

章慧敏,宋旭东,周广飞,等. 88 份糯玉米自交系纹枯病抗性鉴定与评价[J]. 江苏农业科学,2022,50(13):47-52.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.13.008

## 88 份糯玉米自交系纹枯病抗性鉴定与评价

章慧敏<sup>1</sup>, 宋旭东<sup>1</sup>, 周广飞<sup>1</sup>, 张振良<sup>1</sup>, 冒宇翔<sup>1</sup>, 陈国清<sup>1,2</sup>, 陆虎华<sup>1</sup>, 石明亮<sup>1</sup>, 黄小兰<sup>1</sup>, 薛林<sup>1,2</sup>, 郝德荣<sup>1</sup>

(1. 江苏沿江地区农业科学研究所,江苏南通 226012; 2. 江苏省现代作物生产协同创新中心,江苏南京 210095)

**摘要:**挖掘抗纹枯病玉米种质有助于抗病品种的选育。采用人工接种方法,在 2 个环境下评价 88 份糯玉米自交系对纹枯病的抗性。结果显示,有 1 份抗性种质,8 份中抗种质,79 份感病及高感种质,无纹枯病免疫和高抗种质。利用玉米 56K 芯片数据,通过聚类分析将 9 份抗及中抗糯玉米种质划分成 4 个类群,2 份属于衡白 522 类群,4 份属于通系 5 类群,另 3 份属于其他 2 个类群。研究明确了 88 份糯玉米自交系对纹枯病的抗性及其抗病种质所属的杂种优势群,可为糯玉米抗病种质的遗传改良及抗病品种的选育提供参考。

**关键词:**糯玉米;玉米纹枯病;育种;抗病种质资源;杂种优势群

**中图分类号:** S435.131.4<sup>+</sup>9 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2022)13-0047-05

纹枯病是世界范围内最严重、最广泛的作物病害之一。近年来,玉米种植密度和氮肥用量的增加,导致田间气候环境条件更加有利于纹枯病的频繁发生<sup>[1-3]</sup>,纹枯病呈逐年加重趋势,已成为制约玉米产量持续增长的主要病害之一<sup>[4]</sup>。该病害每年发病率约为 40%,严重时可达 70%(某些地区或品种可达 100%)<sup>[5-6]</sup>。由玉米纹枯病引起的产量损失为 10%~20%,严重时可达 35%<sup>[7]</sup>。随着全球气候变暖,玉米纹枯病造成的损失趋于恶化,选育和推广抗纹枯病品种迫在眉睫。

国内外研究表明,迄今为止尚未发现对玉米纹枯病免疫的自交系,中高抗种质材料较少,主要为 R15、R09、CML163、CML270、CML429、PA31 等自交系和糯玉米农家种。其中,大部分被鉴定的糯玉米农家种对纹枯病表现出较好的抗性<sup>[8-17]</sup>。本研究收集 88 份糯玉米自交系,为探明这些材料对纹枯病的抗性,采用人工接种的方法,对该群体进行抗性鉴定与评价,筛选出抗性较好的自交系。同时利用

芯片技术对抗性材料进行基因分型和遗传结构分析,划分其杂种优势群,以期对抗纹枯病玉米育种提供重要信息。

### 1 材料与方法

#### 1.1 试验材料与田间试验

试验材料是江苏沿江地区农业科学研究所(江苏省玉米种质资源基因库)保存、收集和创制的 88 份糯玉米自交系。试验所用菌种是从江苏省玉米纹枯病典型病株上采集得到的菌核分离纯化后获得。

所有供试材料采用随机区组排列,单行区种植,2 次重复,单行区面积为 3.0 m×0.7 m,每份材料种植 1 行(定植 12 株),设感病对照掖 478 和中抗对照昌 7-2。于 2020 年、2021 年 6 月进行重复鉴定。试验地设在江苏省沿江地区农业科学研究所玉米病虫害鉴定圃内。

#### 1.2 抗性鉴定与数据分析

利用江苏省典型玉米纹枯病的菌核,在室内无菌条件下进行分离纯化得到病原菌,灭菌后于培养基上进行扩大培养,随后将活化的菌株接种到灭菌木皮上,加入适量培养液,在 28℃ 条件下培养 3 d 获得田间接种用病原菌物。于玉米拔节期将带菌火柴接入玉米植株地上第 3 个叶鞘内,每个材料接种 8 株。接种后 5、10 d 分别调查病斑长度,并在接种 25 d 后进行田间病级调查,计算病情指数<sup>[18]</sup>,根据病情指数评价其抗性类型(表 1)。数据分析采用 R 4.0.5(<https://www.r-project.org/>)完成。

收稿日期:2021-09-14

基金项目:南通市科技项目(编号:JC2020102);江苏沿江地区农科所青年科技基金[编号:YJ(2020)001];江苏省农业科技自主创新资金[编号:CX(20)1002];江苏现代农业产业技术体系建设专项资金[编号:JATS(2021)146];江苏省重点研发项目(编号:BE2018325);江苏省种业振兴揭榜挂帅项目[编号:JBGS(2021)054]。

作者简介:章慧敏(1993—),女,安徽铜陵人,硕士,研究实习员,研究方向为玉米遗传育种。E-mail:hmzhang2020@qq.com。

通信作者:郝德荣,博士,研究员,研究方向为玉米遗传育种。E-mail:deronghao@jaas.ac.cn。

表 1 玉米纹枯病病情指数及抗性评价标准

病级	抗性类型	病情指数	症状描述
0	免疫(IM)	0	全株无症状
1	高抗(HR)	0.1~20.0	果穗下第4叶鞘及以下叶鞘发病
3	抗(R)	20.1~40.0	果穗下第3叶鞘及以下叶鞘发病
5	中抗(MR)	40.1~60.0	果穗下第2叶鞘及以下叶鞘发病
7	感(S)	60.1~80.0	果穗下第1叶鞘及以下叶鞘发病
9	高感(HS)	80.1~100.0	果穗及以上叶鞘发病

病情指数 =  $\sum(\text{病级} \times \text{该病级株数}) / (\text{调查总株数} \times \text{最高病级}) \times 100$ 。

1.3 基因分型与数据处理

委托中玉金标记(北京)生物技术股份有限公司采用 Axiom® Maize56K SNP 芯片对供试自交系进行基因型分析。根据 Affymetrix (Thermo Fisher) 的筛选标准,获得 32 854 个高质量单核苷酸多态性(SNP)标记用于群体结构分析。利用 PowerMarker 3.25 软件<sup>[19]</sup> 估算 Nei's 遗传距离,选择邻接(Neighbour-Joining,简称 NJ)法进行聚类分析,结合 MEGA 7 绘制亲缘关系树状图,划分杂种优势群。

2 结果与分析

对 88 份糯玉米自交系 2 年的病情指数(DI)、接种后 5 d 病斑长度(5DAI)和接种后 10 d 病斑长度(10DAI)进行调查分析,发现供试自交系抗感表型变异丰富。2020 年与 2021 年的病情指数平均值分别为 88.83、84.82,变异范围分别为 40.74~100、

37.04~100;接种后 5 d 的病斑长度平均值为 15.57、13.77cm,变异范围为 7.67~28.00 cm 和 4.60~24.83 cm;接种后 10 d 的病斑长度平均值为 33.41、41.23 cm,变异范围为 21.33~53.00 cm 和 22.50~54.33 cm。接种后 5 d 的病斑长度变异系数相比于其他 2 个表型的变异较高,其 2 年的变异系数分别为 25.89%、26.01%(表 2)。

2.1 88 份糯玉米自交系对纹枯病的抗性

经过 2 年纹枯病病菌人工接种鉴定发现,供试自交系中没有对纹枯病免疫或高抗的种质,仅发现 9 份抗(R)和中抗(MR)纹枯病的糯玉米种质材料,占全部种质资源的 10.23%,其中以 W.58 抗性最好,该自交系 2 年度的平均病情指数分别为 40.74、37.04,是所鉴定自交系中唯一的抗性材料(表 3)。以 W.144 等为代表的 8 份中抗材料占总数的 9.10%,病情指数在 46.67~59.26 之间。感病(S)及高感(HS)自交系 79 份,占比为 89.77%。以上结果表明,筛选鉴定得到的抗性材料较少。

表 2 88 份自交系抗性表型鉴定描述性分析

年份	指标	最小值 (cm)	最大值 (cm)	平均值 (cm)	标准差 (cm)	变异系数 (%)
2020	5DAI	7.67	28.00	15.57	4.03	25.89
2021	5DAI	4.60	24.83	13.77	3.58	26.01
2020	10DAI	21.33	53.00	33.41	5.91	17.69
2021	10DAI	22.50	54.33	41.23	6.16	14.94
2020	DI	40.74	100.00	88.83	14.33	16.13
2021	DI	37.04	100.00	84.82	15.92	18.77

挑选出接种后 5、10 d 病斑长度在前 25% 的自交系,将其与抗及中抗自交系进行集合分析(图 1),发现在所有集合中均包含的仅有 1 个自交系,为 W.144;20-5DAI、20-10DAI、21-5DAI|DI 中共有自交系有 2 个,分别为 W.55、W.58;20-5DAI、21-5DAI、DI 中和 21-10DAI、DI 中共有自交系均只有 1 个,分别为 W.142、W.106;而 W.43、W.54、

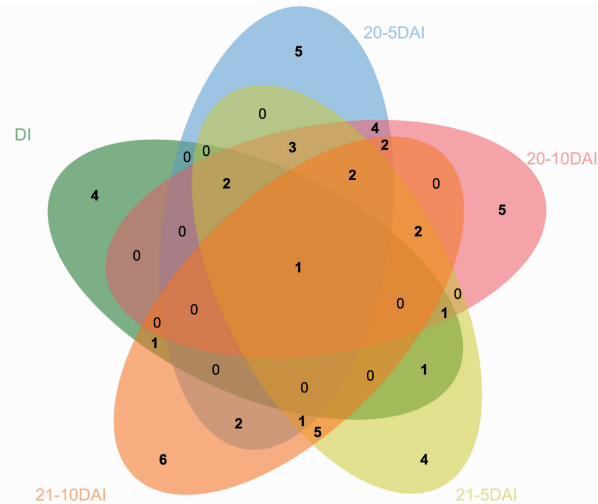
W.183、W.190 未在其他任何一个病斑长度的集合中出现。这表明,抗性种质的抗性表现在各个阶段可能有所差异,有些种质如 W.144 在各个时期均表现为较好的抗性,而其他则可能在前期表现抗性或后期才表现出抗性。

2.2 9 份抗及中抗糯玉米自交系的杂种优势群划分

以衡白 522(W.131)和通系 5(W.191)为对照

表 3 88 份糯玉米自交系病情指数与抗性评价

自交系编号	2020 年 ID	2021 年 ID	抗性评价	自交系编号	2020 年 ID	2021 年 ID	抗性评价
C7-2(抗病对照)	100.00	100.00	高感(HS)	W.90	55.56	61.90	中抗(MR)/感(S)
Ye478(感病对照)	100.00	100.00	高感(HS)	W.96	100.00	94.44	高感(HS)
W.1	92.59	84.13	高感(HS)	W.103	85.19	74.07	高感(HS)/感(S)
W.2	96.30	88.89	高感(HS)	W.104	96.30	100.00	高感(HS)
W.7	92.59	88.89	高感(HS)	W.106	51.85	46.67	中抗(MR)
W.10	96.30	100.00	高感(HS)	W.110	100.00	88.89	高感(HS)
W.11	88.89	86.67	高感(HS)	W.111	96.30	88.89	高感(HS)
W.12	77.78	73.33	感(S)	W.127	81.48	77.78	高感(HS)/感(S)
W.16	92.59	100.00	高感(HS)	W.128	100.00	100.00	高感(HS)
W.17	88.89	100.00	高感(HS)	W.129	100.00	83.33	高感(HS)
W.18	92.59	82.22	高感(HS)	W.131	92.59	100.00	高感(HS)
W.21	88.89	84.13	高感(HS)	W.132	100.00	100.00	高感(HS)
W.22	85.19	68.89	高感(HS)	W.133	100.00	100.00	高感(HS)
W.23	92.59	85.19	高感(HS)	W.134	100.00	91.11	高感(HS)
W.24	77.78	74.07	感(S)	W.135	96.30	82.22	高感(HS)
W.25	92.59	95.56	高感(HS)	W.136	92.59	73.33	高感(HS)/感(S)
W.26	96.30	80.95	高感(HS)	W.137	100.00	91.11	高感(HS)
W.27	96.30	82.22	高感(HS)	W.139	88.89	100.00	高感(HS)
W.31	66.67	60.00	感(S)	W.141	81.48	60.00	高感(HS)/感(S)
W.34	88.89	100.00	高感(HS)	W.142	54.17	55.56	中抗(MR)
W.38	92.59	96.30	高感(HS)	W.144	58.33	55.56	中抗(MR)
W.39	92.59	81.48	高感(HS)	W.146	100.00	100.00	高感(HS)
W.40	100.00	100.00	高感(HS)	W.147	92.59	100.00	高感(HS)
W.43	59.26	55.56	中抗(MR)	W.150	100.00	70.37	高感(HS)/感(S)
W.44	96.30	88.89	高感(HS)	W.151	100.00	94.44	高感(HS)
W.45	88.89	82.22	高感(HS)	W.152	100.00	67.90	高感(HS)/感(S)
W.46	92.59	88.89	高感(HS)	W.153	100.00	100.00	高感(HS)
W.47	100.00	100.00	高感(HS)	W.154	100.00	95.56	高感(HS)
W.48	96.30	100.00	高感(HS)	W.155	100.00	100.00	高感(HS)
W.49	74.07	68.25	感(S)	W.156	100.00	92.59	高感(HS)
W.53	77.78	62.96	感(S)	W.157	96.30	100.00	高感(HS)
W.54	55.56	55.56	中抗(MR)	W.159	92.59	91.11	高感(HS)
W.55	55.56	55.56	中抗(MR)	W.160	100.00	100.00	高感(HS)
W.56	77.78	81.48	高感(HS)/感(S)	W.170	100.00	100.00	高感(HS)
W.57	85.19	100.00	高感(HS)	W.174	100.00	100.00	高感(HS)
W.58	40.74	37.04	抗(R)	W.175	96.30	100.00	高感(HS)
W.59	100.00	91.11	高感(HS)	W.176	100.00	91.11	高感(HS)
W.60	100.00	100.00	高感(HS)	W.178	100.00	100.00	高感(HS)
W.61	81.48	64.44	高感(HS)/感(S)	W.182	88.89	100.00	高感(HS)
W.62	100.00	100.00	高感(HS)	W.183	58.73	55.56	中抗(MR)
W.63	88.89	86.67	高感(HS)	W.185	96.30	82.22	高感(HS)
W.65	85.19	77.78	高感(HS)/感(S)	W.188	96.30	70.37	高感(HS)/感(S)
W.77	96.30	100.00	高感(HS)	W.189	92.59	92.59	高感(HS)
W.82	100.00	100.00	高感(HS)	W.190	59.26	55.56	中抗(MR)
W.88	100.00	92.59	高感(HS)	W.191	75.00	77.78	感(S)



DI 表示病情指数；5DAI 表示接种后 5 d 病斑长度；10DAI 表示接种后 10 d 病斑长度；20 代表 2020 年；21 代表 2021 年  
图 1 9 份抗及中抗自交系与病斑长度在前 25% 自交系的韦恩图

自交系,采用玉米 Maize56K SNP 芯片对 9 份抗及中抗自交系进行基因型分析。利用 PowerMarker 3.25 估算 Nei's 遗传距离,选择 NJ 法对 9 份抗及中抗自交系进行聚类分析。结果(图 2)表明,W.55、W.54、W.183 和 W.190 属于通系 5 类群,W.58、W.106 属于衡白 522 类群,W.43、W.142 和 W.144 属于其他另外 2 个类群。其中,W.190 与通系 5 亲缘关系最近,W.58 与衡白 522 亲缘关系最近。

### 2.3 病情指数与部分农艺性状及病斑长度相关性分析

对 88 份糯玉米自交系的 3 种农艺性状、接种后

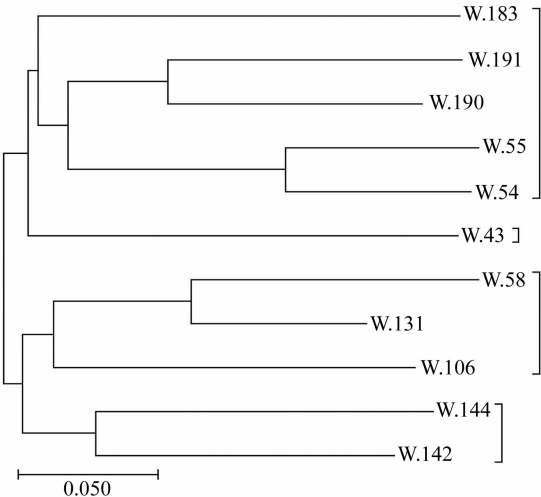


图 2 基于 SNP 标记的 11 份抗性自交系 NJ 法聚类图

5、10 d 的病斑长度与病情指数进行相关性分析。结果(图 3)表明,玉米纹枯病的病情指数与株高(PH)、穗位高(EH)、穗下节数(X1)呈极显著负相关( $P < 0.01$  或  $P < 0.001$ ),与穗下节间长度(X2)为负相关,与接种后 5 d 的病斑长度、接种后 10 d 的病斑长度无相关性。这表明,植株的抗性受株高、穗位高、穗下节数影响较大,植株越高、穗位越高、穗下节间数越多、穗下平均节间距越大,其病情指数越低,抗性越好。相关性分析结果也表明,接种后 5 d 的病斑长度仅与接种后 10 d 的病斑长度呈极显著正相关( $P < 0.001$ ),而与其他性状均无显著相关性,说明接种后 5 d 的病斑长度表型受其他性状

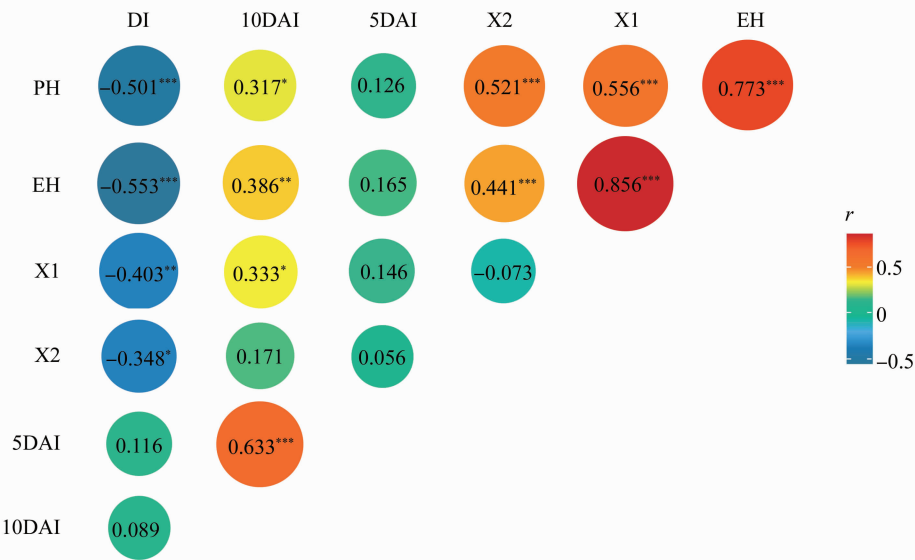


图 3 玉米纹枯病病情指数与主要农艺性状和病斑长度的相关性

的影响较小。

### 3 讨论

玉米纹枯病是由立枯丝核菌引起的真菌性病害,在我国各玉米主产区普遍发生,是南方玉米区的重要病害之一<sup>[20]</sup>。目前,筛选抗病种质仍是玉米抗纹枯病育种最为根本且有效的方法。李芦江等经大量鉴定筛选,在普通玉米中挖掘了一些抗性较为稳定的种质材料,但数量较少<sup>[8-9,11-13,16-17]</sup>。程伟东等对糯玉米农家种进行纹枯病病菌接种鉴定,发现糯玉米农家种中有较多抗性较好的种质<sup>[14-15]</sup>。本研究筛选得到的糯玉米抗病种质较少,原因可能在于 2020—2021 年江苏省雨水偏多,温湿度条件十分适宜纹枯病病害发生,致使抗病对照 C7-2 也表现出高感纹枯病。值得关注的是,在此种高压筛选条件下,群体中仍筛选出 9 份抗和中抗种质,说明这些种质抗性较为稳定,值得后续进行深入研究与应用。而抗性种质的抗性表型在各个阶段有所差异,原因可能在于不同材料自身对病害的抗性持久性或强度不同。又或在与病原菌博弈中,不同自交系在不同阶段可能采取的防御策略不同,导致表现出的抗性表型或其他表型在各个阶段不一样。

利用分子标记对种质资源进行遗传多样性分析的目的和意义在于能使研究人员比较准确地了解材料所属的杂种优势群,以免育种家大量盲目测配,提高自交系利用效率。高嵩等利用 SNP 标记对 205 份普通玉米种质进行类群划分,优化杂交组配,选育出吉单 563<sup>[21]</sup>。赵久然等通过 Maize SNP3072 芯片,将 344 份自交系划分为 8 个类群,明确了京科 968 系列品种的杂优模式“X 群×黄改群”的形成<sup>[22]</sup>。本研究基于 SNP 标记将 9 份抗性材料归类于 4 个类群中,为后续抗病种质资源的利用和品种选育工作提供了重要信息,将大大提高抗病育种工作效率。

玉米纹枯病抗性鉴定工作繁琐,费时费工,利用其他关联表型(如株高、穗位高等)作为鉴定标准可能会缩短抗病种质筛选时间。李芦江等发现,玉米的株高和穗位高与植株病情指数呈极显著相关<sup>[8,11,23-24]</sup>,本研究的结果与以上结果相似。然而,玉米株高和穗位过高,并不利于其他性状的遗传改良工作,且株高或穗位高的种质所表现出的抗病性状是否与其带有抗病基因有关还需进一步深入研

究。株高或穗位较高的种质材料表现出抗病可能是由于病原菌侵染速度一样,但到达穗位的距离不同所引起的,并非携带抗病基因。因此,株高、穗位高等性状可以适当考虑,而不宜作为抗纹枯病育种重点关注的表型。通过研究发现,病情指数受农艺性状影响较大,并不适合于做需要精确表型的基因定位。相反接种后 5 d 病斑长度与其他性状相关性较小,受其他因素影响小,能在同一水平下更好地做到表型准确,获得的定位信息也许更准确。

### 参考文献:

- [1] Gautam H R, Bhardwaj M, Kumar R. Climate change and its impact on plant diseases[J]. Current Science, 2013, 105(12): 2013.
- [2] Renfro B L, Ullstrup A J. A comparison of maize diseases in temperate and in tropical environments[J]. PNAS, 1976, 22(4): 491-498.
- [3] Liu B, Ma Z J, Gai X T, et al. Analysis of putative sclerotia maturation-related gene expression in *Rhizoctonia solani* AGI-1A[J]. Archives of Biological Sciences, 2018, 70(4): 647-653.
- [4] Prasanna B M, Pixley K, Warburton M L, et al. Molecular marker-assisted breeding options for maize improvement in Asia[J]. Molecular Breeding, 2010, 26(2): 339-356.
- [5] 赵茂俊, 张志明, 李晚忱, 等. 玉米纹枯病研究进展及分子标记辅助选择策略[J]. 玉米科学, 2006, 14(1): 161-164.
- [6] 徐培植, 何荣蓉, 卿九铃, 等. 玉米纹枯病为害损失及防治指标的研究[J]. 玉米科学, 1995, 3(增刊1): 62-63, 67.
- [7] 严吉明, 郑健, 叶华智, 等. 玉米纹枯病危害与产量损失的关系[J]. 玉米科学, 2008, 16(5): 123-125.
- [8] 李芦江, 陈文生, 张敏, 等. 240 份玉米自交系纹枯病抗性鉴定与评价[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(5): 1113-1119.
- [9] 蒙成, 梁庆平, 蒋益敏, 等. 70 份外引改良玉米种质对广西主要病害抗性鉴定[J]. 西南农业学报, 2019, 32(4): 720-727.
- [10] 崔丽娜. 西南地区玉米纹枯病菌(*Rhizoctonia* spp.)的种群组成及我国玉米种质资源对纹枯病的抗性评价[D]. 雅安: 四川农业大学, 2010: 32-34.
- [11] 黄天述, 叶华智, 王晓鸣, 等. 玉米种质资源对纹枯病的抗性鉴定与评价[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(3): 291-294, 347.
- [12] Yang H, Yang J P, Rong T Z, et al. QTL mapping of resistance to sheath blight in maize (*Zea mays* L.)[J]. Chinese Science Bulletin, 2005, 50(8): 782-787.
- [13] Hooda K S, Khokhar M K, Parmar H, et al. Banded leaf and sheath blight of maize: historical perspectives, current status and future directions[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences, 2017, 87(4): 1041-1052.
- [14] 程伟东, 李石初, 覃兰秋, 等. 广西玉米种质资源对纹枯病的抗性鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(4): 566-571.
- [15] 李石初, 唐照磊, 杜青, 等. 糯玉米种质资源对纹枯病的抗性评价[J]. 广西植保, 2018, 31(2): 1-4.

孟自力,朱伟,朱倩,等. 小麦氮高效品种的筛选及评价[J]. 江苏农业科学,2022,50(13):52-57.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.13.009

# 小麦氮高效品种的筛选及评价

孟自力<sup>1,2</sup>, 朱伟<sup>1</sup>, 朱倩<sup>1</sup>, 倪雪峰<sup>1</sup>, 闫向泉<sup>1</sup>, 王祁<sup>1</sup>

(1. 商丘市农林科学院,河南商丘 476000; 2. 河南农业大学农学院,河南郑州 450000)

**摘要:**为筛选氮高效小麦品种,探究适宜的评价方式,采用大田试验对 14 个小麦品种的不同生育期干物质累积、光合指标及产量进行研究。结果表明,氮处理条件下不同小麦品种间 3 个氮效率指标均存在不同程度的差异。施氮和不施氮条件下,各小麦品种干物质积累的主要时期存在差异;V12、V13 在拔节期至灌浆期,V01、V04、V05 品种在拔节期和灌浆期差异明显,V02、V03、V08 品种在拔节期差异明显,V07、V09 品种在灌浆期差异明显,表明拔节期、灌浆期对小麦品种的干物质形成、氮肥利用效率、产量形成极为关键,可以作为评价氮效率的重要指标;氮高效品种 V01、V04、V05 和 V07 在施氮和不施氮条件下,灌浆期的净光合速率在所有品种中均最高,较高的净光合速率使花后干物质积累量增加,从而实现氮肥利用效率和产量稳定;而氮低效品种 V06、V14 和 V12 的净光合速率在施氮和不施氮的条件下均最低,从而不能够保证后期产量的形成,说明灌浆期净光合速率和胞间 CO<sub>2</sub> 浓度能够客观地反映氮高效品种的特性,从而可以作为评价氮效率的另一个有效指标;根据各品种的小麦产量,筛选出氮高效、高产小麦品种遂选 101、商麦 156、商麦 188,氮效率保持较高水平并稳产的品种有泛麦 803、百农 418、周麦 18;氮低效、低产小麦品种泰禾 882、百农 418、怀川 919、濮麦 053,对氮肥敏感度高、适于高水肥地块的品种有泛麦 7030、枣乡 158、俊达 106、平安 11,可见氮利用效率与产量指标密切相关。

**关键词:**小麦;氮高效;耐低氮;品种;筛选;评价

**中图分类号:** S512.1<sup>+</sup>10.37 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2022)13-0052-06

目前,我国已经成为生产小麦的第一大国,我国耕地面积约占全球 10% 却消耗着全球 27% 的氮

肥,而小麦的氮肥利用率仅为 35% 左右<sup>[1]</sup>。目前研究均认为,由于小麦品种不同,其植株对氮素营养的吸收能力也有很大的差异<sup>[2]</sup>。因此,充分利用植物自身的营养遗传特性,筛选氮效率高、耐低氮能力强的小麦品种是提高氮素利用效率,减少氮素过剩引发的环境问题,节约矿质营养资源的一条有效途径。

植物体内的氮素水平直接或间接影响植物光合作用<sup>[3-5]</sup>。植物氮素水平作为影响植物生长发育

收稿日期:2021-10-04

基金项目:国家重点研发计划(编号:2017YFD0201700);河南省小麦产业技术体系专项(编号:Z2010-01-04)。

作者简介:孟自力(1986—),男,河南商丘人,硕士,副研究员,主要从事小麦育种及栽培技术研究。E-mail:383676450@qq.com。

通信作者:朱伟,硕士,研究员,主要从事小麦育种及栽培技术研究。E-mail:hn-zhwei@163.com。

[16] Lin H J, Tan D F, Zhang Z M, et al. Analysis of digenic epistatic and QTL × environment interactions for resistance to banded leaf and sheath blight in maize (*Zea mays*) [J]. International Journal of Agriculture and Biology, 2008, 10(6): 605-611.

[17] Lin H J, Leng P F, Pan G T, et al. Association analysis of candidate quantitative trait loci for resistance to banded leaf and sheath blight in maize [J]. International Journal of Bioscience, Biochemistry and Bioinformatics, 2013, 5(3): 528-534.

[18] 王晓鸣,石洁,晋齐鸣. 玉米病虫害田间手册:病虫害鉴别与抗性鉴定[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2010: 256.

[19] Liu K J, Muse S V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis [J]. Bioinformatics, 2005, 21(9): 2128-2129.

[20] 黄明波,谭君,杨俊品,等. 玉米纹枯病研究进展[J]. 西南农业学报,2007,20(2): 209-213.

[21] 高嵩,刘宏伟,何欢,等. 利用 SNP 芯片进行玉米遗传多样性和群体遗传结构分析及新品种选育[J]. 玉米科学,2021,29(1): 39-45.

[22] 赵久然,李春辉,宋伟,等. 基于 SNP 芯片揭示中国玉米育种种质的遗传多样性与群体遗传结构[J]. 中国农业科学,2018, 51(4): 626-644.

[23] 高立起,梁秋华,丁贵江. 玉米穗位高度与纹枯病发生关系研究初报[J]. 北京农业科学,2000,18(3): 12-14.

[24] 张敏,唐莉,叶华智,等. 玉米品种资源对纹枯病的抗性鉴定[C]//中国植物保护学会. 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. 成都, 2001: 705-708.