西北林学院学报 2008，23(6)：87～90
Journal of Northwest Forestry University

油松优良家系数量性状遗传距离分析

王娟娟， 刘永红， 樊军锋*， 杨培华， 韩创举

（西北农林科技大学 林学院，陕西 杨陵 712100）

摘　要：以21 a生油松子代测定林中34个油松优良家系为对象，对生长和干形数量性状的遗传变异、性状间的相关关系进行研究，并利用主成分分析和遗传距离聚类分析方法对油松家系进行了综合评价。结果表明：油松优良家系间在树高、胸径、材积、结实、干形和保存率等方面存在着显著差异，这些差异主要受遗传因素控制；生长性状之间的遗传相关达到极显著水平（$P<0.01$），胸径和材积与结实性状遗传相关也达到显著水平（$P<0.05$）；3号家系、31号家系和16号家系主成分值较大，是生长和结实都较好的优良家系。聚类结果表明：34个油松优良家系分为6个明显类群，同一类群内家系间遗传距离小，不同类群间遗传距离大。生长量大的Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ类家系可作为进一步遗传改良的优良家系。

关键词：油松；遗传距离；主成分分析；聚类分析

中图分类号：S791.254.04　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：1001-7461(2008)06-0087-04

The Analysis on Genetic Distance of Superior Families Quantitative Character of *Pinus tabulaeformis*

WANG Juan-juan， LIU Yong-hong， FAN Jun-feng， YANG Pei-hua， HAN Chuang-ju

(*College of Forestry*, *Northwest A&F University*, *Yangling*, *Shaanxi* 712100, *China*)

Abstract: With 34 superior families of 21-year-old progeny forest of *Pinus tabulaeformis* as subject, their genetic variations of quantitative characters including height, *DBH*, timber volume, quantity of cone, trunk shape and survival rate were studied, and correlations among these characters were analyzed. The superior families were assessed by means of principal component analysis and cluster analysis of genetic distance. The results showed that different families had highly significant difference in terms of height, *DBH*, timber volume, quantitative of cones, trunk shape as well as the preservation rate, which are mainly genetically controlled. Highly significant genetic correlations existed among the growth characters ($P<0.01$), and so did the significant genetic correlations between *DBH* and volume and quantity of cones ($P<0.05$). Superior family No. 3, No. 31 and No. 16 had higher values of principal components, better families over the others in growth and bearing cones. The cluster analysis showed that 36 superior families fell into 6 obvious groups. Within each group, genetic distance among the families is shorter whereas genetic distance among different groups is larger. Group I, group II and gropu III which are characterized with better growth can be chosen as the superior families for further genetic improvement.

Key words: *Pinus tabulaeformis*; genetic distance; principal component analysis; cluster analysis

遗传距离是一种生物学距离，是根据数量遗传学理论，运用多元统计分析方法，对数量性状的遗传变异进行数值上的度量。对于一个性状而言，2个群体的遗传距离的大小可以反映群体之间遗传变异

(20)　**收稿日期**：2008-03-03　**修回日期**：2008-04-02
基金项目：国家林业局科技推广项目(2006-85)；西北农林科技大学育种专项(05YZ-035-1)
作者简介：王娟娟，女，在读硕士，主要从事林木遗传改良研究。
* **通讯作者**：樊军锋，男，副研究员，硕士生导师，主要从事林木遗传育种研究。

的程度。遗传距离分析是林木遗传育种中常用的一种多性状选择分析方法，在马尾松、杉木、桉树等树种中应用广泛[1-4]，而在油松多性状选择中应用不多[5]。利用主成分遗传距离分析方法，探索油松优良家系间的遗传变异与相关，并根据遗传距离大小对油松家系进行聚类，综合评价优良家系。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

洛南油松种子园子代测定林设在洛南县古城林场，海拔 950 m，坡度 20°～40°。坡面多为阳坡和半阳坡，土壤为褐色土带，中性偏酸，土层较薄，肥力中等。年平均气温 11.1℃，1 月平均气温－2.0℃，7 月平均气温 28.4℃，极端最高气温 37.1℃，极端最低气温－18.0℃，年降水量 772.0 mm，多集中在 7－9 月，全年无霜期 215 d，年日照时数 2 048 h，日均气温≧10℃的积温 3 379℃，属暖温带半湿润季风气候区。

1.2 材料

试验材料来自陕西省洛南古城林场 21 a 生的油松优树半同胞子代测定林。试验林建于 1986 年，包括 34 个家系，4 株小区，6 次重复，种子分别采自陕西的蓝田、宁陕、铜川、洛南等地天然林分的优树上。2005 年秋，对子代测定林进行树高、胸径、结实量和干形等指标调查。

1.3 统计分析方法

各家系性状方差分析采用线性固定模型计算：

$$Y_{ij} = u + B_i + F_j + E_{ij} \quad (1)$$

式中：Y_{ij} 为第 i 个重复第 j 个家系的观测值；u 为性状总体平均值；B_i 表示重复效应值；F_j 表示家系效应值；E_{ij} 表示环境误差。

家系遗传力采用下式计算[6]：

$$H^2 = (V_1 - V_2)/V_1 \quad (2)$$

式中：H^2 表示家系遗传力；V_1 表示家系间方差；V_2 表示家系内方差。

主成分遗传分析采用 Jacobi 法计算实对称遗传相关矩阵的特征根和特征向量，并求出累计贡献率 85% 以上的主成分值。根据主成分值，计算主成分遗传距离，根据两两家系之间的遗传距离进行聚类分析[7]。

第 i 个家系和第 j 个家系间主成分遗传距离（D_{ij}^2）公式：

$$D_{ji}^2 = \sum_{k=1}^{n} (g_{ik} - g_{jk})^2 \quad (3)$$

式中：g_{ik}、g_{jk} 表示第 i 个家系和第 j 个家系的第 k 个主成分向量。

结实量按无、少量、中量和大量分为 0、1、2、3 共 4 个等级进行统计；干形按照通直、较直、稍弯和弯曲等级量化为 3、2、1、0 进行统计。

2 结果与分析

2.1 油松家系间性状差异

34 个家系 6 个测定性状的方差分析结果（表 1）表明，各家系间性状差异均达到显著或极显著水平。其中树高最大值（7.94 m）是最小值（6.16 m）的 1.28倍；胸径最大值（13.59 cm）是最小值（9.72 cm）的 1.40 倍；单株材积最大值是最小值的 2.33 倍。结实量、干形和保存率最大值分别是最小值的 1.77 倍、1.33 倍和 2.67 倍。说明油松家系间在树高、胸径、材积、结实、干形和保存率方面存在着较大差异，从中评选优良家系必能取得良好的效果。

表 1 各性状方差分析结果①

Table 1 Variance analysis of growth characters

项目	均方	F 值	遗传力	遗传变异系数 /%	表型变异系数 /%	方差分量 /%
树高	1.172	2.922**	0.658	4.970	10.090	24.156
胸径	5.148	4.263**	0.765	7.145	12.037	35.402
材积	0.001	4.249**	0.765	17.769	29.979	35.345
结实	0.291	1.915**	0.478	10.396	28.578	9.933
干形	0.119	1.551*	0.355	4.889	16.861	8.151
保存率	0.187	2.739**	0.635	17.043	35.953	21.680

① ** 表示 $\alpha = 0.01$ 水平显著，* 表示 $\alpha = 0.05$ 水平显著。

由表 1 可知，生长性状和保存率的遗传力都在 0.6以上，呈强度遗传；结实量的遗传力为 0.478，呈中度遗传；而干形的遗传力最小，受环境影响较大。遗传变异系数反映性状在群体中遗传变异幅度，从表 1 可以看出，材积和结实量的遗传变异系数较大，树高和干形的遗传变异系数较小。而表型变异系数均大于 10%以上，其中保存率表型变异系数最大，达到 35.93%。从方差分量也可以反映家系间性状变异大小，可以看出，生长性状和保存率方差分量较大，而结实和干形的方差分量较小。以上分析说明，

各家系性状间存在着丰富的变异，而这些变异主要由遗传因素制约，并受遗传力控制，是进行进一步优良家系选择的基础。

2.2　油松性状遗传相关分析

对油松家系各性状进行相关分析（表 2），可以看出油松生长性状树高、胸径和材积表型性状两两之间均达到极显著正向相关水平，而其他性状均未达到统计上的显著水平。遗传相关方面，生长性状两两之间达到极显著正向相关外，与保存率亦达到极显著正向相关；结实性状与胸径和材积性状遗传相关达到显著水平，保存率与干形性状保持极显著遗传相关关系。干形与生长和结实性状间无显著遗传相关关系，说明干形性状可能独立于其他性状进行遗传，可进行单独选择。

表 2　油松各性状遗传、表型相关系数矩阵①

Table 2　The matrix of inheritance and phenotypic correlation coefficient of *P. tabulaeformis*

性状	树高	胸径	材积	结实	干性	保存率
树高	—	0.660**	0.802**	−0.129	0.210	0.162
胸径	0.983**	—	0.968**	0.087	0.076	0.102
材积	0.969**	0.999**	—	0.028	0.121	0.108
结实	0.133	0.384*	0.413*	—	0.050	−0.056
干形	0.210	0.268	0.238	−0.272	—	0.079
保存率	0.686**	0.613**	0.610**	0.046	0.681**	—

①下三角为遗传相关系数，上三角为表型相关系数；**表示 $\alpha=0.01$ 水平显著，*表示 $\alpha=0.05$ 水平显著。

2.3　主成分遗传分析

主成分遗传分析是以遗传相关阵为基础，将许多具有一定相关性的家系数量性状以相互无关的主成分来表达。主成分是家系性状综合指标的反映，依主成分值可评价各个家系综合性状的优劣。通过方差分析，计算出油松家系测定性状的遗传相关阵，根据遗传相关阵求出特征根和特征向量，并计算各特征根的累积贡献率（表 3）。特征根的大小代表各综合指标遗传方差的大小；特征根累计百分率代表各有关综合指标对总遗传方差的贡献百分率；特征向量亦即材料性状的组合系数，代表各性状对综合指标贡献的大小。

表 3　基因型相关阵的特征根及特征向量

Table 3　Characteristic root and characteristc vector of genetically correlated matrix

特征根	特征值	贡献率	累积贡献率	特征向量					
λ_1	3.693	61.55	61.55	0.496	0.506	0.503	0.158	0.222	0.414
λ_2	1.474	24.57	86.12	0.053	0.155	0.180	0.620	−0.653	−0.360
λ_3	0.607	10.12	96.24	−0.420	−0.127	−0.108	0.724	0.441	0.277
λ_4	0.170	2.83	99.07	0.131	−0.290	−0.235	0.019	−0.521	0.756
λ_5	0.055	0.92	99.99	−0.741	0.451	0.274	−0.250	−0.240	0.228
λ_6	0.001	0.01	100	−0.093	−0.645	0.757	−0.053	−0.003	0.003

从表 3 可知，以第一特征根最大，占遗传方差的 61.55%；第二主成分的贡献率为 24.57%，二者累积贡献率达 86.12%，说明前两者主成分的特征根占总遗传方差的 86.12%。为了排除作用较小而又干扰较大的其他综合指标，提高分析精度，以累积贡献率达 85%为阈值选择主成分，因而选择第一、第二主成分进行分析。第一主成分的特征根 $\lambda_1=2.76$，对应的特征向量（L_1）为 0.496、0.506、0.503、0.158、0.222、0.414，各元素从左到右分别是树高、胸径、材积、结实、干形和保存率，均为正值，产生正向效应。其中，3 个生长指标和保存率值较大，而结实和干形值较小，说明第一主成分大的家系其生长量较大、保存率较高。第二主成分特征向量（L_2）为 0.053、0.155、0.180、0.620、−0.653、−0.360，结实和干形值大，但符号相反。说明油松家系第二主成分值大，结实好，干形差；第二主成分值小，家系干形好，结实差。第一主成分为生长指标，第二主成分为结实和干形指标。因此，选择优良家系时，应根据不同的选育目标，选择不同的主成分值作为评价指标。

根据主成分向量，计算各主成分值。第一主成分值较大，排列前 8 位的分别是 3、31、8、17、32、16、74、33 号家系；第二主成分排列前 8 位的分别是 31、45、16、73、63、3、6、11 号家系。可以看出 3、31、16 号家系第一和第二主成分都较大，是生长和结实都较好的优良家系。

2.4　遗传聚类分析

按照主成分遗传距离的分析方法，在主成分分析的基础上，以第一和第二主成分作为家系主成分向量，计算两两家系间的主成分遗传距离。根据遗传距离大小进行系统聚类（图 1）。

根据聚类结果，在遗传距离为 1.55 并类水平上，34 个家系可以分为 6 个类群（表 4）。

由图 1 可看出，同一类群内家系间遗传距离小，不同类群间遗传距离大。

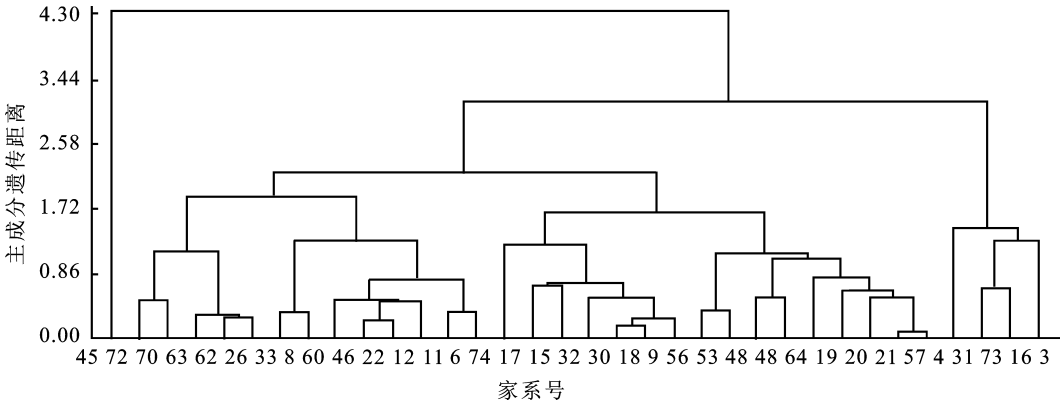


图 1 系统聚类谱系

Fig. 1 Diagram of hierarchical clustering

表 4 各类群的主成分和主要性状均值

Table 4 Mean value of the principal component and main characteristics for each cluster

类型	家系编号	第一主成分值	第二主成分值	材积/m^3	结实	干形
Ⅰ	3,16,73,31	16.197	−2.323	0.054 2	1.731	1.621
Ⅱ	9,18,30,32,15,17,74	15.629	−5.611	0.045 6	1.319	1.853
Ⅲ	6,11,12,22,46,60,8,33	15.135	−3.872	0.042 5	1.572	1.708
Ⅳ	4,57,21,20,64,19,48,53,56	14.143	−5.347	0.034 3	1.316	1.741
Ⅴ	26,62,63,70,72	13.393	−3.479	0.032 5	1.466	1.612
Ⅵ	45	12.192	−1.242	0.025 9	1.889	1.500

从表 4 可知，Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ类第一主成分较大，说明家系生长较好；Ⅰ、Ⅲ、Ⅴ、Ⅵ类第二主成分较大，说明家系结实效果好；Ⅱ和Ⅳ类第二主成分最小，说明家系干形较好。从材积、结实和干形的性状均值也可以看出，Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ类家系的材积均值都较大，Ⅰ、Ⅲ、Ⅵ类家系结实性状均值大，而Ⅱ、Ⅳ类家系干形指标较好。通常，用材林树种以其最终获取的木材产量作为首要指标，结合干形、抗性、适应性等性状选择优良家系。Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ类家系的材积生长量较大，是进行优良家系选择的主要类群。而作为高世代育种材料还要求所选家系要有一定的结实能力，干形也作为评价优良家系的一个常用指标。从研究结果来看，油松优良家系的结实量和干形是一对互为矛盾的性状，结实量大的家系往往干形较差，而干形较好的家系，其结实效果又不佳。

3 结论与讨论

油松优良家系间在树高、胸径、材积、结实、干形和保存率方面存在着丰富的变异，这些变异主要由遗传因素制约，并受遗传力控制，是进行进一步遗传改良的基础。油松优良家系生长性状之间的表型和遗传相关均达到极显著水平，生长性状还与保存率存在极显著遗传相关；结实性状与胸径和材积性状遗传相关也达到显著水平。干形与生长和结实性状间无显著遗传相关关系，可单独进行选择。

根据主成分遗传分析，3、31、16 号家系第一和第二主成分值都较大，是生长和结实都较好的优良家系。依据主成分遗传距离的大小，将油松优良家系聚类后分为 6 个类型，选择生长量大、速生性强的 I、II、III 类家系，可作为油松初级种子园进行遗传改良的优良家系。对于结实效果较好的Ⅰ类家系（3、16、31、73 号家系），还可进一步作为高世代遗传改良的育种材料。

参考文献：

[1] 傅于狮. 马尾松种源遗传距离聚类分析[J]. 福建林业科技，1996，23(1)：1-5

[2] 邹小兴，梁一池，阮小宁. 巨桉家系遗传距离分析[J]. 中南林学院学报，2003，23(2)：58-61.

[3] 郑仁华，邱进清，沈荣贞，等. 杉木优良家系主要生长性状遗传距离聚类分析[J]. 福建林业科技，1998，25 (3)：61-64.

[4] 魏安智，徐光远，杨途熙，等. 18 个泡桐无性系数量性状遗传距离分析[J]. 西北林学院学报，1994，9(2)：14-19.

[5] 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.

[6] 沈熙环. 林木育种学[M]. 北京：中国林业出版社，1993.

[7] 郭仲平. 数量遗传分析[M]. 北京：北京师范学院出版社，1985.