

大岗山地区杉木优良种源选择研究*

郑义和

梁一池

(中国林业科学研究院
亚热带林业实验中心)

(福建林学院)

摘要 收集全国13个省(区)、183个产地的种源,按BIB设计进行杉木种源试验。结果表明:①杉木不同种源在树高、胸径、材积三个性状上都存在显著差异,生长快的种源比生长慢的种源树高大46%,胸径大55%,材积大2.16倍;②多性状主成分遗传距离综合评价,将参试种源分为四类,即速生、中等、慢生、极慢生。其中速生种源12个,大都集中在贵州东南和广西西北部的融江流域以及福建中北部的闽江上游流域;③杉木种源树高、胸径、材积三个性状具中上遗传力, h^2_p 为0.7216~0.7299,三个生长性状的基因型方差分量占总变异的11.3%~13.3%。

关键词 杉木;种源选择;遗传增益;主成分遗传距离;聚类分析

杉木[Cunninghamia lanceolata (Lamb.) Hook]是我国亚热带地区主要造林树种,分布广阔,栽培历史悠久。在长期自然演替过程中和生态地理区域隔离状态下,不同杉木种源存在不同程度的变异^[1]。为了揭示不同环境条件物种的生态分化和遗传变异模式与幅度,探索种内不同基因型与环境相互作用的规律,进而从中选择优良种源,为确定种子调拨区划提供科学依据。

“全国杉木地理种源试验”是中国林科院林业研究所主持的国家“六五”、“七五”科技攻关项目,本优良种源选择是在总的方案布局下,经过十余年连续试验研究,现将试验结果整理如后。

1 试验地概况

试验地设在江西大岗山年珠实验林场场部后山,海拔280 m,成土母质为砂页岩,土壤为红黄壤,立地指数14~16。平均气温为16.8℃,日最高气温为39.9℃,最低气温为-8.3℃,年平均降水量为1950.9 mm,多集中在3~6月,无霜期252天。

2 材料和方法

供试材料来自全国13个省(区),按经纬度以“网格法”布点,收集183个产地的种源。1980年育苗,1981年春造林,采用平衡不完全区组设计,183个区组,14个重复,每区组14个小区,

本文于1991年5月20日收到。

* 本项研究属国家攻关项目。本文承蒙中国林科院研究员洪碧生审阅,参加研究的还有高工吴士侠、亚热带林业实验中心梅生、兰树荣等。

每小区4株, 2m×2m株行距。试验地还设气象观测站一处, 进行常年气象观测。

种源苗期试验已发表专题论文¹⁾, 五年观测生长性状、抗性(病、虫、寒害)、物候、生长节律等研究另有专文报道²⁾。

本文主要以1989年测定的树高、胸径、材积三个主要生长性状, 包括苗龄十年材料为据, 多层次地进行方差分析, 主成分遗传距离分析, 系统聚类基础上综合选择优良种源。

材积按部颁标准 LY 208-77^[2]中杉木二元材积表计算。

$$V = 0.000\ 058\ 777\ 042 \times D_{1.3}^{1.989\ 983\ 1} \times H^{0.898\ 461\ 57}$$

BIB 设计的方差分析模式见表 1。

表 1 方差分析模式^[3~5]

变异来源	自由度	平方和	均方	F 值	期望均方
区组	$df_b = b - 1$	$SS_b = \frac{1}{K} \sum (T_j \beta)^2 - C$	$MS_b = SS_b / df_b$	MS_b / MS_e	$\sigma_e^2 + t\sigma_b^2$
处理	$df_t = t - 1$	$SS_t = \frac{1}{Kt} \sum^2 T_j$	$MS_t = SS_t / df_t$	MS_t / MS_e	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$
机误	$df_e = df_T - df_b - df_t$	$SS_e = SS_T - SS_b - SS_t$	$MS_e = SS_T - SS_b - SS_t$		σ_e^2
总和	$df_T = t_r - 1$	$SS_T = \sum X_{ij}^2 - C$			

种源遗传力、遗传增益估量参考孔繁浩^[6]、G·Namkoong 和 J·Wright^[7]等人的模式。

$$\text{种源遗传力 } h^2_p = r\sigma_g^2 / \sigma_e^2 + r\sigma^2;$$

$$\text{遗传增益(\%)} \Delta G = s \cdot h_p^2 / \bar{x} \times 100 \%$$

上式中: s = 遗传差, 即参试种源平均值与当地对照的离差; \bar{x} = 对照平均值。

采用主成分遗传距离分析研究杉木种源间的遗传变异^[8~10], 并进行多性状综合评价与分类, 其简要过程如下:

以1989年调查的胸径、树高、材积三个生长性状的小区平均值为据, 其线性模式为:

$$x_{ijk} = g_{ij} + r_{jk} + (gr)_{ijk} + e_{ijk}$$

式中: g_{ij} = 基因型效应; r_{jk} = 重复;

$(gr)_{ijk}$ = 基因型×重复的互作效应; e_{ijk} = 机误效应;

计算第 i 、 j 两个性状的协方差, 分析其模式见表 2。

表 2 协方差分析模型

变异来源	自由度	协方差	协方差期望值
重 复	$r - 1$	C_{rtj}	
基 因 型	$t - 1$	C_{tij}	$COV_{etj} + rCOV_{gij}$
基因型×重复(机误)	$(r-1)(t-1)$	$C_{(tr)ij}$	COV_{etj}
总 的	$rt - 1$		

用下式计算第 i 个性状的基因型方差 $\hat{\sigma}_{gi}^2 = \frac{V_{ti} - V_{(t:r)i}}{r}$

1) “杉木种源苗期性状变异及种源区初步划分”, 1984, 全国杉木种源试验研究报告选编(一)。

2) “杉木种源试验幼林期研究报告”, 1987, 大岗山林业科技, 创刊号。

第 i 、 j 个性状基因型协方差估值 $COV_{gij} = \frac{C_{pij} - C_{(t..)ii}}{r}$ ($i \neq j$)

根据第 i 、 j 个性状的基因型方差和基因型协方差计算性状间遗传相关系数

$$r_{gij} = \frac{COV_{gij}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gi}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gj}^2}} \quad (1)$$

构成遗传相关矩阵，用 Jacobi 法计算遗传相关矩阵的特征根 (λ_i) 和特征向量 (\vec{L}_{ij})，并求出累计贡献率 90% 以上的遗传主成分。

计算各种源各性状的标准化基因型值：

$$g'_{ijk} = \left(\frac{1}{r} \sum x_{ijk} \right) / \sigma_{ik} \quad (i = 1, 2, \dots, p) \quad (2)$$

利用 g' 计算新的遗传综合评价指标值：

$$\tilde{g}_{ij} = \frac{1}{\sqrt{\lambda_i}} \cdot \vec{L}_j \cdot \vec{g}_i = \frac{1}{\sqrt{\lambda_i}} \sum_{k=1}^{n'} L_{ki} g_{ik} \quad (j = 1, 2, \dots, n') \quad (3)$$

用马氏距离 (Mahalanobis) 进行系统聚类，将参试种源综合归并为若干类，将遗传主成分得分值高的类群作为遗传性优良种源。

3 结果与分析

三个生长性状方差分析结果见表 3。

表 3 方差分析及其参数

项 目	自 由 度	性 状			
		树 高	胸 径	材 积	
均 方	区 组	182	7.303 7	13.603 5	0.002 44
	种 源	182	3.557 4	10.991 1	0.001 77
	机 误	2 181	0.990 4	2.968 9	0.000 49
F 值			3.591 9***	3.702 1***	3.614 2***
方差分量	重 复		27.8	17.7	19.4
(%)	种 源		11.3	13.3	12.7
	机 误		60.9	69.0	67.9
群 体 平 均 值			9.394 5	12.319 7	0.065 25
遗 传 方 差			0.183 4	0.573 0	0.000 091 42
遗 传 变 异 系 数			4.56	6.14	14.65
遗 传 参 数	表 型 方 差		1.173 8	3.541 9	0.000 581 07
	表 型 变 异 系 数		11.53	15.28	36.94
	种 源 遗 传 力		0.721 6	0.729 9	0.723 3
极 值	极 大 值		10.5 m	14.18 cm	0.092 7 m ³
	极 小 值		7.2 m	9.14 cm	0.029 3 m ³

注： $F_{0.05}(182, 2181) = 1.19^*$ ， $F_{0.01} = 1.27^{**}$ ， $F_{0.001} = 1.39^{***}$ 。

结果表明：①三个生长性状种源间方差均大于机误方差， F 值均达极显著水平，说明参试的183个杉木种源，存在有生长快和生长慢的种源，从中进行选择可以获得较好的效果。②从极值上看，生长最快的种源比生长最慢的种源，树高为1.46倍、胸径为1.55倍、材积为3.16倍，也反映选择的明显效果。③基因型(种源)的方差分量三个性状为11.3%~13.3%，重复分量占总变异的17.7%~27.8%，机误为60.9%~69.0%，这反映了杉木生长上的差异，不仅受遗传性的制约，而且也受环境的影响。环境方差分量也占较大比例，这也说明选择出优良种源还要选择好的立地和良好的营林措施，才能得到较高的生产力。④杉木种源树高、胸径、材积三个性状具有中上遗传力， h_p^2 为0.7216~0.7299，表型变异系数均高于遗传变异系数，三个性状中材积的遗传变异系数>胸径的>树高的变异系数。

根据公式(1)又得到一个三阶遗传相关系数矩阵：

$$R' = \begin{pmatrix} & \text{树 高} & \text{胸 径} & \text{材 积} \\ \text{树高} & 1 & 0.8394 & 0.8706 \\ \text{胸径} & 0.9714 & 1 & 0.9704 \\ \text{材积} & 0.9725 & 0.9947 & 1 \end{pmatrix}$$

(注：下三角阵为遗传相关系数，上三角阵为表型相关系数)。

可见三个性状遗传相关极端密切，遗传相关系数均大于表型相关系数。

用Jacobi法对基因型相关系数矩阵进行多次正交变换，从而得到一个单位矩阵，计算结果列入表4。

表4 遗传相关系数矩阵的特征根及其向量

特 征 根	λ_1	λ_2	λ_3	分 量 来 源
λ_i	2.9591	0.0356	0.0053	
累积贡献率(%)	98.64	99.82	100	
特征向量	0.57435	0.81844	0.01649	树 高
\vec{L}_i	0.57874	-0.42022	0.69891	胸 径
	0.57894	-0.39188	-0.71502	材 积

各特征根大小，反映各综合指标遗传方差的大小，各特征根累积百分率分别代表各有关综合指标，对总遗传方差贡献的百分率，特征向量则表示各性状对综合指标的贡献大小。

表4中的三个特征根，第一特征根已占总遗传方差的98.64%，因而选用第一主成分，其特征方程为：

$$L_1 = 0.57435H + 0.57874D_{13} + 0.57894V$$

第一主成分各向量值均为正值，亦即均产生正效应，而且差异极小，说明各性状对综合指标的贡献基本相同。

用公式(2)计算出各种源各性状基因型值，用(3)式计算第一主成分得分值均因篇幅所限未能列出。用马氏距离进行聚类分析，将183个种源分为四类，其中综合得分值最高类群的种源12个，评为优良种源，其生产量和遗传增益见表5。

表5 优良种源各性状指标

名次	种源名	树高 (m)	遗传增益 (%)	胸径 (cm)	遗传增益 (%)	材积 (m ³)	遗传增益 (%)	得分值
1	广西容县	10.50	7.21	14.11	5.16	0.090 2	15.51	17.631 3
2	贵州黎平	10.43	6.72	14.02	4.62	0.092 1	17.67	17.609 7
3	福建三明	10.30	5.66	14.18	5.59	0.092 7	18.34	17.595 7
4	福建大田	10.13	4.36	14.10	5.10	0.089 5	14.79	17.314 9
5	贵州榕江	10.45	6.86	13.65	2.44	0.087 0	12.05	17.281 4
6	贵州三都	10.10	4.15	14.14	5.35	0.088 0	13.15	17.259 4
7	广东始兴	10.23	5.15	13.88	3.78	0.087 0	11.98	17.206 6
8	福建崇安	10.14	4.49	13.87	3.74	0.087 7	12.79	17.161 7
9	福建顺昌	10.05	3.78	13.90	3.91	0.085 1	9.87	17.009 8
10	广西三江	10.22	5.04	13.67	2.52	0.084 1	8.76	16.997 9
11	桂融四柴	10.08	3.96	13.70	2.73	0.084 9	9.69	16.934 1
12	福建将乐	10.25	5.31	13.37	0.80	0.082 6	7.14	16.844 5
平	均	10.24	5.22	13.88	3.81	0.087 6	12.65	

4 结语和讨论

(1) 杉木不同种源在树高、胸径、材积上存在极显著差异, 生长快的种源比生长慢的种源, 树高大46%, 胸径大55%, 材积大2.16倍, 说明从中进行选择可以取得明显的效果。

(2) 用多性状主成分遗传距离综合评价, 将参试的183个种源分为四类, 其中第一类为主成分综合得分值最高的类群, 包括有12个种源, 评定为优良种源, 与当地对照相比, 树高、胸径、材积的遗传增益分别为5.22%, 3.81%和12.65%。

(3) 推广这12个杉木优良种源其效果十分明显, 以材积遗传增益12.65%计算, 预计每亩苗蓄积达14.63~17.52 m³, 每亩产值约为7 500元, 新余市有34万亩宜林荒山, 推广10万亩, 总产值可达7亿元以上。

(4) 杉木种源树高、胸径、材积三个性状具中上遗传力, h_p^2 为0.721 6~0.729 9, 其表型变异系数高于遗传变异系数; 材积遗传变异系数>胸径的>树高的变异系数。

(5) 杉木种源三个生长性状的基因型方差分量占总变异的11.3%~13.3%, 重复占17.7%~27.8%, 机误占60.9%~69.0%, 反映了杉木种源生长上的差异不仅受遗传性制约, 还受环境的影响, 必须采用良种良法, 才能取得最高的生产力。

(6) 12个优良种源, 主要集中在贵州东南和广西西北部的融江流域以及福建中北部的闽江上游流域, 与大协作组试验结果相一致, 属南山全山地种源区。

(7) 本研究采用主成分遗传距离聚类分析, 通过正交变换, 将错综复杂的性状相关关系转变为互为独立的线性关系, 据计算第一主成分已占总遗传方差的98.64%, 选用前一变量就可得到大部分信息。

(8) 把表型方差剖分为遗传方差、环境方差, 以遗传相关系数矩阵进行主成分聚类, 选择建立在基因型优良的基础上, 这样选择的结果更为准确可靠。

参 考 文 献

- [1] 郑义和等, 1987, 杉木种源试验幼林期研究报告, 大岗山林业科技, 1。
 [2] 中华人民共和国农林部颁标准 LY 208-77, 1978年。
 [3] 北京林学院, 1980, 数理统计, 中国林业出版社。
 [4] 中国科学院数学研究所概率统计室, 1981, 常用数理统计用表, 科学出版社。
 [5] 莫惠栋, 1984, 农业试验设计, 上海科技出版社。
 [6] 孔繁浩, 1988, 森林数量遗传学, 北京林业大学讲习班教材。
 [7] J. Wright, 1980(郭锡昌译, 1981), 森林遗传学, 中国林业出版社。
 [8] 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。
 [9] 刘垂环, 1981, 作物性状的遗传距离, 安徽农业科学, 增刊: 93~109。
 [10] 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, 7(2): 55~66。

*A Study on the Provenance Selection of Chinese Fir
in the Dagangshan Region*

Zheng Yihe

(The Experimental Centre of Subtropical Forestry CAF)

Liang Yichi

(Fujian Forestry College)

Abstract Based on 183 provenances selected from 13 provinces and regions, according to the BIB design of Chinese Fir provenance test, a variance analysis has been made on the height, diameter breast-height, and volume to show that: ① a marked difference exists in the growth characteristics of the height, the D. B. H and the volume with a result that the quicker growth provenance Chinese Fir is 46% higher, 55% bigger in D. B. H. and 2.16 times larger in volume than the slower one; ② by way of a comprehensive praisal made on the various characteristics of the genetics distance, the provenances have been classified into 4 types, i.e. the fastest growth, the moderate, the slower and the slowest, of which the 12 fastest ones have the genetics gains of 5.22% in H, of 3.81% in D. B. H. and 12.65% in V as compared with CK, there being a noted tendency that the 12 fastest provenances are centred mainly on Rongjian River valley, southeast of Guizhou Province and northwest of Guangxi Province, and the upper reaches of Minjian River valley, Fujian Province; ③ the provenances are of better heritability of 0.7216~0.7299, in H, D. B. H. and V, whose phenotype C. V. is larger than genotype C. V.; the volume genotype C. V. is larger than D. B. H. one, with the latter larger than the height C. V.; of 3 growth characteristics, the genetics variance components account for 11.3%~13.3% in the total variation, replication ones 17.7%~27.8%, and error ones 60.9%~69.0%.

Key words *Cunninghamia lanceolata*; provenance selection; genetics gain; genetics distance; cluster analysis