

稻褐飞虱实验种群致害性变异

刘芳 傅强 赖凤香 张志涛 (中国水稻研究所, 浙江 杭州 310006)

Virulence Variation in Laboratory Populations of *Nilaparvata lugens*

LIU Fang, FU Qiang, LAI Feng-xiang, ZHANG Zhi-tao
(China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China)

Abstract: Virulence variation in three host related populations of brown planthopper (BPH), which differed in virulence and had been reared on rice variety TN1, Mudgo and ASD7 for 82 generations respectively, was studied with honeydew excretion of female adult in 48 h. Honeydew excreted by avirulent BPH population (TN1 population, most individuals are avirulent, called T population), or virulent BPH populations (Mudgo or ASD7 populations, most individuals are virulent, called M or A), on susceptible and resistant varieties were weighed, and the results showed that the susceptibility and resistance of host plants interacted with the virulence of BPH. BPH with different virulence should be reared on resistant varieties to observe evident difference, so virulence of BPH under different treatments to resistant varieties was tested to study virulence variance. Mean virulence in F_1 populations was an intermediate value and near to that of virulent parent, and the variance of honeydew distribution in F_1 populations was obviously bigger than that of avirulent parent and near to that of virulent parent. It seemed that virulence was dominant to avirulence. When compared with those in F_1 populations, the mean virulence in F_2 populations performed few changes in the treatment $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$, and was significantly bigger than that in the treatment $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$. The variance in F_2 populations was obviously smaller or bigger but not significantly than that in F_1 populations. Based on the above results, it is concluded that there were no new genetic segregations in F_2 populations compared with F_1 populations.

Key words: *Nilaparvata lugens*; virulence; virulence variation; laboratory population

摘要: 以蜜露排泄量为稻褐飞虱致害性指标对稻褐飞虱实验种群的致害性变异进行了研究。首先测定了褐飞虱 3 个实验种群(TN1 种群、Mudgo 种群和 ASD7 种群)[分别用水稻品种 TN1、Mudgo 和 ASD7 强迫饲养 82 代,其中 TN1 种群(T)为弱致害力种群,Mudgo 种群(M)和 ASD7 种群(A)为强致害力种群]分别在感虫和抗虫品种上的蜜露排泄量。结果表明,寄主表现感虫还是抗虫,与褐飞虱致害力之间存在交互作用。将不同致害力的褐飞虱种群接在抗虫品种上,才可能观察到较大的致害性差异,据此比较了杂交 F_1 代与亲本种群个体、自交 F_2 代与杂交 F_1 代种群个体在抗虫品种上的致害性差异,以分析褐飞虱致害性变异规律。杂交 F_1 代(包括 $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ 、 $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ 两种处理)雌成虫的平均致害力均介于两个亲本之间,其值与强致害力亲本的更为接近;杂交 F_1 代雌成虫致害力的变异程度均显著地大于弱致害亲本,而与强致害性的亲本相比几乎无明显的差异;表明相对于弱致害性,褐飞虱的强致害性可能为一显性性状。与杂交 F_1 代相比, $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ 处理中自交 F_2 代雌成虫的致害力无显著变化,而 $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ 处理中自交 F_2 代雌成虫的致害力显著大于杂交 F_1 代;两种处理中,自交 F_2 代的方差或显著小于杂交 F_1 代,或稍大于杂交 F_1 代,表明自交 F_2 代种群个体未增加新的遗传分离。

关键词: 稻褐飞虱; 致害性; 致害性变异; 实验种群

中图分类号: Q968; S435.112⁺.3

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2004)06-0544-07

稻褐飞虱 *Nilaparvata lugens* (Stål) 是我国乃至许多其他亚洲国家水稻上的重要害虫。培育和种植抗虫品种是防治该虫的一项有效措施,但随着抗虫水稻品种的推广应用,能够为害抗性品种的褐飞虱新生物型也随即出现,导致抗性品种抗性丧失,这已成为生产上的一个突出问题。近 20 多年来,关于褐飞虱生物型的研究已积累了丰富资料,然而有关褐飞虱生物型的遗传变异规律的研究相对较少。虽然已有部分学者就褐飞虱致害性的遗传变异进行了研究^[1~9],但由于生物型问题的复杂性,对稻褐飞虱致害性变异的本质远未明了,不同遗传背景的褐飞虱个体是怎样有效地组合成一个特定的致害类群,是褐飞虱致害性遗传研究中一个亟待解决的问题。

用来鉴定褐飞虱致害性的方法有标准苗期集团

筛选法(SSST)、若虫存活率测定法、蜜露排泄量测定以及雌成虫腹部发育观察等^[1~10],其中蜜露测定法不仅操作简便,还可检测褐飞虱个体的致害性,从而可获得大量研究数据进行致害性的遗传分析,国内外已有学者以蜜露排泄量为致害性指标就褐飞虱致害性的遗传进行了研究^[6,9]。本文亦选择蜜露排泄量为褐飞虱致害性指标,首先测定了 3 个褐飞虱实验种群即 TN1 种群(弱致害力种群)、Mudgo 种群(强致害力种群)和 ASD7 种群(强致害力种群)分别在感虫和抗虫品种上的蜜露排泄量,结果发现应将不同致害力的褐飞虱接在抗虫品种上,才可能

收稿日期: 2004-01-08; 修改稿收到日期: 2004-04-26。

基金项目: 国家 973 计划资助项目(G20000162-07)。

第一作者简介: 刘芳(1972-),女,博士,副教授。

观察到较大的致害性差异。据此,比较了不同致害力种群的杂交一代(F_1 代)与其亲本种群、自交 F_2 代种群与杂交 F_1 代种群间个体在抗虫品种上的平均蜜露排泄量以及蜜露排泄量分布方差的差异,以进一步阐明稻褐飞虱致害性的遗传变异规律。

1 材料与方 法

1.1 实验材料

1.1.1 供试水稻品种

感虫品种选用台中在来1号(TN1)(无抗虫基因),抗虫品种选用 Mudgo(携带抗虫基因 *Bph1*), ASD7(携带抗虫基因 *bph2*)。播种后待秧苗老健后移至塑料盆钵中备用。

1.1.2 供试昆虫

试虫采自中国水稻研究所养虫室。分别用品种 TN1(无抗虫基因)、Mudgo(携带抗虫基因 *Bph1*)和 ASD7(携带抗虫基因 *bph2*)强迫饲养 82 代。文中以宿主名称的第一个字母区分 3 个不同来源的种群,即 T 种群、M 种群和 A 种群。因褐飞虱 T 种群群体致害抗性品种(Mudgo 和 ASD7)的能力较弱,文中又称为弱致害力种群,M 种群群体致害抗性品种 Mudgo 和 A 种群致害抗性品种 ASD7 能力都较强,文中称为强致害力种群。采集 3 个种群初羽化的雌、雄成虫备用。

1.2 实验方法

1.2.1 蜜露测定方法

参照 Pathak 等设计的“Parafilm sachet”法^[11],收集和定量测定褐飞虱单头雌虫在感虫或抗虫品种上取食后的蜜露排泄量。

1.2.2 亲本雌成虫致害力的测定

随机采集 T 种群初羽化的雌成虫,依据 1.2.1 方法分别测定其在感虫品种 TN1、抗虫品种 Mudgo 和 ASD7 上的蜜露排泄量;随机采集 M 种群初羽化的雌成虫,分别测定其在感虫品种 TN1 和抗虫品种 Mudgo 上的蜜露排泄量;随机采集 A 种群初羽化的雌成虫,分别测定其在感虫品种 TN1 和抗虫品种 ASD7 上的蜜露排泄量。每种处理中测定的飞虱数大于 500 头。

1.2.3 杂交 F_1 代雌成虫致害力的测定

分别采集 T 种群初羽化的雌成虫(100 头)和 M 种群初羽化的雄成虫(100 头),接到笼罩的 TN1 苗上交配产卵,孵化出的若虫为杂交 F_1 代($T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$),用感虫品种 TN1 饲养至成虫羽化待用。取羽化 24 h 内的 F_1 代雌成虫按 1.2.1 方法测定其在

抗虫品种 Mudgo 上的蜜露排泄量。

用同样的方法将初羽化的 A 种群雌成虫与 T 种群雄成虫杂交,直至 F_1 ($A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$)代若虫羽化为成虫待用。取羽化 24 h 内的 F_1 代雌成虫按 1.2.1 方法测定其在抗虫品种 ASD7 上的蜜露排泄量。

1.2.4 杂交 F_2 代雌成虫致害力的测定

随机采集 1.2.3 中 F_1 代($T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$, $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$)初羽化的成虫 100 对,接到笼罩的感虫品种 TN1 上自由交配产卵,孵化出的若虫为杂交 F_2 代($T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$, $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$),取羽化 24 h 内的 F_2 代雌成虫按 1.2.1 方法测定其在 Mudgo(或 ASD7)上的蜜露排泄量。

1.2.5 数据分析方法

平均蜜露排泄量的统计结果均系“平均值±标准误”。两个不同处理间的平均数和方差的比较分别采用 *t* 测验和 *F* 测验,参照莫惠栋的方法^[12]。作图采用 Excel 软件。

全部实验在室内进行,夏季高温时有系统空调使室温保持在 28~30℃,自然光照。

2 结果与分析

2.1 亲本种群致害力测定

图 1 和图 2 分别为稻褐飞虱 TN1 种群在感虫品种 TN1 和抗虫品种 Mudgo 上,Mudgo 种群在 TN1 和 Mudgo 上的雌成虫蜜露排泄量频次分布图,4 种不同处理的蜜露排泄量比较分析结果见表 1。从表 1 可以看出,弱致害力褐飞虱(T 种群)接在感虫寄主 TN1 上,比接在抗虫寄主 Mudgo 上,其蜜露排泄量增加了(11.61±1.33)mg,相对增加率为 71.93%,两者之间的差值经 *t* 测验达极显著水平。强致害力褐飞虱(M 种群)接在感虫寄主 TN1 上,与接在抗虫寄主 Mudgo 上相比,其蜜露排泄量仅增加(2.22±2.15)mg,相对增加率为 0.06%,两者之间没有显著差异。

在感虫寄主上,弱致害力和强致害力的褐飞虱平均蜜露排泄量分别为(27.75±1.09)mg 和(40.10±1.38)mg,两者之间存在极显著差异;在抗虫品种上,致害力弱或强的褐飞虱蜜露排泄量间也有极显著差异。值得注意的是在感虫品种上的差异绝对值为(12.35±1.76)mg,远小于在抗虫品种上的(21.74±1.82)mg(表 1)。

褐飞虱 TN1 种群在抗虫品种 ASD7 上、ASD7 种群在感虫品种 TN1 以及抗虫品种 ASD7 上的雌成

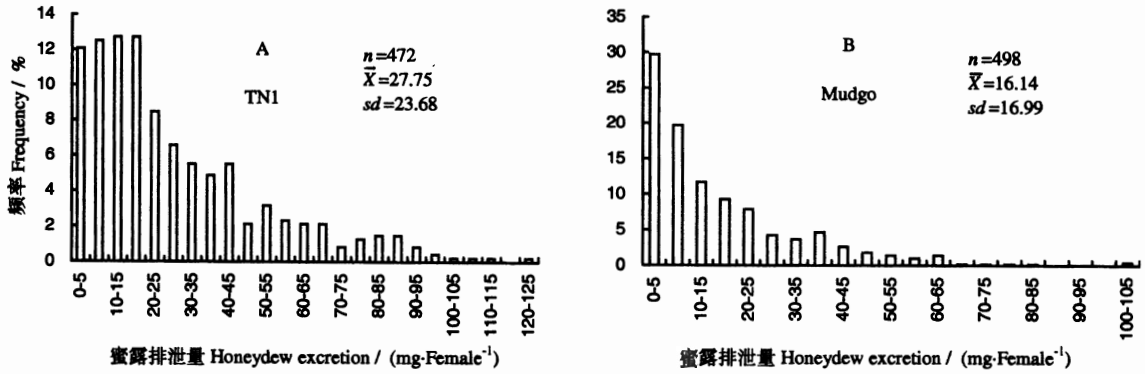


图 1 褐飞虱 TN1 种群雌成虫在水稻 TN1 和 Mudgo 上的蜜露排泄量频次分布
 Fig. 1. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of TN1 population on rice plants of TN1 and Mudgo.

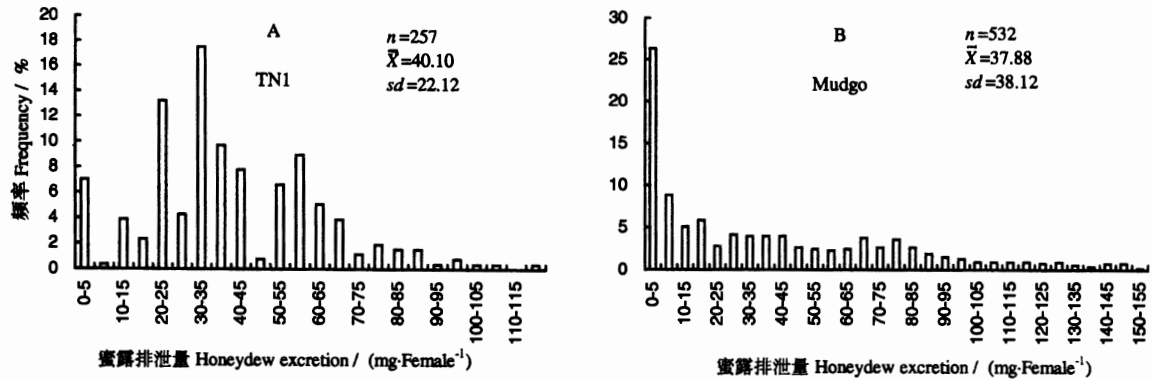


图 2 褐飞虱 Mudgo 种群雌成虫在水稻 TN1 和 Mudgo 上的蜜露排泄量频次分布
 Fig. 2. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of Mudgo population on rice plants of TN1 and Mudgo.

虫蜜露排泄量频次分布图分别见图 3、图 4, 褐飞虱 TN1 种群与 ASD7 种群在感虫(抗虫)水稻品种上的蜜露排泄量的比较结果与 TN1、Mudgo 种群的测定结果非常类似, 唯一不同的是, 在感虫品种上, 强致害力和弱致害力的褐飞虱蜜露排泄量没有显著差异(表 1)。

以上结果表明, 寄主抗性上与褐飞虱致害力之间存在交互作用。以蜜露排泄量为褐飞虱致害性指

标时, 在感虫水稻品种上, 强、弱致害力的褐飞虱蜜露排泄量无明显差异或差异值相对较小; 在抗虫水稻品种上, 强致害力和弱致害力的褐飞虱种群雌成虫蜜露排泄量存在明显差异。由上述结果可以得到一个推理, 如果以蜜露排泄量作为一个指标, 则具有不同致害力的褐飞虱群体应接在抗虫品种上, 才可能观察到较大的差异, 因此以后的研究我们均选择抗性品种作为鉴别品种。

表 1 褐飞虱不同致害力种群雌成虫在感虫(抗虫)水稻品种上的蜜露排泄量比较

Table 1. Comparison of honeydew excreted by BPH female adults of different virulent populations on susceptible or resistant rice variety.

寄主植物 Host plant	致害种群 Virulent population		差值 Difference	t 值 t value	寄主植物 Host plant	致害种群 Virulent population		差值 Difference	t 值 t value
	TN1	Mudgo				TN1	ASD7		
TN1	27.75±1.09	40.10±1.38	12.35±1.76	7.02**	TN1	27.75±1.09	31.36±2.22	3.61±2.47	1.46
Mudgo	16.14±0.76	37.88±1.65	21.74±1.82	11.95**	ASD7	21.75±1.28	31.09±1.60	9.34±2.05	4.56**
差值 Difference	11.61±1.33	2.22±2.15	9.39±2.53		差值 Difference	6.00±1.68	0.27±2.74	5.73±3.21	
t 值 t value	8.73**	1.03			t 值 t value	3.57**	0.10		

注: 在 t 测验中, 样本容量 n=120 时, t_{0.05}=1.96, t_{0.01}=2.58。

Note: In t-test, n=120, then t_{0.05}=1.96, t_{0.01}=2.58.

表 2 褐飞虱杂交 F₁ 代雌成虫与亲本种群雌成虫蜜露排泄量比较

Table 2. Comparison of honeydew excreted by BPH female adults between F₁ populations and its parent populations.

处理 Treatment	平均数之差 Difference of mean/(mg · female ⁻¹)	t 值 t value	F 值 F value
T♀ × M♂ 与 TN1 T♀ × M♂ vs TN1	14.07 ± 1.46	9.64**	4.26**
T♀ × M♂ 与 Mudgo T♀ × M♂ vs Mudgo	7.67 ± 2.07	3.71**	1.18*
A♀ × T♂ 与 TN1 A♀ × T♂ vs TN1	7.66 ± 1.87	4.10**	1.30**
A♀ × T♂ 与 ASD7 A♀ × T♂ vs ASD7	1.68 ± 2.08	0.81	1.07

在 F 测验中, n₁ = 500, n₂ = 400 时, F_{0.05} = 1.16, F_{0.01} = 1.24。

In F test, when sample number n₁ = 500, n₂ = 400, then F_{0.05} = 1.16, F_{0.01} = 1.24.

2.2 杂交 F₁ 代雌成虫致害力的测定

图 5 为褐飞虱 TN1 种群与 Mudgo 种群杂交 F₁ 代(T♀ × M♂)雌成虫在抗虫品种 Mudgo 上蜜露排泄量频次分布图,将杂交 F₁ 代雌成虫蜜露排泄量与两个亲本(TN1 种群、Mudgo 种群,频次分布见图 1-B、图 2-B)比较,结果见表 2。杂交 F₁ 代(T♀ × M♂)雌成虫的平均蜜露排泄量为 30.21 mg,极显著地大于弱致害种群 T 种群,两者间的差值为 (14.07 ± 1.46)mg;极显著地小于强致害种群 M 种群,两者相差 (7.67 ± 2.07)mg。同样,杂交 F₁ 代蜜露排泄量的方差为 1230.61,其值介于两个亲本之间,大于弱致害种群 T 种群(288.66),差异达极显著水平;显著小于强致害种群 M 种群,不过 F 值 1.18 几乎与 F_{0.05} 相等。

褐飞虱 TN1 种群与 ASD7 种群杂交 F₁ 代(A♀ × T♂)雌成虫在抗虫品种 ASD7 上蜜露排泄量频次分布见图 6,杂交 F₁ 代(A♀ × T♂)雌成虫蜜露排泄量与两个亲本(TN1 种群、ASD7 种群,频次分布见图 3、图 4-B)的比较见表 2。A♀ × T♂ 组合的杂交 F₁ 代雌成虫的蜜露排泄量的平均值和方差都介于两个亲本之间,表现出与 T♀ × M♂ 组合的杂交 F₁ 代一致的变化趋势,所不同的是 A♀ × T♂ 杂交

F₁ 代蜜露排泄量分布的平均数和方差小于强致害种群时,差异未达显著水平。

通过对 F₁ 代雌成虫致害力的测定,可以发现在两种处理(T♀ × M♂, A♀ × T♂)中,杂交 F₁ 代雌成虫的平均致害力均介于两个亲本之间,其值与强致害力的亲本更为接近;杂交 F₁ 代雌成虫致害力的变异程度均显著地大于弱致害亲本,而与强致害力的亲本相比几乎无明显的差异。上述的结论表明相对于弱致害性,褐飞虱的强致害性可能为一显性性状。

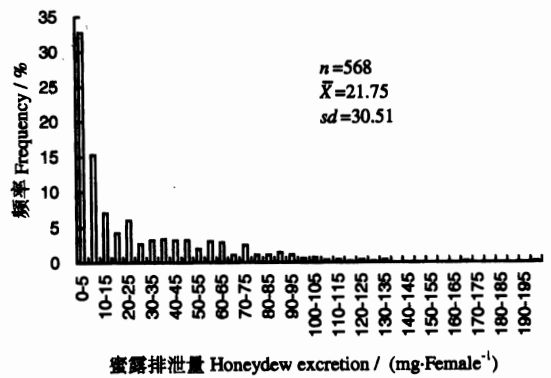


图 3 褐飞虱 TN1 种群雌成虫在水稻 ASD7 上的蜜露排泄量频次分布
Fig. 3. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of TN1 population on rice plants of ASD7.

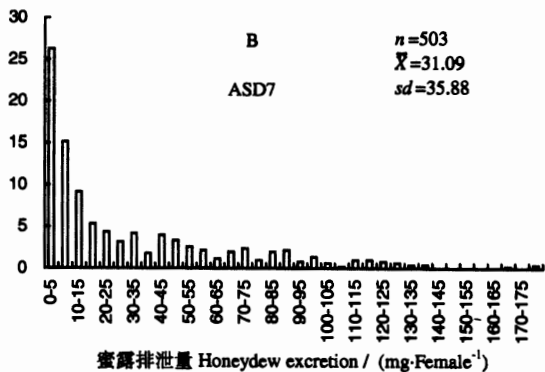
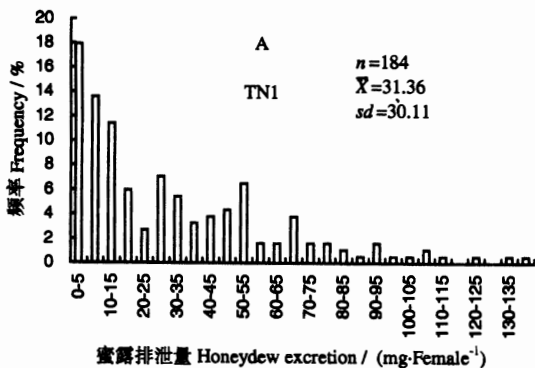


图 4 褐飞虱 ASD7 种群雌成虫在水稻 TN1 和 ASD7 上的蜜露排泄量频次分布

Fig. 4. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of ASD7 population on rice plants of TN1 and ASD7.

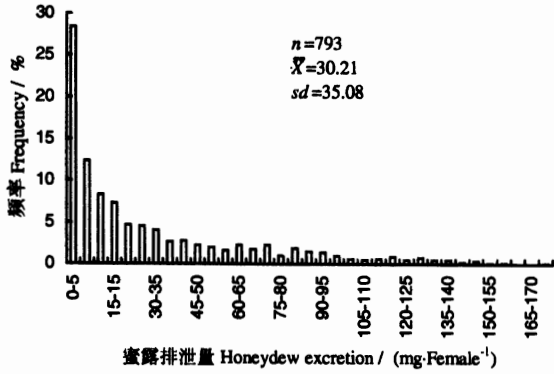


图 5 褐飞虱 $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ F_1 代雌成虫在水稻 Mudgo 上的蜜露排泄量频次分布

Fig. 5. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ F_1 population on rice plants of Mudgo.

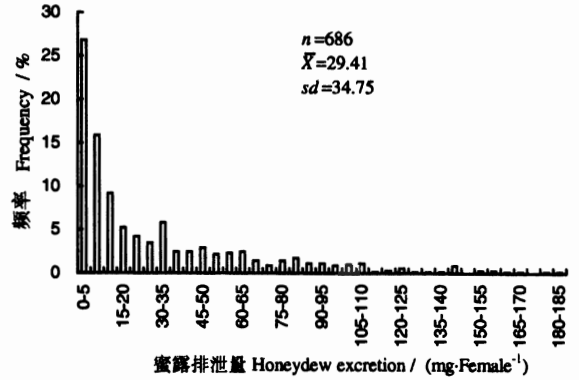


图 6 褐飞虱 $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ F_1 代雌成虫在水稻 ASD7 上的蜜露排泄量频次分布

Fig. 6. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ F_1 population on rice plants of ASD7.

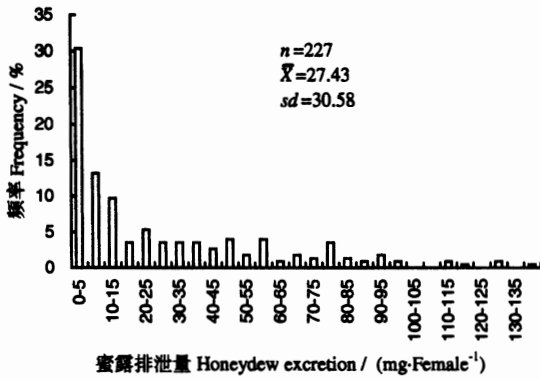


图 7 $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ 自交 F_2 代雌成虫在水稻 Mudgo 上的蜜露排泄量频次分布

Fig. 7. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ F_2 population on rice plants of Mudgo.

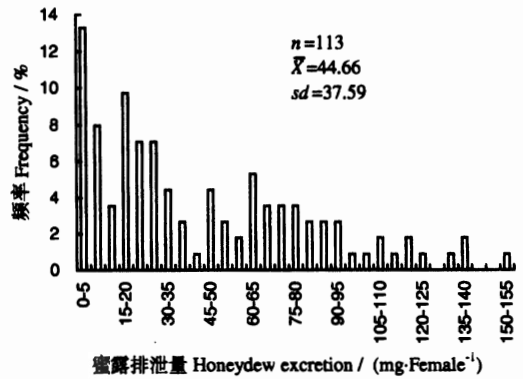


图 8 $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ 自交 F_2 代雌成虫在水稻 ASD7 上的蜜露排泄量频次分布

Fig. 8. Frequency distribution of honeydew excreted by BPH female adults of $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ F_2 population on rice plants of ASD7.

2.3 自交 F_2 代雌成虫致害力的测定

图 7、图 8 分别为 $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ 和 $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ 自交 F_2 代雌成虫在抗虫品种上的蜜露排泄量频次分布图,将自交 F_2 代雌成虫的蜜露排泄量与相应的杂交 F_1 代(频次分布图分别为图 5、图 6)的进行比较,结果见表 3。褐飞虱 TN1 种群与 Mudgo 种群杂交 F_1 代雌成虫与自交 F_2 代雌成虫的平均蜜露排泄量分别为 $(30.21 \pm 1.25)\text{mg}$ 、 $(27.43 \pm 2.03)\text{mg}$,两者间无显著差异,且自交 F_2 代的方差(935.08)反而小于杂交 F_1 代的(1230.84),表明 $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ F_1 代雌成虫的蜜露排泄量分布与自交 F_2 代的基本上重合,在 F_2 代中未发现新的遗传分离。 $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ F_1 代雌成虫与自交 F_2 代雌成虫的蜜露排泄量分布中心与变异程度基本一致,世代不同无显著差异。

褐飞虱 TN1 种群与 ASD7 种群杂交 F_1 代($A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$)与自交 F_2 代相比(结果见图 6、图 8 和表 3),自交 F_2 代的平均蜜露排泄量 $(44.66 \pm 3.54)\text{mg}$ 显著大于杂交 F_1 代 $(29.41 \pm 1.33)\text{mg}$,但两个世代间方差无显著差异,表明自交 F_2 代雌成虫蜜露排泄量的分布中心偏大,但变异程度相似,即未发现自交 F_2 代群体中有新的遗传分离。世代不同对杂交 F_1 代($A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$)及其自交 F_2 代平均数有影响,对变异无显著影响。

综合 F_2 代雌成虫致害力的测定结果,与杂交 F_1 代相比, $T_{\text{♀}} \times M_{\text{♂}}$ 处理中自交 F_2 代雌成虫的致害力无显著变化,而 $A_{\text{♀}} \times T_{\text{♂}}$ 处理中自交 F_2 代雌成虫的致害力显著大于杂交 F_1 代。两种处理中,自交 F_2 代的方差或显著小于杂交 F_1 代,或稍大于杂

表3 褐飞虱自交 F₂代与杂交 F₁代雌成虫的蜜露排泄量比较
Table 3. Comparison of honeydew excretion by BPH female adults between F₂ and F₁ populations.

处理 Treatment	平均蜜露排泄量 Mean honeydew excretion /(mg · female ⁻¹)	t 值 t value	F 值 F value
T♀ × M♂ F ₁	30.21 ± 1.25	1.17	1.32*
T♀ × M♂ F ₂	27.43 ± 2.03		
A♀ × T♂ F ₁	29.41 ± 1.33	4.02**	1.17
A♀ × T♂ F ₂	44.66 ± 3.54		

F 测验中, 当 $n_1 = 797, n_2 = 227$ 时, $F_{0.05} = 1.22, F_{0.01} = 1.33$; 当 $n_1 = 113, n_2 = 686$ 时, $F_{0.05} = 1.28, F_{0.01} = 1.42$ 。

In F test, when sample number $n_1 = 797, n_2 = 227$, then $F_{0.05} = 1.22, F_{0.01} = 1.33$. When sample number $n_1 = 113, n_2 = 686$, then $F_{0.05} = 1.28, F_{0.01} = 1.42$ 。

交 F₁代(差异水平不显著), 表明自交 F₂代个体未增加新的遗传分离。

3 讨论

本研究中以蜜露排泄量作为褐飞虱致害性的指标, 所有处理中褐飞虱的蜜露排泄量均呈连续分布, 表明褐飞虱的致害性为多基因控制的数量性状, 与 Sogawa、Hollander 和 Pathak、Pathak 和 Heinrichs、Claridge 和 Hollander、姜人春等、Sezer 和 Butlin 以及 Tanaka 等的观点一致^[2~6,8,9]。本研究中两种处理(T♀ × M♂, A♀ × T♂)的杂交 F₁代雌成虫的平均致害力均介于两个亲本之间, 并且自交 F₂代与杂交 F₁代相比未增加新的遗传分离, 这一结果与前人的研究报道完全一致^[1~3,5,6]。杂交 F₁代雌成虫的致害力的变异程度均显著地大于弱致害亲本, 而与强致害性的亲本相比几乎无明显的差异, 表明相对于弱致害性(相当于生物型 I), 褐飞虱的强致害性(相当于生物型 II、III)为一显性性状。Cheng 和 Chang 在鉴定 F₁代致害特性时发现生物型 II 对于生物型 I 为隐性, 生物型 III 对于生物型 I 为显性^[13]。Sogawa 的研究结果是生物型 I 对生物型 II、III, 以及生物型 III 对于生物型 II 为显性^[2]。国内有两例研究认为控制 Mudgo 种群致害性的基因对 TN1 种群而言呈隐性^[6,10]。上述结果表明杂交 F₁代的致害特性表现不尽一致, 其原因待探讨。

根据基因的分离和重组规律, 如果用于杂交的亲本为纯合体, 则杂交 F₁代个体的基因型只有一种; 与杂交 F₁代相比, 自交 F₂代群体中将有新的基因型出现, 即与 F₁代相比 F₂代群体将增加新的遗传分离。本研究结果表明自交 F₂代与杂交 F₁代相

比未增加新的遗传分离, 由此可以推断用于试验的亲本种群个体不是纯合体, 则亲本种群个体基因型有三种可能: 其一是亲本种群个体为杂合体; 其二是亲本种群个体为纯合体但存在两种或两种以上基因型; 第三种可能是亲本种群中存在多种基因型的纯合体和杂合体。由于亲本种群中稻褐飞虱必须两性交配后才能产生后代, 因此可以推断亲本种群由多种不同基因型的杂合体组成, 即亲本种群在遗传组成上不同质。曾有学者通过不同致害性褐飞虱种群 DNA 的 RPAD 分析发现同一致害种群的遗传构成不是同质的, 有较高的杂合性^[14,15], 本文用普通遗传学的方法证实了同一致害性种群的遗传构成是异质的。

Saxena 等对生物型 I、II、III 和李氏禾生物型酶的多态性进行研究, 发现各种群间 5 种酶的平均遗传相似性系数均在 0.99 以上, 不同生物型之间在遗传上显然十分接近^[16]。Shufron 和 Whalon 首次报道了利用 RAPD-PCR 技术对 3 个 IRRI 生物型 DNA 多态性的研究结果, 发现个体间差异较大, 同一生物型不能聚为一类, 尚没有明显的遗传分化^[17]。王桂荣等用类似的方法对分别饲养于 TN1、Mudgo 和 ASD7 上的 3 个褐飞虱种群进行了 DNA 多态性比较, 同样发现同一种群的不同个体之间变异较大, 且个体间呈连续分布, 无法将其明显分组, 再次明确不同致害性种群尚不存在明显的系谱分化^[18]。根据本文的研究结果可以推断同一致害性种群内存在多种基因型, 不同致害性种群群体的致害力之所以存在差异, 其原因很可能是不同致害性种群内基因型相似而致害基因的频率不同, 这种观点可解释上述酶及 DNA 的研究结果。今后可进一步测定不同致害性种群中致害基因的频率, 深入探讨褐飞虱生物型的形成原因以及治理褐飞虱的对策。

参考文献:

- Sogawa K. Biological and genetic nature of biotype populations of the brown planthopper *Nilaparvata lugens*. *Japan Agric Res Quar*, 1980, 14: 186-190.
- Sogawa K. Hybridization experiments on three biotype of the brown planthopper *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae) at the IRRI, the Philippines. *Appl Entomol Zool*, 1981, 16 (3): 193-199.
- Pathak P K, Heinrichs E A. Selection of biotype population 2 and 3 of *Nilaparvata lugens* by exposure to resistant rice varieties. *Environ Entomol*, 1982, 11: 85-90.
- Claridge M F, Hollander J D. The biotype concept and its appli-

- cation to insect pests of agriculture. *Crop Prot*, 1983, 2; 85—95.
- 5 Roderick G K. Genetics of host plant adaptation in delphacid planthoppers. In: Denno R F, Perfect T J. *Planthoppers; Their Ecology and Management*. New York; Chapman & Hall, 1994. 551—570.
 - 6 Jiang R C (姜人春), Lai F X (赖凤香), Wang G R (王桂荣). Genetic analysis of virulence of laboratory population of the brown planthopper *Nilaparvata lugens* (Homoptera; Delphacidae). *J Southeast Agric Univ* (西南农业大学学报), 1998, 20(5): 438—441. (in Chinese with English abstract)
 - 7 Wang G R (王桂荣), Lai F X (赖凤香), Fu Q (傅强), et al. Virulent shift in populations of *Nilaparvata lugens* (Homoptera; Delphacidae). *Chinese J Rice Sci* (中国水稻科学), 1999, 13(4): 229—232. (in Chinese with English abstract)
 - 8 Sezer M, Butlin R K. The genetic basis of the host plant adaptation in the brown planthopper (*Nilaparvata lugens*). *Heredity*, 1998, 80; 499—508.
 - 9 Tanaka K. Quantitative genetic analysis of biotype of the brown planthopper *Nilaparvata lugens*; heritability of virulence to resistant rice varieties. *Entomol Exp Appl*, 1999, 90; 279—287.
 - 10 Xiao Y F (肖英方), Gu Z Y (顾正远), Qiu G (邱光), et al. Studies on virulence variations and genetic model of biotype of brown planthopper (*Nilaparvata lugens*). *Jiangsu J Agric Sci* (江苏农业学报), 1997, 13(1): 14—17. (in Chinese with English abstract)
 - 11 Pathak Y D, Saxena R C, Heinrichs E A. Parafilm sachet for measuring honeydew excretion by *Nilaparvata lugens* on rice. *J Econ Entomol*, 1982, 73; 194—195.
 - 12 Mo H D (莫惠栋). *Statistics for Agricultural Tests* (农业试验统计). Shanghai; Shanghai Scientific and Technical publishers (上海科学技术出版社), 1992. (in Chinese)
 - 13 Cheng C H, Chang W L. Studies on varietal resistance to the brown planthopper in Taiwan. In: International Rice Research Institute. *Brown Planthopper; Threat to Rice Production in Asia*. Manila; International Rice Research Institute, 1979. 251—271.
 - 14 Xu X F (许晓凤), Cheng X N (程遐年), Zou Y D (邹运鼎). Analysis on RAPD of genome DNA in different BPH biotypes. *J Anhui Agric Univ* (安徽农业大学学报), 2000, 27(1): 5—8. (in Chinese with English abstract)
 - 15 Guan X J (关秀杰), Fu Q (傅强), Lai F X (赖凤香), et al. The DNA polymorphism of host-associated populations with different virulence *Nilaparvata lugens* (Stål). *Acta Entomol Sin* (昆虫学报), 2004, 47(2): 152—158. (in Chinese with English abstract)
 - 16 Saxena N C, Demayo C G, Barrion A A. Allozyme variation among biotype of the brown planthopper *Nilaparvata lugens* in the Philippines. *Biochem Genet*, 1991, 29(3-4): 115—123.
 - 17 Shufran K A, Whalon M E. Genetic analysis of brown planthopper biotypes using random amplified polymorphic DNA polymerase chain reaction (RAPD-PCR). *Insect Sci Appl*, 1995, 16(1): 27—33.
 - 18 Wang G R (王桂荣), Fan Y Y (樊叶杨), Zhuang J Y (庄杰云), et al. DNA-based genetic variation in rice brown planthopper *Nilaparvata lugens*. *Acta Entomol Sin* (昆虫学报), 2001, 44(1): 123—126. (in Chinese with English abstract)