中華農業研究 (Jour. Agric. Res. China) 48(3): 24～31 (1999)

台南白玉米自交系對亞洲玉米螟抗性之遺傳變異及其遺傳行爲[1]

謝光照[2] 陳炳輝[3] 何千里[2] 盧煌勝[2]

摘要：由八個不同地區蒐集之台南白玉米族群，經自交分離至S_2及S_5世代自交系，經由田間人工接種檢定結果，顯示所分離的自交系間，不論在輪生期或開花期對亞洲玉米螟（*Ostrinia furnacalis*）之抗性具有明顯之遺傳變異存在，在大量自交系統中可獲得輪生期及開花期皆具有抗性之自交系。抗亞洲玉米螟之Hayman遺傳分析，發現台南白玉米帶有之抗性基因，不論輪生期或開花期其抗螟性均受累加性及非累加性基因共同控制，以累加性作用佔較大比例。一般具有較多隱性基因者抗螟性較強，輪生期至少受2群基因所控制，而開花期則至少受3群基因控制其抗性之表現。

關鍵詞：台南白玉米、亞洲玉米螟、抗螟性、遺傳變異。

前　言

目前爲害本省玉米最嚴重之害蟲爲亞洲玉米螟（*Ostrinia furnacalis*）[1,3]。在本省一年內可發生7-8代，其幼蟲在1-2齡時以嚙食玉米輪生葉之葉肉爲主，至玉米抽穗期時則取食雄穗內之花粉，幼蟲發育至第3-4齡開始轉而嚙食玉米葉領及葉鞘，約第5齡時鑽入玉米莖稈內爲害；雌穗抽出後，甚至蛀食果穗部之籽粒及穗軸，嚴重影響玉米產量及品質[8]。

曾[4]及Ostrander and Coors[12]指出玉米幼苗葉部組織較成株具有較高含量的 DIMBOA，且其含量的高低對亞洲玉米螟之抗性有密切關係，同時品系間抗性的強弱與其所含之 DIMBOA 之含量有關，郭[6]測知飼料玉米在輪生期抗亞洲玉米螟之抗性基因，大部分爲累加性基因作用，亦有顯性作用及小部分之母系效應存在。抗螟基因爲部份顯性，抗性較強之自交系，其顯性基因數較多。

本省農民對玉米螟之防治，大部分以農藥爲主，少部分則採用生物防治[2]以及綜合防治法[5]來控制玉米螟之爲害。台南白爲本省重要的鮮食用白玉米，栽培範圍遍布全省。栽培面積粗估在5-6仟公頃左右，一般在乳熟期即採收來水煮或碳烤當鮮食用，若農民所用藥劑之種類、劑量及施藥時期不當，極易產生農藥殘毒，致消費者不敢放心購買，影響其市場銷售甚大。欲解決此問題，唯有瞭解其抗蟲機制及其抗性基因之遺傳行爲，從而育成抗螟性較佳之玉米品種實爲最理想之方法。

本研究之目的在瞭解本省已栽培久遠之台南白玉米族群所分離育成之自交系，其對亞洲玉米螟抗

---

1. 行政院農業委員會農業試驗所　研究報告第1989號。

2. 本所農藝系副研究員、助理研究員及研究員。台灣省　台中縣　霧峰鄉。

3. 本所技術服務室研究員兼主任。台灣省　台中縣　霧峰鄉。

性是否有遺傳變異存在，進而分析其抗性之遺傳行爲，以作爲本省鮮食用白玉米育種之參考。

材料與方法

由台灣不同地區（台中、彰化、雲林、台南、屏東、台東、花蓮、桃園）所蒐集之台南白玉米族群，在農試所經自交分離所得之159 S_2及278 S_5 自交系，與7個S_5世代自交系（表1）[9]全互交所組合而成之F_1爲材料。159 S_2及278 S_5自交系統分別於1993及1996秋作，採順序排列，在田間以人工接種幼蟲方式進行輪生期及開花期抗螟性之調查。每個自交系統各種20株，每株接種幼蟲數約10隻，輪生期於第一次接種後二星期調查所有植株葉片蟲孔密度，輪生期之抗性分極抗(1)、抗(2)、中抗(3)、感(4)及極感(5)等五級；另於開花期再接種第二次，同樣每株接種幼蟲數約10隻，於接種後15天調查所有植株受害情形，其受害程度則依莖稈內食痕的長度，分爲五級，分別爲極抗：1級（＜5cm）、抗：2級(6-10cm)、中抗：3級(11-30cm)、感：4級(31-41cm)及極感：5級(＞40cm)。S_2及S_5自交系之數據進行頻度分析。另由S_5自交系中選七個不同抗性等級之自交系，進行全互交雜交種子之生產，所獲得的組合計有49個，於1997秋作經田間人工接種幼虫檢定，其接種及調查方法與自交系檢定相同，檢定之結果以Hayman[10,11]之全互交分析法，進行遺傳介量與基因效應之分析，各遺傳參數所代表意義如下：a(累加性作用)顯著，表示親本間有極大之遺傳變異。b(顯性效果)顯著，表示各雜交組合間有明顯之顯性效果。b_1 (平均顯性效果)顯著，表示平均顯性效果對上述顯性效果有明顯影響。 b_2顯著，表示由親本遺傳因子頻度(genetic frequency)不相等所造成的效應對顯性效果有顯著影響。 b_3顯著，表示由特殊組合力(specific combining ability)所造成之效應對顯性效果有明顯影響。D爲基因之累加性作用(additive effect of gene)。H_1爲基因之顯性作用。H_2爲組合的顯性作用。D-H_1，正值表示性狀之因子作用累加性效果大於顯性效果；負值表示顯性效果大於累加性效果。E（環境作用）顯著，表示性狀易受環境之影響。$(H_1/D)^{1/2}$（平均顯性程度），大於1.3表示超顯性；介於0.76～1.3爲顯性；介於0.26～0.75爲不完全顯性；小於0.25，無顯性。$H_2/4H_1$，表示親本正負效應基因之比值，偏離0.25即表示其顯性作用大部分是正負效應基因頻度分布不均所造成；K_d/K_r（顯隱性基因之比值），等於1，表示顯隱性基因數目大約相等；大於1，表示顯性基因數目多於隱性基因數目；小於1，表示隱性基因較多。h^2/H_2值，表示控制該性狀之顯性基因群數。親本間Wr＋Vr值之大小，表示親本間之顯性順序。Y表示親本之外表型觀測值，而Y_r與W_r+V_r之相關係數(r)，顯著負值表示顯性基因爲增量基因；顯著正值表示顯性基因爲減量基因；不顯著表示其顯性無一定作用方向。W_r/V_r之迴歸線交於W_r軸原點以上，，表示控制該性狀之基因爲不完全顯性；交於W_r軸原點上，表示爲完全顯性基因控制；交於W_r軸原點下方，表示爲超顯性之作用。

表1.台南白抗亞洲玉米螟遺傳分析親本之代號、系譜、粒型及來源族群

Table 1. The code, pedigree, kernel type and original population of TNW inbred lines for Asian corn borer resistance in genetic analysis

Code	Pedigree	Kernel type	Original population
A	80TNW-7	Dent	Taichung
B	81TNW 6-3-1-1-1	Flint	Tainan
C	81TNW 34-1-2-1-2	Dent	Yunlin
E	81TNW 197-1-1-2-1	Flint	Taitung
F	81TNW 103-1-2-2-1	Flint	Changhua
G	81TNW 208-1-3-3-1	Dent	Pingtung
H	81TNW 219-2-1-1-2	Flint	Hualien

結果與討論

在台中農試所進行自交分離，所獲得159 S_2世代之系統，於1993年秋作在田間進行人工接種檢定，結果顯示輪生期具中抗(MR)以上的系統，佔有52.5%左右；而開花期具有中抗(MR)以上抗性者約有86.4%，充分顯示在S_2世代之系統中存有對亞洲玉米螟之抗蟲基因，因此利用此材料繼續進行自交系之分離。在S_3-S_4世代並未對亞洲玉米螟進行抗性檢定，待分離至S_5世代時，於1996年秋作再進行人工接種檢定，檢定結果（表2），發現在278個S_5系統中，於輪生期具有高抗者佔8.6%，抗者佔39.2%，中抗者佔36.3%，亦即具有中抗(MR)以上者約佔84.1%；而開花期檢定，亦發現具有高抗者佔3.2%，抗者佔13.5%，中抗者佔44.2%，合計具有中抗以上者約佔60.6%左右。由S_5世代檢定之結果，發現台南白玉米自交系其開花與輪生期之抗性沒有顯著之相關存在，此結果與郭等[7]飼料玉米自交系之檢定無顯著相關之結論相符。顯然，台南白輪生期與開花期之抗性，係由不同的遺傳基因系統所控制。而本試驗在278個S_5世代之自交系中，發現有30個其對亞洲玉米螟之抗性，不論在輪生期或開花期皆具有抗性(R)以上之等級，亦即在大量的S5自交系統中，可獲得輪生期與開花期皆具有抗性之自交系統。

表2. 八個不同地區之台南白玉米族群自交分離系統之抗亞洲玉米螟性等級之分布

Table 2. The distributuon of resistance to Asian corn borer of inbred lines derived from eight TNW maize populations

Generations	Resistance level				
	HR	R	MR	S	HS
	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)
S_2	Whorl stage				
	0	1.7	50.8	47.4	0
	Silking stage				
	6.8	18.6	61.0	11.9	1.7
S_5	Whorl stage				
	8.6	39.2	36.3	13.3	2.5
	Silking stage				
	3.2	13.5	44.2	22.3	16.7

輪生期對亞洲玉米螟抗性之變方分析，列於表3，由表中可看出組合基因型間（combination）、親本間之累加性作用(a)、雜交組合間之顯性效果(b)、平均顯性效果(b_1)、由特殊組合力所造成之顯性效果(b_3)均達極顯著差異；而遺傳成分分析結果，亦顯示基因的累加性作用(D)、基因的顯性作用(H_1)、親本間的顯性作用(H_2)、組合的平均顯性效果(h^2)、環境效應(E)及累加性之效果大於顯性效果(D-H_1)均達極顯著（表4），而$(H_1/D)^{1/2}$小於0.75表示爲部分顯性、親本正負效應基因之比值相等($H_2/4H_1$=0.25)，隱性基因數目大於顯性基因數目(Kd/Kr=0.888)。h^2/H_2值=1.726，表示輪生期抗亞洲玉米螟之抗性至少受2群基因所控制，其狹義的遺傳率爲0.751，Y_r與W_r+V_r之相關係數未達顯著水準。進一步由W_r+V_r迴歸圖（圖-1），可看出迴歸線交於Wr軸原點以上，顯示影響輪生期抗性之表現爲不完全顯性，而具有較多隱性基因數者，一般其抗螟性較強，所分析的親本中以H具有最強之抗螟性，而B、C、E、F、G等五個親本則具有中等之抗性，親本A則最爲感蟲。

表 3. 台南白玉米族群對亞洲玉米螟抗性遺傳分析之均方值

Table 3. Mean square of the analysis of variance for resistancc to Asian corn borer from diallel cross analysis in TNW maize populations

Variation	Df	Whorl stage	Silking stage
Block	2	0.311*	1.612*
Combination	48	1.017**	1.227**
a	6	6.385**	2.408**
b	21	0.493**	1.983**
b_1	1	2.857**	17.153**
b_2	6	0.081	1.039*
b_3	14	0.501**	1.305**
c	6	0.008	0.190
d	15	0.008	0.112
Error	96	0.098	0.403

*,** Significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

表 4. 台南白玉米族群對亞洲玉米螟抗性之遺傳變方成分

Table 4. Estimated values of genetic variance components in diallel cross analysis of TNW population resistance to Asian corn borer

Genetic parameter	Whorl stage	Silking stage
D	0.021**	0.095**
H_1	0.051**	0.028**
H_2	0.045**	0.021**
h^2	0.030**	0.135**
F	0.051	0.227
E	0.007**	0.033**
D-H_1	0.044**	0.198**
$(H_1/D)^{1/2}$	0.676	2.135
$H_2/4H_1$	0.250	0.219
Kd/Kr	0.888	1.485
h^2/H_2	1.726	2.633
Narrow-sense heritability	0.751	0.189
r〔(Wr+Vr)/Yr〕	-0.464	-0.839*

*,** Significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

開花期對亞洲玉米螟抗性之變方分析（表3），顯示組合基因型間（combination）、親本間之累加性作用(a)、雜交組合間之顯性效果(b)、平均顯性效果(b_1)、由特殊組合力所造成之顯性效果(b_3)均達極顯著；而由遺傳因子頻度不均等(b_2)所造成之顯性效果則呈現顯著。進一步由遺傳變方成分分析（表4），顯示基因的累加性作用(D)、基因的顯性作用(H_1)、親本間的顯性作用(H_2)、組合的平均顯性效果(h_2)、環境效應(E)及累加性之效果大於顯性效果(D-H_1)均達極顯著。而其$(H_1/D)^{1/2}$大於1.25，表示爲超

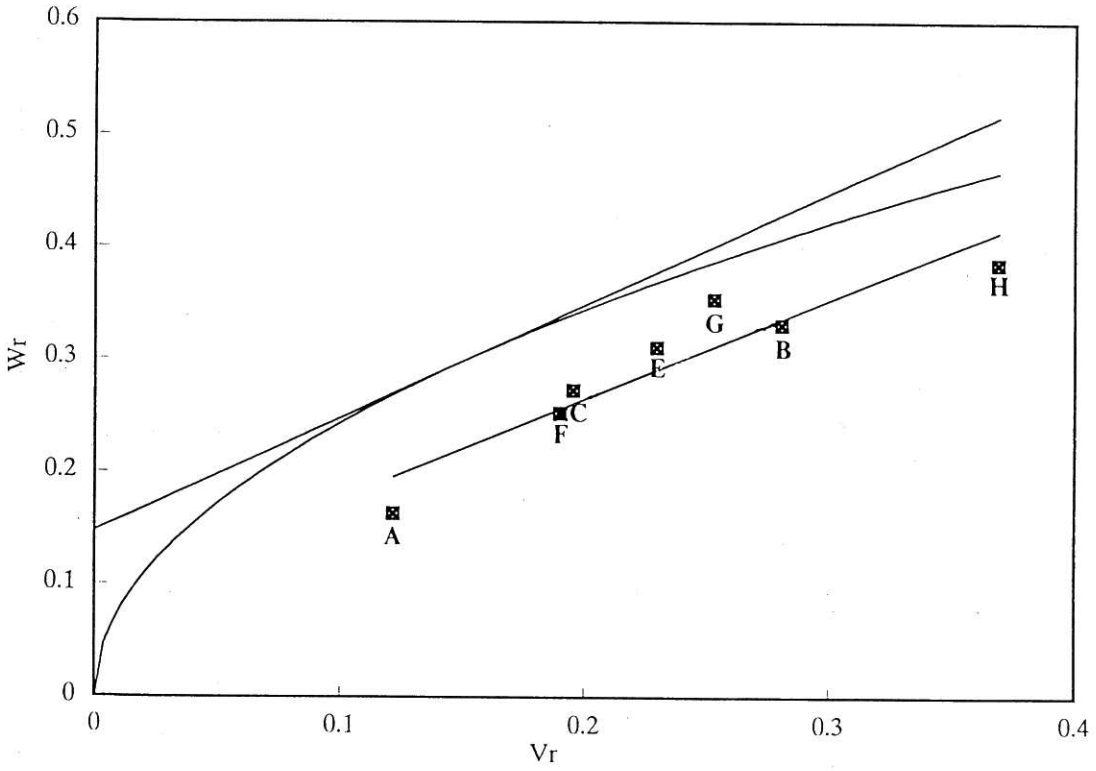


圖1.台南白玉米輪生期對亞洲玉米螟抗性之Wr／Vr迴歸圖。

Fig. 1. Wr／Vr graphs for resistance to Asian corn borer of TNW inbred lines in whorl stage.

顯性。親本正負效應基因之比值(0.219)偏離0.25，表示正負作用之基因分布不均，同時呈現顯性基因(K_d/K_r=1.485)數目多於隱性基因數目。開花期之抗螟性至少受3群基因(h^2/H_2=2.633)控制其抗性之變異，狹義的遺傳率極低(0.189)。其Yr與Wr＋Vr之相關係數(r=0.839*)顯著，表示顯性基因爲增量基因，亦即顯性基因數目越多其對亞洲玉米螟之抗性越弱。另由Wr＋Vr之迴歸圖(圖2)，則可清楚的看出迴歸線交於Wr軸原點以下，親本A及F具有較多之顯性基因數，故其呈現抗螟性較弱，親本B、C介於中間，而親本自交系E、G及H等三個則具有較多之隱性基因數，故在開花期具有較強之螟蟲抗性。

綜合上述之結果，可看出台南白玉米在輪生期及開花期對亞洲玉米螟之抗性，係受累加性與非累加性基因共同控制，但以累加性較爲重要。輪生期之抗螟性至少受2群基因所控制，隱性基因爲增強抗性之基因，而部分顯性基因較多者一般較易感蟲，輪生期親本自交系H帶有較多之隱性基因，故呈現較強之抗性。開花期之抗性則至少受3群基因所控制，隱性基因爲增加抗性之基因，，而超顯性基因則爲減弱抗性之基因，親本E、G、H三個自交系在開花期呈現有較多之隱性基因，故呈現具有較強之抗性。

以飼料玉米爲材料進行輪生期對亞洲玉米螟抗性之遺傳分析結果[6]，認爲抗螟基因爲部分顯性，抗性愈強之自交系其顯性基因愈多，其有效基因群至少有2-3群，而本研究之結果與之略有不同，可能係由於台南白玉米族群所具有之抗性基因與飼料玉米自交系之抗性基因不同所致。因此對台南白抗亞

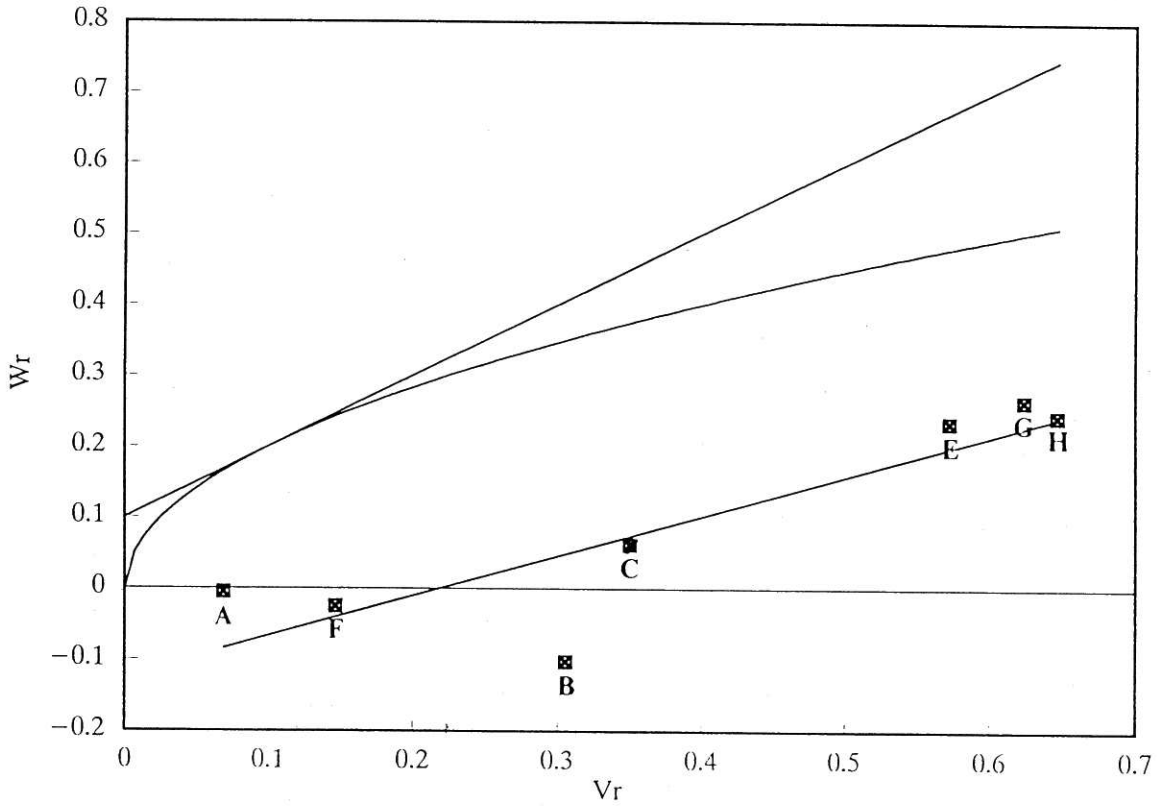


圖 2. 台南白玉米開花期對亞洲玉米螟抗性之Wr／Vr迴歸圖。

Fig. 2. Wr／Vr graphs for resistance to Asian corn borer of TNW inbred lines in silking stage.

州玉米螟之育種，長期宜以輪迴選種法來增加族群內抗性之隱性基因數，方有利於育成輪生期及開花期均具有抗性之自交系統[13]，進而育成F_1單雜交種推廣予農民栽培。

引用文獻

1. 邱瑞珍、錢景秦。1985。玉米螟之生物防治。植物保護學會會刊 27:299-316.
2. 邱瑞珍、陳健忠。1986。台灣亞洲玉米螟之生物防治。植物保護學會會刊 28:23-30。
3. 洪淑彬、朱耀沂、林美容。1988。台灣玉米螟之分類地位。中華昆蟲 8:65-71。
4. 曾清田。1996。。不同生育期玉米葉部組織 DIMBOA 含量與對亞洲玉米螟之抗性關係。台南區農業改良場彙報 33:67-81。
5. 曾清田。吳炎融。1990。超甜玉米螟蟲綜合防治。植物保護學會會刊 32:177-182。
6. 郭能成。1989。玉米抗亞洲玉米螟之機制及遺傳。台大農學院研究報告 29(2):187-190。
7. 郭能成、陳成、曾清田。1991。開花期玉米對亞洲玉米螟*Ostrinia furnacalis*(Guen'ee) 之抗蟲性檢定、比較與穩定性分析。台大農學院研究報告 31(1):98-107。
8. 顏福成。1984。玉米螟之田間生態。稻田轉作玉米害蟲防治研習會論文摘要：第9頁。
9. 謝光照、曾富生。1998。台南白玉米族群自交系之育成與評估。中華農業研究47(4)：327-337。
10. Hayman,B.I. 1954a. The analysis of variance of diallel table. Biometrics 10:235-244.

11. Hayman,B.I. 1954b. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics 39:789-809.
12. Ostrander,B.M., and J.G.Coors. 1997. Relationship between plant composition and European corn borer resistance in three maize populations. Crop Sci. 37:1741-1745.
13. Russell,W.A., W.D.Guthrie, and R.L.Grindeland. 1974. Breeding for resistance in maize to first and second broods of the European corn Borer. Crop Sci. 14:725-727.

Genetic Variation and Inheritance of Tainan-White Maize Inbred Lines Resistance to the Asian Corn Borer (*Ostrinia furnacalis*)[1]

Guang-Jauh Shieh[2], Bing-Huei Chen[3], Chan-Lee Ho[2] and Hung-Shung Lu[2]

Summary

The S_2 and S_5 inbred lines derived from eight Tainan-white (TNW) maize populations collected from eight differential areas were evaluated for resistance to Asian corn borer (*Ostrinia furnacalis*), at Wufeng, Taichung. Artificial infestation of the larve on plant was used in whorl and silking stages of plant development, respectively. The result indicated that the TNW inbred lines with larger genetic variation for Asian corn borer feeding damage in the whorl and silking stages of plant development can be selected for higher resistance.

In the diallel cross using Haymans method for analysis, the result indicated that the variations attributed to additive gene amd non-additive gene were highly significantly for Asian corn borer resistanec in whorl stage and silking stage. The additive genetic variance was larger than the non-additive genetic variance. The resistance to Asian corn borer was controlled by 2 and 3 groups of gene in whorl and silking stage of plant development, respectively. The recessive gene might be the one attributing resistance to Asian corn borer because the inbred lines with higher level of resistance have more recessive genes.

Key words: Tainan-white maize, Asian corn borer, Resistance, Genetic variation.

---

1. Contribution No. 1989 From Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture.

2. Respectively, Associate Agronomist, Assistant Agronomist and Senior Agronomist, Department of Agronomy, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.

3. Senior Entomologist, Office of Technical Service, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.