

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2026.01.004

车海彦, 刘维侠, 刘子记, 等. 海南省辣椒病毒病的毒源种类鉴定 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2026, 48(1): 36-45.

海南省辣椒病毒病的毒源种类鉴定

车海彦¹, 刘维侠², 刘子记², 孙燕芳¹, 罗大全¹, 龙海波¹

1. 中国热带农业科学院 环境与植物保护研究所/农业农村部热带作物有害生物综合治理重点实验室/
海南省热带农业有害生物监测与控制重点实验室, 海口 571101;
2. 中国热带农业科学院 热带作物品种资源研究所, 海口 571101

摘要: 为探明危害海南辣椒的病毒种类, 2021 年 11 月至 2024 年 2 月, 从海南文昌、万宁、琼海、定安、临高、海口、澄迈和三亚共 8 个市县, 采集疑似病毒感染的一年生辣椒叶片样品 184 份。采用高通量测序和 RT-PCR 检测发现辣椒样品中存在 9 种病毒: 黄瓜花叶病毒(cucumber mosaic virus, CMV)、辣椒脉黄化病毒 1(pepper vein yellows virus 1, PeVYV-1)、甜椒内源 RNA 病毒(bell pepper endornavirus, BPEV)、辣椒褪绿病毒(capsicum chlorosis virus, CaCV)、甜椒脉斑驳病毒(pepper veinal mottle virus, PVMV)、辣椒潜隐病毒 2(pepper cryptic virus 2, PCV2)、辣椒轻斑驳病毒(pepper mild mottle virus, PMMoV)、辣椒环斑病毒(chilli ringspot virus, ChiRSV)和辣椒脉斑驳病毒(chilli veinal mottle virus, ChiVMV), 检出率分别为 70.11%、67.93%、41.30%、32.07%、30.98%、20.11%、20.11%、1.63% 和 1.09%。PeVYV-1、BPEV、CaCV 和 PCV2 是首次在海南辣椒上检测到的病毒。样品中病毒的复合侵染现象普遍, 复合侵染率为 91.57%, 以 2~4 种病毒复合侵染为主。通过 RT-PCR 扩增获得 CaCV 海南辣椒分离物的全基因组序列, 基于基因组序列的相似性比对和进化树分析发现, 该分离物与来自海南的蜘蛛兰分离物 CaCV-Hainan 和藿香蓟分离物 CaCV-AC 的基因组相似性最高, 而且始终聚集在同一进化分支上。

关键词: 辣椒; 病毒病; 种类鉴定; 辣椒褪绿病毒; 海南省

中图分类号: S436.3 **文献标识码:** A

文章编号: 1673-9868(2026)01-0036-10

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Identification of Viral Pathogens on Pepper in Hainan Province

CHE Haiyan¹, LIU Weixia², LIU Ziji²,
SUN Yanfang¹, Luo Daquan¹, LONG Haibo¹

1. Environment and Plant Protection Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences/
Key Laboratory of Integrated Pests Management on Tropical Crops, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/
Hainan Key Laboratory for Monitoring and Control of Tropical Agricultural Pests, Haikou 571101, China;
2. Tropical Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China

收稿日期: 2025-01-13

基金项目: 海南省重点研发项目(ZDYF2024XDNY167); 海南省基础与应用基础研究计划高层次人才项目(2019RC284); 中国热带农业科学院基本科研业务费专项(1630042019001)。

作者简介: 车海彦, 博士, 副研究员, 主要从事植物病毒学研究。

通信作者: 龙海波, 副研究员。

Abstract: To identify the viral species infecting pepper plants in Hainan Province, a total of 184 leaf samples from annual pepper plants exhibiting suspected viral symptoms were collected between November 2021 and February 2024 from eight cities and counties, including Wenchang, Wanning, Qionghai, Ding'an, Lin'gao, Haikou, Chengmai and Sanya. Nine viruses including cucumber mosaic virus (CMV), pepper vein yellows virus 1 (PeVYV-1), bell pepper endornavirus (BPEV), capsicum chlorosis virus (CaCV), pepper veinal mottle virus (PVMV), pepper cryptic virus 2 (PCV2), pepper mild mottle virus (PMMoV), chilli ringspot virus (ChiRSV), and chilli veinal mottle virus (ChiVMV) were detected in the pepper samples by using small RNA deep sequencing and RT-PCR, with detection rates of 70.11%, 67.93%, 41.30%, 32.07%, 30.98%, 20.11%, 20.11%, 1.63%, and 1.09%, respectively. Among these, PeVYV-1, BPEV, CaCV and PCV2 were identified in Hainan pepper plants for the first time. Co-infection by multiple viruses was prevalent, with a co-infection rate of 91.57%, primarily involving two to four viruses. The genome sequence of CaCV isolate from Hainan pepper was obtained by RT-PCR, and the sequence similarity comparison and phylogenetic tree analysis based on the complete genome revealed that CaCV in this study had the highest genome similarity with the *Hymenocallis americana* isolate CaCV-Hainan and *Ageratum conyzoides* isolate CaCV-AC from Hainan, and clustered on the same evolutionary branch.

Key words: pepper; virus diseases; virus identification; capsicum chlorosis virus; Hainan Province

辣椒别名辣茄、海椒,是一种重要的蔬菜作物。辣椒病毒病在世界辣椒种植区均有发生,侵染辣椒的病毒种类在 70 种以上,我国报道约 37 种,如:黄瓜花叶病毒(cucumber mosaic virus, CMV)、烟草花叶病毒(tobacco mosaic virus, TMV)、番茄斑萎病毒(tomato spotted wilt virus, TSWV)、辣椒褪绿病毒(capsicum chlorosis virus, CaCV)、辣椒脉斑驳病毒(chilli veinal mottle virus, ChiVMV)等^[1-5]。因气候和种植模式等影响,我国各地辣椒上的优势毒源种类有所不同,并不断发生着变化^[6]。

辣椒是海南冬季重要的北运蔬菜,播种面积及产量均位居各类蔬菜之首,其中 2022 年播种面积为 43 844 hm²,产量为 108.14 万 t^[7],主要种植在琼海、万宁、文昌、澄迈等地。病毒病是辣椒生产上危害最为严重的病害之一,特别是在长期连作种植区,严重影响了辣椒的产量和品质。本研究以一年生辣椒(*Capsicum annuum*)为研究对象,采用高通量测序结合 RT-PCR 检测,明确了海南辣椒病毒病的病原种类,分析了病毒复合侵染情况,并对 CaCV 的基因组分子特征进行分析,旨在为海南辣椒病毒病的科学防控提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 材料来源

2021 年 11 月至 2024 年 2 月,从海南文昌、万宁、琼海、定安、临高、海口、澄迈和三亚共 8 个市县,采集疑似病毒病感染的一年生辣椒叶片样品 184 份。

植物总 RNA 提取试剂盒 FastPure Universal Plant Total RNA Isolation Kit、反转录试剂盒 HiScript II 1st Strand cDNA Synthesis Kit、2×Rapid Taq Plus Master Mix 和 2×Phanta Flash Master Mix,南京诺唯赞生物科技股份有限公司;普通琼脂糖凝胶 DNA 回收试剂盒,天根生化科技(北京)有限公司;pMD 18-T Vector Cloning Kit、*E. coli* Competent Cell DH5 α ,宝日医生物技术(北京)有限公司。其他试剂均为国产或进口分析纯。

1.2 方法

1.2.1 高通量测序

随机抽取 16 个辣椒叶片样品(每个市县 2 个样品), 采用 FastPure Universal Plant Total RNA Isolation Kit 提取叶片总 RNA, 每 8 个样品的 RNA 等量混合为 1 个样本, 共获得 2 个混合样本(LJ-POOL-1 和 LJ-POOL-2), 送上海美吉生物医药科技有限公司完成深度测序。使用 Hiseq 2000 测序平台进行 SE50 测序, 原始数据经过质控分析后, 获得 clean small RNA 序列, 使用 Velvet 1.2.10 软件对其进行拼接组装, 将拼接结果在 NCBI 数据库中进行 Blastn 和 Blastx 比对, 得到病毒序列进行统计并注释。

1.2.2 RT-PCR 检测

采用 FastPure Universal Plant Total RNA Isolation Kit 提取辣椒叶片总 RNA, 使用 HiScript II 1st Strand cDNA Synthesis Kit 将提取的总 RNA 反转录成 cDNA, 使用病毒的特异性检测引物(表 1)对采集的 184 份样品进行 RT-PCR 检测, 未标注参考文献的引物根据 GenBank 数据库中所登录的相应病毒基因组序列和高通量测序结果设计。PCR 反应体系: 12.5 μL 2 \times Rapid Taq Plus Master Mix、10 $\mu\text{mol/L}$ 的上游引物和下游引物各 1 μL , 1 μL cDNA, 9.5 μL 无菌 ddH₂O。PCR 反应程序: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 2 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 10 s, 参照表 1 退火温度退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 s, 循环 30 次; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 使用普通琼脂糖凝胶 DNA 回收试剂盒回收特异片段, 回收产物直接测序。本研究中引物合成和测序均由北京六合华大基因科技有限公司完成。

表 1 辣椒病毒检测所用引物

病毒	引物名称	引物序列 (5'-3')	扩增片段 长度/bp	退火 温度/ $^{\circ}\text{C}$	用途
BPEV	BPEV-F	AGACCTGGTTGAAAGTGTTT	654	52	检测
	BPEV-R	TCGTGACTCATGACCAAATT			
CaCV	CaCV-F	ATGTCATCACTTCACTTGCT	549	51	检测
	CaCV-R	ACATGATGAGCAACCAATCT			
	J13 ^[8]	CCCGGATCCAGAGCAAT	-	-	Tospovirus 基因组片段末端扩增
	CaCV-L-F168	ATGCTCTTTTCTTGCTTTCG	4 601	55	L 片段扩增
	CaCV-L-R4768	TCAAAATGGTCAGCATCAGA			
	CaCV-L-F4179	TAAAGAGGAATGACAGCACC	4 679	55	L 片段扩增
	CaCV-L-R8857	TTCTTAGATACATCAGGCGA			
	CaCV-L7-R ^[8]	GTCAATTTTGCTTACAGCA	374	57	L 片段 5' 末端序列扩增
	CaCV-L8-F ^[8]	ACCAAATAGATCATGTCTC	344	55	L 片段 3' 末端序列扩增
	CaCV-M-F58	ATGTCTCGCTTTTCTAACGT	4 700	55	M 片段扩增
	CaCV-M-R4757	TTACTTTGCTCTTCTTCGT			
	CaCV-M5-R ^[8]	CTTCAGATGATATCTTGTC	314	53	M 片段 5' 末端序列扩增
	CaCV-M6-F ^[8]	CAATTCAATTCTGATGACG	310	55	M 片段 3' 末端序列扩增
	CaCV-S-F155	TTAATGGAGAAGGTGTCAGC	3 355	55	S 片段扩增
	CaCV-S-R3509	TGGAAGTGCAGATGTTGAAA			
CaCV-S4-R ^[8]	GGAAGGAATGAAGATATCA	256	55	S 片段 5' 末端序列扩增	
CaCV-S5-F ^[8]	ACAGAAGTATACTTTCCAC	292	55	S 片段 3' 末端序列扩增	

续表 1

病毒	引物名称	引物序列 (5'-3')	扩增片段	退火		用途
			长度/bp	温度/℃		
ChiRSV	ChiRSV-F ^[9]	TGGGATAGAGCATCTGAGC	611	53	检测	
	ChiRSV-R ^[9]	GAGTCATTTAGGTCATAATCAGTTT				
ChiVMV	ChiVMV-F	CGAAACGTCATGGGTGTTGT	548	58	检测	
	ChiVMV-R	AACTCCTTCAACCGTTGTGC				
CMV	CMV-F	CCTGCCTCCTCTGTAAAATT	538	52	检测	
	CMV-R	TGTTGTGGATCGTTCAAGAT				
PCV2	PCV2-F	AAGAAGATAGCTGCACCGGA	515	59	检测	
	PCV2-R	TGCTTTGGAACGTGTGCTC				
PMMoV	PMMoV-F	AGTAAGCGTTTGTGGTTG	461	52	检测	
	PMMoV-R	CCTTATCAAACAGCTTCCT				
PVMV	PVMV-F	TTGCTGATCGTGCCTTGAA	553	59	检测	
	PVMV-R	ATTCCTTTGTTTCGTGTGCC				
PeVYV-1	PeVYV-1-F	TACGGGAGGGGTTAGGAGAA	558	59	检测	
	PeVYV-1-R	TTCTTCGTCCCATTCCTCT				
TMV	TMVdF ^[6]	GATTCGTTTTAAATATGTCTTAC	600	46	检测	
	TMVdR ^[6]	CTTCGATTTAAGTGGAGGGA				

1.2.3 辣椒褪绿病毒(CaCV)的基因组序列扩增

根据田间样品检测结果,以辣椒样品 WC24 的总 RNA 为模板,基于高通量测序结果和 GenBank 已公布的 CaCV 基因组序列,利用在线软件 Primer 3 设计 4 对引物(表 1)扩增 L、M 和 S RNA 的主基因组序列,相应的 5' 和 3' 末端序列扩增使用 Huang 等^[8]设计的引物。扩增获得的特异性片段产物经纯化回收后直接测序,或者将回收产物与 pMD18-T Vector Cloning Kit 连接,转化到 *E. coli* Competent Cell DH5 α 中,利用 PCR 反应筛选阳性克隆。

1.2.4 序列分析

测序结果采用 NCBI 中 Blastn(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)进行相似性查找。基于 CaCV 的 L、M 和 S RNA 基因组序列分别构建系统发育树,采用 Clustal W 法进行多序列比对,利用 MEGA 11 软件的邻接法(Neighbor-Joining, NJ)进行 1 000 次置信度自展分析,以西瓜银斑驳病毒(watermelon silver mottle virus, WSMoV)(GenBank 登录号: U75379.1、AF133128.1 和 U78734.1)为外组。

重组分析:使用 RDP5 软件提供的 7 种重组检测算法(RDP、GENECONV、BootScan、MaxChi、Chimaera、SiScan 和 3Seq)对辣椒褪绿病毒(CaCV)分离物的 L、M 和 S RNA 基因组片段序列进行潜在重组事件分析,每个重组事件需要至少被 5 种以上算法支持。

2 结果与分析

2.1 辣椒病毒病的田间症状

病毒病在海南辣椒主要种植区均有不同程度的发生,长期连作种植区发生率普遍高于新种植区。感染病毒病的辣椒在田间表现出多种症状,如叶片出现褪绿、丛簇、矮化、皱缩(扭曲)、花叶等症状,果实僵硬、斑驳、表面凹凸不平等(图 1)。



图 1 海南省一年生辣椒感染病毒后的田间症状

2.2 高通量测序结果及 RT-PCR 验证

辣椒的 2 个样本(LJ-POOL-1 和 LJ-POOL-2)经高通量测序后共获得 163 296 872 条 raw reads, 质控后得到 156 749 850 条 clean reads, 其中 74 619 976 条 reads 比对到宿主参考基因组数据库, 将未比对到辣椒参考基因组数据库的 82 129 874 条 reads 进行拼接组装, 将拼接所得 23 581 条 contigs 与 NCBI 病毒库比对, 筛选得到 111 条来源于植物病毒的 contigs, 其中 BPEV 37 条、CMV 20 条、CaCV 19 条、PCV2 9 条、PMMoV 4 条、PeVYV-1 20 条、PVMV 2 条。为了验证高通量测序结果的准确性, 利用上述 7 种病毒的特异性检测引物(表 1)对高通量测序的样品进行 RT-PCR 检测, 所有高通量测序分析出的病毒均得以确认。

2.3 辣椒样品的病毒检测结果

前人研究表明, TMV、辣椒环斑病毒(chilli ringspot virus, ChiRSV)和 ChiVMV 在海南辣椒上发生普遍, 但高通量测序并未发现这 3 种病毒。本研究在对采集的 184 份辣椒样品进行 RT-PCR 检测时, 不仅检测到了高通量测序发现的 7 种病毒, 还检测到了 TMV、ChiRSV 和 ChiVMV。检测结果显示: 6 个样品未检测到病毒, 病毒检出率为 96.74%。CMV、PeVYV-1、BPEV、CaCV、PVMV、PCV2 和 PMMoV 的检出率分别为 70.11%、67.93%、41.30%、32.07%、30.98%、20.11%和 20.11%, ChiRSV 和 ChiVMV 检出率为 1.63%和 1.09%, 未检测到 TMV(表 2)。CMV、PeVYV-1、BPEV、CaCV 和 PVMV 在所有市县的样品中均有检出; PCV2 在除琼海和定安外的 6 个市县样品中均有检出; PMMoV 在除临高和海口外的 6 个市县样品中均有检出; ChiRSV 和 ChiVMV 仅在文昌和万宁的样品中有检出。PeVYV-1、BPEV、CaCV 和 PCV2 是首次在海南辣椒上检测到的病毒。

在检测到病毒的 178 份样品中, 仅 15 份样品为单一病毒侵染, 其余样品为 2~6 种病毒复合侵染, 复合侵染率为 91.57%, 有 62 种复合侵染类型(图 2), 其中 2 种、3 种、4 种、5 种和 6 种病毒复合侵染检出率分别为 31.46%、29.21%、20.79%、7.87%和 2.24%, 说明海南一年生辣椒上病毒复合侵染现象严重, 以 2~4 种病毒复合侵染为主。

表 2 海南省辣椒样品病毒病的检测结果

采样地点	样品数/份	感染病毒的样品数量/份									
		CMV	PeVYV-1	BPEV	CaCV	PVMV	PCV2	PMMoV	ChiRSV	ChiVMV	TMV
文昌	30	22	21	19	7	10	10	9	2	1	0
万宁	22	17	15	13	9	8	7	10	1	1	0
琼海	29	19	23	7	12	6	0	2	0	0	0
定安	16	12	11	6	4	3	0	2	0	0	0
临高	18	10	13	4	10	3	3	0	0	0	0
海口	16	9	9	3	6	5	1	0	0	0	0
澄迈	34	25	25	14	5	15	10	5	0	0	0
三亚	19	15	8	10	6	7	6	9	0	0	0
总数/份	184	129	125	76	59	57	37	37	3	2	0
检出率/%		70.11	67.93	41.30	32.07	30.98	20.11	20.11	1.63	1.09	0

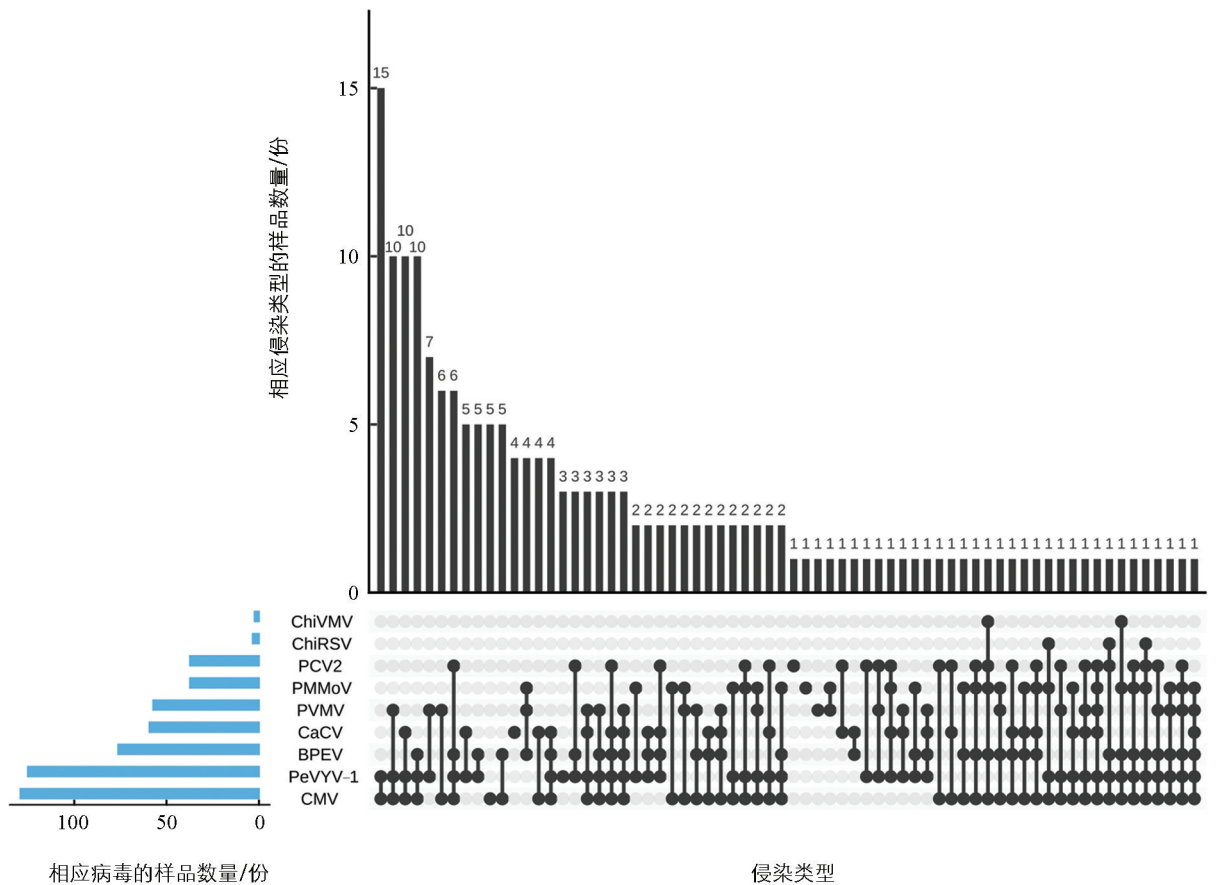
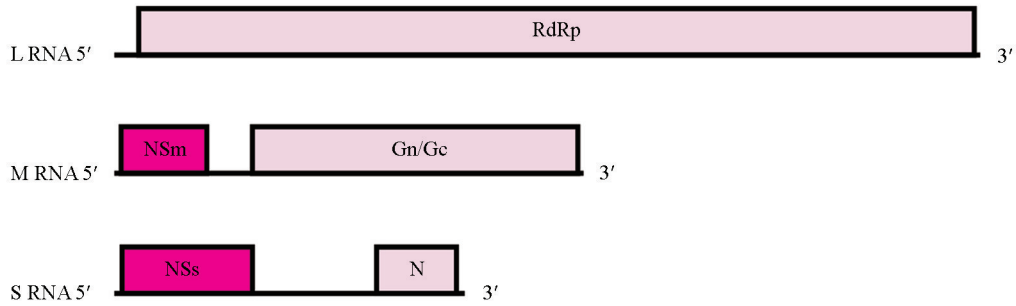


图 2 病毒单一侵染和复合侵染检出的样品数量

2.4 辣椒褪绿病毒(CaCV)的全基因组序列分析

CaCV-WC24 的 L、M、S RNA 的基因组长度分别为 8 913 nt, 4 840 nt 和 3 629 nt, GenBank 登录号分别为 PQ793445、PQ793446 和 PQ793447。CaCV-WC24 的基因组结构见图 3, L RNA 为负义, 在互补链上含有 1 个开放阅读框(open reading frame, ORF), 编码依赖于 RNA 聚合酶 RdRp(248~8 881 nt, 2 877 aa), 分子量为 331.20 kDa。M RNA 为双义, 含有 2 个 ORFs, 病毒链编码非结构蛋白 NSm(58~984 nt, 308 aa), 分子量为 34.32 kDa; 互补链编码糖蛋白前体 Gn/Gc(1 428~4 793 nt, 1 121 aa), 分子量为 127.57 kDa。S RNA 为双义, 含有 2 个 ORFs, 病毒链编码非结构蛋白 NSs(67~1 386 nt, 439 aa), 分子量为 49.74 kDa; 互补链编码核衣壳蛋白 N(2 735~3 562 nt, 275 aa), 分子量为 30.74 kDa。



病毒链和互补链编码的 ORF 分别用深色和浅色填充表示。

图 3 CaCV-WC24 的基因组结构

Blastn 比对显示, CaCV-WC24 的 L、M、S RNA 基因组序列均与海南蜘蛛兰分离物 (CaCV-Hainan) 和藿香蓟分离物 (CaCV-AC) 的相似性最高 (98.21%~99.27%), 与其他 CaCV 分离物的相似性分别为 83.98%~95.88%、92.21%~98.12%、87.80%~94.02%。CaCV-WC24 的 *RdRp*、*NSm*、*Gn/Gc*、*NSs* 和 *N* 与已知 CaCV 分离物相对应基因的氨基酸序列相似性分别为 93.67%~99.44%、91.56%~100.00%、91.44%~99.29%、87.93%~98.63% 和 94.91%~99.64%。

应用 MEGA11 软件, 基于 CaCV 的 L、M、S RNA 的全基因组序列分别构建的 3 个系统发育树 (图 4)。

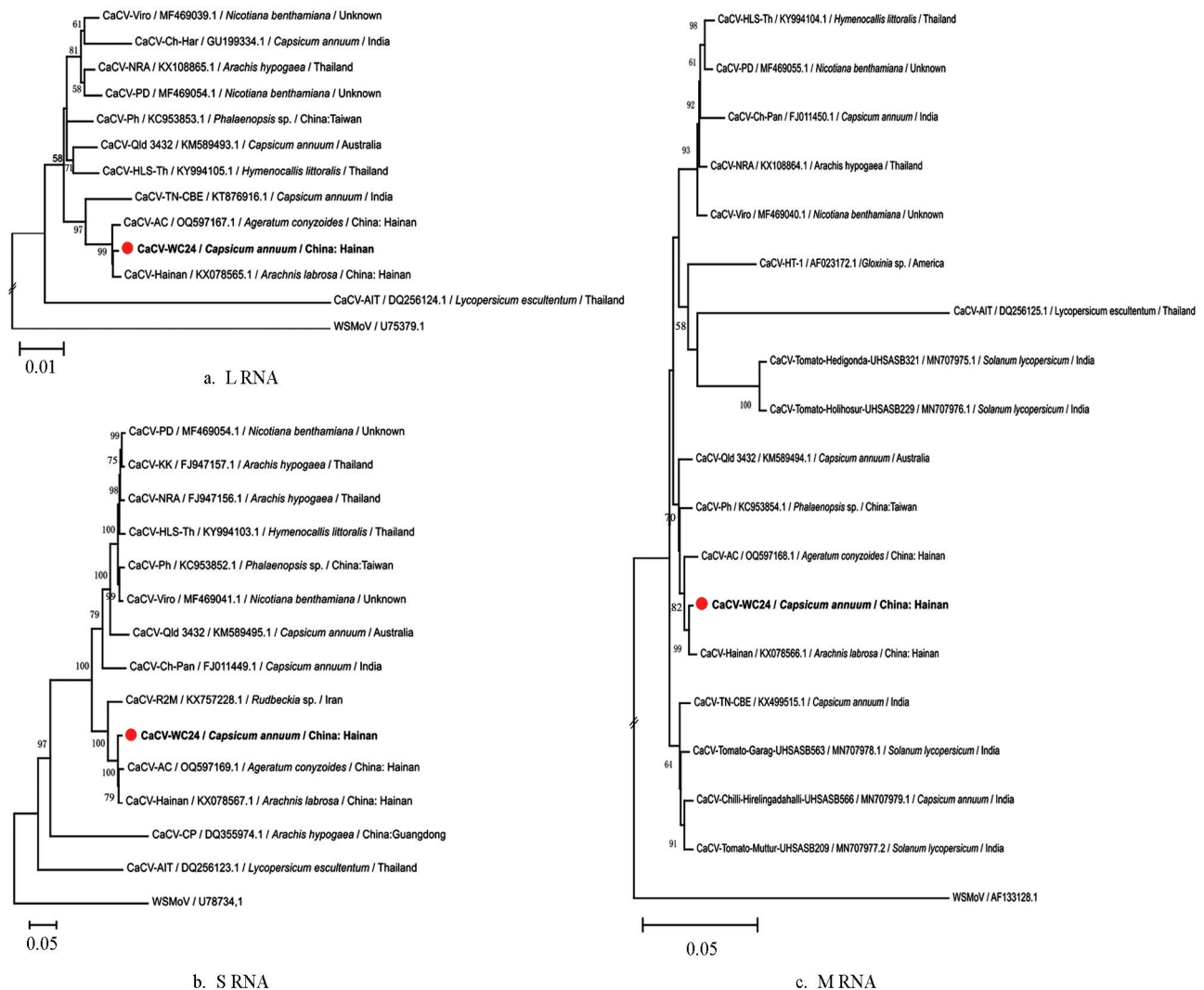


图 4 基于 CaCV 分离物的 L、M、S RNA 片段构建的系统发育树

由图 4 可知, CaCV-WC24 始终与另外 2 个来自海南的分离物(CaCV-Hainan 和 CaCV-AC)聚集在同一分支上。泰国番茄分离物 CaCV-AIT 在 L 和 S RNA 发育树中明显不同于其他 CaCV 分离物, 单独聚在一个分支, 而在 M RNA 发育树中, 与其他 8 个分离物聚在一个分支。

基因组重组分析结果表明: CaCV-WC24 的 L、M、S RNA 尚未发现重组事件, 但 CaCV-WC24 的 L RNA 片段作为主要亲本参与 CaCV-TN-CBE 分离物(KT876916.1)的重组。

3 讨论与结论

3.1 讨论

病毒病是海南辣椒生产上危害最为严重的病害之一, 科研人员在海南辣椒上检测到 CMV、TMV、PMMoV、PVMV、ChiRSV、ChiVMV、芜菁花叶病毒(turnip mosaic virus, TuMV)、番茄黄化曲叶病毒(tomato yellow leaf curl virus, TYLCV)、蚕豆萎蔫病毒 2 号(broad bean wilt virus 2, BBWV2)、马铃薯 Y 病毒(potato virus Y, PVY)、黄瓜绿斑驳花叶病毒(cucumber green mottle mosaic virus, CGMMV)和番茄斑萎病毒(tomato spotted wilt virus, TSWV)共 12 种病毒^[10-25]。本研究通过高通量测序和 RT-PCR 方法在海南一年生辣椒上发现了 9 种病毒: CMV、PeVYV-1、BPEV、CaCV、PVMV、PCV2、PMMoV、ChiRSV 和 ChiVMV, 其中 PeVYV-1、BPEV、CaCV 和 PCV2 是首次在海南辣椒上发现, 未检测到 TMV。本研究检测到的病毒种类与前人的研究结果存在差异, 可能是由于本研究采用的高通量测序技术可以一次性全面扫描样品中的所有病毒, 而前人研究大多采用电子显微镜观察、血清学及 RT-PCR 技术, 常局限于对已知病毒的检测; 也可能是由于本研究检测对象为一年生辣椒(*Capsicum annuum*), 而未包括在海南种植的中国辣椒(*Capsicum chinense*)和灌木状辣椒(*Capsicum frutescens*); 或者是由于采样地点的不同, 其栽培模式、自然环境的改变导致病毒种类发生改变。本研究中有 6 份疑似病毒感染样品未发现所检测的 10 种病毒, 可能是样品中还存在其他病原性病毒, 也可能是由其他病原菌或一些生理性原因所致。本研究样品中的病毒复合侵染率达到 91.57%, 病毒复合侵染高不仅增加了病毒病防控的难度, 也极易导致抗病品种的抗性丧失, 危害更为严重。

辣椒褪绿病毒(CaCV)最早报道于美国^[26], 随后澳大利亚、中国、印度、泰国、伊朗、希腊等相继有发生报道, 可侵染辣椒(*Capsicum* sp.)、番茄(*Solanum lycopersicum*)、花生(*Arachis hypogaea*)、菠萝(*Ananas comosus*)、苦苣菜(*Sonchus oleraceus*)、万寿菊(*Tagetes minuta*)、马蹄莲(*Zantedeschia* spp.)、大萼球兰(*Hoya calycina*)、藿香蓟(*Ageratum conyzoides*)、飞机草(*Chromolaena odorata*)、朱顶红(*Hippeastrum hybridum*)、网球花(*Scadoxus multiflorus*)、蝴蝶兰(*Phalaenopsis* sp.)和一点红(*Emilia sonchifolia*)等多种植物^[27-33]。海南在 2017 年就有 CaCV 侵染蜘蛛兰的报道, 2023 年, Sun 等^[34]在藿香蓟上也发现了 CaCV 的侵染, 但一直未见关于 CaCV 侵染辣椒的报道。本研究通过高通量测序和 RT-PCR 扩增首次在海南辣椒上发现 CaCV 的侵染, 并获得其全基因组结构。基于基因组序列的相似性比对和进化树分析发现, 来自海南的 CaCV 分离物(CaCV-WC24、CaCV-Hainan、CaCV-AC)的基因组彼此间的相似性最高, 而且始终聚集在同一进化分支上, 说明海南 CaCV 的种群单一。

3.2 结论

利用高通量测序及 RT-PCR 技术对来自海南 8 个市县的 184 份一年生辣椒样品进行检测鉴定, 发现了 9 种病毒, 其中 CMV 和 PeVYV-1 为优势病毒, 检出率在 67.00% 以上, 田间病毒的复合侵染

现象普遍, 新发现 4 种侵染海南一年生辣椒的病毒: PeVYV-1、BPEV、CaCV 和 PCV2。海南的辣椒分离物 CaCV-WC24 与蜘蛛兰分离物 CaCV-Hainan 和藿香蓟分离物 CaCV-AC 的基因组相似性最高, 而且聚集在同一进化分支上。

参考文献:

- [1] 杨永林, 闫淑珍, 田茹燕, 等. 中国六省、市辣(甜)椒病毒种群及其分布的研究 [J]. 中国病毒学, 1995, 10(4): 332-339.
- [2] 王少立, 谭玮萍, 杨园园, 等. 山东省辣椒主要病毒种类的分子检测与鉴定 [J]. 中国农业科学, 2017, 50(14): 2728-2738.
- [3] 孙森, 荆陈沉, 楚成茹, 等. 重庆辣椒上番茄斑萎病毒的血清学检测及分子鉴定 [J]. 园艺学报, 2017, 44(3): 487-494.
- [4] 汤亚飞, 裴凡, 李正刚, 等. 基于小 RNA 深度测序技术鉴定侵染广东辣椒的病毒种类 [J]. 中国农业科学, 2019, 52(13): 2256-2267.
- [5] 李金哲, 汤亚飞, 莫翠萍, 等. 侵染广西辣椒的两种单组分菜豆金色花叶病毒属病毒的分子特征 [J]. 西南农业学报, 2023, 36(12): 2703-2710.
- [6] 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.
- [7] 海南省统计局和国家统计局海南调查总队. 海南统计年鉴 2023 [M]. 北京: 中国统计出版社, 2023: 225.
- [8] HUANG Y, HONG H, ZHAO X H, et al. Complete Genome Sequence of a Capsicum Chlorosis Virus in China and the Structural Variation and Evolutionary Origin of Its S RNA Intergenic Region [J]. Archives of Virology, 2017, 162(10): 3229-3232.
- [9] 王健华, 章绍延, 龚殿, 等. 辣椒环斑病毒分子检测方法的建立及应用 [J]. 热带作物学报, 2012, 33(2): 342-345.
- [10] 王健华, 吉训聪. 海南黄灯笼辣椒 2 种病毒病的电镜诊断 [J]. 热带农业科学, 2003, 23(6): 11-14.
- [11] 王健华. 海南省 CMV 黄灯笼辣椒分离物的亚组鉴定 [D]. 海口: 华南热带农业大学, 2004.
- [12] 王健华, 刘志昕, 王运勤, 等. 海南黄灯笼辣椒顶死病病原病毒的分离鉴定 [J]. 热带作物学报, 2005, 26(3): 96-102.
- [13] 王运勤, 王健华, 吉训聪, 等. 海南省黄灯笼辣椒病毒病的初步调查 [J]. 热带农业科学, 2005, 25(4): 1-3, 33.
- [14] 吉训聪, 王健华, 王运勤, 等. 海南黄灯笼辣椒种传病毒的初步鉴定 [J]. 海南大学学报(自然科学版), 2006, 24(3): 284-288.
- [15] 龚殿, 王健华, 吴育鹏, 等. 辣椒脉斑驳病毒文昌分离物基因组测序及分析 [J]. 基因组学与应用生物学, 2011, 30(5): 583-589.
- [16] 王健华. 海南黄灯笼辣椒病毒病原学及 RNAi 防控策略研究 [D]. 海口: 海南大学, 2012.
- [17] 梁洁, 王健华, 章绍延, 等. 甜椒脉斑驳病毒(PVMV)在海南的发现与检测 [J]. 热带作物学报, 2015, 36(5): 966-971.
- [18] 梁洁. 海南辣椒病毒病原种类及株系多样性研究 [D]. 海口: 海南大学, 2015.
- [19] 严婉荣, 赵志祥, 肖敏, 等. 海南省辣椒、番茄病毒病原 DAS-ELISA 定性检测 [J]. 广东农业科学, 2015, 42(18): 68-72.
- [20] 余乃通, 梁洁, 章绍延, 等. 海南辣椒病毒种类调查及分子鉴定 [C] // 吴学宏. 植物病理学研究进展——中国植物病理学会第十二届青年学术研讨会论文选编. 北京: 中国农业大学出版社, 2015: 168.

- [21] 车海彦, 曹学仁, 刘培培, 等. 海南省冬季蔬菜病毒病发生情况调查 [J]. 热带农业科学, 2017, 37(1): 71-74.
- [22] 严婉荣, 赵志祥, 肖彤斌, 等. 海南辣椒、樱桃番茄病毒病调查及病原 dot-ELISA 鉴定 [J]. 广东农业科学, 2021, 48(1): 119-125.
- [23] WANG J H, ZHANG S Y, GONG D, et al. First Report of Chilli Ringspot Virus on Chili Pepper in China [J]. Plant Disease, 2012, 96(3): 462.
- [24] HU W Y, QIN L, YAN H X, et al. Use of an Infectious cDNA Clone of Pepper Veinal Mottle Virus to Confirm the Etiology of a Disease in *Capsicum chinense* [J]. Phytopathology, 2020, 110(1): 80-84.
- [25] 张美玲, 赵肖梅, 许德万, 等. TSWV 侵染辣椒的胼胝质沉积及细胞病理学研究 [J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2022, 37(1): 41-46.
- [26] HSU H T, UENG P P, CHU F H, et al. Serological and Molecular Characterization of a High Temperature-Recovered Virus Belonging to Tospovirus Serogroup IV [J]. Journal of General Plant Pathology, 2000, 66(2): 167-175.
- [27] MCMICHAEL L A, PERSLEY D M, THOMAS J E. A New Tospovirus Serogroup IV Species Infecting Capsicum and Tomato in Queensland, Australia [J]. Australasian Plant Pathology, 2002, 31(3): 231-239.
- [28] CHEN K, XU Z, YAN L, et al. Characterization of a New Strain of Capsicum Chlorosis Virus from Peanut (*Arachis hypogaea* L.) in China [J]. Journal of Phytopathology, 2007, 155(3): 178-181.
- [29] BAYAT H, HASSANI-MEHRABAN A, SAFAIE N, et al. Molecular and Biological Characterization of an Isolate of Capsicum Chlorosis Virus from IRAN [J]. Journal of Plant Pathology, 2018, 100(2): 163-170.
- [30] SHARMAN M, THOMAS J E, TREE D, et al. Natural Host Range and Thrips Transmission of Capsicum Chlorosis Virus in Australia [J]. Australasian Plant Pathology, 2020, 49(1): 45-51.
- [31] HAOKIP B D, NAGENDRAN K, ALICE D, et al. Characterization of Capsicum Chlorosis Virus Infecting Chilli (*Capsicum annuum* L.) in Southern India [J]. European Journal of Plant Pathology, 2021, 160(3): 637-647.
- [32] 王泽琼, 廖胜才, 仝铸, 等. 湖北省杂柑主要病毒类病原种类鉴定 [J]. 中国南方果树, 2025, 54(5): 29-33.
- [33] ORFANIDOU C G, BOUTSIKA A, TSIOLAKIS G, et al. Capsicum Chlorosis Virus; A New Viral Pathogen of Pepper in Greece [J]. Plant Disease, 2019, 103(2): 379.
- [34] SUN S R, WANG Z Q, LIANG Q G, et al. First Report of Capsicum Chlorosis Virus Naturally Infecting *Ageratum conyzoides* in China [J]. Plant Disease, 2023, 107(9): 2893.

责任编辑 周仁惠