

# 韭葱黄条病毒、洋葱黄矮病毒和胡葱黄条病毒 六安分离物 CP 基因克隆及同源性分析

韦传宝<sup>1,2\*</sup>, 华俊雅<sup>1</sup>, 杨宇<sup>1</sup>, 隗洋洋<sup>1</sup>, 史利利<sup>1</sup>

(1. 皖西学院 生物与制药工程学院, 安徽 六安 237012; 2. 安徽省植物生物技术实训中心, 安徽 六安 237012)

**摘要:** 设计特异性引物 PCR 扩增了六安大蒜病样中的韭葱黄条病毒(*Leek yellow stripe virus*, LYSV)、洋葱黄矮病毒(*Onion yellow dwarf virus*, OYDV)和胡葱黄条病毒(*Shallot yellow stripe virus*, SYSV)的全长 CP 基因, 插入到 pGEM-T 载体并测序。分别比较 3 种病毒 CP 基因种内变异性 and 种间亲缘关系。结果表明 LYSV 六安分离物 CP 基因由 864 个碱基组成, 与 Genbank 上已报道的 68 个 LYSV 不同分离物 CP 基因的核苷酸序列同源性为 76.12%~84.31%; OYDV 的 CP 基因由 771 个碱基组成, 与 Genbank 上已报道的 86 个 OYDV 不同分离物同源性为 81.06%~90.40%; SYSV 的 CP 基因由 774 个碱基组成, 与 Genbank 上已报道的 11 个 SYSV 不同分离物 CP 基因同源性为 88.63%~94.32%; 从分析结果来看, LYSV 的 CP 基因不同分离物之间变异性较大, OYDV CP 变异性不大, SYSV 变异性很小; 3 种病毒都有 1 个以上的宿主, 病毒种内不同宿主分离物之间 CP 序列差异很小。进化分析显示 OYDV 和 SYSV 的 CP 基因亲缘性较近并成簇, LYSV 的 CP 基因与 OYDV 和 LYSV 的 CP 基因亲缘性较远。

**关键词:** 韭葱黄条病毒; 洋葱黄矮病毒; 胡葱黄条病毒; CP 基因; 序列分析

中图分类号: S436.421 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142(2012)02-0231-07

## CP gene cloning and sequence analysis of Liu'an isolates of *Leek yellow stripe virus*, *Onion yellow dwarf virus* and *Shallot yellow stripe virus*

WEI Chuan-Bao<sup>1,2\*</sup>, HUA Jun-Ya<sup>1</sup>, YANG Yu<sup>1</sup>, WEI Yang-Yang<sup>1</sup>, SHI Li-Li<sup>1</sup>

(1. College of Biological and Pharmaceutical Engineering, Western Anhui University, Liu'an 237012, China;  
2. Plant Biotechnological Training Center of Anhui Province, Liu'an 237012, China)

**Abstract:** Specific primers were designed to amplify CP genes of *Leek yellow stripe virus* (LYSV), *Onion yellow dwarf virus* (OYDV) and *Shallot yellow stripe virus* (SYSV) Liu'an isolates. Then the CP genes were cloned into pGEM-T vectors and were sequenced. Sequence analysis indicated that CP genes of LYSV, OYDV and SYSV Liu'an isolates consists of 864, 771 and 774 nucleotide acids respectively. Multiple alignments showed that CP gene of LYSV Liu'an isolate shared 76.12%–84.31% nucleotide acids identities with 68 LYSV CP genes reported on Genbank, CP gene of OYDV Liu'an isolate shared 81.06%–90.40% nucleotide acids identities with 86 OYDV CP genes reported on Genbank and CP gene of SYSV Liu'an isolate shared 88.63%–94.32% nucleotide acids identities with 11

① 收稿日期: 2011-07-07 修回日期: 2011-12-29

基金项目: 安徽省教育厅自然科学基金重点项目(KJ2011A272, KJ2010A328)[Supported by the Natural Scientific Foundation of Anhui Province Education Commission(KJ2011A272, KJ2010A328)]

作者简介: 韦传宝(1961-), 男, 安徽寿县人, 博士, 硕士生导师, 主要研究方向为植物病毒学, (E-mail) weichuanbao@sina.com。

\* 通讯作者(Author for correspondence)

SYSV *CP* genes reported on Genbank. These results indicated that the divergence in LYSV *CP* among different isolates was high, whilst divergence of OYDV *CP* was moderate in different isolates. All the results indicated that the variability of LYSV *CP* gene among different isolates was high, OYDV *CP* gene among different isolates was in the middle and SYSV *CP* gene among different isolates was low. Phylogenetic analysis showed that LYSV *CP* had little relationship with OYDV *CP* and SYSV *CP* and OYDV had closer relationship with SYSV than LYSV.

**Key words:** *Leek yellow stripe virus*; *Onion yellow dwarf virus*; *Shallot yellow stripe virus*; *CP* gene; sequence analysis

已知侵染葱属 (*Allium*) 植物的病毒主要来自马铃薯 Y 病毒属 (*Potyvirus*) (Tsuneyoshi 等, 1998; Chen 等, 2002)、马铃薯 X 病毒属 (*Potxvirus*) (Kanyuka 等, 1992; Ryabov 等, 1996)、麝香石竹潜隐病毒属 (*Carlavirus*) (Tsuneyoshi 等, 1998) 和葱属 X 病毒属 (*Allexivirus*) (Sumi 等, 1999), 这些病毒均为弯曲线状粒子, 基因组为正义单链 RNA。

马铃薯 Y 病毒属成员最多, 对作物的危害也最大, 该属成员基因组长约 10 kb, 3' 末端具有 poly (A) 尾巴, 含有单一开放阅读框。基因组 RNA 在宿主内先翻译成多聚蛋白, 然后自催化裂解成 10 个成熟蛋白, 从 N 端至 C 端依次为 P1、HC-Pro、P3、CI、NIa-VPg、NIa-Pro、Nib 和 CP (Coat protein) (Adrian Valli 等, 2007; Chen 等, 2001)。韭葱黄条病毒 (*Leek yellow stripe virus*, LYSV)、洋葱黄矮病毒 (*Onion yellow dwarf virus*, OYDV) 和胡葱黄条病毒 (*Shallot yellow stripe virus*, SYSV) 是马铃薯 Y 病毒属中侵染葱属作物的确定成员。这三种病毒形态结构相似, 往往呈复合感染。要检测病毒, 最方便、有效的方法是制备其抗 CP 血清, 通过间接 ELISA 方法检测病叶中的病毒粒子。制备的某种病毒抗 CP 血清最好一方面能够检测不同地区、不同宿主分离物, 另一方面与其他病毒没有交叉反应, 要预测制备的抗血清是否达到这个要求, 对 LYSV、OYDV 和 SYSV *CP* 基因种内变异性和种间亲缘关系分析的研究十分重要。本文用 RT-PCR 的方法扩增了 LYSV、OYDV 和 SYSV 六安分离物的 *CP* 基因, 分别分析了 3 种病毒 *CP* 基因种内变异性和种间亲缘关系, 为推测制备的六安分离物抗血清是否能够用于其它地区和不同宿主分离物的检测, 以及是否可能与其它病毒产生交叉反应提供依据。

## 1 实验部分

### 1.1 材料

有明显花叶病症的大蒜植株采集自六安市郊

区、寿县、舒城县和霍邱县。pGEM-T 载体和大肠杆菌 TG1 菌株购自 Promega 公司; LA Taq DNA 聚合酶、AMV Reverse Transcriptase、Ribonuclease Inhibitor、DNA Ligation Kit ver. 2 为 TaKaRa 公司产品; 1 kb DNA Ladder 为 MBI 公司产品; 引物合成以及测序由上海生工完成。

### 1.2 植物病叶总 RNA 提取与 cDNA 合成

按照 RNeasy Plant mini (QIAGEN) 试剂盒提供的方法提取病叶总 RNA, 于 -80 °C 保存。因为马铃薯 Y 病毒属成员基因组 RNA 的 5' 端有 Poly(A) 和特征序列, 设计 M4-T (5'-GTT TTC CCA GTC ACG AC(T)15-3') 为起始引物。采用离源逆转录酶体系合成 cDNA, 反应体系 20  $\mu$ L, 包括 4.0  $\mu$ L 5 $\times$  逆转录反应缓冲液, 10.5  $\mu$ L 模板 RNA, 0.5  $\mu$ L RNase inhibitor (40 U/ $\mu$ L), 2.0  $\mu$ L M4-T 起始引物 (100  $\mu$ mol/L), 2.0  $\mu$ L 10 mmol/L dNTPs, 1  $\mu$ L AMV (5 U/ $\mu$ L)。42 °C 水浴合成 1.5 h, 于 -30 °C 冰箱备用。

### 1.3 CP 基因的扩增与克隆载体的构建

根据 Genbank 上已报道的 LYSV、OYDV 和 SYSV 全序列设计相应 CP 克隆引物: LYSV-CP (+): 5'-CCA TAT GGC GGG TGA AGA GCT AGA CTC A-3'; LYSV-CP (-): 5'-GGG ATC CTA TGA GCA CCA TCA AGA TGG TG-3'; OYDV-CP (+): 5'-CCA TAT GGC AGG GGA AGG AGA AGA-3'; OYDV-CP (-): 5'-GGG ATC CTC ACA TTT TAA TAC CGA GCA AC-3'; SYSV-CP (+): 5'-CCA TAT GGC ATC AGA AAC AGA AGA-3'; SYSV-CP (-): 5'-GGG ATC CCA TAC GAA GAC CGA GCA GCG TG-3'。

以 cDNA 为模板, 采用 LA Taq DNA 聚合酶 PCR 分别扩增 LYSV、OYDV 和 SYSV 全长 *CP* 基因, 反应体系参照说明书。预期扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳分离, 用 QIAquick Gel Extraction 试剂盒回收, 具体方法参照厂家说明。将纯化产物导入 pGEM-T 载体, 并转化 TG1 菌株, 蓝白斑筛选后提取阳性克隆质粒, 经 PCR 检测确定后测序。

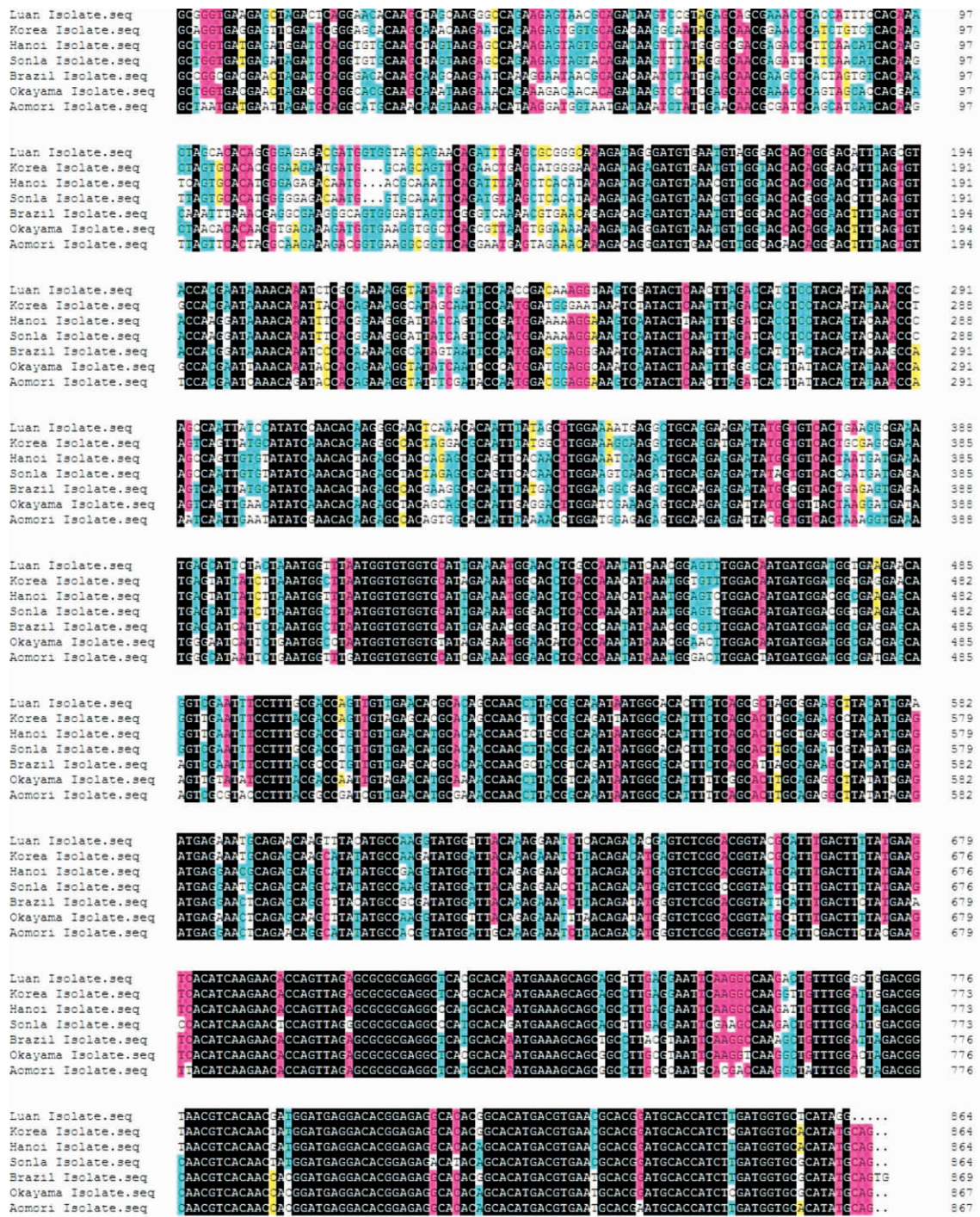


图 1 LYSV 六安分离物与部分 LYSV 分离物 CP 核苷酸序列的比对

Fig. 1 Aligment of nucleotide sequences of CP genes between Liu'an isolate and other isolates of LYSV

不同颜色表示该序列在不同分离物 CP 基因中的同源性, 其中黑色、红色、蓝色和黄色分别表示同源性达 100%、75%~100%、50%~75% 和 33%~50%。下同。Black, red, blue and yellow indicate that the homology level of these sequences reach 100%, 75%~100%, 50%~75% and 33%~50%. The same below.

### 1.4 LYSV、OYDV 和 SYSV CP 基因种内变异性和种间亲缘关系分析

采用 DNAMAN 软件分析不同分离物 CP 基因

种间亲缘关系。参考病毒分离物序列下载自 Genbank 数据库。



图 2 OYDV 六安分离物与部分 OYDV 分离物 CP 核苷酸序列的比对

Fig. 2 Alignment of nucleotide sequences of CP genes between Liu'an isolate and other isolates of OYDV

## 2 结果与分析

### 2.1 LYSV、OYDV 和 SYSV CP 基因

分别克隆了六安地区 3 个 LYSV CP 基因、4

个 OYDV CP 基因和 4 个 LYSV CP 基因。由于六安市所属 5 县总面积不大,也没有自然屏障隔离,因此同种类病毒不同分离物 CP 之间核苷酸序列同源性很高。其中 3 个 LYSV CP 基因之间核苷酸序列同源性为 97%;4 个 OYDV CP 基因之间核苷酸序

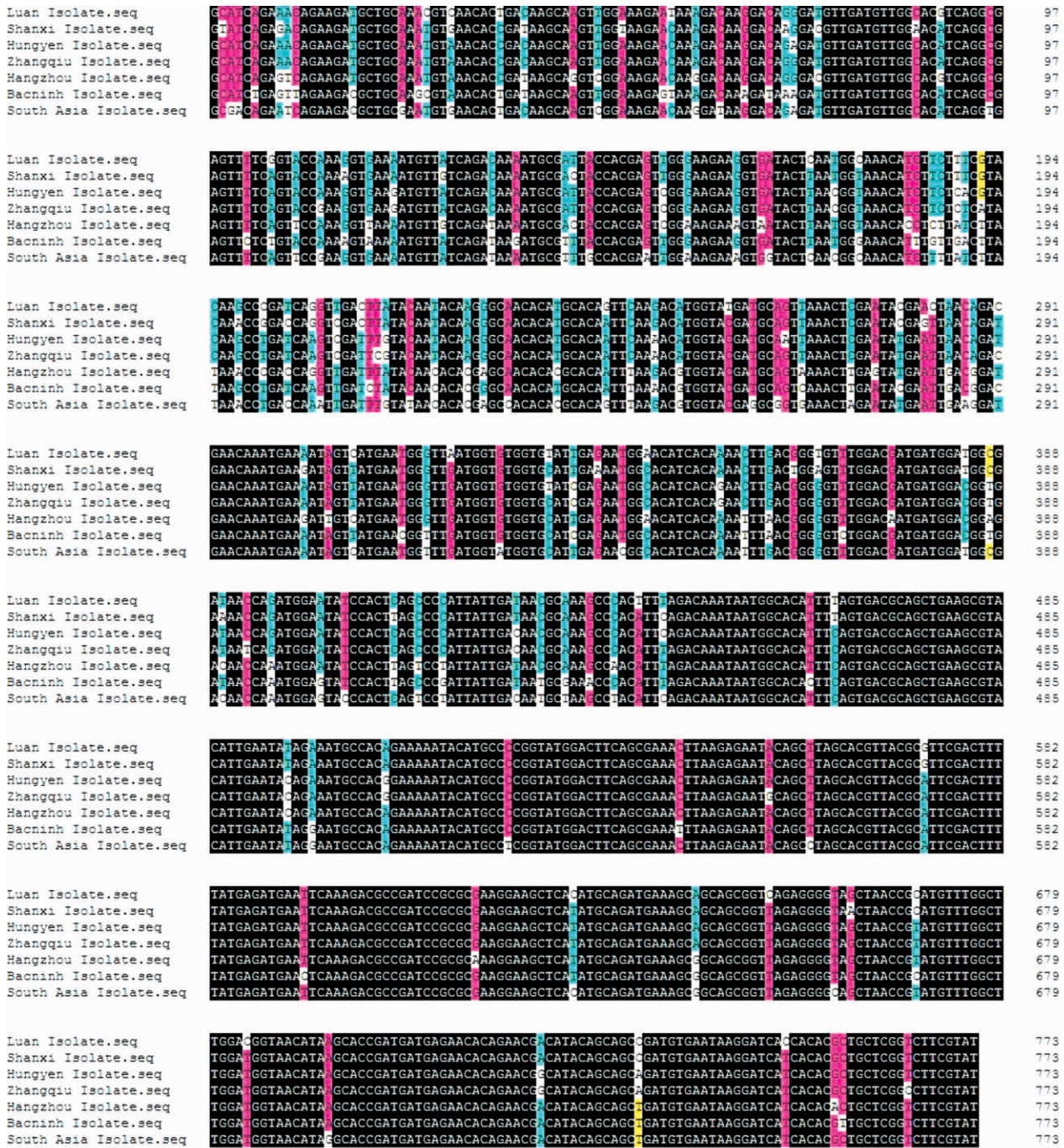


图 3 SYSV 六安分离物与部分 SYSV 分离物 CP 核苷酸序列的比对

Fig. 3 Aligment of nucleotide sequences of CP genes between Liu' isolate and other isolates of SYSV

列同源性为 96%; 4 个 LYSV CP 基因之间核苷酸序列同源性为 98%。

### 2.2 LYSV、OYDV 和 SYSV CP 基因的克隆及种内变异性分析

用引物对 LYSV-CP(+) / LYSV-CP(-)、OYDV-CP(+) / OYDV-CP(-) 和 SYSV-CP(+)

/ SYSV-CP(-) 从样品病毒 RNA 基因组 cDNA 中分别扩增到预期大小的目的片段。经纯化后插入到 pGEM-T 载体, 转化 TG1 菌, 测序并对序列进行多重比对。分析结果表明: (1) 共获得 3 个不同的 LYSV CP 基因序列(分别来自六安市郊、寿县和霍邱县), CP 基因之间核苷酸序列同源性为 97%, 说明

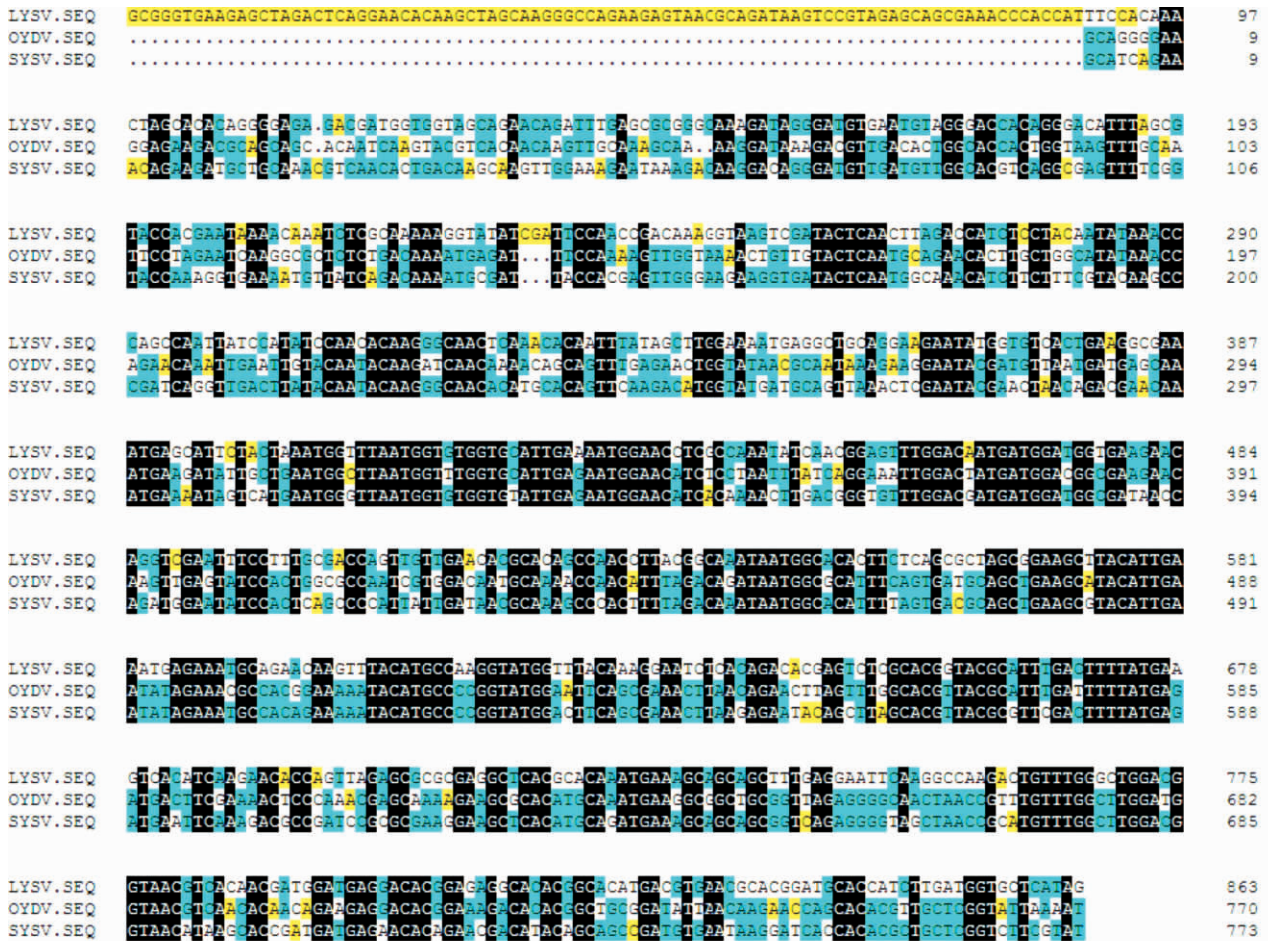


图 4 LYSV、OYDV 和 SYSV 六安分离物 CP 基因核苷酸序列比对

Fig. 4 Alignment of nucleotide sequences of CP gene of the Liu'an isolates of LYSV, OYDV and SYSV

六安市本地分离物的变异性很小,选择六安市郊分离物代表六安分离物。LYSV 六安分离物 CP 基因由 864 个碱基组成,共编码 287 个氨基酸,与 Genbank 上已报道的 68 个 LYSV 不同分离物 CP 基因的核苷酸序列同源性为 76.12%~84.31%(图 1),其中与韩国大蒜分离物(AB194634)的同源性最高(84.31%);与日本青森大蒜分离物(AB194629)的同源性最低(76.12%);与越南河内韭葱分离物(DQ925453)的同源性为 81.20%,与越南山罗韭葱分离物(DQ925452)的同源性为 80.74%,与巴西大蒜分离物(AF228415)的同源性为 79.77%,与日本冈山韭葱分离物(AB194625)的同源性为 78.09%。从同源性分析结果来看,LYSV CP 基因总体上变异较大,但不同宿主分离物之间差异不大。(2)共获得 4 个不同的 OYDV CP 基因序列(分别为六安市郊、寿县、霍邱县和舒城县),CP 基因之间核苷酸序

列同源性为 96%,说明六安市本地分离物的变异性很小,选择六安市郊分离物代表六安分离物。OYDV 六安分离物 CP 基因由 771 个碱基组成,共编码 256 个氨基酸,与 Genbank 上已报道的 86 个 OYDV 不同分离物 CP 基因的核苷酸序列同源性为 81.06%~90.40%(图 2),其中与越南山罗韭葱分离物(DQ925454)的同源性最高(90.40%);与阿根廷 III 大蒜分离物(GQ475375)的同源性最低(81.06%);与浙江余杭大蒜分离物(AJ510223)的同源性为 90.27%,与越南河内韭葱分离物(DQ925455)的同源性为 88.46%,与阿根廷 I 藜麦分离物(GQ475381)的同源性为 86.66%,与阿根廷 II 藜麦分离物(GQ475388)的同源性为 86.66%,与意大利大蒜分离物(GQ475390)的同源性为 84.97%。从同源性分析结果来看,OYDV CP 基因总体上变异不大,不同宿主分离物之间差异也不大。

(3) 共获得 4 个不同的 SYSV CP 基因序列(分别为六安市郊、寿县、霍邱县和舒城县), CP 基因之间核苷酸序列同源性为 98%, 说明六安市本地分离物的变异性很小, 选择六安市郊分离物代表六安分离物。SYSV 六安分离物 CP 基因由 774 个碱基组成, 共编码 257 个氨基酸, 与 Genbank 上已报道的 11 个 SYSV 不同分离物 CP 基因的核苷酸序列同源性为 88.63%~94.32%(图 3), 其中与陕西洋葱分离物(AM267479)的同源性最高(94.32%); 与南亚洋葱分离物(AJ223826)的同源性最低(88.63%); 与越南兴安火葱分离物(DQ925457)的同源性为 93.80%, 与山东章丘大葱分离物(AJ865077)的同源性为 93.54%, 与浙江杭州大葱分离物(AJ311370)的同源性为 90.05%, 与越南北宁韭葱分离物(DQ925458)的同源性为 89.66%。从同源性分析结果来看, SYSV CP 基因总体上变异很小, 不同宿主分离物之间差异也很小。

### 2.3 LYSV、OYDV 和 SYSV CP 基因种间亲缘关系分析

3 种病毒六安分离物 CP 基因序列间比对表明, LYSV CP 基因 3' 端比 OYDV 和 SYSV 多出约 88 个核苷酸。LYSV CP 基因与 OYDV 和 SYSV CP 基因的核苷酸序列同源性分别为 53.13% 和 52.89%; OYDV CP 基因与 SYSV CP 基因的核苷酸序列同源性为 72.97%(图 4)。

进化树分析显示国内外报道的 3 种病毒的最大进化距离为 0.225。LYSV 与两者亲缘关系较远, 进化距离达 0.148, OYDV 与 SYSV 同源性较大, 进化距离为 0.219(图 5)。

有些病毒对植物的危害十分严重(姚伟等, 2007), 病毒检测是预防的前提(侯义龙等, 2006)。葱属植物是重要的经济作物, 全世界都有种植, 由于一般采用无性繁殖, 导致病毒在鳞茎内大量积累, 严重影响作物产量和品质。LYSV 主要浸染大蒜(*Allium sativum*)、韭葱(*A. porrum*)等作物, 导致叶片出现不规则黄色条纹, 鳞茎重量显著减小。SYSV 主要感染葱(*A. fistulosum*), 产生纵向黄色条纹等症状。OYDV 天然寄主是洋葱(*A. cepa*)、也侵染大蒜、葱、韭菜(*A. tuberosum*)、韭葱等葱属作物, 也曾经在藜麦(*Chenopodium quinoa*)中分离出 OYDV。作物感染 OYDV 后植株矮化, 叶片萎缩发黄, 向下卷垂, 还会引起鳞茎退化, 花和种子的数量严重减少。从 LYSV、OYDV 和 SYSV CP 基因变

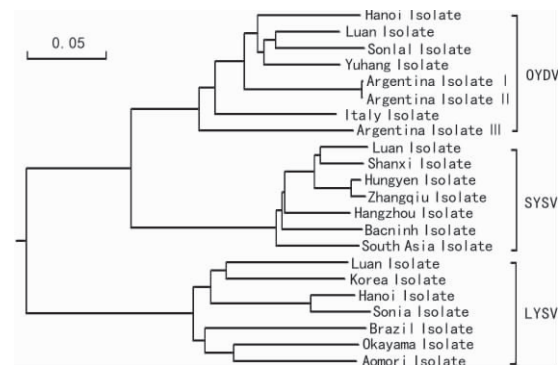


图 5 LYSV、OYDV 和 SYSV 不同分离物 CP 基因同源进化分析

Fig. 5 Phylogenetic analysis of CP gene of LYSV OYDV and SYSV different isolates

异性分析结果来看, LYSV CP 基因总体上变异较大(76.12%~84.31%), 可能六安分离物抗 CP 血清 IgG 不能与 LYSV 中某些分离物结合; OYDV CP 基因总体上变异不大(81.06%~90.40%), 不同宿主分离物之间差异也不大, SYSV CP 基因总体上变异最小(88.63%~94.32%), 不同宿主分离物之间差异也最小, 因此预测 OYDV 和 SYSV 六安分离物抗 CP 血清基本上能够与同种不同分离物之间进行结合, 能够用于这种病毒不同地区和不同宿主分离物的检测。

3 种病毒六安分离物 CP 基因间比对表明, OYDV CP 基因与 SYSV CP 基因的核苷酸序列同源性为 72.97%, 与 LYSV CP 基因的核苷酸序列同源性为 53.13%, 但抗 OYDV CP 血清与 SYSV CP 没有血清学交叉反应, 而与 LYSV CP 有微弱的血清学交叉反应(鲁宇文等, 2006), 这说明病毒 CP 基因间的同源性与其血清学关系没有必然联系, 要确定病毒之间的血清学关系仅仅靠分析 CP 基因的同源性还不够, 最终还要通过实验来确定。

### 参考文献:

- Adrian Valli, Juan Jose' Lo'pez-Moya, Juan Antonio Garc'ia. 2007. Recombination and gene duplication in the evolutionary diversification of P1 proteins in the family Potyviridae[J]. *J Gen Virol*, **88**(10):1 016-1 028
- Chen J, Chen JP, Adams MJ. 2001. Molecular characterisation of a complex mixture of viruses in garlic with mosaic symptoms in China[J]. *Arch Virol*, **146**(10):1 841-1 853
- Chen J, Chen JP, Adams MC. 2002. Characterisation of some carla- and potyviruses from bulb crops in China[J]. *Arch Virol*, (下转第 172 页 Continue on page 172)

师在论文写作过程中给予帮助,特此致谢。

### 参考文献:

- 吕柳新,陈景录. 1990. 荔枝雌雄性器官发育的相互消长[J]. 中国果树,1:9-12
- 陈杰忠,罗孝政. 1998. 荔枝花性调控研究进展[J]. 中国南方果树,27(6):26-27
- 陈洪民,方凯华,余丹青. 2010. “果保”对妃子笑荔枝果实产量和品质的影响[J]. 广东农业科学,(1):47-48
- 陈封怀. 1987. 广东植物志[M]. 广州:广东科技出版社,246
- 陶忠良,高爱平,周兆德. 2001. 气象条件对荔枝产量的影响研究综述[J]. 中国南方果树,30(4):29-31
- 黄宏芬,吕烈武. 2009. 多效唑在几种热带果树上的应用进展[J]. 现代农业科技,(6):25-26
- Batten DJ, Mcconchie CA. 1995. Floral induction in growing buds of Lychee(*Litchi chinensis*) and Mango(*Mangifera indica*) [J]. *Funct Plant Biol*, 22(5):783-791
- Chen W(陈伟), Lü LX(吕柳新), Huang CM(黄春梅), et al. 2001. Studies on ‘Wuye’ Litchi specific proteins in the embryo development stages(‘乌叶’荔枝胚胎发育过程特异蛋白的变化)[J]. *Acta Hort Sin*(园艺学报), 28(6):504-508
- Deng CJ(邓朝军), Yi GJ(易干军), Zeng JW(曾继吾), et al. 2006. Cytologic observation of somatic embryogenesis in litchi(荔枝体胚发生过程中的细胞学观察)[J]. *J Fruit Sci*(果树学报), 23(5):760-762
- Menzel CM, Simpson DR. 1995. Temperatures above 20 degrees C reduce flowering in lychee(*Litchi chinensis*) [J]. *J Hort Sci*, 70(6):981-987
- Xiao HS(肖华山), Lü LX(吕柳新), Chen ZT(陈志彤). 2003. Dynamic changes of endogenous hormone in Litchi (*Litchi Chinensis* Sonn.) pistil and stamen during flower development(荔枝花发育过程中雌雄蕊内源激素的动态变化)[J]. *Chin J Appl Environ Biol*(应用与环境生物学报), 9(1):11-15
- Xiao HS(肖华山), Lu LX(吕柳新), Chen ZT(陈志彤). 2006. Dynamic changes in polyamine, nucleic acid and proteins during the differentiation of Litchi(*Litchi chinensis* Sonn.) floral bud(荔枝花芽分化过程中多胺,核酸和蛋白质的动态)[J]. *Chin J Appl Environ Biol*(应用与环境生物学报), 12(5):640-642
- Zhang YS(张以顺), Xiang X(向旭), Huang SZ(黄上志), et al. 2003. Changes in endogenous hormone and protein content during embryo abortion in Litchi(荔枝胚败育过程中内源激素与蛋白质含量的变化)[J]. *J Plant Physiol Mol Biol*(植物生理与分子生物学学报), 29(3):233-238
- Zhu GW(朱广文), Zhou T(周天), Yao S(姚石). 2010. Advances in the use of exogenous plant growth regulator on Litchi(植物调节剂在荔枝上的应用)[J]. *Agri Sci Tech*(农业科学与技术:英文版), 11(6):65-70
- 
- (上接第 237 页 Continue from page 237)
- 147(2):419-428
- Hou YL(侯义龙), Yu YJ(于亚军), Zhang LJ(张立娟), et al. 2006. The detection of PDV in Xiema Apricot by RT-PCR(逆转录-聚合酶链式反应技术检测“歇马杏”李矮缩病毒)[J]. *Guihaia*(广西植物), 26(6):626-627
- Kanyuka KV, Vishnichenko VK, Levay KE, et al. 1992. Nucleotide sequence of shallot virus X RNA reveals a 5'-proximal cistron closely related to those of potexviruses and a unique arrangement of the 3'-proximal cistrons[J]. *J Gen Virol*, 73(10):2553-2560
- Lu YW(鲁宇文), Shen JL(沈嘉乐), Wei CB(韦传宝), et al. 2006. Prokaryotic expression of OYDV and LYSV CP gene and preparation of the antisera against their CP(洋葱黄矮病毒和非葱黄条病毒外壳蛋白基因的原核表达及抗血清制备)[J]. *Bull Sci Tech*(科技通报), 22(5):638-641
- Ryabov EV, Generozov EV, Vetten HJ, et al. 1996. Analysis of the 3'-region of the mite borne filamentous virus genome testifies its relation to the shallot virus X group[J]. *Mol Biol*, 30:103-110 (Russia)
- Sumi S, Matsumi T, Tsuneyoshi T. 1999. Complete nucleotide sequences of garlic viruses A and C members of the newly ratified genus *Allexivirus*[J]. *Arch Virol*, 144(9):1819-1826
- Tsuneyoshi T, Matsumi T, Deng TC, et al. 1998. Differentiation of *Allium carlaviruses* isolated from different parts of the world based on the viral coat protein sequence[J]. *Arch Virol*, 143(6):1093-1107
- Tsuneyoshi T, Matsumi T, Natsuaki KT, et al. 1998. Nucleotide sequence analysis of virus isolates indicates the presence of three potyvirus species in *Allium* plants[J]. *Arch Virol*, 143(1):97-113
- Yao W(姚伟), Duan ZZ(段真珍), Chen YQ(陈义强), et al. 2007. Effects of virus infection on the photosynthetic rate and reactive oxygen metabolism of transgenic sugarcane with SCMV-CP gene(病毒侵染对转 SCMV-CP 基因甘蔗光合速率和活性氧代谢的影响)[J]. *Guihaia*(广西植物), 27(1):95-99