

三七 B 病毒文山分离物的鉴定及分子特征

崔萌^{1,2}, 朱婷^{1,2}, 罗怡冉^{1,2}, 蔡雅幻^{1,2}, 王勇³, 张磊^{1,2}, 季鹏章^{1,2}, 董家红^{1,2*}

(1. 云南中医药大学中药学院暨云南省南药可持续利用研究重点实验室, 云南 昆明 650500;

2. 云南中医药大学南药研究院, 中药材栽培研究所, 云南 昆明 650500;

3. 云南省开化南路三七工业园区, 文山学院三七研究所, 云南 文山 663099)

摘要: **目的** 三七因其重要的药用价值而在云南、广西规模化种植。目前对三七中存在的 dsRNA 病毒研究较少, 本研究旨在鉴定侵染三七的一种新型 dsRNA 病毒, 解析其基因组特征及分类, 并评估该病毒在三七种植区的发生率。**方法** 采用转录组测序技术对感病三七样本进行高通量测序, 筛选病毒相关序列, 通过 RT-PCR 扩增验证目标病毒, 并克隆其全长基因组。利用 ORF Finder 等工具预测开放阅读框(ORFs), 分析编码蛋白(CP 和 RdRp)的保守结构域。通过 BLAST 比对 GenBank 数据库, 基于 RdRp 氨基酸序列构建系统发育树, 明确病毒进化关系。**结果** 从转录组数据中得到一个 dsRNA 病毒, 序列分析发现该病毒基因组有 2 个开放阅读框分别编码病毒外壳蛋白(CP)和复制酶(RdRp), 具有全病毒科(*Totiviridae*)全病毒属(*Totivirus*)典型基因组结构特征, 与 GenBank 数据库中三七 B 病毒分离物 YNSL1212 的 CP 和 RdRp 的氨基酸序列相似性最高, 分别为 99.74% 和 100%。基于 RdRp 氨基酸序列的系统发育树分析发现, PnVB-WSPnV207 与其它全病毒属病毒聚于同一进化枝。根据 ICTV 关于全病毒属病毒新种分类标准, 三七 B 病毒为全病毒属的一个新种。本研究中的分离物暂时命名为 PnVB-WSPnV207。RT-PCR 检测三七 B 病毒阳性检出率为 36.67%, 证明其在三七中普遍存在。**结论** 本研究首次从三七中鉴定出一种新型全病毒属成员 PnVB-WSPnV207, 具有全病毒属(*Totivirus*)典型基因组结构特征。田间检测表明该病毒在三七中流行率较高(36.67%), 需进一步研究其致病机制及传播途径, 为三七病毒病防控提供科学依据。

关键词: 三七; 转录组; 全病毒属病毒; 基因组; 序列分析

中图分类号: R282

文献标志码: A

文章编号: 2097-4299(2026)04-0050-07

DOI: 10.19288/j.cnki.issn.2097-4299.2026.04.010

Identification and Molecular Characterization of Panax Notoginseng B Virus Isolated from Wenshan

CUI Meng^{1,2}, ZHU Ting^{1,2}, LUO Yiran^{1,2}, CAI Yahuan^{1,2}, WANG Yong³,

ZHANG Lei^{1,2}, JI Pengzhang^{1,2}, DONG Jiahong^{1,2}

(1. School of Chinese Materia Medica and Yunnan Key Laboratory of Southern Medicinal Resource, Yunnan University of Chinese Medicine, Kunming 650500, China; 2. Institute of Medicinal Plant Cultivation, Academy of Southern Medicine, Yunnan University of Chinese Medicine, Kunming 650500, China; 3. Sanqi Research Institute of Wenshan University, Sanqi Industrial Park, Kaihua South Road, Yunnan 653099, China)

ABSTRACT: Objective *Panax notoginseng* is widely cultivated in Yunnan and Guangxi due to its significant medicinal value. However, research on dsRNA viruses infecting *P. notoginseng* remains limited. This study aimed to identify a novel dsRNA virus infecting *P. notoginseng*, characterize its genomic features, classify it taxonomically, and assess its prevalence in *P. notoginseng* cultivation areas. **Methods** High-throughput transcriptome sequencing was performed on diseased *P. notoginseng* samples to screen for viral sequences. The target virus was validated via RT-PCR, and its complete genome was cloned. Open reading frames (ORFs) were predicted using ORF Finder, and conserved domains of the encoded proteins

基金项目: 云南中医药大学高层次人才项目(2019YZG09); 云南省科技厅-云南中医药大学应用基础联合专项基金(202101AZ070001-011); 云南省董家红专家基层科研工作站(2020-48)

作者简介: 崔萌(1997-), 女, 在读硕士研究生, E-mail: C519385027@126.com

* **通信作者:** 董家红(1974-), 男, 研究员, 研究方向: 药用植物病毒研究, E-mail: dongjhn@126.com

(Coat protein, CP and RNA-dependent RNA polymerase, RdRp) were analyzed. The virus was classified through BLAST alignment against the GenBank database, and phylogenetic trees were constructed based on RdRp amino acid sequences to determine evolutionary relationships. **Results** A dsRNA virus was identified from transcriptome data. Genomic analysis revealed two ORFs encoding the capsid protein (CP) and RNA-dependent RNA polymerase (RdRp), exhibiting typical genomic features of the genus *Totivirus* (family *Totiviridae*). The CP and RdRp sequences showed the highest amino acid similarity (99.74% and 100%, respectively) to the *Panax notoginseng* virus B isolate YNSL1212 in GenBank. Phylogenetic analysis based on RdRp sequences placed PnVB-WSPnV207 within the same clade as other *Totivirus* members. According to ICTV classification criteria, *Panax notoginseng* virus B represents a novel species in the genus *Totivirus*, and the isolate in this study was provisionally named PnVB-WSPnV207. RT-PCR detection indicated a 36.67% infection rate, confirming its widespread presence in *P. notoginseng*. **Conclusion** This study is the first to identify a novel *Totivirus* member, PnVB-WSPnV207, infecting *P. notoginseng*, with typical genomic features of the genus *Totivirus*. Field surveys revealed a high prevalence (36.67%), highlighting the need for further research on its pathogenicity and transmission mechanisms to support disease control strategies in *P. notoginseng* cultivation.

KEY WORDS: *Panax notoginseng*; transcriptome; totivirus; genome; sequence analysis

三七[*Panax notoginseng*(Burk)F.H.Chenz]为五加科人参属多年生草本植物,是中国著名的传统中药材,以三七的根、根状茎入药,具有止血、活血化瘀、抗血栓、补血及消肿止痛等功能;可用于心悸、崩漏、便血、胸腹刺痛、跌扑肿痛等症^[1]。三七主要生长在中国西南的云南和广西地区,其中云南品种因其药用特性而备受推崇,为了应对日益增长的需求,该行业经历了显著增长,2017年生产量达到28 000吨,年产值达到162亿元人民币^[2]。

目前,病毒等病原的病害感染是三七产量和品质的重要限制因素^[3-5],据报道,侵染三七的病毒主要有9种,包括帚状病毒科(*Virgaviridae*)烟草花叶病毒属(*Tobamovirus*)的番茄花叶病毒(Tomato mosaic virus)^[6]、马铃薯Y病毒科(*Potyviridae*)马铃薯病毒属(*Potyvirus*)的三七Y病毒(*Panax notoginseng* virus Y)^[7]以及西瓜花叶病毒(Watermelon mosaic virus)^[8]、雀麦花叶病毒科(*Bromoviridae*)黄瓜花叶病毒属(*Cucumovirus*)的黄瓜花叶病毒(Cucumber mosaic virus)^[9]、番茄斑萎病毒科(*Tospoviridae*)正番茄斑萎病毒属(*Orthotospovirus*)的番茄斑萎病毒(Tomato spotted wilt virus)^[10]、双生病毒科(*Geminiviridae*)菜豆金色花叶病毒属(*Begomovirus*)的中国番茄黄化曲叶病毒(Tomato yellow leaf curl China virus, TYL-CCNV)及其卫星(Tomato yellow leaf curl China betasatellite)^[11]、全病毒科(*Totiviridae*)全病毒属(*Totivirus*)的三七A病毒(*Panax notoginseng* virus A)^[12]以及南方菜豆一品红花叶病毒科(*Solemoviridae*)马铃薯卷叶病毒属(*Polerovirus*)的烟草扭脉病毒(To-

bacco vein distorting virus)^[13]。

全病毒科病毒的病毒粒子为二十面体、粒体内包含单个线性无帽 dsRNA 分子。病毒基因组长为 4.6~7.0 kbp, 包含两个大的、通常重叠的 ORFs: 5'-端 ORF1 编码 CP, 3'-端 ORF2 编码 RdRp。迄今为止, ICTV 已经确定了 5 个属: *Giardiavirus*、*Leishmaniavirus*、*Trichomonasvirus*、*Victorivirus* 和 *Totivirus*^[14]。其宿主范围特别包括低等真核生物,如酵母^[15]和丝状真菌^[16],现已证实它也能感染植物^[17-18]、昆虫^[19]、甲壳类动物^[20]、鱼类^[21]和蝙蝠^[22]。在本研究中,我们得到了来自云南文山三七 PnVB 的新分离物,并分析其基因组分子特征及检测其发生情况。

1 材料与方法

1.1 材料 疑似感病三七样品采自文山、丘北、西畴、砚山、寻甸、石林、普洱等的三七种植基地,将样品保存在自封袋中,并做好标记,记录病样采集时间、地点和各地采集样本数(表1)。每次采样后,进行拍照分类(图1),带回实验室,液氮速冻后,其余样品冻存于-80℃冰箱保存备用。

1.2 方法

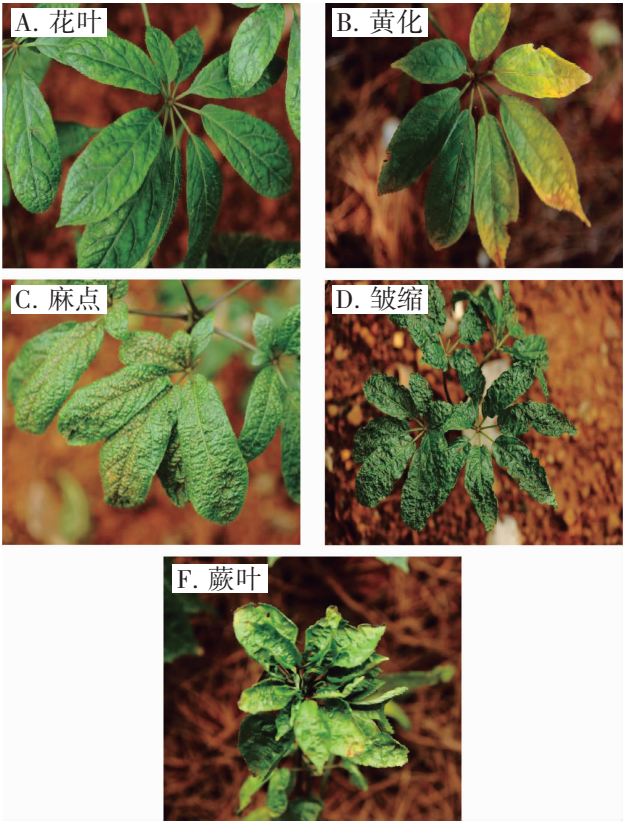
1.2.1 转录组数据测序 取代表性样品送上海欧易生物学进行高通量转录组测序。使用 mirVana™ miRNA ISolation Kit 试剂盒提取三七样品中的总 RNA,经 DNase 消化基因组 DNA 后利用紫外分光光度计(NanoDrop 2000, Thermo)检测纯度以及验证完整性,再利用 Oligo(dT)的磁珠富集 mRNA,并将 mRNA 打断至 200~300 bp。利用随机六碱基引物合成第一链 cDNA,然后配制二链合成反应体系合成二

表 1 三七样品采集信息

采集时间	采集地点	样品数量	样品标号	样品症状
2018.6.15	丘北县	1	18YV207	蕨叶
2023.9.4	砚山县	4	YS-1	无症
			YS-2	花叶
			YS-3	无症
			YS-4	麻点
2023.9.24	西畴县	7	XC-14	皱缩
			XC-15	麻点
			XC-16	麻点
			XC-17	花叶
			XC-18	皱缩
			XC-19	麻点
2023.10.15	普洱市	3	XC-20	花叶
			PE-1	花叶
			PE-2	花叶
			PE-3	花叶
2023.12.18	寻甸县	5	XD-Y12	黄化
			XD-Y13	花叶
			XD-Y14	黄化
			XD-Z6	麻点
2024.5.24	文山市	5	XD-Z7	花叶
			WS2-2	皱缩
			WS2-3	黄化
			WS2-4	花叶
			WS2-5	花叶
			WS2-6	皱缩
2024.8.1	石林县	5	SL-4	蕨叶
			SL-5	花叶
			SL-6	花叶
			SL-7	皱缩
			SL-8	花叶

链 cDNA,纯化后的 cDNA 进行末端修复、加 A 尾及接头连接, 然后进行 PCR 扩增。构建好的文库用 Agilent 2100 Bioanalyzer 质检合格后, 使用 Illumina HiSeqTM 2500 平台进行测序。

1.2.2 转录组数据分析 使用 Trimmomatic 对产生的原始测序数据(raw reads)进行严格质量控制, 去除 reads 中的 adapter 序列, 5'端前含有非 A、T、C、G 的



三七病害症状:花叶型:叶片出现黄绿相间的斑驳或条纹,颜色不均;黄化:叶片整体褪绿变黄;麻点:叶片受害部位呈点状失绿,失绿点在叶背形成突起并布满整个叶面,状似麻点;皱缩型:叶片凹凸不平,叶缘卷曲、皱缩,整体畸形;蕨叶:新叶狭长、畸形,呈蕨类叶片状,叶肉发育不全

图 1 表现为病毒症状的三七样本

碱基、质量较低的 reads 末端,以及含 N 碱基比例达 10%的 reads 和长度小于 50 bp 的小片段原始数据 (raw reads),使用 SPAdes 4.0.0 对质控后数据进行组装,最小 contigs 片段大小设置为 50,对组装的结果进行 NR 注释(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)。选取比对上 virus 的序列,使用 Prodigal 2.6.3 软件分别对最初组装序列和 virus 序列进行基因预测。将各个库中的同属 virus 序列利用 DNAMAN10.0 进行组装,组装后的 contigs 相使用 NCBI 中 BLASTN 和 BLASTX 程序比对。

1.2.3 RT-PCR 扩增 根据本文获得的新病毒序列合成检测病毒的引物,引物由成都擎科生物科技有限公司合成,引物序列如表 2 所示。利用 Eastep Super 总 RNA 提取试剂盒(动植物两用型,上海普洛麦格生物产品有限公司)提取总 RNA,PrimeScript one step

RT-PCR(TaKaRa, 大连)试剂盒进行 RT-PCR 反应。反应条件:50 ℃逆转录 30 min; 预变性 94 ℃ 5 min; 94 ℃变性 30 s, T_m ℃下退火 30 s, 72 ℃ 45 s, 运行 30 个循环;最后 72 ℃延伸 10 min。RT-PCR 产物,经 1.0%琼脂糖凝胶电泳检测,用 DNA 凝胶回收试剂盒(北京擎科新业生物技术有限公司)回收目的片段,克隆到 pMD19-Teasy 载体(TaKaRa, 北京),转化大肠杆菌感受态细胞 DH5 α , 筛选阳性克隆送擎科生物(昆明)测序。

表 2 PnVB 病毒扩增所使用引物

Primer name	primer	Product size/bp	T_m /℃
PnVB1-F	TATCTAGGCGATCTATACCCAGGT	1 757	58.8
PnVB1-R	GGGTAATATCATAGTTGGTACGCC		59.4
PnVB2-F	CGAAGAGAACTGGCTCAGGA	1 756	59.6
PnVB2-R	TCTTCAAATCCATCCTCGCAT		59.6
PnVB3-F	AGTTGATTGGAATAAGGAGAGGAG	1 728	58.2
PnVB3-R	CCATTCATTTGTCCAGGCATA		58.4

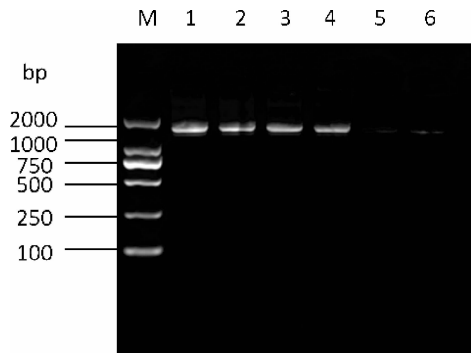
1.2.4 生物信息学分析 使用 NCBI 中 BLASTN 和 BLASTX 程序进行核苷酸序列相似性和氨基酸序列相似性分析(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)。使用 ORF 查找工具(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>)检测开放阅读框(ORF)。从 NCBI 数据库检索相关蛋白序列,并使用 BioEdit 进行比对,使用 IQ-TREE^[23](v1.6.6)基于最大似然法构建系统发育树。利用 iTOL^[24](<https://itol.embl.de/>)进行系统发育树的美化, MEME^[25](<https://meme-suite.org/meme/tools/meme>)来分析其保守序列。

2 结果

在 Illumina HiSeq TM2500、6000 平台对三七样品 WSPnV207 进行高通量测序分析,共产生 24 849 856 原始 raw read,经过质量过滤,使用 SPAdes 对数据进行组装,总共得到 186 114 个 contigs,其中大于 500 bp 的 contigs 为 45 113 个,大于 1 000 bp 的 contigs 为 20 552 个。N50 平均长度约为 738 bp, GC (%) 为 38.55。使用 Prodigal 软件对 virus 序列进行基因预测,预测的病毒样序列共 37 个,其中大于 500 bp 的 contigs 为 16 个,大于 1 000 bp 的 contigs 为 12 个, N50 平均长度约为 1 905 bp,平均 GC (%) 为 45.08。

匹配到 *Totiviridae* 病毒序列的 contigs 4 个,其中得到了一条长度 4 993 bp 的序列,通过 NCBI Blastn 比对后,发现其与 GenBank 注册的序列 *Panax notoginseng virus B* YNSL1212(GenBank:NC_040551.1)最高,核苷酸相似性为 99.70%,覆盖率为 100%。因此,本研究中的分离物暂时命名为 PnVB-WSPnV207。

为进一步验证该病毒存在于三七中,用 RT-PCR 从文山、石林(WS217、SL17)等三七样品中扩增获得该病毒的全基因组序列。结果见图 2。利用 3 对特异性引物进行 RT-PCR 扩增,得到了 1 757 bp、1 756 bp 和 1 728 bp 的目的片段(图 1),测序结果表明所获得的目的片段序列与转录组数据中核苷酸序列相似性为 100%,证明三七样品中存在 PnVB。



M: DNAMarker; 1. PnVB-1-WS217; 2. PnVB-1-SL17; 3. PnVB-2-WS217; 4. PnVB-2-SL17; 5. PnVB-3-WS217; 6. PnVB-3-SL1

图 2 PnVB-WSPnV207 RT-PCR 检测

PnVB-WSPnV207 基因组具有 41.94% 的 GC 含量,总长度为 4 993 nt,其正链上由两个不重叠的开放阅读框组成,ORF1 长 2 280 nt,它起始于 nt 位置 85 的 AUG 起始密码子,终止于 nt 位置 2 362 的 UAG 密码子,并编码 759 个氨基酸(aa)长的蛋白质,估计分子量为 85.70 kDa。ORF2 长度为 2 217 nt,它起始于 nt 位置 2 727 的 AUG 起始密码子,终止于 nt 位置 4 941 的 UAA 密码子,编码一个 738 aa 长的蛋白,估计分子量为 86.04 kDa。这些结果说明 PnVB-WSPnV207 具有典型的全病毒属病毒的基因组特征(图 3)。经 NCBI-BLASTp 分析,与 GenBank 数据库中三七 B 病毒分离物 YNSL1212 的 CP 和 RdRp 具有为 99.74% 和 100% 氨基酸序列相似性,除 YNSL1212Y 与 YNJS09 外, PnVB-WSPnV207 与全病毒属病毒

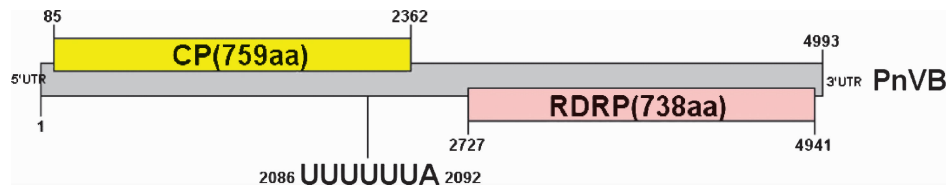


图3 PnVB-WSPnV207 基因组结构图

Panax notoginseng virus A (PnVA) 的 CP 与 RdRp 氨基酸序列相似性, 分别为 79.58% 和 71.05%。

由于全病毒科中存在-1 核糖体移码机制^[26], 在 ORF1 的终止密码子附近存在一个发生移码的滑动位点, 典型序列由 XXXYYYZ 表示(X 可为任意核苷酸、Y 为 A 或 U、Z 则为 ACU 三者之一)。在 PnVB-WSPnV207 基因组 2 086-2 092 nt 发现七聚体 UU-UUUUA 形成的推定滑动位点。

为了确定其在全病毒科中的位置, 采用 BioEdit 软件内置的 Muscle 根据 PnVB-WSPnV207 的 RdRp 氨基酸序列与全病毒科的代表属成员进行多重比对,

构建系统发育树。根据 RdRp 和多重比对构建的系统发育树的结果显示(图 4), 全病毒科可分为两个主要分支: 第一个分支主要包含 *Totiviridae* 科中 *Giardiavirus* 以及未分类的 *Totiviridae* 病毒; 第二个分支主要包含 *Totiviridae* 科中 *Trichomonasvirus*、*Victorivirus*、*Leishmanivirus* 以及 *Totivirus*。PnVB-WSPnV207 定位在第二个分支中, 与 *Panax notoginseng virus B*-YNSL1212 (GenBank: YP 009551937.1) 簇在同一个小分支, 该分支的宿主只有真菌与植物。因此, PnVB-WSPnV207 可以被认为是 *Totiviridae* 中 *Totivirus* 的一个新物种。

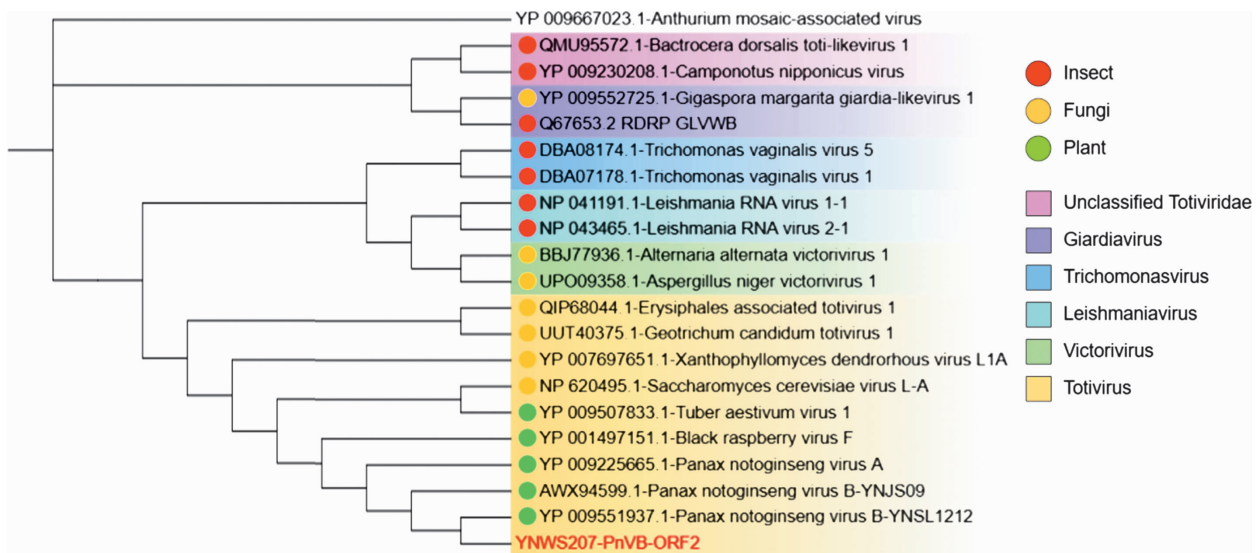


图4 基于 RdRp 氨基酸序列构建的系统发育树

为了证实两种病毒中存在功能保守的 RdRp 基序, 我们使用 MEME 套件, 将其与最相近的病毒进行比对, 并进一步分析。在新发现的 PnVB-WSPnV207 的 RdRp 中发现的 8 个保守基序支持其分类属于 *Totivirus* (图 5)。

通过获得的病毒序列, 利用 RT-PCR 检测云南省文山、丘北、西畴、砚山、寻甸、石林、普洱等地三七样品中三七 B 病毒的发生率, 在 30 份样品中, 阳性样品共在 11 份样品中检出, 占比为 36.67%, 发生率比

较高, 证明三七 B 病毒在三七中普遍存在(表 3)。

3 讨论

植物病毒有 4 种不同的生活方式: 持久性、急性、慢性和内源性。在野生植物生态基因组研究中, 持久性病毒占植物病毒的大多数, 在某些植物科中的流行率高达 70%, 这些病毒现在被归类为 *Totiviridae* 和 *Chrysoviridae*、*Amalgaviridae*、*Partiviridae* 的成员。它们通常并不在植物细胞之间移动, 而是通过细胞分裂分布在植物中, 所以在不同宿主之间高度保守,



图中所列病毒及 GenBank 注册号 (QIP68044.1:Erysiphales associated totivirus 1;YP_009507833.1:Tuber aestivum virus 1;YP_009225665.1:Panax notoginseng virus A;YP_001497151.1:Black raspberry virus F;NP_620495.1-Saccharomyces cerevisiae virus L-A;YP_007697651.1:Xanthophyllomyces dendrorhous virus L1A;YP_007697651.1:Xanthophyllomyces dendrorhous virus L1A;UWL52189.1:Exobasidium gracile totivirus 1-1;YP_009507831.1:Scheffersomyces segobiensis virus L;WL52180.1:Exobasidium gracile totivirus 2-1;UUV42276.1:Inari totivirus 1)

图 5 MEME 保守序列分析

表 3 三七 B 病毒检测			
样品标号	PnVB	样品标号	PnVB
18YV207	+	XD-Y12	+
YS-1	+	XD-Y13	+
YS-2	-	XD-Y14	-
YS-3	-	XD-Z6	+
YS-4	+	XD-Z7	-
XC-14	-	WS2-2	-
XC-15	-	WS2-3	+
XC-16	+	WS2-4	-
XC-17	-	WS2-5	-
XC-18	+	WS2-6	-
XC-19	-	SL-4	+
XC-20	-	SL-5	+
PE-1	-	SL-6	-
PE-2	-	SL-7	-
PE-3	-	SL-8	-

注: +代表检测出 PnVB 阳性样品; -代表未检测出 PnVB 阴性样品

有些对宿主没有负面影响,有些甚至是有益的^[27]。目前已有研究证实持久性病毒会与宿主产生互惠共利的生存关系^[28],而不是引起疾病的原因。当宿主进化时,不确定它们是否提供功能,但它们不会被植物免疫系统消除,表明它们被植物视为自身组分。Chen 等^[3]采取田间自然复合感染 PnVA、人参隐秘病毒(Panax cryptic virus 4,PCV4)、TYLCCNV 发病的三七分析,发现与对照相比,感病三七皂苷生物合成受抑制,但考虑到样品来自田间自然状况下,这 3 种病毒侵染是否是影响皂苷生物合成的主要因素尚有待进一步研究。本研究通过转录组测序、RT-PCR 扩增获得了一种新的 dsRNA 病毒,即三七 B 病毒,通过基因组结构以及系统发育树分析等,三七 B 病毒可以被认为 Totiviridae 中 Totivirus 的一个新物种。同时,我们检测了样品中三七 B 病毒的在三七中的发生率为 36.67%,说明其在三七中存在比较普遍,故可以初步认为三七 B 病毒是三七中存在的一种持久性病毒,其发现为研究药用植物与病毒的共生关系提供了新的模式系统。

4 结论

三七是我国传统中药,以三七的根、根状茎入药,具有止血、活血化瘀、补血、抗血栓及消肿止痛等功能。目前,病毒病已成为三七安全生产的重要限制因素^[29-30]。本研究为首次实验验证并报道三七中一种新的病毒,基因组结果和系统发育分析表明,该病毒与其它植物相关 totiviruses 的亲缘关系较近。我们的研究不仅丰富了三七中病毒的种类,还有助于了解 *Totivirus* 属中的 dsRNA 病毒。植物病毒学的焦点主要集中在急性或慢性病毒上,植物持久性病毒是一种非常常见的,但在很大程度上没有被研究的病毒。然而,持久存在的病毒有可能对其植物宿主产生深远的影响,目前还需要更进一步的研究。

参考文献

- [1] 覃灵红,梁爽.三七的药理作用及临床应用研究进展[J].壮瑶药研究,2023(2):337-340.
- [2] WEI G,ZHANG G,LI M,et al. *Panax notoginseng*:panoramagram of phytochemical and pharmacological properties, biosynthesis, and regulation and production of ginsenosides[J]. Horticulture Res,2024,11(8):uhae170.
- [3] CHEN H,LI W,CHEN X,et al. Viral infections inhibit saponin biosynthesis and photosynthesis in *Panax notoginseng*[J]. Plant Physiol Biochem,2023,203:108038.
- [4] CHENG Y,ZHENG T,YANG D,et al. Cucumber mosaic virus impairs the physiological homeostasis of *Panax notoginseng* and induces saponin-mediated resistance[J]. Virology,2024,591:109983.
- [5] 马妮,王勇,刘云芝,等.三七病毒病对三七产量和质量的影响研究[J].现代农业科技,2015,(14):110-111,113.
- [6] 宋丽敏,梁文星,姜辛,等.三七上番茄花叶病毒的初步鉴定:第三次全国植物病毒和病毒防治学术研讨会[C]/第三次全国植物病毒和病毒防治学术研讨会.昆明:2003.
- [7] YAN Z L,SONG L M,ZHOU T,et al. Identification and molecular characterization of a new potyvirus from *Panax notoginseng*[J]. Arch Virol,2010,155(6):949-957.
- [8] WEI Y,ZHANG L,DONG X,et al. *Panax notoginseng* is a new host of watermelon mosaic virus in Yunnan Province, China[J]. Journal of Plant Pathology,2025,107(2):1-5.
- [9] 金羽.三七病毒病原的初步研究[D].哈尔滨:东北农业大学,2005.
- [10] 杨建忠,王勇,张葵,等.薊马危害三七调查初报[J].中药材,2008,31(5):636-638.
- [11] LI X J,LIU F,LI Y Y,et al. First report of tomato yellow leaf curl China virus with betasatellite infecting *Panax notoginseng*[J]. Plant Dis,2014,98(9):1284.
- [12] GUO L,YANG X,WU W,et al. Identification and molecular characterization of *Panax notoginseng* virus A, which may represent an undescribed novel species of the genus *Totivirus*,family *Totiviridae*[J]. Arch Virol,2016,161(3):731-734.
- [13] 杨馨,孟钰,李梅蓉,等.云南三七病毒病的发生及病毒种类检测[J].植物病理学报,2019,49(4):456-464.
- [14] LUO W,ZHANG L,ZHANG L,et al. Complete genome sequence of a novel totivirus isolated from the leaves of *Myrica rubra*[J]. Arch Virol,2024,169(6):123.
- [15] CHIAPELLO M,RODRIGUEZ-ROMERO J,AYLLON M A,et al. Analysis of the virome associated to grapevine downy mildew lesions reveals new mycovirus lineages[J]. Virus Evol,2020,6(2):veaa58.
- [16] CORNEJO-FRANCO J F,ALVAREZ-QUINTO R A, MOLLOV D,et al. Identification and genetic characterization of a new *Totivirus* from *Bursera graveolens* in western Ecuador[J]. Arch Virol,2023,168(4):102.
- [17] WANG Z,NEUPANE A,FENG J,et al. Direct metatranscriptomic survey of the sunflower microbiome and virome[J]. Viruses,2021,13(9):1867.
- [18] WILLIAMS S H,LEVY A,YATES R A,et al. The diversity and distribution of viruses associated with *Culex annulirostris* mosquitoes from the kimberley region of Western Australia[J]. Viruses,2020,12(7):717.
- [19] RICHARD J C,LEIS E,DUNN C D,et al. Mass mortality in freshwater mussels(*Actinonaias pectorosa*) in the Clinch River, USA, linked to a novel densovirus[J]. Sci Rep, 2020,10(1):14498.
- [20] SANDLUND L,MOR S K,SINGH V K,et al. Comparative molecular characterization of novel and known piscine toti-like viruses[J]. Viruses,2021,13(6):1063.
- [21] YANG X,ZHANG Y,GE X,et al. A novel totivirus-like virus isolated from bat guano[J]. Arch Virol, 2012, 157(6):1093-1099.
- [22] KONOVALOVAS A,SERVIENE E,SERVA S. Genome sequence of *Saccharomyces cerevisiae* double-stranded RNA virus L-A-28[J]. Genome Announc, 2016, 4(3): e00549-16.

(下转第 72 页)

- [13] LI X J, LIU F, LI Y Y, et al. First report of tomato yellow leaf curl China virus with betasatellite infecting *Panax notoginseng*[J]. Plant Disease, 2014, 98(9):1284.
- [14] GUO L, YANG X, WU W, et al. Identification and molecular characterization of *Panax notoginseng* virus A, which may represent an undescribed novel species of the genus Totivirus, family Totiviridae[J]. Archives of Virology, 2016, 161(3):731-734.
- [15] 杨馨, 孟钰, 李梅蓉, 等. 云南三七病毒病的发生及病毒种类检测[J]. 植物病理学报, 2019, 49(4):456-464.
- [16] LI J, SHANG Q, LIU Y, et al. Occurrence, distribution, and transmission of alfalfa viruses in China[J]. Viruses-Basel, 2022, 14(7):1519.
- [17] KINSELLA C M, DEIJS M, GITTELBAUER H M, et al. Human clinical isolates of pathogenic fungi are host to diverse mycoviruses[J]. Microbiology Spectrum, 2022, 10(5):e0161022.
- [18] DONG X, LI C, WANG Y, et al. Diversity and connect-edness of brine shrimp viruses in global hypersaline e-cosystems[J]. Science China-Life Sciences, 2024, 67(1):188-203.
- [19] LAM-TUNG N, SCHMIDT H A, VON HAESELER A, et al. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies[J]. Molecular Biology and Evolution, 2015, 32(1):268-274.
- [20] LETUNIC I, BORK P. Interactive tree of life (iTOL)v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation[J]. Nucleic Acids Research, 2021, 49(W1):W293-W296.
- [21] BAILEY T L, JOHNSON J, GRANT C E, et al. The MEME suite[J]. Nucleic Acids Research, 2015, 43(W1):W39-W49.
- [22] ROOSSINCK M J. Lifestyles of plant viruses[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences, 2010, 365(1548):1899-1905.
- [23] ROOSSINCK M J. Move over, bacteria! viruses make their mark as mutualistic microbial symbionts[J]. Journal of Virology, 2015, 89(13):6532-6535.
- [24] ROOSSINCK M J. The good viruses: viral mutualistic symbioses[J]. Nature Reviews Microbiology, 2011, 9(2):99-108.
- [25] NAKATSUKASA-AKUNE M, YAMASHITA K, SHIMODA Y, et al. Suppression of root nodule formation by artificial expression of the TrEnodDR1 (coat protein of white clover cryptic virus 1) gene in *Lotus japonicus*[J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2005, 18(10):1069-1080.
- [26] VAINIO E J, CHIBA S, GHABRIAL S A, et al. ICTV virus taxonomy profile: *Partitiviridae*[J]. Journal of General Virology, 2018, 99(1):17-18.

(收稿日期:2025-05-16)

(上接第 56 页)

- [23] NGUYEN L T, SCHMIDT H A, VON HAESELER A, et al. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies[J]. Mol Biol Evol, 2015, 32(1):268-274.
- [24] LETUNIC I, BORK P. Interactive Tree of Life (iTOL)v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation[J]. Nucleic Acids Res, 2021, 49(W1):W293-W296.
- [25] BAILEY T L, JOHNSON J, GRANT C E, et al. The MEME suite[J]. Nucleic Acids Res, 2015, 43(W1):W39-W49.
- [26] BEKAERT M, ROUSSET J P. An extended signal involved in eukaryotic -1 frameshifting operates through modification of the E site tRNA[J]. Mol Cell, 2005, 17(1):61-68.
- [27] ROOSSINCK M J. Lifestyles of plant viruses[J]. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci, 2010, 365(1548):1899-1905.
- [28] NAKATSUKASA-AKUNE M, YAMASHITA K, SHIMODA Y, et al. Suppression of root nodule formation by artificial expression of the TrEnodDR1 (coat protein of White clover cryptic virus 1) gene in *Lotus japonicus*[J]. Mol Plant Microbe Interact, 2005, 18(10):1069-1080.
- [29] SU L, ZHENG L, WANG H, et al. *Panax notoginseng* transcription factor WRKY15 modulates resistance to *Fusarium solani* by up-regulating osmotin-like protein expression and inducing JA/SA signaling pathways[J]. BMC Plant Biol, 2023, 23(1):362.
- [30] MA L J, LIU X, GUO L, et al. Discovery of plant chemical defence mediated by a two-component system involving beta-glucosidase in *Panax* species[J]. Nat Commun, 2024, 15(1):602.

(收稿日期:2025-05-10)