

# 玉米对青枯病的抗性遗传研究

席章营 任和平

(河南农业大学, 郑州 450002)

**摘要** 对由腐霉菌引起的玉米青枯病的抗性遗传研究结果表明, 玉米对青枯病的抗性表现为数量性状遗传, 且以加性基因效应为主。杂种 $F_1$ 的抗性接近双亲的平均值,  $F_2$ 较 $F_1$ 的感病程度略有增加。回交后代的病害反应型有向轮回亲本靠近的倾向。在玉米抗青枯病育种中, 要重视抗源的筛选和抗性配合力的测定, 只有选用高抗玉米青枯病的亲本, 才能组配出理想的抗病杂交种。

**关键词** 玉米 青枯病 腐霉菌 加性基因效应 配合力

玉米青枯病是一种发生普遍的世界性病害, 全世界至少有23个国家报道发生此病<sup>[1]</sup>。近年来, 它已成为我国玉米生产上的主要病害之一<sup>[2~5]</sup>, 尤其是目前生产上推广的杂交种多为感病品种, 因而该病有发展加重的趋势。据不完全统计, 1990年河南省玉米青枯病发病面积超过300万亩, 严重地块病株率达50~60%。徐作珽等<sup>[4]</sup>报道, 山东省每年发病面积500万亩。春玉米病株率10~20%, 严重时可达50%以上; 夏玉米病株率一般20~30%, 严重时可达60%以上。陈鹏印<sup>[5]</sup>研究表明, 感病玉米当年的千粒重和株粒重分别降低20%和25%左右, 穗长、结实长和行粒数降低5~10%。因此, 尽快弄清玉米青枯病的抗性遗传规律, 及早选出抗病品种, 是获得玉米高产稳产亟待解决的问题。

## 材料和方法

### 一、供试品种材料及田间设计

用郑32、掖107、Mo17、27-263、3184和8112等6个自交系作母本(F), 用黄早4、新黄4、潘黄4和黄改114做父本(M)。1988年组配成24个杂交组合, 当年冬季南繁, 产生 $F_2$ 和回交材料 $B_1$ 和 $B_2$ 。1989年在河南农业大学郑州试验站夏播种植。

试验I: 从所组配的24个杂交组合中选出6套: 郑32×黄改114、掖107×黄改114、郑32×黄早4、8112×新黄4、3184×黄早4、27-263×潘黄4, 每套包括F、M、 $F_1$ 、 $F_2$ 、 $B_1$ 和 $B_2$ , 采用不等区种植, F、M和 $F_2$ 为4行区,  $B_1$ 、 $B_2$ 和 $F_1$ 为双行区。行长4m, 行距0.67m, 株距0.33m, 每行13穴。超量播种, 双株定苗, 裂区设计, 3次重复。

试验II: 包括24个组合的全部 $F_1$ 。完全随机区组设计。3次重复, 双行区。密度同试验I。计算相对抗病性时, 以豫玉1号(27-263×黄早4)为对照。

### 二、供试菌种及病情分级

供试菌种为河南农业大学植物病理教研组研究分离的腐霉菌 (*Pythium* sp.)。在经过高温高压灭菌的玉米粒培养基上培养 7~10 天。玉米吐丝后埋于根际, 每穴 150 克左右。每小区接种 10 株。接种后定期浇水。待充分发病后, 按下列 5 级标准调查发病级别。

0 级: 无病, 叶片绿色。

1 级: 病株叶片由下而上青枯, 占整株叶片数 1/4 以下, 茎基部表皮不变色, 不变软。

2 级: 青枯叶片数占整株叶片数 1/2, 茎基部变色, 手捏有软感。

3 级: 青枯叶片数占整株叶片数 2/3 以上, 茎基部明显变软或扁平, 果穗开始下垂。

4 级: 整株叶片青枯或枯死, 茎基部变色松软, 果穗下垂。

### 三、分析方法

计算各供试材料的病情指数。病情指数按下面公式换算成相对抗病性后依照莫惠栋〔6〕的  $p \times q$  交配模式的原理和方法进行配合力分析和遗传因子估算。

$$\text{相对抗病性} = 1 - \frac{\text{供试品种的病情指数}}{\text{感病对照的病情指数}}$$

## 结果与分析

### 一、不同世代对玉米青枯病的抗性反应

玉米不同组合在同一世代对玉米青枯病的抗性中存在着很大的差别。6 个组合  $F_1$  的病情指数从 14.17 到 70.00 互不相同, 病害反应型由抗青枯病到感青枯病。在  $F_2$ 、 $B_1$  和  $B_2$  各组合的病害反应差别亦很大。说明不同材料对玉米青枯病的抗性不同 (表 1)。

进一步分析可知, 同一组合不同世代对玉米青枯病的抗性强弱也有很大的差异。在所参试的 6 个组合中有掖 107×黄改 114、郑 32×黄早 4、8112×新黄 4、3184×黄早 4、27-263

表 1 不同世代对玉米青枯病的抗性反应

杂 交 组 合	病 情 指 数					
	F	M	$F_1$	$F_2$	$B_1$	$B_2$
郑 32×黄改 114	0	60.00	62.00	74.14	40.00	91.67
掖 107×黄改 114	0	47.47	14.17	24.09	0	55.00
郑 32×黄早 4	0	85.00	70.00	60.00	20.85	90.00
8112×新黄 4	4.17	97.50	69.17	81.67	35.00	71.67
3184×黄早 4	0	83.33	18.33	32.50	14.17	55.83
27—263×潘黄 4	0	96.67	47.50	52.50	27.50	60.00

×潘黄 4 等 5 个杂种  $F_1$  和  $F_2$  的病情指数介于双亲之间,  $F_1$  的病情指数接近双亲的平均值, 略偏向于感病亲本。  $F_2$  的病情指数较  $F_1$  有所增高。用杂种  $F_1$  与双亲回交, 其回交后代出现向回交亲本靠近的倾向。即用  $F_1$  与高抗亲本 F 回交的后代  $B_1$ , 对青枯病的抗性较  $F_1$  增强; 用  $F_1$  与感病亲本 M 的回交后代  $B_2$ , 病情指数增大, 感病程度较  $F_1$  加重。这说明玉米对青枯病的抗性表现为多基因控制的数量性状遗传。

分析不同组合在不同世代的具体发病程度可以看出,掖107×黄改114、8112×新黄4和27—263×潘黄4等三个组合 $F_1$ 的病情指数接近双亲平均值,说明这几个组合的抗性基因具有累加效应。郑32×黄改114和郑32×黄早4两个组合 $F_1$ 的病情指数均明显大于双亲的平均值,说明在这两个组合的抗性遗传中感病为部分显性。3184×黄早4的 $F_1$ 的病情指数明显小于双亲的平均值,偏向于抗病亲本,这里抗病为部分显性。回交后代向回交亲本靠近的现象表明,玉米对青枯病的抗性为多基因控制。不同组合回交后代与 $F_1$ 的变异幅度的不同,表明在基因加性效应中可能有非加性效应的作用。

二、抗性配合力方差和遗传参数分析

对所组配24个杂交组合杂种 $F_1$ 的相对抗病性进行了方差分析,结果表明,所组配的24个杂交组合之间对玉米青枯病的抗性差异极显著。双亲的抗性一般配合力均达到极显著水平,特殊配合力的F值则不显著。说明玉米对青枯病的抗性遗传中,以加性基因效应为主,非加性基因效应所起的作用不大(表2)。

表2 对青枯病抗性配合力方差分析及其遗传参数估算

变异来源	df	F	遗传参数	
重复间	2	4.39*	$\hat{\sigma}^2_F=0.21063$	$\hat{\sigma}^2_M=0.85711$
处理组间	23	4.95**	$\hat{\sigma}^2_{FM}=0.06363$	$\hat{\sigma}^2_e=0.6966$
GCAi (F)	5	4.90**	$\sigma^2_G=1.13137$	$h^2_B(\%)=61.89$
GCAj (M)	3	23.42**	$\sigma^2_{gca}(\%)=94.38$	$h^2_N(\%)=58.41$
SCAi j (F×M)	15	1.27 (ns)	$\sigma^2_{sca}(\%)=5.62$	
机 误	46			

玉米对青枯病抗性的广义遗传力( $h^2_B$ )和狭义遗传力( $h^2_N$ )分别为61.89和58.41。即在抗性遗传中,可用基因加性效应估计的成分是58.41%,可用显性作用估计的成分是3.48%,环境作用部分是38.11%。抗性一般配合力基因型方差( $\sigma^2_{gca}$ )和特殊配合力基因型方差( $\sigma^2_{sca}$ )分别为94.38和5.62。说明该抗性主要受加性基因效应控制,抗性表现受环境影响较大。因此,在进行抗性鉴定和抗源的筛选过程中,要严格控制发病条件,保证在均匀的发病环境或条件下进行抗性的鉴定。

三、抗性配合力效应分析

亲本的抗性一般配合力差别很大(LSD检验差异显著)。父本中以黄改114、黄早4的抗性一般配合力较好,母本中以3184、郑32的抗性一般配合力较好(表3)。结合表1和表3可知,用做父本和母本的几个自交系自身抗性差别不很大,母本均为高抗系,父本均为感病系,但它们的抗性一般配合力却差异显著。这说明在选用抗源时,不仅要看其抗病性的强弱,而且还要看其抗性一般配合力的高低。要想获得抗性较强的杂交组合,最好是选用抗病

性好、抗性一般配合力高的自交系作亲本。

表3 对青枯病的抗性配合力效应分析

亲 本	黄改114	黄早4	潘黄4	新黄4	GCA <sub>i</sub>
3184	-0.5856	-0.0940	-0.0065	0.6868	0.7065 a
郑32	-0.1865	-0.0140	-0.5665	0.7668	0.4665 ab
27—263	-0.0965	-0.2040	0.4835	-0.1832	0.0565 abc
掖107	0.2523	-0.0904	-0.2077	0.0456	-0.0923 bcd
8112	-0.3065	0.4660	0.2335	-0.3932	-0.4135 cd
Mo17	0.9235	-0.0640	0.0635	-0.9232	-0.7235 d
GCA <sub>j</sub>	1.0265 a	0.5740 a	-0.6335 b	-0.9668 b	

对抗性特殊配合力效应(SCA)进行差异显著性检验结果表明,抗性特殊配合力效应表现为正值的9个组合之间和表现为负值的15个组合之间均无显著差异,说明特殊配合力在抗性遗传中所起的作用不大。

## 讨 论

### 一、玉米青枯病的病原菌

玉米青枯病的病原菌,不同地区的报道结果不一致,总括起来分三类情况。第一类是腐霉菌说,如吴全安、金加同<sup>[3]</sup>报道,北京和浙江地区玉米青枯病的病原菌是肿囊腐霉菌(*P. inflatum* Malthews)和禾生腐霉菌(*P. graminicola* Subram)。第二类是腐霉菌和镰刀菌复合侵染说,如徐作琰、张传模<sup>[4]</sup>报道,山东玉米青枯病的病原菌是瓜果腐霉菌(*Pythium aphanidermatum* Fitzpatrick)和禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum* Schwabe)。第三类是镰刀菌说,如张超冲<sup>[7]</sup>研究认为,广西玉米青枯病的病原菌为镰刀菌,其中以串珠镰刀菌(*Fusarium moniliforme*)为主;马秉元、李亚玲<sup>[2]</sup>研究结果表明,禾谷镰刀菌(*F. graminearum*)是陕西关中地区玉米青枯病的主要病原。本试验所研究的是以腐霉菌为单一病原菌引起的青枯病的抗性遗传,这些结论能否推广还有待进一步探讨。

### 二、玉米青枯病的抗性遗传

对玉米青枯病的抗性遗传,Kappelman和Thompson<sup>[8]</sup>指出,对青枯病的抗性是一个数量性状,杂交种的反应与计算出来的亲本反应的平均值基本相符。对青枯病的反应似乎是高度遗传的,它的多基因作用是相加的。同时也指出,某些基因作用是非累加的。这和本研究结果一致。然而,Younis<sup>[9]</sup>在研究串珠镰刀菌青枯病的抗性遗传时发现,病害反应型是由两对基因控制的,在F<sub>1</sub>抗病性对感病性是完全显性。Widakas<sup>[9]</sup>则报道,F<sub>1</sub>对串珠镰刀菌的抗性为不完全显性。他们认为玉米对青枯病的抗性为少数基因控制。这表明玉米对青枯病的抗性遗传是多样的,不同材料、不同病原菌所表现的抗性遗传形式可能不同。

鸣谢 本文在吴绍骥教授指导下完成。在试验期间得到本校植保系张明智副教授、李洪连老师的支持和帮助,谨此致谢。

## 参 考 文 献

- 1 尹志.玉米茎腐病的研究概况.吉林农业科学, 1988,(4): 47~51
- 2 马秉元, 李亚玲.陕西关中地区玉米青枯病病原菌及致病性研究.植物病理学报, 1985, 15 (3): 150~152
- 3 吴全安, 金加同等.北京及浙江地区玉米青枯病病原菌的分离鉴定.中国农业科学, 1989, 22 (5): 1~4
- 4 徐作珪, 张传模.山东玉米青枯病病原菌的初步研究.植物病理学报, 1985, 15 (2): 103~108
- 5 陈鹤印.玉米青枯病危害性研究.西北农学院学报, 1985, (3): 91~98
- 2 莫惠栋.  $p \times q$  交配模式的配合力分析.江苏农学院学报, 1982, 3 (3): 51~57
- 7 张超冲等.玉米青枯病的侵染及发病规律的研究.广西农学院学报, 1983, (1): 53~63
- 8 纳尔逊等编.植物抗病育种——概念和应用.北京: 农业出版社, 1979
- 9 Lal S, Singh I S.玉米霜霉病、茎腐病抗性育种.国外遗传与育种, 1985, (4): 5~15

## Studies on the Inheritance of Resistance to Green Leaf Blight in Corn

Xi Zhangying      Ren Heping

(Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002)

**Abstract** The Inheritance of resistance to Green Leaf Blight (GLB) caused by *Pythium* sp. was studied. The results were as follows:

The resistance to GLB appeared to have the character of quantitative inheritance which was controlled mainly by additive gene effects. In different generations, the resistance of  $F_1$  was similar to the mean level of its parents. But  $F_2$  was more susceptible than  $F_1$ . The reactions of their backcross progenies to GLB tended to be similar to those of their recurrent parents.

Therefore, the screening of resistant sources and the determination of resistance combining ability should be emphasized in the breeding program of Maize GLB resistance. In order to select an ideal hybrid, both parents should be highly resistant.

**Key words:** Corn; Green Leaf Blight; *Pythium* sp. Additive gene effects; Combining ability