] 王艳. 玉米氮素吸收的基因型差异及其与根系形态的相关性[J]. 生态学报, 2003, 23(2): 297-302.
[9] 张丽梅, 贺立源, 李建生, 等. 玉米自交系耐低磷材料苗期筛选研究[J]. 中国农业科学, 2004, 37(12): 1955-1959.
[10] 廖星, 李志玉, 王江薇, 等. 甘蓝型油菜耐缺磷种质筛选指标的研究[J]. 中国农业科学, 1999, 32(增刊): 107-111.
[11] 李丹. 国外引进玉米种质资源的改良与利用[J]. 作物品种资源, 1993, 25(增刊): 75-79.

(上接第 36 页)

[20] 郭媛, 万志兵, 陈献功. 粳稻一次枝梗数和二次枝梗数的遗传分析[J]. 南京农业大学学报, 2008, 31(3): 8-12.
[21] 丛野, 程勇, 邹崇顺. 甘蓝型油菜发芽种子耐湿性的主基因+多基因遗传分析[J]. 作物学报, 2009, 35(8): 1462-1467.
[22] 陈俊意, 徐莉. 低磷土壤下玉米根系质量的混合遗传分析[J]. 西南师范大学学报: 自然科学版, 2009, 34(1): 63-66.
[23] 王振华, 王永普, 张新. 以蛋白质为主的玉米遗传育种概况[J]. 种子, 1994(3): 33-36.
[24] 周正卿. 普通玉米籽粒蛋白质和赖氨酸含量的遗传和相关研究[J]. 河北农业技术师范学院学报, 1990, 4(2): 27-32.
[25] Dudley J W, Lambert R J, de la Roche I A. Genetic analysis of crosses among corn strains divergently se-

lected for percent oil and protein[J]. Crop Science, 1977, 17(1): 111-117.
[26] 李卫东, 宋同明. 对伊利诺高油(1H0 C80)和亚里山索高油(Alex. ho C23)重组群体的遗传研究[J]. 作物学报, 1991, 17(6): 470-475.
[27] Curtis J J, Brunson A M, Hubbard J E, et al. Effect of the pollenparent on oil content of the corn kernel[J]. Agron J, 1956, 48: 551-555.
[28] Mfiler R L, Dudley J W, Alexander D E. High intensity selection for percent oil in corn[J]. Crop Science, 1981, 21(3): 433-437.
[29] Miedid D, MarA, Alexander D E. Population cross diallel among high oil populations of maize[J]. Crop Science, 1989, 29: 613-617.
[30] 牛素贞, 李玉玲, 董永彬, 等. 玉米普×爆 BC2S1 家系籽粒营养品质及其与膨化倍数的相关分析[J]. 河南农业科学, 2006(1): 33-35.