第6卷 第5期
1993年10月

林业科学研究
FOREST RESEARCH

Vol.6, No.5
Oct., 1993

湿地松子代测定中合适家系大小及小区大小的探讨*

赵奋成 李宪政 何礼华 陈孝英

关键词 湿地松、子代测定、家系大小、小区大小

子代测定的主要目的是评价亲本的遗传品质，估计遗传参数以及为高世代育种提供材料等。田间设计的合理与否关系到试验结果的准确性。目前，国外有关田间设计的研究表明，在亲本排序方面，小区大小的效率因研究性状、林龄的不同而异，Conkle[1]与Correll等[2]发现，林分中林木间发生激烈竞争之前，单株小区最为有效，而后是多株小区。Wright等[3]则认为，即使在郁闭林分中，单株小区仍然最佳。Johnstone等[4]发现，以树高作为研究对象，合适的小区大小是1株和4株，对于直径，所有的小区大小效果等同。在估计遗传参数有效性方面，McCutchan等[5]进行了较全面、深入的探讨，认为单株小区能够有效地估计性状的单株狭义遗传力，而最适的家系大小与性状的遗传力有关，遗传力愈小，要求的家系容量愈大。然而，针对我国南方山地多变的条件，有关子代测定的田间试验设计在这方面的研究文献不多。本文通过利用一批湿地松单亲本子代树高、胸径材料，就家系排序和遗传参数估值与田间设计的小区大小和家系大小的关系展开探讨，以期为今后拟定合理的田间设计方案提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料来源

研究材料为1986年栽植于江西长埠林场(27°52′N，114°45′E)和浙江长乐林场(30°15′N，119°58′E)的湿地松自由授粉子代试验林。两点试验材料一致，均为14个家系和2个对照。采用随机化完全区组设计，4株单行小区，12次重复，株行距3.0 m×2.5 m。

用于分析的数据为子代林5年生时的树高、胸径值。长埠、长乐两点林分保存率分别为88.5%和86.5%。

1.2 研究路线

分别按单地点和两地点材料合并进行分析。研究内容：①合适的家系大小——每家系抽取10、20、30、40以及48株树木，以估算各种抽样策略的家系遗传力和家系秩次相关系数，

1992—11—19收稿。

赵奋成工程师，李宪政(广东省林业科学研究所 广州 510520)；何礼华，陈孝英(中国林业科学研究院亚热带林业研究所)。

*江西大岗山长埠林场赖发兴、何草根、姚志刚、钟秀梅和浙江余杭长乐林场叶青、王海华参加子代林外业调查，谨此一并致谢。

分析家系秩次相关系数和遗传力值随家系大小的变化趋势；②合适的小区大小——在家系大小为12、24、36株的前提下，按单株、2株、3株、4株小区估计家系遗传力和家系秩次相关系数，比较一定家系大小下，不同小区大小在估计家系秩次和遗传力值方面的差异。

每家系10、20、30、40株树木的抽样设计如下：

10株/家系：①10个区组，单株小区；②5个区组，2株小区。

20株/家系：①10个区组，2株小区；②5个区组，4株小区。

30株/家系：①10个区组，3株小区。

40株/家系：①10个区组，4株小区。

家系大小为12、24、36株的前提下，小区大小与区组数的配合是：

12株/家系：①单株小区，12个区组；②2株小区，6个区组；③3株小区，4个区组；④4株小区，3个区组。

24株/家系：①2株小区，12个区组；②3株小区，8个区组；③4株小区，6个区组。

36株/家系：①3株小区，12个区组；②4株小区，9个区组。

参加分析的区组和区组内小区的树木的选择均为随机的，且重复抽样两次。

1.3 统计分析

1.3.1 *方差分析与家系遗传力(h_f^2)* 以小区平均值为基础进行分析。单地点和两地点材料的方差分析均按莫惠栋[6]介绍的方法。

家系遗传力的计算，采用简便公式1)：$h_f^2=1-1/F$。单地点材料，$F=MS_f/MS_e$；两地点材料，$F=MS_f/MS_{fe}$。式中，MS_f、MS_{fe}、MS_e分别为方差分析中的家系均方、家系与地点互作均方和误差均方。

1.3.2 Spearman 秩次相关系数(R_s)[7] $R_s=1-6\Sigma d_i^2/(n+1)(n-1)n$。式中，$d_i$为一家系在某种抽样方案中估计的家系树高(或胸径)秩次与原设计时家系树高(或胸径)秩次之差；n为家系数。

2 结果与分析

2.1 单地点分析

2.1.1 *家系大小对家系秩次和遗传力的影响* 分别利用家系大小为10、20、30、40株树木的树高、胸径值估计家系树高、胸径秩次相关系数，以及利用家系大小为10、20、30、40和48株树木的观测值估计家系遗传力，结果如图1、2。图中各种家系株数的秩次相关系数和遗传力均为相应抽样方案(见材料与方法1.2节)估值的总平均。

由图1可见，地点间、性状间家系秩次相关系数随株数变化的发展趋势基本一致。在家系株数达30株之前，秩次相关系数随株数增加而明显增大，每家系30和40株树木估计的相关值均达极显著水平。

地点内，树高和胸径的家系遗传力随株数变化的趋势一致(图2)。长乐点的情况是，抽样株数愈大，遗传力估值也愈大，且愈接近于利用原设计材料获得的估值(简称原值，下同)，在家系株数达30株之后，各种估值与原值差异明显减少；长埠点的情况稍异，家系大小在30

1) 孔繁浩．森林数量遗传学．北京林业大学林木遗传教研室(油印本)，1988．

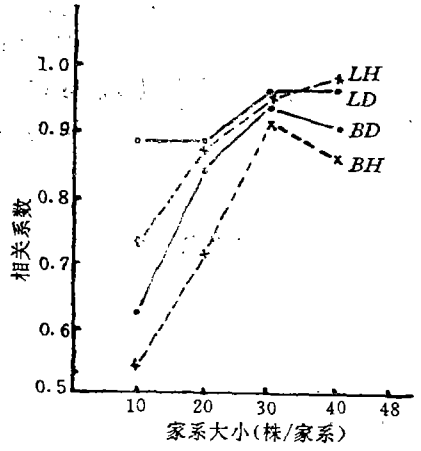

图1　家系大小与家系秩次相关系数的关系
（LH、LD为长乐点的树高、胸径，BH、BD为长埠点树高、胸径。下同）

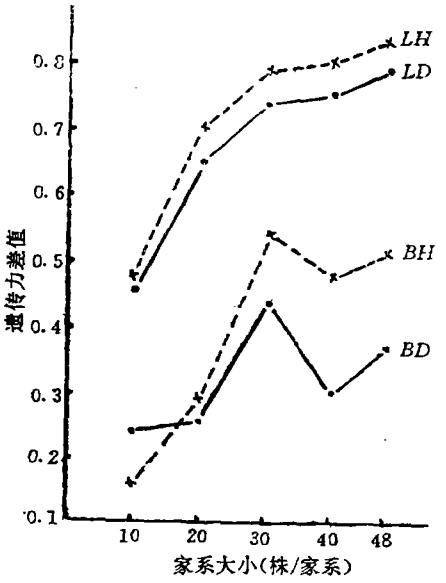

图2　家系大小与家系遗传力的关系（遗传力差值指各种家系大小、小区大小估计的家系遗传力值与原值之差。下同）

株之前，遗传力值随株数增加逐渐增大，在30株时达到最大，而后变小。总的来说，每家系30、40株树木估计的遗传力值与原值较为接近。

两方面的分析结果均表明，为取得家系秩次和家系遗传力的可靠估值，家系大小应大于或等于30株。

2.1.2　小区大小与家系秩次和遗传力值的关系　在秩次相关系数方面（图3），家系大小等于12时，长乐点最适的小区大小，对于树高是2株，对于胸径是单株；而长埠点树高、胸径的最适小区大小分别为4株和3株。但在家系大小为24、36株时，多数是2、3株小区优于

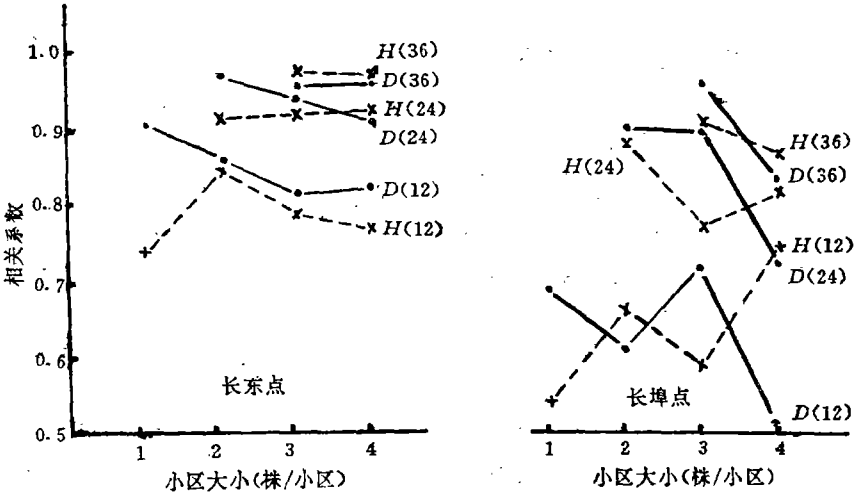

图3　小区大小与家系秩次相关系数的关系
（图中H、D分别指树高、胸径，12、24、36分别为家系大小。下同）

4株小区。从图3中还可看到，小区大小对家系秩次的影响在家系大小为24和36株时相对减小，尤以在长乐点较明显。

考虑小区大小对家系遗传力估值准确性的影响可知(图4)，在家系株数较少(12株)时，在长乐点，单株小区材料估计的树高、胸径遗传力与原值的离差最大，以2、3株小区的估值较为接近原值；在长埠点，则以单株或2株小区的估值与原值差异较小。在每家系24、36株树木的情况下，多数均以2、3株小区较优。较大家系估计的遗传力值在不同小区大小间的差异较小。

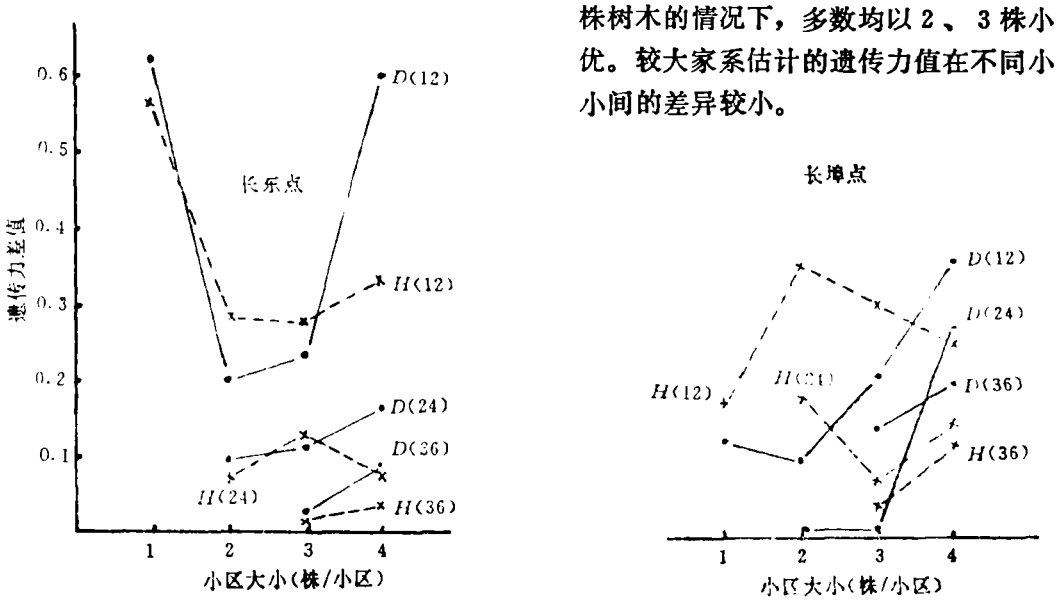

图4 小区大小与家系遗传力的关系

2.2 两地点合并分析

家系秩次相关系数、遗传力随家系大小的变化如图5，随小区大小的变化如图6、7。

图5清楚地反映出，家系秩次相关系数随家系株数的增大而增大，但差异很小；对于家系遗传力而言，家系大小为30株是转折点，家系株数少于30株时，遗传力值变化很大，当株数达到30甚至更多时则接近于原值。

在家系株数少的情况下，单株、2株小区最有利于估计家系秩次，而家系株数在24、36株时，2～4株小区均能够可靠地提供家系秩次(图6)。

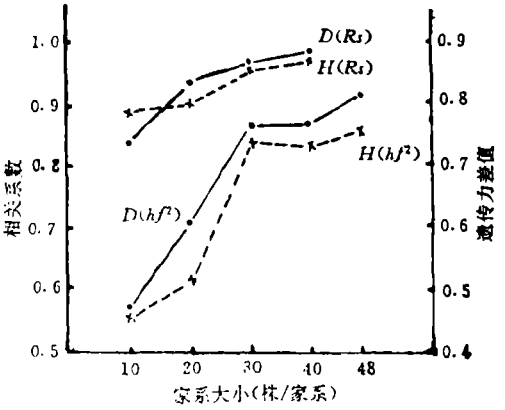

图5 家系大小与家系秩次相关系数(R_s)和家系遗传力(h_f^2)的关系

从家系遗传力随小区株数的变化情况来看(图7)，最适的小区大小为3株小区。在家系株数为12时，4种小区大小估计的遗传力值均与原值偏差较大，但在较大的家系株数中，3株小区的估值总是与原值最接近，差值不足0.04。从图7中同样可以发现，随着家系株数的增大，各种小区大小估计的遗传力值与原值的差异逐渐缩小。

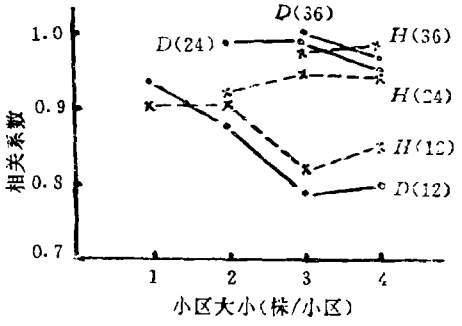

图6　小区大小与家系秩次相关系数的关系

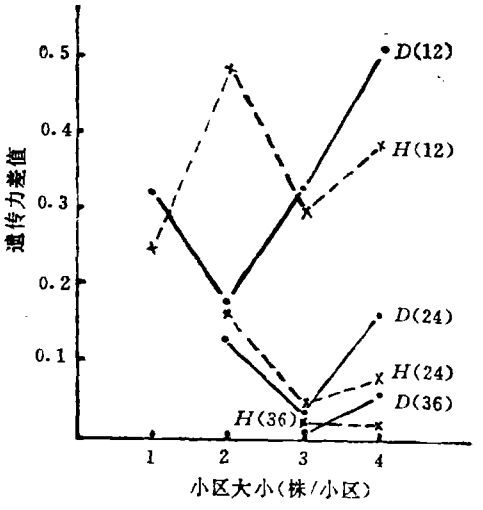

图7　小区大小与家系遗传力的关系

3　小结与讨论

(1) 为了可靠地反映家系的遗传品质以及估计遗传参数，湿地松子代测定要求每家系株数不少于30株。

(2) 用于估计理想的家系秩次和遗传力值的小区大小，因试点和家系大小的不同而异。研究中发现，抽样株数较大(每家系24或36株)时，2、3株小区材料的估计结果稍优。

(3) 本文提出的合适的家系大小较Cotterill等[8]推荐的稍大，对小区大小的研究结果亦不赞成采用单株小区。这除了试验材料、立地差异外，另一个重要原因可能是对研究材料的抽样方法不同。本研究的抽样方法是根据指定的家系株数、区组数和小区大小作不重复的随机抽样，抽样次数等于指定的家系大小，即使抽中的株号对应的树木缺失，亦不重新抽取。由于这种抽样方法考虑到田间试验中不可避免的缺株现象，因此，结论可能会较符合实际。

(4) 一般情况下，子代测定中要求的家系大小为40～60株，McCutchan等[5]的研究结果亦表明，即使在研究性状的遗传力极小，仅为0.02时，家系大小亦仅需40株。从本文的图1、2和图5中亦可看出，家系秩次相关系数和遗传力在家系株数达到30株后趋于稳定。因此，本研究材料中，每家系48株树木所反映的家系遗传特性可望接近真值。

参考文献

1 Conkle M T. The determination of experimental plot size and shape in loblolly and slash pine. Tech. Rep. 17. North Carolina State College. Raleigh, 1963. 51.

2 Correll R L, Cellier K M. Effects of plot size, block size and buffer rows on the precision of forestry trials. Aust. For. Res., 1987, 17:11～18.

3 Wright J W, Freeland F D. Plot size and experimental efficiency in forest genetic research. Michigan State Univ. Dep. For. Tech. Bull., 1960, (250): 3～28.

4 Johnstone R C B, Samuel C J A. Experimental design for forest tree progeny tests with particular reference to plot size and shape. in proc. IUFRO, Joint meet. of working parties on population genetics breeding theory and progeny testing, 1974, 357～376.

5 McCutchan B G, Namkoong G, Giesbrecht F G, Design efficiencies with planned and unplan-

ned unbalance for estimating heritability in forestry. Forest Science, 1989, 35(3):801~815.
6 莫惠栋. 农业试验统计. 上海：科学技术出版社，1984.
7 斯蒂尔 R G D，托里 J H(杨纪珂，孙长鸣译). 数理统计的原理和方法. 科学出版社，1979.
8 Cotterill P P, James J W. Number of offspring and plot sizes required for progeny testing. Silvae Genetica, 1984, 33(6):203~209.

The Study of Suitable Family Sizes and Plot Sizes in Progeny Testing of Pinus elliottii

Zhao Fencheng Li Xianzhen He Lihua Chen Xiaoying

Abstract Two progeny testing plantations which contained the same open-pollinated progenies of slash pine (*Pinus elliottii*) were established. These two plantations were of randomized and complete block design, 48 offspring per family and 4-tree plot. Height and diameter at breast height were measured in the 5-year-old progeny test stands, and these data were used to analyze the relationship between families (or parents) ranking or family heritability and family sizes or plot sizes. The results show that the required minimum family size is 30 for obtaining reliable rank per family and family h^2 in one single site test. But in two site tests, the minimum family sizes are different for family ranking and family h^2, they are 10 and 30 respectively. Different sites and family sizes have different optimum plot sizes, in general, two- or three-tree plot is more efficient than single- or four-tree plot for estimating family ranking and family h^2.

Key words *Pinus elliottii*; progeny test, family size, plot size

Zhao Fencheng, Engineer, Li Xianzhen (Forest Research Institute of Guangdong Province); He Lihua, Chen Xiaoying (The Research Institute of Subtropical Forestry, CAF).