

大豆抗烟粉虱的遗传分析

徐冉^{1,2}, 李伟², 张礼凤², 王彩洁², 齐波³, 邢邯¹

(1. 南京农业大学 大豆研究所, 国家大豆改良中心, 江苏 南京 210095; 2. 山东省农业科学院 作物研究所, 山东 济南 250100; 3. 山东省济宁市农业科学院, 山东 济宁 272100)

摘要: 利用高抗烟粉虱种质滑皮豆和高感种质齐黄 26, 组配滑皮豆 × 齐黄 26 杂交组合, 分别在山东济南、冠县构建了 F₁、F_{2,3} 遗传群体, 调查亲本、F₁ 群体和 F_{2,3} 群体各个家系单叶感染烟粉虱的平均数, 采用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传分离分析方法, 分析各遗传群体抗烟粉虱的遗传模式。结果表明: 大豆对烟粉虱抗性的遗传符合一对主基因 + 多基因的混合遗传模式, 主基因的遗传率较高, 分别为 61.86% 和 97.43%; 多基因的遗传率较低, 分别为 23.76% 和 0.88%; 而且不同地点的主基因和多基因遗传率差异较大。说明大豆抗烟粉虱既受主基因控制, 又存在多基因效应, 同时受环境因素影响。改良大豆品种对烟粉虱的抗性应重点利用主基因, 同时兼顾多基因的积累。

关键词: 大豆; 抗烟粉虱; 遗传

中图分类号: S565.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-9841(2009)06-0954-05

Analysis on the Inheritance of Resistance to Whitefly in Soybean

XU Ran^{1,2}, LI Wei², ZHANG Li-feng², WANG Cai-jie², QI Bo³, XING Han¹

(1. Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University, National Center for Soybean Improvement, Nanjing 210095, Jiangsu; 2. Crops Institute of Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, Shandong; 3. Jining Academy of Agricultural Sciences, Jining 272100, Shandong, China)

Abstract: Whitefly (*Bemisia tabaci* Genn) is one kind of agricultural pests with wide occurrence, severe harm, strong virulence in soybean around the world, and it is an effective way to breed resistant soybean varieties to control whitefly. The objective of this study was to reveal the inheritance of resistance to whitefly in soybean, and provide information for soybean breeding. The cross between Huapidou, a highly resistant variety and Qihuang 26, a highly susceptible variety, was made. F₁ and F_{2,3} populations were derived from this cross in Jinan and Guanxian. The mean of whitefly per leaflet (MWPL) of all the populations was identified. Genetic analysis was performed under the major gene + polygene mixed inheritance model in these populations. The results suggested that resistance of soybean to whitefly was controlled by one major gene and polygene, with the major gene inheritability of 61.86% and 97.43%, and polygene heritability of 23.76% and 0.88%, respectively, and the inheritance was affected by environment.

Key words: Soybean; Whitefly resistance; Inheritance

大豆是我国重要的粮食、油料、饲料、食品加工原料和化工原料, 在国民经济发展中具有重要的战略意义。大豆也是受烟粉虱危害最严重的作物之一^[1-5]。据调查, 大豆单叶感染烟粉虱虫数可达 267 头, 单株达 624 头之多^[1]。烟粉虱危害大豆造成减产 20% ~ 30%, 甚至绝产。该虫是近几年在世界范围内迅速发展起来的一种发生范围广、危害程度重、传毒能力强、防治难度大的主要农业害虫^[1-5], 其中被列为全球 100 种最危险入侵生物之

一的 B 型烟粉虱, 是有史以来被学术界冠以“超级害虫”称谓的唯一昆虫^[6]。国内外一些学者对烟粉虱的发生规律、危害情况、传播病毒、行为特性以及防治方法等进行了研究^[1-16]。烟粉虱由于具有迁飞能力强、体被蜡质、繁殖能力强、食性杂、易产生抗药性等生物学特性, 防治十分困难。所以选育抗烟粉虱的大豆品种是防治烟粉虱最经济、有效、环保的方法。现通过分析大豆对烟粉虱抗性的遗传模式, 为大豆抗烟粉虱育种研究提供参考。

收稿日期: 2009-05-18
基金项目: 国家科技支撑计划资助项目(2006BAD13B05); 山东省农业良种工程重大课题资助项目(2008LZ006-03)。
第一作者简介: 徐冉(1967-), 男, 副研究员, 博士, 研究方向为大豆遗传育种。E-mail: soybeanxu@yahoo.com.cn。
通讯作者: 邢邯, 教授。E-mail: hanx@njau.edu.cn。

1 材料与方法

1.1 材料与群体构建

利用高抗烟粉虱种质滑皮豆和高感种质齐黄 26 做亲本,组配滑皮豆 × 齐黄 26 杂交组合(组合代号为 RB2)。种植其杂交种子产生 F₁ 群体,单株收获 F₁ 群体,取 F₁ 单株的种子在海南单粒点播加代繁育,产生 F₂ 群体。单株收获 F₂ 群体,将每个 F₂ 单株的种子均匀混合后分成 2 份,分别在济南市山东省农业科学院试验农场和冠县常年发生烟粉虱比较严重的田间种植成株行,形成 F_{2:3} 家系群体。同时种植亲本滑皮豆、齐黄 26 及其 F₁ 群体。在济南试验点种植的材料和群体包括滑皮豆、齐黄 26、JRB2F₁、JRB2F_{2:3}。在冠县试验点种植的材料和群体包括滑皮豆、齐黄 26、LRB2F₁、LRB2F_{2:3}(表 1)。

表 1 研究所用材料

Table 1 Material and populations used in this study			
材料 Material	组合 Cross	株数或家系个数 Number of plants or lines	鉴定地点 Location
P ₁	滑皮豆	5	济南 Jinan
	Huapidou		冠县 Guanxian
P ₂	齐黄 26	5	济南 Jinan
	Qihuang 26		冠县 Guanxian
JRB2F ₁	P ₂ × P ₁	5	济南 Jinan
JRB2F _{2:3}	P ₂ × P ₁	174	济南 Jinan
LRB2F ₁	P ₂ × P ₁	5	冠县 Guanxian
LRB2F _{2:3}	P ₂ × P ₁	196	冠县 Guanxian

J- 济南试验点, L- 山东冠县试验点
J- Jinan, L- Shandong Proviene Guan County

1.2 方法

1.2.1 调查鉴定方法 参考徐冉提出的抗烟粉虱鉴定方法^[3],随机取 5 个 P₁、P₂、F₁ 植株,调查每个植株的主茎上所有三出复叶的中间小叶上烟粉虱若虫的数量。调查 F_{2:3} 家系群体时,每个家系随机取 5 株,调查方法与亲本调查方法相同。以单叶感染烟粉虱的平均数(MWPL)作为大豆抗烟粉虱的评价指标。

1.2.2 分析方法 利用 Windows Excel 2003 对所得数据进行次数分布分析。利用植物数量性状混合遗传模型主基因 + 多基因多世代联合分析软件^[17],计算出各种遗传模型的极大似然函数值。由模型的极大似然函数值计算出 AIC 值。AIC 值最小的模型为相对最佳模型。模型间 AIC 值差异不大时,可能有几个供选的相对最佳遗传模型。然后,根据似然

比函数(LRT)检验模型间的差异性,以及一组适合性检验,选择最佳遗传模型,并根据模型估计主基因和多基因的效应值及其方差等遗传参数。计算公式为:表型方差 = 家系平均数的方差;主基因方差 = 表型方差 - 分布方差($\sigma_{mg}^2 = \sigma_p^2 - \sigma^2$);多基因方差 = 表型方差 - 主基因方差 - 平均数的误差方差($\sigma_{pg}^2 = \sigma_p^2 - \sigma_{mg}^2 - \sigma_e^2$) = 分布方差 - 平均数的误差方差($\sigma_{pg}^2 = \sigma^2 - \sigma_e^2$) 主基因遗传率 = 主基因方差/表型方差($h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$);多基因遗传率 = 多基因方差/表型方差($\sigma_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$)。

2 结果与分析

2.1 JRB2F_{2:3} 群体抗烟粉虱的遗传分析

综合分析滑皮豆 × 齐黄 26 各世代在济南试验点感染烟粉虱的数量发现,滑皮豆单叶感染烟粉虱的平均数为 2.20 ± 0.29;齐黄 26 单叶感染烟粉虱的平均数为 22.84 ± 3.67;F₁ 单叶感染烟粉虱的平均数为 7.88 ± 0.25,介于双亲之间,略低于双亲平均值;F_{2:3} 家系群体单叶感染烟粉虱的平均数为 8.39 ± 0.38。由图 1 可见,JRB2F_{2:3} 群体单叶感染烟粉虱的平均数呈多峰连续分布,可能存在主效基因。

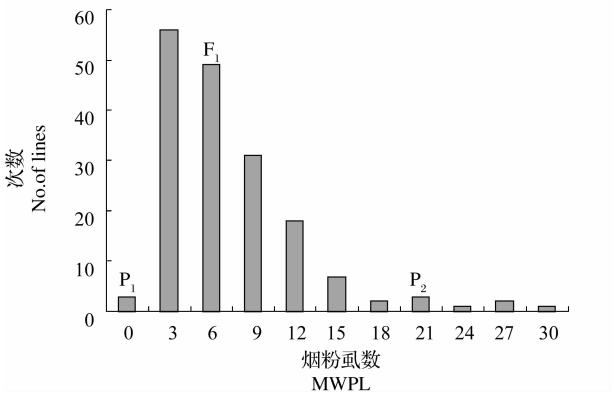


图 1 JRB2F 群体烟粉虱数的次数分布
Fig. 1 Frequency distribution of MWPL in JRB2F population

表 2 列出该群体由植物数量性状遗传分离分析方法计算出的 4 类 12 种遗传模型的极大似然函数值和 AIC 值。根据极大似然函数分析和 AIC 值,选定 C-0、D-0、D-1、D-4 等几个备选遗传模型。其中 D-4 模型的 AIC 值最小,为 1 116.7864;C-0、D-0、D-1 模型的 AIC 值分别为 1 128.9568、1 135.1255 和 1 133.6725。

表2 JRB2F_{2:3}群体抗烟粉虱性状不同遗传模型的
AIC值和极大似然函数值
Tbale 2 MLV and AIC values of variant genetic models
calculated with IECM method in JRB2 F_{2:3} population

模型 Model	极大似然函 数值 MLV	AIC 值 AIC	模型 Model	极大似然函 数值 MLV	AIC 值 AIC
A-1	-565.8399	1139.6798	D-0	-559.5627	1135.1255
A-2	-581.4391	1168.8783	D-1	-559.8362	1133.6725
A-3	-566.8372	1139.6743	D-2	-567.5356	1147.0713
A-4	-582.6373	1171.2745	D-3	-567.5337	1147.0674
C-0	-558.4784	1128.9568	D-4	-552.3932	1116.7864
C-1	-567.5325	1145.0651	E-0	-582.9918	1193.9835

MLV is the abbreviation of Max - likelihood - value.

表3 JRB2F_{2:3}群体抗烟粉虱入选遗传模型的适合性检验
Table 3 Tests for goodness-of-fit of genetic models for resistance to Whitefly in JRB2 F_{2:3} population

模型 Model	群体 Population	适合性参数 Parameter for goodness-of-fit				
		U ₁ ²	U ₂ ²	U ₃ ²	_n W ²	Dn
C-0	P ₁	0(0.99)	0.26(0.61)	4.03(0.04)	0.151(>0.05)	0.3422(>0.05)
	F ₁	0(0.10)	0.27(0.60)	4.48(0.03)	0.173(>0.05)	0.3813(>0.05)
	P ₂	0.18(0.67)	0.01(0.93)	1.67(0.20)	0.070(>0.05)	0.270(>0.05)
	F _{2:3}	2.80(0.09)	5.64(0.02)	9.10(0.00)	1.125(<0.01)	0.126(<0.05)
D-0	P ₁	0(0.99)	0.26(0.61)	4.03(0.04)	0.151(>0.05)	0.342(>0.05)
	F ₁	0(1.00)	0.27(0.60)	4.48(0.03)	0.173(>0.05)	0.381(>0.05)
	P ₂	0.18(0.67)	0.01(0.93)	1.67(0.20)	0.07(>0.05)	0.270(>0.05)
	F _{2:3}	0(0.98)	0.36(0.55)	6.15(0.01)	0.182(>0.05)	0.074(>0.05)
D-1	P ₁	0.28(0.60)	0.96(0.33)	3.53(0.06)	0.178(>0.05)	0.3473(>0.05)
	F ₁	0.12(0.73)	0.72(0.40)	4.31(0.04)	0.187(>0.05)	0.428(>0.05)
	P ₂	0.50(0.48)	0.10(0.75)	2.14(0.14)	0.109(>0.05)	0.301(>0.05)
	F _{2:3}	0.09(0.77)	0.12(0.73)	6.35(0.01)	0.189(>0.05)	0.080(>0.05)
D-4	P ₁	0.88(0.35)	0.24(0.63)	2.81(0.09)	0.243(>0.05)	0.4752(>0.05)
	F ₁	0.42(0.52)	0.02(0.89)	3.78(0.05)	0.218(>0.05)	0.415(>0.05)
	P ₂	0.02(0.88)	0.16(0.69)	0.99(0.32)	0.041(>0.05)	0.199(>0.05)
	F _{2:3}	1.44(0.23)	2.05(0.15)	1.16(0.28)	0.529(<0.05)	0.1179(<0.05)

表4 JRB2F_{2:3}群体抗烟粉虱最适遗传模型
各成分分布均值及权重
Table 4 Means and weights of component distributions of
selected model in JRB2 F_{2:3} population

参数 Parameter	成分分布 Component distribution		
	μ ₁	μ ₂	μ ₃
均值 M	20.733	8.839	4.874
权重 W	0.081	0.596	0.323

M = mean of component distribution; W = weight of component distribution.

2.2 LRB2F_{2:3}群体抗烟粉虱的遗传分析

该组合各世代在冠县试验点感染的烟粉虱数量分别为,滑皮豆 1.88 ± 0.12;齐黄 26 为 49.32 ± 1.45;F₁群体单叶感染烟粉虱的平均数为 15.28 ± 0.76,介于双亲之间,略低于双亲平均值;F_{2:3}家系单

对备选遗传模型进行适合性检验(表3),结果表明 C-0 有 6 个适合性检验结果差异显著,D-0 有 3 个差异显著,D-1 和 D-4 分别有 2 个差异显著。综合分析 AIC 值和适合性检验结果,在 JRB2F_{2:3}群体中 D-4 模型为最适遗传模型,即一对完全显性主基因 + 加性多基因混合遗传模型。

根据最适遗传模型各个成分分布的均值和权重(表4),用最小二乘法估计出各遗传参数。由表5可见 JRB2F_{2:3}群体中控制抗烟粉虱性状的主基因遗传率为 61.86%,多基因遗传率为 23.76%。

叶感染烟粉虱的平均数为 15.79 ± 1.21。由图2可以看出,LRB2F_{2:3}群体单叶感染烟粉虱的平均数呈多峰连续分布,可能存在主效基因。

表5 JRB2F_{2:3}群体抗烟粉虱最适遗传模型
遗传参数估计
Table 5 Estimates of genetic parameters of MWPL

JRB2F _{2:3} population			
一阶遗传参数 1 st order paramter	估计值 Estimate	二阶遗传参数 2 st order paramter	估计值 Estimate
<i>m</i>	12.803	σ _p ²	25.760
<i>d</i>	7.930	σ _e ²	3.707
		σ _{mg} ²	15.934
		σ _{pg} ²	6.119
		<i>h</i> _{mg} ² (%)	61.86
		<i>h</i> _{pg} ² (%)	23.76

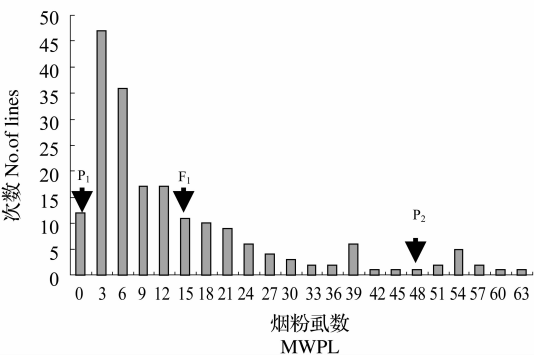


图2 LRB2F 群体烟粉虱数的次数分布
Fig.2 Frequency distribution of MWPL in LRB2F

由植物数量性状遗传分离分析方法计算出的4类12种遗传模型的极大似然函数值和AIC值表明。A-1、D-0、D-1等几个备选遗传模型的AIC值较小,分别为1 630.5379、1 599.6418和1 604.6272,可作为备选遗传模型(表6)。

对备选遗传模型进行适合性检验(表7),结果表明A-1模型有9个适合性检验结果差异显著,D-0和D-1分别有2个差异显著。综合分析AIC值和适合性检验结果,在LRB2F_{2:3}群体中D-0模型为最适遗传模型,即一对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型。

population					
表6 LRB2F _{2:3} 群体抗烟粉虱性状不同遗传模型的AIC值和极大似然函数值					
Tbale 6 MLV and AIC values of variant genetic models calculated with IECM method in LRB2 F _{2:3} population					
模型	极大似然函数值	AIC 值	模型	极大似然函数值	AIC 值
Model	MLV	AIC	Model	MLV	AIC
A-1	- 811. 2688	1630. 5379	D-0	- 791. 8209	1599. 6418
A-2	- 880. 8555	1767. 7109	D-1	- 795. 3136	1604. 6272
A-3	- 817. 4566	1640. 9132	D-2	- 857. 7492	1727. 4984
A-4	- 882. 4227	1770. 8453	D-3	- 863. 3221	1738. 6443
C-0	- 845. 7228	1703. 4456	D-4	- 817. 0077	1646. 0154
C-1	- 863. 3209	1736. 6417	E-0	- 848. 0833	1724. 1666

MLV is the abbreviation of Max - likelihood - value.

表7 LRB2F _{2:3} 群体抗烟粉虱入选遗传模型的适合性检验						
Table 7 Tests for goodness-of- fit of genetic models for resistance to Whitefly in LRB2F _{2:3} population						
模型	群体	适合性参数				
		Parameter for goodness-of- fit				
Model	Population	U ₁ ²	U ₂ ²	U ₃ ²	_n W ²	Dn
A-1	P ₁	4. 12(0. 04)	4. 30(0. 04)	0. 17(0. 67)	0. 719(<0. 05)	0. 741(>0. 05)
	F ₁	3. 72(0. 05)	3. 06(0. 08)	0. 23(0. 63)	0. 555(<0. 05)	0. 662(>0. 05)
	P ₂	9. 07(0)	5. 49(0. 02)	5. 24(0. 02)	0. 968(<0. 01)	0. 726(>0. 05)
	F _{2:3}	0. 91(0. 34)	2. 06(0. 15)	4. 17(0. 04)	0. 386(>0. 05)	0. 092(>0. 05)
D-0	P ₁	0(1. 00)	0. 37(0. 55)	5. 87(0. 02)	0. 289(>0. 05)	0. 430(>0. 05)
	F ₁	0. 01(0. 93)	0. 12(0. 73)	1. 03(0. 31)	0. 067(>0. 05)	0. 274(>0. 05)
	P ₂	0. 06(0. 80)	0. 42(0. 51)	2. 82(0. 09)	0. 100(>0. 05)	0. 325(>0. 05)
	F _{2:3}	0(0. 98)	0. 30(0. 58)	5. 23(0. 02)	0. 220(>0. 05)	0. 074(>0. 05)
D-1	P ₁	1. 09(0. 30)	2. 20(0. 14)	3. 59(0. 06)	0. 392(>0. 05)	0. 571(>0. 05)
	F ₁	0. 46(0. 50)	0. 74(0. 39)	0. 68(0. 41)	0. 117(>0. 05)	0. 367(>0. 05)
	P ₂	0. 11(0. 74)	0(1. 00)	1. 57(0. 21)	0. 076(>0. 05)	0. 285(>0. 05)
	F _{2:3}	1. 87(0. 17)	0. 35(0. 55)	8. 46(0)	0. 401(>0. 05)	0. 110(<0. 05)

根据最适遗传模型各个成分分布的均值和权重(表8),用最小二乘法估计出各遗传参数,由表9可见LRB2F_{2:3}群体中控制抗烟粉虱性状的主基因加性效应为26.000,显性效应为-30.417,主基因遗传率为97.43%,多基因遗传率为0.88%。

3 讨论

3.1 大豆抗烟粉虱受主基因和多基因共同控制

对2个遗传群体抗烟粉虱遗传模型的分析结果

表8 LRB2F_{2:3}群体抗烟粉虱最适遗传模型
各成分分布均值及权重

Table 8 Means and weights of component distributions of selected model in LRB2F _{2:3} population			
参数	成分分布		
	Component distribution		
Parameter	μ ₁	μ ₂	μ ₃
均值 M	57. 229	16. 021	5. 229
权重 W	0. 059	0. 548	0. 393

M = mean of component distribution; W = weight of component distribution.

表9 LRB2F_{2:3}群体抗烟粉虱最适遗传模型的
遗传参数估计

Table 9 Estimates of genetic parameters of MWPL
in LRB3F_{2:3} population

一阶遗传参数	估计值	二阶遗传参数	估计值
1 st order paramter	Estimate	2 st order paramter	Estimate
<i>m</i>	31. 229	σ_p^2	242. 075
<i>d</i>	26. 000	σ_e^2	4. 085
<i>h</i>	- 30. 417	σ_{mg}^2	235. 863
		σ_{pg}^2	2. 127
		h_{mg}^2 (%)	97. 43
		h_{pg}^2 (%)	0. 88

表明,大豆对烟粉虱抗性的遗传分别符合一对完全显性主基因 + 加性多基因混合遗传模型和一对加性 - 显性主基因 + 加性 - 显性 - 上位性多基因混合遗传模型。这说明大豆对烟粉虱的抗性既存在主基因效应,又有多基因效应。由于不同基因在不同环境条件下遗传效应大小不同,故表现出大同小异的遗传模式。改良大豆品种对烟粉虱的抗性重在利用主基因,同时兼顾多基因的积累。

3.2 大豆抗烟粉虱的遗传受环境因素影响

源自同一组合的 2 个遗传群体,在济南和冠县试验点的主基因遗传率差异较大,分别为 61. 86% 和 97. 43%, 多基因遗传率分别为 23. 76% 和 0. 88%。这说明大豆对烟粉虱抗性的遗传受环境因素影响较大。

参考文献

[1] 徐冉,张礼凤,王彩洁,等. 抗烟粉虱大豆种质资源筛选和抗性机制初探[J]. 植物遗传资源学报,2005,6(1):56-62. (Xu R, Zhang L F, Wand C J, et al. Screening of soybean germplasm resistant to Whitefly and the resistant mechanism[J]. Journal of Plant Genetic Resources,2005,6(1):56-62.)

[2] 徐冉,李伟,王彩洁,等. 大豆抗烟粉虱的鉴定体系研究[J]. 作物学报,2009,35(3):438-444. (Xu R, Li W, Wand C J, et al. Identification system of resistance to Whitefly in soybean[J]. Acta Agronomica Sinica,2009,35(3):438-444.)

[3] 徐冉,李伟,张礼凤,等. 大豆抗烟粉虱[Bemisia tabaci Gennadi-us] 与农艺品质性状的关系[J]. 中国农业科学,2009,42(4):1252-1257. (Xu R, Li W, Zhang L F, et al. Relationship between resistance to Whitefly[Bemisia tabaci Gennadius] and agronomic, quality traits of soybean[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2009, 42 (4):1252-1257.)

[4] 林克剑,吴孔明,魏洪义,等. 烟粉虱在不同寄主作物上的种群动态及化学防治[J]. 昆虫知识,2002,39(4):284-288. (Lin K

J, Wu K M, Wei H Y, et al. Population dynamics of bemisia tobaci on different host plants and its chemical control[J]. Entomological Knowledge,2002,39(4):284-288.)

[5] 张礼凤,徐冉,王彩洁,等. 烟粉虱若虫在夏大豆植株上分布的研究[J]. 大豆科学,2006,25(2):188-191. (Zhang L F, Xu R, Wang C J, et al. Study on the distribution of Whitefly nymphs on summer soybean plants[J]. Soybean Science,2006,25(2):188-191.)

[6] Liu S S, De Barro P J, Xu J, et al. Asymmetric mating interactions drive wide spread invasion and displacement in a Whitefly[J]. Science Express,2007,10:1126-1131.

[7] Yin Q, Yang H, Gong Q, et al. Tomato yellow leaf curl China virus: monopartite genome organization and agro infection of plants[J]. Virus Research,2001,81(2):69-76.

[8] Percy R G. Registration of PS- 6ne. , PS- 6L, PS- 6neL. , P62ne, P62L. and P62neL. extra- long staple cotton germplasm [J]. Crop Science,2001,41:602-603.

[9] De Barro P J, Hart P J. Mating interactions between two biotypes of the whitefly, Bemisia tabaci (Hemiptera: Aleyrodidae) in Australia [J]. Bulletin of Entomological Research,2000,90(2):103-112.

[10] Lambert A L, Mepherson R M, Herzog G A. Field evaluation of fourteen soybean genotypes for resistance to Whitefly(Homoptera: Aleyrodidae) infestations [J]. Journal of Economic Entomology, 1997,90(2):658-662.

[11] Antonio C S Lima, Fernando M Lara, Jose C Barbosa. Oviposition preference of Bemisia tabaci (Genn.) B biotype (Hemiptera: Aleyrodidae) on soybean genotypes, in field conditions[J]. Neotropical Entomology,2002,31(2):297-303.

[12] Perez C J, Alvarado P, Narvúez C, et al. Assessment of insecticide resistance in five insect pests attacking field and vegetable crops in Nicaragua[J]. Journal of Economic Entomology, 2000, 93 (6) : 1779-1787.

[13] Palumbo J C, Toscano N C, Blua M J, et al. Impact of bemisic Whiteflies (Homoptera: Aleyrodidae) on alfalfa growth, forage yield, and quality [J]. Journal of Economic Entomology, 2000, 93 (6) :1688-1694.

[14] Smith C W. Registration of TAM88G- 104 high- yielding upland cotton germplasm[J]. Crop Science,2001,41:1369-1370.

[15] Smith C W. Registration of TAM90C-19s and TAM90J-57s silver- leaf Whitefly resistant upland cotton germplasm[J]. Crop Science, 2001,41:1372-1373.

[16] Giulian Ettore Do Valle, Andre L Lourencao. Resistance of soybean genotypes to Bemisia tabaci (Genn.) biotype B (Hemiptera: Aleyro- didae) [J]. Neotropical Entomology,2002,31(2):285-295.

[17] 盖钧铭,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社,2003(Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. Genetic sys- tem of quantitative traits in plants[M]. Beijing: Science Press, 2003.)