

黑荆树25个地理种源遗传距离的分析*

张庆华 黄文奎
(福建林学院林学系)

张毅
(福建三明林校)

摘要 本文对引自国内外的25个黑荆树地理种源,用Lin氏法计算标准遗传距离,欧氏最短距离法聚类,绘制了系统聚类谱系图。将25个种源划分为五个明显的生长类群。同一类群内各种源间遗传差异小,不同类群间的种源遗传差异大。在福建南平地区应选择分属于不同类群内生长量大的种源,如9、12、C₃、B、18、16、3、17、4、14、13、10、C₄等种源。

关键词 黑荆树;地理种源;系统聚类

遗传距离是一种生物学距离,它是根据数量遗传学理论,运用多元统计分析方法,对数量性状遗传变异进行数值上的度量。遗传距离大小,反映出群体间遗传变异大小程度。遗传距离大,表明群体间遗传变异程度大,反之则小。通过对黑荆树25个地理种源遗传距离的分析,进一步探索各种源间的遗传差异,为筛选优良种源提供科学依据。

1 材料与方 法

供试材料为黑荆树25个地理种源。分别用阿拉伯数字1、2……19表示来自澳大利亚的种源,其中5、15表示澳方引自南非的种源。C₁、C₂……C₅表示来自中国云南、四川、浙江温州和江西赣州的种源,B表示来自巴西,CK来自福建南靖,见表1。采用随机区组设计,重复5次(r=5),每重复内每种源种植20株。分析数据系1990年4月对南平试验点四年生幼树调查所得各种源的树高、胸径、枝下高、干形、通直度、流胶和冻害程度等7个表型性状的材料。统计过程均通过计算机进行。统计数据以小区平均值为统计量,统计分析步骤及应用公式如下。

表1 参试种源的地理位置

代 号	种源号	纬 度 (°S)	经 度 (°E)	海拔高 (m)	种子产地
1	14394	36 45	149 40	80	澳大利亚
2	14927	38 00	147 00	100	澳大利亚
3	14725	35 12	149 32	760	澳大利亚
4	14770	36 39	149 35	260	澳大利亚
5	15087	30 25	150 51	932	南 非
6(CK)		24 25N	117 51	23.2	中国(南靖)
7	14769	35 29	149 16	670	澳大利亚
8	14397	38 08	150 05	75	澳大利亚
9	14925	37 12	144 28	500	澳大利亚
10	14922	35 15	149 38		澳大利亚
11	14416	37 28	147 15	200	澳大利亚
12	14398	36 20	150 13	40	澳大利亚
13	14926	37 20	147 45	300	澳大利亚
14	14924	36 55	149 54		澳大利亚
15	15088				南 非
16	14395	35 15	149 20	700	澳大利亚
17	14771	36 28	149 01	940	澳大利亚
18	14923	37 09	149 20	500	澳大利亚
19	14928	37 40	150 49	100	澳大利亚
C ₁		24 20N	103 20	1600	中国(云南)
C ₂		23 51N	105 10	1540	中国(云南)
C ₃		31 56N	107 14	690	中国(四川)
C ₄		28 01N	120 40	50	中国(温州)
C ₅		25 50N	114 50	123.8	中国(赣州)
B					巴 西

本文于1990年3月24日收到。

*黑荆地理种源试验系中澳合作(8458)项目的一部份研究内容。在试验期间得到中林院亚林所高传璧副研究员的大力支持;本文内业统计承蒙梁一涵讲师协助,在此一并致谢。

线性模式为: $X_{ijk} = g_{ij} + b_{jk} + (gb)_{ijk} + e_{ijk}$ ^[1]

式中, g_{ij} 为基因效应; b_{jk} 为区组效应; $(gb)_{ijk}$ = 基因型效应 × 区组效应; e_{ijk} 为随机误差。

按常规分析法, 求算各种源各性状的方差和协方差, 并用下列公式求算 i 个性状的基因型方差。

$$\hat{\sigma}_{g_i}^2 = \frac{V_{\theta_i} - V_{(\theta r)_i}}{r}$$

式中, V_{θ_i} 为第 i 个性状的表型方差;

$V_{(\theta r)_i}$ 为表型 × 重复的方差;

r 为重复数。

第 i, j 个性状基因型协方差估值为:

$$Cov_{g_{ij}} = \frac{Cov_{\theta_{ij}} - Cov_{(\theta r)_{ij}}}{r} \quad (i \neq j)$$

式中, $Cov_{\theta_{ij}}$ 为第 i, j 个性状的表型协方差;

$Cov_{(\theta r)_{ij}}$ 为第 i, j 个性状表型 × 重复的协方差。

根据第 i, j 个性状的基因型方差和基因型协方差计算出性状间基因型相关系数。

$$\gamma_{g_{ij}} = \frac{Cov_{g_{ij}}}{\sqrt{\sigma_{g_i}^2 \cdot \sigma_{g_j}^2}} \quad (1)$$

式中, $\sigma_{g_i}^2, \sigma_{g_j}^2$ 为第 i, j 个性状的基因型方差。

由此, 组成下列基因型相关矩阵。

$$R = \begin{bmatrix} \gamma_{11} & \gamma_{12} & \cdots & \gamma_{1n} \\ \gamma_{21} & \gamma_{22} & \cdots & \gamma_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \gamma_{n1} & \gamma_{n2} & \cdots & \gamma_{nn} \end{bmatrix}$$

用 Jacobi 法计算特征根(λ_i)和特征向量(L_i), 并求算主成分的累积贡献率。

各种源各性状的标准化基因型值为:

$$g'_{ij} = \left(\frac{1}{r} \sum X_{ijk} \right) / \sigma_{ij} \quad (2)$$

利用 g'_{ij} 计算新的综合指标值(即标准化主成分值):

$$\tilde{g}_{ij} = \frac{1}{\sqrt{\lambda_i}} l_j g_i = \frac{1}{\sqrt{\lambda_i}} \sum_{k=1}^n l_{kj} g_{ik} \quad (3)$$

根据公式 $D^2_{ij} = \sum_{k=1}^n (\tilde{g}_{ik} - \tilde{g}_{jk})^2$ 计算出第 i 个种源和第 j 个种源之间的遗传距离。聚类

时, 25个种源首先各自成一类, 共25类。每两个种源的遗传距离即为开始的类间距离, 然后将距离值最近的两类并成一类, 新类中原有两类到另一类的距离加权平均值定义为新类到此类的距离, 由此周而复始, 直至所有种源并在一起为止^[2]。

2 结果与分析

2.1 各种源间性状的差异

25个种源7个测定性状, 方差分析结果, 由表2可知: 各种源间枝下高、树高性状在0.05水平上显著差异, 其余性状差异不显著。表明各种源间在幼树阶段高生长、叶幕层厚度

表2 各性状方差分析

变异来源	自由度	均				方		
		未冻害	未弯曲	单干形	未流胶	枝下高	胸径	树高
区组	4	165.6563	72.7344	6852.891	63.7813	80.7681	531.25	730.4063
种源	24	72.8906	331.7214	640.323	159.3672	27.1714	353.6537	309.4479
机误	96	69.1602	210.39	635.5795	155.2923	16.2138	235.1602	188.1374
<i>F</i>		1.5654	1.5767	1.0075	1.0262	1.6758*	1.5039	1.6448*

注: $F_{0.05} = 1.63$, $F_{0.01} = 1.99$.

表3 各性状遗传参数

参数	未冻害	未弯曲	单干形	未流胶	枝下高	胸径	树高
遗传方差	0.7461	24.2663	0.9487	0.8150	2.1915	23.6987	24.2621
遗传变异系数(%)	0.8928	5.3998	1.4121	0.9964	11.4297	7.3430	7.2030
遗传率	0.0051	0.3658	0.0007	0.0256	0.4033	0.3351	0.3920

差异明显。在表3列举的各性状遗传参数中,各性状遗传变异系数,枝下高>胸径>树高。遗传率,枝下高>树高>胸径。

2.2 基因型相关矩阵

取种源间差异显著的枝下高、树高以及与树皮量相关紧密的胸径($r = 0.987$)等三个主要性状,根据公式(1)求得三个性状的表型相关和基因型相关矩阵。

$$R' = \begin{bmatrix} \text{性状} & \text{枝下高} & \text{胸径} & \text{树高} \\ \text{枝下高} & 1 & 0.2582 & 0.3820 \\ \text{胸径} & 0.7209 & 1 & 0.9164 \\ \text{树高} & 0.8181 & 0.9662 & 1 \end{bmatrix}$$

注:上三角为遗传相关矩阵,下三角为表型相关矩阵。

从相关矩阵中,各性状表型相关均比基因型相关来得大,表型相关往往掩盖了性状间在遗传本质上的某种联系,而且三个性状关系中共同趋势是:随枝下高增大,胸径随之增粗,树高也来得高;树高越高,胸径亦越粗。

2.3 遗传相关系数矩阵的特征根(λ_i)和特征向量(\vec{L}_{ij})

为探明各性状对综合指标的贡献大小以及各有关综合指标对总遗传方差贡献的百分率,用Jacobi法对基因型相关系数矩阵进行变换,计算其特征根(λ_i)和特征根累积贡献率以及各特征所对应的特征向量(\vec{L}_{ij}),结果见表4。从表4可知,以第一主成分量的特征根($\lambda_1 = 2.6743$)最大,其贡献率达0.8914,就是说,该主成分能包含总遗传信息的89.14%。同时,由于 \vec{L}_1 的各向量元素

表4 遗传相关系数矩阵的特征根和特征向量

特征根	λ_1	λ_2	λ_3
λ_i	2.6743	0.3047	0.0210
累积贡献率	0.8914	0.9930	1
特征向量	0.5453	0.8183	0.1815
\vec{L}_{ij}	0.5826	-0.5257	0.6198
	0.6027	-0.2322	-0.7635

分别为0.545 3、0.582 6、0.602 7是正值, 均产生正效应, 而且之间差异较小, 在特征向量中三性状的贡献较一致, 利用第一主成分方程就能将参试的种源依次序排序。

2.4 各种源第一主成分值

主成分值为各性状的综合育种指标, 以评价各种源各性状的综合水平, 可作为筛选和评定种源优劣的依据。根据公式(3)计算出各种源的第一主成分值, 见表5。表5得知, 25个种源第一主成分值的平均值(\bar{g}_i) = 12.880 8, 标准差 $S = 1.500 0$, 该平均值恰好与CK相似, 大于平均值(12.880 6)亦即 $>CK$ 的种源顺序有 9、12、 C_3 、B、18、16、3、17、4、14、13、10、 C_4 等13个种源。

表5 各种源第一主成分值

代 号	1	2	3	4	5	CK	7	8	9	10	11	12	13
主成分值	11.66	12.26	13.64	13.12	10.97	12.87	8.69	12.55	15.60	12.97	12.45	15.37	12.97
代 号	14	15	16	17	18	19	C_1	C_2	C_3	C_4	C_5	B	
主成分值	13.06	11.19	13.84	13.30	14.01	12.84	12.88	11.70	15.18	12.95	11.49	14.46	

2.5 各种源性状标准化基因值

由表6看出, 同一性状各种源基因效应值大小是不相同的, 反映出由遗传基础所产生的效应值大小的不同。三个性状中, 枝下高的基因型变异系数较大, $CV = 17.94\%$ 。胸径、树高两性状的基因型变异系数相对小些。

表6 各种源性状标准化基因值

代 号	1	2	3	4	5	CK	7	8	9	10	11	12	13	14
枝下高	7.30	6.49	6.49	8.51	7.84	8.38	5.81	8.78	12.43	8.92	7.84	10.81	8.92	10.27
胸 径	12.65	13.52	15.94	13.97	11.71	14.13	8.75	12.90	15.24	13.85	13.31	15.82	13.85	12.74
树 高	12.83	14.33	15.75	14.41	11.37	13.68	9.87	13.64	16.36	13.77	13.85	16.65	13.77	13.85
代 号	15	16	17	18	19	C_1	C_2	C_3	C_4	C_5	B	\bar{x}	S	CV
枝下高	7.84	8.65	8.65	10.54	8.38	7.70	9.19	9.86	11.35	7.70	10.13	8.75	1.57	17.94
胸 径	11.79	15.37	14.54	13.76	13.72	14.34	12.62	16.76	12.08	12.04	15.57	13.62	1.73	12.70
树 高	11.90	14.90	14.21	15.19	14.01	14.13	11.74	16.08	13.20	12.59	15.02	13.88	1.60	11.53

2.6 种源分类

第 i 个种源与第 j 个种源间的遗传距离(D^2_{ij})列表7, 根据25个种源间遗传距离(D^2_{ij})的大小, 通过欧氏最短距离法进行系统聚类, 见图1。结果表明, 在遗传距离为2、3的并类水平上, 25个种源明显地归并为五个生长类群。各类群内所含的种源及其综合性状平均值见表8。

表7 各种原圃的遗传距离 (D_{11}^2)

种源 代号	1	2	3	4	5	CK	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	B	C ₅	
2	7.4																									
3	34.9	10.37																								
4	2.14	7.2	29.93																							
5	5.85	26.37	69.21	10.55																						
CK	1.47	6.58	29.73	0.07	9.75																					
7	16.49	42.08	93.84	27.95	5.41	26.03																				
8	3.43	18.42	52.88	3.37	2.97	3.31	16.19																			
9	28.88	51.07	88.87	20.40	23.25	22.10	48.61	13.46																		
10	2.48	12.99	41.89	1.01	6.09	1.10	21.94	0.75	14.65																	
11	0.69	5.82	29.61	0.47	8.8	0.18	23.27	3.54	25.21	1.54																
12	14.07	20.22	40.81	5.55	22.34	6.84	49.39	9.04	9.48	5.82	9.21															
13	2.48	12.99	41.89	1.01	6.09	1.10	21.94	0.75	14.65	0	1.54	5.82														
14	17.16	43.63	89.89	16.14	6.88	16.57	20.42	5.43	6.52	9.16	17.61	16.31	9.16													
15	4.29	22.95	63.42	8.26	0.14	7.55	6.84	1.98	22.13	4.47	6.73	19.48	4.47	7.04												
16	6.86	3.98	16.94	2.30	22.45	2.61	44.35	11.15	29.2	6.17	3.37	6.49	6.17	29.26	19.05											
17	2.81	6.27	26.99	0.10	12.68	0.23	31.11	4.58	21.61	1.68	0.73	5.23	1.68	18.37	10.16	1.45										
18	13.11	32.39	69.38	9.05	9.44	9.86	28.33	3.42	3.34	4.62	11.49	6.56	4.62	2.21	8.48	17.75	10.35									
19	1.39	7.88	32.58	0.12	8.46	0.07	24.39	2.45	20.37	0.64	0.27	6.65	0.64	14.58	6.42	3.38	0.43	8.50								
C ₁	3.88	1.61	16.68	2.12	18.59	1.92	36.16	10.2	34.55	5.89	1.87	10.78	5.89	29.75	15.56	0.94	1.55	19.85	2.69							
C ₂	14.24	41.64	90.93	17.15	2.66	16.87	10.12	5.33	15.22	10.02	16.77	23.60	10.02	1.86	3.35	31.89	19.79	6.36	14.87	29.73						
C ₃	14.54	9.96	19.08	6.09	32.10	7.07	60.12	16.55	26.53	10.40	8.94	4.29	10.40	33.39	28.08	1.79	4.75	19.30	7.93	5.31	39.65					
C ₄	42.64	82.53	143.63	42.52	20.61	43.14	31.41	22.97	14.57	30.55	44.53	39.67	30.55	6.27	22.32	62.48	46.10	14.40	39.87	63.25	8.46	67.64				
B	8.06	14.84	37.48	2.17	15.45	2.98	38.40	4.91	11.25	2.34	4.59	0.84	2.34	13.49	12.94	4.20	2.13	5.28	2.79	6.72	18.28	4.44	37.06			
C ₅	1.70	16.15	51.58	4.64	1.32	4.01	10.03	1.23	22.51	2.37	3.31	15.54	2.37	9.28	0.62	13.05	6.05	8.50	3.26	9.99	6.21	21.26	28.25	9.42		

表 8 种源类群及各类群综合性状平均值

类 群	I	II	III	IV	V
综合性状平均值	13.248	11.763	14.805	12.95	13.64
种源代号	1, 4, CK, 19, 17, 11, 8, 10, 13, 2, 16, C ₁ , 12, 8, C ₃	5, 15, C ₅ , 14, C ₂ , 7	9, 18	C ₄	3

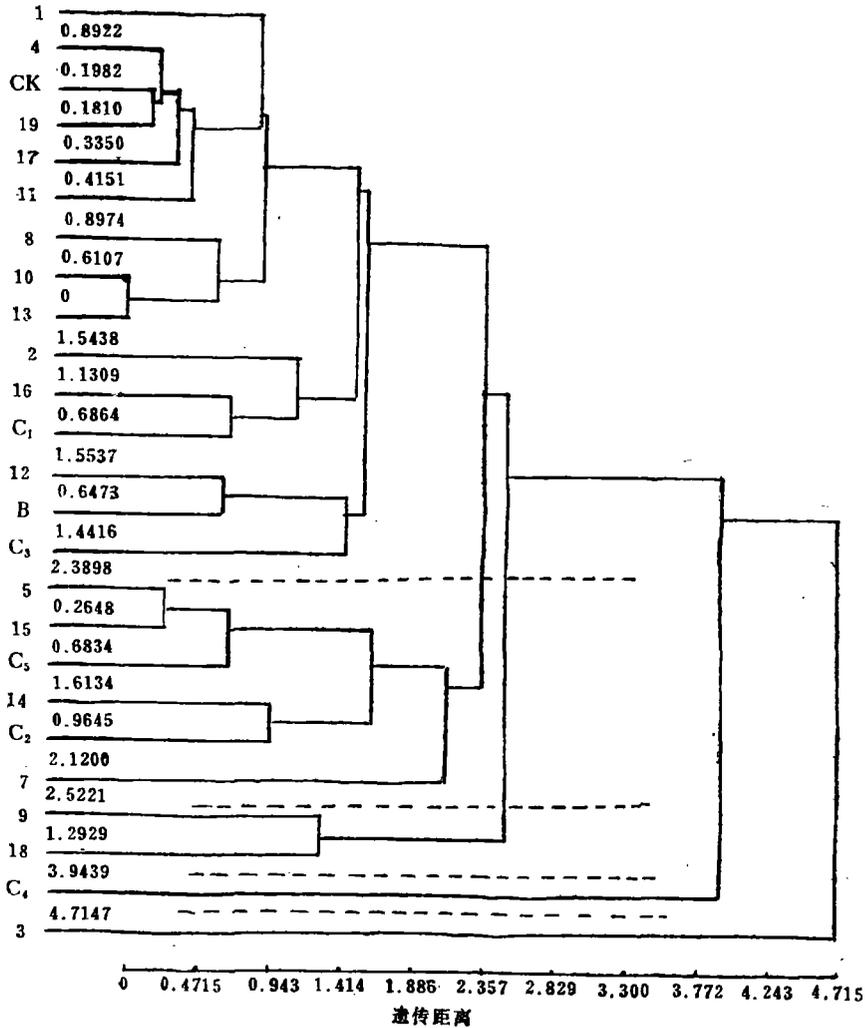


图 1 黑荆树地理种源遗传距离欧氏聚类谱系图
(种源号所代表种源可参见表 1)

3 讨论和小结

(1) 黑荆树各地理种源遗传距离大小是不同的。按欧氏最短距离法聚类, 将 25 个种源区分为五个生长类群。类群内各种源间遗传距离小, 不同类群间的遗传距离大, 即遗传变异大。

选择分属于不同类群、遗传距离较大、生长量大的种源，建立采种林分或种子园，可获得较大的增益。

(2) 主成分测定表明，第一主成分的特征根(λ_1)最大，贡献率为89.14%，基本上能反映出各种源各性状的综合水平，并可以此作为评价各种源优劣的依据。25个种源第一主成分平均值为12.8808，其平均值恰好与CK种源主成分值12.87相近。大于此平均值(亦即>CK)的种源有9、12、C₃、B、18、16、3、17、4、14、13、10、C₄等13个种源。这13个种源可在南平地区气候条件下作为进一步选种材料。

参 考 文 献

- [1] 刘来福, 1979, 作物数量性状遗传距离及其测定, 遗传学报, 6(3): 349~355。
 [2] 梁一池等, 1987, 侧柏地理种源遗传距离的初步研究, 福建林学院学报, 6(2): 57~66。

*The Analysis on Genetic Distance of 25 Geographical Provenances of *Acacia mearnsii**

Zhang Qinghua Huang Wenluan
 (Fujian Forestry College)

Zhang Yi
 (Fujian Sanming Forestry School)

Abstract This paper calculated with Lin method the standard genetic distance of 25 geographical provenances of *Acacia mearnsii* from abroad and at home, and divided them into 5 growth groups through O shortest distance cluster and drew the systemetic cluster pedigree figures. The genetic differences are small in the same group and great between various groups. The geographical provenances of high growth in various groups should selected in Nanping District, for example, 9, 12, C₃, B, 18, 16, 3, 17, 4, 14, 13, 10, C₄, etc.

Key words *Acacia mearnsii*; geographical provenance; systematic cluster