

马露露, 江定心. 白纹伊蚊四氟甲醚菊酯抗性品系室内筛选及抗性遗传分析[J]. 华中农业大学学报, 2025, 44(4): 174-180.  
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2025.04.017

# 白纹伊蚊四氟甲醚菊酯抗性品系室内筛选及抗性遗传分析

马露露, 江定心

华南农业大学植物保护学院/绿色农药全国重点实验室/天然农药与化学生物学教育部重点实验室, 广州 510642

**摘要** 为明确四氟甲醚菊酯抗性白纹伊蚊(*Aedes albopictus*)品系的抗药性水平, 选择四氟甲醚菊酯抗性品系, 进行杂交和回交试验, 确定四氟甲醚菊酯抗性白纹伊蚊种群的显性度( $D$ )、细胞质影响因子和遗传基因。结果显示, FRS种群的抗性基因频率与抗性品系白纹伊蚊接近, FSR种群的敏感性高; FRS种群和FSR种群之间不交叠, 分属2个不同的区间, 2个杂交种群之间差异显著; 4组回交后代BC1(FSR♀×SS♂)、BC2(FRS♀×SS♂)、BC3(FSR♀×RR♂)以及BC4(FRS♀×RR♂)的实际与期望剂量对数-死亡率(LD-P)曲线之间有差别, 实际卡方值( $\chi^2$ )明显大于期望卡方值。研究结果表明, 白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的抗性遗传为多基因控制的母系遗传, 这种遗传方式将使白纹伊蚊抗性种群迅速发展。在使用四氟甲醚菊酯防治白纹伊蚊时, 为达到好的杀虫效果, 且尽量避免害虫产生抗药性, 就需要注意可能会带来不利影响的多个因素, 如用药剂量、杀虫剂使用方法以及用药周期等, 不同蚊虫对不同药剂产生的抗药性的遗传方式可能不同, 因此在研制药剂以及用药时也要注意。

**关键词** 白纹伊蚊; 四氟甲醚菊酯; 抗性筛选; 抗药性遗传; 母系效应; 抗性机制

**中图分类号** R184.31 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2025)04-0174-07

白纹伊蚊(*Aedes albopictus*), 又称亚洲虎蚊, 属于双翅目蚊科(Culicidae), 伊蚊属(*Aedes*), 在登革热传播中起着主要媒介的作用。登革热在热带及亚热带地区更容易出现, 自20世纪90年代以来, 广州报告了超过30 000例登革热病例, 且大多数登革热病例出现在广州市区<sup>[1]</sup>。由于缺乏有效的预防及治疗措施, 我国登革热防控形势日趋严峻<sup>[2]</sup>。使用杀虫剂降低蚊媒的种群密度仍然是目前控制登革热最有效的方法, 由于长期大量使用杀虫剂, 白纹伊蚊已经对不同种类杀虫剂产生不同程度抗性<sup>[3]</sup>。

拟除虫菊酯类杀虫剂是一种有机合成杀虫剂, 它以昆虫电压门控钠通道为靶标位点, 有高效、低毒、残留量少等特点, 可用于防治多种农业害虫。一些种类的杀虫剂已经出现了抗药性方面的问题, 拟除虫菊酯类杀虫剂也不例外<sup>[4]</sup>。有研究表明, 长期接触杀虫剂, 会出现不同程度的抗药性, 例如, 使用高效氯氰菊酯选育白纹伊蚊13代, 抗药性倍数达258

倍<sup>[5]</sup>, 使用溴氰菊酯在室内选育白纹伊蚊17代后, 抗性倍数达36.7倍<sup>[6]</sup>。而蚊虫的抗药性是可以遗传的, 杀虫剂抗性属于一种进化现象, 进行遗传分析有助于对抗性机制的研究。抗性遗传分析主要包括遗传的显隐性分析、单基因或多基因遗传分析、细胞质遗传或细胞核遗传分析等。四氟甲醚菊酯作为一种新型的拟除虫菊酯类杀虫剂, 是蚊香中的有效成分, 大多数蚊香产品中使用老式的右旋反式烯丙菊酯和丙炔菊酯, 但由于长期使用已造成蚊虫抗药性增强。本研究以白纹伊蚊为实验对象, 分析白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的抗性水平、抗药性发展状况以及遗传方式, 以期更深入了解抗性发展状况, 为治理蚊虫抗药性提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试药剂

四氟甲醚菊酯(95%)由日本住友化学株式会社

收稿日期: 2024-03-08

基金项目: 国家自然科学基金项目(32372576); 广东省基础与应用基础研究基金项目(2021A1515011277)

马露露, E-mail: 2065905621@qq.com

通信作者: 江定心, E-mail: dxj2005@scau.edu.cn

提供。

## 1.2 供试昆虫

1)敏感品系白纹伊蚊(SS)。引种于广东省疾病预防控制中心(引种时间:2016年),在饲养室内饲养传代,饲养期间不接触任何药剂,保证其敏感性。

2)抗性品系白纹伊蚊(RR)。野外田间采集白纹伊蚊幼虫,在养虫室内饲养为成虫,以此作为野外品系白纹伊蚊的第1代,用四氟甲醚菊酯对其进行药效测试(药效测试方法:收集羽化后3~5 d未吸血的雌性成蚊放入蚊笼内,以丙酮为溶剂,将质量浓度为1  $\mu\text{g}/\text{mL}$ 的供试药剂均匀涂于玻璃培养皿中的白色矩形纱网上,待溶剂挥发后,使用药效测试手套,将经过处理的网固定在皮肤上方1.5 mm处),收集未被击倒的雌性白纹伊蚊成蚊,再与田间采集的雄性白纹伊蚊成蚊进行交配,繁育出F1代白纹伊蚊成蚊,之后以四氟甲醚菊酯50%致死剂量为标准处理每代幼虫,以保证其抗药性稳定存在。

3)供试昆虫收集。在烧杯中加入静置24 h的清水,将蛹期白纹伊蚊放入烧杯中,每隔0.5 h观察1次是否有成蚊羽化出,将羽化的成蚊用吸蚊器吸出,观察雌雄,如果只有雌蚊羽化出,将这批雌蚊收集作为要进行正反交的蚊虫,如果羽化出的蚊虫中既有雌蚊又有雄蚊,那么将该批蚊虫全部移入另1个蚊笼中,不再收集。按照上述方法收集100头未交配的敏感白纹伊蚊雌蚊。

## 1.3 杂交与回交

1)杂交。将收集的雌蚊和100头抗性品系雄蚊进行杂交,记作正交1组(FSR),将这200头白蚊放入蚊笼内3 d后,对其进行吸血繁殖,产生子一代。以同样的方法,将100头未交配的野外抗性品系雌蚊与100头敏感品系雄蚊放入同一蚊笼内进行交配,记作反交2组(FRS)。敏感品系雌蚊与抗性品系雄蚊杂交后代记为FSR;敏感品系雄蚊与抗性品系雌蚊杂交后代记为FRS。

2)回交。将2组杂交产生的子一代雌蚊与父本进行回交,即FSR子一代雌蚊与敏感品系雄蚊回交、FSR子一代雌蚊与抗性品系雄蚊回交、FRS子一代雌蚊与敏感品系雄蚊回交、FRS子一代雌蚊与抗性品系雄蚊回交。每组回交雌雄蚊各100头。FSR组杂交后代雌蚊与敏感品系雄蚊回交后代记作BC1;FRS组杂交后代雌蚊与敏感品系雄蚊回交后代记作BC2;FSR组杂交后代雌蚊与抗性品系雄蚊回交后代记作BC3;FRS组杂交后代雌蚊与抗性品系雄蚊

回交后代记作BC4。

## 1.4 抗药性检测

1)生物活性测定。使用微量点滴器在白纹伊蚊成蚊的前胸背板位置进行药剂点滴,以丙酮为溶剂,将四氟甲醚菊酯稀释成至少5个浓度梯度,每个浓度至少做3次重复,每个重复10头白纹伊蚊,对照组使用丙酮进行点滴,试验组的死亡率要在5%~95%,对照组的死亡率要小于5%。进行点滴前,将锥形瓶放入冰盒中,吸取白纹伊蚊成蚊于锥形瓶内冰晕,1 min后倒入培养皿,置于冰上,保持白纹伊蚊侧趴在培养皿中,点滴结束后使蚊虫在培养皿中静置1 min再转移至650 mL的生测盒(预先将蘸有10%葡萄糖溶液的棉花球放入生测盒)中,目的是让丙酮挥发,把生测盒放在养虫室,与正常饲养的蚊虫保持同样的生存条件,24 h后统计死亡虫数。由于敏感性种群与抗药性种群对药剂的适应性不同,所以对不同种群采用不同的浓度梯度进行生物活性测定,分别对敏感品系白蚊伊蚊、抗性品系白蚊伊蚊、2组杂交子一代、4组回交子一代的雌雄蚊分别进行抗药性测定。

2)数据处理。3次重复实验取平均值,对照组死亡率低于5%表明测定结果有效,用SPSS统计学软件计算各种群的 $\text{LC}_{50}$ 值、95%置信区间、卡方值以及毒力方程等,使用公式(抗性倍数=抗性品系白纹伊蚊 $\text{LC}_{50}$ /敏感品系白纹伊蚊 $\text{LC}_{50}$ )计算各抗药性种群的抗性大小。

3)抗药性水平分析。依据抗性倍数对8个种群进行划分:抗性倍数 $>20$ ,为高水平抗性;抗性倍数10~20,为中等抗性;抗性倍数2~10,为低水平抗性;抗性倍数 $<2$ ,为敏感<sup>[7]</sup>。

## 1.5 显性度测定

通常使用显性度( $D$ )来判定抗药性遗传的显隐性,本研究中判断白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的抗药性遗传的显隐性参照文献[8]提出的计算公式:

$$D = \frac{2X_2 - X_1 - X_3}{X_1 - X_3}$$

$X_1$ 、 $X_2$ 、 $X_3$ 分别代表野外抗性品系白纹伊蚊、正交或反交子一代白纹伊蚊和敏感品系白纹伊蚊的 $\text{LC}_{50}$ 对数值。 $D=1$ 时抗性基因遗传为完全显性遗传; $0<D<1$ 时抗性基因遗传为不完全显性遗传; $-1<D<0$ 时抗性基因遗传为不完全隐性遗传; $D=-1$ 时抗性基因遗传为完全隐性遗传。

1.6 母系遗传分析

对抗性遗传是否存在母系效应的判断参照武予清等<sup>[9]</sup>。

显性度方差分析公式如下：

$$V_{ar}(D)=\frac{4}{(X_1-X_3)^2}\left[V_{ar}(X_2)+\frac{(X_2-X_3)^2}{(X_1-X_3)^2}V_{ar}(X_1)+\frac{(X_2-X_1)^2}{(X_1-X_3)^2}V_{ar}(X_3)\right]$$

$X_1$ 、 $X_2$ 、 $X_3$ 分别代表野外抗性品系白纹伊蚊、正交或反交子一代白纹伊蚊和敏感品系白纹伊蚊的  $LC_{50}$ 对数值。

若 2 个杂交种群后代  $V_{ar}(D)$  值存在显著差异，则推断抗性遗传可能存在母系效应，若差异不显著，说明其产生的抗性为染色体遗传、不存在母系效应。

1.7 单基因遗传与多基因遗传的判定

依据单基因遗传期望假设（孟德尔），计算各剂量处理下 4 组回交后代的相应频率。使用以下公式<sup>[10]</sup>完成：

$$BC1(FSR\text{♀}\times SS\text{♂}),X_v=W(FSR)\times 0.5+W(SS)\times 0.5$$

$$BC2(FRS\text{♀}\times SS\text{♂}),X_v=W(FRS)\times 0.5+W(SS)\times 0.5$$

$$BC3(FSR\text{♀}\times RR\text{♂}),X_v=W(FSR)\times 0.5+W(RR)\times 0.5$$

$$BC4(FRS\text{♀}\times RR\text{♂}),X_v=W(FRS)\times 0.5+W(RR)\times 0.5$$

从各个种群的 LD-P（实际与期望剂量对数-死

亡率）线中可以获取上述公式中的  $W$  值以及  $XV$  值， $W$  表示 SS、RR、杂交 FSR 和 FRS 种群在对应浓度下的死亡率值， $XV$  表示一定浓度下回交后代的期望死亡率值。从以上数值可以得到 4 组回交后代剂量-期望反应曲线（即不同剂量处理下，回交后代的期望死亡率图）。

卡方检验公式<sup>[11]</sup>如下：

$$\chi^2=\sum_{i=1}^r\frac{(F-pn)^2}{pn}$$

本研究中使用卡方检验（ $\chi^2$ -test）公式来检测回交子一代实际剂量-反应和剂量-期望反应之间的差异。 $r$  表示剂量的组数（在本试验中  $r=5$ ）， $F$  表示某个剂量下的实际死亡率值， $n$  表示该剂量下总的试验虫数（30 头）， $p$  表示该剂量下的期望死亡率值， $q=1-p$ 。若回交后代的实际  $\chi^2$  值与期望  $\chi^2$  值无显著差异，则为单基因遗传；若两者间存在差异，为多基因遗传。

2 结果与分析

2.1 白纹伊蚊四氟甲醚菊酯抗性品系的筛选

白纹伊蚊四氟甲醚菊酯抗性品系的选育结果见表 1。选择亚致死剂量 0.04  $\mu\text{g}/\text{mL}$  作为选育的初始浓度，每一代筛选所用药剂质量浓度均使白纹伊蚊的 24 h 死亡率控制在 55.36%~85.47%，经过 12 代选育，选育最高质量浓度为 1.00  $\mu\text{g}/\text{mL}$ ，白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的  $LC_{50}$  值由  $5.650\times 10^{-4}$   $\mu\text{g}/\text{头}$  提高至  $1.266\times 10^{-2}$   $\mu\text{g}/\text{头}$ ，抗性倍数为 22.41。

表 1 白纹伊蚊四氟甲醚菊酯抗性品系的筛选

Table 1 Screening of dimefluthrin-resistant strains of *Aedes albopictus*

选育代数 Selection generation	药剂质量浓度/ $(\mu\text{g}/\text{mL})$ Deltamethrin concentration	浓度提高倍数 Increased times of deltamethrin concentration	24 h 死亡率/% Mortality after 24 h treatment
$F_s$	0.04	1.00	59.24~78.62
$F_3$	0.25	6.25	61.33~80.71
$F_6$	0.50	12.50	60.94~79.22
$F_9$	0.75	18.75	58.89~81.54
$F_{12}$	1.00	25.00	57.65~76.38

注： $F_s$ 为要进行抗性筛选所收集的白纹伊蚊， $F_n$ 为白纹伊蚊四氟甲醚菊酯连续选育的抗性品系， $n$ 为选育代数（ $n=3,6,9,12$ ）。Note： $F_s$  is *Aedes albopictus* collected for resistance screening； $F_n$  is a resistant strain of *Aedes albopictus* continuously bred by dimefluthrin； $n$  stands for breeding algebra（ $n=3,6,9,12$ ）。

2.2 白纹伊蚊各种群抗药性测定

对白纹伊蚊各种群的抗药性测定结果见表 2。结果显示，在 2 组杂交后代和 4 组回交后代中，FSR 组杂交后代、BC1 组回交后代、BC3 组回交后代的致死中浓度  $LC_{50}$  值分别为  $6.790\times 10^{-4}$ 、 $1.878\times$

$10^{-3}$ 、 $1.267\times 10^{-3}$   $\mu\text{g}/\text{头}$ ，抗性倍数分别为 0.68、1.89、1.27，均表现为敏感；而 FRS 组杂交后代、BC2 组回交后代、BC4 组回交后代的致死中浓度  $LC_{50}$  值分别为  $1.564\times 10^{-2}$ 、 $1.308\times 10^{-2}$ 、 $1.131\times 10^{-2}$   $\mu\text{g}/\text{头}$ ，抗性倍数分别为 15.70、13.13、11.36，均

表现为中等抗性。数据表明 FRS 组杂交后代、BC2 组回交后代、BC4 组回交后代具有不同程度的抗药性,但抗性水平略低于抗性品系白纹伊蚊。图 1 中 4 个种群的 LD-P 线显示,敏感品系雌蚊与抗性品系雄蚊杂交后代 FSR 种群的毒力回归曲线趋于敏感品系白纹伊蚊,而亲本杂交后代 FRS 种群的毒力回归线高度趋于抗性品系白纹伊蚊,进一步说明 FRS 种群的抗性基因频率与抗性品系白纹伊蚊接近、FSR 种群的敏感性强。

表 2 白纹伊蚊各种群生物活性  
Table 2 Toxicity determination of different strains of *Aedes albopictus*

品系 Strain	LC <sub>50</sub> /(μg/头)	回归方程 LC-P equation	卡方 χ <sup>2</sup>	自由度 df	抗性倍数 Resistance index
SS	9.960×10 <sup>-4</sup>	y=1.270+0.423x	10.922	13	—
RR	1.995×10 <sup>-2</sup>	y=4.560+2.682x	11.732	13	20.03
FSR(SS♀×RR♂)	6.790×10 <sup>-4</sup>	y=4.405+1.390x	23.717	13	0.68
FRS(RR♀×SS♂)	1.564×10 <sup>-2</sup>	y=6.278+3.476x	13.762	13	15.70
BC1(FSR♀×SS♂)	1.878×10 <sup>-3</sup>	y=3.708+1.360x	23.192	13	1.89
BC2(FRS♀×SS♂)	1.308×10 <sup>-2</sup>	y=7.234+3.841x	21.627	13	13.13
BC3(FSR♀×RR♂)	1.267×10 <sup>-3</sup>	y=3.944+1.361x	32.721	13	1.27
BC4(FRS♀×RR♂)	1.131×10 <sup>-2</sup>	y=8.323+4.276x	11.025	13	11.36

注:LC<sub>50</sub>表示致死中浓度值;回归方程中y表示死亡几率值;x表示药剂剂量对数值。Note:LC<sub>50</sub> represents the value of median lethal concentration;. In the regression equation, y represents the mortality probability value, and x represents the value of dosage logarithm of insecticide.

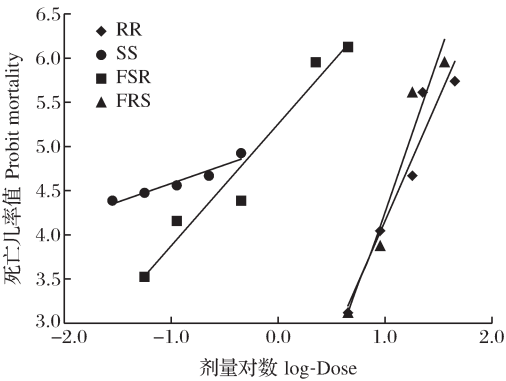


图 1 白纹伊蚊亲本敏感品系 SS、野外抗性品系 RR 和亲本杂交后代 FSR、FRS 的 LD-P 线

Fig. 1 LD-P lines of SS, RR and hybridization FSR, FRS in *Aedes albopictus*

2.3 显性度分析

对种群进行抗药性遗传的显隐性分析,依据显性度测定公式计算得 FRS 种群的显性度  $D$  值为 0.545,在  $0 < D < 1$  范围内,但 FSR 种群的  $D$  值为  $-1.033$ ,不在  $0 < D < 1$  范围内。

2.4 母系遗传分析

在杂交的 2 个种群中,FRS 种群的显性度( $D$ )值为 0.545,FSR 种群的  $D$  值为  $-1.033$ ,2 个种群  $D$  值存在明显差异,表明抗性基因遗传为细胞质遗传或存在母系效应。显性度方差分析公式计算结果显

示,  $V_{ar}(D_{SR})$  值为  $8.300\ 6 \times 10^{-4}$ ,  $V_{ar}(D_{RS})$  值为 0.282 9,2 个  $V_{ar}(D)$  值也存在明显差异,而  $SE = \sqrt{V_{ar}(D)}$ ,计算得 SESR 值为 0.029, SERS 值为 0.532。根据  $D \pm 2SE$  计算得到  $D$  值的 95% 置信限,计算得 FRS 种群的显性度 95% 置信限在  $-0.519 \sim 1.609$ ,FSR 种群在  $-1.091 \sim -0.975$ ,结果显示 2 组杂交后代之间的显性度 95% 置信限没有重叠,说明 FRS 和 FSR 2 组杂交后代之间存在显著性差异,证明抗性基因遗传存在母系效应。

2.5 单基因或多基因遗传的确定

图 2~图 5 为白纹伊蚊亲本敏感品系 SS、抗性品系 RR 和 4 组回交后代剂量实际、期望反应 LD-P 线,由图可以看出,BC1(FSR♀×SS♂)、BC2(FRS♀×SS♂)、BC3(FSR♀×RR♂)以及 BC4(FRS♀×RR♂)4 组回交后代的实际与期望曲线(BC 和 BC-E)之间均有明显分散,说明实际与期望 LD-P 反应曲线之间有差别,因此初步判断白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的抗药性遗传表现为多基因遗传。又通过计算实际观测卡方值( $\chi^2$ )与期望卡方值(计算结果见表 3),发现实际卡方值( $\chi^2$ )明显大于期望卡方值,由此进一步证明白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的抗药性遗传由多基因控制。

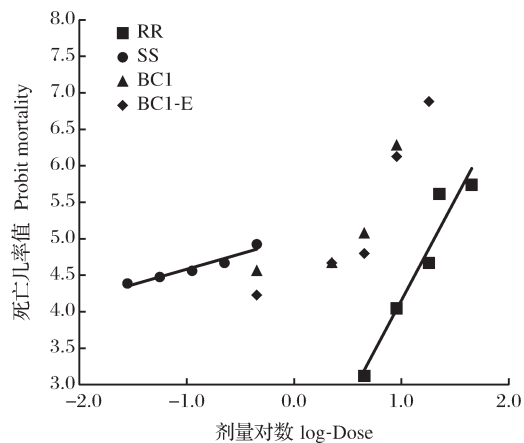


图2 敏感和抗性品系的LD-P线以及BC1组回交后代的实际剂量反应曲线(BC1)和期望剂量反应曲线(BC1-E)

Fig. 2 LD-P lines of sensitive and resistant strain, and actual dose response curve (BC1) and expected dose response curve (BC1-E) of backcross progeny

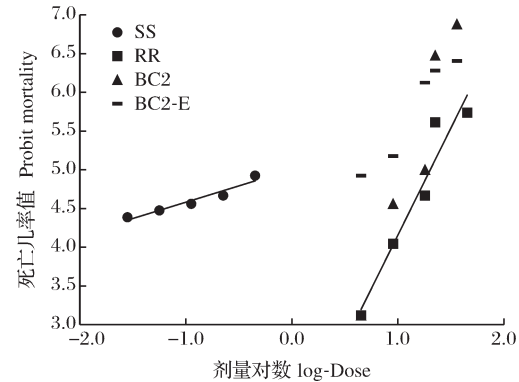


图3 敏感和抗性品系的LD-P线以及BC2组回交后代的实际剂量反应曲线(BC2)和期望剂量反应曲线(BC2-E)

Fig. 3 LD-P lines of sensitive and resistant strain, and actual dose response curve (BC2) and expected dose response curve (BC2-E) of backcross progeny

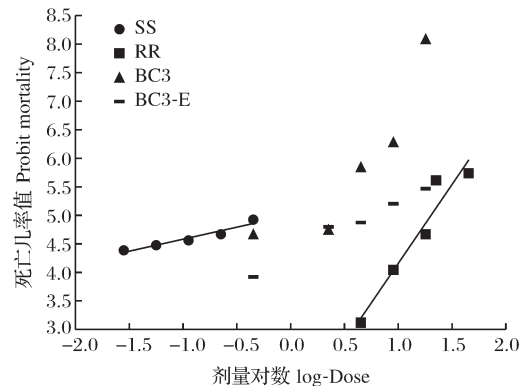


图4 敏感和抗性品系的LD-P线以及BC3组回交后代的实际剂量反应曲线(BC3)和期望剂量反应曲线(BC3-E)

Fig. 4 LD-P lines of sensitive and resistant strain, and actual dose response curve (BC3) and expected dose response curve (BC3-E) of backcross progeny

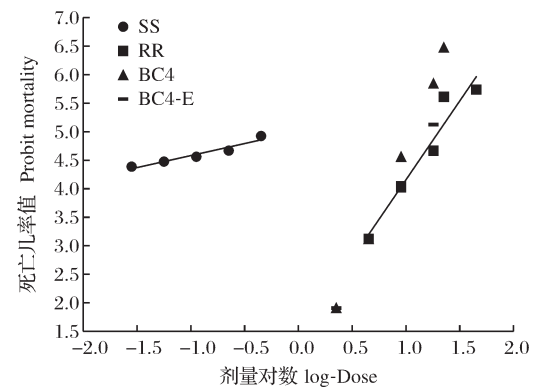


图5 敏感和抗性品系的LD-P线以及BC4组回交后代的实际剂量反应曲线(BC4)和期望剂量反应曲线(BC4-E)

Fig. 5 LD-P lines of sensitive and resistant strain, and actual dose response curve (BC4) and expected dose response curve (BC4-E) of backcross progeny

表3 回交后代卡方检验结果

Table 3 The chi-square ( $\chi^2$ ) test results of backcross offspring

回交组别 Backcross groups	期望卡方值( $\chi^2$ ) Anticipant $\chi^2$	实际卡方值( $\chi^2$ ) Actual $\chi^2$	自由度 df
BC1(FRS♀×SS♂)	0.20	23.19*	13
BC2(FRS♀×SS♂)	0.20	21.63*	13
BC3(FRS♀×RR♂)	0.20	32.72*	13
BC4(FRS♀×RR♂)	0.20	11.03*	13

注: \*表示在 0.05 水平差异显著( $t$ -检验)。Note: \*means that there is significant difference at the level of 0.05( $t$ -test).

### 3 讨论

本研究中抗性品系白纹伊蚊抗药性是敏感品系白纹伊蚊的 20.03 倍,进行正反交试验得到 2 组杂交后代,其中 FRS 种群的抗性基因频率与抗性品系白纹伊蚊接近,抗药性是敏感品系白纹伊蚊的 15.70 倍,表现为中等抗性;而 FSR 种群抗药性仅为敏感品系白纹伊蚊的 0.68 倍,表现为敏感。而后进行的回交试验进一步验证了这一母系遗传现象。目前,在国内外没有关于白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的抗性遗传方式研究,而其他蚊虫对拟除虫菊酯类杀虫剂的抗性遗传方式研究的报道也较少,如致倦库蚊对氯菊酯的抗性表现为常染色体遗传、多基因遗传<sup>[12]</sup>。

线粒体 DNA(mtDNA)被认为属于典型的母系遗传,由卵细胞传递给后代<sup>[13]</sup>,本研究验证了白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯的抗药性只能通过抗性种群的母本遗传给下一代,而父本具有的抗药性不能遗传给后代。线粒体 DNA 是一种有意义的遗传标记,已经报道过线粒体基因组与杀虫剂抗性有关,而线粒体中的 NADH 脱氢酶亚基与细胞色素氧化酶基因相

比,NADH脱氢酶亚基具有更高的核苷酸替代率和更多的变异<sup>[14]</sup>。NADH脱氢酶复合体由大量亚基组成,其中一些亚基由mtDNA编码<sup>[15]</sup>,对按蚊和伊蚊进行的遗传分析显示,ND4(NADH脱氢酶亚基4)和NADH脱氢酶亚基5的mtDNA位点被证明具有高度多态性<sup>[16-17]</sup>。Ding等<sup>[18]</sup>在中华按蚊中首次研究了线粒体基因与杀虫剂抗性之间的关系,中华按蚊ND4在拟除虫菊酯类杀虫剂胁迫下发生了阳性选择,有23个氨基酸突变,这些突变可能改变ND4的结构和功能,从而改变呼吸链的效率。而在白纹伊蚊线粒体DNA中有哪些基因影响其抗药性、哪个基因控制其抗药性遗传?研究白纹伊蚊对四氟甲醚菊酯抗药性遗传方式后,可对线粒体基因进行深入研究,通过对白纹伊蚊线粒体基因扩增以及测序分析、基因表达定量等,筛选出一些可能会影响其抗药性的基因,为进一步研究线粒体基因介导的拟除虫菊酯类杀虫剂抗性机制奠定基础。

## 参考文献 References

- [1] LI Y J, XU J B, ZHONG D B, et al. Evidence for multiple-insecticide resistance in urban *Aedes albopictus* populations in Southern China [J/OL]. *Parasites & vectors*, 2018, 11 (1) : 4 [2024-03-08]. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2581-y>.
- [2] 卢娜,周红宁.我国登革热重要媒介白纹伊蚊抗药性研究进展[J]. *热带病与寄生虫学*, 2022, 20 (3) : 165-169. LU N, ZHOU H N. Research progress on the insecticide resistance in the important vector *Aedes albopictus* of Dengue fever in China [J]. *Journal of tropical diseases and parasitology*, 2022, 20 (3) : 165-169 (in Chinese with English abstract).
- [3] 赵春春,周欣欣,李文玉,等. 2020年中国13省份登革热媒介白纹伊蚊抗药性监测及分析研究[J]. *中国媒介生物学及控制杂志*, 2022, 33 (1) : 30-37. ZHAO C C, ZHOU X X, LI W Y, et al. Insecticide resistance surveillance and characteristic analysis of dengue vector *Aedes albopictus* in 13 provinces of China in 2020 [J]. *Chinese journal of vector biology and control*, 2022, 33 (1) : 30-37 (in Chinese with English abstract).
- [4] 姜家良,张朝远,沈建华. 淡色库蚊对拟除虫菊酯类农药抗药性研究[J]. *农药*, 1986, 25 (2) : 7-8. JIANG J L, ZHANG C Y, SHEN J H. Study on the resistance of *Culex pipiens pallens* to pyrethroid pesticides [J]. *Agrochemicals*, 1986, 25 (2) : 7-8 (in Chinese).
- [5] 郭凤英,吴厚永,李承毅. 白纹伊蚊对高效氯氰菊酯的抗药性及其遗传方式[J]. *寄生虫与医学昆虫学报*, 2001, 8 (2) : 103-108. GUO F Y, WU H Y, LI C Y. Genetic form and resistance of beta-cypermethrin of *Aedes albopictus* Skuse [J]. *Acta parasitologica et medica entomologica sinica*, 2001, 8 (2) : 103-108 (in Chinese with English abstract).
- [6] 刘洪霞,冷培恩,徐劲秋,等. 白纹伊蚊对溴氰菊酯的抗性选育及抗性风险评估[J]. *中华卫生杀虫药械*, 2015, 21 (2) : 125-127. LIU H X, LENG P E, XU J Q, et al. Resistance selection of *Aedes albopictus* to deltamethrin and risk assessment [J]. *Chinese journal of hygienic insecticides & equipments*, 2015, 21 (2) : 125-127 (in Chinese with English abstract).
- [7] 何凤侠,刘宝琼,廖如燕,等. 广州3个口岸白纹伊蚊对5种常用杀虫剂的抗性调查[J]. *中华卫生杀虫药械*, 2016, 22 (6) : 616-617. HE F X, LIU B Q, LIAO R Y, et al. Resistance of *Aedes albopictus* to five commonly used insecticides at three ports of Guangzhou [J]. *Chinese journal of hygienic insecticides & equipments*, 2016, 22 (6) : 616-617 (in Chinese with English abstract).
- [8] STONE B F. A formula for determining degree of dominance in cases of monofactorial inheritance of resistance to chemicals [J]. *Bulletin of the World Health Organization*, 1968, 38 (2) : 325.
- [9] 刘芹轩,武予清. 植食叶螨抗药性遗传学研究的进展[J]. *遗传*, 1994, 16 (5) : 45-48. LIU Q X, WU Y Q. Review on inheritance of pesticide resistance in phytophagous spider mites [J]. *Hereditas*, 1994, 16 (5) : 45-48 (in Chinese with English abstract).
- [10] GEORGHIOU G P, GARBER M J. Studies on the inheritance of carbamate-resistance in the housefly (*Musca domestica* L.) [J]. *Bulletin of the World Health Organization*, 1965, 32 (2) : 181-196.
- [11] SOKAL R R, ROHLF F J. *Biometry*. 3rd ed [J]. New York: Freeman and Company, 1995: 150-168.
- [12] LI T, LIU N N. Inheritance of permethrin resistance in *Culex quinquefasciatus* [J]. *Journal of medical entomology*, 2010, 47 (6) : 1127-1134.
- [13] 闫华超,高岚. 线粒体DNA遗传特性的研究新进展[J]. *生物技术*, 2003, 13 (6) : 63-65. YAN H C, GAO L. Research advance in genetic features of mitochondrial DNA [J]. *Biotechnology*, 2003, 13 (6) : 63-65 (in Chinese).
- [14] SIMON C, FRATI F, BECKENBACH A, et al. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers [J]. *Annals of the entomological society of America*, 1994, 87 (6) : 651-701.
- [15] DOS SANTOS PADUAN K, RIBOLLA P E M. Mitochondrial DNA polymorphism and heteroplasmy in populations of *Aedes aegypti* in Brazil [J]. *Journal of medical entomology*, 2008, 45 (1) : 59-67.
- [16] DE MERIDA A M, PALMIERI M, YURRITA M, et al. Mitochondrial DNA variation among *Anopheles albimanus* populations [J]. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 1999, 61 (2) : 230-239.
- [17] GORROCHOTEGUI-ESCALANTE N, MUNOZ M L, FERNANDEZ-SALAS I, et al. Genetic isolation by distance

among *Aedes aegypti* populations along the northeastern coast of Mexico[J]. The American journal of tropical medicine and hygiene, 2000, 62(2): 200-209.

[18] DING Y R, YAN Z T, SI F L, et al. Mitochondrial genes asso-

ciated with pyrethroid resistance revealed by mitochondrial genome and transcriptome analyses in the malaria vector *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae)[J]. Pest management science, 2020, 76(2): 769-778.

## Laboratory screening of dimefluthrin-resistant strains of *Aedes albopictus* and analysis of hereditary modes of resistance

MA Lulu, JIANG Dingxin

College of Plant Protection, South China Agricultural University/  
National Key Laboratory of Green Pesticide/Key Laboratory of Natural Pesticide and  
Chemical Biology, Ministry of Education, Guangzhou 510642, China

**Abstract** To clarify the resistance level to dimefluthrin in *Aedes albopictus* and to select a strain that is resistant to dimefluthrin, the mechanisms and genetics of the resistance should be studied. Cross and back-cross tests were conducted to calculate the 95% confidence interval for the degree of dominance in the two hybrid populations. Additionally, the actual and expected curves of the four groups of backcross offspring were observed, and the actual and expected chi-square values of the four groups of backcross offspring were calculated to determine the degree of dominance ( $D$ ), identify cytoplasmic influencing factors, and elucidate the genes associated with the heredity of the dimefluthrin-resistant population of *A. albopictus*. The results indicated that the resistance frequency in the FRS population is close to that of the resistant strain (RR), while the sensitivity of the FSR population is notably high. The FRS and FSR populations did not overlap, indicating a significant difference between the FRS and FSR hybrids. Furthermore, the actual response of the LD-P line for BC1 (FSR♀×SS♂), BC2 (FRS♀×SS♂), BC3 (FSR♀×RR♂) and BC4 (FRS♀×RR♂) differed from the expected response of the LD-P line, with the actual Chi-square value ( $\chi^2$ ) being significantly greater than the expected Chi-square value. Therefore, the inheritance of resistance to dimefluthrin in *A. albopictus* is polygenic and exhibits maternal effect, which can lead to the rapid development of resistant populations. When using dimefluthrin to control *A. albopictus*, it is essential to consider several factors that may negatively impact insecticidal efficacy and contribute to the development of resistance. These factors include dosage, application methods and the timing of insecticide use. Different mosquitoes species may have different hereditary modes of resistance to different insecticides, therefore, it is crucial to monitor the development and application of insecticides carefully.

**Keywords** *Aedes albopictus*; dimefluthrin; selection of resistance; inheritance of resistance; maternal effect; resistance mechanism

(责任编辑:边书京)