

江苏省水稻矮缩病的病原鉴定

高瑞珍¹ 程兆榜¹ 杨荣明² 朱 凤² 季英华¹ 任春梅¹ 吴丽莉¹ 周益军¹ 范永坚¹

(1. 江苏省农业科学院 植物保护研究所, 江苏 南京 210014; 2. 江苏省植保站, 江苏 南京 210046)

摘要:根据已发布的水稻黑条矮缩病毒(RBSDV)和南方水稻黑条矮缩病毒(SRBSDV) S7片段的序列分别设计特异性引物 RB-S7-F/R 和 SRB-S7-F/R, 采用 RT-PCR、序列测定和同源性比对的方法, 对 2009 年江苏发生的水稻矮缩病的病原进行了鉴定。结果表明, 用 RB-S7-F/R 引物在 47 份检测样品中有 36 份可以扩增到一条 1 200 bp 左右的片段, 而用 SRB-S7-F/R 引物未能扩增到预期条带。序列测定结果表明, 扩增片段与已经发表的 RBSDV 中国分离物相应片段的核苷酸和氨基酸序列同源性分别为 93.3% ~ 100% 和 97.4% ~ 100%, 与 SRBSDV 相应片段的核苷酸和氨基酸同源性为 77.4% ~ 79.5%。系统进化分析得到类似结果。上述研究表明, 2009 年引起江苏水稻矮缩病症的病原为 RBSDV, 尚未发现 SRBSDV 的危害。

关键词:灰飞虱; 水稻黑条矮缩病病毒; 白背飞虱; 南方水稻黑条矮缩病毒

中图分类号:S435 文献标识码:A 文章编号:1000-7091(2012)05-0174-05

Identification of Rice Dwarf Disease in Jiangsu

GAO Rui-zhen¹, CHENG Zhao-bang¹, YANG Rong-ming², ZHU Feng², JI Ying-hua¹,
REN Chun-mei¹, WU Li-li¹, ZHOU Yi-jun¹, FAN Yong-jian¹

(1. Institute of Plant Protection, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China;

2. Jiangsu Plant Protection Station, Nanjing 210046, China)

Abstract: Specific primers RB-S7-F/R and SRB-S7-F/R were designed according to the published sequence of S7 segment of rice black-streaked dwarf virus (RBSDV) and southern rice black-streaked dwarf virus (SRBSDV). Subsequently the pathogen of rice dwarf disease, which was prevalent in Jiangsu province in 2009, was identified by RT-PCR, sequencing and sequence alignment methods. The results showed that a purposed 1 200 bp fragment was cloned with RB-S7-F/R primer and wasn't with SRB-S7-F/R in 36 of 47 detected rice samples. The sequence of this fragment shared 93.3% - 100% nucleotide homology and 97.4% - 100% amino acid homology with the sequence of the corresponding one in S7 of RBSDV and shared 77.4% - 79.5% homology with SRBSDV. The similar result was obtained by phylogenetic relationships analysis. All above demonstrated that the pathogen of rice dwarf disease occurred in Jiangsu in 2009 was RBSDV and SRBSDV hadn't been found in Jiangsu province.

Key words: *Laodelphax striatellus*; Rice black-streaked dwarf virus; *Sogatelfurcifea*; Southern rice black-streaked dwarf virus

目前,可引起水稻产生矮缩和蜡泪状白色突起症状的病原主要有 2 种:水稻黑条矮缩病毒(Rice black-streaked dwarf virus, RBSDV)和南方水稻黑条矮缩病毒(Southern rice black-streaked dwarf virus, SRBSDV),分别由灰飞虱(*Laodelphax striatellus*)和白背飞虱(*Sogatelfurcifea*)以持久不经卵方式传

播^[1-3]。据全国农技推广中心调查统计,目前水稻黑条矮缩病和南方水稻黑条矮缩病在全国水稻种植区普遍发生。上述 2 种病毒同属植物呼肠孤病毒科(Reoviridae)斐济病毒属(*Fijivirus*)的成员,在病毒粒体形态、引发的病害症状、寄主范围、血清学特性等方面均具有高度的相似性^[3-4],只能在病毒基因

收稿日期:2012-06-09

基金项目:国家公益性(农业)行业专项(201003031);江苏省科技支撑计划项目(BE2009385);江苏省自然科学基金项目(BK2010018)

作者简介:高瑞珍(1986-),女,内蒙古巴彦淖尔人,在读硕士,主要从事植物病毒研究。

通讯作者:程兆榜(1969-),男,江苏盐城人,研究员,博士,主要从事水稻病害和植物病毒研究。

组的核苷酸序列差异上进行区分。

江苏是水稻黑条矮缩病毒的适宜分布区之一,曾多次在水稻和玉米上流行,据文献报道和笔者田间调查,具体流行事例有 1963–1966 年在苏南地区的水稻和玉米上^[5]、1996–1999 年在江苏沿海地区的水稻和玉米上^[6–8]、近年来在江苏沿海和淮北地区的水稻上严重发生。自 2007 年以来,水稻黑条矮缩病在江苏的发生势头迅猛,引起了各方的高度关注,江苏省植保站统计,2007–2010 年病害发生面积分别为 2.5、26.0、43.6、18.5 万 hm^2 ,水稻黑条矮缩病的防控成为江苏水稻生产上的主要任务之一。目前,杨杰等^[9]和季英华等^[10]已分别对 2007 年和 2008 年在江苏发生的水稻黑条矮缩病毒南京分离物和海安分离物进行了鉴定,分别从病毒基因组 *S1*、*S2*、*S6*、*S10* 片段与 *S10* 的部分序列确定了江苏发生的水稻黑条矮缩病病原为 RBSDV。

2009 年水稻黑条矮缩病在江苏再次普遍发生,其发生范围已从沿海和淮北地区扩展至苏南、苏中和苏北,其病原是否仍为 RBSDV、有无 SRBSDV 的危害尚不得而知。病原的准确鉴定是病害防控的基础,笔者在江苏省植保站的支持下对 2009 年在江苏发生的水稻黑条矮缩病进行了鉴定。

RBSDV 和 SRBSDV 基因组共有 10 条片段,按其在凝胶电泳时迁移速率由慢到快依次命名为 *S1*–*S10*^[3–4,11]。目前,对 SRBSDV 各基因的功能所知甚少,仅了解 RBSDV 部分基因的功能,如 *S1* 编码 RNA 聚合酶、*S2* 编码核心结构蛋白^[12]、*S6* 编码沉默抑制子^[13]、*S8* 编码内层外壳蛋白^[14]、*S9-ORF1* 编码毒质、*S10* 编码外层外壳蛋白,其他基因编码蛋白的功能尚不清楚。我们将从 GenBank 中获得的 RBSDV 中国分离物的序列比对后,选择核苷酸序列相对保守的 *S7* 片段,设计引物扩增与病毒管状结构形成有关的 *S7-ORF1* 部分片段。并根据 GenBank 中的 SRBSDV *S7* 序列设计相应的用于扩增 SRBSDV *S7-ORF1* 序列的引物。利用这 2 对引物,通过 RT-PCR 技术对采集的水稻矮缩病样进行检测。

1 材料和方法

1.1 病害标样

2009 年 8–10 月采集江苏省沛县、连云港、灌南、姜堰、扬州、句容、苏州等地田间自然发生的以矮缩为主要表现症状的水稻植株。

1.2 RT-PCR 扩增

1.2.1 RNA 的提取 取病样叶片组织 0.1 g,置于 2 mL 无 RNA 酶污染的离心管中,灌入液氮充分研

磨,加入 1 mL Trizol,室温放置 5 min;加入氯仿 200 μL ,混匀后静置 3 min;12 000 g 4℃ 离心 15 min;取上层水相移入一新的 1.5 mL 离心管中,加入等体积的异丙醇,混匀后静置 5 min,12 000 g 4℃ 离心 10 min,弃去上清;加入 1 mL 70% 乙醇洗涤沉淀;干燥 RNA 沉淀物,而后加 40 μL DEPC 处理水溶解沉淀,–70℃ 保存。

1.2.2 引物设计 根据已发表的水稻黑条矮缩病毒 (AF397894、AJ297427、AJ297428、AY147039、EU111804、NC_003730) 和南方水稻黑条矮缩病毒 *S7* 序列 (EU784841、FN563995) 设计引物扩增大小分别为 1 215、1 197 bp 的目的片段,引物序列为:RB-S7-F: 5′-GACCTGTCTGGACCAGTACAT-3′,RB-S7-R: 5′-GCAGAACGATACATCGAAGCG-3′ 和 SRB-S7-F: 5′-AAGTTTTTTTCGACCTGTCT-3′,SRB-S7-R: 5′-TGATACGAGTCATTGGCATCG-3′。

1.2.3 RT-PCR 以植物总 RNA 为模板,聚合酶随机引物作为反转录引物合成 cDNA,反应体系及程序如下:4 μL 植物总 RNA,5 μL 随机引物 (20 $\mu\text{mol/L}$),3.5 μL ddH_2O (无 RNA 酶),混合均匀后,70℃ 变性 5 min,迅速置于冰上 1 min。再依次加入以下试剂:4 μL 5 × Buffer,0.5 μL Rnase Inhibitor (40 U/ μL),2 μL dNTP (2.5 mmol/L),1 μL M-MuLV (200 U/ μL),混合均匀后,25℃ 10 min,42℃ 1 h,–20℃ 保存备用。以上合成的 cDNA 第 1 链为模板,PCR 扩增目的条带,25 μL 反应体系及程序如下:2.5 μL 10 × PCR 缓冲液 (含 Mg^{2+}),0.5 μL dNTP (每份 10 mmol/L),0.5 μL (10 $\mu\text{mol/L}$) 引物 RB-S7-F (SRB-S7-F),0.5 μL (10 $\mu\text{mol/L}$) 引物 RB-S7-R (SRB-S7-R),0.5 μL Taq plus 酶,18.5 μL ddH_2O ,混合均匀后,94℃ 预变性 5 min;94℃ 变性 50 s,53℃ 退火 50 s,72℃ 延伸 90 s,30 个循环;72℃ 延伸 10 min。1% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物,并将 PCR 产物测序 (上海生工生物工程有限公司)。

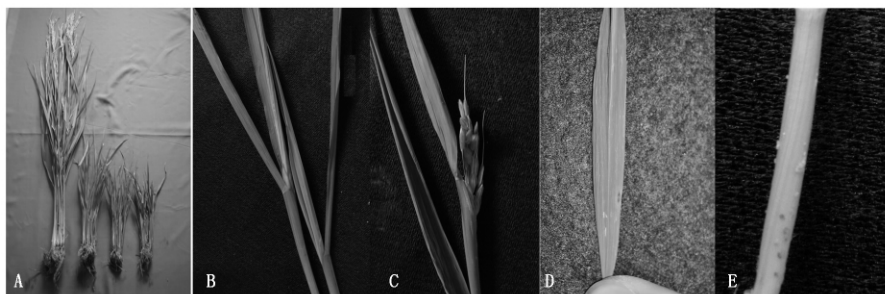
1.3 进化树构建方法

采用 Dnastar 5.0 中的 Cluster W 方法对所测序列进行多序列比对,利用 Mega 4.0 软件中的 Neighbor-Joining 法,Kimura-2 参数模型构建系统进化树。

2 结果与分析

2.1 病害症状

水稻病样与正常植株相比,表现为矮缩、叶片僵直、叶对生、不抽穗或穗小、偶见部分植株叶背沿叶脉或茎秆处生少量蜡泪状白色突起 (图 1)。这与南方水稻黑条矮缩病毒引发的症状十分相似、很难区分。



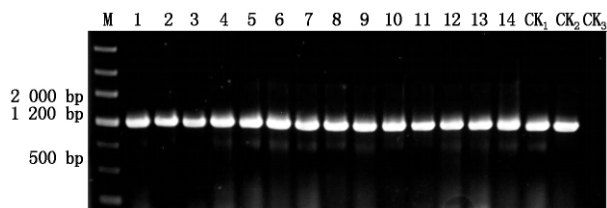
A. 植株矮缩; B. 叶对生; C. 小穗头; D. 叶背生蜡泪状白色突起; E. 茎杆生蜡泪状白色突起。
A. Dwarf plant; B. Leaf opposite; C. Poor heading; D. Small enations on leafback; E. Small enations on stem.

图1 水稻黑条矮缩病株典型症状

Fig. 1 Typical symptom of rice black streaked dwarf disease

2.2 RT-PCR 鉴定结果

根据 GenBank 中序列设计引物进行 PCR 扩增, 用引物 RB-S7-F 和 RB-S7-R 可在送检的部分样品中扩增到一条约为 1 200 bp 大小的片段(图 2), 用



M. 标准分子量; CK₁. RBSVDV 阳性对照; CK₂. SRBSVDV 阳性对照; CK₃. 健康植株; 1~14. 送检样品。
M. Marker III; CK₁. Positive control of RBSVDV; CK₂. Positive control of SRBSVDV; CK₃. Health control; 1~14. Detected samples.

图2 样品 RT-PCR 扩增

Fig. 2 Agarose gel electrophoresis of RT-PCR products of samples

引物 SRB-S7-F 和 SRB-S7-R 未扩增到任何片段。在检测的 47 份样品中, RBSVDV 阳性植株为 36 份, 江苏沛县、连云港、灌南、姜堰、扬州、句容、苏州均有样品检测到该条带(表 1)。

表1 2009 年采集自江苏的水稻矮缩病株检测结果

Tab. 1 Results of RT-PCR analysis of samples collected from Jiangsu in 2009

采集地点 Location	样本数量 Sample number	阳性检出数 Detected number of RBSPV sample
沛县 Peixian	5	2
连云港 Lianyungang	5	5
灌南 Guannan	20	19
姜堰 Jiangyan	2	2
扬州 Yangzhou	13	6
句容 Jurong	1	1
苏州 Suzhou	1	1

表2 所测分离物序列与 GenBank 中 RBSVDV 序列相似性比较

Tab. 2 Identities of RBSVDV sequence in this research and cited from GenBank

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1. JGLY1	***	100	99.4	99.5	100	99.9	93.5	97.8	99.9	100	100	99.2	99.1	99.3	99.4	99.1	99.1	93.6
2. JSGN1	100	***	99.4	99.5	100	99.9	93.5	97.8	99.9	100	100	99.2	99.1	99.3	99.4	99.1	99.1	93.6
3. JSGN23	100	100	***	99.5	99.4	99.3	93.4	97.8	99.3	99.4	99.4	99.2	99.1	99.3	99.4	99.1	99.1	93.5
4. JSJR	100	100	100	***	99.5	99.4	93.3	97.8	99.4	99.5	99.5	99.3	99.2	99.4	99.5	99.2	99.2	93.5
5. JSJY1	100	100	100	100	***	99.9	93.5	97.8	99.9	100	100	99.2	99.1	99.3	99.4	99.1	99.1	93.6
6. JSJY2	99.7	99.7	99.7	99.7	99.7		93.4	97.7	99.8	99.9	99.9	99.1	99	99.2	99.3	99	99	93.5
7. JSPX5	97.7	97.7	97.7	97.7	97.7	97.4	***	93.5	93.4	93.5	93.5	93.4	92.9	93.3	93.5	93.1	92.9	98.2
8. JSPX6	99.4	99.4	99.4	99.4	99.4	99.1	97.7	***	97.7	97.8	97.8	97.8	97.7	97.6	97.8	97.5	97.7	93.6
9. JSSZ	100	100	100	100	100	99.7	97.7	99.4	***	99.9	99.9	99.1	99.2	99.2	99.3	99.2	99.2	93.5
10. JSYZ2	100	100	100	100	100	99.7	97.7	99.4	100	***	100	99.2	99.1	99.3	99.4	99.1	99.1	93.6
11. JSYZ5	100	100	100	100	100	99.7	97.7	99.4	100	100	***	99.2	99.1	99.3	99.4	99.1	99.1	93.6
12. AF397894	100	100	100	100	100	99.7	97.7	99.4	100	100	100	***	98.9	99.1	99.2	98.9	98.9	93.5
13. AJ297427	100	100	100	100	100	99.7	97.7	99.4	100	100	100	100	***	99	99.1	99.6	100	93.3
14. AJ297428	99.7	99.7	99.7	99.7	99.7	99.4	97.4	99.1	99.7	99.7	99.7	99.7	99.7	***	99.3	99	99	93.5
15. AY147039	99.7	99.7	99.7	99.7	99.7	99.4	97.4	99.1	99.7	99.7	99.7	99.7	99.7	99.4	***	99.1	99.1	93.7
16. EU111804	100	100	100	100	100	99.7	97.7	99.4	100	100	100	100	100	99.7	99.7	***	99.6	93.3
17. NC_003730	100	100	100	100	100	99.7	97.7	99.4	100	100	100	100	100	99.7	99.7	100	***	93.3
18. S63917	97.9	97.9	97.9	97.9	97.9	97.7	98.8	97.9	97.9	97.9	97.9	97.9	97.9	97.6	97.7	97.9	97.9	***

注: 1~11. 本研究测定的序列; 12~18. GenBank 中序列; 右上为核苷酸序列的相似性(%) ; 左下为氨基酸序列的相似性(%)。

Note: 1~11. Sequences in this research; 12~18. Sequences from GenBank; Upper right was nucleotide sequence identity; Lower left was amino acid sequence identity.

2.3 序列分析

挑选部分阳性样品将所获 PCR 产物直接测序, 去除两端测不准的序列后, 获得长为 1 023 bp 的序列, 经 Blast 比对分析, 结果显示, 该片段与已经发表的 RBSDV 中国分离物的核苷酸和氨基酸序列相似性较高, 分别为 93.3% ~ 100% 和 97.4% ~ 100% (表 2), 与 SRBSDV 相应片段的核苷酸和氨基酸同源性为 77.4% ~ 79.5%。检测结果证明引起江苏水稻黑条矮缩症状的病原为 RBSDV。

将本研究测定的序列(表 3)同 GenBank 中获得的斐济病毒属病毒序列(表 4)比对后构建系统进化树(图 3)。由图 3 可知, 本研究检测到的病毒与 Genbank 中 RBSDV 的亲缘关系较近, 进一步证明引发江苏各地水稻矮缩症状的病原为斐济病毒属第 2 组的 RBSDV。本研究测定的多数序列与中国分离物聚为一组, 但 JSPX5 与 RBSDV 日本分离物聚为一组, 与日本分离物的亲缘关系较近。斐济病毒属

内病毒与 RBSDV 亲缘关系由近及远依次是 MRDV、SRBSDV、MRCV、FDV、OSDV、NLRV, 虽然 SRBSDV 的生物学特性和基因组结构与 RBSDV 极为相似, 但其与 RBSDV 的亲缘关系并非最近。

表 3 本研究测定序列的信息

Tab. 3 The information of sequences in this research				
编号 SN	登录号 GenBank accession number	片段 Fragment	寄主 Host	采样点 Location
JSPX5	JF828170	S7	水稻	沛县
JSPX6	JF828171	S7	水稻	沛县
JSLY1	JF828167	S7	水稻	连云港
JSGN1	JF828162	S7	水稻	灌南
JSGN23	JF828163	S7	水稻	灌南
JSJY1	JF828166	S7	水稻	姜堰
JSJY2	JF828166	S7	水稻	姜堰
JSYZ2	JF828173	S7	水稻	扬州
JSYZ5	JF828174	S7	水稻	扬州
JSJR	JF828164	S7	水稻	句容
JSSZ1	JF828172	S7	水稻	苏州

表 4 本研究引用序列的相关信息

Tab. 4 Fijivirus sequence cited for phylogenetic analysis

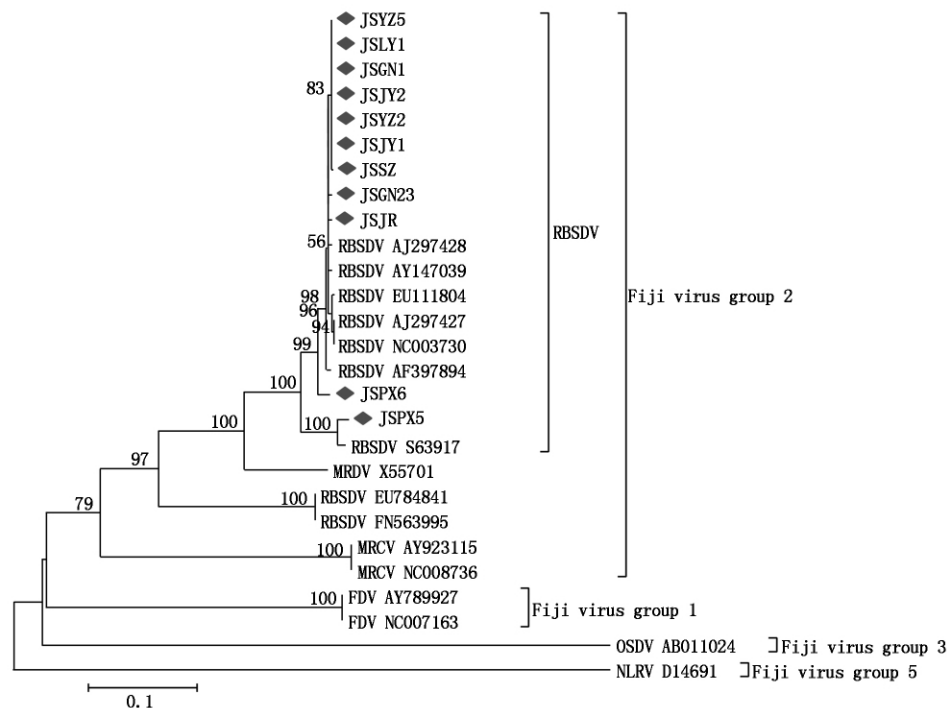
登录号 GenBank accession number	病毒 Virus	片段 Fragment	采样地 Location
AF397894	Rice black-streaked dwarf virus ,RBSDV	S7	中国
AJ297427	Rice black-streaked dwarf virus ,RBSDV	S7	浙江
AY147039	Rice black-streaked dwarf virus ,RBSDV	S7	河南
EU111804	Rice black-streaked dwarf virus ,RBSDV	S7	湖北
NC_003730	Rice black-streaked dwarf virus ,RBSDV	S7	浙江
S63917	Rice black-streaked dwarf virus ,RBSDV	S7	日本
X55701	Maize rough dwarf virus ,MRDV	S7	不详
EU784841	Southern rice black-streaked dwarf virus ,SRBSDV	S7	不详
FN563995	Southern rice black-streaked dwarf virus ,SRBSDV	S7	不详
AY923115	Mal de Rio Cuarto virus ,MRCV	S7	不详
NC_008736	Mal de Rio Cuarto virus ,MRCV	S7	不详
AY789927	Fiji disease virus ,FDV	S7	不详
NC_007163	Fiji disease virus ,FDV	S7	不详
AB011024	Oat sterile dwarf virus ,OSDV	S7	不详
D14691	Nilaparvata lugens reoviruses ,NLRV	S7	不详

3 讨论

根据本研究检测结果、序列分析和文献报道, 目前从江苏南部的苏州到北部的连云港、沛县等地发生的水稻矮缩病为 RBSDV 引起的水稻黑条矮缩病, 尚未发现由 SRBSDV 引起的南方水稻黑条矮缩病。2009 年在中国长江以南的广大稻区普遍发生的 SRBSDV 未在江苏发现, 其生态学原因有待进一步研究。

水稻黑条矮缩病主要由介体灰飞虱传播, 灰飞虱在江苏常年发生并可安全越冬, 且江苏为 RBSDV 的适宜分布区, 这使得江苏多次成为 RBSDV “重灾区”。RBSDV 在小麦、水稻等禾本科作物上的侵染循环已基本明确, 即传毒介体灰飞虱以若虫形态在

沟渠路边的杂草或冬小麦上越冬。翌年 3 月中旬, 越冬若虫开始羽化为成虫, 继续危害麦苗, 导致麦子的再次感染, 在麦田里繁殖的 1 代灰飞虱, 染毒后部分成为带毒虫, 于 5 月中、下旬随着麦子的黄熟与收割迁向秧田^[15], 对水稻造成危害。根据 RBSDV 侵染循环的特点, 有针对性地切断侵染、循环途径是防治病毒病害的有效措施。如: ①及时清理沟渠路边的杂草, 减少介体灰飞虱的越冬场所; ②适时对返青麦田灰飞虱种群数量进行调查, 待第 1 代灰飞虱羽化后及时利用化学防治措施防治灰飞虱; ③防虫网覆盖秧田; ④采用抛秧、旱育秧、机插秧等播种方式; ④调整播期, 使水稻敏感生育期避开灰飞虱迁入高峰期; ⑤种植耐病或抗病品种。



菱形所标为本研究测定的序列。

Raised angle indicates sequence in this research.

图3 根据核苷酸序列相似性构建的系统进化树

Fig.3 Phylogenetic tree based on nucleic acid identities

在上述方法中,调整播期和种植抗病品种是最省时、省费、有效的措施。近年来,江苏地区通过调整玉米播期防治由RBSDV引发的玉米粗缩病取得了很好的防效,玉米粗缩病已基本得到了控制^[16]。利用此思路可通过调整水稻播期控制水稻黑条矮缩病。此外,1999-2004年由灰飞虱传播的水稻条纹叶枯病曾在包括大丰在内的苏中和苏北地区大面积发生,造成极大的损失^[17]。江苏地区生产上推广的抗RSV品种取得了良好的效果,但田间调查发现,抗RSV的品种并未抗RBSDV,且已有研究表明,同一水稻品种对水稻黑条矮缩病与条纹叶枯病的抗性呈相互独立的遗传关系,无明显相关性^[18]。RBSDV和RSV可同时侵染同一株水稻(结果未呈现),选育对RBSDV和RSV同时表现抗性的水稻品种是在江苏这一特殊生态区域防治这2种病毒病的一项重要措施。鸣谢:江苏省农业委员会提供水稻黑条矮缩病危害数据并组织沛县、连云港、灌南、姜堰、扬州、句容、苏州等地植保站采集病株样本,感谢上述单位对本论文工作的支持!

参考文献:

- [1] 阮义理,蒋文烈,林瑞芬.稻病毒病介体昆虫灰稻虱的研究[J].昆虫学报,1981,24(3):123-127.
- [2] 阮义理,金登迪,许如银.水稻黑条矮缩病的研究[J].浙江农业科学,1984(4):185-192.
- [3] 周国辉,温锦君,蔡德江,等.呼肠孤病毒科斐济病毒属一新种:南方水稻黑条矮缩病毒[J].科学通报,2008,53(20):2500-2508.
- [4] Zhang H M, Yang J, Chen J P, et al. A black-streaked dwarf disease on rice in China is caused by a novel fiji-virus[J]. Archives of virology, 2008, 153(10): 1893-1898.
- [5] 朱凤美,肖庆璞,王法明,等.江南稻区新发生的几种稻病[J].植物保护,1964,2(3):100-102.
- [6] 程兆榜,周益军,范永坚,等.江苏盐城地区玉米粗缩病暴发原因分析[J].玉米科学,2000,8(1):83-85.
- [7] 成长庚,韦春彬,姜春义,等.盐城地区玉米粗缩病成灾规律及防治技术体系研究进展[J].植物保护,2000,20(5):11.
- [8] 程兆榜,周益军,范永坚,等.江苏射阳玉米粗缩病流行规律、危害及其成因[J].江苏农业科学,1998(3):32-35.
- [9] 杨杰,王军,周彤,等.江苏水稻黑条矮缩病毒的RT-PCR分析和快速检测[J].华北农学报,2008,23(6):87-92.
- [10] 季英华,任春梅,程兆榜,等.江苏省近年来新发生的一种水稻矮缩病病原初步鉴定[J].江苏农业学报,2009(6):1263-1267.
- [11] Reddy D, Shikata E, Boccardo G, et al. Coelectrophoresis of double-stranded RNA from maize rough dwarf and rice black-streaked dwarf viruses[J]. Virology, 1975, 67(1):279-282.
- [12] Zhang H M, Chen J P, Adams M J. Molecular characterization of segments 1 to 6 of Rice black-streaked dwarf virus from China provides the complete genome[J]. Archives of virology, 2001, 146(12):2331-2339.
- [13] 张凌娣,王朝辉,王献兵,等.两种植物病毒编码蛋白的基因沉默抑制子功能鉴定[J].科学通报,2005(3):219-224.
- [14] Isogai M, Uyeda I, Lee B C. Detection and assignment of proteins encoded by rice black streaked dwarf fiji virus S7, S8, S9 and S10[J]. Journal of General Virology, 1998, 79(6):1487-1494.
- [15] 王华弟,祝增荣,陈剑平,等.水稻黑条矮缩病发生流行规律、监测预警与防控关键技术[J].浙江农业学报,2007,19(3):141-146.
- [16] 成长庚,赵阳,林付根,等.通过调整玉米播期控制粗缩病的发生[J].江苏农业学报,2001,17(4):227-230.
- [17] 顾卫中,程兆榜,刘春祥,等.同一生境下RSV和RBSDV流行规律比较[J].上海农业科技,2006(1):24-25.
- [18] 李爱宏,戴正元,季红娟,等.不同基因型水稻种质对黑条矮缩病抗性的初步分析[J].扬州大学学报:农业与生命科学版,2008(3):18-22.