

doi:10.11937/bfyy.20214167

# 四种主要草莓病毒研究进展

李文琦<sup>1</sup>, 付崇毅<sup>2</sup>, 孙平平<sup>1</sup>, 马强<sup>1</sup>, 张磊<sup>1</sup>, 李正男<sup>1</sup>

(1. 内蒙古农业大学 园艺与植物保护学院, 内蒙古 呼和浩特 010018;

2. 内蒙古农牧业科学院 蔬菜研究所, 内蒙古 呼和浩特 010031)

**摘要:**草莓在长时间的无性繁殖过程中极易受到病毒侵染,进而导致生产中的病毒积累和传播,严重影响草莓的产量和品质。目前草莓病毒病的研究相对于其它植物病毒滞后,因此,对于草莓病毒病的防控研究迫在眉睫。综合国内外文献从生物学、进化、致病机制、检测方法、病毒防治等方面综述了4种主要草莓病毒的研究进展,对促进草莓病毒的研究与防控工作有重要意义。

**关键词:**草莓病毒;防控;检测

中图分类号:S 436.6 文献标识码:A 文章编号:1001-0009(2022)09-0122-08

草莓(*Fragaria ananassa*)属蔷薇科草莓属水果,果实颜色鲜艳,果肉甜美多汁,味道独特且营养丰富,因此被誉为“水果王后”<sup>[1]</sup>。除鲜食外,草莓还可以被制成草莓干、果酱、果汁、罐头等食品<sup>[2]</sup>。草莓适应性极强,种植广泛,在我国草莓主要是设施栽培。

随着农业技术的发展,草莓产业获得了快速发展,栽培面积逐年扩大,产量飞速提升<sup>[3]</sup>。联合国粮农组织(FAO)的数据显示,2008—2018年全球的草莓产量增加了近40%。墨西哥作为全球最大的草莓出口国,其草莓总产量增加了215.01%,其他国家草莓总产量也迅速增长,其中西班牙的草莓总产量增加了22.78%,中国的草

莓总产量增加了57.89%,土耳其的草莓总产量增加了68.97%<sup>[4-6]</sup>。但草莓产量低是大多数国家草莓产业发展的瓶颈问题,其中草莓病毒病的发生是造成草莓产量低的主要原因。

## 1 侵染草莓的病毒病原概述

草莓病毒病在全世界范围内广泛发生,草莓感染病毒后主要表现为植株长势减弱,果实品质变差且产量降低,有数据表明病毒感染后可以造成草莓减产30%~50%<sup>[7]</sup>。目前全球已报道的草莓病毒有20余种,具体见表1<sup>[8-9]</sup>,这些病毒可以由真菌、粉虱、蓟马、线虫、蚜虫等介体传播。其中,全世界范围内发生最普遍、危害最严重的草莓病毒为草莓皱缩病毒(strawberry crinkle virus, SCV)、草莓镶脉病毒(strawberry vein banding virus, SVBV)、草莓轻型黄边病毒(strawberry mild yellow edge virus, SMYEV)和草莓斑驳病毒(strawberry mottle virus, SMoV)<sup>[10-11]</sup>。该研究就上述4种病毒的生物学、进化、致病机制、检测和防治进行了综述,以期对4种草莓病毒病防治提供参考依据。

### 1.1 草莓皱缩病毒

草莓皱缩病毒(strawberry crinkle virus,

第一作者简介:李文琦(1998-),女,硕士研究生,研究方向为园艺作物病毒与寄主互作。E-mail: 2916114060@qq.com.

责任作者:李正男(1983-),男,博士,教授,现主要从事植物病毒与寄主互作等研究工作。E-mail: lizhengnan@imau.edu.cn.

基金项目:2020年自治区留学人员创新创业启动支持计划资助项目(DC2000002162);内蒙古自然科学基金资助项目(2019MS03021);内蒙古农业大学高层次人才科研启动金资助项目(NDYB2018-3, NDYB2019-1)。

收稿日期:2021-10-12

表 1 侵染草莓的主要病毒种类及传播介体

Table 1 Main virus species infecting strawberries and their transmission vectors

病毒名称 Virus name	传播介体 Vector
草莓斑驳病毒(strawberry mottle virus,SMoV)	钉蚜( <i>Chaetosiphon</i> spp)、花毛管蚜( <i>Chaetosiphon jacobii</i> )、棉蚜( <i>Aphis gossypii</i> )、托马斯毛管蚜( <i>Chaetosiphon thomasi</i> )
草莓镶脉病毒(strawberry vein banding virus,SVBV)	托马斯毛管蚜、花毛管蚜、花钉蚜( <i>Chaetosiphon jacobii</i> )和托钉蚜( <i>Chaetosiphon thomasi</i> )
草莓轻型黄边病毒(strawberry mild yellow edge virus,SMYEV)	钉蚜、托马斯毛管蚜和花毛管蚜
草莓皱缩病毒(strawberry crinkle virus,SCV)	草莓钉毛蚜( <i>Chaetosiphon fragae-folii</i> )和花钉蚜
草莓褪绿斑点病毒(strawberry chlorotic fleck virus,SCFV)	棉蚜
草莓伪轻型黄边病毒(strawberry pseudo mild yellow edge virus,SPMYEV)	钉蚜、托马斯毛管蚜、花毛管蚜和棉蚜
草莓马铃薯卷叶病毒 1(strawberry polerovirus 1,SPV1)	蚜虫( <i>Aphid</i> )
草莓潜隐病毒 C(strawberry latent C virus,SLCV)	蚜虫
黄瓜花叶病毒(cucumber mosaic virus,CMV)	瓜蚜( <i>Aphis gossypii</i> Gloverer)和桃蚜( <i>Myzus persicae</i> )
草莓潜隐环斑病毒(strawberry latent ringspot virus,SLRSV)	裂尾剑线虫( <i>Xiphinema diversicaudatum</i> )、考克斯剑线虫( <i>Xiphinema coxi</i> )、最大拟长针线虫( <i>Paralongidorus maximus</i> )和异尾剑线虫( <i>Xiphinema diversicaudatum</i> )
烟草环斑病毒(tobacco ring spot virus,TRSV)	美洲剑线虫( <i>Xiphinema americanum</i> )、加州剑线虫( <i>Xiphinema californicum</i> )、考克斯剑线虫、里弗斯剑线虫( <i>Xiphinema rivesi</i> )和塔筒剑线虫( <i>Xiphinema tarjanense</i> )
树莓环斑病毒(raspberry ring spot virus,RpRSV)	细长长针线虫( <i>Longidorus elongatus</i> )、大体长针线虫( <i>Longidorus macrostoma</i> )和最大拟长针线虫
番茄环斑病毒(tomato ring spot virus,ToRSV)	浙狭长针线虫( <i>Longidorus attenuatus</i> )、美洲剑线虫、移去长针线虫( <i>Longidorus elongatus</i> )、短颈剑线虫( <i>Xiphinema brevicollum</i> )、加州剑线虫、里弗斯剑线虫和塔筒剑线虫
番茄黑环病毒(tomato black ring virus,TBRV)	浙狭长针线虫、移去长针线虫
南芥菜花叶病毒(arabis mosaic virus,ArMV)	草皮长针线虫( <i>Longidorus caespiticola</i> )、贝克剑线虫( <i>Xiphinema bakeri</i> )、考克斯剑线虫、裂尾剑线虫、标准剑线虫( <i>Xiphinema index</i> )
烟草条纹病毒(tobacco streak virus,TSV)	小鬃蓟马( <i>Thrips parvispinus</i> )和烟蓟马( <i>Thrips tabaci</i> )
苹果花叶病毒(apple mosaic virus,ApMV)	蓟马( <i>Thrips vulgatissimus</i> Haliday)
智利草莓潜隐病毒(fragaria chiloensis latent virus,FCLV)	蓟马
草莓坏死休克病毒(strawberry necrotic shock virus,SNSV)	蓟马
草莓白化病毒(strawberry pallidosis-associated virus,SPaV)	白粉虱( <i>Trialeurodes vaporariorum</i> )
甜菜伪黄化病毒(beet pseudo-yellows virus,BPYV)	白粉虱
烟草坏死病毒(tobacco necrosis virus,TNV)	真菌( <i>Fungus</i> )

SCV)属于弹状病毒科(Rhabdoviridae),细胞质弹状病毒属(*Cytorhabdovirus*)<sup>[12]</sup>。该病毒粒子为杆状,是一种非节段的、负义单链RNA病毒,长度163~383 nm,直径74~83 nm,粒子表面突起由糖蛋白的三聚体组成,以包被或未包被的形式存在于细胞质中。SCV基因组至少可编码5种蛋白质,分别为77 kDa的基质蛋白(matrix protein, M)、聚合酶蛋白(polymerase protein, L)、45 kDa的核衣壳蛋白(nucleocapsid protein, N)、

糖蛋白(glycoprotein, G)和55 kDa的非结构蛋白(nonstructural protein, Ns)<sup>[13-16]</sup>。1932年ZELLER和VAUGHAN首次在美国商业草莓品种'Marshall'上发现并报道了SCV,1934年在英国也报道了该病毒,之后该病毒在世界范围内被广泛报道<sup>[17-18]</sup>。SCV侵染草莓后会导致草莓叶片皱缩和变形,降低草莓的产量并破坏草莓的品质。SCV的寄主仅限于草莓属植物,该病毒可以直接通过蚜虫进行传播(表1),还可通过汁液

摩擦和嫁接的方式传播,但是不能通过种子和花粉传播<sup>[19]</sup>。

KLERKS等<sup>[20]</sup>对来自德国的 Hb-A1、Hb-B2 和 KG 3 个 SCV 分离物和来自荷兰的 1553、1554、37-1、37-2 和 R2-7 5 个 SCV 分离物进行了序列一致性分析,结果表明,无论是核苷酸序列还是氨基酸序列,KG 和 1554 分离物均与分离物 Post 一致性为 98%,分离物 37-1、37-2、Hb-A1 和 1553 与分离株 Post 表现出 11% 的差异性。另外 KOLONIUK 等<sup>[21]</sup>还首次报道了 2 个不同的 SCV 分离物共同感染 1 株草莓,并获得了它们的完整基因组序列(表 2)。

表 2 目前已知的 SCV 基因组序列

Table 2 Genome sequence of the currently published SCV

病毒 Virus	登录号 Login ID	基因组类型 Genome type	大小 Length /bp	分布 Distribution location
草莓皱缩病毒 SCV	MH129616	线性 cRNA	14 559	捷克共和国
	MH129615	线性 cRNA	14 545	捷克共和国

## 1.2 草莓镶脉病毒

草莓镶脉病毒(strawberry vein banding virus, SVBV)属于花椰菜花叶病毒科(Caulimoviridae),花椰菜病毒属(*Caulimovirus*)成员<sup>[9]</sup>。该病毒粒子形态为球形,无包膜,直径 40~55 nm,基因组为环状双链 DNA,编码 7 个开放阅读框,与花椰菜花叶病毒(*Cauliflower mosaic virus*,

CaMV)相似。ORF1 编码的蛋白参与胞间运动;ORF2 编码的蛋白为蚜传因子,参与蚜虫传毒过程;ORF3 编码的非特异性 DNA 结合蛋白参与 DNA 的复制;ORF4 编码 CP 前体;ORF5 编码 1 种多蛋白前体,含有肽酶、逆转录酶和核糖核酸酶 H(RNase H)3 个保守结构域;ORF6 编码 1 种 59.8 kDa 的蛋白质,是病毒包涵体或病毒质的主要成分;ORF7 编码蛋白的功能尚不明确<sup>[22-23]</sup>。1952 年 PRENTICE 在英国从巴西和美国引进的‘Fairfax’草莓上首次发现了该病毒,其主要通过蚜虫以半持久的方式传播(表 1),还通过嫁接传播<sup>[24]</sup>。

截至目前在 NCBI 的 GenBank 数据库中共存储了 13 条 SVBV 完整基因组序列,11 条来自中国,1 条来自日本,1 条来自加拿大(表 3)。SVBV 侵染草莓后,草莓表现出叶脉褪绿,植株长势减慢,匍匐茎变少等症状。FENG 等<sup>[25]</sup>通过对 SVBV 编码的每一个基因进行研究证明 P6 蛋白是能抑制 GFP 诱发的局部沉默的基因沉默抑制子,P6 可以阻断 RNA 沉默信号的系统性传播,在细胞质中形成不规则体;将 P6 插入到 PVX 侵染性克隆中,接种本氏烟,本氏烟表现的症状强于 PVX 单独接种植株,转 P6 基因的本氏烟也表现出病毒接种类似的症状,上述 2 个研究均证明 P6 不但是 SVBV 编码的基因沉默抑制子,还与寄主症状形成相关。另外,RUI 等<sup>[26]</sup>还证明 SVBV 基因组编码的 P1 蛋白可以发挥运动蛋白功能。

表 3 目前已知的 SVBV 基因组序列

Table 3 Genome sequence of the currently published SVBV

病毒 Virus	登录号 Login ID	基因组类型 Genome type	大小 Length/bp	分布 Distribution location
	LC315804	环状 DNA	7 863	日本
	KX249738	线性 DNA(BJJCX2)	7 859	中国
	KX249737	线性 DNA(BJJCX1)	7 868	中国
草	KX249736	线性 DNA(BJJYX1)	7 859	中国
莓	KX249735	线性 DNA(BJJYX1)	7 859	中国
镶	KX787430	环状 DNA(SVBV-AH)	7 862	中国
脉	KX950836	环状 DNA(NS8)	7 854	加拿大
病	KR080547	环状 DNA(BJ)	7 863	中国
毒	KP311681	线性 DNA	7 864	中国
SVB	MF197916	线性 DNA(BJHXTX1)	7 942	中国
	MH894295	环状 DNA(SVBVGZ)	7 859	中国
	KT250632	环状 DNA(BJ1)	7 868	中国
	HE681085	线性 DNA	7 838	中国

### 1.3 草莓轻型黄边病毒

草莓轻型黄边病毒(strawberry mild yellow edge virus, SMYEV)属于甲型线形病毒科(Alphaflexiviridae),马铃薯X病毒属(*Potexvirus*)成员,病毒粒子为线形,直径23~28 nm,单链RNA病毒。基因组编码6个开放阅读框,ORF1主要编码与聚合酶相关的蛋白;ORF2、ORF3和ORF4主要编码与运动相关的蛋白;ORF5主要编码病毒的外壳蛋白;ORF6编码产物功能尚未明确<sup>[27]</sup>。1922年初次在美国加州种植的草莓上发现并报道了SMYEV,该病毒主要通过蚜虫传播(表1)<sup>[22]</sup>。也可通过汁液传播,不能通过种子和花粉传播。

截至目前在NCBI的GenBank数据库获得了8条SMYEV完整基因组序列,4条来自加拿大,3条来自日本,1条来自阿根廷(表4)。感染SMYEV后,草莓表现为叶缘变黄、小叶凹陷、长

势明显下降等症状。该病毒常与其它病毒发生复合侵染,并表现为叶片大面积死亡,果实畸形,植株矮小,极大地影响了草莓的品质和产量<sup>[28]</sup>。2012—2013年加拿大部分省区发生了草莓衰退病(strawberry decline, SD),感病草莓植株表现为叶片黄化、根系发育不良,SD被认为是多种病毒与SMYEV共同侵染的结果。XIANG等<sup>[29]</sup>在加拿大东部从表现出SD症状的草莓植物中获得了4个SMYEV分离物的完整基因组序列,4个分离物与德国分离物MY-18和美国分离物D74明显不同,但有一定的序列同源性。系统发育分析证明加拿大分离物形成了新的SMYEV亚组,田间的草莓植株经常同时被多种SMYEV变异体感染,分子进化分析表明SMYEV可能是从其他地区引入加拿大东部的,后来随着种群的进化适应新的环境。

表4 目前已知的SMYEV基因组序列

Table 4 Genome sequence of the currently published SMYEV

病毒 Virus	登录号 Login ID	基因组类型 Genome type	大小 Length/bp	分布 Distribution location
	LC515235	线性RNA	5 970	日本
草莓 轻型 黄边 病毒 SMYEV	LC515236	线性RNA	5 970	日本
	KP707814	线性RNA (AB5-2)	5 969	日本
	KR559736	线性RNA (NS26)	5 970	加拿大
	KR559735	线性RNA (NB1165)	5 970	加拿大
	KR350471	线性RNA (AB41-02)	5 971	加拿大
	KR350470	线性RNA (AB41-01)	5 974	加拿大
	KX150372	线性RNA (Berra-2)	5 970	阿根廷

### 1.4 草莓斑驳病毒

草莓斑驳病毒(strawberry mottle virus, SMoV)为伴生豇豆病毒科(Secoviridae),温州蜜柑矮缩病毒属(*Sadwavirus*)成员。病毒粒子为球形,直径为28~30 nm,为双链RNA病毒,RNA1编码多聚蛋白,由旋转酶(helicase)、蛋白酶(protease)、连接蛋白(viral genome-linked protein)和复制酶(RNA dependent RNA polymerase, RdRp)组成, RNA2和无核小蜜橘矮化病毒(satsuma seedless dwarf virus, SSDV)的衣壳结构相似<sup>[30]</sup>。1938年HARRIS在英格兰凤梨草莓上首次发现了该病毒,其主要通过蚜虫传播(表1)<sup>[21]</sup>,也可通过嫁接、菟丝子、机械接种等方式侵染,该病毒主要存在于被侵染草莓的胞质、

韧皮部和表皮等组织中<sup>[17]</sup>。

截至目前在NCBI的GenBank数据库获得了SMoV完整基因组序列40条,12条来自加拿大,22条来自中国,6条地址不详(表5)。感染草莓斑驳病毒后,草莓表现为叶片褪绿斑驳,叶脉混乱,植株矮化。KRIN等<sup>[31]</sup>研究表明SMoV多蛋白的加工需要2种病毒蛋白酶,分别是由RNA1编码的3C蛋白酶和由RNA2编码的新型谷氨酸蛋白酶。

## 2 草莓病毒病原的鉴定方法

### 2.1 电子显微镜技术

使用透射电子显微镜,根据观察到的病毒形态学特征鉴定草莓病毒的种类,要求具有一定的

表5 目前已知的SMoV基因组序列  
Table 5 The genome sequence information of  
the currently published SMoV

病毒 Virus	登录号 Login ID	基因组类型 Genome type	大小 Length /bp	分布 Distribution location
	KU177218	RNA1	7 043	加拿大
	KU200453	RNA1	7 017	加拿大
	KU177219	RNA2	6 340	加拿大
	KU200454	RNA2	6 338	加拿大
	MT070756	RNA2	6 320	中国
	MT070755	RNA2	6 319	中国
	MT070754	RNA2	6 319	中国
	MT070753	RNA2	6 324	中国
	MT070752	RNA2	6 319	中国
	MT070751	RNA1	7 027	中国
	MT070750	RNA1	7 022	中国
	MT070749	RNA1	7 022	中国
	MT070748	RNA1	7 027	中国
	MT070747	RNA1	7 026	中国
	KU200461	RNA2	6 319	加拿大
	KU200460	RNA1	7 008	加拿大
草 莓 斑 驳 病 毒	KU200459	RNA2	6 333	加拿大
	KU200458	RNA1	7 037	加拿大
	KU200457	RNA2	6 327	加拿大
	KU200456	RNA1	7 026	加拿大
	MH746441	RNA2	6 336	加拿大
	MH746440	RNA1	7 042	加拿大
	MH013327	RNA2-C	5 125	
	MH013326	RNA2-B	5 123	
	MH013325	RNA2-A	5 123	
	MH013324	RNA1-C	5 771	
SMoV	MH013323	RNA1-B	5 775	
	MH013322	RNA1-A	5 778	
	MT991104	RNA2 (SDHY33-2)	6 298	中国
	MT991103	RNA2 (SDHY31-2)	6 298	中国
	MT991102	RNA2 (DGHY26-2)	6 298	中国
	MT991101	RNA2 (DGHY20-2)	6 298	中国
	MT991100	RNA2 (DGHY17)	6 298	中国
	MT991099	RNA2 (DGHY16-2)	6 298	中国
	MT991098	RNA1 (SDHY33-2)	7 017	中国
	MT991097	RNA1 (SDHY31-2)	7 017	中国
	MT991096	RNA1 (DGHY26-2)	7 017	中国
	MT991095	RNA1 (DGHY20-2)	7 017	中国
	MT991094	RNA1 (DGHY17)	7 017	中国
	MT991093	RNA1 (DGHY16-2)	7 017	中国

专业基础,熟悉不同草莓病毒的形态特征。该方法简便,但灵敏性较低,要求病毒含量极高,且具有一定的主观性,误差较大。肖文斐等<sup>[32]</sup>在透射电镜下观察到SVBV病毒粒子的形状及大小。

## 2.2 血清学检测

酶联免疫吸附检测(ELISA)是以酶催化的颜

色反应来指示植物病毒中抗原抗体的结合,在植物病毒检测中很常用,该方法灵敏度高、检测速度快、操作简单,所需工作量及成本较少,适合大批量的样本检测<sup>[33-34]</sup>。但利用ELISA检测植物病毒时容易出现假阳性反应,当病毒含量较低时,也很难检测到,因此ELISA检测结果只能进行初步的判断,仍需要其它病毒检测方法对检测结果进行下一步的验证。王佳等<sup>[34]</sup>利用ELISA法对北京地区8种草莓病毒发生情况进行了检测,结果只检测到了SMYEV,未检测出ArMV、RpRSV、ToRSV、SLRSV、TBRV、TNV和TSV。代红艳等<sup>[35]</sup>将SMYEV的外壳蛋白(CP)进行了原核表达,并以表达的蛋白为抗原制备了SMYEV的多克隆抗体,建立ELISA检测SMYEV的技术体系。

## 2.3 指示植物法

基于指示植物对某种病毒病原敏感,接种病毒后能在较短时间内展现出病状的特性,指示植物法成为4种草莓病毒检测的常用方法之一。草莓病毒鉴定中常用的指示植物主要有EMC、Alpine、UC4、UC5、UC6、UC10、UC11、UC12。指示植物法检测使用小叶嫁接法,嫁接1~2月后,新叶片表现症状。韦石泉等<sup>[36]</sup>将Alpine、UC4、UC5通过小叶嫁接法分别嫁接到感染了SMoV的草莓上,20~30d后Alpine表现慢性轻微斑驳,UC4、UC5出现轻微的斑驳和幼叶褪绿。韩荣华<sup>[37]</sup>研究表明检测SMYEV用UC10效果较好;检测SMoV、SVBV用UC5较好。

## 2.4 分子检测技术

草莓病毒的遗传物质通常为DNA或RNA,目前,分子检测的手段比较丰富,使用分子手段检测核酸序列来确定病毒的种类,是当下最精确的一种植物病毒检测方法。

聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)是以DNA为模板,完成对DNA的扩增。反转录-聚合酶链式反应(reverse transcription polymerase chain reaction, RT-PCR)是以RNA为模板,经过反转录生成cDNA后,以cDNA为模板链进行的PCR反应,检测结果更加准确、可靠,但是需要特殊的检测仪器和试剂,导致检测成本和技术难度较高。杨洪一等<sup>[38]</sup>和却志群<sup>[39]</sup>分

别建立了 SMoV 的 RT-PCR 体系。周厚成<sup>[24]</sup>建立了 SVBV 的 PCR 检测体系,为无病毒苗的生产提供可靠的检测手段。

多重 PCR 是在一次 PCR 反应体系中加入专门设计的多对引物,特异扩增出多个基因片段的反应。多重 PCR 效率高,但是难以建立一套稳定的 PCR 体系<sup>[40]</sup>。王红等<sup>[41]</sup>建立了 SMoV 和 SMYEV 的两重 RT-PCR 检测体系,可快速的对田间草莓植株和试管苗进行病毒检测。

依赖核酸序列的扩增(nucleic acid sequence based amplification, NASBA)技术又称为 3SR 技术(self-sustained sequence replication),是以 RNA 为模板在等温条件的核酸扩增技术。在我国,张志宏等<sup>[42]</sup>建立了利用 NASBA 检测 SMoV 的技术体系,经验证 NASBA 与 RT-PCR 在草莓植株上检测的 SMoV 结果一致。

## 2.5 高通量测序法

高通量测序技术(next-generation sequencing, NGS),也被称为“下一代”测序,该方法是通过对一个物种的基因组、转录组进行分析,因此又被称为深度测序(deep sequencing)<sup>[43]</sup>。该技术对植物病毒的发掘和病原鉴定起到导向作用,取得了重大的成绩,高通量技术有速度快、成本低、高通量的优点,目前在病毒鉴定中被广泛使用。李伟佳等<sup>[44]</sup>利用高通量测序技术对草莓病毒进行鉴定,得到了 SVBV 和 SMYEV 的完整基因组的序列。JANA 等<sup>[45]</sup>发现了一种新的草莓病毒,命名为草莓病毒 1(strawberry virus 1, StrV-1),利用 Illumina 和 Ion Proton 联合高通量测序技术获得了 3 种不同基因型的 StrV-1 基因组序列。XIANG 等<sup>[29]</sup>通过 Illumina 和 Sanger 测序获得 SMYEV 的 CP 基因序列将所有序列都保存在 NCBI 数据库中。

## 3 主要传播途径

草莓感染病毒后,病毒可以借助介体、机械和土壤传播。介体传播是指蚜虫、线虫、粉虱等昆虫作为传播媒介进行传播病毒,它们通过口器使植株产生创口,病毒通过产生的创口侵染草莓植株。根据昆虫口器传播的特点可分为 3 种类型:持久性传播、非持久性传播和半持久性传播。机械传

播是指通过农事操作、机械耕作等方式,将已经染病植株上的病毒传播到其它草莓植株上。土壤传播是指土壤中含有病毒进而传染到草莓植株上。

## 4 防治方法

目前,草莓病毒病的防治主要包括控制介体传播、草莓脱毒苗、加强田间管理等。

### 4.1 控制介体传播

RNAi(RNA interference, RNAi)是生物在进化的过程中遗留下来的一种在转录后水平上通过 RNA 调控基因沉默表达的机制,可以引发同源 mRNA 降解。基因沉默的表达会导致一些昆虫的缺陷和死亡,因此,该技术在害虫防控方面起作用很大,具有高效性、特异性的优点<sup>[46]</sup>。RNAi 导入的主要方法有饲喂、注射、浸泡、纳米载体传导等。

### 4.2 草莓的脱毒方法

为了满足生产中的需求,草莓脱毒苗是实现草莓大面积无病毒栽培的有效措施。草莓的脱毒技术主要有 3 种,分别为茎尖培养脱毒技术、热处理脱毒技术和花药培养脱毒技术。草莓茎尖脱毒技术指的是在灭过菌的超净工作台,将在解剖镜下切取的茎尖生长点接种到培养基上培养。该生长点携带病毒的概率极小,获得无病毒植株<sup>[47]</sup>。草莓花药培养技术是利用花药组培再生植株,指发育到一定时期的花药利用无菌操作技术接种至培养皿上进行培养,获得无病毒植株。草莓热处理脱毒技术是指在适当的高温下处理一段时间,使组织的病毒完全和部分钝化,阻止和抑制其增殖,植株的新生部分不带病毒,对无病毒的部分通过组织培养来获得没有病毒的植株。

### 4.3 加强田间管理

草莓植株一旦被病毒感染,会造成很大的危害,因此必须防止病毒在苗圃中的引入和传播。在合适的时间内种植草莓,尽量避开有蚜虫的迁飞高峰期,减少蚜虫对病毒的传播。喷施效果明显且选择毒性低的化学农药,提高食品安全,还应选择不同的化学农药轮流使用,有利于降低草莓植株的抗药性。除了使用化学农药防治病虫害之外,还可以选择使用物理方法来控制草莓的病虫害,比如可通过防虫网阻止蚜虫,在草莓株行间吊

挂黄色纸板来捕杀白粉虱。生物防虫是一种环境友好、效果可加的防治害虫方法,如应用真菌预防线虫,在农用地中放养瓢虫利用捕食关系来防治红蜘蛛等害虫<sup>[48]</sup>。设施内注意通风换气,合理施肥,培育壮苗,可提高草莓植株的抗病能力并且缓解病株的症状。在人工操作时应尽量避免对植株造成伤口,还要避免机械和操作人员通过沾染毒源传播病毒。及时清除杂草,摘除枯叶,拔出病株并对土壤进行消毒,减少病毒残留,加强栽培管理措施,注意田间卫生。此外,还应该轮作倒茬,可以避免病毒病的交叉感染。

## 5 展望

草莓一旦感染病毒便在体内积累,对产量和品质造成严重的危害。中国在20世纪80年代末开始对草莓病毒病进行研究。近年来,随着分子手段的快速发展,植物病毒的检测技术也在不断地进步,草莓病毒的鉴定和检测技术有了很快的发展并取得了很大的成果。病毒病原检测对草莓的繁育十分重要,要秉着早发现早诊治的原则,提前阻断它的传播途径,草莓病毒病大部分都是由昆虫传播,生物防治、控制介体昆虫、培育优质的草莓脱毒苗和加强田间管理是控制草莓病毒病的主要途径。目前,草莓病毒的检测成本较高,草莓检测技术有待提高,但有些病毒的致病机理尚在研究中,研究人员应紧密关注草莓病毒的病原研究进展,建立一套简便、高效的病毒检测技术,未来的草莓病毒病检测与鉴定方法会更加快捷、精准、方便和高效。

## 参考文献

- [1] 王雯慧. 小草莓大产业中国草莓产业的今生前世[J]. 中国农村科技, 2016(10): 74-77.
- [2] 许杰峰, 黄健儿, 吴允恢. 草莓生产前景广阔[J]. 老区建设, 1997(8): 45.
- [3] 舒锐, 焦健, 臧传江, 等. 我国草莓产业现状及发展建议[J]. 中国果菜, 2019(1): 51-53.
- [4] 梁容. 全球: 十年间草莓产量增长近40%[J]. 中国果业信息, 2020, 37(10): 48.
- [5] 童彤. 墨西哥: 全球最大的草莓出口国[J]. 中国果业信息, 2020, 37(11): 54.
- [6] 王鸣谦, 薛莉, 赵珺, 等. 世界草莓生产及贸易现状[J]. 中国果树, 2021(2): 104-108.
- [7] 张志宏, 杨洪一, 代红艳, 等. 应用多重 RT-PCR 检测草莓斑

- 驳病毒和草莓轻型黄边病毒[J]. 园艺学报, 2006(3): 507-510.
- [8] 王廿, 贾蒙骛, 黄刚, 等. 草莓4种主要病毒检测及SVBV贵州分离物基因组测定及分析[J]. 西南农业学报, 2020, 33(3): 613-614.
- [9] 尚巧霞. 介体传播的草莓病毒研究进展[J]. 植物保护学报, 2015, 42(4): 488-496.
- [10] 杨涵, 关统伟, 徐红星, 等. 草莓有害病毒种类与防治技术[J]. 现代农业科技, 2020(2): 88-91.
- [11] 杨波, 赵宝龙, 郝小军, 等. 新疆地区四种草莓病毒病原的检测[J]. 新疆农业科学, 2018, 55(9): 1689-1697.
- [12] STENGER D C, MULLIN R H, MORRIS T J. Characterization and detection of the strawberry necrotic shock isolate of tobacco streak virus[J]. Phytopathology, 1987, 77(9): 1330-1337.
- [13] HUNTER B G, RICHARDSON J, DIETZGEN R G, et al. Purification and characterization of strawberry crinkle virus[J]. Phytopathology, 1990, 80: 282-287.
- [14] SCHOEN C D, LEONE G. Towards molecular detection of aphid-borne strawberry viruses[J]. Acta Horticulturae, 1995, 385: 55-63.
- [15] KLERKS M M, LINDNER J L, VAŠKOVA D, et al. Detection and tentative grouping of strawberry crinkle virus isolates[J]. European Journal of Plant Pathology, 2004, 110(1): 45-52.
- [16] POSTHUMA K I, ADAMS A N, HONG Y, et al. Detection of strawberry crinkle virus in plants and aphids by RT-PCR using conserved L gene sequences[J]. Plant Pathology, 2002, 51(3): 266-274.
- [17] 冉策. 京郊草莓病毒病调查及病毒检测技术应用[D]. 北京: 北京农学院, 2015.
- [18] KARIN I P, ANTHONY N A, HONG Y G. Strawberry crinkle virus, a Cytorhabdovirus needing more attention from virologists[J]. Molecular Plant Pathology, 2000, 1(6): 331-336.
- [19] VAUGHAN E K. Transmission of strawberry crinkle disease of strawberry[J]. Phytopathology, 1933, 23: 738-740.
- [20] KLERKS M M, LINDNER J L, VAŠKOVA D, et al. Detection and tentative grouping of strawberry crinkle virus isolates[J]. European Journal of Plant Pathology, 2004, 110: 45-52.
- [21] KOLONIUK I, FRÁNOVÁ J, SARKISOVA T, et al. Complete genome sequences of two divergent isolates of strawberry crinkle virus co-infecting a single strawberry plant[J]. Archives of Virology, 2018, 163(9): 2539-2542.
- [22] FENG M F, ZHANG H P, PAN Y, et al. Complete nucleotide sequence of strawberry vein banding virus Chinese isolate and infectivity of its full-length DNA clone[J]. Virology Journal, 2016, 13(1): 164.
- [23] MRÁZ I, PETRZIK K, ŠÍP M, et al. Variability in coat protein sequence homology among American and European sources of strawberry vein banding virus[J]. Plant Disease, 1998, 82(5): 544-546.
- [24] 周厚成. 草莓镶脉病毒(SVBV)CP基因的克隆及草莓遗传转化体系的建立[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2005.

- [25] FENG M F, ZUO D P, JIANG X Z, et al. Identification of strawberry vein banding virus encoded P6 as an RNA silencing suppressor[J]. *Virology*, 2018, 520:103-110.
- [26] RUI P H, WANG Z Q, SHAN W S, et al. P1 of strawberry vein banding virus a multilocalized protein functions as a movement protein and interacts with the coat protein[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2022, 21(4):1071-1083.
- [27] 苏代发, 董江云, 杨俊誉, 等. 草莓病毒病及其研究进展[J]. *云南大学学报(自然科学版)*, 2019, 41(6):1221-1237.
- [28] 霍辰思, 樊新萍, 刘伟. 草莓病毒病、脱毒技术及病毒检测研究进展[J]. *果树资源学报*, 2020, 1(4):66-69.
- [29] XIANG Y, NIE X Z, MIKE B, et al. Genetic diversity of strawberry mild yellow edge virus from eastern Canada[J]. *Archives of Virology*, 2020, 165:923-935.
- [30] 韩晓玉. 河南省草莓病毒病原的鉴定及病毒 cDNA 克隆侵染体系的探索[D]. 郑州:河南农业大学, 2019.
- [31] KRIN S M, JOAN C, HÉLÈNE S. Strawberry mottle virus (family secoviridae, order Picornavirales) encodes a novel glutamic protease to process the RNA2 polyprotein at two cleavage sites[J]. *Journal of Virology*, 2019, 93(5):e01679-18.
- [32] 肖文裴, 袁劫人, 柳爱春, 等. 草莓镶脉病毒粒子提取及电镜观察[J]. *湖北农业科学*, 2014, 53(18):4314-4315.
- [33] 阙勇. 核果类果树上李坏死环斑病毒和李矮缩病毒的血清学及 RT-PCR 检测[D]. 武汉:华中农业大学, 2008.
- [34] 王佳, 崔高峰, 祝宁, 等. 北京地区设施草莓 8 种病毒的酶联免疫吸附测定检测[J]. *微生物学通报*, 2021, 48(3):1048-1056.
- [35] 代红艳, 于翠梅, 李贺, 等. 草莓轻型黄边病毒抗血清的制备[M]. 北京:中国农业出版社, 2015.
- [36] 韦石泉, 吴元华. 我国草莓斑驳病毒研究鉴定[J]. *植物病理学报*, 1994(4):293-298.
- [37] 韩荣华. 基于小叶嫁接法的草莓病毒症状鉴定[J]. *新农业*, 2016(3):10-12.
- [38] 杨洪一, 代红艳, 李贺, 等. 利用转录增强技术检测草莓斑驳病毒[J]. *植物保护学报*, 2007(4):369-372.
- [39] 却志群. 草莓斑驳病毒的 RT-PCR 技术检测[J]. *北方园艺*, 2012(7):132-134.
- [40] 陈宗玲, 律宝春, 徐全明, 等. 草莓病毒及其检测技术研究进展[J]. *种子世界*, 2016, 4(3):17-19.
- [41] 王红, 王菁菁, 张科立, 等. 利用内标为基础的多重 RT-PCR 技术检测草莓斑驳病毒和草莓轻型黄边病毒[J]. *浙江农业学报*, 2014, 26(1):105-109.
- [42] 张志宏, 李丽丽, 杨洪一. 利用 NASBA 技术检测草莓斑驳病毒[J]. *果树学报*, 2007, 24(6):858-862.
- [43] MARDIS E R. The impact of next-generation sequencing technology on genetics[J]. *Trends Genet*, 2008, 24:133-141.
- [44] 李伟佳, 张志宏, 郭巍, 等. 利用高通量测序技术快速解析草莓病毒基因组序列[J]. *沈阳农业大学学报*, 2016, 47(5):536-540.
- [45] JANA F, JAROSLAVA P, IGOR K. Molecular and biological characterization of a new strawberry cytorhabdovirus[J]. *Viruses*, 2019, 11(11):982.
- [46] 李晨雨, 裴新国, 张伊杰, 等. RNAi 技术在昆虫防控研究中的应用和发展前景[J]. *现代农药*, 2021, 20(1):1-6.
- [47] 贾慧峰. 茎尖培养脱除几种常见草莓病毒的方式和 PCR 病毒检测体系的优化[D]. 雅安:四川农业大学, 2012.
- [48] 徐文霞, 李继智, 杨广娟, 等. 草莓病虫害综合防治措施[J]. *江西农业*, 2019(6):35-39.

## Research Progress of Four Main Strawberry Virus

LI Wenqi<sup>1</sup>, FU Chongyi<sup>2</sup>, SUN Pingping<sup>1</sup>, MA Qiang<sup>1</sup>, ZHANG Lei<sup>1</sup>, LI Zhengnan<sup>1</sup>

(1. College of Horticulture and Plant Protection, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia 010018; 2. Vegetable Research Institute, Inner Mongolia Academy of Agriculture and Animal Husbandry Sciences, Hohhot, Inner Mongolia 010031)

**Abstract:** Strawberry is extremely vulnerable to virus infection for its long-term asexual reproduction, which further result in the accumulation and spread of viruses in strawberries, severely influencing the yield and quality of strawberry. Currently the research on viruses of strawberry was slower than on other plant viruses, and the prevention and control of strawberry viruses was urgent. In this study, the research progress of four viruses on strawberry, in terms of their biological characteristics, phylogeny, pathogenesis, diagnostic methods, and control strategy were reviewed, with great significance of promoting the study and prevention and control of the viruses.

**Keywords:** strawberry virus; prevention and control; detection