

· 有害生物成灾与流行机制 ·

稻麦重要病毒病害间歇性暴发流行规律与主要科学问题

吴楠 王惠 刘文文 王锡锋*

中国农业科学院植物保护研究所/植物病虫害生物学国家重点实验室,北京 100193

[摘要] 以水稻条纹叶枯病、黑条矮缩病和小麦黄矮病为代表的稻麦重要病毒病的流行涉及寄主—病毒—传毒介体—环境条件等多种因素,具有间歇性暴发流行的特点,给防治工作带来很大的盲目性和困难。从历史资料看,凡稻麦重要病毒病大面积流行,均与介体昆虫种群密度大和带毒率高等因素密切相关,说明田间介体昆虫传毒在病害流行中发挥了重要作用,但间歇性暴发流行的深层次原因尚需进一步解析。本文对稻麦重要病毒病害间歇性暴发流行规律研究应该重视的主要科学问题进行了初步梳理,建议重点加强如下三个方面的研究:一是从介体昆虫与病毒如何相互适应导致病害间歇性暴发入手,阐明作物病毒病害间歇性暴发流行的机制;二是利用转基因或基因编辑技术创制高抗与多抗的新种质,尽快解决生产上抗病品种缺乏的问题;三是加强与农技推广部门的合作,依据基础研究成果制定合理的预测预报与绿色防控对策,为提高预测预报准确率和切断病毒的介体昆虫传播来控制病害暴发流行的绿色防控技术提供科学依据。

[关键词] 水稻;小麦;病毒病害;间歇流行;昆虫传毒;抗病性

水稻和小麦是世界上最重要的粮食作物和绝大多数人口的主粮,高产稳产对粮食安全和社会稳定具有巨大的影响。据农业农村部统计,2016年我国的稻麦播种面积达5525.5万 hm^2 ,占农作物总播种面积的三分之一,总产达34701万吨^[1]。稻麦的大面积、连年种植引发许多病虫害问题,而这些灾害必定影响稻麦产量与质量,甚至导致整个田块的绝产绝收。世界上已报道的稻麦病毒病害超过60种,其中水稻病毒病害有19种,小麦病毒病害有48种。在我国,水稻上发生的主要病毒病害有水稻条纹叶枯病、黑条矮缩病和南方水稻黑条矮缩病;小麦病毒病主要有黄矮病、黄花叶病、丛矮病、矮缩病和线条花叶病等^[2]。

近年来,由于全球气候变暖、免耕和高毒农药的禁用等因素使传毒介体昆虫群体逐渐加大,加之品种抗病性程度普遍较低等原因,造成我国水稻和小麦上的多种病毒病害日趋严重,发生面积及危害程度迅速增长。由于病毒病害的流行涉及寄主—病毒—传毒介体—环境条件等多种因素,其发生具有



王锡锋 中国农业科学院植物保护研究所研究员,博士生导师。1998年获中国农业科学院研究生院博士学位,同年毕业留所至今,历任副研究员、研究员和植物病害研究室主任。研究方向为介体昆虫传毒机制,植物病毒病害流行机制与防控



吴楠 中国农业科学院植物保护研究所博士研究生。研究方向为植物病毒病害流行机制与防控。

间歇性暴发流行的特点,很难进行准确的预测预报,使防治工作具有很大的盲目性和困难。如小麦黄矮病先后9次在陕西、甘肃、宁夏、山西、内蒙古和河北大面积流行成灾,发病面积达150万 hm^2 以上。经大力防治,在沉寂了10多年后,于2010年和2014年突然在西部地区(青海和西藏)暴发成灾,影响了少数民族贫困地区的社会稳定^[3]。2009年南方水

收稿日期:2020-03-26;修回日期:2020-05-06

* 通信作者,E-mail:wangxifeng@caas.cn

本文受国家自然科学基金重点项目(31630058)和组织间合作研究项目(31861133020)的资助。

稻黑条矮缩病在籼稻产区暴发流行,涉及我国南部 11 省(区)及越南中部和北部 23 省;2009 年晚稻总受害面积约为 33 万 hm^2 ;2010 年发病区域进一步扩展,受害面积超过 120 万 hm^2 ,发病率大幅提高,尤以中稻受害最重^[4, 5]。病毒病害的流行已经成为影响粮食作物高产稳产的重要因素,而且引起了诸多社会问题,给我国的社会稳定和农民增产增收带来了负面影响。

本文以我国已取得的水稻条纹叶枯病、黑条矮缩病、南方水稻黑条矮缩病和小麦黄矮病发生流行规律,稻麦种质资源抗病性,耕作栽培制度与全球气候变化等对介体昆虫种群的影响,进而导致病毒病害流行的研究成果为依托,对影响稻麦重要病毒病害间歇性暴发流行的因素进行了概述,初步梳理了今后研究应该重视的主要科学问题和研究方向,旨在为提高稻麦病毒病害预测预报的准确率,以及通过切断介体昆虫传毒来控制病害流行危害的绿色防控技术提供科学依据。

1 我国稻麦重要病毒病害发生流行回顾

1.1 水稻条纹叶枯病

由灰飞虱传播水稻条纹病毒引起的条纹叶枯病最早发生于 1897 年的日本关东地区,后陆续在韩国、朝鲜和前苏联等地发生。我国最早于 1963 年在江苏南部地区报道了条纹叶枯病^[6],随后该病毒病害在江苏和浙江流行危害。20 世纪 80 年代在辽宁、山东和云南等地先后数度流行^[7]。2000 年前后在以江苏为中心的稻麦轮作区普遍流行,至 2005 年达到高峰^[8]。如 2001 年江苏、安徽、河南和山东等省水稻病田率达 50% 以上,部分重病田病株率达到

80%。2004 年在江苏省发病面积占整个水稻种植面积的 79%,成片稻田绝收,2005 年发病面积迅速增加至 1.87 万 hm^2 。该病害的暴发流行,给水稻生产造成了毁灭性的打击,而且不得不淘汰了很多优良品种^[9]。2005 年以后水稻条纹叶枯病的危害有所回落,至 2010 年以后在全国多数地区仅呈现零星发病状态(图 1)。

1.2 水稻黑条矮缩病

水稻黑条矮缩病的病原物是水稻黑条矮缩病毒,同样由介体灰飞虱传播,于 1952 年首次在日本东南部被发现。我国于 1963 年在浙江省余姚县的早稻上首次报道,同时在上海市嘉定和奉贤,江苏省苏州和镇江等局部地区也有该病存在^[6, 10, 11]。20 世纪 60 年代中期,水稻黑条矮缩病在浙江及华东诸省(市)不少地区的水稻、小麦和玉米等作物上严重为害,但 1967 年后浙江及华东地区该病的发病情况大大减轻,导致一度难以找到病株样本^[12, 13]。1991—2002 年浙江杂交稻区水稻黑条矮缩病再次流行成灾,发病面积达 11.79 万 hm^2 ^[14]。2006 年以来,该病在江苏、浙江、山东等稻区大面积发生,均造成了巨大的经济损失^[15]。2012 年水稻黑条矮缩病首次在河南开封市祥符区的个别田块零星发生,发病面积约占种植面积的 3.7%;2013 年发病面积迅速猛增到 2 666.7 hm^2 ,约占当年种植面积的 25%,其中病穴率 20% 以上的 200 余 hm^2 ,个别田块绝收,当年造成稻谷损失约 200 万 kg ;2014 年发病面积达 3 668.5 hm^2 ,占当地水稻面积的 35.6%,一般田块病穴率 10.2%~56%,个别田块达 100%,当年损失稻谷 180 万 kg ;2015 年以后又呈零星发生状态^[16]。

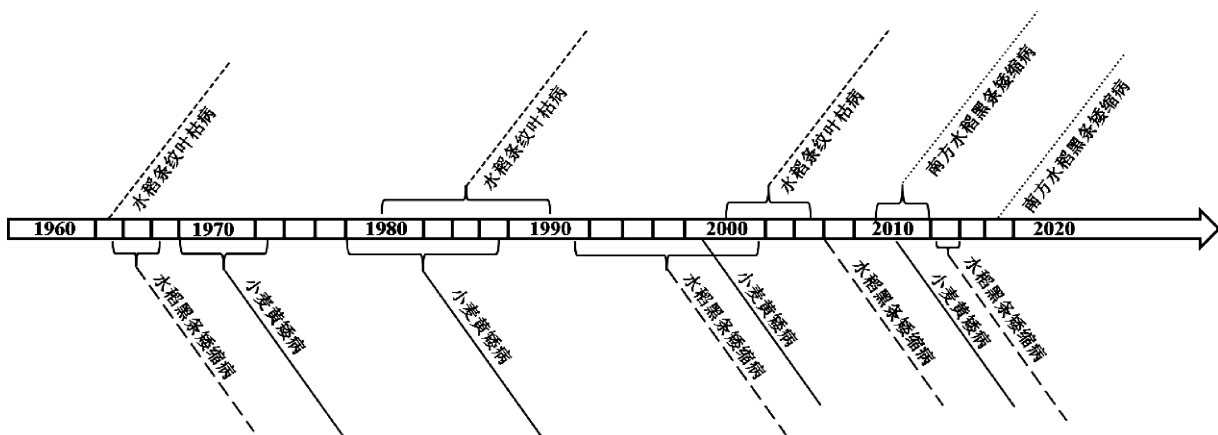


图 1 不同年份稻麦重要病毒病害在我国间歇性暴发流行示意图

1.3 南方水稻黑条矮缩病

南方水稻黑条矮缩病是2001年在广东省阳西县首先被发现的一种新病害,但一直局限于广东的局部地区^[4]。2009年在我国南方9省(区)突然暴发流行,约33万hm²稻田发病,部分田块绝收^[5]。2010年扩展到16个省(区),发病面积超过120万hm²,并蔓延至越南、韩国和日本。2011年农业部成立了南方水稻黑条矮缩病联防联控协作组和专家组,经大力防治当年发病面积控制到25万hm²,但2016—2017年回升至50万至60万hm²^[5]。受害水稻植株矮化,不能拔节抽穗或抽穗少,不实粒多,通常造成减产20%,严重田块减产50%以上甚至绝收。

1.4 小麦黄矮病

小麦黄矮病最早于1951年在美国加利福尼亚州的大麦上被发现,目前已经分布于各大洲,流行年份可减产20%~30%,严重时达50%以上。我国于1960年首先在陕西和甘肃发生,随后在华北和西北冬、春麦区均有发生危害的报道。先后于1966、1968、1970、1973、1978、1980、1987和1999年发生中度偏重危害或大流行^[2]。1987年陕西和甘肃两省因此病害减产5亿多kg,1996年甘肃省河西走廊地区黄矮病造成小麦减产达36.8%。仅1999年大面积流行遍及陕西、山西、宁夏、甘肃、内蒙古和河北等多个省(自治区),发病面积达150万hm²以上,其中陕甘宁的成灾面积占麦播总面积的23.05%,小麦减产达8.5亿kg^[3]。2010年青海省小麦和青稞黄矮病暴发流行,黄河流域的冬小麦田间病株率达100%,春小麦和青稞田间发病率均在30%以上;全省因黄矮病造成小麦和青稞平均减产20%~30%,严重的减产达50%以上^[17]。2014年西藏青稞主产区林周、墨竹、达孜、堆龙和曲水发病面积约

1万hm²,占播种面积的25%以上^[18]。

1.5 新的病毒病害层出不穷

2000年以来,先后在我国水稻和小麦上鉴定到多种新病毒的发生(表1)。南方水稻黑条矮缩病毒是由我国首先发现并鉴定和命名的,属于呼肠孤病毒科斐济病毒属,其传毒介体主要是白背飞虱^[4]。该病毒于2001年由华南农业大学在广东省阳西县的稻田首次发现,已被国际病毒分类委员会正式承认为病毒新种。2009至2011年在中国南方籼稻产区暴发成灾,越南、韩国和日本等也有发生,成为影响水稻安全生产的重要病毒病害之一。2017年华南农业大学又在广东罗定发现了另一种水稻新病毒,并将其命名为水稻条纹花叶病毒^[19]。该病毒属于弹状病毒科细胞质弹状病毒属,由电光叶蝉传播。发病水稻主要表现为轻度矮缩、叶片出现条纹花叶症状、部分叶片扭曲、后期抽穗不完整和籽粒空瘪。监测发现该病毒已在广东、广西、海南发生,部分田块病株率超过70%。

小麦矮缩病毒最早于1961年由捷克报道,并在中东欧的捷克、匈牙利和德国流行成灾。2001—2005年,匈牙利的麦类作物上发生的病毒病害95%以上都是由小麦矮缩病毒引起的^[20]。2007年春季,小麦矮缩病在陕西韩城北部严重发生,发病田平均病株率为80%,严重矮缩病株约占20%^[21]。调查发现小麦矮缩病害在我国的麦类产区分布极为普遍,且目前该病毒群体在我国还处在群体扩张期,需密切关注该病害发生^[22]。大麦黄条点花叶病毒最初于1969年在意大利灰飞虱体内分离发现,而后澳大利亚、摩洛哥、伊朗、土耳其、叙利亚及阿根廷等地相继报道该病毒,并在伊朗引起严重的小麦和谷子病害。2014年邸垫平等首次在河北保定和石家庄麦田发现该病毒^[23],随后监测发现该病毒已广泛分

表1 2000年以来中国鉴定的水稻和小麦新病毒(新报道)种类及其分布

病毒名称	分类地位	传播介体	初次报道地区	已分布地区	参考文献
南方水稻黑条矮缩病毒	呼肠孤病毒科斐济病毒属	白背飞虱	广东阳西	南方诸省、越南、韩国、日本	[4]
水稻条纹花叶病毒	弹状病毒科细胞质弹状病毒属	电光叶蝉	广东罗定	广东、广西、海南	[19]
小麦矮缩病毒	双生病毒科玉米线条病毒属	异沙叶蝉	山西太原 陕西韩城	全国	[21]
小麦黄条点花叶病毒	弹状病毒科细胞质弹状病毒属	灰飞虱	河北保定 石家庄	陕西、河北、山西、山东、河南、安徽、江苏	[23]
小麦黄叶相关病毒	黄症病毒科马铃薯卷叶病毒属	蚜虫	山东济南	/	[25]
小麦黄条纹病毒	弹状病毒科细胞核弹状病毒属	异沙叶蝉	陕西韩城	陕西、湖北、贵州	[26]

布于陕西、河北、山西、山东、河南、安徽和江苏等省^[24]。此外,我们还从山东济南的麦田发现一种具有黄症病毒科马铃薯卷叶病毒属病毒典型特征的新病毒,命名为小麦黄叶相关病毒^[25]。利用高通量测序技术,我们在陕西韩城麦田中发现了第一个由异沙叶蝉传播的、侵染小麦的细胞核弹状病毒——小麦黄条纹病毒,属于弹状病毒科细胞核弹状病毒属^[26],并在采集自湖北武汉和贵州贵阳的小麦病株标样中鉴定到此病毒的存在。

2 稻麦重要病毒病害间歇性暴发成因分析

鉴于上述水稻和小麦病毒病害严重威胁我国的粮食安全,我国几代科技工作者对其发生、流行规律进行了大量的调查研究。自然条件下,这些稻麦病毒仅依靠介体昆虫在寄主(稻麦及其近缘植物)之间进行水平传播,介体昆虫的高效传毒和感病品种的大面积种植是病害暴发流行的直接原因;而耕作栽培制度、农药不适当施用和环境气候条件等非生物因素则通过影响介体昆虫种群进而影响病害的流行。由此可见,病毒、介体、寄主与环境条件等多种生物与非生物因素是影响稻麦病毒病害暴发流行的重要原因。

2.1 耕作与栽培方式变化为介体昆虫创造了稳定的生存环境

1963—1966 年水稻黑条矮缩病在浙江省首次大流行是由于上世纪 50 年代的单季稻改制为双季连作稻,致使灰飞虱在早稻上经 2 代繁殖扩大数十倍后,传播病毒到连作晚稻上造成流行危害^[11]。上世纪 60 年代后期至 70 年代,由“二熟制”改为“三熟制(春粮或绿肥—早稻—晚稻)”,在大麦和绿肥收获和早稻插秧等过程中有效控制了处于若虫期的灰飞虱,阻止了传毒过程,病害自然得到控制^[13]。20 世纪 80 年代中期,浙江省逐渐恢复“小麦与单、双季稻”混栽制,有利于灰飞虱种群与毒源的逐年累积,于是使水稻黑条矮缩病在 20 世纪 90 年代初期再次发生流行^[12]。近 30 年来,江苏和安徽中北部及沿黄稻区实行稻麦两熟耕作制度,介体灰飞虱很容易找到生存寄主和充足的食物,有利于种群繁衍,增大了越冬基数。在麦—稻、稻—麦更替时期,灰飞虱随时都能找到适宜的寄主作物,从虫源田向稻田转移时,选择的机会明显增多,生存环境更加优越,所传播的水稻条纹病毒通过介体昆虫在寄主间实现了无缝隙、无障碍传播,造成了病害大流行^[8, 9]。另外,小麦免耕作与秸秆全量还田,为介体昆虫越冬提供

了非常有利的条件,越冬虫量明显增多,也促进了水稻条纹叶枯病的流行^[8]。水稻条纹病毒和黑条矮缩病毒可侵染水稻和小麦等多种作物和禾本科杂草,并由介体灰飞虱在水稻、小麦、玉米、禾本科杂草等寄主间循环传播,周而复始,从不间断,使田间积累了丰富的毒源^[16]。

2.2 全球气候变暖和农药不合理使用影响介体昆虫越冬和传毒种群数量

由于温室气体排放的增加以及人类活动的影响,全球气候呈现变暖的趋势且容易出现极端天气现象。据统计,我国自 1980 年以来,每 10 年最高气温和最低气温分别平均升高 0.352℃ 和 0.548℃^[27]。全球气候变暖对农业生态系统的稳定性与群落动态结构均会造成影响,从而导致病虫害非预测性暴发等潜在问题^[28]。韩宗礼等研究发现气候变暖对不同区域下麦蚜群落的影响有所不同,增温有利于较高纬度地区(河北廊坊市)麦长管蚜和禾谷缢管蚜种群增长,而在低纬度地区(河南原阳县)仅有利于麦长管蚜种群增长,较高纬度地区正是小麦黄矮病流行的地区^[29]。陈声祥等发现浙江中部地区自 20 世纪 90 年代以来,2 月份的平均气温比以往 30 年的平均值高了 1.13℃。由于 2 月份的低温对灰飞虱越冬死亡率影响很大,温度升高使小麦上越冬代的灰飞虱存活量超过往年数倍,是造成当时早稻黑条矮缩病大流行(平均株发病率达 25.74%)的重要因素^[30]。此外,浙江稻区在 20 世纪 90 年代常用三唑磷农药防治早稻二化螟,但该农药能刺激灰飞虱产卵繁殖,促使早稻后期第三代灰飞虱虫量上升,增加了病毒的传播^[30]。

2.3 感病或单抗品种大面积种植加剧了病害间歇性暴发流行

20 世纪 80 年代中期至 90 年代初期,中国农业科学院植物保护研究所运用改进的堆测法鉴定技术,并结合酶联免疫测定(ELISA),共鉴定包括育种单位高代品系、国内外冬春小麦品种和我国农家品种在内的 40 000 余份麦类品种资源对小麦黄矮病的抗性。达到选留标准的只有 743 份,明确了在普通小麦品种中不存在抗病资源或抗病基因。从符合初筛选留标准的 743 份材料中筛选出 381 份材料进行重复多年鉴定,仅发现 46 份表现抗耐的材料,其中农家品种 37 份,占 80.4%;国外材料 8 份,占 17.4%;国内育种单位提供的高代品系仅有 1 份表现抗病,说明生产上严重缺乏抗黄矮病的小麦品种^[31, 32]。

2014—2015 年,我们收集黄淮稻区生产上的主

栽品种 55 个,在灰飞虱自然传毒条件下,进行了水稻黑条矮缩病田间抗性鉴定。结果表明,在 43 个梗稻品种中,表现为抗病的品种 3 个,占 7.44%;中抗品种 6 个,占 14.88%;中感品种 14 个,占 32.56%;感病品种 9 个,占 20.93%;高感品种 11 个,占 24.19%。在 12 个籼稻品种中表现为抗病的 2 个,占 16.7%;中抗的 3 个,占 25%;中感和感病品种各 2 个,各占 16.7%;高感的 3 个,占 25%。即黄淮稻区目前推广应用的品种多数为感病品种,没有免疫或高抗品种^[16]。浙江中部自 1988 年开始大面积种植感病杂交稻协优 46 和汕优 10 号后,水稻黑条矮缩病的发生危害也逐年上升,到了 1996 年和 1997 年则发生大流行,而且杂交稻多为单本(多分蘖)插秧,一旦得病则造成大田整穴水稻不能抽穗而绝产,但常规稻为多本插秧,健苗有补偿作用,因此病轻而损失小^[14]。2004 年以来,针对水稻条纹叶枯病的暴发流行,江苏先后推广多个抗耐病品种,这些抗条纹叶枯病品种均不抗黑条矮缩病,如种植面积较大的淮稻 5 号等系列品种高感黑条矮缩病,在条纹叶枯病不断减轻的同时,黑条矮缩病迅速上升^[33]。

3 关键科学问题

50 多年来,我国几代科技工作者经过不懈努力,对稻麦重要病毒病害的暴发流行规律有了基本的了解,达成了寄主感病生育期与传毒代介体昆虫发生期的相遇程度是引起稻麦重要病毒病害暴发流行重要原因的共识。因此,传毒介体昆虫种群数量与带毒率、稻麦品种与耕作栽培方式等预测因子成为进行病害预测预报的重要依据。依据水稻秧田期介体灰飞虱带毒率和数量,构建水稻条纹叶枯病和水稻黑条矮缩病的预测模型,从无到有实现了病害的早期预警和实时预报。一般认为灰飞虱带毒率大于 10% 会导致病害的大流行,3%~10% 会导致中度流行。对于南方水稻黑条矮缩病来说,白背飞虱越冬代带毒率、诱虫灯下虫体带毒和峰日带毒率是决定病害流行与否的重要指标。麦蚜在入冬前的越冬基数和早春虫口密度与带毒率是决定小麦黄矮病流程度重要条件。这些预测模型的组建和测报技术规范的制定,对指导稻麦重要病毒病害的防治发挥了重要作用。

近年来,随着防控技术的推广,稻麦重要病毒病害的危害逐渐回落,病害损失得到了有效控制,但是在我国不同地区稻麦重要病毒病害仍在持续或间歇性流行,究其原因主要是其流行需要生态系统中病

毒—介体昆虫—寄主—环境复杂的互动,即使满足寄主感病生育期与传毒代介体昆虫发生期的相遇也未必造成病害的流行。近年来我们在沿黄稻麦轮作区持续进行监测发现,当地有非常适合介体灰飞虱生长和种群扩张的条件,在水稻秧田期多年来虫口密度一直很大、带毒率也可以达到中度流行标准(3%~10%)的情况下,水稻黑条矮缩病自 2013—2014 年达到流行高峰后确呈下降的趋势(图 2)。因此,我们认为解决稻麦重要病毒病害间歇性暴发流行导致的预测预报困难和盲目防治等难题,需要面对的第一个关键科学问题是介体昆虫与病毒如何相互适应从而导致病害间歇性暴发流行。利用稻麦品种本身抗病性是防治病毒病害的有效手段,当前只有极少的育种单位开展了针对性的育种工作,且抗病性资源不清或未做系统发掘,造成生产上极度缺乏抗病品种。如何创制多抗种质资源并尽快应用于稻麦抗病育种,明确其抗病机理则是需要面对的第二关键科学问题。

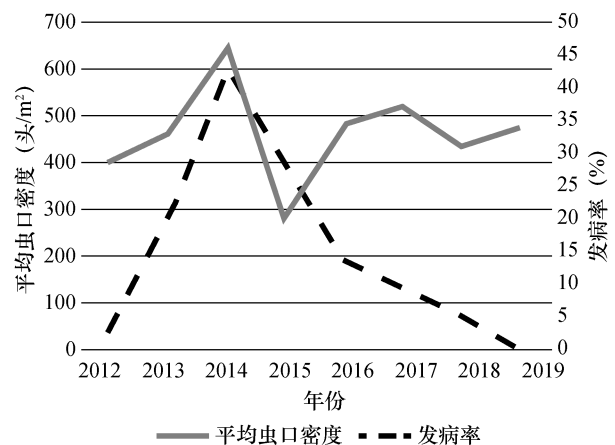


图 2 2012—2019 年河南开封水稻品种黄金晴的黑条矮缩病发病率及秧田期灰飞虱虫口密度

4 结语与展望

稻麦重要病毒病害的流行涉及农田生态系统中寄主—病毒—介体昆虫—环境复杂的互动,其间歇性暴发流行规律的解析是世界性的难题。鉴于耕作与栽培方式、全球气候变暖和不合理使用农药因素等均是影响介体昆虫种群数量来影响病毒病害的流行,且大面积感病品种存在、寄主感病生育期与传毒代介体昆虫发生期相遇是客观存在的事实。因此,深入解析介体昆虫获毒与传毒机制,并以此为基础从分子和生态层面来解析稻麦重要病毒病害的间歇性暴发流行规律迫在眉睫。目前已研究发现了水稻条纹病毒可以通过与介体昆虫的糖转运蛋白 6 互

作而跨越介体的中肠传播屏障,与表皮蛋白 CPR1 的互作逃避了介体的免疫攻击,与卵黄蛋白的互作则揭示了病毒是如何入卵完成垂直传播,从而揭示了水稻条纹病毒在介体代次间高效传递并在稻麦轮作区持续稳定存在的原因^[34-36]。我们认为对于病毒如何通过介体昆虫的互作而克服昆虫体内传播障碍,从而实现高效传毒,以及病毒与介体昆虫协同进化是否引起病毒与昆虫的表观遗传学甲基化修饰导致即使带毒率高而传毒率低等问题仍需要进行深入细致的研究。其次,在自然田间下往往一种介体昆虫同时传播多种病毒,病毒之间的互利或拮抗机制也需要深入研究。第三,由于缺乏多抗性的稻麦种质资源,利用转基因或基因编辑技术创制高抗与多抗的新种质也需要提早布局。第四,相关科研单位应该加强与农技推广部门的密切合作,注重解决生产上的主要问题。力求在阐明介体昆虫高效传播病毒致灾分子机制的基础上,依据基础研究成果制定合理预测预报体系,提出阻断介体昆虫传毒的关键绿色防控技术体系,为解决严重威胁我国粮食安全生产的病毒病害间歇性暴发成灾的问题做出应有贡献。

参 考 文 献

- [1] 中华人民共和国农业农村部. 中国农业统计资料 2017. 北京:中国农业出版社. 2019.
- [2] 中国农业科学院植物保护研究所,中国植物保护学会. 中国农作物病虫害(第三版). 北京:中国农业出版社. 2015.
- [3] 王锡锋,刘艳,韩成贵,等. 我国小麦病毒病害发生现状与趋势分析. 植物保护, 2010, 36(3): 13—19.
- [4] 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. 科学通报, 2008, 53(20): 2500—2508.
- [5] 刘万才,陆明红,黄冲,等. 我国南方水稻黑条矮缩病流行动态及预测预报实践. 中国植保导刊, 2016, 36(1): 20—26.
- [6] 朱凤美,肖庆璞,王法明,等. 江南稻区新发生的几种稻病. 植物保护, 1964, 2(3): 100—102.
- [7] 谢联辉,魏太云,林含新,等. 水稻条纹病毒的分子生物学. 福建农业大学学报, 2001, 30(3): 269279.
- [8] 程兆榜,杨荣明,周益军,等. 江苏稻区水稻条纹叶枯病发生新规律. 江苏农业科学, 2002, (1): 3941.
- [9] 周益军. 水稻条纹叶枯病. 南京:江苏科学技术出版社, 2010.
- [10] 陈伦. 余姚县水稻黑条矮缩病的初步调查. 浙江农业科学, 1964, (3): 123—127.
- [11] 陈鸿逵. 浙江省稻、麦、玉米的几种病毒病及其防治. 浙江农业科学, 1966, (4): 168—169.
- [12] 陈声祥,余舰斌,秦文胜,等. 温州市郊杂交水稻矮化病研究 I. 传播介体、寄主、症状及病原形态. 中国病毒学, 1993, 8(4): 373—378.
- [13] 阮义理,陈声祥,林瑞芬,等. 水稻黑条矮缩病的研究. 浙江农业科学, 1984, (4): 185—187.
- [14] 陈声祥,张巧艳. 我国水稻黑条矮缩病和玉米粗缩病研究进展. 植物保护学报, 2005, 32(1): 97—103.
- [15] 孙摇枫,徐秋芳,程兆榜,等. 中国水稻黑条矮缩病研究进展. 江苏农业学报, 2013, 29(1): 195—201.
- [16] 任应党,鲁传涛,王锡锋. 水稻黑条矮缩病暴发流行原因分析——以河南开封为例. 植物保护, 2016, 42(3): 8—16.
- [17] 王信,郭青云. 2010年青海省麦类病毒病流行分析及防治措施. 青海科技, 2011, (2): 43—44.
- [18] 姚小波,王文峰,李杨,等. 西藏大麦黄矮病毒株系鉴定及介体蚜虫传毒能力分析. 西藏农业科技, 2018, (3): 5—8.
- [19] Yang X, Huang J, Liu C, et al. Rice stripe mosaic virus, a novel cytorhabdovirus infecting rice via leafhopper transmission. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 7: 2140.
- [20] Vacke J, Kvarnheden A, Lindblad M, et al. Wheat dwarf. In: *Viruses and virus disease of Poaceae (Gramineae)*. Lapierre, H. and Signoret, P.-A. (eds), INRA Edition, Paris, France, 2004: 590—593.
- [21] Xie J, Wang X, Liu Y, et al. First report of the occurrence of WDV in wheat in China. *Plant Disease*, 2007, 91: 111.
- [22] Wu B, Melcher U, Guo X, et al. Assessment of codivergence of mastreviruses with their plant hosts, *BMC Evolutionary Biology*, 2008, 8: 335.
- [23] Di D, Zhang, Y, Yan C, et al. First report of barley yellow striate mosaic virus on wheat in China. *Plant Disease*, 2014, 98(10): 1450.
- [24] 杨菲,张爱红,孟凡思,等. 大麦黄条点花叶病毒的分布及其分离物的遗传多样. 中国农业科学, 2018, 51(2): 279—289.
- [25] Zhang P, Liu Y, Liu W, et al. Identification, characterization and full-length sequence analysis of a novel polerovirus associated with wheat leaf yellowing disease. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8:1689.
- [26] Liu Y, Du Z, Wang H, et al. Identification and characterization of wheat yellow striate virus, a novel leafhopper-transmitted nucleorhabdovirus infecting wheat. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 468.

- [27] Zhou L, Dickinson RE, Tian Y, et al. Evidence for a significant urbanization effect on climate in China. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2004, 101(26): 9540—9544.
- [28] Lu X, Siemann E, Shao X, et al. Climate warming affects biological invasion by shifting interaction of plants and herbivores. *Global Chang Biology*, 2013, 19 (8): 2339—2347.
- [29] 韩宗礼, 谭晓玲, 范佳, 等. 模拟气候变暖对不同纬度带麦长管蚜和禾谷缢管蚜种群动态的影响. *植物保护学报*, 2018, 45(3): 592—598.
- [30] 陈声祥, 关惠玲, 廖璇刚, 等. 水稻黑条矮缩病毒在浙中的回升流行原因分析. *浙江农业科学*, 2000, (6): 287—289.
- [31] 钱幼亭, 周广和. 麦类种质资源抗耐小麦黄矮病毒的田间鉴定技术研究. *植物保护学报*, 1986, 13(3): 159—164.
- [32] 钱幼亭, 周广和. 从麦类种质资源中筛选大麦黄矮病毒(BYDV)抗源. *植物保护学报*, 1993, 20(1): 71—75.
- [33] 朱凤, 褚姝频, 田子华. 从2014年稻田灰飞虱再度重发谈水稻病毒病的防控对策. *江苏农业科学*, 2015, 43(2): 134—137.
- [34] Liu W, Gray S, Huo Y, et al. Proteomic analysis of interaction between a plant virus and its vector insect reveals new functions of hemipteran cuticular protein. *Molecular & Cellular Proteomics*, 2015, 14: 2229—2242.
- [35] Qin F, Liu W, Wu N, et al. Invasion of midgut epithelial cells by a persistently transmitted virus is mediated by sugar transporter in its insect vector. *PLoS Pathogens*, 2018, 14 (7): e1007201.
- [36] Huo Y, Liu W, Zhang F, et al. Transovarial transmission of a plant virus is mediated by vitellogenin of its insect vector. *PLoS Pathogens*, 2014, 10: e1003949.

Intermittent Epidemics of Cereal Virus Diseases in China and Major Scientific Issues for Future Research

Wu Nan Wang Hui Liu Wenwen Wang Xifeng*

State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests/Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193

Abstract The intermittent epidemics of cereal virus diseases including rice stripe, rice black streaked dwarf, and wheat yellow dwarf diseases make them very difficult to forecast and control. According to the historical data, we concluded that the several epidemics of cereal virus diseases had a close relationship with the population and viruliferous rate of vector insects, but the deep reason was needed to analyze further. In this paper, we sorted out the main scientific issues that should be paid attention to the fundamental studies of intermittent epidemics of cereal virus diseases. We also proposed the future research directions including: (1) reveal the mechanism of the intermittent epidemics of cereal virus diseases based on the virus-vector insect interaction studies; (2) create germplasm and cultivars with high and multi resistance by genetic engineering or gene editing; (3) close collaboration between research institutions and agricultural extension services to enact reasonable strategies of forecast and control.

Keywords rice; wheat; viral diseases; intermittent epidemics; transmission; resistance

(责任编辑 张强 吴姝)

* Corresponding Author, Email: wangxifeng@caas.cn