

山地木麻黄家系遗传参数估算与家系选择*

仲崇禄 白嘉雨

摘要 含 31 个山地木麻黄家系的子代测定试验林营建于广东省阳西县。造林后定期观测树高和胸径。5 年生时,对参试家系的 12 个性状进行了方差分析、协方差分析、相关分析,估算了遗传参数与综合选择指数。结果表明造林后 5 个月至 60 个月间早晚期树高及 12 个月至 60 个月间早晚期胸径有极显著相关;12 个生长性状和质量性状在家系间均有极显著差异;树高、胸径、单株材积、枝下高和冠幅的遗传变异系数分别高达 35.56%、33.44%、93.02%、30.91% 和 22.53%,质量性状的遗传变异系数在 3.95%~16.02%;分析了 12 个性状的遗传相关系数和表型相关系数,探讨了性状间的相关关系;各性状的家系遗传力较高,除保存率的家系遗传力为 0.55 外,其它性状的家系遗传力为 0.80~0.94。在入选率为 20% 时,树高、胸径和单材的遗传增益分别可达 24.03%、22.38% 和 60.90%,主干通直度、侧枝密度和保存率、主干分叉习性和树木健康状况的遗传增益为 6.85%~15.17%;比较了几种家系评选方法,最后选出了一些优良家系。

关键词 山地木麻黄 家系选择 遗传参数

山地木麻黄(*Casuarina junghuhniana* Miq.)原产印度尼西亚,为多用途树种,在退化地改造、农林业、薪炭林、用材林和防护林方面应用潜力很大,故其逐渐受到人们的重视。1985 年以来,借助中澳合作项目 ACIAR 8457 和 8848,引进了山地木麻黄 6 个种源和 31 个优良家系,并在广东省内建立了一些试验林和小面积的推广试验林^[1~4]。国内外,均无山地木麻黄遗传参数估算和家系评选的报道。本试验是国内最早建立的山地木麻黄家系子代测定试验林,目的是估算山地木麻黄某些性状的遗传参数,从中筛选出一些优良家系,现将分析结果总结如下。

1 材料与方法

1.1 材料

1990 年澳大利亚科工组织(CSIRO)林木种子中心提供了 6 个种源 36 个优良家系的山地木麻黄种子,每个种源内家系数为 3~15 个,但有些家系出苗率极低,故仅 6 个种源 31 个家系参加了野外试验(表 1)。

1.2 方法

1.2.1 试验地概况 试验设在广东省阳西县热林所基地,地理位置为 21°42' N, 111°36' E,海拔 25 m。土壤为花岗岩发育的赤红壤,肥力低,pH 值 4.5,速效 N、P 和 K 分别为 72.4、1.8 和 37.4 mg/kg 土,全 Cu、Zn、Mn 和 Co 分别为 14.03、17.48、18.98 和 6.99 μg/g 土,有效 B 为

1996—09—25 收稿。

仲崇禄副研究员,白嘉雨(中国林业科学研究院热带林业研究所 广州 510520)。

* 试验为(1990~1993年)中澳合作项目 8848(澳大利亚阔叶树种引种与栽培)的部分研究内容。本所傅精钢和甘四明等协助完成了 1995~1996 年的部分野外观测工作;本所邝炳朝研究员审阅本文,并提出修改意见,特此一并致谢。

表 1 参试家系采集地点和地理位置

No	种批号	家系数	采集地点及参试家系代号	纬度(°)S	经度(°)E	海拔(m)
1	17599*	15	肯尼亚 Muguga 代号: MET01, MET02, MET03, NET04, MET05, ART01, ART02, ART03, ART04, ART05, SCC01, SCC02, SCC03, SCC04, SCC05	01 03	36 39	2 080
2	17559*	3	澳大利亚新南维尔士 Coffs 湾 代号: JSL144, JSL145 和 JSL146	30 18	153 08	100
3	17597	9	印度尼西亚西帝汶岛 代号: T01, T02, T03, T06, T07, T08, T09, T10, T11	10 59	124 03	600
4	17576	2	印度尼西亚茂物(Bogro)城 代号: B01, B02	06 34	106 45	—
5	17598	1	印度尼西亚西帝汶岛 Noelmina 河 代号: N01	09 59	124 06	200
6	13950*	1	坦桑尼亚 代号: P01	03 15	100 40	1 500

注: * 为早期引种的次生种源。

0. 10 $\mu\text{g/g}$ 土。试验地属热带海洋性季风气候区, 夏雨型, 年均降水量 2 178 mm, 年均气温 23, 年均登陆台风有 4~5 次。造林地为湿地松采伐迹地。

1. 2. 2 试验设计 以家系为单元, 采用完全随机区组设计, 每小区 2 株, 重复 15 次。全垦整地, 每株施 150 g 过磷酸钙, 株行距为 2 m \times 3 m。

1. 2. 3 树木观测 从造林时开始, 观测树高 H (单位: m) 6 次, 树木胸径 D (cm) 5 次; 5 年生时, 观测树高、枝下高 H_s (m)、胸径、冠幅并计算平均冠幅 $C_m [= (C_{\text{东西}} + C_{\text{南北}}) / 2$, 单位: m]、树木单株材积 $V (= \pi D^2 H / 120\,000$, 单位: $\text{m}^3 / \text{株}$)^[6] 和各个小区的树木保存率 S (%); 把树木主干树高分成 4 等份段, 观测树木主干和侧枝特征, 并观测健康状况等 6 个质量性状, 参照短枝木麻黄国际种源试验质量性状评定标准^[5] 及根据山地木麻黄特点, 各质量性状的分级标准如下。

a. 主干分叉习性(SFA), 分 6 级:

- | | |
|---------------------------|---------------------------|
| 1——主干在地表有分叉; | 2——主干在地表至 1/4 树高之间有分叉; |
| 3——主干在 1/4 至 2/4 树高之间有分叉; | 4——主干在 2/4 至 3/4 树高之间有分叉; |
| 5——主干在 3/4 至 4/4 树高之间有分叉; | 6——主干无分叉。 |

b. 主干通直度(SFS), 分 6 级:

- | | |
|--------------------|------------------|
| 1——树干有 2 段以上呈明显弯曲; | 2——树干有 2 段以上稍弯曲; |
| 3——树干有 1~2 段呈明显弯曲; | 4——树干有 1~2 段稍弯曲; |
| 5——整个树干较直; | 6——整个树干通直。 |

c. 侧枝密度(PBD), 分 4 级(从 2/4 树高向上记录侧枝密度):

- 1——极密, 主干上侧枝节间距较均匀且 ≤ 15 cm;
- 2——密, 主干上侧枝节间距不均匀且多数 ≤ 15 cm;
- 3——疏, 主干上侧枝节间距不均匀且多数 ≤ 30 cm;
- 4——极疏, 主干上侧枝节间距极稀疏, > 30 cm。

d. 侧枝粗细(PBT), 分 4 级:

- 1——极粗, 有 3 个以上侧枝直径 $>$ 邻近主干直径的 1/3;
- 2——粗, 有 1~3 个侧枝直径 $>$ 邻近主干直径的 1/3;
- 3——细, 所有侧枝直径 \leq 邻近主干直径的 1/3;
- 4——极细, 所有侧枝直径 $<$ 邻近主干直径的 1/4。

e. 侧枝分枝角(PBA), 分 2 级(从 $2/4$ 树高向上观测侧枝与主干夹角):

- 1——侧枝向上, 侧枝与主干上部夹角 60° ;
- 2——侧枝平展, 侧枝与主干上部夹角 $> 60^\circ$;

f. 树木健康状况(HE), 分 4 级:

- 1——差, 主干枯梢, 枯枝, 或枝、干或叶病虫害严重;
- 2——中, 树木长势一般, 小枝枯黄或小枝枯梢, 枝干叶有少量病虫害;
- 3——良, 树木长势良好, 枝干叶无病虫害或病虫害极轻;
- 4——优, 树木长势极好, 枝干叶无病虫害, 小枝浓绿色。

1.2.4 数据处理

(1) 对树高、胸径、单株材积、平均冠幅和 6 个经平方根转换的质量性状、经反正弦转换的保存率(S)以小区平均值进行方差分析, 线性模型为 $Y_{ij} = \mu + F_i + B_j + E_{ij}$, 式中 μ 为总均值, F_i 为第 i 家系的效应, B_j 为第 j 区组的效应, E_{ij} 为剩余误差。并进行协方差分析、相关分析, 估算如下遗传参数^[6-8]。

$$(2) \text{遗传变异系数 } Gcv(\%) = (\sigma_A / \bar{x}) \times 100 = 2 \frac{\sigma_f^2 / \bar{x}}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2} \times 100;$$

$$\text{家系遗传力 } h_f^2 = \sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + b + \sigma_e^2); \quad \text{表型标准差 } \sigma_p = \sqrt{\sigma_f^2 + \sigma_e^2};$$

式中 $Gcv(\%)$ 为遗传变异系数, σ_f^2 为家系的方差分量, σ_e^2 为误差项方差分量, f 为参试家系数, b 为区组(重复)数。

$$(3) \text{表型相关系数 } r_{pij} = Cov_{pij} / (\sigma_{pi}^2 + \sigma_{pj}^2); \quad \text{遗传相关系数 } r_{gij} = Cov_{gij} / (\sigma_{gi}^2 + \sigma_{gj}^2);$$

式中 Cov_{pij} 为第 i 个性状与第 j 性状表型协方差, σ_{pi}^2 为第 i 个性状的表型方差分量, σ_{pj}^2 为第 j 个性状的表型方差分量; Cov_{gij} 为第 i 个性状与第 j 性状基因型协方差, σ_{gi}^2 为第 i 个性状的基因型方差分量, σ_{gj}^2 为第 j 个性状的基因型方差分量。

$$(4) \text{遗传增益 } \Delta G(\%) = (R / \bar{x}) \times 100 = (i \sigma_p h_f^2 / \bar{x}) \times 100 = i \times h_f^2 \times Gcv \times 100;$$

式中 \bar{x} 为性状平均值, R 为选择响应, i 为选择强度, σ_p 为性状表型标准差, h_f^2 为家系遗传力。

(5) 优良家系评选方法 根据不同育种目的, 采用如下几种评定方法:

Kung 育种值^[7] $Z = \bar{y} + C(y - \bar{y})$, 式中 \bar{y} 为所有参试家系的总体观测均值; y 为各家系的观测均值; C 为校正值, 其值为 $C = 1 - 1/F$, F 为方差分析 F 值。

Bulp 法育种值(最优线性无偏估计法)(C. R. Henderson, 1974)。

多目标决策法^[9], 将各性状无量纲化后, 采用等权重系数计算各家系的综合评定值 W_i 。

综合指数选择法 $I_j = \sum b_i P_i$, 式中 I_j 为第 j 家系的指数值, b_i 为 i 性状的指数系数, P_i 为第 i 性状的家系表型值; 求解 b 矩阵方程 $b = P^{-1} \cdot G \cdot a$, P 为家系均值的表型方差—协方差矩阵, G 为家系遗传方差—协方差矩阵, a 为选择性状的经济权重的向量^[10]。

数据运算采用 LOTUS 123 数据库软件、GENSTAT 5 统计软件^[11] 及南京林业大学“林木遗传育种实用统计应用软件包”完成。

2 结果与分析

2.1 树高、胸径的早晚期相关分析

早期—晚期性状相关分析可了解山地木麻黄的树高和胸径的生长过程, 并有助于确定性

状的最小选择年龄,它是性状早期预测的主要途径之一。从表2、3看出,造林后5个月至60个月间观测的树高均有显著相关;造林后12个月至60个月间,山地木麻黄的早晚期胸径也有极显著相关。两个性状的表型和遗传相关系数较大,都达极显著相关水平,表明早期的树高和胸径生长可以作为晚期表现的指示。树高、胸径的表型相关和遗传相关遵循线性变化,即随时间间隔的加大而减少,而早晚期树高的遗传相关在48个月才开始出现随时间间隔的增加而遗传相关系数减少。

表2 树高早晚期遗传相关系数(右上角)和表型相关系数(左下角)

	5个月	12个月	26个月	35个月	48个月	60个月
5个月	-	0.985 2	0.892 2	0.911 6	0.905 1	0.889 6
12个月	0.976 2	-	0.936 5	0.958 6	0.963 0	0.952 2
26个月	0.874 9	0.919 1	-	0.990 8	0.978 1	0.964 6
35个月	0.874 2	0.918 9	0.966 1	-	0.995 0	0.986 0
48个月	0.867 1	0.918 6	0.949 4	0.988 5	-	0.997 7
60个月	0.853 1	0.907 6	0.931 7	0.974 8	0.992 6	-

注: $r_{0.01} = 0.108$ 。

表3 胸径早晚期遗传相关系数(右上角)和表型相关系数(左下角)

	12个月	26个月	35个月	48个月	60个月
12个月	-	0.996 8	0.920 3	0.873 8	0.870 0
26个月	0.912 8	-	0.981 4	0.956 9	0.950 4
35个月	0.821 9	0.964 9	-	0.995 2	0.987 1
48个月	0.778 9	0.937 2	0.988 4	-	0.997 8
60个月	0.772 7	0.926 6	0.975 5	0.994 2	-

注: $r_{0.01} = 0.108$ 。

2.2 性状方差分析及遗传参数估算

2.2.1 家系间遗传变异系数及各性状家系遗传力 分析发现参试山地木麻黄家系树木生长性状和质量性状的差异都达到了极显著差异水平(表4)。树高、胸径、单株材积、枝下高和冠幅的遗传变异系数分别高达35.56%、33.44%、93.02%、30.91%和22.53%,质量性状的遗传变异系数在3.95%~16.02%,其中树木保存率、健康状况、主干分叉习性、主干通直度和侧枝密度的遗传变异系数也较大,分别为14.64%、16.20%、13.89%、10.26%和10.60%,而侧枝粗细和侧枝分枝角度的遗传变异系数较小,分别为3.95%和5.12%。可见,山地木麻黄的多数性状有丰富的遗传变异,选择的潜力很大;由于有些种源的家系种子发芽率低,如17598和13950种源仅各有1个家系参加试验,不能代表该种源,故仅以含5个以上家系的种源(17599和17597种源)为例,进行种源及其家系层次的方差分析(表4)。结果表明:除侧枝粗和分枝角在种源间及保存率与家系间无显著差异外,其它性状在种源和家系间均有显著差异或极显著差异且其性状遗传变异系数为1.68%~69.68%;进一步分析2个种源内家系间的差异,结果为17599种源中15个家系间在保存率除外的其它性状间有很显著或极显著差异,且这些性状家系遗传变异系数分别为2.60%~81.40%,而17597种源中9个家系间在保存率和主干分叉习性以外的其它性状间也有很显著或极显著差异,且这些性状家系遗传变异系数分别为2.12%~44.96%。各性状的家系遗传力较高,除保存率的家系遗传力为0.55外,其它性状的家系遗传力为0.80~0.94。这些结果说明山地木麻黄有丰富的种源和家系遗传变异,通过一

定强度的选择, 能获得较高的家系遗传增益。各性状的遗传力估算值普遍偏高的原因可能是由于单点试验分析时加性遗传变异中未剔除基因型 \times 环境互作效应方差, 或由于参试家系的自由授粉种子材料中含较大比例的全同胞子代。

表 4 各性状方差分析及遗传参数估算

变异来源	自由度	<i>H</i>	<i>D</i>	<i>V</i> ($\times 10^{-3}$)	<i>H_s</i>	<i>C_m</i>	<i>S</i>	<i>SFA</i>	<i>SFS</i>	<i>PBD</i>	<i>PBT</i>	<i>PBA</i>	<i>HE</i>
() ¹⁾ 家系总体(含种源) 差异的分析													
区组	14	7.85	7.03	5.85	2.16	4.09	2.34	1.06	0.98	0.98	5.16	2.68	4.11
家系	30	16.59	11.13	7.78	7.39	11.71	2.26	9.87	11.70	15.92	5.09	5.60	11.03
<i>Gcv</i> (%)		35.56	33.44	93.02	30.91	22.52	14.63	13.89	10.26	10.60	5.12	3.95	16.20
<i>h_f²</i>		0.94	0.91	0.87	0.86	0.91	0.55	0.90	0.91	0.94	0.80	0.82	0.91
() ¹⁾ 17599种源(含 15 个家系)和 17597 种源(含 9 个家系)的分析													
种源	1	286.2	94.4	79.5	91.4	148.4	15.1	111.6	52.3	40.5	1.52 ^{ns}	1.72 ^{ns}	41.0
家系	23	4.25	5.81	3.34	3.17	6.44	0.90 ^{ns}	6.36	7.52	6.27	2.27	2.89	9.88
<i>Gcv</i> 种源 (%)		15.15	10.28	34.84	11.87	8.53	5.24	5.19	2.12	1.58	1.24	0.15	3.27
<i>Gcv</i> 家系 (%)		11.20	16.16	41.60	12.76	11.24	-	7.92	5.24	3.98	13.44	1.64	10.76
() ²⁾ 17599 种源内 15 个家系的分析													
<i>Gcv</i> (%)		16.40	29.10	81.40	22.80	17.80	0.96 ^{ns}	14.40	9.66	5.84	5.00	2.60	18.04
() ²⁾ 17597 种源内 9 个家系的分析													
<i>Gcv</i> (%)		16.12	14.72	44.96	12.36	14.64	- ^{ns}	5.08	1.2 ^{ns}	5.82	31.56	2.12	11.10

注: 1) 、 栏中 $F_{0.05}(14, 420) = 1.72$; $F_{0.01}(14, 420) = 2.13$; $F_{0.05}(30, 420) = 1.49$; $F_{0.01}(30, 420) = 1.75$; $F_{0.05}(1, 321) = 3.87$; $F_{0.01}(1, 321) = 6.71$; $F_{0.05}(23, 321) = 1.56$; $F_{0.01}(23, 321) = 1.87$; ns= 无显著差异。2) 、 栏的分析结果 *F* 值省略, 仅标明无显著差异的性状。

2.2.2 各性状的表型相关系数和遗传相关系数 从表 5 看出, 除侧枝密度与材积、通直度、侧枝粗间, 侧枝粗与胸径或材积间, 分枝角与树高、通直度、健康状况间均无显著相关外, 其它性状间的遗传相关均有显著或极显著相关($r_g = -0.248 \sim -0.175$ 或 $0.081 \sim 0.974$), 但侧枝密度与树高、健康状况间, 分枝角与树高、材积间为极显著负遗传相关($r_g = -0.248 \sim -0.175$)。生长性状(*H*、*D*、*V*)与主干分叉习性、通直度和适应性性状(*S*、*HE*)间表现为强的正遗传相关, 这对选择生长快、干形好和适应性强的家系极为有利。

表 5 性状的表型相关系数(左下角)和遗传相关系数(右上角)

	<i>H</i>	<i>D</i>	<i>V</i>	<i>H_s</i>	<i>C_m</i>	<i>S</i>	<i>SFA</i>	<i>SFS</i>	<i>PBD</i>	<i>PBT</i>	<i>PBA</i>	<i>HE</i>
<i>H</i>	-	0.862 ^{***}	0.944 ^{***}	0.845 ^{***}	0.814 ^{***}	0.808 ^{***}	0.507 ^{***}	0.415 ^{***}	0.207 ^{***}	0.081 [*]	0.007 ^{ns}	0.605 ^{***}
<i>D</i>	0.860 ^{***}	-	0.974 ^{***}	0.529 ^{***}	0.731 ^{***}	0.694 ^{***}	0.294 ^{***}	0.306 ^{***}	-0.187 ^{***}	-0.01 ^{ns}	-0.248 ^{***}	0.576 ^{***}
<i>V</i>	0.928 ^{**}	0.964 ^{***}	-	0.633 ^{***}	0.786 ^{***}	0.830 ^{**}	0.315 ^{**}	0.290 ^{***}	-0.010 ^{ns}	-0.01 ^{ns}	-0.175 ^{***}	0.531 ^{***}
<i>H_s</i>	0.793 ^{***}	0.503 ^{***}	0.578 ^{***}	-	0.576 ^{**}	0.610 ^{**}	0.589 ^{**}	0.569 ^{**}	0.507 ^{***}	0.262 ^{***}	0.207 ^{***}	0.605 ^{***}
<i>C_m</i>	0.782 ^{***}	0.707 ^{***}	0.743 ^{***}	0.537 ^{***}	-	0.818 ^{**}	0.270 ^{**}	0.307 ^{***}	0.083 [*]	0.102 ^{**}	0.087 [*]	0.542 ^{***}
<i>S</i>	0.594 ^{***}	0.502 ^{***}	0.592 ^{***}	0.434 ^{***}	0.584 ^{***}	-	0.293 ^{**}	0.082 [*]	0.544 ^{**}	0.226 ^{***}	0.692 ^{***}	0.210 ^{***}
<i>SFA</i>	0.481 ^{***}	0.279 ^{***}	0.290 ^{***}	0.547 ^{***}	0.245 ^{***}	0.199 ^{**}	-	0.549 ^{***}	0.118 ^{***}	0.375 ^{***}	0.189 ^{***}	0.419 ^{***}
<i>SFS</i>	0.402 ^{***}	0.297 ^{***}	0.275 ^{***}	0.528 ^{***}	0.289 ^{***}	0.046 ^{ns}	0.542 ^{***}	-	-0.055 ^{ns}	0.190 ^{***}	-0.050 ^{ns}	0.674 ^{***}
<i>PBD</i>	0.193 ^{***}	-0.178 ^{***}	-0.013 ^{ns}	0.462 ^{***}	0.075 ^{ns}	0.389 ^{***}	0.098 ^{**}	-0.053 ^{ns}	-	0.025 ^{ns}	0.661 ^{***}	-0.222 ^{***}
<i>PBT</i>	0.052 ^{ns}	-0.021 ^{ns}	-0.022 ^{ns}	0.173 ^{***}	0.073 ^{ns}	0.064 ^{ns}	0.266 ^{***}	0.138 ^{***}	0.020 ^{ns}	-	0.163 ^{***}	0.199 ^{***}
<i>PBA</i>	-0.004 ^{ns}	-0.219 ^{***}	-0.154 ^{***}	0.169 ^{***}	0.073 ^{ns}	0.478 ^{***}	0.155 ^{***}	-0.050 ^{ns}	0.576 ^{***}	0.115 ^{***}	-	-0.007 ^{ns}
<i>HE</i>	0.581 ^{***}	0.548 ^{***}	0.492 ^{***}	0.568 ^{***}	0.518 ^{***}	0.152 ^{**}	0.416 ^{**}	0.642 ^{***}	-0.210 ^{***}	0.126 ^{***}	-0.009 ^{ns}	-

注: $df = 463$, $r_{0.10} = 0.078$; $r_{0.05} = 0.092$; $r_{0.01} = 0.108$ 。

表型无显著相关组合增加至 14 个(而无遗传相关的家系数仅 8 个), 即通直度与保存率

间,侧枝密度与材积、冠幅、通直度或侧枝粗间,侧枝粗与树高、胸径、材积、冠幅(C_m)或保存率(S)间,分枝角与树高、冠幅、通直度或健康状况间均无显著相关,而其它组合间有显著或极显著相关,表型显著负相关与遗传显著负相关是一致的。

2.2.3 遗传增益估算 遗传增益 $\Delta G(\%)$ 是表示人工选择取得的改良效果的重要指标之一,它直接受选择强度、性状的遗传力和变异系数的影响。由于该试验林分还处于幼龄阶段,性状还没有完全稳定,考虑到山地木麻黄是新引进的外来树种,今后的遗传基础不应过于狭窄,故选择强度(i)不宜太大。表6列出了入选率分别为10%、20%和30%时各性状的期望遗传增益,可以看出从该子代试验林中选择20%的家系时,其树高、胸径、材积和枝下高的遗传增益较高,分别为24.03%、22.38%、60.9%和20.06%,冠幅、树木健康状况和主干分叉习性的遗传增益居中,分别为15.17%、10.84%和9.22%。主干通直度、侧枝密度和保存率的遗传增益为6.85%~7.75%,而侧枝粗和分枝角的遗传增益较低,为2.47%~3.22%。

表6 不同入选率各性状的遗传增益

P (入选率) (%)	ΔG (遗传增益)(%)											
	H	D	V	H_s	C_m	S	SFA	SFS	PBD	PBT	PBA	HE
10	30.04	27.98	76.61	25.07	18.96	9.69	11.52	8.56	8.94	4.02	3.09	13.56
20	24.03	22.38	60.9	20.06	15.17	7.75	9.22	6.85	7.16	3.22	2.47	10.84
30	19.90	18.53	50.42	16.61	12.56	6.42	6.87	5.67	5.92	2.66	2.05	8.98

2.3 优良家系的评定

2.3.1 主要生长性状的育种值 山地木麻黄可作薪炭林和用材林,其生长性状的表现是非常重要的,故选取树高、胸径和材积生长指标计算育种值。从表7看出,除个别家系外,用两种方法估算的树高、胸径和材积的育种值变化趋势是一致的;单株材积育种值 $Z = 8.17$ 或 $EBV = 1.56$ 时,入选的12个单株材积育种值较大的优良家系为T01、T02、T08、T09、T11和T07、N01(均来自印度尼西亚西帝汶岛)、P01(来自坦桑尼亚)、B02(来自印度尼西亚茂物)、ART05、SCC03、JSL144(来自肯尼亚),这些家系的单株材积观测均值比所有家系总均值大52.8%,树高为17.40%,胸径17.95%。这些优良家系可作为进一步改造成实生种子园的保留家系或从中选择优良个体作为下一步育种工作的基础材料。

2.3.2 家系的综合评定 由于山地木麻黄是我国新引种的多用途树种,考虑到今后育种的灵活性,选取生长(H 、 D)、形态(SFA 、 SFS)和适应性(S 、 HE)6个性状计算综合评定指标。表8列出了非约束条件下不同权重条件时各性状的期望遗传增益,均为正数,这同该6个性状间均呈正遗传相关结果一致,故未讨论约束指数问题。通过各种权重条件下,各性状遗传增益数值变化的比较分析看出,无论单独强调生长、干形和适应性中哪一类性状都是不可取的。综合上述情况,认为综合选择指数在表8中第1、2权重条件下均可用于山地木麻黄家系选择。本文仅以6个性状的经济权重为 $1/\sigma_p$ 和相对经济权重时,计算综合选择指数(表7),同时列出了一种多目标决策法计算的这6个性状综合评定值 W_i 以作比较。

表7中,以作多用途树种为育种目的时,在综合评定值 $W_i = 0.746$ 和综合选择指数 $I_1 = 30.45$ 或 $I_2 = 19.90$ 时,两种综合评定方法的结果是一致的,选出8个家系为优良家系,即T01、T02、T07、T08、T09、T11、N01和P01。8个入选家系的综合选择指数均大于参试家系群

表 7 14 个参试家系各性状育种值及综合选择指标

No	家系号	Kung 法育种值(Z)			Blup 法育种值(EBV)			综合评定值	综合选择指数	
		H (m)	D (cm)	V ($\times 10^{-3}$ m ³ /株)	H (m)	D (cm)	V ($\times 10^{-3}$ m ³ /株)		Wi	I_1
1	MET02	5.4	5.10	4.17	-0.88	-1.36	-5.00	0.675	28.34	16.87
2	ART05*	5.77	6.43	8.27	-0.15	1.18	3.31	0.434	26.71	17.22
3	SCC03*	5.76	6.34	8.32	-0.27	0.88	2.78	0.610	27.91	17.64
4	JSL144*	6.5	6.38	8.67	1.01	0.97	3.31	0.611	28.98	18.95
5	T01*	7.76	7.28	12.8	3.21	2.58	11.0	0.874*	32.09*	21.54*
6	T02*	7.28	6.29	9.11	2.34	0.83	4.23	0.746*	30.48*	19.9*
7	T07*	6.88	6.31	8.33	1.74	1.01	3.07	0.824*	30.85*	19.9*
8	T08*	7.11	6.75	9.67	1.99	1.56	4.87	0.806*	30.93*	20.15*
9	T09*	7.28	6.50	10.2	2.24	1.01	5.23	0.756*	30.45*	20.03*
10	T10	6.57	6.12	7.7	0.91	0.40	0.93	0.666	29.18	18.75
11	T11*	7.07	6.49	9.99	1.99	1.17	5.77	0.790*	30.64*	20.04*
12	B02*	6.12	6.59	8.13	0.11	1.25	1.56	0.585	28.85	18.26
13	N01*	8.5	7.29	12.9	4.495	2.58	11.08	0.827*	32.30*	22.29*
14	P01*	7.18	8.46	14.5	2.12	4.38	12.59	0.816*	31.59*	21.31*

注: 有* 者表示性状的育种值或综合选择指数较大的优良家系。观测值总体均值 $H = 5.93$ m, $D = 5.84$ cm, $V = 6.978 \times 10^{-3}$ m³/株; I_1 为 $1/\sigma_p$ 权重时; I_2 为相对经济权重时。

表 8 不同权重条件下不同指数选择产生的 6 个性状遗传增益 (选择强度 $i = 1.40$)

权重条件	期望遗传增益						聚合基因型增益	指数遗传力
	H (m)	D (cm)	SFA	SFS	S	HE	ΔH	h_i^2
1. 为 $1/\sigma_p$	(0.667	0.649	2.704	3.967	2.171	4.49)		
	1.35	1.11	0.019	0.009	0.85	0.022	3.292	0.940
2. 相对经济权重	(1.2	0.8	0.5	1.5	0.5	1.5)		
	1.41	1.21	0.013	0.005	1.12	0.017	3.112	0.939
3. 生长为主 A	(12	8	0.5	1.5	0.5	1.5)		
	1.41	1.24	0.009	0.004	1.22	0.015	27.19	0.935
4. 生长为主 B	(120	80	0.5	1.5	0.5	1.5)		
	1.41	1.24	0.009	0.0034	1.23	0.014	268.29	0.935
5. 干形为主 A	(1.2	0.8	5	15	0.5	1.5)		
	1.29	0.98	0.029	0.007	0.89	0.014	5.589	0.936
6. 干形为主 B	(1.2	0.8	50	150	0.5	1.5)		
	1.01	0.64	0.039	0.006	0.51	0.008	35.24	0.920
7. 适应性为主 A	(1.2	0.8	0.5	1.5	5	15)		
	1.25	1.06	0.013	0.010	0.56	0.030	5.66	0.939
8. 适应性为主 B	(1.2	0.8	0.5	1.5	50	150)		
	0.95	0.80	0.010	0.014	0.14	0.035	35.67	0.928

注: 括号中数值为各性状权重。

体平均综合选择指数加一个综合选择指数的标准差, 且入选家系的树高、胸径、分叉习性、通直度、健康状况和保存率的遗传增益分别是 20.99%、19.44%、8.01%、5.95%、9.42% 和 6.73% (表 9), 或入选家系的树高、胸径、分叉习性、通直度、健康状况和保存率分别比对应的总体性状平均值大 26.1%、20.4%、10.6%、7.42%、14.62% 和 5.99%。同时, 表 9 列出其它入选条件下各性状的遗传增益。

表 9 入选优良家系各性状的遗传增益(%)

入选条件	<i>H</i>	<i>D</i>	<i>V</i> ($\times 10^{-3}$)	<i>Hs</i>	<i>Cm</i>	<i>S</i>	<i>SFA</i>	<i>SFS</i>	<i>PBD</i>	<i>PBT</i>	<i>PBA</i>	<i>HE</i>
A	20.99	19.44	52.90	17.42	13.18	6.73	8.01	5.95	6.22	2.80	2.15	9.42
B	16.64	15.41	41.94	13.81	10.45	5.34	6.35	4.72	4.93	2.22	1.70	7.47
C	14.76	13.67	37.20	12.25	9.27	4.74	5.63	4.18	4.37	1.97	1.50	6.62

注: A= 入选家系的综合选择指数(I_1 或 I_2 值) 大于参试家系群体平均综合选择指数加一个综合选择指数的标准差, 有 8 个家系入选, 或综合评定值 $Wi = 0.746$; B= 单株材积育种值 $Z = 8.17$ 或 $EBV = 1.56$ 时, 有 12 个家系入选; C= 入选家系的综合选择指数(I_1 值) 均大于参试家系群体平均综合选择指数, 有 14 个家系入选。

3 结 语

(1) 参试山地木麻黄, 造林后 5 个月至 60 个月间早晚期树高, 及造林后 12 个月至 60 个月间早晚期胸径有极显著相关。

(2) 参试山地木麻黄家系树木生长性状和质量性状的差异都达到了极显著差异水平。树高、胸径、单株材积、枝下高和冠幅的遗传变异系数分别高达 35.56%、33.44%、93.02%、30.91% 和 22.53%, 质量性状的遗传变异系数在 3.95% ~ 16.02%。说明参试山地木麻黄的多数性状有丰富的遗传变异, 选择的潜力很大。

(3) 除侧枝密度与材积、通直度或侧枝粗间, 侧枝粗与胸径或材积间, 分枝角与树高、通直度或健康状况间均无显著相关外, 其它性状间均有显著或极显著遗传相关($r_g = -0.248 \sim -0.175$ 或 $0.081 \sim 0.974$), 并且生长性状树高、胸径和材积与主干分叉习性、通直度、代表适应性的保存率和健康状况间表现出强正遗传相关, 这对选择生长快、干形好和适应性强的家系极为有利。

(4) 各性状的家系遗传力较高, 除保存率的家系遗传力为 0.56 外, 其它性状的家系遗传力为 0.80 ~ 0.93。在入选率为 20% 时, 树高、胸径、材积和枝下高的遗传增益较高, 分别为 24.03%、22.38%、60.90% 和 20.06%, 冠幅、树木健康状况和主干分叉习性的遗传增益居中, 分别为 15.17%、10.84% 和 9.22%。主干通直度、侧枝密度和保存率的遗传增益为 6.85% ~ 7.75%, 而侧枝粗和分枝角的遗传增益较低, 为 2.47% ~ 3.32%。表明用树高、胸径和材积性状进行优良家系选择会有明显的育种价值和生产价值。

(5) 以薪炭林和用材林为目的, 12 个材积育种值较大的优良家系为 T01、T02、T07、T08、T09、T11 和 N01(均来自印度尼西亚西帝汶岛)、P01(来自坦桑尼亚)、B02(来自印度尼西亚茂物)、ART05、SCC03、JSL144(来自肯尼亚), 这些家系的单株材积观测均值比所有家系观测值总均值大 53.7%, 树高为 17.40%, 胸径 17.95%; 如以培育多用途树种为目的, 仅选前 8 个家系为优良家系。

参 考 文 献

- 1 Zhong Chonglu(仲崇禄). *Casuarina* species and provenances trial on Hainan Island, China. In: El-Lankany M H, Turnbull J W, Brewbaker J L eds. *Advances in Casuarina Research and Utilization*. DDC & AUC, Cairo, 1990. 32 ~ 39.
- 2 Zhong Chonglu, Bai Jiayu. Introduction trials of *casuarina* trees in China. Proceedings of the Third International *Casuarina* Workshop at Da Nang, Vietnam. IUFRO. 1996.
- 3 王豁然, 郑勇奇, 王维辉. 7 种木麻黄的引种生长表现及其在我国应用潜力的研究. 林业科学, 1992, 28(4): 343 ~ 348.

- 4 仲崇禄, 陈祖沛. 华南地区山地木麻黄引种试验. 广东林业科技, 1995, 11(3): 46~49.
- 5 Pinyopusarerk K, Williams E R, Wasuwanich P, et al. International provenance trials of *Casuarina equisetifolia*——Assessment manual. CSIRO. Canberra, 1995.
- 6 Kung F H. Improved estimators for provenance breeding values. *Silvae Genetica*, 1979, 28(2, 3): 114~116.
- 7 刘乃见. 植物数量遗传学. 海南: 热作学院出版, 1985.
- 8 W. A. 贝克尔(区靖祥译, 马育华校). 数量遗传学手册. 北京: 科学出版社, 1987.
- 9 刘德铭主编. 农业系统的预测与决策. 济南: 山东科学技术出版社, 1988.
- 10 Cotterill P P, Jackson N. On index selection . . . methods of determining economic weight. *Silvae Genetica*, 1985, 34: 56~63.
- 11 Payne R W, Lane, et al. (Genstat 5 Committee). Genstat 5 reference manual. Clarendon Press (Oxford Univ. Press). Oxford, 1989.

Estimation of Genetic Parameters and Screening of Families for *Casuarina junghuhniana*

Zhong Chonglu Bai Jiayu

Abstract A progeny test trial with 31 families of *Casuarina junghuhniana* was established at Yangxi of Guangdong. After planting, tree heights were measured for 6 times and *DBH* was for 5 times. Based on 12 quantity or quality traits of the 31 families, analysis of variance, covariance, correlation, variance component were carried out to estimate genetic variation coefficient (Gcv), family heritability (h_f^2), early-late correlation of tree height (H) and *DBH*, phenotypic and genetic correlation and genetic gain. Results showed that there are significant correlation in heights from the 5 months to 5 years and *DBH* from 1 year to 5 years after planting. There were significant differences in 12 trait values between families. Genetic variation coefficients of tree height, *DBH*, single tree volume (V), pole height (H_s) and crown width (Cm) were respectively 35.56%、33.44%、93.02%、30.91% and 22.53%, other trait values were 3.95%~16.02%. Analysed the phenotypic and genetic correlation of 13 trait values. Calculated the heritabilities for 12 traits, except survival percentage heritability was 0.55, the other 11 traits of heritabilities were 0.80~0.94. When selection proportion was 20%, genetic gains of main growth traits in H , *DBH* and V were respectively 24.03%, 22.38% and 60.90%, and genetic gains of main quality traits in stem straightness, permanent branch density, survival percentage, stem persistence and tree health level were 6.85%~15.17%. Finally, using breeding values and selection indexes, evaluating the 31 families of performance and found out some dominant families.

Key words *Casuarina junghuhniana* family selection genetic parameter