DOI: 10.2478/v10132-011-0057-y

Pärilikkuse mõjust hariliku männi (*Pinus sylvestris* L.) kasvuomadustele järglaskatsetes

Malle Kurm*, Ursula Kaur, Tiit Maaten ja Andres Kiviste

Kurm, M., Kaur, U., Maaten, T., Kiviste, A. 2008. About of heritability influence to the growth performance in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) progeny trials. – Forestry Studies | Metsanduslikud Uurimused 48, 79–87. ISSN 1406-9954.

Abstract. The progeny trials of the Scots pine founded in Järvselja Training and Experimental Forest District in 1966 and 1967 by E. Pihelgas were analysed to estimate the heritability of height and diameter characteristics, and also the dependence of progeny properties on the plus tree and single tree phenotype. The data set consists of 513 height and 3707 breast height diameter measurements of 39-and 40-years-old progenies of 40 mother trees. The analysis was carried out with the SAS package, Release 9.1, mainly with ANOVA tools implemented SAS/MIXED procedure. Heritability h^2 was calculated from the mother tree and residual variance components assuming a limited number of father trees for each progeny. Using the REML estimation procedures, the heritability of the stem height was found approximately equal to 1 and it was 0.19 for the DBH. Considering the mother tree characteristics, the age was significantly correlated with the progeny height.

Key words: *Pinus sylvestris*, progeny trials, plus trees, mother trees, heritability.

Authors' address: Institute of Forestry and Rural Engineering, Estonian University of Life Sciences, Kreutzwaldi 5, 51014 Tartu, Estonia, *e-mail: malle.kurm@emu.ee

Sissejuhatus

Pärilikkus on tähtis populatsiooni omadus, mida kasutatakse nii kvantitatiivsete tunnuste aretusväärtuse hindamiseks kui ka erinevatest selektsiooni kavadest loodetud tulemuse ennustamiseks (Zobel & Talbert, 1984; Falconer & Macay, 1989). Pärilikkus osutab tasemele, millisel vanemad annavad oma fenotüübilised tunnused üle järglasele (Falconer & Mackay, 1996). Päritavus, üldine kombinatsioonivõime, genotüübi ja keskkonna vastastikune mõju on kõik tähtsad, et võimaldada ette näha valiku efekti teataval tunnusel (White *et al*., 2007). Oluline põhjus järglaste testimiseks on saada uusi genotüüpe aretuspopulatsiooni uue tsükli jaoks. Seni, kui puud on valitud fenotüübilise välimuse järgi, on järglaskatsed parim tee hinnata valikute suhtelist geneetilist väärtust. Plusspuud, mille järglased on head ja kõrge aretusväärtusega, on eelistatud ja kaasatud aretus- ja paljunduspopulatsioonidesse (White *et al*., 2007).

Päritavus on väga oluline mõiste aretuses ja evolutsioonis. Kui on tegemist tunnuse kõrge päritavusega, on võimalused parendada aretuses seda tunnust seni, kuni hea fenotüübiga puu annab ka hea fenotüübiga järglase (Eriksson & Ekberg, 2001). Metsapuude olulisemate omaduste – kõrguse ja rinnasdiameetri – päritavuse uurimine on seotud mitmesuguste raskustega ja kokkuvõttes üsna problemaatiline. Põhiline, mis takistab metsapuude geneetiliste mehhanismide selgitamist, on väga pikad põlvkonnaajad ning genotüübi ja keskkonna mõjude interaktsiooni varieeruvus

(Pöykko, 1982). Evolutsiooni kestel on metsapuud arenenud selliselt, et kaks identse genoomiga isendit võivad olla erineva fenotüübiga ja vastupidi (Eriksson & Ekberg, 2001). Geneetilise ja keskkonna mõju suhteline suurus on oluline geneetiliste ressursside säilitamise kontekstis, kuna tunnused on vähemasti mõõduka geneetilise kontrolli all. Geneetilise kontrolli aste on mõõdetav tavapäraselt sellise parameetriga nagu päritavuskoefitsient ja rakendatakse seda vastavatele tunnustele antud populatsioonis teatud keskkonnatingimustes (Hattemer, 2005). Metsageneetikud peavad aretustegevuses hindama oluliste tunnuste geneetilise kontrolli tugevust ja massilise valiku efektiivsust (Danusevičius, 2000). Oluliseks sammuks metsapuude parendamise programmides on leida head päritavuse hinnangud, et nende alusel valida geneetilise kontrolli all olevatest tunnustest head selektsiooni kriteeriumid (Diebel *et al*., 1992). Seega osutub oluliseks kvantitatiivset tunnust iseloomustavaks näitajaks päritavuskoefitsient, mis seob indiviidi fenotüübi tema geneetilise konstitutsiooniga (genotüübiga) (Kaart, 1998). Tavaliselt defineeritakse päritavuskoefitsient h^2 suhtega:

$$h^2 = \frac{\text{vanema aditiivsest geneetilisest varieeruvusest tingitud järglaste eripärade varieeruvus}}{\text{järglaste eripärade koguvarieeruvus}}$$

Päritavuskoefitsient on väike, kui populatsiooni geneetilisest mitmekesisusest tingitud eripärade varieeruvus on väike võrreldes muudest põhjustest tingitud varieeruvusega. Definitsioon on siiski suhteline, sest vajab mitut täpsustust, eriti seda, missuguseid varieeruvuse põhjuseid silmas peetakse. Näiteks, kui järglased kasvavad erinevatel katsealadel, on nende koguvarieeruvus suurem ja h^2 väiksem, ning vastupidi – mida ühtlasemad on kasvukohatingimused katsealal, seda suuremad on päritavuskoefitsiendid (Zobel, 1961).

Giertychi (1995) andmeil saavutati oluline geneetiline paremus 14 aastastes järglaskatsetes just kõrgete pärilikkuse näitajate tõttu (kõrguse ja rinnasdiameetri päritavuskoefitsiendid vastavalt 0,40 ja 0,60). Päritavuskoefitsiendid puu kõrguse ja rinnasdiameetri osas varieeruvad oluliselt erinevates uuringutes. Puu kõrguse suhteliselt madalad päritavuskoefitsiendid 6–27-aastastes katsekultuurides leiti Rootsis – 0,06–0,13 (Olsson, 2002). Mõned teadlased (Eriksson & Ryttman, 1986; Hannrup *et al*., 1998) on täheldanud muutusi päritavuskoefitsiendis, kui järglaspuud saavad vanemaks. Näiteks Rootsis oli samas istanduses puu kõrguse päritavuskoefitsient 11 aasta vanuses 0,18 ja 33 aasta vanuses 0,32. Sarnane koefitsiendi väärtus (0,36) leiti ka Eestis 30 aasta vanustes katsekultuurides (Kurm *et al*., 1998a, 1998b). Poolas on saadud (Kowalczyk, 2005) puu kõrguse ja rinnasdiameetri kohta oluliselt erinevaid päritavuskoefitsiente 17–19 aasta vanustes istandustes, kus koefitsiendid varieerusid kõrguse osas 0,232–0,923 ja rinnasdiameetri osas 0,425–0,923.

Järelduste tegemiseks pärilike omaduste edasikandumisel vajatakse metsanduses pikaajalisi katseid. Sisukate tulemusteni jõudmiseks on tarvis katsekultuurides järglasi jälgida ja uurimusi teostada kuni poole raievanuseni (Основные…, 1994).

Eestis alustati individuaalse valiku meetodite uurimist 1959.a., kui prof E. Pihelgas koostas hariliku männi plusspuude valiku juhendi. Plusspuude genotüübi headuse kindlakstegemisest kujunes metsaselektsiooni üks aktuaalsemaid probleeme (Pihelgas, 1977). Kvantitatiivse geneetika uurimine nõuab arusaamist kontseptsioonist, mis käsitleb geneetiliste ja keskkonna komponentide varieeruvuse ja osatähtsuse mõju fenotüübile (Falconer & Mackay, 1996; Jansson, 2005). Fenotüübilist valikut soovitatakse üksnes juhul, kui informatsioon põlvnemise kohta ei ole kättesaadav (Kowalczyk, 2005).

Käesolevas töös jätkatakse varem tehtud uurimusi (Kurm *et al*., 2000) järglaskultuuride analüüsimisel ja selgitatakse prof. E. Pihelgase rajatud katsete uurimistule-

musi. Töö eesmärgiks on selgitada hariliku männi kõrguse ja diameetri päritavuse astet 39 ja 40 aasta vanuste järglaskatsete põhjal. Selgitatakse, millisel määral sõltuvad järglaspuude kasvuomadused emapuude päritolust ja vanusest. Eelkõige on käsitletud emapuude geneetilist mõju järglaste kasvule.

Materjal ja metoodika

Katsekultuuride rajamisest

Selleks, et selgitada, milline on plusspuude ja üksikpuude geneetiline mõju järglaste tunnustele ja milliseid emapuude tunnuseid on otstarbekas kasutada edaspidi plusspuude valikul, koguti katsekultuuride rajamiseks 1965.a. käbisid üheksalt üksikpuult ning 1966.a. varuti käbisid 12 plusspuult ja 21 üksikpuult (plusspuude registris mitteesinevalt puult). Saadud seemned külvati tolleaegse EPA Järvselja Õppe-Katsemajandi taimeaeda külvinormiga 1,5 g meetri kohta. Kaheaastased seemikud istutati katsekultuuridesse.

1967.a. rajati katsekultuurid SA Järvselja Õppe- ja Katsemetskonda Kikassaare tee äärde Tasale (kvartal 312 end. 12A) endisele põllumaale (nõrgalt leetunud muld, FAO-UNESCO klassifikatsiooni järgi *Podzoluvisols*), kuhu istutati 2,52 ha suurusele alale üksikpuude) seemnetest kasvatatud seemikud.

1968.a. rajati katsealad pindalaga 1,83 ha ja 1,30 ha plusspuude ja üksikpuude seemnetest kasvatatud seemikutega kvartalile 312 (end. 12A) ja kvartalile 313 (end. 12B) seaduga 1,5×1,25 m. Tabelites 1 ja 2 on kasutatud rajamisaegset kvartalite numeratsiooni.

Ülevaade emapuude andmestikust

1967.a. rajatud katseruutudesse istutatud järglaste emapuud olid pärit erinevatest Eesti regioonidest ja erinevatest kasvukohatüüpidest. Andmed plusspuudest emapuude kohta on esitatud tabelis 1.

Üksikpuude ja neid ümbritsenud puistute andmed on esitatud tabelis 2. Puu numbri esimene osa tähistab seemnete kogumise aastat, mille järgi saab eristada kultuuri rajamise aastat. Kuna kultuuridesse istutati kaheaastased seemikud, on 65-ga tähistatud puude järglased istutatud katsekultuuridesse 1967.a. ja 66-ga algavad järglased 1968.a. Kahjuks pole katsekultuuride rajajad kõiki andmeid jäädvustanud, sellest on tingitud lüngad tabelites 1 ja 2.

Tabel 1. Plusspuude asukoht ja takseernäitajad.
Table 1. Location and characteristics of plus trees.

Registri-number *Registration number*	Endine metskond *Former forest district*	Kvartali number *Number of compartment*	Plusspuu vanus, a *Age of plus tree (y)*	Plusspuu kõrgus, m *Height of plus tree (m)*	Plusspuu diameeter, cm *DBH of plus tree (cm)*	Plusspuu hinne *Evalution of plus tree*
E-5	Kuuste	117	70	33,0	39	III
E-21	Kiidjärve	146	85	30,5	38	II
Al-2	Iisaku	58	100	30,0	31	III
Al-4	Iisaku	121	70	17,0	18	III
V-3	Aakre	57	85	27,0	35	III
V-4	Aakre	57	85	26,0	27	III
V-6	Aakre	57	85	29,0	36	II
V-11	Aakre	57	85	28,0	31	II
66-35	Järvselja eliitpuu	288				

Tabel 2. Üksikpuude asukoht ja takseernäitajad.
Table 2. Location and characteristics of single trees and of them surrounding stands.

Puu number *Number of tree*	Endine metskond *Former forest district*	Kvartali number *Number of compartment*	Kasvukohatüüp *Site type*	Ümbritseva puistu koosseis *Composition of surrounding stand*	Vanus, a *Age (y)*	Kõrgus, m Height (m)	Diameeter, cm *DBH (cm)*
66-4	Raadi (Tartumaa)	164	pohla	95Mä5Ku	68	27,0	25,0
66-5	Raadi (Tartumaa)	164	pohla	95Mä5Ku	75	22,5	35,0
66-7	Halinga (Pärnumaa)			90Mä10Ku	30	12,0	
66-14	Halliku (Tartumaa)				15	5,0	11,0
66-9	Halliku (Tartumaa)				15	4,5	12,0
66-10	Halliku (Tartumaa)				18	4,5	12,0
66-11	Halliku (Tartumaa)				18	6,0	16,0
66-12	Halliku (Tartumaa)				18	6,5	14,0
66-13	Halliku (Tartumaa)				15	5,0	10,0
66-15	Halliku (Tartumaa)				20	8,0	13,0
66-16	Järvselja (Tartumaa)	117	pohla	95Mä3Ku2Ks	140	34,0	32,0
66-17	Järvselja (Tartumaa)	117	pohla	95Mä3Ku2Ks	147	36,6	48,5
66-18	Järvselja (Tartumaa)	117	pohla	95Mä3Ku2Ks	140	34,8	42,5
66-20	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-21	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-27	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-28	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-29	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-30	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-31	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-32	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
66-33	Järvselja (Tartumaa)	167	kõdusoo	95Mä5Ks	110		
65-2	Järvselja (Tartumaa)	116	kõdusoo	90Mä5Ku3Ks2Hb	130	30,0	44,0
65-4	Varbla (Pärnumaa)	15					
65-5	Saru (Võrumaa)	128	kõdusoo	80Mä20Ku	110	24,0	24,0
65-6	Karula (Valgamaa)	35	kõdusoo	70Mä30Ku	80		
65-7	Kooraste (Võrumaa)	104		50Mä47Ku3Ks	130	26,0	30,0
65-8	Sinialliku (Harjumaa)	26		100Mä	60	19,0	24,0
65-9	Kõpu (Viljandimaa)	60	pohla	80Mä10Ku10Ks	110		
65-10	Pidula (Saaremaa)		pohla	95Mä5Ku	17		
65-11	Riguldi (Läänemaa)	11	pohla	100Mä	40		

Välitööde metoodika

Järglaspuude mõõdistamine

Kõigil katsealustel järglaspuudel mõõdeti 2007. ja 2008.a. rinnasdiameeter (1,3 m kõrguselt) klupiga 1 cm astmega ja laserkõrgusmõõtja Vertex abil mõõdeti igast katsevariandist juhuslikult valitud üheksa puu kõrgus. Kokku mõõdeti 57 katseruudul 3707 järglaspuu rinnasdiameeter ja 513 puu kõrgus.

Statistilise andmetöötluse metoodika

Päritavuskoefitsienti h^2 hinnati dispersioonikomponentide abil, kasutades valemit:

$$h^2 = k \cdot \sigma^2_{\varphi} / (\sigma^2_{\varphi} + \sigma^2_{\varepsilon}) , \quad (1)$$

kus σ^2_{φ} on emapuu kui juhusliku faktori poolt põhjustatud dispersioonikomponent järglaste varieeruvuses (hinnatuna dispersioonanalüüsiga) ja σ^2_{ε} on teistest, üldiselt kontrollimatutest faktoritest (konkreetse järglaspuu mikrokeskkond, mõõtmisvead jne) põhjustatud dispersioonikomponent (nn jääkvarieeruvuse hinnang). Kordaja k sõltub emapuude ristumissüsteemist, antud juhul on see neli, kuid võrdluseks on kasutatud ka varianti, kui k = 2.

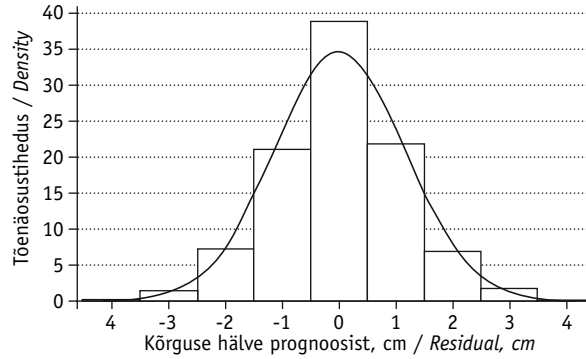
Tulemuste statistiline analüüs tehti rakendussstatistika paketiga SAS, versioon 9.1, kasutades põhiliselt protseduuri MIXED (SAS Institute Inc., 2004), mis realiseerib mitmefaktorilist segamudelite dispersioonanalüüsi. Dispersioonikomponentide arvutamiseks kasutati Kurm *et al*. (2000) publitseeritud SAS koodi.

Tunnustevahelise sõltuvuse uurimiseks kasutati SAS-i üldiste lineaarmeetodite protseduuri GLM. Uuriti faktorite (emapuu ja päritolu) mõju erinevatele tunnustele (järglaspuude kõrgus, rinnasdiameeter ja rinnaspindala). Faktorite tasemete erinevuste mitmeseks võrdemiseks kasutati Tukey testi, millega selgitati üksteisest oluliselt erinevad tasemed või tasemete grupid.

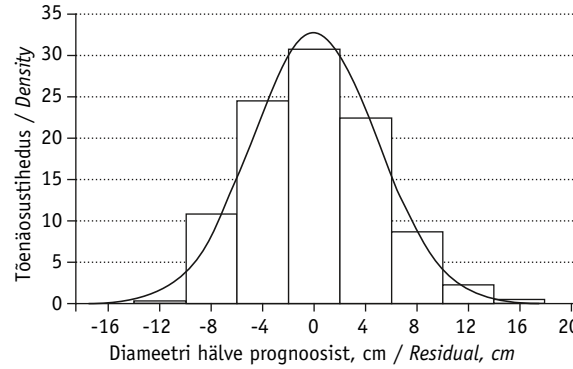
Tulemused ja arutelu

Järglaspuude kõrguse ja rinnasdiameetri prognoosijäägid on lähedased normaaljaotusele. Seda näitavad prognoosijääkide histogrammid, mis on kujutatud joonistel 1 ja 2. Seega andmete analüüsimiseks vajalik dispersioonanalüüsi eeldus, et nii kõrguse kui ka rinnasdiameetri hälbed on normaaljaotusega, on täidetud.

Tabelis 3 esitatud väärtuste saamiseks on kasutatud SAS-protseduuri MIXED, mille raames on realiseeritud tingliku suurima tõepära meetodiga leitud hinnangud emapuude erinevuse, kasvukohtade erinevuse ja muude juhuslike faktorite poolt põhjustatud dispersioonikomponentidele järglaspuude rinnasdiameetri ja kõrguse varieeruvuses.



Joonis 1. Järglaste kõrguse prognoosijääk on lähedane normaaljaotusele.
Figure 1. Residual distribution of progeny height is rather normal.



Joonis 2. Järglaste rinnasdiameetri prognoosijääk on lähedane normaaljaotusele.
Figure 2. Residual distribution of progeny DBH is rather normal.

Järglaste kõrguse ja rinnadiameetri determineerimisel on oluline osa nii emapuu mõjul kui ka dominantsi- ja epistaasiefektidel ja samuti epigeneetilistel faktoritel. Tabelis 3 on esitatud ka päritavuskoefitsientide väärtused. Rinnasdiameetri päritavuskoefitsient on madal, kuid statistiliselt oluline. Kõrguskasvu päritavus on väga tugev, mida oleme täheldanud ka oma varasemas uurimuses (Kurm *et al*., 2000).

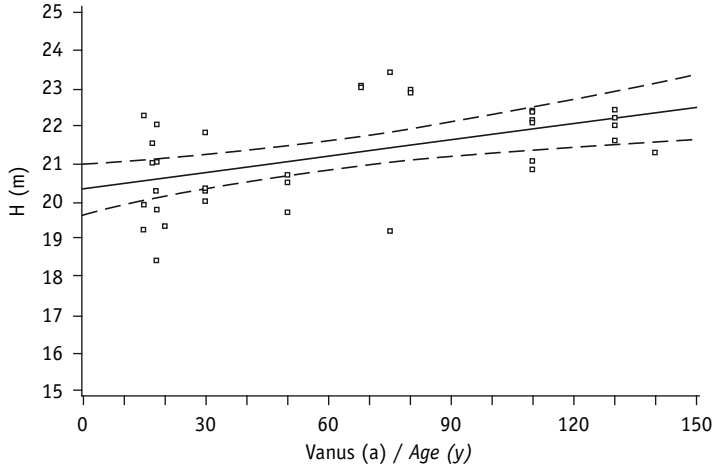
Meie uurimuse puhul on uuritud vabatolmlemisest saadud järglasi. Kuna pool järglase geenidest pärineb uurijate jaoks tundmatult isalt, tähendab see, et poolt potentsiaalsest informatsioonist pole kasutatud, vaid on transformeeritud statistilisse mürasse (Lindgren, 1991). Kui eeldada, et igal sama ema järglaspuul on erinev isa, kes on valitud populatsioonist juhuslikult, tuleb päritavuskoefitsiendi leidmiseks valemis (1) kasutada koefitsienti k=4. Kui aga iga emapuu kõikidel järglastel oleks sama isa, kes on valitud populatsioonis juhuslikult, siis kordaja k on võrdne kahega. Ehkki järglased on saadud vabatolmlemise teel, ei ole tegelikult teada, mitu puud konkreetset emapuud viljastas. Nimetatud suurus on tõenäoliselt mõjutatud ka viljastamiseaegsest ilmastikust. Tuulevaikse ilmaga võis seemnetel olla ka üks isa. Tuulise ilma puhul võib erinevate isade arv statistilises mõttes olla lõpmatult suur. Selgitamaks, et isapuude arv, mis tolmeldasid antud töös uuritud järglaste emapuid, ei olnud lõputu, on kasutatud mõlemat varianti: (k=2 ja k=4). Kui eeldada, et k=4, saame kõrguse puhul päritavuskoefitsiendi, mis on suurem kui üks ehk ületab suurimat lubatud väärtust üks. Sellest võib järeldada, et antud juhul pole valem (1) kõige sobivam päritavuskoefitsiendi määramiseks juhul, kui eeldatakse emapuud viljastanud suuremat isapuude arvu kui see tegelikult oli. Samas ei ole teaduskirjandusest leida ka ühtegi teist võimalikke erijuhtusid rohkem arvestavat eeskirja päritavuskoefitsiendi arvutamiseks.

Meie andmestikus oli 36 andmerida emapuude takseertunnustega. Kuna puu kõrgus ja rinnasdiameeter sõltuvad eelkõige puu vanusest (ligikaudu samasugustes kasvutingimustes), uuriti, kas järglaspuude kasv sõltub emapuu vanusest. Joonisel 3 on esitatud emapuu vanuse ja järglaspuude keskmise kõrguse vahelist seost iseloomustav hajuvusdiagramm. Emapuu vanuse ja järglaste keskmise kõrguse seos (determinatsioonikordaja $R^2 = 0,25$) osutus statistiliselt oluliseks (p=0,002). Emapuu vanuse ja järglaste keskmise kõrguse vahelise positiivse seose usaldatavust kont-

Tabel 3. Dispersioonanalüüsi tulemused SAS/MIXED-protseduuri REML meetodi korral ja faktorite p-väärtused järglaspuude tunnuste väärtuste põhjal.

Table 3. Summary of SAS/MIXED analyses applied to progeny trees´ merits and the related p-values.

Statistikud *Statistics*	Dispersioonikomponendid ja nende p-väärtused *Variance components and their p-values*				
	Emapuu *Mother tree* Σ^2_{φ}	Prooviruut *Plot*	Jääkdispersioon *Residual variance* σ^2_{ε}	Päritavuse koefitsient k=2 *Heritability* h^2	Päritavuse koefitsient k=4 *Heritability* h^2
Kõrgus / *Height*					
Tinglik suurima tõepära meetod / *REML*	0,789	0,235	1,439	0,708	1,417
p-väärtused / *p-values*	0,0001	0,1013	<0,0001		
Rinnasdiameeter / *DBH*					
Tinglik suurima tõepära meetod / *REML*	1,182	2,174	24,150	0,093	0,187
p-väärtused / *p-values*	0,0009	0,0947	<0,0001		



Joonis 3. Järglaspuude keskmise kõrguse sõltuvus emapuu vanusest.
Figure 3. Dependence of mean height of progeny from age of mother tree.

rolliti ka SAS/MIXED protseduuriga võttes arvesse nii katseala kui ka prooviruutu kui juhuslikke faktoreid, kuid ka siis jäi seos usaldatavaks olulisusnivoo 0,05 korral. Seevastu emapuu vanuse ja järglaste keskmise diameetri vaheline seos ei olnud oluliselt nullist erinev.

Veel analüüsiti tegelikult mõõdetud järglaspuude keskmisi kõrgusi, rinnasdiameetreid ja rinnaspindalasid. Moodustati kaks gruppi: eri regioonide plusspuud ja üksikpuud. Kõrguse osas täheldati plusspuude järglaste olulist erinevust ($p<0,0001$) üksikpuude järglastest. Kuna emapuud pärinesid erinevatest regioonidest, siis vastavalt Tukey keskmiste mitmese võrdlemise testile eristusid kõrguse põhjal teineteisest oluliselt kaks gruppi: 1) põhiliselt mereäärsete regioonide (Saaremaa, Läänemaa, Harjumaa ja Pärnumaa) üksikpuude järglased ja 2) Kirde- ning Kagu- Eestist (Alutaguse, Elva, Tartu, Valga, Võru, Viljandi ja Järvselja) pärinevate puude järglased. Erandi moodustasid Peipsi lähedase Halliku päritoluga emapuude järglased, mis kuulusid ka esimesse gruppi. Puu sihvakuse (puu kõrguse ja diameetri suhe) uurimisel täheldati, et plusspuude järglased olid küll üksikpuude järglastest mõnevõrra sihvakamad, kuid statistiliselt oluline erinevus nende vahel siiski puudus. Rinnasdiameetri järgi erinesid nii plusspuude järglased kui ka üksikpuude järglased oluliselt üksteisest, ehkki plusspuude valimisel polnud suurema diameetri saavutamine omaette eesmärgiks.

Kokkuvõte

Töö eesmärgiks oli selgitada hariliku männi kõrguse ja diameetri päritavuse astet 1967. ja 1968.a. rajatud järglaskatsete põhjal. Analüüsiti, millisel määral sõltuvad järglaspuude kasvuomadused emapuude päritolust ja vanusest. Kokku mõõdeti 57 katseruudul 3707 järglaspuu rinnasdiameeter ja 513 puu kõrgus. Andmete analüüsimisel kasutati rakendusstatistika paketi SAS protseduuri MIXED, mille raames leiti tingliku suurima tõepära meetodiga (REML) hinnangud emapuude erinevuse, kasvukohtade erinevuse ja muude juhuslike faktorite poolt põhjustatud dispersioonikomponentidele järglaspuude rinnasdiameetri ja kõrguse varieeruvuses.

Rinnasdiameetri päritavuskoefitsient osutus madalaks, kuid statistiliselt oluliseks. Kõrguskasvu päritavus oli väga tugev, mida täheldati ka 2000.a. ilmunud uurimuses. Kõrguse osas täheldati plusspuude järglaste olulist erinevust ($p<0,0001$) juhuslikult valitud üksikpuude järglastest. Kuna emapuud pärinesid erinevatest regioonidest, siis vastavalt Tukey keskmiste mitmese võrdlemise testile eristusid kõrguse põhjal teineteisest oluliselt kaks gruppi: 1) põhiliselt mereäärsete regioonide üksikpuude järglased ja 2) Kirde- ning Kagu-Eestist pärinevate puude järglased. Täheldati, positiivse lineaarse seose olemasolu emapuude vanuse ja järglaste kõrguse vahel.

Tänuavaldused. Käesolevat uurimistööd on toetanud Keskkonnainvesteeringute Keskus (2008.a. metsanduse programmi projekt nr 15) ja Haridus- ja Teadusministeerium sihtfinantseeritava teemaga SF0170014s08. Autorid on tänulikud retsensendile konstruktiivsete märkuste eest.

Kasutatud kirjandus

Danusevičius, J. 2002. Breeding of Pines. (Pušies selekcija). Monograph. Kaunas. 352 pp. (In Lithuanian with English summary).

Diebel, K.E., Geyer, W.A., Lunch, K.D. 1992. Heritability and expected gain estimates for traits of *Scots Pine* christmas tree seed sources. – Western Journal Applied Forestry, 7(3), 82–86.

Eriksson, G., Ekberg, I. 2001. An Introduction to Forest Genetics. Uppsala. 166 pp.

Eriksson, G., Ryttman, H. 1986. Quality and volume in a 30-year-old provennce trial of Scots pine in southern Lapland. (Kvalitet och volum i ett 30- argit proviniens-försök med tall i södra Lappland). – Skogsfacta, Biologi och Skogsskötsel, Swedish University of Agricultural Sciences, 33, 1–4. (In Swedish with English summary).

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th edition. London, England, Group Ltd. 465 pp.

Giertych, M. 1995. Family variability and selection of elite trees in Scots pine. (Zmiennosc rodowa sosny i wybor drzew elitarnych). – Arbor Kornickie, 40, 55–70. (In Polish with English summary).

Haapanen, M., Velling, P., Annala, M.-L. 1997. Progeny trial estimates of genetic parameters for growth and quality traits in Scots Pine. – Silva Fennica, 31(1), 3–12.

Hannrup, B., Wilhelmsson, L., Danell, Ö. 1998. Time Trends for Genetic Parameters of Wood Density and Growth Traits in *Pinus sylvestris* L. – Silvae Genetica, 47(4), 214–219.

Hattemer, H.H. 2005. Phenotypic and genetic variation. – Geburek, T., Turok, J. (eds.). Conservation and Management of Forest Genetic Resources in Europe. Arbora Publishers, 129–148.

Jansson, G. 2005. Quantitative genetics. – Geburek, T., Turok, J. (eds.) Conservation and Management of Forest Genetic Resources in Europe. Arbora Publishers, 213–235 .

Kaart, T. 2005. The reliability of linear mixed models in genetic studies. Dissertationes Mathematicae Universitatis Tartuensis, 40. Tartu University Press. 124 pp.

Kowalczyk, J. 2005. Comparison of phenotypic and genetic selection in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) single tree plot half-sib progeny tests. – Dendrobiology, 53, 45–46.

Kurm, M., Tamm, Ü., Möls, T. 1998a. Järglaste omaduste sõltuvus emapuu omadustest ja kasvukohast harilikul männil. (Evaluation of the role of mother tree factors on progeny in Scots pine). – Forestry Studies / Metsanduslikud Uurimused, 29, 45–54. (In Estonian with English summary).

Kurm, M., Tamm, Ü., Möls, T. 1998b. Mother tree influence on progeny in Scots pine. – Proceedings from the meeting of the Nordic Group for the Management of Genetic Resources of Trees. – Forest Tree Improvement, 26, 38–46.

Kurm, M., Möls, T., Tamm, Ü., Jõepera, E. 2000. Kõrguse ja rinnasdiameetri päritavuse uurimine harilikul männil. (Heritability of stem height and BHD in *Pinus sylvestris* L.). – Forestry Studies / Metsanduslikud Uurimused, 32, 32–42. (In Estonian with English summary).

Lindgren, D. 1991. Progeny testing. – Giertych, M., Matyas, Cs. (eds.). Genetics of Scots pine. Budapest, Akademiai Kiado, 191–203.

Olsson, T., Ericsson, T. 2002. Genetic Parameter Estimates of Growth and Survival of *Pinus sylvestris* with mixes Model Multiple-trait Restricted Maximum Likelihood analysis. – Scandinavian Journal of Forest Researh, 17, 103–110.

Pihelgas, E. 1977. Plusspuude genotüübi uurimisest. (On the studies of the genotype of plus trees). – Eesti Põllumajanduse Akadeemia teaduslike tööde kogumik. (Transactions of the Estonian Agricultural Academy). Tartu, 105, 15–19. (In Estonian with English summary).

Pihelgas, E. 1994. Männikute geneetilisest muutlikkusest. (About Genetic Variability in Scots pine stands). – Eesti Põllumajandusülikool, teadustööde kogumik (Transactions of the Estonian Agricultural University). Tartu, 173, 5–18. (In Estonian with English summary).

Pöykkö, T. 1982. Genetic variation in quality characters of *Scots pine*. – Silva Fennica, 16, 135–140.

SAS Institute Inc. 2004. SAS OnlineDoc® 9.1.3. Cary, NC: SAS Institute Inc.

Smouse, P.E., Robledo-Arnuncio, J.J. 2005. Measuring the genetic structure of the pollen pool as the probability of paternal identity. – Heredity, 94, 640–649.

White, T.L., Adams, W.T., Neale, D.B. 2007. Genetic Testing – Mating Designs, field designs and test implementation. – Forest Genetics, Trowbridge, Gromwell Press, 357–394.

Zobel, B. 1961. Inheritance of wood properties in conifers. – Silvae Genetica, 10, 65 p.

Zobel, B., Talbert, J. 1984. Applied Forest Tree Improvement. New York, USA, John Wiley & Sons.

Основные положения по лесному семеноводству в Российской Федерации. (The main views of forest seed management in Russian Federation). 1994. Москва, 22 pp. (In Russian).

About the heritability influence to the growth performance in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) progeny trials

Malle Kurm, Ursula Kaur, Tiit Maaten and Andres Kiviste

Summary

The aim of the present paper is to estimate heritability of tree height and DBH of the Scots pine experimental plantation in Järvselja Training and Experimental Forest District, using data of the 39- and 40-year-old progeny trials.

In 1965 and 1966 cones were collected for the progeny trial from 12 plus trees and 30 single trees (not recorded in the plus tree register) from different regions in Estonia. Spatial and dendrometric data of selected mother trees are presented in Tables 1 and 2. In 1967 and 1968 total of 5.65 ha were planted with two-year old seedlings by 1.5×1.25 m. In 2007 all trees of progeny trial were callipered and nine sample trees were measured for height on each plot. Our progeny data set consists of 3707 DBH and 513 height measurements.

We present the statistical analysis of a set of progeny tree measurements, carried out with the SAS package, Release 9.1 (SAS Institute Inc. 2004). We exploited the SAS procedure MIXED experimenting with the Residual Maximum Likelihood method (REML). Heritability of the DBH is very low but still statistically significant as seen from Table 3. The heritability of tree height is high, which has also been noted in our previous study (Kurm *et al*., 2000). We found a significant positive relationship (R^2 = 0.25) between age of mother tree and progeny height. Also, average height of plus tree progeny was slightly greater than average height of single trees. According to Tukey HSD test for multiple comparison of means on progeny height data, we distinguished two groups of regions: (1) single tree progenies from regions close to sea and (2) tree progenies from South-East and North-East Estonia.

Received November 5, 2008, revised November 19, 2008, accepted November 21, 2008