

文章编号: 1001-1498(2003)05-0588-07

# 接种菌根菌的木麻黄种源/家系苗的变异研究

仲崇禄<sup>1</sup>, 弓明钦<sup>1</sup>, 白嘉雨<sup>1</sup>, 陈羽<sup>1</sup>, 王凤珍<sup>1</sup>, K. Pinyopusarerk<sup>2</sup>

(1. 中国林业科学研究院热带林业研究所, 广东 广州 510520;

2. CSIRO Forestry and Forest Products, Canberra, Australia)

**摘要:**在苗圃和温室中分别研究了菌根菌接种对 23 个短枝木麻黄种源和 10 个山地木麻黄家系生长的影响,并筛选出优良菌根菌—木麻黄基因型组合体。试验表明,苗圃中接种菌根菌对短枝木麻黄种源苗高和地径的改善程度不同,效果与种源有密切关系,筛选出了一些优良“菌根菌—木麻黄种源”组合体,23 个种源中 18357 种源的接种效果最好,其次为 18143,18122 和 18121 种源;在温室中,参试家系所有性状在接种处理间、家系间、家系×菌种互作间均有极显著差异。接种菌根菌明显改善了木麻黄苗对磷(P)的吸收量,幼苗枝叶的 P 吸收量都为相应对照值的 1.3~2.7 倍,且菌根菌-家系组合体对土壤中 P 的吸收能力不同,有利于 P 吸收的组合有 C9216-家系 7 和家系 8、E4100-家系 6、7 和 8。用苗高、地径、地上生物量和 P 吸收量等因素对 30 个参试菌根菌-家系组合进行综合评价,选出 13 个优良组合:C9216-家系 8、E4100-家系 6、C9216-家系 3、C9216-家系 7、E4100-家系 8、E4100-家系 1、E4100-家系 5、E9216-家系 7、C9216-家系 5、E4100-家系 4、E4100-家系 2、C9216-家系 6 和 C9216-家系 10,这些组合均好于未接种处理的系 3 的综合评价,其中家系 5、6、7、8 对 2 种菌根菌组合效果都比较理想,而家系 3、1、2、10 只与 2 种菌根菌中的一种构成良好的组合。试验证明外生菌根菌接种在木麻黄种源、家系两个层次上存在遗传变异。

**关键词:**木麻黄;菌根菌;共生遗传;种源;家系

中图分类号:S792.93

文献标识码:A

木麻黄属(*Casuarina*)树种具有多种用途,被世界热带和亚热带地区广泛引种和栽培。木麻黄具有外生菌根菌、内生菌根菌和弗兰克氏(*Frankia*)内生菌根菌,它们可帮助木麻黄吸收土壤营养,特别是 P 元素。*Frankia* 可形成根瘤帮助木麻黄固氮(N)。试验已经证实木麻黄的共生固 N 能力在种源间和家系间存在遗传变异<sup>[1~4]</sup>。我国大面积种植的是短枝木麻黄(*C. equistifolia* L. Johnson)。80 年代中期开始引进山地木麻黄(*C. junghuhniana* Miq),初步证明它在酸性红壤上生长优于其它木麻黄。近年来对木麻黄共生菌研究受到了广泛关注<sup>[5~21]</sup>,但对其在寄主间存在的差异研究甚少。国外有人报道某些短枝木麻黄苗在无性系间和种源间、细枝木麻黄(*C. cunninghamiana* Miq)苗种源间,固 N 能力及其生长表现等有显著差异<sup>[3~4]</sup>,短枝木麻黄有代表性的大量种源和山地木麻黄种源或家系的接种外生菌根菌的变异特点如何?未曾

收稿日期:2002-04-14

基金项目:中澳合作“华南地区国际木麻黄种源试验”(1994—2002),国家自然科学基金项目“树木-外生菌根菌共生体持续性及其机理研究”(1999—2001)及 863 项目“生态环境建设抗逆林灌木柠条、沙棘等新品种选育”的子专题:木麻黄抗逆新品种选育(2002—2005)

作者简介:仲崇禄(1961—),男,山东郓城人,副研究员,博士。

有过报道。从共生遗传角度,本文研究了 23 个短枝木麻黄种源和 10 个山地木麻黄家系对菌根菌接种的影响,并筛选“菌根菌-木麻黄基因型组合体”,目的是探讨接种菌根菌的木麻黄共生体的遗传变异。

## 1 材料和方法

### 1.1 短枝木麻黄种源接种外生菌根菌试验

试验在福建省东山县赤山防护林场苗圃进行,试验材料为国际短枝木麻黄种源试验中 23 个种源<sup>[2,21]</sup>,播种前用约 3% 的次氯酸钠消毒种子,播种土壤用 1/1 000 高锰酸钾消毒 24 h 后再将种子播下,待苗木长至 5~7 cm 时,移植到营养杯中,其后进行常规浇水管理,整个试验期间未施入任何肥料。采用高 12 cm、口径 10 cm 的营养杯培育苗木,培养土为酸性赤红壤心土。接种处理为 2 个:对照(CK)为不接种;用硬皮马勃(*Scleroderma* spp.)和彩色豆马勃(*Pisolithus* spp.)的混合孢子粉接种。具体接种方法是将孢子粉混入细土壤并加入适量清水制成浆状接种物,移苗前在装满土壤的营养杯中央用竹签插孔并放入接种物,然后马上移苗,使苗根系尽量接触到接种物。采用裂区设计,主区为接种处理,副区为种源,每小区 10 株,重复 3 次,接种与未接种处理小区间有 3 行空杯。接种后 10 个月时观测苗高(H,cm)、地径(D, cm)。

### 1.2 10 个自由授粉山地木麻黄家系接种外生菌根菌试验

试验在中国林业科学研究院热带林业研究所共生菌课题的温室中进行,试验材料为山地木麻黄 10 个家系(表 1),接种用的菌株为 C9216(*Pisolithus tinctoris* (Pers) Coker et Couch)、E4100(*Laccaria* sp.),分别来自华南地区和澳大利亚,未接种对照用 CK 表示。菌根菌见表 2。采用菌丝体接种,经高温高压消毒的育苗基质为泥炭土 沙土 蛭石为 1.5 2 1,育苗过程中,每周施用 0.03% 复合肥 1 次。采用裂区设计,主区为家系,副区为菌根菌处理,4 次重复,每处理小区 8 株苗木,且 195 d 时收获。收获时观测苗高(H, cm)、地径(D, cm),全株烘干(80 ℃, 48 h),称质量得苗主茎生物量(Wsl,

表 1 10 个参试山地木麻黄家系温室试验

家系	家系编号	采种时间 (年-月-日)	采种地点
1	T98001	1998-11-14	广东阳西
2	T98003	1998-09-15	海南琼海
3	T98004	1998-09-15	海南琼海
4	T98006	1998-09-15	海南琼海
5	T98007	1998-09-15	海南琼海
6	T98005	1998-09-15	海南琼海
7	T98002	1998-11-14	广东阳西
8	T98008	1998-09-16	海南琼海
9	T96008	1996-08-19	广东阳西
10	T96007	1996-08-19	广东阳西

表 2 苗高(H)与地径(D)方差分析

项目	变异来源	DF	SS	MS	F	方差成分	GCV/ %
H	重复(R)	2	0.032 5	0.016 3			
	接种(F)	1	18.601 8	18.601 8	3 321.75 ***	0.026 404 70	15.2
	R × F	2	0.011 1	0.005 6			
	种源(P)	22	47.442 2	2.156 5	80.17 ***	0.029 565 57	16.1
	F × P	22	8.415 7	0.382 5	14.22 ***	0.011 855 15	
	误差	1 330	35.787 6	0.026 9		0.026 875 93	
D	重复(R)	2	0.030 2	0.015 1			
	接种(F)	1	9.531 7	9.531 7	3 074.74 ***	0.013 520 45	15.6
	R × F	2	0.006 1	0.003 1			
	种源(P)	22	31.717 3	1.441 7	101.53 ***	0.020 651 15	19.3
	F × P	22	4.457 8	0.202 6	14.27 ***	0.006 282 36	
	误差	1 330	18.853 0	0.014 2		0.014 158 47	

注:\*\*\*表示差异极显著,下同。方差成分估算中,重复为固定,不考虑接种 × 重复交互;GCV 表示遗传变异系数(%),下同。总均值:苗高为 1.066 m,地径为 0.745 cm。

g 株<sup>-1</sup>)、绿色侧枝(含退化齿状叶)生物量(W<sub>g</sub>, g·株<sup>-1</sup>),计算地上部分生物量(W<sub>a</sub> = W<sub>sl</sub> + W<sub>g</sub>, g 株<sup>-1</sup>)。绿色侧枝样品用于测定其 P 含量(P, mg kg<sup>-1</sup>)并推算出每株苗绿色枝叶中 P 吸收量(P, mg 株<sup>-1</sup>)。

1.3 数据处理

试验 1 按裂区设计进行方差分析和多重比较。对试验 2 不同时间观测获得的所有单株数据,采用 SAS 数据处理软件进行方差分析,方差分析模型  $Y = \mu + Bi + Mj + BMij + Gk + MGjk + Eijkl$ , 其中 Y 为观测值、 $\mu$  为总平均值、Bi 为重复效应、Mj 为菌根菌效应、BMij 为重复与菌根菌交互效应、Gk 种源或家系效应、MGjk 为菌根菌与种源或家系交互效应; Eijkl 为误差,采用 Duncan 法进行多重比较<sup>[22]</sup>,并计算方差分量和变异系数(GCV, %),采用多目标决策法进行组合体筛选<sup>[23]</sup>。

2 结果与分析

2.1 短枝木麻黄种源接种外生菌根菌的效果

23 个种源材料接种后 10 个月观测的苗高、地径在接种处理间和种源间均有极显著差异(表 2)。

表 3 苗高增量(H)和地径增量(D)的方差分析

项目	变异来源	DF	SS	MS	F 值	方差分量	GCV/ %
H	重复间	2	0.002 229	0.001 115		0	
	种源间	22	1.683 134	0.076 506	11.51 ***	0.023 366	65.9
	误差	44	0.292 586	0.006 65		0.006 409	
D	重复间	2	0.001 22	0.000 61		0	
	种源间	22	0.891 568	0.040 526	11.58 ***	0.013 843	70.9
	误差	44	0.153 931	0.003 498		0.003 373	

注:苗高和地径增量的总均值分别为 0.232 m,0.166 cm。

表 4 接种处理间和种源间苗高(H)和地径(D)的差异比较(Duncan 法)

项目		H	D	H	D
接种处理	接种	1.181 a	0.827 a		
	CK	0.949 b	0.661 b		
种源号	15958	0.84 ij	0.72 hi	0.01 h	0.03 h
	18008	1.00 H	0.88 bcd	0.06 gh	0.06 gh
	18013	1.27 bc	0.86 de	0.39 bc	0.21 cdefg
	18014	1.17 def	0.93 bc	0.10 fgh	0.02 h
	18015	1.22 cd	0.95 ab	0.25 bcdefg	0.16 defgh
	18121	0.77 jk	0.63 j	0.33 bcde	0.37 ab
	18122	1.09 g	0.79 gf	0.42 b	0.28 abcd
	18125	1.20 cde	0.90 bcd	0.33 bcde	0.22 cdef
	18137	0.75 ik	0.65 j	0.27 bcde	0.26 bcde
	18142	1.00 h	0.65 j	0.43 b	0.35 abc
	18143	0.77 jk	0.65 j	0.34 bcd	0.26 bcde
	18153	1.33 b	0.69 ij	0.15 defgh	0.06 g
	18154	1.17 def	0.82 ef	0.17 defgh	0.13 efgh
	18157	0.89 i	0.42 l	0.19 cdefgh	0.11 fgh
	18158	1.24 cd	0.63 j	0.31 bcde	0.20 defg
	18244	1.10 fg	0.55 k	0.05 gh	0.06 gh
	18267	1.20 cde	0.79 fg	0.10 fgh	0.02 h
	18268	1.41 a	0.96 ab	0.13 efgh	0.16 defgh
	18288	1.01 h	0.56 k	0.21 cdefgh	0.14 defgh
	18298	1.13 efg	0.75 gh	0.02 h	0.01 h
	18312	1.00 h	0.83 ef	0.25 bcdefg	0.14 defgh
	18355	1.15 defg	0.99 a	0.17 defgh	0.16 defgh
	18357	0.82 ijk	0.56 k	0.68 a	0.42 a

注:菌根菌处理间或种源间差异检验时,同一列中字母相同者为无显著差异(显著性检验水平为 1%)。

利用每个重复中接种生长与未接种生长性状的增殖进行方差分析(表 3)。分析结果表明在种源间苗高、地径的增值差异均极显著。遗传变异系数分别达 65.9%和 70.9%,说明不同种源对菌根菌的反应明显不同,且种源遗传变异是丰富的。

表 4 进一步比较了 23 个种源接种前后的生长表现。综合看来,种源 18357 接种效果最好,其次为 18143,18122 和 18121 种源,15958 和 18298 种源表现最差。

2.2 10 个自由授粉山地木麻黄家系接种外生菌根菌的效果评价

2.2.1 家系生长性状变异 参试家系所有性状在接种处理间,家系间,家系 × 菌种互作间均差异极显著(表 5)。接种后 195 d 收获时,苗高、地径、侧枝生物量( $W_g$ )的方差分量大小顺序为误差 > 菌根菌 > 家系间 > 家系 × 菌根菌互作,而地上部分生物量( $W_a$ )的方差分量为误差 > 菌根菌 > 互作 > 家系间。家系的苗高、地径的遗传变异系数都较小,为 1.8% ~ 4.9%,地上部分生物量为 10.4%,绿色侧枝生物量最大为 33.0%。

表 5 参试家系苗高(H)、地径(D)和生物量方差分析及遗传变异系数

性状	变异来源	DF	SS	MS	F 值	方差分量	GCV/ %
H	重复	3	1 213.067	404.355 6			
	菌根菌	2	3 042.27	1 521.135	5.38 ***	3.762 478	5.6
	重复 × 菌根菌	6	1 695.718	282.619 6		2.410 401	
	家系间	9	4 007.509	445.278 7	4.46 ***	2.887 137	4.9
	家系 × 菌根菌	18	3 163.784	175.765 8	1.76 **	2.665 176	
	误差	879	87 713.16	99.787 44		99.669 050	
D	重复	3	0.031 84	0.010 613			
	菌根菌间	2	0.079 08	0.039 54	6.62 ***	0.000 100	5.1
	重复 × 菌根菌	6	0.035 832	0.005 972		0.000 050	
	家系间	9	0.121 255	0.013 473	6.09 ***	0.000 091	4.9
	家系 × 菌根菌	18	0.085 579	0.004 754	2.15 ***	0.000 087	
	误差	879	1.943 802	0.002 211		0.002 211	
$W_g$	重复	3	0.300 301	0.100 100			
	菌根菌间	2	2.206 234	1.103 117	40.01 ***	0.003 439	38.3
	重复 × 菌根菌	6	0.165 409	0.027 568		0.000 110	
	家系间	9	0.576 764	0.064 085	3.15 ***	0.002 550	33.0
	家系 × 菌根菌	18	0.674 317	0.037 462	1.84 **	0.000 620	
	误差	879	17.880 500	0.020 342		0.203 190	
$W_a$	重复	3	2.636 76	0.878 920			
	菌根菌间	2	3.861 831	1.930 916	8.60 ***	0.005 086	16.8
	重复 × 菌根菌	6	1.347 281	0.224 547		0.001 175	
	家系间	9	4.050 995	0.450 111	3.21 ***	0.001 959	10.4
	家系 × 菌根菌	18	4.674 803	0.259 711	1.85 **	0.004 193	
	误差	879	123.290 1	0.140 262		0.140 106	

注:苗高 H 总体均值 34.83 cm;地径 D 为 0.196 cm;侧枝生物量  $W_g$  为 0.153 g 株<sup>-1</sup>;地上部分生物量  $W_a$  为 0.425 g 株<sup>-1</sup>。

2.2.2 接种后各家系 P 吸收量变化 参试家系所有接种处理苗木 P 吸收量都为相应对照值的 1.3~2.7 倍。与相应对照比较,枝叶中 P 吸收量大于或等于 2 倍的有:接种 C9216 的 1、7、8、9 和 10 号家系,接种 E4100 的 6、7、8 号家系,说明家系与菌根菌的构成组合体对土壤中 P 的吸收能力不同。本试验中有利于 P 吸收的组合有 C9216-家系 7 和家系 8、E4100-家系 6、7 和 8(表 6)。

表 6 菌根菌-家系组合体的综合评价及其优劣顺序

菌根菌-家系组合	H/cm	D/cm	地上生物量		P 吸收量/ (mg·株 <sup>-1</sup> )	倍数	Wi	优劣顺序
			W <sub>a</sub> /(g·株 <sup>-1</sup> )					
C9216-家系 8	42.63	0.22	0.668		233.9	2.0	0.933 3	1
E4100-家系 6	39.83	0.21	0.561		271.5	2.2	0.863 7	2
E4100-家系 3	40.23	0.21	0.588		252.3	1.7	0.853 6	3
C9216-家系 7	36.33	0.22	0.634		201.3	2.7	0.811 1	4
E4100-家系 8	37.25	0.22	0.524		259.9	2.2	0.807 9	5
C9216-家系 1	37.36	0.22	0.570		205.4	2.0	0.770 3	6
E4100-家系 5	36.57	0.21	0.590		239.0	1.6	0.767 3	7
E4100-家系 7	33.37	0.22	0.552		181.8	2.5	0.680 6	8
C9216-家系 5	35.58	0.22	0.425		209.2	1.4	0.676 8	9
E4100-家系 4	34.24	0.21	0.437		216.7	1.9	0.651 4	10
E4100-家系 2	39.45	0.20	0.427		172.9	1.6	0.649 8	11
C9216-家系 6	36.05	0.20	0.436		168.6	1.4	0.605 9	12
C9216-家系 10	37.08	0.19	0.466		176.6	2.0	0.600 8	13
CK-家系 3	36.91	0.20	0.442		145.1		0.588 0	14
E4100-家系 1	35.47	0.20	0.382		155.7	1.5	0.557 8	15
C9216-家系 4	33.83	0.19	0.430		144.0	1.3	0.518 1	16
C9216-家系 2	36.75	0.19	0.370		142.6	1.3	0.499 5	17
CK-家系 1	34.68	0.20	0.376		100.5		0.479 1	18
CK-家系 6	35.74	0.19	0.342		124.4		0.465 2	19
C9216-家系 3	33.73	0.19	0.361		151.0	1.0	0.455 4	20
E4100-家系 10	34.73	0.18	0.345		147.8	1.7	0.453 0	21
CK-家系 5	30.89	0.19	0.424		149.1		0.448 6	22
C9216-家系 9	31.50	0.19	0.370		139.0	2.5	0.425 2	23
CK-家系 4	31.69	0.19	0.347		111.4		0.399 2	24
CK-家系 8	31.30	0.19	0.333		117.2		0.368 4	25
CK-家系 2	31.63	0.18	0.332		106.8		0.352 7	26
CK-家系 10	32.20	0.18	0.312		86.66		0.332 4	27
E4100-家系 9	29.98	0.16	0.239		104.8	1.9	0.218 7	28
CK-家系 7	28.05	0.16	0.239		73.5		0.155 5	29
CK-家系 9	30.16	0.15	0.211		54.7		0.132 5	30

注:表中  $W_i$  为等权重时的综合评定值(多目标决策法);倍数为表示该 P 吸收量与相应未接种对照处理值的比值。

2.2.3 优良菌根菌-家系组合体筛选 表 6 前 13 个优良组合均好于未接种处理时综合评价价值家系 3,其中家系 5、6、7、8 对两种菌根菌组合效果都比较理想,而家系 3、1、2、10,只与两种菌根菌中的一种构成良好的组合。

### 3 结论

(1)短枝木麻黄种源接种外生菌根菌试验。接种菌根菌对短枝木麻黄种源苗高和地径的改善程度不同,与种源有密切关系。本研究筛选出了一些优良“菌根菌—木麻黄种源”组合体,

23个种源中,种源18357接种效果最好,其次为18143、18122和18121种源,而15958和18298种源表现最差。

(2) 10个山地木麻黄家系接种菌根菌试验。参试家系所有性状在接种处理间、家系间、家系×菌种互作间均有极显著差异。参试家系所有接种处理苗幼枝叶中P吸收量都为相应对照值的1.3~2.7倍,说明接种后能明显改善木麻黄苗对P的吸收量。本试验中有利于P吸收的组合有C9216-家系7和家系8、E4100-家系6、7和8。表明家系与菌根菌的构成的组合体对土壤中P的吸收能力不同。考虑到苗高、地径、地上生物量和P吸收量等因素,对30个参试菌根菌-家系组合进行综合评价,结果前13个优良组合分别为C9216-家系8、E4100-家系6、C9216-家系3、C9216-家系7、E4100-家系8、E4100-家系1、E4100-家系5、E9216-家系7、C9216-家系5、E4100-家系4、E4100-家系2、C9216-家系6和C9216-家系10,这些组合均好于CK-家系3的综合评价值,其中家系5、6、7、8对2种菌根菌组合效果都比较理想,而家系3、1、2、10只与2种菌根菌中的一种构成良好的组合。

(3) 试验研究表明,外生菌根菌在木麻黄种源、家系两个层次上存在接种效应的遗传变异。因此,筛选优良外生菌根菌-木麻黄组合体,用于沿海地区退化地和干热河谷地上种植和改善木麻黄林生产力等方面,将有广泛应用前景。

#### 参考文献:

- [1] 仲崇祿. 木麻黄最佳固氮基因型共生体的研究与筛选[J]. 林业科学研究, 1993, 6(6): 654~660
- [2] 仲崇祿. 木麻黄遗传变异规律的研究[D]. 广州: 中国林业科学研究院热带林业研究所, 2000
- [3] Sangina N, Bowen G D, Danso S K. Genetic variability in symbiotic nitrogen fixation with and between provenances of two casuarina species using  $^{15}\text{N}$ -labelled methods[J]. Soil Biol Biochem, 1990, 22(4): 539~547
- [4] Sougoufara B, Duhoux B, Corbasson M, et al. Improvement of nitrogen fixation by *Casuarina equisetifolia* through clonal selection: a research note[J]. Arid Soil Research and Rehabilitation, 1987, 1: 129~132
- [5] Chung H H, Liu S C. *Frankia* and endomycorrhizae association in coastal windbreak plantation of casuarina[A]. Proceedings of 18th IUFRO World Congress, Div. 2, Vol. II. Forest Plant and Forest Protection[C], 1986. 455~468
- [6] Chung H H. Mycorrhizal association and the establishment of coastal windbreaks of *Casuarina* on Penghu Island[A]. Proceedings of workshop on multipurpose tree species[C]. Taiwan Forestry Research Institute, 1989. 43~46
- [7] Diem H G, Gueye I, Ganinazzi-Pearson, et al. Ecology of VA mycorrhizae in the tropics: the semi-arid zone of Senegal[J]. Oecol Plantarum, 1981, 2: 53~62
- [8] El-Lankany M, Turnbull J W, Brewbake J. Advances in *Casuarina* Research and Utilization[C]. CSIRO, Cairo, 1990
- [9] Gauthier D, Diem H G, Domergues Y. Preliminary results of research on *Frankia* and endomycorrhizae associated with *Casuarina equisetifolia* [A]. In: Midgley S J, Turnbull J W, Johnson R D, *Casuarina* Ecology, Management and Utilization[C]. CSIRO, Melbourne, 1983. 211~217
- [10] Mejstrik V K. Mycorrhiza in some plant desert species in Algeria[J]. Plant and Soil, 1993, 71: 363~366
- [11] Midgley S J, Turnbull Johnston R D. *Casuarina* Ecology, Management and Utilization[M]. CSIRO, Canberra, 1983. 180~218
- [12] Pinyopusarek K, Turnbull J W, Midgley S J. Recent *Casuarina* Research and Development[M]. CSIRO, Canberra, 1996. 12~16, 44~73, 93~96
- [13] Raman N, Elumalai S. Studies of mycorrhizal and actinorhizal association in *Casuarina equisetifolia* in Coramandal coastal region[J]. J of Tropical Forestry, 1991, 7(2): 138~150
- [14] Rose S H. Mycorrhizal associations of some actinomycete nodulatea nitrogen-fixing plants[J]. Can J Bot, 1980, 58: 1449~1454
- [15] Sidhu O P. Occurrence of VAM in *Casuarina equisetifolia* L[J]. Current Science, 1990, 59(8): 422~423
- [16] Zhong Chonglu, Bai Jiayu. Introduction trials of casuarina trees in southern China[A]. In: Pinyopusarek K, Turnbull J W, Midgley S J. Recent *Casuarina* Research and Development[M]. CSIRO, Canberra, 1996. 191~195

- [17] Zhong Chonglu, Gong Mingqin, Chen Yu, et al. Inoculation of casuarina with ectomycorrhizal fungi, vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi and *Fankia* [A]. In: Brundett M, Dell B, Malajczuk N, et al. Mycorrhizas for Plantation Forestry in Asia [C]. ACIAR Proceedings, 1995. 62:122 ~ 126
- [18] 弓明钦, 陈应龙, 仲崇禄. 菌根研究与应用 [M]. 北京: 中国林业出版社, 1997
- [19] 仲崇禄, 弓明钦, 康丽华. 土壤元素与木麻黄生长和 VA 菌根菌感染率的关系 [J]. 林业科学研究, 1998, 11(2): 135 ~ 141
- [20] 仲崇禄, 弓明钦, 林什权, 等. 木麻黄人工林 AM 菌资源调查与苗木接种试验 [J]. 林业科学研究, 2002, 15(4): 427 ~ 431
- [21] 张美庆, 王幼珊, 王克宁, 等. 我国东南沿海的 VA 菌根真菌 II. 球囊霉属四个种 [J]. 真菌学报, 1996, 15(4): 241 ~ 246
- [22] 仲崇禄, 施纯淦, 王维辉, 等. 华南地区短枝木麻黄种源试验, 林业科学研究, 2001, 14(4): 408 ~ 415
- [23] 高惠璇, 耿直, 李贵斌, 等. SAS 系统——SAS/STAT 软件使用手册 [M]. 北京: 中国统计出版社, 1997
- [24] 洪伟. 多目标决策在林业中的应用 [J]. 林业勘察设计, 1987, 14(2): 40 ~ 46

## Study on Genetic Variation of Casuarina Provenances/ Family Seedlings after Inoculating with Ectomycorrhizal Fungus

ZHONG Chonglu<sup>1</sup>, GONG Mingqin<sup>1</sup>, BAI Jiayu<sup>1</sup>, CHEN Yu<sup>1</sup>, WANG Fengzhen<sup>1</sup>, K. Pinyopusarek<sup>2</sup>

(1. Research Institute of Tropical Forestry, CAF, Guangdong Guangzhou 510520;

2. CSIRO Forestry and Forest Products, Canberra, Australia)

**Abstract:** In nursery and glass house, the effects of 23 seedlots of *Casuarina equisetifolia* and 10 families of *C. junghuhniana* genotypes on growth and biomass production were studied, and the better mycorrhizal fungus—tree genotype associations were screened out. In nursery trial, results of *C. equisetifolia* showed that ectomycorrhizal fungus significantly improved seedling growth in diameter and height after inoculating, and that there was genetic variation among seedlots. Some better mycorrhizal fungus—provenance genotype associations were screened out, in the 23 seedlots, seedlot 18357 was the best, and seedlot 18143, 18122 and 18121 were better. In glass house trial, results of *C. junghuhniana* showed that there were significant differences in growth and biomass production between fungus treatments, families and fungus × family interactions. Inoculation with ectomycorrhizal fungi could improve phosphorus uptake amount in seedling green parts, which increased by 1.3 ~ 2.7 times, comparing with uninoculation treatments, and better symbiotic associations in phosphorus uptake were C9216-family No. 7 or No. 8, E4100-family No. 6, No. 7 and No. 8. By means of multipurpose decision strategy methods, with height, diameter, biomass above ground level and phosphorus uptake in green branches, the 30 associations were ordered in group, the 13 better mycorrhizal fungus-family genotypes were fungus isolate C9216-family No. 8, E4100-family No. 6, C9216-family No. 3, C9216-family No. 7, E4100-family No. 8, E4100-family No. 1, E4100-family No. 5, C9216-family No. 7, C9216-family No. 5, E4100-family No. 4, E4100-family No. 2, C9216-family No. 6 and C9216-family No. 10, comparing with the best uninoculating treatment family No. 3. And family No. 5, No. 6, No. 7 and No. 8 could make better associations with isolate C9216 and E4100, but family No. 3, No. 1, No. 2 and No. 10 only made better associations with one of the two isolates. The two trials indicated that ectomycorrhizal fungus inoculation effectiveness existed significantly in genetic variation of provenance and family, which will provide some references in study of casuarina symbiotic genetic improvement.

**Key words:** casuarina; mycorrhizal fungus; symbiotic genetic; provenance; family