

徐红梅, 庄新建, 陈佳欢, 等. 蚕豆常见病毒病的鉴定及分类综述[J]. 江苏农业科学, 2020, 48(24): 8-16.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2020.24.002

蚕豆常见病毒病的鉴定及分类综述

徐红梅¹, 庄新建¹, 陈佳欢², 甘海峰¹, 贺振¹, 张坤¹

(1. 扬州大学园艺与植物保护学院, 江苏扬州 225009; 2. 扬州大学附属医院, 江苏扬州 225009)

摘要:豆类生产历史悠久, 品种类型多种多样。种植地区主要分布在亚洲西南部, 是重要的经济作物。蚕豆在农业生产过程中, 多种生物及非生物因素严重损害了其产量和品质, 其中蚕豆的各种病虫害造成的损失尤为明显。随着蚕豆种植面积的增加, 近几年病毒病害发展迅猛, 发病症状严重, 降低了蚕豆的产量, 影响了其质量。本文从蚕豆上常见的病毒病种类以及其生物学特性进行综述, 阐述蚕豆病毒发生分布情况, 以期为我国蚕豆病害的鉴定及后续防治提供可靠的数据支撑。

关键词:蚕豆; 病毒病; 研究进展; 防治; 生物学特性

中图分类号: S435.23 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2020)24-0008-09

蚕豆(*Vicia faba* L.) 是豆科(Leguminosae)野豌豆族(Vicieae)野豌豆属(*Vicia*)中重要的粮食作物之一, 在温度适宜的地区均有栽培。蚕豆不仅富含蛋白质和碳水化合物, 而且栽培成本较低。目前, 国外已有用蚕豆提取抗癌物质的报道, 具有良好的经济效益^[1]。

蚕豆为一年生豆类作物, 由于其主根富含根瘤菌, 因此种植蚕豆可以改善土壤物理和化学性质, 提高土壤肥力, 是作物间作、轮作的良好选择^[2]。蚕豆在生长发育过程中, 经常会受到各种病害的侵袭, 引起的症状与自身携带病原物相关, 其次也与其基因型和发病时期的环境条件相关。引起蚕豆病害的病原物主要包括真菌和病毒, 目前发现有超过 30 多种真菌病害, 包括蚕豆萎蔫病、蚕豆赤斑病、蚕豆褐斑病等^[2]。目前, 发现的蚕豆病毒病种类繁多, 大约有 50 多种, 这些病毒病的发生对蚕豆的生产造成了极大的危害^[2]。在蚕豆的实际生产中, 病毒病的田间鉴定存在很多难点, 一方面, 同一品种的单株蚕豆可能会携带不同的病毒病; 另一方面,

很多不同的病毒会引起相似的症状^[3]。因此, 深入总结蚕豆病毒病及其对植物造成的症状, 有助于深入理解其造成的重大损失, 这有助于更精准地识别蚕豆病毒病害, 有利于病毒病的早期田间防控。

本文总结及概括已报道的蚕豆病毒病, 重点关注分布于 8 科 18 种常见的蚕豆病毒病害, 并从病毒的分类地位及寄主范围、病毒特性、侵染途径与症状等 3 个方面对这些已经报道的能侵染蚕豆的病毒进行详细阐述及总结。本文主要以蚕豆萎蔫病毒、蚕豆斑驳病毒、蚕豆染色病毒、蚕豆坏死黄化病毒、蚕豆黄斑花叶病毒、蚕豆斑驳病毒、菜豆黄花叶病毒、芜菁花叶病毒、黄瓜花叶病毒、大豆花叶病毒、菜豆卷叶病毒、烟草花叶病毒等方面展开, 总结及概括不同病毒的不同特性, 旨在为后续蚕豆的田间种植及其病毒病识别及防控提供一定科学依据。

1 豇豆花叶病毒科

1.1 蚕豆萎蔫病毒

1.1.1 分类地位与寄主范围 蚕豆萎蔫病毒(broad bean wilt virus, 简称 BBWV)最早是在蚕豆上发现的, 是蚕豆病毒属(*Fabavirus*)病毒的代表种。

1.1.2 病毒特性 BBWV 病毒粒子为等轴对称的二十面体, 直径约为 25 nm, 无包膜。该病毒基因组由 2 条正义单链 RNA 组成, RNA1 编码多聚蛋白, 水解切割产生 5 个成熟肽; 而 RNA2 编码多聚蛋白, 水解产生 4 个功能肽(图 1-A)^[4]。BBWV 有 2 种血清型, 依据血清型差异将其区分为 2 类, 即蚕豆萎蔫病毒 1 号(BBWV1)和蚕豆萎蔫病毒 2 号

收稿日期: 2020-03-17

基金项目: 国家自然科学基金(编号: 31601604, 31801699); 江苏省高校自然科学基金(编号: 16KJB210015, 18KJB210012); 江苏省自然科学基金(编号: BK20180904); 江苏省科协“人才托举工程”资助项目; 扬州市“绿杨金凤”优秀博士人才资助项目。

作者简介: 徐红梅(1996—), 女, 江苏南通人, 硕士研究生, 主要从事分子植物病毒学研究。E-mail: hm66682@163.com。

通信作者: 张坤, 博士, 讲师, 主要从事分子植物病毒学研究。E-mail: zk@yzu.edu.cn。

(BBWV2),在我国 BBWV2 普遍发生^[5]。

1.1.3 侵染途径与症状 该病毒主要通过蚜虫和机械摩擦进行非持久性传播,暂无种传报道^[6]。BBWV 在很多国家被相继报道过,不仅可以侵染豇豆、大豆、豌豆等作物,还可侵染藜麦、烟草、昆诺藜等植物,造成严重的危害^[7]。它可侵染 44 个科 186 个属中的 328 种植物,寄主范围非常广^[8]。BBWV 侵染植株叶片,初期表现为叶片褪绿黄化,最后叶片枯萎或坏死(图 1 - C)^[5]。发生较轻的植株结荚数减少,感病严重的植株未结荚就会死亡。蚜虫介体主要包括桃蚜、豆蚜、豌豆蚜等。田间管理条件差、气候干旱、蚜虫发生量大时,病毒引起的危害加重^[9]。

1.2 蚕豆染色病毒

1.2.1 分类地位 蚕豆染色病毒(broad bean stain virus,简称 BBSV),是豇豆花叶病毒属(*Comovirus*)病毒的成员。

1.2.2 病毒特性 BBSV 病毒粒子为等轴球状,是正义单链 RNA 病毒,病毒衣壳由 2 种分子量的蛋白质亚基组成(Major CP:40 ~ 45 ku 和 Minor CP:21 ~ 27 ku)(图 1 - B)^[4]。

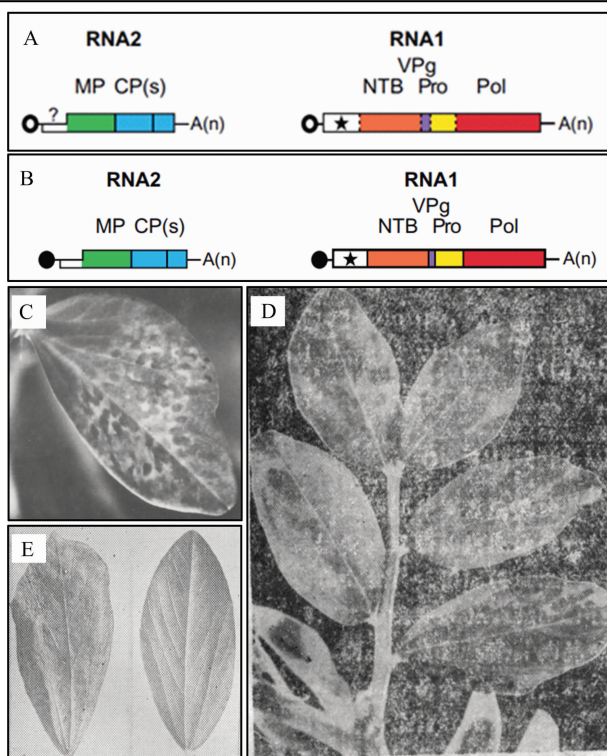
1.2.3 侵染途径与症状 该病毒主要经豌豆无网管蚜、豆蚜、蚕豆蚜以持久性的方式进行传播,病毒可以长期在介体体内存在,但不能通过机械传播以及种传^[10]。蚕豆植株在发病初期新叶卷曲,呈现褪绿或黄化,叶片平展,少数发病植株在边缘出现皱缩或畸形,个别小叶无任何病变(图 1 - D)^[11],后期植株矮缩豆荚减少,甚至坏死。

1.3 蚕豆真花叶病毒

1.3.1 分类地位 蚕豆真花叶病毒(broad bean true mosaic virus,简称 BBTMV),是豇豆花叶病毒属(*Comovirus*)病毒的成员。

1.3.2 病毒特性 病毒粒子等轴对称,直径约 25 nm,外壳由 2 种蛋白质亚基组成,这 2 种蛋白的分子量分别为 44 ku 和 22 ku(图 1 - B)^[4]。病毒的致死温度为 80 ~ 85 ℃,室温下于体外能存活 6 d^[12]。

1.3.3 侵染途径与症状 BBTMV 可以侵染蚕豆、羽扇豆、野豌豆属和山黧豆属等多种豆科植物。该病毒既可以通过蚜虫叮咬传播,也可以通过汁液接种或种子传播。病毒侵染后,发病植株先出现紫褐色斑点,6 d 后未接种叶片出现失绿,继而表现为花叶,基部逐渐呈紫褐色斑或块斑,植株生长受阻后矮缩(图 1 - E)^[12-13]。



A. 蚕豆病毒属的基因组结构(以蚕豆萎蔫病毒 2 号为例);

B. 豇豆花叶病毒属的基因组结构(以豇豆花叶病毒为例);

C. 蚕豆萎蔫病毒侵染蚕豆叶片出现黄化褪绿等症状;

D. 蚕豆染色病毒侵染蚕豆叶片出现卷曲、褪绿、黄化等症状;

E. 蚕豆真花叶病毒侵染蚕豆叶片出现花叶等症状

图1 豇豆花叶病毒科相关病毒的基因组结构以及在蚕豆上的症状表现^[4-5,11,13]

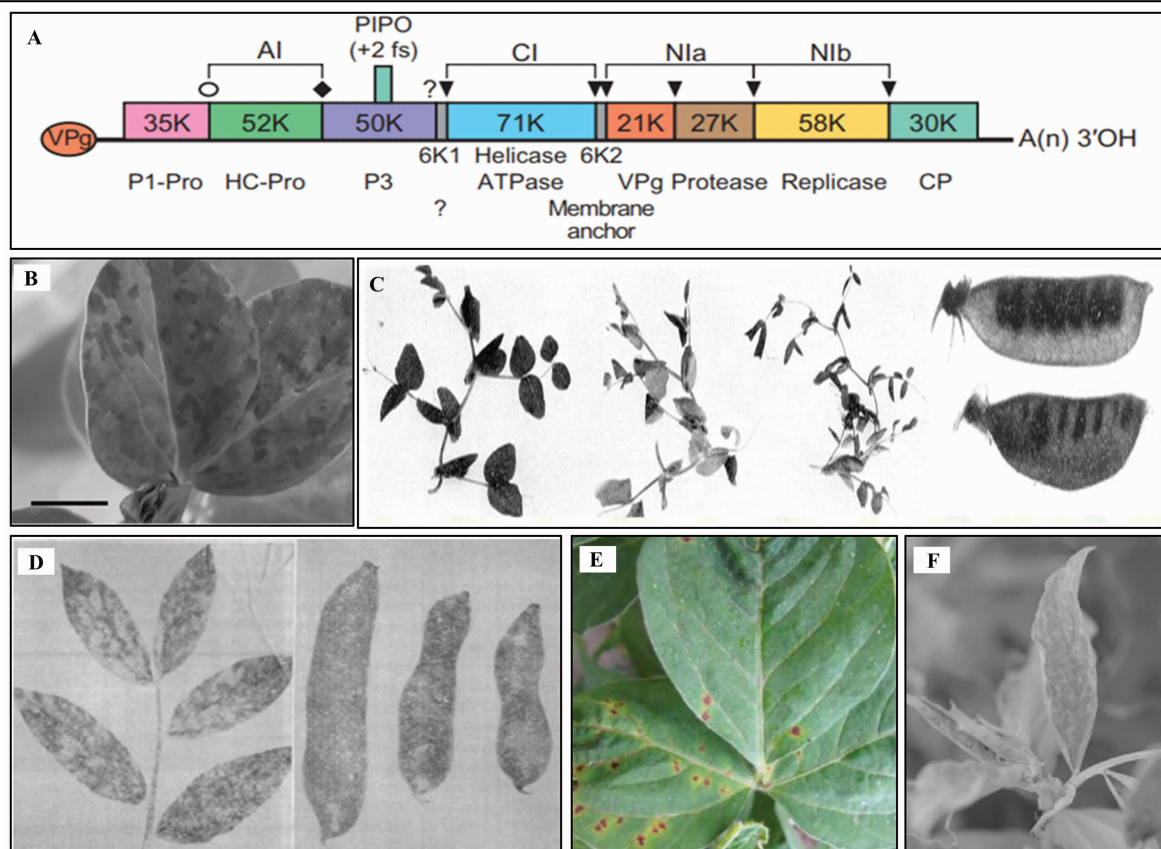
2 马铃薯 Y 病毒科

2.1 菜豆黄花叶病毒

2.1.1 分类地位 菜豆黄化花叶病毒(bean yellow mosaic virus,简称 BYMV),是马铃薯 Y 病毒属(*Potyvirus*)病毒的成员。

2.1.2 病毒特性 BYMV 病毒粒子为线状,直径为 12 ~ 15 nm。基因组为正义单链 RNA,全长为 9.5 kb,编码 1 个多聚蛋白,该多聚蛋白质裂解产生 10 个功能蛋白质,分别为 P1、HC-Pro、P3、6K1、CI、6K2、NIa-VPg、NIa-Pro、NIb、CP,其中 PIPO 由内部起始编码策略编码(图 2 - A)^[4]。外壳蛋白 CP 是 BYMV 重要的结构蛋白,其可能对病毒组装以及蚜虫传播病毒产生影响,此外它还与病毒的胞间移动相关^[14-15]。

2.1.3 侵染途径与症状 BYMV 可侵染 12 个科的 114 种植物,可对大多数豆科作物造成危害。常见症状有黄化花叶、斑驳、褶皱、叶片变小等(图 2 - B),严重时造成植株系统坏死^[14-15]。通过蚜虫如桃蚜、蚕豆蚜等以非持久性方式传播,也可通过种子



A. 马铃薯病毒属的基因组结构(以烟草蚀刻病毒为例); B. 菜豆黄花叶病毒侵染蚕豆叶片出现花叶等症; C. 豌豆种传花叶病毒侵染豌豆叶片出现卷曲, 侵染豆荚出现不规则扭曲等症; D. 芜菁花叶病毒侵染蚕豆叶片出现病斑, 侵染豆荚生长迟缓、出现坏死斑等症; E. 大豆花叶病毒侵染蚕豆叶片出现花叶和坏死等症; F. 三叶草黄脉病毒侵染蚕豆叶片出现扭曲变形等症

图2 马铃薯 Y 病毒科相关病毒的基因组结构以及在豆科植物上的症状表现^[4,14,20,23,31]

传播^[16-17]。

2.2 豌豆种传花叶病毒

2.2.1 分类地位和分布 豌豆种传花叶病毒(pea seed-borne mosaic virus, 简称 PSbMV), 是马铃薯 Y 病毒属(*Potyvirus*)病毒的成员。

2.2.2 病毒特性 病毒粒体为弯曲线状, 病毒基因组为正义单链 RNA, 全长为 10 kb(图 2-A)^[4]。病毒的致死温度为 55~60℃, 常温下病毒的体外保毒期为 1~4 d。

2.2.3 侵染途径与症状 PSbMV 由蚜虫半持久性和非持久性传播, 12 个属的 21 种蚜虫可以传播病毒。此外, 还可以通过种子和机械接种传播^[18]。PSbMV 可侵染 12 个科 47 种植物, 其中豌豆是其主要的自然寄主。与图 2-C 最左侧的健康植株相比, 病毒侵染初期叶片温和的卷曲, 后期严重卷曲, 豆荚不规则扭曲^[19-20](图 2-C)。

2.3 芜菁花叶病毒

2.3.1 分类地位 芜菁花叶病毒(turnip mosaic virus, 简称 TuMV), 是马铃薯 Y 病毒属(*Potyvirus*)

病毒的成员。

2.3.2 病毒特性 病毒粒体为线状, 是正义单链 RNA 病毒, 长度约为 9.7 kb。病毒粒子包含单个 CP, 大小为 30~47 ku(图 2-A)^[4]。病毒的热钝化温度为 55~62℃, 其在常温下的体外保毒期为 48~72 h^[21]。

2.3.3 侵染途径与症状 在自然情况下芜菁花叶病毒主要通过蚜虫传播, 包括桃蚜、甘蓝蚜、萝卜蚜等。此外, 据报道在人工汁液摩擦接种情况下, 可以侵染 43 科 156 属 318 种植物^[22]。TuMV 侵染蚕豆后, 蚕豆上部叶出现褪绿或者灰白色斑驳, 但在气温升高时会表现出花叶, 而下部叶片出现紫红色或者紫褐色环状斑。受 TuMV 侵染的蚕豆常出现叶片病斑, 与图 2-D 左侧的健康豆荚相比, 另外 2 个受侵染豆荚生长迟缓、出现坏死斑^[23]。

2.4 大豆花叶病毒

2.4.1 分类地位和分布 大豆花叶病毒(soybean mosaic virus, 简称 SMV), 是马铃薯 Y 病毒属(*Potyvirus*)病毒的成员。

2.4.2 病毒特性 病毒粒体呈线状,长度约为 750 nm。SMV 基因组由 1 条约为 9.6 kb 的正义单链 RNA 组成(图 2-A)^[4,24]。病毒的致死温度为 62~68 ℃,稀释限点为 $10^3 \sim 10^5$ 倍,体外保毒期为 2~6 d。

2.4.3 侵染途径与症状 SMV 的寄主范围局限于同一属的 2 种植物:栽培大豆和野生大豆。通过蚜虫非持续性传播,也可以通过种子传播^[25]。由于大豆品种、发病期气温、病毒种类及感病时期的差异,表现症状主要为花叶和坏死等 2 种(图 2-E)^[26-27]。

2.5 三叶草黄脉病毒

2.5.1 分类地位 三叶草黄脉病毒(clover yellow vein virus,简称 CIYVV),是马铃薯 Y 病毒属(*Potyvirus*)病毒的成员。CIYVV 由英国的 Holling 等在白三叶草中首次分离并报道^[28],随后发现其能侵染蚕豆。

2.5.2 病毒特性 病毒粒体为弯曲线状,基因组为长约 10 kb 的正义单链 RNA,编码 1 个多聚蛋白,经自身蛋白酶裂解形成 10 个成熟的蛋白(图 2-A)^[4,29],其中通过内部起始策略编码 1 个蛋白(PIPO),最终共编码 11 个成熟蛋白。

2.5.3 侵染途径与症状 CIYVV 的寄主种类较多,其中受害最严重的是茄科、藜科、豆科植物^[30]。发病时可引起叶片早落、新鲜绿豆荚变形坏死、发育迟缓,严重时可引起植株扭曲变形或者死亡(图 2-F),导致严重的经济损失^[31]。

3 雀麦花叶病毒科

3.1 蚕豆斑驳病毒

3.1.1 分类地位 蚕豆斑驳病毒(broad bean mottle virus,简称 BBMV),是雀麦花叶病毒属(*Bromovirus*)病毒的成员。

3.1.2 病毒特性 BBMV 病毒粒子为球状,直径为 27 nm,无包膜。BBMV 为三分子线形正义单链 RNA,5' 端含有甲基化的帽子结构,3' 端具有 tRNA 相似结构(三叶草结构),并结合 1 个酪氨酸。BBMV 的复制酶由 1a 与 2a 蛋白组成,其 1a 蛋白由 RNA1 编码,2a 蛋白由 RNA2 编码(图 3-A)^[4]。

3.1.3 侵染途径与症状 BBMV 在自然条件下可以危害蚕豆、菜豆、白羽扇豆等豆科植物,也可以通过汁液接种传毒。病株初期叶片呈黄色斑驳,进而弥散成花叶,最后表现为干枯坏死(图 3-B)^[32]。传播介体主要为黄瓜条叶甲、黄瓜十一星叶甲和柑

桔叶甲等昆虫^[10]。

3.2 黄瓜花叶病毒

3.2.1 分类地位 黄瓜花叶病毒(cucumber mosaic virus,简称 CMV),是黄瓜花叶病毒属(*Cucumovirus*)病毒的代表种。

3.2.2 病毒特性 该病毒的病毒粒子为正二十面体,直径长为 28~30 nm。粒体仅由 RNA 和蛋白质组成。CMV 为正义单链 RNA 病毒,基因组由 RNA1、RNA2、RNA3 组成,RNA1 编码 1a(病毒基因组复制所必需的蛋白),RNA2 编码 2a(RNA 依赖的 RNA 聚合酶)与 2b(沉默抑制子的功能),RNA3 编码病毒的运动蛋白(movement protein,简称 MP)和外壳蛋白(coat protein,进程 CP)等 5 个蛋白(图 3-A)^[4,33-34]。病毒粒子在室温下能在体外存活 72~96 h,其致死钝化温度为 65~70 ℃^[35]。

3.2.3 侵染途径与症状 CMV 是寄主范围最广的病毒,可侵染 1 000 多种植物^[36]。CMV 依靠蚜虫进行非持久性传播,常见的有棉蚜和桃蚜。不同的蚜虫传毒速率受到蚜虫种类、寄主植物品种以及环境条件的影响。此外,CMV 可以通过汁液摩擦进行传播。CMV 侵染后会引花叶(图 3-C)^[37],同一种病毒不同的单个病株会产生不同症状,如畸形和黄化等症^[38]。

3.3 苜蓿花叶病毒

3.3.1 分类地位 苜蓿花叶病毒(alfalfa mosaic virus,简称 AMV),是苜蓿花叶病毒属(*Alfavirus*)病毒的代表种。

3.3.2 病毒特性 AMV 的病毒粒子为杆状,长度为 18 nm,其基因组 5' 端具有帽子结构,属于正义单链 RNA 病毒。病毒的 CP 大小约 20~24 ku,病毒的复制是通过 CP 结合到复杂的 3' 端结构来激活的(图 3-A)^[4]。

3.3.3 侵染途径与症状 该病毒发生普遍,既能通过蚜虫,如豌豆蚜、扁豆蚜、蚕豆蚜等以非持久性传播,也能通过汁液摩擦接种进行传播。目前尚未发现蚕豆种子传毒的报道,但通过苜蓿种子可以传毒。AMV 侵染蚕豆后,叶片和茎秆会出现坏死斑,最后萎蔫死亡^[39]。AMV 侵染三生烟后,可以看见明显的褪绿及坏死斑(图 3-D)^[40]。

4 黄症病毒科

4.1 豌豆耳突花叶病毒

4.1.1 分类地位 豌豆耳突花叶病毒(pea enation

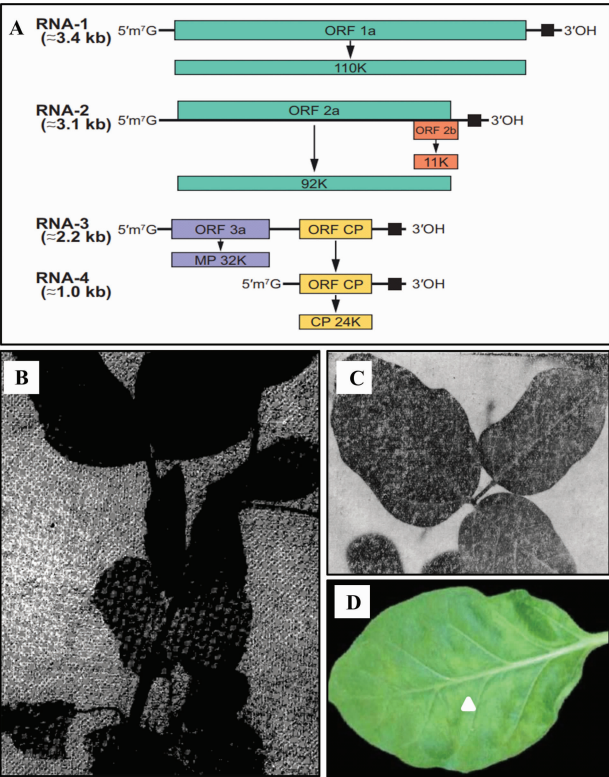


图3 雀麦花叶病毒科的相关病毒基因组结构以及症状表型[4,32,37,40]

mosaic virus, 简称 PEMV), 是耳突花叶病毒属

(*Enamovirus*) 病毒的代表种。

4.1.2 病毒特性 该病毒的病毒粒子为等轴对称的二十面体,直径分别为 25 nm 和 28 nm。PEMV 由蛋白质外壳及其包裹的正义单链 RNA 构成,约 5 706 nt。RNA 的 3' 端无 Poly (A),5' 端具有 1 个 VPg 结构(图 4 - A) [4,35]。

4.1.3 侵染途径与症状 PEMV 依靠蚜虫进行持久性传播,不同株系间致病力不同[41]。病毒能侵染许多豆科植物如豌豆、香豌豆和蚕豆,引起寄主植物耳突、皱曲、花叶或黄斑等症状(图 4 - C) [39]。

4.2 菜豆卷叶病毒

4.2.1 分类地位 菜豆卷叶病毒 (bean leaf roll virus,简称 BLRV),是黄症病毒属 (*Luteovirus*) 病毒的成员。

4.2.2 病毒特性 病毒粒子为球状,直径为 25 nm[9]。BLRV 是正义单链 RNA 病毒,其基因组由 6 个开放阅读框组成,约为 5 677 ~5 964 nt。ORF1 和 ORF2 编码与复制相关的蛋白质(图 4 - B) [4]。

4.2.3 侵染途径与症状 BLRV 受到植物韧皮部的限制,仅通过蚜虫进行循环式传播,如无管网蚜、桃蚜和豆蚜等[42 - 44]。与图 4 - D 左侧的健康蚕豆叶片相比,侵染初期顶端叶片褪绿黄化卷曲,植株上部叶柄缩短,叶片变小且脉间黄化。发病后期整个植株严重矮缩、豆荚减少或不孕,重病株颗粒无收[44]。

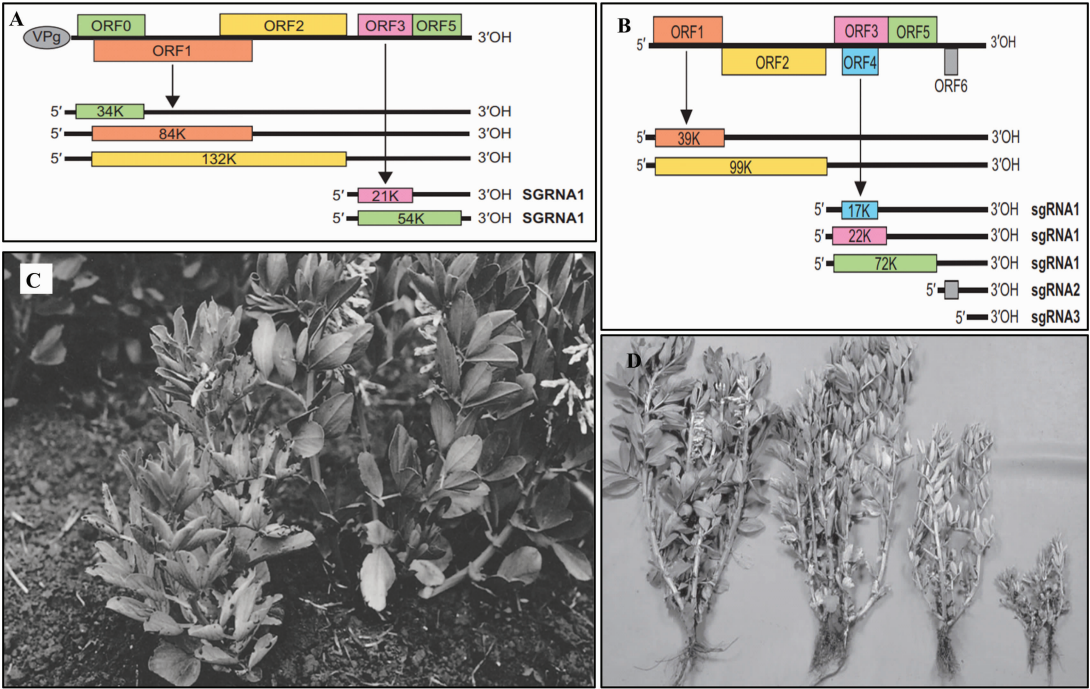


图4 黄症病毒科的相关病毒基因组结构以及在蚕豆上的症状表型[4,42,44]

5 矮缩病毒科

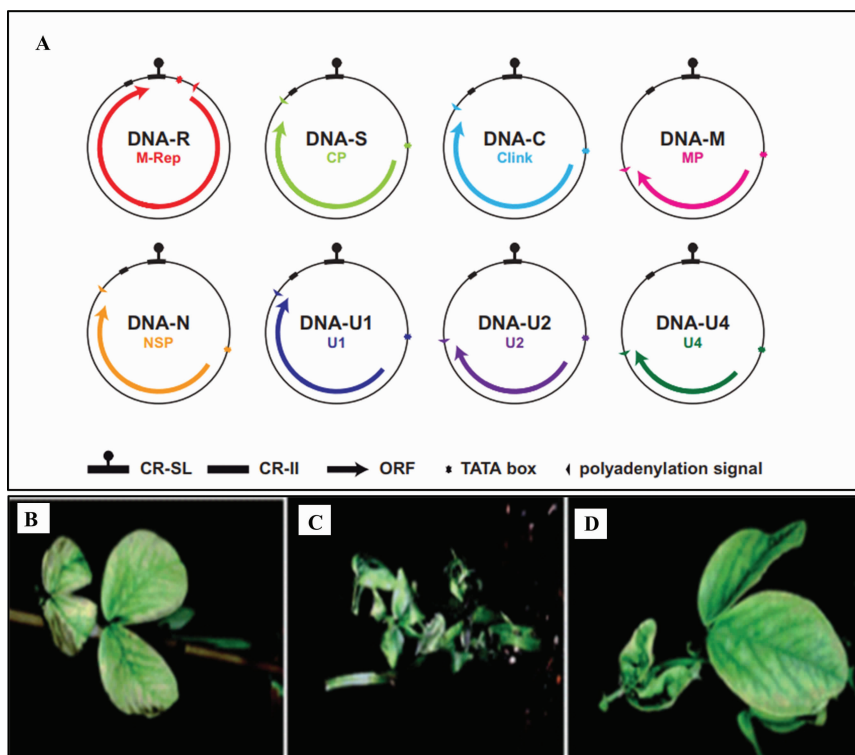
5.1 蚕豆坏死黄化病毒

5.1.1 分类地位 蚕豆坏死黄化病毒 (faba bean necrotic yellows virus, 简称 FBNYV) 是矮缩病毒属 (*Nanovirus*) 病毒的成员。

5.1.2 病毒特性 病毒粒子直径为 18 nm, 无包膜, 核衣壳等轴^[45]。基因组由多环单链 DNA 组成^[46], 并含有 polyA 尾巴, 钝化温度为 85 ~ 90 ℃。

CP 约为 19 ku, 参与病毒粒子的组装 (图 5 - A)^[4]。

5.1.3 侵染途径与症状 经豌豆无网管蚜、豆蚜、蚕豆蚜以持久性的方式进行传播, 病毒可以长期在介体体内存在。该病毒不能通过机械传播或种子传播^[47]。感病植株发病时叶片出现褪绿坏死、萎蔫、卷曲黄化等症状 (图 5 - B、图 5 - C、图 5 - D)^[48], 后期表现为叶片坏死甚至植株矮缩, 豆荚减少。该病毒在蚕豆、鹰眼豆、扁豆等豆科作物中发病率很高^[49]。



A. 矮缩病毒属的基因组结构; B. 蚕豆坏死黄化病毒侵染蚕豆叶片出现褪绿坏死等症状;
C. 蚕豆坏死黄化病毒侵染蚕豆叶片出现萎蔫症状; D. 蚕豆坏死黄化病毒侵染蚕豆叶片出现卷曲黄化症状

图5 矮缩病毒科的相关病毒基因组结构以及在蚕豆上的症状表现^[4,49]

6 其他病毒

6.1 烟草花叶病毒

6.1.1 分类地位 烟草花叶病毒 (tobacco mosaic virus, 简称 TMV) 是 RNA 病毒, 是杆状病毒科 (Virgaviridae) 烟草花叶病毒属 (*Tobamovirus*) 病毒的代表种。

6.1.2 病毒特性 TMV 病毒粒子为杆状, 大小为 300 nm × 18 nm。病毒为正义单链 RNA 病毒, 约含 640 nt, 其外壳由 2 130 个蛋白亚基组成, 这些亚基围绕 RNA 分子螺旋排列, 每个亚基含 158 个氨基酸残基 (图 6 - A)^[4]。

6.1.3 侵染途径与症状 TMV 寄主范围广, 可侵染 350 多种植物, 覆盖 30 个科。被 TMV 侵染后, 首先在蚕豆新叶上出现“明脉”症状, 接着出现黄绿花叶症状, 典型的花叶症状为浓绿和浅绿相间且叶片厚薄不均。严重时叶片皱缩、扭曲, 叶片变细, 叶缘有缺刻^[50]。

6.2 豌豆早褐病毒

6.2.1 分类地位 豌豆早褐病毒又称豌豆早枯病毒 (pea early - browning virus, 简称 PEBV), 是杆状病毒科 (Virgaviridae) 烟草脆裂病毒属 (*Tobravirus*) 病毒的成员。

6.2.2 病毒特性 PEMV 病毒粒子是短棒状, 宽为

20 nm。病毒的基因组由 2 条正义单链 RNA 组成，它们分别被外壳蛋白包壳，属于多分体病毒。RNA1 编码的蛋白主要参与病毒基因组的复制及胞间运动(图 6 - B)。试验结果表明，在 RNA2 缺失情况下，RNA1 仍可系统感染宿主植物^[4]。

6.2.3 侵染途径与症状 PEMV 可以感染 10 个科 30 种双子叶植物，主要靠土壤中的线虫以及种子传播。早期感染病毒的植株豆荚小而畸形，幼苗有褐色环纹并发育迟缓，最后死亡。植株的上部叶片常表现黄化、斑驳和坏死，豆荚变色有坏死斑点(图 6 - E)^[51-52]。

6.3 蚕豆潜隐病毒

6.3.1 分类地位 蚕豆潜隐病毒(vicia cryptic virus, 简称 VCV)，是双分病毒科(Partitiviridae)，α 潜隐病毒属(Alphacryptovirus)的成员。

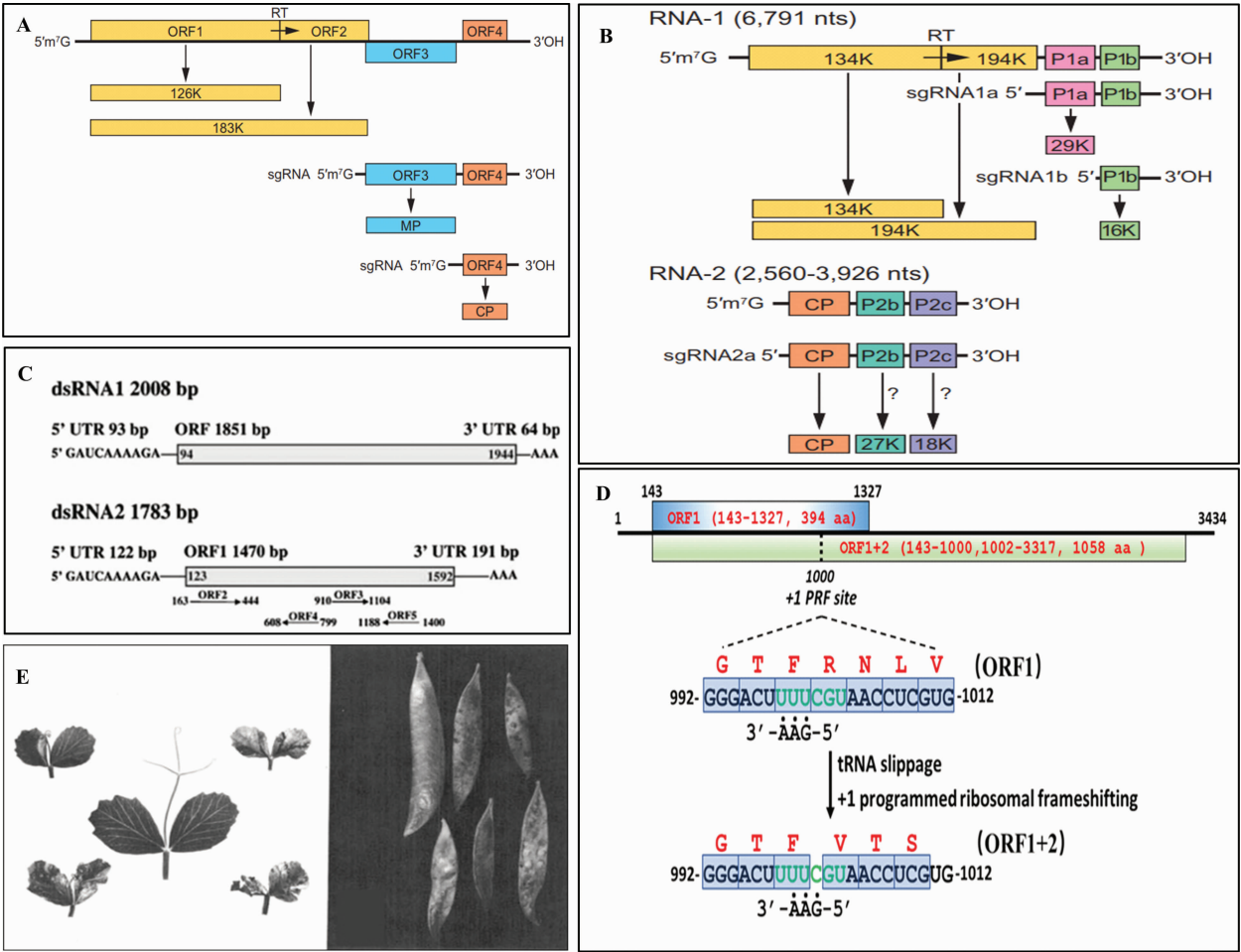
6.3.2 病毒特性 VCV 病毒粒子是等距的，是直

径为 30 nm 的球形。基因组由 2 条双链 RNA 片段组成，分别包裹在单独的粒子中，较大片段编码的依赖于 RNA 的 RNA 聚合酶(RdRp)的大小约为 73 ku, 较小的片段编码的 CP 的大小约为 54 ku。在 dsRNA1 的 3' - UTR 含有 20 个核苷酸的保守序列基序，在 dsRNA2 的 3' - UTR 含有 10 个核苷酸的保守序列基序。在其基因组的 3' 端携带 poly(A) 的尾巴(图 6 - C)^[53]。

6.3.3 侵染途径与症状 VCV 属于种传病毒，不通过机械接种的方式传播，病毒侵染蚕豆基本不呈任何症状，又称之为“神秘”病毒^[54-55]。

6.4 蚕豆潜隐病毒 M

6.4.1 分类地位 蚕豆潜隐病毒(vicia cryptic virus M, 简称 VCV - M)，是混合病毒科(Amalgaviridae)混合病毒属(Amalgavirus)的成员^[56]。2009 年在我国浙江省杭州市第 1 次被报道^[55]。



A. 烟草花叶病毒属的基因组结构(以烟草花叶病毒为例); B. 烟草脆裂病毒属的基因组结构(以烟草脆裂病毒为例); C. α 潜隐病毒属的基因组结构(以甜菜潜隐病毒 1 号为例); D. 混合病毒属的基因组结构; E. 豌豆早褐病毒侵染豌豆叶片出现黄化、斑驳和坏死等症; 侵染豆荚出现变色、坏死斑点的症状

图6 其他病毒科的相关病毒基因组结构以及在豆科植物上的症状表现^[4,53-54]

6.4.2 病毒特性 VCV - M 基因组由 2 条双链 RNA 片段组成,长度约为 3 500 bp。RNA 的正链包含 2 个部分重叠的 ORF,ORF2 通过 +1 的核糖体移位^[57]。ORF2 编码的蛋白包含 RNA 依赖的 RNA 聚合酶保守基序,而 ORF1 是推定的病毒外壳蛋白(CP),但其具体功能尚未知(图 6 - D)。CP 蛋白与一些负义 RNA 病毒的核衣壳蛋白相关^[58],但感病植物组织内未见明显的病毒粒子存在。

6.4.3 侵染途径与症状 VCV - M 主要通过种子或经细胞有丝分裂的方式进行传播,尽管与 VCV 一样,大多数人认为植物被侵染后无明显症状^[54 - 55],但它经常与其他病毒协同侵染植物,表现出较为严重的症状^[59]。

7 结论与讨论

蚕豆病毒病害在世界各地广泛流行,每年给全球作物生产造成巨大的损失。研究该病害的防控技术和方法是人们面临的重要课题,本文详细概述了蚕豆病毒病的研究进展,主要包括其分类地位、病毒特性以及侵染途径与症状,总结侵染蚕豆的 8 科 18 种病毒,提供了各科相关病毒的基因组结构图以及症状图,可方便识别和研究蚕豆病害,在大田生产中能快速高效地对蚕豆病毒病的病原进行鉴定,为后续研究建立安全、高效、稳定的病毒防控技术提供相应的理论基础。此外,随着生态农业的发展,人们对农业可持续发展认识的提高,对蚕豆病毒病的深入了解能够有效地提高蚕豆的产量和品质。根据上述总结的侵染蚕豆的病毒病类型,可为相关研究者提出的一系列对控制病毒病侵染过程的解决途径带来些许参考。

参考文献:

- [1]李雪琴,裴爱泳. 蚕豆生理活性物质研究进展[J]. 粮食与油脂, 2002(7):34 - 35.
- [2]沈 良. 江苏省蚕豆主要病害鉴定及赤斑病药剂防治研究[D]. 南京:南京农业大学,2014:1 - 62.
- [3]Bos L, Hampton R O, Makkouk K M. Viruses and virus diseases of pea, lentil, faba bean and chickpea [M]. Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 1988.
- [4]Owens, Flores, Serio F D, et al. Virus taxonomy: ninth report of the international committee on taxonomy of viruses [M]. Netherlands: Elsevier Science, 2011.
- [5]Qi Y J, Zhou X P, Li D B. Characterization of broad bean wilt virus 2 isolate from glycine max [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 1999, 5(1): 69 - 72.

- [6]Murphy F A, Fanquet C M, Bishop D L, et al. Virus taxonomy: the ninth report of the international committee on taxonomy of viruses [M]. Vienna: Springer - Verlag Press, 1995: 341 - 347.
- [7]Makkouk K M, Kumari S G, Bos L. Broad bean wilt virus: host range, purification, serology, transmission characteristics, and occurrence in faba bean in West Asia and North Africa [J]. European Journal of Plant Pathology, 1990, 96(5): 291 - 300.
- [8]周雪平. 侵染豌豆和蚕豆的蚕豆萎蔫病毒研究[J]. 浙江农业大学学报, 1995, 21(3): 221.
- [9]刘雪建. 浙江省和江西省蔬菜病毒鉴定与变异研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2015: 1 - 141.
- [10]夏明忠. 蚕豆病害研究简介[J]. 园艺与种苗, 1990(3): 45 - 47.
- [11]许志纲, Cockbain A J, 方中达. 蚕豆染色病毒(BBSV)在中国的发生与鉴定[J]. 植物病理学报, 1986, 16(2): 55 - 58.
- [12]丁守伟, 李彦勇. 种传蚕豆真花叶病毒的研究[J]. 植物病理学报, 1985, 15(4): 205 - 209.
- [13]丁守伟, 李彦勇. 蚕豆真花叶病毒的鉴定——I 生物学性状、提纯及血清学特性的研究[J]. 安徽农学院学报, 1985(1): 13 - 17.
- [14]Mohammed D E R, Lu G Q, Fayeze K A, et al. Protective action of salicylic acid against bean yellow Mosaic virus infection in *Vicia faba* leaves [J]. Journal of Plant Physiology, 2008, 165(8): 845 - 857.
- [15]涂丽琴, 吴淑华, 干射香, 等. 江苏省蚕豆上菜豆黄花叶病毒的分子鉴定[J]. 江苏农业学报, 2019, 35(4): 804 - 810.
- [16]Nuessly G S, Hentz M G, Beiriger R, et al. Insects associated with faba bean, *Vicia faba* (Fabales: Fabaceae), in Southern Florida [J]. Florida Entomologist, 2004, 87(2): 204 - 211.
- [17]Sillero J C, Angel M, Villegas - Fernández V, et al. Faba bean breeding for disease resistance [J]. Field Crops Research, 2010, 115(3): 1 - 307.
- [18]Masmoudi K. Specific serological detection of the transmissible virus in pea seed infected by pea seed - borne mosaic virus [J]. Phytopathology, 1994, 84(7): 756.
- [19]陆建英, 杨晓明. 豌豆种传花叶病毒病研究综述[J]. 甘肃农业科技, 2013(9): 50 - 53.
- [20]Hampton R O, Mink G I. Pea seed - borne mosaic virus [DB/OL]. [2019 - 09 - 20]. <http://www.dpvweb.net/dpv/showdpv.php?dpvno=146>.
- [21]周雪平, 濮祖芹. 侵染豌豆的芜菁花叶病毒研究[J]. 南京农业大学学报, 1990, 13(增刊 1): 51 - 55.
- [22]赵学敏, 夏宏勋. 芜菁花叶病毒研究进展[J]. 现代农业科技, 2008(17): 170 - 171, 173.
- [23]许志纲, Cockbain A J. 侵染蚕豆的芜菁花叶病毒的鉴定与提纯[J]. 植物病理学报, 1987, 17(3): 47 - 51.
- [24]Hajimorad M R, Domier L L, Tolín S A, et al. Soybean mosaic virus: a successful potyvirus with a wide distribution but restricted natural host range [J]. Molecular Plant Pathology, 2018, 19(7): 1563 - 1579.
- [25]Almeida A R. Survey of soybean common mosaic and bud blight

- viruses in different regions of Parana state [J]. Fitopatologia Brasileira, 1980, 5(1): 125 – 128.
- [26] 智海剑. 大豆花叶病毒病及其防治策略[J]. 植物医生, 1995, 9(4): 13 – 14.
- [27] 张 锴, 王 宇, 王 涛, 等. 大豆花叶病毒引发大豆不同症状的生理特性比较[J]. 植物病理学报, 2017, 47(3): 325 – 332.
- [28] Hollings M, Nariani T K. Some properties of clover yellow vein, a virus from *Trifolium repens* L. [J]. Annals of Applied Biology, 2008, 56(1): 99 – 109.
- [29] Chung B W, Miller W A, Atkins J F, et al. An overlapping essential gene in the Potyviridae[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2008, 105(15): 5897 – 5902.
- [30] Sasaya T, Shimizu T, Nozu Y, et al. Biological, serological, and molecular variabilities of clover yellow vein virus [J]. Phytopathology, 1997, 87(10): 1014 – 1019.
- [31] 张趁华, 郑红英, 严丹侃, 等. 侵染蚕豆 CIYVV 的鉴定及其衍生的小干扰 RNA 的深度测序鉴定研究[J]. 浙江农业学报, 2018, 30(3): 406 – 412.
- [32] Fortass M. Viruses of faba bean (*Vicia faba* L.) in Morocco; surveying, identification, and ecological aspects [J]. Netherlands Journal of Plant Pathology, 1993, 56(5): 2392 – 2396.
- [33] Brigneti G, Voinnet O, Li W X, et al. Viral pathogenicity determinants are suppressors of transgene silencing in *Nicotiana benthamiana*[J]. The EMBO Journal, 1998, 17(22): 6739 – 6746.
- [34] 都彦伶, 宿 烽, 赵新涛. 黄瓜花叶病毒病的研究和防止策略[J]. 安徽农学通报, 2015, 21(增刊 1): 87 – 89.
- [35] 洪 健. 植物病毒分类图谱[M]. 北京: 科学出版社, 2001: 1 – 275.
- [36] 李爱民, 薛林宝, 张永泰, 等. 黄瓜花叶病毒病防治策略研究进展[J]. 长江蔬菜, 2004(3): 38 – 42.
- [37] 薛宝娣, 陈永萱. 侵染大豆的黄瓜花叶病毒(CMV)[J]. 南京农业大学学报, 1985, 8(4): 36 – 41.
- [38] 覃 瑞, 程旺元. 黄瓜花叶病毒研究进展[J]. 中南民族大学学报(自然科学版), 2004, 23(2): 33 – 37.
- [39] Fortass M, Bos L. Survey of faba bean (*Vicia faba* L.) for viruses in Morocco[J]. Netherlands Journal of Plant Pathology, 1991, 97(6): 369 – 380.
- [40] 金磊磊. 一株苜蓿花叶病毒的全基因组序列及其寄主生物学研究[D]. 杭州: 浙江理工大学, 2011: 1 – 69.
- [41] Gray S, Gildow F E. Luteovirus – aphid interactions [J]. Annual review of phytopathology, 2003, 41(1): 539 – 566.
- [42] Walter J K. Biology of bean yellow mosaic and pea leaf roll viruses affecting vicia faba in Iran[J]. Journal of Phytopathology, 1973, 78(3): 253 – 263.
- [43] Beshehy E, Azza, Faraq G, et al. Antiserum prodction and reverse transcription polymeraes chain reaction (RT – PCR) for detection of bean leaf roll virus[J]. African Journal of Microbiology Research, 2013, 7(23): 2853 – 2861.
- [44] Makkouk K M, Kumari S G, Joop A L. Screening and selection of faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm resistant to bean leafroll virus [J]. Australian Journal of Agricultural Research, 2002, 53(9): 1077.
- [45] Katul L, Maiss E, Vetten H J. Sequence analysis of a faba bean necrotic yellows virus DNA component containing a putative replicase gene[J]. The Journal of General Virology, 1995, 76(2): 475 – 479.
- [46] Timchenko T, de Kouchkovsky F, Katul L, et al. A single rep protein initiates replication of multiple genome components of faba bean necrotic yellows virus, a single – stranded DNA virus of plants [J]. Journal of Virology, 1999, 73(12): 10173 – 10182.
- [47] Alexander W F, der Frank V W, Verbeek M, et al. Faba bean necrotic yellows virus (genus nanovirus) requires a helper factor for its aphid transmission[J]. Virology, 1999, 262(1): 210 – 219.
- [48] Timchenko T, Katul L, Aronson M, et al. Infectivity of Nanovirus DNAs: induction of disease by cloned genome components of faba bean necrotic yellows virus[J]. The Journal of General Virology, 2006, 87(6): 1735 – 1743.
- [49] Najar A, Makkouk K M, Boudhir H, et al. Viral diseases of cultivated legume and cereal crops in Tunisia[J]. Phytopathologia Mediterranea, 2000, 39(3): 423 – 432.
- [50] 李四光, 吴向军, 陈弟军, 等. 烟草普通花叶病毒病防治措施[J]. 植物医生, 2015, 28(5): 44 – 45.
- [51] Wang D, Macfarlane S A, Maule A J. Viral determinants of pea early browning virus seed transmission in pea [J]. Virology, 1997, 234(1): 112 – 117.
- [52] Lockhart B L. Some properties of an isolate of pea early – browning virus occurring in Morocco [J]. Phytopathology, 1976, 66(12): 1391.
- [53] Szego A, Entinlül N, Deshmukh S D, et al. The genome of beet cryptic virus 1 shows high homology to certain cryptoviruses present in phylogenetically distant hosts[J]. Virus Genes, 2010, 40(2): 267 – 276.
- [54] Sabanadzovic S, Valverde R A, Brown J K, et al. Southern tomato virus: The link between the families Totiviridae and Partitiviridae [J]. Virus Research, 2009, 140(1/2): 130 – 137.
- [55] Liu W, Chen J. A double – stranded RNA as the genome of a potential virus infecting *Vicia faba*[J]. Virus Genes, 2009, 39(1): 126 – 131.
- [56] Nibert M L, Pyle J D, Firth A E. A + 1 ribosomal frameshifting motif prevalent among plant amalgaviruses [J]. Virology, 2016, 498: 201 – 208.
- [57] Depierreux D, Vong M, Nibert M L. Nucleotide sequence of *Zygosaccharomyces bailii* virus Z: evidence for + 1 programmed ribosomal frameshifting and for assignment to family Amalgaviridae [J]. Virus Research, 2016, 217: 115 – 124.
- [58] Krupovic M, Dolja V V, Koonin E V. Plant viruses of the Amalgaviridae family evolved via recombination between viruses with double – stranded and negative – strand RNA genomes[J]. Biology Direct, 2015, 10: 12.
- [59] 董云浩, 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.