

玉米普通型及南方型銹病抗病族群之評估¹

盧煌勝² 蔡武雄³ 謝光照² 何千里²

摘要：自玉米普通型及南方型銹病抗病族群 C₀ 世代，逢機取得580個自交系統，經普通型及南方型銹病抗病性檢定結果，普通型銹病抗病性平均為54.9%，變異係數為31.4%；南方型銹病抗病性平均為50.0%，變異係數為39.0%。在廣義遺傳率方面，普通型銹病抗病性為80.4%；南方型銹病抗病性為52.2%。普通型銹病抗病性與南方型銹病抗病性間為顯著正相關 ($r=0.3407$)。試驗結果顯示：本族群可藉 S₁ 自交後裔輪迴選種法，針對普通型及南方型銹病之抗病性與 S₁ 系統之產量，同時進行選拔，以逐步集中抗病及高產基因。

關鍵詞：玉米，普通型銹病，南方型銹病，抗性，廣義遺傳率，S₁ 自交後裔輪迴選種，族群改良。

玉米最主要的銹病有三種，分別為 *Puccinia sorghi* Schw. 引起之普通型銹病 (common rust)、*P. polysora* Underw. 引起之南方型銹病 (southern rust) 及 *Physopella zae* (Mains) Cummins and Ramachar. 引起之熱帶型銹病 (tropical rust) ⁽²⁵⁾。本省栽培玉米，迄今發現有普通型及南方型兩種銹病^(12,31,32)。

低溫 (16-23°C) 又高濕 (100%) 最有利於普通型銹病之發育與傳播。玉米對普通型銹病之抗病性，概可分為特殊抗病性 (specific resistance) 及一般抗病性 (generalized resistance) 二種⁽¹⁰⁾。特殊抗病性為一種質的表現 (qualitatively expressed)，在幼苗期及成株均可發現此種抗病性，其特徵係在病原菌感染後，呈現極小之病斑 (minute chlorotic flecks)，此類抗病性受一對基因 (monogene) 控制，對病原菌之一個或少數個生理小種 (physiological races) 獨具效果，因此，某些玉米基因型對部分生理小種獨具抗病性，而另外一些基因型則對其他部分生理小種具抗病性，此種抗病性也稱為垂直抗病性 (vertical resistance)。一般抗病性通常受為數較多之微效基因 (polygene) 所左右，此種抗病性顯現多種病斑型態 (lesions)，同時對大多數之生理小種均具效果，故稱為水平抗病性 (horizontal resistance) 或部分抗病性 (partial resistance)。此二種抗病性之來源，存在於許多玉米自交系或品種中^(2,4,5,8-11,13-20,29,31,32)。Headrick and Pataky⁽⁶⁾ 利用 *P. sorghi* 不同菌株夏孢子 (urediospore isolates) 混合接種於溫室栽培之 5~6 葉齡之玉米植株上，結果發現：普通型銹病在某些部分抗病性成分 (components of partial resistance) 上，在幼苗反應和在田間成株的反應頗為近似。Pataky⁽¹⁷⁾ 認為此結果將使溫室幼苗檢定一般抗病性深具發展潛力。

南方型銹病最易於高溫 (27°C) 高濕之環境下猖獗，*P. polysora* 亦具有許多生理小種，玉米對每一生理小種之抵抗力，分別受單一基因所控制，其作用或為完全顯性 (complete dominance)、部分顯性 (partial dominance)、或無顯性 (no dominance)^(3,23,26,27)。目前已鑑別出 Rpp₁-Rpp₁₁ 等11個基因，其中 Rpp₉ 非常接近 Rp₁^d 基因座 (Rp₁^d 座落於第十對染色體上，主控普通型銹病之

1. 臺灣省農業試驗所 研究報告第 1534 號。

2. 本所農藝系研究員、助理研究員及助理。

3. 本所植病系研究員。臺灣省 台中縣 霧峰鄉。

抗病性)。在育種工作上，西非及東非地區曾藉助這些顯性或不完全顯性之抗病基因，成功地解決了南方型銹病之問題⁽²⁸⁾。

玉米銹病之防治，以栽植抗病品種最為安全、經濟、有效。本省栽培玉米，不論飼料、青割或超甜玉米，面積均正快速擴增中，為防患銹病所造成之嚴重損失，育成抗銹病玉米品種乃是當務之急。目前本省推廣品種台農351號及台農1號飼料玉米對普通型銹病均具抗性，然對南方型銹病則無任何抗病品種可資栽培。農試所於民國73年間引進34個玉米族群，隨即於1,736個 $S_1 \sim S_3$ 系統中檢定南方型抗銹病基因，並將具抗病基因之個體進行逢機交配，形成抗銹病族群，本研究即將此族群作一評估，以瞭解其在玉米抗銹病育種上可能之應用範圍，俾供玉米育種工作者參考。

材料與方法

本研究所使用的材料為抗銹病族群 C_0 逢機取得之580個自交果穗。抗銹病族群係利用具普通型抗病基因之34個族群之1,736個 $S_1 \sim S_3$ 系統，經南方型銹病抗病性檢定結果，在 Maize Pathological Population No. 2,4,6,7,10,11及 Suwan DMR Source 11(S) C_1 等7個族群各得一抗病反應植株，自交得果穗7枚。75年春作，將此7枚果穗之2,135粒種子全數播種，得幼苗1,946株，於生長箱中(28°C)以南方型銹病之病原接種，經24小時後移出生長箱，並移植於田間，作持續30天之發病調查，結果選獲抗病植株101株，遂將之逢機交配三次，並自每穗取等量種子混合，而形成 C_0 世代之抗銹病族群。34個玉米族群 Pioneer Hybrid 6181、Thai. Comp. No.3(S) C_5 (M) C_1 、Maize Pathological Populations No. 1~12、Suwan DMR Source 11(S) C_1 、Suwan DMR Source 12(S) C_1 、KUC C_1 (ME) C_3 (S) C_1 、Suwan-1(S) C_3 、Suwan-2(S) C_6 、Caripeno DMR(S) C_5 、Amarillo Dentado DMR BC $_3$ F $_5$ (S) C_1 等21個族群，係於民國73年春自泰國 Kasessart 大學引進；另外，PR-83A-309、PR-83A-310、PR-83A-312、PR-83B-803、PR-83B-806、PR-83B-807、PR-83B-808、PR-83B-817、TL-83A-1309、TL-83B-1802、TL-83B-1809、TL-83B-1810等12個族群，亦於73年春自墨西哥國際玉米小麥中心(CIMMYT)引進；Population 31 x Suwan 2(S) C_5 (BC $_1$)係由二優良族群經雜交改良而成。

病菌之培養係採用 Yeh⁽³¹⁾ 之改良離葉法 (detached leaf method)，先於消毒過之培養皿 (直徑 9 cm) 內放一層薄棉花，上面再加一層濾紙，然後以蒸餾水加蔗糖 (5%，v/w) 及 Kinetin (20 μ g/ml) 之溶液潤濕備用。感病品種超甜玉米236號栽培於溫室，取其新鮮葉片先以自來水洗去表面塵垢，再用剪刀裁成長度約 7 cm之片段，並以乾淨之濾紙或衛生紙吸去表面多餘之水份後，置於前述準備好之培養皿內，葉片之上表皮向上。從田間採集之病葉，取其新鮮夏孢子以含展著劑 (Tween 80,100 μ g/ml) 之無菌蒸餾水製成孢子懸浮液，其濃度約為 2×10^4 spores/ml，最後再以經過殺菌之軟毛筆沾此孢子懸浮液均勻塗抹在培養皿內之葉片上，在室溫 (24-28°C) 經過 7~10 天後即會有新的夏孢子堆及夏孢子產生，反覆進行以繁殖夏孢子，直至有足量之夏孢子供接種之用為止。

檢定方法，乃以長 10cm 寬 15cm 之塑膠袋裝消毒土後種植供試材料置於溫室，每袋 3 株，當玉米具 3~4 片展開葉時，用上述之接種源 (2×10^4 spores/ml)，以花卉栽培用小型指壓式塑膠噴霧器接種，然後以透明塑膠布覆蓋保濕 24 小時後除去，南方型銹病保持在 24-28°C⁽²²⁾，普通型銹病保持在 20-24°C 經過 6-10 天後調查病斑形態，無肉眼可見之病徵或為退綠色黃斑者為抵抗型 (R)，黑色壞死小點到小形夏孢子堆者為中間型 (M)，夏孢子堆完全發育並產生許多夏孢子者為感病型 (S)^(22,26)。

自 C_0 世代族群逢機 580 個自交果穗，即為 580 個自交系統 (S_1 family)，分別進行南方型與普通型銹病之抗病性檢定。試驗均採 Replication within block 設計，每一區集包括 10 個系統，重複二

次，共計58個區集。每個系統之每重複種植9株，分裝3袋。南方型及普通型銹病之抗病性，係以每系統中抗病植株百分比紀錄之。資料經變方分析，估算變異係數 (coefficient of variation, cv)、平均值 (mean, \bar{x})、頻度分佈 (frequency of distribution)、基因型變方成分 (component of genotypic variance, σ_g^2)、環境變方成分 (component of environmental variance, σ_e^2) 及廣義遺傳率 (broad sense heritability, \hat{h}_b^2)， $\hat{h}_b^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_e^2/r)$ ， r 為重複次數。

結果與討論

本省栽培玉米遭受普通型銹病及南方型銹病侵害造成之減產損失雖未經精確統計，但有關此二型銹病的發生早已受到研究者的注意^(12,31,32)。過去由於種植面積較小，而且種植季節多集中在秋裡作，玉米生長期間氣溫低，適合普通型銹病之猖獗，卻不適合南方型銹病的滋長，因此普通型銹病似乎比南方型銹病更受重視。目前本省全年玉米栽培面積已超過八萬公頃，而且春秋作並重，春作初期及秋作末期之低溫正適合普通型銹病的蔓延，又春作末期及秋作初期之高溫則適合南方型銹病之危害；尤其超甜玉米推廣之後，農民整年均作不定期的栽培，致使普通型及南方型銹病之接種源終年不斷，對本省玉米生產將構成極嚴重的威脅。由於栽培抗病品種是病害防治中最經濟、安全、有效的方法，臺灣省農業試驗所乃致力於抗銹病育種工作之進行。實際育種工作上，普通型及南方型銹病種源之搜集，除了栽培種玉米外，亦可在多年生之大芻草 (*Euchlaena perennis* Hitch.) 及許多年一年之大芻草 (*E. mesicana* Schrad.) 找到抗病基因，並藉雜交加以導入利用。在飼料玉米自交系OH43及C103中之部分抗病性，則常被用來作為甜玉米抗銹病育種之最佳抗源⁽³⁰⁾。本省在抗病種源之篩選方面，Yeh 曾於本省玉米材料發現普通型銹病之抗源^(31,32)；至於南方型銹病之抗源，則未能確定。

近年來，本所積極自國外引種，在34個具普通型抗病基因之玉米族群中，檢定得抗南方型銹病植株，復經逢機交配三次形成抗銹病基礎族群。為了進一步瞭解此一抗銹病族群的特性及其可能利用方式，乃自 C₀ 世代逢機取得580個自交系統，進行南方型及普通型銹病之抗病檢定。試驗結果顯示：普通型銹病之抗病性頻度分佈介於0~10.0%之間的有64個系統，介於10.1~20.0%之間的為24個系統，20.1~30.0%者為33個系統，30.1~40.0%者為36個系統，40.1~50.0%者為86個系統，50.1~60.0%者為45個系統，60.1~70.0%之間者最多，為104系統，70.1~80.0%為96個系統，80.1~90.0%者為56個系統，而90.1~100.0%者最少，僅為19個系統。580個系統之普通型銹病抗病性平均為54.9%，變異係數為31.4% (圖1)。在南方型銹病方面，抗病性之頻度分佈介於0~10.0%者有6個系統，10.1~20.0%者31個系統，20.1~30.0%者為64個系統，30.1~40.0%者為92個系統，40.1~50.0%者為110個系統，50.1~60.0%者為48個系統，60.1~70.0%者為117個系統，70.1~80.0%者為62個系統，80.1~90.0%者為29個系統，90.0~100.0%者僅有7個系統。580個系統之南方型銹病抗病性平均為50.0%，變異係數為39.0% (圖2)。普通型銹病及南方型銹病之抗病性之頻度分佈均似常態，平均值相近，變異則以南方型銹病之抗病性稍大。

經變方分析結果，普通型及南方型銹病之抗病性之重複/區集及系統/區集二項均極顯著(表1)。普通型銹病抗病性之基因型變方成分為583.3；南方型銹病抗病性為214.3。普通型銹病抗病性之環境變方成分為284.1；南方型銹病抗病性為392.9。在廣義遺傳率方面，普通型銹病抗病性為80.4%；南方型銹病抗病性為52.2%。二廣義遺傳率均顯著異於0，而普通型抗病性之廣義遺傳率則顯著大於南方型銹病抗病性之廣義遺傳率(表2)。

有關 *P. sorghi* 引起之普通型銹病之抗病性遺傳，Mains 早在1931年即檢定出一個顯性抗病基因⁽¹⁵⁾，其後多位研究者亦發現此類特殊抗病性多屬一對顯性基因所控制。同時，多數的抗病基因經鑑定結果，均座落在第十對染色體之短臂上，有部分研究者亦在其他染色體上發現此類抗病基因^(10,16,21)。抗病基因，除了上述之顯性基因之外，另有一對不完全顯性基因 (single incompletely

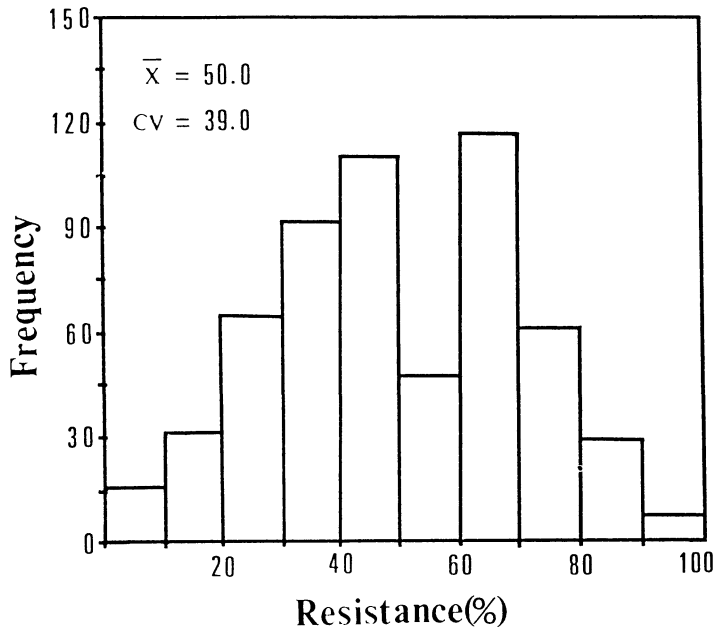


Fig. 1. Distribution of common rust resistance (%) of 580 S₁ families.

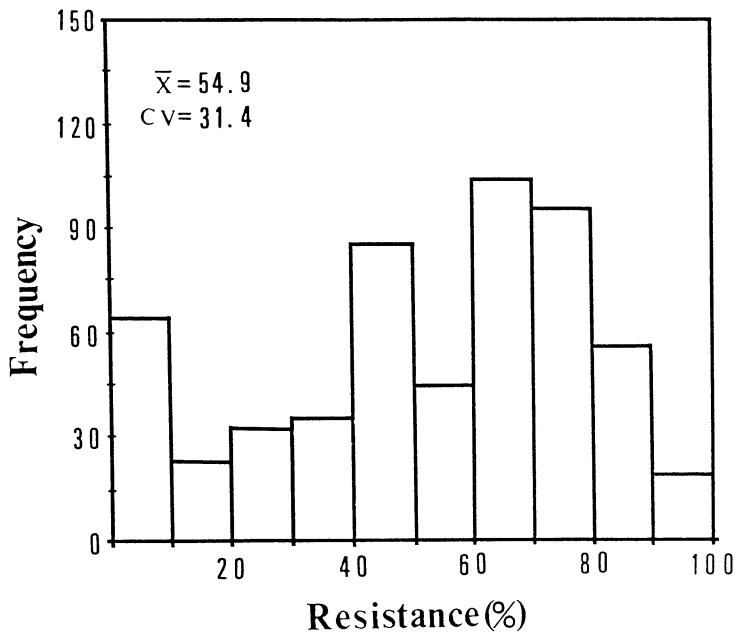


Fig. 2. Distribution of southern rust resistance(%) of 580 S₁ families.

Table 1. Analysis of variance for common and southern rust resistance (%).

Sources of variation	df	Mean squares	
		Common rust	Southern rust
Blocks	57	1886.8	1656.6
Replications/Blocks	58	348.4 **	1667.7 **
Families/Blocks	522	1450.6 **	821.4 **
Pooled error	522	284.1	392.9

** : Significant at 1 % level.

Table 2. Estimates of variance components and broad sense heritability for common and southern rust resistance (%).

Estimates	Common rust	Southern rust
σ_g^2	583.3	214.3
σ_e^2	284.1	392.9
\hat{h}_b^2	80.4 (76.8, 83.5)*	52.2 (43.2, 59.7)

* : Confidence intervals at 95% level for \hat{h}_b^2 estimates are presented in parenthesis.

dominant) ,一對隱性基因 (single recessive) , 雙重隱性基因 (duplicate recessives) 及三重隱性基因 (triplicate recessives) 等都會被發現過^(8,14,16)。一般而言, 幼苗期之抗病性多屬特殊抗病性, 成株抗病性則以微效基因控制之一般抗病性或部分抗病性者居多^(2,4,7,10,13,17)。南方型銹病之抗病性主要亦受一對顯性基因控制, 部分則是不完全顯性^(3,23,26,27)。由於 *P. polysora* 存在許多生理小種, 常使單一抗病基因難達抗病效果。美國玉米帶之經驗顯示, 一般抗病性之應用, 可有效控制玉米之普通型銹病, 而得以避免因此病造成之減產損失⁽¹⁰⁾。Van der Plank⁽³⁰⁾ 亦指出, 在商業化生產上, 農作物利用一般抗病性對絕對寄生菌 (obligate parasite) 引起之病害應屬最為有效。因此, 不管是普通型或南方型銹病, 凡屬於一般抗病性之各種現象, 如田間抗性 (field resistance) 、成株抗病性 (adult plant resistance) 、部分抗性、延遲產孢抗性 (slow rusting resistance) 等之研究均普遍受到重視^(1,8,9,13,24,30)。

許多育種家在從事玉米抗銹病育種之過程中, 均將選拔較高水準之一般抗病性定為首要步驟, 其次再利用回交法導入特殊抗病性基因。如此可較長期維持抗病性之穩定性, 而不使銹病嚴重猖獗。美國玉米帶許多抗銹病玉米品種即依此方式育成^(4,19)。Hooker⁽¹⁰⁾ 曾建議將廣泛之幼苗抗病性單一顯性基因 (如 "Cuzco gene" 等) 及成株抗病性基因, 同時導入目前或未來之雜交種中, 如此才能有效避免普通型銹病對玉米產業之破壞。另外, 根據許多研究者的經驗^(3,14,19,23,24,30), 不論普通型或南方型銹病之抗病性, 顯性及累加性 (additive effect) 遺傳變方同具重要的影響效果, 因此許多型式之輪迴選種法 (recurrent selection) 及相互輪迴選種法 (reciprocal recurrent selection) 均可有效地增進抗病性。

普通型銹病抗病性之廣義遺傳率估值通常介於65.4~89.7%之間⁽¹⁹⁾。本族群普通型銹病抗病性之廣義遺傳率估值亦在此範圍內, 相信自分離族群中進行抗病單株選拔, 效果必然也高。Hooker^(8,9)、Kim and Brewbaker⁽¹³⁾ 在飼料玉米抗普通型銹病育種工作中, 即有類似成功的例子。至於南方型銹病, 抗病性之廣義遺傳率估值並不很高, 顯示其受環境影響較大, 自分離族群中逕行抗病單株選拔, 效果較難掌握。由於普通型銹病及南方型銹病對本省玉米栽培具有同等之威脅性, 育成之新品種兼

具兩種銹病之抗病性，較為理想。本族群中普通型銹病及南方型銹病之抗病性間具有顯著正相關 ($r = 0.3407$)，選拔二種抗病性並不互相衝突。又目前玉米推廣多以雜交種為主，自交系必須具備較高之組合力及合於雜交種子生產之產量潛力，因此，利用 S_1 自交後裔輪迴選種法 (S_1 progeny recurrent selection) 進行族群改良 (population improvement) 應為可行。在實際育種工作中，可於每一循環中，種植約 5,000 株 S_0 玉米植株，於田間自然接種情況下，選拔農藝性狀優良者，令其自交，最後決選 200 株 S_0 植株，並分別收穫其自交果穗成 200 個 S_1 系統。此 200 個 S_1 系統即分別於溫室進行普通型及南方型銹病之抗病性檢定，並於田間進行 S_1 產量比較試驗。根據抗病性檢定及產量試驗成績，選拔 40 個 (20%) 抗病性強且高產之系統，並將其上季留存之 S_1 系統種子進行逢機交配，以生產次一循環選種所需的種子。如此當能逐步集中有利基因，增強抗病能力，同時兼顧自交系之產量潛力。

本研究中所用之接種源，不論普通型或南方型銹病，均採集自田間，再經試驗室培養而得，大致上可視為各生理小種之混合病源。此項接種源之製備方法頗為簡便，育種上，進行大批材料篩選時，可達到一定的效果。但因未經個別生理小種鑑定，接種源中所含生理小種之種類或未完全，同時每一種類所佔之比例亦難一致，此點，在未來接種源的收集方面，或許應從地點的增加，以及每地點採集樣品 (病葉) 量的擴大來加以改善。

參考文獻

1. Bailey, B. A., W. Schuh, R. A. Frederiksen, A. J. Bockholt, and J. D. Smith. 1987. Identification of slow-rusting resistance to *Puccinia polysora* in maize inbreds and single crosses. *Plant Dis.* 71 : 518-521.
2. Davis, D. W., W. Randle, and J. V. Groth. 1988. Some sources of partial resistance to common leaf rust (*Puccinia sorghi*) in maize and strategy for screening. *Maydica* 33 : 1-13.
3. Futrell, M. C., A. L. Hooker, and G. E. Scott. 1975. Resistance in maize to corn rusts, controlled by a single dominant gene. *Crop Sci.* 15 : 597-599.
4. Groth, J. V., D. W. Davis, R. J. Zeyen, and B. D. Mogen. 1983. Ranking of partial resistance to common rust (*Puccinia sorghi* Schw.) in 30 sweet corn (*Zea mays*) hybrids. *Crop Protect.* 2 : 219-223.
5. Hagan, W. L., and A. L. Hooker. 1965. Genetics of reaction to *Puccinia sorghi* in eleven corn inbred lines from central and south America. *Phytopathology* 55 : 193-197.
6. Headrick, J. M., and J. K. Paraky. 1984. Greenhouse evaluations of reactions of sweet corn hybrids to *Puccinia sorghi*. *Phytopathology* 74 : 1269.
7. Headrick, J. M., and J. K. Pataky. 1987. Expression of partial resistance to common rust in sweet corn hybrids at various host growth stages. *Phytopathology* 77 : 454-458.
8. Hooker, A. L. 1962a. Additional sources of resistance to *Puccinia sorghi* in the United States. *Plant Dis. Rptr.* 43 : 14-16.
9. Hooker, A. L. 1962b. Corn leaf diseases. *Proc. 17th Annu. Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, p. 24-36.
10. Hooker, A. L. 1969. Widely based resistance to rust in corn. In : *Disease consequences of intensive and extensive culture of field crops.* Iowa Agr. Home Econ. Expt. Sta. Special Rpt. 64 : 28-34.
11. Hooker, A. L., and P. M. LeRoux. 1957. Sources of protoplasmic resistance to *Puccinia sorghi* in corn. *Phytopathology* 47 : 187-191.
12. Hou, H. S., J. M. Tseng, and M. H. Sun. 1976. Occurrence of corn rusts in Taiwan. *Plant Dis. Repr.* 62 : 183-186.
13. Kim, S. K., and J. L. Brewbaker. 1977. Inheritance of general resistance to maize to *Puccinia sorghi*

Schw. Crop Sci. 17 : 456-461.

14. Kim, S. K., and J. L. Brewbaker. 1978. Inheritance of resistance of sweet corn inbred IL677a to *Puccinia sorghi* Schw. HortScience 22 : 1319-1320.
15. Mains, E. B. 1931. Inheritance of resistance to rust, *Puccinia sorghi*, in maize. J. Agric. Res. 43 : 419-430.
16. Malm, N. R., and A. L. Hooker. 1962. Resistance to rust, *Puccinia sorghi* Schw., conditioned by recessive genes in two corn inbred lines. Crop Sci. 2 : 145-147.
17. Pataky, J. K. 1986. Partial rust resistance in sweet corn hybrid seedlings. Phytopathology 76 : 702-707.
18. Pataky, J. K. 1987. Reaction of sweet corn germplasm to common rust and an evaluation of Rp resistance in Illinois. Plant Dis. 71 : 824-828.
19. Randle, W. M., D. W. Davis, and J. V. Groth. 1984. Improvement and genetic control of partial resistance in sweet corn to corn leaf rust. J. American Society for Horticultural Science 109 : 777-781.
20. Russell, W. A., and A. L. Hooker. 1959. Inheritance of resistance in corn to rust, *Puccinia sorghi* Schw., and genetic relationships among different sources of resistance. Agron. J. 51 : 21-24.
21. Russell, W. A., and A. L. Hooker. 1962. Location of genes determining resistance to *Puccinia sorghi* Schw., in corn inbred lines. Crop Sci. 2 : 477-480.
22. Schieber, E., and J. G. Dickson. 1963. Comparative pathology of three tropical corn rusts. Phytopathology 53 : 517-521.
23. Scott, G. E., S. B. Keng, and J. W. Armour Jr. 1984. Inheritance of resistance to southern corn rust in maize populations. Crop Sci. 24 : 265-267.
24. Scott, G. E., and N. Zummo. 1989. Effect of genes with slow-rusting characteristics on southern corn rust in maize. Plant Dis. 73 : 114-116.
25. Shurteff, M. C. (ed.). 1980. A compendium of corn diseases. American Phytopathological Society 105 pp.
26. Storey, H. H., and A. K. Howland. 1957. Resistance in maize to the tropical American rust fungus, *Puccinia polysora* Underw. I. Genes Rpp₁ and Rpp₂. Heredity 11 : 289-301.
27. Storey, H. H., and A. K. Howland. 1967. Resistance in maize to a third race of *Puccinia polysora*. Ann. Appl. Biol. 60 : 297-303.
28. Storey, H. H., A. K. Howland, J. S. Hemingway, J. D. Jameson, B. S. T. Baldwin, H. C. Thorp, and G. E. Dixon. 1958. East African work on breeding maize resistant to the tropical American rust, *Puccinia polysora*. Empire J. Expt. Agric. 26 : 1-17.
29. Ullstrup, A. J. 1955. Inheritance and linkage of a gene determining resistance in maize to an American race of *Puccinia polysora*. Phytopathology 55 : 425-428.
30. Van der Plank, J. E. 1968. Disease resistance in plants. Academic Press, New York.
31. Yeh, C. C. 1984. Diagnosis of maize rusts and screening for rust resistance. J. Agric. Res. China 33 : 306-315.
32. Yeh, C. C. 1986. Studies on rusts of maize. J. Agric. Res. China 35 : 81-93.

Evaluation of Base Population Resistance to Common and Southern Rust in Maize¹

H. S. Lu², W. H. Tsai³, G. J. Shieh², and C. L. Ho²

Summary

Evaluations of 580 S₁ families of base population of resistance to common rust (*Puccinia sorghi* Schw.) and southern rust (*P. polysora* Underw.) in maize (*Zea mays* L.) were conducted in seedlings in greenhouse experiments. Means and coefficients of variation were 54.9% and 31.4%, respectively, for common rust resistance; and 50.0% and 39.0%, respectively, for southern rust resistance. Heritability estimates were 80.4% and 52.2% for common and southern rust resistance, respectively. Resistance to common rust was significantly correlated with resistance to southern rust ($r=0.3407$). This results indicate that S₁ progeny recurrent selection could be utilized to maximize progress for increasing common and southern rust resistance and yield potential.

Key Words : Maize, Common rust (*Puccinia sorghi* Schw.), Southern rust (*P. polysora* Underw.), Resistance, Broad sense heritability, S₁ progeny recurrent selection, Population improvement.

1. Contribution No. 1534 from Taiwan Agricultural Research Institute.

2. Respectively, senior agronomist, assistant agronomist and research assistant, Department of Agronomy, TARI.

3. Senior plant pathologist, Department of Plant Pathology, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan 41301, ROC.