

青海云杉自由授粉家系遗传评价与选择

欧阳芳群^{1*}, 祁生秀^{1,2}, 蔡启山^{1,2}, 范国霞^{1,2}, 陈海庆^{1,2}, 高万里^{1,2},
杨桂娟¹, 贾子瑞¹, 王军辉^{1*}

(1. 林木遗传育种国家重点实验室 中国林业科学研究院林业研究所, 国家林业局林木培育重点实验室, 北京 100091;
2. 青海省大通县东峡林场, 青海 大通 810100)

摘要: [目的]通过对青海云杉1代无性系种子园自由授粉家系开展遗传评价,利用遗传测定结果提升青海云杉造林的良种化水平及提高良种使用率。[方法]本文以青海云杉初级种子园自由授粉家系测定林为研究材料,对13年生青海云杉家系树高、新梢长、保存率和11年生的主、侧梢冻害率进行了遗传评价,采用综合指数选择优良家系和最佳线性无偏预测方法预测单株育种值选择二代优树。[结果]研究表明:家系13年生的树高、新梢长、保存率和11年生主、侧梢冻害率的表型变异系数是24.06%~84%,遗传变异系数是3.28%~19.31%。家系、家系和区组互作效应显著影响了13年生青海云杉树高和新梢长。树高和新梢长的家系遗传力分别是42.5%和34.2%,而单株遗传力是3.00%,家系遗传力高于单株遗传力。采用综合指数选择法进行生长和抗性性状的综合选择,根据综合指数基于多样性和遗传增益进行平衡选择,有21个家系入选,入选家系的树高、保存率、主梢冻害率现实遗传增益分别为5.66%、12.59%和12.96%。根据家系内单株13年生的树高育种值从1103个单株中选择二代优树111个,单株入选率为10.06%,入选二代优树树高的期望遗传增益是20.10%。[结论]青海云杉13年生树高和新梢长在系间存在显著变异,且还受家系与环境互作效应的影响,说明青海云杉家系的生长不仅受遗传的控制,还受遗传和环境的互作影响。根据各家系13年生树高和保存率和11年生主、侧梢冻害率综合指数值按35%的入选率综合选择21个家系,入选的家系不仅生长好,且抗性强,可用于回选优良无性系用于改扩建1代种子园或建立1.5代种子园。

关键词:青海云杉;遗传变异;育种值;BLUP;综合指数选择法

中图分类号:S718.46

文献标识码:A

文章编号:1001-1498(2018)06-0026-07

Genetic Evaluation and Selection on Open-Pollinated Families of *Picea crassifolia* Kom.

OUYANG Fang-qun¹, QI Sheng-xiu^{1,2}, CAI Qi-shan^{1,2}, FAN Guo-xia^{1,2}, CHEN Hai-qing^{1,2},
GAO Wan-li^{1,2}, YANG Gui-juan¹, JIA Zi-ru¹, WANG Jun-hui¹

(1. State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Key Laboratory of Tree Breeding and Cultivation, State Forestry Administration, Beijing 100091, China; 2. Dongxia Forestry Centre, Datong 810100, Qinghai, China)

Abstract: [Objective] To evaluate the genetic characteristics of open-pollinated families of *Picea crassifolia* in seed orchard in order to improve the elite breeding of *P. crassifolia* for afforestation. [Method] The genetic variation of height, stem increment, reserving rate at the thirteenth year and freezing injury rate at the eleventh year of open-pollinated *P. crassifolia* families were analyzed to select elite families using composite index selection method and select superior individuals using breeding value predicting by BLUP for providing high quality genetic breeding materials of

收稿日期:2017-05-22 修回日期:2018-06-05

基金项目:“十三五”重点研发专项子课题“云杉优良品系选育与大径材定向培育技术研究与示范(2017YFD0600606-09)”;中央财政推广项目“青海云杉扦插育苗技术推广示范”(ZCT(2016)-007号);青海省财政推广项目“青海云杉优良遗传材料优化育苗技术试验示范”。

作者简介:欧阳芳群,博士,主要研究方向云杉遗传育种。E-mail:fangqun163@163.com

* 通讯作者:王军辉,研究员,博士生导师,主要研究方向云杉榧树遗传育种。E-mail:wangjh808@sina.com

P. crassifolia. [Result] The results showed that the phenotypic and genetic variation coefficient were 24.06%~84% and 3.28%-19.31% for height, stem increment, reserving rate at the thirteenth year and freezing injury rate at the eleventh year. The family and the interaction effects between family and block significantly affected the height, stem increment of thirteen-years-old *P. crassifolia*. The family heritabilities of height and stem increment were 42.5% and 34.2% respectively, while, their individual heritability were 3.00%. Their family heritability was higher than individual heritability in *P. crassifolia* families. 21 elite families were chosen based on diversity and genetic gain using comprehensive index selection method, the realized genetic gain of height, survival rate and freezing injury rate were 5.66%, 12.59% and 12.96%, respectively. According to breeding value, 111 superior individuals were selected from 1103 trees, the expected genetic gain was 20.10%. [Conclusion] The growth of *P. crassifolia* is controlled not only by genetic heritability, but also by the interaction effects between genetic heritability and environment. According to composition index of height and reserving rate at the thirteenth year and the freezing injury rate at the eleventh year, 21 elite families with good growth performance and strong resistance were chose by 35% selection rate, which may be used in reorganization and expansion of seed orchard in the first and 1.5 generation of *P. crassifolia*.

Keywords: *Picea crassifolia*; genetic variation; genetic gain; BLUP; combined index selection

遗传测定是树木改良项目的核心环节,通过遗传测定,可以确定测定群体的基本遗传结构,可以根据子代测定的结果回选优良亲本,可以为高轮次遗传改良创造一个基本群体^[1],还可以估算遗传增益以评价改良效果^[2-4]。云杉家系间变异显著^[5-6],多性状综合选择法选出8个丽江云杉(*Picea likiangensis*)优良家系^[7]。根据树木家系间变异可对初级种子园中的无性系进行回选或在测定林中对优良家系子代进行前向选择,提高人工林分生产力^[1]。

青海云杉(*P. crassifolia*)的遗传改良工作始于20世纪70年代,1974年通过在青海省开展青海云杉单株选优营建了初级种子园,2008年建立了青海云杉初级种子园无性系自由授粉家系测定林。但目前青海云杉良种的质量和数量仍远远满足不了生产发展的需求。本文以青海云杉家系测定林为研究材料,对家系的生长性状和抗冻害能力进行遗传变异评价,并采用多性状综合指数法选出优良家系和利用单株育种值选出二代优树。旨在利用遗传测定结果提升青海云杉造林的良种化水平及提高良种使用率,也为加速现有初级种子园的去劣疏伐和为青海云杉高轮次种子园营建创造育种群体提供依据。

1 材料和方法

1.1 试验地点与试验材料

试验地设在青海省大通东峡林场桦林桦尖试验林,海拔2940 m,弃耕地,坡度8°~9°,坡向西;属高原半干旱大陆性气候,当地全年日照时数2533.5

h,年平均气温1.5℃,地面(0.0 cm)平均温度4.2℃,年平均降水量552.2 mm,年湿润指数1.09,属湿润地区,年平均蒸发量1210.0 mm。

1.2 试验设计

家系种子来源于青海云杉初级无性系种子园的自由授粉种子。2003年11月在温室内进行播种培育容器苗,2008年5月,按9株小区4次重复营建子代测定林,株行距为1.5 m×2 m,共计60个家系参试。

1.3 测定指标

全林调查了各家系13年生的树高、新梢长、保存率。11年生(2013年6月7日)时受低温冻害,调查了11年生植株的主梢冻害率和侧梢冻害率。

1.4 统计分析方法

1.4.1 方差分析 以单株调查值为单元,对各区组的家系性状进行双因素方差分析。线性模型为:

$$X_{ijk} = \mu + B_i + F_j + BF_{ij} + e_{ijk}$$

式中: X_{ijk} 为单株观测值; μ 为试验均值; B_i 为区组处理(固定); F_j 为家系效应(随机); BF_{ij} 为区组与家系的互作效应; e_{ijk} 为剩余项。

期望均方和方差分量按固定模型分析。

1.4.2 多性状综合选择优良家系 本研究用简化的选择指数法^[8],13年生苗高生长量用 X_1 表示和13年生保存率用 X_2 表示,其经济权重分别为10:5,根据简单指数选择公式:

$$I = \frac{W_1 \times h_{b1}^2 \times \bar{X}_1}{S_1} + \frac{W_2 \times h_{b2}^2 \times \bar{X}_2}{S_2} +$$

$$\dots + \frac{W_n \times h_{bn}^2 \times \bar{X}_n}{S_n} = \sum_{i=0}^n \frac{W_i \times h_{bi}^2 \times \bar{X}_i}{S_i}$$

公式中： I 为指数值， W_i 为第*i*性状的经济权重， h_{bi} 为第*i*性状的家系遗传力； \bar{X}_i 为第*i*性状的平均值； S_i 为第*i*性状的表型标准差。

1.4.3 二代优树选择 利用最佳线性无偏预测 (BLUP)方法计算家系内单株的育种值。

用于预测育种值的线性模型可表示为：

$$y = X\beta + Zu + e \quad (1)$$

式(1)中： y 为一个维的观察向量； β 为*p*维未知的固定效应向量； u 为*q*维随机效应向量； e 为*n*维随机误差向量； X 和 Z 为相应的设计矩阵。

假定 $E(u) = 0, E(e) = 0$ 及

$$\text{var} \begin{pmatrix} u \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{pmatrix} \quad (2)$$

式(2)中： G 和 R 均为已知的正定矩阵。

对于模型(1)，最一般的情况就是获得参数线性函数 $K'\beta + M'u$ 的最佳线性无偏预测。这里的“线性”是指预测是观察数据 y 的线性函数，“无偏”是指预测的平均值等于被预测的均值，“最佳”是指预测在所有的线性预测中其有最小的均方误差。一般对固定效应使用“估计”一词，而对随机效应则使用“预测”一词，因此，将参数估计或预测简称为 BLUP 估计^[9]。

$$\begin{cases} \hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \\ \hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta}) \end{cases} \quad (3)$$

式(3)中：参数向量 $\hat{\beta}$ 和 \hat{u} 的估计可通过如下所谓混合模型方程求出：

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \beta \\ u \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix} \quad (4)$$

对于13年生单株树高育种值大于平均育种值的个体入选。为了尽可能保持较为广泛的遗传多样性，避免近交过快发生，同时保证较高的遗传增益，最终依据单株育种值的大小和同一子代测定林中同一家系入选优树总数不超过5株的原则^[10]来选择二代优树。

1.4.4 遗传参数估算 各性状的家系遗传力和单株遗传力采用以下公式计算：

$$\hat{H}_i^2 = \frac{4\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \sigma_{fb}^2 + \sigma_e^2}$$

$$\hat{H}^2 = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \sigma_{fb}^2/n_1 + \sigma_e^2/n_2}$$

式中： \hat{H}_i^2 为单株遗传力； \hat{H}^2 为家系遗传力；

$\sigma_f^2, \sigma_{fb}^2, \sigma_e^2$ 分别为家系、区组和家系互作和环境效应的方差分量； n_1 和 n_2 分别表示重复数和小区调和株数。

遗传变异系数和表型变异系数采用下列公式计算：

$$CV_G = \sqrt{\sigma_f^2}/X \times 100\%$$

$$CV_P = \sqrt{\sigma_p^2}/X \times 100\%$$

式中： CV_G 和 CV_P 分别表示家系遗传变异系数和表型变异系数； σ_p^2 表示表型方差； X 表示性状总平均值。

期望遗传增益：

$$\Delta G = (x - X)\hat{H}^2 \times 100\%$$

式中： ΔG 为期望遗传增益， x 表示入选群体性状均值， X 表示性状总平均值， \hat{H}^2 为家系遗传力。

现实遗传增益：

$$G = (x - X)/X \times 100\%$$

式中： G 为现实增益， X 为对照的树高、保存率及冻害率。

方差分析用 SAS 9.1.3 软件统计分析^[11]；BLUP 育种值估算借助 R3.1.1 软件和 ASReml v.3^[12]进行分析。

2 结果分析

2.1 生长性状的表型变异和遗传参数估计

青海云杉家系13年生树高平均为93.1 cm，新梢长18.1 cm。树高和新梢长的表型变异系数分别为24.06%和40.94%，遗传变异系数分别为3.28%和5.12%。13年生苗木保存率为73%，最大的保存率为94.5%，最小的仅为11%。

家系11年生时主梢和侧梢受到不同程度的冻害，平均主梢冻害率为25%，平均侧梢冻害率为57%。主梢冻害率的表型变异系数为84.00%，遗传变异系数为19.31%；侧梢冻害率的表型变异系数为45.61%，遗传变异系数为3.74%（表1）。

从各性状的家系遗传力和单株遗传力估算值来看（表1），家系遗传力高于单株遗传力。13年生树高、新梢长的家系遗传力分别是42.5%和34.2%，而单株遗传力很低，均为3.00%。13年生保存率的家系遗传力是23.7%，单株遗传力是3.4%；11年生主梢冻害率和侧梢冻害率的家系遗传力是14.5%和16.0%，单株遗传力是1.8%和2.0%。

表1 家系测定林生长性状的变异分析

Table 1 Variation analysis of growth traits of *Picea crassifolia* in afforestation period

性状 Trait	平均值 Mean value	标准差 SD	表型变 异系数 $CV_P / \%$	遗传变异 系数 $CV_G / \%$	最小值 Minimum value	最大值 Maximum value	家系遗 传力/ $\% \hat{h}^2$	单株遗 传力/ $\% \hat{h}_i^2$
13年生树高 Height at thirteen year/cm	93.1	22.4	24.06	3.28	57.0	108.4	42.5	3.0
13年生新梢长 Stem increment at thirteen year/cm	18.1	7.41	40.94	5.12	9.5	23.5	34.2	3.0
13年生保存率 Save percentage at thirteen year/ $\%$	73	0.2	27.40	5.60	11.0	94.5	23.7	3.4
11年生主梢冻害率 Freezing injury rate of trunk at eleven year/ $\%$	25	0.21	84.00	19.31	0.0	59.5	14.5	1.8
11年生侧梢冻害率 Freezing injury rate of lateral branch at eleven year/ $\%$	57	0.26	45.61	3.74	0.0	100	16.0	2.0

对测定林家系各性状来进行方差分析(表2)可知:家系和家系与区组的互作效应显著影响13年生树高和新梢长。从方差分量看,家系与区组的互作效应大于家系效应,树高和新梢长的家系与区组的

互作效应的方差分量分别是5.50%和3.35%;而家系效应的方差分量分别是1.90%和1.56%(表3)。家系和家系与区组互作效应对13年生的保存率、11年生主梢冻害率、侧梢冻害率均无显著影响。

表2 青海云杉家系生长性状方差分析

Table 2 Variation analysis of growth traits of *Picea crassifolia*

变异来源 Various component	自由 度 DF	13年生树高 Height at thirteen year/cm		13年生新梢长 Stem increment at thirteen year/cm		自由 度 DF	13年生保存率 Save percentage at thirteen year/ $\%$		11年生顶梢冻害率 Freezing injury rate of trunk at eleven year/ $\%$		11年生侧梢冻害率 Freezing injury rate of lateral branch at eleven year/ $\%$	
		均方 MS	F 值 F value	均方 MS	F 值 F value		均方 MS	F 值 F value	均方 MS	F 值 F value	均方 MS	F 值 F value
		家系 Family	59	797	1.74***		79.4	1.52***	59	0.042	1.31	0.049
区组 Block	3	1633	3.56*	25	0.48	3	0.017	0.23	0.071	3	0.157	1.85
家系区组 FamilyBlock	147	625	1.36**	62	1.19***	150	0.032	0.47	0.042	1.77	0.059	0.7
误差 Error	892	459		52.3		9	0.067		0.024		0.085	

注: * 代表0.05水平显著, ** 代表0.01水平显著, *** 代表0.001水平显著。

Note: * Significant at 0.05, ** significant at 0.01, *** significant at 0.001.

表3 青海云杉家系的生长性状方差分量

Table 3 Variation component of growth traits of *Picea crassifolia*

性状指标 Traits	变异来源 Various component	家系 Family	家系 × 区组 Family × Block	误差项 Error
13年生树高 Height at thirteen year/cm	方差分量 Various component	9.32	26.99	454.63
	百分比 Percentage/ $\%$	1.90	5.50	92.60
13年生新梢长 Stem increment at thirteen year/cm	方差分量 Various component	0.86	1.85	52.47
	百分比 Percentage/ $\%$	1.56	3.35	95.09
13年生保存率 Save percentage at thirteen year/ $\%$	方差分量 Various component	1.67E-03	5.55E-08	3.47E-02
	百分比 Percentage/ $\%$	4.59	0	95.41
11年生主梢冻害率 Freezing injury rate of trunk at eleven year/ $\%$	方差分量 Various component	0.002 33	0.009 57	0.032 09
	百分比 Percentage/ $\%$	5.3	21.75	72.95
11年生侧梢冻害率 Freezing injury rate of lateral branch at eleven year/ $\%$	方差分量 Various component	0.000 454	0.002 397	0.060 946
	百分比 Percentage/ $\%$	0.71	3.76	95.53

2.2 综合指数法选择优良家系

青海云杉优良家系综合选择应同时考虑生长和抗性能力指标。家系测定林的抗性能力主要是通过11年生主梢冻害率、侧梢冻害率和13年生保存率来反映,因此,以13年生树高生长量(X_1)、13年生

保存率(X_2)、11年生主梢冻害率(X_3)和11年生侧梢冻害率(X_4)4个指标进行优良家系综合选择。根据性状重要性将4个性状的经济权重分别设为10、5、5、5,根据简单指数选择公式^[8]得出优良家系选择指数方程为:

$I = 0.19X_1 + 5.93X_2 + (-3.45 X_3) + (-3.08 X_4)$ 结果见表4。

将各家系4个性状的平均值代入该指数方程,

表4 测定家系各性状的平均值和综合选择指数值(前25名)

Table 4 The comprehensive selection index value and mean value of traits of *Picea crassifolia* in afforestation period (top25)

序号 Number	家系 Family	13年生树高 Height at thirteen year	13年生保存率 Save percentage at thirteen year	11年生主梢冻害率 Freezing injury rate of trunk at eleven year	11年生侧梢冻害率 Freezing injury rate of lateral branch at eleven year	综合选择指数值 comprehensive selection index value
1	81155	109.67	0.86	0.19	0.43	23.95
2	81133	96.80	0.89	0.12	0.21	22.58
3	81143	104.54	0.86	0.27	0.62	22.12
4	81170	101.52	0.78	0.17	0.43	21.97
5	81164	99.37	0.95	0.20	0.66	21.75
6	81137	108.35	0.62	0.18	0.70	21.41
7	81020	101.92	0.81	0.27	0.63	21.27
8	82003	97.58	0.89	0.20	0.60	21.26
9	83015	102.17	0.89	0.25	0.88	21.10
10	81163	96.67	0.81	0.20	0.49	20.93
11	81167	99.97	0.86	0.25	0.75	20.91
12	81010	101.67	0.89	0.43	0.71	20.89
13	81165	92.85	0.89	0.30	0.40	20.62
14	83004	96.85	0.67	0.17	0.42	20.46
15	83009	98.14	0.84	0.32	0.69	20.34
16	81144	94.89	0.84	0.27	0.55	20.32
17	81036	90.29	0.86	0.13	0.53	20.13
18	81008	89.45	0.71	0.1	0.25	20.06
19	81125	97.14	0.75	0.2	0.72	19.99
20	83005	90.72	0.81	0.12	0.54	19.91
21	81097	95.17	0.78	0.23	0.64	19.9
22	83012	97.76	0.78	0.42	0.59	19.89
23	81105	97.16	0.64	0.15	0.59	19.87
24	81030	99.84	0.73	0.4	0.67	19.8
25	83010	95.75	0.67	0.24	0.51	19.71

根据各家系指数值的高低,基于多样性和遗传增益平衡选择对各家系进行综合选择,入选的家系共21个,入选率为35%。入选家系的树高、保存率、主梢冻害率和侧梢冻害率的均值分别是98.37 cm, 82.19%, 21.76%和56.43%;期望遗传增益分别为2.41%、2.98%、1.88%和0.16%;现实遗传增益分别为5.66%、12.59%、12.96%和1.00%。

2.3 最佳线性无偏预测法选择二代优树

以每区组子代林总株数10%入选比例,1103个单株中共有111个单株入选,单株入选率为10.06%,入选优树的期望遗传增益是20.10%,现实遗传增益40.97%。共有34个家系入选,家系入选率为56.67%。

3 讨论

青海云杉初级种子园中的无性系均来源于天然林根据生长表型选择出来的优树,其优良生长表型

是在遗传和环境的共同作用下形成的。为了解各优树的遗传背景,建立了初级种子园自由授粉家系测定林。通过对优树子代生长表型的测定可直接了解遗传因素对生长的作用。本研究通过对青海云杉初级种子园自由授粉家系的生长、冻害率和保存率等性状的遗传变异分析发现,各性状的表型变异系数是24.06%~84.00%,遗传变异系数是3.28%~19.31%。家系、家系与区组的互作效应显著影响树高和新梢长,家系与区组的互作效应的方差分量比家系的方差分量大,说明青海云杉家系的生长受遗传和环境的互作影响非常大。

已有研究表明,林木生长性状一般受中等程度的遗传控制,遗传力为20%左右^[3,13]。通过高强度的选择,可以使生长性状的遗传增益得到有效提高。本研究的青海云杉家系各生长性状指标,13年生树高、新梢长家系遗传力为42.5%和34.2%,而单株遗传力是3.00%。这与其他云杉种的研究结果基

本类似。白云杉(*P. glauca*)家系间变异显著,树高单株遗传力、家系遗传力分别是15%~32%、62%~84%;胸径的单株遗传力、家系遗传力分别是10%~23%、50%~81%^[14]。欧洲云杉(*P. abies*)3、6、10年生的狭义遗传力分别是52%、36%和29%,相应的家系遗传力分别是82%、73%和67%^[15]。以上可以看出,云杉家系的生长性状受较强的遗传因素控制,进行优良家系的生长选择可取得较好的改良效果。单株遗传力明显低于家系遗传力,单株选择的效果次于家系选择,但若将家系选择和单株选择相结合,则可能取得更好改良效果。

优良家系选择对林木良种选育来说是一项非常重要的基础工作。在林业上,一般常用的优良家系选择方法有2种,即单一指标选择和综合指标选择。所谓的单一指标选择就是指就某个单一性状或指标进行的选择,入选优良家系只代表选择指标或性状的优良性;综合指标选择是指综合多个指标或性状进行选择,入选优良家系具有多个性状的优良性。所以既要选择生长快,又要兼具抗性优良的家系需要进行生长、抗性等多性状联合选择来完成^[16-18]。林木育种常用的多性状选择方法有:连续选择法、独立淘汰法、简单加权法和指数选择法。指数选择除具有一般选择方法的优点外,还考虑了各个性状的相对经济权重,其选择效率高,是评价多性状优良家系的最佳选择方法^[19]。青海云杉优良家系综合选择是同时考虑生长性状和抗性能力指标,因此以13年生树高生长量、11年生主梢冻害率、侧梢冻害率和13年生保存率4个指标进行优良家系综合选择。根据各家指数按35%的入选率综合选择21个家系,入选家系的树高、保存率、主梢冻害率和侧梢冻害率的现实遗传增益分别为5.66%、12.59%、12.96%和1.00%。

树木高世代育种应避免近亲繁殖,为生产提供具有遗传多样性的种子。Olsson等^[20]发现,近交衰退现象似乎并不明显^[20],且在研究近交对火炬松的生长影响时,还发现了一个特别的亲本组合,其生长不仅不受近交影响,还生长优良^[21]。不过,高级种子园不但建园群体数量显著减少,而且还包含回选和前向选择的重叠世代^[22],这就使近交几率加大,因此,必须了解建园亲本间的亲缘关系。本研究建立的青海云杉自由授粉家系混合子代群体种植规模大,其父、母本均未知。分子标记尤其是简单重复序列(SSRs)是高分辨率的分子标记,可以鉴定同一物

种的不同个体。结合表型选择,利用分子标记检测高世代无性系间的相对亲缘关系,合理配置无性系,可以有效控制近交,提高子代杂合率,拓展种子园子代的遗传多样性。当前,分子标记技术已被广泛应用于亲缘关系鉴别和谱系构建^[1,23-24]、优良繁殖材料选择^[25]、交配系统分析^[26-27]等林木育种领域,显著提高了育种的效率和效果。本研究选择的优良家系可用于回选出优良无性系用于1代种子园改扩建和建立1.5代种子园;从家系子代测定林中筛选的111个优良单株,用SSR标记确定单株间的相对亲缘关系,结合配置设计的亲缘控制,可以用于第2代种子园的营建^[1]。

4 结论

青海云杉13年生树高和新梢长在家系间存在显著变异,且还受家系与环境互作效应的影响,说明青海云杉家系的生长不仅受遗传的控制,还受遗传和环境的互作影响。根据各家系13年生树高和保存率及11年生主、侧梢冻害率综合指数按35%的入选率综合选择21个家系,入选的家系不仅生长好,且抗性能力强,可用于回选优良无性系用于改扩建1代种子园或建立1.5代种子园。以每区组子代林总株数10%的入选比例,1103个单株中共有111个单株入选,入选优树的预期遗传增益20.10%,入选优树结合配置设计的亲缘控制,可以用于第2代种子园的营建。

参考文献:

- [1] 袁虎威. 油松高轮次遗传改良关键技术与策略[D]. 北京:北京林业大学,2016.
- [2] Jansson G. Gains from selecting *Pinus sylvestris* in southern Sweden for volume per hectare [J]. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 2007, 22(3):185-192.
- [3] Kroon J, Ericsson T, Jansson G, et al. Patterns of genetic parameters for height in field genetic tests of *Picea abies* and *Pinus sylvestris* in Sweden [J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2011, 7(6):1099-1111.
- [4] 李青粉, 马建伟, 王军辉, 等. 油松自由授粉家系分阶段测定与选择的差异分析[J]. *林业科学研究*, 2015, 28(4):451-456.
- [5] 欧阳芳群, 王军辉, 贾子瑞, 等. 补光对青海云杉家系幼苗生物量和矿质元素的影响[J]. *林业科学*, 2014, 50(11):188-196.
- [6] 刘林英, 蒋明, 张宋智, 等. 青海云杉半同胞家系苗期遗传变异及选择[J]. *东北林业大学学报*, 2012, 40(7):11-13.
- [7] 王丽芳, 安三平, 王美琴, 等. 丽江云杉家系主要性状遗传分析及综合选择[J]. *东北林业大学学报*, 2013, 41(12):8-12.
- [8] 韦力权. 杉木无性系生长与材性综合遗传改良研究[D]. 南宁:

- 广西大学, 2004.
- [9] Robinson G K. That BLUP is a good thing: The estimation of random effects[J]. *Statistics Science*, 1991, 6: 15 - 51.
- [10] 马常耕. 高世代种子园营建研究的进展[J]. *世界林业研究*, 1994, 7(1): 31 - 38.
- [11] Institute S. SAS / STAT user's guide: version 6, vol 2. Sas Inst, 1990.
- [12] Gilmour A R, Gogel B J, Cullis B R, *et al.* *Asreml User Guide Release 3.0*. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, 2009.
- [13] Cornelius J. Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 1994, 24(2): 372 - 379.
- [14] Xie C Y, Yanchuk A D. Genetic parameters of height and diameter of interior spruce in British Columbia [J]. *Forest Genetics*, 2002, 9(1): 1 - 10.
- [15] Kiss G, Yeh F C. Heritability estimates for height for young interior spruce in British [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2011, 18(2): 158 - 162.
- [16] 马顺兴, 王军辉, 张守攻, 等. 日本落叶松无性系木材性质的遗传变异[J]. *林业科学研究*, 2008, 21(1): 69 - 73.
- [17] 沈亚洲, 王军辉, 张守攻, 等. 欧洲黑杨生长与材性联合选择 [J]. *西南林业大学学报*, 2012, 32(2): 11 - 15.
- [18] 王润辉, 胡德活, 郑会全, 等. 杉木无性系生长和材性变异及多性状指数选择 [J]. *林业科学*, 2012, 48(3): 45 - 50.
- [19] 刘永红, 杨培华, 樊军锋, 等. 油松优良家系多性状选择方法研究 [J]. *西北农林科技大学学报: 自然科学版*, 2006, 34(12): 115 - 120.
- [20] Olsson T, Lindgren D, Li B. Balancing genetic gain and relatedness in seed orchards [J]. *Silvae Genetica*, 2001, 50(5 - 6): 222 - 227.
- [21] Ford G A, Mckeand S E, Jett J B, *et al.* Effects of inbreeding on growth and quality traits in Loblolly Pine [J]. *Forest Science*, 2015, 61(3): 579 - 585.
- [22] Hodge G R, White T L. Advanced-generation wind-pollinated seed orchard design [J]. *New Forests*, 1993, 7(3): 213 - 236.
- [23] El-Kassaby Y A, Cappa E P, Liewlaksaneeyanawin C, *et al.* Breeding without breeding: Is a complete pedigree necessary for efficient breeding [J]. *PLoS One*, 2011, 6(10): e25737.
- [24] Yuan H, Niu S, Elkassaby Y A, *et al.* Simple genetic distance-optimized field deployments for clonal seed orchards based on microsatellite markers: As a case of Chinese pine seed Orchard [J]. *PLoS One*, 2016, 11(6): e0157646.
- [25] El-Kassaby Y A, Klapste J, Guy R D. Breeding without breeding: selection using the genomic best linear unbiased predictor method (GBLUP) [J]. *New Forests*, 2012, 45(5 - 6): 631 - 637.
- [26] Shimono A, Wang X R, Torimaru T, *et al.* Spatial variation in local pollen flow and mating success in a *Picea abies*, clone archive and their implications for a novel "breeding without breeding" strategy [J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2011, 7(3): 499 - 509.
- [27] Wang J, Elkassaby Y A, Ritland K. Estimating selfing rates from reconstructed pedigrees using multilocus genotype data [J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21(21): 100 - 116.

(责任编辑: 张 研)