

杨 柳, 孙 枫, 高晓晓, 等. 江苏葫芦科作物上西瓜银斑驳病毒的侵染与分子鉴定[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(1): 41-50.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.01.005

## 江苏葫芦科作物上西瓜银斑驳病毒的侵染与分子鉴定

杨 柳, 孙 枫, 高晓晓, 任春梅, 季英华  
(江苏省农业科学院植物保护研究所, 江苏 南京 210014)

**摘要:** 西瓜银斑驳病毒(Watermelon silver mottle virus, WSMoV)是正番茄斑萎病毒属(*Orthospovirus*)的重要成员,由蓟马传播,可侵染葫芦科、茄科等多种作物。为明确江苏蔬菜作物上 WSMoV 的侵染情况、分子特征及传播来源,本研究于2023-2024年在江苏省主要蔬菜产区采集 218 份疑似 WSMoV 感染的葫芦科作物样品,采用 RT-PCR、克隆测序等技术进行病原鉴定,并将鉴定得到的 WSMoV 与美国国家生物信息中心数据库登录的 WSMoV 氨基酸序列和碱基序列进行相似性分析和系统进化树构建,分析江苏 WSMoV 的可能传播来源。结果表明,来自南京市江宁区、南通市海门区、徐州市贾汪区的 10 份黄瓜样品检测到 WSMoV 侵染,样品带毒率为 4.59%。江苏 3 个地区 WSMoV 分离物 *N* 基因差异较大,相似度仅为 91.91%。其中,徐州市贾汪区分离物(登录号 PV177960)和南通市海门区分离物(登录号 PV177961)序列一致,与分离物 WSMoV-SJZ(登录号 PQ073372)的相似度较高,并在系统进化树中聚为同一分支;而南京市江宁区分离物(登录号 PV177962)与分离物 THBC(登录号 PQ310671)和分离物 HNTG(OQ715365)相似度较高,并在系统进化树中聚为同一分支,说明感染江苏黄瓜的 WSMoV 可能来源于不同的地区。本研究首次报道了 WSMoV 在江苏蔬菜作物上的发生状况,对该病毒的传播、流行及防治策略制定具有重要意义。

**关键词:** 西瓜银斑驳病毒; 发生; 分布; 分子鉴定; 江苏分离物; 系统进化分析

**中图分类号:** S436 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2026)01-0041-10

## Infection and molecular identification of watermelon silver mottle virus in cucurbit crops in Jiangsu

YANG Liu, SUN Feng, GAO Xiaoxiao, REN Chunmei, JI Yinghua  
(*Institute of Plant Protection, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China*)

**Abstract:** The watermelon silver mottle virus (WSMoV) is an important member of the *Orthospovirus* genus. It is transmitted by thrips and can infect many crops including those in the families Cucurbitaceae and Solanaceae. To clarify the infection status, molecular characteristics and transmission sources of WSMoV on vegetable crops in Jiangsu province, 218 samples of cucurbit crops suspected to be infected with WSMoV were collected from the main vegetable producing areas during 2023-2024. The pathogen was identified by RT-PCR, cloning and sequencing. The identified WSMoV sequences were compared with the amino acid sequences and base sequences of WSMoV registered in the National Center for Biotechnology Information database of the United States for similarity analysis and phylogenetic tree construction, and the possible transmission sources of WSMoV in Jiangsu were analyzed. The results showed that WSMoV infection was detected in 10 cucur-

bit samples from Jiangning District of Nanjing, Haimen District of Nantong and Jiawang District of Xuzhou, with a virus carrying rate of 4.59%. The *N* genes of WSMoV isolates in the three regions of Jiangsu exhibited considerable divergence, and the similarity was only 91.91%. Among them, the sequences of Xuzhou Jiawang isolate

收稿日期: 2025-03-03

基金项目: 国家西甜瓜产业技术体系项目(CARS-25-2025-G20)

作者简介: 杨 柳(1984-),女,江苏徐州人,博士,助理研究员,主要从事蔬菜作物病毒病研究。(E-mail)suiyang@126.com

通讯作者: 季英华, (Tel)025-84390394; (E-mail)jiyinghua@jaas.ac.cn

(PV177960) and Nantong Haimen isolate (PV177961) were consistent, and the similarity with isolate WSMoV-SJZ (PQ073372) was higher, and they were clustered into the same branch in the phylogenetic tree. The Nanjing Jiangning isolate (PV177962) was highly similar to the isolate THBC (PQ310671) and the isolate HNTG (OQ715365), and clustered into the same branch in the phylogenetic tree, indicating that the WSMoV infecting Jiangsu cucumbers may come from different regions. This study provides the first report of WSMoV occurrence in vegetable crops in Jiangsu province, which is of great significance for the spread, prevalence and control strategy of the virus.

**Key words:** watermelon silver mottle virus; occurrence; distribution; molecular identification; Jiangsu isolate; phylogenetic analysis

西瓜银斑驳病毒(Watermelon silver mottle virus, WSMoV),正番茄斑萎病毒属(*Orthotospovirus*)成员之一,可侵染多种作物,导致大幅减产甚至绝收。目前报道的寄主作物主要有辣椒等茄科作物<sup>[1-2]</sup>和西瓜、甜瓜等葫芦科作物<sup>[3-6]</sup>。不同作物感染 WSMoV 后会表现出不同症状,西瓜、甜瓜等作物叶片出现银白色斑驳、褪绿、向上卷曲等特征,而辣椒果实和叶片出现同心轮纹、颜色斑驳等症状。西瓜幼苗感染 WSMoV 可导致生长受阻,果实发育不良。WSMoV 主要由棕榈蓟马(*Thrips palmi*)传播<sup>[7]</sup>。由于蓟马繁殖率高、适应能力强,因此,条件适宜时,西瓜银斑驳病毒传播速度快、范围广。

1984年,学者 Iwaki<sup>[8]</sup>首次报道了西瓜银斑驳病毒。Chu 等<sup>[9]</sup>对发生在中国台湾地区的西瓜银斑驳病毒进行了报道,并比较了其与其他番茄斑萎病毒属病毒双义 mRNA 的差异。目前,WSMoV 主要分布在中国、印度、日本和泰国等亚洲东部国家。2011年,在广东西瓜上鉴定到该病毒<sup>[10]</sup>,为该病毒中国大陆地区被首次发现。随后广东省的辣椒生产区亦检测到 WSMoV<sup>[11]</sup>。2016年,云南西瓜和番茄等作物生长过程中遭受到 WSMoV 的严重威胁,造成西瓜和番茄等作物产量和品质显著下降<sup>[11]</sup>。2020年,海南多个西瓜种植区亦检测到 WSMoV<sup>[6]</sup>。2021年,广西甜椒中亦鉴定到 WSMoV 感染<sup>[2]</sup>。近年来,不仅在中国南方的多个省份均检测到 WSMoV 病毒病的发生<sup>[14,11]</sup>,浙江和山东的西瓜中亦鉴定到 WSMoV 感染<sup>[5]</sup>。WSMoV 的寄主除辣椒、西瓜外,还增加了黄瓜<sup>[12]</sup>、花生<sup>[13]</sup>、罗汉果<sup>[14]</sup>等作物。上述研究结果表明,WSMoV 在中国的发生频率呈现上升趋势,对中国农业安全造成严重威胁。

从病毒粒子结构看,WSMoV 具有典型正番茄斑萎病毒属特征:直径 80~120 nm 的球形包膜粒子包裹 3 分体单链 RNA 基因组,3 条单链 RNA 分别为 L 链、M 链和 S 链。其中,L 链编码的 RNA 依赖 RNA 聚合

酶(*RdRp*)决定复制效率,M 链编码的糖蛋白前体(GP)参与媒介识别。S 链上编码的核衣壳蛋白(NP)是种群遗传分型的重要分子标记<sup>[15]</sup>,是研究该病毒遗传变异和进化关系的重要依据。Okuda 等<sup>[16]</sup>和 Wu 等<sup>[17]</sup>研究发现,S 链上编码的另一个蛋白 NSs 可通过抑制植物 RNA 沉默通路增强致病力。

鉴于 WSMoV 逐渐北扩的流行态势及在江苏省对该病毒的发生、流行情况缺乏研究的现状,本研究于 2023-2024 年从江苏省 16 个县(市、区)8 种葫芦科作物中采集到 218 份疑似 WSMoV 样本,利用 RT-PCR 和克隆测序等技术手段,进行 WSMoV 鉴定,并将鉴定得到的 WSMoV 与美国国家生物信息中心(NCBI)数据库登录的 WSMoV 氨基酸序列和碱基序列进行相似性分析和系统进化树构建,分析江苏 WSMoV 的可能传播来源,旨在为制作江苏省 WSMoV 生态分布图谱和制定区域化防治策略提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 病原材料

2023-2024 年,在作物生长季从江苏省 16 个县(市、区)的黄瓜、南瓜、丝瓜、西葫芦、瓠瓜、甜瓜、西瓜、栝楼等 8 个葫芦科作物上采集 218 份疑似感染 WSMoV 样本,其中,叶片样品症状表现为褪绿、斑驳、黄化、卷曲、皱缩、畸形等,果实样品症状表现为果实小且畸形、表面凹凸不平、有斑纹。采集的样本经液氮速冻后,分装保存于-80℃超低温冰箱。样本采集地点及作物类型信息见表 1。

### 1.2 RNA 提取和 cDNA 合成

取 0.5 g 样本于液氮中研成粉末,按照多糖多酚植物 RNA 试剂盒(上海浦迪生物科技有限公司产品)说明书提取各样本 RNA。取 2 μL 提取的 RNA,按照 HiScript II Q RT SuperMix 试剂盒(南京诺唯赞生物科技有限公司产品)说明书反转录成 cDNA。

表 1 样本统计信息

Table 1 Sample statistical information

采样地点	不同作物采集到的疑似样本数(个)								合计
	黄瓜	南瓜	丝瓜	西葫芦	瓠瓜	甜瓜	西瓜	栝楼	
徐州市贾汪区	15								15
连云港市赣榆区							2		2
连云港市灌云县	2	2	4	4		6	14		32
宿迁市泗洪县		2				3			5
淮安市洪泽县			2			1	2		5
盐城市盐都区								5	5
盐城市大丰区						4			4
泰州市海陵区	3	6	18	2	6	2	4		41
泰州市泰兴市	6					5			11
泰州市兴化市		2							2
南通市海门区	12					15			27
南通市如皋市		2				2	4		8
南京市江宁区	25		5		1	2			33
南京市六合区	2								2
常州市溧阳市		1	1			2	6		10
无锡市江阴市	1	2	2			6	5		16
合计	66	17	32	6	7	48	37	5	218

### 1.3 PCR 检测分析

以得到的 cDNA 为模板进行 PCR 扩增,扩增引物见表 2。扩增体系 25.0  $\mu\text{L}$ ; 2 $\times$ Taq Master mix(南京诺唯赞生物科技有限公司产品) 12.5  $\mu\text{L}$ , 正向引物和反向引物各 0.5  $\mu\text{L}$ , cDNA 模板 1.0  $\mu\text{L}$ , ddH<sub>2</sub>O 补足至 25.0  $\mu\text{L}$ 。PCR 反应程序:94  $^{\circ}\text{C}$  预变

性 2 min;94  $^{\circ}\text{C}$  变性 20 s,退火 20 s,退火温度依据各引物特性,72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 1 min,30 个循环;72  $^{\circ}\text{C}$  再延伸 5 min。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳分析,将出现目的条带的 PCR 产物委托南京擎科生物科技有限公司进行测序。

表 2 扩增所用引物序列

Table 2 Primer sequences used for amplification

引物	序列 (5'→3')	退火温度( $^{\circ}\text{C}$ )	用途
Tospov-udtF	AACTGGAAAAATGATTYNYTTGTGTTGG	52	番茄斑萎病毒属( <i>Tospovirus</i> )病毒通用检测引物
Tospov-udtR	ATTAGYTTGCAKGGCTTCAATNAARGC		
WSMoV-dtF	CTGTGCATGTGACCAGGTAA	53	WSMoV 特异性检测引物
WSMoV-dtR	AGCCAATAGACTGAGAGAAGGA		
WSMoV-nF	GTTAAGCATAAACACAAACACACAT	55	WSMoV N 基因克隆引物
WSMoV-nR	CCTTTGTAAACACCATGTCTAACG		

### 1.4 WSMoV N 基因的克隆与测序

使用引物 WSMoV-nF/WSMoV-nR 扩增获得 WSMoV N 基因全长。扩增体系 50  $\mu\text{L}$ ; 2 $\times$ phanta PCR mix 高保真酶(南京诺唯赞生物科技有限公司产品) 25  $\mu\text{L}$ , 正向引物和反向引物各 1  $\mu\text{L}$ , cDNA 2  $\mu\text{L}$ , ddH<sub>2</sub>O 补足至 50  $\mu\text{L}$ 。PCR 反应程序:94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 2 min;94  $^{\circ}\text{C}$  变

性 20 s,55  $^{\circ}\text{C}$  退火 20 s,72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 80 s,30 个循环;72  $^{\circ}\text{C}$  再延伸 5 min。经 1% 琼脂糖凝胶电泳后,在紫外灯下切取凝胶上的目的条带,使用 Axygen 胶回收试剂盒(杭州爱思进生物技术有限公司产品)按照说明书进行回收。将回收产物按说明书连接至 pEASY-Blunt 载体(北京全式金生物技术有限公司产品)后,转化大肠杆

菌感受态细胞 DH5 $\alpha$ , PCR 筛选的阳性克隆委托南京擎科生物科技有限公司进行测序。

### 1.5 序列比对分析

使用美国国家生物技术信息中心 (NCBI) 网站的 BLAST 软件 (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast>.

cgi) 和 ClustalX 软件对测序所得序列和 NCBI 数据库中的 WSMoV 分离物的 *N* 基因序列 (表 3) 进行比对分析; 使用 MEGA11 软件中的最大似然法 (Maximum likelihood, ML), 自展值 (Bootstrap) 设置为 1 000, 进行进化树构建和基因序列聚类分析。

表 3 美国国家生物技术信息中心 (NCBI) 登录的 WSMoV 分离物 *N* 基因序列信息

Table 3 Information on the *N* gene sequences of WSMoV isolates registered in National Center for Biotechnology Information (NCBI)

<i>N</i> 基因登录号	分离物	寄主	来源地	采集时间
OK905442	GXW1	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国广西	2016 年
OK905443	GXW2	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国广西	2016 年
PQ073372	WSMoV-SJZ	黄瓜 ( <i>Cucumis sativus</i> )	中国	2023 年
OQ401468	GL-1	罗汉果 ( <i>Siraitia grosvenorii</i> )	中国	2022 年
PQ310671	THBC	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国	2023 年
PQ310670	FZNC	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国	2023 年
KM242056	Banna-2011	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国云南	2011 年
OR123871	YNPN	花生 ( <i>Arachis hypogaea</i> )	中国	2022 年
HQ695853	GZ	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国广东	2010 年
MT226398	GXTJ	甜椒 ( <i>Capsicum annuum</i> )	中国广西	2019 年
OQ715365	HNTG	甜瓜 ( <i>Cucumis melo</i> L.)	中国海南	2022 年
OQ184866	QZHG	黄瓜 ( <i>Cucumis sativus</i> )	中国山东	2022 年
OR578818	SD-cu	黄瓜 ( <i>Cucumis sativus</i> )	中国山东	2022 年
OR578819	SD-pe	甜椒 ( <i>Capsicum annuum</i> )	中国山东	2023 年
Z46419	Tospo-To	番茄 ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	中国台湾	1995 年
NC_003843	Tospo-W	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国台湾	-
AY864852	DD6 S RAN	甜瓜 ( <i>Cucumis melo</i> L.)	中国台湾	-
OP617563	21YV-40	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国云南	2021 年
OP617564	21YV-41	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国云南	2021 年
OP947235	21YV-43	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	中国云南	2021 年
MW051790	DSMZ PV-0283	番茄 ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	俄罗斯	-
AB042650	WS-Y	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	日本	-
AB042649	WS-O	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	日本	-
LC422644	WS1-2	黄瓜 ( <i>Cucumis sativus</i> )	日本	2017 年
MF469053	WSMoV_2015_001	本氏烟 ( <i>Nicotiana benthamiana</i> )	泰国	2015 年
FJ947155	WS2	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	泰国	2008 年
AY639644	P29-2-46	甜椒 ( <i>Capsicum annuum</i> )	泰国	-
AY514624	SL	丝瓜 ( <i>Luffa</i> spp.)	泰国	-
AY514625	P29	甜椒 ( <i>Capsicum annuum</i> )	泰国	-
AY514626	T40	番茄 ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	泰国	-
AY514627	SN858	哈密瓜 ( <i>Cucumis melo</i> L.)	泰国	-
AY514628	ML052	哈密瓜 ( <i>Cucumis melo</i> L.)	泰国	-
AY514629	TK	番茄 ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	泰国	-
AY626761	Physalis-NR	小酸浆 ( <i>Physalis minima</i> L.)	泰国	-
FR695062	KB	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	泰国	-
AM113764	W6411	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	泰国	-
AM113765	W6412	西瓜 ( <i>Citrullus lanatus</i> )	泰国	-
AM113762	Ph111	异叶酸浆 ( <i>Physalis heterophylla</i> )	泰国	-
AM113763	Ph113	异叶酸浆 ( <i>Physalis heterophylla</i> )	泰国	-
EU177874	PG4	马蹄莲 ( <i>Zantedeschia</i> sp.)	-	-
EU177875	PG8	马蹄莲 ( <i>Zantedeschia</i> sp.)	-	-
EU177876	PG1	马蹄莲 ( <i>Zantedeschia</i> sp.)	-	-

-表示没有此信息。

## 2 结果与分析

### 2.1 江苏省西瓜银斑驳病毒 (WSMoV) 的检测与分布

利用 RT-PCR 方法和斑萎属病毒通用引物 *Tospov-udtF/Tospov-udtR* 对样品进行检测,发现采自南通市海门区、徐州市贾汪区和南京市江宁区的黄瓜叶片样本(图 1)分别有 4 个、3 个、3 个可扩增出目的条带(图 2)。将目的条带回收测序并在 NCBI 中进行 BLAST 比对,发现其序列均与 WSMoV 序列同源,相似度 96% 以上。进一步利用 WSMoV 特异性引物 *WSMoV-dtF/WSMoV-dtR* 对 *Tospov-udtF/Tospov-udtR*

*spov-udtR* 扩增阳性黄瓜样品进行 RT-PCR 检测,发现扩增阳性样品均再次成功扩增出条带(图 2)。通过对测序序列进行 BLAST 比对,进一步确认上述样品扩增产物测序序列与 WSMoV 序列同源,说明本研究筛选得到的 PCR 阳性样品均受到 WSMoV 侵染。徐州市贾汪区、南通市海门区、南京市江宁区采集样品中 WSMoV 检出率分别为 20.0%、14.8% 和 9.0%;徐州市贾汪区、南通市海门区、南京市江宁区采集黄瓜样品中 WSMoV 检出率分别为 20.0%、33.3% 和 12.0%。本研究采集的 218 份所有葫芦科作物疑似样本中 WSMoV 检出率为 4.59%,66 份黄瓜样本中 WSMoV 检出率为 15.15%。



A:徐州市贾汪区样本;B:南通市海门区样本;C:南京市江宁区样本。

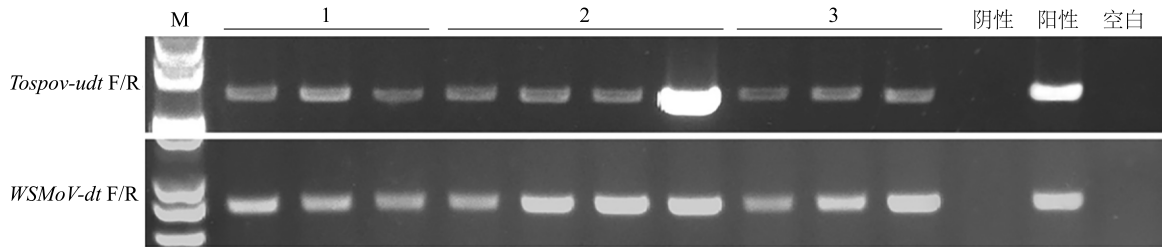
图 1 检测出 WSMoV 的黄瓜样品

Fig.1 Cucumber samples infected with WSMoV

### 2.2 江苏 WSMoV 分离物 *N* 基因的克隆与序列分析

将检出 WSMoV 的样品提取 RNA,经反转录后利用 *N* 基因特异性引物进行扩增,扩增结果如图 3 所示。经过克隆、测序和拼接,最终获得 3 条 828 bp

的完整编码序列(图 4)。徐州市贾汪区 WSMoV 分离物(命名为:WSMoV-JSXZ;登录号:PV177960)与南通市海门区 WSMoV 分离物(命名为:WSMoV-JSNT;登录号:PV177961)的核苷酸序列完全一致,而南京市江宁区 WSMoV 分离物(命名为:WSMoV-



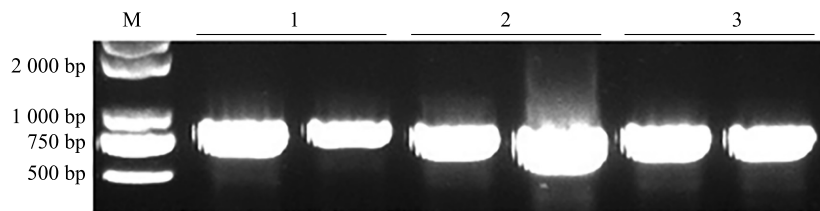
M: Marker; 1: 徐州市贾汪区样本阳性条带; 2: 南通市海门区样本阳性条带; 3: 南京市江宁区样本阳性条带。

图 2 两组引物 RT-PCR 检测结果

Fig.2 Detection results of RT-PCR using two sets of primers

JSNJ; 登录号: PV177962) 的核苷酸序列与 WSMoV-JSXZ、WSMoV-JSNT 存在 67 个突变位点, 相似度为 91.91%。南京市江宁区 WSMoV 分离物 (WSMoV-JSNJ) 与 WSMoV-JSXZ、WSMoV-JSNT 的氨基酸序列存在 7 处突变位点, 相似度为 97.54%, 且大部分碱基突变为同义突变。将本研究获得的 WSMoV 分离物 *N* 基因序列与 NCBI 中登录的 WSMoV 分离物 *N* 基因序列进行比对, 结果如图 5 所示。从图中可以看出, WSMoV-JSXZ 和 WSMoV-JSNT 的 *N* 基因序列与分离物 WSMoV-SJZ (登录号 PQ073372) 的相似度为 100.00%, 与中国山东 WSMoV 分离物 (登录号: OQ184866、OR578818) 的相似度为 99.88%, 与日本黄瓜 WSMoV 分离物 WS1-2 (登录号: LC422644) 的相似度较低, 为 92.63%; 与罗汉果 WSMoV 分离物 GL-1 (登录号: OQ401468) 的相似度最低, 仅为 91.55%。WSMoV-JSNJ 与山东的 2 个 WSMoV-分离物

(OR578818、OR578819) 相似度最低, 仅为 91.79%, 与西瓜 WSMoV 分离物 THBC (登录号: PQ310671) 和海南甜瓜 WSMoV 分离物 (登录号: OQ715365) 相似度高达 100.00%, 与日本黄瓜 WSMoV 分离物 WS1-2 (登录号: LC422644) 的相似度也较高, 为 97.22%。由于正番茄斑萎属病毒的 S 链序列编码的 *N* 基因是种鉴定的依据, 其序列相似度为 90.00% 以上可认为是同种病毒<sup>[10]</sup>, 这进一步说明江苏 3 个区 (县) 黄瓜感染的病毒确为 WSMoV。WSMoV-JSXZ 和 WSMoV-JSNT 氨基酸序列相似度最高的依然是 WSMoV-SJZ 和山东 WSMoV 分离物, 相似度为 100.00%; 相似度最低的是来自泰国的 4 个分离物 (登录号分别为 AY639644、AY514626、AY514629、AM113763), 相似度均为 98.19%; 而南京分离物 WSMoV-JSNJ 的氨基酸序列则与泰国 WSMoV 分离物相似度较高, 而与山东 WSMoV 分离物相似度较低。



M: Marker; 1: 徐州市贾汪区样本 *N* 基因条带; 2: 南通市海门区样本 *N* 基因条带; 3: 南京市江宁区样本 *N* 基因条带。

图 3 江苏 WSMoV 分离物 *N* 基因扩增结果

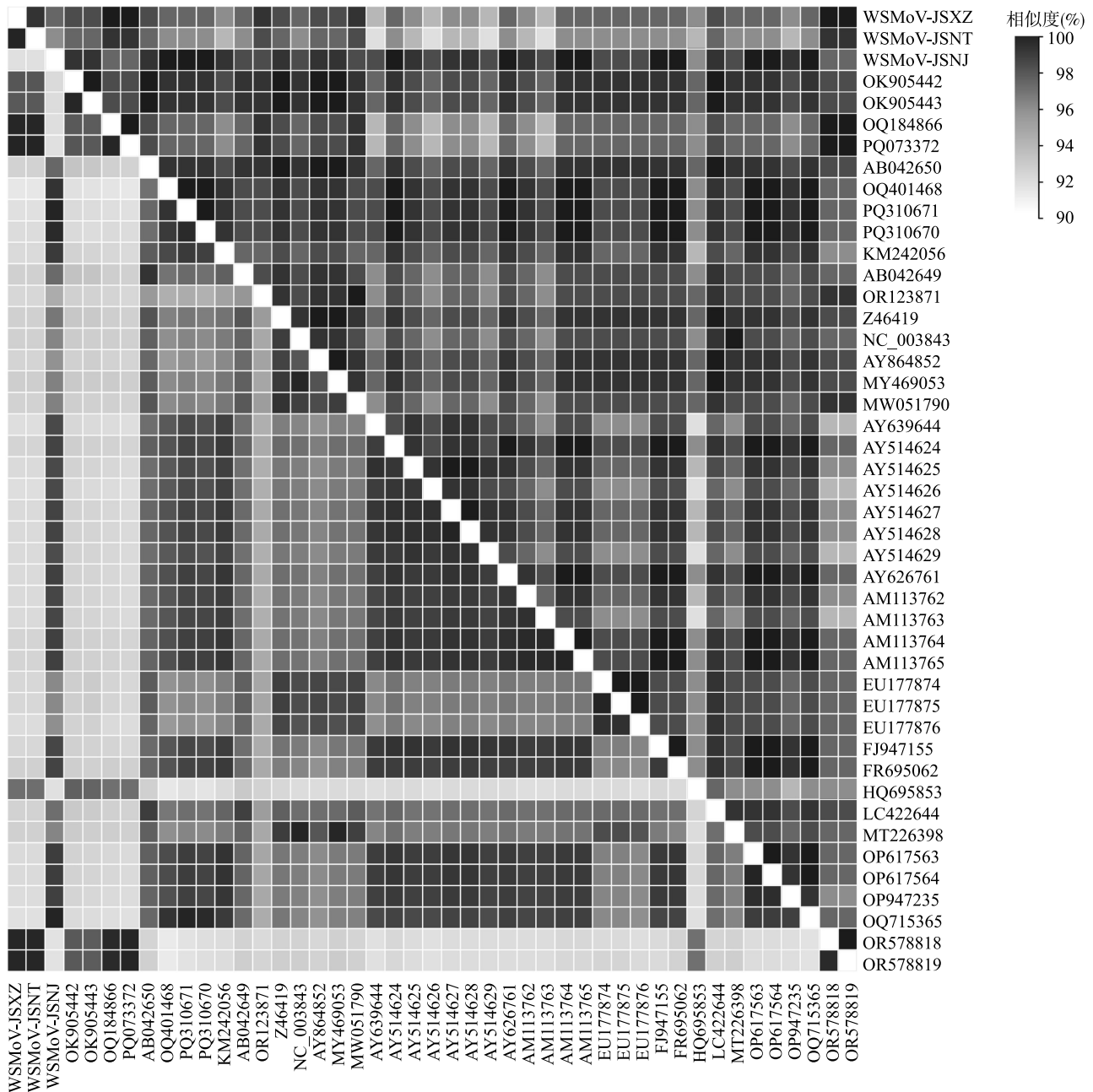
Fig.3 *N* gene amplification results of three WSMoV isolates from Jiangsu

### 2.3 江苏 WSMoV 分离物的系统进化分析

根据 WSMoV 分离物 *N* 基因序列构建的系统进化树如图 6 所示。从图中可以看出, WSMoV 分离物可以分为 4 组, 第 1 组 WSMoV 分离物全部来源于泰国, 寄主种类包括西瓜、甜瓜、辣椒、番茄等; 第 2 组 WSMoV 分离物主要来源于中国云南、海南等地,

寄主主要为西瓜, 另有 1 例甜瓜和 1 例罗汉果, 江苏省南京市 WSMoV 分离物亦聚在此组。第 3 组中除了来自中国台湾的 3 个 WSMoV 分离物外, 还有来源于俄罗斯、日本、泰国等地的 WSMoV 分离物, 宿主类型也较为丰富, 包括西瓜、甜瓜、番茄、马蹄莲等; 第 4 组 WSMoV 分离物来源于中国广东、广西、





右上角区域为氨基酸序列相似性;左下角区域为核苷酸序列相似性。字符串为 WSMoV 分离物 *N* 基因登录号,见表 3;WSMov-JSXZ、WSMov-JSNT、WSMov-JSNJ 见图 4 注。

图 5 美国国家生物信息中心 (NCBI) 中登录的 WSMoV 分离物 *N* 基因序列相似性分析

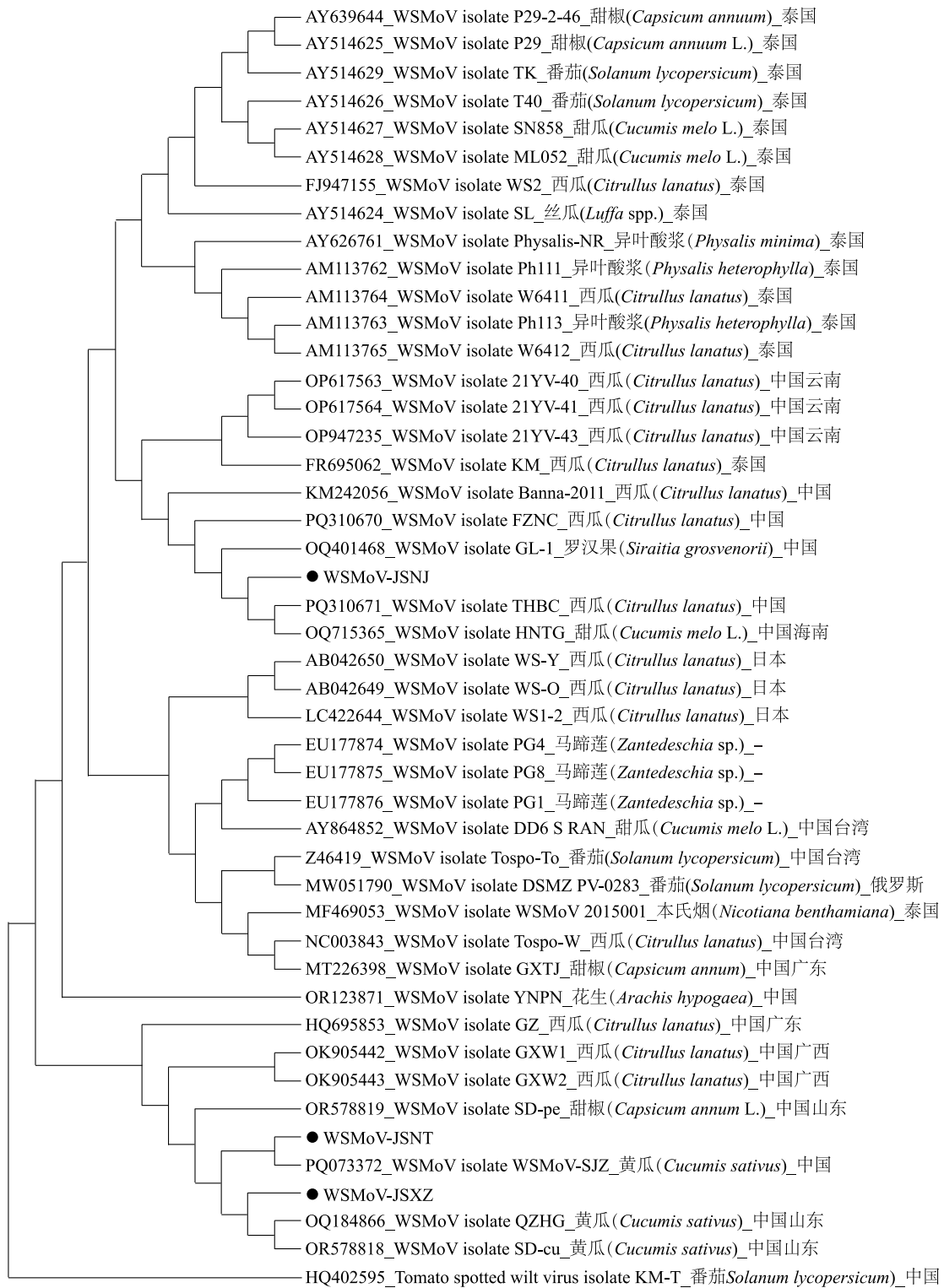
Fig.5 *N* gene sequence similarity of WSMoV isolates registered in National Center for Biotechnology Information (NCBI)

山东等省,徐州市贾汪区和南通市海门区的 WSMoV 分离物亦聚在此组,寄主主要包括西瓜、辣椒和黄瓜。根据上述分析,WSMoV 的系统进化与分离物来源的地理位置关系较为紧密,但寄主类型亦影响该病毒的变异。江苏的 3 个 WSMoV 分离物分别聚在 2 个不同的组,说明该病毒可能由不同地区通过不

同渠道传入江苏。

### 3 讨论

WSMoV 属于正番茄斑萎病毒属病毒,近年来,在中国呈扩散趋势。本研究 2023 年在南京市江宁区采集的样本中未检出该病毒,而 2024 年采集的黄



字符串为登录号\_分离物名称\_寄主\_来源地,见表3。

图6 WSMoV 系统进化分析

Fig.6 Phylogenetic analysis of WSMoV

瓜样品中检出该病毒。比对结果显示,南京 WSMoV 分离物与徐州 WSMoV 分离物和南通 WSMoV 分离

物存在一定的差异,系统进化分析也分别聚在不同组。徐州分离物和南通分离物均与山东分离物聚为

1组,亲缘关系较近、相似度较高,而南京分离物与云南、海南等地的西瓜分离物聚为1组,序列相似度较高,由此可见,WSMoV可能由不同地区通过不同渠道传入江苏。

不同寄主感染WSMoV后,寄主田间症状有所差异。辣椒感染WSMoV后,植株主要表现为叶片褪绿,并出现轮纹、环斑、皱缩等症状<sup>[1]</sup>;西瓜感染WSMoV后,植株主要表现为叶片局部褪绿,并出现银灰色斑驳<sup>[11]</sup>;黄瓜感染WSMoV后,植株主要表现为叶片从边缘向内褪绿<sup>[12]</sup>。在生产实践中,由于田间情况复杂,多种病毒复合侵染的情况常有发生,就会造成寄主症状不典型或者被其他症状所掩盖。本研究取样过程中发现,部分感染WSMoV的植株叶片还出现了黄化、斑驳等症状,从而导致该病毒的症状不明显,难以直接目测辨认。

WSMoV主要由棕榈蓟马(*Thrips palmi*)作为介体进行传播<sup>[7]</sup>。气候变化和高温湿润的环境条件均会影响蓟马的繁殖,从而影响WSMoV的传播和流行。Wu等<sup>[17]</sup>研究发现,正番茄斑萎属病毒感染寄主后,可能通过抑制茉莉酸(JA)信号减少单萜类物质的释放,从而解除植物对蓟马的化学防御,又由于蓟马偏爱取食被WSMoV侵染的植株,从而导致携带病毒的蓟马种群密度急剧增加,加剧该病毒的传播与流行。此外,种子、苗木运输过程等均有可能造成WSMoV的远距离传播。目前,生产中抗WSMoV的种质资源还比较缺乏,因此,需加强对该病毒的防范。具体措施一方面要加强传播媒介蓟马的防治,另一方面,要及时清除田边杂草及病残体,加强检疫和监测,切断病害传播途径。

#### 参考文献:

- [1] 汤亚飞,何自福. 广东辣椒上首次检测到西瓜银斑驳病毒[J]. 园艺学报,2015,42(11):2261-2266.
- [2] 谢慧婷,崔丽贤,秦碧霞,等. 侵染广西甜椒的西瓜银斑驳病毒分子鉴定[J]. 植物病理学报,2021,51(3):474-477.
- [3] 李战彪,杨世安,秦碧霞,等. 西瓜和甜瓜上西瓜银斑驳病毒的

鉴定及广西分离物S RNA序列分析[J]. 植物病理学报,2023,53(3):534-538.

- [4] 杜雨濛,赵立华,张绍智,等. 侵染云南早春西瓜的西瓜银斑驳病毒和黄瓜花叶病毒分离鉴定[J]. 植物病理学报,2024,54(2):269-278.
- [5] 吴会杰,严蕾艳,王驰,等. 侵染浙江省和山东省西瓜的西瓜银灰斑驳病毒的鉴定[J]. 植物病理学报,2024,54(4):877-880.
- [6] 柳唐镜,邱艳红,陈建军,等. 海南地区冬春作甜瓜病毒病原鉴定与分析[J]. 中国蔬菜,2023(6):41-47.
- [7] MOU D F, CHEN W T, LI W H, et al. Transmission mode of watermelon silver mottle virus by *Thrips palmi*[J]. PLoS One,2021,16(3):e0247500.
- [8] IWAKI M. Silver mottle disease of watermelon caused by tomato spotted wilt virus[J]. Plant Disease,1984,68(11):1006.
- [9] CHU F H, YEH S D. Comparison of ambisense mRNA of watermelon silver mottle virus with other tospoviruses[J]. Phytopathology,1998,88(4):351-358.
- [10] RAO X Q, WU Z Y, LI Y. Complete genome sequence of a watermelon silver mottle virus isolate from China[J]. Virus Genes,2013,46(3):576-580.
- [11] 尹跃艳,卢训,李婷婷,等. 云南西瓜银灰斑驳病毒病害的鉴定[J]. 植物病理学报,2016,46(4):461-468.
- [12] 邱艳红,张海军,王德欣,等. 侵染山东黄瓜的西瓜银斑驳病毒分子鉴定[J]. 植物病理学报,2024,54(1):215-219.
- [13] HU B, XU Z T, WEI Z Y, et al. Occurrence of watermelon silver mottle virus in peanut in China[J]. Plant Disease,2024,108(2):538.
- [14] ZHANG S, ZENG C, LOU B H, et al. First report of watermelon silver mottle *Orthotospovirus* infecting *Siraitia grosvenorii* in China[J]. Plant Disease,2023,107(10):3323.
- [15] GERMAN T L, ULLMAN D E, MOYER J W. Tospoviruses: diagnosis, molecular biology, phylogeny, and vector relationships[J]. Annual Review of Phytopathology,1992,30:315-348.
- [16] OKUDA M, TABA S, TSUDA S, et al. Comparison of the S RNA segments among Japanese isolates and Taiwanese isolates of watermelon silver mottle virus[J]. Archives of Virology,2001,146(2):389-394.
- [17] WU X J, XU S, ZHAO P Z, et al. The *Orthotospovirus* nonstructural protein NSs suppresses plant MYC-regulated jasmonate signaling leading to enhanced vector attraction and performance[J]. PLoS Pathogens,2019,15(6):e1007897.

(责任编辑:石春林)