

基于生长性状育种值和遗传多样性构建福建柏 第1代核心育种群体

苏顺德

(福建省林业科学研究院 国家林业和草原局南方山地用材林培育重点实验室,福建省森林培育与林产品加工利用重点实验室,
福建 福州 350012)

摘要:福建柏是优良的用材树种,遗传改良和发展利用很有必要,但其育种群体尚未建立。该研究利用127株福建柏优树开展20 a自由授粉子代测定估算生长性状育种值,结合群体遗传多样性构建福建柏第1代核心育种群体,以为交配创新种质提供亲本材料,提高优良品种选育效率。结果表明,优树生长性状具有丰富的遗传变异,树高、胸径和单株立木材积的狭义遗传力介于0.214 7~0.308 5,分别有19.75%、32.38%和28.56%的遗传变异源自家系间。狭义遗传力与广义遗传力比值介于0.464 1~0.587 5,后向选择优树能获得稳定的生长遗传增益。依据单株立木材积育种值和EST-SSR分子标记特征值迭代筛选出41株优树构成第1代核心育种群体,观察杂合度0.359 8,Shannon信息指数1.322 8,等位基因数6.545 5,有效等位基因数3.306 9。核心育种群体的单株立木材积育种值是第1代育种群体的1.63倍,并保留了第1代育种群体73.58%的遗传多样性。

关键词:福建柏;子代测定;遗传多样性;育种值;育种群体

中图分类号:S722.3

文献标志码:A

文章编号:1001-7461(2022)06-0085-07

Construction of the 1st Generation Core Breeding Population for *Fokienia hodginsii* Based on Growth Breeding Value and Genetic Diversity

SU Shun-de

(Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Timber Forest Breeding and Cultivation for Mountainous Areas in Southern China/Fujian Key Laboratory of Forest Cultivation and Forest Products Processing/Fujian Academy of Forestry,
Fuzhou 350012, Fujian, China)

Abstract: *Fokienia hodginsii* is an excellent and important timber tree species. Genetic improvement, development and utilization of *F. hodginsii* are very necessary, but its breeding population has not been established. In order to provide parents for mating innovative germplasm and improve the breeding efficiency of new cultivars, the 1st generation core breeding population of *F. hodginsii* was constructed by measuring and estimating the growth breeding based on 20-year open-pollinated progeny test of 127 plus trees, and by combing with population genetic diversity. The results showed that there were abundant genetic variations on the growth of plus trees. The narrow-sense heritability of tree height (H), diameter at breast height (DBH) and volume (V) ranged from 0.214 7 to 0.308 5. In addition, 19.75% (H), 32.38% (DBH) and 28.56% (V) of the genetic variations came from families, respectively. The ratio of narrow-sense heritability to broad-sense heritability was between 0.464 1–0.587 5, indicating that the backward selections of plus trees could obtain stable growth genetic gain. According to the volume breeding value and the characteristic value of EST-SSR molecular markers, 41 plus trees were considered as the 1st generation core

收稿日期:2022-04-01 修回日期:2022-05-05

基金项目:福建省属公益类科研院所基本科研专项(2021R1010004);福建省“雏鹰计划”青年拔尖人才项目。

第一作者:苏顺德,高级工程师。研究方向:林木遗传育种。E-mail:ssdforest@163.com

breeding population. And the observed heterozygosity of the core breeding population was 0.359 8, the Shannon information index was 1.322 8, the number of alleles was 6.545 5, and the number of effective alleles was 3.306 9. Finally, the volume breeding value of the core breeding population was 1.63 times that of the 1st generation breeding population, and 73.58% of the genetic diversity of the 1st generation breeding population was retained through the core breeding population.

Key words: *Fokienia hodginsii*; progeny test; genetic diversity; breeding value; breeding population

福建柏(*Fokienia hodginsii*)为柏科福建柏属唯一一种,是我国第一批珍稀濒危二级保护植物,也是我国珍贵用材树种^[1]。主要分布于福建、江西南部、浙江南部、广东北部、广西北部、云南中部及东南部、湖南南部、贵州和四川南部以及越南北部。水平呈东西窄条状分布区,垂直分布于海拔150~1200 m^[2]。福建柏是优良的用材树种,也是营建混交林的优良树种,具有生长快,适应性较强,材质优良的特点^[3-5],且在种源间、家系间具有丰富的遗传变异^[6-8],并受到中度的遗传控制^[9-14]。虽然在种源试验和优树自由授粉子代测定试验基础上,福建柏当前已完成种源筛选^[12]、优树选择和第1代种子园营建^[13,15-16],但关于育种群体的建设未见报道。育种群体是根据育种目标,从选择群体中筛选出的具有高遗传增益,负载较丰富遗传多样性,且相互间亲缘关系清晰可控的群体,是开展交配创制种质的主要群体,持续推动育种群体建设及其相关交配设计和杂交、测定工作是最为有效的林木育种途径^[17]。国内外对主要树种均组建了育种群体^[18-21]。得益于分子标记技术,依据表型遗传多样性分型和分子遗传距离分型构建具有亚结构的育种群体快速发展,如李梅^[22]利用RAPD分子标记构建亚系结构的杉木育种群体,冯源恒等^[23-24]利用SSR分子标记构建主群体——核心育种群体结构的马尾松第1代和具有10个亚系结构的第2代育种群体。因此,为了提高种质创新效率,持续推进福建柏轮回选择育种,本研究基于20年生优树自由授粉子代测定结果和优树EST-SSR分子遗传距离,构建了福建柏第1代核心育种群体,为交配制种提供亲本材料。

1 试验点概况

优树自由授粉子代测定林营建在福建省永安国有林场(福建省三明市永安市,福建中部)和福建省仙游溪口国有林场(福建省莆田市仙游县,福建东南部)。永安国有林场的试验林设在永浆工区,117°23'E,25°57'N。海拔195~250 m。山地红壤,Ⅲ类立地。前作为马尾松人工纯林。中亚热带海洋性季风气候,年平均降水量1600 mm,年平均相对湿度83.0%,年平均气温19.3℃,极端高温40.5℃,极

端低温-11.3℃,年平均无霜期295 d。仙游溪口国有林场的试验林设在场部管理区,118°57'E,25°37'N。海拔180~250 m。山地红壤,Ⅱ类立地。前作为杉木人工纯林。南亚热带海洋性季风气候,年平均降水量1536 mm,年平均相对湿度76.4%,年平均气温20.0℃,极端高温39.4℃,极端低温-3.5℃,年平均无霜期318 d。

2 材料与方法

2.1 选择群体

选择群体为福建柏优树。1998—1999年在福建全省和湖南省道县选择优树175株^[12]。1999年采种,2000年1月播种培育出127个家系足量苗木。根据各家系苗木数量,将优树子代测定试验分为试验1和试验2。试验1参试家系80个,以福建仙游福建柏母树林混种苗木(CK₁)为对照。试验2参试家系47个,以福建仙游福建柏母树林混种苗木(CK₁)和福建大田福建柏人工林混种苗木(CK₂)为对照。

2.2 育种值测定方法

以优树自由授粉子代测定生长性状育种值,田间试验设计均为完全随机区组设计(RCB)。试验1参试处理81个(含CK₁),10次重复,5株单列小区;试验2参试处理49个(含CK₁和CK₂),8次重复,6株单列小区。初植密度2500株·hm⁻²,株行距2.0 m×2.0 m,穴规格50 cm×40 cm×30 cm,挖明穴,回表土,不施基肥。试验1在2个试验点均实施,试验2只在永安国有林场实施。2001年2月1a生苗木造林,苗木平均苗高19.5 cm,平均地径0.30 cm。造林后前3a每年春秋2季各锄草1次,之后每年春秋2季各劈草1次至第6年。2020年底(20a林龄)每木调查树高(*H*)和胸径(*D*)。单株立木材积(*V*)估算^[12]: $V=0.000\ 056\ 85D^{1.629\ 996}H^{1.261\ 954}$ 。

2.3 DNA提取方法

取样品的叶片在液氮中研磨粉碎,采用DNAsecure Plant Kit新型植物基因组DNA提取试剂盒(天根生化科技有限公司)提取各优树基因型DNA,并用1%琼脂糖凝胶电泳对样品的合格性进行检测。

2.4 PCR 反应方法

利用筛选的 11 对 EST-SSR 引物(表 1)对 DNA 样品 PCR 扩增。PCR 试验采用 50 μ L 体系,配比为:Dream Taq Green PCR Master Mix (2 \times)25 μ L(赛默飞世尔科技公司 Thermo Fisher Scientif-

ic)、F 端引物 1 μ L、R 端引物 1 μ L、DNA 模板 2 μ L、ddH₂O 21 μ L。PCR 反应程序为:94 $^{\circ}$ C 预热 2 min,94 $^{\circ}$ C 变性 20 s,52 $^{\circ}$ C 退火 20 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min,变性-退火-延伸设置 40 个循环。通过 2% TAE 琼脂糖凝胶进行电泳检测 PCR 产物。

表 1 PCR 扩增所用 11 对微卫星引物

位点	引物序列(5'-3')	重复类型	片段大小/bp	荧光染料
FJB5	F:ATTCAGCTGGGGACATGCAA R:TTCAGAAATCCCAAACGGCC	(CAG)7	144~182	FAM
FJB6-1	F:AAGACTTCCTGGCCTTTGCA R:TTAAGCTCTACCGGCTCCCT	(TCC)7	133~186	TAMRA
FJB6-2	F:AAGACTTCCTGGCCTTTGCA R:TTAAGCTCTACCGGCTCCCT	(TCC)7	240~334	TAMRA
FJB7	F:GCATGCTACTCTCCTCGCTT R:TGTGCCGTTGAATTTGAGGC	(CCG)6	250~282	FAM
FJB14	F:GCAACAAGTGGCACAGTCAG R:TGCCTCACCGTGTAGCATTT	(GCA)8	221~283	TAMRA
FJB23	F:TCTCCACAGGCCACACATG R:TCTGATCTTCATCCGCTGC	(CT)7	189~283	FAM
FJB42	F:TGCGCAAAAAGGGTCACAAAG R:GGGCCTACTACAACGCTGTT	(ATG)6	266~283	TAMRA
FJB63	F:GGCAGATTATCCAGGTGCGA R:CTGAAAGAGGGGAAGAGCG	(GGA)6	263~288	FAM
FJB73	F:ATCCAGAGGCCTTTTTTCGCA R:CCATTGCATTGCAGGTTGCT	(TC)6	150~199	TAMRA
FJB83	F:TAGCACAGGAATGGCCATGG R:CAGGCCCCCAACAAAGATCT	(CAG)6	143~185	TAMRA
FJB91-1	F:GTTTCACAGGCGGAAAACCC R:ATGAGAACTCCGCTTCGTCC	(TGC)6	134~257	FAM

2.5 统计分析方法

生长性状方差分析线性模型 $Y_{ijk} = \bar{x} + B_i + F_j + (B \times F)_{ij} + E_{ijk}$, Y_{ijk} 为第 i 个区组第 j 个家系第 k 个单株观测值, \bar{x} 为群体平均值, B_i 为区组效应值, F_j 为家系效应值, $(B \times F)_{ij}$ 为区组与家系交互效应值, E_{ijk} 为机误。 \bar{x} 、 B_i 为固定效应, F_j 、 $(B \times F)_{ij}$ 、 E_{ijk} 为随机效应^[29]。广义遗传力 $h_i^2 = \delta_i^2 / (\delta_e^2 / NB + \delta_{fb}^2 / S + \delta_i^2)$, 狭义遗传力 $h_i^2 = 4\delta_i^2 / (\delta_e^2 + \delta_{fb}^2 + \delta_i^2)$, 遗传分化系数 $G_{st} = \delta_i^2 / (\delta_{fb}^2 + \delta_i^2) \times 100\%$, 遗传变异系数 $G_{cv} = \sqrt{\delta_i^2 / \bar{x}} \times 100\%$, 育种值 $G_a = h_i^2 (x - \bar{x})$, h_i^2 为广义遗传力, h_i^2 为狭义遗传力, G_{st} 为遗传分化系数, G_{cv} 为遗传变异系数, G_a 为育种值, ΔG 为遗传增益。 N 为小区调和平均数, B 为区组数。 δ_i^2 为家系方差分量, δ_{fb}^2 为家系与区组的交互方差分量, δ_e^2 为环境方差^[25]。在 IBM SPSS Statistics19.0 中选用最大似然法估算方差分量^[30]。对优树材料为模板的 PCR 扩增产物进行测序,运用 POPGENE 32 软件分析观察杂合度(H_o), Shannon 信息指数(I),等位基因数(N_a),有效等位基因数(N_e)。

2.6 第 1 代核心育种群体构建方法

依据单株立木材积育种值和 EST-SSR 分子标记测定的遗传距离,从后向选择出的优树中利用改进的 LTTB(largest triangle three buckets)算法将采样^[27]挑选第 1 代核心育种群体,要求挑选出来的群体的数量尽可能少,但最大程度维持遗传多样性和高育种值。每株优树有 12 个特征值,第 1—第 11 个特征值为 11 对 EST-SSR 分子标记引物大小,第 12 个特征值为单株立木材积育种值。

3 结果与分析

3.1 优树自由授粉子代生长性状表型变异

表 2 列出了 3 片优树自由授粉子代测定林 20 a 林龄时树高、胸径和单株立木材积的均值、年均生长量以及家系间的表型变异系数。20 a 林龄时平均树高、胸径和单株立木材积分别为 10.96 m、16.93 cm 和 0.129 00 m³,年均生长量分别为 0.55 m、0.84 cm 和 0.006 45 m³,生长迅速。树高、胸径和单株立木材积在家系间的表型变异系数分别为 5.87%、8.60% 和 14.89%,家系间生长性状表型变异丰富,且单株立木材积的表型变异较树高和胸径丰富。

3.2 优树自由授粉子代生长性状遗传变异

表3列出了试验林20 a林龄时生长性状的方差分析和遗传参数估算结果,遗传参数汇总成表4。树高、胸径和单株立木材积在家系间差异极显著,狭义遗传力均值介于0.214 7~0.308 5,受到中度偏下的遗传控制。就树高而言,就树高而言,家系间遗传变异系数均值2.77%,家系遗传变异占群体均值的2.77%,家系间遗传分化系数均值19.75%,也即遗传变异的19.75%源自家系间,狭义遗传力与广义遗传力比值均值为0.587 5,加性和非加性遗传效应对树高起着较为均衡的遗传控制作用。就胸径而言,家系间遗传变异系数均值4.57%,家系遗传变异占群体胸径均值的4.57%,家系间遗传分化系数均值32.38%,也即遗传变异的32.38%源自家系间,狭义遗传力与广义遗传力比值均值为0.472 7,加性和非加性遗传效应对胸径也起着较为均衡的遗传控制作用。就单株立木材积而言,家系间遗传变异系数均值7.86%,家系遗传变异占群体单株立木材积均值的7.86%,家系间遗传分化系数均值

28.56%,也即遗传变异的28.56%源自家系间,狭义遗传力与广义遗传力比值均值为0.464 1,加性和非加性遗传效应同样对单株立木材积起着较为均衡的遗传控制作用。

3.3 第1代育种群体筛选

由于树高、胸径和单株立木材积均受到加性和非加性遗传效应共同的、较为均衡的遗传控制,使后向选择优树能获得稳定的生长遗传增益。相比于树高和胸径,单株立木材积家系遗传变异系数与狭义遗传力的乘积更大,对单株立木材积进行选择可以获得更为有效的遗传增益。因此,以单株立木材积育种值为指标对优树后向评价,并依据育种值排名淘汰单株立木材积育种值低于群体平均育种值(0)减去1个标准差的优树,选出111株优树为福建柏第1代育种群体。树高、胸径和单株立木材积平均育种值分别为0.03 m、0.05 cm和0.000 89 m³,观察杂合度(H_o)为0.359 2,Shannon信息指数(I)为1.305 3,等位基因数(N_a)为6.181 8,有效等位基因数(N_e)为3.279 2(表5)。

表2 优树自由授粉子代测定林平均生长

Table 2 Average growth of plus tree open-pollinated progeny test stand

试验林	树高			胸径			单株立木材积		
	均值 /m	年均 /(m·a ⁻¹)	家系间表型 变异系数(%)	均值 /cm	年均 /(cm·a ⁻¹)	家系间表型 变异系数(%)	均值 /m ³	年均 /(m ³ ·a ⁻¹)	家系间表型 变异系数(%)
永安林场试验1	11.71	0.59	5.68	17.81	0.89	6.88	0.145 64	0.007 28	15.74
仙游溪口林场试验1	11.58	0.58	6.51	17.28	0.86	10.95	0.142 29	0.007 11	15.92
永安林场试验2	9.58	0.48	5.42	15.69	0.78	7.96	0.099 08	0.004 95	13.02
平均	10.96	0.55	5.87	16.93	0.84	8.60	0.129 00	0.006 45	14.89

表3 生长性状方差分析及遗传参数

Table 3 Variance analysis and genetic parameters for growth

试验林	性状	方差组成			遗传变异 系数(%)	遗传分化 系数(%)	遗传力		
		家系	家系×重复	误差			广义	狭义	狭义/广义
永安试验1	树高	0.059 00**	0.659 72**	1.078 92	2.07	8.21	0.310 9	0.131 3	0.422 3
	胸径	0.411 32**	1.056 04**	8.557 72	3.60	28.03	0.399 0	0.164 1	0.411 3
	单株立木材积	0.000 163 8**	0.000 429 5**	0.002 325 3	8.79	27.61	0.472 9	0.224 5	0.474 8
仙游试验1	树高	0.233 25**	0.324 52**	0.892 46	4.17	41.82	0.760 0	0.643 3	0.846 5
	胸径	0.892 26**	1.066 37**	9.016 83	5.47	45.56	0.630 6	0.325 2	0.515 7
	单株立木材积	0.000 221 6**	0.000 212 1**	0.002 058 5	10.46	51.10	0.656 0	0.355 7	0.542 2
永安试验2	树高	0.038 86**	0.382 58**	0.608 04	2.06	9.22	0.305 8	0.151 0	0.493 7
	胸径	0.529 59**	1.719 15**	8.311 61	4.64	23.55	0.408 4	0.200 6	0.491 1
	单株立木材积	0.000 018 5**	0.000 246 4**	0.000 893 7	4.34	6.98	0.170 2	0.063 9	0.375 2

注:**表示差异极显著。

表4 生长性状遗传参数均值

Table 4 Average of genetic parameters for growth

性状	遗传变异 系数(%)	遗传分化 系数(%)	遗传力			遗传变异系数 ×狭义遗传力
			广义	狭义	狭义/广义	
树高	2.77	19.75	0.458 9	0.308 5	0.587 5	0.854 5
胸径	4.57	32.38	0.479 3	0.230 0	0.472 7	1.051 1
单株立木材积	7.86	28.56	0.433 0	0.214 7	0.464 1	1.687 5

表 5 第 1 代育种群体遗传多样性分析
Table 5 Genetic diversity analysis of the 1st generation
breeding population

位 点	H_o	I	N_a	N_e
FJB5	0.241 3	1.615 6	8.000 0	4.073 3
FJB6-1	0.255 2	1.547 7	7.000 0	3.857 0
FJB6-2	0.310 3	1.406 5	7.000 0	3.183 8
FJB7	0.473 7	0.842 4	5.000 0	2.098 0
FJB14	0.247 4	1.546 5	7.000 0	3.975 5
FJB23	0.268 0	1.470 1	7.000 0	3.675 5
FJB42	0.168 7	1.844 3	7.000 0	5.770 7
FJB63	0.759 8	0.511 0	4.000 0	1.313 8
FJB73-1	0.620 2	0.565 3	2.000 0	1.607 0
FJB83-1	0.314 7	1.481 1	7.000 0	3.140 3
FJB9-1	0.292 3	1.527 9	7.000 0	3.375 9
均值	0.359 2	1.305 3	6.181 8	3.279 2

3.4 第 1 代核心育种群体构建

对第 1 代育种群体的 111 株优树抽样,经迭代程序初步确定抽样数 40 左右组成的最佳群体具有

较高的遗传多样性和单株立木材积育种值(图 1A)。根据程序输出的不同抽样数量的最佳组合结果,绘制抽样数 40 前后 10%的抽样数组合的遗传多样性占总多样性的比例曲线,以及育种值与总育种值的比值曲线(图 1B)。由图 1 可以发现,抽样数为 41 时挑选的最佳组合,其遗传多样性和单株立木材积育种值曲线相交于最高点,也即同时具有较丰富遗传多样性和较高材积育种值。输出的 41 个最优家系组合为第 1 代核心育种群体(表 6),保留了第 1 代育种群体 73.58%的遗传多样性,单株立木材积育种值是第 1 代育种群体的 1.63 倍(图 1B)。核心育种群体子代 20 a 林龄时单株立木材积、育种值、遗传增益平均值分别为 0.132 41、0.002 75 m³ 和 1.87%。第 1 代核心育种群体的遗传多样性参数见表 7,观察杂合度(H_o)为 0.359 8,Shannon 信息指数(I)为 1.322 8,等位基因数(N_a)6.545 5,有效等位基因数(N_e)为 3.306 9。

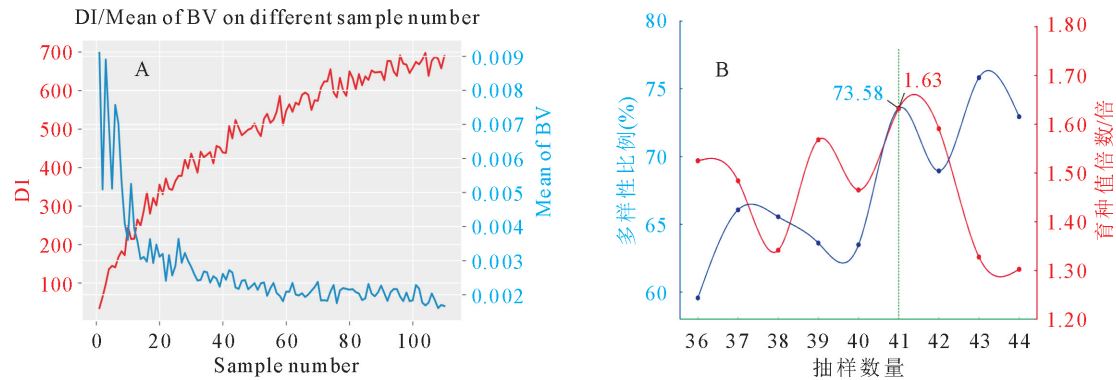


图 1 核心育种群体迭代筛选

Fig. 1 Iteration selection of core breeding population

4 结论与讨论

4.1 结论

福建柏优树自由授粉子代 20 a 林龄时平均树高、胸径和单株立木材积分别为 10.96 m、16.93 cm 和 0.129 00 m³,年均生长量分别为 0.55 m、0.84 cm 和 0.006 45 m³。树高、胸径和单株立木材积具有丰富的遗传变异,狭义遗传力介于 0.214 7~0.308 5,受到中度偏下的遗传控制,分别有 19.75%、32.38%和 28.56%的遗传变异源自家系间。同时,树高、胸径和单株立木材积狭义遗传力与广义遗传力比值介于 0.464 1~0.587 5,表明加性和非加性遗传效应均较为均衡地控制着优树的生长性状,使后向选择优树能获得稳定的生长遗传增益,奠定了从优树中筛选福建柏第 1 代育种群体的基础。相比于树高和胸径,单株立木材积遗传变异系数与狭义遗传力的乘积最大,具有最大的选择增益,提供了以单株立木材积育种值后向评价优树的可行

性。因此,本研究依据育种值排名筛选出 111 株优树为福建柏第 1 代育种群体,树高、胸径和单株立木材积育种值分别为 0.03 m、0.05 cm 和 0.000 89 m³,观察杂合度(H_o)为 0.359 2,Shannon 信息指数(I)为 1.305 3,等位基因数(N_a)为 6.181 8,有效等位基因数(N_e)为 3.279 2。

经迭代抽样筛选出 41 株具有最高的遗传多样性和单株立木材积育种值的优树组合构成的第 1 代核心育种群体,观察杂合度(H_o)为 0.359 8,Shannon 信息指数(I)为 1.322 8,等位基因数(N_a)6.545 5,有效等位基因数(N_e)为 3.306 9。保留了第 1 代育种群体 73.58%的遗传多样性,单株立木材积育种值是第 1 代育种群体的 1.63 倍。其自由授粉子代 20 a 林龄时单株立木材积均值、育种值和遗传增益分别为 0.132 41、0.002 75 m³ 和 1.87%。

4.2 讨论

在林木遗传测定中,基因的显性作用和上位作用等非加性遗传效应往往对数量性状具有影响。对

表 6 福建柏第 1 代核心育种群体

Table 6 The 1st generation core breeding group of *Fokienia hodginsii*

序号	优树	产地	子代单株立木材积		
			均值 /m ³	育种值 /m ³	遗传增益 (%)
1	A001	福建安溪	0.090 93	−0.000 52	−0.53
2	A019	福建安溪	0.092 09	−0.000 45	−0.45
3	C001	福建周宁	0.159 65	0.007 34	5.21
4	E006	湖南省道县	0.203 76	0.018 15	12.67
5	E015	湖南省道县	0.160 34	0.005 11	3.57
6	E019	湖南省道县	0.106 29	0.000 46	0.46
7	E022	湖南省道县	0.155 73	0.004 59	3.24
8	E024	湖南省道县	0.073 54	0.000 16	0.11
9	E030	湖南省道县	0.076 67	−0.001 43	−1.45
10	E033	湖南省道县	0.090 65	−0.000 54	−0.54
11	G002	福建古田	0.078 36	−0.001 32	−1.34
12	G004	福建古田	0.142 67	−0.000 90	−0.64
13	G005	福建古田	0.134 12	−0.003 72	−2.62
14	G018	福建古田	0.144 56	0.000 72	0.52
15	J001	福建南靖	0.164 48	0.005 68	3.95
16	J002	福建南靖	0.164 56	0.006 46	4.51
17	J006	福建南靖	0.188 69	0.012 53	8.71
18	J007	福建南靖	0.182 67	0.008 98	6.18
19	J012	福建南靖	0.186 00	0.010 27	7.09
20	J017	福建南靖	0.166 68	0.008 35	5.87
21	K001	福建仙游	0.108 24	0.000 59	0.59
22	K003	福建仙游	0.173 44	0.008 08	5.61
23	K004	福建仙游	0.153 83	0.002 18	1.49
24	K005	福建仙游	0.099 48	0.000 03	0.03
25	K009	福建仙游	0.071 40	−0.001 77	−1.79
26	K012	福建仙游	0.151 99	0.002 22	1.55
27	K014	福建仙游	0.147 12	−0.000 30	−0.25
28	L007	福建安溪	0.146 37	0.000 71	0.50
29	L009	福建安溪	0.149 66	0.001 69	1.18
30	L015	福建安溪	0.164 85	0.006 32	4.41
31	L023	福建安溪	0.082 98	−0.001 03	−1.04
32	M001	福建龙岩	0.081 31	−0.001 14	−1.15
33	N001	福建闽侯	0.169 35	0.007 51	5.24
34	P002	福建南平	0.177 95	0.009 60	6.68
35	P004	福建南平	0.140 59	−0.001 49	−1.06
36	R002	福建龙海	0.144 07	−0.000 72	−0.53
37	R004	福建龙海	0.107 48	0.000 54	0.54
38	T001	福建大田	0.109 47	0.000 66	0.67
39	T002	福建大田	0.092 86	−0.000 40	−0.40
40	Z003	福建安溪	0.096 06	−0.000 19	−0.19
41	Z005	福建安溪	0.097 88	−0.000 08	−0.08
均值			0.132 41	0.002 75	1.87
育种群体均值			0.125 88	0.001 69	0.61

于育种材料选择来说,却更关注加性遗传效应对性状的作用,其是可稳定遗传的效应。由此,狭义遗传力与广义遗传力的比值在选择决策中就特别重要。其理论值介于 0~1,越接近 0,表明性状主要受非加性遗传效应控制,此时的选择重点应在无性繁殖材料筛选上;如果其值接近 1,表明加性遗传效应对性

状起着主要的控制作用,此时筛选育种材料才能获得稳定的遗传增益。本研究中加入性和非加性遗传效应对福建柏优树的树高、胸径和单株立木材积生长均起着较为均衡的控制作用,是开展第 1 代育种材料选择的基础。

表 7 第 1 代核心育种群体遗传多样性分析

Table 7 Genetic diversity analysis of the 1st generation core breeding group

位点	H_o	I	N_a	N_e
FJB5	0.233 8	1.682 3	8.000 0	4.383 7
FJB6-1	0.242 2	1.597 8	7.000 0	3.834 8
FJB6-2	0.292 0	1.438 5	6.000 0	3.422 7
FJB7	0.462 3	0.903 1	7.000 0	2.088 9
FJB14	0.244 2	1.520 8	7.000 0	4.038 8
FJB23	0.272 5	1.502 6	7.000 0	3.618 7
FJB42	0.171 1	1.843 1	7.000 0	5.721 0
FJB63	0.839 1	0.525 9	5.000 0	1.418 3
FJB73-1	0.570 2	0.579 4	3.000 0	1.553 7
FJB83-1	0.327 9	1.436 1	8.000 0	3.025 7
FJB9-1	0.302 8	1.521 7	7.000 0	3.269 7
均值	0.359 8	1.322 8	6.545 5	3.306 9

林木育种群体与林木核心种质的最大区别在于其主要强调了育种目标^[17],或者说林木育种群体是来源于某一树种种质资源中,在某个或多个目标性状中具有优良表现和遗传多样性的种质集。虽然林木育种群体和核心种质在包含种质数量上并没有明确的比较关系,但从育种实践来看,育种群体包含的种质数量一般比核心种质多。构建林木育种群体的主要目的是推动种质创新及品种选育,构建林木核心种质的主要目的在于物种遗传多样性保护。而关于育种群体的容量,300~400 是许多森林遗传学家提出的林木育种群体大小的准则和建议,但根据树种不同,有时育种群体的大小不一定会符合这个准则。如加拿大在美洲山杨的育种中,曾经建立的育种群体大小为 150 份种质^[25]。有效大小为 20~40 的育种群体可以有效支撑几个选育世代的高遗传增益,特别是对于具有亚结构的育种群体,核心育种群体大小和亚系大小设置在 20~40 是适宜的。因此,育种群体及核心育种群体的容量因树种的育种策略、资源基础不同而异。

虽然福建柏种内具有丰富的遗传多样性^[28],但由于过度砍伐等原因,其天然植株在自然界丰度较小,属于我国二级保护植物^[1,6]。对其开展育种研究及应用,扩大人工林面积,对保护其遗传多样性及发挥其木材经济效益均有关键作用。但由于天然遗传资源匮乏,构建其第 1 代育种群体时不可避免地会面临种质资源缺乏的问题。本研究中收集的优树仅为 127 株,构建的第 1 代育种群体容量仅为 111

份,正是缘于此。但却构建了福建柏长期育种的遗传多样性和遗传增益的源泉。基于生长性状育种值和群体遗传多样性构建的41份核心育种群体保留了第1代育种群体73.58%遗传多样性,使单株立木材积育种值大幅提高,虽然丧失了部分遗传多样性,但却获得了较高的生长遗传增益,更是奠定了高效利用福建柏种质资源开展种质交配创新的基础。

参考文献:

- [1] 杨宗武,郑仁华,肖祥希.珍稀树种—福建柏[J].林业科技通讯,1998(7):21-22.
- [2] 林峰,侯伯鑫,杨宗武,等.福建柏属的起源与分布[J].南京林业大学学报:自然科学版,2004,28(5):22-26.
LIN F, HOU B X, YANG Z W, et al. Study on origin and natural distribution of *Fokienia* [J]. Journal of Nanjing Forestry University: Natural Sciences Edition, 2004, 28(5): 22-26. (in Chinese)
- [3] 陈祖松.福建柏人工林木材物理力学性质的试验研究[J].福建林学院学报,1999,19(3):223-226.
CHEN Z S. Study on physical properties and mechanical of *Fokienia hodginsii* [J]. Journal of Fujian College of Forestry, 1999, 19(3): 223-226. (in Chinese)
- [4] 盛伟彤,薛秀康.福建柏、杉木及其混交林生长与生态效应研究[J].林业科学,1992,28(5):397-404.
SHENG W T, XUE X K. Comparisons between pure stands of Chinese fir, Fukien cypress and mixed stands of these two species in growth, structure, biomass and ecological effects [J]. Scientia Silvae Sinicae, 1992, 28(5): 397-404. (in Chinese)
- [5] 王青天.福建柏与马尾松混交造林模式的环境效应与生长分析[J].西北林学院学报,2013,28(3):126-130.
WANG Q T. Environmental effects and growth analysis of the mixed forest plantations of *Fokienia hodginsii* and *Pinus massoniana* [J]. Journal of Northwest Forestry University, 2013, 28(3): 126-130. (in Chinese)
- [6] TAM N M, TRANG N T P, HOA N T. Genetic diversity of an endangered species: *Fokienia hodginsii* (Cupressaceae) [J]. African Journal of Biotechnology, 2011, 10(71): 15838-15844.
- [7] YIN Q Y, CHEN S F, GUO W, et al. Pronounced genetic differentiation in *Fokienia hodginsii* revealed by simple sequence repeat markers [J]. Ecology and Evolution, 2018, 8(22): 10928-10951.
- [8] 万娟,罗睿,陈剑成,等.福建柏优树子代 ISSR 遗传多样性与指纹图谱[J].福建农林大学学报:自然科学版,2017,46(4):404-409.
- [9] 曾志光,肖复明,王城辉,等.福建柏种源苗期选择初报[J].江西林业科技,1998(4):1-4.
- [10] 侯伯鑫,林峰,程政红,等.福建柏地理种源遗传变异及早期选择研究[J].植物遗传资源学报,2004,5(2):179-184.
- [11] 郑仁华,黄德龙,李金良,等.福建柏优树选择及种实表型变异研究[J].福建林业科技,2004,31(Supp. 1):1-6,10.
- [12] 郑仁华,苏顺德,赵青毅,等.福建柏种源生长性状遗传变异及种源选择[J].福建林学院学报,2014,34(3):249-254.
- [13] 郑仁华.福建柏优树子代测定及早期选择[J].福建林学院学报,2005,25(1):22-26.
- [14] 郑仁华,杨宗武,施季森,等.福建柏优树子代苗期性状遗传变异和生长节律研究[J].林业科学,2003,39(Supp. 1):179-183.
ZHENG R H, YANG Z W, SHI J S, et al. Studies on the growth rhythm and genetic variations of traits among plus-tree progeny families of *Fokienia hodginsii* at seedling stage [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2003, 39(Supp. 1): 179-183. (in Chinese)
- [15] 苏顺德.福建柏第2代生产群体生长和花期综合选择[J].福建林业科技,2019,46(3):1-7,41.
- [16] 苏顺德.福建柏优良单株自由授粉子代测定及选择[J].福建林业科技,2020,47(1):1-7.
- [17] 康向阳.林木遗传育种研究进展[J].南京林业大学学报:自然科学版,2020,44(3):1-10.
- [18] 王章荣.国外种子园研究热点及对我国营建高世代种子园的启示[J].南京林业大学学报:自然科学版,2019,43(1):161-166.
WANG Z R. The enlightenment from advanced breeding experience abroad to the development advanced-generation seed orchard construction in China [J]. Journal of Nanjing Forestry University: Natural Sciences Edition, 2019, 43(1): 161-166. (in Chinese)
- [19] 沈熙环.我国林木良种基地建设现状及当前工作重点[J].林业科技开发,2020,24(2):1-3.
- [20] MEKEAND S E, BEINEKE F. Sublining for half-sib breeding populations of forest trees [J]. Silvae Genetica, 1980, 29: 14-17.
- [21] JAYAWICKRAMA K J S, CARSON M J. A breeding strategy for the New Zealand Radiata Pine Breeding Cooperative [J]. Silvae Genetica, 2000, 49(2): 82-90.
- [22] 李梅.杉木育种群体分子遗传变异及分子育种研究[J].南京林业大学学报:自然科学版,2001,25(5):39-39.
- [23] 冯源恒,杨章旗,谭健晖,等.广西马尾松第一代核心育种群体的建立[J].东北林业大学学报,2018,46(12):20-24.
- [24] 冯源恒,李火根,杨章旗,等.广西马尾松第2代育种群体的组建[J].林业科学,2017,53(1):54-61.
FENG Y H, LI H G, YANG Z Q, et al. Construction of second generation breeding population of *Pinus massoniana* in Guangxi [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2017, 53(1): 54-61. (in Chinese)
- [25] WHITE T L, ADAMS W T, DAVID B N. Forest Genetics [M]. Cambridge, USA: CABI Publishing, 2007: 395-429.
- [26] 武松,潘发明. SPSS 统计分析大全 [M]. 北京:清华大学出版社,2014:42-60.
- [27] SVEINN STEINARSSON. Downsampling time series for visual representation [D]. Reykjavik: University of Iceland, 2013.
- [28] DING M Y, MENG K K, FAN Q, et al. Development and validation of EST-SSR markers for *Fokienia hodginsii* (Cupressaceae) [J]. Applications in Plant Sciences, 2017, 5(3): 1600152.
- [29] 李茂,邓伦秀,姜运力,等.贵州习水自然保护区福建柏群落组成及结构研究[J].西北林学院学报,2013,28(1):46-50.
LI M, DENG L X, JIANG Y L, et al. Community composition and structure of *Fokienia hodginsii* community in Xishui Nature Reserve in Guizhou [J]. Journal of Northwest Forestry University, 2013, 28(1): 46-50. (in Chinese)