



叶健,殷宇腾.甘蔗病毒病种类、特性及抗病毒生物育种前沿技术[J].中国农业大学学报,2025,30(11):1-13.

YE Jian, YIN Yuteng. Classification and characteristics of sugarcane virus disease and the frontier technologies in antiviral biological breeding[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(11): 1-13.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2025.11.01

甘蔗病毒病种类、特性及抗病毒生物育种前沿技术

叶健^{1,2} 殷宇腾^{1,2}

(1. 中国科学院微生物学研究所, 北京 100101;
2. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要 近年来,甘蔗病毒病频繁流行暴发,其危害日益严重。为全面了解甘蔗病毒侵染及其致病机制,以“甘蔗”“病毒”为关键词,在中国知网和 Web of Science 数据库中检索 2015—2025 年甘蔗病毒病相关文献中文 6 篇,英文 107 篇,总结了近 10 年的甘蔗病毒发生情况及为害我国甘蔗生产的多种病毒,对不同类型的病毒粒子特性、基因组结构、发病症状、传播介体以及致病机制等进行综合分析,并就转基因技术、RNAi 技术、基因编辑技术、新型药物开发以及智能化育种技术等甘蔗抗病毒育种和病害防控中的应用前景进行展望。结果表明:1) 可侵染甘蔗的病毒种类丰富,复合感染严重,目前我国甘蔗品种对病毒病总体抗性较差;2) 甘蔗病毒病的发生与多种因素密切相关,包括品种抗性、环境条件及病毒传播途径;3) 利用生物技术手段,例如转基因、RNAi、基因编辑和抗病毒药物研发等,有望提升甘蔗的抗病能力。综上,甘蔗病毒病的防治需要综合考虑多种因素,结合传统方法、现代生物技术手段,利用智能化育种策略筛选优势种质,以实现甘蔗的抗病、高糖、高产的最终目标。

关键词 甘蔗病毒病; 病毒分类; 病害防治; 防控策略

中图分类号 S435.661

文章编号 1007-4333(2025)11-0001-13

文献标志码 A

Classification and characteristics of sugarcane virus disease and the frontier technologies in antiviral biological breeding

YE Jian^{1,2}, YIN Yuteng^{1,2}

(1. Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China;
2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract Recently, sugarcane virus disease has frequently spread and erupted, showing an increasing tendency of prevalence. This study systematically summarized the current status and pathogenic mechanisms of sugarcane virus infections. Literatures published from 2015 to 2025 in CNKI and Web of Science databases were retrieved using ‘sugarcane’ and ‘virus’ as topics, and a total 6 Chinese and 107 English publications were reviewed. This review summarizes viral diseases affecting sugarcane in China over the last decade and analyzes the classification, virion characteristics, genome structure, symptoms, transmission vectors, and pathogenic mechanisms of different viruses and explores the potential of biotechnology, including transgenic technology, RNA interference (RNAi), gene editing, new medicine development, and intelligent breeding in developing virus-resistant sugarcane varieties and diseases control strategies. The results indicate that: 1) A diverse range of sugarcane viruses and severe co-infections are coupled with limited virus resistance in current Chinese sugarcane varieties; 2) The occurrence of sugarcane viral diseases is related to variety resistance, environmental conditions, and virus transmission routes; 3) Biotechnological strategies, including transgenics, RNAi, gene editing, and anti-viral medicine development offer promising avenues for enhancing viral disease resistance in

收稿日期: 2025-03-19

基金项目: 国家重点研发项目(2023YFD1200702)

第一作者: 叶健(ORCID:0000-0002-7741-4354), 研究员, 主要从事植物病理学和生物技术研究, E-mail: jianye@im.ac.cn

sugarcane. In conclusion, effective sugarcane viral disease management requires a comprehensive approach integrating traditional methods, modern biotechnology, and intelligent breeding strategies to select superior cultivated sugarcane for disease resistance, high sugar content, and high production.

Keywords sugarcane viral disease; virus classification; disease management; control strategies

甘蔗属于禾本科(Poaceae)甘蔗属(*Saccharum* L.),甘蔗不仅是生产食糖的主要原料,也是生物能源和饲料等产业的重要原材料来源^[1]。在全球范围内,甘蔗每年的经济产值约900亿美元,成为全球农业生产中不可忽视的部分^[1]。甘蔗糖约占我国(未包括香港、澳门及台湾地区,下同)食糖生产总量的85%以上,是我国食糖生产与供应的主要影响因

素,在我国的糖业生产领域占据了举足轻重的地位^[2]。近些年,随着我国对食糖的需求不断增加,因此,防治病害的发生对于甘蔗高效优质生产显得尤为重要。

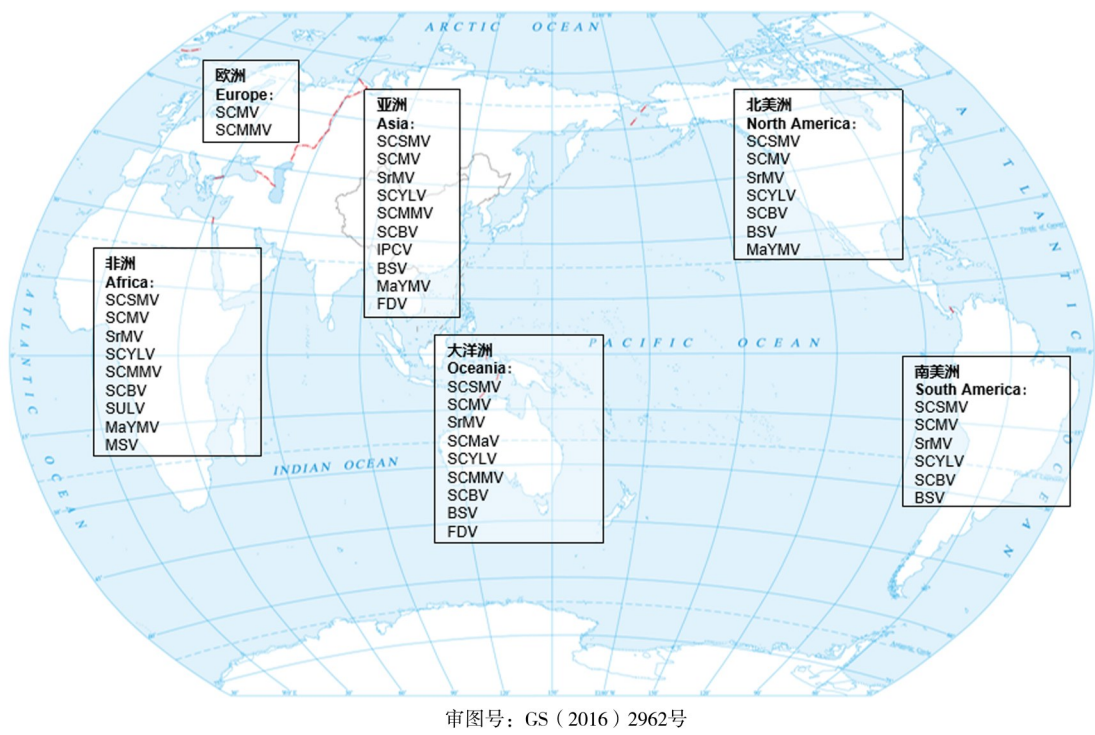
在甘蔗的生长过程中,常常面临多种病原物的复合侵染^[3-4]。为害甘蔗生长的病毒种类繁多(表1),目前已知有20余种,且分布广泛^[5-6](图1)。在我国,侵

表1 甘蔗主要病毒
Table 1 Main viruses in sugarcane

类型 Type	病毒名 Name of virus	科、属 Family, Genus	症状 Symptom	传毒媒介 Vector	分布 Location	文献 Reference
RNA	甘蔗条纹花叶病毒 SCSMV	马铃薯Y病毒科禾本病毒属 <i>Potyviridae Poacevirus</i>	花叶、部分矮化	未知	非洲、东南亚、巴西、印度、中国、美国等全部甘蔗产区	[5, 36-37]
	甘蔗花叶病毒 SCMV	马铃薯Y病毒科马铃薯Y病毒属 <i>Potyviridae Potyvirus</i>	花叶、部分矮化	黑豆蚜、玉米蚜和桃蚜等	非洲、东南亚、巴西、印度、中国、美国等全部甘蔗产区	[17, 38]
	高粱花叶病毒 SrMV	马铃薯Y病毒科马铃薯Y病毒属 <i>Potyviridae Potyvirus</i>	花叶、部分矮化	黑豆蚜、玉米蚜和桃蚜等	非洲、东南亚、巴西、印度、中国、美国等全部甘蔗产区	[17, 38-39]
	玉米黄花叶病毒 MaYMV	南方菜豆花叶一品红病毒科马铃薯卷叶病毒属 <i>Solemoviridae Polerovirus</i>	花叶	玉米叶蚜等	中国、印度等	[7-8, 40-41]
	甘蔗黄叶病毒 SCYLV	南方菜豆花叶一品红病毒科马铃薯卷叶病毒属 <i>Solemoviridae Polerovirus</i>	沿中脉黄化	高粱蚜、玉米叶蚜、水稻根蚜和甘蔗绵蚜等	非洲、东南亚、巴西、印度、中国、美国等全部甘蔗产区	[22, 42-44]
	甘蔗弱花叶病毒 SCMMV	长线型病毒科暂未定属 <i>Closteroviridae</i>	弱花叶	甘蔗红粉蚧	非洲、东南亚、美国、中国	[21, 23]
	斐济病毒 FDV	呼肠孤病毒科斐济病毒属 <i>Reoviridae Fijivirus</i>	叶脉膨大,耳突	叶蝉	非洲、东南亚、巴西、印度、中国、美国等	[32-33]
	花生丛簇病毒 PCV	帚状病毒科花生丛簇病毒属 <i>Virgaviridae Pecluvirus</i>	叶片红色斑点	禾谷多黏菌	非洲等	[45]
	印度花生丛簇病毒 IPCV	帚状病毒科花生丛簇病毒属 <i>Virgaviridae Pecluvirus</i>	叶片红色斑点	禾谷多黏菌	印度	[46]
	甘蔗条纹花叶相关病毒 SCSMaV	乙型线形病毒科暂未定属 <i>Betaflexiviridae</i>	新生叶花叶,随后变黄	未知	澳大利亚	[47]
	甘蔗幽影样病毒 SULV	番茄丛矮病毒科暂未定属 <i>Tombusviridae</i>	未知	未知	非洲等	[32-33]

表 1（续）						
类型	病毒名	科、属	症状	传毒媒介	分布	文献
Type	Name of virus	Family, Genus	Symptom	Vector	Location	Reference
DNA	甘蔗杆状病毒 SCBV	花椰菜花叶病毒科杆状	叶片斑点	甘蔗粉蚧	非洲、东南亚、巴西、印度、 中国、美国等	[48]
		DNA 病毒属				
		Caulimoviridae				
	香蕉条纹病毒 BSV	<i>Badnavirus</i>				
		花椰菜花叶病毒科杆状				
	甘蔗条纹病毒 SSTrV	DNA 病毒属	白色斑点、 褪绿条纹或 短节间状等	未知	印度、北美等	[48-49]
		Caulimoviridae				
		<i>Badnavirus</i>				
	甘蔗条纹病毒 SStrV	双生病毒科玉米线条病 毒属			中国、美国、德国等	[35]
		Geminiviridae <i>Mastrevirus</i>				

染甘蔗的病毒包括：甘蔗花叶病毒（sugarcane mosaic virus, SCMV）、高粱花叶病毒（sorghum mosaic virus, SrMV）、甘蔗条纹花叶病毒（sugarcane streak mosaic virus, SCSMV）、甘蔗黄叶病毒（sugarcane yellow leaf virus, SCYLV）、甘蔗杆状病毒（sugarcane bacilliform virus, SCBV）、甘蔗弱花叶病毒（Sugarcane mild mosaic virus, SCMMV）、（甘蔗）斐济病毒（Fiji disease virus, FDV）、玉米黄



审图号：GS（2016）2962号

SCMV, 甘蔗花叶病毒; SrMV, 高粱花叶病毒; SCSMV, 甘蔗条纹花叶病毒; SCYLV, 甘蔗黄叶病毒; SCBV, 甘蔗杆状病毒; SCMMV, 甘蔗弱花叶病毒; FDV, (甘蔗)斐济病毒; MaYMV, 玉米黄花叶病毒; MSV, 玉米条纹病毒; SStrV, 甘蔗条纹病毒; IPCV, 印度花生丛簇病毒; PCV, 花生丛簇病毒; BSV, 香蕉条纹病毒; SULV, 甘蔗幽影样病毒。

SCMV, sugarcane mosaic virus; SrMV, sorghum mosaic virus; SCSMV, sugarcane streak mosaic virus; SCYLV, sugarcane yellow leaf virus; SCBV, sugarcane bacilliform virus; SCMMV, sugarcane mild mosaic virus; FDV, Fiji disease virus; MaYMV, maize yellow mosaic virus; MSV, maize streak virus; SStrV, sugarcane striate virus; IPCV, Indian peanut clump virus; PCV, peanut clump virus; BSV, banana streak virus; SULV, sugarcane umbra-like virus.

图 1 全球为害甘蔗生产主要病毒的分布

Fig. 1 Global distribution of major viral pathogens affecting sugarcane production

花叶病毒(maize yellow mosaic virus, MaYMV)、玉米条纹病毒(maize streak virus, MSV)、甘蔗条点病毒(sugarcane striate virus, SStrV)等^[6-8]。这些病毒会引起不同程度的叶片斑驳、花叶、黄化、条纹等症状,导致甘蔗植株代谢紊乱、光合作用受阻,植株矮化、最终会引发含糖量下降和减产^[9],严重时可使甘蔗减产20%~50%^[10-12]。

对于农作物,抵御病害的主要方式就是依靠栽培品种的抗性^[3,10-14]。然而,甘蔗具有独特的高倍性特点,导致同时整合多个优良基因变得十分困难,因此在兼顾高产、高糖、抵御多种病害方面仍然面临挑战^[13-14]。由于甘蔗普遍采用种茎增殖方式进行无性繁殖,加快了病毒的传播速度^[5-8]。目前,综合分析为害甘蔗病毒类型与侵染机制方面的研究鲜见报道。本研究以“甘蔗”“病毒”为主题检索,获取甘蔗病毒相关文献,对侵染甘蔗的多种病毒病进行总结分析,全面介绍这些病毒的分类、病毒粒子特性、基因组结构、侵染症状、传播介质以及致病机制,旨在增进对其发生机制和防控方法的全面了解,以期为甘蔗病毒病的综合防治提供理论依据。

1 文献来源

在中国知网、Web of Science等数据库,以“甘蔗(sugarcane)”“病毒(virus)”等关键词检索相关文献113篇。

2 病毒病粒子特征、基因组结构与症状表现

2.1 SCMV、SrMV及SCSMV

甘蔗花叶病(sugarcane mosaic disease, SMD)发生非常广泛,包括所有的甘蔗主产区。甘蔗花叶病毒(sugarcane mosaic virus, SCMV)、高粱花叶病毒(sorghum mosaic virus, SrMV)和甘蔗条纹花叶病毒(sugarcane streak mosaic virus, SCSMV)是引发甘蔗花叶病害的主要病原物。SCMV、SrMV属于马铃薯Y病毒科(Potyviridae)马铃薯Y病毒属(Potyvirus)^[15-16]。SCSMV属于马铃薯Y病毒科禾本病毒属(Poacevirus)^[5]。3种病毒的基因大小约为10 000 nt,都为正义单链的RNA病毒。3种病毒的病毒粒子形态相似,均呈线状,直径约为10~15 nm,长度在430~900 nm^[17]。其中SCMV、SrMV在植物中聚集成风轮状,具备马铃薯Y病毒科病毒粒子的典型特性。3种病毒的翻译与蛋白加工过程也符合马铃薯Y病毒

科的典型特点,3种病毒的基因组连接蛋白(viral protein genome-linked, VPg)均结合于5'UTR区域后,病毒的开放阅读框(open reading frame, ORF)翻译成2条长的多聚蛋白,经过P1、HC-Pro和Nlb 3种蛋白酶的共同作用以及转录滑移,水解成11个成熟蛋白,分别为P1、HC-Pro、P3、6K1、CI、6K2、VPg、Nla-Pro、Nlb、CP和P3N-PIPO^[18]。P3N-PIPO是P3顺反子在GAAAAAAA保守序列中插入1个A发生转录滑移产生的功能蛋白,被认为是马铃薯Y病毒(PVY)科家族中唯一的运动蛋白^[18]。尽管3种病毒的蛋白名称相似,但蛋白功能却有一定区别。例如,SCMV和SrMV的HC-Pro可以发挥沉默抑制子的功能,而SCSMV的沉默抑制子则是P1蛋白。3种病毒产生的表观症状类似,均会致使甘蔗产生条纹花叶的症状。3种病毒在田间复合侵染情况频繁发生,这也给田间生产中的病原物识别带来了一定的困难。3种病毒导致的甘蔗花叶病的最初症状表现为叶片基部或中部出现黄色条状斑点,黄色条状斑点随植物生长逐渐扩展成典型的斑驳花叶症状,严重程度随植株生长逐渐增加^[19]。

2.2 SCMMV

甘蔗弱花叶病毒(sugarcane mild mosaic virus, SCMMV)也是引发甘蔗花叶症状的病原之一^[20]。SCMMV最初发现于SCBV的抗体制备中,通过透射电镜经复染发现,且可与SCBV共同侵染甘蔗^[20]。SCMMV病毒粒子呈长线状,属于长线型病毒科(Closteroviridae),暂未定属。SCMMV病毒粒子长1 500~1 600 nm,直径约12 nm^[21]。近些年,SCMMV序列已经被高通量测序技术解析,SCMMV基因组约为13 000 nt,为正义单链RNA病毒^[22-23]。目前SCMMV已被报道在东南亚各国、澳大利亚、哥斯达黎加、马拉维、毛里求斯、南非和美国等均有发生,近些年在中国的主要甘蔗产区也有发生^[24-25]。SCMMV在甘蔗侵染前期症状不明显,常与SCBV复合侵染,是一种潜在的未完全爆发的甘蔗病毒病^[25]。

2.3 SCYLV

甘蔗黄叶病则是另一类具有典型症状的病害,主要由甘蔗黄叶病毒(sugarcane yellow leaf virus, SCYLV)和甘蔗植原体侵染发生^[19,26-27]。其中,SCYLV在侵染前期无典型症状,中后期会使叶片出现黄化症状,随着感染进程的推进,SCYLV会引起甘蔗中脉的严重黄化,并向叶片扩展,最终从叶

尖到叶基部发生组织坏死,导致甘蔗产量下降^[26]。甘蔗黄叶病毒隶属于南方菜豆花叶一品红病毒科(Solemoviridae)、马铃薯卷叶病毒属(*Polerovirus*),是一种正义单链 RNA 病毒。SCYLV 基因组全长约 6 000 nt,病毒粒子呈球形,病毒粒子直径为 24~29 nm,由 180 个外壳蛋白亚基构成,形成稳定的病毒衣壳^[27-28]。SCYLV 基因组编码 7 种功能蛋白,其中 3 种蛋白通过基因组 RNA 直接翻译,主要参与病毒的复制过程及抑制宿主的 RNA 沉默机制,从而促进病毒的有效侵染。其余 4 种蛋白通过亚基因组 RNA(subgenomic RNA)表达,主要负责病毒在宿主细胞内的长距离运动、细胞间传播以及病毒粒子的组装。与病毒复制相关的 3 个开放阅读框由基因组 RNA 翻译,包括 ORF0(编码 30 kU 的 RNA 沉默抑制因子,P0)、ORF1(编码 72 kU 的多功能蛋白酶体,P1)和 ORF2(通过 ORF1 内的核糖体移码翻译生成 120 kU 的 RNA 依赖性 RNA 聚合酶,RDRP)^[27]。其他 4 种与病毒运动相关的 ORF 由亚基因组 RNA 表达,包括 ORF3a(编码 4.8 kU 可能发挥病毒远距离运动功能的蛋白,P3a)、ORF3(编码 21 kU 的衣壳蛋白,coat protein CP)、ORF4(编码 17 kU 的运动蛋白,movement protein MP)和 ORF5(外壳蛋白通过核糖体通读产生的通读蛋白,被认为与蚜虫传播有关,coat protein readthrough domain CP-RTD)^[27-28]。通过多蛋白协同在植物体内实现了 SCYLV 的组装以及通过蚜虫传播。

2.4 SCBV

甘蔗杆状病毒(sugarcane bacilliform virus, SCBV)隶属于花椰菜花叶病毒科(Caulimoviridae)、杆状 DNA 病毒属(*Badnavirus*),具有双链环状 DNA 基因组,SCBV 编码 3 个 ORF,包括 ORF1、ORF2 和 ORF3^[29]。其中,ORF3 编码 1 个大型多聚蛋白,最终被蛋白酶介导切割加工,包括运动蛋白(MP)、外壳蛋白(CP)、天冬氨酸蛋白酶(aspartate protease,AP)、逆转录酶(reverse transcriptase,RT)和核糖核酸酶 H(RNase H)^[29-30]。但 ORF1 和 ORF2 的功能尚未被充分探索。SCBV 感染会导致甘蔗含糖量和产量下降,部分品种可能不表现明显的症状,严重感染 SCBV 的甘蔗植株通常表现为叶片上出现斑点或斑驳^[31]。

2.5 FDV

斐济病毒(Fiji disease virus,FDV)隶属于呼肠

孤病毒科(Reoviridae)斐济病毒属(*Fijivirus*),由 10 个基因组片段的双链 RNA 组成其基因组,病毒粒子为双层二十面体结构^[32]。FDV 于 1886 年首次被报道,严重影响了斐济的商业甘蔗作物的产量^[32-33]。印度、东南亚和非洲各国的甘蔗产区均检出过 FDV^[32-33],但截至目前,中国大陆地区未见 FDV 田间大量爆发为害甘蔗的报道。该病毒侵染会导致甘蔗韧皮部肥大、叶脉隆起、叶片背部产生耳突和瘤,从而影响甘蔗正常的维管束运输能力,造成甘蔗的严重减产甚至绝收^[32-33]。

2.6 SStrV

甘蔗条纹病毒(sugarcane striate virus,SStrV)隶属于双生病毒科(Geminiviridae)玉米线条病毒属(*Mastrevirus*),是新发现的甘蔗病毒。SStrV 基因组大小约 2 700 nt,基因组为单链环状 DNA 结构^[34]。2015 年最先在我国广西壮族自治区栽培的甘蔗测序中被发现,随后又陆续在法国、美国、德国相继被发现^[34]。SStrV 在广西、云南、广东、福建等多个省份均被检出,且具备较高的致病性,该病毒已在我国甘蔗产区普遍发生^[34-35]。该病毒侵染会引发甘蔗叶片出现白色斑点、褪绿条纹或甘蔗节间变短等症状^[35]。

3 病毒致病机制研究进展

3.1 SCSMV

SCSMV 感染甘蔗后,常表现为叶片上出现不规则的条纹状花叶症状,对甘蔗的田间生产和后期产量造成显著的影响^[50]。通过对转基因本生烟(*Nicotiana benthamiana*)进行功能验证发现,SCSMV 的 P1 蛋白负调控多种与光合作用相关基因的转录^[50-51]。因此,P1 蛋白可能是造成甘蔗出现条纹状花叶病斑的重要致病因子之一^[50-51]。除此之外,SCSMV 的 P1 蛋白具有抑制宿主 Argonaute(AGO)蛋白功能的保守 WG 基序,可以作为沉默抑制因子促进病毒的侵染与扩散^[52]。值得注意的是,与大多数马铃薯 Y 病毒属的病毒不同,SCSMV 的 HC-Pro 不能为 SCSMV 发挥沉默抑制子的功能,反而会部分拮抗 P1 的沉默抑制子活性,这种独特的调控模式可能是病毒平衡宿主防御与自身复制的策略^[52]。目前,已经开发出基于 SCSMV 及其重组载体的侵染性克隆^[5]。这对于进一步深入理解 SCSMV 的分子机制和传播途径,开发有效的防治

措施具有重要意义。

3.2 SCMV

SCMV 具备高度的遗传多样性,根据侵染范围、氨基酸序列、侵染症状的不同,印度最早分离出 SCMV-A~N 等 10 种株系,后续又鉴定出 SCMV-MDB 等多种株系^[53]。据田间侵染株系显示,不同 SCMV 株系之间的侵染能力差异较大,例如 SCMV-MDB 株系难以侵染甘蔗^[54-55]。对外壳蛋白(CP)的分析表明,SCMV 的 CP 蛋白 N 端存在显著的遗传变异。来自甘蔗和玉米 SCMV 的分离株之间普遍存在 3 个保守氨基酸的差异,说明这 3 个氨基酸位点与宿主偏好性密切相关,这可能是不同分型之间侵染能力出现差异的原因之一^[56]。

在分子机制层面,SCMV 侵染会显著干扰甘蔗的糖代谢通路^[57-58]。对比 SCMV 的抗性甘蔗品种‘B-48’与感病品种‘Badila’的转录组数据发现,SCMV 侵染可上调糖代谢和运输相关基因的转录水平和蛋白质积累水平,导致植物对病毒复制过程的能量供应增加,从而使病毒增殖速度加快^[57-58]。这可能是 SCMV 侵染导致甘蔗植株矮化、产量降低的重要原因之一。在 SCMV 的侵染过程中,会诱发甘蔗活性氧(reactive oxygen species, ROS)爆发的产生,可致使甘蔗细胞超微结构破坏^[59]。此外,SCMV 的 6K2 蛋白会与宿主 ScPIP2 互作,抑制其寡聚化,降低 H₂O₂ 介导的抗性,进一步促进了病毒的侵染进程^[60]。

这些研究共同揭示了 SCMV 潜在致病的多种机制:1)CP 蛋白等关键氨基酸位点决定宿主的偏好性;2)可通过改变宿主糖代谢,为病毒复制获取更多物质和能量,使得病毒的积累量增加;3)利用效应蛋白破坏 ROS 防御系统。最终助力 SCMV 的侵染循环过程。

3.3 SrMV

根据透射电镜结果显示,SrMV 侵染可影响甘蔗叶片的超微结构,被 SrMV 侵染的甘蔗叶片细胞扭曲,细胞壁增厚,病毒周围存在大量可能与病毒复制有关的囊泡^[61]。细胞核和核仁结构变形或降解,核质成分也被降解。病毒也可以改变叶绿体状态,影响甘蔗的光合作用,导致甘蔗的产量与品质降低^[61]。

为应对 SrMV 侵染,甘蔗通过上调 ScRP10 基因的表达来建立防御反应^[61]。转录组分析表明,

ScRP10 不仅受 SrMV 侵染诱导上调,还能被茉莉酸甲酯(methyl jasmonate, MeJA)和水杨酸(Salicylic, SA)等防御相关的植物生长物质激活^[61],这可能是甘蔗抵抗 SrMV 侵染的重要分子机制之一。

3.4 SCYLV

SCYLV 侵染的甘蔗通常表现为叶片黄化,随着侵染的加剧,SCYLV 会引起甘蔗中脉的严重黄化,并向叶片扩展,最终从叶尖到叶基部发生组织坏死,甘蔗产量下降^[62]。感染后的叶片还会表现出一系列异常的表型,如呼吸作用增强、光合作用减弱、己糖与蔗糖比例变化以及淀粉含量增加等,阻碍甘蔗糖分运输转运,导致产量下降^[62-63]。

SCYLV 的 P0 蛋白被鉴定为病毒的强沉默抑制子,同时也是 SCYLV 的致病因子^[64]。用携带 SCYLV-P0 基因的 PVX 重组病毒接种本生烟发现,P0 可显著增加 ROS 水平,在病毒接种中后期增加了 PVX 的积累水平并加重了病症^[64]。这也表明,SCYLV 通过其 P0 蛋白破坏宿主的防御系统,导致甘蔗正常的代谢功能紊乱,最终造成甘蔗减产。

3.5 SCBV

作为花椰菜病毒科的同科病毒,SCBV 的启动子区域目前备受关注。Sun 等^[65]研究发现,SCBV 基因组中富含干旱胁迫相关的顺式作用元件(ABREs)的双向启动子,受植物 ABA 及干旱信号正调控。因此,可以使用 SCBV 启动子驱动植物抗旱相关基因,使目的基因在高浓度 ABA 胁迫下高表达,进而提高植物对于干旱逆境的适应性。

目前尚未证实 SCBV 具备基因组整合能力^[66-68]。SCBV 的近缘病毒物种香蕉条纹病毒(banana streak virus, BSV)具备将遗传物质整合至植物基因组并在适当条件下利用整合片段产生游离态病毒的能力^[66-68]。因此,SCBV 可能具备类似 BSV 的整合-激活机制。Xu 等^[30]研究表明,SCBV 中由 ORF2 编码的 P2 蛋白在侵染过程中具有沉默抑制子和致病因子的双重功能,并且能够抑制 DNA 甲基化。此外,P2 蛋白还具有非特异性的 DNA 结合活性,这可能在 SCBV 整合至植物基因组的过程中起到重要作用^[30]。这一发现为研究 SCBV 的整合机制提供了新的线索,尽管该机制尚未完全阐明。如果能够深入探讨 SCBV 的整合机制,或许能够利用其对甘蔗基因组的整合特性,开发出基于甘蔗的高效转基因工具或基因编辑工具,为甘蔗的育

种和改良提供新的技术路径。

4 甘蔗病毒传播

病原传播机制是决定甘蔗病毒病持续流行的关键因素^[56]。在甘蔗生产中,主要采用以种茎或组织培养的方式进行无性繁殖^[2,10,12]。种茎是病毒进行远距离传播的主要载体,也是甘蔗初始毒源积累的主要途径^[4,57]。作为可宿根作物,宿根甘蔗增加了甘蔗病毒病发生的几率。由于SCMV、SrMV和SCSMV均可通过摩擦传播,农业机械可能在田间操作中作为传毒媒介^[4,36-37]。

虫媒途径通常是植物病毒病短距离传播的最主要方式。在虫媒传播方面,SCMV和SrMV主要通过黑豆蚜(*Aphis craccivora*)、玉米蚜(*Rhopalsiphum maidis*)和桃蚜(*Myzus persicae*)等多种蚜虫,以非持久性、非循环型的方式进行水平传播^[38,69-70]。其中,SCMV的HC-Pro和CP蛋白在传播过程中发挥着关键作用。HC-Pro蛋白的N端含有KITC基序,该基序与蚜虫口针结合;而HC-Pro蛋白的C端则含有PTK基序,通过与CP蛋白N端保守的氨基酸基序DAG相互作用,促进病毒粒子的结合,最终共同实现病毒粒子与蚜虫口针的短暂结合,实现病毒传播过程^[71-72]。

蚜虫也是SCYLV的传毒媒介,高粱蚜(*Melanaphis sacchari*)等多种蚜虫以持久性、循环非增殖的方式传播SCYLV,但传毒效率在不同蚜虫种类之间有一定差异^[26]。通过CP-RTD蛋白包装,实现SCYLV在蚜虫体内的循环式运输。甘蔗红粉蚧(*Saccharicoccus sacchari*)是SCBV和SCMMV的共同传播媒介,因此常发生2种病毒复合侵染的情况^[20]。Prabowo等^[73]通过研究已经排除了甘蔗蚜(*Ceratovacuna lanigera*)和甘蔗红粉蚧作为SCSMV的媒介传播SCSMV的可能性。遗传进化分析表明,SCSMV近缘病毒物种均以螨虫作为传播媒介,因此,不能排除螨虫传播SCSMV的可能性^[74]。综上,虫媒传播是多种甘蔗病毒病在大田中主要的传播方式之一。

除直接传播途径外,田间杂草作为病毒中间宿主的作用不容忽视。杂草作为多种病毒的替代宿主,可以为病毒提供越冬生存环境^[3,8,11,15]。在生长季,经过多种虫媒取食后,实现病毒通过多种杂草的短距离传播^[36-37]。狗尾草、马唐和稗草等田间多

种杂草可以作为SCMV与SrMV的中间宿主;大麦、小麦、玉米、高粱等也可以作为SCYLV的中间宿主^[75-76];高粱以及田间杂草可以作为SCSMV的中间宿主,但SCSMV通过中间宿主传播较为少见^[37]。因此,田间杂草也为多种甘蔗病毒传播带来了潜在的风险。

甘蔗病毒病主要通过3种途径传播:种茎和农具介导的无性繁殖传播,蚜虫和粉蚧等虫媒传播,以及杂草介导的间接传播。综上,虫媒传播是田间病毒流行和暴发的关键途径,而无性繁殖和杂草宿主则促进了病毒的扩散与积累。

5 病毒防控

5.1 农艺操作防控

传统的农艺操作防控手段主要集中在控制传染源、切断传播途径、选择抗性品种等^[32,39,69,77-78]。在大田生产中可通过清除病残体、杂草、对甘蔗增殖种茎进行脱毒处理、选用无毒种茎等方法从传染源角度对病毒的传播加以控制。部分病毒也可以通过短暂的高温处理实现种茎脱毒,这也是一种非常有效的防控措施。以SCSMV为例,将携带SCSMV的种茎用52~55℃热水处理能够推迟病害发生^[79]。除选用无毒种茎或组织培养无毒苗以降低带毒率,抗病品种也是预防种苗感染的良好方法。Yin等^[43]研究表明,不同甘蔗品种对SCYLV的抗性存在显著差异,可以通过品种抗性来降低风险。利用SCYLV侵染性克隆对3种甘蔗栽培品种的抗性进行评估,发现其对SCYLV抗性由强到弱为‘柳城05-136’>‘桂糖76’>‘拔地拉’^[43]。在选育抗性品种方面,也可以通过对多种抗性品种进行杂交,以选育具备抗性的优良后代。在甘蔗生长过程中,需在虫害发生初期及时施用农药以降低虫口基数,从而预防甘蔗病毒病并减少综合损失。在田间农业操作时,要做好农业工具消毒处理,防止病毒交叉感染产生的甘蔗侵染。良好的水肥管理有助于预防甘蔗病毒病。例如,SCBV携带干旱诱导启动子^[30],不利的水肥条件可能促进其增殖。总之,传统农艺操作在甘蔗病毒病的大田防控中仍然发挥着不可替代的重要作用。

5.2 现代防控技术

近些年,随着生物技术的不断发展,越来越多的生物技术手段也逐渐应用于农艺措施中。转基

因技术在培育新型抗性种质资源方面展现出巨大潜力,是未来品种选育的重要研究方向之一。在虫媒控制方面,转雪花莲凝集素(*galanthus nivalis* agglutinin, GNA)和大蒜凝集素(*allium sativum* agglutinin, ASA)等基因的甘蔗对刺吸式口器昆虫具有显著抗性,可有效延缓蚜虫的发育并降低种群密度,降低病虫害风险与损失^[80-81]。除了传统的转基因手段,RNAi技术也为防控病毒侵染及虫媒传播提供了新思路。RNAi技术通过设计靶向蚜虫或病毒关键基因的dsRNA,通过植物表达或外源施用以达到抗虫或抗病的目的^[82]。例如,针对SCMV、SrMV、SCSMV、SCYLV等病毒CP蛋白设计的RNAi载体可有效降低病毒侵染水平^[83-86]。在虫媒控制方面,沉默蚜虫苯丙氨酸解氨酶(phenylalanine ammonia-lyase, PAL)及蜕皮激素受体(ecdysone receptor, EcR)等相关基因可显著抑制蚜虫种群的增长,达到控制昆虫媒介的目的^[82,87],但还未见在甘蔗领域的应用的报道。相较于传统农药或转基因抗虫技术,RNAi在环境安全性和靶标精准性方面更具优势,未来可在甘蔗上拓展RNAi抗虫技术^[88-89]。此外,CRISPR/Cas也是抗击多种病毒的良好方法。CRISPR/Cas抗病毒有2种方法,一种方法可以直接靶向病毒的特异性序列,直接对病毒的基因组进行编辑;二是靶向病毒侵染复制需要的宿主内源基因,干扰病毒在宿主体内的正常复制、侵染过程^[90-91]。抗病(R)基因的改造是增强植物抗病免疫的有效策略。尽管目前尚未挖掘出针对甘蔗多种病毒的有效R基因,未来的研究可针对甘蔗R基因进行挖掘^[92]。

除此之外,智能育种技术也逐渐成为作物抗病育种的良好方法。智能育种是基于大数据分析,通过关联作物优势性状与基因型,实现快速育种^[93-94]。智能育种可以利用全基因组选择(genomic selection, GS)、辅助标记(marker assisted selection, MAS)、全基因组关联分析(genome-wide association study, GWAS)等技术,对不同性状的作物品种进行信息统计建库;随后,通过高通量测序技术,利用SNP将不同优良性状与潜在作用的基因进行匹配,对基因的潜在功能进行大数据预测,最终实现高产、抗逆等优势性状与不同基因类型关联,以便于选择高遗传率的个体进行后续的品种改良^[93-94]。全基因组选择育种可在一定程度上大幅度

缩短育种时间,但由于甘蔗独特的倍性因素,其基因组结构高度复杂,导致难以建立严格的关联性状和有效的关联图谱^[95]。目前,已有多个案例通过甘蔗基因组选择方法分别对甘蔗SCYLV抗性、黑穗病抗性、木质素、产量、纤维素含量等进行评估^[96-98],但还未应用于甘蔗育种研究中。因此,在甘蔗育种中全面应用现代智能育种技术仍面临诸多挑战,与其他作物相比还有很长的路要走。

除了转基因、基因编辑、抗性基因改造、智能育种等依托植物自身抗性的生物技术手段以外,通过辅助技术手段间接增强植物的抗病能力,同样是大田抗病的重要策略。光作为植物的能量来源之一,在病毒侵染传播过程中,也发挥了重要的作用。已有研究表明,近红外光(810 nm)可增加植物PIF4转录因子的积累,从而增加植物RNAi的水平,可以增强植物的抗病性^[99-100]。因此,如果能利用覆膜或其他方式,人工调节光谱与光组分构成,可能是一种潜在的抗病方法。新型的抗病毒药物则是另一种抗病毒策略。新型抗病毒药物主要包括:新型抗病化合物和生物抗病小肽。新型抗病化合物一般是指植物的天然代谢产物,小肽通常是指由几个到几十个氨基酸组成的短肽链,二者可以通过多种机制激活植物的免疫系统^[101]。新型抗病毒药物发挥具体功能有2种方式,一类是新型抗病化合物直接与植物蛋白互作,激活或增强植物的免疫反应,可以通过激活植物自身的抗病通路或抑制病原物的复制、运动等过程,以达到抗病目的^[102]。例如,CLE7小肽可以与本氏烟中LRR-RLK家族成员NbPXC3互作,增强多种RNA病毒的抗性^[103]。另一类新型抗病化合物则可以与病毒蛋白互作,直接抑制病毒的复制或传播。例如,植物源化合物孕甾烷C21甾体可以与TMV的CP蛋白结合,抑制病毒的正常组装过程,且抗病效果优于传统农药‘宁南霉素’^[104]。植物来源的小肽VISP1则可以靶向降解病毒的沉默抑制子,抑制病毒的增殖过程^[105]。因此,人工设计或从甘蔗植物中筛选具有天然抗病毒活性的成分,特异性靶向降解病毒的致病基因,可能是未来研发抗甘蔗病毒病药物的良好方案^[101]。

6 展 望

甘蔗作为异源多倍体植物,细胞内含有多个来自不同祖先物种的染色体,其基因组复杂且具有高

度多样性。在过去几十年中,传统育种技术在提升甘蔗产量和抗逆性方面发挥了重要作用,逐步培育出了高产、高糖、抗逆性强的优良品种,如‘柳城 05-136’、‘桂糖 42’、‘桂糖 44’、‘桂糖 76’、‘中蔗 5 号’和‘中蔗 9 号’等^[106]。然而,近年来,甘蔗病毒病的蔓延速度呈逐渐加快趋势,传统的杂交育种方法很难整合多个优良性状,并实现抗逆且高产的目标^[95]。在此背景下,以转基因、基因编辑、RNA 干扰(RNAi)为代表的现代生物技术,通过定点靶向作物特定基因,实现特定性状的改良,突破了传统育种方法育种周期较长和遗传背景较复杂的局限^[107-108],为甘蔗高效抗病育种提供了新的路径。近年来,多个甘蔗栽培品种的基因组相继解析^[13-14],这将大幅度推进智能育种进程,可加快挖掘与优良性状关联的抗病基因,为甘蔗基因功能研究奠定了坚实的基础。有望推动智能育种技术进步,革新甘蔗传统育种范式,突破复杂性状背后的遗传密码的解析。然而,由于分子育种手段在甘蔗育种中的应用仍处于起步阶段,受限于甘蔗独特的倍性限制,使得转基因植物过表达水平低,难以展现表型差异。在甘蔗基因编辑育种方面,同样存在嵌合编辑问题,难以实现对多个拷贝或等位基因进行同时编辑,制约了对甘蔗基因功能的深入研究^[109]。因此,要通过基因编辑等分子育种技术精确控制甘蔗的遗传特性,需要对转基因方法、基因编辑载体进行进一步优化以适应甘蔗独特的倍性水平^[110]。

病毒载体往往是植物解析基因功能的快速工具之一^[5,43]。虽然病毒载体在甘蔗基因功能解析应用中面临接种效率低、稳定性不足和外源基因容量受限等技术瓶颈,但通过优化的过表达载体、开发基因沉默载体系统,其在功能基因组学研究中的快速解析基因的能力仍具有独特优势。值得注意的是,甘蔗特有病毒 SCBV 的潜在整合机制若被阐明,或可为高效转基因载体提供新思路。

在生物技术领域,基于大数据分析和人工智能预测模型的新型化合物与小肽功能鉴定技术已在微生物与植物互作等研究中取得显著进展,其应用范围涵盖细菌、真菌及病毒等^[103,105,111]。尽管生物源抗病化合物与生物源小肽对作物具有安全特性^[112-113],但似乎在甘蔗抗病生产中难以广泛应用。首先,甘蔗特有的蜡质层结构严重限制了植株对外源化合物的吸收效率;其次,其复杂的遗传背景导

致化合物代谢网络异常复杂,加之小肽表达丰度普遍较低^[112-113],使得传统基因组学方法难以有效挖掘相关功能分子。这些技术的瓶颈使得生物源抗病化合物与小肽在甘蔗领域的实际应用仍存在较大距离。

多学科交叉的生物技术为甘蔗育种提供了新思路,但目前仍处于模式植物向甘蔗、实验室向田间过渡的探索阶段。智能育种等多种技术整合难度大、转基因效率低、基因编辑等工具匮乏,严重制约着新兴生物技术在甘蔗病害防控中的实际应用。未来需要在提升基因编辑效率、挖掘抗病基因、构建智能化育种平台等关键技术领域实现突破,才能切实推动生物技术从理论研究向产业化应用转化。

参考文献 Reference

- [1] Zuurbier P, van de Vooren J. *Sugarcane Ethanol: Contributions to Climate Change Mitigation and the Environment*[M]. Wageningen: Wageningen Academic Publishers, 2008
- [2] de Oliveira A B. *Sugarcane Technology and Research*[M/OL]. (2018-05-16). DOI: 10.5772/intechopen.69564
- [3] Singh D, Tewari A K, Rao G, Karupiah R, Viswanathan R, Arya M, Baranwal V. RT-PCR/PCR analysis detected mixed infection of DNA and RNA viruses infecting sugarcane crops in different states of India[J]. *Sugar Tech*, 2009, 11: 373-380
- [4] He E Q, Bao W Q, Sun S R, Hu C Y, Chen J S, Bi Z W, Xie Y, Lu J J, Gao S J. Incidence and distribution of four viruses causing diverse mosaic diseases of sugarcane in China[J/OL]. *Agronomy*, (2022-01-25). DOI: doi.org/10.3390/agronomy12020302
- [5] Yin Y T, Wang D, Wang H W, Sun Y W, Yin C C, Li J, Ye J. Development and application of sugarcane streak mosaic virus vectors[J/OL]. *Virology*, (2024-02-23). DOI:doi.org/10.1016/j.virol.2024.110028
- [6] Sastry K S, Mandal B, Hammond J, Scott S W, Briddon R W. *Encyclopedia of Plant Viruses and Viroids*[M]. New Delhi:Springer New Delhi, 2019
- [7] Sun S R, Chen J S, Yang J, Huang X C, Huang M T, Gao S J. First report of Maize yellow mosaic virus infecting sugarcane in China [J/OL]. *Plant Disease*, (2019-07-22). DOI:doi.org/10.1094/PDIS-04-19-0762-PDN
- [8] Chen S, Jiang G Z, Wu J X, Liu Y, Qian Y J, Zhou X P. Characterization of a novel polerovirus infecting maize in China [J/OL]. *Viruses*, (2016-08-28). DOI:doi.org/10.3390/v8050120
- [9] Saritha R, Chandrasekhar V, Bhavani B, Visalakshi M. Influence of weather, vector and variety on incidence of yellow leaf disease in sugarcane [J]. *International Journal of Environment and Climate Change*, 2023, 13: 1270-1277
- [10] Holkar S K, Balasubramaniam P, Kumar A, Kadirvel N, Shingote P R, Chhabra M L, Kumar S, Kumar P, Viswanathan R, Jain R K, Pathak A D. Present status and future management strategies for Sugarcane yellow leaf virus: A major constraint to the global sugarcane production[J]. *The Plant Pathology Journal*, 2020, 36(6): 536-557
- [11] Rassaby L, Girard J-C, Letourmy P, Chaume J, Irely M S, Lockhart B E, Kodja H, Rott P. Impact of Sugarcane yellow leaf virus on sugarcane yield

- and juice quality in Réunion Island [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2003, 109: 459-466
- [12] Viswanathan R. Impact of yellow leaf disease in sugarcane and its successful disease management to sustain crop production[J]. *Indian Phytopathology*, 2021, 74(3): 573-586
- [13] Zhang Q, Qi Y Y, Pan H R, Tang H B, Wang G, Hua X T, Wang Y J, Lin L Y, Li Z, Li Y H, Yu F, Yu Z H, Huang Y J, Wang T Y, Ma P P, Dou M J, Sun Z Y, Wang Y B, Wang H B, Zhang X T, Yao W, Wang Y T, Liu X L, Wang M J, Wang J P, Deng Z H, Xu J S, Yang Q H, Liu Z J, Chen B S, Zhang M Q, Ming R, Zhang J S. Genomic insights into the recent chromosome reduction of autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum* [J]. *Nature Genetics*, 2022, 54(6): 885-896
- [14] Zhang J S, Zhang X T, Tang H B, Zhang Q, Hua X T, Ma X K, Zhu F, Jones T, Zhu X G, Bowers J, Wai C M, Zheng C F, Shi Y, Chen S, Xu X M, Yue J J, Nelson D R, Huang L X, Li Z, Xu H M, Zhou D, Wang Y J, Hu W C, Lin J S, Deng Y J, Pandey N, Mancini M, Zepa D, Nguyen J K, Wang L M, Yu L, Xin Y H, Ge L F, Arro J, Han J O, Chakraborty S, Pushko M, Zhang W P, Ma Y H, Ma P P, Lv M J, Chen F M, Zheng G Y, Xu J S, Yang Z H, Deng F, Chen X Q, Liao Z Y, Zhang X X, Lin Z C, Lin H, Yan H S, Kuang Z, Zhong W M, Liang P P, Wang G F, Yuan Y, Shi J X, Hou J X, Lin J X, Jin J J, Cao P J, Shen Q C, Jiang Q, Zhou P, Ma Y Y, Zhang X D, Xu R R, Liu J, Zhou Y M, Jia H F, Ma Q, Qi R, Zhang Z L, Fang J P, Fang H K, Song J J, Wang M J, Dong G R, Wang G, Chen Z, Ma T, Liu H, Dhungana S R, Huss S E, Yang X P, Sharma A, Trujillo J H, Martinez M C, Hudson M, Riascos J J, Schuler M, Chen L-Q, Braun D M, Li L, Yu Q Y, Wang J P, Wang K, Schatz M C, Heckerman D, Van Sluys M A, Souza G M, Moore P H, Sankoff D, VanBuren R, Paterson A H, Nagai C, Ming R. Allele-defined genome of the autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum* L[J]. *Nature Genetics*, 2018, 50(11): 1565-1573
- [15] Xia Z H, Zhao Z X, Chen L, Li M J, Zhou T, Deng C L, Zhou Q, Fan Z F. Synergistic infection of two viruses MCMV and SCMV increases the accumulations of both MCMV and MCMV-derived siRNAs in maize[J/OL]. *Scientific Reports*, (2016-01-11). DOI:doi.org/10.1038/srep20520
- [16] Yang Z T, Cheng G Y, Yu Q X, Jiao W D, Zeng K, Luo T X, Zhang H, Shang H Y, Huang G Q, Wang F J, Guo Y, Xu J S. Identification and characterization of the Remorin gene family in *Saccharum* and the involvement of ScREM1. 5e-1/-2 in SCMV infection on sugarcane[J/OL]. *Frontiers in Plant Science*, (2024-02-23). DOI:10.3389/fpls.2024.1365995, 2024, 15: 1365995
- [17] Srivastava N, Prajapati M R, Kumar R, Bhardwaj P, Gupta N, Chandel V, Sharma S K, Baranwal V K. Comprehensive virome profiling of sugarcane and simplified duplex OneStep RT-PCR assay reveals the prevalence of sugarcane streak mosaic virus along with sugarcane yellow leaf virus in India [J/OL]. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, (2024-02-22). DOI: 10.1016/j.jgeb.2024.100442
- [18] Wang A M. Cell-to-cell movement of plant viruses via plasmodesmata: A current perspective on potyviruses [J/OL]. *Current Opinion in Virology*, (2021-06-01). DOI:doi.org/10.1016/j.coviro.2021.03.002
- [19] Awasthi L P. *Viral Diseases of Field and Horticultural Crops*[M]. London: Academic Press, 2023
- [20] Lockhart B E L. Partial purification and serology of sugarcane mild mosaic virus, a mealybug-transmitted closterlike virus[J]. *Phytopathology*, 1992, 82(6): 691-695
- [21] Molloy D, Filloux D, Grinstead S, Bolus S, Claude L, Fernandez E, Julian C, Candresse T, Lockhart B, Roumagnac P, Rott P, Daugrois J H. Sugarcane mild mosaic virus: The rediscovery of an identified but unrecognized virus[J]. *Plant Pathology*, 2023, 72(2): 312-321
- [22] Puchades Izaguirre Y, Rodriguez L, Filloux D, Julian C, Fernandez E, Galzi S, Blondin L, De Las Mercedes P P J, Rodriguez Regal M L, Daugrois J H, Roumagnac P, Rott P. Investigations into the virome of sugarcane in Cuba [R]. Salta: International Society of Sugarcane Technologist, 2024
- [23] Yin Y, Wang D, Han T, Wang M, Yan M, Wu J, Zhou H, Ye J. First report of sugarcane mild mosaic virus from sugarcane in China[J/OL]. *Plant Disease*, (2025-04-10). DOI: doi.org/10.1094/PDIS-09-24-1988-PDN
- [24] Molloy D, Filloux D, Grinstead S, Bolus S, Claude L, Fernandez E, Julian C, Candresse T, Lockhart B, Roumagnac P, Rott P, Daugrois J H. Sugarcane mild mosaic virus recognized as a new ampelovirus species infecting sugarcane[R]. Aussois: Rencontres de Virologie Végétale, 2023
- [25] Fernandez E, Filloux D, Roumagnac P, Rott P, Daugrois J H. Comparison of sequence-dependent and sequence-independent approaches for detecting sugarcane viruses in a plant quarantine context[R]. Aussois: Rencontres de Virologie Végétale, 2025
- [26] Lehrer A T, Schenck S, Yan S L, Komor E. Movement of aphid-transmitted Sugarcane yellow leaf virus (ScYLV) within and between sugarcane plants [J]. *Plant Pathology*, 2007, 56(4): 711-717
- [27] Smith G R, Borg Z, Lockhart B E, Braithwaite K S, Gibbs M J. Sugarcane yellow leaf virus: A novel member of the Luteoviridae that probably arose by inter-species recombination [J]. *Journal of General Virology*, 2000, 81(7): 1865-1869
- [28] ElSayed A I, Komor E. Investigation of ORF0 as a sensitive alternative diagnostic segment to detect Sugarcane yellow leaf virus[J]. *Journal of General Plant Pathology*, 2012, 78(3): 207-216
- [29] Sun S R, Damaj M B, Alabi O J, Wu X B, Erik Mirkov T, Fu H Y, Chen R K, Gao S J. Molecular characterization of two divergent variants of sugarcane bacilliform viruses infecting sugarcane in China[J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2016, 145(2): 375-384
- [30] Xu X B, Lou Y N, Liang K L, Liu J Y, Wang Z Y, Chen B S, Li W L. The P2 nucleic acid binding protein of Sugarcane bacilliform virus is a viral pathogenic factor[J/OL]. *PeerJ*, (2024-02-20). DOI:doi.org/10.7717/peerj.16982
- [31] Muller E, Sackey S. Molecular variability analysis of five new complete cacao swollen shoot virus genomic sequences[J]. *Archives of Virology*, 2005, 150(1): 53-66
- [32] Smith G R, Candy J M. Improving Fiji disease resistance screening trials in sugarcane by considering virus transmission class and possible origin of Fiji disease virus[J]. *Australian journal of Agricultural Research*, 2004, 55(6): 665-672
- [33] Abide M, Kidanemariam D, Kebede M, Knierim D, Margaria P, Menzel W, Abraham A. High-throughput sequencin-based detection and characterization of sugarcane viruses in Ethiopia[J/OL]. *Journal of Phytopathology*, (2024-07-09). DOI:doi.org/10.1111/jph.13358
- [34] Lin Y F, Ali N, Hajimorad M R, Zhang L J, Qi X H, Zhou L W, Wen R H, Chen B S. Incidence, geographical distribution, and genetic diversity of sugarcane striate virus in *Saccharum* species in China[J]. *Plant Disease*, 2021, 105(11): 3531-3537
- [35] 王超敏, 何美丹, 王文治, 袁潜华, 张树珍, 沈林波. 甘蔗条点病毒荧光定量PCR检测方法的建立及应用 [J]. 生物技术通报, 2024, 40: 126-133
- Wang C M, He M D, Wang W Z, Yuan Q H, Zhang S Z, Shen L B. Establishment and application of a fluorescent quantitative PCR detection method for sugarcane streak virus[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2024, 40: 126-133 (in Chinese)
- [36] Putra L K, Kristini A, Achadian E M, Damayanti T A. *Sugarcane streak*

- mosaic virus* in Indonesia: Distribution, characterisation, yield losses and management approaches [J]. *Sugar Tech*, 2014, 16(4): 392-399
- [37] Daugrois J, Roumagnac P, Julian C, Filloux D, Putra L, Mollov D, Rott P. Historical review of sugarcane streak mosaic virus that has recently emerged in Africa[J]. *Phytopathology*, 2024, 114(4): 668-680
- [38] Lu G L, Wang Z T, Xu F, Pan Y B, Grisham M P, Xu L P. Sugarcane mosaic disease: Characteristics, identification and control [J/OL]. *Micro-organisms*, (2021-09-17). DOI:doi. org/10. 3390/microorganisms9091984
- [39] Li W F, Shan H L, Zhang R Y, Wang X Y, Yang K, Luo Z M, Yin J, Cang X Y, Li J, Huang Y K. Identification of resistance to Sugarcane streak mosaic virus (SCSMV) and Sorghum mosaic virus (SrMV) in new elite sugarcane varieties/clones in China[J]. *Crop Protection*, 2018, 110: 77-82
- [40] Mlotshwa S, Khatri N, Todd J, Tran H H, Stewart L R. First report of cDNA clone-launched infection of maize plants with the polerovirus maize yellow mosaic virus (MaYMV) [J/OL]. *Virus Research*, (2021-02-05). DOI:doi. org/10. 1016/j. virusres. 2021. 198297
- [41] Sun S R, Chen J S, He E Q, Huang M T, Fu H Y, Lu J J, Gao S J. Genetic variability and molecular evolution of maize yellow mosaic virus populations from different geographic origins[J]. *Plant Disease*, 2021, 105(4): 896-903
- [42] Maia I G, Gonçalves M C, Arruda P, Vega J. Molecular evidence that sugarcane yellow leaf virus (SeYLV) is a member of the Luteoviridae family [J]. *Archives of Virology*, 2000, 145(5): 1009-1019
- [43] Yin Y T, Zhao P Z, Sun Y W, Han T, Wang M R, Yan M X, Wu J M, Zhou H, Ye J. Development and application of sugarcane yellow leaf virus vectors in sugarcane[J/OL]. *Phytopathology Research*, (2025-01-21). DOI:doi. org/10. 1186/s42483-024-00295-0
- [44] Gama A B, Flasco M T. Sugarcane yellow leaf virus:A silent threat?[J/OL]. *Plant Health Cases*, (2024-10-28). DOI: doi. org/10. 1079/planthealthcases. 2024. 0020
- [45] Parihar A K, Bohra A, Lamichaney A, Mishra R K, Varshney R K. *Genomics-aided Breeding Strategies for Biotic Stress in Grain Legumes*[M]. Singapore:Springer Nature Singapore Pte Ltd, 2024
- [46] Ali A, Gaur R K. *Virus-vector Interactions and Transmission of Pepper-infecting viruses*[M]. Amsterdam:Elsevier, 2024
- [47] Choi Y G, Croft B J, Randles J W. Identification of sugarcane striate mosaic-associated virus by partial characterization of its double-stranded RNA[J]. *Phytopathology*, 1999, 89(10): 877-883
- [48] Braithwaite K S, Geijskes R J, Smith G R. A variable region of the sugarcane bacilliform virus (SCBV) genome can be used to generate promoters for transgene expression in sugarcane[J]. *Plant Cell Reports*, 2004, 23(5): 319-326
- [49] Karuppaiah R, Viswanathan R, Kumar V G. Genetic diversity of Sugarcane bacilliform virus isolates infecting *Saccharum* spp in India[J]. *Virus genes*, 2013, 46(3): 505-516
- [50] Zhang K, Xu X W, Guo X, Ding S W, Gu T X, Qin L, He Z. Sugarcane streak mosaic virus P1 attenuates plant antiviral immunity and enhances potato virus X infection in *Nicotiana benthamiana*[J/OL]. *Cells*, (2022-09-14). DOI:doi. org/10. 3390/cells11182870
- [51] Zhang K, Gu T X, Xu X W, Gan H F, Qin L, Feng C W, He Z. Sugarcane streak mosaic virus P1 protein inhibits unfolded protein response through direct suppression of bZIP60U splicing [J/OL]. *PLoS Pathogens*, (2023-10-26). DOI:doi. org/10. 1371/journal. ppat. 1011738
- [52] Chen J S, Liang S S, Sun S R, Damaj M B, Fu H Y, Gao S J. Diverse conserved domains and a positively selected site in the sugarcane streak mosaic virus P1 protein are essential for RNA silencing suppression and protein stability[J]. *Plant Pathology*, 2020, 69(7): 1390-1400
- [53] Prasad R, Gill S S, Tuteja N. *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering: Crop Improvement through Microbial Biotechnology*[M]. Amsterdam:Elsevier, 2017
- [54] Xu D L, Park J W, Mirkov T E, Zhou G H. Viruses causing mosaic disease in sugarcane and their genetic diversity in southern China[J]. *Archives of Virology*, 2008, 153(6): 1031-1039
- [55] Yang Z N, Mirkov T E. Sequence and relationships of sugarcane mosaic and sorghum mosaic virus strains and development of RT-PCR-based RFLPs for strain discrimination[J]. *Phytopathology*, 1997, 87(6): 932-939
- [56] 郑艳茹, 翟玉山, 邓宇晴, 成伟, 程光远, 杨永庆, 徐景升. 甘蔗花叶病毒 (SCMV) 种群结构分析[J]. 福建农林大学学报:自然科学版, 2016, 45: 135-140
- Zheng Y R, Zhai Y S, Deng Y Q, Cheng W, Cheng G Y, Yang Y Q, Xu J S. The population structure analysis of sugarcane mosaic virus (SCMV) [J]. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University: Natural Science Edition*, 2016, 45: 135-140 (in Chinese)
- [57] Akbar S, Yao W, Qin L F, Yuan Y, Powell C A, Chen B S, Zhang M Q. Comparative analysis of sugar metabolites and their transporters in sugarcane following sugarcane mosaic virus (SCMV) infection [J/OL]. *International Journal of Molecular Sciences*, (2021-12-17). DOI: doi. org/10. 3390/ijms222413574
- [58] Akbar S, Yao W, Yu K, Qin L, Ruan M, Powell C A, Chen B, Zhang M. Photosynthetic characterization and expression profiles of sugarcane infected by Sugarcane mosaic virus (SCMV) [J]. *Photosynthesis Research*, 2021, 150: 279-294
- [59] Akbar S, Wei Y, Yuan Y, Khan M T, Qin L F, Ruan M H, Powell C A, Chen B S, Zhang M Q. Gene expression profiling of reactive oxygen species (ROS) and antioxidant defense system following Sugarcane mosaic virus (SCMV) infection[J/OL]. *BMC Plant Biology*, (2020-11-23). DOI:doi. org/10. 1186/s12870-020-02737-1
- [60] Zhang H, Yang Z T, Cheng G Y, Luo T X, Zeng K, Jiao W D, Zhou Y S, Huang G Q, Zhang J S, Xu J S. Sugarcane mosaic virus employs 6K2 protein to impair ScPIP2; 4 transport of H₂O₂ to facilitate virus infection[J]. *Plant Physiology*, 2024, 194(2): 715-731
- [61] 张唐辉. 甘蔗受高粱花叶病毒感染后超微结构及内源激素的变化[D]. 南宁: 广西大学 2020
- Zhang T H. Changes of ultrastructure and endogenous hormones in sugarcane infected by sorghum mosaic virus [D]. Nanning: Guangxi Univity 2020 (in Chinese)
- [62] Lehrer A T, Moore P H, Komor E. Impact of sugarcane yellow leaf virus (SeYLV) on the carbohydrate status of sugarcane: Comparison of virus-free plants with symptomatic and asymptomatic virus-infected plants [J]. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 2007, 70(4-6): 180-188
- [63] Yan S L, Lehrer A T, Hajirezaei M R, Springer A, Komor E. Modulation of carbohydrate metabolism and chloroplast structure in sugarcane leaves which were infected by sugarcane yellow leaf virus (SCYLV) [J]. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 2008, 73(4-5): 78-87
- [64] Liang K L, Liu J Y, Bao Y Y, Wang Z Y, Xu X B. Screening and identification of host factors interacting with the virulence factor P0 encoded by sugarcane yellow leaf virus by yeast two-hybrid assay[J/OL]. *Genes*, (2023-07-03). DOI:doi. org/10. 3390/genes14071397
- [65] Sun S R, Wu X B, Chen J S, Huang M T, Fu H Y, Wang Q N, Rott P, Gao S J. Identification of a sugarcane bacilliform virus promoter that is activated by drought stress in plants[J/OL]. *Communications Biology*, (2024-03-26). DOI:doi. org/10. 1038/s42003-024-06075-y
- [66] Bouhida M, Lockhart B E, Olszewski N E. An analysis of the complete sequence of a sugarcane bacilliform virus genome infectious to banana and rice

- [J]. *Journal of General Virology*, 1993, 74(1): 15-22
- [67] Geijskes R J, Braithwaite K S, Smith G R, Dale J L, Harding R M. Sugarcane bacilliform virus encapsidates genome concatamers and does not appear to integrate into the *Saccharum officinarum* genome[J]. *Archives of Virology*, 2004, 149(4): 791-798
- [68] Haregu S, Kidanemariam D, Abraham A. Molecular identification and characterization of badnaviruses infecting sugarcane in Ethiopia[J]. *Acta Virologica*, 2022, 66(1): 3-10
- [69] 杨帆, 谢威升, 张作刚. 山西省玉米品种抗矮花叶病鉴定及蚜虫传播分析[J]. *山西农业科学*, 2022, 50(3): 409-418
- Yang F, Xie X S, Zhang Z G. Identification of maize variety resistance to dwarf mosaic disease and analysis of aphid transmission in Shanxi Province [J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2022, 50(3): 409-418 (in Chinese)
- [70] Chung S H, Bigham M, Lappe R R, Chan B, Nagalakshmi U, Whitham S A, Dinesh-Kumar S P, Jander G. A sugarcane mosaic virus vector for rapid in planta screening of proteins that inhibit the growth of insect herbivores[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2021, 19(9): 1713-1724
- [71] 李向东, 范在丰, 李怀方, 裴维善. 麦二叉蚜传播玉米矮花叶病毒的机制[J]. *植物保护学报*, 2002, 29(1): 62-66
- Li X D, Fan Z F, Li H F, Qiu W F. Mechanism of *Schizaphis graminum* in transmitting maize dwarf mosaic virus[J]. *Journal of Plant Protection*, 2002, 29(1): 62-66 (in Chinese)
- [72] Xu X J, Zhu Q, Jiang S Y, Yan Z Y, Geng C, Tian Y P, Li X D. Development and evaluation of stable sugarcane mosaic virus mild mutants for cross-protection against infection by severe strain[J/OL]. *Frontiers in Plant Science*, (2021-12-17). DOI:doi.org/10.3389/fpls.2021.788963
- [73] Prabowo D B, Hadiastono T, Himawan T, Putra L K. Detection disease of Sugarcane streak mosaic virus (SCSMV) via serological test on sugarcane (*Saccharum officinarum* L), weed and insect vector[J]. *International Journal of Science and Research* 2014, 3(1): 2319-7064
- [74] Daugrois J H, Roumagnac P, Goebel F R, Rott P. G genomic and phylogenetic investigations suggest that sugarcane streak mosaic virus is vectored by at least one species of mite[R]. Aussois: Rencontres de Virologie Végétale, 2025
- [75] ElSayed A I. Maize (*Zea mays* L) constitutes a novel host to sugarcane yellow leaf virus[J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2013, 35(1): 68-74
- [76] Viswanathan R, Nithya K, Vishnuvardhan J, Balasaravanan S, Kaverinathan K, Visalatchi D. Sorghum (*Sorghum bicolor*) a new host to sugarcane yellow leaf and mosaic viruses in India[J]. *Indian Phytopathology*, 2023, 76(3): 867-877
- [77] Roussin Léveillé C, Rossi C A M, Castroverde C D M, Moffett P. The plant disease triangle facing climate change: A molecular perspective[J]. *Trends in Plant Science*, 2024, 29(8):895-914,
- [78] Scholthof K G. The disease triangle: Pathogens, the environment and society [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, 5(2): 152-156
- [79] Krishna G V, Varma P K, Sekhar V C, Chetan K K, Vasanthi V. Impact of thermotherapy on regeneration of single node setts of sugarcane incited by *sugarcane mosaic virus*[J]. *Scientist*, 2022, 16(3): 1964-1968
- [80] Stoger E, Williams S, Christou P, Down R E, Gatehouse J A. Expression of the insecticidal lectin from snowdrop (*Galanthus nivalis* agglutinin; GNA) in transgenic wheat plants: Effects on predation by the grain aphid *Sitobion avenae*[J]. *Molecular Breeding*, 1999, 5(1): 65-73
- [81] Das A, Roy A, Mandal A, Ali Mondal H, Hess D, Kundu P, Das S. Inhibition of Bemisia tabaci vectored, GroEL mediated transmission of tomato leaf curl New Delhi virus by garlic leaf lectin (*Allium sativum* leaf agglutinin) [J/OL]. *Virus Research*, (2021-07-15). DOI: doi.org/10.1016/j.virusres.2021.198443
- [82] Zhang J H, Li H Y, Zhong X, Tian J F, Segers A, Xia L Q, Francis F. RNA-interference-mediated aphid control in crop plants: A review [J/OL]. *Agriculture*, (2022-12-09). DOI:doi.org/10.3390/agriculture12122108
- [83] Kumar N. *RNAi: A Technology for Enhancing Commercially Valuable Traits in Industrial Crops Biotechnological Approaches for Sustainable Agricultural Developmen*[M]. Cham:Springer Cham,2025
- [84] Yang Z T, Dong M, Cheng G Y, Liu S X, Zhang H, Shang H Y, Zhou Y S, Huang G Q, Zhang M Q, Wang F J, Xu J S. Selective interaction of sugarcane eIF4E with VPgs from sugarcane mosaic pathogens [J/OL]. *Viruses*, (2021-03-22). DOI:doi.org/10.3390/v13030518
- [85] Neliana I R, Soleha W, Suherman Darsono N, Harmoko R, Sawitri W D, Sugiharto B. Alteration of photosynthetic and antioxidant gene expression in sugarcane infected by multiple mosaic viruses[J]. *International Journal of Plant Biology*, 2024, 15(3): 757-768
- [86] Aslam U, Tabassum B, Ahmad Nasir I, Khan A, Husnain T. A virus-derived short hairpin RNA confers resistance against sugarcane mosaic virus in transgenic sugarcane[J]. *Transgenic Research*, 2018, 27(2): 203-210
- [87] Xu Y, Guo H, Geng G D, Zhang Q Q, Zhang S Q. Changes in defense-related enzymes and phenolics in resistant and susceptible common wheat cultivars under aphid stress[J]. *Acta Physiologiae Plantarum*, 2021, 43(2): 1-9
- [88] Wang Z G, Chen R Y, Jiang Y K, Wang Z W, Wang J J, Niu J Z. Investigation of potential non-target effects to a ladybeetle *Propylea japonica* in the scenario of RNAi-based pea aphid control [J/OL]. *Entomologia Generalis*, (2023-03-22). DOI:doi.org/10.1127/entomologia/2022/1748
- [89] Wang Y, Li X L, Zhu C H, Yi S J, Zhang Y, Hong Z. Plant-derived artificial miRNA effectively reduced the proliferation of aphid (Aphidoidea) through spray-induced gene silencing[J]. *Pest Management Science*, 2024, 80: 4322-4332
- [90] Cao Y S, Zhou H B, Zhou X P, Li F F. Conferring resistance to plant RNA viruses with the CRISPR/CasRx system [J]. *Virologica Sinica*, 2021, 36(4): 814-817
- [91] Liu L, Gallagher J, Arevalo E D, Chen R, Skopelitis T, Wu Q Y, Bartlett M, Jackson D. Enhancing grain-yield-related traits by CRISPR-Cas9 promoter editing of maize CLE genes[J]. *Nature Plants*, 2021, 7(3): 287-294
- [92] Wu X J, Zhang X, Wang H W, Fang R X, Ye J. Structure-function analyses of coiled-coil immune receptors define a hydrophobic module for improving plant virus resistance[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2023, 74(5): 1372-1388
- [93] Crossa J, Pérez-Rodríguez P, Cuevas J, Montesinos López O, Jarquín D, de Los Campos G, Burgueño J, González-Camacho J M, Pérez Elizalde S, Beyene Y, Dreisigacker S, Singh R, Zhang X C, Gowda M, Roorkiwal M, Rutkoski J, Varshney R K. Genomic selection in plant breeding: Methods, models, and perspectives[J]. *Trends in plant science*, 2017, 22(11): 961-975
- [94] Hu J H, Chen B Y, Zhao J, Zhang F G, Xie T, Xu K, Gao G Z, Yan G X, Li H G, Li L X, Ji G X, An H, Li H, Huang Q, Zhang M L, Wu J F, Song W L, Zhang X J, Luo Y J, Pires J C, Batley J, Tian S L, Wu X M. Genomic selection and genetic architecture of agronomic traits during modern rapeseed breeding[J]. *Nature Genetics*, 2022, 54(2): 694-704
- [95] Yadav S, Jackson P, Wei X M, Ross E M, Aitken K, Deomano E, Atkin F, Hayes B J, Voss-Fels K P. Accelerating genetic gain in sugarcane breeding using genomic selection [J/OL]. *Agronomy*, (2020-04-19), 10.3390/agronomy10040585
- [96] Gouy M, Rousselle Y, Bastianelli D, Lecomte P, Bonnal L, Roques D, Efile

- J-C, Rocher S, Daugrois J, Toubi L, Nabeneza S, Hervouet C, Telismart H, Denis M, Thong-Chane A, Glaszmann J C, Hoarau J Y, Nibouche S, Costet L. Experimental assessment of the accuracy of genomic selection in sugarcane[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, 126(10): 2575-2586
- [97] Hayes B J, Wei X M, Joyce P, Atkin F, Deomano E, Yue J, Nguyen L, Ross E M, Cavallaro T, Aitken K S, Voss-Fels K P. Accuracy of genomic prediction of complex traits in sugarcane [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134: 1455-1462
- [98] Sandhu K S, Shiv A, Kaur G, Meena M R, Raja A K, Vengavasi K, Mall A K, Kumar S, Singh P K, Singh J, Hemaprabha G, Pathak A D, Krishnappa G, Kumar S. Integrated approach in genomic selection to accelerate genetic gain in sugarcane [J/OL]. *Plants*, (2022-08-17). DOI:doi.org/10.3390/plants11162139
- [99] Zhang X, Wang D, Zhao P Z, Sun Y W, Fang R X, Ye J. Near-infrared light and PIF4 promote plant antiviral defense by enhancing RNA interference[J/OL]. *Plant Communications*, (2024-01-08). DOI: doi.org/10.1016/j.xplc.2023.100644
- [100] Wang D, Dawadi B, Qu J, Ye J. Light-engineering technology for enhancing plant disease resistance[J/OL]. *Frontiers in Plant Science*, (2022-02-17). DOI:doi.org/10.3389/fpls.2021.80561417
- [101] Zhao P Z, Yang H, Sun Y W, Zhang J Y, Gao K X, Wu J B, Zhu C R, Yin C C, Chen X Y, Liu Q, Xia Q D, Li Q, Xiao H, Sun H X, Zhang X X, Yi L, Zhou C Y, Kliebenstein D J, Fang R X, Wang X F, Ye J. Targeted MYC₂ stabilization confers citrus Huanglongbing resistance [J]. *Science*, 2025, 388: 191-198
- [102] Miao P, Wang H J, Wang W, Wang Z D, Ke H, Cheng H Y, Ni J J, Liang J N, Yao Y F, Wang J Z. A widespread plant defense compound disarms bacterial type III injectisome assembly[J/OL]. *Science*, (2025-02-28). DOI: 10.1126/science. ads0377
- [103] Liu P, Zhang J, Liu S, Li Y Y, Qi C Y, Mo Q T, Jiang Y Y, Hu H C, Zhang T Y, Zhong K L, Liu J Q, Liao Q S, Chen J P, Yang J. The plant signal peptide CLE7 induces plant defense response against viral infection in *Nicotiana benthamiana*[J]. *Developmental Cell*, 2025, 60(6): 934-948
- [104] Yan Y, Tang P, He S Y, Kong X K, Wang R H, Shi J, Zhang T Y, Di Y T, Tang L, Hao X J. Design, synthesis, anti-TMV activity, and structure-activity relationships of seco-pregnane C₂₁ steroids and their derivatives[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2024, 72: 21877-21891
- [105] Tong X, Zhao J J, Feng Y L, Zou J Z, Ye J, Liu J F, Han C G, Li D W, Wang X B. A selective autophagy receptor VISPI induces symptom recovery by targeting viral silencing suppressors[J/OL]. *Nature Communications*, (2023-06-29). DOI:doi.org/10.1038/s41467-023-39426-0
- [106] 殷世航, 周赛, 黄霄宇, 李文燕, 李文兰, 陈保善. 中蔗系列新品种对干旱胁迫的响应及抗旱性评价[J]. *南方农业学报*, 2020, 51(6): 1339-1345
- Yin S H, Zhou S, Huang X Y, Li W Y, Li W L, Chen B S. Physiological response and evaluation of sugarcane Zhongzhe varieties to drought stress [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2020, 51(6): 1339-1345 (in Chinese)
- [107] Zhao Y, Karan R, Altpeter F. Error-free recombination in sugarcane mediated by only 30 nucleotides of homology and CRISPR/Cas9 induced DNA breaks or Cre-recombinase[J/OL]. *Biotechnology Journal*, (2021-03-12). DOI:doi.org/10.1002/biot.202000650
- [108] Laksana C, Sophiphun O, Chanprame S. Lignin reduction in sugarcane by performing CRISPR/Cas9 site-direct mutation of SoLIM transcription factor[J/OL]. *Plant Science*, (2024-03). DOI://doi.org/10.1016/j.plantsci.2024.111987
- [109] Tang M, Wang J, Kannan B, Koukoulidis N M, Lin Y H, Altpeter F, Chen L Q. Tonoplast sugar transporters as key drivers of sugar accumulation, a case study in sugarcane[J/OL]. *Horticulture Research*, (2024-11-06). DOI: doi.org/10.1093/hr/uhae312
- [110] Zhang X T, Wang J G, Noor-ul-Ain, Que Y X, Zhang J S, Abid J, Zhao P F, Zhang Y B, Lin J S, Chen L-Y, Bao Y X, Herry R, Tangphatsornruang S, Wang Q N, Huang D L, Ye J, Zhang M Q, Luo M, Butterfield M, Wang R, Ming R. International research initiative on genomics-guided sugarcane breeding[J]. *Molecular Plant*, 2025, 18(2): 171-174
- [111] Erdem Büyükkiraz M E, Kesmen Z. Antimicrobial peptides (AMPs): A promising class of antimicrobial compounds [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2022, 132(2): 1573-1596
- [112] Li J P, Hu S P, Jian W, Xie C J, Yang X Y. Plant antimicrobial peptides: Structures, functions, and applications[J/OL]. *Botanical Studies*, (2021-04-29). DOI:doi.org/10.1186/s40529-021-00312-x
- [113] Bakare O O, Gokul A, Fadaka A O, Wu R M, Niekerk L A, Barker A M, Keyster M, Klein A. Plant antimicrobial peptides (PAMPs): Features, applications, production, expression, and challenges[J/OL]. *Molecules*, (2022-06-09). DOI:doi.org/10.3390/molecules27123703

责任编辑: 吕晓梅



第一作者简介: 叶健, 博士, 中国科学院微生物研究所农业微生物组学与生物技术研究室研究员/主任。获国家自然科学基金委“杰出青年”、“优秀青年”人才基金。实验室主要研究方向: 1) 分子病毒学; 2) AI+BT 前沿农业生物技术; 3) 柑橘黄龙病的宿主抗病机制, 为虫媒病害防控提供理论依据和生物技术解决方案。学术兼职包括中国农业生物技术学会微生物分会理事长、中国生物工程学会生物资源专业委员会副主任委员、中国植物病理学会病毒专委会秘书长, 同时担任 *Chemical and Biological Technologies in Agriculture*、*Phytopathology Research*、*BMC Plant Biology*、*Biological Diversity*、《农业生物技术学报》副主编, *Virology*、《生物技术通报》等国内外主流期刊的编委, 在多个国际重要学术刊物如 *Science* (封面), *Science Advances*, *Nature Communications*, *Trends in Plant Science*, *Plant Cell*, *Plant Communications*, *PLoS Pathogens*, *Plant Physiology*, *Plant Biotechnology Journal*, *Biotechnology for Biofuels*, *Journal of Virology* 等发表通讯作者或第一作者研究论文 70 余篇。编辑出版 2 部中文和 4 部外文学术专著。获中国发明专利 18 项, 国际专利 4 项。中国科学院/财政部基础研究领域青年团队项目、国家重点研发项目首席科学家, 曾主持国家自然科学基金重点/面上项目、中国科学院先导战略前沿项目、新加坡自然基金重大项目等。获省部级科技进步奖二等奖 1 项、行业协会创新奖 1 项。