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

火炬松2代半同胞家系多地点生长变异及选择

罗洁贤 宁华珙 肖平江 何可权 陆跃堂 黎志强 张方友 黄少伟 刘天颐

Multiple site growth variation and selection of half-sib families in the 2nd generation of *Pinus taeda*

Luo Jiexian, Ning Huagong, Xiao Pingjiang, He Kequan, Lu Yuetang, Li Zhiqiang, Zhang Fangyou, Huang Shaowei, Liu Tianyi

引用本文:
罗洁贤, 宁华珙, 肖平江, 何可权, 陆跃堂, 黎志强, 张方友, 黄少伟, 刘天颐. 火炬松2代半同胞家系多地点生长变异及选择[J]. 北京林业大学学报, 2025, 47(8):42–54. doi: 10.12171/j.1000–1522.20240417
Luo Jiexian, Ning Huagong, Xiao Pingjiang, He Kequan, Lu Yuetang, Li Zhiqiang, Zhang Fangyou, Huang Shaowei, Liu Tianyi. Multiple site growth variation and selection of half–sib families in the 2nd generation of *Pinus taeda*[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(8):42–54. doi: 10.12171/j.1000–1522.20240417

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240417

您可能感兴趣的其他文章
Articles you may be interested in

4年生火炬松半同胞家系生长和分枝性状遗传评估
Genetic evaluation on growth and branching traits of 4–year–old half–sib families of loblolly pine
北京林业大学学报, 2020, 42(9): 1–10. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20190456

油松高世代种子园亲本选择策略研究
Parental selection strategies of high generation seed orchard of *Pinus tabuliformis*
北京林业大学学报, 2024, 46(4): 28–39. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20230138

红松优树无性系及其子代的生长评价与选择研究
Growth evaluation and selection study of elite clones and its offspring families in *Pinus koraiensis*
北京林业大学学报, 2021, 43(10): 38–46. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210080

基于生长与木材性状的红松优良种源评价选择
Evaluation and selection of excellent provenances of *Pinus koraiensis* based on growth and wood properties
北京林业大学学报, 2022, 44(3): 12–23. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210247

青海云杉半同胞家系子代测定与亲本评价
Half–sib progeny test and evaluation of parents of *Picea crassifolia*
北京林业大学学报, 2021, 43(4): 17–24. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20200370

油松4个产地共40个半同胞家系苗期及试验林调查分析
Investigation and analysis of seedling and experiment plantation of 40 half–sib–families from 4 seed provenances of *Pinus tabuliformis*
北京林业大学学报, 2022, 44(4): 47–53. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210243

DOI:10.12171/j.1000−1522.20240417

火炬松 2 代半同胞家系多地点生长变异及选择

罗洁贤[1] 宁华珙[2] 肖平江[3] 何可权[4] 陆跃堂[4] 黎志强[3]
张方友[2] 黄少伟[1] 刘天颐[1]

（1. 广东省森林植物种质创新与利用重点实验室，华南农业大学林学与风景园林学院，广东 广州 510642；2. 英德市林业科学研究所，广东 英德 513000；3. 安福县武功山林场，江西 吉安 343200；4. 独山县国有林场，贵州 独山 558200）

摘要:【目的】对火炬松 1.5 代种子园自由授粉子代（即 2 代）进行多地点测定，分析其生长性状的遗传变异，筛选出适用于不同地点的优良家系和优良单株，旨在检验广东省火炬松良种选育工作的成效，并为火炬松的遗传改良、良种推广应用奠定科学基础。**【方法】**以贵州独山、江西安福、广东英德 3 个试验点的 50 个火炬松半同胞家系（含 1 个对照家系）为研究对象，测定其 5 年生林分的生长性状。基于 BLUP 模型，应用 R 与 ASReml 软件对数据进行遗传参数估算，根据育种值筛选优良材料，其中家系的入选率为 10%，单株入选率为 1%，并估算遗传增益。**【结果】**（1）3 个地点单株材积的变异系数大小依次为独山 > 安福 > 英德，英德试验林的平均胸径和平均单株材积生长量最大。树高、胸径和单株材积在地点间和家系间均存在极显著差异，地点与家系交互作用显著。（2）进行单点分析时，材积、树高、胸径的单株遗传力变异范围分别为 0.120 ~ 0.181、0.079 ~ 0.237 和 0.121 ~ 0.124，家系遗传力变异范围分别为 0.402 ~ 0.556、0.383 ~ 0.544 和 0.365 ~ 0.537。多地点联合分析时，材积、树高、胸径的单株遗传力范围分别为 0.110 ± 0.033、0.160 ± 0.041 和 0.104 ± 0.031，家系遗传力分别为 0.659 ± 0.083、0.750 ± 0.051 和 0.663 ± 0.081。家系遗传力高，适合用于优良家系的选育。单株遗传力水平与已有文献报道差异不大，可开展单株选择。（3）独山入选的优良家系（P034、W14、P023、W28、P043）的材积平均遗传增益为 0.736 9 dm^3；安福入选的优良家系（W14、W11、11、288、W08）的材积平均遗传增益为 3.278 4 dm^3；英德入选的优良家系（W05、W07、287、W11、W14）的材积平均遗传增益为 3.115 7 dm^3。家系 W14 在 3 个试验点均表现优良。W11 在安福和英德 2 个试验点具备良好的生长表现，在贵州虽未入选，但其表现亦处于上游，可以作为适用于多地点推广应用家系的后备选择。独山、安福和英德入选优良个体的材积平均遗传增益分别为 1.695 6、7.133 8 和 5.953 3 dm^3。**【结论】**火炬松 5 年生半同胞子代的生长性状在家系间存在丰富的遗传变异，3 个地点各选出 5 个当地适生的优良家系和 20 个优良单株，W14 家系为 3 地点均适生的优良家系。研究结果有利于进一步向周边省份推广广东选育出的优良火炬松家系。

关键词：火炬松；遗传测定；多点试验；配合选择；遗传增益；良种选育

中图分类号：S791.255 **文献标志码：**A **文章编号：**1000−1522(2025)08−0042−13

引文格式：罗洁贤，宁华珙，肖平江，等. 火炬松 2 代半同胞家系多地点生长变异及选择 [J]. 北京林业大学学报，2025，47(8)：42−54. Luo Jiexian, Ning Huagong, Xiao Pingjiang, et al. Multiple site growth variation and selection of half-sib families in the 2nd generation of *Pinus taeda*[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(8): 42−54.

Multiple site growth variation and selection of half-sib families in the 2nd generation of *Pinus taeda*

Luo Jiexian[1] Ning Huagong[2] Xiao Pingjiang[3] He Kequan[4] Lu Yuetang[4] Li Zhiqiang[3]
Zhang Fangyou[2] Huang Shaowei[1] Liu Tianyi[1]

(1. Guangdong Key Laboratory for Innovative Development and Utilization of Forest Plant Germplasm, College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, Guangdong, China;
2. Yingde Institute of Foresty, Yingde 513000, Guangdong, China;

收稿日期: 2024−12−09 **修回日期:** 2025−03−13

基金项目: 国家重点研发计划子课题（2017YFD0600502-3）。

第一作者: 罗洁贤，博士生。主要研究方向：林木遗传育种。Email：jxluo@stu.scau.edu.cn 地址：510642 广东省广州市天河区五山路 483 号华南农业大学林学与风景园林学院。

责任作者: 刘天颐，博士，副教授。主要研究方向：林木遗传育种。Email：tianyiliu@scau.edu.cn 地址：同上。

本刊网址: http://j.bjfu.edu.cn；http://journal.bjfu.edu.cn

3. Wugongshan Forest Farm of Anfu County, Ji'an 343200, Jiangxi, China;
4. State-Owned Forest Farm of Dushan County, Dushan 558200, Guizhou, China)

Abstract: [**Objective**] Our paper aims to investigate the genetic variation in growth traits of the open-pollinated offsprings (i.e., the second generation) from the 1.5th generation seed orchard of *Pinus taeda* through multi-site test, with objectives to select the superior families and individuals for validating breeding achievements in Guangdong Province of southern China and promoting improved varieties of *P. taeda*. [**Method**] 50 half-sib families (including one control) of *Pinus taeda* were measured across three sites (Dushan, Anfu and Yingde) for 5-year growth traits. Genetic parameters were estimated using R and ASReml software based on the BLUP model. According to breeding values, superior materials were selected with 10% family and 1% individual selection rates and their genetic gains were estimated. [**Result**] (1) The coefficient of variation of individual volume at three sites followed the order of Dushan > Anfu > Yingde, and Yingde exhibited the greatest mean DBH and mean individual volume. There were significant differences in tree height, DBH and individual volume between sites and families ($P < 0.01$). The interaction between site and family was significant. (2) Single-site heritability estimates for volume, tree height, and DBH varied between 0.120−0.181, 0.079−0.237, and 0.121−0.124, respectively. The range of family heritability of volume, tree height and DBH were 0.402−0.556, 0.383−0.544, and 0.365−0.537, respectively. Based on multi-site joint analysis, the individual heritability estimates for volume, tree height, and DBH were 0.110 ± 0.033, 0.160 ± 0.041, and 0.104 ± 0.031, respectively. The family heritability estimates for these traits were 0.659 ± 0.083, 0.750 ± 0.051, and 0.663 ± 0.081, respectively. The family has high heritability and is suitable for breeding excellent families. The level of individual plant heritability is not significantly different from existing literature reports, and individual plant selection can be carried out. (3) The five superior families at Dushan (P034, W14, P023, W28 and P043), Anfu (W14, W11, 11, 288 and W08), and Yingde (W05, W07, 287, W11 and W14) achieved volume genetic gains of 0.736 9, 3.278 4 and 3.115 7 dm^3, respectively. The family W14 performed well in all three test sites. Family W11 performed well in both Anfu and Yingde, and although it was not selected in Dushan, its performance there was still in the upper range, making it a candidate for multi-site deployment. The average genetic gain of volume of selected individuals in Dushan, Anfu and Yingde was 1.695 6, 7.133 8 and 5.953 3 dm^3, respectively. [**Conclusion**] The growth traits of 5-year-old half-sib progeny of *Pinus taeda* have abundant genetic variations among families. Five local superior families and twenty superior individuals were selected from each of the three sites. The W14 family exhibites stable and superior performance across all sites, demonstrating broad adaptability. The results of this study support the broader application and regional deployment of superior loblolly pine families bred in Guangdong Province to surrounding provinces.

Key words: *Pinus taeda*; genetic test; multi-site test; combined selection; genetic gain; breeding of elite varieties

火炬松(*Pinus taeda*)是松科(Pinaceae)松属(*Pinus*)植物，原产于美国东南部，20 世纪 30 年代初引入我国，70 年代发展成为我国亚热带地区营建速生丰产林的重要树种之一[1]。火炬松木材性质偏软，含有较为丰富的树脂，在建筑、化工和制药等多个领域具有广泛的应用价值；此外，其生长速度优于马尾松(*P. massoniana*)，是我国重要的纸浆材和建筑材树种[2−3]。目前，松树人工林的生产效益主要依赖于松脂，松树遗传改良也更多聚焦于产脂性状，以高产脂为优势的马尾松、湿地松(*P. elliottii*)和湿加松(湿地松 *P. elliottii* × 加勒比松 *P. caribaea*)受到广泛关注。然而，随着国际松脂市场的波动，以采脂为主要经营目的的松树人工林面临严峻挑战。火炬松以生长速度快、材质性状优良为主要特点，根据现行的松树速生丰产林行业标准，5 年生火炬松平均材积为 0.016 3 m^3，而同龄的湿地松仅为 0.003 4 m^3。尽管火炬松的产脂量不及马尾松、湿地松和湿加松等树种，但从木材与产脂的综合效益来看，火炬松具有较大的应用与推广潜力。

鉴于火炬松在材用方面的优异表现，近年来，众

多学者围绕其生长性状开展了优良家系与单株的系统选育工作，取得了显著进展。蒋开彬等[4]对 4 年生火炬松半同胞家系的生长和分枝性状进行遗传评估，筛选出 10 个优良家系和 10 个优良单株，可作为下一代育种群体的候选材料。宁华琪等[5]以火炬松第 3 代半同胞家系和火加松（火炬松 *P. taeda* × 加勒比松 *P. caribaea*）全同胞家系为研究对象，以 5 年平均材积为指标，筛选出 4 个优良家系。苏兵强等[6]对火炬松第 1 代家系生长性状进行遗传变异分析，成功筛选出 4 个速生优良家系和 22 株速生优良单株。经过数十年的前人研究，我国在火炬松良种选育方面获得了较丰富的成果，并成功选育出一批获审定的火炬松良种，为我国火炬松在生长、干形、分枝及抗病等方面的遗传改良提供了宝贵的种质资源。这些良种在我国的粤北和黄淮平原南域地区（24°N 以北，32°N 以南），海拔 600 m 以下的丘陵地区具有良好的适生性和速生性。为了进一步推动火炬松良种的产业化应用，促进其遗传改良往高世代发展，有必要对已选育出的优良品系进行系统的多地点测定，以明确其在不同环境条件下的生长表现和稳定性。此外，本研究把黔南高原地区选为试点之一。该地区海拔较高，为马尾松传统栽植区，试栽火炬松后发现其生长表现良好。因此，本次火炬松多地点测定不仅选择了传统的火炬松适生区，还首次将关注较少的黔南地区列为试点。同时，已有研究[7−9]表明，火炬松在第 5 年树高和第 4 年胸径的生长表现可作为开展早期选择的依据，因而第 4 ~ 5 年被认为是进行遗传评价的最早适宜年龄阶段。因此，基于火炬松半同胞家系的早期生长数据来估算遗传参数，并根据育种值来筛选优良家系，用于速生丰产林的营建，这对于火炬松的遗传改良和推广利用具有重要意义。

遗传测定是林木育种循环的核心环节，其关键在于估算亲本的遗传参数[10]。传统林木遗传育种分析中，常使用 SAS 和 SPSS 等统计软件估算遗传方差的组成[11−12]。ASReml 软件是一个用于混合线性模型统计分析的软件，可以通过限制性极大似然法估计方差组分、预测育种值。该软件操作简便，具有较高的运算速度，被认为在处理大规模不平衡数据、构建复杂遗传模型以及提高育种值预测精度方面具有显著优势，目前已在红松（*P. koraiensis*）[13]、青海云杉（*Picea crassifolia*）[14]、杨树（*Populus* spp.）[15]和火力楠（*Michelia macclurei*）[16]等林木遗传分析中得到广泛的应用。最佳线性无偏估计法（best linear unbiased prediction，BLUP）最早由 Henderson[17]提出，是一种针对不平衡资料提出的育种值预测方法，能够剔除非遗传因素的影响，准确估计育种值，从而对不平衡数据进行可靠的统计分析[18]。借助 BLUP 方法与谱系信息，ASReml 能够有效整合群体与个体间的亲缘关系信息，实现对亲本及个体育种值的预测，显著提高遗传评估的准确性[19]。

本研究以广东英德火炬松 1.5 代种子园自由授粉子代在贵州独山、江西安福和广东英德 3 个地点的测定林为研究对象，利用 R 和 ASReml 软件对树高、胸径、材积 3 个生长性状进行遗传变异分析，估算遗传参数，并筛选出优良家系。研究结果可为火炬松在不同地点的适应性评价和优良家系的早期选择提供科学依据，有助于提高遗传改良的效率，提升良种推广的精确性。同时，本研究所建立的多地点遗传评估体系，也可为后续高世代育种工作奠定基础，加快火炬松良种的选育与产业化进程。将选育出的林木良种推广并应用于生产实践，是广大林木遗传育种工作者的共同目标，而多地点测定正是实现该目标的关键环节。通过在不同地点开展系统的试验与适应性评价，能够科学识别具有广适性或特定适应性的优良家系，进一步推动火炬松良种的区域化布局与规模化应用，为促进我国林业现代化建设和可持续发展提供有力支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验火炬松参试家系共 50 个，其中 49 个为广东省英德火炬松 1.5 代种子园的自由授粉子代，为半同胞家系，建园亲本选自 20 世纪全国主要火炬松引种栽培区（表 1）；另设有 1 个对照家系（CK）。2010 年前后，福建省陆续进口美国火炬松生产用种子，2013 年，广东省林木种苗管理总站通过福建省林业厅种苗站获得进口火炬松种子，本研究所采用的 CK 即为该批源于美国的火炬松种子，其生长表现可作为衡量新选育家系遗传增益的重要参考。2014 年对 50 个家系的试验林进行育苗，育苗完成后于 2015 年春季分别在广东省英德市林业科学研究所、江西省安福县武功山林场和贵州省独山县国有林场营建测定林。3 个试验点地理与气候条件见表 2。

1.2 研究方法

试验林采用随机完全区组设计，共 8 个区组，5 株行式小区，其中贵州 1 ~ 6 区组行间距 3 m × 3 m，7 ~ 8 区组行间距 2 m × 3 m，其他地点的行间距均为 3 m × 3 m。

1.2.1 生长性状调查

2019 年底分别对 3 个地点的子代林进行每木检

表 1　火炬松 1.5 代种子园参试家系基本情况

Tab. 1　Basic information of tested families in the 1.5-generation seed orchard of *Pinus taeda*

家系来源	家系编号
江西武功山	W05，W07，W08，W11，W14，W28，W31，WU32
广东韶关	G12，G15，G16
湖北彭场	P012，P023，P034，P040，P043，P052，P054，P064，P075，P090，P100
广东水口	S3，S6，S8
广东英德	Q13
安徽马鞍山	001，006，011，013，014，017，024，026，029，201，202，243，248，250，251，252，259，270，287，288，289，298，319

表 2　3 个试验点的地理气候条件

Tab. 2　Geographical and climatic conditions of three test sites

序号	试验点	纬度	经度	年降水量/mm	年平均温度/℃	土壤类型
1	广东英德	24°15′N	113°45′E	1 918	20.7	赤红壤
2	江西安福	27°38′N	114°20′E	1 553	17.7	黄红壤
3	贵州独山	25°49′N	107°31′E	1 346	15.0	红壤

尺，测得 5 年生树高（H，m）与胸径（DBH，cm）数据（2015 年仅测树高）。在 R 语言中通过 Shapiro-Wilk 方法对性状测量值进行正态性检验。单株材积（VOL，dm^3）计算公式如下。

$$VOL = 0.375 \times H \times D^2 / 10\,000\,000$$

计算变异系数（CV），公式如下。

$$CV = \frac{SD}{\bar{x}} \times 100\%$$

式中：SD为标准差，$\bar{x}$为平均值。

1.2.2　单地点遗传参数和育种值估算

由于 3 个试验点生态环境存在差异，参试家系在不同试验点的生长情况表现不一。因此利用 R 和 ASReml 软件，基于混合线性模型，通过 BLUP 在估计方差分量的基础上，对随机效应（个体或家系）进行预测，从而得到各个基因型的育种值[20]。本研究中，采用亲本模型预测单地点自由授粉家系母本育种值，利用个体模型预测单地点子代单株育种值。

单地点试验的亲本模型[21]

$$y_{ijk} = \mu + B_i + F_j + \mathrm{BF}_{ij} + e_{ijk}$$

式中：y_{ijk}表示性状观测值，μ为测定林均值，B_i为第 i 个区组的固定效应，F_j为第 j 个家系的随机效应，BF_{ij}为家系与区组随机互作效应，e_{ijk}为第 i 个区组第 j 个家系第 k 个个体的剩余值。

单地点试验的个体模型[14]

$$y_{ijk} = \mu + B_i + T_{ijk} + e_{ijk}$$

式中：y_{ijk}为第 i 家系第 j 区组第 k 单株观测值，T_{ijk}为加性遗传效应。

利用 BLUP 预测每株个体性状育种值的公式为[21]

$$\hat{a}_i = h_i^2(y_i - \hat{\mu})$$

式中：$\hat{a}_i$表示预测的育种值；h_i^2表示第 i 个个体的遗传力，因植株处于不同环境其值可能发生变化；y_i表示第 i 个个体的观测值，$y_i - \hat{\mu}$表示根据固定效应进行表型值的校正，在本研究中$\hat{\mu}$是用地点平均值的估计值对单株表型值进行校正。

单点分析家系遗传力（h_F^2）估算公式

$$h_\mathrm{F}^2 = \frac{\sigma_\mathrm{F}^2}{\frac{\sigma_\mathrm{E}^2}{nb} + \frac{\sigma_\mathrm{FB}^2}{b} + \sigma_\mathrm{F}^2}$$

单株遗传力（h_S^2）估算公式

$$h_\mathrm{S}^2 = \frac{4\sigma_\mathrm{F}^2}{\sigma_\mathrm{E}^2 + \sigma_\mathrm{FB}^2 + \sigma_\mathrm{F}^2}$$

式中：σ_F^2为家系方差分量，σ_FB^2为家系 × 区组方差分量，σ_E^2为剩余方差分量，n 为调和的小区株数，b 为区组数。

1.2.3　多地点遗传参数和育种值估算

为了明确参试家系在不同环境条件下的生长表现及稳定性，对参试家系进行了多地点联合分析。

多地点分析模型

$$y_{ijkl} = \mu + S_i + B_{j(i)} + F_k + \mathrm{SF}_{ik} + \mathrm{BF}_{j(i)k} + e_{ijkl}$$

式中：y_{ijkl}为第 i 地点第 j 区组第 k 家系第 l 单株观测值，S_i和$B_{j(i)}$分别为第 i 个地点和地点内第 j 个区组的固定效应，F_k为第 k 个家系的随机效应，SF_{ik}为家系与地点随机互作效应，$\mathrm{BF}_{j(i)k}$为家系与地点内区组随机互作效应，e_{ijkl}为第 i 个地点内第 j 个区组第 k 个家系第 l 个个体的剩余值。

多点联合分析家系遗传力（h_FS^2）估算

$$h^2_{FS}=\frac{\sigma^2_F}{\frac{\sigma^2_E}{nbs}+\frac{\sigma^2_{FB}}{bs}+\frac{\sigma^2_{FS}}{s}+\sigma^2_F}$$

单株遗传力(h^2_{SS})估算公式

$$h^2_{SS}=\frac{4\sigma^2_F}{\sigma^2_E+\sigma^2_{FB}+\sigma^2_{FS}+\sigma^2_F}$$

式中：σ^2_F为家系方差分量，σ^2_{FS}为家系 × 地点方差分量，σ^2_{FB}为家系 × 地点内区组方差分量，σ^2_E为剩余方差分量，n 为调和的小区株数，b 为区组数，s 为试验点个数。

1.2.4 遗传增益的估计

在同一群体中，遗传增益等于被选择个体 BLUP 预测育种值的平均值减去全部个体 BLUP 预测育种值的平均值。家系遗传增益计算公式[21]为

$$\Delta G=\frac{1}{m}\sum_{i=1}^{m}\hat{a}_{iF}-\frac{1}{n}\sum_{i}^{m}\hat{a}_{iALL}$$

式中：ΔG为遗传增益，$\hat{a}_{iF}$为群体中被选择的第 i 个家系的 BLUP 预测育种值；$\hat{a}_{iALL}$为群体所有家系中第 i 个家系的 BLUP 预测育种值；m 为被选择的家系数；n 为群体中所有的家系数。

家系现实遗传增益计算公式[22]为

$$G=\frac{x-X}{X}$$

式中：G为家系现实遗传增益，x为入选家系性状均值，X为对照群体性状均值。

2 结果与分析

2.1 3 个地点试验林的总体生长情况

对 5 年生试验林 3 个生长性状的数据进行正态性检验，均近似正态分布，满足后续分析要求。对生长性状进行分析(表 3)发现，相较于独山和英德试验点，安福试验点的树高极差最大，最大值和均值也更高，分别为 8.70 和 6.17 m，说明安福试验点的气候环境可能对于树高生长更有优势。独山、安福和英德 3 个试验点的 5 年生胸径最大值分别为 11.9、18.3、20.4 cm，平均每年的胸径生长量分别达 2.98、3.66 和 4.08 cm。英德试验点存在胸径的最大值，其最小值也高于其他 2 个试验点，胸径变异系数最小，说明英德试验点的胸径生长量较为突出。相较于树高和胸径，3 个地点的材积变异系数最大，说明火炬松半同胞子代材积变异幅度大，单株材积的变异系数大小依次为独山 > 安福 > 英德。5 年生单株材积生长表现为英德 > 安福 > 独山，表明英德试验点中火炬松材积生长更占优势。综上所述，在 3 个试验点中，英德试验点的胸径和单株材积生长表现最好，且变异系数较小，说明在英德试验点参试家系不仅生长量最大，而且生长整齐度也较好。

2.2 单地点生长性状的遗传变异

对每个试验点各性状分别进行方差分析，结果(表 4)表明，3 个试验点中，除英德试点胸径与材积的生长在区组与家系的交互效应中表现为不显著以外，其他各试验点各性状的家系间、区组间和区组与家系交互效应都达到了极显著水平($P<0.01$)。这说明各试验点的立地条件多样，区组间立地条件差异较大，各家系受立地条件影响较大；家系间生长存在明显差异，家系间选择基础良好，家系选择潜力较大。

2.3 多地点生长性状的遗传变异

对 3 个地点的子代测定林生长数据进行联合分析，结果(表 5)显示，树高、胸径和材积的生长在地点间的差异达到了极显著水平($P<0.01$)，表明生长环境对火炬松生长性状有显著影响。家系间的生长差异达到了极显著水平，表明参试家系间存在显著

表 3 3 个试点试验林生长情况

Tab. 3 Growth status of test forests in 3 test sites

试验点	性状	最大值	最小值	极差	方差	标准差	均值	变异系数
贵州独山	*H*/m	7.20	0.80	6.40	0.83	0.91	3.74	0.24
	DBH /cm	11.90	0.60	11.30	3.24	1.80	4.84	0.37
	VOL/dm^3	38.23	0.02	38.21	14.38	3.79	4.28	0.89
江西安福	*H*/m	8.70	2.00	6.70	0.81	0.90	6.17	0.15
	DBH/cm	18.30	1.29	17.01	5.89	2.43	10.95	0.22
	VOL/dm^3	95.40	0.47	94.93	227.02	15.07	30.26	0.50
广东英德	*H*/m	8.50	2.60	5.90	0.83	0.91	5.88	0.16
	DBH/cm	20.40	5.50	14.90	3.81	1.95	13.02	0.15
	VOL/dm^3	114.08	2.95	111.13	222.66	14.92	39.02	0.38

注：*H*、DBH、VOL分别为5年生试验林的树高、胸径、材积。下同。

表 4　不同试验点生长性状的方差分析

Tab. 4　Variance analysis of growth traits at different test sites

变异来源	贵州独山				江西安福				广东英德			
	自由度	均方			自由度	均方			自由度	均方		
		H	DBH	VOL		*H*	DBH	VOL		*H*	DBH	VOL
区组	7	23.94**	115.88**	417.40**	7	33.50**	532.60**	17 732.00**	7	7.99**	40.72**	2 143.40**
家系	49	2.27**	5.87**	29.40**	49	2.04**	8.90**	472.00**	49	1.55**	7.78**	467.20**
区组 × 家系	332	0.97**	3.53**	15.40**	343	0.94**	4.60**	212.00**	343	0.95**	3.48	221.80
剩余	985	0.55	2.22	10.40	1 460	0.58	3.60	138.00	1 492	0.75	3.59	205.80

注：* 差异显著（$P < 0.05$）；** 差异极显著（$P < 0.01$）。下同。

表 5　参试家系生长性状的方差分析

Tab. 5　Variance analysis of growth traits in the tested family

变异来源	自由度	均方		
		H	DBH	VOL
地点	2	2 301.69**	24 335.99**	434 466.19**
地点内区组	21	20.04**	220.04**	6 658.72**
家系	49	3.67**	12.86**	500.11**
地点 × 家系	98	0.83*	4.30*	178.88*
地点内区组 × 家系	1 014	0.95**	3.86**	151.30**
剩余	3 937	0.64	3.25	131.90

的遗传变异，具备开展遗传改良的潜力。单株材积的地点与家系交互作用也达到了显著水平，表明火炬松家系间对环境条件的响应存在差异，不同家系在不同试验点的材积生长表现差异明显，因此，针对栽植地点开展适生家系的选择，对于火炬松的推广应用具有重要意义。

基于 3 地点联合分析估算生长性状的遗传力发现，材积的单株遗传力和家系遗传力分别为 0.110 ± 0.033 和 0.659 ± 0.083，树高的单株遗传力和家系遗传力均为最大，分别为 0.160 ± 0.041 和 0.750 ± 0.051，胸径的单株遗传力最小，为 0.104 ± 0.031（表 6）。多地点联合分析的结果显示，生长性状的单株遗传力小，家系遗传力大，表明家系平均值能较好地反映遗传差异，可先进行优良家系选择，后续采用配合选择的方式进行优良单株选择。

2.4　优良家系及优良单株选择

基于树高、胸径和材积生长情况，对 3 个试验点的参试家系进行育种值估算。由于 3 个试验点地理环境各有不同，参试家系在不同试验点生长表现各有差异。根据预测的材积育种值，同时结合树高和胸径的育种值进行选择，入选家系必须满足胸径和树高的育种值均大于 0。以 10% 的入选率进行家系选择，各地点各入选 5 个优良家系，可以利用这 5 个优良家系来培育火炬松人工林。其中，独山、安福、英德 3 个地点材积育种值最高的家系分别是 P034、W14、W05（表 7）。独山入选的优良家系为 P034、W14、P023、W28、P043，入选家系的材积平均遗传增益为 0.736 9 dm^3，高出测定林均值 17.17%，与 CK 相比，预期遗传增益达 56.41%，现实遗传增益达 140.31%；安福入选的优良家系分别为 W14、W11、

表 6　基于 3 地点联合分析估算生长性状的遗传参数

Tab. 6　Estimating genetic parameters for growth traits based on joint analysis of 3 locations

性状	方差分量				遗传力	
	家系	地点 × 家系	地点内区组 × 家系	剩余	单株遗传力	家系遗传力
H	0.029 6** (0.007 9)	NA	0.071 0** (0.009 8)	0.639 2** (0.014 3)	0.160 (0.041)	0.750 (0.051)
DBH	0.091 0** (0.027 9)	0.017 2 (0.019 2)	0.131 6** (0.042 2)	3.258 5** (0.072 9)	0.104 (0.031)	0.663 (0.081)
VOL	3.877 9** (1.205 8)	0.965 0 (0.832 3)	6.787 6** (1.701 7)	129.671 7** (2.892 0)	0.110 (0.033)	0.659 (0.083)

注：NA代表数据缺失，括号中数据代表标准误。

表 7 各地点材积育种值排在前 5 名的家系

Tab. 7 Top 5 families in terms of volume breeding values in various regions

贵州独山				江西安福				广东英德			
家系	*H*/m	DBH/cm	VOL/dm^3	家系	*H*/m	DBH/cm	VOL/dm^3	家系	*H*/m	DBH/cm	VOL/dm^3
P034	0.171 4	0.252 5	1.011 8	W14	0.246 8	0.397 3	4.207 8	W05	0.127 6	0.381 9	3.796 1
W14	0.302 8	0.264 7	0.967 6	W11	0.172 7	0.386 4	4.147 0	W07	0.250 2	0.262 7	3.538 6
P023	0.271 3	0.245 8	0.631 8	11	0.018 3	0.453 6	2.892 2	287	0.156 2	0.225 6	3.067 9
W28	0.221 4	0.226 1	0.594 5	288	0.161 6	0.252 9	2.718 8	W11	0.063 8	0.351 0	2.719 4
P043	0.108 6	0.264 9	0.478 8	W08	0.116 4	0.276 3	2.426 0	W14	0.081 7	0.313 3	2.456 4

11、288、W08，入选家系的材积平均遗传增益为 3.278 4 dm^3，高出测定林均值 11.10%，与 CK 相比，预期遗传增益达 33.65%，现实遗传增益达 60.53%；英德入选的优良家系为 W05、W07、287、W11、W14，入选家系的材积平均遗传增益为 3.115 7 dm^3，高出测定林均值 7.97%，与 CK 相比，预期遗传增益达 18.86%，现实遗传增益达 36.13%(表 7)。家系 W14 在 3 个地点的材积方面均表现优秀，相较于 CK，其在 3 个地点的预期遗传增益达 35.84%，现实遗传增益达 54.38%，因此，可以考虑将 W14 作为广谱适生家系进行推广。

对各地点入选的 5 个优良家系在 3 个试验点的生长表现进行比较，结果显示(图 1)，各地点入选的家系在其他试验点的表现趋势存在差异。在英德和安福根据树高育种值入选的家系，大部分都能在 3 个地点保持高于群体平均值的优势；以胸径和材积育种值开展各地点优良家系选择出的入选家系大部分只在入选试点表现良好，说明胸径和材积生长受到环境因子的影响更大，即基因型与环境存在较强的互作效应。独山和英德材积育种值最高的家系

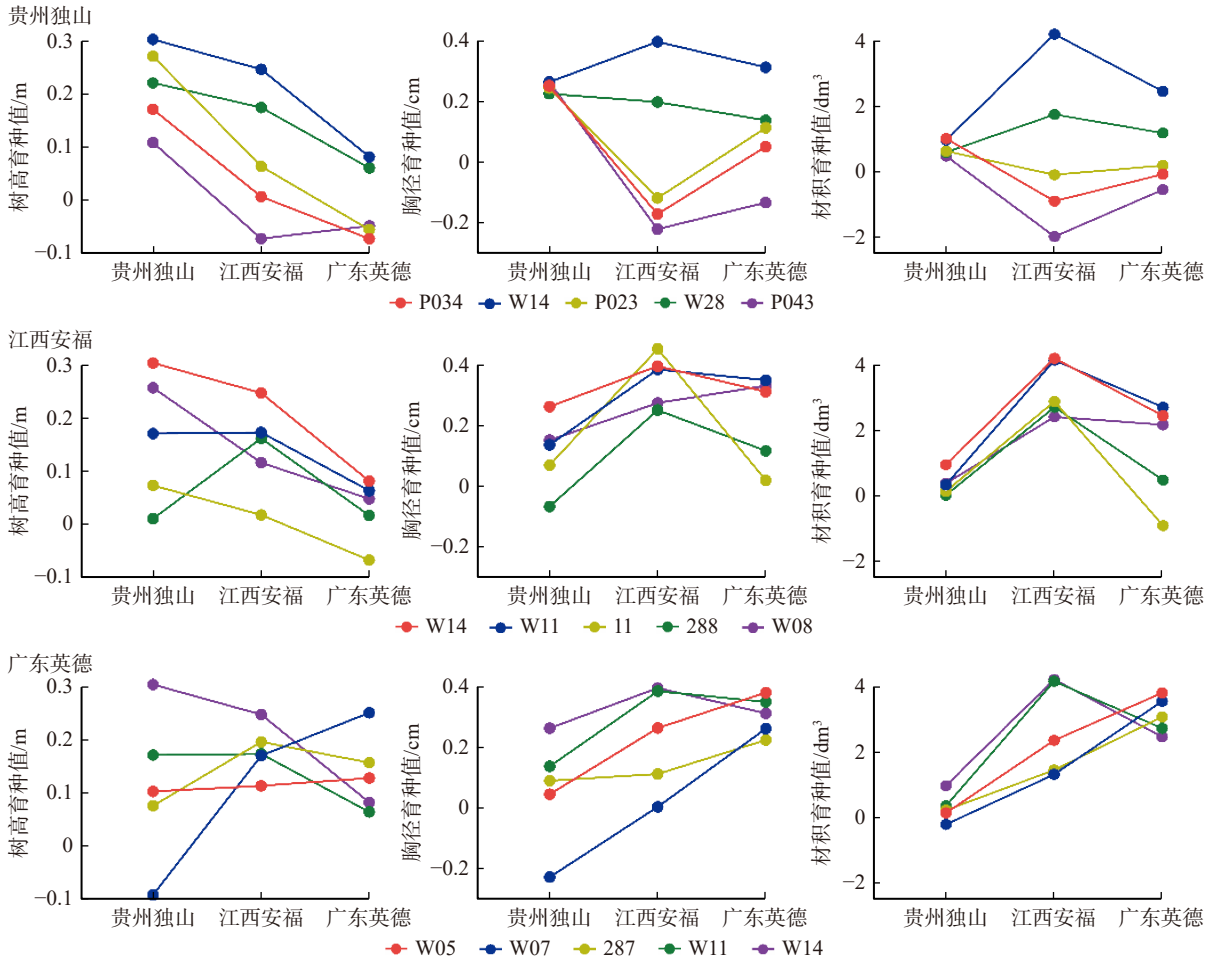


图 1 3 个试验点各入选优良家系的育种值

Fig. 1 Breeding values of each superior family selected from three test sites

P034 和 W05，在其他 2 个试验点中均未能进入前 5 名。除 W14 和 W11 外，其他选出的优良家系在 3 个试验点均无重叠。W14 在安福试验点排名第 1，但在独山和英德试点分别降至第 2 和第 5，进一步表明基因型与环境之间存在显著的交互作用。

以配合选择方式进行优良单株选择，入选个体以个体在本试验所有材料中的编号形式呈现。以单株材积的育种值为主要指标，在各地点分别选择 5 个优良家系，各优良家系限制入选单株数为 2 株，每地点各选出 10 个优良单株(表 8)。同时，为了丰富遗传多样性，入选个体还包括家系排名靠前、个体育种值较高的单株，除优良家系外，其余排名靠前的家系限制入选单株数为 1 株。优良单株入选率为 1%，入选株数为 20 株。独山、安福和英德 3 个地点入选单株的材积平均遗传增益依次为 1.695 6、7.133 8 和 5.953 3 dm^3，胸径平均遗传增益为 0.485 5、0.622 8 和 0.595 3 cm，树高平均遗传增益为 0.453 1、0.250 9 和 0.166 4 m。

利用 ASReml 估算各地点各性状的单株遗传力、家系遗传力。结果(表 9)显示，3 个生长性状均受到一定程度的遗传控制。在 3 个地点中，各地点的材积单株遗传力和家系遗传力变异范围分别为 0.120 ~ 0.181 和 0.402 ~ 0.556，树高的单株遗传力和家系遗传力变异范围分别为 0.079 ~ 0.237 和 0.383 ~ 0.544。其中，安福试验点的材积遗传力最高，单株遗传力和家系遗传力分别为 0.181 ± 0.064 和 0.556 ± 0.095；英德试验点的树高遗传力最低，单株遗传力和家系遗传力分别为 0.079 ± 0.042 和 0.383 ± 0.132。不同试验点遗传力的差异，说明生长性状在不同环境条件下的表现存在差异。

3　讨　　论

在林木遗传改良中，试验林的遗传测定与评估是关键环节，直接影响育种材料与繁殖材料的筛选效果。开展准确的遗传评估，对于后续育种研究及优树的推广应用具有重要意义。ASReml 软件基于 BLUP 方法，结合谱系信息，能够有效提升育种值预测的准确性。火炬松为我国重要的用材树种，具有生长快、适应性强等优良特性，在遗传改良中具有广泛的应用前景。目前广东省已选育出了一批优良火炬松家系，其主要的栽植区域为粤北，虽然获得了较高的遗传增益，但存在一定的地域局限性。本研究

表 8　3 个试验点入选个体的各生长性状育种值

Tab. 8　Breeding values of various growth traits of individuals selected from 3 test sites

试验点	个体	家系	*H*/m	DBH/cm	VOL/dm^3
贵州独山	8 017	P034	0.672 0	0.695 6	3.900 0
	8 352	W14	0.568 2	0.645 1	2.532 0
	8 067	P034	0.451 1	0.534 1	2.366 7
	8 510	P023	0.530 0	0.668 9	2.293 2
	9 621	W14	0.525 3	0.562 8	1.848 5
	8 665	W08	0.602 5	0.485 7	1.800 1
	9 665	29	0.494 6	0.563 0	1.648 2
	8 716	P090	0.580 2	0.392 9	1.600 0
	8 139	W11	0.417 5	0.454 6	1.590 9
	9 200	P012	0.311 2	0.475 3	1.458 4
	8 288	S8	0.260 8	0.527 7	1.437 2
	9 948	P023	0.585 7	0.520 6	1.429 1
	8 910	P043	0.389 6	0.517 3	1.362 5
	8 020	243	0.342 2	0.437 5	1.339 2
	8 182	W28	0.440 4	0.428 3	1.337 0
	8 149	P043	0.404 9	0.456 0	1.277 6
	9 672	W28	0.518 6	0.415 0	1.204 7
	8 011	11	0.357 7	0.336 3	1.183 3
	8 748	288	0.331 7	0.186 2	1.154 9
	9 040	259	0.278 1	0.407 1	1.149 1

表 8(续)
Tab.8 (continued)

试验点	个体	家系	*H*/m	DBH/cm	VOL/dm^3
江西安福	2 765	W11	0.470 9	0.745 5	10.813 8
	2 521	W14	0.456 3	0.716 1	9.699 2
	2 495	W11	0.235 9	0.906 9	9.179 9
	2 477	W08	0.068 6	0.959 4	8.868 7
	2 574	11	0.271 7	0.776 8	8.840 2
	2 772	W14	0.480 5	0.631 1	8.359 1
	2 481	W07	0.283 6	0.566 5	7.706 8
	3 349	250	0.292 7	0.477 5	7.471 3
	2 877	W05	0.249 4	0.609 1	7.250 8
	3 688	P023	0.334 1	0.349 6	6.780 0
	2 496	11	0.031 9	0.875 8	6.410 7
	2 563	288	0.231 0	0.506 0	6.029 8
	3 633	17	0.278 1	0.473 5	5.890 4
	3 786	S8	0.095 6	0.576 9	5.851 1
	2 458	252	0.251 9	0.533 3	5.796 8
	3 931	202	0.354 1	0.471 9	5.640 3
	2 453	259	0.123 9	0.668 3	5.589 3
	3 007	W08	0.211 7	0.503 1	5.527 2
	2 483	251	0.032 1	0.604 4	5.501 5
	3 603	288	0.264 0	0.505 0	5.468 7
广东英德	4 840	Q13	0.055 4	0.883 7	7.733 3
	4 607	W07	0.307 2	0.703 1	7.650 2
	5 108	W05	0.186 1	0.724 0	7.289 5
	4 196	287	0.228 3	0.650 0	7.200 3
	5 578	W05	0.226 8	0.691 5	7.159 9
	4 410	287	0.228 3	0.598 4	6.921 7
	5 376	W11	0.193 0	0.642 0	6.456 1
	5 420	P064	0.229 8	0.469 0	6.396 4
	5 066	W07	0.374 6	0.428 5	6.129 9
	4 448	W11	0.070 0	0.789 5	5.999 1
	5 155	W14	0.130 7	0.669 7	5.853 2
	5 353	259	0.205 8	0.504 0	5.440 4
	4 091	W08	0.130 2	0.638 2	5.293 4
	5 205	W14	0.118 1	0.610 4	5.085 9
	5 645	W28	0.184 5	0.452 3	5.004 3
	5 611	289	0.088 6	0.343 8	4.988 9
	5 592	24	0.130 0	0.414 5	4.962 8
	4 809	WU32	0.026 7	0.790 5	4.639 2
	4 349	S8	0.096 3	0.489 8	4.431 5
	4 543	P054	0.116 6	0.412 3	4.429 4

表 9　各试验点入选家系生长性状的遗传参数估算

Tab. 9　Estimation of genetic parameters for growth traits of selected families from each test site

试验点	性状	方差分量			遗传力		遗传增益
		家系	区组 × 家系	剩余	单株遗传力	家系遗传力	
贵州独山	*H*	0.042 5 (0.016 2)	0.115 2 (0.023 0)	0.558 8 (0.025 0)	0.237 (0.087)	0.528 (0.100)	0.215 1 m
	DBH	0.080 0 (0.043 9)	0.348 1 (0.083 7)	2.249 9 (0.100 9)	0.119 (0.065)	0.365 (0.132)	0.250 8 cm
	VOL	0.422 2 (0.213 4)	1.484 5 (0.372 4)	10.430 8 (0.465 3)	0.137 (0.068)	0.402 (0.127)	0.736 9 dm^3
江西安福	*H*	0.030 8 (0.011 5)	0.076 4 (0.016 0)	0.581 3 (0.021 5)	0.179 (0.065)	0.544 (0.097)	0.143 2 m
	DBH	0.121 6 (0.049 7)	0.185 1 (0.078 3)	3.617 7 (0.133 0)	0.124 (0.050)	0.497 (0.107)	0.353 3 cm
	VOL	7.329 4 (2.677 3)	15.704 0 (3.649 8)	138.513 1 (5.123 8)	0.181 (0.064)	0.556 (0.095)	3.278 4 dm^3
广东英德	*H*	0.015 8 (0.008 5)	0.043 0 (0.016 4)	0.747 9 (0.027 3)	0.079 (0.042)	0.383 (0.132)	0.135 9 m
	DBH	0.111 2 (0.041 5)		3.565 0 (0.117 7)	0.121 (0.044)	0.537 (0.094)	0.306 9 cm
	VOL	6.489 2 (2.523 6)	3.149 2 (3.893 4)	205.984 1 (7.532 9)	0.120 (0.046)	0.522 (0.102)	3.115 7 dm^3

注：括号中内容代表标准误。

基于树高、胸径和单株材积 3 个生长性状，通过 ASReml 软件估算育种值，评价家系在贵州独山、江西安福和广东英德不同试验点的生长情况，有利于进一步向周边省份推广广东选育出的优良家系，符合《国家重点林木良种基地管理办法》[23]中对林木良种基地建设的要求。

不同地点的环境差异对林木生长具有重要影响[24]。多地点方差分析显示，家系与地点间存在显著互作效应，说明树木生长受基因型与立地条件共同影响，参试家系在不同试验点表现存在差异。本研究中，英德试点的材积平均值（39.02 dm^3）为独山试点的材积平均值（4.28 dm^3）的 9 倍。英德试点和安福试点的气温较温和，属于典型的亚热带气候。火炬松虽然在寒冷地区生长良好，但更偏好夏天长而温暖，冬天长度适中的地区[25]。相比之下，独山试点海拔在 1 000 m 以上，地处贵州高原，地形较其他试点陡峭，可能对火炬松生长造成一定影响。此外，参试家系性状在各试验点的变异系数差异明显。贵州独山试验点的生长量明显低于其他 2 个试验点，且各性状的变异系数为 3 个试验点中最高。这与该地所处的地理位置以及特殊的立地条件密切相关。参试的大部分家系来源于海拔较低的中部丘陵地带，而独山试验点位于海拔较高的贵州山区，坡度较大，与种子来源地环境差异较大，导致参试材料间产生较大的分化。但这也有利于进行广泛适用性家系的选择[26]，如 P034、W14 等家系的生长性状在独山试验点的排名中均排在前列，表明其在与种子产地环境差异较大的区域中仍能保持稳定的性状表现。单地点方差分析结果进一步表明，各性状在家系间均表现显著差异，与李赛楠等[27]和 Cumbie 等[28]得出的火炬松家系间含有丰富的遗传变异的结论一致。因此，在进行优良家系选择时，基于试验点环境的异质性，应先在各试验点内进行单点初选，再进行 3 个试验点间的联合选择，不同的造林区，应选择各自的优良家系。

依据本课题组前期经验[21]，结合本研究中参试材料群体大小，将家系入选率确定为 10%，单株入选率确定为 1%。以材积育种值为依据，各地点筛选出 5 个家系作为优良家系，独山、安福和英德 3 个地点以各自测定林均值为基准估算的材积平均遗传增益分别为 0.736 9、3.278 4 和 3.115 7 dm^3，分别达 17.17%、11.10% 和 7.97%，与对照 CK 相比，预期遗传增益分别达 56.41%、33.65% 和 18.86%，现实遗传增益分别达 140.31%、60.53%、36.13%，说明筛选出的优良家系具有良好的材积增益。独山试验点选出的家系来源于江西武功山和湖北彭场，安福试验点和英德试验点选出的家系来源于江西武功山和安徽马鞍山。综合分析表明，来自江西武功山的家系优系比例较大。此前已有研究证实，江西武功山的火炬松后代在英德试点有明显优势[1]，这可能与江西武功山纬度处于中间位置，与贵州独山试点纬度位置接近，且水热条件与英德试点相近有关。入选的优良家系可通过重复采种进行推广。W14 在 3 个试验点的材积性状中均表现优异，与对照 CK 相比，W14 在 3 个地点的预期遗传增益达 35.84%，现实遗传增益达 54.38%，表现出较强的环境适应性与稳定性，可作为广谱适生家系，优先考虑在各地推广应用。W11 在安福和英德 2 个试验点具备良好的生长表现，在贵州试验点中虽未入选优良家系，但在该试验点材积育种值排名第 10，位于前 20%，生长表现处于上游，结合其

在 3 个试验点的综合表现，可以作为适用于多地点推广应用家系的后备选择。本研究中，贵州独山入选家系材积的遗传增益最大，贵州地区目前并未对火炬松进行系统选育，而对马尾松研究已久并取得一定成果。根据《马尾松速生丰产林》(LY/T 1496—2009)行业标准，当立地指数为 14 时，贵州地区 5 年生的马尾松人工林需要达到树高 2.19 m、胸径 1.7 cm 的标准，而贵州入选的火炬松家系，胸径比马尾松胸径生长量高 210%，树高生长量高 91.32%，说明在贵州地区发展火炬松具有一定的优势。本研究开展的多地点测定结果表明，广东省选育的优良火炬松家系在周边省份的生长表现与适应性均表现优异，具备推广应用的潜力。

根据个体材积育种值的大小开展配合选择，对优良家系内优良单株的入选率进行控制，按 1% 的入选率，筛选排在前 20 名的个体。独山、安福和英德 3 个地点的入选个体，材积平均遗传增益分别为 1.695 6、7.133 8 和 5.953 3 dm^3，分别较各地点均值提高了 39.50%、24.15% 和 15.22%，显著高于各地点入选家系的遗传增益。入选的优良个体可以用于建立第 3 代育种群体，或者作为核心育种群体的补充，也可在生产上进行推广应用。

遗传力的估算对于了解林木育种群体的遗传结构具有重要意义[29]。本研究中，独山和安福 2 个试验点胸径的遗传力较树高遗传力小，与赵奋成[30]等对湿地松和杨章旗[31]对马尾松的研究结果一致，与翟思万[32]等华山松(*Pinus armandii*)胸径较树高的单株和家系遗传力大的结果相反。但英德试点中树高单株和家系遗传力均较胸径与材积的单株和家系遗传力小，原因可能在于其地理位置靠南，升温早但春季时间短，因此抽梢时生长最快但持续时间短。与此同时，英德积温高、生长季比其他试点长，因此胸径可持续增长，相比其他地点具有更大的优势，遗传力也相对较高。

本研究通过多地点遗传测定系统地评估了 50 个火炬松家系的生长表现与遗传潜力，为不同区域火炬松优良家系和个体的选育与推广提供了科学依据。研究结果有利于提高火炬松的育种效率，为合理制定区域化育种策略提供了坚实的理论依据。然而，本研究样本尚处于早期生长阶段，观测时间相对较短，尚未覆盖完整轮伐期，可能受早期环境影响较大，后续仍需对生长动态进行持续监测，评估性状稳定性。未来研究应进一步加强表型数据与分子数据的整合，推动火炬松育种由传统遗传评估向分子精准选育转型，加快优质种质资源的高效利用，助力构建高产、高抗的火炬松育种体系。

4 结　论

本研究围绕火炬松的遗传改良与良种推广应用问题，基于半同胞子代多地点遗传测定试验，综合采用方差分析、育种值估算等方法，系统评估了 50 个火炬松家系在贵州独山、江西安福和广东英德 3 个试验点的生长表现与遗传潜力，研究得到以下主要结论。

(1)火炬松 5 年生半同胞子代测定林的生长性状在家系间和不同地点间均存在丰富的遗传变异，具有很大的再选择空间。

(2)通过育种值估算，以 5 年生材积为依据，从贵州独山、江西安福和广东英德 3 个地点各筛选出 5 个当地适生的优良家系，优良单株各 20 株。W14 家系为 3 个地点均适生的优良家系，可进一步在试验地及周边省份推广应用。W11 在安福和英德 2 个试验点具备良好的生长表现，在贵州虽未入选，但其表现亦处于上游，可以作为适用于多地点推广应用家系的后备选择。

研究结果为火炬松区域性良种的选育与推广提供了科学依据，也为未来高世代育种材料的选择奠定了基础。优良家系的后续利用，建议结合其在不同试验点的表现，在 1.5 代种子园中单系采种，定向供应到其表现优良的地区造林，以进一步提升火炬松良种化、区域化推广和遗传改良的效率。

参 考 文 献

[1] 钟伟华, 周达, 何昭珩, 等. 149 个火炬松自由授粉家系的生长表现 [J]. 华南农业大学学报, 1998, 19(1): 82−87.
Zhong W H, Zhou D, He Z H, et al. Growth performance of 149 open-pollinated families of loblolly pine[J]. Journal of South China Agricultural University, 1998, 19(1): 82−87.

[2] 孙小霞, 梁一池, 胡彦师. 火炬松优良种源/家系的选择 [J]. 中南林学院学报, 2003, 23(4): 53−57.
Sun X X, Liang Y C, Hu Y S. Selection of excellent seed source / family of loblolly pine[J]. Journal of Central South Forestry University, 2003, 23(4): 53−57.

[3] 杨会肖, 刘天颐, 徐斌, 等. 火炬松生长和松脂性状相关候选基因的单核苷酸多样性分析 [J]. 华南农业大学学报, 2016, 37(1): 75−81.
Yang H X, Liu T Y, Xu B, et al. Analysis of single nucleotide polymorphisms within candidate genes involved in growth and resin biosynthesis of loblolly pine[J]. Journal of South China Agricultural University, 2016, 37(1): 75−81.

[4] 蒋开彬, 杜澄举, 李赛楠, 等. 4 年生火炬松半同胞家系生长和分枝性状遗传评估 [J]. 北京林业大学学报, 2020, 42(9): 1−10.
Jiang K B, Du C J, Li S N, et al. Genetic evaluation on growth and branching traits of 4-year-old half-sib families of loblolly

pine[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2020, 42(9): 1−10.

[5] 宁华珙, 王博, 陆结芳, 等. 火炬松第三代半同胞家系与火炬松 × 加勒比松全同胞家系遗传变异分析 [J]. 林业与环境科学, 2018, 34(1): 26−31.
Ning H G, Wang B, Lu J F, et al. Genetic variance of the third generation of *Pinus taeda* half-sib families and *P. taeda* × *P. caribaea* hybrid[J]. Forestry and Environment Science, 2018, 34(1): 26−31.

[6] 苏兵强. 火炬松第 1 代家系生长性状遗传变异及选择 [J]. 南方林业科学, 2019, 47(6): 1−6.
Su B Q. Genetic variation and selection of first generation families of *Pinus taeda*[J]. South China Forestry Science, 2019, 47(6): 1−6.

[7] 徐德志. 火炬松半同胞家系子代测定及分析 [D]. 南京: 南京林业大学, 2010.
Xu D Z. Progeny test and analysis of half-sib families of loblolly pine[D]. Nanjing: Nanjing Forestry University, 2010.

[8] 黄少伟, 钟伟华, 李远球. 火炬松自由授粉家系年度生长相关与早期选择研究 [J]. 广东林业科技, 2000, 16(4): 1−5.
Huang S W, Zhong W H, Li Y Q. Study on the growth correlation between ages of loblolly pine open-pollinated families and early selection[J]. Guangdong Forestry Science and Technology, 2000, 16(4): 1−5.

[9] Yang H X, Liu T Y, Liu C X, et al. Genetic parameters and efficiency of early selection for half rotation-aged growth and form traits in *Pinus taeda* in China[J]. Silvae Genetica, 2013, 62(1−6): 277−284.

[10] 边黎明, 施季森, 童春发, 等. ASReml 及其在林木遗传分析中的应用前景 [J]. 林业科技开发, 2012, 26(4): 9−12.
Bian L M, Shi J S, Tong C F, et al. ASReml and its prospective applications in forest genetic analysis[J]. China Forestry Science and Technology, 2012, 26(4): 9−12.

[11] 杨攀科, 王兆宁, 刘茂兰, 等. 4 个种源红松营养成分和脂肪酸质量分数与气候因子的关系 [J]. 东北林业大学学报, 2025, 53(8): 51−60.
Yang P K, Wang Z N, Liu M L, et al. Relationship between nutritional components and fatty acid content of *Pinus koraiensis* in four provenances and climatic factors[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2025, 53(8): 51−60.

[12] 刘青华, 周志春, 范辉华, 等. 马尾松产脂力与生长性状的家系变异及优良家系早期选择 [J]. 林业科学研究, 2013, 26(6): 686−691.
Liu Q H, Zhou Z C, Fan H H, et al. Variation for oleoresin yielding capability and grouth among families and early selection for superior families in *Pinus massoniana*[J]. Forest Research, 2013, 26(6): 686−691.

[13] 尚福强, 高源, 马晓雨, 等. 红松优树半同胞家系的遗传变异及优良家系和单株选择 [J]. 东北林业大学学报, 2024, 52(10): 1−6.
Shang F Q, Gao Y, Ma X Y, et al. Genetic variation of half-sib families of superior *Pinus koraiensis* trees and selection of superior families and individuals[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2024, 52(10): 1−6.

[14] 许娜, 王军辉, 安三平, 等. 利用混合线性模型对青海云杉无性系生长性状进行早期评价 [J]. 东北林业大学学报, 2024, 52(2): 25−30.
Xu N, Wang J H, An S P, et al. Early evaluation of *Picea crassifolia* clone growth traits by mixed linear models[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2024, 52(2): 25−30.

[15] 史琴一, 顾丽姣, 杨敏生, 等. 应用 GGE 双标图法对杨树无性系育种适宜区域划分及优良无性系选择 [J]. 东北林业大学学报, 2024, 52(12): 18−24, 31.
Shi Q Y, Gu L J, Yang M S, et al. Application of GGE biplot analysis to delineate suitable breeding regions and select superior clones in poplar[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2024, 52(12): 18−24, 31.

[16] 姜清彬, 孟景祥, 李保军, 等. 8 年生火力楠半同胞家系遗传评价与选育 [J]. 林业科学, 2025, 61(1): 104−114.
Jiang Q B, Meng J X, Li B J, et al. Genetic evaluation and selection of 8-year-old semi-sibling family of *Michelia macclurei*[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2025, 61(1): 104−114.

[17] Hendersosn C R. Estimation of variance and covariance components[J]. Biometrics, 1953, 9(2): 226−252.

[18] White T L, Hodge G R. Best linear prediction of breeding values in a forest tree improvement program[J]. Theor Appl Genet, 1988, 76(5): 719−727.

[19] Gilmour A R. ASReml for testing fixed effects and estimating multiple trait variance components[J]. Proceeding of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics, 1997, 12: 386−390.

[20] 林元震, 张卫华, 郭海, 等. R 与 ASReml 统计学 [M]. 北京: 中国林业出版社, 2016.
Lin Y Z, Zhang W H, Guo H, et al. R and ASReml statistics[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2016.

[21] 刘天颐, 杨会肖, 刘纯鑫, 等. 火炬松基因资源的育种值预测与选择 [J]. 林业科学, 2014, 50(8): 60−67.
Liu T Y, Yang H X, Liu C X, et al. Prediction of breeding values and selection to the gene resources of loblolly pine[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2014, 50(8): 60−67.

[22] 段爱国, 孙建军, 邓宗富, 等. 杉木第三代亲本杂交子代生长遗传变异及选择研究 [J]. 江西农业大学学报, 2022, 44(2): 261−270.
Duan A G, Sun J J, Deng Z F, et al. Studies on genetic variation and evaluation of hybrid offspring of the parents in the third generation seed orchards of Chinese fir[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2022, 44(2): 261−270.

[23] 国家林业和草原局. 国家重点林木良种基地管理办法 (2011 年第 138 号)[Z]. 北京: 国家林业和草原局, 2011.
National Forestry and Grassland Administration. Management measures for national key forestry germplasm bases (No. 138, 2011) [Z]. Beijing: National Forestry and Grassland Administration, 2011.

[24] Jiang L P, Pei X N, Hu Y B, et al. Effects of environment and genotype on growth traits in poplar clones in Northeast China[J].

Euphytica, 2021, 217(8):169.

[25] Restrepo H I, Bullock B P, Montes C R. Growth and yield drivers of loblolly pine in the southeastern US: a meta-analysis[J]. Forest Ecology and Management, 2019, 435: 205−218.

[26] 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.

[27] 李赛楠, 杜澄举, 周晓煦, 等. 火炬松自由授粉子代生长、形质性状和产脂量的遗传变异分析 [J]. 林业与环境科学, 2020, 36(5): 10−15.
Li S N, Du C J, Zhou X X, et al. Genetic variation analysis of growth and shape traits and resin yield of free-pollinated progeny test forest in the *Pinus taeda*[J]. Forestry and Environment Science, 2020, 36(5): 10−15.

[28] Cumbie W P, Isik F, Li B, et al. Effects of propagule type on genetic parameters of wood density and growth in a loblolly pine progeny test at ages 10 and 11 years[J]. Tree Genetics & Genomes, 2011, 7(6): 1147−1158.

[29] Braga R C, Paludeto J G Z, Souza B M, et al. Genetic parameters and genotype × environment interaction in *Pinus taeda* clonal tests[J]. Forest Ecology and Management, 2020, 474: 118342.

[30] 赵奋成, 郭文冰, 林昌明, 等. 湿地松自由授粉家系松脂产量性状和生长性状的遗传变异分析 [J]. 华南农业大学学报, 2020, 41(4): 90−94.
Zhao F C, Guo W B, Lin C M, et al. Genetic variation analysis on oleoresin yield and growth traits of *Pinus elliottii* open-pollinated families[J]. Journal of South China Agricultural University, 2020, 41(4): 90−94.

[31] 杨章旗. 马尾松种子园优良家系生长性状选择 [J]. 福建林学院学报, 2006, 26(1): 45−48.
Yang Z Q. Selection of superior families in seed orchards of Masson pine[J]. Journal of Fujian College of Forestry, 2006, 26(1): 45−48.

[32] 翟思万, 陈启贵, 代毅, 等. 华山松半同胞子代测定遗传力分析及优良家系选择 [J]. 种子, 2007, 26(12): 5−8.
Zhai S W, Chen Q G, Dai Y, et al. Heritability analysis and superior family selection for half-sib test of *Pinus armandii*[J]. Seed, 2007, 26(12): 5−8.

（责任编辑 赵田芸
责任编委 康向阳）