

小麦品种冀麦 24 抗麦红吸浆虫 QTL 分析

郝燕冉, 温树敏, 王睿辉, 安雪娇, 刘桂茹

(河北农业大学农学院, 保定 071001)

摘要:麦红吸浆虫是影响小麦产量和品质的重要害虫, 研究小麦对吸浆虫抗性的遗传及其连锁分子标记对于提高抗虫品种的选择效率具有重要意义。本研究以小麦感虫品系 6218 与抗虫品种冀麦 24 产生的重组近交系(RIL)群体为材料, 利用 SSR 标记和人工虫圃对冀麦 24 的抗虫性遗传进行了研究。结果表明: 6218 与冀麦 24 的抗性差异显著, RIL 群体在 2 年 2 点的鉴定中抗性稳定; 所构建的遗传连锁图谱包含 112 个 SSR 位点, 形成 26 个连锁群, 图谱全长 835.7 cM, 标记间平均距离为 7.5 cM。利用 QTL IciMapping 的完备区间作图法, 在 4A 染色体上检测到 1 个加性效应位点(*QSm. hbau-4A*), 该位点在 2 个鉴定年度的贡献率分别为 9.67%、10.57%。该抗性 QTL 及其连锁 SSR 标记的发掘, 将有助于提高小麦抗吸浆虫育种的选择效率。

关键词:小麦; 吸浆虫; 抗性; 数量性状位点

QTL Analysis for Midge Resistance in Wheat Cultivar Jimai 24

HAO Yan-ran, WEN Shu-min, WANG Rui-hui, AN Xue-jiao, LIU Gui-ru

(Agronomy College/Agricultural University of Hebei, Baoding 071001)

Abstract: Wheat blossom midge (*Sitodiplosis mosellana* Gehin) is one of the most important insect pests in wheat, which has caused large losses for wheat production and its grain quality. However, for the invisible habitat of midge in soil and its accurate invasion into wheat just before wheat heading, it is difficult to lower or preclude the wheat losses incurred by midge using agronomic measures. Though the application of pesticide to kill midge is helpful in midge control, the effect is limited for the difficulties of midge monitoring and the risk of environment-balance destroy under field conditions. Using midge-resistant wheat lines or varieties has been documented an effective or environment-friendly way to control midge number in the field, thus reducing midge-caused wheat losses. But, breeding such wheat varieties needs introducing midges into wheat field to evaluate the resistance of different breeding lines, as will bring forth bad effects for assessing agronomic traits in wheat lines. The advent of molecular DNA markers and the introduction of marker-assisted selection (MAS) approach into wheat breeding help to circumvent such embarrassment. Therefore, characterization of wheat resistance to midge based on quantitative trait loci (QTLs) mapping and linked markers has important implications for improving the selection efficiency in breeding midge-resistant wheat varieties using genetic populations such as recombinant inbreeding lines (RILs). In present study, with recombinant inbred lines (RILs) derived from the susceptible and resistant wheat lines, mapped the QTLs of midge resistance and characterized the relevant inheritance in wheat cultivar Jimai 24 using SSR markers and artificial midge nursery. The results showed that the resistance between lines 6218 (the susceptible wheat parent) and Jimai 24 were significantly different, and the resistance scales among RIL lines were genetically stable during the

收稿日期: 2016-12-14 修回日期: 2017-02-09 网络出版日期: 2017-07-14

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170714.0918.002.html>

基金项目:国家自然科学基金项目(31371617); 河北省科技支撑计划项目(12226303D, 13226404D); 河北省现代农业产业技术体系项目

第一作者研究方向为作物育种目标性状遗传与改良。E-mail: haoyanran63@163.com

通信作者: 刘桂茹, 研究方向为小麦遗传育种。E-mail: nxlg@hebau.edu.cn

王睿辉, 研究方向为小麦种质资源及遗传育种。E-mail: wangrh@hebau.edu.cn

two consecutive years. A linkage map was constructed with 112 SSR loci, which comprised 26 linkage groups. The total length of the map was 835.7 cM, and the average distance was 7.5 cM between any two SSR markers. Using the IciMapping package for inclusive composite interval QTL mapping, a QTL, *QSm. hbau-4A*, and its additive effects was identified on chromosome 4A. The phenotypic variance explained (PVE) of this locus in the two testing years were 9.67% and 10.57%, respectively. The mapping of this QTL and the identification of its linked SSR markers will facilitate the improvement of the selection efficiency for breeding midge-resistant wheat lines or varieties and fine-mapping of the midge-resistant QTL in the future.

Key words: Wheat (*Triticum aestivum* L.); wheat blossom midge (*Sitodiplosis mosellana* Gehin); resistance; quantitative trait locus

吸浆虫是小麦生产中的重要害虫,包括麦红吸浆虫 (*Sitodiplosis mosellana* Gehin) 和麦黄吸浆虫 (*Contarinia tritici* Kirby) 2 种类型,对我国小麦造成危害的主要是麦红吸浆虫。麦红吸浆虫以幼虫吸食正在灌浆的汁液,造成小麦子粒瘪瘪、空壳或霉烂。吸浆虫发生的一般年份能造成小麦减产 10% ~ 20%,重者减产 30% ~ 50%,甚至颗粒无收^[1-2]。20 世纪中后期,麦红吸浆虫曾在我国小麦产区造成 2 次大面积为害^[3-4]。进入 21 世纪,麦红吸浆虫的为害仍然严重^[5]。2004-2009 年,吸浆虫年均为害面积超过 220 万 hm^2 ^[6]。据全国农业技术推广服务中心测算,2013 年是我国小麦吸浆虫的重发年份,为害面积 280 万 hm^2 ,占当年全国小麦播种面积的 11.88% (<http://www.agri.gov.cn/>),其中以河北东南部、陕西关中中东部、河南北部偏重发生。2014-2016 年,全国小麦吸浆虫发生面积分别为 233 万 hm^2 、200 万 hm^2 、200 万 hm^2 (<http://www.agri.gov.cn/>)。而且,随着农业生产水平的提高,尤其是联合收割机跨区作业的普及,更加剧了麦红吸浆虫向邻近麦区的扩散^[5]。

在防治麦红吸浆虫的各种措施中,虽然施用农药能够起到一定的防治作用,但农药的使用时机把握不好,不但起不到防治目的,造成农药残留,而且会大量杀伤天敌,严重影响农田生态系统平衡。因此,选育和使用抗性小麦品种是防治麦红吸浆虫最经济有效环保的方法^[7-10]。田间鉴定小麦种质资源及育种后代材料的抗虫性时,往往需要在田间引入吸浆虫虫源。该方法简单易行,一直是常用的抗虫鉴定方法,但麦红吸浆虫对温度、湿度和光照等环境条件的敏感性使得试验结果的稳定性较难控制。而且,在田间一旦引入吸浆虫,就会影响到对邻近地块育种材料产量性状的鉴定。DNA 分子标记技术的发展,为通过利用分子标记对此类性状进行鉴定和应用带来了便利。利用遗传群体,将抗性基因或数

量性状位点 (QTL) 进行分子标记定位,进而通过分子标记对抗虫性进行间接选择,成为提高抗虫性选择效率的重要手段^[11-14]。

因此,本研究针对我国小麦吸浆虫发生逐年加重的现状,在对大量小麦种质资源抗虫鉴定基础上,选择小麦抗、感吸浆虫品种 (系) 构建遗传群体,通过定位抗虫性相关主效 QTL,筛选出与其紧密连锁的分子标记,以期实现对抗虫性的间接选择,进而提高抗虫性的选择效率、加速小麦抗虫育种进程。

1 材料与方法

1.1 植物材料

用于构建遗传图谱的群体来自感虫小麦品系 6218 与抗虫品种冀麦 24。从 6218 与冀麦 24 的 F_2 开始,用单粒传法连续自交至 F_6 ,获得重组近交系群体,共 280 个株系。

1.2 抗虫性鉴定

2014-2015 年度分别种植在河北省徐水县大王店乡孟村虫圃和河北农业大学育种中心虫圃。2015-2016 年度种植在河北农业大学育种中心虫圃。用于抗虫鉴定的虫圃,为多年连续种植感虫小麦品种培育而成。在材料种植前,利用淘土法检查土壤中麦红吸浆虫的数量^[15-17]。淘土时,在田间按“米”字形取 5 个点的土样,每样点的大小为 10 cm × 10 cm × 20 cm。

供试遗传群体在这种人工构建的虫圃进行抗虫性鉴定。280 个株系连同亲本 6218、冀麦 24 一起种植,随机排列,3 次重复,连续鉴定 2 年。在每个重复中,每个株系种 1 行,每行点播 10 粒,行长 20 cm,行距 20 cm。

在小麦灌浆至乳熟期时,每重复每株系取 15 个穗子,带回室内对子粒上的虫子进行计数,按每个子粒带虫的头数,将待鉴定小麦株系的吸浆虫抗性分

为 5 级;0 级,该子粒上无虫;1 级,该子粒上有虫 1 头;2 级,该子粒上有虫 2 头;3 级,该子粒上有虫 3 头;4 级,该子粒上的虫数≥4 头。

由此,计算估计损失率(L)^[18-19]。

$$L(\%) = \sum(xf)/4\sum f \times 100$$

式中,x 为相应(株系)子粒的抗性级别,f 为各该级别的子粒数目。

用估计损失率(L)与所有参试品种的平均估计损失率(ML)的比值求出抗性指数(RI),以此作为对小麦吸浆虫抗性的划分标准(表 1)。

$$RI = L/ML$$

$$ML(\%) = \sum L/n$$

式中,∑L 为该遗传群体所有株系的估计损失率,n 为该群体的供试株系总数。

表 1 小麦株系抗麦红吸浆虫分类标准

Table 1 Classification criteria of resistance to *Sitodiplosis mosellana* Gehin in wheat lines

抗级	RI 值	抗性
Resistant grade	Resistance index	Resistance level
0	0	免疫(H)
1	0.01 ~ 0.19	高抗(HR)
2	0.20 ~ 0.49	中抗(MR)
3	0.50 ~ 0.99	低抗(LR)
4	1.0 ~ 1.5	感虫(S)
5	1.5 以上	高感(HS)

1.3 基因型鉴定

1.3.1 多态性 DNA 分子标记筛选 2015 年 4 月初,田间取样,每株系随机采取 2~3 片叶子,采用 CTAB 法提取叶片 DNA^[20]。选用均匀分布于小麦 21 条染色体的 SSR 引物,对重组近交系及其亲本进行 PCR 扩增,采用 15 μL 体系^[21],8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离扩增产物^[22],银染显色。以在抗、感亲本间存在扩增条带差异的引物作为初筛多态性引物。

用优选小群体法^[23-24]对初筛多态性引物进一步筛选。根据抗虫鉴定结果,用抗、感虫极端类型株系各 5 个连同抗、感虫亲本构成标记筛选的小群体。根据对该小群体的 PCR 扩增结果,从中选出重组率低于 20% 的标记用于对重组近交系群体所有株系的扩增,并统计扩增条带,计算连锁标记和遗传距离。条带统计时,与抗性亲本相同的条带记为 A,与感虫亲本条带一致的记为 B,杂合带型记为 H。

1.3.2 抗虫 QTL 定位 用 Map Manager QTXb17^[25-27]

软件对多态性标记进行分析,绘制连锁图谱。用 QTL IciMapping V4.0^[28-29] 软件的完备区间作图法进行 QTL 分析,选择 LOD 值≥3.0 为 QTL 存在与否的阈值。

2 结果与分析

2.1 小麦作图群体及其亲本的抗虫性表现

2014 年 10 月,用淘土法检查了每个虫圃的吸浆虫数量,徐水虫圃每样方为 128 头,河北农业大学育种中心虫圃每样方 191 头。2015 年 10 月,在河北农业大学育种中心虫圃每样方 217 头。

通过剥穗、查虫,计算出各供试材料的估计损失率。2014-2015 年度,感虫小麦亲本 6218 的抗性指数为 4.43,抗虫亲本冀麦 24 的抗性指数为 0.02。在作图群体中,共鉴定出高抗株系 34 个,中抗株系 53 个,低抗株系 65 个,感虫株系 42 个,高感株系 85 个,1 个数据缺失。2015-2016 年度,6218 的抗性指数为 7.58,冀麦 24 的抗性指数为 0.07。在作图群体中,鉴定出高抗株系 79 个,中抗株系 71 个,低抗株系 55 个,感虫株系 28 个,高感株系 47 个。

在 2014-2015 年度和 2015-2016 年度,RIL 群体的麦红吸浆虫抗性指数平均数分别为 1.19 和 0.99,标准差分别为 1.05 和 1.20,偏度分别为 1.29 和 2.27,峰度分别为 1.55 和 5.53,峰度和偏度均大于 1,表明吸浆虫抗性可能是由少数基因控制。

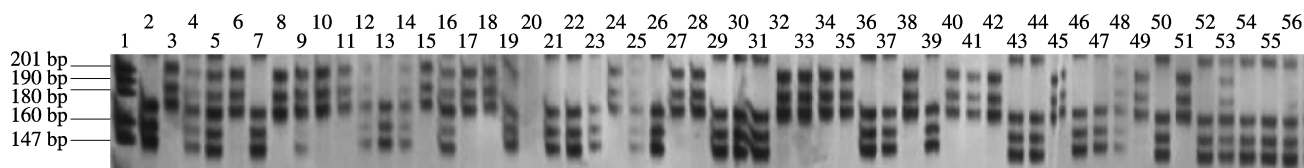
2.2 遗传图谱的构建

共选取 1232 对小麦基因组 SSR 引物进行亲本间多态性筛选,其中 353 对引物在亲本 6218、冀麦 24 表现多态性。然后用优选小群体法对初筛多态性引物做进一步筛选,从中筛选到 133 对带型清晰、扩增稳定的多态性引物。

以这 133 对多态性 SSR 引物对亲本 6218、冀麦 24 及 280 个 RIL 株系进行扩增(图 1),扩增结果用 Map Manager QTXb17 软件进行连锁图绘制,共得到 26 个连锁群(图 2),图谱全长 835.7 cM,标记间平均距离 7.5 cM。

2.3 抗虫性相关 QTL 分析

根据 RIL 群体 2 年田间抗虫鉴定和分子鉴定结果,利用 QTL IciMapping V4.0 软件检测到一个控制抗虫性的 QTL,该 QTL 在染色体 4A 上(表 2,图 3),位于标记 *Xbarc343* 和 *Xwmc262* 之间,2 个标记之间的遗传距离为 2.5 cM,LOD 值分别为 6.01 和 6.53,分别能解释表型变异的 9.67% 和 10.57%,基因效应为加性效应。



泳道 1 为 DNA 分子量 marker pBR322/*Msp*I 酶切;泳道 2 为抗病亲本冀麦 24;泳道 3 为感病亲本 6218;泳道 4~56 是 RIL 群体

Lane 1 referred to DNA molecular marker pBR322/*Msp*I digest, lane 2 was Jimai 24, the resistant parent,

lane 3 was 6218, the susceptible parent, lane 4-56 were the RIL population

图 1 SSR 标记 *Xwmc809* 对部分 RIL 单株和亲本的扩增结果

Fig. 1 PCR amplification result of part RIL plants and parents with SSR marker *Xwmc809*

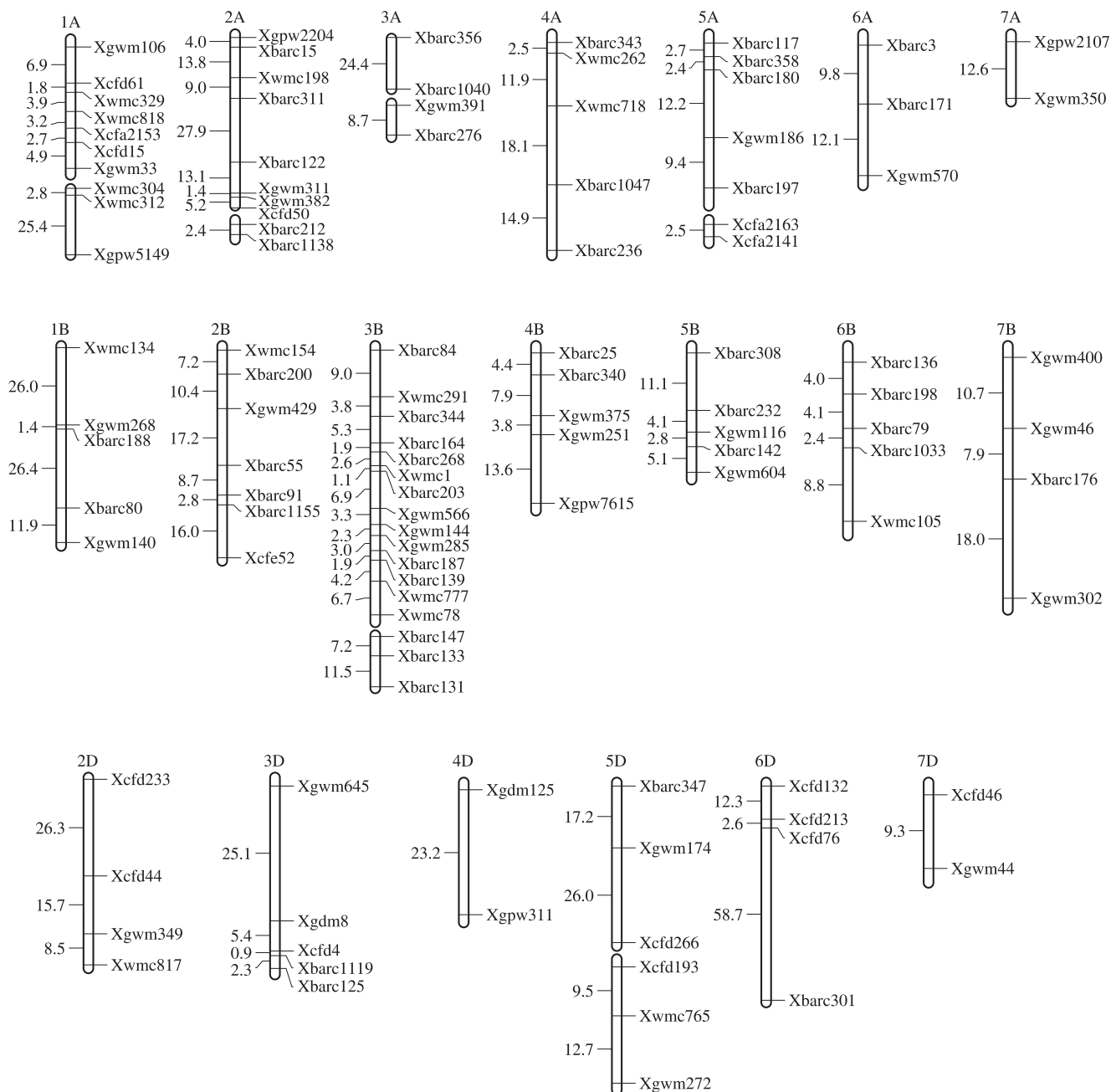


图 2 以 6218 × 冀麦 24 衍生的 RIL 群体构建的遗传连锁图

Fig. 2 Linkage maps constructed with RIL populations derived from Line 6218 crossed with Jimai 24

表 2 6218 × 冀麦 24 重组自交系抗麦红吸浆虫 QTL 及其效应

Table 2 QTL effects for resistance to *Sitodiplosis mosellana* Gehin with RIL lines from Line 6218 crossed with Jimai 24

年份 Year	性状 Trait	染色体位置 Chr. /bin	LOD value	贡献率(%) PVE	加性效应 Additiveness	基因的作用方式 GAM	等位基因来源 Allelic source
2014 – 2015	估计损失率	4A	6. 01	9. 67	0. 48	A	冀麦 24
2015 – 2016	估计损失率	4A	6. 53	10. 57	0. 32	A	冀麦 24

PVE:QTL 解释的表型变异率;GAM:加性效应,表示加性效应来自冀麦 24

PVE referred to percentage of phenotypic variation explained by QTL with additive effect,GAM referred to additive effect from Jimai 24

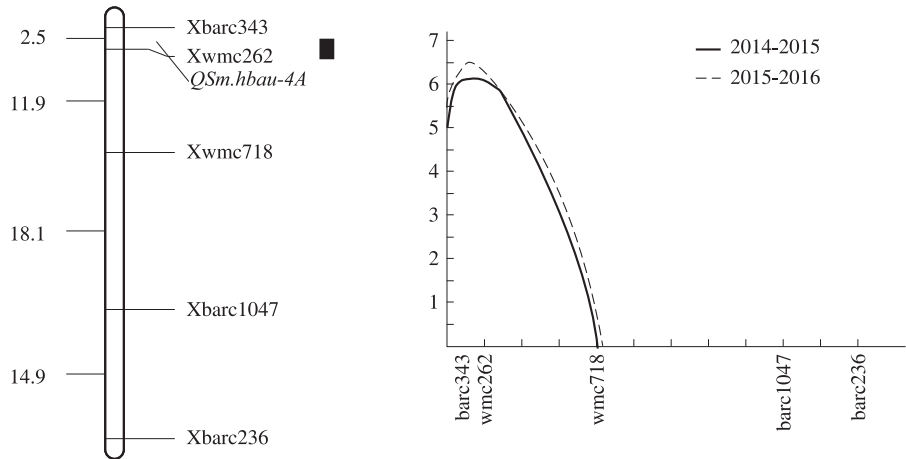


图 3 小麦 4A 染色体上控制麦红吸浆虫 QTL 位点

Fig. 3 QTL conferring resistance to *Sitodiplosis mosellana* Gehin and its position on chromosome 4A of wheat

3 讨论

3.1 小麦吸浆虫抗性遗传的分析

关于小麦吸浆虫抗性的遗传,主要有两种观点。朱象三^[30]通过经典遗传手段分析,认为抗性可能是一种简单遗传的单基因抗性。在加拿大小麦资源中,具有 *Sm1* 基因的小麦品系^[31]和具有 2 对互补抗性基因的春麦 Key10^[32-33] 等对吸浆虫抗性属于此类。另一种观点认为小麦对吸浆虫的抗性为多基因控制^[34],属数量遗传。加拿大春麦品种 Reeder 的吸浆虫抗性被认为至少与 3 个 QTL 有关,其中 1 个主效 QTL 被定位在 1A 染色体上,能够解释表型变异的 17% ~ 34%^[35]。在我国小麦品系河农 215 中,刘志连^[36]利用河农 215 (高抗) × 石新 539 (高感) 的 F₂ 群体,确定 2B 染色体上可能存在抗虫主效 QTL,能解释表型变异的 23%。安雪娇^[21]在河农 215 × 烟优 361 的 RIL 群体中,检测到 3 个在年度间稳定的 QTL,分别位于 2B、4A 和 4D 染色体上,可解释表型变异的 7.82%、3.86% 和 11.38%。本研究中,以估计损失率作为抗性程度的指标,利用 QTL 分析方法,在 6218 × 冀麦 24 的 RIL 群体中所检测到的抗性 QTL 位于 4A 染色体上,能够解释表型

变异的 10.57%。这些结果支持小麦对吸浆虫抗性为数量遗传的可能性。

在本课题组的调查中发现,冀麦 23、冀麦 24 与河农 215 均对吸浆虫表现抗性,几个品种来自相同的亲本组合 (安阳 10 号/矮丰 1//劳夫林 10/70-114),且它们的后代材料育成的品种多表现抗虫,抗性遗传传递力较强,表明来自该组合的麦红吸浆虫抗性可能是受稳定遗传的主效基因控制,但该抗性究竟来源于组合 (安阳 10 号/矮丰 1//劳夫林 10/70-114) 中的哪一个亲本,抑或是由于各亲本间的遗传重组所致,还需要进一步的试验加以验证。

3.2 抗虫 QTL 比较

在本课题组以往的研究中,刘志连^[36]利用河农 215 × 石新 539 的 F₂ 材料,发现 2B 染色体上存在抗虫位点。安雪娇^[21]利用河农 215 × 烟优 361 的 F₆ 重组近交系,在染色体 2B、4D、4A 上均检测到抗虫位点存在。本研究中,以 6218 × 冀麦 24 的 F₆ 重组近交系作为研究材料时,在 4A 上也检测到有抗性位点存在。比较发现,刘志连^[36]和安雪娇^[21]均检测到 2B 染色体上存在控制小麦抗麦红吸浆虫的基因位点,定位结果一致,且抗性 QTL 均来自抗性亲本河农 215,但前者的研究中抗性 QTL 能够解释表

型变异的 23%, 而后者研究中抗性 QTL 的贡献率仅为 7.17% 和 6.37%, 这种差异可能是感虫亲本不同或年度间的环境差异影响所致。本研究安雪娇^[21]均在 4A 染色体上检测到抗麦红吸浆虫的基因位点, 但位置不同, 本研究的 LOD 值为 6.01 和 6.53, 贡献率为 9.67% 和 10.57%, 而安雪娇^[21]的 LOD 值为 3.34 和 3.12, 贡献率为 3.86% 和 3.58%, 4A 上是否存在多基因位点, 需要进一步的研究加以阐明。

参考文献

- [1] 袁峰, 花保祯, 仵均祥, 等. 麦红吸浆虫的灾害与成灾规律研究. II. 灾害出现的影响因子与控制[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2003, 31(6): 43-48
- [2] 王越, 龙治任, 冯安荣, 等. 虫口基数、小麦品种和降水对麦红吸浆虫危害程度的影响[J]. 西北农业学报, 2015, 24(10): 165-171
- [3] 杨平澜. 小麦吸浆虫的研究与防治[C]//中国科学院昆虫研究所, 昆虫学集刊. 北京: 科学出版社, 1959: 193-221
- [4] 张克斌, 许文贤, 胡木林, 等. 小麦吸浆虫在关中再度猖獗的特点、成因与对策[J]. 西北农业大学学报, 1988, 16(S): 1-9
- [5] 高军, 王贺军, 王朝华. 河北省小麦吸浆虫随联合收割机跨区作业传播的调查分析[J]. 中国植保导刊, 2009, 29(10): 5-8
- [6] 魏添梅, 吕小平, 闵东红, 等. 小麦抗旱品种的遗传多样性分析及株高优异等位变异挖掘[J]. 作物学报, 2010, 36(6): 895-904
- [7] 屈振刚, 温树敏, 屈赞, 等. 小麦品种抗麦红吸浆虫鉴定与抗性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(1): 121-124
- [8] 屈会选, 党建友, 程麦风, 等. 小麦新品种(系)对麦红吸浆虫抗性的鉴定与分析[J]. 麦类作物学报, 2005, 25(5): 137-139
- [9] 武予清, 段爱菊, 张自启, 等. 小麦品种的麦红吸浆虫抗性分级方法及抗性评价[J]. 作物学报, 2013, 39(12): 2171-2176
- [10] 郝亚楠, 张箭, 龙治任, 等. 小麦品种(系)对麦红吸浆虫抗性指标筛选与抗性评价[J]. 昆虫学报, 2014, 57(11): 1321-1327
- [11] 陈振鸿. 小麦仓储害虫抗性 QTL 定位及玉米象消化道基因表达分析[D]. 成都: 四川农业大学, 2012
- [12] 田再民, 张立平, 王丽辉, 等. 小麦“BS20 × Fu3”DH 群体 SSR 遗传图谱的构建及不育基因的 QTL 定位[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(4): 857-867
- [13] 卢翔, 张锦鹏, 王化俊, 等. 小麦-冰草衍生活代 3558-2 穗部相关性状的遗传分析和 QTL 定位[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 86-91
- [14] 王海飞, 宗绪晓. 蚕豆种质资源、抗病育种和 QTL 定位及抗逆性研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(1): 259-270
- [15] 李登友, 高先荫, 齐国珍, 等. 剥穗法代替淘土法-小麦吸浆虫虫口密度调查方法的改进[J]. 病虫测报, 1990(1): 49-51
- [16] 张兆阳. 采用网袋淘土法调查小麦吸浆虫[J]. 山西农业科学, 1990(2): 22
- [17] 王秋菊. 淘土法-查小麦吸浆虫[J]. 植保技术, 2003(9): 19
- [18] 丁红建, 倪汉祥, 孙京瑞, 等. 小麦品种对麦红吸浆虫抗性鉴定技术的探讨[J]. 作物品种资源, 1994(4): 34-36
- [19] 孙京瑞, 丁红建, 倪汉祥, 等. 小麦品种抗吸浆虫鉴定[J]. 植物保护, 1995, 21(2): 22-23
- [20] 王小龙. 小麦假病斑与农艺性状相关研究及 QTL 定位[D]. 保定: 河北农业大学, 2013
- [21] 安雪娇. 小麦抗麦红吸浆虫 QTL 定位[D]. 保定: 河北农业大学, 2015
- [22] 金柳艳. 北方冬麦区 137 份小麦品种麦红吸浆虫抗性筛选及关联分析[D]. 保定: 河北农业大学, 2015
- [23] 苏集华. 小麦农家品种徐矮叶锈病成株抗性 QTL 定位[D]. 保定: 河北农业大学, 2013
- [24] Hao Y F, Liu A F, Wang Y H, et al. *Pm23*: a new allele of *Pm4* located on chromosome 2AL in wheat[J]. Theor Appl Genet, 2008, 117: 1205-1212
- [25] 李群. 大豆蛋白质和油份含量基因的 SSR 标记及初步定位[D]. 南京: 南京农业大学, 2004
- [26] 岳艳丽. 小麦品种 PIW138 抗条锈病遗传分析及抗病基因定位[D]. 保定: 河北农业大学, 2010
- [27] 武玉清. 小麦耐盐相关性状的 QTL 分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2007
- [28] 丁安明, 李军, 崔法, 等. 利用小麦关联 RIL 群体定位产量相关性状 QTL[J]. 作物学报, 2011, 37(9): 1511-1524
- [29] 詹晶晶, 邢文慧, 田玉焕, 等. 基于掖 478 导入系的玉米百粒重 QTL 鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(5): 955-960
- [30] 朱象三. 小麦抗吸浆虫性能的研究[M]. 北京: 科学出版社, 1961: 374-385
- [31] McKenzie R I H, Lamb R J, Aung T, et al. Inheritance of resistance to wheat midge, *Sitodiplosis mosellana*, in spring wheat[J]. Plant Breeding, 2002, 121: 383-388
- [32] Gharalari A H. Oviposition behavior of wheat midge, *Sitodiplosis mosellana* (Géhin) (Diptera: Cecidomyiidae) and inheritance of deterrence resistance in spring wheat[D]. Winnipeg: University of Manitoba, 2008
- [33] Gharalari A H, Fox S L, Smith M A H, et al. Oviposition deterrence in spring wheat, *Triticum aestivum*, against orange wheat blossom midge, *Sitodiplosis mosellana*; implications for inheritance of deterrence[J]. Entomol Exp Appl, 2009, 133(1): 74-83
- [34] 尹青云, 郑王义, 谢咸升, 等. 小麦品种对麦红吸浆虫的抗性及其抗性种质资源创新应用研究进展[J]. 麦类作物学报, 2003, 23(2): 88-91
- [35] Blake N K, Stougaard R N, Weave D K, et al. Identification of a quantitative trait locus for resistance to *Sitodiplosis mosellana* (Géhin), the orange wheat blossom midge, in spring wheat[J]. Plant Breeding, 2011, 130: 25-30
- [36] 刘志连. 小麦品种河农 215 抗麦红吸浆虫基因 QTL 定位及资源鉴定[D]. 保定: 河北农业大学, 2008