

样本量对云南松苗木生物量特征的影响

李熙颜¹, 李江飞¹, 陈诗², 吴俊文², 蔡年辉^{1,2}, 许玉兰^{1,2*}

(1. 西南林业大学 云南省高校林木遗传改良与繁育重点实验室, 云南 昆明 650224;

2. 西南林业大学 西南山地森林资源保育与利用教育部重点实验室, 云南 昆明 650224)

摘要:为探讨不同样本量对云南松生物量积累、分配的影响,以20个云南松家系(共615株)幼苗为试验材料,随机抽取部分数据,分析样本量对云南松幼苗鲜重、干重积累和分配的影响,确定各性状结果所需的最低样本量。结果表明,不同样本量中各组分生物量的积累由大到小均表现为:叶生物量、茎生物量、根生物量;生物量积累和分配在不同家系样本量和单株样本量间存在不同显著性,生物量计算值随样本量的增加而逐渐稳定,在测定的家系数量小于12个,或者测量的单株数小于360株时,各梯度生物量值有波动,标准误和变异系数较大,随家系样本量或单株样本数量的增加,准确度逐渐增加。因此,对本研究的测定群体而言,要获得较为准确的生物量计算值,测定的云南松家系数量应大于12个,或者测量单株数要大于360株。本研究为云南松生物量的计算提供一定参考,结果及研究方法对类似测定群体的生物量计算所需样本量具有参考意义。

关键词:云南松; 样本量; 生物量; 临界样本量

中图分类号:S791.257

文献标志码:A

文章编号:1001-7461(2022)01-0103-09

Effects of Sample Sizes on Biomass Characteristics of *Pinus yunnanensis* Seedlings

LI Xi-yan¹, LI Jiang-fei¹, CHEN Shi², WU Jun-wen², CAI Nian-hui^{1,2}, XU Yu-lan^{1,2*}

(1. Key Laboratory for Forest Genetic and Tree Improvement & Propagation in Universities of Yunnan Province,

Southwest Forestry University, Kunming 650224, Yunnan, China; 2. Key Laboratory for Forest Resources Conservation and

Utilization in the Southwest Mountains of China, Southwest Forestry University, Ministry of Education, Kunming 650224, Yunnan, China)

Abstract: To investigate the effects of the different sample sizes on the biomass accumulation and allocation of *Pinus yunnanensis*, some data were randomly selected from the seedlings of 20 *P. yunnanensis* families with a total of 615 plants. The effects of sample sizes on fresh weight and dry weight accumulation and allocation of the seedlings were analyzed. And the minimum sample sizes required for the accurate results for each trait were determined. The biomass accumulation of different organs was in the order of leaf>stem>root biomass in all the sample sizes adopted. Different significances were found in biomass accumulation and allocation among different sizes of family number and plant number samples. The calculated values of biomass gradually stabilized with the increase of sample size. When the number of family lines measured was less than 12, or the number of individual plants measured was less than 360, there were large standard errors and coefficients of variation. The accuracy increased with the increase of family sample size or individual plant sample size. Therefore, to obtain more accurate biomass analyses for the measurement population, the number of *P. yunnanensis* families measured should be greater than 12, or the number of individual plants measured should be greater than 360. This study provides some references for the biomass analy-

收稿日期:2021-05-23 修回日期:2021-10-13

基金项目:国家自然科学基金(31860203, 31760204); 云南省万人计划青年拔尖人才项目(09901-80201441); 西南林业大学高值木本油料新种质创制与产业化创新团队(2019HC007)。

第一作者:李熙颜。研究方向:林木遗传育种。E-mail:903215264@qq.com

*通信作者:许玉兰,教授。研究方向:林木遗传育种。E-mail:xuyulan@163.com

ses of *P. yunnanensis*, and the results are useful for the determination of sample sizes required for biomass measurement.

Key words: *Pinus yunnanensis*; sample size; biomass; critical sample size

林木的表型性状是遗传改良与种苗繁育的重要指标,通过研究表型性状可以提高良种选育及种质复壮的效率,在林木种苗培育过程中,生长性状、生物量等指标是直接影响苗木生长的关键因素^[1],能较好反映苗木质量,其中,植物各器官生物量的高低反映了光合产物在各功能部分积累的多少^[2],表征着苗木对外界环境的适应能力,其大小可反映苗木的光合面积、根系大小和茎的大小,综合体现苗木的竞争能力,常被作为苗木评价的主要指标^[3-4]。生物量分配的研究是分析植物结构功能最有效的工具,是研究植物碳分配的基础,各器官生物量会随着物种、生境和个体大小等的变化而改变^[5]。

一般而言,在数据的测定过程中,选取的样本容量越大,样本的代表性就越好,得出的结果也更能代表整体,但工作量会相应增加。相反,样本量过小,结果可能不能满足要求,抽样调查既可保证一定精度,又可减少工作量。现今已有的研究表明样本量会对数据的准确性产生影响,诸如样本量会对湿地松(*Pinus elliottii*)的遗传力估算值^[6]、白桦(*Betula platyphylla*)的多态位点百分率产生影响^[7]。云南松(*P. yunnanensis*)为松科松属常绿乔木,分布范围较广,主要分布于我国西南地区,是西南地区的乡土树种及荒山绿化造林先锋树种,也是云南省主要森林植被树种^[8-10]。有大量研究表明,植物地上与地下部分生物量大小能反映植物对土壤养分或光照的需求和竞争能力^[11],地上、地下生物量比作为描述植物形态的指标之一,在探讨苗木质量、林木生长特点、碳循环分配等问题中十分重要。而不同器官间生物量分配比例的不同不仅会影响各器官生物量的累积,还会一定程度地影响苗木形态特征,最终影响苗木的生产力^[12-14]。目前人们对云南松幼苗生物量的测定主要依靠整株收获法,极其耗时、耗力且破坏性大。研究样本量对云南松幼苗生物量特征的影响,在一定程度上能够减小工作量并得到较为准确的数据。从已有的关于云南松苗木生物量的研究来看,研究多在异速生长^[15]、苗木分级^[16]、苗木生物量估测模型^[17]等方面,在样本量对云南松苗木生物量积累、分配的研究方面鲜有论及。鉴于此,本研究通过家系样本量和单株样本量2种不同的抽样方式设计不同的样本量梯度,探明样本量对云南松苗木生物量积累、分配的影响,确定得到准确性较高的生物量所需的临界样本量,期望为云南松生物量的测定提供

一定参考和策略,同时为林木相关研究提供案例。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验地设置在西南林业大学苗圃,位于 $25^{\circ}04'00''N, 102^{\circ}45'41''E$,海拔1 945 m,属北亚热带半湿润高原季风气候,年平均气温14.5 ℃,年降水量700~1 100 mm。

1.2 材料

于2014年12月在云南省昆明市宜良县进行种子采集,选取生长正常、无明显病虫害的成年云南松植株,采集发育正常且成熟的饱满球果。将采摘的球果做好标记,分类带回实验室晾晒风干,取出球果中的种子。2015年3月将所采20个家系的云南松种子用0.5%高锰酸钾溶液浸泡0.5 h,之后用清水洗净,浸泡48 h,每隔12 h换1次水。在西南林业大学苗圃用点播的方式,以 $5\text{ cm} \times 10\text{ cm}$ 的株行距进行播种,采用完全随机设计,每个家系播种40株,重复3次。播种后盖薄膜小拱棚,出苗整齐后,不定期对云南松进行浇水、施肥、喷药等管理。于2016年12月底生长停止后,采用整株收获法,将20个家系获得的完整植株615株用于分析,称量每株根、茎、叶各组分的鲜重,分别装入纸袋,在105 ℃的烘箱中杀青30 min后,降至80 ℃烘干至恒重,称量根、茎、叶各组分的干重,即为生物量,精确至0.001 g。

1.3 研究方法

1.3.1 样本量确定 利用编写好的计算机完全随机抽样程序对20个云南松家系的数据进行抽取,设计2种抽取方式。

1.3.1.1 家系样本量 采用不同样本量对20个云南松家系进行抽样,设置家系样本量分别为2、4、6、8、10、12、14、16、18、20,共10个样本量梯度(F1、F2、…、F10),重复抽样10次,F10代表全体20个云南松家系。

1.3.1.2 单株样本量 采用不同样本量对615株云南松进行抽样,设置单株样本量分别为60、120、180、240、300、360、420、480、540、600,共10个样本量梯度(S₁、S₂、…、S₁₀),重复10次。

1.3.2 数据处理 利用Excel进行数据统计,用SPSS 20.0对不同样本量的各指标进行方差分析及Duncan多重比较,计算10次重复间变异系数。

1.3.3 临界样本量确定 以生物量计算值随样本量的增加不发生显著变化时的样本容量作为临界样本量,参考文献[18]设计的方法,从不同角度计算后综合分析得出临界样本量。

1.3.3.1 方法一 计算每个梯度与相邻梯度指标差的绝对值,对所有结果取平均值,得到所有梯度指标估算值的平均绝对差值(MAD,公式中用 M_{AD} 表示):

$$M_{AD} = \frac{1}{n-1} \sum_{i=2}^n |W_i - W_{i-1}| \quad (1)$$

式中: W_i 表示性状在梯度 i 时的生物量; n 为梯度等级($1 \leq n \leq 10$);同时再确定 1 个正整数 m ,使得相邻梯度间生物量满足条件 $|W_i^2 - W_{i-1}^2| < MAD$ (其中 $i=m+1, m+2, \dots, n$)。

正整数 m 的确定方法为:从最后 2 个梯度开始判断,若这 2 个梯度不能满足上述条件,则记 $m=n$,即梯度 n 所含的家系样本量为临界样本量;若满足上述条件,则再往前推一个梯度,判断 $n-2$ 和

$n-1$ 是否满足该条件,不满足记 $m=n-1$,满足则继续依次进行判断,直至不满足为止。

1.3.3.2 方法二 计算所有梯度生物量值的标准差(S_D),再确定 1 个正整数 m ,使得相邻梯度间遗传力满足条件 $m_{AV} - k \times S_D \leq W_i \leq m_{AV} + k \times S_D$ (其中, k 为随机比例因子,如 0.1 或 0.2, m_{AV} 为最后 $n-m+1$ 个梯度的生物量的平均值)。正整数 m 的确定方法同方法一。

2 结果与分析

2.1 不同样本量对云南松幼苗生物量的影响

2.1.1 不同家系样本量对云南松幼苗生物量特征的影响 由不同家系样本量下的各生物量均值(表 1)可知,不同样本量下的苗木各器官及单株生物量存在相同的变化规律由大到小为:叶生物量、茎生物量、根生物量。云南松苗木的叶鲜重、地上部分鲜重、单株鲜重及叶干重在家系样本量间差异显著($P < 0.05$),

表 1 不同家系样本量云南松苗木生物量基本情况

Table 1 Basic statistics of biomass of *P. yunnanensis* seedlings in different family sample sizes

家系 样本量	项目	鲜质量					干质量					g
		根	茎	叶	地上部分	单株	根	茎	叶	地上部分	单株	
F1	平均值	4.297a	8.699a	18.625a	27.324a	31.621a	1.484a	2.709a	5.529a	8.238a	9.722a	
	标准误	0.368	0.554	0.959	1.510	1.827	0.121	0.193	0.280	0.467	0.577	
	变异系数/%	27.07	20.14	16.28	17.48	18.28	25.74	22.52	15.99	17.94	18.77	
F2	平均值	3.608a	7.625a	15.801c	23.426b	27.034b	1.232a	2.385a	4.690c	7.075a	8.307a	
	标准误	0.167	0.343	0.581	0.906	1.023	0.065	0.115	0.187	0.297	0.353	
	变异系数/%	14.66	14.2	11.63	12.23	11.97	16.8	15.3	12.62	13.3	13.42	
F3	平均值	3.860a	8.036a	17.021bc	25.057b	28.918b	1.346a	2.555a	5.046bc	7.601a	8.948a	
	标准误	0.130	0.251	0.327	0.555	0.671	0.045	0.075	0.097	0.163	0.202	
	变异系数/%	10.62	9.88	6.07	7.00	7.34	10.48	9.28	6.10	6.76	7.13	
F4	平均值	3.807a	7.995a	16.778bc	24.773b	28.580b	1.320a	2.529a	4.970bc	7.498a	8.818a	
	标准误	0.127	0.245	0.408	0.645	0.764	0.044	0.083	0.120	0.201	0.242	
	变异系数/%	10.53	9.68	7.69	8.24	8.45	10.61	10.36	7.65	8.47	8.69	
F5	平均值	3.900a	7.934a	16.968bc	24.902b	28.801b	1.366a	2.542a	5.063bc	7.605a	8.972a	
	标准误	0.090	0.193	0.233	0.423	0.497	0.035	0.071	0.085	0.152	0.184	
	变异系数/%	7.28	7.68	4.34	5.37	5.46	8.05	8.81	5.29	6.34	6.48	
F6	平均值	3.860a	7.934a	17.078bc	25.012b	28.872b	1.329a	2.464a	5.055bc	7.519a	8.848a	
	标准误	0.072	0.203	0.307	0.503	0.566	0.027	0.066	0.089	0.152	0.176	
	变异系数/%	5.88	8.1	5.69	6.35	6.2	6.32	8.4	5.54	6.4	6.28	
F7	平均值	3.989a	8.240a	17.373c	25.612ab	29.601ab	1.382a	2.595a	5.131c	7.727a	9.108a	
	标准误	0.050	0.115	0.186	0.297	0.338	0.020	0.037	0.056	0.092	0.109	
	变异系数/%	3.96	4.41	3.38	3.67	3.61	4.63	4.55	3.47	3.74	3.78	
F8	平均值	3.922a	8.026a	17.069bc	25.094b	29.016b	1.359a	2.531a	5.059bc	7.590a	8.949a	
	标准误	0.051	0.122	0.193	0.312	0.352	0.021	0.042	0.062	0.103	0.122	
	变异系数/%	4.13	4.8	3.57	3.93	3.84	4.86	5.29	3.85	4.31	4.3	
F9	平均值	3.931a	7.950a	16.963bc	24.913b	28.844b	1.358a	2.510a	5.026bc	7.536a	8.894a	
	标准误	0.025	0.075	0.107	0.178	0.201	0.009	0.022	0.028	0.049	0.057	
	变异系数/%	1.98	2.98	2	2.26	2.2	1.99	2.83	1.79	2.06	2.04	
F10	平均值	3.900a	8.019a	17.039bc	25.058b	28.958b	1.351a	2.526a	5.049bc	7.574a	8.925a	

注:不同字母表示差异显著($P < 0.05$),下同。F10 为 20 个家系总样本量。

其他指标在不同家系样本量间无显著差异。梯度 1 显著大于其他梯度。比较性状间的变异系数,能看出性状间的变异系数较相近,根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重的变异系数要略高于其他性状。家系样本量小于 6 个时,各生物量指标有波动,当样本量增加到 6 个家系后,根、茎、叶各指标的生物量值、变异系数都逐渐趋于平稳。然而,家系样本量小于 8 个时,各生物量指标的标准误较高,随家系量的增加标准误降低,在家系数量增加到 10 个后趋于平稳。家系量较少时,生物量值具有很大的偶然性,稳定性不高,不能有效代表该群体生物量的准确值。

2.1.2 不同单株样本量对云南松幼苗生物量积累特征的影响 由不同单株样本量下的各生物量均值

(表 2)可知,云南松苗木的茎鲜重、叶鲜重、地上部分鲜重、单株鲜重及茎干重、叶干重、地上部分干重、单株干重在样本量间差异显著($P < 0.05$),根生物量在不同单株样本量间无显著差异。所有指标的最小值均出现在 60 株、最大值在 180 株时,大于 240 株后根、茎、叶生物量各梯度均值平稳,说明当单株样本量较少时,各器官的生物量积累稳定性较差,有偶然性,不具代表性;比较性状间的变异系数,能看出根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重的变异系数要略高于其他性状,各性状的标准误和变异系数大小则随样本容量的增加逐渐降低,样本量小于 300 株时,二者波动较大,当样本容量增加到 300 以后,标准误、变异系数逐渐减小并趋于平稳状。

表 2 不同单株样本量云南松苗木生物量基本情况

Table 2 Basic statistics of biomass of *P. yunnanensis* seedlings with different individual sample sizes

g

单株 样本量	项目	鲜质量					干质量				
		根	茎	叶	地上部分	单株	根	茎	叶	地上部分	单株
S1	平均值	3.789a	7.503c	16.363b	23.866b	27.655b	1.296a	2.367c	4.837b	7.204c	8.500b
	标准误	0.137	0.262	0.350	0.597	0.723	0.047	0.073	0.111	0.179	0.222
	变异系数/%	11.48	11.05	6.75	7.91	8.27	11.57	9.80	7.24	7.86	8.27
S2	平均值	3.912a	8.098ab	17.127a	25.225a	29.137a	1.367a	2.571ab	5.121a	7.693ab	9.060a
	标准误	0.083	0.149	0.266	0.398	0.474	0.028	0.055	0.089	0.139	0.164
	变异系数/%	6.70	5.80	4.91	5.00	5.14	6.36	6.85	5.51	5.71	5.73
S3	平均值	4.006a	8.308a	17.461a	25.768a	29.775a	1.389a	2.631a	5.195a	7.826a	9.215a
	标准误	0.062	0.183	0.267	0.447	0.499	0.024	0.067	0.080	0.146	0.167
	变异系数/%	4.89	6.96	4.84	5.49	5.30	5.40	8.10	4.87	5.90	5.73
S4	平均值	3.902a	7.878b	16.958a	24.837a	28.738a	1.348a	2.481bc	5.013a	7.494b	8.843a
	标准误	0.062	0.113	0.178	0.287	0.336	0.022	0.043	0.063	0.106	0.125
	变异系数/%	5.00	4.52	3.32	3.66	3.69	5.12	5.52	3.99	4.47	4.46
S5	平均值	3.941a	8.074ab	17.223a	25.297a	29.238a	1.372a	2.559ab	5.115a	7.673ab	9.045a
	标准误	0.055	0.101	0.209	0.301	0.353	0.020	0.031	0.060	0.090	0.109
	变异系数/%	4.44	3.96	3.83	3.76	3.82	4.59	3.87	3.70	3.70	3.80
S6	平均值	3.936a	8.078ab	17.200a	25.278a	29.214a	1.367a	2.551ab	5.101a	7.652ab	9.019a
	标准误	0.037	0.063	0.136	0.197	0.230	0.012	0.017	0.045	0.061	0.071
	变异系数/%	2.97	2.45	2.51	2.46	2.49	2.71	2.08	2.80	2.54	2.48
S7	平均值	3.900a	8.026ab	17.062a	25.089a	28.988a	1.350a	2.530ab	5.071a	7.601ab	8.951a
	标准误	0.022	0.057	0.045	0.099	0.118	0.007	0.018	0.017	0.033	0.040
	变异系数/%	1.79	2.24	0.84	1.24	1.29	1.70	2.29	1.08	1.38	1.42
S8	平均值	3.923a	8.056ab	17.040a	25.096a	29.018a	1.359a	2.538ab	5.054a	7.593ab	8.952a
	标准误	0.019	0.029	0.053	0.076	0.087	0.006	0.011	0.012	0.021	0.026
	变异系数/%	1.53	1.15	0.99	0.96	0.95	1.47	1.38	0.75	0.88	0.90
S9	平均值	3.875a	7.982ab	16.951a	24.933a	28.808a	1.343a	2.512ab	5.028a	7.540ab	8.884a
	标准误	0.015	0.050	0.082	0.130	0.143	0.006	0.019	0.024	0.042	0.048
	变异系数/%	1.24	1.98	1.53	1.64	1.57	1.34	2.35	1.51	1.76	1.70
S10	平均值	3.899a	8.009ab	17.014a	25.023a	28.922a	1.350a	2.523ab	5.042a	7.566ab	8.916a
	标准误	0.005	0.012	0.026	0.037	0.042	0.002	0.004	0.007	0.011	0.012
	变异系数/%	0.41	0.47	0.49	0.48	0.46	0.44	0.44	0.46	0.44	0.44
总样本量	平均值	3.900	8.019	17.039	25.058	28.958	1.351	2.526	5.049	7.574	8.925

2.2 样本量对云南松幼苗生物量分配的影响

2.2.1 不同家系样本量对云南松幼苗生物量分配

的影响 由表 3 可知,不同家系样本量下云南松幼苗的鲜重和干重各器官生物量分配比例在不同家系

样本量间均无显著性($P>0.05$)。从不同家系样本量云南松幼苗鲜重分配的分析结果来看,根、茎和叶鲜重分配间存在差异,最大叶鲜重达59.17%,最小为58.48%;最大茎鲜重达28.15%,最小为27.42%;最大根鲜重达13.63%,最小为13.31%;地上部分鲜重最大为86.69%,最小为86.37%。

而从不同家系样本量云南松幼苗干重分配的分析结果来看,最大叶生物量达57.16%,最小为56.35%;最大茎生物量达28.65%,最小为27.68%;最大根生物量达15.27%,最小为14.82%。各器官生物量分配由大到小均表现为:叶生物量、茎生物量、

根生物量,云南松幼苗将主要生物量分配给叶。随参试家系样本量越接近总样本数量($F_{10}=20$),其鲜重和干重分配比例的标准误越稳定。

对不同家系样本量云南松幼苗各部分器官及单株鲜重、干重的变异系数进行分析(图1、图2),鲜重和干重的变异系数随家系量的增加而降低,都表现为家系数量小于10个时,变异系数呈快速下降趋势,当家系数量大于12个时,变异系数虽有波动,但变化趋势较为平稳。最大家系样本量($F_{10}=20$)时为总样本量,苗木鲜重和干重分配比例的标准差为0,因此变异系数也为0。

表3 家系样本量对云南松幼苗生物量分配的影响

Table 3 Effects of family sample size on biomass allocation of *P. yunnanensis* seedlings

%

家系 样本量	鲜质量占比				干质量占比			
	根	茎	叶	地上部分	根	茎	叶	地上部分
F1	13.49±1.62	27.42±0.93	59.10±1.57	86.51±1.62	15.16±1.45	27.68±1.45	57.16±2.29	84.84±1.45
F2	13.37±1.30	28.15±1.17	58.48±1.61	86.63±1.30	14.82±1.24	28.65±1.04	56.53±1.84	85.18±1.24
F3	13.33±0.64	27.75±1.14	58.92±1.33	86.67±0.64	15.02±0.75	28.53±1.16	56.45±1.36	84.98±0.75
F4	13.31±0.49	27.96±0.64	58.74±0.73	86.69±0.49	14.95±0.53	28.64±0.65	56.41±0.89	85.05±0.53
F5	13.53±0.53	27.52±0.65	58.95±0.85	86.47±0.53	15.22±0.52	28.30±0.78	56.48±1.11	84.78±0.52
F6	13.38±0.37	27.45±0.69	59.17±0.52	86.62±0.37	15.02±0.41	27.82±0.74	57.16±0.62	84.98±0.41
F7	13.48±0.29	27.83±0.32	58.70±0.36	86.52±0.29	15.17±0.33	28.49±0.36	56.35±0.50	84.83±0.33
F8	13.52±0.33	27.65±0.40	58.83±0.21	86.48±0.33	15.19±0.34	28.27±0.37	56.54±0.33	84.81±0.34
F9	13.63±0.09	27.56±0.27	58.81±0.28	86.37±0.09	15.27±0.07	28.22±0.29	56.51±0.32	84.73±0.07
F10	13.47	27.69	58.84	86.53	15.13	28.30	56.57	84.87

注:表中数据为平均值±标准差。

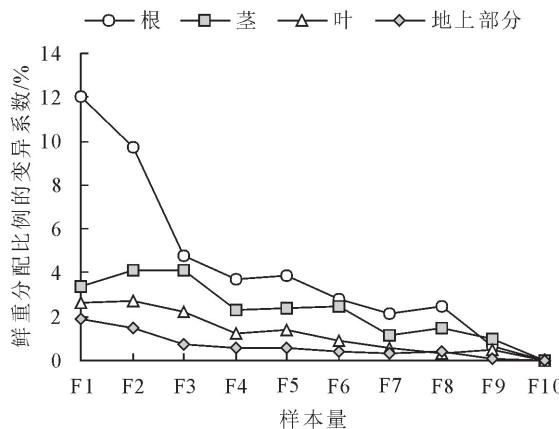


图1 不同家系样本量各梯度幼苗鲜重分配变异系数的变化趋势

Fig. 1 The trend of variation coefficient of the fresh weight allocation for *P. yunnanensis* seedlings with different family sample sizes

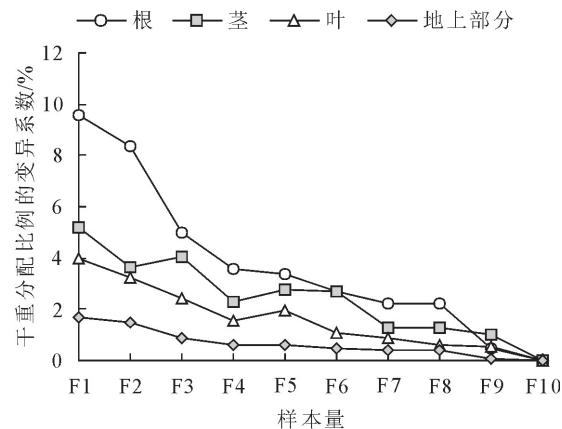


图2 不同家系样本量各梯度幼苗干重分配变异系数的变化趋势

Fig. 2 The trend of variation coefficient of dry weight allocation for *P. yunnanensis* seedlings with different family sample sizes

2.2.2 不同单株样本量对云南松幼苗生物量分配的影响 由表4表明,不同单株样本量下云南松幼苗的茎鲜重分配比例在不同样本容量梯度间存在显著差异($P<0.05$),其他部位的生物量分配比例在不同单株样本量间不存在显著差异($P>0.05$)。其中,从不同单株样本量下云南松幼苗鲜重分配的分

析结果来看,根和叶鲜重分配比例依次为13.42%~13.68%、58.66%~59.23%。样本量为180株时,茎鲜重分配比最大,达到27.88%;在60个样本容量时最小,为27.09%,且地上部分生物量占单株生物量的80%以上,茎、叶生物量虽然发生变化但并未改变地上生物量分配比。

而从不同单株样本量云南松幼苗干重分配的分析结果来看,叶、茎和根干重分配比例依次为56.40%~56.95%、27.83%~28.52%、15.08%~15.25%,地上部分生物量占单株生物量的84%以上,各器官生物量分配由大到小均表现为:叶生物量、茎生物量、根生物量,云南松幼苗将主要生物量分配给叶。参与估算的样本量越接近总样本数量,其鲜重和干重分配比例的标准误越小,说明重复间

的数据变化越小,数据更加准确。

对不同单株样本量云南松幼苗各部分器官及单株鲜重、干重的变异系数进行分析(图3、图4),鲜重和干重都表现为样本量小于360株时,变异系数有剧烈波动且无明显规律,样本量为240时,变异系数增加,说明数据较少时,变异系数不稳定;当样本量大于360时,变异系数虽有波动,但总体变化趋势较为平稳。

表4 不同单株样本量对云南松幼苗生物量分配比例的影响

Table 4 Effects of different individual sample sizes on the biomass allocation of *P. yunnanensis* seedlings

%

单株 样本量	鲜质量占比				干质量占比			
	根	茎	叶	地上部分	根	茎	叶	地上部分
S1	13.68±0.61	27.09±1.02b	59.23±1.10	86.32±0.61	15.22±0.71	27.83±0.85	56.95±1.07	84.78±0.71
S2	13.42±0.35	27.79±0.63a	58.79±0.63	86.58±0.35	15.09±0.38	28.37±0.71	56.54±0.77	84.91±0.38
S3	13.46±0.35	27.88±0.49a	58.66±0.52	86.54±0.35	15.08±0.36	28.52±0.72	56.40±0.74	84.92±0.36
S4	13.57±0.40	27.41±0.34ab	59.02±0.41	86.43±0.40	15.25±0.36	28.05±0.35	56.71±0.42	84.75±0.36
S5	13.48±0.18	27.61±0.36a	58.91±0.42	86.52±0.18	15.16±0.19	28.29±0.20	56.55±0.33	84.84±0.19
S6	13.47±0.16	27.65±0.16a	58.88±0.17	86.53±0.16	15.15±0.22	28.29±0.21	56.55±0.29	84.85±0.22
S7	13.45±0.12	27.69±0.30a	58.86±0.32	86.55±0.12	15.08±0.09	28.26±0.32	56.66±0.32	84.92±0.09
S8	13.52±0.16	27.76±0.15a	58.72±0.24	86.48±0.16	15.18±0.15	28.36±0.19	56.46±0.25	84.82±0.15
S9	13.45±0.12	27.71±0.16a	58.84±0.15	86.55±0.12	15.12±0.09	28.28±0.20	56.60±0.17	84.88±0.09
S10	13.48±0.03	27.69±0.04a	58.83±0.05	86.52±0.03	15.14±0.02	28.30±0.05	56.56±0.06	84.86±0.02

注:数据为平均值土标准差,不同字母表示差异显著($P<0.05$)。

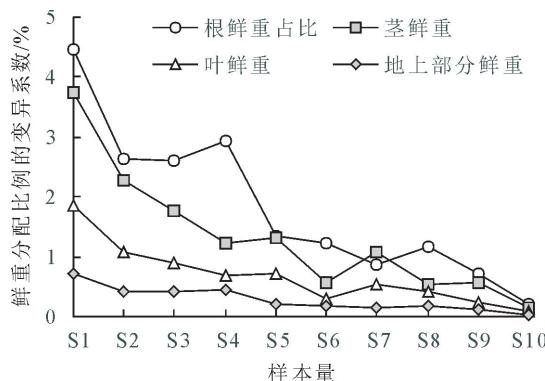


图3 不同单株样本量各梯度云南松幼苗鲜重分配比例
变异系数的变化趋势

Fig. 3 The trend of variation coefficient of fresh weight allocation for *P. yunnanensis* seedlings with different individual sample sizes

2.3 临界样本量的确定

通过确定临界样本量的2种方法进行分析判定计算云南松幼苗所需的临界样本量(表5)。

通过2种方法判定的计算生物量积累所用临界样本量结果显示(表5):方法一中鲜重分配比确定的临界样本量为14~20个家系,干重分配比确定为12~14个家系,此时各部位生物量分配比均值波动较小,标准差逐渐减小;方法二中,当 $k=0.2$ 时各指标所要求的临界样本量为14~18,对于不同的家系样本量,干重分配比例确定的临界样本量较鲜重

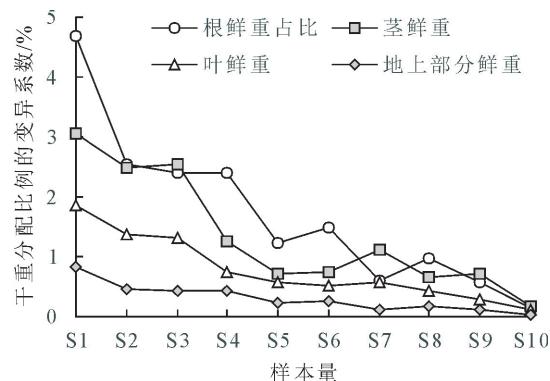


图4 不同单株样本量各梯度云南松幼苗干重分配比例
变异系数的变化趋势

Fig. 4 The trend of variation coefficient of dry weight allocation for *P. yunnanensis* seedlings with different individual sample sizes

确定的要更稳定一些。结合前述生物量积累和分配在不同家系样本量中的均值及标准误,对于本测定群体而言,样本量梯度为S6=12时,积累和分配均值已平稳,标准误快速降低。方法一认为每相邻2个梯度没有大的差异时即为稳定的,对于本研究中家系样本量而言,各生物量分配比在不同家系样本量的波动都较小,临界样本量为14~20时,虽然得到的误差与变异系数小,但确定的临界样本量接近全样本量,对研究及生产意义不大。方法二中比例因子 k 值用于判定临界样本量要求的生物量分配

值变化趋于平稳的程度,其值越小,所要求的生物量分配比例值波动越小,其是将波动幅度与标准差相比较,而标准差在12个家系后已经稳定,综上所述,

表5 2种方法计算各指标所需的临界样本量与生物量分配比趋于平稳后的平均值

Table 5 The average value of critical sample size and biomass allocation ratio for each index by calculating with two methods

项目	方法	鲜质量比例/%							
		根		茎		叶		地上部分	
		F_n/S_n	W_i	F_n/S_n	W_i	F_n/S_n	W_i	F_n/S_n	W_i
家系样本量	方法一	20	13.47	14	27.83	14	58.70	20	86.53
	方法二 $k=0.2$	18	13.63	14	27.83	14	58.70	18	86.37
单株样本量	方法一	300	13.48	300	27.61	240	59.02	300	86.52
	方法二 $k=0.2$	480	13.52	360	27.65	480	58.72	480	86.48

项目	方法	干质量比例/%							
		根		茎		叶		地上部分	
		F_n/S_n	W_i	F_n/S_n	W_i	F_n/S_n	W_i	F_n/S_n	W_i
家系样本量	方法一	12	15.02	14	28.49	14	56.35	12	84.98
	方法二 $k=0.2$	18	15.19	14	28.49	14	56.35	18	84.73
单株样本量	方法一	480	15.18	300	28.29	480	56.46	480	84.82
	方法二 $k=0.2$	480	15.18	480	28.36	480	56.46	480	84.82

注: F_n 为家系样本量; S_n 为单株样本量; W_i 为确定的临界样本量下的生物量分配比。

对于不同单株样本容量而言,方法一确定的临界样本量为240~480株,此时各生物量分配比均值平稳,标准误逐渐降低。方法二当比例因子 $k=0.2$ 时,所需的临界样本量为360~480株。2种方法确定的样本量在360株以前标准误及变异系数都有波动,在420株时已达到稳定状态,综合前文各部分生物量积累与分配的计算结果,对于本研究的云南松群体而言,要获得稳定性较高的生物量积累与分配计算值,需要测定云南松家系应该大于12个,测量的单株数大于360株。

3 结论与讨论

3.1 结论

从家系样本量和单株样本量对615株20个云南松家系的幼苗生物量进行分析,结果表明,云南松苗木生物量的分配由大到小均表现为:叶生物量、茎生物量、根生物量,根生物量分配比差异不显著,茎、叶分配比有变化但地上生物量变化不大;615株云南松幼苗的生物量积累和分配在不同样本量中有差异;分析不同家系样本量和单株样本量的标准误与变异系数随样本量的增加呈下降趋势,并结合2种确定临界样本量的方法,得出测定的云南松家系样本量应大于12个,或者测量的单株数大于360株,此时得到的结果与总样本量所得结果差异很小,具有代表性。

3.2 讨论

植物各器官生物量的相对高低反映光合产物在

在家系样本量大于12个家系时,既能保证生物量测定值稳定,标准差小,又能保证实际生产要求,本量大于此梯度后,标准误下降缓慢,精度无明显增加。

表5 2种方法计算各指标所需的临界样本量与生物量分配比趋于平稳后的平均值

Table 5 The average value of critical sample size and biomass allocation ratio for each index by calculating with two methods

各功能部分积累的多少^[19],生物量在各器官中的分配是植物对环境长期适应的结果,其分配格局的差异是植物生理和形态因素共同作用的结果,会受到个体大小的影响,且不同时期具有不同的分配中心^[5,20]。研究表明苗期云南松生物量的分配规律为地上部分生物量远大于地下部分,呈异速生长趋势^[21],本研究中设置不同的单株样本量或不同家系量,云南松苗木生物量的分配由大到小均表现为:叶生物量、茎生物量、根生物量,杨志玲等^[22]研究的厚朴(*Magnolia officinalis*)生物量分配格局中也有类似的研究结果。X. Wang *et al*^[23]对东北地区针阔混交林的地上和地下生物量研究结果发现,地上生物量和地下生物量分配比例分别为74.63%~86.21%和13.79%~25.37%,与本研究中茎、叶生物量虽然发生变化但并未改变地上生物量分配比,根生物量分配较其他部位相对稳定的结果相似,不同样本量中云南松根生物量分配比差异不显著,不会随着苗木样本量的变化而产生较大的变化。

研究表明,抽样方式不影响调查的准确性,抽样的样本数是影响调查准确性的主要因素^[24]。样本量影响着抽样精度,如果抽取样本量少,对生物量总体估计量的代表性就差,抽样精度就低,反之样本量较大时,估计的精度高^[25]。在计算结果时,样本量较小,计算结果标准误较大,数据间差异较大,存在偶然性;样本容量越大,样本的代表性会越好,但生物量的测定十分复杂,耗费的人力、物力也会越多^[26],选择合适的样本量能够减少测定的工作量,

得到正确可靠的分析结果。因此,本研究从单株样本量和家系样本量2个方面来探究不同样本量对云南松生物量积累和分配的影响,并增加重复试验次数,克服试验中随机因素带来的误差,增加抽样技术的稳定性^[27-28]。本研究中不同家系梯度抽取家系植株数大多大于30株,不同家系间植株数量虽有一定波动,但梯度间没有显著差异。因此当家系样本量大小达到6个家系、单株样本量在240个后,均值较稳定,但标准误、变异系数则在12个家系、360株之前出现明显波动,在样本多于此值后下降缓慢。同时也发现,当样本容量增加到12个家系、360株,不同重复间的差异变小。

单株样本量或家系样本量较低时生物量分配值会有一定波动的差异,且其标准误具有不稳定性,随样本量的增加精度和准确度会增加,所以临界样本量的确定要参考结合生物量计算值与标准误,在生物量值趋于平稳,标准误较小时确定临界样本量的大小。因此,在测量生物量时应考虑采用一定数量的样本测量,以确保精确度。这与张庆滢等^[29]研究发现野生大麻(*Cannabis sativa*)的遗传多样性水平在小样本量时随样本量的增加呈急速增加趋势,当抽样群体样本量大于25个个体时,遗传多样性水平增加趋势明显变缓,且包含了野生大麻居群90%以上的遗传变异;张帅楠等^[6]通过对湿地松61个自由授粉家系测定林的研究表明,随着测量样本容量或家系数的增加,测量结果的精度与准确性均提高的结果相似。本研究中,第1种方法是每相邻2个梯度之间生物量值之差与平均差值相比较,将值开始平缓变化时的样本量定为临界样本量^[18],所以对于各梯度均值波动不大的指标中,所得的临界样本量会较小,不同指标得出的样本量会有较大差异。第2种方法是将波动幅度与标准差相比较,因子k的取值取决于对稳定性的严格程度,综合2种方法与前文的结果,对于本研究的测定群体而言,第1种方法直观明确,并且客观,要得到较准确的生物量计算值,所需测定的云南松家系样本量应大于12个,或者测量的单株数大于360株,此时得到的结果与总样本量所得结果差异很小,具有代表性。

参考文献:

- [1] 蔡年辉,王大伟,黄文学,等. 云南松苗木生长与生物量的相关性及通径分析[J]. 植物研究,2019,39(6):853-862.
- [2] CAI N H,WANG D W,HUANG W X,et al. Correlation and path analysis on growth traits and biomass of *Pinus yunnanensis* seedlings[J]. Bulletin of Botanical Research,2019,39(6):853-862. (in Chinese)
- [3] 张潭,唐达,李思恩,等. 盐碱胁迫对枸杞幼苗生物量积累和光合作用的影响[J]. 西北植物学报,2017,37(12):2474-2482.
- [4] ZHANG T,TANG D,LI S S,et al. Responses of growth and photosynthesis of *Lycium barbarum* L. seedling to salt-stress and alkali-stress[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica,2017,37(12):2474-2482. (in Chinese)
- [5] 袁丛军,陈景艳,李鹤,等. 石山木莲实生苗形态特征与生物量研究[J]. 西部林业科学,2016,45(4):123-129.
- [6] YUAN C J,CHEN J Y,LI H,et al. Morphological characteristics and biomass of *Manglietia aromatica* var. *calcarea* [J]. Journal of West China Forestry Science,2016,45(4):123-129. (in Chinese)
- [7] 马伟成,夏玉芳,文萍,等. 一年生构树苗木构件生长特性研究[J]. 江西农业学报,2014,26 (6):59-61.
- [8] MA W C,XIA Y F,WEN P,et al. Research on growth characteristics of annual *Broussonetia papyrifera* seedling modules [J]. Acta Agriculturae Jiangxi,2014,26 (6):59-61. (in Chinese)
- [9] 程远峰,国欣喜,李晓娜. 东北天然次生林下木树种的生物量器官分配规律[J]. 生态学杂志,2010,29(11):2146-2154.
- [10] CHENG Y F,GUO Q X,LI X N. Biomass allocation of under-story plants in a secondary forest in northeast China[J]. Chinese Journal of Ecology,2010,29(11):2146-2154. (in Chinese)
- [11] 张帅楠,姜景民,栾启福. 湿地松样本量大小对性状遗传力估算的影响[J]. 林业科学研究,2017,30(4):610-616.
- [12] ZHANG S N,JIANG J M,LUAN Q F. Effect of slash pine sampling size on estimation of trait heritability[J]. Forest Research,2017,30(4):610-616. (in Chinese)
- [13] 毕志宏,魏敏静,刘莹莹,等. 样本数量对白桦群体遗传参数估算的影响[J]. 浙江农林大学学报,2016,33(4):564-570.
- [14] BI Z H,WEI M J,LIU Y Y,et al. Genetic parameters of *Betula platyphylla* provenances due to sample size[J]. Journal of Zhejiang A&F University,2016,33(4):564-570. (in Chinese)
- [15] 金振洲,彭鉴. 云南松[M]. 昆明: 云南科技出版社,2004:154-155
- [16] 中国林科院中国植物志编辑委员会. 中国植物志(第七卷)[M]. 北京: 科学出版社,1978:255-259.
- [17] 陈敏,刘方炎,李永和,等. 楚雄腮扁叶蜂危害诱导松针挥发性物质的成分分析[J]. 西北林学院学报,2018,33(1):179-183,224.
- [18] CHEN M,LIU F Y,LI Y H ,et al. Effects of *Cephalcia chuxiongica* grazing on the volatile matter composition of needles of *Pinus yunnanensis* [J]. Journal of Northwest Forestry University,2018,33(1):179-183,224. (in Chinese)
- [19] 王军邦,王政权,胡秉民,等. 不同栽植方式下紫椴幼苗生物量分配及资源利用分析[J]. 植物生态学报,2002,26(6):677-683.
- [20] WANG J B,WANG Z Q,HU B M,et al. Biomass allocation and resource use of *Tilia amurensis* juvenile under different planting treatments[J]. Chinese Journal of Plant Ecology,2002,26(6):677-683. (in Chinese)
- [21] 魏巍,蔡年辉,李根前,等. 2年生云南松实生苗生物量家系间变异研究[J]. 西部林业科学,2021,50(1):97-104.
- [22] WEI W,CAI N H,LI G Q,et al. The variation of biomass of two-year seedlings among families of *Pinus yunnanensis* [J]. Journal of West China Forestry Science,2021,50(1):97-104.

- (in Chinese)
- [13] 段伟,王保平,乔杰,等.水肥控制对楸叶泡桐苗期生长和生物量及其分配的影响[J].中南林业科技大学学报,2019,39(10):19-23,39.
DUAN W,WANG B P,QIAO J,et al. The effects of water and fertilizer control on growth, biomass and distribution of *Paulownia catalpifolia*[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2019, 39(10): 19-23, 39. (in Chinese)
- [14] 冷天风,陈兰,孙建昌.早实核桃优树种子品质及子代苗期生长比较[J].种子,2020,39(7):86-90.
LENG T F,CHEN L,SUN J C. Comparison of seed quality and growth of progeny seedlings of early fruiting walnut lines [J]. Seed, 2020, 39(7): 86-90. (in Chinese)
- [15] 李鑫,李昆,段安安,等.不同地理种源云南松幼苗生物量分配及其异速生长[J].北京林业大学学报,2019,41(4):41-50.
LI X,LI K,DUAN A A,et al. Biomass allocation and allometry of *Pinus yunnanensis* seedlings from different provenances [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2019, 41(4): 41-50. (in Chinese)
- [16] 李亚麒,陈诗,孙继伟,等.2年生云南松苗木分级与生物量分配关系研究[J].西南林业大学学报,2020,40(5):25-31.
LI Y Q,CHEN S,SUN J W,et al. The relationships between classification and biomass allocation of 2 years old *Pinus yunnanensis* seedlings[J]. Journal of Southwest Forestry University, 2020, 40(5): 25-31. (in Chinese)
- [17] 李亚麒,许玉兰,李伟,等.样本量对云南松幼苗生物量模型构建及预估精度的影响[J].植物研究,2019,39(6):890-898.
LI Y Q,XU Y L,LI W,et al. Effect of sample size on the precision of biomass model of *Pinus yunnanensis* seedlings[J]. Bulletin of Botanical Research, 2019, 39(6): 890-898. (in Chinese)
- [18] 刘灿然,马克平,于顺利,等.北京东灵山地区植物群落多样性的研究IV.样本大小对多样性测度的影响[J].生态学报,1997,17(6):22-30.
LIU C R,MA K P,YU S L,et al. Plant community diversity in Dongling Mountain, Beijing, China: IV. effects of sample size on diversity measures[J]. Acta Ecologica Sinica, 1997, 17(6): 22-30. (in Chinese)
- [19] 黎磊,周道玮,盛连喜.密度制约决定的植物生物量分配格局[J].生态学杂志,2011,30(8):1579-1589.
LI L,ZHOU D W,SHENG L X. Density dependence-determined plant biomass allocation pattern[J]. Chinese Journal of Ecology, 2011, 30(8): 1579-1589. (in Chinese)
- [20] CAO K F,OHKUBO T. Allometry, root/shoot ratio and root architecture in understory saplings of deciduous dicotyledonous trees in central Japan[J]. Ecological Research, 1998, 13(2):217-227. (in Chinese)
- [21] 汪梦婷,郭双仙,蔡年辉,等.云南松苗木生物量构成因素的分析[J].西北林学院学报,2019,34(3):98-103.
WANG M T,GUO S X,CAI N H,et al. On constituent factors affecting seedling biomass of *Pinus yunnanensis* [J]. Journal of Northwest Forestry University, 2019, 34(3): 98-103. (in Chinese)
- [22] 杨志玲,杨旭,舒枭,等.厚朴种源间苗期生物量的变异、分配格局及遗传稳定性[J].福建农林大学学报:自然科学版,2011,40(4):351-359.
YANG Z L,YANG X,SHU X,et al. Biomass variation, allocation pattern and heredity stability of *Magnolia officinalis* seedlings from different provenances [J]. Journal of Fujian Agriculture and Forestry University:Natural Science Edition, 2011, 40(4): 351-359. (in Chinese)
- [23] WANG X,FANG J,ZHU B. Forest biomass and root-shoot allocation in northeast China[J]. Forest Ecology and Management, 2008, 255(12):4007-4020.
- [24] 何承苗.龙眼角颊木虱若虫空间分布型及抽样技术初探[J].华东昆虫学报,2008,17(2):104-109.
HE C M. Spatial distribution pattern and sampling techniques of the nymph of *Cornegena psylla sinica* Yang et Li[J]. Entomological Journal of East China, 2008, 17(2): 104-109. (in Chinese)
- [25] NELSON R,GOBAKKEN T,NÆSSET E,et al. Lidar sampling-Using an airborne profiler to estimate forest biomass in Hedmark County, Norway[J]. Remote Sensing of Environment, 2012, 123:563-578.
- [26] 袁建文,李科研.关于样本量计算方法的比较研究[J].统计与决策,2013(1):22-25.
- [27] 姜慧泉,张会儒,徐海生,等.一种新的估计林分算术平均高抽样方法的验证与应用[J].林业科学研究,2010,23(5):703-707.
JIANG H Q,ZHANG H R,XU H S,et al. Study on the application of a new sampling technique for estimating the arithmetic mean height of stand[J]. Forest Research, 2010, 23(5): 703-707. (in Chinese)
- [28] 王怡,汤景明,孙拥康.青冈栎人工林树高曲线模型研究[J].森林工程,2021,37(1):1-5.
WANG Y,TANG J M,SUN Y K. Study on height-diameter curves models of *Cyclobalanopsis glauca* plantation[J]. Forest Engineering, 2021, 37(1): 1-5. (in Chinese)
- [29] 张庆滢,郭蓉,陈璇,等.野生大麻居群遗传多样性ISSR分析的取样策略[J].南方农业学报,2017,48(6):973-978.
ZHANG Q Y,GUO R,CHEN X,et al. Sampling strategy for genetic diversity ISSR analysis of wild *Cannabis sativa* L. population[J]. Journal of Southern Agriculture, 2017, 48(6): 973-978. (in Chinese)