

DOI:10.13275/j.cnki.lykxyj.2021.005.010

鄂西地区欧洲云杉幼龄无性系生长差异 及早期评价与选择

高本旺¹, 欧阳芳群^{2,4*}, 高 晗¹, 李 薇¹, 雷 华¹,
田开春³, 祁 松¹, 王军辉^{4*}

(1. 宜昌市林业科学研究所, 湖北 宜昌 443111; 2. 北京市植物园管理处, 北京市花卉园艺工程技术研究中心, 城乡生态环境北京实验室, 北京 100093; 3. 湖北宜昌夷陵区樟村坪国有林场, 湖北 宜昌 443145; 4. 林木遗传育种国家重点实验室, 国家林业和草原局林木培育重点实验室, 中国林业科学研究院林业研究所, 北京 100091)

摘要: [目的] 通过对 378 个 9 年生捷克种源欧洲云杉无性系的生长性状遗传变异分析, 选育欧洲云杉优良无性系, 为本地区造林提供优质遗传材料, 加速当地引入云杉人工林高质量发展。[方法] 采用随机完全区组设计, 建立 378 个欧洲云杉无性系对比试验林, 调查或计算其树高、胸径、材积、冠幅、当年新梢长、第一轮分枝数等指标, 并通过 EXCEL 和 R 包 lme4(Linear Mixed-Effects Models using 'Eigen' and S4) 进行数据整理及遗传参数计算, 选择优良无性系。[结果] 无性系树高、当年新梢长、胸径、分枝数、冠幅在无性系间及与区组交互作用下均差异极显著; 遗传变异系数为 10.02%~20.38%; 表型变异系数为 31.36%~48.36%; 无性系重复力为 0.59~0.71; 相关系数中, 无性系树高、新梢长、胸径、冠幅表型相关和遗传相关系数较高 (0.72~0.95), 且都极显著相关。采用 BLUP 法计算无性系树高遗传值, 从 378 个无性系中选择 30 个欧洲云杉无性系, 入选率为 7.94%, 入选无性系树高遗传增益为 26.38%。[结论] 378 个欧洲云杉无性系树高、新梢长、胸径、分枝数和冠幅在无性系间存在显著变异, 同时受到无性系与环境互作效应影响, 即无性系也存在与立地的明显互作关系, 说明在推行无性系林业时, 要因立地选择最适宜无性系。根据无性系树高遗传值筛选 30 个优良无性系, 各表型性状生长优良, 可为欧洲云杉在本地进行无性系造林推广应用提供优质材料作参考。

关键词: 欧洲云杉; 无性系选择; 遗传变异; 遗传值

中图分类号: S791.18

文献标志码: A

文章编号: 1001-1498(2021)05-0088-07

自 20 世纪 80 年代开始, 我国就已开展主要用材林及经济林树种无性系选育及改良工作, 以开拓集约人工林发展无性系林业的道路。各树种如杨树 (*Populus* L.)、杉木 (*Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook.)、落叶松 (*Larix gmelinii* (Rupr.) Kuzen.)、白榆 (*Ulmus pumila* L.)、刺槐 (*Robinia pseudoacacia* L.)、油茶 (*Camellia oleifera* Abel.)、板栗 (*Castanea mollissima* Blume) 和核桃 (*Juglans*

regia L.) 等都已筛选出一批遗传增益达 30% 以上的无性系种质资源, 成为这些树良种化的支柱品种^[1]。欧洲云杉 (*Picea abies* (L.) Karsten.) 为松科 (Pinaceae) 云杉属 (*Picea*), 是我国北方成功引种的外来用材树种, 它比各乡土云杉具有极高生产力, 胸径可达 150 cm^[2-3]。中国林业科学研究院林业研究所云杉课题组自 20 世纪 80 年代开始从全世界欧洲云杉主要分布区的法国、德国、英国和捷克

收稿日期: 2020-10-07 修回日期: 2021-07-16

基金项目: “十三五”重点研发课题: 椴树和云杉优良品系选育与定向培育技术研究 (2017YFD0600606); 中央财政林业科技推广示范资金项目: 长叶云杉和欧洲云杉扦插繁育与造林示范; 林业和草原科技成果国家级推广项目: 欧洲云杉优良无性系产业化示范 (2020133110 号)

作者简介: 高本旺, 学士, 林业高级工程师, 从事林木育种、珍稀植物异地保护等研究工作。E-mail: a69615327@sina.com

* 通讯作者: 欧阳芳群, 博士, 林木遗传育种专业。E-mail: fangqun163@163.com; 王军辉, 博士生导师, 研究员, 从事椴树和云杉等树种的遗传育种研究。E-mail: wangjh@forestry.ac.cn

等地引进不同种源、家系等种质, 在全国多地点开展引种对比试验, 从繁殖育苗^[4-6]、引种适应性^[7-10]、遗传多样性^[11-12]等方面逐步对引进的云杉进行了研究分析及优选, 初步已确定其适应地区和增益优势。

林木育种最终目的是选育优良种质资源。Klitz 等研究指出, 不同欧洲云杉种群在特定的环境中具有不同的适应能力^[12]。最佳线性无偏预测 (BLUP) 利用混合模型对育种值等遗传参数进行无偏估计, 其得出育种值与实际值相关系数大, 且能够有效消除除遗传因素的其它影响得出育种值与实际值相关系数大, 且能够有效消除其它除遗传因素的影响^[13-14]。R 语言中 lme4、nme、MCMCglmm、ASReml 等程序包都可进行混合线性模型的数据分析, 其中, lme4 包中的 lmer 函数是 BLUP 分析常用的方法之一。笔者以 9 年生 378 个欧洲云杉无性系试验林为试材, 研究其表型性的遗传变异, 探讨其进行材质改良的潜力, 并通过树高基因型值/遗传值优选 30 个无性系, 可为欧洲云杉无性繁殖推广应用提供优质种质材料。

1 材料与方 法

1.1 试验点概况

试验点地处湖北省宜昌市夷陵区北部樟村坪林场 (31°09'50" N、110°03'43" E), 海拔 1502 m, 坡度 22°, 坡向东, 坡位中上, 年平均降水量 1 100 mm 以上, 年平均气温 7.4~17.6℃, 湿度 82%。

1.2 材料来源

参试的 378 个欧洲云杉捷克种源无性系来源于中国林业科学研究院林业研究所云杉遗传改良课题组与甘肃天水小陇山林业科学研究所协作苗圃开展生产性育苗。通过播种繁殖后, 于 2008 年选超级苗扦插, 单株无性系化并进行多次选择比较, 2011 年 3 月, 选择出 378 个欧洲云杉无性系苗 (3 年生) 在宜昌市夷陵区樟村坪镇樟村坪林场三岔坪分场宰金坪造林, 田间试验采用随机完全区组试验设计, 5 次重复, 4 株方块小区, 株行距为 2 m × 2 m, 挖穴规格 40 cm × 40 cm × 40 cm, 不施基肥, 营造无性系测试林 3 hm²。

1.3 研究内容及测定指标

(1) 378 个欧洲云杉无性系各性状遗传变异评价。2019 年底至 2020 年初全面调查 378 个无性

系树高、胸径、冠幅、新梢长及分枝数等指标 (实测 6 597 株, 缺 963 株)。

(2) 优良无性系选择。利用无性系试验林树高遗传值对试验林开展优良无性系选择。

1.4 调查统计方法

(1) 2019 年在欧洲云杉生长休眠期进行 9 年生生长量指标调查, 调查指标包括树高 (H/m)、胸径 (D/cm)、新梢长 (I/cm)、冠幅 (C/cm)、分枝数 (B/个)。

(2) 对欧洲云杉无性系间生长性状进行有关遗传参数估算, 采用线性模型如下:

$$X_{ijk} = \mu + B_i + C_j + BC_{ij} + e_{ijk}$$

式中: X_{ijk} 为单株观测值, μ 为试验均值, C_j 为无性系效应 (随机), B_i 为区组处理 (固定), BC_{ij} 为区组与无性系交互效应 (随机), e_{ijk} 为剩余项。

(3) 无性系遗传变异系数 (CV_c) 和表型变异系数 (CV_p):

$$CV_c = \sqrt{\sigma_c^2 / \bar{X}} \times 100$$

$$CV_p = \sqrt{\sigma_p^2 / \bar{X}} \times 100$$

式中: σ_c^2 为无性系方差分量, σ_p^2 为表型方差, \bar{X} 表示性状总平均值。

(4) 无性系重复力 (R) 计算公式:

$$R = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_c^2 + \frac{\sigma_{bc}^2}{k} + \frac{\sigma_e^2}{nk}}$$

式中: σ_c^2 为无性系方差分量, σ_{bc}^2 为区组与无性系交互作用下方差分量, σ_e^2 为误差方差分量, k 为试验区组数, n 为小区内个体数。

(5) 相关系数:

$$\text{表型相关系数: } r_{p12} = \frac{Cov_{p12}}{\sqrt{\sigma_{p1}^2 \sigma_{p2}^2}}$$

$$\text{遗传相关系数: } r_{c12} = \frac{Cov_{c12}}{\sqrt{\sigma_{c1}^2 \sigma_{c2}^2}}$$

式中: Cov_{p12} 表示性状 1 和性状 2 的表型协方差, σ_{p1}^2 表示性状 1 表型方差, σ_{p2}^2 表示性状 2 的表型方差; Cov_{c12} 表示性状 1 和性状 2 的遗传型协方差, σ_{c1}^2 为性状 1 无性系方差分量, σ_{c2}^2 为性状 2 的无性系方差分量。

(6) 各性状遗传值估算采用混合线性模型如下:

$$y = X\beta + Zu + e$$

式中： y 观察向量， β 为固定效应向量， u 为随机效应向量， e 为误差向量； X 、 Z 分别为设计矩阵。

$$\text{假定 } E(u) = 0, E(e) = 0, \text{ var} \begin{pmatrix} u \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{pmatrix},$$

G 、 R 均为已知的正定矩阵，通过混合模型方程组

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \text{ 进一步求}$$

$$\text{解得出} \begin{cases} \hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \\ \hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta}) \end{cases}。$$

(7) 遗传增益 (G):

$$G = SR/\bar{X} \times 100\%$$

式中： S 表示选择差； R 表示无性系重复力。

1.5 统计软件

方差分析采用 R 软件 GLM 模块计算，遗传参数及遗传值采用 R 软件 lme4 程序包计算^[15]。遗传

相关系数采用软件 HallsibSS 1.0^[16]，表型相关系数采用软件 SAS 9.1 CORR 模块计算 Pearson 表型相关系数^[17]。

2 结果与分析

2.1 无性系的表型变异和遗传参数估计

对 378 个 9 年生欧洲云杉无性系表型性状进行调查分析，欧洲云杉各无性系苗平均保存率达 88.8%，最大值达 100%，最小值为 25%。由表 1 可知：378 个 9 年生欧洲云杉无性系（不含苗期 3 年）树高均值为 2.62 m，当年新梢长度均值为 36.80 cm，胸径均值为 2.80 cm。当年生长轮每轮平均 4.47 个分枝，冠幅大小均值为 125.30 cm，各表型变异系数平均为 31.38%~48.24%，说明无性系之间不同表型性状差异较大。

对欧洲云杉无性系各性状进行方差分析，由表 2 可知：性状无性系间均差异极显著，说明从无

表 1 欧洲云杉无性系表型均值

Table 1 Phenotype average values of *Picea abies* clones

| 性状 Trait | 性状均值 Mean | 标准差 Standard Deviation | 最小值 Min | 最大值 Max | 变异系数 Coefficient of variation/% |
|---------------------------------|-----------|------------------------|---------|---------|---------------------------------|
| 树高 Height/m | 2.62 | 0.93 | 0.30 | 6.50 | 35.50 |
| 新梢长 Stem increment/cm | 36.80 | 17.75 | 1.00 | 110.00 | 48.24 |
| 胸径 Diameter at breast height/cm | 2.75 | 1.24 | 0.20 | 8.90 | 45.21 |
| 分枝数 Branches/个 | 4.47 | 1.40 | 1.00 | 15.00 | 31.38 |
| 冠幅 Crown width/cm | 125.30 | 40.66 | 20.00 | 355.00 | 32.45 |

表 2 欧洲云杉无性系生长性状方差分析

Table 2 Variation analysis of growth traits of *Picea abies* clones

| 树高 Height | 自由度 Df | 平方和 Sum Sq | 均方 Mean Sq | F | P | 新梢长 Stem increment | 自由度 Df | 平方和 Sum Sq | 均方 Mean Sq | F | P |
|----------------|--------|------------|------------|------|-----|--------------------|--------|------------|------------|------|-----|
| 区组 Block | 4 | 181940 | 45485 | 3.20 | *** | 区组 Block | 4 | 3852 | 963 | 1.80 | ** |
| 无性系 Clone | 377 | 16809528 | 44588 | 3.14 | *** | 无性系 Clone | 377 | 495089 | 1313.2 | 2.46 | *** |
| 交互 Interaction | 1489 | 21134457 | 14194 | 3.46 | *** | 交互 Interaction | 1488 | 794949 | 534.2 | 3.26 | *** |
| 误差 Error | 4755 | 19492239 | 4099 | | | 误差 Error | 4660 | 763218 | 163.8 | | |
| 胸径 DBH | Df | Sum Sq | Mean Sq | F | P | 分枝数 Branches | Df | Sum Sq | Mean Sq | F | P |
| 区组 Block | 4 | 18 | 4.584 | 1.91 | *** | 区组 Block | 4 | 1 | 0.261 | 0.12 | |
| 无性系 Clone | 377 | 3089 | 8.194 | 3.42 | *** | 无性系 Clone | 377 | 2135 | 5.663 | 2.63 | *** |
| 交互 Interaction | 1488 | 3565 | 2.396 | 3.20 | *** | 交互 Interaction | 1478 | 3178 | 2.150 | 1.33 | *** |
| 误差 Error | 4727 | 3536 | 0.748 | | | 误差 Error | 4626 | 7458 | 1.612 | | |
| 冠幅 Crown width | Df | Sum Sq | Mean Sq | F | P | 材积 Volume | Df | Sum Sq | Mean Sq | F | P |
| 区组 Block | 4 | 29511 | 7378 | 2.98 | *** | 区组 Block | 4 | 4.2e-05 | 1.05e-05 | 2.17 | *** |
| 无性系 Clone | 377 | 3141615 | 8333 | 3.36 | *** | 无性系 Clone | 377 | 5.7e-03 | 1.51e-05 | 3.12 | *** |
| 交互 Interaction | 1486 | 3681233 | 2477 | 2.90 | *** | 交互 Interaction | 1488 | 7.2e-03 | 4.84e-06 | 2.17 | *** |
| 误差 Error | 4718 | 4032309 | 855 | | | 误差 Error | 4728 | 6.6e-03 | 2.23e-06 | | |

性系水平进行筛选及遗传改良的可行性极大, 即同一种源内基因型间有极大生长和适应性差异; 分枝数在区组间差异显著或极显著, 其它性状在区组间差异表现为显著。各性状在无性系与区组间交互作用极显著, 受遗传和环境交互影响较大。

从表3方差分量看: 树高、新梢长、胸径、分枝数、冠幅、材积无性系效应的方差分量占比为

10.2%~20.42%, 无性系与区组效应的方差分量占比为 7.75%~ 34.29%, 误差方差分量占比为 47.25%~ 82.05%, 除分枝性状外, 其它生长性状无性系与区组互作效应均大于无性系效应, 说明欧洲云杉无性系生长受遗传和环境互作影响较大, 误差方差分量占比相对较高, 说明无性系区组间及小区内个体间受环境影响效应较大。

表3 欧洲云杉无性系的生长性状方差分量和遗传参数估计

Table 3 Variance component and gene parameters of *Picea abies* clones

| 生长性状 Trait | 方差分量 (占比) Variance component (Proportion) | | | 变异系数 Coefficient of Variation/% | | 无性系重复力 Repeatability |
|-----------------------|---|-------------------------|-------------------|---------------------------------|--------------------------------|-------------------------|
| | 无性系 Clone | 无性系与区组 Clone × Block | 误差 Error | 遗传变异系数 Genetic variation | 表型变异系数 Phenotypic variation | |
| 树高 Height/m | 1 682.00 (19.34%) | 2 905.00 (33.41%) | 4 108.00 (47.25%) | 15.67 | 35.62 | 0.68 |
| 新梢长 Stem increment/cm | 43.49 (13.74%) | 108.57 (34.29%) | 164.56 (51.97%) | 17.92 | 48.36 | 0.59 |
| 胸径 DBH/cm | 0.31 (20.42%) | 0.48 (30.87%) | 0.75 (48.71%) | 20.38 | 45.10 | 0.71 |
| 分枝数 Branches/个 | 0.20 (10.20%) | 0.15 (7.75%) | 1.61 (82.05%) | 10.02 | 31.36 | 0.62 |
| 冠幅 Crown width/cm | 324.20 (19.67%) | 467.50 (28.36%) | 856.50 (51.97%) | 14.37 | 32.40 | 0.70 |

从表3中无性系重复力来看: 各性状受无性系遗传因素控制程度较强, 进行改良潜力较大, 其中, 无性系胸径和冠幅性状重复力达到 0.70 以上。无性系各性状遗传变异系数均小于表型变异系数, 遗传变异系数为 10.02%~20.38%, 表型变异系数为 31.36%~48.36%。

2.2 无性系生长性状间的相关分析

对 9 年生 378 个欧洲云杉无性系的各生长性状树高、新梢长、胸径、冠幅、分枝数、材积进行相

关分析, 其中, 分枝数数据进行对数化(以 10 为底)后分析, 结果(表4)表明: 无性系树高、新梢长、胸径、冠幅表型相关和遗传相关系数较高(0.72~0.95), 且都极显著相关。无性系材积与树高、胸径、新梢长和冠幅间有显著或极显著表型相关和遗传相关。分枝数与其他各性状表型及遗传相关系数均较低, 且不显著相关。可能的原因是无性系分枝数测量的是顶轮分枝数, 并不是整株的分枝数。

表4 无性系生长性状相关系数

Table 4 Correlation coefficient of growth traits in *Picea abies* clones

| 相关系数 correlation | 树高 Height | 新梢长 Stem increment | 胸径 DBH | 分枝数 Branches | 冠幅 Crown width | 材积 Volume |
|--------------------------|-----------|--------------------|--------|--------------|----------------|-----------|
| 树高 Height/m | | 0.84** | 0.90** | 0.08 | 0.83** | 0.89** |
| 新梢长 Stem increment/cm | 0.93* | | 0.79** | 0.03 | 0.72** | 0.76** |
| 胸径 DBH/cm | 0.95** | 0.91** | | 0.10 | 0.85** | 0.97** |
| 分枝数 Branches/个 | 0.63 | 0.51 | 0.61 | | 0.07 | 0.10 |
| 冠幅 Crown width/cm | 0.93** | 0.86* | 0.94** | 0.62 | | 0.83** |
| 材积 Volume/m ³ | 0.93** | 0.88* | 0.98** | 0.54 | 0.89* | |

注: 上三角为表型相关系数, 下三角为遗传相关系数; “**”表示极显著相关($P < 0.01$), “*”表示显著相关($P < 0.05$)。

Notes: The data in matrix above is phenotype correlation coefficient; below is genetic correlation coefficient. ** Indicates significant difference at 0.01, * Indicates significant difference at 0.05.

2.3 无性系遗传值估计与优良无性系的初步选择

运用 BLUP 方法得到 378 个欧洲云杉无性系树

高遗传值范围为-81.16~108.59, 大于 0 的无性系有 167 个。树高遗传值与树高实际值经检验, 相

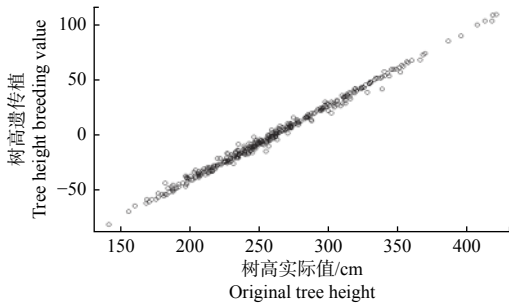


图1 欧洲云杉无性系树高遗传值与实际值之间的线性相关
Fig. 1 The pearson correlation between tree height of the clones and genetic value

关系数达 0.997 (图 1), 二者呈极显著正相关 ($p < 2.2e-16$)。

从中选择遗传值较高的 30 个无性系作为优良无性系, 树高选择差为 101.39 cm, 入选无性系树高均值为 363.18 cm, 遗传增益为 26.38%; 入选无性系胸径、冠幅均值分别为 4.06、162.37 cm。各无性系号及树高遗传增益见表 5。

3 讨论

无性系育种在林木遗传改良中具有很大的潜力

表 5 入选的欧洲云杉优良无性系及树高遗传增益
Table 5 Selected superior *P. abies* clones and genetic gain of tree height

| 序号 | 无性系 | 树高均值/cm | 树高遗传值 | 树高选择差/cm | 树高遗传增益/% | 胸径均值/cm | 冠幅均值/cm |
|----|--------------|---------|--------|----------|----------|---------|---------|
| 1 | pab08ts1476 | 420.25 | 108.59 | 158.46 | 41.22 | 4.90 | 170.80 |
| 2 | pab08ts1686 | 417.58 | 108.54 | 157.12 | 40.87 | 3.91 | 162.32 |
| 3 | pab08ts0774 | 417.11 | 103.25 | 156.52 | 40.72 | 3.79 | 141.28 |
| 4 | pab08ts1196 | 411.89 | 103.02 | 154.92 | 40.30 | 4.60 | 176.92 |
| 5 | pab08ts0681 | 406.65 | 99.32 | 152.91 | 39.78 | 4.28 | 177.38 |
| 6 | pab08ts0572 | 394.72 | 89.25 | 149.58 | 38.91 | 5.04 | 183.58 |
| 7 | pab08ts0339 | 385.74 | 85.05 | 145.92 | 37.96 | 4.84 | 181.95 |
| 8 | pab08ts0900 | 369.10 | 73.74 | 141.09 | 36.70 | 4.88 | 182.00 |
| 9 | pab08ts1599 | 368.90 | 73.60 | 137.31 | 35.72 | 3.41 | 149.78 |
| 10 | pab08ts1031 | 367.50 | 72.65 | 134.15 | 34.90 | 4.02 | 167.28 |
| 11 | pab08ts0716 | 365.47 | 67.99 | 131.38 | 34.18 | 3.65 | 156.63 |
| 12 | pab08ts1641 | 359.20 | 66.99 | 128.55 | 33.44 | 3.96 | 157.58 |
| 13 | pab08ts07054 | 355.78 | 65.85 | 125.89 | 32.75 | 4.13 | 168.30 |
| 14 | pab08ts0887 | 356.60 | 65.22 | 123.67 | 32.17 | 4.74 | 177.25 |
| 15 | pab08ts0556 | 352.22 | 63.14 | 121.46 | 31.59 | 4.39 | 179.28 |
| 16 | pab08ts0813 | 352.95 | 61.87 | 119.56 | 31.10 | 3.77 | 169.45 |
| 17 | pab08ts0729 | 350.30 | 60.93 | 117.74 | 30.63 | 4.20 | 164.23 |
| 18 | pab08ts0677 | 348.05 | 59.40 | 115.99 | 30.17 | 3.96 | 156.88 |
| 19 | pab08ts1492 | 345.95 | 59.16 | 114.31 | 29.74 | 4.16 | 163.08 |
| 20 | pab08ts0795 | 344.60 | 58.94 | 112.74 | 29.33 | 4.72 | 174.70 |
| 21 | pab08ts07037 | 339.47 | 57.19 | 111.07 | 28.89 | 3.23 | 137.76 |
| 22 | pab08ts0337 | 350.94 | 56.60 | 110.07 | 28.63 | 3.91 | 136.09 |
| 23 | pab08ts0902 | 342.15 | 55.38 | 108.78 | 28.30 | 3.65 | 153.78 |
| 24 | pab08ts1043 | 342.10 | 55.34 | 107.59 | 27.99 | 3.57 | 170.98 |
| 25 | pab08ts0900 | 339.85 | 53.81 | 106.41 | 27.68 | 4.02 | 166.75 |
| 26 | pab08ts1620 | 343.12 | 52.87 | 105.45 | 27.43 | 3.03 | 109.74 |
| 27 | pab08ts1574 | 338.15 | 52.65 | 104.37 | 27.15 | 3.82 | 138.88 |
| 28 | pab08ts0837 | 338.05 | 52.58 | 103.37 | 26.89 | 4.09 | 168.30 |
| 29 | pab08ts1291 | 337.95 | 52.51 | 102.43 | 26.64 | 3.52 | 150.58 |
| 30 | pab08ts0678 | 333.17 | 51.58 | 101.39 | 26.38 | 3.56 | 154.03 |

注: 以表中“pab08ts1476”为例, pab代表欧洲云杉; 08代表2008年扦插; ts代表扦插地点甘肃天水小陇山; 1467代表无性系扦插序号。

Notes: Using the example of “pab08ts1467” in table 5. pab represents *P. abies*; 08 represents cuttage seedlings in 2008; ts represents Xiaolong mountain, tianshui city of Gansu province; 1467 represents cuttage serial number.

和优势, 繁殖的无性系不仅能够继承母株的加性效应, 还继承了母株的显性和上位作用效应^[18-19]。参试 378 个欧洲云杉无性系是苗期筛选出的优良单株扦插扩繁初步选出而来。通过无性系生长表型的测定可直接了解该无性系对区域的适应性及遗传变异情况。

本研究通过对樟村坪林场 378 个欧洲云杉无性系树高、胸径、冠幅、分枝数、新梢长等表型性状的测定及变异分析发现, 同一种源内欧洲云杉无性系间具有极显著差异, 各性状无性系重复力较高, 说明各性状在无性系间具有差异。各性状表型变异系数为 31.36%~48.36%, 遗传变异变异系数为 10.02%~20.38%。各性状的无性系、无性系与区组互作效应都显著, 无性系与区组互作效应方差分量比无性系的方差分量大(分枝数除外), 说明遗传因素及立地环境因素对欧洲云杉无性系的影响很大。在林木育种中, 尤其具有重要商业价值的树种研究报告中, 均显现出显著的遗传因素与环境因素的互作效应影响如火炬松(*Pinus taeda* L.)、落叶松、桉树(*Eucalyptus robusta* Smith.)、云杉等^[20-22]。

欧洲云杉无性系各性状重复力范围为 0.59~0.71, 表明全部性状均中等程度以上的遗传调控, 无性系间遗传效应与一般环境效应叠加所形成的表型性状具有较高的稳定性。在无性系性状遗传变异分析中, 滇楸(*Catalpa fargesii* Bur.)^[23]、香椿(*Toona sinensis* (A. Juss.) Roem.)^[24]、桉树^[25]等均表现出了大于 0.50 的重复力, 并在无性系间进行了优选。欧洲云杉无性系生长性状重复力较高, 在本地进行优良无性系的选择可以取得较好的改良效果。

通过各性状遗传和环境相关性分析, 胸径与树高遗传相关系数达到 0.95, 因此, 利用树高遗传值大小进行优良无性系的选择具有一定的可行性。遗传值是林木选择育种中一项重要参数, 代表遗传效应中的加性效应部分。BLUP 法是 Henderson 针对不平衡资料提出的一种预测方法, 能够应用线性方程进行固定效应和随机效应的估算。1988 年 White 等^[26]对 BLUP 方法的应用进行了详细的介绍, 目前, BLUP 方法已在泡桐(*Paulownia fortunei* (Seem.) Hemsl.)^[27]、扭叶松(*Pinus contorta* ssp. *latifolia*)^[28]、火炬松^[29]、青海云杉(*Picea crassifolia* Kom.)^[14]育种中应用。孙晓梅等^[30]也通过比较分析表示, 通过 BLUP 方法估算在无性系选育中具有重要意义。

4 结论

目前, 在鄂西地区湖北宜昌已建立云杉属种质基地 110 hm², 包括欧洲云杉海拔区域对比试验林及推广示范林, 通过本地区 378 个欧洲云杉优良无性系遗传变异分析, 筛选出 30 个优良无性系, 入选的无性系树高遗传增益达到 26.38%, 可扦插扩繁为本地提供优质种苗和优先推广利用, 加速本地云杉人工林的发展。目前, 已完成部分入选优良无性系再嫁接工作, 嫁接成活率 98%, 以供建采穗圃和矮化处理做捷克种源育种群体亲本用。此外, 通过仔细调查生长好的无性系和生长差的无性系有物候等生长和形质指标差别, 以供选择参考。

参考文献:

- [1] 康向阳. 关于林木无性系育种策略的思考[J]. 北京林业大学学报, 2019, 41(7): 1-9.
- [2] Dyderski M K, Gazda A, Hachulka M, et al. Impacts of soil conditions and light availability on natural regeneration of Norway spruce *Picea abies* (L.) H. Karst. in low-elevation mountain forests[J]. Annals of Forest Science, 2018, 75(4): 1-13.
- [3] 潘春林. 欧洲云杉嫁接无性系遗传变异与选择[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2012.
- [4] 胡勳鸿, 欧阳芳群, 贾子瑞, 等. 不同穗条类型、长度的欧洲云杉扦插苗质量评价[J]. 林业科学研究, 2016, 29(6): 919-925.
- [5] 李青粉. 川西云杉早期体细胞胚胎发生机理研究[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2014.
- [6] 王军辉, 张建国, 张守攻, 等. 川西云杉硬枝扦插生根特性的研究[J]. 浙江林学院学报, 2006, 23(3): 351-356.
- [7] 安三平, 王丽芳, 王美琴, 等. 欧洲云杉无性系苗期选育[J]. 东北林业大学学报, 2011, 39(12): 16-19, 23.
- [8] 安三平, 许娜, 杜彦昌, 等. 云杉种和种源生长性状早期评价[J]. 林业科学研究, 2018, 31(5): 20-26.
- [9] Ouyang F Q, Ma J W, Wang J C, et al. *Picea* species from humid continental and temperate marine climates perform better in monsoonal areas of middle latitudes of China[J]. Journal of Forestry Research, 2021, 32:1395-1408.
- [10] Wang J C, Ma J W, Ouyang F Q, et al. Intrinsic relationship among needle morphology, anatomy, gas exchanges and tree growth across 17 *Picea* species[J]. New Forests, 2021, 52:509-535.
- [11] 欧阳芳群, 祁生秀, 蔡启山, 等. 青海云杉自由授粉家系遗传评价与选择[J]. 林业科学研究, 2018, 31(6): 26-32.
- [12] Klisz M, Jastrzębowski S, Ukalski K, et al. Adaptation of Norway spruce populations in Europe: a case study from northern Poland[J]. New Zealand Journal of Forestry Science, 2017, 47(1): 1-9.
- [13] Piepho H P, Möhring J, Melchinger A E, et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing[J]. Euphytica, 2008, 161(1): 209-228.
- [14] 欧阳芳群, 祁生秀, 范国霞, 等. 青海云杉自由授粉家系遗传变异与基于BLUP的改良代亲本选择[J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2019, 43(6): 53-59.

- [15] 林元震. R与ASReml-R统计学[M]. 北京: 中国林业出版社, 2016.
- [16] 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.
- [17] Institute S. SAS / STAT user's guide: version 6, Vol2[M]. SAS Institute: Cary, NC, 1990.
- [18] 王明麻. 林木育种学概论[M]. 北京: 中国林业出版社, 1988.
- [19] Chen Z Q, Hai H N T, Helmersson A, *et al.* Advantage of clonal deployment in Norway spruce (*Picea abies* (L.) H. Karst)[J]. *Annals of Forest Science*, 2020, 77(1): 24.
- [20] Li Y, Suontama M, Burdon R, *et al.* Genotype by environment interactions in forest tree breeding: review of methodology and perspectives on research and application[J]. *Tree Genetics and Genomes*, 2017, 13(3): 1.
- [21] 韩东花, 杨桂娟, 肖遥, 等. 楸树无性系早期生长变异和优选[J]. 林业科学研究, 2019, 32(4): 96-104.
- [22] Chen Z Q, Karlsson B, Wu H X. Patterns of additive genotype-by-environment interaction in tree height of Norway spruce in southern and central Sweden[J]. *Tree Genetics and Genomes*, 2017, 13(1): 25.
- [23] 肖遥, 姚淑均, 杨桂娟, 等. 滇楸无性系早期木材性状变异与评价[J]. 林业科学研究, 2019, 32(4): 79-87.
- [24] 胡继文, 麻文俊, 沈元勤, 等. 香椿无性系苗期生长及早期选择研究[J]. 林业科学研究, 2019, 32(4): 165-170.
- [25] 朱显亮, 兰俊, 王建忠, 等. 中大径材尾细桉杂种无性系选择研究[J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2020, 44(2): 43-50.
- [26] White T L, Hodge G R. Best linear prediction of breeding values in a forest tree improvement program[J]. *Theor Appl Genet*, 1988, 76(5): 719-727.
- [27] 马浩, 张冬梅, 李荣幸, 等. 泡桐属植物育种值预测方法的研究[J]. 林业科学, 2003, 39(1): 75-80.
- [28] Xie C Y, Carlson M R, Murphy J C. Predicting individual breeding values and making forward selections from open-pollinated progeny test trials for seed orchard establishment of interior Lodgepole Pine (*Pinus contorta* ssp. *latifolia*) in British Columbia[J]. *New Forests*, 2007, 33(2): 125-138.
- [29] 刘天颢, 杨会肖, 刘纯鑫, 等. 火炬松基因资源的育种值预测与选择[J]. 林业科学, 2014, 50(8): 60-67.
- [30] 孙晓梅, 杨秀艳. 林木育种值预测方法的应用与分析[J]. 北京林业大学学报, 2011, 33(2): 65-71.

Growth Difference and Early Evaluation and Selection of Young *Picea abies* Clones in Western Hubei

GAO Ben-wang¹, OUYANG Fang-qun^{2,4}, GAO Han¹, LI Wei¹, LEI Hua¹,
TIAN Kai-chun³, QI Song¹, WANG Jun-hui⁴

(1. Yichang Forest Research Institute, Yichang 443111, Hubei, China; 2. Beijing Botanical Garden, Beijing Floriculture Engineering Technology Research Centre, Beijing Laboratory of Urban and Rural Ecological Environment, Beijing 100093, China; 3. Yiling Zhangcunping State-Owned Forestry Farm, Yichang 443145, Hubei, China; 4. State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Key Laboratory of Tree Breeding and Cultivation of National Forestry and Grassland Administration, Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China)

Abstract: [Objective] To select and breed elite trees for local quality reforestation by evaluating the genetic architecture of growth and branch relevant traits from 378 9-year-old *Picea abies* clones. [Method] *P. abies* clones were established using a completely random block design. The genetic variation of height, diameter at breast height, crown width, stem increment of the current year, number of branch in the first round were analyzed to select elite clones using EXCEL and package lme4. [Result] The results showed that the clones and the interaction effects between clones and block significantly affected the height, diameter at breast height, crown width, stem increment, and branch of *P. abies*. The genetic and phenotypic variation coefficient were 10.02%~20.38% and 31.36%~48.36%. The repeatability of height, diameter at breast height, crown width, stem increment, branch and volume were 0.59~0.71. The phenotypic correlation and genetic correlation coefficients of height, stem increment, diameter at breast height, and crown width were 0.72 to 0.95, which were all significantly correlated to each other. 30 elite clones were chosen by tree height genetic value with the selected ratio 7.94%. The genetic gain of the height were 26.38%. [Conclusion] The height, stem increment, diameter at breast height, branches, and crown width of 378 *P. abies* clones have significant variation among clones, and are affected by the interactive effect between clones and environment. The clones also have obvious interaction with site, indicating that the most suitable clones should be selected according to site when implementing clonal forestry. 30 elite clones with good growth performance are chosen by their genetic values of tree height which may be used in the promotion and application of *P. abies* asexual reproduction.

Keywords: *Picea abies*; clonal selection; genetic variation; genetic value