

刘亚楠, 史宝, 杨柳, 等. 辣椒斑驳病毒江苏南京分离物的分子鉴定与系统进化分析[J]. 江苏农业学报, 2025, 41(11): 2127-2133.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2025.11.006

辣椒斑驳病毒江苏南京分离物的分子鉴定与系统进化分析

刘亚楠¹, 史宝^{1,2}, 杨柳¹, 任春梅¹, 李硕¹, 孙枫¹, 季英华^{1,2}

(1.江苏省农业科学院植物保护研究所, 江苏 南京 210014; 2.青海大学农林科学院, 青海 西宁 810016)

摘要: 本研究从江苏南京表现叶片卷曲矮缩症状的辣椒中鉴定出辣椒斑驳病毒(PepMoV)江苏分离物 PepMoV-JS。PepMoV-JS 侵染本氏烟后导致叶片卷曲、黄化及严重矮化。该病毒基因组全长9 461 bp, 编码 10 个成熟蛋白。系统发育分析结果表明, 辣椒斑驳病毒分为两大组群: 辣椒斑驳病毒中国安徽、湖南、江苏分离物和韩国分离物聚为 I 组群, 辣椒斑驳病毒美国分离物、德国分离物和中国台湾分离物聚为 II 组群。辣椒斑驳病毒中国分离物遗传相似度较低, 群体多样性高。PepMoV-JS 基因组中未检测到重组事件, 表明其基因结构相对稳定。本研究结果为解析 PepMoV 在中国的分布、进化特征及制定有效防治策略提供理论依据。

关键词: 辣椒斑驳病毒; 病毒病; 基因组克隆; 进化分析

中图分类号: S436.418.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2025)11-2127-07

Molecular identification and phylogenetic analysis of a Jiangsu Nanjing isolate of pepper mottle virus

LIU Yanan¹, SHI Bao^{1,2}, YANG Liu¹, REN Chunmei¹, LI Shuo¹, SUN Feng¹, JI Yinghua^{1,2}

(1. Institute of Plant Protection, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; 2. Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining 810016, China)

Abstract: In this study, a Jiangsu isolate of pepper mottle virus (PepMoV-JS) was identified from pepper plants showing leaf curling and stunting symptoms in Nanjing, Jiangsu province. Infection of *Nicotiana benthamiana* by PepMoV-JS resulted in leaf curling, yellowing, and severe stunting. The complete genome of PepMoV-JS is 9 461 bp in length, encoding 10 mature proteins. Phylogenetic analysis revealed that PepMoV isolates were clustered into two major groups: Group I included isolates from Anhui (China), Hunan (China), Jiangsu (China) and the Republic of Korea, while Group II comprised isolates from the United States, Germany, and Taiwan (China). Chinese PepMoV isolates exhibited low genetic similarity and high population diversity. No recombination events were detected in the genome of PepMoV-JS, indicating a relatively stable genetic structure. The findings of this study provide a theoretical basis for understanding the distribution, evolutionary characteristics of PepMoV in China, and formulating effective control strategies.

Key words: pepper mottle virus; viral disease; genomic cloning; evolutionary analysis

收稿日期: 2025-04-01

基金项目: 江苏省自然科学基金项目(BK20231386)

作者简介: 刘亚楠(1997-), 女, 河南驻马店人, 硕士研究生, 主要从事作物病毒防控技术研究。(E-mail) 2228239761@qq.com

通讯作者: 孙枫, (E-mail) sunfeng1201@126.com; 季英华, (E-mail) jiyinghua@jaas.ac.cn

辣椒是中国重要的蔬菜作物, 其适应性强, 营养丰富, 深受消费者喜爱。中国的辣椒栽培面积为 $1.50 \times 10^6 \sim 2.00 \times 10^6$ hm^2 , 辣椒已成为中国栽培面积最大的蔬菜^[1-2]。在江苏省, 随着设施栽培技术的推广, 辣椒年种植面积扩大至 8.67×10^4 hm^2 ^[3]。然而, 病毒病在辣椒主产区广泛发生, 严重影响辣椒产量和品

质。中国已报道感染辣椒的病毒有 30 多种,在江苏省已鉴定出 12 种辣椒病毒,包括烟草花叶病毒(TMV)、番茄花叶病毒(ToMV)、烟草轻型绿花叶病毒(TMGMV)、辣椒轻斑驳病毒(PMMoV)、辣椒脉黄化病毒(PeVYV)、番茄褪绿病毒(ToCV)、瓜类褪绿黄化病毒(CCYV)、烟草扭脉病毒(TVDV)、番茄黄化曲叶病毒(TYLCV)、蚕豆萎蔫病毒 2 号(BBWV2)、苜蓿花叶病毒(AMV)、辣椒脉斑驳病毒(ChiVMV)^[4-8]。

辣椒斑驳病毒(PepMoV)属于马铃薯 Y 病毒科(Potyviriidae)马铃薯 Y 病毒属(*Potyvirus*),可侵染辣椒、番茄(*Solanum lycopersicum*)、烟草(*Nicotiana spp.*)、马铃薯(*Solanum tuberosum*)等多种茄科植物^[9-12]。辣椒斑驳病毒可通过机械传播或由蚜虫在田间扩散,造成辣椒叶片斑驳褪绿、皱缩卷曲,植株矮化,果实畸形,严重影响辣椒产量和品质^[13-15]。PepMoV 基因组为负义单链 RNA,全长约 10 kb,包含一个开放阅读框,编码一个由 3 029 个氨基酸组成的多聚蛋白。该多聚蛋白包含 9 个蛋白裂解位点,可加工成 10 个成熟蛋白(P1、HcPro、P3、6K1、CI、6K2、VPg、NIa、NIb、CP)。CI、6K2、NIa、NIb 和 VPg 与病毒复制密切相关,而 CP、HcPro、VPg 和 6K2 参与了病毒长距离运动^[15]。

辣椒斑驳病毒(PepMoV)于 1972 年首次在美国的辣椒上被发现,随后在印度、古巴和韩国等国家的茄科作物上被发现并报道^[15-17]。2016 年,在中国湖南省、贵州省、福建省、广东省和广西壮族自治区辣椒上均检测出辣椒斑驳病毒^[18]。辣椒斑驳病毒湖南分离物全基因组分析结果表明,辣椒斑驳病毒中国湖南分离物在遗传进化上与美国分离物、韩国分离物存在显著差异^[19]。本研究拟对江苏南京辣椒上的辣椒斑驳病毒进行基因组克隆和进化分析,以期解析 PepMoV 在中国的分布、进化特征及制定有效防治策略提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 植物材料

2024 年 11 月,于江苏省南京市江宁区和平社区采集到表现病毒病症状的辣椒,其叶片出现斑驳、褪绿及卷曲等典型症状。

1.2 RNA 提取和 RT-PCR 分析

称取 0.1 g 辣椒叶片,经液氮研磨成粉末状,加入 1 mL Trizol 试剂,混匀后室温静置 5 min;加入 200 μ L

氯仿,颠倒混匀,于 4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 条件下离心 5 min。取 500 μ L 上清液至新离心管中,加入等体积异丙醇,颠倒混匀后于 4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 条件离心 5 min。弃上清液,加入 1 mL 70%乙醇,于 4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 离心 5 min。弃上清液,将沉淀用 50 μ L 经过二乙基焦碳酸酯处理的超纯水溶解,得到总 RNA。

以提取的 RNA 为模板,进行反转录合成 cDNA。20 μ L 反应体系为:RNA 模板 1 μ L,5 \times Prime Script RT master mix(宝生物工程大连有限公司产品)4 μ L,RNase-Free H₂O 15 μ L。反应程序为:37 $^{\circ}$ C,15 min;85 $^{\circ}$ C,5 s。以辣椒 cDNA 为模板,采用表 1 所示的 PepMoV 特异性引物和植物内参基因引物进行 PCR 扩增。20 μ L 反应体系为:2 \times Taq Master Mix(南京诺唯赞生物科技股份有限公司产品)10 μ L,上下游引物各 1 μ L,cDNA 模板 1 μ L,ddH₂O 7 μ L。反应程序为:98 $^{\circ}$ C,5 min;98 $^{\circ}$ C,10 s,54 $^{\circ}$ C,15 s,72 $^{\circ}$ C,30 s,35 个循环;72 $^{\circ}$ C,10 min。

将 PCR 产物利用 1% 琼脂糖凝胶分离,随后通过凝胶成像系统(上海天能生命科学有限公司产品)观察并拍照。切下目标条带,将回收产物连接至 T 载体并转化至大肠杆菌 DH5 α 感受态细胞中。挑取阳性克隆送至南京擎科生物技术有限公司进行测序验证。

表 1 本研究所用引物

Table 1 Primers used in this study

引物名称	引物序列(5'→3')
PepMoV-CP-F	GCAGCTCAAGATCAGATA
PepMoV-CP-R	TCCTATGCCACCATCCAA
PepMoV-1-F	AAATTA AAAACATAACATACA
PepMoV-1-R	ATCAATGTTGGCCACTTCCC
PepMoV-2-F	GCCAAGGACTTCACAAAGAA
PepMoV-2-R	ATCTCTGAAGTTGAGTGAT
PepMoV-3-F	TTTCTGTAATGACAAGTGGG
PepMoV-3-R	AGTTTGGCGCAATTCTCCTT
PepMoV-4-F	GGGTAAGCGATAAGGCAAGT
PepMoV-4-R	AATCTCATGAGTTAATTGTG
PepMoV-5-F	AGGCTATTTGTGCAGCAATG
PepMoV-5-R	GTCTCTCTCATGCCAACTAC
CaUBI-3-F	TGTCCATCTGCTCTCTGTTG
CaUBI-3-R	CACCCCAAGCACAATAAGAC
Nbactin-F	CAATCCAGACACTGTACTTTCTCTC
Nbactin-R	AAGCTGCAGGTATCCATGAGACTA

1.3 辣椒斑驳病毒接种本氏烟植物

将本氏烟种子播种于培养基质(营养土:蛭石=1:3)中,置于植物生长室内培养,设定温度为26℃,光周期为16h光照/8h黑暗。待植株生长至5~6叶期,接种辣椒斑驳病毒。具体接种方法如下:取1g感染辣椒斑驳病毒的辣椒叶片,利用液氮进行研磨,加入4mL 0.02 mol/L磷酸盐缓冲液,继续研磨成植物匀浆。在本氏烟叶片表面撒少量石英砂,用毛笔蘸取植物匀浆均匀涂抹在本氏烟叶片上^[23]。接种10min后,用蒸馏水冲洗叶片表面,随后将本氏烟植株移回生长室继续培养。接种7d后观察本氏烟发病症状并拍照记录,同时取样进行RT-PCR检测。

1.4 PepMoV 全基因组进化树分析

将本研究获得的PepMoV分离物的全基因组序列提交至国家生物信息中心[GenBase(<https://ngdc.cncb.ac.cn/genbase/>)登录号:C_AA104849.1],从美国国家生物技术信息中心(NCBI)数据库下载其他PepMoV分离物的全基因组序列。利用SnapGene软件分析数据,利用MEGA7软件的邻接法对PepMoV全基因组序列进行相似性分析和系统进化树构建,重复次数为1000次^[20]。系统进化树以马铃

薯V病毒作为外群,利用tvBOT(<https://www.chip-lot.online/tvbot.html>)作图^[21]。

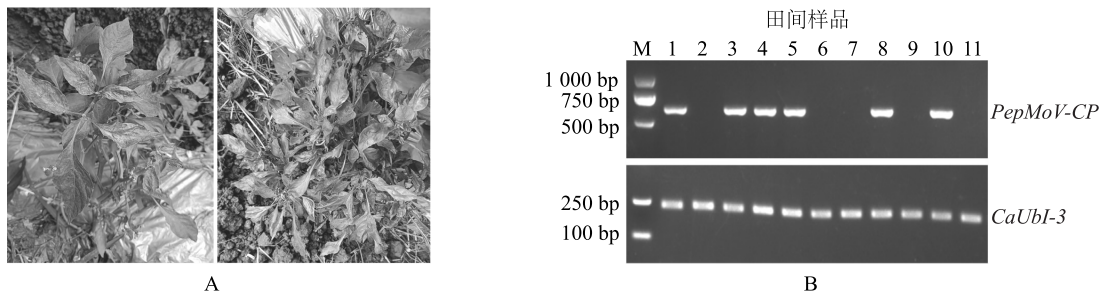
1.5 PepMoV 基因重组分析

利用重组检测软件Recombination Detection Program5.0对PepMoV分离物全基因组序列进行重组事件检测,检测方法包括RDP、Genecov、Bootscan、Maximumv2、Chimera、Sisterscan和3Seq等,各方法参数均为软件默认设置。为保障结果可靠性,仅当某一重组事件被3种及以上方法共同检测到,才判定其为有效重组^[22]。

2 结果与分析

2.1 辣椒斑驳病毒江苏分离物的分子鉴定和全基因组序列克隆

如图1所示,江苏省南京市江宁区和平社区辣椒叶片斑驳褪绿、皱缩卷曲,植株严重矮化,疑似感染病毒。利用1%琼脂糖凝胶电泳检测RT-PCR扩增产物,在700bp处出现特异性条带。测序结果表明,该片段与辣椒斑驳病毒韩国分离物PepMoV 217(GenBank登录号:EU586124.1)核苷酸同源性为99%,据此确认江苏南京辣椒感染PepMoV,本研究将其命名为PepMoV-JS。



A:江苏省南京市江宁区和平社区受辣椒斑驳病毒感染的辣椒;B:辣椒斑驳病毒RT-PCR检测结果;PepMoV-CP为辣椒斑驳病毒CP蛋白编码基因;M为DNA分子量标准;1~11为辣椒样品;CaUbl-3为内参基因。

图1 辣椒斑驳病毒江苏分离物的分子鉴定

Fig.1 Molecular identification of the Jiangsu isolate of pepper mottle virus

如图2所示,接种PepMoV-JS 7d后,本氏烟草叶片向下卷曲、黄化,同时植株严重矮化,接种PepMoV-JS 21d后,本氏烟草植株逐渐死亡。

如图3所示,PepMoV-JS基因组全长9461bp,本研究分5段扩增。

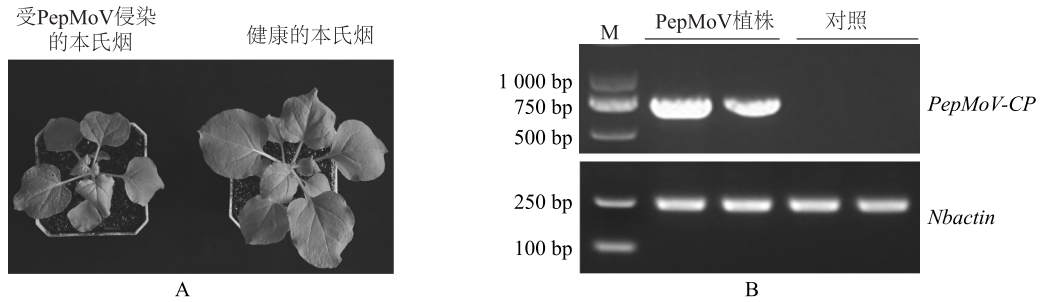
2.2 辣椒斑驳病毒江苏分离物系统进化分析

如表2所示,在核苷酸水平上,PepMoV-JS与辣椒斑驳病毒韩国分离物、中国分离物的核苷酸序列相

似度较高,PepMoV-JS与辣椒斑驳病毒韩国分离物PepMoV 128核苷酸序列相似度最高,为98.41%,与辣椒斑驳病毒中国湖南分离物PepMoV HN核苷酸序列相似度为98.10%。PepMoV-JS与辣椒斑驳病毒德国分离物、美国分离物的核苷酸序列相似度较低,PepMoV-JS与辣椒斑驳病毒美国分离物PepMoV Florida核苷酸序列相似度最低,为93.72%。在氨基酸水平上,PepMoV-JS与辣椒斑驳病毒韩国分离物、

中国湖南分离物氨基酸序列相似度较高, PepMoV-JS 与辣椒斑驳病毒韩国分离物 PepMoV 205205 氨基酸序列相似度最高, 为 96.77%, PepMoV-JS 与辣椒斑驳病毒中国湖南分离物 PepMoV HN 氨基酸序列相似度

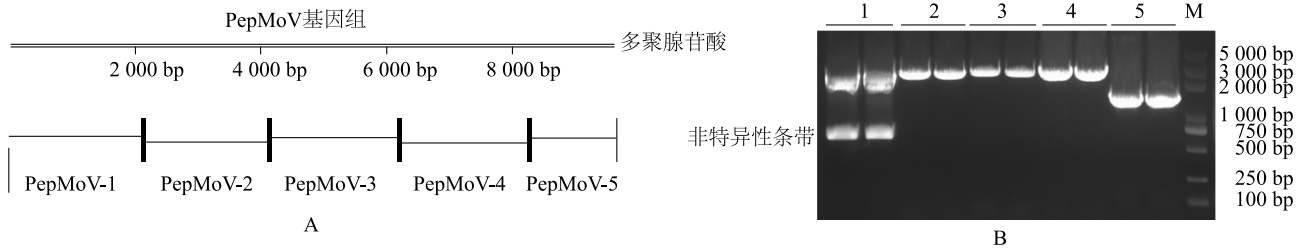
为 96.32%。PepMoV-JS 与辣椒斑驳病毒美国分离物氨基酸序列相似度较低, PepMoV-JS 与辣椒斑驳病毒美国分离物 PepMoV California 氨基酸序列相似度最低, 为 93.61%。



A: 受辣椒斑驳病毒侵染的本氏烟; B: 本氏烟中的辣椒斑驳病毒 RT-PCR 检测结果。PepMoV: 辣椒斑驳病毒; M: DNA 分子量标准; 对照: 未接种病毒的健康烟草植株; PepMoV 植株: 受辣椒斑驳病毒侵染的烟草植株。

图 2 受辣椒斑驳病毒侵染的本氏烟分离物的分子鉴定

Fig.2 Molecular identification of an isolate from *Nicotiana benthamiana* infected with pepper mottle virus



A: 辣椒斑驳病毒江苏分离物 PepMoV-JS 基因组结构; B: RT-PCR 分段扩增的 PepMoV-JS 基因组。PepMoV: 辣椒斑驳病毒; M: DNA 分子量标准; 1: PepMoV-1; 2: PepMoV-2; 3: PepMoV-3; 4: PepMoV-4; 5: PepMoV-5。

图 3 辣椒斑驳病毒江苏分离物全基因组克隆

Fig.3 Complete genome cloning of the Jiangsu isolate of pepper mottle virus

表 2 PepMoV-JS 和其他 PepMoV 分离物的核苷酸和氨基酸序列相似度比较

Table 2 Comparison of nucleotide and amino acid sequence similarities between PepMoV-JS and other PepMoV isolates

PepMoV 分离物编号	GenBank 登录号	寄主	国家/地区	核苷酸序列相似度 (%)	氨基酸序列相似度 (%)
PepMoV 128	EU586122.1	辣椒	韩国	98.41	96.74
PepMoV 217	EU586124.1	番茄	韩国	98.38	96.74
PepMoV 205205	EU586135.1	辣椒	韩国	98.38	96.77
PepMoV Vb1	DQ631638.1	辣椒	韩国	98.39	96.55
PepMoV 205250	EU586136.1	辣椒	韩国	98.34	96.74
PepMoV 204040	EU586128.1	辣椒	韩国	98.33	96.71
PepMoV 205136	EU586130.1	辣椒	韩国	98.32	96.61
PepMoV 205197	EU586134.1	辣椒	韩国	98.31	96.68
PepMoV 743	EU586127.1	辣椒	韩国	98.28	96.58
PepMoV 205137	EU586131.1	辣椒	韩国	98.28	96.71

续表2 Continued2

PepMoV 分离物编号	GenBank 登录号	寄主	国家/地区	核苷酸序列相似度 (%)	氨基酸序列相似度 (%)
PepMoV 57	EU586121.1	番茄	韩国	98.26	96.48
PepMoV 205135	EU586129.1	辣椒	韩国	98.24	96.48
PepMoV 731	EU586126.1	马铃薯	韩国	98.20	96.12
PepMoV 205187	EU586133.1	辣椒	韩国	98.19	96.55
PepMoV 134	EU586123.1	番茄	韩国	98.19	96.35
PepMoV 205165	EU586132.1	辣椒	韩国	98.17	96.58
PepMoV 248	EU586125.1	辣椒	韩国	98.16	96.48
PepMoV Xch	KX650857.1	烟草	中国安徽	98.21	-
PepMoV HN	LN832375.1	辣椒	中国湖南	98.10	96.32
PepMoV PepMoV-Vb	AB126033.1	未知	韩国	97.98	95.67
PepMoV California	NC_001517.1	辣椒	美国	94.30	93.61
PepMoV DSMZ PV-0987	OQ993364.1	辣椒	德国	94.10	94.27
PepMoV DSMZ PV-0256	MW582791.1	未知	中国台湾	93.98	94.07
PepMoV Florida	AF501591.1	未知	美国	93.72	93.84

PepMoV:辣椒斑驳病毒。

如图 4 所示, PepMoV 所有分离物分为两大组群, I 组群包含中国安徽、中国湖南、中国江苏和韩国分离物, II 组群包含美国、德国和中国台湾分离

物。值得注意的是, 虽然 PepMoV-JS 属于 I 组群, 但没有与中国另外两个分离物聚类在同一亚簇, 遗传进化关系较远。

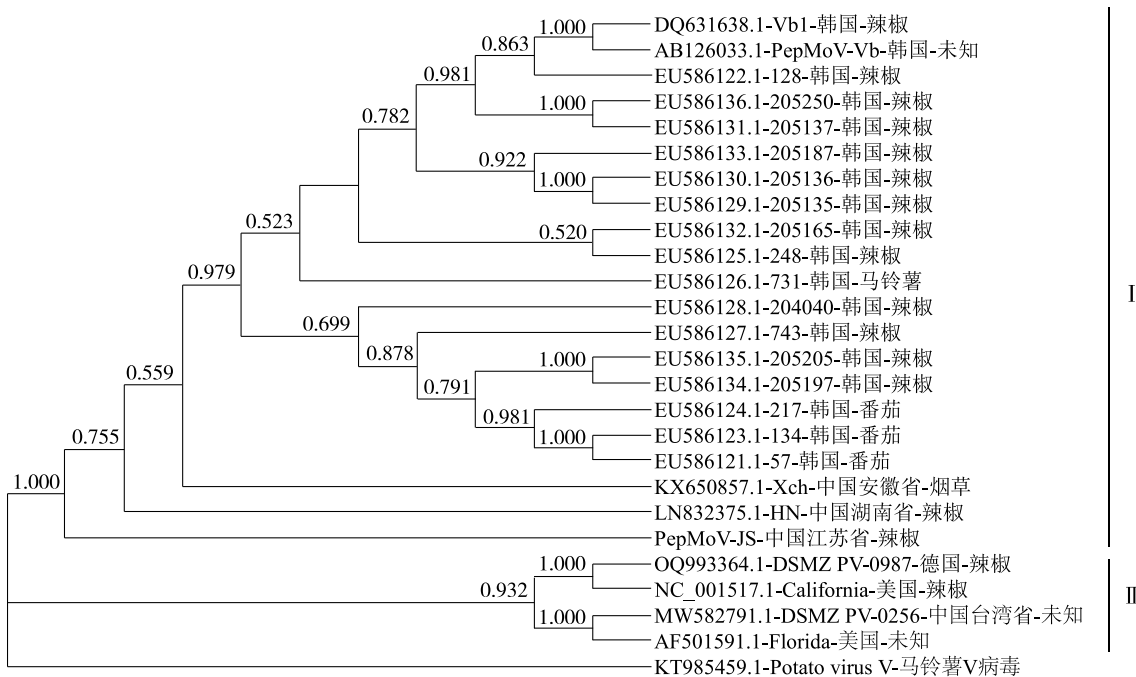


图 4 辣椒斑驳病毒系统发育进化树

Fig.4 Phylogenetic tree of pepper mottle virus

2.3 辣椒斑驳病毒江苏分离物基因重组分析

如表 3 所示, PepMoV-JS 基因组未检测到重组

事件,而在辣椒斑驳病毒美国分离物、德国分离物和韩国分离物基因组中检测到 5 个重组事件。

表 3 辣椒斑驳病毒基因重组分析

Table 3 Gene recombination analysis of pepper mottle virus

重组病毒	次要亲本	主要亲本	检测方法						
			RDP	Genecov	Bootscan	Maximumv2	Chimera	Sisterscan	3Seq
California	未知	DSMZ PV-0987	-	-	-	+	+	-	+
134	未知	57	+	+	-	+	+	+	+
DSMZ PV-0987	Florida	205187	-	-	-	+	+	+	+
Vb	未知	Vb1	+	-	+	+	+	-	+
DSMZ PV-0987	未知	DSMZ PV-0256	+	-	+	+	+	+	+

RDP、Genecov、Bootscan、Maximumv2、Chimera、Sisterscan 和 3Seq 均为 Recombination Detection Program5.0 软件中的重组事件检测方法, -表示未检测出重组事件,+表示检测到重组事件。

3 讨论

本研究从江苏省南京市的辣椒中鉴定出辣椒斑驳病毒分离物 PepMoV-JS, 克隆获得其全长基因组 (9 461 bp), 编码一个多聚蛋白。重组是驱动 RNA 病毒进化的重要机制, PepMoV-JS 基因组中未检测到重组事件, 表明中国 PepMoV 基因组结构相对稳定。本研究系统进化分析结果表明, PepMoV 分离物可划分为两个组群: I 组群包括辣椒斑驳病毒中国安徽、湖南、江苏分离物和韩国分离物, II 组群包括辣椒斑驳病毒美国分离物、德国分离物和中国台湾分离物。I 组群的辣椒斑驳病毒韩国分离物遗传相似性较高, 聚于同一分支, 提示其可能源自共同祖先; 而 I 组群的辣椒斑驳病毒中国分离物却表现出较高的序列多态性, 辣椒斑驳病毒中国安徽、湖南、江苏分离物位于不同分支, 表明其独立进化, 演化路径存在差异。前人研究结果^[19,23]表明, 辣椒斑驳病毒中国湖南分离物 PepMoV-HN 与韩国分离物遗传关系较近, 而与美国分离物遗传关系较远, 与本研究结果一致。

PepMoV 传播途径多样, 可通过蚜虫、种子及机械方式传播^[15,24-25]。江苏省设施蔬菜大棚的广泛应用导致蚜虫、烟粉虱等介体昆虫普遍发生, 为 PepMoV 田间的扩散创造了有利条件。本研究的接种试验进一步证实 PepMoV 可通过机械传播, 因此农事操作也可能成为其扩散渠道。基于上述特性, PepMoV 防治应采取综合策略: 确保种子健康以控制初侵染源, 加强田间介体防治以切断传播链, 并在发病初期及时喷施抗病毒剂或植物免疫调节剂以减轻损失。

综上所述, PepMoV-JS 全基因组序列的鉴定将

有助于深入解析中国 PepMoV 的遗传结构与进化关系, 为该病毒病的绿色防治提供理论依据。

参考文献:

- [1] 王立浩, 张正海, 曹亚从, 等. “十二五”我国辣椒遗传育种研究进展及其展望[J]. 中国蔬菜, 2016(1): 1-7.
- [2] 邹学校, 胡博文, 熊程, 等. 中国辣椒育种 60 年回顾与展望[J]. 园艺学报, 2022, 49(10): 2099-2118.
- [3] 潘宝贵, 王述彬, 刘金兵, 等. 江苏省辣椒地方种质资源的收集与利用[J]. 中国蔬菜, 2023(7): 20-24.
- [4] 刘勇, 李凡, 李月月, 等. 侵染我国主要蔬菜作物的病毒种类、分布与发生趋势[J]. 中国农业科学, 2019, 52(2): 239-261.
- [5] 吴贺, 荆诗韵, 刘丹, 等. 苏南五地(市)主要蔬菜作物的病毒种类、区域分布和发生趋势[J]. 植物病理学报, 2021, 51(3): 325-333.
- [6] 赵小慧, 刘冲, 郁凯, 等. 利用小 RNA 深度测序技术鉴定江苏盐城辣椒病毒种类[J]. 江苏农业学报, 2023, 39(1): 37-43.
- [7] 吴淑华, 赵文浩, 李廷芳, 等. 南京辣椒上一种斑驳类型病毒病的分子鉴定[J]. 江苏农业学报, 2015, 31(6): 1284-1290.
- [8] 高晓晓, 涂丽琴, 杨柳, 等. 基于基因组序列分析的烟草轻绿花叶病毒江苏辣椒分离物侵染性克隆构建[J]. 中国农业科学, 2023, 56(8): 1494-1502.
- [9] MELZER M J, SUGANO J S, CABANAS D, et al. First report of pepper mottle virus infecting tomato in Hawaii [J]. Plant Disease, 2012, 96(6): 917.
- [10] CHENG Y H, DENG T C, CHEN C C, et al. First report of pepper mottle virus in bell pepper in Taiwan [J]. Plant Disease, 2011, 95(5): 617.
- [11] WARREN C E, MURPHY J F. The complete nucleotide sequence of pepper mottle virus-Florida RNA [J]. Archives of Virology, 2003, 148(1): 189-197.
- [12] 王鑫, 叶倩, 吕小园, 等. 辣椒斑驳病毒 CP 蛋白多克隆抗体制备与应用[J]. 福建农业学报, 2022, 37(12): 1595-1600.
- [13] KIM M K, KWAK H R, LEE S H, et al. Isolation and character-

- ization of pepper mottle virus infecting tomato in Korea[J]. *Plant Pathology Journal*,2008,24(2):152-158.
- [14] HAN J H, CHOI H S, KIM D H, et al. Biological, physical and cytological properties of pepper mottle virus-SNU1 and its RT-PCR detection[J]. *Plant Pathology Journal*,2006,22(2):155-160.
- [15] FANG M, YU J, KIM K H. Pepper mottle virus and its host interactions; current state of knowledge [J]. *Viruses*,2021,13(10):1930.
- [16] NELSON M R, WHEELER R E. A new virus disease of pepper in Arizona[J]. *Plant Disease Reporter*,1972,56(9):731-735.
- [17] ZITTER T A. Naturally occurring pepper virus strains in South Florida[J]. *Plant Disease Reporter*,1972,56(7):586-590.
- [18] LUO X W, ZHANG D Y, ZHENG L M, et al. Development of a reverse transcription loop-mediated isothermal amplification assay for the rapid detection of pepper mottle virus[J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*,2016,38(4):506-510.
- [19] ZHANG Y, LUO X W, ZHANG D Y, et al. Genome and phylogenetic analyses of Chinese pepper mottle virus isolates from chili pepper plants[J]. *Journal of Plant Pathology*,2019,101(3):559-564.
- [20] TAMURA K, STECHER G, KUMAR S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11[J]. *Molecular Biology and Evolution*,2021,38(7):3022-3027.
- [21] XIE J M, CHEN Y R, CAI G J, et al. Tree visualization by one table (tvBOT): a web application for visualizing, modifying and annotating phylogenetic trees[J]. *Nucleic Acids Research*,2023,51(1):587-592.
- [22] MARTIN D P, VARSANI A, ROUMAGNAC P, et al. RDP5: a computer program for analyzing recombination in, and removing signals of recombination from, nucleotide sequence datasets[J]. *Virus Evolution*,2020,7(1):veaa087.
- [23] KIM Y J, JONSON M G, CHOI H S, et al. Molecular characterization of Korean pepper mottle virus isolates and its relationship to symptom variations[J]. *Virus Research*,2009,144(1/2):83-88.
- [24] ZITTER T A. Transmission of pepper mottle virus from susceptible and resistant pepper cultivars[J]. *Phytopathology*,1975,65:110-114.
- [25] TANGJANG S, REDDY M S, SURYANARAYANAN T S, et al. Seed transmissibility of pepper mottle virus: survival of virus[J]. *Current Science*,2018,115(11):2012-2014.

(责任编辑:成纾寒)