

KLOONIVALINTA MÄNNYN SIEMENVILJELYKSELLE 442 / YHTEENVETO TESTAUSTULOKSISTA

Matti Haapanen 25.10.2016 /Luke

AINEISTON KUVAUS

Siemenviljelyksen nro 442 kloonivalintaa varten analysoitiin 107 männyn jälkeläiskokeesta kerätty pituusmittausaineisto. Mittaustietojen perusteella määritettiin kokeissa olevien ensimmäisen polven mäntykantapuiden geneettiset arvot (jalostusarvot) pituussummalle (DL5/2cii).

Jälkeläiskokeet sijaitsevat lämpösumma-alueella 804...998 d.d. (keskiarvo 890 d.d.) ja tuottavat ensisijaisesti tietoa männyn jalostusaineistojen kasvusta ja kestävydestä (DL5/1b). Testausympäristössä todennetut geneettiset erot kantapuiden välillä ovat relevantteja myös siemenviljelyksen ehdotetulla käyttöalueella (DLC/2ci).

Kokeisiin viljellyt aineistot olivat pääsääntöisesti yksivuotiaita taimia, jotka oli kasvatettu ja hoidettu identtisesti (DL5/1d). Viljely oli tehty 2–6 lohkoa ja keskimäärin 25 viljelypaikkaa (mediaani) sisältäviin yhtenäisruutuihin satunnaistettujen lohkojen koejärjestelyn mukaisesti. (DL5/1a, 1d). Tarkempia tietoja kokeista ja koealkuperistä ylläpidetään Luonnonvarakeskuksen Metsägeneettisessä rekisterissä (DL5/1c,2b).

Analysoidut tunnuks

Kokeista oli mitattu pituuskasvu 5...28 vuoden iällä (mediaani 11, keskiarvo 12 vuotta) kaikista elävistä puista. Istutettujen puiden lukumäärän ollessa tiedossa pituusmittausten perusteella voitiin määrittää kunkin koeruudun elävyys. Näistä kahdesta tunnuksesta johdettiin analyyseissä käytetty muuttuja, **pituussumma**, kertomalla jokaisen koeruudun keskipituus koeruudun puuston elävyydellä.

MENETELMÄ

Analysoidut jälkeläiskokeet sijaitsivat kantapuuvanhempien pölytyspaikkaan (Keski-Suomen siemenviljelykset) verrattuna huomattavan pohjoisessa. Siemenviljelysten taustapölytyksestä johtuen lämpösummayksiköinä mitattavalla siirtoetäisyydellä siemenen syntypaikan ja kokeen sijaintipaikan välillä oli selvä vaikutus elävyyteen, ja sen myötä pituussummaan. Jalostusarvojen laskentaa edelsi siten koeruutukohtaisille pituussummille tehty korjaus. Tämä perustu lineaariseen regressiomalliin, jossa pituussumman vaihtelua koko aineistossa selitettiin siirtomatalla (lämpösumma ero), kokeen lämpösummalla sekä kokeen iällä.

Analyyysi suoritettiin koeruutukohtaisella korjatulla pituussummalla (lasketun ja mallilla ennustetun pituussumman erotus), johon sovitettiin lineaarinen sekamalli:

$$y_{ijk} = \mu + S_i + b(L)_{ij} + f_k + e_{ijk}$$

jossa y_{ijk} = korjattu pituussumma, μ = yleiskeskisarvo, S_i = koepaikan vaikutus (kiinteä), $B_{j(i)}$ = kokeen i lohkon j vaikutus (kiinteä), f_k = perheen k vaikutus (satunnainen), sekä e_{ijk} = koeruudun ijk jäännöspoikkeama. Tilastollinen analyysi suoritettiin SAS-ohjelmalla. Analyysi ennusti vapaapölytysperheiden satunnaisvaikutukset (f) ottaen huomioon metsänjalostuskokeille tyypillisen jäännösvarianssin heterogeenisuuden koepaikojen välillä. Sekamallin satunnaisvaikutukset ovat ns. BLUP-arvoja, parhaita harhattomia lineaarisia ennusteita

perheen geneettisestä arvosta (Best Linear Unbiased Prediction). Kantapuun jalostusarvo saatiin kertomalla perheen satunnaisvaikutus f_k (erotus populaation keskiarvosta) kahdella.

Menetelmää käytetään eläinten perinnöllisen arvon ennustamiseen taloudellisesti tärkeillä kotieläinlajeilla, mutta se on nykyisin yleisessä käytössä myös metsäpuilla. BLUP-arvot ilmoitetaan tyypillisesti poikkeamina ominaisuuden keskiarvosta tarkastellussa populaatiossa.

TULOKSET

Taulukko 1. Siemenviljelyyn valittujen kantapuiden BLUP-jalostusarvot pituussummalle (dm). Jalostusarvon voidaan tulkita ennustavan kantapuun 100 istutetun jälkeläisen yhteenlaskettua kokonaispituutta testausympäristössä noin 12 vuoden iällä. Jalostusarvon yksikkö on desimetri ja se esitetään poikkeamana kokeissa testatun kantapuuaineiston keskiarvosta.

Kantapuu	Kokeita kpl	Jalostusarvo
P1158	3	+35.09
P1661	3	+39.71
P175	4	+38.97
P186	2	+42.12
P1927	2	+83.29
P2	2	+68.00
P210	21	+53.94
P219	24	+58.88
P2238	2	+37.42
P2239	2	+44.75
P227	5	+51.07
P2283	2	+76.44
P2388	2	+47.99
P2514	2	+34.51
P2520	2	+54.30
P254	8	+44.29
P2543	2	+51.18
P263	13	+38.56
P3000	2	+46.89
P3193	4	+46.04
P3211	4	+51.68
P333	5	+38.05
P334	8	+62.78
P3357	2	+47.09
P3360	3	+68.34
P3511	7	+41.17
P3548	5	+58.90
P4059	3	+36.32
P437	5	+51.60
P445	3	+73.23
P4542	3	+53.26
P5107	4	+50.67
P631	4	+60.87
P75	2	+59.12
P96	2	+39.86

Kloonit siemenviljelykseen 442 valittiin koetulosten perusteella kantapuiden parhaimmistosta, kuitenkin niin, että kantapuita, joista oli mittaustulos vain yhdestä koeviljelyksestä, ei huomioitu valinnassa. Kloonien tuli lisäksi täyttää kynnyсарvo, joka perustui siemenviljelyksissä arvioituun pikkukäpyjen määrään / käpysatoon. Näillä rajoituksilla valitut 35 kloonia sijoituivat pituussummaltaan koeaineistossa, jossa oli yhteensä 985 kantapuita, järjestyssijoille 5...125.

JOHTOPÄÄTÖS

Siemenviljelys nro 442 täyttää metsänviljelyaineistodirektiivin (1999/105/EY) liitteessä V testattu –luokkaan kuuluvan perusaineiston hyväksymisen vähimmäisvaatimukset testaustulosten ja koemenettelyjen osalta. Siemenviljelys voidaan rekisteröidä perusaineistorekisteriin luokkaan testattu.

Kirjallisuutta

Piepho, H.P., Mohring, J., Melchinger, A.E. & Büchse, A. 2007. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161 (1): 209–228.

White, T. & Hodge, G. 1988. Best linear prediction of breeding values in a forest tree improvement program. *Theor Appl Genet.* 76(5):719–727.