

文章编号: 1005-0906(2006)01-0161-04

玉米纹枯病研究进展及分子标记辅助选择策略

赵茂俊, 张志明, 李晚忱, 潘光堂

(四川农业大学玉米研究所, 四川 雅安 625014)

摘要: 玉米纹枯病已成为我国玉米生产上的一种严重病害,且有逐年加重的趋势。系统地介绍了玉米纹枯病的症状、病原菌、致病机理、发病规律和防治措施以及玉米纹枯病抗性遗传等方面的研究进展,并从实际出发,提出了抗玉米纹枯病育种的分子标记辅助选择策略。

关键词: 玉米;纹枯病;发生及防治;分子标记辅助选择

中图分类号: S435.131

文献标识码: A

Advance on Research of Banded leaf and Sheath Blight in Maize and Strategy for Marker-assisted Selection(MAS)

ZHAO Mao-jun, ZHANG Zhi-ming, PAN Guang-tang

(Maize Research institute, Sichuan Agricultural University, Sichuan Ya'an 625014, China)

Abstract: Banded leaf and Sheath Blight(BLSB) of maize had been a serious disease in maize production in China. Advances on research of BLSB of maize were reviewed in this paper, which include the disease symptom, pathogens, nosogenesis, occurrence pattern of BLSB, protection measure and maize resistance inheritance. Marker-assisted Selection(MAS) for BLSB in maize were also proposed on recent research progress.

Key words: Maize; Banded leaf and sheath blight; Occurrence and protection to disease; Marker-assisted selection

玉米纹枯病是我国玉米产区普遍发生的一种病害,最早于1966年仅见吉林省有发生的记载^[1]。70年代以后,随着玉米种植面积的迅速扩大和高产栽培技术的不断推广,该病发展蔓延较快,病情普遍加重。继吉林省之后,辽宁、湖北、广西、河南、山西、浙江、陕西、河北、四川、山东和江苏等省区均有陆续发生的报道。80年代以来,该病在一些地区危害日趋严重,据辽宁、河北、四川和浙江等省部分地区调查,玉米纹枯病在春、夏、秋玉米上均有发生,发病率为22.2%~70.81%,个别地块或品种达100%,损失率为5.9%~16.5%。在西南地区,由于温度偏高、湿度偏大,纹枯病已成为玉米生产的第一大病害。

1 玉米纹枯病的症状

玉米纹枯病主要侵害叶鞘,其次是叶片、果穗及苞叶。发病严重时能侵入坚实的茎秆。最初多由近地面的1~2节叶鞘开始发病,随后侵染叶片并向上蔓延。病斑开始为水浸状,椭圆形或不规则形,中央灰褐色,边缘深褐色,常多个病斑扩大汇合成云纹状斑块,包围整个叶鞘,使叶鞘腐败,并引起叶枯。果穗受害,苞叶上同样产生褐色云纹状病斑,内部子粒、穗轴均变褐色腐烂。茎秆被害病斑褐色,形状不规则,后期露出纤维素。环境潮湿时,病斑上可见白色菌丝体,病部组织内或叶鞘与茎秆间常产生褐色颗粒状菌核。成熟的菌核极易脱离寄主,遗落田间。

2 病原菌

多数研究者认为,玉米纹枯病的病原菌常见的有立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani*)、禾谷丝核菌(*R. cerealis*)和玉蜀黍丝核菌(*R. zeae*)3个种^[2~5],其中玉蜀黍丝核菌常危害果穗导致穗腐,禾谷丝核菌主要侵

收稿日期: 2005-05-03

基金项目: 亚洲生物技术协作网、国家科技公关计划(2004BA525B04)、四川省教育厅青年基金项目(2002A001)资助

作者简介: 赵茂俊(1963-),女,四川绵阳人,副教授,博士,从事玉米分子遗传研究。Tel:0835-8291936 0836-2231598

E-mail: zmjun01@sohu.com

潘光堂为本文通讯作者。Tel:0835-2882714

E-mail: pangt@sicau.edu.cn

害小麦,而玉米纹枯病的病原菌主要是立枯丝核菌。

玉米纹枯病的病原菌根据菌丝融合情况可分为不同的融合群。据高卫东^[6]报道,从华北地区玉米上分离获得 77 个菌株,经鉴定分属 *Rhizoctonia solani* 中的 AG-1-IA、AG-1-IB、AG-3、AG-5 等多核菌丝融合群和 *R. cerealis* 中的 CAG-3、CAG-6、CAG-8、CAG-9、CAG-10 等双核菌丝融合群。以 AG-1-IA 群为优势菌群,CAG-10 对玉米致病性也较强。据肖炎农^[6]报道,湖北省的玉米纹枯病为 AG-1-IA、AG-4、AG-5、AGB (0)、AGE 和 WAG-Z 6 个融合群,其中 AGB(0)是国内首次在玉米上分离得到,且致病性强。据陈厚德等^[7]发现江苏省有 AG1-IA 和 AG-1-IC。谭方河^[8]对西南地区广泛分布的 AG-4 和 AG-1-IA 进行接种实验,发现 AG-4 对玉米幼苗的致病力大于 AG-1-IA,而 AG-1-IA 对玉米成株的致病力大于 AG-4。据李华荣等^[9]报道,四川省除了 AG1-IA 外,WAG-Z(*R. zeae*)也有较大比例,且有较强致病性。总的说来 AG-1-IA 是我国玉米纹枯病的主要病原,而其他融合群的丝核菌也应引起重视。

玉米纹枯病菌寄生范围较广,在自然情况下可侵害 15 科 200 多种植物,包括玉米、高粱、麦类、水稻等主要粮食作物。菌丝幼嫩时无色,较细,直径 4.35 ~ 10.05 μm ,分隔距离较长,主枝 30.45 ~ 282.75 μm ,第 1 分枝 30.45 ~ 181.25 μm 。分枝呈直角、近直角或锐角,分枝处大多有缢缩现象,距分枝不远处有隔膜。随菌龄和分枝增加,新分枝细胞渐变粗短,达一定程度后可纠结成菌核。菌核初为白色,后变为不同程度褐色,上凹、底凹或平,球形或椭圆形,表面粗糙,单个生或多个结成不规则形,直径 1 ~ 15 mm,表面有许多微孔。菌丝生长温度最低为 7 ~ 10 $^{\circ}\text{C}$,最适为 26 ~ 30 $^{\circ}\text{C}$,最高为 38 ~ 39 $^{\circ}\text{C}$;菌核形成温度最低为 11 ~ 14 $^{\circ}\text{C}$,最适为 22 $^{\circ}\text{C}$,最高为 34 ~ 37 $^{\circ}\text{C}$,属高温型菌;菌核形成速度,最低为 14 $^{\circ}\text{C}$ 时 11 d;最高为 30 $^{\circ}\text{C}$ 时 2 d。

3 纹枯病病菌致病机理及侵染途径

3.1 致病机理

立枯丝核菌病害的组织病理学研究虽然早已受到国内外植病工作者的重视,但仅限于有限的寄主及菌株。这方面的研究在我国起步较晚,有关报道不多,而且侵染过程中的许多问题尚未完全弄清。陈捷等^[10]认为,纹枯病菌可以产生一系列细胞壁降解酶,其中以 PG(多聚半乳糖醛酸酶)、PMG(聚甲基半乳糖醛酸酶)和 C $\times$ (β -1,4-内切葡聚糖酶)为主要细胞壁降解酶,其活性受温度、pH、反应时间和底物浓度等

因素影响。而病菌毒素对玉米的作用具有部位选择性。研究表明,毒素对玉米种子萌发没有明显的抑制作用,但对叶片、叶鞘危害较为明显,这也说明纹枯病属于成株期侵染叶鞘叶片的病害。研究还表明,在某种程度上反映病菌单一的毒素和酶在病菌侵染中不起决定作用,这两种因子的复合作用或包括菌丝机械压力在内的其他因子的共同作用决定病害的发生,究竟以哪种因子为主以及各种因子如何协调作用还有待进一步研究,已有的结果表明玉米纹枯病菌细胞壁降解酶的作用似乎要比毒素大些。

有关玉米抗纹枯病生理生化方面的研究表明,植物生理生化状况,即碳水化合物和氮素化合物种类和数量的变化影响寄主植物的抗病性。郑达^[11]认为,蔗糖、可溶性糖含量增高,抗病性降低;反之,玉米的抗病性增高。唐丽^[12]认为,可溶性蛋白和游离氨基酸含量与叶鞘相对病斑面积呈显著正相关。这一结果也可以从生理生化角度解释了过多施用氮肥会加重玉米纹枯病的发生这一现象。

3.2 侵染途径

陈捷等^[13]在研究玉米纹枯病病菌侵染过程中发现,病菌可通过表皮、气孔和自然孔口 3 种途径侵入寄主,其中以表皮直接侵入为主。病菌的侵入有两种形式:一种是以菌丝端部侵入;另一种是先形成侵染垫,然后通过侵染垫侵入,侵染垫是病菌主要侵入结构。侵入时间为接种后的 12 ~ 24 h。

4 发病规律及防治措施

4.1 侵染循环

玉米纹枯病以遗留在土壤中和病残株上的菌丝、菌核越冬。病株上的菌丝经越冬后仍能存活,为其初侵染源和再侵染源的来源之一。通过病株上存活的菌丝接触寄主茎基部表面而发病。发病后,菌丝又从病斑处伸出,很快向上、向左右邻株蔓延,形成第 2 次和多次病斑。病株上的菌核落在土壤中,成为第 2 次侵染源。形成病斑后,病菌气生菌丝伸长,向上部叶鞘发展,病菌常透过叶鞘而危害茎秆,形成下陷的黑色斑块。湿度大时,病斑长出很多白霉状菌丝和担孢子,担孢子借风力传播而造成再次侵染。也可以侵害与病部接触的其他植株。

4.2 发育阶段与感病差异

玉米纹枯病的发生发展受玉米生育期的影响,张春山等^[14]认为,玉米从拔节期至灌浆期均可发病,但以抽穗扬花期危害最重,侵染蔓延最快,灌浆后期危害逐渐减轻。杨世文等^[15]报道,玉米苗期很少发病,喇叭口期至抽雄期才开始发病,抽雄期开始扩

展蔓延,扬花至成熟期发展速度逐渐增快,灌浆至成熟期病情垂直发展最快,是危害的关键时期。

4.3 流行条件

纹枯病是靠攀缘蔓延而短距离传染的病害。因此,病害的流行与否,主要看菌丝的感染力及其相应的适宜条件。菌丝的致病力受营养、病斑型、菌丝年龄以及各种生态条件影响有很大差异。一般营养丰富,尤其是氮肥充足时菌丝和菌核生长好而且速度快,致病力强。病斑类型不同,所产生的菌丝致病力亦有差异。生育期病斑产生菌丝快、多、致病力强,老化病斑很少产生菌丝,即使产生少量菌丝,致病力也不强。此外,纹枯病的流行还与气候、品种、种植密度、肥水条件和地势等因素有关,其中气候因素对纹枯病的发展有重要影响。玉米纹枯病发生的最低温度为 13~15℃,最适温度为 20~26℃,最高温度为 29~30℃。病害发生期内,多雨高湿,病情发展快,少雨低湿则明显抑制病害发展。

4.4 防治措施

玉米纹枯病为多寄主的土传病害,又是随丰产栽培技术不断提高而日趋严重的病害。目前防治此病的途径大多采取减少越冬菌源、选用抗病品种、加强栽培管理、辅以喷药保护的综合防治措施。

4.4.1 清除病原菌丝和菌核

遗落田间越冬的菌核是该病发生的重要初侵染来源,因此,倒茬轮作是经济有效的防病措施。因病菌寄主范围较广,为了提高轮作防病效果,应尽量注意避免与高粱、谷子、水稻、麦类等作物轮作。此外,还应注意及时剥去基部感病叶鞘和叶片,以切断病害发生的“桥梁”,防止病害继续扩大蔓延;铲除田边杂草,清除遗留田间的病残体,并进行深翻土地,将带有菌核和病残株的表土层翻压在下面,消灭越冬菌源,以减少次年初侵染源。

4.4.2 栽培防治

栽培防治是在高产的前提下,利用耕作栽培措施以控制纹枯病的发生和发展,此举既有利于生态环境的平衡,也有利于寄主作物的生长发育。通常采用的方法有:

(1)选择优良抗病的杂交种。品种间的抗性有很大的差异,选用抗病品种是防治该病最经济有效的措施,应选用抗病或耐病的品种或杂交种。

(2)选择播期。尽可能避免病害的发生高峰期与雨季相遇。大量实践证明,播期越早,纹枯病发病越早,严重度越高,产量损失越大。

(3)施肥。注意均衡施肥,防止后期脱肥,避免偏施氮肥,适量增施钾肥。

(4)排水及合理密植。注意及时开沟排水,合理密植,降低田间湿度,以减轻发病程度。

4.4.3 药物防治

使用化学药剂重点防治玉米基部,保护叶鞘,早期防治效果好。现阶段在农业生产上普遍应用的农药有井冈霉素、硫菌灵(托布津)、退菌特、核净、多菌灵、代森锌等,而以井冈霉素的防治效果为最好。

5 玉米纹枯病的抗性遗传研究

5.1 抗病资源的筛选

不同玉米品系、品种间对纹枯病的抗性差异较明显。王朝海等^[16]通过田间调查和人工接种,鉴定了 627 份品种资源和生产上主推品种 16 个,其中抗病品种资源 198 份,占总鉴定数的 31.6%;抗病品种 5 个,占总鉴定数的 31.3%。张敏等^[17]在人工接种条件下,对 65 个不同来源和遗传类型的玉米材料进行了抗纹枯病鉴定,未发现免疫和高抗的材料,抗和中抗的材料也很少,分别占 3.1%和 13.9%。杨爱国等^[18]连续两年对从全国范围内收集到的 45 个玉米自交系进行田间抗病性鉴定,结果没有发现对纹枯病表现免疫的自交系,高抗材料所占鉴定总数的 2.2%,中抗占 17.8%,中感占 55.6%,高感占 24.4%。其中 Mo17、黄早四和 478 等我国玉米生产上应用较多的优良自交系,经鉴定其对玉米纹枯病的抗性表现为中感到高感。说明在玉米纹枯病逐渐成为影响玉米生产的主要因子时,抗(耐)纹枯病的玉米材料却十分缺乏,选育抗病品种工作亟待加强。

5.2 抗性 QTL 定位

近年来,玉米上许多抗病基因已被定位,如玉米大斑病、灰斑病、赤霉病、炭疽病和条斑病等,但对于抗玉米纹枯病基因的定位,国内外尚未见公开报道。关于这方面的研究,本课题组正在进行之中。目前我们已经构建了包含 146 个标记的 SSR 遗传连锁图谱,并通过四川省的雅安和重庆一年两点的抗病性考察,进行了抗玉米纹枯病 QTL 的初步定位(文章待发表),接下来,我们还将进一步加大连锁图谱的饱和度以及进行多年多点的田间抗病性考察,为下一步的精细定位和标记辅助选择奠定基础。

6 玉米抗纹枯病的分子标记辅助选择(MAS)策略

基因定位的应用之一就是进行分子标记辅助选择,提高育种效率,为大规模培育优良品系或品种创造条件。对于抗病育种,直接选择需要创造特殊环境(如人工接种)进行筛选鉴定,不仅育种时间

长,而且受许多条件限制。借助与抗病基因紧密连锁的分子标记,不但可以克服人工接种的局限,而且还可以在杂种早代进行准确选择,清除连锁累赘,缩短育种年限,大大提高选择效率。

然而十多年来关于分子标记的研究仍基本停留在标记鉴定、定位和作图等基础环节上,在育种中的应用还显得很不够,其原因之一是定位工作与育种过程脱节,许多研究人员为了成功地筛选效应值大的 QTL,总是首先选择目标性状差异大的亲本建立作图群体,一旦筛选到 QTL 后,再与商业品种回交进行标记辅助选择。这一过程不但增加了品种培育的时间,而且在不同的遗传背景下,由于上位性的作用或者与 QTL 相连锁的标记在不同亲本间多态性的消失,导致选择效率降低或 MAS 无法进行^[9]。因此,我们在今后抗纹枯病研究中应重视分子标记与辅助选择相结合,选择亲本时尽量使用与育种直接有关的材料,所构建的群体应尽可能做到既是遗传研究群体,又是育种群体,从而缩短基因定位研究与育种应用的距离^[20]。

在分子标记辅助选择中遇到的另一个问题是由于存在基因型 × 环境互作,导致在不同环境下检测到的 QTL 存在差异。在实际的分子标记辅助选择中,那些在不同环境下表现一致的基因型是我们特别需要的基因型。因此,在纹枯病的抗性遗传研究中需进行多年多点的试验,以找出在不同环境和条件下都存在的主效 QTL,进而通过分子标记辅助选择等方法进行基因转育和基因聚合,再辅之以农艺性状的改良,就可望培育出抗病性较好,综合农艺性状又优良的目标品种。

从当前对 QTL 的研究状况看,由于 QTL 定位的位置、效应随材料和试验时间、地点差异较大,不同群体间可比性较差,在利用上可靠性较低,因此对数量性状标记辅助选择的研究主要局限在理论上,育种应用中仅有少量报道。随着 QTL 精细定位的开展,在搞清 QTL 的位置、效应、作用方式后,数量性状的分子标记辅助育种的应用前景是光明的。

参考文献:

- [1] 戚佩坤. 吉林省栽培植物真菌病害志[M]. 北京:科学出版社, 1966. 33.
- [2] 唐海涛,等. 玉米纹枯病研究进展[J]. 玉米科学, 2004, 12(1): 93-96.
- [3] 高立起,等. 玉米纹枯病对种子产量及质量性状的影响[J]. 作物杂志, 2004, (4): 17-19.
- [4] 高卫东. 华北区玉米、高粱、谷子纹枯病病原学初步研究[J]. 植物病理学报, 1987, 17(4): 247-251.
- [5] 吴大椿,等. 玉米纹枯病病原及生物学特性研究[J]. 湖北农学院学报, 1997, (3): 15-19.
- [6] 肖炎农,等. 湖北省玉米纹枯病病原丝核菌的种类和致病性[J]. 菌物系统, 2002, 21(3): 419-424.
- [7] 陈厚德,等. 江苏玉米纹枯病菌融合群及致病力[J]. 植物病理学报, 1996, 26(2): 138-141.
- [8] 谭方河,等. 西南地区立枯丝核菌优势融合群致病性的初步研究[J]. 四川农业大学学报, 1991, 9(1): 149-155.
- [9] 李华荣,等. 玉蜀黍丝核菌的鉴定特征[J]. 菌物系统, 1997, 16(2): 134-138.
- [10] 陈捷,唐朝荣,邹庆道,等. 玉米纹枯病致病因子的研究[J]. 沈阳农业大学学报, 1999, 30(3): 189-194.
- [11] 郑达. 玉米纹枯病菌致病性及玉米阶段性生理生化因素研究[D]. 雅安:四川农业大学硕士论文, 1999.
- [12] 唐丽. 玉米纹枯病田间发生动态、阶段抗性的生化因素及种质资源抗性评价的研究[D]. 雅安:四川农业大学硕士论文, 2001.
- [13] 陈捷,等. 玉米纹枯病菌侵染过程研究[J]. 沈阳农业大学学报, 2000, 31(5): 503-506.
- [14] 张春山,等. 玉米纹枯病调查研究[J]. 吉林农业科学, 1992, (3): 37-39.
- [15] 杨世文,等. 玉米纹枯病发生规律及测报技术的探讨[J]. 病虫测报, 1992, 12(4): 3-5.
- [16] 王朝海. 玉米纹枯病发生规律及防治技术[J]. 山地农业生物学报, 2000, 19(5): 349-354.
- [17] 张敏,等. 玉米品种资源对纹枯病的抗性鉴定[A]. 中国植物保护学会第八届全国会员代表大会暨 21 世纪植物保护发展战略学术研讨会[C]. 2001. 705-708.
- [18] 杨爱国,等. 玉米自交系纹枯病抗性鉴定及抗病资源筛选[J]. 植物保护, 2003, 29(1): 25-28.
- [19] 沈新莲,等. 作物分子标记辅助选择育种研究的进展与展望[J]. 高技术通讯, 2003, (2): 105-110.
- [20] 方宣均,等. 作物 DNA 标记辅助育种[M]. 北京:科学出版社, 2001. 126-138.