

思茅松自由授粉家系遗传参数与早期选择分析

李帅锋^{1,2}, 苏建荣^{1,2*}, 郎学东^{1,2}, 黄小波^{1,2}, 缪迎春^{1,2}, 杨利华³

(1. 中国林业科学研究院资源昆虫研究所, 云南 昆明 650224; 2. 国家林业局普洱森林生态系统定位研究站, 云南 昆明 650224;
3. 云南省普洱市林业科学研究所, 云南 普洱 665000)

摘要: [目的]通过对思茅松自由授粉子代测试林的生长与形质性状遗传参数的估计,进行优良家系选择,为建立思茅松高世代种子园及培育优良无性系苗木提供种质资源。[方法]采用随机区组试验设计,在214个思茅松自由授粉家系子代测试林中选择胸径、地径、树高、枝下高、冠幅、通直度、树干圆满度、树冠圆满度、材积及地上生物量等生长与形质性状,利用线性混合模型进行遗传参数的估计,进行优良家系筛选。[结果]思茅松自由授粉子代测试林生长与形质性状的遗传参数在家系间差异极显著。各性状的家系遗传力较高,其中,地径的家系遗传力最大(1.105)。材积的预期遗传增益高于地上生物量,利用家系/家系内选择方法进行优良家系的筛选,材积的预期遗传增益为60.75%,入选家系为60个;地上生物量的预期遗传增益为44.22%,入选家系为66个。轮盘数、通直度和树干圆满度对材积和地上生物量都有显著影响。[结论]在早期选择中,形质性状的遗传变异对思茅松自由授粉优良家系的选择有重要参考作用,4年生思茅松自由授粉家系子代测试林中各性状存在着丰富的遗传变异,在早期选择中可以筛选出适合不同培育目标的优良家系,最大限度挖掘其遗传潜力。

关键词: 思茅松; 自由授粉; 遗传参数; 家系选择; 材积; 地上生物量

中图分类号: S791.24

文献标识码: A

文章编号: 1001-1498(2017)06-929-07

Genetic Variation and Early Selection Analysis of Open-pollinated Families of *Pinus kesiya* var. *langbianensis*

LI Shuai-feng^{1,2}, SU Jian-rong^{1,2}, LANG Xue-dong^{1,2}, HUANG Xiao-bo^{1,2}, MIAO Ying-chun^{1,2}, YANG Li-hua³

(1. Research Institute of Resource Insects, Chinese Academy of Forestry, Kunming 650224, Yunnan, China;

2. Pu'er Forest Eco-system Research Station, State Forestry Administration, Kunming 650224, Yunnan, China;

3. Forestry Research Institute of Pu'er Municipality, Pu'er 665000, Yunnan, China)

Abstract: [Objective] Based on genetic parameter evaluation of growth traits of open-pollinated family in *Pinus kesiya* var. *langbianensis* progenies plantation, the aims of this study are to select the second generation superior families and trees and obtain better breeding strategy. And also, it intends to provide genetic resources for higher generation seed orchard of *P. kesiya* var. *langbianensis*. [Method] Randomized complete blocks design was applied to survey the diameter at ground height (DGH), diameter at breast height (DBH), height, under-branch height, crown, number of internodium (NO. 1), stem straightness (SS), stem fullness (SF), crown fullness (CF), volume and aboveground biomass (AGB) from 214 open-pollinated family progenies. Linear mixed model was used for genetic parameter assessment for superior families and individuals. [Result] Most of the growth traits were significantly different among the open-pollinated family progenies in *P. kesiya* var. *langbianensis*. The family heritability of all growth traits were larger than 0.5. The family heritability of DGH was the largest (1.105). The

收稿日期: 2017-06-25

基金项目: 云南省科技计划项目(2013RA004)和林业公益性行业科研专项项目(201404211)

作者简介: 李帅锋(1982—),男,副研究员.研究方向:群落生态学,生物多样性与生态系统结构与功能. E-mail: shuaifengli@163.com

* 通讯作者: 苏建荣,研究员.研究方向:种群生态学、恢复生态学及生态系统功能与结构. E-mail: jianrongsu@vip.sina.com

expected genetic gain of volume was more than AGB. The results of inter- and intra-family selection showed that the genetic gain of volume was 60.75% and 60 families were chosen, while the genetic gain of AGB was 44.22% and 66 families were chosen. The correlation analysis showed that NO, I, SS, SF had a significant effect on the volume and AGB. [**Conclusion**] During early selection, the genetic variation of traits had a vital effect on the superior families and individuals. Four-year-old open-pollinated family progenies contained abundant genetic variation. Superior families and individuals can be selected for different breeding purposes so as to give full play of their genetic potentials.

Keywords: *Pinus kesiya* var. *langbianensis*; open-pollinating; genetic parameters; family selection; volume; aboveground biomass

遗传参数的正确估计对预期遗传增益、早期选择年龄和育种策略的制定有重要意义^[1]。生产周期较长是影响子代测定林遗传参数估计和优良家系及单株选择的重要因素,为提高林业生产效率,早期选择成为造林树种遗传改良的有效方法,研究表明,日本落叶松 (*Larix kaempferi* (Lamb.) Carr.)、杉木 (*Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook.) 和马尾松 (*Pinus massoniana* Lamb.) 等树种获取更高的遗传增益的早期选择最合适的林龄是 5 a 或 6 a, 可以获取更高的遗传增益^[1-4]。早期选择可以及时发现并移除长势较差的家系和单株,同时选择一般配合力高的材料,为进一步开展杂交试验的全同胞测定提供早期信息^[2,5]。胸径和树高是早期选择最重要的生长性状,而树高的遗传力普遍高于胸径^[3],而冠幅和通直度等形质性状通过影响造林密度从而影响到木材产量^[2],也是子代测定早期选择中应充分考虑的形质特征。

将优良种源区的造林树种优树经子代测定后,筛选出适合各种生境的优良家系,并从中选择更优异的个体进行无性系利用,可以获得种源、家系和单株等多层次的遗传增益,是提高造林树种生产力的有效途径,以获取更高的项目效益^[3,6],目的是为高世代种子园的建设及造林提供大量高质量的繁育材料,提高林分生产力^[7]。根据大量的表型数据对遗传改良工作进行评价和评估,是制定林木育种长期策略的一个关键问题^[8],国内外对重要造林树种优良家系的子代测定林的遗传参数估计已进行了大量研究,如马尾松^[2,9]、日本落叶松^[4,10]、杉木^[3]、加拿大短叶松 (*Pinus banksiana* Lamb.)^[5]、火炬松 (*Pinus taeda* L.)^[7,11-13]。

思茅松 (*Pinus kesiya* Royle ex Gord. var. *langbianensis* (A. Chev.) Gaussen) 是云南省重要的材脂

兼用树种,主要分布在云南省的普洱、西双版纳、临沧、保山和德宏等地区^[14-15],思茅松树干通直,生长迅速,具有较高的固碳潜力以及经济、生态和社会价值^[16],是当地的主要造林树种之一。思茅松的遗传改良工作始于 20 世纪 80 年代,在种源试验、引种及种子园技术研究等方面进行了较多研究^[17-19]。目前存在 2 个不足:(1) 参试家系数量及种源分布较少,优树选择局限在普洱市的 5 个县^[19];(2) 缺少对子代测试林遗传参数估计的计算,因而,较难全面反映云南省思茅松的自由授粉家系子代测试林的遗传变异。本文以云南省 11 个县的思茅松优树选择种源营造的自由授粉家系子代测试林为研究对象,按完全随机区组进行试验设计,采用线性混合模型及相关分析对子代测试林的生长和形质性状进行统计分析,揭示思茅松自由授粉家系子代测试林的遗传变异规律,筛选家系及家系内的优良家系及单株,探讨以材积或地上生物量为培育目标时,生长与形质性状对其的影响效应,为思茅松进一步开展良种选择、杂交育种及无性系繁育提供数据和原始材料。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

思茅松自由授粉子代测试林位于云南省西南部的资源昆虫研究所景东试验站内,地处无量山和哀牢山两山之间,坡度 18°,坡向西偏北。地处 24°26' 8.82" N, 100°50' 22.73" E, 海拔 1 300 m, 属亚热带季风气候,干湿季分明,年平均气温 18.3℃,极端最高气温 37℃,极端最低气温 -12℃,年平均降水量 1 087 mm,降水多集中于 7—8 月^[15]。试验林周边森林主要为思茅松天然林。

思茅松自由授粉子代测试林于 2012 年 9 月营造林,共计 4 hm²,林龄为 4 a。造林地的坡向、坡度

和土层基本一致,种子来源于思茅松天然分布区域经过优树选择的个体植株,其中,包括普洱、澜沧、景谷、镇沅、景东、景洪、勐海、耿马、云县、昌宁和梁河等11个县市,包括了云南省思茅松天然林分布的大部分区域,然后按不同群体分不同家系进行制种、育苗与造林。每个家系试验采用完全随机区组设计,3次重复,10株单列小区,株行距2 m × 2 m,带状整地,穴规40 cm × 40 cm × 30 cm。试验林土壤pH值为5.18,有机质为26.16 g · kg⁻¹,全氮含量为1.35 g · kg⁻¹,全磷含量为0.26 g · kg⁻¹,全钾含量为20.1 g · kg⁻¹,水解性氮含量为79.1 mg · kg⁻¹,有效磷含量为6.5 mg · kg⁻¹,有效钾含量为52 mg · kg⁻¹。

1.2 数据收集

试验林于2016年10月进行调查,选择与生长性状有关的指标进行测定,去除存活率较低的家系,选择单列小区株数存活在3株以上的家系进行调查,共计思茅松214个家系4796株,胸径、地径、树高、活枝下高和轮盘数采用常规方法进行调查,通直度根据树干最弯处的切线与水平线的偏离程度进行评价,按优、良、中、差分1~4级,1级最好,4级最差,通直度用 $\log(x+1)$ 对数据进行转化^[2];树干圆满度采用胸径与地径的比值;树冠圆满度采用冠幅与树冠长度的比值,冠幅一般分东西冠幅和南北冠幅^[20],由于思茅松树形呈近圆形,因此,统计冠幅则用东西冠幅与南北冠幅的均值,树冠长度为树冠顶部到树冠底部的垂直长度,本研究中树冠长度为树高与活枝下高之间的长度。思茅松木材生长轮为1年1轮,但其树干枝条1年生长2轮^[14],通过计数思茅松主干上的枝条轮数确定轮盘数,体现其较高的生产力。根据测定的树高和胸径估算单株材积(V): $V = 0.000\ 064\ 053D^{1.957\ 161\ 83}H^{0.871\ 635\ 66}$ (相关系数 $R = 0.991\ 6$,剩余方差和 $Q = 0.322\ 79$,剩余标准差 $S = 0.023\ 6$)^[21];此外,在试验林中采伐不同径级的思茅松个体120株建立地上生物量模型,利用地径和树高拟合地上生物量的异速生长方程(W):

$W = 0.029(D^2H)^{0.96}$ (校正决定系数 $R^2 = 0.906$,剩余标准差 $S = 0.269\ 2$, $P < 0.001$)。

1.3 数据分析

本研究的性状方差分析采用混合线性模型,公式为:

$$Y_{ijk} = u + B_i + F_j + F_{bij} + E_{ijk}$$

式中: Y_{ijk} 为第*i*重复第*j*家系第*k*单株的观测值; u 为总体平均值; B_i 为第*i*重复的固定效应; F_j 为第*j*家系的随机效应; F_{bij} 为第*i*重复第*j*家系的互作效应; E_{ijk} 为小区内的随机误差。

性状的家系遗传力(h_f^2)采用以下公式计算:

$$h_f^2 = \delta_f^2 / \left(\frac{\delta_e^2}{bn} + \frac{\delta_b^2}{b} + \delta_f^2 \right)$$

式中: δ_f^2 、 δ_b^2 、 δ_e^2 分别为家系、区组 × 家系和环境的方差分量; b 和 n 分别表示重复数和小区调查株数。

遗传变异系数和表型变异系数采用下列公式计算:

$$CV_g = \sqrt{\delta_f^2 / \bar{X}}; CV_p = \sqrt{\delta_p^2 / \bar{X}}$$

式中: δ_f^2 表示家系方差; δ_p^2 表示表型方差; \bar{X} 表示性状总平均值。

家系选择遗传增益(ΔG)计算公式:

$$\Delta G = (\bar{x} - \bar{X})h^2 / \bar{X} \times 100\%$$

式中: \bar{x} 为入选家系性状平均值; \bar{X} 表示性状总平均值; h^2 为性状遗传力^[4,10,22-23]。

由于各家系均有不同程度的缺株,方差分析使用R语言HalfSibMS软件包^[8,23]。

本研究利用家系/家系内选择对子代测定林进行优良家系选择,目的是获得入选群体具有最大的遗传值^[22]。分别把材积和地上生物量作为选择优树的培育目标,依据相应的性状值做为育种值和简单*t*检验在子代测试林中进行评价,选出性状值得分显著(t 值大于 $P < 0.05$ 的临界值)高于对照(所有家系的性状平均值)的家系,并从入选家系中选择最优的3个单株作为优良单株,同时采用Pearson相关性分析对各测定参数进行相关性分析及显著性分析。

2 结果与分析

2.1 生长与形质性状的遗传变异分析

思茅松自由授粉子代测定林地径、胸径、树高、枝下高、冠幅、轮盘数、通直度、树干圆满度、树冠圆满度、材积及地上生物量等11个生长与形质性状的方差分析结果(表1)表明:11个生长与形质性状在家系间均存在极显著差异,说明各性状在家系间存在丰富的变异,其中,材积、枝下高和地上生物量的遗传变异系数是所有形质性状中最大的,分别为53.61%、40.66%和38.74%;表型变异系数最大的是树冠圆满度(78.86%),其次是地上生物量

(63.04%)。除树冠圆满度外,各性状的家系遗传力都较高,均高于0.5,地径的家系遗传力最大,胸

径、树高、材积和地上生物量的家系遗传力分别是0.925、0.949、0.925和0.916。

表1 思茅松自由授粉试验林家系生长性状方差分析和遗传参数估算

Table 1 ANOVA and estimates of genetics parameters for growth traits *Pinus kesiya* var. *langbiannensis* trials plantation

性状 Trait	平均值 ± 标准差 Mean ± SD	F	家系方差 δ_f^2	家系 × 区组 方差 δ_{fb}^2	环境方差 δ_e^2	家系遗传力 h_f^2	CVg/ %	GVp/ %
地径 GD/cm	7.92 ± 1.94	3.823 **	1.042	0.028	2.703	1.105	12.89	24.52
胸径 DBH/cm	5.52 ± 1.93	6.126 **	1.541	0.048	2.152	0.925	22.49	35.04
树高 H/m	3.51 ± 0.98	12.278 **	0.565	0.037	0.353	0.949	21.41	27.83
枝下高 UBH/m	1.08 ± 0.58	9.978 **	0.193	0.010	0.136	0.949	40.66	53.96
东西冠幅 EWC/m	2.39 ± 0.79	7.826 **	0.284	0.014	0.322	0.932	22.30	32.94
南北冠幅 SNC/m	2.35 ± 0.80	8.099 **	0.298	0.014	0.330	0.933	23.24	34.12
轮盘数 No. I	7.57 ± 2.14	11.471 **	2.699	0.101	1.796	0.956	21.70	28.31
树干通直度 SS	1.83 ± 1.18	4.866 **	0.051	0.009	0.081	0.877	12.27	20.46
树干圆满度 SF	0.69 ± 0.14	5.544 **	0.007	0.000	0.011	0.911	12.38	20.06
树冠圆满度 CF	1.08 ± 0.85	1.563 **	0.041	0.030	0.652	0.487	18.75	78.86
材积 V/dm ³	0.67 ± 0.53	5.885 **	0.129	0.002	0.161	0.925	53.61	59.89
地上生物量 AGB/kg	5.84 ± 3.68	6.420 **	5.120	0.147	8.290	0.916	38.74	63.04

Note: GD, Diameter at ground height; DBH, Diameter at breast height; H, height; UBH, Under-branch Height; EWC, East-west crown; SNC, South-north crown; NO. I, Number of internodium; SS, stem straightness; SF, Stem fullness; CF, Crown fullness; V, Volume; AGB, aboveground biomass.

注: ** 表示在0.01水平差异极显著。Note: * indicate significant difference at 0.01 level.

2.2 家系选择及其遗传增益

根据前述遗传变异分析可以看出,思茅松试验林生长性状在家系间的差异极显著,性状的家系遗传力也普遍较高,因此,进行优良家系选择对于生长性状的改良可以取得较理想的效果。本研究选择树高、胸径以及材积和地上生物量育种值为选择指标,以试验林可能获得的期望遗传增益的高低且总的遗传增益的10%、20%和30%设定为不同入选率进行家系选择,结果见表2。本研究以全部家系的平均值为选择基准计算遗传增益,材积和地上生物量在20%和30%的入选率时,预期遗传增益最大,与此对应的是,家系间的性状遗传变异幅度也较大,反映其家系选择的效果最好。

2.3 家系/家系内选择

在进行优良家系选择时,综合优良单株表现及其所在家系同胞的遗传表现,为获得较高的遗传增益,根据材积计算结果,共有60个不同家系入选,家系入选率为28.04%,入选单株为180株,入选率为3.75%;根据地上生物量的计算结果,共有66个不同家系入选,家系入选率为30.84%,入选单株为198株,入选率为4.13%。以材积为选择目标的胸径、树高的遗传增益高于以地上生物量为选择目标的遗传增益,且材积的遗传增益比地上生物量的高。以材积以及地上生物量选择为依据,种源的家系优良单株入选率最高的都为景谷,其种子来源采集于

表2 生长性状试验林家系选择的遗传增益

Table 2 Genetic gain in growth traits from family selection in trials plantation

性状 Trait	入选家系总数 Number of selected families	入选率 Selection rate/%	入选家系均值 Mean of selected families	预期遗传增益 Expected genetic gain/%
树高 H/m	12	10	4.76	3.38
	23	20	4.66	6.22
	34	30	4.59	8.76
胸径 DBH/cm	11	10	7.49	3.30
	23	20	7.29	5.93
	35	30	7.16	8.24
材积 Volume/m ³	10	10	0.013	7.93
	21	20	0.013	15.86
	32	30	0.012	19.82
地上生物量 AGB/kg	10	10	10.05	6.60
	21	20	9.69	12.08
	31	30	9.45	16.99

注: ** 表示在0.01水平差异极显著。

Note: ** indicate significant difference at 0.01 level.

威远江省级自然保护区,平均胸径达7.36 cm,平均树高达4.63 m,平均单株材积为0.013 m³,表现良好的家系还有景洪、勐海等地。单株表现最优的前3个全部来自景谷,单株最大材积和地上生物量分别为0.016 m³和11.05 kg。

2.4 性状相关分析

生长量和形质等作为林木常规育种的重要性状指标,研究其相互间的相关性,可以间接为林木常规

表3 家系/家系内优树选择遗传增益

Table 3 Genetic gain in family/within-family selection

选择目标 Selection objective	入选家系数量 Number of selected families	性状 Trait	入选家系均值 Mean value of selected families	遗传增益 genetic gain/%
材积 Volume	60	胸径 DBH/cm	6.94	23.71
		树高 H/m	4.39	23.77
		材积 V/m ³	0.011	60.75
地上生物量 AGB	66	胸径 DBH/cm	6.87	22.54
		树高 H/m	4.37	23.21
		地上生物量 AGB/kg	8.66	44.22

育种提供一定的依据^[2]。从表4可以看出:4年生思茅松自由授粉家系植株的树高、枝下高、地径、

表4 生长与形质性状相关关系

Table 4 Correlation between growth traits and quality traits

项目 Items	树高 H	枝下高 UBH	地径 DGH	胸径 DBH	轮盘数 No. I	东西冠幅 EWC	南北冠幅 SNC	通直度 SS	树干圆 满度 SF	树冠圆 满度 CF	材积 V
枝下高 UBH	0.479 **										
地径 DGH	0.675 **	0.224 **									
胸径 DBH	0.802 **	0.348 **	0.866 **								
轮盘数 No. I	0.586 **	0.240 **	0.485 **	0.484 **							
东西冠幅 EWC	0.737 **	0.263 **	0.719 **	0.742 **	0.607 **						
南北冠幅 SNS	0.741 **	0.270 **	0.720 **	0.746 **	0.608 **	0.959 **					
通直度 SS	-0.544 **	-0.234 **	-0.328 *	-0.409 **	-0.392 **	-0.473 **	-0.473 **				
树干圆 满度 SF	0.634 **	0.632 **	0.345 **	0.750 **	0.284 **	0.465 **	0.471 **	-0.349 **			
树冠圆 满度 CF	-0.128 **	0.296 **	0.007	-0.005	0.016	0.077 **	0.076 **	0.100 **	-0.018		
材积 V	0.836 **	0.362 **	0.812 **	0.940 **	0.485 **	0.724 **	0.730 **	-0.408 **	0.650 **	-0.044 **	
地上生物量 AGB	0.824 **	0.322 **	0.923 **	0.889 **	0.520 **	0.745 **	0.748 **	0.406 **	0.448 **	-0.050 **	0.934 **

注: **表示在0.01水平差异极显著。Note: ** indicate significant difference at 0.01 level.

3 讨论

本文通过对云南省思茅松自由授粉子代测定林11个生长与形质性状的遗传参数估计、优良家系及单株的选择及各性状之间的相互关系,结果表明,4年生的思茅松自由授粉子代测定林中各性状均表现出丰富的遗传和表型变异,并具有较高的家系和单株遗传力,可以在早期选择中为思茅松无性系的发展提供优良家系和单株。由于以大径级木材为培育目标的思茅松的主伐林龄大概为30 a,人工林培育周期较长,思茅松自由授粉优良家系的早期选择时期对经营者显得十分重要,如5年生马尾松生长性状的遗传变异可以为短轮伐期纸浆人工林筛选优良家系^[2],而思茅松具有更高的生产力,其子代测定林的生长与形质性状对优良家系的早期选择具有重要参考^[17-19]。本研究表明,4年生子代测定林已经完全具备早期选择条件,对缩短育种周期和无性系育

种有积极的作用。胸径、轮盘数、东西冠幅、南北冠幅、通直度、树干圆满度与材积及地上生物量间极显著相关,树冠圆满度与材积和地上生物量间极显著相关,但与地径、胸径和轮盘数相关不显著,材积与地上生物量极显著正相关($r=0.936$)。材积和地上生物量作为本文中优良单株选择的主要目标,其它形质性状均与其有显著或极显著的正相关或负相关,其中,胸径与材积的相关系数最大($r=0.94$),其次是树高($r=0.836$);地径与生物量的相关系数最大($r=0.923$),其次是胸径($r=0.889$)和树高($r=0.824$),而轮盘数及通直度与材积和地上生物量的相关关系小于其它形质性状。

种有积极的作用。

在研究中还发现,思茅松自由授粉子代测定林的生长及形质等性状在家系间存在显著差异,可以进行优良家系及二代优树的选择,从而得到生产力高且速生丰产的种质资源,并获得显著的遗传增益;同时214个参试家系有较多家系的生长性状低于全体家系的平均值,出现生长性状较差的现状,说明优树选择的思茅松种子育种的子代测定林的表型性状出现较明显的后代分化现象。思茅松自由授粉子代测定林性状普遍具有较高的家系遗传力,这与马尾松^[9]、日本落叶松^[4,10]、杉木^[3]等其他造林树种的研究结论一致。研究表明,生长在较一致的环境条件下的材料估算出的遗传力高于环境条件差异较大的材料^[11],遗传力只能应用在特定的环境下、特定的时间内生长的特殊群体,因此,遗传力和遗传增益在不同树种的试验中有较大差异,本次参试家系种源基本涵盖了思茅松在云南省天然分布的大部分区

域,种源所在地的自然环境条件与子代测定林有较大差异,在均质环境条件下出现生长与形质性状分化较大的现象,从而导致思茅松自由授粉子代家系遗传力较大,在选择优良单株时,应首先对参试群体中表现优良的家系作为优树选择的候选,可以得到更大的附加遗传效益,在优良家系筛选的基础上,进行无性繁殖,其遗传增益幅度将更加显著。

由于森林培育目的不同,优良家系的早期选择标准有差异。以往研究中大多集中考虑以针对建筑、纸浆及高产脂等用途相关的树高、胸径和材积等性状^[3-4,10]。随着全球气候变化研究的逐渐深入,造林和再造林成为增加碳汇的主要途径^[24],选择造林树种首要考虑的是其固碳能力,以地上生物量为选择标准,筛选出固碳潜力表现优良的家系及单株,可以营造高储量的碳汇林。事实上,由于考虑到枝和叶的生物量大小,优良家系及单株的地上生物量的遗传增益小于材积,同时材积与地上生物量呈极显著正相关,因而,筛选的优良家系及单株往往重合度较高。较高的生长性状与地上生物量对森林碳储量的增强具有积极的促进作用^[25],从而使通过树木生长性状的改良进而提高森林生物量和碳储量成为可能,为营建高储量碳汇林的生产实践提供参考。通过选择良好通直度的林木可间接改良材性,研究表明,通直度可以作为评价思茅松生长优劣的关键因子^[19]。在中龄林和成熟林中,树冠性状的变异可以影响树种材积和生产力^[3],而在幼龄林中,由于试验地水热条件优越,思茅松自由授粉子代测定林生长较快,种内竞争开始出现,因而树冠圆满度对材积和地上生物量均有一定的负面影响。

4 结 论

思茅松自由授粉子代测定林生长与形质性状的方差分析表明,在家系之间存在丰富的遗传变异,家系遗传力都大于 0.5,这表明参试家系数量的增多可以为优良家系和二代优良单株的选择提供较多的繁殖材料。在子代测定林的早期选择中,可以根据不同的培育目标进行相应的家系与优良单株的选择,而材积的预期遗传增益则高于单株地上生物量,具有更好的参考价值。同时应考虑通直度、轮盘数及树干圆满度等性质性状在遗传参数评估中的作用。

在林木遗传改良中,子代测定是鉴别表型优劣的主要方法,通过表型的子代测定,可以正确评估思

茅松生长性状的遗传力和遗传增益,从而选育出优良的繁殖材料,实现林木优质高产。下一步应从思茅松自由授粉子代测定林中选择出优良家系和单株,一方面进行优良无性系的繁殖试验,另一方面对其进行控制授粉,选择优良单株进行杂交育种,为思茅松高世代种子园提供繁殖材料。本研究仅进行了单地点思茅松自由授粉家系子代测定林的试验,受试验面积、受测群体样本大小、土壤、试验地环境条件及估算方法的限制,生长性状的遗传参数估计往往有较大的变异,今后应开展思茅松子代测定林的多点试验。此外,尽管树高作为早期选择指标具有更高的遗传性,随着林龄的增加,树高测量难度和误差都将增大,其稳定性低于胸径,胸径作为早期选择因子也同样重要。

参 考 文 献:

- [1] 孙晓梅,张守攻,候义梅,等.短轮伐期日本落叶松家系生长性状遗传参数的变化[J].林业科学,2004,40(6):68-74.
- [2] 季孔庶,樊明亮,徐立安.马尾松无性系种子园半同胞子代变异分析和家系选择[J].林业科学,2005,41(6):43-49.
- [3] Bian L M, Shi J S, Zheng R H, et al. Genetic parameters and genotype-environment interactions of Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) in Fujian Province[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2014,44:582-592.
- [4] Lai M, Sun X M, Chen D S, et al. Age-related trends genetic parameters for *Larix kaempferi* and their implications for early selection [J]. BMC Genetics, 2014, 15(Suppl 1):S10.
- [5] Carter K K, Adams G W, Greenwood M S, et al. Early family selection in jack pine[J]. Canadian Journal of Forest Research, 1990, 20(3):285-291.
- [6] 方乐金,施季森,张运斌,等.杉木优良家系及单株综合选择研究[J].南京林业大学学报,1998,22(1):17-21.
- [7] Antony F, Schimleck L R, Jordan L, et al. Growth and wood properties of genetically improved loblolly pine: propagation type comparison and genetic parameters[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2014, 44(3): 263-272.
- [8] 王德源,童春发.林木多地点半同胞子代测定遗传分析 R 语言软件包及其应用[J].南京林业大学学报:自然科学版,2015,39(5):45-51.
- [9] 刘青华,周志春,范辉华,等.马尾松产脂力与生长性状的家系变异及优良家系早期选择[J].林业科学研究,2013,26(6):686-691.
- [10] 杨秀艳,张守攻,孙晓梅,等.北亚热带高山区日本落叶松自由授粉家系遗传测定与二代优树选择[J].林业科学,2010,46(8):45-50.
- [11] Roberds J H, Strom B L, Hain F P, et al. Estimates of genetic parameters for oeresin and growth traits in juvenile loblolly pine[J]. Canadian Journal of Forest Research, 2003, 33(12):2649-2476.

- [12] Lepoittevin C, Rousseau J P, Guillemin A, *et al.* Genetic parameters of growth, straightness and wood chemistry traits in *Pinus pinaster*[J]. *Annals of Forest Science*, 2011, 68(4):873-884.
- [13] Mutete P, Murepa R, Gapare W J. Genetic parameters in subtropical pine F1 hybrids heritabilities, between-trait correlations and genotype-by-environment interactions [J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2015, 11:92-108.
- [14] 吴兆录. 思茅松研究现状的探讨[J]. *林业科学*, 1994, 30(2):151-157.
- [15] 李帅锋, 苏建荣, 刘万德, 等. 云南省思茅松林群落数量分类及物种多样性与自然环境的关 系[J]. *生态学杂志*, 2013, 32(12):3152-3159.
- [16] 李帅锋, 苏建荣, 刘万德, 等. 思茅松天然群体种实表型变异[J]. *植物生态学报*, 2013, 37(11):998-1009.
- [17] 许玉兰, 段安安. 思茅松遗传改良研究现状及育种策略的探讨[J]. *西南林学院学报*, 2001, 24(4):68-72.
- [18] 赵文书, 唐社云, 李莲芳, 等. 思茅松优树半同胞子代测定结果分析[J]. *云南林业科技*, 1999, 88(3):6-12.
- [19] 周长富, 陈宏伟, 李桐森, 等. 思茅松优树半同胞子代测定林优良家系选择[J]. *福建林业科技*, 2008, 35(3):60-66.
- [20] 杨宗武, 郑仁华, 傅忠华, 等. 马尾松工业用材优良家系选择的研究[J]. *林业科学*, 2003, 39(专刊1):74-80.
- [21] 宋永俊. 思茅松人工林二元材积模型的编制[J]. *云南林业调查规划设计*, 1998, 23(4):14-18.
- [22] 周志春, 林荣联, 兰永兆, 等. 马尾松实生种子园的遗传分析和育种值预测[J]. *林业科学研究*, 1999, 12(2):132-138.
- [23] 童春发, 卫巍, 尹辉, 等. 林木半同胞子代测定遗传模型分析[J]. *林业科学*, 2010, 46(1):29-35.
- [24] Li S F, Su J R, Liu W D, *et al.* Changes in biomass carbon and soil organic carbon stocks following the conversion from a secondary coniferous forest to a pine plantation[J]. *Plos One*, 2015, 10(9):e0135946.
- [25] 贾庆彬, 张含国, 王美玲, 等. 长白落叶松家系碳含量遗传变异与高固碳家系选择[J]. *东北林业大学学报*, 2013, 41(5):28-32.

(责任编辑:张玲)