植物遗传资源学报 2017,18(1):56-60
Journal of Plant Genetic Resources DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.2017.01.007

# 水稻资源 GXM-001-2 对稻瘿蚊的抗性鉴定与遗传分析

郭 辉[1],冯 锐[1],陈 灿[1],张晓丽[1],刘百龙[1],黄凤宽[2],邓国富[1,3],秦学毅[1]
([1]广西农业科学院水稻研究所/广西水稻遗传育种重点实验室,南宁 530007;[2]广西农业科学院植物保护研究所,南宁 530007;[3]广西农业科学院,南宁 530007)

**摘要**:稻瘿蚊对南方水稻的危害日趋严重,育种上急需新的抗源。利用广西地方品种 GXM-001-2 作父本,分别与感虫品种 TN1 和已知抗性基因载体品系 W1236(*Gm1*)、IET2911(*Gm2*)、BG404-1(*gm3*)、OB677(*Gm4*)、ARC5984(*Gm5*)、多抗 1 号(*Gm6*)杂交、自交和回交,获得 $F_1$、$F_2$、$BC_1F_1$ 群体,对亲本和各杂交后代进行稻瘿蚊的抗性评价及遗传分析。结果表明,抗源 GXM-001-2 高抗稻瘿蚊中国Ⅱ型,抗中国Ⅳ型,且抗性均由 1 对显性基因控制;等位性测定表明抗源中的抗性基因与已知抗性基因 *Gm1*、*Gm2*、*gm3*、*Gm4*、*Gm5*、*Gm6* 不等位,推测该基因可能是 1 个新的抗稻瘿蚊基因。

**关键词**:水稻;稻瘿蚊;抗性基因;遗传分析

# Identification and Genetic Analysis of Rice Gall Midge Resistance in Rice Germplasm GXM-001-2

GUO Hui[1],FENG Rui[1],Chen Can[1],ZHANG Xiao-li[1],LIU Bai-long[1],HUANG Feng-kuan[2],DENG Guo-fu[1,3],QIN Xue-yi[1]
([1] *Rice Research Institute,Guangxi Academy of Agricultural Science/Guangxi Key Laboratory of Rice Genetics and Breeding,Nanning 530007*,[2] *Plant Protection Research Institute of Guangxi Academy of Agricultural Sciences,Nanning 530007*;[3] *Guangxi Academy of Agricultural Sciences,Nanning 530007*)

**Abstract**:Rice gall midge harm to southern rice become gradually serious,so new resistant sources are urgently needed in the breeding. Guangxi local variety GXM-001-2 was used as male parent to hybridize,backcross and selfing with some varieties and got group of $F_1$,$F_2$ and $BC_1F_1$. These varieties include an insect susceptible variety TN1 and carrier lines of known resistance genes W1236 (*Gm1*),IET2911(*Gm2*),BG404-1(*gm3*),OB677(*Gm4*),ARC5984(*Gm5*),Duokang1(*Gm6*). The resistance of parents and hybridize generation to Gall Midge and genetic analysis were identified . The results showed that GXM-001-2 was highly resistant to GM China type Ⅱ and Ⅳ,and was all controlled by a dominant gene. The allelism test showed that this dominant gene was non-allelic to *Gm1*,*Gm2*,*gm3*,*Gm4*,*Gm5* or *Gm6*. It suggested that this gene may be a new rice gall midge resistance gene.

**Key words**:rice;rice gall midge;resistance gene;inheritance analysis

稻瘿蚊(*Orseolia oryzae* Wood-Mason)是亚洲和非洲稻区主要害虫之一。在我国近年逐年加重,主要表现为广东、广西、福建、湖南偏重发生,湖北江汉平原中等发生,其他部分稻区轻发生[1]。稻瘿蚊为钻蛀性害虫,化学药剂防治并不理想,最经济、有效的方法是选育和种植抗虫品种,而发掘抗性资源对于水稻抗性育种至关重要。在水稻品种资源抗稻瘿蚊鉴定、评价和利用方面,不少学者已做了大量的工

**收稿日期**:2016-02-25 **修回日期**:2016-03-25 **网络出版日期**:2016-12-14
URL:http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20161214.1443.032.html
**基金项目**:国家自然科学基金地区基金(31560385);广西区自然科学基金项目(2012GXNSFDA053008,2014GXNSFBA118066,2015GXNSFAA139060);广西农科院科技发展基金项目(2015JM06)
第一作者主要从事水稻抗逆资源评价与遗传育种研究。E-mail:gh8207@163.com
通信作者:邓国富,E-mail:dengguofu@gxaas.net;秦学毅,E-mail:qxueyi@gxaas.net

作,从中找到一些抗性很好的品种和材料。20 世纪 80 年代初,谭玉娟等[2]从 6943 份材料中筛选出羊山占、大秋其等,并从中进一步鉴定发现了中国第 1 个抗稻瘿蚊基因 *Gm6*[3],相继培育出抗蚊 1 号、抗蚊青占、抗蚊 18 号、双抗明占等多个品种[4-6]。目前研究显示,中国至少有 4 种稻瘿蚊生物型[7],即中国生物型Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ;印度已发现了 6 种稻瘿蚊生物型[8],分别为印度生物型Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ、Ⅴ、Ⅵ;在目前已鉴定报道的抗稻瘿蚊基因 *Gm1*、*Gm2*、*gm3*、*Gm4*、*Gm5*、*Gm6*、*Gm7*、*Gm8*、*Gm9*、*Gm10*、*Gm11*(*t*)中[9],我国仅鉴定发现抗性基因 *Gm6*,且仅 *Gm6* 抗所有中国 4 种稻瘿蚊生物型,因此在我国抗稻瘿蚊育种与生产中急需新的抗源引入。广西稻种资源数量多、类型丰富,是我国稻种资源最丰富的省区之一。前期我们对 13000 多份稻种资源进行了抗稻瘿蚊鉴定,从中筛选出一批抗性材料,在此基础上,本文对其中可抗中国 4 种稻瘿蚊生物型高抗材料 GMX-001-2 进行稻瘿蚊生物型Ⅱ、生物型Ⅳ的抗性鉴定和遗传分析,旨在明确 GMX-001-2 的抗稻瘿蚊遗传背景,为育种利用提供资源及理论支持。

## 1　材料与方法

### 1.1　试验材料

**1.1.1　植物材料**　抗稻瘿蚊 4 种中国生物型的抗性品种 GXM-001-2。抗性对照种为多抗 1 号,高感稻瘿蚊的对照品种为 TN1。采用国际上公认的 W1236(含 *Gm1*)、IET2911(含 *Gm2*)、BG404-1(含 *gm3*)、OB677(含 *Gm4*)、ARC5984(含 *Gm5*)、多抗 1 号(含 *Gm6*)稻瘿蚊鉴定品种进行基因等位性分析,其中多抗 1 号来自广西农业科学院,其余 5 个品种均来自于国际水稻所。

**1.1.2　供试虫源**　在广西融安、南宁周边地区稻瘿蚊发生危害时期,采回刚出现的乙型标葱,室内繁殖分型后用感虫品种 TN1 饲养备用。鉴定时采用稻瘿蚊生物型中国Ⅱ型和中国Ⅳ型。

### 1.2　试验方法

**1.2.1　遗传群体构建**　以抗源材料 GXM-001-2 作父本分别与 W1236(*Gm1*)、IET2911(*Gm2*)、BG404-1(*gm3*)、OB677(*Gm4*)、ARC5984(*Gm5*)、多抗 1 号(*Gm6*)和 TN1 进行杂交获得 $F_1$,以原母本作父本与对应 $F_1$ 回交得 $BC_1F_1$;$F_1$ 自交获得 $F_2$。试验于 2010-2012 年下半年于广西农业科学院水稻研究所对配组母本采用温汤杀雄法配制杂交种子。

**1.2.2　抗性鉴定**　参考国际稻瘿蚊苗期群体鉴定法进行[10],将鉴别品种播于搪瓷育苗盆内,每盆播 12 行,每行 20 ~ 25 苗,以多抗 1 号为抗性对照,TN1 为感性对照。在秧苗 2 ~ 3 叶期,将育苗盆移至盛水的水泥池中,盖上网罩,按每 15 ~ 20 苗接入经交配过的雌蚊 1 头计,在成虫产卵期和幼虫孵化期用湿布加盖保湿。接蚊后 18 ~ 25 d,即乙型标葱出现后,调查各鉴别材料的抗感株数,其中,稻株心叶抽不出、叶鞘畸形膨大呈大肚秧或叶鞘伸长成管状-标葱为感虫株,稻株心叶正常生长为抗虫株[11];品种的评级按国际使用的稻瘿蚊抗性分级标准进行评价:无损害为 0 级(高抗,HR);标葱率少于 1% 为 1 级(高抗,HR);1% ~ 5% 为 3 级(抗,R);6% ~ 15% 为 5 级(中抗,MR);16% ~ 50% 为 7 级(感,S);大于 50% 为 9 级(高感,HS),以感蚊对照 TN1 标葱率达 60% 以上为试验有效。3 次重复。亲本、$F_1$、$BC_1F_1$ 和 $F_2$ 分别采用稻瘿蚊生物型中国Ⅱ型和中国Ⅳ型稻瘿蚊进行鉴定,抗性鉴定于 2011-2013 年 6-9 月完成。

**1.2.3　数据分析**　采用 Excel 2007 软件和卡方测验法(适合度检验法)对数据进行分析。

## 2　结果与分析

### 2.1　抗源 GXM-001-2 的抗稻瘿蚊鉴定

采用稻瘿蚊生物型中国Ⅱ型和中国Ⅳ型分别对不同水稻供试品种进行抗性鉴定,结果表明(表 1):对于稻瘿蚊中国Ⅱ型,除 W1236、TN1 表现为高感虫外,IET2911、BG404-1、OB677 表现为抗虫,ARC5984、多抗 1 号和 GXM-001-2 表现为高抗。对于稻瘿蚊生物型中国Ⅳ型,W1236、IET2911、BG404-1、OB677 都表现为感虫,ARC5984、多抗 1 号和 GXM-001-2 表现为抗稻瘿蚊。此结果说明,GXM-001-2 高抗稻瘿蚊中国Ⅱ型,抗稻瘿蚊中国Ⅳ型。

### 2.2　抗源 GXM-001-2 对稻瘿蚊中国Ⅱ型的抗性遗传分析

采用稻瘿蚊生物型中国Ⅱ型对抗源 GXM-001-2 杂交组合的 $F_1$、$F_2$ 及 $BC_1F_1$ 进行抗性遗传分析(表 2)。结果表明:TN1/GXM-001-2 和 W1236/GXM-001-2 两个组合的 $F_1$ 均表现为抗虫,$F_2$ 群体抗感虫植株分离比例都是 3∶1,用 TN1、W1236 作父本,对应 $F_1$ 植株作母本回交的 $BC_1F_1$ 的抗感虫分离比例为 1∶1,由于 TN1、W1236 对稻瘿蚊中国Ⅱ型都表现为感虫,此结果说明 GXM-001-2 对稻瘿蚊中国Ⅱ型的抗性由 1 对显性基因控制,且与 W1236(*Gm1*)中的抗性基因不同。组合 BG404-1/GXM-001-2 的 $F_1$ 表现为抗虫,$F_2$ 抗感虫植株分离比例为

**表 1 不同水稻品种对稻瘿蚊中国Ⅱ型和中国Ⅳ型的抗性**

**Table 1 Resistance of different rice varieties to GM China typeⅡ and Ⅳ**

| 水稻品种 Rice variety | 抗性基因 Resistance gene | 中国Ⅱ型 China typeⅡ | | 中国Ⅳ型 China typeⅣ | |
|---|---|---|---|---|---|
| | | 标葱率(%) Rate of silver shoot | 抗性 Resistance | 标葱率(%) Rate of silver shoot | 抗性 Resistance |
| GXM-001-2 | 未知 | 0 | HR | 1.47 | R |
| TN1 | 无 | 87.69 | HS | 97.01 | HS |
| W1236 | *Gm1* | 22.45 | S | 25 | S |
| IET2911 | *Gm2* | 7.27 | R | 22.22 | S |
| BG404-1 | *gm3* | 7.41 | R | 30.61 | S |
| OB677 | *Gm4* | 6.25 | R | 22.41 | S |
| ARC 5984 | *Gm5* | 0 | HR | 3.28 | R |
| 多抗 1 号 | *Gm6* | 0 | HR | 1.85 | R |

**表 2 抗源 GXM-001-2 对稻瘿蚊中国Ⅱ型的抗性遗传分析**

**Table 2 Genetic analysis on resistance of GXM-001-2 to GM China typeⅡ**

| 杂交组合 Combination | 抗性反应 Reaction of resistance | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | $P_1$ | $P_2$ | $F_1$ | | $F_2$ | | $F_2$期望比值 Expected segregation ratio of $F_2$ | $\chi^2$ | $BC_1F_1$ | | $BC_1F_1$期望比例 Expected segregation ratio of $BC_1F_1$ | $\chi^2$ |
| | | | 抗 R | 感 S | 抗 R | 感 S | | | 抗 R | 感 S | | |
| TN1/GXM-001-2 | HS | HR | 81 | 0 | 531 | 153 | 3:1 | 2.53 | 43 | 51 | 1:1 | 0.68 |
| W1236/GXM-001-2 | S | HR | 44 | 0 | 481 | 142 | 3:1 | 1.62 | 45 | 40 | 1:1 | 0.29 |
| IET2911/GXM-001-2 | R | HR | 47 | 0 | 579 | 34 | 15:1 | 0.52 | 79 | 0 | 1:0 | – |
| BG404-1/GXM-001-2 | R | HR | 54 | 0 | 411 | 81 | 13:3 | 1.69 | 43 | 39 | 1:1 | 0.21 |
| OB677/GXM-001-2 | R | HR | 48 | 0 | 549 | 30 | 15:1 | 1.13 | 87 | 0 | 1:0 | – |
| ARC5984/GXM-001-2 | HR | HR | 51 | 0 | 526 | 29 | 15:1 | 0.99 | 82 | 0 | 1:0 | – |
| 多抗 1 号/GXM-001-2 | HR | HR | 59 | 0 | 553 | 28 | 15:1 | 2.03 | 84 | 0 | 1:0 | – |

$\chi^2_{0.05}=3.84$

13:3,故 GXM-001-2 中对稻瘿蚊中国Ⅱ型的抗性基因与 BG404-1(*gm3*)的抗性基因不等位。组合 IET2911/GXM-001-2、OB677/GXM-001-2、ARC5984/GXM-001-2 和多抗 1 号/GXM-001-2 的 $F_1$、$BC_1F_1$均表现为抗虫,$F_2$群体抗感虫分离比例约为 15:1,说明 GXM-001-2 中对稻瘿蚊中国Ⅱ型的抗性基因与 IET2911(*Gm2*)、OB677(*Gm4*)、ARC5984(*Gm5*)、多抗 1 号(*Gm6*)中的抗性基因不等位。

### 2.3 抗源 GXM-001-2 对稻瘿蚊中国Ⅳ型的抗性遗传分析

采用稻瘿蚊生物型中国Ⅳ型对抗源 GXM-001-2 杂交组合的 $F_1$、$F_2$、及 $BC_1F_1$进行抗性遗传分析(表 3)。结果表明:对于稻瘿蚊中国Ⅳ型,组合 TN1/GXM-001-2、W1236/GXM-001-2、IET2911/GXM-001-2、BG404-1/GXM-001-2 和 OB677/GXM-001-2 的 $F_1$均表现为抗虫,$F_2$植株抗感虫分离比约为 3:1,$BC_1F_1$代植株抗感虫分离比约为 1:1,由于 TN1、W1236、IET2911、BG404-1 和 OB677 对稻瘿蚊中国Ⅳ型均表现为感虫,故说明抗源 GXM-001-2 对稻瘿蚊生物型中国Ⅳ型的抗性由 1 对显性基因控制,且与品种 W1236(*Gm1*)、IET2911(*Gm2*)、BG404-1(*gm3*)和 OB677(*Gm4*)中的抗性基因不同。ARC5984/GXM-001-2 和多抗 1 号/GXM-001-2 两个组合的 $F_1$及 $BC_1F_1$均表现为抗虫,$F_2$抗感虫分离比例为 15:1,说明 GXM-001-2 中对稻瘿蚊中国Ⅳ型的抗性基因与品种 ARC5984(*Gm5*)和多抗 1 号(*Gm6*)中的抗性基因不等位。

**表 3　抗源 GXM-001-2 对稻瘿蚊中国Ⅳ型的抗性遗传分析**

**Table 3　Genetic analysis on resistance of GXM-001-2 to GM China type Ⅳ**

| 杂交组合 Combination | 抗性反应 Reaction of resistance | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | $P_1$ | $P_2$ | $F_1$ | | $F_2$ | | $F_2$期望比值 Expected segregation ratio of $F_2$ | $\chi^2$ | $BC_1F_1$ | | $BC_1F_1$期望比例 Expected segregation ratio of $BC_1F_1$ | $\chi^2$ |
| | | | 抗 R | 感 S | 抗 R | 感 S | | | 抗 R | 感 S | | |
| TN1/GXM-001-2 | HS | HR | 69 | 0 | 678 | 207 | 3:1 | 1.22 | 46 | 57 | 1:1 | 1.17 |
| W1236/GXM-001-2 | S | HR | 51 | 0 | 461 | 133 | 3:1 | 2.16 | 45 | 39 | 1:1 | 0.43 |
| IET2911/GXM-001-2 | S | HR | 61 | 0 | 521 | 159 | 3:1 | 0.95 | 42 | 47 | 1:1 | 0.28 |
| BG404-1/GXM-001-2 | S | HR | 49 | 0 | 492 | 147 | 3:1 | 1.36 | 44 | 41 | 1:1 | 0.11 |
| OB677/GXM-001-2 | S | HR | 43 | 0 | 472 | 139 | 3:1 | 1.65 | 46 | 38 | 1:1 | 0.76 |
| ARC5984/GXM-001-2 | HR | HR | 47 | 0 | 589 | 35 | 15:1 | 0.44 | 84 | 1 | 1:0 | – |
| 多抗 1 号/GXM-001-2 | HR | HR | 63 | 0 | 612 | 32 | 15:1 | 1.8 | 81 | 0 | 1:0 | – |

$\chi^2_{0.05} = 3.84$

## 3　讨论

通过对 GXM-001-2 与 W1236(*Gm1*)、IET2911(*Gm2*)、BG404-1(*gm3*)、OB677(*Gm4*)、ARC5984(*Gm5*)、多抗 1 号(*Gm6*)和 TN1 杂交组合后代及亲本的抗稻瘿蚊鉴定分析,结果表明,GXM-001-2 中对稻瘿蚊生物型中国Ⅱ型和中国Ⅳ型的抗性是由 1 对显性基因控制,且与已报道的抗性基因 *Gm1*、*Gm2*、*gm3*、*Gm4*、*Gm5* 和 *Gm6* 不等位。

目前在国际上已鉴定报道的 11 个抗稻瘿蚊基因中,*Gm1* 基因抗中国生物型Ⅰ、Ⅲ,抗印度生物型Ⅰ、Ⅲ、Ⅴ、Ⅵ;*Gm2* 基因抗中国生物型Ⅰ、Ⅱ,抗印度生物型Ⅰ、Ⅱ、Ⅴ;*gm3* 基因抗印度生物型Ⅰ、Ⅳ;*Gm4* 基因抗印度生物型Ⅰ、Ⅱ、Ⅳ;*Gm5* 基因抗中国生物型Ⅰ,抗印度生物型Ⅰ、Ⅴ,抗韩国生物型;*Gm6* 基因抗中国生物型Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ;*Gm7* 基因抗印度生物型Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ;*Gm8* 基因抗印度生物型Ⅰ;*Gm9* 基因未有抗中国生物型的报道;*Gm10* 基因抗中国生物型Ⅰ、Ⅱ;抗印度生物型Ⅰ、Ⅱ;*Gm11*(*t*)基因抗印度生物型Ⅰ、Ⅲ、Ⅳ[3,9,12-18]。这些抗性基因中对稻瘿蚊中国生物Ⅱ型有抗性的有 *Gm2*、*gm3*、*Gm4*、*Gm5*、*Gm6* 和 *Gm10*,对稻瘿蚊中国生物型Ⅳ型有抗性的仅有 *Gm5* 和 *Gm6*,本研究表明,GMX-001-2 中的抗稻瘿蚊基因与抗性基因 *Gm1*、*Gm2*、*gm3*、*Gm4*、*Gm5* 和 *Gm6* 不等位。其余抗性基因仅 *Gm10* 抗稻瘿蚊中国Ⅱ型,而对于稻瘿蚊中国Ⅳ型未有报道,即抗性基因 *Gm10* 不抗瘿蚊中国Ⅳ型,抗性基因 *Gm7*、*Gm8*、*Gm9*、*Gm11*(*t*)既不抗中国Ⅱ型,也不抗中国Ⅳ型。而 GXM-001-2 对稻瘿蚊中国Ⅱ型和中国Ⅳ型都表现为抗。N. Rawat 等[19]研究发现,水稻病程相关基因 *RsOsPR10α* 在过敏反应引起对稻瘿蚊的抗性中发挥重要作用,说明水稻与稻瘿蚊的互作关系与水稻-病原互作更相似,而不是水稻与昆虫互作。根据“基因对基因”学说,推测抗源 GMX-001-2 中的抗性基因与抗性基因 *Gm7*、*Gm8*、*Gm9*、*Gm10*、*Gm11*(*t*)也不同,可能是 1 对新的抗稻瘿蚊基因。

卢家仕等[20]对收集于海南的品种 91-1A②进行抗稻瘿蚊评价及遗传分析,结果表明 91-1A②抗稻瘿蚊中国Ⅱ型和中国Ⅳ型,且对稻瘿蚊中国Ⅳ型的抗性基因由 2 对互作的显性基因控制。而收集于广西的 GXM-001-2 对稻瘿蚊中国Ⅱ型和中国Ⅳ型由 1 对显性基因控制,至于 GXM-001-2 与 91-1A②中的抗稻瘿蚊基因的关系,需进一步验证。

稻瘿蚊是危害水稻的主要害虫之一,它对水稻生产,特别是杂交稻生产构成了严重的威胁,而我国的稻种资源丰富,但抗源匮乏。谭玉娟等[2]鉴定了 6750 份我国收集的水稻资源,其中抗稻瘿蚊 1 ~ 5 级的占 1.63%。本单位与广西农科院植保所、广西大学合作[21-22]从 13000 多份品种资源中筛选出抗性品种 30 余份,占参试品种的 0.23%,其中多数为广西农家品种,普通野生稻仅有 9 份。总的来讲我国抗性资源相当匮乏,而这些抗源在生产上发挥作用的更加稀少,目前仅来源于海南地方种大秋其中的抗性基因 *Gm6* 利用较多,且近年来通过分子标记辅助选择手段,高效的选育了多个品种[5,23]。前期我们通过常规育种手段将抗性多基因聚合,提高了

整体抗性水平,并得到了 2 个免疫级株系[24-25]。

稻瘿蚊不同生物型对不同抗性品种的致害力不同,目前在亚洲至少发现有 11 种稻瘿蚊生物型;在我国至少有 4 种生物型[7,26],即中国生物型Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ,广西仅有 2 种生物型中国生物型Ⅱ、Ⅳ[27],研究表明中国Ⅳ型对鉴别品种致害性特别强[7]。本研究抗源 GXM-001-2 高抗我国 4 种稻瘿蚊生物型,且对中国Ⅱ型和中国Ⅳ型的抗性由 1 对显性主效基因控制,这较有利于将抗性基因转入高产优质水稻品种,改良主栽水稻抗性。另外,还可以把该抗源中的抗稻瘿蚊基因与其他非等位基因聚合累加,以便更好的控制稻瘿蚊不同生物型的危害,建议作为抗源在育种中利用。

## 参考文献


[1] 隆轲,张红燕,谢无瑰,等. 基于 REMCC-BPNN 的稻瘿蚊发生量预测研究[J]. 中国农学通报,2014,20(13):289-293

[2] 谭玉娟,潘英,莫禹诗,等. 抗稻瘿蚊水稻品种的筛选鉴定[J]. 广东农业科学,1982,6(13):32-33,14

[3] 谭玉娟,张扬,黄炳超,等. 抗稻瘿蚊品种多抗 1 的抗性遗传分析及抗性基因定位[J]. 植物保护学报,1996,23(4):315-320

[4] 潘英,谭玉娟,张扬,等. 抗稻瘿蚊新品种(抗蚊 1 号、抗蚊 2 号)选育成功[J]. 中国农业科学,1992,25(6):87-88

[5] 黄炳超,张扬,肖汉祥. 我国抗稻瘿蚊育种研究的新进展[J]. 作物研究,2004(4):201-203,207

[6] 黄显波,邓则勤,郑家团,等. 稻瘿蚊和稻瘟病恢复系双抗明占的选育及抗性分析[J]. 福建农业学报,2007,22(1):1-4

[7] 黎国涛,谭玉娟,潘英. 稻瘿蚊生物型的研究[J]. 植物保护学报,1983,10(3):147-152

[8] Kalode M B,Bentur. Characterization of India biotypes of the rice gall midge. *Orseolia oryzae* Wood-Mason (Diptera: cecidomyiidae)[J]. Insect Sci Appl,1989,10(2):219-224

[9] 郭辉,冯锐,秦学毅,等. 水稻抗稻瘿蚊基因的研究与利用现状[J]. 杂交水稻,2010,25(1):4-8,15

[10] 韦素美,黄凤宽,罗善昱,等. 广西水稻新品种(系)及稻种资源对稻瘿蚊的抗性分析[J]. 广西农业科学,2003,34(3):47-48

[11] 吴碧球,黄凤宽,黄所生,等. 水稻品种 ARC5833 对稻瘿蚊的抗性评价及其遗传分析[J]. 西南农业学报,2014,27(4):1483-1487

[12] Biradar S K,Sundaram R M,Thirumurugan T,et al. Identification of flanking SSR markers for a major rice gall midge resistance gene *Gm1* and their validation[J]. Theor Appl Genet,2004,109(7): 1468-1473

[13] Mohan M,Nair S,Bentur J S,et al. Bennett J RFLP and RAPD mapping of the rice *Gm2* gene that confers resistance to biotype 1 of gall midge (*Orseolia oryzae*)[J]. Theor Appl Genet,1994,87(7):782-788

[14] Lima J M,Abhishek D,sahu S C,et al. A RAPD marker identified a susceptible specific locus for gall midge resistance gene in rice cultivar ARC5984[J]. Crop Prot,2007,26(9):1431-1435

[15] Katiyar S K,Tan Y J,Huang B C,et al. Molecular mapping of gene *Gm-6(t)* which confers resistance against four biotypes of Asian rice gall midge in China[J]. Theor Appl Genet,2001,103(6-7):953-961

[16] JainA,Ariyadasa R,Kumar A,et al. Tagging and mapping of a rice gall midge resistance gene,*Gm8*,and development of SCARs for use in marker-aided selection and gene pyramiding[J]. Theor Appl Genet,2004,109(7):1377-1384

[17] Kumar A,Jain A,Shrivastava M N. Genetic analysis of resistance genes for the rice gall midge in two rice genotypes[J]. Crop Sci,2005,45(4):1631-1634

[18] Himabindu K,Suneetha K,Sama V S A K,et al. A new rice gall midge resistance gene in the breeding line CR57-MR1523,mapping with flanking markers and development of NILs[J]. Euphytica,2010,174(2):179-187

[19] Rawat N,Sinha D K,Rajendrakumar P,et al. Role of pathogenesis-related genes in rice-gall midge interactions[J]. Current Sci,2010,99(10):1361-1368

[20] 卢家仕,何龙飞,徐晶,等. 水稻品种资源 91-1A②对稻瘿蚊的抗性鉴定及其遗传分析[J]. 中国水稻科学,2012,26(4):506-510

[21] 董海,李创珍,金孟肖. 抗稻瘿蚊水稻品种的筛选鉴定研究[J]. 昆虫知识,1989,26(5):263-266

[22] 秦学毅,冯锐,唐建准,等. 广西高抗稻瘿蚊资源的鉴定及遗传分析[J]. 西南农业学报,2009,22(1):74-76

[23] 柳武革,王丰,肖汉祥,等. 利用分子标记辅助选择改良水稻恢复系的稻瘿蚊抗性[J]. 中国水稻科学,2010,24(6):581-586

[24] 秦学毅,韦素美,朱汝才,等. 采用聚合杂交创新稻瘿蚊抗性育种材料[J]. 西南农业学报,2006,19(6):17-20

[25] 冯锐,秦学毅,唐建准,等. 稻瘿蚊多抗性材料的聚合与创新[J]. 中国农学通报,2008,24(11):81-84

[26] Lu J S,He L F,Xu J,et al. Study on breeding of rice gall midge (*Orseolia oryzae*)[J]. Plant Dis Pests,2011,2(5):34-37

[27] 韦素美,黄凤宽,罗善昱,等. 广西稻瘿蚊生物型测定及抗源评价利用[J]. 广西农业生物科学,2003,22(1):10-15