

# 葡萄病毒研究进展

王建辉<sup>1,2</sup>, 刘建军<sup>1,3</sup>, 陈克玲<sup>1,2</sup>, 何建<sup>1,2</sup>, 赵黎明<sup>3</sup>

(1. 农业部西南地区园艺作物生物学与种质创制实验室, 四川 成都 610066; 2. 四川省农业科学院 园艺研究所, 四川 成都 610066; 3. 四川省农业科学院, 四川 成都 610066)

**摘要:**目前在葡萄中已经发现了 65 种病毒, 多种病毒常常复合侵染, 严重地影响了葡萄的产量和品质。该文综述了葡萄病毒的分子生物学研究进展, 包括主要病毒的基因组测序工作、病毒种群结构与遗传变异分析、病毒重要功能基因研究、病毒检测方法和脱毒技术进展, 以便更好地促进葡萄产业发展。

**关键词:**葡萄病毒; 分子生物学; 检测方法; 脱毒技术

**中图分类号:**S 436.631.1 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2017)09-0179-05

葡萄(*Vitis vinifera* L.)是世界上产量第二大水果。2015 年, 我国葡萄种植面积 79.9 万  $\text{hm}^2$ , 产量 1 366.9 万 t。目前有超过 70 种感染性病毒类似病原物在葡萄中被发现<sup>[1]</sup>, 包括病毒(65 种)、类病毒(5 种)、植原体(8 种)和昆虫传播的木质部型细菌(1 种)。近年来, 由于葡萄栽培面积的扩大, 不规范的栽培技术, 感染种苗盲目引进等原因, 造成了葡萄病毒病传播, 严重地影响了葡萄的产量与品质。因此关注葡萄病毒病分子生物学研究进展, 对促进我国葡萄产业的健康发展具有重要的理论意义。

## 1 重要葡萄病毒

葡萄被多种病毒感染分别诱导不同的症状: 卷叶病、皱木复合病、扇叶病和斑点病。卷叶症状的植株中分离到 9 种不同血清型的葡萄卷叶伴随病毒(*grapevine leafroll associated virus*, GLRaV)。皱木复合病包括 Kober 茎沟病、河岸葡萄茎痘病等不同症状。感染 Kober 茎沟病的植株中分离到主要病原物: 葡萄病毒 A(*grapevine virus A*, GVA)和葡萄病毒 B(*grapevine virus B*, GVB)等。从感染茎痘病的“河岸”葡萄上分离到河岸葡萄茎痘伴随病毒(*grapevine rupestris stem pitting-associated virus*, GRSPaV)。在具

有扇叶症状的葡萄中分离到主要病原物: 葡萄扇叶病毒(*grapevine fanleaf virus*, GFLV)、南芥菜花叶病毒(*Arabis mosaic virus*, ArMV)和悬钩子环斑病毒(*raspberry ringspot virus*, RpRSV)等。从具有斑点病症状的植株上分离到葡萄斑点病毒(*grapevine fleck virus*, GFkV)和“红地球”葡萄病毒(*grapevine red globe virus*, GRGV)。

## 2 葡萄病毒分子生物学研究进展

### 2.1 葡萄卷叶伴随病毒

表 1 总结了 9 种葡萄卷叶伴随病毒<sup>[2]</sup>。GLRaV-2 属于长线型病毒属(*Closterovirus*), 而其它卷叶伴随病毒都是卷叶病毒属(*Ampelovirus*)成员。GLRaV-2 已经完成了全基因组测序, 具有 9 个 ORF(open reading frame)。GLRaV-2 包含 2 种株系, 可能与其它病毒协同作用并诱导各种症状<sup>[3]</sup>。GLRaV-3 包含 13 个 ORF。GLRaV-3 变异株混合侵染葡萄, 其 CP(外壳蛋白基因)是高度变异区<sup>[4]</sup>。不同植株体内 GLRaV-3 滴度和 sgRNA(subgenomic RNA)转录物的含量不同, 这表明宿主与变异株有不同的相互作用<sup>[5]</sup>。GLRaV-9 与 GLRaV-4、GLRaV-5 和 GLRaV-6 热休克蛋白的氨基酸序列相似性高达 88%<sup>[6]</sup>。石榴树上也发现了 GLRaV-1, 与葡萄宿主分离 GLRaV-1 的不同基因组区域进行比对, 拥有高达 91%~94% 核酸序列相似性<sup>[7]</sup>。

### 2.2 葡萄病毒属

目前报道了 5 种葡萄病毒属(*Vitivirus*)成员(表 2)。GVA 已经完成了全基因组测序, 全长 7 349 bp,

**第一作者简介:**王建辉(1978-), 男, 四川广汉人, 博士, 副研究员, 现主要从事果树生物技术育种等研究工作。E-mail: kevin\_wangjh@126.com

**基金项目:**四川省专利实施与促进专项资金资助项目(2016-SS-00011)。

**收稿日期:**2016-12-15

表 1 葡萄卷叶伴随病毒

Table 1 Main properties of of GLRaVs

病毒 Virus	属 Genus	外壳蛋白质量 Coat protein/kDa	基因组大小(碱基)和登陆号 Genome size and GenBank accession No./bp	开放阅读框 ORF No.	昆虫载体 Vectors
葡萄卷叶病毒-1 GLRaV-1	卷叶病毒属	34	18 659(JQ023131)	9	粉蚧、介壳虫
葡萄卷叶病毒-2 GLRaV-2	长线型病毒属	22	16 494(AY88162)	9	未知
葡萄卷叶病毒-3 GLRaV-3	卷叶病毒属	35	18 498(EU259806)	13	粉蚧、介壳虫
葡萄卷叶病毒-4 GLRaV-4	卷叶病毒属	35	13 830(FJ467503)	6	粉蚧
葡萄卷叶病毒-5 GLRaV-5	卷叶病毒属	35	13 384(FR822696)	6	粉蚧
葡萄卷叶病毒-6 GLRaV-6	卷叶病毒属	35	13 807(FJ467504)	6	粉蚧
葡萄卷叶病毒-7 GLRaV-7	未分组	37	16 496(HE588185)	10	未知
葡萄卷叶病毒-8 GLRaV-8	卷叶病毒属	37	不确定	不确定	未知
葡萄卷叶病毒-9 GLRaV-9	卷叶病毒属	35	12 588(AY29781)	6	粉蚧

表 2 葡萄病毒属的分子特征

Table 2 Molecular properties of grapevine-infecting viruses

病毒 Virus	基因组大小 Genome size/bp	开放阅读框 1 ORF 1/kDa	开放阅读框 2 ORF 2/kDa	开放阅读框 3 ORF 3/kDa	开放阅读框 4 ORF 4/kDa	开放阅读框 5 ORF 5/kDa	登录号 Accession No.
葡萄病毒 A GVA	7 349	194	20	31	22	10	X75433
葡萄病毒 B GVB	7 599	195	20	37	22	14	X75448
葡萄病毒 D GVD	936(部分测序)	未确定	未确定	未确定	18	11	Y07764
葡萄病毒 E GVE	7 568	192	21	29	22	13	GU90312
葡萄病毒 F GVF	7 551	196	20	30	22	12	JX105428

包括 5 个 ORF。其中 ORF 1 编码 194 kDa 蛋白,具有‘Sindbis’病毒组复制酶基序结构。GALIAP-AROV 构建了 GVA 侵染性克隆,体外转录侵染性病毒 RNA 并接种烟草(*Nicotiana bethamiana*)叶片后,检测出成熟的病毒外壳蛋白和移动蛋白<sup>[8]</sup>。利用 GVA 侵染性克隆进行 ORF 1 编码区域插入突变研究,发现该区域突变影响病毒复制;ORF 2 区域插入突变,并不影响病毒复制、表达、移动和症状;ORF 3 与 ORF 4 突变,限制了病毒运输;ORF 5 突变,造成了宿主症状减轻并限制了病毒移动<sup>[9]</sup>。GVA 的 ORF 5 编码的 p10 蛋白具有核酸结合能力,该蛋白的半胱氨酸残基被精氨酸取代,不影响其核酸结合能力<sup>[10]</sup>。p10、GFP 重组二元载体分别转化根瘤农杆菌,共浸润发生 GFP 沉默的转基因烟草叶片,发现了 p10 蛋白具有结合 GFP 的 siRNA 和 microRNA 能力,其激活了转录后基因沉默抑制效应<sup>[11]</sup>。利用 GVA 特异性 3'端、5'端探针杂交被病毒接种的烟草总 RNA,发现了 3 条具有共同 5'末端的不同碱基长度的 sgRNA 和 3 条共同 3'末端的 sgRNA<sup>[12]</sup>。这些 sgRNA 由 5'末端 ORF 编码序列上游元件调控转录生成<sup>[13]</sup>。GVA 种群包括了 4 种变异株,常常混合侵染植株<sup>[14]</sup>。GVB 已经完成了全基因组测序。不同地理来源 GVB 分离株的一段基因组区域(127 bp)进行分析,基因间区域的变异程度最高,而

CP 区域相对保守<sup>[15]</sup>。南非 GVB 分离株与其他国家分离株的全基因组序列的核酸相似性为 85.2%~77.6%,这与 GVB 变异株具有多种致病性有关<sup>[16]</sup>。

### 2.3 凹陷病毒属

河岸葡萄茎痘伴随病毒(GRSPaV)属于凹陷病毒属(*Foveavirus*),已经完成了全基因组测序,全长 8.7 kb,包含 6 个 ORF。GRSPaV 包含多种变异株,混合感染宿主<sup>[17]</sup>。GRSPaV 变异株包含 4 个系统进化组,但是‘西拉’葡萄衰退病症状与 GRSPaV 遗传变异之间没有显著相关性<sup>[18]</sup>。中国 GRSPaV 分离株(LSL)与国外已知分离株的全基因组比对,其核酸序列相似性低于 78%<sup>[19]</sup>。不同 GRSPaV 分离株的外壳蛋白 N 末端都含有保守氨基酸序列‘KRKR’,其拥有细胞核定位功能<sup>[20]</sup>。

### 2.4 线虫传多面体病毒属

线虫传多面体病毒属(*Nepovirus*)病毒有 2 条单链 RNA(即 RNA1 和 RNA2),其 3'末端都有多聚腺嘌呤尾巴,5'末端共价结合 VPg(virus protein genome-linked)蛋白。GFLV 已完成了全基因组测序。GFLV 的 RNA1 和 RNA2 分别转录并翻译成多聚蛋白,再被酶切成具有生物学功能的蛋白。不同地点的 2 株葡萄分别感染 ArMV、GFLV,二者 RNA2 具有 72%的核酸相似性,并且二者 2A 蛋白氨基酸序列的相似性高于不同地理来源的 ArMV 分离

株的 2A 蛋白之间的相似性<sup>[21]</sup>。RT-PCR 扩增 14 个不同的地理来源的 GFLV 分离株的一个 1 557 bp 基因组区域,进行限制酶切片多态性(RFLP)分析,发现各个分离株具有高度变异性。GFLV 分离物接种草本宿主并连续传代,不同传代的分离物的 RFLP 酶切图谱发生变化。这表明 GFLV 具有准种病毒(*quasispecies*)的特点<sup>[22]</sup>。GFLV 和 ArMV 在 2A<sup>HP</sup> 基因位点发生病毒种间重组,这可能与被感染的葡萄叶片黄化斑驳症状有关<sup>[23]</sup>。同时,悬钩子环斑病毒(RpRSV)也完成了全基因组测序<sup>[24]</sup>。

## 2.5 葡萄斑点病毒属

葡萄斑点病毒(*grapevine fleck virus*, GfKV)属于葡萄斑点病毒属(*Maculavirus*),是一种非机械传播的韧皮部限制性 RNA 病毒。斑点病毒属还包含一个不确定的病毒种:红地球葡萄病毒(*grapevine red globe virus*, GRGV)。JONES 等<sup>[25]</sup>报道了美国弗吉利亚州葡萄园的 GfKV 感染率仅为 1%(分析了 415 份样本)。目前已经完成了 GfKV 全基因组和 GRGV 部分基因组序列测序<sup>[26-27]</sup>。GfKV 的基因组全长 7 564 bp,拥有一个 3'末端的多聚腺嘌呤尾巴,包含 4 个 ORF。

## 3 葡萄病毒病检测方法进展

试管离体培养的指示植物 LN33 上进行微嫁接,于 2~3 周快速诱导病毒病症状<sup>[28]</sup>。印迹巢式 PCR 同时检测不同属的葡萄病毒<sup>[29-30]</sup>。根据线虫传多面体病毒属的基因组保守区域,设计简并引物特异检测本属内的 3 个亚组<sup>[31]</sup>。改进多重 RT-PCR 体系,同时检测 9 种葡萄病毒<sup>[32]</sup>。在带正电的膜上印迹葡萄组织粗提取物,经处理后 realtime RT-PCR 可以同时检测 13 种葡萄病毒、1 种葡萄细菌和 1 种植原体<sup>[33]</sup>。利用高通量测序技术对具有衰退病症状的“西拉”酿酒品种进行测序,发现其感染了 GRSPaV, *Australian grapevine viroid* 和一种未知的 *Marafivirus* 病毒<sup>[34]</sup>。高通量测序技术分析了葡萄枝条组织总 RNA,发现了 26 种可能的真菌病毒序列<sup>[35]</sup>。Illumina 测序平台对“梅洛特”和“品丽珠”酿酒品种进行了高通量测序分析,在具有红叶症状的样本中都发现了葡萄红叶伴随病毒(*grapevine redleaf-associated virus*, GRLaV)和葡萄扇叶病毒<sup>[36]</sup>。

## 4 葡萄病毒病脱毒技术进展

3 个品种的葡萄通过诱导体细胞胚胎发生途径,可以成功脱去葡萄扇叶病毒<sup>[37]</sup>。抗病毒药物噻唑羧胺核苷(TR)、利巴韦林(RBV)、霉酚酸(MPA)

加入葡萄增殖培养基中,感染病毒(GRSPaV)的葡萄外植体接种到培养基中,经过 80 d 药物处理,获得较高脱毒率的重生苗<sup>[38]</sup>。葡萄茎尖组织经过 CaCl<sub>2</sub>、甘油和蔗糖溶液包裹后再脱水,最后经过液氮冷冻处理 1 h,几乎完全脱去 GVA<sup>[39]</sup>。2 个葡萄品种的茎尖组织经过热疗法成功脱去 GLRaV-Pr 和 GRSPaV 复合侵染<sup>[40]</sup>。

## 5 葡萄病毒学研究展望

未来葡萄新病毒的鉴定与分类,需要开展病毒粒子显微观察、基因组结构分析、昆虫传毒试验等研究。构建葡萄病毒侵染性克隆,开展重要基因功能研究。病毒复合侵染对其复制、移动、致病等互作影响,也是将来研究的热点。继续研究重要病毒的种群结构与遗传变异,优化多重病毒检测方法,将是葡萄无病毒苗木繁育体系的一项重要工作。

### 参考文献

- [1] MARTELLI G P. Directory of virus and virus-like diseases of the grapevine and their agents[J]. J Plant Pathol, 2014, 96(1S): 1-4.
- [2] MARTELLI G P. Grapevine virology highlights 2004—2005[C]. Extended Abstracts 15th ICVG Conference, 2006: 13-18.
- [3] MENG B, LI C, GOSZCZYNSKI D E, et al. Genome sequences of two biologically distinct strains of grapevine leafroll-associated virus 2 and sequence analysis[J]. Virus Genes, 2005, 31: 31-41.
- [4] TURTURO C, SALDARELLI P, DONG Y, et al. Genetic variability and population structure of grapevine leafroll-associated virus 3 isolates[J]. J Gen Virol, 2005, 86: 217-224.
- [5] CHOOI K M, COHEN D, PEARSON M N. Differential distribution and titre of selected grapevine leafroll-associated virus 3 genetic variants within grapevine rootstocks[J]. Arch Virol, 2016, 161: 1371-1375.
- [6] ALKOWNI M H, ROWHANI A, DAUBERT S, et al. Partial characterization of a new ampelovirus associated with grapevine leafroll disease[J]. J Plant Pathol, 2004, 86: 123-133.
- [7] ÇAGLAYAN K, ELCI E, GAZEL M. Detection and partial characterization of grapevine leafroll-associated virus 1 in pomegranate trees in Turkey[J]. Eur J Plant Pathol, 2016, 145: 199-202.
- [8] GALIAPAROV N, TANNE E, SELA I, et al. Infectious RNA transcripts from grapevine virus A cDNA clone[J]. Virus Genes, 1999 (19): 235-242.
- [9] GALIAPAROV N, TANNE E, SELA I, et al. Functional analysis of the grapevine virus A genome[J]. Virology, 2003, 306: 42-50.
- [10] GALIAPAROV N, TANNE E, MAWASSI M, et al. ORF5 of grapevine virus A encodes a nucleic acid-binding protein and affect pathogenesis[J]. Virus Genes, 2003(27): 257-262.
- [11] ZHOU Z S, DELL'ORCO M, SADARELLI P, et al. Identification of an RNA-silencing suppressor in the genome of grapevine virus A[J]. J Gen Virol, 2006, 87: 2387-2395.
- [12] GALIAPAROV N, GOSZCZYNSKI D E, CHE X, et al. Two classes of subgenomic RNA of grapevine virus A produced by internal controller

- elements[J]. *Virology*, 2003, 312: 434-448.
- [13] HAVIV S, GALIAPAROV N, GOSZCZYNSKI D E, et al. Engineering the genome of grapevine virus A into a vector for expression of proteins in herbaceous plants[J]. *J Virol Methods*, 2006, 132: 227-231.
- [14] WANG J H, XI D H, LIU J J, et al. Genetic variability in grapevine virus A from *Vitis vinifera* L. *Vitis labrusca* L. in Sichuan, China[J]. *Turkish Journal of Biology*, 2012, 36: 542-551.
- [15] SHI B, HABILI N, GAFNY R, et al. Extensive variation of sequence within isolates of grapevine virus B[J]. *Virus Genes*, 2004(29): 279-285.
- [16] GOSZCZYNSKI D E. Brief report of the construction of infectious DNA clones of South African genetic variants of grapevine virus A and grapevine virus B[J]. *Springer Plus*, 2015(4): 739.
- [17] MENG B, LI C, WANG W, et al. Complete genome sequences of two new variants of grapevine rupestris stem pitting-associated virus and comparative analyses[J]. *J Gen Virol Virology*, 2005, 86: 1555-1560.
- [18] BEUVE M, MOURY B, SPILMONT A S, et al. Viral sanitary status of declining grapevine Syrah clones and genetic diversity of grapevine rupestris stem pitting-associated virus[J]. *Eur J Plant Pathol*, 2013, 135: 439-452.
- [19] HU G J, DONG Y F, ZHU H J, et al. Molecular characterizations of two grapevine rupestris stem pitting-associated virus isolates from China[J]. *Arch Virol*, 2015, 160: 2641-2645.
- [20] MENG B, LI C. The capsid protein of grapevine rupestris stem pitting-associated virus contains a typical nuclear localization signal and targets to the nucleus[J]. *Virus Res*, 2010, 153: 212-217.
- [21] WETZEL T, MEUNIER L, JAEGER U, et al. Complete nucleotide sequences of the RNAs2 of German isolates of grapevine fanleaf and *Arabis mosaic* nepoviruses[J]. *Virus Res*, 2001, 75: 139-145.
- [22] PEJMAN N A, DAUBERT S, ROWHANI A. Quasispecies nature of the genome of grapevine fanleaf virus[J]. *J Gen Virol*, 2001, 82: 1791-1795.
- [23] EBEL R, SCHNABEL A, REUSTLE G M, et al. Complete nucleotide sequence of an isolate of the nepovirus raspberry ringspot virus from grapevine[J]. *Virus Res*, 2003, 97: 141-144.
- [24] ELBEAINO T, KIYI H, BOUTARFA R, et al. Phylogenetic and recombination analysis of the homing protein domain of grapevine fanleaf virus (GFLV) isolates associated with 'yellow mosaic' and 'infectious malformation' syndromes in grapevine[J]. *Arch Virol*, 2014, 159: 2757-2764.
- [25] JONES T J, RAYAPATI N A, NITA M. Occurrence of grapevine leafroll associated virus-2, -3 and Grapevine fleck virus in Virginia, U. S. A., and factors affecting virus infected vines[J]. *Eur J Plant Pathol*, 2015, 142: 209-222.
- [26] SABANADZOVIC S, SABANADZOVIC N, SADARELLI P, et al. Complete nucleotide sequence and genome organization of grapevine fleck virus[J]. *J Gen Virol*, 2001, 82: 2009-2015.
- [27] GHANEM-SABANADZOVIC N A, SABANADZOVIC S, MARTELLI G P, et al. Sequence analysis of the 3' end of three Grapevine fleck virus-like viruses from grapevine[J]. *Virus Genes*, 2003(27): 11-16.
- [28] PATHIRANA R, MCKENZIE M J. A modified green-grafting technique for large-scale virus indexing of grapevine (*Vitis vinifera* L.) [J]. *Scientia Horticultutae*, 2005, 107: 97-102.
- [29] DOVAS C I, KATIS N I. A spot nested RT-PCR method for the simultaneous detection of members of the *Vitivirus* and *Foveavirus* genera in grapevine[J]. *J Virol Methods*, 2003, 170: 99-106.
- [30] DOVAS C I, KATIS N I. A spot multiplex nested RT-PCR for the simultaneous and generic detection of viruses involved in the aetiology of grapevine leafroll and rugose wood of grapevine[J]. *J Virol Methods*, 2003, 109: 217-226.
- [31] DIGIARO M, ELBEAINO T, MARTELLI G P. Development of degenerate and species-specific primers for the differential and simultaneous RT-PCR detection of grapevine-infecting nepoviruses of subgroups A, B and C[J]. *J Virol Methods*, 2007, 141(1): 34-40.
- [32] GAMBINO G, GRIBAUDO I. Simultaneous detection of nine grapevine viruses by multiplex reverse transcription-polymerase chain reaction with coamplification of a plant RNA as internal control[J]. *Phytopathology*, 2006, 96: 1223-1229.
- [33] OSMAN F, ROWHANI A. Application of spotting sample preparation technique for the detection of pathogens in woody plants by RT-PCR and real-time PCR (TaqMan) [J]. *J Virol Methods*, 2006, 133: 130-136.
- [34] RWAHNIH M A L, DAUBERT S, GOLINO D, et al. Deep sequencing analysis of RNAs from a grapevine showing Syrah decline symptoms reveals a multiple virus infection that includes a novel virus [J]. *Virology*, 2009, 387: 395-401.
- [35] RWAHNIH M A, DAUBERT S, URBEZ-TORRES J R, et al. Deep sequencing evidence from single grapevine plants reveals a virome dominated by mycoviruses[J]. *Arch Virol*, 2011, 156: 397-403.
- [36] POOJARI S, ALABI O J, FOFANOV V Y, et al. A Leafhopper-transmissible DNA virus with novel evolutionary lineage in the family geminiviridae implicated in grapevine red leaf disease by next-generation sequencing[J/OL]. *PLoS ONE*, 2013, 8(6): e64194.
- [37] GAMBINO G, MATTEO D, GRIBAUDO I. Elimination of grapevine fanleaf virus from three *Vitis vinifera* cultivars by somatic embryogenesis[J]. *Eur J Plant Pathol*, 2009, 123: 461-493.
- [38] SKIADA F G, MALIOGKA V I, KATIS N I, et al. Elimination of grapevine rupestris stem pitting-associated virus (GRSPaV) from two *Vitis vinifera* cultivars by *in vitro* chemotherapy [J]. *Eur J Plant Pathol*, 2013, 135: 407-414.
- [39] WANG Q, MAWASSI M, LI P, et al. Elimination of grapevine virus A (GVA) by cryopreservation of invitro-grown shoot tips of *Vitis vinifera* L. [J]. *Plant Science*, 2003, 165: 321-327.
- [40] MALIOGKA V I, SKIADA F G, ELEFThERIOU E P, et al. Elimination of a new ampelovirus (GLRaV-Pr) and grapevine rupestris stem pitting associated virus (GRSPaV) from two *Vitis vinifera* cultivars combining *in vitro* chemotherapy with shoot tip culture[J]. *Scientia Horticultutae*, 2009, 123: 280-282.

# 国内外蔬菜机械化生产技术体系研究综述

肖体琼<sup>1</sup>, 崔思远<sup>1</sup>, 陈永生<sup>1</sup>, 何春霞<sup>2</sup>

(1. 农业部南京农业机械化研究所, 江苏 南京 210014; 2. 南京农业大学 工学院, 江苏 南京 210031)

**摘要:**蔬菜机械化生产技术体系包含生物科学、机械工程、经济管理和社会科学, 由于发达国家已经实现了农业机械化, 针对蔬菜机械化生产系统中各学科的研究, 国内外的目的、内容与重点均存在较大差异。该文对蔬菜机械化生产系统及技术体系的国内外研究现状进行了对比, 对我国蔬菜生产机械化发展具有借鉴意义。

**关键词:**蔬菜; 机械化; 技术体系; 系统工程

**中图分类号:**S 233.74 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2017)09-0183-05

农业机械化是提高土地产出效率与劳动生产率、降低生产成本、促进农民增收, 实现农业可持续发展的基础。蔬菜是我国种植业中仅次于粮食的第二大作物, 在现代农业发展、农村劳动力转移、农业农村经济快速发展的背景下, 蔬菜生产正在从人工生产方式向以机械为主要手段的标准化、规模化生产方式转变, 实现蔬菜生产机械化的紧迫性日益突显。综观国外蔬菜生产机械化的发展历程, 几乎都是在实现大田作物生产机械化后才开始考虑蔬菜生

产机械化的, 该文通过对国内外蔬菜机械化生产技术体系研究文献和资料的梳理, 把握国内外研究关注焦点及差异, 为构建我国农机农艺紧密融合的机械化生产技术体系提供借鉴。

## 1 国外研究现状

### 1.1 国外对蔬菜生产系统的研究

农业生产是系统工程, 蔬菜生产是农业生产系统的一个部分。国外农业系统工程产生有成效影响要追溯到 20 世纪 60 年代初, 美国农业系统工程委员会向政府提出在农业领域实施系统工程方法并提出了建议。美国农业体系发达, 居世界首位, 这与系统工程在农业领域的成功实践密不可分。20 世纪 70 年代, 农业系统工程在国际上已得到大规模发展, 涉及到农业领域的各个方面, 在农业机械化领域涵

**第一作者简介:**肖体琼(1974-), 女, 博士, 副研究员, 硕士生导师, 现主要从事农机化工程等研究工作。E-mail: xiaotiqiong@163.com.

**基金项目:**国家科技支撑计划资助项目(2013BAD08B03); 中央级科研院所基本科研业务费专项资助项目(S201720)。

**收稿日期:**2017-01-17

## Research Progress in Grapevine Viruses

WANG Jianhui<sup>1,2</sup>, LIU Jianjun<sup>1,3</sup>, CHEN Keling<sup>1,2</sup>, HE Jian<sup>1,2</sup>, ZHAO Liming<sup>3</sup>

(1. Key Laboratory of Horticultural Crops Biology and Germplasm Enhancement in Southwest Regions, Ministry of Agriculture, Chengdu, Sichuan 610066; 2. Horticultural Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu, Sichuan 610066; 3. Sichuan Academy of Agriculture and Science, Chengdu, Sichuan 610066)

**Abstract:** Total 65 different viruses has been found in the infected grapevine so far. The grapevine was co-infected by several viruses to cause loss of production and poor fruit quality. The current research progresses of molecular biology in grapevine viruses have been reviewed, including the sequencing works on the virus genome, analysis on the virus population structure and genetic variability, study on virus genes function, establishment of the multiple detection techniques and virus eradication techniques to facilitate the development of grapevine industry.

**Keywords:** grapevine virus; molecular biology; detection techniques; virus eradication techniques