

中南林业科技大学学报

Journal of Central South University of Forestry & Technology

ISSN 1673-923X，CN 43-1470/S

《中南林业科技大学学报》2026年第7期

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923X.2026.07.021

论文标题： 不同种源麻竹苗期遗传变异及综合评价

作　　者： 胡潇雪，农珺清，黄柳芝，等

收稿日期： 2025-06-19

引文格式： 胡潇雪,农珺清,黄柳芝,等.不同种源麻竹苗期遗传变异及综合评价[J].中南林业科技大学学报,2026,46(7):225-234.

Hu X X, Nong J Q, Huang L Z, et al. Genetic variation and comprehensive evaluation of different provenances of *Dendrocalamus latiflorus* at seedling stage[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(7):225-234.

相关论文推荐

Recommended articles

基质、激素种类和浓度及其交互作用对麻竹扦插生长的影响

Effects of substrate, hormone types, concentration and their interactions on branch cuttage growth of *Dendrocalamus latiflorus*

38年生红松优树半同胞子代遗传变异与优良家系选择

Genetic variation and superior family selection of half-sib progeny of 38-year-old *Pinus koraiensis*

琼西南5年生柚木无性系生长性状遗传变异分析

Analysis on genetic variation of growth traits of 5 years old *Tectona grandis* L. f. clones at southwestern region of Hainan

木荷种子园自由授粉家系生长遗传变异及初选

Genetic variation and selection of the free-pollinated families in *Schima superba* seed orchard

杉木速生无性系生长与形质性状的遗传变异与良种选择

Variance analyses of the growth and morphological traits of Chinese fir excellent clones

南岭山地南方红豆杉天然林与人工干扰群体的遗传变异分析

Genetic variation analysis of natural and interference populations of Maire Yew in Nanling mountains

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923x.2026.07.021 http: //qks.csuft.edu.cn

不同种源麻竹苗期遗传变异及综合评价

胡潇雪[1, 2]，农珺清[1]，黄柳芝[3]，韦余成[4]，朱秀芬[3]，钟 恒[5]，徐振国[1]

（1. 广西壮族自治区林业科学研究院 a. 广西林业实验室；b. 广西优良用材林资源培育重点实验室，广西 南宁 530002；2. 广西大学 a. 林学院；b. 国家林草局中南速生材繁育重点实验室；c. 广西高校亚热带人工林培育与利用重点实验室，广西 南宁 530004；3. 柳州市林业技术推广站，广西 柳州 545001；4. 柳州市柳南区龙汉岭林场 广西 柳州 545104；5. 柳城县林业技术推广站，广西 柳城 545200）

摘 要：【目的】揭示麻竹重要经济性状的遗传基础，解析其遗传变异规律，加速推动遗传改良与精准育种进程。【方法】以 8 个不同种源地麻竹苗为研究对象（种源地代码分别为 LZ-1、LZ-2、LZ-3、LZ-4、BS、YD、JY、FJ），通过观测地上部分形态、地下部分形态及生物量，解析麻竹苗期的性状变异特征并计算遗传参数，结合隶属函数综合评价法，筛选出优良种源。【结果】11 个表型性状在不同麻竹种源间均呈现显著（$P < 0.05$）或极显著差异（$P < 0.01$），其中 YD 种源出芽数最多（8.83）；LZ-4 种源展叶数、平均根长、叶面积、地径、株高均最高（分别为 25.63、9.76 cm、9 566.77 mm^2、19.70 mm、2.96 cm）；LZ-3 种源生根数、平均根直径、根生物量、秆数均最多（分别为 23.19、1.22 mm、1.20 g、1.64）；FJ 种源秆生物量最大（82.93 g）。各性状遗传变异系数为 0.34% ～ 36.92%，遗传力（H^2）均超过 0.50，株高（0.96）、秆数（0.95）、叶面积（0.94）、地径（0.92）、出芽数（0.89）遗传力极高。相关性分析表明，出芽数与展叶数、平均根长、平均根直径、芽生物量、叶生物量呈显著（$P < 0.05$）或极显著（$P < 0.01$）正相关，叶面积与芽生物量、叶生物量、根生物量、总生物量、秆数呈极显著（$P < 0.01$）正相关。各性状遗传增益表型以 LZ-4 种源最突出，其出芽数（2.53%）、展叶数（7.03%）、平均根长（1.84%）、芽生物量（2.56%）、叶生物量（1.24%）及地径（2.23%）等多个性状表现出正向遗传增益。基于主成分分析筛选出 4 个主成分，累计贡献率 79.034%，涵盖了麻竹生长活性、根系发育及生物量积累等关键表型特征。综合评价结果显示，LZ-4 种源综合得分最高（1.179）。【结论】8 个种源麻竹在苗期性状上表现出差异，其中以 LZ-4 种源表现最佳，JY、BS、LZ-2 种源次之。

关键词：麻竹；种源；生长性状；遗传变异；综合评价

中图分类号：S722.7 **文献标志码：**A **文章编号：**1673-923X(2026)07-0225-10

Genetic variation and comprehensive evaluation of different provenances of *Dendrocalamus latiflorus* at seedling stage

Hu Xiaoxue[1,2], Nong Junqing[1], Huang Liuzhi[3], Wei Yucheng[4], Zhu Xiufen[3], Zhong Heng[5], Xu Zhenguo[1]

(1. a. Guangxi Laboratory of Forestry; b. Guangxi Key Laboratory of Superior Timber Trees Resource Cultivation, Guangxi Forestry Research Institute, Nanning 530002, Guangxi, China; 2. a. College of Forestry; b. Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Cultivation of Fast-Growing Timber in Central South China; c. Guangxi Colleges and Universities Key Laboratory for Cultivation and Utilization of Subtropical Forest Plantation, Guangxi University, Nanning 530004, China; 3. Liuzhou Forestry Technology Extension Station, Liuzhou 545001, Guangxi, China; 4. Longhanling Forestry Farm, Liunan District, Liuzhou, Liuzhou 545104, Guangxi, China; 5. Liucheng Forestry Technology Extension Station, Liucheng 545200, Guangxi, China)

Abstract:【Objective】To reveal the genetic basis of important economic traits in *Dendrocalamus latiflorus*, elucidate the patterns of genetic variation, and to accelerate the process of genetic improvement and precision breeding.【Method】Eight geographically diverse *D. latiflorus* provenances were evaluated, with provenance codes LZ-1, LZ-2, LZ-3, LZ-4, BS, YD, JY, and FJ. Seedling stage phenotypic variation was analyzed by assessing above- and below-ground morphological traits and biomass. Genetic parameters were

收稿日期（Received）：2025-06-19 **修订日期**（Revised）：2025-08-27

基金项目：广西科技重大专项（桂科 AA24263024-4）；广西重点研发计划项目（桂科 AB25069350）；中央财政林草科技推广示范项目（〔2025〕TG28 号）；广西林科院研究团队项目（2024RT18）。

第一作者：胡潇雪（1604681278@qq.com），硕士研究生。 **通信作者：**徐振国（xuopingqing@126.com），正高级工程师。

引文格式：胡潇雪 , 农珺清 , 黄柳芝 , 等 . 不同种源麻竹苗期遗传变异及综合评价 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2026,46(7):225-234.

Hu X X, Nong J Q, Huang L Z, et al. Genetic variation and comprehensive evaluation of different provenances of *Dendrocalamus latiflorus* at seedling stage[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(7):225-234.

* 本文为第二十八届中国科协年会学术论文成果。

Academic Papers of the 28th Annual Meeting of the China Association for Science and Technology.

estimated. Superior provenances were identified using membership function for comprehensive evaluation.【Result】11 phenotypic traits showed significant ($P < 0.05$) or extremely significant ($P < 0.01$) differences among different provenances of Ma bamboo (*Dendrocalamus latiflorus*). Among them, provenance YD had the highest number of shoots (8.83); provenance LZ-4 had the highest values for leaf expansion number, average root length, leaf area, ground diameter, and plant height (25.63, 9.76 cm, 9 566.77 mm², 19.70 mm, 2.96 cm, respectively); provenance LZ-3 had the highest number of roots, average root diameter, root biomass, and culm number (23.19, 1.22 mm, 1.20 g, 1.64, respectively); provenance FJ had the largest culm biomass (82.93±24.46 g). The genetic coefficient of variation for each trait ranged from 0.34% to 36.92%, and heritability (H^2) exceeded 0.50 for all traits; heritability was extremely high for plant height (0.96), culm number (0.95), leaf area (0.94), ground diameter (0.92), and number of shoots (0.89). Correlation analysis showed that the number of bud emergence was significantly ($P < 0.05$) or extremely significantly ($P < 0.01$) positively correlated with leaf expansion number, mean root length, mean root diameter, bud biomass, and leaf biomass. Leaf area was extremely significantly ($P < 0.01$) positively correlated with bud biomass, leaf biomass, root biomass, total biomass, and culm number. Regarding phenotypic genetic gain for each trait, provenance LZ-4 was the most prominent, with positive genetic gains for multiple traits, including number of shoots (2.53%), leaf expansion number (7.03%), average root length (1.84%), bud biomass (2.56%), leaf biomass (1.24%), and ground diameter (2.23%). Based on principal component analysis, four principal components were extracted, with a cumulative contribution rate of 79.034%, covering key phenotypic characteristics such as growth activity, root development, and biomass accumulation of Ma bamboo. The comprehensive evaluation results showed that provenance LZ-4 had the highest comprehensive score (1.179).【Conclusion】The eight provenances of Ma bamboo showed differences in seedling traits, among which provenance LZ-4 performed best, followed by JY, BS and LZ-2.

Keywords: *Dendrocalamus latiflorus*; provenance; growth traits; genetic variation; comprehensive evaluation

麻竹 *Dendrocalamus latiflorus* 隶属于禾本科 Poaceae 竹亚科 Bambusoideae 牡竹属 *Dendrocalamus*，因其笋材两用的优良特性，成为我国南方地区最为广泛的栽培竹种之一 [1]。麻竹笋脆爽味美，可以鲜食，制作笋干、罐头、酸笋等产品。麻竹凭借其丰富的经济价值，不仅在当地经济发展中占据了重要地位，也成为了推动地方特色产业发展的重要力量。

遗传变异是植物遗传改良与品种选育的重要基础。已有研究表明，不同地理来源的种群在遗传背景 [2]、形态特征 [3]、生理代谢 [4] 及适应性 [5-6] 等方面常表现出显著差异，这种差异为育种工作提供了丰富且多样的基因资源 [1]。在竹类植物中，遗传育种的研究主要集中于毛竹 *Phyllostachys edulis*[7-9] 和方竹 *Chimonobambusa quadrangularis*[4,10-11] 等。关于麻竹遗传育种方面，张光楚等 [12] 对麻竹进行了无性系选育工作，通过筛选现有种质资源中优良的无性系加以繁殖推广，以及通过不同种源间的人工辅助授粉获得实生苗，并从中挑选优良无性系；邢新婷 [13] 通过现代分子标记技术结合常规育种方法发现，麻竹各性状受到遗传控制较强、遗传多样性水平较高、DNA 水平变异较丰富；王裕霞等 [14] 利用人工授粉取得麻竹种子，选育了少量的麻竹优良实生苗；田波等 [15] 通过麻竹组培诱导开花，发现 *DIMADS8* 和 *DIMADS18* 基因可能与麻竹的开花时间有关。另外，部分学者利用分子技术对麻竹各基因的克隆与遗传进行了相关研究：刘青 [16] 研究认为，从麻竹中克隆的 *DIKNOX*1 和 *DIKNOX*2 基因参与调控植株叶型、株高、分枝及开花等发育过程；陈东亮 [17]、杨丽等 [18] 研究发现影响植株生长（如矮化）及开花时间的 GRAS 家族转录因子 DlSCL6 在麻竹生长中起着重要作用；陈刚等 [19] 研究发现，麻竹 DELLA 蛋白作为赤霉素信号通路的关键负调控因子，通过介导赤霉素信号的感知与转导调控细胞伸长与分裂进程，该结论对解析麻竹快速生长机制具有重要意义；李东宝等 [20] 研究认为，不同种源麻竹表型多样性丰富，种源内变异是其表型变异的主要来源，且表型性状存在片段性与不连续性。麻竹虽已有一定的遗传育种研究基础，涵盖了传统选育、分子标记辅助及关键功能基因挖掘等多个层面，但针对其不同地理种源在苗期阶段的系统评价与筛选工作仍有待深入。

苗期性状不仅是幼苗活力和生长潜力的重要指标，也是后期成林质量的基础 [21-22]。通过苗期阶段对不同种源麻竹的性状变异开展系统评价，有助于揭示其遗传变异规律，筛选出生长活力强、适应性广、生物量高的优良种源，为后续良种选育、规模化培育及生态造林提供科学依据。苏伟毅 [23] 研究发现麻竹侧枝苗成活率平均高达 97.4% 且第 3 年可全部投产，造林成本低；杨秀艳等 [24-25] 通过人工干预选育，已获得生长性状优良的杂交后代。当前，不同种源麻竹苗期早期性状（如萌发性状、生根能力、叶面积增长等）与后期生长潜力（如生物量积累、植株结构性状等）的系统比较尚未完整，这在一定程度上制约了麻竹优良品种的筛选。因此，本研究以 8 个不同地理来源的麻竹种源苗期为对象，系统分析其主要生长性状的遗传变异特征，计算表型变异系数、遗传变异系数及

遗传力水平，并结合综合评价方法筛选综合表现优异的种源，为麻竹遗传改良与精准育种提供依据。

1　材料与方法

1.1　试验地概况

本研究试验地设在广西壮族自治区柳州市龙汉岭林场麻竹笋用林示范基地（24°23′46″～24°23′51″N，109°08′27″～109°08′31″E），属中亚热带季风气候。研究地域地形以丘陵为主，海拔 232.7～256.3 m，坡度 7°～14°，坡向较为一致，土壤类型为红壤。

1.2　插穗采集

从 8 个种源地随机选择 1 年生健康、粗壮且无病虫害的麻竹母竹，在母竹上挑选长势良好、隐芽饱满的枝条；用锋利刀具贴着竹秆削下枝条，保留 1～2 个完整竹节，并将最上端竹节斜削成马耳形。每 50～100 根捆成一束，直立放置于阴凉处暂存，待各种源地采集完成后统一带回试验地。种源地基本信息如表 1 所示。

表 1　种源地信息
Table 1　Provenance information

种源地代码 Provenance code	种源地 Provenance	纬度 Latitude（N）	经度 Longitude（E）	平均海拔 Mean elevation /m
LZ-1	广西壮族自治区柳州市 -1	24°28′33″	109°44′45″	276
LZ-2	广西壮族自治区柳州市 -2	25°47′13″	109°36′11″	540
LZ-3	广西壮族自治区柳州市 -3	24°19′42″	109°25′26″	254
LZ-4	广西壮族自治区柳州市 -4	24°39′10″	109°14′25″	234
BS	广西壮族自治区百色市	24°17′10″	106°14′20″	688
YD	广东省英德市	24°12′28″	113°23′46″	64
JY	广东省揭阳市	23°27′01″	116°33′01″	4
FJ	福建省漳州市	24°30′59″	117°38′33″	19

1.3　扦插试验与苗期管理

于 2024 年 3 月 21 日在柳州市柳南区龙汉岭林场苗圃内进行扦插试验。扦插试验采用完全随机区组设计，以种源地为变量，每个区组扦插 1 000 个左右枝条，8 个区组共扦插 8 000 个枝条。

选择地势向阳、灌溉方便、土壤肥力中等的地带进行整地，对土壤进行 30 cm 深翻后制作苗床。采用溶质质量分数为 0.5% 的高锰酸钾溶液对苗床进行消毒。将麻竹插穗置于质量比为 100 mg/kg 的 ABT1 生根粉溶液中浸泡 4 h，浸泡完成后进行浆根处理。按照行间距 20 cm×40 cm 的规格将插穗斜 30° 插入苗床，扦插深度控制在 10～15 cm，以露出第 3 节为宜；扦插完成后覆土压实，一次性浇透定根水，并每隔 7 d 喷施 1 次质量分数为 0.2% 的多菌灵溶液。在大棚上覆盖遮阳网，控制棚内遮光率约 70%，温度维持在 20 ℃～30 ℃。布设喷灌设施，进行常规水肥与田间管理，及时预防病虫害，并加强棚内通风。

1.4　生长情况观测

扦插后每隔 20 d 进行 1 次生长指标测定。在 8 个区组各随机选取 10 株插穗，共进行 5 次观测，总计 400 株插穗。试验期间观察插穗的地上部分形态，记录出芽数和展叶数，采用便携式叶面积仪测定展叶的叶面积。然后将插穗拔出，观察插穗地下部分形态，统计插穗成活情况和生根数。采用胸径尺（精度为 0.01 cm）测量根长，利用游标卡尺（精度为 0.01 mm）测量根直径，同时拍照记录插穗形态。其中叶面积、根长、根直径等指标进行 3 次重复测定，最终取平均值为试验有效数据。

1.5　样品采集与处理

在 8 个区组各随机选取的 10 株插穗中随机选择 3 个成活插穗，用于测定生物量。将插穗洗净，用枝剪将插穗的根、秆、枝、叶分离，分别装入信封中保存。其余成活插穗插回苗床，做好标记，下次取样时避开。

采用烘干法测定生物量。将样品放入烘箱内 105 ℃杀青 30 min，然后在 85 ℃下烘至恒定质量。用电子天平（精度为 0.000 1 g）称量根、秆、枝、叶的生物量，根、秆、枝、叶各器官生物量之和为总生物量。

1.6　统计分析

采用完全随机区组设计进行方差分析，计算

遗传方差分量以及遗传与环境互作效应方差分量的大小，并衡量两者对无性系表型方差的贡献大小和相对重要性 [26]。表型方差（σ^2）可以分解为种源遗传方差（σ^2_G）与环境方差（σ^2_E）2 个部分 [27]，计算公式为：

$$\sigma^2=\sigma^2_G+\sigma^2_E。\quad（1）$$

在完全随机区组试验设计条件下，σ^2_G 又可以拆分为遗传方差（σ^2_{cG}）和遗传与环境交互作用方差（简称遗传 - 环境互作，σ^2_{ge}）分量 [28]，计算公式为：

$$\sigma^2_G=\sigma^2_{cG}+\sigma^2_{ge}。\quad（2）$$

因此，表型方差（σ^2）为：

$$\sigma^2=\sigma^2_{cG}+\sigma^2_{ge}+\sigma^2_E。\quad（3）$$

遗传力（H^2）的计算公式为：

$$H^2=\sigma^2_{cG}/\sigma^2。\quad（4）$$

遗传变异系数（C_G）的计算公式为：

$$C_G=\sqrt{\sigma^2_{cG}}\,\overline{X}\times100\%。\quad（5）$$

遗传增益（G）的计算公式为：

$$G=i\times\sigma_p\times H^2。\quad（6）$$

$$i=S/\sigma_p。\quad（7）$$

式中：$\overline{X}$ 为某一性状平均值；i 为选择强度；S 为选择差，即某一种源地均值与所有种源地均值的离差；σ_p 为所有种源地的表型标准差。

本研究采用 Excel 2021 软件进行数据整理，运用 R 4.5.0 软件计算不同种源地苗期各性状的均值、变异系数等基础数据和 Pearson 相关性分析、主成分分析，运用单因素方差分析法对不同种源地的指标进行差异显著性检验（其中统计量 F 值由组间均方除以组内均方计算得到），采用 Duncan 多重比较法比较不同种源地各个性状平均值的差异。

2 结果与分析

2.1 麻竹各性状的遗传变异分析

由表 2 可知，在出芽数方面，YD 最多（8.83），显著高于除 LZ-4 之外的其他种源地。展叶数方面，LZ-4 最多（25.63），显著高于除 BS 之外的其他种源地。生根数方面，LZ-3 最多（23.19），显著高于除 LZ-1 之外的其他种源地。平均根长方面，LZ-4 最长（9.76 cm），显著高于除 LZ-3、BS 之外的其他种源地。平均根直径方面，LZ-3 最大（1.22 mm），显著高于除 LZ-2 之外的其他种源地。生物量方面，BS 芽生物量最大（15.65 g），显著高于 LZ-2、JY 和 FJ 种源地；LZ-4 叶生物量最大（11.03 g），显著高于 LZ-3 和 JY 种源地；FJ 秆生物量最大（82.93 g），显著高于 LZ-1 和 BS 种

表 2 8 个种源地麻竹各性状比较 †

Table 2 Comparison of various traits of *D. latiflorus* from eight provenances

种源地代码 Provenance code	出芽数 Bud emergence	展叶数 Leaf expansion	生根数 Root initiation	平均根长 Mean root length /cm	平均根直径 Mean root diameter /mm	芽生物量 Bud biomass /g	叶生物量 Leaf biomass /g
LZ-1	3.81±2.38 b	13.67±11.78 b	20.05±11.93 ab	6.83±4.28 bc	0.91±0.35 bc	12.50±11.19 ab	10.07±7.31 a
LZ-2	5.00±3.65 b	16.06±14.51 b	10.24±9.17 c	5.71±5.30 bc	1.03±0.62 ab	9.27±9.11 bcd	9.88±8.14 a
LZ-3	4.00±2.77 b	14.87±13.11 b	23.19±14.99 a	8.65±5.29 ab	1.22±0.56 a	12.07±11.66 abc	4.41±4.14 c
LZ-4	8.40±6.51 a	25.63±16.86 a	15.35±15.12 bc	9.76±6.99 a	1.00±0.61 bc	15.56±10.68 a	11.03±10.09 a
BS	4.86±2.61 b	20.39±18.61 ab	15.80±12.92 bc	7.26±4.95 abc	0.92±0.46 bc	15.65±14.73 a	10.10±9.77 a
YD	8.83±8.36 a	16.76±13.04 b	15.52±13.86 bc	6.78±5.99 bc	0.82±0.44 bc	15.63±12.52 a	8.56±7.90 ab
JY	3.89±2.44 b	15.63±14.56 b	13.5±11.81 bc	5.82±5.80 bc	0.67±0.43 c	6.36±6.06 cd	4.88±4.71 bc
FJ	4.20±2.57 b	13.73±11.22 b	12.5±11.27 c	5.59±5.23 c	0.93±0.51 bc	5.26±3.82 d	7.17±5.51 abc

种源地代码 Provenance code	秆生物量 Culm biomass /g	根生物量 Root biomass /g	总生物量 Total biomass /g	叶面积 Leaf area /mm²	秆数 Culm number	地径 Basal diameter /mm	株高 Plant height /cm
LZ-1	50.39±9.75 b	0.60±0.42 bc	71.93±30.02 b	8 315.78±7 017.87 b	1.25±0.25 d	18.04±5.19 bc	2.72±0.83 b
LZ-2	73.33±31.99 a	0.47±0.44 bc	89.91±43.68 ab	5 914.96±5 186.35 e	1.55±0.68 ab	18.35±9.09 b	2.60±1.14 bc
LZ-3	81.18±33.15 a	1.20±0.80 a	96.30±49.23 ab	6 206.33±5 861.89 cd	1.64±0.65 a	16.92±12.59 c	2.42±1.08 d
LZ-4	64.60±28.41 ab	0.65±0.51 bc	93.06±41.18 ab	9 566.77±7 056.80 a	1.14±0.38 d	19.70±6.18 a	2.96±0.81 a
BS	52.19±19.65 b	0.18±0.09 c	73.56±34.73 b	8 739.06±5 659.59 b	1.53±0.67 ab	15.01±6.56 d	2.14±0.69 e
YD	75.03±20.70 a	0.44±0.26 bc	101.85±47.98 a	6 681.88±6 663.03 c	1.58±0.70 a	18.49±9.05 ab	2.35±0.82 d
JY	76.92±35.22 a	0.81±0.73 ab	89.73±38.62 ab	6 445.16±5 664.26 cd	1.45±0.61 bc	17.82±8.30 bc	2.48±2.01 cd
FJ	82.93±24.46 a	0.75±0.72 ab	102.23±48.68 a	6 663.64±5 444.66 c	1.36±0.63 c	15.35±6.89 d	1.96±0.85 f

† 同列不同小写字母代表差异显著（$P<0.05$）。
Different lowercase letters in the same column indicate significant differences ($P<0.05$).

源地；LZ-3 根生物量最大（1.20 g），显著高于除 JY、FJ 之外的其他种源地；FJ 总生物量最大（102.23 g），显著高于 LZ-1 和 BS 种源地。叶面积方面，LZ-4 种源最大（9 566.77 mm^2），显著高于其他种源地。秆数方面，LZ-3 最多（1.64），显著高于除 LZ-2、BS、YD 之外的其他种源地。地径方面，LZ-4 最大（19.70 mm），显著高于除 YD 之外的其他种源地。株高方面，LZ-4 最高（2.96 cm），显著高于其他种源地。

方差分析结果显示（表 3），除芽生物量、叶生物量和总生物量外，其余 11 个表型性状在不同麻竹种源间均呈现显著（$P < 0.05$）或极显著差异（$P < 0.01$）。其中，出芽数、展叶数、生根数、平均根直径、秆生物量、根生物量、叶面积、秆数、地径与株高在种源间差异极显著（$P < 0.01$），平均根长在种源间差异显著（$P < 0.05$），表明不同种源麻竹在营养器官生长和生物量积累等方面存在明显的遗传分化，具有较高的种质改良潜力。各性状的遗传变异系数（C_G）为 0.34% ～ 36.92%，整体表型和遗传多样性水平较高。C_G 方面，秆数（36.92%）、根生物量（13.91%）和出芽数（13.57%）相对较高，说明这些性状的遗传变异较大，选择潜力显著。相比之下，地径的 C_G 仅为 0.34%，变异较小，遗传稳定性强。遗传力（H^2）方面，14 个性状均超过 0.50，全部属于高遗传力性状 [29]，表明受遗传因素控制程度较高，选择效率较高；其中，株高（0.96）、秆数（0.95）、叶面积（0.94）、地径（0.92）、出芽数（0.89）等性状的遗传力极高，说明其受基因控制程度大，环境干扰较小，具有重要的遗传改良价值；尽管总生物量（0.53）、叶生物量（0.57）和芽生物量（0.62）在 H^2 值上相对偏低，但仍属于高遗传力。

表 3　8 个种源麻竹各表型性状变异遗传参数分析

Table 3　Genetic parameter analysis of phenotypic trait variations in *D. latiflorus* from eight provenances

参数 Parameter		出芽数 Bud emergence	展叶数 Leaf expansion	生根数 Root initiation	平均根长 Mean root length /cm	平均根直径 Mean root diameter /mm	芽生物量 Bud biomass /g	叶生物量 Leaf biomass /g
表型统计量 Phenotypic statistics	均值 Mean	5.54	17.51	16.31	7.22	0.95	11.41	8.86
	标准差 Standard deviation	4.99	15.02	13.41	5.65	0.52	11.05	7.88
F		7.86	3.07	3.28	2.60	3.77	1.60	1.35
H^2		0.89	0.75	0.77	0.72	0.79	0.62	0.57
C_G /%		13.57	7.10	7.35	5.71	5.11	7.94	5.82
P		<0.01	<0.01	<0.01	0.01	<0.01	0.15	0.24

参数 Parameter		秆生物量 Culm biomass /g	根生物量 Root biomass /g	总生物量 Total biomass /g	叶面积 Leaf area /mm^2	秆数 Culm number	地径 Basal diameter /mm	株高 Plant height /cm
表型统计量 Phenotypic statistics	均值 Mean	70.50	0.64	89.82	7 514.84	1.42	17.29	2.43
	标准差 Standard deviation	28.06	0.58	42.43	6 354.10	0.62	8.52	1.15
F		3.34	3.34	1.12	16.61	19.84	12.20	26.86
H^2		0.77	0.77	0.53	0.94	0.95	0.92	0.96
C_G /%		6.86	13.91	1.50	6.39	36.92	0.34	4.37
P		<0.01	<0.01	0.35	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01

2.2　麻竹各性状的相关性分析

相关性分析表明（表 4），出芽数与展叶数、平均根长、平均根直径、芽生物量、叶生物量呈显著（$P < 0.05$）或极显著（$P < 0.01$）正相关；展叶数与平均根长、平均根直径、叶面积、芽生物量、叶生物量、根生物量、总生物量、秆数呈显著（$P < 0.05$）或极显著（$P < 0.01$）正相关；生根数与平均根长、平均根直径、根生物量呈显著（$P < 0.05$）或极显著（$P < 0.01$）正相关；平均根长与平均根直径、叶面积、芽生物量、叶生物量、根生物量、总生物量均呈极显著正相关（$P < 0.01$）；平均根直径与叶生物量、秆生物量、总生物量呈极显著正相关（$P < 0.01$）；芽生物量与叶生物量呈极显著正相关（$P < 0.01$），且两者与总生物量均呈极显著正相关（$P < 0.01$）；秆生物量与根生物量呈显著正相关（$P < 0.05$）；根生物量与总生物量呈显著正相关（$P < 0.05$）；总生物量与秆数呈显著正相关（$P < 0.05$）；地径与株高呈极显著正相关（$P < 0.01$）。

2.3　综合评价及优良种源选择

不同麻竹种源在苗期各表型性状上的遗传增

益如表 5 所示。在出芽数方面，YD（2.92%）和 LZ-4（2.53%）表现出较高的正向遗传增益；而 LZ-1（−1.53%）和 JY（−1.47%）则呈现负向遗传增益，表现较弱。在展叶数性状中，LZ-4 遗传增益最高（7.03%），BS 次之（3.07%），FJ（−1.95%）和 LZ-1（−2.00%）较低。生根数方面，LZ-3（5.27%）和 LZ-1（2.86%）表现优良，而 LZ-2（−4.65%）和 FJ（−2.92%）则呈负向遗传增益。在平均根长和平均根直径性状上，LZ-4（1.84%；0.04%）和 LZ-3（1.03%；0.22%）均获得正向遗传增益，LZ-1、YD、JY 和 FJ 则均为负向遗传增益。在生物量性状方面，YD 在芽生物量（2.60%）和总生物量（6.36%）上具有正向遗传增益，LZ-4 在芽生物量（2.56%）和叶生物量（1.24%）上亦表现较

表 4　各性状间相关性 †

Table 4　Correlations among traits

性状 Trait	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13
X2	0.385*												
X3	0.012	0.204											
X4	0.538**	0.860**	0.410**										
X5	0.404**	0.643**	0.517**	0.766**									
X6	0.147	0.772**	−0.058	0.656**	0.271								
X7	0.398*	0.802**	0.023	0.711**	0.422**	0.870**							
X8	0.386*	0.821**	0.034	0.734**	0.430**	0.898**	0.990**						
X9	−0.005	0.112	−0.052	0.030	−0.183	0.183	0.248	0.272					
X10	0.172	0.498**	0.379*	0.598**	0.404**	0.456**	0.490**	0.499**	0.354*				
X11	−0.138	0.443*	0.233	0.493**	0.098	0.477**	0.582**	0.550**	0.244	0.434*			
X12	−0.291	0.437*	−0.078	0.363*	0.051	0.763**	0.660**	0.679**	−0.07	0.279	0.406*		
X13	0.120	0.411	0.131	0.306	0.291	0.209	0.251	0.266	−0.24	0.091	−0.238	−0.252	
X14	−0.006	0.358	0.343	0.506*	0.332	0.326	0.351	0.400	−0.132	0.091	−0.149	−0.250	0.771**

† *. 在 0.05 级别（双尾）相关性显著；**. 在 0.01 级别（双尾）相关性显著；X1. 出芽数；X2. 展叶数；X3. 生根数；X4. 平均根长；X5. 平均根直径；X6. 叶面积；X7. 芽生物量；X8. 叶生物量；X9. 秆生物量；X10. 根生物量；X11. 总生物量；X12. 秆数；X13. 地径；X14. 株高。

*. Correlation is significant at 0.05 level (two-tailed); **. Correlation is significant at 0.01 level (two-tailed); X1. Bud emergence; X2. Leaf expansion; X3. Root initiation; X4. Mean root length; X5. Mean root diameter; X6. Leaf area; X7. Bud biomass; X8. Leaf biomass; X9. Culm biomass; X10. Root biomass; X11. Total biomass; X12. Culm number; X13. Basal diameter; X14. Plant height.

表 5　8 个种源麻竹表型性状遗传增益

Table 5　Genetic gain analysis of phenotypic traits in *D. latiflorus* from eight provenances　%

种源地代码 Provenance code	*G*						
	出芽数 Bud emergence	展叶数 Leaf expansion	生根数 Root initiation	平均根长 Mean root length	平均根直径 Mean root diameter	芽生物量 Bud biomass	叶生物量 Leaf biomass
LZ-1	−1.53	−2.00	2.86	−0.28	−0.02	0.67	0.69
LZ-2	−0.48	−0.19	−4.65	−1.09	0.06	−1.31	0.59
LZ-3	−0.36	−1.09	5.27	1.03	0.22	0.41	−2.56
LZ-4	2.53	7.03	−0.74	1.84	0.04	2.56	1.24
BS	−0.60	3.07	−0.40	0.03	−0.02	2.61	0.71
YD	2.92	0.34	−0.61	−0.32	−0.10	2.60	−0.18
JY	−1.47	−0.72	−2.15	−1.01	−0.22	−3.11	−2.29
FJ	−1.19	−1.95	−2.92	−1.18	−0.01	−3.78	−0.97

种源地代码 Provenance code	*G*						
	秆生物量 Culm biomass	根生物量 Root biomass	总生物量 Total biomass	叶面积 Leaf area	秆数 Culm number	地径 Basal diameter	株高 Plant height
LZ-1	−15.48	−0.03	−9.46	755.47	−0.17	0.70	0.28
LZ-2	2.18	−0.13	0.05	−1 509.05	0.12	0.99	0.16
LZ-3	8.21	0.43	3.43	−1 234.22	0.20	−0.34	−0.01
LZ-4	−4.54	0.50	1.71	1 935.43	−0.27	2.23	0.51
BS	−14.09	−0.35	−8.60	1 154.71	0.10	−2.11	−0.29
YD	3.48	−0.15	6.36	−785.67	0.08	0.65	−0.06
JY	4.94	0.13	−0.05	−1 008.95	0.03	0.49	0.04
FJ	9.56	0.08	6.56	−802.88	−0.06	−1.79	−0.46

好；相对而言，LZ-1 和 BS 在地上部多个生物量性状上遗传增益均为负，表现较差。在秆生物量方面，FJ（9.56%）和 LZ-3（8.21%）增益较高，而 BS（−14.09%）和 LZ-1（−15.48%）则为负。根生物量性状以 LZ-4（0.50%）和 LZ-3（0.43%）遗传增益较高。在表征植株形态的性状中，LZ-4 在叶面积（1 935.43%）、地径（2.23%）和株高（0.51%）方面均获得较高的正向遗传增益，远高于其他种源；BS 在叶面积（1 154.71%）上也表现较好，而 LZ-2、LZ-3、YD、JY、FJ 在该性状上的遗传增益则为负，其中 LZ-2（−1 509.05%）和 LZ-3（−1 234.22%）负值较大。此外，在株高性状中，LZ-4（0.51%）和 LZ-1（0.28%）较高，FJ（−0.46%）和 BS（−0.29%）较低。

对 8 个种源 14 个表型性状进行了主成分分析。根据特征值大于 1 的原则，筛选出 4 个主成分，累计贡献率达到了 79.034%，包含了麻竹种质资源表型性状的大部分信息（表 6）。第 1 主成分特征值为 5.358，方差贡献率为 38.268%；其中，秆生物量、展叶数、平均根长、叶生物量、芽生物量性状得分较高，反映麻竹植株的生长活性及光合产物积累能力。第 2 主成分特征值为 2.620，方差贡献率为 18.716%；其中，地径、株高、出芽数、平均根直径、生根数得分较高，主要反映麻竹根系发育及整体结构健壮性特征。第 3 主成分特征值为 1.971，方差贡献率为 14.080%；其中，总生物量、生根数、平均根直径、秆数得分较高，反映麻竹根系质量及繁殖能力特性。第 4 主成分特征值为 1.116，方差贡献率为 7.970%；其中，出芽数和根生物量得分较高，反映出芽力及地下部分生物量积累特性。

结合 4 个主成分因子的贡献率，进行各麻竹种源地表型性状的综合评价，结果如表 7 所示。8 个种源地的综合得分为 0.470 ～ 1.179。综合排名由高到低的种源地分别为 LZ-4、JY、BS、LZ-2、LZ-3、FJ、LZ-1、YD。LZ-4 种源地综合得分最高，表明其在各表型性状方面整体表现最佳，具有较高的遗传育种应用价值。

3　讨论与结论

3.1　不同麻竹种源苗期性状的遗传变异及选育价值

本研究结果表明，不同种源的麻竹苗期 14 个性状指标存在差异，表现出丰富的表型多样性和种质资源分化，与绿竹 *Dendrocalamopsis oldhami*[30]、筚竹 *Qingzhuea tumidinoda*[31] 以及成林麻竹 [20] 种质多样性评价结果基本一致。其中，LZ-4 在株高、地径、展叶数、叶面积及根系发育等指标方面整体表现最优，具有快速生长表型特征，宜选用速生丰产型种源；LZ-3 在地下部发育性状中表现突出，尤其是根生物量与总生物量，

表 6　各性状主成分得分系数及贡献率

Table 6　Principal component score coefficients and contribution rates of each trait

性状 Trait	主成分得分 Principal Component			
	主成分 1 Principal component 1	主成分 2 Principal component 2	主成分 3 Principal component 3	主成分 4 Principal component 4
出芽数 Bud emergence	0.083	0.522	0.098	0.753
展叶数 Leaf expansion	0.904	−0.075	−0.087	0.094
生根数 Root initiation	0.516	0.444	0.573	0.045
平均根长 Mean root length	0.875	0.241	0.297	−0.082
平均根直径 Mean root diameter	0.477	0.499	0.524	−0.250
芽生物量 Bud biomass	0.781	−0.332	−0.344	−0.254
叶生物量 Leaf biomass	0.879	−0.271	−0.301	0.120
秆生物量 Culm biomass	0.907	−0.227	−0.256	0.099
根生物量 Root biomass	0.311	−0.648	−0.049	0.391
总生物量 Total biomass	0.568	−0.097	0.574	0.031
叶面积 Leaf area	0.504	−0.515	0.325	−0.010
秆数 Culm number	−0.186	−0.527	0.389	−0.369
地径 Basal diameter	0.362	0.583	−0.472	−0.183
株高 Plant height	0.479	0.539	−0.422	−0.237
特征值 Eigenvalue	5.358	2.620	1.971	1.116
方差贡献率 Contribution rate /%	38.268	18.716	14.080	7.970
累计贡献率 Cumulative contribution rate /%	38.268	56.984	71.064	79.034

表 7　8 个种源地麻竹表型性状综合得分与排名
Table 7　Comprehensive scores and rank of phenotypic traits in *D. latiflorus* from eight provenances

种源地代码 Provenance	综合得分 Comprehensive score	排名 Rank
LZ-4	1.179	1
JY	0.874	2
BS	0.751	3
LZ-2	0.716	4
LZ-3	0.688	5
FJ	0.684	6
LZ-1	0.508	7
YD	0.470	8

说明其根系养分吸收与积累能力较强，宜选作抗逆型种源 [32-33]；YD 则在出芽数和秆数方面优势显著，萌芽能力强，宜选作笋用型种源；FJ 竹叶面积最大，但其根系发育较弱，可能对环境的适应性较差，需进一步评价其区域间的相关性 [17,19]。

遗传性状的稳定程度通过遗传力来体现，高遗传力说明受环境影响较小，评估选择的效果更好 [34]。根据遗传力大小可大致划分为 3 个遗传控制程度 [29]。本研究 14 个性状的遗传力均大于 0.50（平均值为 0.78），表明苗期性状受遗传因素主导，选择进展潜力较大，具备良好的早期选择基础。出芽数、秆数、根生物量等性状与遗传力均较高，可作为早期选择的重要目标性状，这与邢新婷 [13] 对麻竹营养器官遗传分析的结论相吻合。相较之下，地径、株高等稳定性较好，更适宜作为后期稳定性指标使用；叶面积与根长等性状虽遗传力中等，但在提高光合能力和资源获取方面具有重要功能，应在育种过程中综合关注 [35]。

3.2　苗期性状间的相关性与协同发育模式

本研究相关性分析揭示出多个苗期性状间存在显著或极显著正相关关系，说明麻竹苗期性状之间表现出明显的协同发育趋势。这种性状间的协同变异在竹类植物中亦被反复验证 [10,36]。叶面积与株高、主根长与根干质量的相关性亦显著，反映出光合器官构建与根系生物量积累间的功能协同。

3.3　种源综合得分排序与功能定位分析

遗传增益分析结果显示，LZ-4 在出芽数（2.53%）、展叶数（7.03%）等关键生长性状上表现出显著的正向遗传增益，验证其突出的生长优势；YD 在芽生物量（2.60%）和总生物量（6.36%）上获得最高增益，体现出优异的物质积累能力；FJ 杆生物量表现突出（9.56%），展现出作为优良用材种源的应用前景。相比之下，LZ-1 和 JY 在多个性状上呈现负向遗传增益，表明这些种源在相应性状上存在一定的局限性。主成分分析结果表明，4 个主成分累计贡献率达 79.034%，其中第 1 主成分（方差贡献率 38.268%）以展叶数、生物量性状和叶面积为主导，反映了麻竹营养生长与生物量积累能力；第 2 主成分（方差贡献率 18.716%）主要体现结构与根系发育状况；第 3、4 主成分则分别体现根系质量与地下部分生长势。综合评价表明，LZ-4 在多个关键性状上的优异表现，可以筛选为综合性状最优的种源，JY 次之。

麻竹苗期生长表现受多性状共同影响，出芽数、平均根长、平均根直径及其生物量积累是关键指标。不同种源的遗传多样性为育种提供了丰富资源，特别是 LZ-4、JY、BS 等种源，具备较高的遗传改良潜力。未来麻竹育种应重点聚焦高遗传力性状，采用分子标记辅助选择与传统育种相结合的方式，进一步挖掘优异功能基因，提升麻竹苗期生长速率与抗逆能力，强化麻竹种源遗传改良，高效筛选优良种源，助力麻竹高效栽培与可持续经营。此外，种源地地理环境差异显著影响麻竹生长表型与遗传表达。后续研究可结合环境因子，深入开展表型可塑性及基因表达调控机制分析，以期为麻竹精准育种及种质资源保育提供更为完善的理论依据与技术支撑。

参考文献：

[1] 许建平 , 陈虹 , 陈学琴 , 等 . 麻竹引种、生长的气象条件分析 [C]// 中国气象学会 2008 年年会气候资源应用研究分会 ,2008: 324-328.
Xu J P, Chen H, Chen X Q, et al. Analysis of meteorological conditions for introduction and growth of *Dendrocalamus latiflorus*[C]//Proceedings of the Climate Resources Application Research Branch of the 2008 Annual Meeting of the Chinese Meteorological Society,2008:324-328.

[2] 高志民 . 竹类植物遗传育种研究进展 [J]. 世界竹藤通讯 ,2023, 21(1):1-9.
Gao Z M. Research advances in bamboo genetics and breeding[J]. World Bamboo and Rattan,2023,21(1):1-9.

[3] 沈彦合 . 不同基因型梁山慈竹形态学特征、遗传变异及其竹笋品质特征分析 [D]. 绵阳 : 西南科技大学 ,2021:12-18.
Shen Y H. Studies on morphological characteristics, genetic variation and nutritional characteristics of *Dendrocalamus farinosus* from different genotypes[D]. Mianyang: Southwest University of Science and Technology,2021:12-18.

[4] 于磊 , 岳晋军 , 黄文娟 , 等 . 方竹种胚愈伤组织诱导及遗传转化 [J]. 植物生理学报 ,2022,58(11):2099-2106.
Yu L, Yue J J, Huang W J, et al. Embryonic callus induction and genetic transformation of *Chimonobambusa quadrangularis*[J]. Plant Physiology Journal,2022,58(11):2099-2106.

[5] 黄蕾 , 邢晓成 , 张雨曲 , 等 . 地理因素对箭竹复合体遗传多样性与遗传分化的影响 [J]. 西北植物学报 ,2021,41(5):872-879.
Huang L, Xing X C, Zhang Y Q, et al. Effect of geographic factors on the genetic diversity and divergence of *Fargesia spathacea* complex[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2021,41(5):872-879.

[6] 杨润深 , 黄湘琪 , 陈玉婷 , 等 . 不同种源观光木苗期表型变异及其与地理 - 气候因子的相关性 [J]. 中南林业科技大学学报 , 2026,46(4):119-129.
Yang R S, Huang X Q, Chen Y T, et al. Phenotypic trait variations of *Michelia odora* from different provenances at the seedling stage and their correlations with geographical-climate factors[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(4):119-129.

[7] 郭亮 . 毛竹种质资源遗传多样性的研究 [D]. 桂林 : 广西师范大学 ,2013:12-36.
Guo L. Study on genetic diversity of germplasm resources of *Phyllostachys heterocycla* cv. *pubescens*[D]. Guilin: Guangxi Normal University,2013:12-36.

[8] 罗丹 . 毛竹 *PhSUT4* 基因的功能研究 [D]. 绵阳 : 西南科技大学 ,2019:8-31.
Luo D. Studies on functional study of *PhSUT4* gene in *Phyllostachys pubescens*[D]. Mianyang: Southwest University of Science and Technology,2019:8-31.

[9] 高志民 . 毛竹育种遗传学基础与代塑性状遗传因子挖掘 [J]. 世界竹藤通讯 ,2025,23(1):1-9,27.
Gao Z M. Genetic basis of moso bamboo breeding and mining of genetic factors for plastic substitute traits[J]. World Bamboo and Rattan,2025,23(1):1-9,27.

[10] 陈云飞 . 基于遗传多样性的金佛山方竹采样策略初探 [D]. 贵阳 : 贵州大学 ,2018:12-26.
Chen Y F. Study on sampling strategy of *Chimonobambusa utilis* based on genetic diversity[D]. Guiyang: Guizhou University, 2018:12-26.

[11] 何选泽 . 基于 ISSR 标记的合江方竹遗传多样性分析 [D]. 贵阳 : 贵州大学 ,2019:36-37.
He X Z. Genetic diversity analysis of *Chimonobambusa hejiangensis* based on ISSR markers[D]. Guiyang: Guizhou University,2019:36-37.

[12] 张光楚 , 王裕霞 . 竹子育种工作现状及前景 [J]. 竹子研究汇刊 ,1998,17(1):6-9.
Zhang G C, Wang Y X. Bamboo breeding: current status and future trends[J]. Journal of Bamboo Research,1998,17(1):6-9.

[13] 邢新婷 . 麻竹不同地理群体遗传变异分析及良种选育研究 [D]. 北京 : 中国林业科学研究院 ,2003:1-2.
Xing X T. Study on the genetic variation of populations and improved seeds breeding of *Dendrocalamus latiflorus* Munro[D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry,2003:1-2.

[14] 王裕霞 , 张光楚 , 李兴伟 , 等 . 麻竹实生苗群体中无性系选育的研究 [J]. 林业科技开发 ,2003(2):32-35.
Wang Y X, Zhang G C, LI X W, et al. Clonal selection from *Dendrocalamus latiflorus* seedling population[J]. China Forestry Science and Technology,2003(2):32-35.

[15] 田波 , 陈永燕 , 李德铢 . 麻竹组培苗开花相关基因的克隆与功能分析 [C]// 中国遗传学会七届一次青年研讨会暨上海高校模式生物 E——研究院第一届模式生物学术研讨会 ,2005:116.
Tian B, Chen Y Y, Li D Z. Isolation and characterization of flower development related genes from in vitro flowering cultures of *Dendrocalamus latiflorus*[C]//The 1st Youth Symposium of the 7th Council of the Genetics Society of China & The 1st Model Organism Symposium of Shanghai Universities E-Institute for Model Organisms,2005:116.

[16] 刘青 . 麻竹 2 个同源异型盒基因 (*KNOX*) 的分子特征及功能研究 [D]. 北京 : 中国林业科学研究院 ,2013:53.
Liu Q. Molecular characteristics and functional analysis of two homeobox genes (*KNOX*) from *Dendrocalamus latiflorus*[D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry,2013:53.

[17] 陈东亮 . 麻竹转录因子 D1SCL6 和 D1AP2 功能研究及叶片 miRNA 的分离鉴定 [D]. 北京 : 中国林业科学研究院 ,2013:89-92.
Chen D L. Function analysis of transcription factors (DISCLl6 and DIAP2) and identification of miRNAs from *Dendrocalamus latiflorus*[D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry,2013:89-92.

[18] 杨丽 , 陈东亮 , 彭镇华 , 等 . 麻竹转录因子 DlSCL6 的基因克隆及在拟南芥中异位表达 [J]. 林业科学 ,2014,50(11):52-57.
Yang L, Chen D L, Peng Z H, et al. Cloning of transcription factor DlSCL6 from *Dendrocalamus latiflorus* and its ectopic expression in *Arabidopsis thaliana*[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2014,50(11):52-57.

[19] 陈刚 , 王楠楠 , 白玮元 , 等 . 麻竹 *DlmDELLA* 基因克隆与分析 [J]. 分子植物育种 ,2023,21(6):1874-1883.
Chen G, Wang N N, Bai W Y, et al. Cloning and analysis of *DlmDELLA* gene of *Dendrocalamus latiflorus* Munro[J]. Molecular Plant Breeding,2023,21(6):1874-1883.

[20] 李东宝 , 吴敏 , 余蓉 , 等 . 不同种源麻竹表型多样性及其与环境因子的相关性 [J]. 植物资源与环境学报 ,2023,32(5):39-50.

Li D B, Wu M, Yu R, et al. Phenotypic diversity of *Dendrocalamus latiflorus* from different provenances and its correlations with environmental factors[J]. Journal of Plant Resources and Environment,2023,32(5):39-50.

[21] 王红娟 . 元宝枫优树嫁接无性系研究 [D]. 昆明 : 西南林学院 , 2008:4-6.
Wang H J. Study on the grafted clones of *Acer truncatum* Bunge[D]. Kunming: Southwest Forestry College,2008:4-6.

[22] 孙振 . 白蜡无性系苗期性状评价和选择 [D]. 泰安 : 山东农业大学 ,2015:30-32.
Sun Z. Evaluation and selection of nursery traits in *Fraxinus* clone[D]. Tai'an: Shandong Agricultural University,2015:30-32.

[23] 苏伟毅 . 麻竹侧枝苗与母竹苗造林对比试验 [J]. 林业科技开发 ,2002,16(增刊 1):75-76.
Su W Y. Comparative experiment on afforestation of *Dendrocalamus latiflorus* lateral branch seedlings and mother bamboo seedlings[J]. Journal of Forestry Engineering,2002,16(S1):75-76.

[24] 杨秀艳 , 傅懋毅 , 邢新婷 . 麻竹种内控制授粉子代苗期选择及遗传变异分析 [J]. 世界竹藤通讯 ,2008,6(2):11-13.
Yang X Y, Fu M Y, Xing X T. Study on genetic variations and selections of controlling pollination progeny at seedling stage of *Dendrocalamus latiflorus*[J]. World Bamboo and Rattan, 2008,6(2):11-13.

[25] 杨秀艳 , 傅懋毅 , 姜磊 . 麻竹种内杂交子代遗传变异的 ISSR 分析 [J]. 江西农业大学学报 ,2010,32(2):318-323.
Yang X Y, Fu M Y, Jiang L. ISSR analysis on genetic variation of hybrid descendants of *Dendrocalamus latiflorus*[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2010,32(2):318-323.

[26] 肖晖 , 林泽忠 , 苏顺德 , 等 . 杉木无性系圃地测定性状遗传变异分析及超早期选择 [J]. 南京林业大学学报 (自然科学版), 2024,48(3):63-70.
Xiao H, Lin Z Z, Su S D, et al. Genetic variation analysis and selection of clones based on short-term nursery testing on *Cunninghamia lanceolata*[J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition),2024,48(3):63-70.

[27] 王明庶 . 林木遗传育种学 [M]. 北京 : 中国林业出版社 ,2001: 156-177.
Wang M X. Forest tree genetics and breeding[M]. Beijing: China Forestry Publishing House,2001:156-177.

[28] 续九如 . 林木数量遗传学 [M]. 北京 : 高等教育出版社 ,2006: 96-117.
Xu J R. Quantitative genetics in forestry[M]. Beijing: Higher Education Press,2006:96-117.

[29] 吴裕 , 毛常丽 . 树木育种学中遗传力、重复力和遗传增益的概念及思考 [J]. 热带农业科技 ,2012,35(1):47-50.
Wu Y, Mao C L. Simple introduction to heritability, repeatability and genetic gain in percent in tree breeding[J]. Tropical Agricultural Science & Technology,2012,35(1):47-50.

[30] 郑蓉 . 绿竹遗传多样性与优良地理种源选择的研究 [D]. 北京 : 北京林业大学 ,2008:129-131.
Zheng R. Genetic diversity and selection of super geographical provenances of *Dendrocalamopsis oldhami*[D]. Beijing: Beijing Forestry University,2008:129-131.

[31] 董文渊 , 邱月群 , 王逸之 , 等 . 天然筜竹居群形态遗传多样性 [J]. 东北林业大学学报 ,2016,44(5):101-103.
Dong W Y, Qiu Y Q, Wang Y Z, et al. Morphological genetic diversity of natural *Qiongzhuea tumidinoda* populations[J]. Journal of Northeast Forestry University,2016,44(5):101-103.

[32] 祁潇勇 . 沿海沙地引种绿竹的种源评价和优良种源选择 [D]. 福州 : 福建农林大学 ,2017:43-44.
Qi X Y. Genetic diversity and selection of super geographical provenances of *Dendrocalamopsis oldhami* planted in coastal sandy area[D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2017:43-44.

[33] 廖家蓉 .4 种箬竹对土壤铅胁迫的耐受性及修复潜力研究 [D]. 雅安 : 四川农业大学 ,2023:1-2.
Liao J R. Study on the tolerance and remediation potential of four *Indocalamus* plants to soil lead stress[D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University,2023:1-2.

[34] 应益山 , 杨丽婷 , 程建新 , 等 . 不同生境对苦竹鞭根形态结构及其异速生长的影响 [J]. 西北植物学报 ,2022,42(9):1583-1590.
Ying Y S, Yang L T, Cheng J X, et al. Effect of habitats on the morphological and structural characteristics of rhizome roots of *Pleioblastus amarus* and its allometric growth[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica,2022,42(9):1583-1590.

[35] 曾路 , 朱科帆 , 安波 , 等 . 杉木家系苗期性状的遗传变异、相关性及综合评价研究 [J]. 江西农业大学学报 ,2023,45(5):1061-1071.
Zeng L, Zhu K F, An B, et al. Study on genetic variation, correlation and comprehensive evaluation of seedling traits in Chinese fir families[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2023,45(5):1061-1071.

[36] 张如礼 , 李德铢 , 张玉霄 . 短穗竹居群遗传结构及气候适应性分析 [J]. 植物学报 ,2025,60(3):407-424.
Zhang R L, Li D Z, Zhang Y X. Population genetic structure and climate adaptation analysis of *Brachystachyum densiflorum*[J]. Chinese Bulletin of Botany,2025,60(3):407-424.

[本文编校：张雨朦]