

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2026.01.006

徐磊, 刘燕, 孙平平, 等. 内蒙古番茄病毒的检测与鉴定 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2026, 48(1): 59-74.

## 内蒙古番茄病毒的检测与鉴定

徐磊<sup>1</sup>, 刘燕<sup>2</sup>, 孙平平<sup>1</sup>, 高婧<sup>2</sup>,  
杨永青<sup>2</sup>, 石宇翔<sup>1</sup>, 李正男<sup>1</sup>, 张磊<sup>1</sup>

1. 内蒙古农业大学园艺与植物保护学院, 呼和浩特 010018; 2. 内蒙古自治区农牧业科学院, 呼和浩特 010031

**摘要:** 2021—2024 年对内蒙古包头、巴彦淖尔、赤峰、鄂尔多斯、呼和浩特 5 个市辖番茄产区进行番茄病毒病原种类的调查和鉴定, 采集 224 份表现为斑驳、花叶、黄化、坏死等疑似病毒侵染的番茄叶片样品, 运用 RT-PCR 技术分别检测苜蓿花叶病毒(alfalfa mosaic virus, AMV)、黄瓜花叶病毒(cucumber mosaic virus, CMV)、南方番茄病毒(southern tomato virus, STV)等 25 种 RNA 病毒, 运用 PCR 技术检测番茄黄化曲叶病毒(tomato yellow leaf curl virus, TYLCV)和中国番木瓜曲叶病毒(papaya leaf curl China virus, PaLCuCNV)2 种 DNA 病毒。检测为阳性的番茄样品克隆病毒部分基因组序列并进行系统发育、核苷酸序列一致性分析。结果显示: 在内蒙古 5 个市辖番茄产区共鉴定到 7 种病毒(6 种 RNA 病毒和 1 种 DNA 病毒), 分别是 AMV、CMV、STV、番茄斑驳花叶病毒(tomato mottle mosaic virus, ToMMV)、番茄花叶病毒(tomato mosaic virus, ToMV)、番茄斑萎病毒(tomato spotted wilt virus, TSWV)和 TYLCV, 病毒检出率为 29.91%(67/224), 其中 ToMV 的检出率最高, 为 20.54%(46/224), ToMMV、STV、CMV、TYLCV、TSWV 次之, AMV 的检出率最低, 为 0.45%(1/224)。发现 12 种复合侵染类型, 总体复合侵染率为 52.24%(35/67), ToMMV+ToMV(22.39%, 15/67)为优势复合侵染类型。

**关键词:** 番茄; 病毒病; 分子鉴定; 复合侵染; 系统发育分析

中图分类号: S436

文献标识码: A

文章编号: 1673-9868(2026)01-0059-16

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



## Detection and Identification of Tomato Viruses in Inner Mongolia

XU Lei<sup>1</sup>, LIU Yan<sup>2</sup>, SUN Pingping<sup>1</sup>, GAO Jing<sup>2</sup>,  
YANG Yongqing<sup>2</sup>, SHI Yuxiang<sup>1</sup>, LI Zhengnan<sup>1</sup>, ZHANG Lei<sup>1</sup>

1. College of Horticulture and Plant Protection, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot 010018, China;

2. Inner Mongolia Academy of Agricultural &amp; Animal Husbandry Sciences, Huhhot 010031, China

**Abstract:** From 2021 to 2024, a comprehensive investigation was conducted to identify the pathogen types of tomato virus diseases in five municipal tomato production areas of Inner Mongolia, namely Baotou,

收稿日期: 2025-02-02

基金项目: 内蒙古自治区“揭榜挂帅”项目(2022JBGS0028); 内蒙古自治区自然科学基金项目(2022QN03018; 2023LHMS03020); 内蒙古自治区高等学校青年科技英才项目(NJYT23079); 内蒙古自治区直属高校基本科研业务费项目(BR230128)。

作者简介: 徐磊, 硕士研究生, 主要从事植物病毒学研究。

通信作者: 张磊, 博士, 副教授, 硕士研究生导师。

Bayannur, Chifeng, Ordos, and Hohhot. A total of 224 tomato leaf samples were collected, showing symptoms such as mottling, mosaic, yellowing, and necrosis indicative of viral infection. RT-PCR was used to detect 25 RNA viruses, including alfalfa mosaic virus(AMV), cucumber mosaic virus(CMV), and southern tomato virus(STV), while PCR was employed to identify two DNA viruses, tomato yellow leaf curl virus(TYLCV) and papaya leaf curl China virus(PaLCuCNV). Partial genomic sequences of the viruses detected in positive samples were cloned and subjected to phylogenetic and nucleotide sequence identity analysis. The results showed that seven viruses (six RNA viruses and one DNA virus) were identified in the five tomato-producing areas of Inner Mongolia, namely AMV, CMV, STV, ToMMV, ToMV, TSWV, and TYLCV. The virus detection rate was 29.91%(67/224), with ToMV having the highest detection rate at 20.54%(46/224), followed by ToMMV, STV, CMV, TYLCV and TSWV, while AMV had the lowest detection rate at 0.45%(1/224). Additionally, 12 types of co-infections were found, with an overall co-infection rate of 52.24%(35/67). The predominant co-infection type was ToMMV+ToMV, accounting for 22.39%(15/67).

**Key words:** tomato; virus disease; molecular identification; co-infection; phylogenetic analysis

番茄(*Solanum lycopersicum*)是茄科模式植物<sup>[1]</sup>,中国目前番茄种植面积和产量均位居世界前列,已成为国际番茄贸易的主要力量<sup>[2]</sup>。近年来番茄病毒病的频发,已成为影响番茄产量和品质的重要因素,严重影响着番茄产业的健康发展。因此,明确中国不同番茄产区病毒病的病原种类,为早期精准诊断提供可靠依据,并根据其传播特点制定有效的防控策略至关重要。

病毒病侵染番茄后会导致植株矮化,叶片出现花叶、曲叶、黄化、坏死等症状。目前报道有 22 科 39 属 312 种病毒病的病原可以侵染番茄<sup>[3]</sup>,在我国番茄上发生的病毒种类也高达 44 种<sup>[4]</sup>,其中黄瓜花叶病毒(cucumber mosaic virus, CMV)<sup>[5-7]</sup>、南方番茄病毒(southern tomato virus, STV)<sup>[8-14]</sup>、番茄褪绿病毒(tomato chlorosis virus, ToCV)<sup>[15-23]</sup>、番茄花叶病毒(tomato mosaic virus, ToMV)<sup>[24]</sup>、番茄斑萎病毒(tomato spotted wilt virus, TSWV)<sup>[25-28]</sup>、番茄黄化曲叶病毒(tomato yellow leaf curl virus, TYLCV)<sup>[29-36]</sup>已在国内番茄产区普遍发生。此外,烟草丛顶病毒(tobacco bushy top virus, TBTV)、番茄斑驳花叶病毒(tomato mottle mosaic virus, ToMMV)、番茄褐色皱纹果病毒(tomato brown rugose fruit virus, ToBRFV)、新德里番茄曲叶病毒(tomato leaf curl New Delhi virus, ToLCNDV)近年来被首次报道后发展和传播迅速,且对番茄品质造成了严重影响,现已成为国内番茄重要病毒病的病原防控对象<sup>[37-40]</sup>。

内蒙古作为我国番茄主产区之一,设施番茄发展迅速,病毒病病原的威胁也日益严重。目前内蒙古番茄产区的病毒病病原种类及其分类地位尚不完全明确,已然成为番茄生产上的一大隐患。本研究于 2021—2024 年对内蒙古包头、巴彦淖尔、赤峰、鄂尔多斯、呼和浩特 5 个市辖番茄产区进行病毒病病原种类的调查和鉴定,对克隆到的病毒基因组序列运用 MEGA-X、SDT v1.2 等生物信息学分析软件对其进行核苷酸序列一致性分析、系统发育分析,旨在明确侵染内蒙古 5 个市辖番茄产区的主要病毒病病原种类、发生情况以及分类地位,为内蒙古番茄病毒的检测与防控提供数据支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

#### 1.1.1 样品来源

2021—2024 年,在内蒙古包头、巴彦淖尔、赤峰、鄂尔多斯、呼和浩特 5 个市辖番茄产区共采集表现为斑驳、花叶、黄化、坏死等疑似病毒侵染的番茄叶片样品 224 份(2021 年 34 份,2022 年 98 份,2023 年 60 份,2024 年 32 份),经液氮速冻保存于 $-80^{\circ}\text{C}$ 冰箱中备用。

#### 1.1.2 试剂

TaKaRa MiniBEST Plant RNA Extraction Kit、*E. coli* JM109 感受态细胞,宝生物工程(大连)有限公

司; Plant Genomic DNA Kit 试剂盒、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; ABScript III RT Master Mix for qPCR, 武汉爱博泰克生物科技有限公司; M5 超光速 mix(无需提取基因组 DNA)、M5 HiClear DL2000 DNA marker, 北京聚合美生物科技有限公司; 零背景 pTOPO-TA/Blunt 通用克隆试剂盒, 北京艾德莱生物科技有限公司。

## 1.2 试验方法

### 1.2.1 总核酸提取

按照 TaKaRa MiniBEST Plant RNA Extraction Kit、Plant Genomic DNA Kit 试剂盒操作步骤分别提取番茄样品中的总 RNA 和 DNA, 经微量分光光度计检测浓度和纯度, 琼脂糖凝胶电泳检测完整性, 合格后保存于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  冰箱中备用。

### 1.2.2 反转录合成 cDNA 和总 DNA 稀释

对于 RNA 病毒, 以提取番茄样品中的总 RNA 为模板, 使用 cDNA 一链合成预混液 ABScript III RT Master Mix for qPCR 进行反转录。反转录反应体系 ( $20\text{ }\mu\text{L}$ ):  $5\times$  ABScript III RT Master Mix ( $4.0\text{ }\mu\text{L}$ )、总 RNA ( $1\text{ }000\text{ ng}$ )、Nuclease-free ddH<sub>2</sub>O 补足至  $20\text{ }\mu\text{L}$ 。混合均匀, 瞬时离心, 置于 PCR 仪  $55\text{ }^{\circ}\text{C}$  反应  $15\text{ min}$ 、 $85\text{ }^{\circ}\text{C}$  反应  $5\text{ min}$ 。反转录合成的 cDNA 保存于  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  冰箱中备用。

对于 DNA 病毒, 以提取番茄样品中的总 DNA 为模板, 按浓度比例稀释至  $10\sim 15\text{ ng}/\mu\text{L}$ , 总 DNA 稀释液保存于  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  冰箱中备用。

### 1.2.3 RT-PCR、PCR 扩增和琼脂糖凝胶电泳检测

以反转录合成的 cDNA 和总 DNA 稀释液为模板, 使用已报道的侵染番茄的病毒特异性检测引物(表 1)分别扩增目标片段。PCR 反应体系 ( $20\text{ }\mu\text{L}$ ):  $2\times$  M5 超光速 mix ( $10.0\text{ }\mu\text{L}$ )、 $10\text{ }\mu\text{mol/L}$  上游引物 ( $1.0\text{ }\mu\text{L}$ )、 $10\text{ }\mu\text{mol/L}$  下游引物 ( $1.0\text{ }\mu\text{L}$ )、cDNA 或总 DNA 稀释液 ( $2.0\text{ }\mu\text{L}$ )、Nuclease-free ddH<sub>2</sub>O 补足至  $20\text{ }\mu\text{L}$ 。PCR 反应条件:  $95\text{ }^{\circ}\text{C}$  预变性  $3\text{ min}$ ;  $94\text{ }^{\circ}\text{C}$  变性  $30\text{ s}$ , 根据表 1 的退火温度退火  $30\text{ s}$ ,  $72\text{ }^{\circ}\text{C}$  延伸 ( $1\text{ }000\text{ bp}/\text{min}$ ),  $35$  个循环;  $72\text{ }^{\circ}\text{C}$  终延伸  $10\text{ min}$ ;  $4\text{ }^{\circ}\text{C}$  保存。PCR 扩增产物于  $1.0\%$  琼脂糖凝胶电泳  $25\text{ min}$ , 割取检测到病毒的目标片段, 按照普通琼脂糖凝胶 DNA 回收试剂盒操作步骤纯化回收目标片段。

表 1 已报道的侵染番茄的病毒特异性检测引物

病毒名称	引物名称	引物序列( $5'\rightarrow 3'$ )	目标片段/bp	退火温度/ $^{\circ}\text{C}$	参考文献
AMV	AMV-F1	ATGAGTTCTTCACAAAAGAAAGCT	666	62	[41]
	AMV-R1	TCAATGACGATCAAGATCGTCAG			
	AMVdF	GTGCGTATAGATGCCGGTTC	900	52	[6]
	AMVdR	GAGCGAATAGGACTTCATACC			
BBWV2	BBWV2dF	AGRTATATGCTTGGGCAAGCGCATG	490	60	[6]
	BBWV2dR	CATGAACATTCATCTCCACGTG			
ChiVMV	ChiVMVdF	GGAAARGCNCNTAYAT	790	50	[6]
	ChiVMVdR	CGCGCTAATGACATATCGGT			
CMV	CMV-F	GTTTATTTACAAGAGCGTACGG	632	51	[42]
	CMV-R	GGTTCGAARRWATAACCGGG			
PepMV	Pep3	ATGAGGTTGTCTGGTGAA	624	48	[43]
	Pep4	AATTCCGTGCACAACCTAT			
PLAMV	PLAMV-cpup	CCGCGGCCGCCACACTACTC	932	58	[44]
	PLAMV-cpdw	GGCCCACCAGACTTTCACT			

续表 1

病毒名称	引物名称	引物序列(5'→3')	目标片段/bp	退火温度/°C	参考文献
PMMoV	PMMoVdF	CCTCTTCCGAGAGAATCTGAGAC	703	66	[6]
	PMMoVdR	CGTGTTTCCAAACTTCAGCCAAG			
PVS	PVS-F	TTCCAGAGGACGCCTTTGCAATC	435	59	[45]
	PVS-R	GTCTAACTGGCATCAGGGCACAATA			
PVX	PVXdF	AGTGCGCGAGGTTTACCAATC	790	62	[6]
	PVXdR	GTGGTTTGCCGCGAACGATTC			
SpLV	SpLVdF	GCACTCTCCTCAGCCTTTG	1 077	58	[6]
	SpLVdR	TCTGACGAGCATCATATAGTTTCC			
STV	STV-F1	TGATGGAGGATATCTACTGTCATT	582	62	[6]
	STV-R1	ACAAGATGTTTAAAGCCGTGTCC			
TAV	TAVdF	ATGGCCAAAACGGTACGG	657	58	[6]
	TAVdR	TCACACCGGGAGCGTTGAAG			
TBRV	TBRV-F	CGCTAGAAGTGAGCCTATG	730	56	[46]
	TBRV-R	TCAGCTAGGAGTTTCGCAG			
TEV	TEV-F	TGATGGATGGTGAGGAG	347	50	[47]
	TEV-R	GTGCCGTTTCAGTGTCTT			
TMGMV	TMGMVdF	GAGGAAATTGAGGATAATGTAAGTG	700	60	[6]
	TMGMVdR	ACGCCATACCACAGTATACAC			
TMV	TMVdF	GATTTCGTTTTAAATATGTCTTAC	600	56	[6]
	TMVdR	CTTCGATTTAAGTGGAGGGA			
ToBRFV	ToBRFV-F	GAAGAAGTTGTTGATGAGTTCAT	812	60	[48]
	ToBRFV-R	GATTTAAGTGGAGGGAAAAACAC			
ToBSV	ToBSVF	TCCATACCAATCATACCGCTGTT	78	62	[49]
	ToBSVR1	TAGTTCATTGCCAAAAGCCTTGA			
ToCV	ToCVdF	GCTTCCGAAACTCCGTCTTG	439	58	[6]
	ToCVdR	TGTCGAAAGTACCGCCACC			
ToMMV	ToMMVdF	CTGGAGAAGACTGGGTCTAG	1 193	56	[6]
	ToMMVdR	TTCGGTAAGTTCAATGGGACCT			
ToMV	ToMVdF	TCTCAAGAATGTTACACGGGAAG	980	60	[6]
	ToMVdR	CGCATTCTCCGTAATTTTGATC			
TSWV	TSWVdF	TCACTGTAATGTTCCATAGCAA	861	60	[6]
	TSWVdR	AGAGCAATYGTGTC AATTTTATTC			

续表 1

病毒名称	引物名称	引物序列(5'→3')	目标片段/bp	退火温度/℃	参考文献
TuYV	TuYV-F2	GCCGCTGTTTCTCAGTTCTG	137	60	[50]
	TuYV-R2	RAC TAACCACGAGTAAAGAAGCTCAA			
TVBMV	PIPO-F	TACCATGGAATCTATCAACAGGATTTGG	235	55	[51]
	PIPO-R	GA ACTAGTAAGTTGTCCTGTGCATATTG			
TZSV	TZSVdF	TGGTTAAAAAGACAGATCATTGCT	852	60	[52]
	TZSVdR	CTACTTGCCAACATGTCTAACGTC			
TYLCV	TYLCV-1	TAATCATTTCACGCCCGTCTCG	648	58	[33]
	TYLCV-2	GGTTCTCATACTGGGCTGCCTCTCT			
	TYLCV-F	CGGGATCCACTTCTAAATG	2 800	54	[53]
	TYLCV-R	CGGGATCCCACATATTGCAAG			
PaLCuCNV	SC249F	ACTCCCCAGATACATTAGGGTACG	2 800	58	[54]
	SC249R	TGTTTGACGTGACTACTTGGGGAC			

注: BBWV2 为蚕豆萎蔫病毒 2(broad bean wilt virus 2), ChiVMV 为辣椒脉斑驳病毒(chilli veinal mottle virus), PepMV 为凤果花叶病毒(pepino mosaic virus), PLAMV 为车前草花叶病毒(plantago asiatica mosaic virus), PMMoV 为辣椒轻斑驳病毒(pepper mild mottle virus), PVS 为马铃薯 S 病毒(potato virus S), PVX 为马铃薯 X 病毒(potato virus X), SpLV 为菠菜潜隐病毒(spinach latent virus), TAV 为番茄不孕病毒(tomato aspermy virus), TBRV 为番茄黑环病毒(tomato black ring virus), TEV 为烟草蚀纹病毒(tobacco etch virus), TMGMV 为烟草轻型绿花叶病毒(tobacco mild green mosaic virus), TMV 为烟草花叶病毒(tobacco mosaic virus), ToBSV 为番茄丛矮病毒(tomato bushy stunt virus), TuYV 为芜菁黄化病毒(turnip yellows virus), TVBMV 为烟草脉带花叶病毒(tobacco vein banding mosaic virus), TZSV 为番茄环纹斑点病毒(tomato zonate spot virus)。

#### 1.2.4 基因克隆和测序

纯化的回收产物连接 pTOPO-TA 载体, 连接产物转化 *E. coli* JM109 感受态细胞, 涂板并 37 ℃ 过夜培养, 单菌落克隆经菌液 PCR 鉴定后, 随机挑选 3 个阳性克隆菌液送至生工生物工程(上海)股份有限公司北京测序部进行 Sanger 测序。

#### 1.2.5 序列一致性分析和系统发育分析

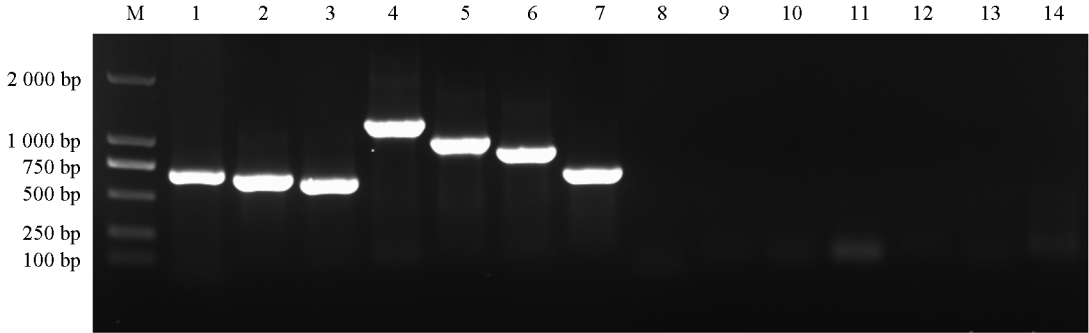
通过 NCBI GenBank 数据库 BLASTn 程序的比对结果和国际病毒分类委员会(The International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV)的分类标准明确病毒种类。使用 SDT<sub>v</sub>1.2 软件中的 Muscle 序列比对程序对本研究获得的病毒分离物基因组序列以及 NCBI GenBank 数据库中下载的各病毒代表分离物基因组序列进行核苷酸序列一致性分析。利用 MEGA-X 软件中的最大似然法(Maximum likelihood, ML)对本研究所获得的各病毒分离物基因组序列以及 NCBI GenBank 数据库中下载的各病毒代表分离物基因组序列进行系统发育树的重建, 其中 MODLES 程序确定建树参数, 自展值设置为 1 000。

## 2 结果与分析

### 2.1 侵染番茄的病毒种类检测与鉴定

对番茄样品进行 RT-PCR 和 PCR 检测, 结果显示, 224 份番茄样品中有 67 份检测出了病毒, 检出率为 29.91%(67/224), 共检测到 7 种病毒, 其中 RNA 病毒为 AMV、CMV、STV、ToMMV、ToMV、TSWV, DNA 病毒为 TYLCV(图 1、表 2)。AMV 总检出率为 0.45%(1/224), 番茄样品来源于 2023 年鄂尔多斯市准格尔旗, 检出率为 10.00%(1/10)。CMV 总检出率为 5.80%(13/224), 番茄样品主要来源于 2022 年呼和浩特市玉泉区, 检出率为 13.70%(10/73)。STV 总检出率为 6.70%(15/224), 样品主要来源

于 2021、2022 年呼和浩特市玉泉区, 检出率为 9.35%(10/107)。ToMMV 总检出率为 10.71%(24/224), 样品来源于 2021、2022 年呼和浩特市玉泉区, 检出率为 22.43%(24/107)。ToMV 总检出率为 20.54%(46/224), 样品主要来源于 2021、2022 年呼和浩特市玉泉区, 检出率为 39.25%(42/107)。TSWV 总检出率为 1.79%(4/224), 样品主要来源于 2022 年呼和浩特市玉泉区, 检出率为 4.11%(3/73)。TYLCV 总检出率为 2.68%(6/224), 样品主要来源于 2023、2024 年包头市东河区, 检出率为 13.64%(3/22)。



M: DL2000 DNA marker; 1~7: 检测 AMV、CMV、STV、ToMMV、ToMV、TSWV、TYLCV 为阳性的番茄样品; 8~14: 检测 AMV、CMV、STV、ToMMV、ToMV、TSWV、TYLCV 为阴性的番茄样品。

图 1 番茄样品 7 种病毒 RT-PCR、PCR 扩增产物琼脂糖凝胶电泳结果

表 2 侵染内蒙古番茄的病毒种类鉴定

采样时间和采样地区	样品数/ 份	侵染番茄的病毒种类						
		AMV	CMV	STV	ToMMV	ToMV	TSWV	TYLVC
2021 年呼和浩特市玉泉区	34	0	0	3	10	8	0	0
2022 年呼和浩特市玉泉区	73	0	10	7	14	34	3	0
2022 年呼和浩特市新城区	13	0	3	2	0	1	0	0
2022 年呼和浩特市赛罕区	12	0	0	0	0	0	1	0
2023 年包头市东河区	10	0	0	0	0	0	0	1
2023 年包头市青山区	10	0	0	0	0	0	0	0
2023 年包头市石拐区	10	0	0	0	0	0	0	1
2023 年鄂尔多斯市杭锦旗	10	0	0	0	0	0	0	0
2023 年鄂尔多斯市伊金霍洛旗	10	0	0	0	0	0	0	1
2023 年鄂尔多斯市准格尔旗	10	1	0	0	0	0	0	0
2024 年包头市东河区	12	0	0	1	0	0	0	2
2024 年巴彦淖尔市临河区	10	0	0	1	0	3	0	0
2024 年赤峰市元宝山区	10	0	0	1	0	0	0	1
总计/份	224	1	13	15	24	46	4	6
检出率/%	29.91	0.45	5.80	6.70	10.71	20.54	1.79	2.68

## 2.2 复合侵染类型

67 份检出病毒性病原的番茄样品中复合侵染现象较为普遍, 总体复合侵染率为 52.24%(35/67)。复合侵染类型共计 12 种(表 3), 其中 2 种病毒复合侵染类型为 CMV+STV(1.49%, 1/67)、CMV+ToMV(2.99%, 2/67)、CMV+TSWV(1.49%, 1/67)、STV+TYLCV(2.99%, 2/67)、STV+ToMV(10.45%, 7/67)、ToMMV+ToMV(22.39%, 15/67); 3 种病毒复合侵染类型为 CMV+STV+ToMV(1.49%, 1/67)、CMV+STV+TSWV(1.49%, 1/67)、CMV+ToMMV+ToMV(2.99%, 2/67)、CMV+ToMV+TSWV(1.49%, 1/67)、STV+ToMMV+ToMV(1.49%, 1/67); 4 种病毒复合侵染类型为 CMV+STV+ToMMV+ToMV(1.49%, 1/67)。

表 3 内蒙古侵染番茄的病毒复合侵染类型

复合侵染类型	采样时间和采样地区	样品数/份	
2 种病毒复合侵染	CMV+STV	2022 年呼和浩特市新城区	1
	CMV+ToMV	2022 年呼和浩特市玉泉区	2
	CMV+TSWV	2022 年呼和浩特市玉泉区	1
	STV+TYLCV	2024 年包头市东河区	1
		2024 年赤峰市元宝山区	1
	STV+ToMV	2021 年呼和浩特市玉泉区	2
		2022 年呼和浩特市玉泉区	4
		2024 年巴彦淖尔市临河区	1
	ToMMV+ToMV	2021 年呼和浩特市玉泉区	6
2022 年呼和浩特市玉泉区		9	
3 种病毒复合侵染	CMV+STV+ToMV	2022 年呼和浩特市新城区	1
	CMV+STV+TSWV	2022 年呼和浩特市玉泉区	1
	CMV+ToMMV+ToMV	2022 年呼和浩特市玉泉区	2
	CMV+ToMV+TSWV	2022 年呼和浩特市玉泉区	1
	STV+ToMMV+ToMV	2021 年呼和浩特市玉泉区	1
4 种病毒复合侵染	CMV+STV+ToMMV+ToMV	2022 年呼和浩特市玉泉区	1
总计/种	12	35	

## 2.3 基因组序列分析

### 2.3.1 AMV 的基因组序列分析

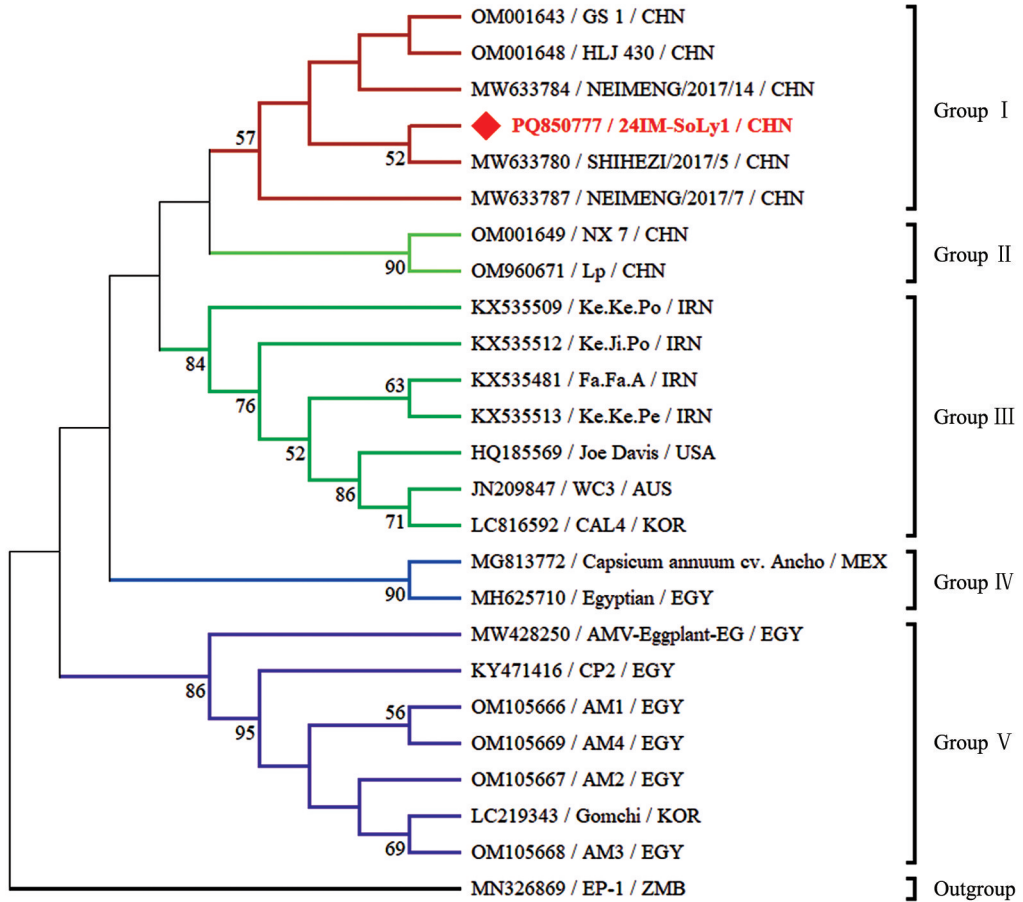
本研究获得的内蒙古番茄 AMV 分离物 24IM-SoLy1(GenBank 登录号: PQ850777)与 23 个 AMV 代表分离物核苷酸序列一致性为 92.9%~99.1%。24IM-SoLy1 与埃及马铃薯 (*Solanum tuberosum*) AMV 分离物 CP2(KY471416)、埃及罗勒 (*Ocimum basilicum*) AMV 分离物 Egyptian(MH625710)核苷酸序列一致性最低,为 92.9%;与我国苜蓿 (*Medicago sativa*) AMV 分离物 SHIHEZI/2017/5(MW633780)核苷酸序列一致性最高,为 99.1%。

针对获得的内蒙古番茄 AMV 分离物的完整外壳蛋白( Coat protein, CP)基因核苷酸序列构建系统发育树, MODELS 程序判定最佳进化模型为 K2+G。结果表明,基于 24 个 AMV 分离物 CP 基因所重建的系统发育树可分为 5 个分支,其中 24IM-SoLy1 与我国苜蓿 AMV 分离物 SHIHEZI/2017/5 位于同一分支上,亲缘关系最近,被分在 Group I(图 2)。

### 2.3.2 CMV 的基因组序列分析

本研究获得的内蒙古番茄 CMV 分离物 24IM-SoLy2~24IM-SoLy14(GenBank 登录号: PQ850778~PQ850790)核苷酸序列一致性为 92.8%~99.8%,与 21 个 CMV 代表分离物核苷酸序列一致性为 89.8%~99.2%。24IMSoLy6(PQ850782)与日本烟草 (*Nicotiana tabacum*) CMV 分离物 m1(AB920778)、韩国二色金光菊 (*Rudbeckia hirta*) CMV 分离物 Rb(GU327364)核苷酸序列一致性最低,为 89.8%,24IM-SoLy2(PQ850778)、24IM-SoLy5(PQ850781)与我国甜瓜 (*Cucumis melo*) CMV 分离物 CH99(MW926532)核苷酸序列一致性最高,为 99.2%。

针对获得的内蒙古番茄 CMV 分离物的部分 RNA 依赖 RNA 聚合酶(RNA-dependent RNA polymerase, RdRp)基因核苷酸序列构建系统发育树, MODELS 程序判定最佳进化模型为 K2+G。结果表明,基



◆为本研究中的分离物，下同。

图 2 内蒙古 AMV 分离物与其他地区 AMV 分离物 CP 基因核苷酸序列系统发育树

于 34 个 CMV 分离物部分 *RdRp* 基因所重建的系统发育树可分为 5 个分支，其中 24IM-SoLy2~24IM-SoLy6 与我国甜瓜 CMV 分离物 CH99(MW926532)位于同一小分支上，亲缘关系最近，被分在 Group I；24IM-SoLy7(PQ850783)~24IM-SoLy14(PQ850790)与澳大利亚番茄 CMV 分离物 K 2016(MG182149)位于同一小分支上，亲缘关系最近，被分在 Group IV(图 3)。

### 2.3.3 STV 的基因组序列分析

本研究获得的内蒙古番茄 STV 分离物 24IM-SoLy15~24IM-SoLy23(GenBank 登录号: PQ850791~PQ850799)核苷酸序列一致性为 97.8%~99.8%，与 9 个 STV 代表分离物核苷酸序列一致性为 97.9%~99.8%。24IM-SoLy22(PQ850798)与土耳其番茄 STV 分离物 Turkey\_Canakkale\_42(OK309711)核苷酸序列一致性最低，为 97.9%；24IM-SoLy15(PQ850791)与美国番茄 STV 分离物 MS-7(EU413670)、日本番茄 STV 分离物 M82(LC429302)、海南省儋州市番茄 STV 分离物 T-DZ-2(OP484998)核苷酸序列一致性最高，为 99.8%。

针对获得的内蒙古番茄 STV 分离物的部分融合蛋白(Fusion protein, *FP*)*p122* 基因核苷酸序列构建系统发育树，MODELS 程序判定最佳进化模型为 HYK+I。结果表明，基于 18 个 STV 分离物部分 *FP p122* 基因所构建的系统发育树可分为 2 个分支，其中 24IM-SoLy15(PQ850791)~24IM-SoLy17(PQ850793)、24IM-SoLy23(PQ850799)被分在 Group I；24IM-SoLy18(PQ850794)、24IM-SoLy20(PQ850796)、24IM-SoLy21(PQ850797)与海南省儋州市番茄分离物 T-DZ-2 位于同一小分支上，亲缘关系最近，也被分在 Group I；24IM-SoLy19 与美国番茄 STV 分离物 MS-7(EU413670)位于同一小分支上，亲缘关系最近，同样被分在 Group I。24IM-SoLy22 与塞尔维亚番茄 STV 分离物 RUM19ST(OL471988)

位于同一小分支上, 亲缘关系最近, 被分在 Group II (图 4)。

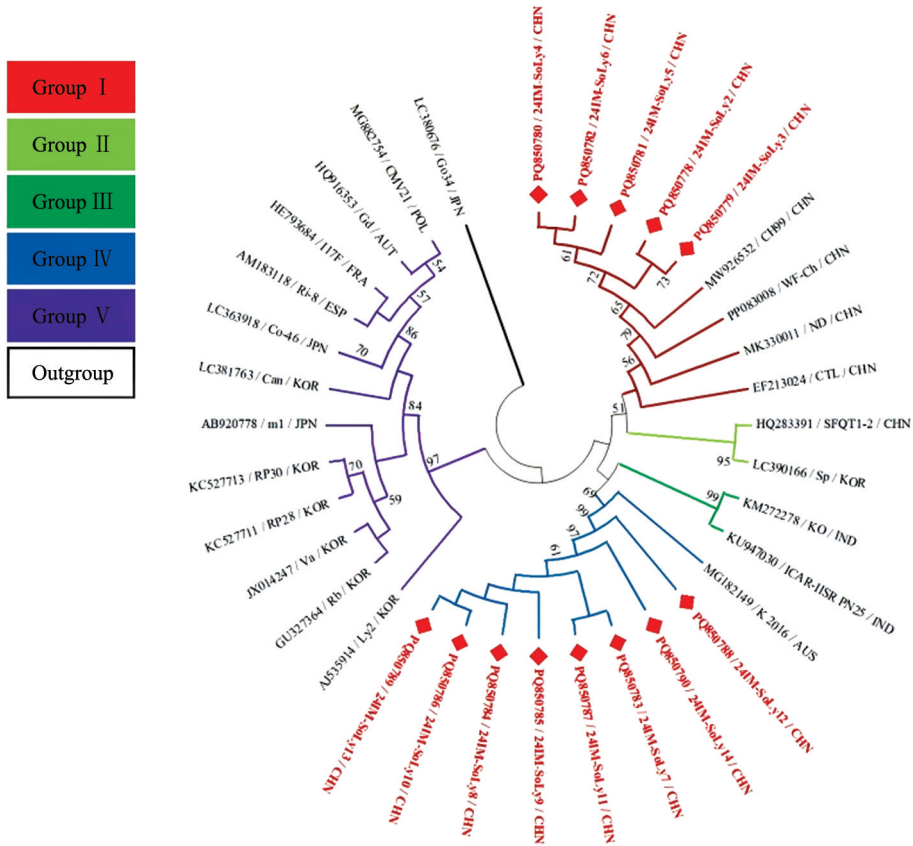


图 3 内蒙古 CMV 分离物与其他地区 CMV 分离物部分 *RdRp* 基因核苷酸序列系统发育树

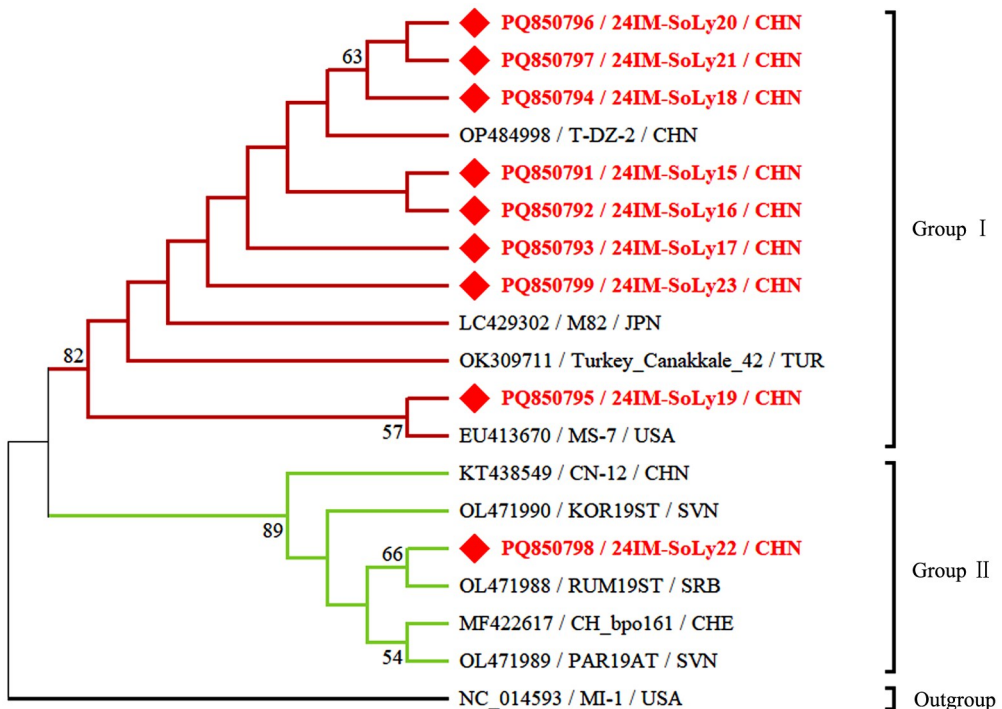


图 4 内蒙古 STV 分离物与其他地区 STV 分离物部分 *FP p122* 基因核苷酸序列系统发育树

### 2.3.4 ToMMV 的基因组序列分析

本研究获得的内蒙古番茄 ToMMV 分离物 24IM-SoLy24~24IM-SoLy42(GenBank 登录号: PQ850836~PQ850854)核苷酸序列一致性为 98.4%~99.9%, 与 10 个 ToMMV 代表分离物核苷酸序列一致性为 97.6%~99.9%。24IM-SoLy37(PQ850849)与日本辣椒 ToMMV 分离物 ToMMV-SP(LC779003)核苷酸序列一致性最低, 为 97.6%; 24IM-SoLy27(PQ850839)与山东省番茄 ToMMV 分离物 Shandong(MW373515)核苷酸序列一致性最高, 为 99.9%。

针对获得的内蒙古番茄 ToMMV 分离物的部分 *RdRp*、运动蛋白(Movement protein, *MP*)基因核苷酸序列构建系统发育树, MODELS 程序判定最佳进化模型为 TN93。结果表明, 基于 29 个 ToMMV 分离物部分 *RdRp*、*MP* 基因所重建的系统发育树可分为 5 个分支, 其中 24IM-SoLy24~24IM-SoLy42 与山东省番茄 ToMMV 分离物 Shandong(MW373515)位于同一分支上, 亲缘关系最近, 被分在 Group I (图 5)。

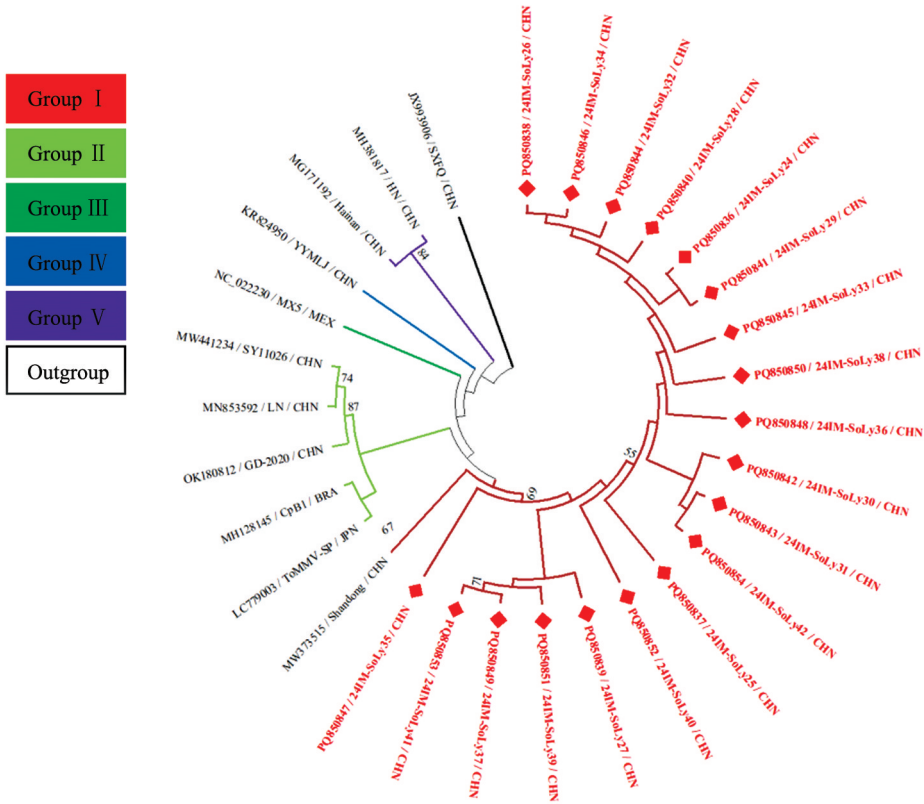


图 5 内蒙古 ToMMV 的与其他地区 ToMMV 分离物部分 *RdRp*、*MP* 基因核苷酸序列系统发育树

### 2.3.5 ToMV 分离物基因组序列分析

本研究获得的内蒙古番茄 ToMV 分离物 24IM-SoLy43~24IM-SoLy74(GenBank 登录号: PQ850800~PQ850831)核苷酸序列一致性为 98.8%~99.9%, 与 17 个 ToMV 代表分离物核苷酸序列一致性为 98.4%~99.7%。24IM-SoLy64(PQ850821)、24IM-SoLy74(PQ850831)与呼和浩特市番茄 ToMV 分离物 HHHT(KY967228)、天津市番茄 ToMV 分离物 Tianjin(MW042871)、墨西哥番茄 ToMV 分离物 INIFAP JM1(PP481218)核苷酸序列一致性最低, 为 98.4%; 24IM-SoLy57(PQ850814)与澎湖县番茄 ToMV 分离物 Penghu(KJ207374)、澳大利亚番茄 ToMV 分离物 Queensland(NC\_002692)核苷酸序列一致性最高, 为 99.7%。

针对获得的内蒙古番茄 ToMV 分离物的部分 *RdRp* 基因核苷酸序列构建系统发育树, MODELS 程

序判定最佳进化模型为 T92+G。结果表明, 基于 49 个 ToMV 分离物部分 *RdRp* 基因所重建的系统发育树可分为 3 个分支, 其中 24IM-SoLy43 (PQ850800) ~ 24IM-SoLy56 (PQ850813)、24IM-SoLy58 (PQ850815) ~ 24IM-SoLy74 (PQ850831) 位于同一分支上, 被分在 Group I; 24IM-SoLy57 (PQ850814) 单独构成 Group III (图 6)。

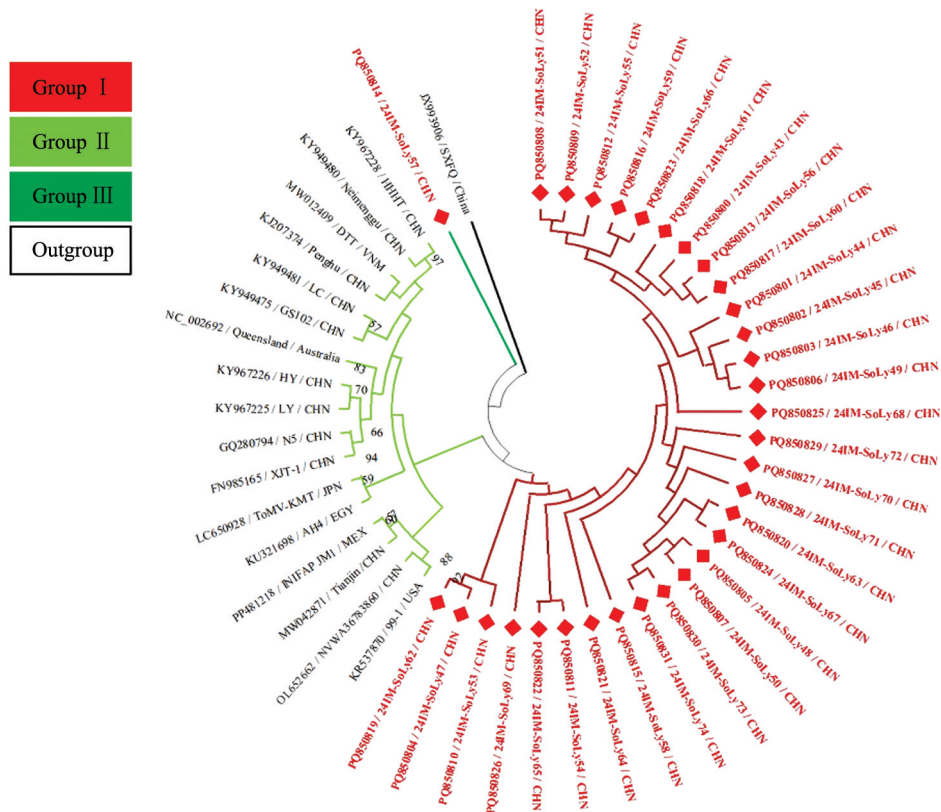


图 6 内蒙古 ToMV 分离物与其他地区 ToMV 分离物部分 *RdRp* 基因核苷酸序列系统发育树

### 2.3.6 TSWV 的基因组序列分析

本研究获得的内蒙古番茄 TSWV 分离物 24IM-SoLy75 ~ 24IM-SoLy78 (GenBank 登录号: PQ850832 ~ PQ850835) 核苷酸序列一致性为 99.2% ~ 99.7%, 与 32 个 TSWV 代表分离物核苷酸序列一致性为 97.0% ~ 99.9%。24IM-SoLy75 (PQ850832) 与意大利辣椒 (*Capsicum annuum*) TSWV 分离物 p202/3WT (HQ830187)、津巴布韦野菊 (*Chrysanthemum indicum*) TSWV 分离物 Mum-A5 (MG602673) 核苷酸序列一致性最低, 为 97.0%; 24IM-SoLy78 (PQ850835) 与我国番茄 TSWV 分离物 KM-T (HQ402595) 核苷酸序列一致性最高, 为 99.9%。

针对获得的内蒙古番茄 TSWV 分离物的部分核衣壳蛋白 (Nucleocapsid protein, N) 基因核苷酸序列构建系统发育树, MODELS 程序判定最佳进化模型为 T92+I。结果表明, 基于 36 个 TSWV 分离物部分 N 基因所重建的系统发育树可分为 4 个分支, 其中 24IM-SoLy75 (PQ850832) 与我国烟草 TSWV 分离物 YNHH (MN861975) 位于同一小分支上, 亲缘关系最近, 被分在 Group I; 24IM-SoLy76 (PQ850833) 与我国莴苣 (*Lactuca sativa*) TSWV 分离物 CG-1 (JN664252)、TSWV-lettuce (MG656990)、党参 (*Codonopsis pilosula*) TSWV 分离物 YN5574 (KY495610)、旱金莲 (*Tropaeolum majus*) TSWV 分离物 YN5577 (MF422034) 位于同一小分支上, 亲缘关系较近, 被分在 Group I; 24IM-SoLy77 (PQ850834)、24IM-SoLy78 也被分在 Group I (图 7)。

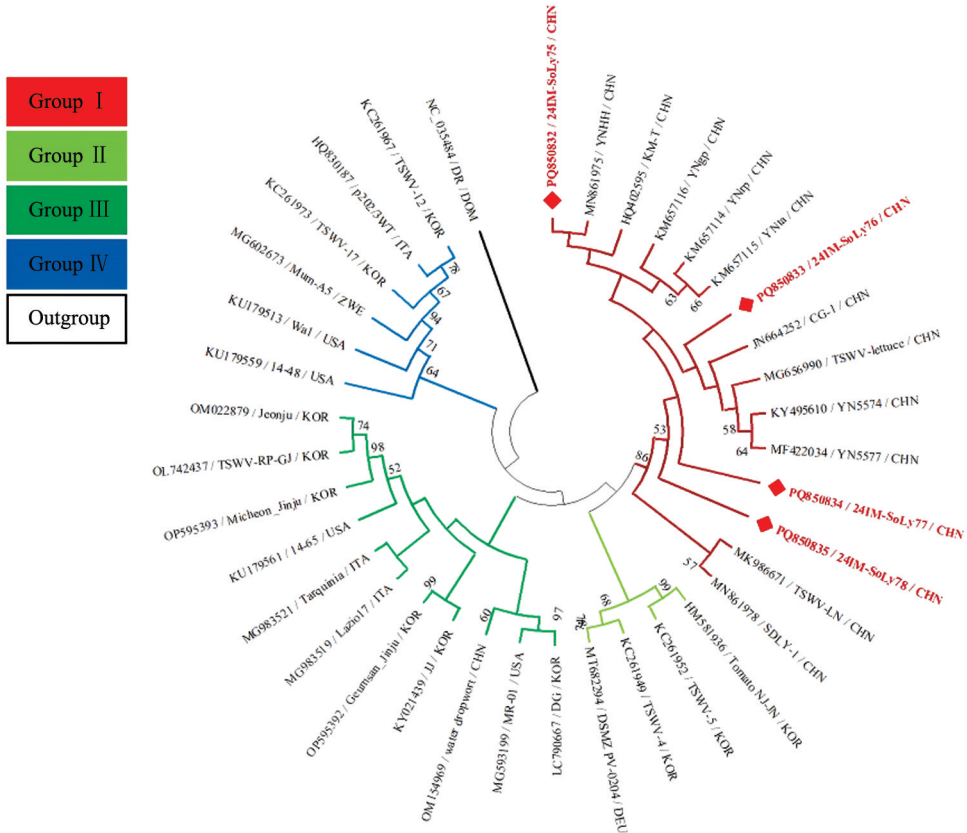


图 7 内蒙古 TSWV 分离物与其他地区 TSWV 分离物部分 *N* 基因核苷酸序列系统发育树

### 2.3.7 TYLCV 的基因组序列分析

本研究获得的内蒙古番茄 TYLCV 分离物 24IM-SoLy79~24IM-SoLy82 (GenBank 登录号: PQ850773~PQ850776) 核苷酸序列一致性为 99.4%~99.8%, 与 19 个 TYLCV 代表分离物核苷酸序列一致性为 96.6%~99.8%。24IM-SoLy79 与格林纳达番茄 TYLCV 分离物 Grenada; Hermitage; 2007 (FR851297) 核苷酸序列一致性最低, 为 96.6%; 24IM-SoLy80 (PQ850774) 与广东省广州市番茄 TYLCV 分离物 Bns71 (PP438342) 核苷酸序列一致性最高, 为 99.8%。

针对获得的内蒙古番茄 TYLCV 分离物的部分 *CP* 基因核苷酸序列构建系统发育树, MODELS 程序判定最佳进化模型为 K2+G。结果表明, 基于 23 个 TYLCV 分离物部分 *CP* 基因所构建的系统发育树可分为 2 个分支, 其中 24IM-SoLy79 (PQ850773)~24IM-SoLy82 (PQ850776) 与广州市番茄分离物 Bns71 (PP438342) 位于同一小分支上, 亲缘关系最近, 被分在 Group I (图 8)。

## 3 讨论与结论

在我国不同番茄产区病毒病的病原种类分布及其流行趋势均有差异, 在新疆地区番茄上, 检测到 STV、TYLCV、ToCV<sup>[22]</sup>; 在云南地区番茄上, 主要发生的病毒有番茄环纹斑点病毒 (TZSV)、辣椒脉斑驳病毒 (ChiVMV)、STV<sup>[13]</sup>。2022 年宁夏地区番茄主要受到 TYLCV、ToCV、STV、TSWV 4 种病毒的侵袭<sup>[23]</sup>; 2024 年, ToMMV、TSWV、STV 为主要发生的病毒, 其中 ToMMV 为当地优势毒源<sup>[14]</sup>, 因此宁夏地区番茄病毒病的病原种类呈动态变化趋势。2021—2024 年, 本研究运用 RT-PCR、PCR 技术对内蒙古包头、巴彦淖尔、赤峰、鄂尔多斯、呼和浩特 5 个市辖番茄产区开展番茄病毒病病原种类的调查和鉴定, 检测了 25 种 RNA 病毒、2 种 DNA 病毒, 其中鉴定到 AMV、CMV、STV、ToMMV、ToMV、TSWV、TYLCV 等 7 种病毒, 检测结果也表明 5 个市辖番茄产区中复合侵染现象普遍存在。2021 年, 呼和浩特地区番茄上检测到 STV、ToMMV、ToMV, 2022 年在该地区番茄上又检测到 CMV、TSWV; 2023 年, 包头地区番茄上检测到 TYLCV (次年检测又发现了 STV)、鄂尔多斯地区检测到 AMV。由此可见, 内蒙古番茄

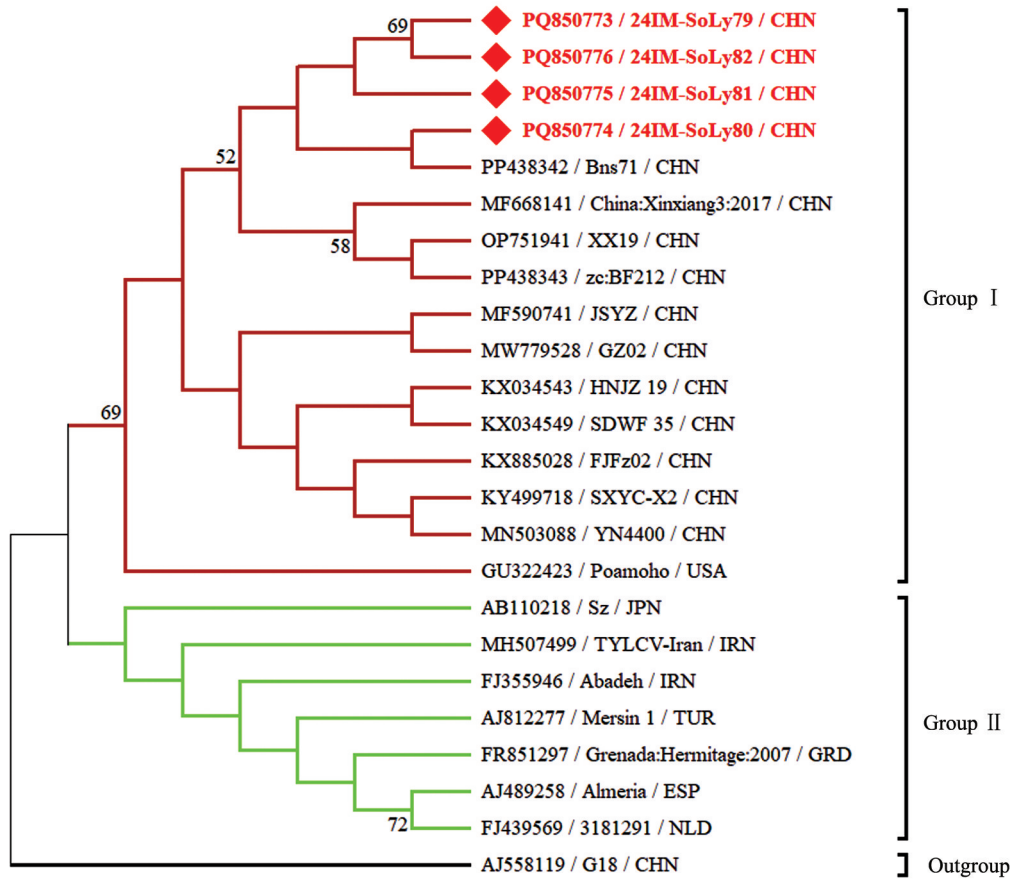


图 8 内蒙古 TYLCV 分离物与其他地区 TYLCV 分离物部分 CP 基因核苷酸序列系统发育树

产区病毒病原种类的动态变化与国内其他地区存在差异,可能与当地气候干燥,蚜虫、蓟马等传毒媒介的种群优势相关。内蒙古地区干旱、少雨的气候利于蚜虫、蓟马等传毒媒介季节性暴发,可通过在设施温室通风口安装 40~60 目防虫网,并在温室内悬挂黄、蓝色板诱杀传毒媒介。

AMV 为雀麦花叶病毒科(Bromoviridae)苜蓿花叶病毒属(*Alfamovirus*)的成员,截至 2025 年,本研究是继西班牙<sup>[55]</sup>、塞尔维亚、伊朗、埃及<sup>[56]</sup>后在第 5 个国家首次发现该病毒对于番茄的危害,该植株果实变褐,严重影响番茄的品质,考虑到调查样品采自于当地番茄种植户,生产上是否流行有待进一步研究。在我国 AMV 种群中,不同省份、生物气候区的 AMV 分离物在核苷酸序列水平上存在显著差异<sup>[57]</sup>。内蒙古是我国苜蓿的主要生产地之一,本研究获得的内蒙古番茄 AMV 分离物 24IM-SoLy1 与内蒙古苜蓿分离物 NEIMENG/2017/14(NW633784)核苷酸序列一致性较高,且基于 CP 基因构建的系统发育树也表明其亲缘关系较近。因此,番茄生产上或需加强对 AMV 的监测预警。

CMV 为雀麦花叶病毒科黄瓜花叶病毒属(*Cucumovirus*)的成员,是已知的寄主范围最多、分布最广的植物病毒之一,主要通过蚜虫以非持久性的方式传播<sup>[58]</sup>。温智浩等<sup>[7]</sup>鉴定发现银川、徐州市采集的番茄样品中存在 CMV+TSWV 复合侵染,而赤峰市采集的番茄样品中存在 CMV+ToMV 复合侵染,但未检测到 TSWV。本研究在 2022 年呼和浩特市玉泉区采集的番茄样品中也发现了这两种复合侵染类型。TSWV 属于番茄斑萎病毒科(Tospovirus)正番茄斑萎病毒属(*Orthotospovirus*),主要由西花蓟马传毒<sup>[23]</sup>,是世界 10 大严重危害性植物病毒之一<sup>[59]</sup>,杨菲等<sup>[25]</sup>证实 TSWV 已在内蒙古赤峰地区发生。本研究在 2024 年赤峰市元宝山区采集的番茄样品中未检测到 TSWV,而在 2022 年呼和浩特市玉泉区、赛罕区采集的番茄样品中鉴定到 TSWV,且玉泉区采集的番茄样品中发现 CMV+ToMV+TSWV 复合侵染类型。

STV 为混合病毒科(Amalgaviridae)混合病毒属(*Amalgavirus*)的成员,经常与其他病毒复合侵染番茄,除种子、花粉传毒外,尚未发现其他传播途径<sup>[12]</sup>,Xu 等<sup>[60]</sup>研究认为 STV 已成为我国番茄上流行的第 4 大病毒。先后有研究者鉴定发现 CMV+STV、STV+ToMV、CMV+STV+ToMV、STV+ToMMV+

ToMV 等复合侵染类型<sup>[5,14]</sup>, 本研究在 2021、2022 年呼和浩特市玉泉区、2024 年巴彦淖尔市临河区采集的番茄样品中发现有 STV+ToMV 复合侵染; 2022 年呼和浩特市新城区采集的番茄样品中发现 CMV+STV、玉泉区采集的番茄样品中发现 STV+ToMMV+ToMV 复合侵染; 2022 年玉泉区采集的番茄样品中还存在 CMV+STV+TSWV、CMV+STV+ToMMV+ToMV 两种复合侵染; 2024 年包头市东河区、赤峰市元宝山区采集的番茄样品存在 STV+TYLCV 复合侵染, 本研究未检测到 STV 单独侵染番茄的样品, 因此 STV 在内蒙古 5 个市辖番茄产区田间单独侵染的症状还无法描述。

ToMMV、ToMV 为帚状病毒科(Virgaviridae)烟草花叶病毒属(*Tobamovirus*)的成员。ToMMV 可通过种子、土壤、机械传播, 比 ToMV 的寄主范围更广, 侵染性更强<sup>[61]</sup>。2021、2022 年呼和浩特市玉泉区采集的番茄样品中均鉴定到 ToMMV、ToMV, 且 2022 年呼和浩特市新城区采集的番茄样品中也鉴定到了 ToMV。呼和浩特市 ToMMV 检出率为 18.18%(24/132), ToMV 检出率为 32.58%(43/132), 由此可见 ToMV 是侵染呼和浩特市设施番茄的优势病毒, ToMMV+ToMV(22.39%, 15/67)为优势复合侵染类型。

TYLCV 为双生病毒科(Geminiviridae)菜豆金色花叶病毒属(*Begomovirus*)的成员, 主要通过传毒媒介烟粉虱以持久性的方式传播, 一旦获毒终身传毒<sup>[33]</sup>。2024 年包头市东河区、赤峰市元宝山区采集的番茄样品中存在 STV+TYLCV 复合侵染。目前关于复合侵染对 TYLCV 传播影响的研究较少, 罗瑞雪等<sup>[62]</sup>研究发现, 与取食 TYLCV 单独侵染的番茄植株相比, 取食 ToCV+TYLCV 复合侵染番茄植株的烟粉虱对 TYLCV 的传毒率更高, 且番茄植株、烟粉虱中的病毒积累量也显著提高。刘晨等<sup>[63]</sup>为明确陕西省番茄产区 TYLCV 侵染的寄主范围, 对产区周边作物、杂草进行检测, 鉴定到黄瓜(*Cucumis sativus*)、辣椒、茄子(*Solanum melongena*)等中间寄主, 病毒越冬宿主清除难度大。本研究在 2023 年包头市东河区一家番茄种植区周边的曼陀罗上检测到了 TYLCV, 次年该产区未种植番茄, 但仍在该地区的曼陀罗上检测到 TYLCV, 故 TYLCV 可能在曼陀罗上传种, 因此, 生产中应将其作为重点监测和防控的对象, 以免 TYLCV 逐年传播。

本研究运用 RT-PCR、PCR 技术鉴定了危害内蒙古 5 个市辖番茄产区的 6 种 RNA 病毒和 1 种 DNA 病毒, 明确了内蒙古 5 个市辖番茄产区病毒病的病原种类及其发生情况, 分析了 7 种病毒 82 个内蒙古分离物与各病毒代表分离物之间的亲缘关系, 为内蒙古番茄病毒病的监测预警提供了理论支撑, 并为我国番茄产区病毒病的传播路径、制定防控策略研究提供了理论基础。

## 参考文献:

- [1] 杨欢欢, 方晴, 聂中欣, 等. 番茄优良自交系部分品质性状杂种优势及配合力分析 [J]. 东北农业大学学报, 2023, 54(2): 37-48.
- [2] 郭文忠. 聚焦番茄产业症结, 调整生产结构布局 [J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2023, 43(5): 1-2.
- [3] RIVAREZ M P S, VUČUROVIĆ A, MEHLE N, et al. Global Advances in Tomato Virome Research: Current Status and the Impact of High-Throughput Sequencing [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 671925.
- [4] 严婉荣, 王宝, 吉训聪, 等. 番茄病毒病种类及主要鉴定方法研究进展 [J]. 分子植物育种, 2024, 22(16): 5357-5367.
- [5] 杨海燕, 崔百明, 张强, 等. 新疆番茄病毒病检测及南方番茄病毒全基因组序列测定与传播特性分析 [J]. 植物保护学报, 2017, 44(2): 253-259.
- [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] 温智浩, 张胜丰, 谢学文, 等. 银川、徐州和赤峰地区番茄病毒病种类的鉴定 [J]. 作物杂志, 2023(6): 252-256.
- [8] 苏海娣, 梁学超, 崔百明, 等. 新疆加工番茄上一种类似南方番茄病毒的分子检测 [J]. 石河子大学学报(自然科学版), 2013, 31(3): 271-275.
- [9] PADMANABHAN C, ZHENG Y, LI R G, et al. Complete Genome Sequence of Southern Tomato Virus Identified in China Using Next-Generation Sequencing [J]. *Genome Announcements*, 2015, 3(5): 1226-1240.
- [10] 董学浩, 雷喜红, 李云龙, 等. 警惕种子传带的南方番茄病毒 Southern tomato virus 对我国番茄产业的危害 [J]. 植物保护, 2019, 45(3): 254-256.

- [11] 康华军, 李建设, 高艳明, 等. 宁夏银川地区番茄斑萎病毒和南方番茄病毒复合侵染分子鉴定 [J]. 中国蔬菜, 2022(4): 29-34.
- [12] 车海彦, 林雅婷, 罗大全, 等. 南方番茄病毒在海南省的发生分布及全基因组序列分析 [J]. 热带作物学报, 2024, 45(1): 30-40.
- [13] 刘玉莹, 熊志琦, 苏晓霞, 等. 云南怒江番茄种植新区番茄病毒检测及病毒种传特性 [J]. 植物保护, 2024, 50(1): 272-279.
- [14] 郜雅欣, 高艳明, 李建设, 等. 宁夏地区不同品种番茄主要病毒病的分子鉴定及抗性评价 [J]. 西北农业学报, 2024, 33(4): 726-735.
- [15] 高利利, 孙国珍, 王勇, 等. 天津地区番茄褪绿病毒的分子检测和鉴定 [J]. 华北农学报, 2015, 30(3): 211-215.
- [16] 吴淑华, 李廷芳, 赵文浩, 等. 江苏省番茄黄化曲叶病毒和褪绿病毒复合侵染的分子检测 [J]. 园艺学报, 2016, 43(1): 89-99.
- [17] 汤亚飞, 何自福, 余小漫, 等. 侵染广东番茄的番茄褪绿病毒分子鉴定 [J]. 植物保护, 2017, 43(2): 133-137.
- [18] 周彦. 柑桔衰退病毒相关研究进展 [J]. 中国南方果树, 2024, 53(2): 1-8.
- [19] 王志荣, 李晓东, 朱玉, 等. 陕西杨凌番茄褪绿病毒的分子检测 [J]. 植物保护, 2018, 44(2): 81-88.
- [20] 王雪忠, 张战泓, 郑立敏, 等. 番茄褪绿病毒在湖南省首次发生 [J]. 中国蔬菜, 2018(8): 27-31.
- [21] 王帅鑫, 史晓斌, 张战泓, 等. 内蒙古和贵州地区粉虱发生对番茄褪绿病毒流行的影响 [J]. 植物保护, 2020, 46(5): 42-46, 52.
- [22] 孙晓军, 周婷婷, 玉山江·麦麦提, 等. 设施番茄病毒病原鉴定 [J]. 新疆农业科学, 2021, 58(1): 99-106.
- [23] 马晓春, 李建设, 高艳明, 等. 宁夏地区不同品系番茄主要病毒病种类鉴定及复合侵染研究 [J]. 西南农业学报, 2022, 35(11): 2536-2543.
- [24] 金凤媚, 薛俊, 孙海波, 等. 基于小 RNA 技术的天津地区番茄花叶病毒分子检测与基因组部分序列分析 [J]. 华北农学报, 2021, 36(5): 176-183.
- [25] 杨菲, 张爱红, 王秀芝, 等. 内蒙古赤峰地区番茄斑萎病毒的鉴定 [J]. 园艺学报, 2021, 48(6): 1208-1216.
- [26] 王晓敏, 李洪磊, 王林, 等. 银川番茄斑萎病毒的分子鉴定 [J]. 植物学报, 2021, 56(6): 715-721.
- [27] 王燕春, 奥妮, 陈琪, 等. 内蒙古设施番茄、辣椒主要病毒病种类分析 [J]. 北方农业学报, 2023, 51(1): 61-71.
- [28] 郑宽瑜, 熊智琦, 魏治镭, 等. 西藏昌都市卡若区蔬菜主要病毒检测及番茄斑萎病毒鉴定 [J]. 植物保护, 2023, 49(6): 63-69.
- [29] 张前荣, 温庆放, 李大忠, 等. 福建省番茄黄化曲叶病毒的分子鉴定分析 [J]. 福建农业学报, 2016, 31(6): 611-615.
- [30] 姜静, 王银磊, 李亚茹, 等. 江苏省及其他地区番茄黄化曲叶病毒的分子鉴定及序列分析 [J]. 江苏农业学报, 2018, 34(1): 238-240.
- [31] 鲁清华, 张宇, 张松柏, 等. 湖南省长沙市番茄黄化曲叶病毒的检测与系统发育分析 [J]. 南方农业学报, 2018, 49(7): 1332-1337.
- [32] 汤亚飞, 余小漫, 李正刚, 等. 广东省番茄黄化曲叶病毒的分子鉴定及序列分析 [J]. 植物保护, 2019, 45(4): 143-148.
- [33] 陈利达, 石延霞, 谢学文, 等. 我国不同地区番茄主要病毒病种类的分子检测与分析 [J]. 华北农学报, 2020, 35(1): 185-193.
- [34] 汤亚飞, 周洋, 张丽, 等. 番茄黄化曲叶病毒侵染危害海南番茄及其分子特征 [J]. 南方农业学报, 2020, 51(8): 1970-1976.
- [35] 苏琴, 崔丽贤, 陈起民, 等. 侵染广西番茄的番茄黄化曲叶病毒的分子鉴定 [J]. 植物保护, 2021, 47(5): 146-151.
- [36] 潘嵩, 魏佩瑶, 刘晨, 等. 陕西省番茄黄化曲叶病毒基因间隔区缺失突变体的鉴定与不同分离物间群体进化研究 [J]. 植物保护, 2023, 49(4): 75-83, 91.
- [37] LI Y Y, LIU Q L, XIANG D, et al. First Report of Natural Infection of Tobacco Bushy Top Virus on Tomato and Pepper in China [J]. Plant Disease, 2018, 102(7): 1466.
- [38] CHE H Y, LUO D Q, CAO X R. First Report of Tomato Mottle Mosaic Virus in Tomato Crops in China [J]. Plant Disease, 2018, 102(10): 2051.
- [39] YAN Z Y, MA H Y, HAN S L, et al. First Report of Tomato Brown Rugose Fruit Virus Infecting Tomato in China [J]. Plant Disease, 2019, 103(11): 2973.

- [40] LI R C, LIU Y, YIN C L, et al. Occurrence of Tomato Leaf Curl New Delhi Virus in Tomato (*Lycopersicon esculentum*) in China [J]. *Plant Disease*, 2023, 107(5): 1639.
- [41] 魏旭. 三种马铃薯病毒外壳蛋白基因原核表达体系构建 [D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2024.
- [42] FINETTI-SIALER M M, CILLO F, BARBAROSSA L, et al. Differentiation of Cucumber Mosaic Virus Subgroups by RT-PCR RFLP [J]. *Journal of Plant Pathology*, 1999, 81(2): 145-148.
- [43] AGUILAR J M, HERNÁNDEZ-GALLARDO M D, CENIS J L, et al. Complete Sequence of the Pepino Mosaic Virus RNA Genome [J]. *Archives of Virology*, 2002, 147(10): 2009-2015.
- [44] 李鑫, 陈雅诗, 朱连, 等. 进境荷兰百合中车前草花叶病毒的分子鉴定及序列分析 [J]. *植物病理学报*, 2017, 47(2): 197-202.
- [45] 崔红红, 张幸媛, 田宇豪, 等. 湖南省马铃薯病毒病发生情况调查 [J]. *植物保护*, 2022, 48(1): 198-203.
- [46] 杨翠云, 于翠, 宋绍祚, 等. 番茄黑环病毒分子生物学检测方法及其分离物序列分析 [J]. *植物检疫*, 2006, 20(5): 275-278.
- [47] 郑轩, 成巨龙, 赵震, 等. 五种烟草病毒 TMV、CMV、TEV、PVY 及 TVBMV 的多重 RT-PCR 同步检测 [J]. *植物病理学报*, 2011, 41(2): 146-153.
- [48] LEVITZKY N, SMITH E, LACHMAN O, et al. The Bumblebee *Bombus Terrestris* Carries a Primary Inoculum of Tomato Brown Rugose Fruit Virus Contributing to Disease Spread in Tomatoes [J]. *PLoS One*, 2019, 14(1): e0210871.
- [49] 粟智平, 杨益娥, 赵伟铎, 等. 半巢式 RT-Realtime PCR 检测番茄丛矮病毒 [J]. *现代农业科技*, 2015(18): 148-150.
- [50] BUXTON-KIRK A, ADAMS I, FREW L, et al. First Report of Turnip Yellows Virus in Cabbage in the Philippines [J]. *New Disease Reports*, 2021, 44(1): e12020.
- [51] 杨洋, 汪蝶, 杨懿德, 等. 烟草 4 种病毒的多重 RT-PCR 检测方法构建 [J]. *烟草科技*, 2020, 53(9): 6-11.
- [52] LI Y Y, TAN G L, XIAO L, et al. A Multiyear Survey and Identification of Pepper- and Tomato-Infecting Viruses in Yunnan Province, China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 623875.
- [53] 薛东齐. 中国番茄黄化曲叶病毒株系分化及侵染性克隆的构建 [D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2013.
- [54] 熊艳, 周常勇, 李茵, 等. PaLCuCNV 和 TYLCCNV 复合侵染引起更严重的番茄黄化曲叶病 [J]. *园艺学报*, 2014, 41(2): 268-276.
- [55] BERGUA M, LUIS-ARTEAGA M, ESCRIU F. Genetic Diversity, Reassortment, and Recombination in Alfalfa Mosaic Virus Population in Spain [J]. *Phytopathology*, 2014, 104(11): 1241-1250.
- [56] AMIN H A, YOUNES H A, SHAFIE R M, et al. Molecular Characterization and Evolution of the Resident Population of Some Alfalfa Mosaic Virus (AMV) Isolates in Egypt [J]. *BMC Microbiology*, 2023, 23(1): 261.
- [57] WANG X, LIU C C, TAN Z Y, et al. Population Genetics and Phylogeography of Alfalfa Mosaic Virus in China and a Comparison with Other Regional Epidemics Based on the Cp Gene [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 13: 1105198.
- [58] 柴阿丽, 陈利达, 许帅, 等. 新疆喀什辣椒轻斑驳病毒和黄瓜花叶病毒复合侵染的分子鉴定 [J]. *华北农学报*, 2020, 35(S1): 332-337.
- [59] 田文, 邱艳红, 秦文韬, 等. 北京地区侵染茄子的番茄斑驳病毒分子鉴定与分析 [J]. *植物保护*, 2024, 50(2): 246-251.
- [60] XU C X, SUN X P, TAYLOR A, et al. Diversity, Distribution, and Evolution of Tomato Viruses in China Uncovered by Small RNA Sequencing [J]. *Journal of Virology*, 2017, 91(11): 173-190.
- [61] 李月月, 周文鹏, 路思倩, 等. 番茄斑驳花叶病毒在我国茄科作物上的发生及生物学特性 [J]. *中国农业科学*, 2020, 53(3): 539-550.
- [62] 罗瑞雪, 赵丹, 潘求一, 等. 番茄黄化曲叶病毒与番茄褪绿病毒复合侵染对番茄黄化曲叶病毒传播的影响 [J]. *植物保护*, 2022, 48(5): 116-121, 128.
- [63] 刘晨, 潘嵩, 魏佩瑶, 等. 陕西省番茄黄化曲叶病毒寄主范围测定 [J]. *北方农业学报*, 2022, 50(4): 55-59.