

粤北杉木第二代种子园子代遗传测定与选择*

张庆华¹ 王润辉² 胡德活² 郑会全²
晏 姝² 韦如萍² 黄小平³

(1. 韶关市国有华溪林场, 广东 韶关 511176; 2. 广东省森林培育与保护利用重点实验室/广东省林业科学研究院, 广东 广州 510520; 3. 韶关市国有曲江林场, 广东 韶关 512199)

摘要 为选育粤北杉木 (*Cunninghamia lanceolata*) 栽培区优良杉木二代家系, 为高世代育种准备优良遗传材料, 对 15 a 生的杉木二代家系测定林进行生长调查, 检测数据满足方差齐性, 方差分析结果表明, 家系与重复互作效应不显著, 家系效应差异显著。遗传参数估算结果显示, 树高、胸径和材积的家系和单株遗传力分别为 0.186 和 0.028、0.252 和 0.046、0.274 和 0.048。以“先开展优良家系选择, 再选出优良家系中的最优单株”的选择途径, 选出优良家系 4 个, 优良单株 7 个, 并进行收集保存, 观察确定是优良材料后可补充杉木遗传繁殖材料。

关键词 杉木; 二代种子园; 遗传测定; 选择

中图分类号: S792 文献标识码: A 文章编号: 2096-2053(2018)01-0007-05

Genetic Test and Selection of Progenies from Second-generation Seed Orchard of *Cunninghamia lanceolata* in Northern Guangdong Province

ZHANG Qinghua¹ WANG Runhui² HU Dehuo² ZHENG Huiquan²
YAN Shu² WEI Ruping² HUANG Xiaoping³

(1. Huaxi Stated-owned Forest Farm, Shaoguan, Guangdong 511176, China; 2. Guangdong Provincial Key Laboratory of Silviculture, Protection and Utilization/Guangdong Academy of Forestry, Guangzhou, Guangdong 510520, China; 3. Qujiang Stated-owned Forest Farm, Shaoguan, Guangdong 512199, China)

Abstract In order to select the superior *Cunninghamia lanceolata* families in north Guangdong province, and prepare excellent genetic resource for the higher generation breeding, the growth investigation of 15-year-old *C. lanceolata* second generation pedigree was conducted. Bartlett test proved the data meet normality. The ANOVA results showed that there were no significant effect between pedigree and repeat interaction, and the pedigree effect was significantly different. Estimation of genetic parameter showed that the family and individual heritability of tree height, DBH and volume were 0.186 and 0.028, 0.252 and 0.046, 0.274 and 0.048, respectively. Superior family selection firstly, and then select the most superior individual within the superior family, these were the main method in this study. Four superior families and seven superior individuals were selected and collected for collection and preservation. After observation, it was confirmed that they were excellent materials and could be supplemented with *C. lanceolata* propagation materials.

Key words *Cunninghamia lanceolata*; second-generation seed orchard; genetic test; selection

* 基金项目: 国家重点研发计划项目课题“杉木大径材高效培育技术研究”(2016YFD0600301); 广东省科技厅公益研究与能力建设项目“红心材杉木良种选育研究”(2016B020201002)。

第一作者: 张庆华(1974—), 男, 工程师, 主要从事森林培育研究和林业管理工作, E-mail: jqs2698@163.com。

通信作者: 王润辉(1974—), 男, 高级工程师(教授级), 主要从事林木遗传改良研究, E-mail: wrunh@163.com。

在我国所有造林树种营造的人工林中,杉木人工林的面积和蓄积量均居首位,分别达895万 hm^2 和6.25亿 m^3 。杉木人工林经营质量的高低,不仅关系到木材的安全,而且还关系到生态的安全,直接影响到中国生态文明建设进程。为了提高杉木人工林生产量,开展遗传控制使用遗传品质好的造林苗木营建丰产林,广东省杉木遗传改良研究始于上世纪70年代,在开展种源试验、优树选择、杂交育种、无性系选育以及初级种子园、1.5代种子园等研究基础上,早在上世纪90年代就营建第二代种子园,之后开展了很多批次的二代种子园子代遗传测定试验研究^[1],并且大部分测定试验都使用相同的子代测定材料在多点营建杉木二代子代测定林,本文就1998年营建于韶关市曲江区曲江林场的单点试验林15a的生长数据开展遗传测定分析,并对生长优异家系及单株开展选择研究。

1 材料与方法

1.1 试验材料

广东省杉木二代种子园建成于1994年,为了测定子代的遗传品质,1996年在韶关市国营龙山林场的杉木2代种子园开展单系采种;1997年进行播种育苗,培育了多个自由授粉家系试验苗木;1998年在广东省杉木栽培区内选定3个地点,包括粤北韶关市国营龙山林场、曲江区国营曲江林场和粤西肇庆市怀集县国营新岗林场,营建杉木二代种子园子代家系测定林,开展遗传测定试验研究^[2]。本文的试验材料为28个杉木二代种子园自由授粉家系。

1.2 试验地概况及试验设计

试验地位于广东省韶关市国营曲江林场沙溪工区,地理位置为113.667°E,24.637°N,年平均气温20.2℃,年均降雨量1532mm,无霜期310d以上,属广东省粤北杉木栽培区的中亚热带气候类型。杉木子代试验林采用完全随机区组设计,4株小区,8次重复^[2],参加试验家系共28个。

1.3 数据收集与统计方法

2013年对试验林进行每木调查,主要收集树高、胸径等生长数据。按 $V=0.0872D^{1.765386}H^{0.93139237}$ 计算立木材积^[3],式中: V 为平均单株材积(m^3), D 为胸径(cm), H 为树高(m)。

统计分析在SAS 9.1中进行,采用Proc mean、

Proc glm和Proc mixed等统计过程^[4-5]。采用Bartlett方差齐性检测方法,采用Duncan方法开展多重比较分析。

方差分析统计模型: $Y_{ijk}=u+B_i+F_j+F_j \times B_i+\varepsilon_{ijk}$,其中, u 为均值, B_i 为 i 重复效应, F_j 为 j 家系效应, ε_{ijk} 为 i 区组 j 家系 k 个体离差^[6]。

家系遗传力: $h^2_r=\delta_r^2/(\delta_r^2/nr+\delta_{nb}^2/r+\delta_e^2)$;单株遗传力: $h^2_i=4\delta_r^2/(\delta_e^2+\delta_{nb}^2+\delta_e^2)$ 。其中, δ_r^2 为家系方差分量, δ_{nb}^2 为家系与重复方差分量, δ_e^2 为误差方差分量, n 为小区株数, r 为重复数^[6-7]。方差分量估算使用REML方法。运用R语言进行作图。

2 结果与分析

2.1 家系生长概况

各参试家系的树高平均生长量在11.20~12.88m之间,胸径平均生长量在14.88~18.58cm之间,材积平均生长量在0.11~0.18 m^3 之间。3个生长性状均存在不同程度的变异幅度,个别家系可能还存在少量异常数据,但从总体上看,树高、胸径的生长量数据相对较为均匀一致,变异幅度稍稍低于材积的变异幅度。

2.2 家系方差齐性检测

试验家系间变异幅度不大,应该属于正常家系变异范围。进一步验证参试家系间在树高、胸径和材积3个生长性状的差异水平,开展方差齐性分析,检验不同家系间的方差齐性。树高、胸径和材积3个性状的卡方值分别为19.9952、10.7193和18.8825, P 值分别为0.8310、0.9978和0.8742,均大于0.05的差异水平,说明假设家系方差齐性的推论成立,不能达到现在水平拒绝假设,可见不同家系满足“正态、独立及方差齐性”的方差分析条件,可进一步开展方差分析。

2.3 方差分析

对树高、胸径和材积3个生长性状开展两个因素带互作效应的方差分析的家系效应 P 值分别为0.039、0.019和0.018,均小于0.05的显著性水平,说明家系间的差异显著。重复效应 P 值均小于0.001,属于低于0.01的极显著性水平,家系与重复的互作效应 P 值分别为0.559、0.051和0.082,均大于0.05的显著性水平,即家系与重复互作效应不显著。可见,3个生长性状的方差分析结果相似,重复和家系效应均达到显著水平,而家系与重复的互作效应均不显著。参试家系存在

真实遗传差异，可开展优良家系选择。家系与重复的互作效应不显著，不同重复间家系生长较一致，方差分析结果可靠。

2.4 遗传力估算

杉木生长性状的方差分量和遗传力等遗传参数列于表1，其中，树高、胸径和材积的家系遗传力分别为0.186、0.252和0.274，而单株遗传力分别为0.028、0.046和0.048。这说明本试验研究中，杉木家系遗传力和单株遗传力都不高，二代子代生长表现受环境因素影响大，遗传效应所占的比例不高；而家系遗传力要比单株遗传力大5~7

倍，说明家系遗传效应比单株遗传效应大，优良材料选择应以家系选择为主，在开展家系选择基础上，选出家系内最优单株，这是本研究的优良材料选择策略。

2.5 多重比较分析

为了比较各参试家系间在树高、胸径和材积3个生长性状上的差异程度，结果如下表2所示。多重比较结果显示不同家系的树高、胸径和材积上的差异组不多，树高3个(a、b和c)、胸径和材积分4个(a、b、c和d)，由于同一组内的家系差异不显著，分组越少家系间的差异程度越小，

表1 杉木生长性状遗传参数
Tab.1 Genetic parameters of growth traits of *Cunninghamia lanceolata*

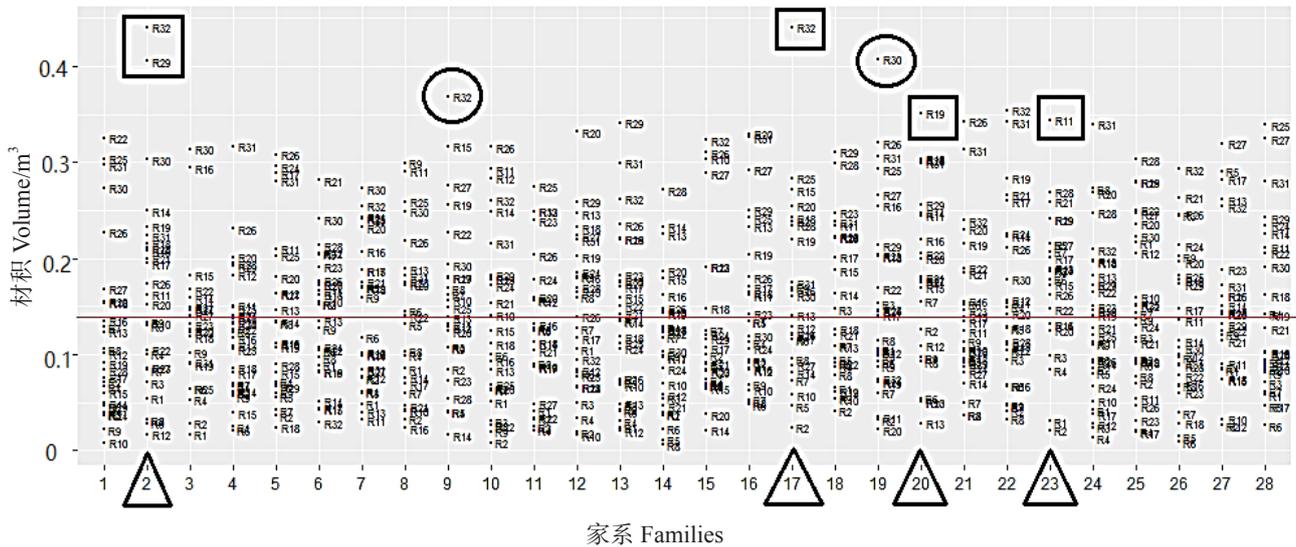
性状 Traits	方差分量 Variance component			家系遗传力 Family heritability	单株遗传力 Individual heritability
	家系 δ_f^2	互作 δ_{fb}^2	机误 δ_e^2		
树高 H	0.034	0.002	4.687	0.186	0.028
胸径 D	0.174	0.476	14.617	0.252	0.046
材积 V	59.467	43.680	4864.160	0.274	0.048

表2 杉木生长性状多重比较分析结果
Tab.2 Results of multiple comparison of *Cunninghamia lanceolata*

家系 Family	树高 H/m		家系 Family	胸径 D/cm		家系 Family	材积 V/m^3		增益 Gain/%
	均值 Mean value	差异组 Different groups		均值 Mean value	差异组 Different groups		均值 Mean value	差异组 Different groups	
23	12.88	a	23	18.58	a	23	0.176	a	24.24
20	12.72	ab	20	18.34	ab	20	0.175	ab	23.18
16	12.68	abc	17	17.88	abc	17	0.163	abc	14.73
6	12.54	abc	22	17.40	abcd	2	0.159	abcd	12.43
17	12.34	abc	2	17.37	abcd	22	0.154	abcd	9.37
18	12.33	abc	9	17.34	abcd	9	0.153	abcd	8.11
22	12.24	abc	19	17.24	abcd	19	0.153	abcd	8.01
7	12.18	abc	16	17.05	abcd	16	0.151	abcd	6.86
27	12.17	abc	18	16.91	abcd	27	0.146	abcd	3.04
9	12.16	abc	27	16.91	abcd	18	0.145	abcd	2.87

注：表中为各性状排名前十名的家系多重比较结果；同列不同小写字母代表差异达显著水平；表中标记黑体的家系为各性状表现最优家系；黑体带下划线为入选家系，林龄16 a。

Note: Multiple comparison results of the first ten families, no significant difference exists between families with the same letter. Families marked in black were superior, marked in underline were selected. Forest age is 16 a.



注：横坐标为家系号，纵坐标为材积，横线为试验家系总平均材积、各点为家系不同种植行上的材积，标记文字为种植行号。三角形标记的家系为选定的优良家系，矩形标记的种植位置为选择的最优单株，林龄 16 a。

Note: Families in abscissa axis, volume in vertical axis, dot represented the volume of individual planted in different marked row. Triangle represented the selected superior families, rectangles represented the selected superior individual. The age is 6 years.

图 1 杉木优良家系及单株选择

Fig.1 Selected superior families and individual of *Cunninghamia lanceolata*

这证实 3 个生长性状在不同家系间差异程度不大，也与方差分析结果相互印证。3 个生长性状排名前两位的均为 23 和 20，说明这两个家系生长表现最优。另外，胸径和材积两性状间的家系排名较接近，而两者与树高性状的排名有一定差异，说明胸径与材积的相关性更强。

2.6 优良家系及单株选择

以材积作为选择目标性状，根据多重比较结果对生长量大的家系进行选择。根据胡德活等^[2]的选择方法，以群体均值为对照，各家系的现实增益由大到小排列见表 2。以家系材积增益大于 10% 为选择依据，选定 4 个家系为优良家系，分别为 23、20、17 和 2，其相应增益分别为 24.24%、23.18%、14.73% 和 12.43%。为了达到选出“优良家系中的最优单株”目标，对参试家系在试验林不同种植位置（种植行号）的材积生长量作出散点图（图 1），在入选的优良家系 23 中，选出种植在试验林 11 行（R11）材积生长量最大单株；在优良家系 20 中，选出种植在 19 行（R19）的单株；在优良家系 17 中，选出种植在 32 行（R32）的单株；优良家系 2 中，选出种植在 32 行（R32）和 29 行（R29）的单株。另外，种植在 30 行（R30）的 19 号家系和种植在 32 行（R32）的 9 号家系，虽然不是优良家系，但由于生长量也较大，

也可临时选为优良单株，以备日后观察利用。

3 结论与讨论

随着杉木遗传改良的不断深入，良种苗木在杉木林业生产上大量利用，并带来了显著的经济效益^[8]。为了更好的发挥杉木良种显著的增产效应，充分利用前期开展的研究工作，对杉木二代种子园的遗传材料进行测定评价具承上启下的指导意义，一方面可获得较多前期收集的基因材料的遗传差异信息，指导基因材料的保存利用^[9-10]；另一方面选出世代更高、遗传品质更优的基因材料，可用于作为日后的繁殖材料，如营建杉木高世代种子园或采穗圃。

本研究就单点测定分析而言，其测定结果具有一定的普遍性意义。首先，树高、胸径和材积 3 个生长性状 8 个重复的数据满足方差齐性，符合正态分布规律；其次，方差分析中，尽管不同重复的差异水平极显著，但家系与重复的交互效应不显著，即可说明显著的家系间差异水平是真实来源于其遗传差异。这些都对文章分析结果的真实可靠性起着有力的支持作用。本研究遗传参数估算中，尽管家系及单株遗传力都处于较低水平，但参考其他相关文献，如文献^[11]中，何桂平等分析 19 a 生杉木半双列杂交试验林，得出树

高、胸径、材积和木材密度的广义遗传力分别为0.414、0.289、0.099和0.215，本研究的遗传力估算结果也处于正常水平（家系介于0.186~0.274，单株处于0.028~0.048）。遗传力低说明测定地点环境因素占比高，应在其它多个地点继续开展测定。

首先开展优良家系选择，再选出优良家系中的最优单株，这是本研究中优良材料选择的主要思路和方法。本研究共选出优良家系4个，在优良家系内选出最优单株1~2个，同时也选出2个非优良家系中生长特优的单株各一株。所有入选基因材料均在杉木基因收集库中进行收集保存，并在今后研究中进行生长和开花结实观察，以备用于高世代种子园或采穗圃的营建。

参考文献

- [1] 邹滨, 胡德活, 阮梓材, 等. 杉木第2代种子园效果分析[J]. 华南农业大学学报, 2003, 24(4): 13-16.
- [2] 胡德活, 晏姝, 王润辉, 等. 杉木第二代种子园子代遗传变异及优良家系选择研究[J]. 广东林业科技, 2010, 26(3): 8-13.
- [3] 叶志宏, 施季森, 杨荣才, 等. 杉木基因型与环境交互效应的AMMI模型分析[J]. 南京林业大学学报, 1993, 17(4): 15-21.
- [4] 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.
- [5] 邓文剑, 王润辉, 郑会全, 等. 江南油杉种源家系早期生长分析[J]. 林业与环境科学, 2017, 33(5): 6-9.
- [6] 黄少伟, 谢维辉. 实用SAS编程与林业试验数据分析[M]. 广州: 华南理工大学出版社, 2001.
- [7] 吴世军, 陈广超, 徐建民, 等. 巨桉种源家系多点遗传变异及选择比较[J]. 林业与环境科学, 2016, 32(6): 10-15.
- [8] 蔡武华. 杉木第二代种子园子代测定效果分析[J]. 福建林业科技, 2002, 29(3): 56-58.
- [9] 余荣卓, 施季森, 梁元瑞, 等. 杉木第二代种子园自由授粉子代测定效果分析[J]. 福建林业科技, 2001, 28(Supp): 16-18.
- [10] 翁玉榛. 杉木第二代种子园自由授粉子代遗传变异及优良家系选择[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2008, 32(1): 15-18.
- [11] 何贵平, 陈益泰, 张国武. 杉木主要生长、材质性状遗传分析及家系选择[J]. 林业科学研究, 2002, 15(5): 559-563.