

思茅松无性系种子园半同胞子代遗传测定研究

薛必猛¹, 姜远标², 李根前^{3*}

(1. 云南云投生态环境科技股份有限公司, 云南昆明 650217; 2. 云南省林业科学院, 云南昆明 650204; 3. 西南林业大学, 云南昆明 650224)

摘要 [目的]研究思茅松无性系种子园半同胞子代遗传测定。[方法]对4年生子代测定林各生长性状进行方差分析和多重比较。[结果]树高、胸径、材积的家系间差异均达极显著水平, 家系内差异不显著。平均树高家系遗传力为0.497, 平均单株遗传力为0.128; 平均胸径家系遗传力为0.599, 平均单株遗传力为0.190。家系间树高、胸径遗传力中等以上, 说明其变异主要受遗传控制。家系内遗传力较低, 说明家系内变异受遗传控制影响较小。家系间树高、胸径、材积性状差异达显著和极显著水平。不同家系间平均树高变异较大, 为4.4~6.6 m; 平均胸径总体差异较小, 为6.7~11.0 cm; 平均单株材积差异较小, 为0.0103~0.035 0 m³, 不同家系间的胸径生长量较树高生长量和单株材积生长量差异大。树高和胸径的遗传增益分别为10.670%和25.050%。[结论]采用思茅松无性系种子园良种造林具有较好的增产效果。

关键词 思茅松; 无性系种子园; 子代测定; 家系; 遗传力; 遗传增益

中图分类号 S718.46 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2018)21-0129-04

Study on Half-sib Genetic Testing of Clonal Seed Orchard of *Pinus kesiya* var. *langbianensis*

XUE Bi-meng¹, JIANG Yuan-biao², LI Gen-qian³ (1. Yunnan Yuntou Ecology and Environment Technology Co., Ltd., Kunming, Yunnan 650217; 2. Yunnan Academy of Forestry, Kunming, Yunnan 650204; 3. Southwest Forestry University, Kunming, Yunnan 650224)

Abstract [Objective] To study half-sib genetic testing of clonal seed orchard of *Pinus kesiya* var. *langbianensis*. [Method] The variance analysis and multiple comparison of growth characters of four-year-old forest were conducted. [Result] The difference in height, chest diameter and volume of trees among families was very significant, but not in families. The average genetic strength of the family with chest diameter was 0.599, and the average genetic strength of single plant was 0.190. The genetic strength of interfamily tree height and chest diameter was above medium, indicating that its variation was mainly controlled by heredity. The low heritability in the family indicated that the variation in the family was less affected by genetic control. The multiple comparison result showed that there was significant difference of the height, and breast diameter, the timber volume. Between different families the average height variation was big, and the range of variation was 4.4-6.6 m; The average chest diameter, the overall growth difference was small, and range of variation was 6.7-11.0 cm; The average single mass-accretion difference was small, range of variation was 0.0103-0.035 0 m³. The growth of chest diameter between different families was higher than that of trees and the growth of individual trees was greater. The genetic gains of tree height and chest diameter were 10.670% and 25.050%, respectively. [Conclusion] The improved afforestation of the clone seed garden of simao pines has a high yield increase effect.

Key words *Pinus kesiya* var. *langbianensis*; Clonal seed orchard; Progeny test; Families; Genetic gain; Heritability

思茅松 (*Pinus kesiya* var. *langbianensis* (A. Chev.) Gausen) 是卡西亚松 (*P. kesiya* Koyle ex Gordon) 的一个地理变种, 分布于印度东部、缅甸、泰国、老挝等国, 在我国大面积集中分布于云南哀牢山和无量山之间海拔 1 100~1 800 m 亚热带地区及热带山地, 目前云南思茅松森林面积 10 215 万 hm², 立木蓄积量 1 001 111 万 m³, 松香年蓄储量 1 115 万 t, 在云南省林业产业中占有重要地位^[1-2]。思茅松无性系种子园的建立对提高原料林基地建设良种化程度和提高单位林地面积木材产量具有重要作用。笔者开展思茅松无性系种子园半同胞子代遗传测定, 以期评价种子园的遗传品质提供参考。

1 材料与方

1.1 试验地概况 思茅松无性系子代测定设置在景谷县景永公路 29 km 文朗村, 位于 100°32'52.8" E、23°29'55.4" N, 海拔 1 569 m, 属亚热带半湿润季风气候, 干湿季明显, 雨热同季, 冬春少雨, 80% 降雨集中在 6—9 月, 年降雨量 1 300~1 400 mm, 年平均相对湿度 79%; 气温年较差小, 日较差大, 日照充足, 偶有轻霜, 年平均气温 17.2 °C, ≥10 °C 的活动积温 6 000 °C 左右。西南坡向, 土壤为赤红壤, 土层厚大于 1

m, A+AB 层厚度大于 40 cm, 土壤质地良好, 较松, 土壤肥力中上等, 为思茅松采伐迹地。

1.2 试验材料 思茅松无性系子代测定材料来源于景谷思茅松无性系种子园。

1.3 试验方法 2005 年从该种子园收集的 100 个无性系采集种子育苗, 对出苗较多的 46 个家系进行子代测定, 以商品种子苗造林作为对照, 采用随机区组设计, 设 3 个重复, 每个小区株数为 10~16 株, 株行距为 2 m × 2 m, 密度为 2 505 株/hm², 于 2006 年雨季定植, 造林后加强抚育管理。

1.4 调查统计分析方法 2010 年 10 月对每个小区抽样调查 5 株 4 年生思茅松的树高和胸径。单株材积计算采用宋永俊^[3]的思茅松人工林二元单株材积模型:

$$V = 0.000064053 \times D^{1.9571683} \times H^{0.87163566}$$

式中, V 为单株材积, D 为胸径, H 为树高。

数据统计分析采用 Excel 2007 和浙江大学开发的 DPS7.05 统计软件进行方差分析、遗传力和遗传增益等遗传参数的估算。

1.4.1 方差分析及遗传力估计。 随机区组设计的自由授粉家系子代测定林, 各因子家系间方差分析采用线性固定模型, 各方分量关系见表 1^[4], 计算公式^[5]:

$$Y_{ijk} = \mu + B_i + F_j + BF_{ij} + e_{ijk}$$

式中, Y_{ijk} 表示第 i 个区组第 j 个家系的第 k 个观测值; μ 表示总体平均值; B_i 表示区组, 区组个数为 b ; F_j 表示家系, 家系

作者简介 薛必猛 (1977—), 男, 云南宣威人, 工程师, 硕士, 从事森林资源培育研究。* 通讯作者, 教授, 博士, 博士生导师, 从事森林资源培育研究。

收稿日期 2018-04-02

个数为 f ; BF_{ij} 为家系与区组间的交互作用; 小区株数为 n, e_{ijk} 表示误差。

性状的单株遗传力和家系遗传力采用下列公式计算^[5-6]:

$$h_i^2 = \sigma_A^2 / \sigma_p^2 = 4\sigma_f^2 / (\sigma_e^2 + \sigma_{\beta}^2 + \sigma_f^2) = 1 - 1/F$$

$$h_f^2 = \sigma_f^2 / (\sigma_e^2 / n_h b + \sigma_{\beta}^2 / b + \sigma_f^2)$$

式中, h_i^2 表示单株遗传力; h_f^2 表示家系遗传力; $\sigma_f^2, \sigma_e^2, \sigma_{\beta}^2$ 分别表示家系、环境和区组×家系的方差分量; n_h 表示小区株数。家系方差(σ_f^2)可以解释为家系内单株间的协方差, 等于加性遗传方差(σ_A^2)的 $1/4$ ^[7]:

$$\sigma_f^2 = 1/4 \sigma_A^2$$

表1 自由授粉子代测定随机区组设计的方差分析

Table 1 Analysis of variance of random area group design for free pollination assay

变异来源 Sources of variation	df	苗高 Seedling height		
		SS	MS	F
家系间 The family room	df_1	SS_1	$MS_1 = SS_1 / df_1$	MS_1 / MS_e
家系内 Within the family	df_r	SS_r	$MS_r = SS_r / df_r$	
误差 Error	df_e	SS_e	$MS_e = SS_e / df_e$	
总和 Total	df_T	SS_T		

1.4.2 变异系数。性状的遗传变异系数和表型变异系数采用下列公式计算:

$$CV = \sqrt{\sigma_f^2} / \bar{X} \times 100\%$$

式中, CV 表示变异系数; σ_f^2 表示表型方差; \bar{X} 表示性状的总平均值。

1.4.3 遗传增益。选择响应的计算公式^[5]:

$$R = i\sigma_p h^2 = h_i \sigma_A$$

式中, i 为选择强度。

遗传增益的计算公式:

$$C = (R/\bar{X}) \times 100 = (h_i \sigma_A / \bar{X}) \times 100\%$$

2 结果与分析

2.1 子代测定林生长性状差异

2.1.1 子代测定林调查数据统计。树高、胸径生长量是衡量测定林生长状况的重要因子, 以 46 个家系为研究对象, 进行不同家系 4 年生树高、胸径生长量统计。从表 2 可以看出, 平均生长量看, 树高平均生长量 4 号家系最大, 2 号家系最小, 为 4.37~6.60 m; 胸径平均生长量以 41 号家系最大, 85 号家系最小, 为 6.7~11.0 cm。变异系数看, 树高平均变异系

表2 思茅松家系树高、胸径平均值和变异系数

Table 2 Tree height, chest diameter, coefficient of variation of *Pinus kesiya var. langbianensis* A. (Chev) Gausson

家系号 No.	胸径//cm							树高//m						
	平均 Average	标准 误差 Standard error	标准差 Standard deviation	方差 Variance	最小值 Minimum value	最大值 Maximum value	变异系数 Coefficient of variation %	平均 Average	标准 误差 Standard error	标准差 Standard deviation	方差 Variance	最小值 Minimum value	最大值 Maximum value	变异系数 Coefficient of variation %
1	9.20	0.93	1.60	2.57	7.55	10.75	27.91	6.02	0.21	0.37	0.14	5.60	6.30	2.26
2	7.15	1.24	2.15	4.64	4.70	8.75	64.93	4.37	0.62	1.08	1.16	3.15	5.20	26.58
4	10.58	1.06	1.83	3.36	8.85	12.50	31.71	6.60	0.23	0.40	0.16	6.20	7.00	2.42
5	8.03	0.29	0.50	0.25	7.55	8.55	3.12	5.25	0.50	0.87	0.76	4.65	6.25	14.48
6	7.52	0.67	1.16	1.34	6.45	8.75	17.87	4.87	0.35	0.60	0.36	4.25	5.45	7.41
7	7.85	0.09	0.15	0.02	7.70	8.00	0.29	5.00	0.20	0.35	0.12	4.65	5.35	2.45
10	7.65	0.65	1.13	1.28	6.40	8.60	16.70	4.70	0.05	0.09	0.01	4.60	4.75	0.16
13	9.32	0.29	0.50	0.25	8.75	9.70	2.69	6.30	0.17	0.30	0.09	6.00	6.60	1.43
14	6.92	0.47	0.82	0.68	6.30	7.85	9.77	4.42	0.19	0.32	0.10	4.05	4.65	2.34
15	7.48	0.75	1.30	1.69	6.15	8.75	22.63	4.82	0.23	0.40	0.16	4.45	5.25	3.39
16	7.48	1.13	1.96	3.86	5.40	9.30	51.53	4.85	0.40	0.70	0.49	4.05	5.35	10.10
18	7.93	0.52	0.90	0.81	7.00	8.80	10.25	5.93	0.27	0.47	0.22	5.40	6.30	3.76
19	7.97	0.49	0.85	0.72	7.10	8.80	9.08	5.43	0.65	1.13	1.27	4.35	6.60	23.39
20	8.63	0.66	1.14	1.29	7.70	9.90	14.98	5.70	0.12	0.20	0.04	5.50	5.90	0.70
21	7.50	0.42	0.72	0.52	6.70	8.10	6.93	5.55	0.15	0.26	0.07	5.40	5.85	1.22
22	9.20	0.35	0.60	0.36	8.60	9.80	3.91	6.00	0.06	0.10	0.01	5.90	6.10	0.17
23	7.63	0.13	0.23	0.05	7.40	7.85	0.67	4.90	0.13	0.23	0.05	4.65	5.10	1.07
24	7.85	0.52	0.90	0.81	6.95	8.75	10.32	5.38	0.49	0.85	0.73	4.50	6.20	13.48
26	7.88	0.50	0.86	0.74	7.20	8.85	9.40	5.22	0.08	0.14	0.02	5.05	5.30	0.40
27	7.88	0.62	1.08	1.17	6.75	8.90	14.79	4.87	0.07	0.12	0.01	4.80	5.00	0.27
28	10.67	0.29	0.50	0.25	10.20	11.20	2.38	5.83	0.24	0.42	0.17	5.50	6.30	2.97
29	7.02	0.40	0.69	0.48	6.50	7.80	6.78	5.32	0.71	1.23	1.51	4.35	6.70	28.42
30	7.12	0.49	0.85	0.73	6.30	8.00	10.20	5.42	0.14	0.24	0.06	5.15	5.60	1.03
32	7.43	0.84	1.46	2.12	6.40	9.10	28.57	5.20	0.33	0.57	0.32	4.55	5.60	6.20
33	6.87	0.06	0.10	0.01	6.75	6.95	0.16	4.50	0.09	0.15	0.02	4.35	4.65	0.50
34	7.00	0.05	0.09	0.01	6.95	7.10	0.11	5.05	0.29	0.50	0.25	4.55	5.55	4.95
35	7.20	0.38	0.65	0.42	6.80	7.95	5.87	4.78	0.20	0.34	0.12	4.40	5.05	2.42
39	10.53	0.97	1.68	2.81	8.60	11.60	26.71	6.40	0.40	0.70	0.49	5.90	7.20	7.66
41	11.00	0.81	1.41	1.99	9.70	12.50	18.09	6.20	0.25	0.44	0.19	5.90	6.70	3.06
42	7.08	1.45	2.50	6.27	4.30	9.15	88.46	4.78	0.78	1.35	1.83	3.30	5.95	38.28
47	6.80	0.95	1.65	2.71	5.50	8.65	39.82	4.65	0.62	1.07	1.14	3.45	5.50	24.57
50	8.47	0.49	0.85	0.72	7.75	9.40	8.45	5.12	0.14	0.24	0.06	4.85	5.30	1.09
53	7.13	0.32	0.56	0.32	6.65	7.75	4.43	5.28	0.46	0.80	0.64	4.75	6.20	12.03
54	7.50	0.48	0.83	0.68	6.65	8.30	9.10	5.17	0.12	0.21	0.04	5.00	5.40	0.84
56	9.37	0.31	0.53	0.28	8.80	9.85	3.00	5.47	0.16	0.28	0.08	5.20	5.75	1.39
57	7.14	0.86	1.49	2.22	5.70	8.68	31.07	5.28	0.09	0.16	0.03	5.10	5.43	0.51

接下表

续表 2

家系号 No.	胸径//cm							树高//m						
	平均 Average	标准 误差 Standard error	标准差 Standard deviation	方差 Variance	最小值 Minimum value	最大值 Maximum value	变异系数 Coefficient of variation %	平均 Average	标准 误差 Standard error	标准差 Standard deviation	方差 Variance	最小值 Minimum value	最大值 Maximum value	变异系数 Coefficient of variation %
58	9.10	0.76	1.32	1.75	8.10	10.60	19.23	5.60	0.06	0.10	0.01	5.50	5.70	0.18
60	6.81	1.03	1.78	3.17	4.75	7.87	46.58	4.60	0.66	1.14	1.29	3.30	5.40	28.04
61	8.85	0.07	0.13	0.02	8.76	9.00	0.19	5.80	0.45	0.78	0.61	5.34	6.70	10.56
62	7.49	0.48	0.83	0.68	6.55	8.10	9.11	4.90	0.25	0.44	0.19	4.60	5.40	3.88
64	8.29	0.73	1.27	1.61	6.95	9.48	19.45	5.61	0.58	1.00	1.01	4.45	6.23	17.97
70	8.28	0.78	1.35	1.82	7.10	9.75	21.92	5.14	0.51	0.88	0.77	4.55	6.15	14.90
73	7.10	0.23	0.39	0.15	6.80	7.54	2.16	4.94	0.21	0.37	0.14	4.56	5.30	2.78
75	8.00	1.17	2.02	4.09	6.15	10.16	51.09	5.19	0.76	1.31	1.72	4.15	6.66	33.12
77	8.02	0.79	1.36	1.85	6.45	8.90	23.09	5.02	0.24	0.42	0.17	4.55	5.35	3.46
85	6.70	0.77	1.33	1.76	5.35	8.00	26.23	4.53	0.58	1.01	1.03	3.40	5.35	22.63
CK	8.08	0.68	1.19	1.41	7.00	9.35	17.39	5.08	0.25	0.43	0.18	4.60	5.40	3.56

数(8.39%)较胸径变异系数(18.70%)小,说明树高生长差异较胸径生长差异小。

2.1.2 多重比较。从表 3 可以看出,家系间树高、胸径、材积性状差异达显著和极显著水平。从树高看,不同家系间平均树高生长变异较大,为 4.4~6.6 m;从胸径看,总体生长差异较小,为 6.7~11.0 cm;平均单株材积生长差异较小,为 0.010 3~0.035 0 m³,不同家系间胸径生长量较树高生长量和单株材积生长量差异大。树高、胸径和单株材积均高于对照的有 12 个家系,分别为 41 号、39 号、28 号、13 号、1 号、22 号、56 号、58 号、61 号、20 号、64 号、70 号。

2.2 家系间生长性状方差分析和遗传力估计 由表 4 可知,不同家系 4 年生树高、胸径、材积差异均达极显著水平,家系内差异不显著。平均树高家系遗传力为 0.497,平均单株遗传力为 0.128;平均家系胸径遗传力为 0.599,平均单株遗传力为 0.190。家系间树高、胸径遗传力中等以上,说明其变异主要受遗传控制^[8]。家系内遗传力较低,说明家系内变异受遗传控制影响较小。

2.3 遗传增益估算 在遗传育种中,遗传增益的大小,不仅取决于性状的遗传力和群体的表型方差,还与选择强度有关。从种子园 100 个无性系中选择 46 个家系进行子代测定,即选择比率为 0.46,查不同入选率(p)选择强度值表(群体>50)得选择强度 $i=0.86$ ^[4]。由表 5 可知,思茅松无性系种子园 4 年生子代测定林树高和胸径的遗传增益分别为 10.670%和 25.050%,说明采用思茅松无性系种子园的良好造林具有较好的增产效果。

3 结论

该研究通过对 4 年生思茅松无性系种子园半同胞子代测定林各生长性状进行方差分析和多重比较。结果表明,思茅松无性系不同家系间树高、胸径的差异均达极显著水平,树高和胸径的家系遗传力分别为 0.497 和 0.599,家系遗传力中等以上,说明其家系间的生长变异主要受遗传控制,树高和胸径的单株遗传力分别为 0.128 和 0.190,单株遗传力较低,说明家系内的生长变异受遗传控制影响较小。4 年生子代测定林树高和胸径的遗传增益分别为 10.670%和 25.050%,说明采用思茅松无性系种子园的良好造林具有较好的增产效果。

表 3 家系间树高、胸径和材积生长量比重比较

Table 3 Multiple comparisons on height, breast diameter and volume of different families

家系号 No.	树高 Tree height m	家系号 No.	胸径 Diameter at breast height//cm	家系号 No.	材积 Volume m ³
3	6.60 aA	41	11.0 aA	41	0.035 0 aA
39	6.40 abA	28	10.7 abAB	4	0.034 6 aAB
13	6.30 abA	3	10.6 abcAB	39	0.033 2 abABC
41	6.20 abA	39	10.5 abcdAB	28	0.030 6 abcBCD
1	6.03 abA	56	9.4 abcdeAB	13	0.025 2 abcdBCD
22	6.00 abA	13	9.3 abcdeAB	1	0.024 2 abcdBCD
18	5.93 abA	1	9.2 abcdeAB	22	0.023 5 abcdBCD
28	5.83 abA	22	9.2 abcdeAB	56	0.022 5 abcdBCD
61	5.80 abA	58	9.1 abcdeAB	58	0.022 0 abcdBCD
20	5.70 abA	61	8.9 abcdeAB	61	0.021 1 abcdBCD
64	5.63 abA	20	8.6 abcdeAB	20	0.020 1 abcdBCD
58	5.60 abA	50	8.5 abcdeAB	64	0.018 8 abcdBCD
21	5.57 abA	64	8.3 abcdeAB	75	0.017 5 bcdBCD
56	5.50 abA	70	8.3 abcdeAB	70	0.017 5 bcdBCD
19	5.47 abA	ck	8.1 abcdeAB	50	0.017 4 bcdBCD
30	5.43 abA	5	8.1 abcdeAB	18	0.017 4 bcdBCD
24	5.40 abA	77	8.0 abcdeAB	19	0.016 8 bcdBCD
29	5.33 abA	75	8.0 abcdeAB	5	0.016 3 bcdBCD
53	5.30 abA	19	8.0 abcdeAB	CK	0.016 0 cdBCD
5	5.30 abA	18	7.9 abcdeAB	77	0.015 9 cdBCD
57	5.27 abA	27	7.9 abcdeAB	24	0.015 7 cdBCD
26	5.23 abA	24	7.9 abcdeAB	26	0.015 5 cdBCD
75	5.23 abA	26	7.9 abcdeAB	21	0.014 8 cdABCD
32	5.23 abA	7	7.9 abcdeAB	7	0.014 7 cdABCD
70	5.17 abA	10	7.7 abcdeAB	27	0.014 6 cdABCD
54	5.17 abA	23	7.7 abcdeAB	32	0.014 3 cdBCD
50	5.13 abA	6	7.6 abcdeAB	16	0.014 1 cdBCD
ck	5.10 abA	15	7.5 abcdeAB	54	0.013 9 cdBCD
34	5.10 abA	54	7.5 abcdeAB	23	0.013 7 cdCD
77	5.07 abA	21	7.5 abcdeAB	6	0.013 5 cdCD
7	5.03 abA	62	7.5 abcdeAB	10	0.013 5 cdCD
73	4.97 abA	16	7.5 abcdeAB	42	0.013 4 cdCD
23	4.93 abA	32	7.4 abcdeAB	15	0.013 4 cdCD
62	4.90 abA	35	7.2 bcdeAB	62	0.013 3 cdCD
6	4.90 abA	57	7.2 bcdeAB	57	0.013 2 cdCD
16	4.90 abA	53	7.2 bcdeAB	30	0.013 2 cdCD
27	4.87 abA	2	7.2 bcdeAB	53	0.013 0 cdCD
15	4.87 abA	30	7.1 bcdeAB	29	0.012 8 cdCD
42	4.80 abA	42	7.1 bcdeAB	2	0.012 3 cdCD
35	4.80 abA	73	7.1 bcdeAB	35	0.011 9 cdCD
10	4.73 abA	29	7.0 bcdeAB	73	0.011 9 cdCD
47	4.67 abA	34	7.0 bcdeAB	34	0.011 8 cdCD
60	4.60 abA	14	6.9 cdeAB	60	0.011 4 cdCD
85	4.57 abA	33	6.9 cdeAB	47	0.011 3 cdCD
33	4.53 abA	47	6.8 deAB	85	0.010 6 dD
14	4.47 abA	60	6.8 deAB	14	0.010 4 dD
2	4.40 ba	85	6.7 eB	33	0.010 3 dD

注:同列不同小写字母表示不同家系间差异显著($P<0.05$);不同大写字母表示不同家系间差异极显著($P<0.01$)

Note: Different lowercases in the same column stand for significant differences between different families at 0.05 level; Different capital letters in the same column stand for significant differences between different families at 0.01 level

表4 不同家系间树高、胸径、材积方差分析和遗传力估计

Table 4 ANOV and heritabilities assess of height, breast diameter and volume among different families

变异来源 Sources of variation	df	树高 Tree height					
		SS	MS	F	P	h_j^2	h_i^2
家系间 The family room	46	38.704 7	0.841 4	1.989	0.002 5	0.497	0.128
家系内 Within the family	94	39.773 3	0.423 1				
总和 Total	140	78.478 0					

变异来源 Sources of variation	胸径 Chest diameter				材积 Volume					
	SS	MS	F	P	h_j^2	h_i^2	SS	MS	F	P
家系间 The family room	162.942 7	3.542 2	2.494	0.000 1	0.599	0.190 0	0.005 4	0.000 1	3.384 0	0.000 1
家系内 Within the family	133.500 0	1.420 2				0.003 3	0.000 0			
总和 Total	296.442 7					0.008 7				

表5 生长性状遗传增益估算

Table 5 Genetic gain estimation of growth traits

项目 Items	估计公式 Variance	树高 Tree height	胸径 Chest diameter
环境方差 Environmental variance	$\sigma_e^2 = MS_r$	0.420	1.420
遗传方差 Genetic variance	$\sigma_j^2 = (MS_i - MS_r) / r$	0.140	0.710
表型方差 Phenotypic variance	$\sigma_p^2 = \sigma_e^2 + \sigma_j^2$	0.560	2.130
遗传力 Heritability	$h_j^2 = (MS_i - MS_r) / MS_i$	0.497	0.599
选择响应 Selection response	$R = i \sqrt{\sigma_j^2} \times h_j^i$	0.320	0.750
遗传增益 Selection gain	$\Delta G (\%) = R / \bar{X}$	10.670	25.050

参考文献

- [1] 中国科学院昆明植物研究所. 云南植物志: 第4卷[M]. 北京: 科学出版社, 1986:44-62.
- [2] 云南林科院思茅地区林科所思茅松优良林分选择课题组. 思茅松天然优良林分选择研究专题[J]. 云南林业科技, 1993(4):1-32.
- [3] 宋永俊. 思茅松人工林二元材积模型的编制[J]. 云南省林业调查规划设计, 1998(4):14-18.
- [4] 沈熙环. 林木育种学[M]. 北京: 中国林业出版社, 1990.
- [5] FALCONER D S. Introduction to quantitative genetics[M]. New York: Longman Scientific & Technical, 1989:438.
- [6] FALCONER D S, MACKAY TFC. 数量遗传学导论[M]. 储明星, 译. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [7] MATZIRIS D I. Genetic variation and realized genetic gain from Aleppo pine tree improvement[J]. Silvae genetica, 200, 49(1):5-10.
- [8] 余荣卓. 杉木种子园子代优良无性系测定及选择[J]. 福建林业科技, 2008, 35(1):17-20.

(上接第126页)

(2) 要保证人类的工业活动不会对野生黑棘鲷的洄游通道造成影响, 比如在修建大坝时候, 一定要考虑鱼类的洄游通道不被堵塞。

(3) 建立相关法律、法规禁止过度捕捞, 因为黑棘鲷具有一定的经济价值, 每年都有许多人对其进行过度捕捞, 政府应当加大对这些人的处罚力度, 使黑棘鲷的数目相对稳定。

(4) 加大对水体环境的保护, 避免将工业、生活废水直接排入海域, 这样会对野生黑棘鲷赖以生存的环境造成影响, 影响其产卵和孵化, 进而使其多样性慢慢降低, 可以通过社区宣讲、设立警示标语等方法。

参考文献

- [1] 朱德芬. 黑鲷人工养殖技术讲座——第一讲: 黑鲷生物学特性及增殖养殖概况[J]. 水产养殖, 1966, (1):30-32.
- [2] 施晓峰, 苏永权, 王文成, 等. 基于 mtDNA 控制区序列的 3 个黑棘鲷群体遗传结构特性研究[J]. 热带海洋学报, 2015, (1):56-63.
- [3] 刘焕章. 鱼类线粒体 DNA 控制区的结构与进化: 以鳊鲃鱼类为例[J]. 自然科学进展, 2002, (3):266-270.
- [4] 周发林, 江世贵, 苏天凤, 等. 6 种笛鲷属鱼类线粒体 16SrRNA 基因片段的序列比较[J]. 中国水产科学, 2004, 11(2):99-103.
- [5] 杨慧荣, 江世贵. 用 RAPD 技术探讨 5 种鲷科鱼类的亲缘关系[J]. 水产学报, 2006(4):469-474.
- [6] 林勉, 苗亮, 李明云, 等. 真鲷、黑鲷及其杂交子代的染色体构成与 AFLP 分析[J]. 海洋学报(中文版), 2014, 36(8):117-121.
- [7] 郭昱嵩, 王中铎, 刘楚吾, 等. 9 种常见笛鲷卫星位点筛选与遗传多样性分析[J]. 热带海洋学报, 2010, 29(3):82-86.
- [8] 夏德全, 王文君. 动物线粒体 DNA 研究及在鱼类种群遗传结构研究中的应用[J]. 水产学报, 1998, 22(4):364-370.
- [9] 张亚平, 施立明. 动物线粒体 DNA 多态性的研究概况[J]. 动物学研

- 究, 1992, 13(3):289-298.
- [10] 蒋钦杨, 杨学明, 郭亚芬, 等. 3 个不同群体罗氏沼虾线粒体 16SrRNA 基因序列分析及遗传差异[J]. 水产科学, 2005, 24(10):28-31.
- [11] 任岗, 章群, 钱开诚, 等. 12 种石鲈科鱼类线粒体 16S rRNA 基因的部分序列分析[J]. 热带海洋学报, 2007, 26(3):48-52.
- [12] 廖宝林, 肖宝华, 杨小东, 等. 基于线粒体 16SrRNA 基因的 14 种造礁石珊瑚系统发育关系分析[J]. 广东海洋大学学报, 2016, 36(4):23-29.
- [13] 张永, 马春艳, 马凌波, 等. 基于 16SrRNA 部分序列探讨中国近海十三种石首鱼类的分子系统进化关系[J]. 海洋渔业, 2010, 32(3):276-282.
- [14] 胡则辉, 柴学军, 王跃斌, 等. 基于线粒体 16SrRNA 和 COI 基因序列比较分析日本黄姑鱼与鲈状黄姑鱼群体遗传多样性[J]. 海洋渔业, 2010, 32(3):276-282.
- [15] 刘萍, 段亚飞, 毛智超, 李吉涛, 高保全, 李健. 中华虎头蟹线粒体 16S rRNA 和 COI 基因的序列比较及其系统进化分析[J]. 水产学报, 2013, 37(10):1441-1451.
- [16] 杨学明, 黄光华, 蒋钦杨, 等. 罗氏沼虾不同群体线粒体 16SrRNA 基因的序列变异及其保守性分析[J]. 西南农业学报, 2007, 20(6):1373-1376.
- [17] 高天翔, 陈省平, 韩志强, 等. 大银鱼和小齿日本银鱼线粒体细胞色素 b 和 16SrRNA 基因部分序列分析[J]. 中国海洋大学学报, 2004, 34(5):791-794.
- [18] 曹艳. 基于线粒体控制区序列的中国沿海 3 种鲷科鱼类遗传多样性分析[D]. 广州: 暨南大学, 2016.
- [19] 赵爽, 章群, 乐小亮, 等. 中国近海 5 个黑鲷地理群体的遗传变异[J]. 海洋科学, 2010, 34(2):75-79.
- [20] 张志红. 文昌鱼微卫星标记的筛选及其遗传多样性与保护策略的研究[D]. 厦门: 集美大学, 2011.
- [21] 常抗美, 李焕, 吕振明, 等. 中国沿海 7 个长蛸群体 COI 基因的遗传变异研究[J]. 海洋与湖沼, 2010, 41(3):307-314.
- [22] TAJIMA F. Statistical Method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism[J]. Genetics, 1989, 123(3):585-595.