

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw201607008

引文格式: 罗群凤, 杨章旗, 颜培栋, 等. 马尾松不同改良水平子代群体遗传多样性研究 [J]. 广西植物, 2017, 37(8):1019–1024
LUO QF, YANG ZQ, YAN PD, et al. Genetic diversity of the progeny population of different levels of improvement in *Pinus massoniana* [J].
Guihaia, 2017, 37(8):1019–1024

马尾松不同改良水平子代群体遗传多样性研究

罗群凤¹, 杨章旗^{1*}, 颜培栋¹, 冯源恒¹, 李火根²

(1. 广西壮族自治区林业科学研究院, 国家林业局马尾松工程技术研究中心, 广西马尾松工程技术研究中心, 南宁 530002; 2. 南京林业大学 林木遗传与生物技术省部共建教育部重点实验室, 南京 210037)

摘 要: 该研究以马尾松三个不同改良水平的良种生产群体子代为材料, 用天然群体作为对照, 采用 16 对 SSR 引物对试验群体进行遗传多样性分析, 并探究遗传改良对马尾松林分遗传多样性的影响。结果表明: 马尾松天然群体、母树林子代、1 代种子园子代及 1.5 代种子园子代的 Shannon 多样性指数 (I) 分别为 0.53、0.53、0.53、0.46; 观测杂合度 (H_o) 分别为 0.36、0.36、0.39、0.35; 期望杂合度 (H_e) 分别为 0.32、0.32、0.33、0.27。在这三项主要遗传多样性指标上, 马尾松母树林、1 代种子园及 1.5 代种子园子代之间无显著差异。由此说明, 在广西马尾松的遗传改良进程中, 遗传多样性并未因改良选择而受到明显的影响。良种人工林与天然林相比较, 马尾松良种人工林在三项主要指标上无明显下降, 说明广西三类主要的良种群体都具有较好的群体缓冲能力和个体缓冲能力。该研究结果对于科学制定马尾松育种策略具有重要意义, 为马尾松高世代育种研究提供了重要的理论依据。

关键词: 马尾松, 改良水平, 生产群体, 遗传多样性, 种子园

中图分类号: Q948 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3142(2017)08-1019-06

Genetic diversity of the progeny population of different levels of improvement in *Pinus massoniana*

LUO Qun-Feng¹, YANG Zhang-Qi^{1*}, YAN Pei-Dong¹,
FENG Yuan-Heng¹, LI Huo-Gen²

(1. Masson Pine Engineering Technology Research Center of Guangxi, Masson Pine Engineering Technology Research Center of State Forestry Administration, Guangxi Institute of Forestry Science, Nanning 530002, China; 2. Key Lab of Forest Genetics and Biotechnology (Nanjing Forestry University), Ministry of Education, Nanjing 210037, China)

Abstract: The effects of genetic improvement on the genetic diversity of *Pinus massoniana* forest were studied, by using three improved levels of progeny of seed production populations as the research material, and the natural population as

收稿日期: 2016-10-26 修回日期: 2016-11-21

基金项目: 国家科技支撑计划项目 (2015BAD09B0102-2); 广西八桂学者专项项目 (2011A015); 广西自然科学基金 (2014GXNSFBA118078); 广西林科院基本科研业务费专项项目 (林科 201617 号) [Supported by National Key Technology R & D Program of China (2015BAD09B0102-2); Guangxi Special Fund for Bagui-Scholar (2011A015); Guangxi Natural Science Foundation (2014GXNSFBA118078); Basic Scientific Research Fund of Guangxi Forestry Research Institute (201617)]。

作者简介: 罗群凤 (1987–), 女, 江西南昌人, 硕士, 工程师, 主要从事林木遗传育种研究, (E-mail) lqf20060388@163.com。

***通信作者:** 杨章旗, 博士, 教授级高级工程师, 主要从事林木遗传育种研究, (E-mail) yangzhangqi@163.com。

the control. The genetic diversity of the experimental groups was analyzed by sixteen pairs of SSR primers. The results were as follows: Shannon's information index (I) of natural populations, progeny of seed production area, offspring of Generation 1 seed orchard and Generation 1.5 seed orchard of *P. massoniana* were 0.53, 0.53, 0.53 and 0.46; observed heterozygosity (H_o) 0.36, 0.36, 0.39, 0.35 respectively; expected heterozygosity (H_e) 0.32, 0.32, 0.33, 0.27 respectively. There were no significant difference among the offsprings of seed production areas of Generation 1 and Generation 1.5 seed orchards of *P. massoniana* on the three main genetic diversity indexes. It showed that the genetic diversity of improved varieties was not affected significantly by the improved selection in the process of genetic improvement of *P. massoniana* in Guangxi. Compared with the plantations and natural forest, we knew that there was no significant decrease in the three main indexes of the improved varieties, which indicated that the three kinds of main populations in Guangxi had good group buffer capacity and individual buffer capacity. The results of the study have important significance for the scientific development of breeding strategy in *P. massoniana*, and provide important data support for the research of high generation breeding of *P. massoniana*.

Key words: *Pinus massoniana*, improved level, production populations, genetic diversity, seed orchard

随着林木遗传改良研究进程不断深入,经过遗传品质改良的种苗被越来越多应用于人工林营建。而对林木遗传品质进行人为控制,在提高森林经济效益的同时也将导致“野生”种群逐渐转变为“人工改良”种群。在这一改良过程中,通过选育淘汰很大比例的原始群体,最终形成用于繁育良种的生产群体。人工造林“新种群”的遗传多样性受制于生产群体的有效大小,其遗传基础常常被限制在很窄的范围内,从而引起多样性的流失,导致有利基因或基因综合体的丢失,种群对自然环境的适应性和抗性变弱(朱大保,1994)。而林木遗传改良的理想状态是改良过程中既能够获得较高的遗传增益,又能保持较高的遗传多样性。一方面为林木可持续改良提供基础,另一方面为林木生产提供杂合度较高、适应性和稳定性较强的良种。因此,对不同改良水平的生产群体子代开展遗传多样性研究,对于制定科学合理的育种策略具有重要意义。

马尾松(*Pinus massoniana*)是我国分布最广的针叶树种,在我国约 1/5 国土范围内的山地均有分布;也是我国南方地区重要的用材、工业原料和荒山造林树种,其木材和松脂是许多森林工业、林产和造纸工业的支柱(周正贤,2001)。我国马尾松遗传改良研究开始于 20 世纪 50 年代(余新妥,1959),首先是对马尾松天然林林分、种源水平和母树林进行研究,进而选择并收集大量优树,营建马尾松初级种子园和 1.5 代种子园(杨章旗,1994)。广西是马尾松主要分布区,也是主要的栽培区,拥

有面积广阔的马尾松人工林。广西马尾松第一代改良选择获得了约 32% 材积增益。在广西马尾松遗传改良过程中,母树林、1 代种子园与 1.5 代种子园先后成为良种生产的主要来源,其遗传多样性大小直接影响到马尾松人工林的遗传丰富度。因此,本研究以 SSR 分子标记为技术手段对三种生产群体的子代进行对比分析研究,以此来分析改良选择对子代良种遗传多样性的实际影响,为马尾松高世代育种研究提供重要的理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

马尾松不同改良水平子代测定试验林位于广西国有拉浪林场。林场位于宜州市西北部,地理位置为 24°34'49.1" N, 108°16'45.1" E。地处桂北低山丘陵区,海拔 175 m,相对高差较小,坡度多在 30° 以下。为亚热带季风性气候,年平均气温在 19.6~20.8 °C,极端最高气温 39.8 °C,极端最低气温 -2.2 °C;年降水量在 1 500 mm 以上,年平均气温 15.7 °C。气候温暖,雨量充沛,年平均日照时数 1 695.7 h,年均降雨量 1 304.1 mm。土壤为红壤。

试验林于 2011 年 4 月造林,共有 37 个半同胞家系参加试验,亲本分别来自欧洞林场马尾松古蓬种源人工母树林、南宁市林科所 1 代种子园、欧洞林场 1.5 代种子园及 1988 年南宁市林科所营建的子代测定林优树。试验设计为 9 株小区,4 次重复。

2013 年 9 月,选择 A、B、C 3 个亲本在母树林产生的半同胞家系 A1、B1、C1,在初级种子园产生的半同胞家系 A2、B2、C2,及 1.5 代种子园产生的半同胞家系 A3、B3、C3(母树林亲本为母株,初级种子园及 1.5 代种子园亲本为嫁接得到的无性系分株)。每个家系采集 30 个单株的新鲜针叶(若不足 30 株,则全部取样),冷冻保存。具体见表 1。

表 1 马尾松不同改良水平家系试验采样信息
Table 1 Sample information of *Pinus massoniana* family test indifferent levels of improvement

家系编号 Family code	亲本编号 Parent code	产地 Place of origin	取样株数 Sampling number
A1	A	欧洞林场母树林 Seed production area of Forest Farms of Oudong	30
A2	A	南宁市林科所初级种子园 Primary seed orchard of Nanning Forestry Division	30
A3	A	欧洞林场 1.5 代种子园 Generation 1.5 seed orchard of Forest Farms of Oudong	30
B1	B	欧洞林场母树林 Seed production area of Forest Farms of Oudong	11
B2	B	南宁市林科所初级种子园 Primary seed orchard of Nanning Forestry Division	30
B3	B	欧洞林场 1.5 代种子园 Generation 1.5 seed orchard of Forest Farms of Oudong	30
C1	C	欧洞林场母树林 Seed production area of Forest Farms of Oudong	30
C2	C	南宁市林科所初级种子园 Primary seed orchard of Nanning Forestry Division	30
C3	C	欧洞林场 1.5 代种子园 Generation 1.5 seed orchard of Forest Farms of Oudong	30

以马尾松古蓬种源天然群体样本作为对照。样本采自广西忻城县古蓬镇。采样点坐标范围在 108°34'51.86"~108°37'48.85" E、23°44'47.90"~23°49'24.13" N 之间,海拔 138~291 m,林龄 15~30 a,平均树高 22.0 m,平均胸径 34.3 cm。采样单株间距 50 m 以上。共采集 52 个单株的新鲜针叶采用硅胶

干燥保存。

1.2 方法

1.2.1 DNA 的提取 使用 CTAB 裂解—硅珠吸附法提取马尾松针叶 DNA(Doyle JJ & Doyle JL,1990),保存于 4 ℃ 冰箱。

1.2.2 引物来源及 SSR-PCR 反应条件 所使用的 SSR 引物根据马尾松基因组 DNA 序列设计开发,共计 506 对(Feng et al,2013)。筛选出 16 对多态性高的 SSR 引物用于遗传多样性分析。Taq 酶、dNTPs 等购自捷瑞生物工程公司,引物合成也由该公司完成。具体 PCR 体系和扩增程序参照 Feng et al (2013)进行。将得到扩增产物进行聚丙烯酰胺凝胶电泳,实验参照杨章旗等(2014)的方法进行。

1.2.3 遗传多样性分析 SSR 为共显性标记,同一引物扩增产物中电泳迁移率一致的条带被认为具有同源性。采用凝胶成像系统,对所得的图片进行判读,然后根据所读的数据用 A, B, C, D,E,...,按条带长度大小,从大到小进行编号。

采用 POPGENE32 软件(Yeh et al,1997)计算下列遗传参数:(1)多态位点百分率(Polynomiality of polymorphic loci,PPB);(2)观测等位基因数目(Ob-served number of alleles,Na);(3)有效等位基因数目(Effective number of alleles,Ne) (Hartl et al,1989);(4)Shannon's 多样性指数(Shannon's information index, I) (Shannon & Weaver,1949);(5)观测杂合度(Observed heterozygosity, Ho);(6)期望杂合度(Expected heterozygosity,He) (Nei et al,1973)。

2 结果与分析

2.1 试验群体总体遗传多样性

16 对 SSR 引物在 9 个家系的 251 个样本中共检测到 45 个等位基因,多态位点百分率为 100%。每个位点观测等位基因数(Na)为 2~5 个,平均为 2.81;有效等位基因数(Ne)为 1.003~2.557,平均有效等位基因数 1.57。

不同位点的多样性参数差别很大,Shannon 多样性指数(I)最高为 0.999,最低为 0.012,平均为 0.52。观测杂合度(Ho)变化范围为 0.003~0.916,平均为 0.35;期望杂合度(He)变化范围为 0.003~0.610,平均为 0.31(表 2)。

表 2 试验群体 16 个 SSR 位点的遗传多样性
Table 2 Genetic diversity of sixteen SSR loci within experimental population of *Pinus massoniana*

位点 Locus	观测等位 基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	Shannon 多样性 指数 I	观测 杂合度 H_o	期望 杂合度 H_e
PJ239	3	1.566	0.611	0.292	0.362
PJ247	3	1.412	0.564	0.122	0.292
PF322	3	1.446	0.502	0.379	0.309
PF 402	5	1.921	0.925	0.461	0.480
PF 408	5	1.433	0.551	0.360	0.303
PF 463	3	1.940	0.747	0.495	0.485
PF 569	2	1.003	0.012	0.003	0.003
PF 615	2	1.003	0.012	0.003	0.003
PF 620	2	1.806	0.638	0.672	0.447
PF 648	2	1.155	0.260	0.145	0.134
PF 653	3	2.406	0.948	0.916	0.585
PF 727	2	1.026	0.069	0.026	0.025
PF 742	2	1.248	0.350	0.160	0.199
PF 764	3	1.307	0.429	0.269	0.235
PF 784	3	2.557	0.999	0.510	0.610
PF 793	2	1.904	0.668	0.775	0.475
平均 Mean	2.81	1.57	0.52	0.35	0.31

表 3 9 个半同胞家系遗传多样性
Table 3 Genetic diversity of nine half-sib families

半同胞家系 Half-sibfamily	观测等位 基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	Shannon 多样性 指数 I	观测 杂合度 H_o	期望 杂合度 H_e
A1	2.19	1.42	0.39	0.28	0.24
A2	2.19	1.53	0.46	0.33	0.29
A3	2.31	1.49	0.43	0.29	0.26
B1	2.06	1.42	0.40	0.32	0.25
B2	2.19	1.53	0.46	0.33	0.29
B3	2.31	1.49	0.43	0.29	0.26
C1	2.31	1.73	0.56	0.46	0.35
C2	2.31	1.73	0.56	0.47	0.36
C3	1.94	1.44	0.37	0.38	0.24

2.2 参试家系遗传多样性分析

对参试家系遗传多样性分析(表 3)显示,9 个半同胞家系的平均等位基因数(N_a)在 1.94~2.31 间,A3、B3、C1 和 C2 家系最高;平均有效等位基因数(N_e)在 1.42~1.73 间,C1、C2 家系为最高;Shannon 多样性指数(I)在 0.37~0.56 间,最高的为 C1 和 C2 家系;观测杂合度(H_o)在 0.28~0.47 间,最高的为 C2 家系;期望杂合度(H_e)在 0.24~0.36 间,最高的也为 C2 家系。

2.3 不同改良水平子代间遗传多样性差异分析

采用 SAS8.1 软件根据多元方差分析模型对不同改良水平间家系遗传多样性参数进行方差分析。结果表明,五项遗传多样性参数在不同改良水平子代间均差异不显著(表 4)。16 对 SSR 引物在母树林子代家系和 1.5 代种子园子代家系中均扩增到了 42 个等位基因,而在初级种子园子代家系中扩增到了 41 个等位基因。

表 4 不同改良水平间遗传多样性参数方差分析
Table 4 ANOVA analysis of genetic diversity in different genetic improved levels

指标 Index	变异来源 Source of Variation	自由度 df	平均方差 Average variance	F 值 F value	P 值 P value
观测等位 基因数 N_a	改良水平 Improved level	2	0.001 9	0.09	0.92
有效等位 基因数 N_e	改良水平 Improved level	2	0.011 5	0.75	0.51
Shannon 多样性指数 I	改良水平 Improved level	2	0.005 2	1.15	0.38
观测杂合度 H_o	改良水平 Improved level	2	0.002 4	0.4	0.69
期望杂合度 H_e	改良水平 Improved level	2	0.002 7	1.49	0.30

2.4 马尾松良种人工林与天然林遗传多样性比较分析

通过对马尾松古蓬种源天然群体样本的遗传多样性分析表明,该群体平均等位基因数(N_a)为 2.50;平均有效等位基因数(N_e)为 1.60;Shannon 多样性指数(I)为 0.53;观测杂合度(H_o)为 0.36;期望杂合度(H_e)为 0.32(表 5)。

在 Shannon 多样性指数(I)、观测杂合度(H_o)

表 5 古蓬种源天然群体 16 个 SSR 位点的遗传多样性
Table 5 Genetic diversity of sixteen SSR loci within natural population of Gupeng provenance

位点 Locus	观测等位 基因数 <i>N_a</i>	有效等位 基因数 <i>N_e</i>	Shannon 多样性 指数 <i>I</i>	观测 杂合度 <i>H_o</i>	期望 杂合度 <i>H_e</i>
PJ239	2	1.214	0.320	0.098	0.178
PJ247	3	1.733	0.744	0.269	0.427
PF322	3	1.972	0.724	0.827	0.498
PF 402	4	2.383	1.011	0.327	0.586
PF 408	3	1.453	0.581	0.289	0.315
PF 463	3	2.006	0.831	0.520	0.507
PF 569	1	1.000	0.000	0.000	0.000
PF 615	1	1.000	0.000	0.000	0.000
PF 620	2	1.923	0.673	0.800	0.485
PF 648	2	1.080	0.163	0.077	0.075
PF 653	3	2.546	0.996	0.941	0.613
PF 727	3	1.284	0.411	0.250	0.223
PF 742	2	1.209	0.316	0.192	0.175
PF 764	3	1.265	0.396	0.196	0.212
PF 784	3	1.969	0.747	0.481	0.497
PF 793	2	1.551	0.540	0.462	0.359
平均 Mean	2.50	1.60	0.53	0.36	0.32

和期望杂合度 (H_e) 这 3 项重要的遗传多样性参数上与母树林子代持平, 低于 1 代种子园子代, 但高于 1.5 代种子园子代, 也略高于 3 类马尾松良种人工林的平均水平(图 1)。

3 讨论与结论

育种群体的遗传多样性对多世代可持续改良意义重大。育种群体内遗传变异不断损失, 将导致该树种失去持续改良的潜力(徐清乾等, 2002)。林木的群体遗传结构在两个水平上影响该群体适应性和稳定性, 一是群体内的总遗传多样性大小可以影响群体对外界环境缓冲能力; 二是个体的杂合性可以影响树木个体对异质环境的缓冲能力。群体

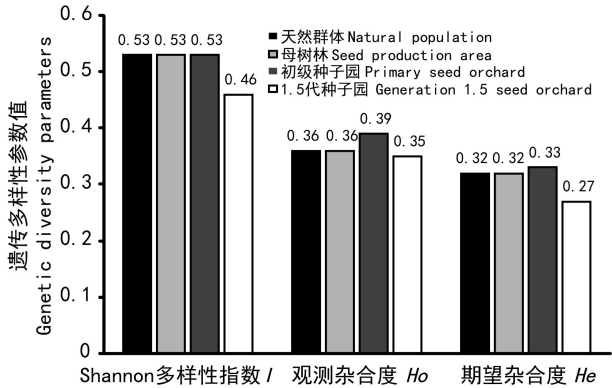


图 1 不同改良水平子代遗传多样性比较
Fig. 1 Genetic diversity in different genetic improved levels

遗传多样性水平越高, 则对异质环境的适应性就越强, 林木群体也相对最稳定(Wicks et al, 2005)。正常条件下, 自然分布状态的林木群体的多样性最丰富, 水平也最高(Fogal et al, 2002)。如果在改良过程因人为选择使育种群体遗传多样性下降、基因型窄化时, 其产生的人工种群的整体防护功能将降低。较为单一的基因型对环境变化的反应相近似, 此时人工种群的稳定性主要靠个体自身来保证。同时基因型窄化又提高了发生近交的概率, 有可能导致过于纯化的人工种群在某些环境剧变中发生严重损失甚至被淘汰。因此, 保持高水平遗传多样性是林木群体稳定、生态发展的基础和必要条件(Mahoney et al, 2005; 陈天华, 1994)。

本研究中重点比较了可以代表群体遗传复杂程度的 Shannon 多样性指数 (I) 和代表群体杂合度的观测杂合度 (H_o) 与期望杂合度 (H_e)。本研究发现在这 3 项主要指标上, 马尾松母树林、1 代种子园及 1.5 代种子园子代间没有显著差异。由此说明, 在广西马尾松的遗传改良过程中, 良种子代的遗传多样性并未因改良选择受到明显的影响。将良种人工林与天然林进行比较发现马尾松良种人工林在三项主要指标上没有明显下降。说明广西三类主要的良种群体都具有较好群体缓冲能力和个体缓冲能力。

在三个生产群体中, 欧洞林场人工母树林是由马尾松古蓬种源的优良林分经疏伐改建而成的; 南

宁市林科所 1 代种子园的建园材料由来自广西全区的 464 个优树无性系组成,其中包括了来自欧洞林场母树林的部分优树无性系;而欧洞林场 1.5 代马尾松种子园是在南宁市林科所 1 代种子园中选择来自古蓬种源及其附近地区的 50 个优树无性系建立的。根据研究结果可以看出,母树林子代可以很好地继承亲本群体的遗传多样性,在完成经济性状初步改良的同时,较之天然林并未损失遗传多样性。第 1 代种子园的子代比母树林子代和天然群体具有更高的遗传多样性,这表明基于广泛的优树选择建立的育种群体可以有效丰富良种子代的遗传多样性。从良种推广角度来看,广西马尾松第一次改良获得了较高的改良增益又提高了遗传多样性。1.5 代种子园子代的遗传多样性最低,一方面缘于其亲本群体的规模较小;另一方面可能因为其亲本多来自同一种源,遗传背景相似,二者共同导致 1.5 代种子园建园群体的遗传基础相对较窄,影响了子代的遗传多样性。因此,在制定 1.5 代生产群体的选择策略时,在保证获得足够遗传增益的同时,应细致考虑入选材料遗传背景、亲缘关系及群体规模。可参考美国火炬松与湿地松的育种策略,将整个育种群体分为主群体(main population)和精选群体(elite population)两大部分。主群体各个亚系的成员按育种值高低分进行排名,由高育种值的个体组成精选群体建立种子园(White et al,1993,2001)。

参考文献:

- CHEN TH, 1994. Protection of resources in the forest tree improvement [J]. J Fujian For Sci Technol, 21(3): 51-57. [陈天华, 1994. 林木改良中基因资源的保护 [J]. 福建林业科技, 21(3): 51-57.]
- DOYLE JJ, DOYLE JL, 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue [J]. FOCUS, 12: 13-15.
- FENG YH, YANG ZQ, WANG J, et al, 2013. Development and characterization of SSR markers from *Pinus massoniana* and their transferability to *P. elliottii*, *P. caribaea* and *P. yunnanensis* [J]. Genet Mol Res, 13(1): 1508-1513.
- FOGAL WH, LAROCQUE GR, LOPUSHANSKI SM, 1999. Nutritional and sexual responses of jack pine to ammonium nitrate and gibberellins [J]. For Sci, 45(1): 136-153.
- HARTL DL, CLARK AG, 1989. Principles of population genetics [M]. 2nd ed. Sunderland: Sinauer Associates.
- MAHONEY II, BERNSTEIN B, WOLFF J, 2005. FHWA's maintenance decision support system project: Results and recommendations [J]. Transp Res Rec, 1911(1): 133-142.
- NEI M, 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations [J]. Proc Nat Acad Sci Usa, 70: 3321-3323.
- SHANNON CE, WEAVER W, 1949. The mathematical theory of communication [M]. Urbana: University of Illinois Press.
- WICKS J, TRELOAR SA, MARTIN NG, et al, 2005. New Concepts for distinguishing the hidden patterns of linkage disequilibrium which underlie association between genotypes and complex phenotypes [J]. Twin Res Human Gen, 8(2): 95-100.
- WHITE TL, HODGE GR, POWELL GL, 1993. An advanced-generation tree improvement plan for slash pine in the south-eastern United States [J]. Silv Gen, 4(2): 359-371.
- WHITE TL, HUBER DA, POWELL GL, 2011. Third-cycle breeding strategy for slash pine by the Cooperative Forest Genetics Research Program [M/OL]. Digital Library Okstate Edu.
- XU QQ, XU ZK, CHENG ZH, et al, 2002. The building techniques on second grade seedgarden of *Cunninghamia lanceolata* [J]. Hunan For Sci & Technol, 29(4): 16-19. [徐清乾, 许忠坤, 程政红, 等, 2002. 第二代杉木种子园建立技术研究 [J]. 湖南林业科技, 29(4): 16-19.]
- YANG ZQ, 1994. Genetic improvement process and future direction of *Pinus massoniana* in Guangxi [J]. Guangxi For Sci, 23(1): 41-45. [杨章旗, 1994. 广西马尾松遗传改良进程及未来发展方向 [J]. 广西林业科学, 23(1): 41-45.]
- YANG ZQ, FENG YH, WU DS, 2014. Analysis of genetic diversity of *Pinus yunnanensis* var. *tenuifolia* nature populations by SSR marker [J]. Guihaia, 34(1): 10-14. [杨章旗, 冯源恒, 吴东山, 2014. 细叶云南松天然种源林遗传多样性的 SSR 分析 [J]. 广西植物, 34(1): 10-14.]
- YEH, FC, Yang RC, BOYLE TB, et al, 1997. Popgene, the user-friendly shareware for population genetic analysis [M]. Canada: Molecular biology and biotechnology centre, University of Alberta.
- YU XT, 1959. Geographic planting and germination test of *Pinus massoniana* [J]. Sci Silv Sin, (6): 452-461. [余新妥, 1959. 马尾松的地理播种和发芽试验 [J]. 林业科学, (6): 452-461.]
- ZHOU ZX, 2001. Chinese Mason Pine [M]. Beijing: Chinese Forestry Press: 1-5. [周政贤, 2001. 中国马尾松 [M]. 北京: 中国林业出版社: 1-5.]
- ZHU DB, 1994. Biodiversity and tree breeding [J]. Biodivers Sci, 2(3): 157-161. [朱大保, 1994. 生物多样性与林木育种 [J]. 生物多样性, 2(3): 157-161.]