

玉米大斑病Ht_{1A}基因回交转育 和生产利用研究*

冯芬芬 柳迎春 许明学

(吉林省农科院玉米所)

摘 要

以Ht_{1A}为抗源,不同大斑病(*Helminthosporium turcicum* pass.)抗性玉米自交系为轮回亲本,用回交方法转育成Ht₁近等位基因同型系,以中感自交系配制成不同基因型的杂交组合,并从病斑数、病斑面积和产孢量三个方面研究单基因抗性在生产上的利用可能性。结果表明,中感自交系转入Ht_{1A}基因后,其杂交组合的病斑数目并未减少,而病斑面积及其单位面积产孢量均表现显著减少,证实Ht_{1A}单基因抗性对控制病菌孢量和延缓大斑病害流行有一定实用价值。

玉米大斑病是我国春玉米生产的主要病害之一。吉林省在70年代曾连续多次发病流行,发病地块玉米平均减产15—20%,有的年份甚至更多,对生产造成极大危害。

研究和实践证明,应用抗病品种是最经济有效的措施。玉米对大斑病的抗性,一种是受多基因控制的水平抗性,抗病性高的品种,萎蔫病斑少而小,反之病斑多而大。另一种是垂直抗性,受显性单基因控制,表现为褪绿病斑,能抑制病斑的扩展和减少孢子的形成。现已知有Ht₁、Ht₂、Ht₃、Ht₄、Htn等抗病基因,有的已在生产上应用。

1974年起,我们结合玉米抗病育种工作,对不同抗性的骨干自交系转育成Ht_{1A}同型系,通过中感自交系及其相应杂交组合的抗病性调查,研究其生产利用价值。

材 料 与 方 法

以吉63、M14、铁133、英55、吉41、公70六个不同水平抗性自交系为轮回亲本,H84Ht_{1A}为抗源,用回交方法于1982年育成Ht_{1A}近等位基因系。1982—1983年冬在海南将转育效果较好的3个中感自交系铁133、M14、Oh43及其Ht_{1A}同型系(Oh43Ht₁由国外引入)组配成JD102(M14×铁133)和JD103(Oh43×铁133)2个单交种4种基因型(HtHt、HtHt、LtHt、htht)的组合8个。

1983、1984年在所内育利圃进行试验,田间设计为随机区组法,重复4次,5米长二行区,公顷保苗5万株,成熟时全区收获测产。

6月下旬玉米心叶末期,将上年大斑病叶粉碎后,逐株接入玉米“喇叭口”内,9月上旬调查试验材料的:

(一)大斑病级。各小区目测按7级制定级,0.5为轻,5为重;

(二)病斑数。每小区调查5株,每株查穗位叶及其上方共两片叶的每叶平均病斑数;

* 本试验在谢道宏研究员指导下进行,孙永吉、刘爱华同志参加调查,在此一并致谢。

(三) 病斑面积。上述5株10片叶测定病斑的长×宽相对面积,以平均每叶病斑面积 cm^2 表示;

(四) 产孢量。每区随机取10个病斑,测定其大小,采用培养皿法⁽²⁾统计孢子数目。

结果与分析

(一) Ht_1 基因对不同抗性自交系在 BC_1 时的病斑型分离比例

中感M14、铁133和高感英55自交系与 $H84Ht_1$ 杂交再回交, BC_1 代病斑型分离比例符合(1:1)期望值(见表1)。但高抗自交系吉63的 BC_1R 型病斑株率较高(1:0.48)。高感自交系吉41和公70的 BC_1 分离的R型病斑株率很低,而S型植株较多,分别为1:7.40和1:2.76,这说明不同自交系的遗传背景对单基因抗性表达程度有一定影响。

表1 Ht_1 基因的不同组合 BC_1 病斑型分离比例 (1976—1977年公主岭)

组 合	抗性	总株数	株 数				R : S	χ^2	P
			R	MR	S	MS*			
$H84Ht_1 \times M14^{\Delta}$	中感	150	75		75		1 : 1.00	0	
$H84Ht_1 \times 铁133^{\Delta}$	中感	148	71		77		1 : 1.11	0.24	0.60
$H84Ht_1 \times 英55^{\Delta}$	高感	592	128	156	304	4	1 : 1.08	0.98	0.35
$H84Ht_1 \times 公70^{\Delta}$	高感	586	24	132	413	12	1 : 2.76	128.00	
$H84Ht_1 \times 吉41^{\Delta}$	高感	578	2	68	379	129	1 : 7.40	342.00	
$H84Ht_1 \times 吉63^{\Delta}$	高抗	148	98		48		1 : 0.48	17.10	

* R、MR为褪绿病斑 S、MS为萎蔫病斑

(二) 不同剂量 Ht_1 基因间抗大斑病性表现

1. 大斑病级 接种条件下,大斑病级均以 $htht$ 组合最高(见表2),尤以JD103杂交

表2 不同组合和基因型间大斑病级

(1983、公主岭)

品 名	$htht$		$htHt$		$Htht$		$HtHt$	
	I*	I	I	I	I	I	I	I
JD102	3	4	2	3 ⁺	2	3	2	3
JD103	3-4	4-5	3	4	3	3 ⁺	2	3

* I——8月25日 I——9月1日(成熟前)

表中 Ht 均为 Ht_1 以下同。

不同年份间病斑数差异亦达极显著($F=33.68^{**}$, $F_{0.01}=7.26$)。 $htht$ 组合病斑数为7.1个, $HtHt$ 为8.1个,正反交组合病斑数无显著差异,各基因型间差异也不显著(见表3)。说明 Ht 基因并不能阻止大斑病菌的侵染,未能减少病斑的数目;但能使孢子侵染点形成许多褪绿斑,抑制病菌的发育,而阻止病斑扩展。相反, $htht$ 基因型的叶片上,侵染点迅速扩展,形成较大萎蔫病斑。

种的病级为高,成熟时大部份叶片枯死,病级可高达4—5级。含 Ht_1 组合,发病时间比 $htht$ 组合约晚一周左右,病级低1—2级,叶片无枯死现象, Ht 纯合型与杂合型间,以及正反交组合的病级差异均甚微。

2. 病斑数目 JD102每叶平均病斑数为9.5个,JD103为5.8个,差异极显著($F=71.39^{**}$, $F_{0.01}=7.26$)。不

表3 组合间不同基因型平均病斑数

基因型	JD102		JD103		平均 (个)
	1983	1984	1983	1984	
htht	7.6	6.7	6.1	7.9	7.1
htHt	13.2	6.7	5.7	5.1	7.7
Htht	12.3	7.5	6.4	4.6	7.7
HtHt	13.7	7.8	5.9	4.8	8.1
平均	11.7	7.2	6.0	5.6	
	9.5		5.8		

不同年份间 $F=33.68^{**}$ $F_{0.01}=7.26$

组合间 $F=71.30^{**}$ $F_{0.01}=7.26$

基因型间 $F=0.95$ $F_{0.05}=2.83$

表4 不同组合、不同基因型病斑面积

单位: cm^2 (公主岭)

基因型	JD102		JD103		平均 (%)	差异显著性		
	1983	1984	1983	1984		0.05	0.01	
	htht	437.5	557.7	467.4		444.0	251.7	100
htHt	158.0	21.5	200.5	23.5	100.9	40.1	b	BC
Htht	142.4	32.2	248.4	10.7	108.4	43.1	b	BC
HtHt	89.2	9.9	144.0	8.7	62.9	25.0	c	C
平均	118.6		143.4					

1983年的单位面积产孢量和总产孢量显著高于1984年, 差异达极显著平准 (F 值分别为 69.52^{**} 和 12.46^{**}), 可见玉米大斑病菌孢子的产生与环境条件关系更为密切。HtHt组合总产孢量为58万个, 比htht组合降低92.5%, 杂合型组合亦可降低近78%左右。差异均达极显著。说明Ht基因能抑制田间产孢量, 控制田间病菌次生孢子的再侵染和扩大流行。

表5 不同组合、不同基因型单位面积

产孢量 单位: 个/ mm^2 (公主岭)

基因型	JD102		JD103		平均 (%)	差异显著性		
	1983	1984	1983	1984		0.05	0.01	
	htht	387.8	883.1	279.2		135.1	222.6	100.0
htHt	176.7	54.9	191.5	45.0	117.0	52.6	b	BC
Htht	221.5	34.1	164.1	62.1	120.4	54.1	b	BC
HtHt	104.3	48.7	91.6	32.1	69.2	31.1	c	C
平均	222.6	56.5	181.6	68.6				
	139.6		125.1					

3. 病斑面积 JD102和JD103的平

均病斑面积分别为118.6和143.4 cm^2 , 差异不显著 ($F=0.31$, $F_{0.05}=4.07$), 年份间差异达极显著水准。HtHt组合的病斑面积只有htht组合的25.0%, 差异极显著。Ht-杂合型间差异不显著, 与HtHt纯合型间达显著平准, 与htht纯合型达极显著 (见表4)。表明Ht基因能有效地控制病斑大小, 而以HtHt纯合型的效应为最佳。

4. 病斑的产孢量 从表5, 6可知,

JD102病斑每平方毫米平均产孢量为139.6个, JD103为125.1个, 差异不显著 ($F=0.53$, $F_{0.05}=4.07$) 纯合型HtHt组合单位面积产孢量为69.2个, 仅为htht组合产孢量的31.1%, 杂合型亦可下降孢量46—47%, 与htht组合差异均达极显著。杂合型之间差异不显著。每叶总产孢量两组合分别为307.9和288.7万个, 差异也不显著 ($F=0.078$, $F_{0.05}=4.07$)。

表6 不同组合、不同基因型总产

孢量 单位: 万个 (公主岭)

基因型	JD102		JD103		平均 %	差异显著性		
	1983	1984	1983	1984		0.05	0.01	
	htht	1697	51	1305		59	778	100.0
htHt	279	12	384	11	172	22.1	b	B
Htht	315	11	408	7	185	23.8	b	B
HtHt	93	5	132	3	58	7.5	b	B
平均	596.0	19.8	557.3	20.0				
	307.9		288.7					

(三) 不同基因型的产量和主要性状表现

经两年试验, 组合间产量差异不显著, 但不同基因型间, 带Ht₁组合均比htht组合平

均增产11.8—18.2%，差异达极显著平准，杂合型与HtHt组合间差异不显著(见表7)。

表7 不同组合、不同基因型的产量表现

单位: kg/公顷1983—1984年(公主岭)

基因型	JD102		JD103		平均	(%)	差异显著性	
	1983	1984	1983	1984			0.05	0.01
HtHt	8580	9195	8430	8970	8794	117.0	a	A
Htht	9150	8610	8865	8910	8884	118.2	a	A
htHt	8490	8805	7935	8400	8393	111.8	a	A
htht	8010	8040	6150	7830	7508	100.0	b	B

不同基因型的植株高度、株形及生育期等主要性状均无明显差异, 但带Ht₁基因的组合, 生育后期保绿度较好, 因此一穗粒重和百粒重均较htht组合高, 平均一穗粒重增加22.8—29.1%, 百粒重提高18.8—29.8%(见表8), htht组合因高感大斑病, 叶片过早枯死, 甚至诱发茎腐病, 造成倒折和早衰, 导致htht组合产量的降低。

表8 不同组合、不同基因型间穗粒重和百粒重比较 (1983 公主岭)

基因型	一穗粒重(克)				百粒重(克)			
	JD102	JD103	平均	(%)	JD102	JD103	平均	(%)
htht	167.7	134.2	151.0	100.0	28.9	22.1	25.5	100.0
htHt	187.7	183.2	185.5	122.8	33.0	30.5	31.8	124.7
Htht	193.2	187.2	190.2	126.0	31.2	29.3	30.3	118.8
HtHt	202.2	187.7	195.0	129.1	34.4	31.7	33.1	129.8

小结与讨论

(一) Ht₁不同基因型之间, 病斑数差异不显著, 说明Ht₁基因不能阻止大斑病菌的侵染。但HtHt组合的病斑面积比htht组合减小75%, 杂合型亦可降低病斑面积达57—60%, 正反交组合间差异不显著。说明Ht₁基因能抑制病菌的发育, 有效地控制病斑大小, 而以HtHt纯合型的效应最佳。

HtHt组合的每平方毫米产孢量为69.2个, 比htht组合降低69%左右, 杂合型亦可减少47%左右。HtHt组合的总产孢量降低92.5%, 杂合型亦可下降77%左右, 说明Ht₁基因能抑制田间产孢量, 减少孢子再侵染和扩大流行的可能。

(二) 不同水平抗性的自交系与Ht₁基因杂交后, 其后代表现不同的抗病性。高抗自交系吉63转入Ht₁基因后, 表现发病晚, 病斑少而小。尤其发病较轻的年份, 在回交后代不易发生病斑, 给鉴定和选择带来较大困难。大部份高抗自交系具备抗御多种大斑病生理小种的能力, 如转入Ht₁基因, 一种可能是对提高抗病性无明显补益。另一种可能性, 常因非轮回亲本选择不当, 或回交过程中稍有失误, 都会导致原有抗病性的降低。对高感自交系吉41、公70等转入Ht₁基因后, 所获同型系₁经测定其产孢量虽大幅度下降, 但病斑数目多, 病级依然很高, 生产者不易接受利用。因此在选择轮回亲本时, 以中等抗性自交系的转育效果为最好。

(三) 在利用Ht₁单基因提高自交系和杂交种的抗大斑病性时, 可选择一些具备较多优良育种目标性状、又携带Ht₁基因的抗源自交系作为优良选系素材亲本之一, 同被改良亲本系组成F₂群体, 或适度回交1—2次, 再选育成新的Ht₁基因二环系。这比单纯回

交转育等位基因同型系的育种周期短,经济效益高。但在回交和选育早代,育种群体不宜过小,以提高Ht₁基因与其他优良农艺性状重组单株的入选成功机率。

参 考 文 献

- (1) 吴纪昌等:玉米大斑病菌生理小种研究初报,《植物病理学报》,1983,13(2):15—20。
- (2) 方中达:《植病研究方法》,农业出版社,1979。
- (3) 李建生、刘纪麟:玉米大斑病单基因抗性与多基因抗性互作效应研究,《作物学报》,1984,10(3):155—162。
- (4) Hooker, A.L., Smiljakovic, H., 玉米抗病育种,《国外农业科技》(许言凤译)1980,(4):1—5。

A STUDY ON EFFECT OF BACKCROSS AND APPLICATIONS FOR THE GENE Ht_{1A} OF CORN LEAF BLIGHT

Feng Fenfen, Liu Yingchun, Xu Mingxue

(Maize Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling)

ABSTRACT

The corn (*Zea mays*, L.) isoinbreds with gene Ht₁ were obtained from backcross method in which corn inbreds with different resistance to the corn leaf blight and those with the gene Ht_{1A} were used as recurrent parents and the resistant resource, respectively. Application of the monogenic resistance in corn production was analyzed on the basis of the lesion numbers, the lesion size and the spore numbers. It was shown that the lesion numbers of the mid-susceptible corn inbreds with the transformed Ht_{1A} was not reduced but the lesion size and the spore numbers was significantly decreased. It was suggested that the monogenic resistance was useful to control spore numbers and to delay the disease prevalence in corn production.