

## 红松优树半同胞家系生长变异分析及优良家系选择

王芳<sup>1</sup> 王玉彬<sup>2</sup> 王君<sup>1</sup> 张玉东<sup>2</sup> 吴琳<sup>2</sup> 李奎全<sup>2</sup> 刘丽菲<sup>2</sup> 王元兴<sup>1\*</sup>

(1. 吉林省林业科学研究院(吉林省林业生物防治中心站) 长春 130000; 2. 吉林森工露水河林业有限公司 白山 134300)

**摘要:**【目的】分析红松(*Pinus koraiensis*)半同胞家系生长性状遗传变异,筛选优良遗传材料,为红松高世代种子园营建及林业推广应用提供材料。【方法】以吉林森工露水河林业有限公司红松种子园中初级园无性系子代为材料,对19年生218个红松半同胞家系的树高、胸径、材积进行方差分析、遗传参数估算、一般配合力分析、相关分析和综合评价,筛选优良家系,并在优良家系中筛选优良单株。【结果】各性状在不同家系间、不同区组间、不同家系\*区组间均达到极显著差异水平( $P<0.01$ )。全部红松家系树高的平均值为3.22 m,胸径平均值为4.79 cm,材积的平均值为0.00508 m<sup>3</sup>,各性状表型变异系数变化范围为25.42%~82.48%,家系遗传力变化范围为0.86~0.89,单株遗传力变化范围为0.23~0.38;家系PK20的树高、胸径、材积的平均值均最大,且家系PK20的树高、胸径和材积的一般配合力也均最大,除PK20外,PK33、PK6和PK46各性状的一般配合力也均较大;各性状之间呈极显著正相关关系,利用综合评价法按5%的入选率筛选出10个优良家系,入选家系的树高、胸径和材积均值分别为3.85 m、6.50 cm和0.00892 m<sup>3</sup>,遗传增益分别为17.30%、31.02%和65.08%,分别高出当地对照均值16.31%、31.59%和67.73%;以2%的入选率在优良家系中选择优良单株,入选的10个优良单株树高、胸径和材积的均值分别为5.06 m、10.72 cm和0.02414 m<sup>3</sup>,遗传增益分别为11.86%、17.31%和38.68%,分别高出当地对照均值52.87%、117.00%和353.76%。【结论】所选的优良家系和优良单株可为红松高世代遗传改良提供材料,为国储林建设和林业双增提供良种。

**关键词:**红松;半同胞家系;生长变异;家系选择

### Variation Analyses of Growth Traits in Half-sib Families of *Pinus koraiensis* and Superior Families Selection

Wang Fang<sup>1</sup> Wang Yubin<sup>2</sup> Wang Jun<sup>1</sup> Zhang Yudong<sup>2</sup> Wu Lin<sup>2</sup> Liu Lifei<sup>2</sup> Wang Yuanxing<sup>1\*</sup>

(1. Jilin Provincial Academy of Forestry Sciences (Jilin Provincial Forestry Biological Control Center Station) Changchun 130000; 2. Jilin Sengong Lushuihe Forestry Co., Ltd. Baishan 134300)

**Abstract:**【Objective】The genetic variation of growth traits in half sib families of *Pinus koraiensis* was analyzed, and excellent genetic materials were selected to provide materials for the construction of high-generation seed orchard and forestry popularization and application. 【Method】Using Clonal progeny in primary garden of *Pinus koraiensis* seed garden in Jilin Forestry Co., LTD. as materials, analysis of variance, estimation of genetic parameters, analysis of general combining ability, correlation analysis and comprehensive evaluation of tree height, diameter at breast height (DBH) and volume of 218 19-year-old *Pinus koraiensis* half-sib families were performed to screen excellent families and select excellent single plants in excellent families. 【Result】There were extremely significant differences among different families, blocks and families\*groups ( $P < 0.01$ ). The average height of all red pine families was 3.22 m, the DBH was 4.79 cm, and the average volume was 0.00508 m<sup>3</sup>. The variation coefficient of phenotypic variation of each trait ranged from 25.42% to 82.48%, the family heritability ranged from 0.86 to 0.89, and the single plant heritability ranged from 0.23 to 0.38. The average values of tree height, DBH and volume of family PK20 were the largest, and the general combining ability of tree height, DBH and volume of family PK20 was also the largest, except for PK20, the general combining ability of PK33, PK6 and PK46 were also larger. There was a significant positive correlation among the traits. Ten excellent families were selected

基金项目:吉林省科技发展计划项目(20200402094NC)

\* 王元兴为通讯作者

by comprehensive evaluation according to 5% selection rate. The average tree height, DBH and volume of the selected families were 3.85 m, 6.50 cm and 0.00892m<sup>3</sup>, respectively, and the genetic gain was 17.30%, 31.02% and 65.08%, respectively. There were 16.31%, 31.59% and 67.73% higher than the local control mean, respectively. Screening excellent single plants in the excellent families, the average tree height, DBH and volume of the 10 selected single plants were 5.06 m, 1 0.72 cm and 0.02414 m<sup>3</sup>, respectively. and the genetic gain was 11.86%, 17.31% and 38.68%, respectively, higher than the local control mean 52.87%, 117.00% and 353.76%, respectively. 【Conclusion】 The selected excellent families and excellent single plants can provide materials for genetic improvement of high generation seed orchards of *Pinus koraiensis*, and provide excellent germplasm resources for national reserve forest construction and forestry double increase.

**Key words:** *Pinus koraiensis*; half-sib families; growth variation; family selection

红松 (*Pinus koraiensis*) 是松科 (Pinaceae) 松属 (*Pinus*) 常绿乔木, 在我国, 主要分布于东北小兴安岭至长白山一带, 在俄罗斯、日本、韩国也有少量分布。其木材颜色美观, 材质轻软, 结构细腻, 纹理直通达, 耐腐力强, 因此是非常珍贵且优良的用材树种。同时, 由于其种子营养丰富, 具有较高的食用、药用和工业价值, 因此也是我国优良的食用干果树种 (Yang 2021; 马晓雨 2023)。近年来, 许多林业科研工作者对红松果实非常重视, 进行了许多以红松结实为目标的良种选育及培育方面的研究 (古健 2022; 韩龙海 2021; 林强 2023; 王贺 2021), 随着经济社会的不断发展, 国家对木材战略储备提上日程, 高度重视。红松作为我国东北林区重要的用材树种, 培育周期较长, 大约需要 70 a 左右 (贾庆斌 2022), 因此提高生长速率、尽量缩短经营周期是红松生长性状遗传改良研究的重要内容。

林木生长性状主要包括树高、地径、胸径、材积等, 是最直观的表现型, 由环境加基因共同决定, 同一树种中, 不同的生长性状存在丰富的变异。黄桂华等 (2023) 研究了 11 年生柚木无性系的生长性状遗传变异, 结果发现, 7029 无性系的树高、胸径、单株材积、冠幅与对照差异显著, 分别提高了 9.2 1%、18.73%、45.36%、16.38%, 分别是试验林平均值的 1.22、1.32、1.93、1.34 倍; 冯建林等 (2023) 等发现 25 个樟子松家系的树高存在丰富的变异, 变异系数为 33.33%~51.09%; 谭健晖等 (2017) 对 26 年生马尾松半同胞家系生长性状进行遗传变异分析, 结果表明, 材积的表型变异系数最高, 为 0.49, 其次为胸径 (0.23)。本研究以吉林森工露水河林业有限公司红松初级种子园无性系子代半同胞家系为研究对象, 对 19 年生 218 个红松半同胞家系的生长性状进行遗传变异分析, 筛选出优良家系, 并在优良家系中筛选优良单株, 为红松高世代种子园的营建提供基础, 为我国国储林建设和林业双增提供良种。

## 1 研究区概况

研究区位于吉林省白山市抚松县露水河镇清水河林场 36 林班 6 小班 (128°01'N, 42°30'E), 海拔 600~800 m, 属北温带东亚季风气候, 土壤为暗棕壤, 是红松生长适宜的气候区。年均温 2.9 °C, 生长期年平均 100 d, 无霜期年平均 110 d。年平均日照时数 2398 h, 年平均降水量 894 mm。

## 2 研究方法

### 2.1 试验材料

试验材料为吉林森工露水河林业有限公司红松种子园中初级园红松无性系的子代, 共 218 个半同胞家系 (PK1~PK218), 共设置 8 个对照, 均为当地红松种子育苗获得, 分别为 CK1 (露水河林业局清水河林场红松红松种子混合播种得到的家系)、CK2 (露水河林业局西林河林场红松种子混合播种得到的家系)、CK3 (露水河林业局四湖林场红松种子混合播种得到的家系)、CK4 (露水河林业局东升林场红松种子混合播种得到的家系)、CK5 (露水河林业局红光林场红松种子混合播种得到的家系)、CK6 (露水河林业局黎明林场红松种子混合播种得到的家系)、CK7 (二道白河镇红松种子混合播种得到的家系)、CK8 (整个露水河林业局的红松种子混合播种得到的家系)。

## 2.2 研究方法

2001 年, 采集露水河红松种子园中初级园红松无性系的种子, 同一无性系种子混合播种, 2005 年于清水河林场 36 林班 6 小班进行定植, 采用完全随机区组设计, 8 株小区, 6 次重复, 株行距为 2 m×2 m。2019 年 9 月中旬, 对 19 年生 218 个红松半同胞家系进的树高、胸径进行单株调查, 树高采用塔尺进行测量, 胸径采用胸径尺进行测量, 计算单株的立木材积, 材积计算公式 (张振 2016) 如下:

$$V = (H + 3)g_{1.3}f$$

式中:  $g_{1.3} = (3.14DBH^2)/4$ , 其中  $H$  表示树高, 单位为 m; DBH 表示胸径, 单位为 m;  $f$  表示平均实验形数,  $f=0.33$ , 立木材积  $V$  的单位为  $m^3$ 。

## 2.3 数据处理

采用 Excel 2017 对全部数据进行整理并利用相应公式进行综合评价及一般配合力的计算, 采用 SPSS 19.0 软件进行方差分析、变异系数分析和相关分析。

树高、胸径和材积的方差分析模型 (王芳 2019) 为:

$$X_{ijk} = \mu + a_i + b_j + ab_{ij} + e_{ijk}$$

式中:  $X_{ijk}$  表示家系  $i$  在区组  $j$  中单株  $k$  的表现型;  $\mu$  表示某一表型的总体平均值;  $a_i$  表示某一表型的家系效应,  $b_j$  表示某一表型的区组效应,  $ab_{ij}$  表示某一表型家系与区组的互作效应;  $e_{ijk}$  表示误差效应。

表型变异系数计算公式 (Wang F 2018) 为:

$$PCV = SD / \bar{X}$$

式中: PCV 表示某一性状的表型变异系数; SD 表示某一性状的标准差;  $\bar{X}$  表示某一性状的总体平均值。

半同胞子代测定中多株小区试验分析, 各性状的家系遗传力及单株遗传力计算公式为 (陈晓阳 2005):

$$h_F^2 = BR\sigma_f^2 / \sigma_e^2 + R\sigma_{fb}^2 + BR\sigma_f^2$$

$$h^2 = (\sigma_e^2 + \sigma_{fb}^2 + \sigma_f^2) / 4$$

式中:  $h_F^2$ 、 $h^2$  分别表示某一性状的家系遗传力和单株遗传力;  $\sigma_e^2$ 、 $\sigma_{fb}^2$ 、 $\sigma_f^2$  分别表示某一性状的环境误差方差分量、家系与区组互作的方差分量、家系的方差分量; B 表示区组个数, R 表示 R 株小区。

一般配合力计算公式为 (陈晓阳 2005):

$$G_{CA} = \bar{X} - \mu$$

式中:  $G_{CA}$  表示某一亲本某一性状的一般配合力;  $\bar{X}$  表示某一亲本所有交配组合中子代某个性状的平均值;  $\mu$  表示若干亲本交配所有组合子代某一性状的平均值。

表型相关分析计算公式为 (Wang F 2018):

$$r_{p12} = Cov_{p12} / \sqrt{\sigma_{p1}^2 \sigma_{p2}^2}$$

式中:  $r_{p12}$  表示性状 1 与性状 2 之间的相关系数;  $Cov_{p12}$  表示性状 1 与性状 2 之间的协方差,  $\sigma_{p1}^2$ 、 $\sigma_{p2}^2$  分别表示性状 1 与性状 2 的表型方差。

对各家系和各单株进行综合综合评价采用布雷金多性状综合评定法, 计算公式 (Ahmed 2019) 为:

$$Q_i = \sqrt{\sum_{j=1}^n \alpha_i}, \quad \alpha_i = X_{ij} / X_{j\max}$$

式中:  $Q_i$  表示家系  $i$  或者单株  $i$  的综合评价值,  $X_{ij}$  表示家系  $i$  或单株  $i$  中  $j$  性状的平均值,  $X_{j\max}$  表示性状  $j$  在所有家系或所有单株中的最优值,  $n$  表示参与评价的性状个数。

遗传增益的公式 (陈晓阳 2005)) 为:

$$\Delta G = WR / \bar{X}$$

式中:  $\Delta G$  表示某一性状的遗传增益,  $W$  表示选择差,  $R$  表示某一性状的遗传力;  $\bar{X}$  表示某一性状的平均值。注: 此处的选择差是所选优良家系或优良单株某一性状的平均值与性状总体平均值的差值, 是近似选择差。

### 3 结果与分析

#### 3.1 各性状方差分析

218 个红松家系各性状的方差分析结果见表 1。结果显示: 各性状 (树高、胸径、材积) 在不同家系间、不同区组间、不同家系\*区组间均达到极显著差异水平 ( $P < 0.01$ )。

表 1 各性状方差分析

Tab.1 Variance analysis of each trait

性状 Traits	变异来源 Variance source	自由度 <i>df</i>	均方 MS	F 值 F value	显著性 Sig.
树高 Tree height	家系 Families	217	3.791	9.154	<0.01
	区组 Blocks	5	15.082	36.416	<0.01
	区组 *家系 Families * Blocks	1061	2.072	5.004	<0.01
胸径 DBH(diameter at breast height)	家系 Families	217	23.68	7.902	<0.01
	区组 Blocks	5	210.864	70.363	<0.01
	区组 *家系 Families * Blocks	1061	12.585	4.199	<0.01
材积 Volume	家系 Families	217	0	7.187	<0.01
	区组 Blocks	5	0.001	45.755	<0.01
	区组 *家系 Families * Blocks	1061	5.17E-05	3.664	<0.01

#### 3.2 各性状遗传变异分析

218 个红松半同胞家系的树高、胸径和材积的遗传变异参数见表 2。全部红松家系树高的平均值为 3.22 m, 变幅为 2.33~4.38 m; 胸径平均值为 4.79 cm, 变幅为 2.51~7.62 cm; 材积的平均值为 0.00508 m<sup>3</sup>, 变幅为 0.00132~0.01231 m<sup>3</sup>。各性状表型变异系数变化范围为 25.42%~82.48%, 其中材积的表型变异系数最大, 为 82.48%, 其次分别为胸径 (44.59%) 和树高 (25.42%)。各性状家系遗传力的变化范围为 0.

86~0.89, 树高、胸径和材积的家系遗传力均较高, 分别为 0.89、0.87 和 0.86。各性状单株遗传力较家系遗传力较小, 变化范围为 0.23~0.38, 树高的单株遗传力较大, 为 0.38, 胸径和材积的单株遗传力分别为 0.27 和 0.23。

表 2 各性状平均值及遗传变异参数

Tab.2 Means and genetic variance parameter of each trait

性状 Traits	平均值 Means	变幅 Range	标准差 standard dev iation	表型变异系数 Phenotypic coefficient of variation	家系遗传 力 $h_F^2$	单株遗传力 $h^2$
树高 Tree hei ght/m	3.22	2.33~4.38	0.82	25.42%	0.89	0.38
胸径 DBH(dia meter at brea st height)/cm	4.79	2.51~7.62	2.14	44.59%	0.87	0.27
材积 Volume/ m <sup>3</sup>	0.00508	0.00132~0.0123 1	0.00419	82.48%	0.86	0.23

### 3.3 各家系中各性状的平均值

218 个红松半同胞家系中, 排列前十的家系中, 家系 PK20 的树高最大, 为 4.38 m, 其次分别为 PK98 (4.20 m)、PK6 (3.99 m)、PK46 (3.97)、PK64 (3.87 m)、PK71 (3.80 m)、PK31 (3.77 m)、PK69 (3.77 m)、PK53 (3.76 m)、PK17 (3.66 m), 剩余家系树高的平均值在 2.35~3.66 m 之间, PK13 与 PK33 的树高平均值最小, 分别为 2.35 m 和 2.53 m。PK20 的胸径值最大, 为 7.62 cm, 接下来依次为 PK6 (6.85 cm)、PK46 (6.73 cm)、PK26 (6.64 cm)、PK86 (6.53 cm)、PK3 (6.43 cm)、PK64 (6.38 cm)、PK29 (6.30 cm)、PK98 (6.11 cm)、PK97 (6.08 cm), PK13 的胸径值最小, 为 2.90 cm, 剩余其它家系的胸径值在 3.08~6.08 cm 之间。材积平均值的排列中, PK20 的材积最大, 为 0.01231 m<sup>3</sup>, 其次分别为 PK6 (0.00979 m<sup>3</sup>)、PK26 (0.00932 m<sup>3</sup>)、PK64 (0.00913 m<sup>3</sup>)、PK46 (0.00856 m<sup>3</sup>)、PK71 (0.00842 m<sup>3</sup>)、PK72 (0.00838 m<sup>3</sup>)、PK3 (0.00809 m<sup>3</sup>)、PK86 (0.00775 m<sup>3</sup>)、PK97 (0.00757 m<sup>3</sup>), PK16 的材积最小, 为 0.00176 m<sup>3</sup>, 其它剩余家系材积的平均值在 0.00181~0.00757 m<sup>3</sup> 之间 (表 3)。

表 3 各性状平均值 (均值±标准误)

表 3 Means of each trait (Mean ± SE)

家系 Families	树高 Tree height/m	家系 Families	胸径 DBH/cm	家系 Families	材积 Volume/m <sup>3</sup>
PK20	4.38±0.55	PK20	7.62±2.11	PK20	0.01231±0.00718
PK98	4.20±0.67	PK6	6.85±2.19	PK6	0.00979±0.00575
PK6	3.99±0.79	PK46	6.73±1.25	PK26	0.00932±0.00883
PK46	3.97±0.41	PK26	6.64±2.51	PK64	0.00913±0.00719
PK64	3.87±0.90	PK86	6.53±1.84	PK46	0.00856±0.00332
PK71	3.80±0.97	PK3	6.43±1.95	PK71	0.00842±0.00709
PK31	3.77±0.91	PK64	6.38±2.61	PK72	0.00838±0.00665

PK69	3.77±0.73	PK29	6.30±0.96	PK3	0.00809±0.00469
PK53	3.76±1.01	PK98	6.11±1.29	PK86	0.00775±0.00468
PK17	3.66±0.97	PK97	6.08±2.32	PK97	0.00757±0.00783
PK65	3.66±0.91	PK66	6.08±1.75	PK17	0.00757±0.00746
PK26	3.63±0.77	PK31	6.01±2.04	PK53	0.00755±0.00659
PK72	3.62±1.26	PK71	5.95±2.93	PK31	0.00748±0.00514
PK3	3.60±0.79	PK5	5.78±2.38	PK98	0.00747±0.00400
PK57	3.59±1.06	PK72	5.76±3.24	PK5	0.00719±0.00567
PK5	3.58±1.01	PK17	5.72±2.64	PK66	0.00694±0.00405
PK66	3.57±0.42	PK53	5.64±2.76	PK15	0.00692±0.00636
PK10	3.56±1.05	PK21	5.64±1.49	PK57	0.00680±0.00706
PK91	3.55±0.86	PK48	5.64±1.35	PK60	0.00665±0.00508
PK48	3.54±0.44	PK28	5.63±2.27	PK28	0.00658±0.00606
...	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...
PK39	2.67±0.81	PK45	3.43±1.88	PK84	0.00259±0.00312
PK30	2.66±0.37	PK94	3.40±1.66	PK56	0.00254±0.00176
PK84	2.62±0.74	PK30	3.34±0.99	PK45	0.00248±0.00235
PK83	2.59±0.98	PK88	3.33±2.8	PK94	0.00232±0.00183
PK16	2.59±0.53	PK23	3.26±1.24	PK13	0.00197±0.00254
PK23	2.58±0.51	PK16	3.17±1.21	PK23	0.00186±0.00190
PK13	2.53±0.79	PK43	3.08±3.46	PK30	0.00181±0.00088
PK33	2.35±0.76	PK13	2.90±1.92	PK16	0.00176±0.00167

注：每个性状值均由大到小排列。 Note: The mean of each trait was ranged from big to small.

### 3.4 各性状一般配合力分析

各性状的一般配合力见表 4。树高一般配合力的绝对值变化范围为 0.00~1.16，树高一般配合力绝对值排名前十的家系分别 PK20 (1.16)、PK98 (0.97)、PK43 (-0.89)、PK33 (-0.88)、PK6 (0.77)、PK46 (0.74)、PK13 (-0.69)、PK64 (0.65)、PK23 (-0.64) 和 PK16 (-0.64)。胸径一般配合力绝对值变化范围为 0.01~2.82，排名前十的家系分别为 PK20 (2.82)、PK33 (-2.28)、PK6 (2.06)、PK46 (1.94)、PK13 (-1.90)、PK26 (1.85)、PK86 (1.74)、PK43 (-1.72)、PK3 (1.64) 和 PK16 (-1.62)。材积一般配合力绝对值变化范围为 0.00001~0.00723，排名前十的家系分别为 PK20 (0.00723)、PK6 (0.00471)、PK26 (0.00424)、PK64 (0.00405)、PK33 (-0.00376)、PK46 (0.00348)、PK71 (0.00334)、PK16 (-0.00332)、PK72 (0.00330) 和 PK30 (-0.00327)。家系 PK20 的树高、胸径和材积的一般配合力均最大，除 PK20 外。PK33、PK6 和 PK46 各性状的一般配合力也均较大。

表 4 各家系亲本不同性状的一般配合力

Tab.4 General combining ability values of different traits in each family parent

家系 Traits	树高 Tree height	家系 Traits	胸径 DBH	家系 Traits	材积 Volume
PK20	1.16	PK20	2.82	PK20	0.00723
PK98	0.97	PK33	-2.28	PK6	0.00471
PK43	-0.89	PK6	2.06	PK26	0.00424

PK33	-0.88	PK46	1.94	PK64	0.00405
PK6	0.77	PK13	-1.90	PK33	-0.00376
PK46	0.74	PK26	1.85	PK46	0.00348
PK13	-0.69	PK86	1.74	PK71	0.00334
PK64	0.65	PK43	-1.72	PK16	-0.00332
PK23	-0.64	PK3	1.64	PK72	0.00330
PK16	-0.64	PK16	-1.62	PK30	-0.00327
PK83	-0.64	PK64	1.59	PK23	-0.00322
PK84	-0.61	PK23	-1.53	PK13	-0.00311
PK71	0.58	PK29	1.51	PK3	0.00301
PK30	-0.56	PK88	-1.46	PK94	-0.00276
PK39	-0.55	PK30	-1.46	PK86	0.00267
PK69	0.55	PK94	-1.40	PK45	-0.00260
PK31	0.54	PK84	-1.36	PK56	-0.00254
PK53	0.53	PK45	-1.36	PK17	0.00249
PK88	-0.50	PK2	-1.34	PK84	-0.00249
PK65	0.44	PK98	1.32	PK97	0.00249
PK17	0.43	PK97	1.29	PK53	0.00247
PK45	-0.43	PK66	1.29	PK31	0.00240
PK7	-0.43	PK79	-1.24	PK98	0.00239
PK26	0.40	PK31	1.21	PK79	-0.00225
PK72	0.40	PK89	-1.20	PK8	-0.00221
PK89	-0.40	PK85	-1.17	PK2	-0.00219
PK94	-0.39	PK71	1.16	PK5	0.00211
PK47	-0.38	PK56	-1.14	PK47	-0.00211
PK3	0.38	PK67	-1.09	PK42	-0.00206
PK19	-0.01	PK82	0.04	PK50	-0.00008
PK44	0.00	PK76	0.01	PK61	-0.00004
PK90	0.00	PK74	-0.01	PK90	-0.00001

注：不同性状一般配合力绝对值由大到小排列。Note: The absolute value of general combining ability of different traits was ranked from big to small.

### 3.5 相关分析

相关分析表明，树高与胸径和材积均呈极显著正相关关系，相关系数分别为 0.908 和 0.837，胸径与材积呈极显著正相关关系，相关系数为 0.935。

表 5 不同性状间的相关分析

Tab.5 Correlation analysis of different traits

性状 Traits	树高 Tree height	胸径 DBH
胸径 DBH	0.908**	

材积 Volume	0.837**	0.935**
--------------	---------	---------

注: \*\*表示在 0.01 水平上显著。Note: \*\* indicates significant at the 0.01 level.

### 3.6 综合评价

由于树高、胸径和材积均呈极显著正相关关系,因此以此三个性状相结合对 218 个红松半同胞家系进行综合评价,以 5% 的入选率进行选择,筛选出 10 个优良家系,分别为 PK20、PK6、PK46、PK64、PK26、PK98、PK71、PK3、PK86、PK72(表 6)。在选出的优良家系中继续对各单株进行综合评价,以 2% 的入选率进行综合评价,筛选出 10 个优良单株,分别为 PK56-2-1、PK41-2-3、PK56-2-6、PK41-2-5、PK152-5-1、PK41-1-2、PK161-3-2、PK10-3-1、PK41-1-3、PK41-2-6(表 7)。入选的 10 个优良家系树高的平均值 3.85 m,比总平均值提高 0.63 m,遗传增益为 17.30%,比当地对照的树高平均值提高 16.31%;胸径的平均值 6.50 cm,比总平均值提高 1.71 cm,遗传增益为 31.02%,比当地对照的胸径平均值提高 31.59%;材积的平均值为 0.00892 m<sup>3</sup>,比总体平均值提高 0.00384 m<sup>3</sup>,遗传增益为 65.08%,比当地对照的材积平均值提高 67.73%。在优良家系中选择优良单株,以 2% 的入选率进行选择,入选的 10 个优良单株树高的平均值为 5.06 m,比总平均值提高 1.21 m,遗传增益为 11.86%,比当地对照的树高平均值提高 52.87%;胸径的平均值为 10.72 cm,比总平均值提高 4.19 cm,遗传增益为 17.31%,比当地对照的胸径平均值提高 17.00%;材积的平均值 0.02414 m<sup>3</sup>,比总评均值提高 0.01514 m<sup>3</sup>,遗传增益为 38.68%,比当地对照的材积平均值提高 353.76%(表 8)。

表 6 不同家系综合评价 ( $Q_i$  值)

Table 6 Comprehensive assessment of different families ( $Q_i$  values)

家系 Families	$Q_i$	家系 Families	$Q_i$	家系 Families	$Q_i$
PK20	1.732	PK96	1.376	PK36	1.265
PK6	1.614	PK9	1.376	PK18	1.264
PK46	1.576	PK37	1.376	PK38	1.262
PK64	1.570	PK14	1.374	PK63	1.253
PK26	1.567	PK87	1.359	PK34	1.240
PK98	1.538	PK55	1.357	PK54	1.238
PK71	1.527	PK59	1.346	PK100	1.237
PK3	1.524	PK27	1.345	PK24	1.236
PK86	1.508	PK92	1.344	PK67	1.217
PK72	1.504	PK82	1.343	PK41	1.209
PK31	1.502	PK75	1.340	PK8	1.202
PK53	1.487	PK99	1.337	PK85	1.201
...	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...
PK22	1.389	PK12	1.281	PK16	1.072
PK95	1.388	PK77	1.280	PK13	1.057
PK91	1.381	PK51	1.274	PK33	0.986

表 7 优良家系中各单株的综合评价 ( $Q_i$  值)Tab.7 Comprehensive evaluation of individual plants in excellent families ( $Q_i$  values)

单株 Simple plant	$Q_i$	单株 Simple plant	$Q_i$
PK56-2-1	1.7099	PK10-6-3	1.2322
PK41-2-3	1.6502	PK10-6-5	1.2322
PK56-2-6	1.6067	PK6-6-1	1.2296
PK41-2-5	1.5722	PK108-6-3	1.2206
PK152-5-1	1.5527	PK41-6-6	1.2196
PK41-1-2	1.5450	PK161-3-1	1.2173
PK161-3-2	1.5388	PK161-3-2	1.2173
PK10-3-1	1.5328	PK168-3-5	1.2063
PK41-1-3	1.5319	PK168-3-2	1.2063
PK41-2-6	1.5088	PK108-4-1	1.2054
...	...	...	...
...	...	...	...
PK10-3-1	1.2322	PK168-4-1	0.5332
PK10-3-2	1.2320	PK168-4-3	1.5232

注: PK56-2-1 表示第 56 号家系在第 2 区组中的第 1 棵树, 其它单株的表示模式同 PK56-2-1。PK56-2-1 mean the first tree in the second block of PK56, expression pattern of other single plants was the same as PK56-2-1.

表 8 优良家系和优良单株各性状的遗传增益

Tab.8 Genetic gain of each trait in the superior families and superior simple plant

性 状 Trait s	优良家系 Superior families				优良单株 Superior simple plants			
	优良家系均 值 Means of supe rior families	遗传 增益 Gene tic gain	对照 均值 Mean of CK	超出对照百 分比 Percentage above CK	均值 Means of superior simp	遗传 增益 Gene tic gain	对照 均值 Mean of CK	超出对照百 分比 Percentage above CK
					优良单株 Superior simple plants			
树 高 height/m	3.85	17.3 0%	3.31	16.31%	5.06	11.8 6%	3.31	52.87%
胸 径 DBH/ cm	6.50	31.0 2%	4.94	31.59%	10.72	17.3 1%	4.94	117.00%
材 积 Volu me/m <sup>3</sup>	0.00892	65.0 8%	0.0053 2	67.73%	0.02414	38.6 8%	0.0053 2	353.76%

#### 4 讨论

红松是东北地区重要的用材树种, 对其进行良种选育具有重要的战略意义。变异是遗传改良的基础, 也是优良家系和优良单株选择的前提条件 (Persson 2003; Palle 2011)。本研究中树高、胸径和材积在不同家系间均达到极显著差异水平, 表明红松半同胞家系的生长性状在家系间存在较为丰富的变异,

这为优良家系的选择提供了基础（孙佰飞 2023）。遗传参数的估算对林木改良具有重要作用，表型变异系数和遗传力是林木育种学中两个非常重要的遗传参数，分别代表性状的变异大小和性状遗传给下一代的能力（陈晓阳 2005）。本研究中各性状的表型变异系数变化范围 $25.42\% \sim 82.48\%$ ，其中材积的表型变异系数最大（82.48%），其次分别为胸径和树高。遗传力方面，各性状遗传力均较大（0.86~0.89），表明红松生长性状受较高强度的遗传控制。材积性状具有较高的变形变异系数和较高的遗传力，说明材积的优劣分化比较明显，且受较高强度的遗传控制，因此以材积性状进行遗传改良具有较强的潜力（程琳 2022；董雷鸣 2019）。本研究中红松家系各性状的单株遗传力小于家系遗传力，这与苏顺德（2017）对马尾松研究和黄寿先（2004）对杉木的研究相似。

遗传学上，一般配合力可以反映亲本遗传给子代的加性基因的能力，林木遗传改良进程中，根据育种目标，营建种子园无性系的选择或者杂交育种中亲本组合的选择，均可通过一般配合力大小来确定（马娟 2023）。本研究对218个红松半同胞家系的生长性状进行一般配合力分析，树高配合力较大的家系有PK20、PK98、PK43、PK33等，胸径一般配合力较大的家系有PK20、PK33、PK6、PK46等，材积一般配合力较大的家系有PK20、PK6、PK26、PK64等，可以根据不同的育种目标，选择合适的亲本。家系PK20、PK33、PK6和PK46树高、胸径和材积的一般配合力均较大，说明这些家系的亲本可作为生长性状遗传改良的优良材料（赖佳 2021）。

相关分析反映两两表型性状之间的相关关系，可为综合评价及早期选择提供依据（邱研 2022）。本研究中，树高、胸径、材积之间均呈极显著正相关关系，其中胸径与材积的相关系数最大（0.935），这与以往很多研究结果相似。欧阳磊（2023）对柳杉种子园半同胞子代进行测定，结果显示树高、胸径和材积间的正相关性均达到极显著水平。李岩（2021）对红松优树无性系及其子代的生长性状进行评价研究，发现无性系和家系间胸径、树高、材积和冠幅均呈极显著正相关。根据相关分析结果，利用综合评价法，以5%的入选率筛选出10个优良家系，入选家系的树高、胸径和材积的遗传增益分别为17.30%、31.02%和65.08%，各性状均值分别高出当地对照均值的16.31%、31.59%、67.73%，这与王芳等（2023）对11年生水曲柳（*Fraxinus mandshurica*）生长性状的遗传变异分析研究结果相似。以2%的入选率，在优良家系中选择优良单株，入选优良单株树高、胸径和材积的平均值分别为5.06 m、10.72 cm和0.02414 m<sup>3</sup>，均具有较高的遗传增益，且各性状分别高出当地对照均值的52.87%、117.00%和353.76%。筛选出的优良家系和优良单株各生长性状均具有较高的遗传增益，且各性状均值也显著高出当地对照均值，进一步说明本研究对优良家系和优良单株的选择是有意义的。筛选出的优良家系和优良单株可作为优良育种材料进行推广使用，同时为高世代种子园的营建提供基础材料。

## 5 结论

红松是我国东北林区典型的乡土树种，在我国木材战略储备中发挥着重要作用。由于其生长缓慢，培育周期长，严重限制了红松木材产业的发展。本研究以选育生长性状优良的红松家系和单株为目标，利用多性状综合评价法分别筛选出10个优良家系和10个优株。入选的材料具有明显生长优势，各性状遗传增益较高且显著高于当地对照均值，这为红松生长性状遗传改良及大径材定向培育具有积极意义。通过分析得到一般配偶合力较高的亲本，可通过杂交育种提高子代相应性状杂种优势的概率。

## 参 考 文 献

- Ahmed A K M , Jiang L P, Wang F ,et al. 2019. Variation analysis of growth traits of four poplar clones under different water and fertilizer management. Journal of Forestry Research, 31: 45–55.
- 陈晓阳, 沈熙环. 2005. 林木育种学. 北京: 高等教育出版社.
- (Chen X Y, Shen X H. 2005. Tree Breeding Science. Beijign: Higher Education Press. [in Chinese])
- 程琳, 戴俊, 罗启亮, 等. 2022. 14个杉木家系主要材性性状表型多样性分析与评价. 热带亚热带植物学报, 30(6): 874-8

83.

- (Cheng L, Dai J, Luo Q L, et al. 2022. Phenotypic diversity analysis and evaluation of main timber traits in 14 families of Chinese Fir. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 30(6): 874-883. [in Chinese])
- 董雷鸣, 张守攻, 孙晓梅. 2019. 日本落叶松全双列交配生长性状的遗传分析. *林业科学研究*, 32 (4): 11 -18.
- (Dong L M, Zhang S G, Sun X M. Genetic analysis of *Larix kaempferi* growth traits in full-diallel crosses. *Forestry Research*, 32( 4) 11 -18. [in Chinese])
- 冯建林, 冯可乐, 李志娟, 等. 2023. 樟子松树高变异分析及优良家系选择. *防护林科技*, (03):23-26.
- (Feng J L, Feng K L, Li Z J, et al. 2023. Analysis of height variation and selection of superior family lines of *Pinus sylvestris* var. *Mongolica*. *Protection Forest Science and Technology*, (03):23-26. [in Chinese])
- 古健. 2022. 不同结实特性红松花芽分化期间光合营养生理. 东北林业大学硕士论文.
- (Gu J. 2022. Photosynthetic and nutrition physiology of Korean pine with different fruit characteristics during flower bud differentiation. *Northeast Forestry University Dissertation for the Degree of Master*. [in Chinese])
- 韩龙海, 潘凤刚, 刘洪志, 等. 2021. 红松种实性状变异及无性系选择. 22(2): 176-181.
- (Han L H, Pan F G, Liu H Z, et al. 2021. Variation of cone-and-seed traits and clonal selection of *Pinus koraiensis*. 22 (2): 176-181. [in Chinese])
- 赖佳, 韦树谷, 黄玲, 等. 2021. 不结球白菜主要营养品质性状的配合力分析. *北方园艺*, 10(5): 1-7.
- (Lai J, Wei S G, Huang L, et al. 2021. Analysis of combining ability of main nutritional quality traits of non-nodular Chinese cabbage. *Northern Horticulture*, 10(5): 1-7. [in Chinese])
- 林强, 陆天宇, 沈海龙, 等. 2023. 长期结实和不结实红松针叶光合生理参数的差异. *南京林业大学学报（自然科学版）*, 47(3): 137-146.
- (Lin Q, Lu T Y, Shen H L, et al. 2023. Analysis of needle photosynthetic index characteristics for long period seed setting and non-setting trees of *Pinus koraiensis*. *Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 47(3): 137-146.[in Chinese])
- 黄桂华, 梁坤南, 付强, 等. 2023. 11年生柚木无性系遗传变异与优良无性系选择. *东北林业大学学报*, 51(08): 18-22.
- (Huang G H, Liang K N, Fu Q, et al. 2023. Genetic variation and superir clone selection of 11-year-old *Tectona grandis* clones. *Journal of northeast forestry university*, 51(08): 18-22. [in Chinese])
- 黄寿先, 周传明, 朱栗琼, 等. 2004. 杉木半同胞家系生长和材性遗传变异研究. *广西植物*, 24(06):535-539.
- (Huang S X, Zhou C M, Zhu L Q, et al. 2004. Study on the genetic variation of growth traits and wood properties for Chinese fir half-sib families. *Guihaia*, 24(6):535-539. [in Chinese])
- 贾庆斌, 刘庚, 赵华库, 等. 2022. 红松半同胞家系生长性状变异分析与优良家系选择. *南京林业大学学报（自然科学版）*. 46(4): 109-116.
- (Xia Q B, Liu G, Zhao H K, et al. Variation analyses of growth traits in half-sib families of Korean pine and superior families selection. *Journal fo Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 46(4): 109-116. [in Chinese])
- 李岩, 朱嘉瑶, 王喜和, 等. 2021. 红松优树无性系及其子代的生长评价与选择研究. *北京林业大学学报*, 43(10):38-46.
- (Li Y, Zhu J Y, Wang X H, et al. 2021. Growth evaluation and selection study of elite clones and its offspring families in *Pinus koraiensis*. *Journal of Beijing Forestry University*, 43(10):38-46. [in Chinese])
- 马娟, 朱卫红, 刘京宝, 等. 2023. 玉米穗长一般配合力多位点全基因组关联分析和预测. *作物学报*, 49(06):1562-1572.
- (Ma J, Zhu W H, Liu J B, et al. 2023. Multi-locus genome-wide association study and prediction for general combining ability of maize ear length. *Acta Agronomica Sinica*, 49(06):1562-1572. [in Chinese])
- 马晓雨, 尚福强, 潘丕克, 等, 2023. 不同种源红松生长、结实及光合生理特征. *中南林业科技大学学报*, 43(1): 57-65.
- (Ma X Y, Shang F Q, Pan P K, et al. 2023. The growth, fruiting and photosynthetic physiology characteristics of *Pinus koraiensis* from different provenances. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 43(1): 57-65. [in Chinese])
- 欧阳磊. 2023. 柳杉种子园半同胞子代两点测定与选择. *中南林业大学学报*, 43(03): 21-31.
- (Ouyang L. 2023. Test and selection of the half-sib progenies in the *Cryptomeria fortunei* seed orchards at two sites. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 43(03): 21-31. [in Chinese])
- Palle S R, Seeve C M, Eckert A J, et al. 2011. Natural variation in expression of genes involved in xylem development in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). *Tree Genetics & Genomes*, 7(1):193-206.
- Persson T, Andersson B. 2003. Genetic Variance and covariance patterns of growth and survival in Northern *Pinus sylvestris*. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 18(4):332-343.

- 邱妍, 翁启杰, 李梅, 等. 2022. 尾叶桉×细叶桉多年生生长及其与材性相关的遗传分析. 林业科学, 35(04):1-8.
- (Qiu Y, Weng Q J, Li M, et al. 2022. Genetic analysis of perennial growth of *Eucalyptus urophylla* × *Eucalyptus leptophylla* and its correlation with wood property. Forest Research, 35(04):1-8. [in Chinese])
- 苏顺德, 黄德龙, 魏永平, 等. 2017. 马尾松自由授粉家系产脂力遗传变异及选择.福建林业科技, 44(02):1-6+50.
- (Su S D, Huang D L, Wei Y P, et al. 2017. Genetic variation and selection of the resin-yielding capacity of open-pollinated families of masson pine. Journal of Fujian Forestry Science and Technology, 44(02):1-6+50.[in Chinese])
- 孙佰飞, 张磊, 张含国, 等. 2023. 红松半同胞家系生长性状遗传评估及优良家系选择. 东北林业大学学报, 2023,51(06):1-5.
- (Sun B F, Zhang L, Zhang H G, et al. 2023. Genetic evaluation of growth traits in *Pinus koraiensis* half-sib families and selection of elite families. Journal of Northeast Forestry University, 2023,51(06):1-5. [in Chinese])
- 谭健晖, 冯源恒, 黄永利, 等. 2017. 26 年生马尾松初级种子园半同胞子代变异及家系选择. 南京林业大学学报(自然科学版), 41(3): 189-192.
- (Tan J H, Feng Y H, Huang Y L, et al. 2017. Open pollination progeny test and family selection of 26-year-old *Pinus massoniana* Lamb. seed orchard. Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition), 41(3): 189-192. [in Chinese])
- 王贺. 2021. 10 个品系红松仁油成分、性质分析及指纹图谱构建. 东北林业大学硕士论文.
- (Wang H. 2021. Composition, characteristic analysis, and fingerprints construction of 10 pine seed oils. Northeast Forestry University Dissertation for the Degree of Master. [in Chinese])
- Wang F , Zhang Q H, Tian YG ,et al. 2018. Comprehensive assessment of growth traits and wood properties in half-sib *Pinus koraiensis* families. Euphytica, 214(11): 1-15.
- 王芳, 王元兴, 王成录, 等. 2019. 红松优树半同胞子代家系生长、结实及抗病虫能力的变异特征. 应用生态学报, 30(5): 1679-1686.
- (Wang F, Wang Y X, Wang C L, et al. 2019. Variation of the growth, fruiting and resistance to disease and insect of the half-sib families of *Pinus koraiensis* superior trees. Chinese Journal of Applied Ecology, 30(5): 1679-1686. [in Chinese])
- Yang J, Choi W S, Kim K J, et al. 2021. Investigation of active antiinflammatory constituents of essential oil from *Pinus koraiensis* (Sieb. et Zucc.) wood in lps-stimulated RBL-2H3 cells. Biomolecules, 11(6):817.
- 张振, 张含国, 张磊. 2016. 红松自由授粉子代家系生产力年度变异与家系选. 植物研究, 36(02): 305-309.
- (Zhang Z, Zhang H G, Zhang L. 2016. Age variations in productivity and family selection of open-pollinated families of Korean pine (*Pinus koraiensis*). Bulletin of Botanical Research, 36(02): 305-309. [in Chinese])