北京林业大学学报
JOURNAL OF BEIJING FORESTRY UNIVERSITY

基于BLUP–GGE双标图的白桦子代多地点速生性及稳定性分析

文浩雨 张杰 李慧玉 高彩球 王超 张庆祝 姜静 刘桂丰

Analysis of fast-growing and stability characteristics of *Betula platyphylla* progeny at multiple locations based on BLUP-GGE biplot

Wen Haoyu, Zhang Jie, Li Huiyu, Gao Caiqiu, Wang Chao, Zhang Qingzhu, Jiang Jing, Liu Guifeng

引用本文:
文浩雨, 张杰, 李慧玉, 高彩球, 王超, 张庆祝, 姜静, 刘桂丰. 基于BLUP–GGE双标图的白桦子代多地点速生性及稳定性分析[J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(10):53–62. doi: 10.12171/j.1000–1522.20240010
Wen Haoyu, Zhang Jie, Li Huiyu, Gao Caiqiu, Wang Chao, Zhang Qingzhu, Jiang Jing, Liu Guifeng. Analysis of fast–growing and stability characteristics of *Betula platyphylla* progeny at multiple locations based on BLUP–GGE biplot[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(10):53–62. doi: 10.12171/j.1000–1522.20240010

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240010

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

转*BpGH3.5*基因白桦优良株系选择

Selection of elite transgenic lines of *BpGH3.5* in *Betula platyphylla*

北京林业大学学报, 2019, 41(9): 81–89. https://doi.org/10.13332/j.1000–1522.20180434

转*BpCCR1*基因白桦生长适应性分析及优良株系选择

Growth adaptability analysis of *BpCCR1* transgenic *Betula platyphylla* and selection of elite lines

北京林业大学学报, 2022, 44(7): 52–62. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20200264

内蒙古大兴安岭林区白桦天然林单木胸径生长模型构建

Construction of individual tree DBH growth models for natural *Betula platyphylla* forests in Daxing’an Mountains, Inner Mongolia of northern China

北京林业大学学报, 2024, 46(8): 101–110. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20230086

转*BpCCR1*正义链及反义链对7年生盆栽白桦木质素的影响及优良株系选择

Effects of transgenic sense and antisense of *BpCCR1* on 7–year–old potted birch and selection of excellent lines

北京林业大学学报, 2019, 41(6): 86–95. https://doi.org/10.13332/j.1000–1522.20180412

白桦*BpTCP2*基因的克隆及表达特性分析

Cloning and expression characteristics analysis of *BpTCP2* gene in *Betula platyphylla*

北京林业大学学报, 2019, 41(8): 57–66. https://doi.org/10.13332/j.1000–1522.20180430

白桦*BpPAT1*基因的表达模式及耐盐性分析

Expression patterns and salt tolerance analysis of *BpPAT1* gene in *Betula platyphylla*

北京林业大学学报, 2021, 43(10): 18–27. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20200302

DOI:10.12171/j.1000−1522.20240010

基于 BLUP-GGE 双标图的白桦子代多地点速生性及稳定性分析

文浩雨 张 杰 李慧玉 高彩球 王 超 张庆祝 姜 静 刘桂丰
（东北林业大学林木遗传育种全国重点实验室，黑龙江 哈尔滨 150040）

摘要:【目的】通过白桦子代多地点试验，分析其速生性和稳定性，筛选出优良家系，为种子园的改建和重建提供科学依据。**【方法】**以 3 个试验点的 8 年生白桦半同胞家系子代试验林为研究对象，调查其树高、胸径、材积、通直度、保存率性状，采用 R 语言中的 ASReml-R4.0 软件包，拟合具有异质方差的混合线性模型，通过最佳线性无偏预测法（BLUP）获得不同试验点各家系的综合育种值，并结合 GGE 双标图对各参试点和家系进行综合评价及选择。**【结果】**（1）以地点为固定效应的混合线性模型分析中，白桦半同胞家系子代的 5 个性状在地点间、家系间、以及地点 × 家系的互作间的差异均达到显著水平（$P < 0.05$, Z ratio > 1.5）。（2）基于各家系综合育种值的 GGE 双标图显示，尚志试验点的区分度和代表性均最优，庆安和尚志试验点的相关性最强，永吉与尚志试验点几乎不相关、与庆安试验点负相关。（3）16 号和 15 号白桦家系的速生性最优，4 号和 32 号白桦家系的稳定性最强。基于各家系速生性和稳定性的综合性状排序，按 20% 的入选率共选出 16 号、40 号、15 号和 38 号 4 个优良家系。**【结论】**白桦半同胞家系在不同试验地点的生长表现存在显著差异，同一试验地点内不同家系之间的生长表现也存在差异。基因型（家系）与环境（地点）的交互作用对白桦的生长有显著影响。依据各家系速生性及稳定性综合性状，选出 16 号、40 号、15 号和 38 号为白桦半同胞优良家系。

关键词：白桦；线性混合模型；育种值；GGE 双标图；优良家系选择
中图分类号：S792.153 **文献标志码：**A **文章编号：**1000−1522(2024)10−0053−10
引文格式：文浩雨，张杰，李慧玉，等. 基于 BLUP-GGE 双标图的白桦子代多地点速生性及稳定性分析［J］. 北京林业大学学报，2024，46(10)：53−62. Wen Haoyu, Zhang Jie, Li Huiyu, et al. Analysis of fast-growing and stability characteristics of *Betula platyphylla* progeny at multiple locations based on BLUP-GGE biplot［J］. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(10): 53−62.

Analysis of fast-growing and stability characteristics of *Betula platyphylla* progeny at multiple locations based on BLUP-GGE biplot

Wen Haoyu Zhang Jie Li Huiyu Gao Caiqiu Wang Chao Zhang Qingzhu
Jiang Jing Liu Guifeng
(Nation Key Laboratory of Forest Tree Genetic Breeding, Northeast Forestry University, Harbin 150040, Heilongjiang, China)

Abstract: ［**Objective**］Through multi-location trials of birch progeny, this paper analyzes their fast-growing and stability characteristics, selects excellent genotypes, and provides a scientific basis for renovation and reconstruction of seed orchard. ［**Method**］The study focused on the progeny test forest of 8-year-old half-sibling families of birch at three experimental sites. Traits such as tree height, DBH, wood volume, straightness, and survival rate were investigated. The ASReml-R4.0 software package in the R language was employed to fit a mixed linear model with heterogeneous variance. Breeding values for each

收稿日期: 2024−01−08 **修回日期:** 2024−03−18
基金项目: “十四五”国家重点研发计划（2021YFD2200304）。
第一作者: 文浩雨。主要研究方向：林木遗传育种。Email：wen_haoyu@163.com 地址：150040 黑龙江省哈尔滨市南岗区林兴街 6 号林木遗传育种全国重点实验室。
责任作者: 刘桂丰，博士，教授。主要研究方向：林木遗传育种。Email：liuguifeng@126.com 地址：同上。
本刊网址: http://j.bjfu.edu.cn；http://journal.bjfu.edu.cn

family at different trial locations were obtained through best linear unbiased prediction (BLUP). Additionally, a comprehensive evaluation and selection of trial sites and families were conducted using the GGE biplot method. [**Result**] (1) In the mixed linear model analysis with location as a fixed effect, differences in the offsprings of half-sib family lines of birch reached significant levels ($P < 0.05$, Z ratio > 1.5) for all five traits among locations, among family lines, and among location × family line interactions. (2) Based on BLUP values of each trait, the GGE biplot revealed that Shangzhi Trial Site had the optimal discrimination and representativeness. Qing'an and Shangzhi trial sites showed the strongest correlation, while Yongji was almost uncorrelated with Shangzhi and negatively correlated with Qing'an. (3) Progeny from birch family 16 and 15 exhibited the best fast-growing characteristics, and family 4 and 32 demonstrated the highest stability. Considering a comprehensive ranking based on stability and fast-growing characteristics of each family, four excellent families, including family 16, 40, 15, and 38 were selected with a 20% inclusion rate. [**Conclusion**] There are significant differences in growth performance of birch half-sibling families at different trial locations, and growth performance also varies among different families within the same trial location. The interaction between genotype (family) and environment (site) significantly influences the growth of birch. Based on comprehensive traits of stability and fast-growing for each family, family 16, 40, 15, and 38 have been selected as excellent half-sibling families of birch.

Key words: *Betula platyphylla*; linear mixed model; breeding values; GGE biplot; excellent family selection

白桦(*Betula platyphylla*)广泛分布于我国东北、华北、河南等 14 个省区[1]，其蓄积量达 10.33 亿 m^3，位列阔叶树种之首[2]。该树种木材坚硬，质地细白，既可作胶合板材，又可作工艺材和家具材等，也是建筑、枕木、矿柱的良好材料[3]。20 世纪 90 年代初，国家将白桦列为科技攻关树种，开展了良种选育及培育技术研究[4−6]。通过种源试验、优树子代测定等选择育种方法获得了 10 余个良种[7]。然而，前期选育的白桦良种仅是遗传改良途径的初级产品。在此基础上，要对白桦种子园家系子代开展多地点试验，评价其速生性和稳定性，进一步选择优良家系和种子园母树，为改建或重建种子园提供依据，进而生产遗传品质更高的良种。

目前，针对林木多点试验的表型性状分析的研究策略很多，其中 GGE 双标图被逐渐应用。GGE 双标图模型可同时评价基因型之间的相似性、试验点之间的相关性和基因型与试验点之间的相互作用，即基因型的一般适应性和特殊适应性[8]。GGE 法要求数据平衡、仅限固定效应模型和各地点误差同质等使用条件；而林木生长周期较长，不同试验点立地条件差异大，很难满足上述要求。因此，有研究者[8]提出 BLUP-GGE 联合分析法，即基于混合线性模型，通过最佳线性无偏预测法(best linear unbiased prediction，BLUP)估算育种值数据，再进行 GGE 双标图分析，其适用于林木的多环境试验分析，且相关研究证实，相对于表型均值，基于 BLUP-GGE 分析的预测结果更可靠，更适用于基因型稳定性和适应性的评价研究[9]。

本研究以在吉林省永吉县、黑龙江庆安县以及尚志市实验林场 3 个地点营建的白桦种子园家系子代试验林为研究对象，测定各家系树高、胸径、材积、通直度、保存率 5 个性状指标，通过使用 R 语言中的 ARSReml-R4.0 软件包拟合混合线性模型[10]，分析家系间的差异、家系与环境的互作效应，预估各家系性状育种值，采用 BLUP-GGE 联合分析法，评价各家系的速生性和稳定性，进而选择优良家系。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2004 年研究团队根据白桦生长及干型性状开展了不同组合的杂交，2007 年在杂种后代中选择速生及干型通直的优良单株分别定植于 4 个棚式种子园中。2013 年在 3 号种子园的 18 株母树上分别采集自由授粉后种子，2014 年 4 月末于温室中育苗，2015 年分别在黑龙江省庆安县新青山林场、尚志市帽儿山实验林场以及吉林省永吉县西阳林场营建子代测定林。试验按照完全随机区组设计，设 4 次重复，每个小区 20 株，双行排列，株行距 2 m × 2 m。各试验点环境条件见表 1。

1.2 研究方法

1.2.1 性状调查

2022 年秋季对永吉、庆安、尚志 3 个地点的子代试验林进行每木调查。用胸径尺测量胸径(D)，用塔尺测量树高(H)，单株材积(V)根据白桦立木材积公式[11]计算

$$V = 0.000\,051\,935\,163 D^{1.858\,688\,4} H^{1.003\,894\,1}$$

表 1　各试验地点环境概况

Tab. 1　Environmental overview of each test site

试验地点 Test site	经度 Longitude	纬度 Latitude	海拔 Altitude/m	年均温 Annual mean temperature/℃	年均降水量 Annual mean precipitation/mm	夏季平均温度 Summer average temperature/℃	冬季平均温度 Winter average temperature/℃	无霜期 Number of frost-free days/d	土壤类型 Soil type	pH
庆安 Qing'an	127°30′E	46°52′N	190	1.7	634	23.1	−20.7	128	黑钙土 Chernozem	6.3
尚志 Shangzhi	127°36′E	45°20′N	691	2.4	740	21.1	−18.3	125	暗棕壤 Dark brown soil	6.5
永吉 Yongji	126°32′E	43°40′N	348	4.1	701	23.8	−15.8	135	暗棕壤 Dark brown soil	6.9

树木的通直度分为极弯曲、弯曲、一般、较通直、通直 5 个等级，分别计分为 1、2、3、4 和 5 分，分数越高，树木越通直。通直度得分经平方根处理再进行统计分析[12]。

保存率(p)按各区组内各家系的实际保存株数进行统计计算，为实际保存株数与区组栽植株数的百分比，进行方差分析时经反正弦函数转换，得到转换后的保存率(P_t)，计算公式为

$$P_t = \arcsin\left(\sqrt{\frac{p}{100}} \times \frac{180}{\pi}\right)$$

1.2.2　方差分析和育种值计算

由于 3 个地点误差均方不同质，使用 R 语言中的 ASReml-R 4.0 软件包，拟合具有异质方差的混合线性模型，获取各性状固定效应的自由度、差值平方和、Wald 值、P 值和随机效应的方差分量、标准误、Z ratio 值等相关参数[13]。利用 coef 函数从混合线性模型中预估各性状的育种值。

多点试验的混合线性模型[14]

$$Y_{ijkl} = \mu + L_i + B_j(L_i) + C_k + L_i \times C_k + e_{ijkl}$$

式中：Y_{ijkl}为第 i 个地点第 j 个区组第 k 个家系第 l 个个体的生长性状测定值；μ为总体平均值；L_i为地点效应；$B_j(L_i)$为区组效应；C_k表示家系效应；$L_i \times C_k$为地点与家系交互效应；e_{ijkl}为误差。其中，地点效应为固定效应，区组、家系、家系与地点交互效应为随机效应。

1.2.3　多性状综合选择计算综合育种值

对优良家系的评选通常需要考虑多个性状。由于各性状的量纲不一，直接利用缺乏可比性。因此，利用隶属函数将各性状预估的育种值进行标准化处理，为了科学赋予各性状权重，运用主成分分析方法求算各性状的权重值，最后计算出各个家系在各个地点的综合育种值。

其中，隶属函数法计算公式[15]

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij} - Y_{j\min}}{Y_{j\max} - Y_{j\min}}$$

式中：Z_{ij}为 i 家系 j 性状标准后的育种值，X_{ij}为 i 家系 j 性状的育种值；$Y_{j\min}$和$Y_{j\max}$分别为 j 性状育种值的最小值和最大值。

通过主成分分析方法归一化处理后赋值β_j。提取特征值大于 1.00 的因子作为主成分，得到主成分的特征值、方差贡献率、累计方差贡献率及性状的矩阵成分值，并构建以下方程[16]。

$$\beta_j = \frac{\sum_{j=1}^{k}\left(\frac{\boldsymbol{C}_{jk}}{\sqrt{\boldsymbol{A}_k}} \times b_k\right)}{B}$$

式中：β_j为 j 性状的权重；$\boldsymbol{C}_{jk}$为 j 性状在第 k 矩阵成分上的值；$\boldsymbol{A}_k$为第 k 成分特征值；b_k为第 k 成分所占百分比；B 为累计百分比。

家系综合评价方程[7]

$$F_i = \sum_{j=1}^{n}\beta_j Z_{ij}$$

式中：F_i为 i 家系的综合育种值；Z_{ij}为 i 家系 j 性状标准化后的性状育种值。

1.2.4　GGE 双标图

基于 3 个试验点不同家系的综合育种值数据，运用 R 语言中的 GGE BiplotGUI 软件包绘制出不同试验地点和家系的 GGE 双标图。在进行参数设置时，将 Scaled 选项设为 0(表示非标准化)，将 Centered 选项设为 G + GE(基因型 + 基因型与环境互作)，并根据图形类型将 SVP 特征值选项设为 1 或 2[17−18]。

GGE 数学模型

$$y_{ij} - \bar{y}_{ij} = \lambda_1 \boldsymbol{\gamma}_{j1}\boldsymbol{\delta}_{i1} + \lambda_2 \boldsymbol{\gamma}_{j2}\boldsymbol{\delta}_{i2} + \varepsilon_{ij}$$

式中：y_{ij}为第 j 个基因型在第 i 个环境下的预测产量；$\bar{y}_{ij}$为所有基因型 j 在第 i 个环境的总体均值；λ_1和λ_2为第 1 个和第 2 个主成分的特征值；$\boldsymbol{\gamma}_{j1}$和$\boldsymbol{\gamma}_{j2}$为第 j 个基因型在第 1 个和第 2 个主成分的特征向量；$\boldsymbol{\delta}_{i1}$和$\boldsymbol{\delta}_{i2}$为第 i 个环境在第 1 个和第 2 个主成分的特征向量；ε_{ij}为剩余残差。

1.2.5　家系遗传力及遗传增益的估计

家系遗传力计算公式为[19]

$$h_F^2 = \frac{\sigma_F^2}{\frac{\sigma_E^2}{nmb} + \frac{\sigma_{BF}^2}{b} + \sigma_F^2}$$

式中：h_F^2为家系遗传力，σ_E^2为随机误差，σ_F^2为家系方差分量，σ_{BF}^2为家系和地点互作的方差分量，b 为地点个数，n 为小区株树，m 为区组个数。

遗传增益计算公式为[15]

$$G = \frac{h_F^2 S}{\overline{X}}$$

式中：G 为遗传增益，S 为家系性状平均值与全部参试家系性状平均值的差值，$\overline{X}$为性状群体均值。

2 结果与分析

2.1 家系生长性状的多地点联合分析及主要遗传参数

本研究采用异质性方差拟合混合线性模型，其中试验地点设为固定效应，区组、家系以及地点 × 家系的交互效应设为随机效应。固定效应分析结果（表 2）显示：树高、胸径、材积、通直度在统计学上达到了极显著差异水平（$P < 0.01$），保存率达到了显著差异水平（$P < 0.05$），这表明，白桦半同胞子代在很大程度上受到环境因素的影响，且 3 个试验地点之间存在显著的环境差异。

随机效应分析（表 3）显示：树高、胸径、材积、通直度、保存率等 5 个性状在家系之间以及在地点 × 家系的交互作用之间的差异均达到了显著水平（Z ratio > 1.5），说明白桦半同胞家系的各性状受到基因型和基因 × 环境的交互作用的显著影响。即不

表 2 白桦半同胞家系各性状线性混合模型的固定效应分析

Tab. 2 Fixed effect analysis of linear mixed models for various traits in half-sib families of birch

性状 Trait	效应变量 Effect variable	自由度 Df	差值平方和 Sum of squared difference	Wald	P
树高 Tree height	地点 Site	2	12.14	15.80	3.66×10^{-4} **
	残差 Residual		0.77		
胸径 DBH	地点 Site	2	129.26	59.49	1.21×10^{-13} **
	残差 Residual		2.17		
单株材积 Single plant volume	地点 Site	2	16.05×10^{-4}	41.47	9.91×10^{-10} **
	残差 Residual		3.90×10^{-5}		
通直度 Straightness	地点 Site	2	32.06	73.68	2.20×10^{-16} **
	残差 Residual		32.06		
保存率 Preservation rate	地点 Site	2	0.44	6.71	3.49×10^{-2} *
	残差 Residual		1.77×10^{-2}		

注：*表示差异显著（$P < 0.05$）；**表示差异极显著（$P < 0.01$）。Notes: * means significant difference at P<0.05 level; ** means extremely significant difference at P<0.01 level.

表 3 白桦半同胞家系各性状线性混合模型随机效应分析及遗传力计算

Tab. 3 Random effect analysis and heritability calculation of linear mixed models for various traits in half-sib families of birch

性状 Trait	效应变量 Effect variable	方差分量 Variance component	标准误 Stand error	Z ratio	遗传力 Heritability/%
树高 Tree height	区组 Block	2.76×10^{-2}	2.45×10^{-2}	1.13	62.81
	家系 Family	2.56×10^{-2}	0.91×10^{-2}	2.81*	
	地点 × 家系 Site × family	3.83×10^{-2}	1.57×10^{-2}	2.44*	
胸径 DBH	区组 Block	11.39×10^{-2}	9.91×10^{-2}	1.15	59.12
	家系 Family	1.67×10^{-2}	1.05×10^{-2}	1.59*	
	地点 × 家系 Site × family	10.27×10^{-2}	4.47×10^{-2}	2.30*	
单株材积 Single plant volume	区组 Block	1.78×10^{-6}	1.57×10^{-6}	1.14	51.34
	家系 Family	9.20×10^{-8}	5.13×10^{-8}	1.79*	
	地点 × 家系 Site × family	2.06×10^{-6}	8.55×10^{-7}	2.41*	
通直度 Straightness	区组 Block	3.16×10^{-2}	2.69×10^{-2}	1.17	24.46
	家系 Family	2.20×10^{-3}	0.14×10^{-2}	1.57*	
	地点 × 家系 Site × family	1.45×10^{-2}	0.73×10^{-2}	1.98*	
保存率 Preservation rate	区组 Block	0.03×10^{-2}	0.07×10^{-2}	0.45	73.89
	家系 Family	0.44×10^{-2}	0.29×10^{-2}	1.53*	
	地点 × 家系 Site × family	0.44×10^{-2}	0.28×10^{-2}	1.57*	

注：*表示差异显著（Z ratio > 1.5）。Notes: * means significant difference at Z ratio > 1.5 level.

同家系的各性状在同一试验地点内的差异显著，同一个家系的各性状在不同立地条件下的表现也各不相同。对 3 个试验地点各家系性状的综合遗传力的进行分析，发现除了通直度较低外，树高、胸径、单株材积及保存率的遗传力均在 51.34% ~ 73.89% 之间，属于中、高遗传水平。

2.2　优异家系选择

2.2.1　各试验地点优异家系选择

基于隶属函数对各家系性状的育种值标准化处理后，对各试验地点的参试家系进行主成分分析（表 4）。各试验点家系性状前 2 个主成分，累计贡献率分别达到 82.39%、81.28%、81.45%，说明所包含信息可以反映指标整体情况。根据主成分分析提取的两个主成分的成分矩阵和各自的方差贡献率，运用归一化方法计算得出各主成分的权重，代入方程从而得到各家系在各试验地点的综合育种值（表 5）。在各试验地点综合育种值排名的基础上，按 30% 入选率选择表现优异的家系。其中，庆安试验地点选入的优异家系包括 13、23、29、19 和 42 号家系；尚志试验地点为 16、29、28、13 和 15 号家系，永吉试

表 4　主成分分析结果

Tab. 4　Results of principal component analysis

因子 Factor	庆安 Qing'an			尚志 Shangzhi			永吉 Yongji		
	主成分1 PC1	主成分2 PC2	权重 Weight	主成分1 PC1	主成分2 PC2	权重 Weight	主成分1 PC1	主成分2 PC2	权重 Weight
树高 Tree height	0.68	0.12	0.21	0.64	0.67	0.30	0.84	0.27	0.29
胸径 DBH	0.90	0.01	0.25	0.93	−0.19	0.22	0.96	−0.10	0.28
单株材积 Single plant volume	0.98	0.02	0.28	0.96	0.06	0.27	0.99	−0.03	0.29
通直度 Straightness	0.27	0.87	0.24	−0.52	0.01	0.14	−0.34	0.71	0.13
保存率 Preservation rate	0.45	−0.78	0.02	−0.35	0.87	0.07	−0.18	−0.71	0.01
特征值 Eigenvalue	2.49	1.38		2.57	1.24		2.73	1.09	
贡献率 Contribution rate/%	54.84	27.55		56.43	24.85		59.65	21.80	
累计贡献率 Cumulative contribution rate/%	54.84	82.39		56.43	81.28		59.65	81.45	

表 5　各试验点各家系综合育种值排名

Tab. 5　Ranking of comprehensive breeding values for each experimental site and family line

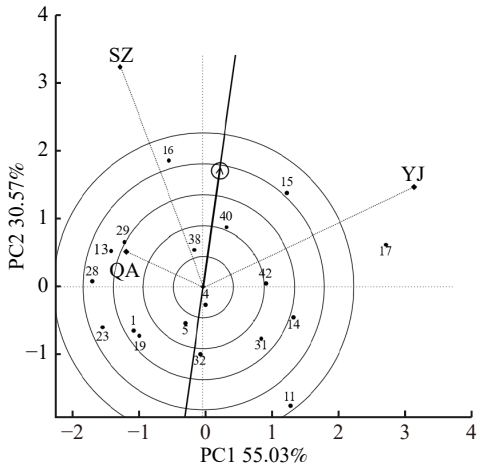
排名 Ranking	庆安Qing'an		尚志Shangzhi		永吉Yongji	
	家系 Family	综合育种值 Comprehensive breeding value	家系 Family	综合育种值 Comprehensive breeding value	家系 Family	综合育种值 Comprehensive breeding value
1	13	3.12	16	4.37	17	4.75
2	23	2.71	29	3.40	15	3.94
3	29	2.59	28	3.38	42	3.21
4	19	2.33	13	3.21	14	2.99
5	42	2.18	15	3.20	40	2.87
6	16	2.04	38	3.18	11	2.77
7	4	2.02	40	3.12	31	2.59
8	15	1.91	1	2.56	16	2.45
9	40	1.87	23	2.33	4	2.19
10	32	1.85	5	2.32	38	2.15
11	11	1.68	17	2.19	32	1.80
12	28	1.46	4	2.16	5	1.54
13	38	1.35	19	2.08	29	1.51
14	31	1.19	42	2.02	13	1.41
15	5	1.03	14	1.84	19	1.14
16	1	1.00	31	1.56	23	0.76
17	17	0.66	32	1.56	1	0.75
18	14	0.52	11	0.31	28	0.54

验地点为 17、15、42、14、和 40 号家系。

由上述结果可知，3 个试验点没有共同的被选入的优异家系，但在两个试验点之间存在共同入选的家系。其中，庆安与尚志试验地点共有的为 13 和 29 号家系，尚志与永吉试验地点共有的为 15 号，庆安与永吉共有 42 号家系。

2.2.2 不同试验地点的区分度和相关性

根据 18 个白桦家系在 3 个试验点的综合育种值，使用 R 语言 GGE Biplot GUI 程序包绘制以第 1 主成分(PC1)为 *x* 轴、第 2 主成分(PC2)为 *y* 轴的 GGE 双标图(图 1)。两个主成分(PC1 和 PC2)的方差解释百分比之和为 85.60%，表明基于该图的分析结果具有可靠性。该图既可分析不同试验地点的区分度和代表性，也可分析试验地点间的相关性。由图中心到各试验地点的连线长短代表了区分度，即线段越长，区分度越大。尚志(SZ)试验地点的线段最长，说明该试验地点的区分度最大，永吉(YJ)次之，庆安(QA)的区分度最小(图 1)。



SZ. 尚志；YJ. 永吉；QA. 庆安。数字代表 18 个家系。下同。SZ, Shangzhi; YJ, Yongji; QA, Qing'an. The numbers represent 18 families. The same below.

图 1 试验地点的区分度、代表性及相关性

Fig. 1 Differentiation, representativeness, and correlation of experimental sites

各试验地点线段与平均环境轴(图 1 中带箭头射线)的夹角表示目标环境的代表性，即夹角越小，代表性越强。如果夹角为钝角，则代表该试验地点选择的不适合。图 1 显示：尚志(SZ)试验点的代表性最强，其与平均环境的夹角最小，永吉(YJ)次之，庆安(QA)的夹角最大。

进一步，对 3 个试验地点的相关性进行分析。GGE 双标图以各试验地点向量之间夹角余弦值作为试验点间遗传相关系数，当夹角小于 90°时为正相关，夹角越小，则相关性越大，而大于 90°时则为负相关。研究结果(图 1)表明，尚志(SZ)与庆安(QA)的相关性最强，说明这两个试验地点的家系排序大体相似。永吉(YJ)与尚志(SZ)试验地点几乎不相关，与庆安(QA)负相关，说明参试家系在永吉(YJ)的排序与其他两个地点的排序相差较大。

2.2.3 试验地点分组

GGE 双标图通过将最外围的基因型相连形成一个多边形，利用多边形每条边上通过原点的垂线，对试验地点进行分组。图 2 显示，3 个试验地点被分为了 3 组，说明每个试验地点的基因型表现和环境条件都与其他试验地点存在显著差异。庆安(QA)落在以 13 号、28 号家系为顶点的扇区内，且与 13 号家系最近，说明 13 号家系在庆安(QA)表现最好；同理，16 号、17 号家系分别在尚志(SZ)和永吉(YJ)表现最好。没有试验地点落于以 11 号、23 号家系为顶点的扇区内，说明这两个家系在所有试验地点都不是最好，位于多边形内部且靠近原点的 4 号家系是对试验地点变化不太敏感的家系。

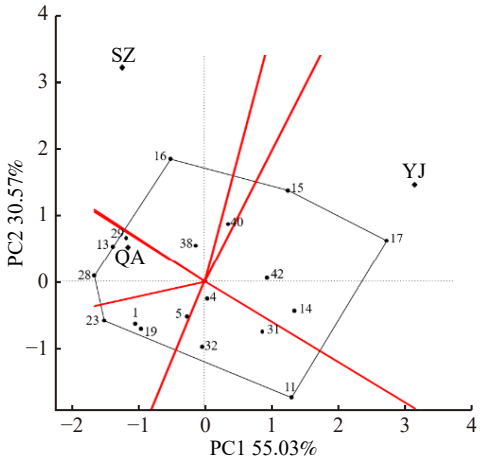


图 2 试验地点分组

Fig. 2 Experimental site grouping

2.2.4 速生性和稳定性分析及选择

根据 18 个白桦家系在 3 个试验点的综合育种值，对各家系的速生性和稳定性进行分析。图 3 中带箭头的直线表示 3 个试验地点的平均环境轴，箭头所在位置就是环境的平均值。各个家系的标志点向平均环境轴作垂直虚线，距离平均环境轴越近，家系生长越稳定；反之，越不稳定。白桦各家系的稳定性由高到低依次为 4 > 32 > 38 > 40 > 5 > 19 > 1 > 42 > 16 > 31 > 15 > 29 > 23 > 13 > 14 > 11 > 28 > 17。

图 3 中与平均环境轴垂直并且穿过中点的直线代表总体速生性的均值，该直线以上的各家系速生性大于总体均值，而直线以下的各家系速生性小于总体均值。越靠上说明该家系平均速生性越快，反之则表示平均速生性越慢。白桦各家系的平均速生性由高到低依次为 16 > 15 > 17 > 40 > 38 > 29 > 13 >

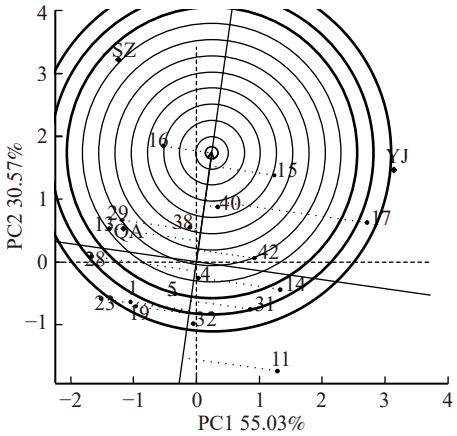


图 3　家系的速生性和稳定性分析

Fig. 3　Analysis of fast-growing and stability characteristics of families

42 > 28 > 14 > 4 > 5 > 31 > 1 > 23 > 19 > 32 > 11。

综合速生性和稳定性进行优异家系选择。以环境的平均值为圆心，向外作同心圆，得到各家系的综合排名，距离圆心越近的家系表示其速生性和稳定性都表现较好。其综合排名从大到小依次为 16 > 40 > 15 > 38 > 29 > 42 > 13 > 4 > 5 > 14 > 28 > 31 > 1 > 19 > 32 > 17 > 23 > 11（图 3）。按照综合排名次序前 20% 入选，共选出 16、40、15、38 号等 4 个优异家系。这 4 个优异家系材积的遗传增益分别为 10.18%、13.72%、10.17%、8.66%，均值为 10.86%，是群体均值（3.51%）的 3 倍（表 6）。

3　讨　　论

林木遗传改良的核心环节是对育种材料的评价与选择。在速生性作为用材树种的重要育种目标之一的背景下，通常以材积生长量的高低作为主要评价和选择的性状指标。过去，基于材积生长量的单一性状选择存在选择偏差，因为它忽略了质量和适应性等因素；而多性状选择，通过综合考虑多个性状的表型信息，能够更全面地评估家系整体表现，从而提高育种的稳定性和可靠性[20]。在进行多性状选择时，性状之间可能存在复杂的相互作用，且性状的测量单位也各不相同，因此需要运用科学的统计分析方法。目前，主成分分析是较适合方法之一，它能将数据中的主要信息捕捉到较少的变量中，减少各性状之间共线性的影响，提高权重的稳定性。主成分值能够科学地为各性状赋予权重，评价各家系综合性状的优劣，主成分分析法已被广泛用于多种林木选择研究。例如，吴炜[21]使用主成分分析法对 9 年生的红锥（*Castanopsis hystrix*）家系试验林的适应性、耐寒性、生长性状、形质性状等进行综合评价与选择。何彝敏等[22]对 378 份油茶（*Camellia oleifera*）的 15 个果实性状进行主成分分析及隶属函数综合

表 6　白桦半同胞子代各性状遗传增益

Tab. 6　Genetic gain in offsprings of half-sibling families of birch

家系 Family	表型值 Phenotypic value					遗传增益 Genetic gain/%				
	树高 Tree height/m	胸径 DBH/cm	材积 Volume/m^3	通直度 Straightness	保存率 Preservation rate/%	树高 Tree height	胸径 DBH	材积 Volume	通直度 Straightness	保存率 Preservation rate
1	7.15	6.31	0.012 1	2.11	48.16	1.59	−2.19	−3.13	−0.05	10.33
4	6.99	6.91	0.013 7	2.09	44.52	0.16	3.29	3.28	−0.50	0.72
5	7.00	6.38	0.012 3	2.13	42.13	0.18	−1.50	−2.25	0.37	−5.61
11	6.91	6.50	0.012 3	2.15	47.01	−0.64	−0.46	−2.39	0.89	7.29
13	7.31	6.71	0.013 8	2.06	48.83	3.00	1.47	3.54	−1.17	12.10
14	6.93	6.62	0.012 8	2.05	42.71	−0.45	0.64	−0.26	−1.32	−4.09
15	7.19	7.18	0.015 4	2.12	44.68	1.93	5.67	10.17	0.24	1.14
16	7.21	7.15	0.015 4	2.12	45.29	2.13	5.42	10.18	0.18	2.74
17	7.27	6.94	0.014 7	2.08	47.23	2.62	3.53	7.30	−0.68	7.88
19	7.08	6.66	0.013 2	2.14	42.13	0.95	1.02	1.11	0.77	−5.61
23	7.04	6.67	0.013 1	2.13	41.17	0.56	1.09	1.05	0.56	−8.14
28	6.76	7.00	0.013 8	2.13	33.56	−1.99	4.07	3.56	0.48	−27.52
29	7.25	6.64	0.013 5	2.10	49.31	2.48	0.84	2.29	−0.34	13.36
31	7.14	6.63	0.013 3	2.20	30.55	1.46	0.70	1.55	2.18	−34.69
32	6.95	6.57	0.012 6	2.14	43.28	−0.24	0.20	−1.24	0.80	−2.57
38	7.18	7.19	0.015 1	2.12	51.80	1.86	5.83	8.66	0.21	19.81
40	7.11	7.50	0.016 3	2.12	43.28	0.95	8.60	13.72	0.19	0.08
42	7.27	6.92	0.014 4	2.10	44.28	2.63	3.33	6.11	−0.31	−2.57
平均 Mean	7.10	6.80	0.013 8	2.12	43.93	1.08	2.31	3.51	0.14	−0.85

评价，成功筛选出 12 份表型性状优异的油茶。李岩等[23]以红松（*Pinus koraiensis*）亲本无性系和半同胞子代为材料，对其生长性状进行主成分分析，利用多性状综合评价法选择优良家系。本研究基于树高、胸径、材积、通直度、保存率等进行主成分分析，性状涵盖了生长、形质以及适应性等方面，分别评估不同试验点各家系的表现，2 个主成分（PC1 和 PC2）的方差解释百分比之和在 80% 以上，表明该分析结果具有可靠性。

在林木多点试验中，对影响表型值的基因与环境互作的分析方法包括联合回归分析法[24]、主效可加互作可乘模型（AMMI）[25]、基因型主效应加基因型–环境互作效应（GGE）[26]。与 AMMI 模型相比，GGE 模型不仅考虑了基因型与环境的互作效应，还考虑了基因型的主效应。但是，GGE 模型直接利用表型值进行分析时，要求各地点误差同质、试验设计平衡等。然而，林木多点试验很难满足上述条件，若将没有校正的表型值直接用于 GGE 和 AMMI 模型，将会产生较大误差。采用最佳线性无偏预测法（BLUP）预估各性状育种值可解决上述问题，其反映的是性状表型值中遗传效应的加性效应部分，剔除了非遗传因素的影响[27]。即育种值可以对各地点异质方差、不平衡试验和空间变异有较好的控制[26]。此外，为了消除选择偏差和提高预测精度，Henderson 等[28]提出了综合育种值，其考虑了更多的性状数据，往往更有效。Persson 等[29]发现，与计算单性状育种值的方法相比，综合育种值对欧洲赤松（*Pinus sylvestris*）的预测具有较低的平均偏差和较高的遗传相关性。因此，利用综合育种值进行 GGE 分析更准确、更合适，并在近年得到广泛应用。本研究采用 BLUP-GGE 方法对白桦家系子代多地点试验林进行了联合分析，并取得了较好效果。

结果表明，白桦半同胞家系的树高、胸径、材积、通直度及保存率，在家系之间以及在地点 × 家系的交互作用之间的差异均达到了显著水平（Z ratio > 1.5），说明白桦各性状在家系间变异丰富，这为优良家系的评价选择奠定了基础。树高、胸径、单株材积及保存率的遗传力均在 51.34% ~ 73.89% 之间，属于中、高遗传水平，表明树高、胸径、单株材积及保存率在家系水平上受较高强度遗传控制，与周文戈等[30]、魏志刚等[31]的估算结果相比偏高，这可能与不同试验群体、不同估算方法等原因有关。

GGE 双标图直观揭示 3 个试验地点的区分度、代表性、相关性以及各家系的速生性和稳定性。在试验地点评价方面，对于白桦半同胞家系子代，尚志试验点具有选择优良家系的区分度和代表性，能够很好的选择速生稳定的优良家系。尚志试验点相较于其他两个试验点的降雨量最多，全年的无霜期也较长，这可能是白桦半同胞子代在尚志试验点表现最好的部分原因，至于更深层次的其他原因需要进一步通过取样测定和研究分析确定。且尚志试验点与庆安试验点的相关性最强，与永吉几乎不相关，尚志与庆安两个试验地点的家系综合育种值排序大体相似，原因可能是因为尚志与庆安两试验地点在地理位置上相近、环境条件相似以及基因型与环境互作效应的一致性。在家系评价方面，根据家系综合育种值对速生性和稳定性进行综合排名，按照前 20% 入选，共选出 4 个白桦半同胞优异家系（16、40、15 和 38），其材积的遗传增益均值是群体均值的 3 倍。16 号和 15 号家系速生性最好，11 号家系最差。4 号和 32 号家系最稳定，在不同试验环境下的表现相对一致，不易受到环境变化的影响。17 号家系最不稳定，17 号家系在尚志和庆安试验点综合育种值排名均比较靠后，但是在永吉试验点表现十分优秀，综合育种值排名第一，且超出第二名 20.79%。这可能是由于 17 号属于不耐低温家系，永吉试验点的年均温比庆安和尚志试验点高 2 ~ 5 ℃，温度是影响林木生长的重要环境因素之一，它可以通过影响树木叶片物候期的发生和结束时间，进而影响林木的生长速度[32]。

4 结　　论

尚志、永吉、庆安 3 个试验地点间的环境差异显著，基因型和基因与环境的交互作用对白桦半同胞子代的生长有显著影响。对白桦半同胞子代家系进行综合性状排名，按 20% 的入选率，选出 16、40、15 和 38 号 4 个优良家系，优良家系各性状的遗传增益与平均值相比有显著增加。

本研究使用 BLUP-GGE 联合分析法对子代进行遗传测定，能够有效地估算亲本的效应值，继而进行后向选择，可为种子园母树去劣留优提供重要参考。另外，也可用于前向选择，在具有优良遗传品质的半同胞家系中，选择表现优秀的单株，从而为更高世代的品种性状改良提供优质的育种材料。

参 考 文 献

［1］ 关文彬. 中国东北地区白桦林植被生态学的研究──桦属植物与中国白桦林的地理分布 [J]. 北京林业大学学报, 1998, 20(4): 107−112.
Guan W B. Vegetation ecology on communities dominated by *Betula platyphylla* in northeast of China distribution of communities dominated by *Betula platyphylla*[J]. Journal of Beijing Forestry University, 1998, 20(4): 107−112.

［2］ 张建龙. 中国森林资源报告 [R]. 北京: 中国林业出版社, 2019.

Zhang J L. China forest resources report[R]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2019.

[3] 杨传平, 刘桂丰, 魏志刚, 等. 白桦强化促进提早开花结实技术的研究 [J]. 林业科学, 2004, 50(6): 75−78.
Yang C P, Liu G F, Wei Z G, et al. Study on intensive breeding technique of accelerating *Betula platyphylla* flowering and seeding early[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2004, 50(6): 75−78.

[4] 杨传平, 杨晶, 寇晓东, 等. 白桦木材纤维与生长特性的遗传差异 [J]. 东北林业大学学报, 1992, 36(6): 6−14.
Yang C P, Yang J, Kou X D, et al. Genetic differences in fiber and growth characteristics of *Betula platyphylla* wood[J]. Journal of Northeast Forestry University, 1992, 36(6): 6−14.

[5] 苏显峰, 林代斌, 李莉, 等. 白桦不同嫁接方法与成活率的关系 [J]. 东北林业大学学报, 1993, 37(6): 6−12.
Su X F, Lin D B, Li L, et al. The relationship between different grafting methods and survival rate of *Betula platyphylla*[J]. Journal of Northeast Forestry University, 1993, 37(6): 6−12.

[6] 詹亚光, 李景云, 刘吉春, 等. 白桦嫩枝扦插繁殖技术的研究(Ⅰ)[J]. 东北林业大学学报, 1994, 38(2): 6−10.
Zhan Y G, Li J Y, Liu J C, et al. A study on the propagation technology of Birch twig cutting(Ⅰ)[J]. Journal of Northeast Forestry University, 1994, 38(2): 6−10.

[7] 刘宇, 徐焕文, 尚福强, 等. 3 个地点白桦种源试验生长稳定性分析 [J]. 北京林业大学学报, 2016, 38(5): 50−57.
Liu Y, Xu H W, Shang F Q, et al. Growth stability of *Betula platyphylla* provenances from three sites[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2016, 38(5): 50−57.

[8] 郑聪慧, 张鸿景, 王玉忠, 等. 基于 BLUP 和 GGE 双标图的华北落叶松家系区域试验分析 [J]. 林业科学, 2019, 55(8): 73−83.
Zheng C H, Zhang H J, Wang Y Z, et al. An analysis of a regional trial of *Larix principis-rupprechtii* families based on BLUP and GGE biplot[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2019, 55(8): 73−83.

[9] Rae A M, Pinel M P, Bastien C, et al. QTL for yield in bioenergy Populus: identifying G × E interactions from growth at three contrasting sites[J]. Tree Genetics & Genomes, 2008, 4(1): 97−112.

[10] 林元震. R 与 ASReml-R 统计学 [M]. 北京: 中国林业出版社, 2016.
Lin Y Z. R and ASReml-R statistics[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2016.

[11] 孟宪宇. 测树学 [M]. 2 版. 北京: 中国林业出版社, 1996.
Meng X Y. Tree measurement [M]. 2nd ed. Beijing: China Forestry Publishing House, 1996.

[12] 解懿妮, 莫晓勇, 彭仕尧, 等. 粤西 21 个桉树无性系早期性状遗传变异分析和无性系综合选择 [J]. 南京林业大学学报 (自然科学版), 2018, 42(3): 73−80.
Xie Y N, Mo X Y, Peng S Y, et al. Genetic variation analysis and early comprehensive selection of 21 *Eucalyptus* clones in western Guangdong Province, China[J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition), 2018, 42(3): 73−80.

[13] 李金花. 基于 BLUP 和 GGE 双标图的黑杨派无性系生长性状基因型与环境互作效应 [J]. 林业科学, 2021, 57(6): 64−73.
Li J H. Genotype by environment interaction for growth traits of clones of *Populus* Section *Aigeiros* based on BLUP and GGE biplot[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2021, 57(6): 64−73.

[14] 林元震. 林木基因型与环境互作的研究方法及其应用 [J]. 林业科学, 2019, 55(5): 142−151.
Lin Y Z. Research methods and applications of the interaction between forest genotype and environment[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2019, 55(5): 142−151.

[15] 刘宇, 徐焕文, 滕文华, 等. 白桦全同胞子代测定及优良家系早期选择 [J]. 北京林业大学学报, 2017, 39(2): 1−8.
Liu Y, Xu H W, Teng W H, et al. Determination of whole sibling offspring of *Betula platyphylla* and early selection of superior families[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2017, 39(2): 1−8.

[16] 李春旭, 刘桂丰, 刘宇, 等. 盆栽白桦优良无性系苗期的初步选择 [J]. 北京林业大学学报, 2017, 39(2): 16−23.
Li C X, Liu G F, Liu Y, et al. Preliminary seedling selection of superior clones of pot culture *Betula platyphylla*[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2017, 39(2): 16−23.

[17] Yan W, Hunt L A, Sheng Q L, et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot[J]. Crop Science, 2000, 40(3): 597−605.

[18] 刘宁, 丁昌俊, 李波, 等. 12 个欧美杨无性系生长初期基因型与环境的互作效应 [J]. 林业科学, 2020, 56(8): 63−72.
Liu N, Ding C J , Li B, et al. Effects of genotype by environment interaction of 12 *Populus* × *euramericana* clones in their early growth[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2020, 56(8): 63−72.

[19] 王德源, 童春发. 林木多地点半同胞子代测定遗传分析 R 语言程序包及其应用 [J]. 南京林业大学学报 (自然科学版), 2015, 39(5): 45−51.
Wang D Y, Tong C F. Halfsib MS: an R package for genetic analysis of half-sib progeny test at multiple sites in forest trees[J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition), 2015, 39(5): 45−51.

[20] 任建中, 刘长青, 汪清锐, 等. 杨树纸浆材优良无性系选择方法的研究 [J]. 北京林业大学学报, 2003, 25(4): 25−29.
Ren J Z, Liu C Q, Wang Q R, et al. Methods to select superior clones of poplar pulpwood[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2003, 25(4): 25−29.

[21] 吴炜. 红锥家系在永安市的适应性与多性状评价选择 [J]. 福建林业科技, 2023, 50(4): 28−35.
Wu W. Adaptability and multi trait evaluation and selection of *Castanopsis hystri* families in Yong'an[J]. Journal of Fujian Forestry Science and Technology, 2023, 50(4): 28−35.

[22] 何彝敏, 张英, 王瑞, 等. 378 份油茶种质资源表型遗传多样性分析 [J]. 分子植物育种, 2024, 22(8): 2732−2749.
He Y M, Zhang Y, Wang R, et al. Phenotypic genetic diversity analysis of 378 oil-tea camellia germplasm resources[J]. Molecular Plant Breeding, 2024, 22(8): 2732−2749.

[23] 李岩, 朱嘉瑶, 王喜和, 等. 红松优树无性系及其子代的生长评价与选择研究 [J]. 北京林业大学学报, 2021, 43(10): 38−46.
Li Y, Zhu J Y, Wang X H, et al. Growth evaluation and selection

study of elite clones and its offspring families in *Pinus koraiensis*[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2021, 43(10): 38−46.

[24] 刘宇, 徐焕文, 张广波, 等. 白桦半同胞子代多点生长性状测定及优良家系选择 [J]. 北京林业大学学报, 2017, 39(3): 7−15.
Liu Y, Xu H W, Zhang G B, et al. Multipoint growth trait test of half-sibling offspring and excellent family selection of *Betula platyphylla*[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2017, 39(3): 7−15.

[25] 徐焕文, 刘宇, 李志新, 等. 5 年生白桦杂种子代多点稳定性分析及优良家系选择 [J]. 北京林业大学学报, 2015, 37(12): 24−31.
Xu H W, Liu Y, Li Z X, et al. Analysis of the stability and superiority of five-year-old birch crossbreed families based on a multi-site test[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2015, 37(12): 24−31.

[26] 程玲, 张心菲, 张鑫鑫, 等. 基于 BLUP 和 GGE 双标图的林木多地点试验分析 [J]. 西北农林科技大学学报 (自然科学版), 2018, 46(3): 87−93.
Cheng L, Zhang X F, Zhang X X, et al. Forestry multi-environment trial analysis based on BLUP and GGE biplot[J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2018, 46(3): 87−93.

[27] 沈熙环. 林木育种学 [M]. 北京: 中国林业出版社, 1990.
Shen X H. Forest tree breeding[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 1990.

[28] Henderson C R, Quaas R L. Multiple trait evaluation using relatives records[J]. Journal of Animal Science, 1976, 43(6): 1188−1197.

[29] Persson T, Andersson B. Accuracy of single- and multiple-trait REML evaluation of data including non-random missing records[J]. Silvae Genet, 2004, 53(3): 135−139.

[30] 周文戈, 孙越, 张杰, 等. 应用混合线性模型对白桦家系速生性及稳定性分析与选择 [J]. 东北林业大学学报, 2024, 52(9): 1−7.
Zhou W G, Sun Y, Zhang J, et al. Analysis and selection of fast-growing and stable of *Betula platyphylla* families using mixed linear models[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2024, 52(9): 1−7.

[31] 魏志刚, 刘关君, 高玉池, 等. 白桦优良家系及单株配合选择 [J]. 东北林业大学学报, 2009, 37(9): 1−3, 11.
Wei Z G, Liu G J, Gao Y C, et al. Combination selection of excellent families and plus trees of *Betula platyphylla*[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2009, 37(9): 1−3, 11.

[32] 周明慧, 张婷, 李荣平, 等. 光温水对树木初生生长和次生生长影响的研究进展 [J]. 应用生态学报, 2024, 35(9): 2455−2462.
Zhou M H, Zhang T, Li R P, et al. Research progresses on the effects of light, temperature and water conditions on primary and secondary growth of trees[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2024, 35(9): 2455−2462.

（责任编辑 赵田芸
责任编委 康向阳）