山东农业大学学报(自然科学版),2026,57(4):610-618 VOL.57 NO.4 2026
Journal of Shandong Agricultural University (Natural Science Edition) doi:10.3969/j.issn.1000-2324.2026.04.003

小麦黄花叶病田不同深度土壤致病力分析和病毒分离物鉴定

刘珂君[1,2],赵依铭[1,2],朱佩群[3],于成明[1,2],郝凯强[1,2],田淑媛[1,2*],原雪峰[1,2*]

1. 山东农业大学植物保护学院,山东 泰安 271018
2. 山东农业大学德州(齐河)小麦产业研究院,山东 德州 251100
3. 费县农技推广中心植保站,山东 临沂 273400

摘 要:小麦黄花叶病毒(*Wheat yellow mosaic virus*,WYMV)是一种重要的小麦土传病毒病害,近年来其发病率有上升趋势。实地调查发现,山东省临沂市费县小麦黄花叶病发生严重。采集病区不同深度(0~10 cm、10~20 cm、20~30 cm、30~40 cm)的土壤进行检测发现,该病区的土壤中含有WYMV,且随着土层的深度增加,病土的致病力逐层下降。对费县病田中的WYMV外壳蛋白(CP)序列进行扩增并构建系统进化树发现,临沂WYMV分离物的CP聚类在一起,且与陕西地区WYMV分离物(SX2 clone 22)进化关系较近。本研究结果表明,小麦黄花叶病田中表层土的致病力最强,且在同一病田中存在两种以上进化关系较近的WYMV分离物,系统进化分析为进一步探究WYMV的演化方向和设计进化保守位点靶标药物奠定了基础。

关键词:小麦黄花叶病毒;WYMV临沂分离物;致病力分析;系统进化分析

中图法分类号:S432.41 **文献标识码**:A **文章编号**:1000-2324(2026)04-0610-09

Pathogenicity Analysis of Wheat Yellow Mosaic Virus-Infested Soil at Different Depths and Identification of WYMV Isolates

LIU Ke-jun[1,2], ZHAO Yi-ming[1,2], ZHU Pei-qun[3], YU Cheng-ming[1,2], HAO Kai-qiang[1,2], TIAN Shu-yuan[1,2*], YUAN Xue-feng[1,2**]

1. *College of Plant Protection/Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China*
2. *Dezhou (Qihe) Wheat Industry Research Institute/Shandong Agricultural University, Dezhou 251100, China*
3. *Plant Protection Station/Fei County Agricultural Technology Promotion Center, Linyi 273400, China*

Abstract: *Wheat yellow mosaic virus* (WYMV) is a significant soil-borne viral disease of wheat, and its incidence has shown an increasing trend in recent years. Field investigation reveals a severe occurrence of WYMV in Fei County, Linyi City, Shandong Province. Soil samples from different depths (0~10 cm, 10~20 cm, 20~30 cm, 30~40 cm) in the affected area are collected and tested, confirming the presence of WYMV in the soil. Furthermore, the pathogenicity of the infested soil decreases progressively with increasing soil depth. The coat protein (CP) sequences of WYMV isolates from the diseased fields in Fei County are amplified and used to construct a phylogenetic tree. The results show that the CP sequences of WYMV isolates from Linyi cluster together and exhibit a close evolutionary relationship with WYMV isolates from Shaanxi (SX2 clone 22). The results of this study indicate that the topsoil in wheat yellow mosaic disease-infected fields possesses the strongest pathogenicity. Furthermore, more than two evolutionarily related WYMV isolates coexist in the same infected field. The phylogenetic analysis lays a foundation for further exploring the evolutionary direction of WYMV and designing drugs targeting conserved evolutionary sites.

Keywords: *Wheat yellow mosaic virus*; Linyi isolate of WYMV; pathogenicity analysis; phylogenetic analysi

小麦(*Triticum aestivum* L.)是我国主要粮食作物,其生产长期面临低温、干旱、盐胁迫等非生物逆境,以及病原物、害虫等生物逆境的多重挑战[1,2],因此小麦的高产稳产对于满足全球不断增长的粮食需求和确保国内粮食安全至关重要。小麦黄花叶病最早于上世纪20年代在日本发现[3],随后传入我国,当前已成为危害我国小麦生产的主要土传病毒病之一[4]。其广泛分布于我国冬小麦种植区,包括了北部冬麦区的胶东沿海地区、黄淮冬麦区大部、长江中下游麦区和西南麦区部分地区等[5],山东省主要分布在烟台、威海、潍坊、青岛、临沂、济宁等市的20多个县区[6]。可导致小麦植株矮化,叶片呈现典型花叶状或黄色条纹症状[7]。其发病初期叶片出现不

收稿日期:2025-08-06 **修回日期**:2026-06-20
基金项目:NSFC-国家自然科学基金面上项目(31872638);山东农业大学德州小麦产业研究院项目(539703018002)
第1作者简介:刘珂君(2000-),女,硕士研究生,研究方向:小麦病毒病致病机制。E-mail:1137007904@qq.com
***通讯作者**:Author for correspondence.E-mail:snowpeak77@163.com;15809215770@163.com

规则淡绿色或黄色斑块，后期植株严重矮化并伴随分蘖异常[8]，对小麦产量造成十分严重的影响[9,10]，小麦黄花叶病毒（*Wheat yellow mosaic virus*，WYMV）是引发小麦黄花叶病的主要病原，传毒介体为禾谷多粘菌（*Polymyxa graminis*），是一类专性寄生于包括小麦在内的禾谷类植物根部的真菌[11,12]，且带毒菌株长期具有致病力，其休眠孢子携带病毒在土壤中越夏，并于秋季随孢子萌发侵染小麦根系[13]。WYMV 可随雨水和农事操作等进行传播，易造成大面积危害。目前，对于小麦黄花叶病毒病的防控，主要集中在抗性品种培育和药剂防治等方面[14-16]，而对于土层深度与病原菌致病力的相关研究较少。但是大量研究表明，土壤土层深度对土壤微生物菌群的影响较大，甚至大于海拔对土壤微生物的影响，微生物群落丰富度和多样性沿土壤深度梯度降低[17,18]。所以，我们推测土层深度很可能也影响了禾谷多黏菌的分布与含量，进而影响了病土的致病力。

山东省临沂市费县是小麦黄花叶病较为集中且典型的发生地，发病程度轻重不一，严重的田块发病率高达 60%，导致小麦减产严重[19]。作者通过在临沂市费县进行实地走访调查发现，该地小麦黄花叶病的发生较为严重，大面积农田呈现不规则块状黄化（图 1）。所以本研究选择临沂市费县为调查地点，对小麦黄花叶病区不同土层深度土壤的致病力和病毒分离物种类进行分析，以期为小麦黄花叶病的防控提供新的理论依据。

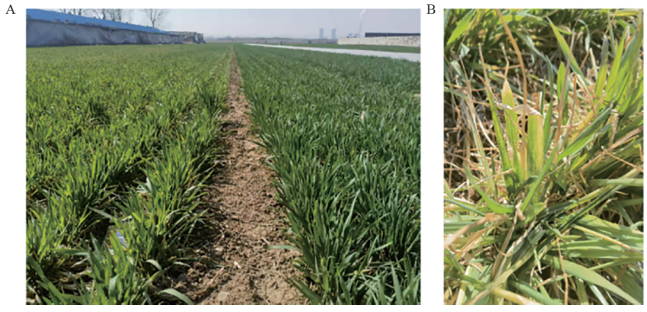


图 1 山东省临沂市费县小麦黄花叶病田间症状图

Fig. 1 Field symptoms of wheat yellow mosaic disease in Fei County, Linyi City, Shandong Province.

注：A：WYMV 发病小麦（左侧）和未发病小麦（右侧）；B：WYMV 发病小麦叶片细节图。

Note: A: WYMV-infected wheat (left panel) and healthy wheat (right panel). B: Detailed view of WYMV-infected wheat leaves.

1　材料与方法

1.1　实验材料

以 WYMV 感病小麦品种矮抗 58 和扬麦 158 为试验材料，矮抗 58 小麦种子由中国农业科学院高丽锋研究员惠赠，扬麦 158 小麦种子由宁波大学陈剑平院士团队惠赠。试验所用病土样品采集自山东省临沂市费县上冶镇古城村（北纬 35.40°，东经 117.95°）西 200 m 小麦黄花叶病发病大田中，采样时间为 2025 年 3 月 19 日，采样病田发病较重。供试菌株 GV3101 和 DH5α 购自上海唯地生物技术有限公司，用于土壤 WYMV 检测阴性对照的普通基质土购自寿光市沃德农业科技有限公司。

1.2　试验方法

1.2.1　土壤中 WYMV 的检测　由于 WYMV 携带于禾谷多黏菌中，所以检测土壤中的 WYMV 首先要提取土壤微生物的 RNA。首先，对土壤微生物进行富集，取 10 g 土壤样品加入到无菌磷酸缓冲液（PBS）中，充分振荡制成土壤悬液，静置 5~10 min，取上清液；将上清液 3 000 rpm 离心 5 min 去除残留土壤颗粒，保留含微生物的上清液；再次将上述上清液 12 000 rpm 离心 15 min，收集沉淀，即为富集的土壤微生物菌体，用于后续 RNA 提取。提取 RNA 的方法为 Trizol 法，具体步骤参照全式金 TransZol 常规 RNA 提取试剂盒说明书。RNA 提取后使用 Thermo Fisher 超微量分光光度计测定 RNA 浓度。cDNA 第一链的合成参照兰博利德生物公司的 First-strand synthesis Master Mix 说明书进行。以 WYMV RNA1 的 CP 序列（GenBank 登录号：AF067124.2）为目的片段设计特异性检测引物（WYMV-CP-F：GGTTGAAGTAGATCGTGTTGAGGC，WYMV-CP-R：CTTCGATGTCCTGTGGGTTCAT），目的片段长度为 650 bp。为检测土壤中是否含有

WYMV，本实验以土壤微生物的cDNA为模板，用 WYMV-CP-F 和 WYMV-CP-R 引物和 Rapid Taq Master Mix 进行PCR扩增，检测土壤中是否含有WYMV，并用1%的琼脂糖进行凝胶电泳。

1.2.2 *不同土层深度病土的致病力分析* 在费县地区大田中以垂直方向，10 cm为单位，取0~10 cm、10~20 cm、20~30 cm、30~40 cm四个土层深度的病土，去除残根和石块等，于室温（25 ℃）保存备用。将矮抗58和扬麦158小麦种子于4 ℃培养至萌发后种植到健康土中，放置在25 ℃培养箱内，光周期为16 h光照/8 h黑暗，待小麦生长到两叶一心期时，移栽至不同土层深度的WYMV病土中，置于8 ℃培养箱中继续培养，光周期为16 h光照/8 h黑暗。接种WYMV 7 d后取小麦叶片定量分析WYMV CP的相对含量，接毒约3个月后观察小麦黄花叶病发病症状。

提取RNA的方法和cDNA第一链的合成步骤同1.2.1，小麦叶片RNA的加入量为1 000 ng。以小麦接毒7 d后的cDNA为模板，用引物WYMV-CP-F/R进行PCR扩增检测叶片中是否含有WYMV，并用1%的琼脂糖进行凝胶电泳。

实时荧光定量PCR（qPCR）参照全式金Perfect Start Green qPCR SuperMix试剂盒说明书进行。每次实验设置3个生物学重复，单个样本设置3次技术重复。设计WYMV定量引物（qWYMV-CP-F：ACGCTAGGTTGAATGGTGGC，qWYMV-CP-R：AACTTCGATGTCCTGTGGGTTC），并以小麦延伸因子（elongation factor，EF；Gene ID：Q03033）为内参（qEF-F：GCTGACTGTGCTGTTCTCATCATC，qEF-R：GCGCCTTTGAGTACTTGGGAG）[20]。使用罗氏LightCycler® 96荧光定量PCR仪进行qPCR分析，采用$2^{-\Delta\Delta Ct}$法对定量结果进行分析，并使用Graphpad 9软件对结果进行统计分析和作图，显著性分析采用one-way ANOVA法。

1.2.3 *进化树的构建* 使用临沂市费县采集的病土种植感病小麦扬麦158后，设计WYMV外壳蛋白（CP）的特异性扩增引物（CP-F：TATGGCGATAGCAGCATTGAG，CP-R：GTAACCGTGGCCGTGAAAG）扩增临沂费县地区WYMV CP全长序列，并在生工生物用Sanger法进行DNA测序分析，共获得两种CP序列。从NCBI数据库（https://www.ncbi.nlm.nih.gov/）下载前期研究已公布的WYMV不同分离物的CP序列。将上述CP的DNA序列和氨基酸序列分别用DANMAN软件进行多序列比对分析，并采用邻接法（NJ），使用MEGA软件分别对不同WYMV分离物的DNA和氨基酸序列构建系统进化树，自展值（bootstrap）设为1 000次以评估分支可信度。

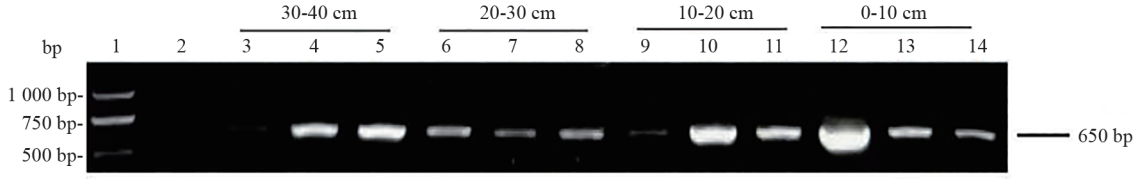
2 结果与分析

2.1 不同深度土壤中WYMV的检测

将4个不同深度（0~10 cm、10~20 cm、20~30 cm、30~40 cm）的土壤提取RNA并反转录为cDNA后，进行PCR扩增检测是否含有WYMV。凝胶电泳分析发现，PCR产物条带明亮单一，片段大小在500 bp~750 bp之间，符合预期（图2）。结果表明，在临沂市费县病田中0~40 cm深度的土层中均含有WYMV。

2.2 不同土层深度病土的致病力分析

将不同土层深度的病土分别种植WYMV感



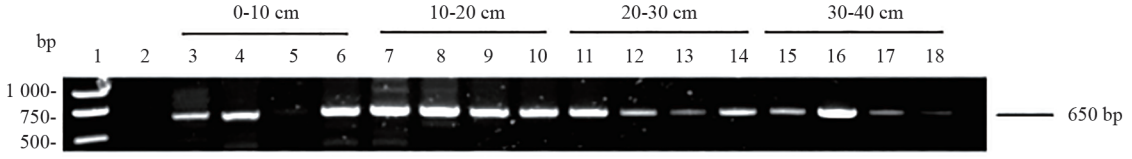
泳道1：DNA marker；泳道2：阴性对照（不含病毒的普通基质土）；泳道3~5：30~40 cm土层土壤；泳道6~8：20~30 cm土层土壤；泳道9~11：10~20 cm土层土壤；泳道12~14：0~10 cm土层土壤。第3、6、9、12个泳道对应第一个生物学重复；第4、7、10、13个泳道对应第二个生物学重复；第5、8、11、14个泳道对应第三个生物学重复。

Lane 1: DNA marker; Lane 2: Negative control (virus-free standard substrate soil); Lanes 3~5: Soil sample from 30~40 cm depth; Lanes 6~8: Soil sample from 20~30 cm depth; Lanes 9~11: Soil sample from 10~20 cm depth; Lanes 12~14: Soil sample from 0~10 cm depth. Lanes 3, 6, 9, and 12 correspond to the first biological replicate; lanes 4, 7, 10, and 13 correspond to the second biological replicate; lanes 5, 8, 11, and 14 correspond to the third biological replicate.

图2 RT-PCR检测不同深度病土中的WYMV

Fig. 2 RT-PCR detection of WYMV in virus-infested soil at different depths

病品种小麦矮抗 58，7 d 后取样进行总 RNA 提取，反转录为 cDNA 后进行 PCR 扩增，检测是否含有 WYMV。凝胶电泳后可看出产物条带明亮单一，且片段大小与预期大小一致（图 3）。说明在不同的病土土层深度下种植小麦均能够感染 WYMV。且随着土层深度增加，叶片中病毒的 PCR 扩增条带亮度逐渐减弱（图 3），说明病毒积累量可能随土层深度的增加而降低。



泳道 1：DNA marker；泳道 2：ddH_2O（阴性对照）；泳道 3~6：0~10 cm 土层土壤种植的小麦；泳道 7~10：10~20 cm 土层土壤种植的小麦；泳道 11~14：20~30 cm 土层土壤种植的小麦；泳道 15~18：30~40 cm 土层土壤种植的小麦。第 3、7、11、15 个泳道对应第一个生物学重复；第 4、8、12、16 个泳道对应第二个生物学重复；第 5、9、13、17 个泳道对应第三个生物学重复；第 6、10、14、18 个泳道对应第四个生物学重复。

Lane 1: DNA marker (DL2000); Lane 2: ddH_2O (negative control); Lanes 3~6: wheat grown in 0~10 cm WYMV-infected topsoil; Lanes 7~10: wheat grown in 10~20 cm WYMV-infected plough layer; Lanes 11~14: wheat grown in 20~30 cm WYMV-infected plough layer; Lanes 15~18: wheat grown in 30~40 cm WYMV-infected plough layer. Lanes 3, 7, 11 and 15 correspond to the first biological replicate; lanes 4, 8, 12 and 16 correspond to the second biological replicate; Lanes 5, 9, 13 and 17 correspond to the third biological replicate; lanes 6, 10, 14 and 18 correspond to the fourth biological replicate.

图 3 不同土层深度的 WYMV 病土对小麦的致病力分析

Fig. 3 Pathogenicity analysis of WYMV-infested soil from different soil layers on wheat.

进一步用 qPCR 对 WYMV CP 的相对含量进行分析发现，不同土层深度的土壤种植小麦后，小麦叶片带毒量具有显著差异。与 0~10 cm 深度的土壤相比，10~20 cm 深度土壤种植小麦后带毒量显著降低；与 10~20 cm 深度的土壤相比，20~30 cm 深度土壤种植小麦后带毒量显著降低；但 20~30 cm 与 30~40 cm 深度的土壤种植小麦后带毒量无显著差异；且 30~40 cm 深度的土壤致病力仅为表层土（0~10 cm）的 0.057 倍（图 4）。说明表层土对小麦的致病力最强，且随着土层深度的增加，病土致病力呈降低趋势。

将感病品种小麦扬麦 158 于 4 ℃萌发后，分别移栽至不同土层深度（0~10 cm、10~20 cm、20~30 cm、30~40 cm）的病土中，接种 WYMV 约 3 个月后开始出现小麦黄花叶的典型症状。分别取不同土层种植的小麦叶片对比表型差异，发现 0~10 cm 病土土层种植的小麦最先表现出黄花叶症状，而其余深度土层种植的小麦发病症状尚不明显（图 5）。该结果进一步说明表层土致病力最强，去除表层土可能有利于延缓发病。

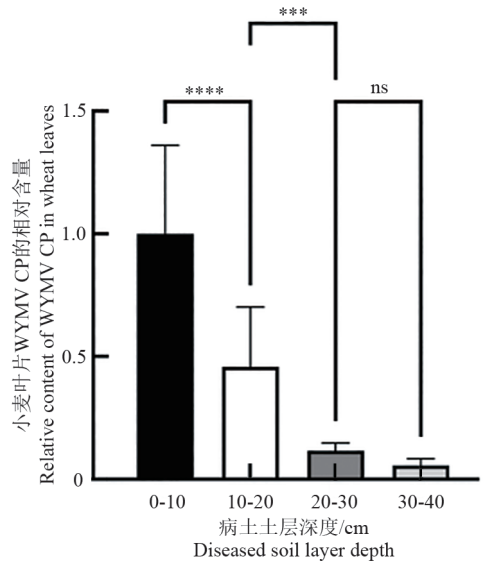


图 4 qPCR 分析不同土层深度病土种植的小麦中 WYMV CP 的相对含量

Fig. 4 qPCR analysis of WYMV CP relative concentration of wheat planted in diseased soil at different depths

注：one - way ANOVA 检验；****：P< 0.000 1；***：P< 0.001；ns：无显著差异。

Note: One-way ANOVA test; ****: P< 0.000 1; ***: P< 0.001; ns: no significance.

2.3　WYMV 费县分离物与不同地区分离物 CP 的序列比对

病毒的 CP 序列对于病毒的分类和进化都有重要意义。在临沂费县病田 WYMV CP 测序结果中，经 DANMAN 软件分析，核苷酸序列分为两种（分别为 WYMV CP isolate LYFX clone1 和 2），两序列一致性为 99.94%，突变位点为 CP 的第 850 位碱基，从 C 变为 T，但是氨基酸序列未变，为同义突变（附图 1A 和 1B）。使用



图 5 不同土层深度 WYMV 病土种植小麦后的发病症状
Fig. 5 Symptoms of wheat after planting in WYMV-infested soil at different depths

DNAMAN 软件对本次扩增得到的两种 WYMV CP 序列和部分过去研究发现的 WYMV CP 序列进行 DNA 序列比对发现，第 182 位碱基 C，第 351 位碱基 T，第 741 位碱基 T 是临沂分离物特有的碱基；第 192 位碱基 A，第 651 位碱基 T，第 850 位的碱基 T 是本次发现的不同于已公布的临沂分离物独有的差异位点（附图 1C）。根据氨基酸比对结果可看出，第 61 位氨基酸 A 是临沂分离物特有的氨基酸（附图 1D）。在已公布的 WYMV 分离物 CP 序列中，没有与 WYMV CP isolate LYFX clone1/2 完全相同的氨基酸序列，相似度最高的是陕西分离物的 CP（ACP28862.1 WYMV CP isolate SX2 clone 22；附图 1D）。

2.4 费县和其他地区 WYMV 分离物 CP 的系统进化分析

分别根据不同 WYMV 分离物 CP 的核苷酸序列与氨基酸序列进行系统进化树构建，结果表明在使用 DNA 序列构建的系统进化树中，本次获得的 WYMV CP isolate LYFX clone1/2 与前人发现的 SD-LY1（ARM39028.1）分离物亲缘关系较近，三者均为临沂分离物（图 6A）。使用氨基酸序列构建系统进化树发现，WYMV CP isolate LYFX clone1/2 与 SX2 clone 22（ACP28862.1）亲缘关系较近，且与 SD-LY1（ARM39028.1）在同一分支上（图 6B）。同一病区的病毒分离物可能源自共同祖先，演化方向具有一致性，但是临沂市费县的病毒分离物为何与远在陕西的分离物具有更近的亲缘关系还需要进一步分析。

3 讨论

本研究结果表明，山东省临沂市费县病田中 WYMV 在 40 cm 土层内均有分布，但病土的病毒含量和致病力随深度增加显著下降。这一结果可能与 WYMV 依赖禾谷多黏菌传播的特性相关。禾谷多黏菌作为一类土壤微生物，其休眠孢子囊易在表层土壤积累，且农事操作（如耕作、灌溉）多发生在表层土，可能促进病毒在表层土壤的扩散。因此，表层土壤是 WYMV 的主要“储存库”，为小麦黄花叶病的土壤传播机制提供了理论依据，为制定基于土层深度的病害防控措施（如土壤深耕、药剂分层施用等）提供了科学依据。并且本研究和过去研究结果表明，费县病田存在多种进化关系较近的 WYMV 分离物[21]，推测其可能是病毒在长期适应本地小麦品种和环境条件中发生的适应性变异。本次新检测到的同义突变虽然未改变氨基酸序列，但是近期研究表明，同义突变对生物性状的表观转录调控具有重要意义[22]，所以费县分离物发生同义突变的生物学意义值得进一步探究和分析。值得注意的是，山东省临沂市与陕西省地理位置距离较远，但是两种病毒分离物的 CP 在进化关系上却呈现较高的相似度。这种跨区域遗传相似性究竟源于偶然传播事件，还是潜在生态或进化因素（如媒介迁移、种子调运或相似选择压力）所致，仍需通过更大范围采样与系统进化分析予以明确。尽管费县 WYMV 分离物呈现出一定的遗传多样性，增强了病毒对环境的耐受性，但其变异幅度总体有限，进化关系相对集中，这为针对保守靶标设计广谱抗病毒品种或开发分子干预策略提供了有利条件。

本研究仅分析了 0~40 cm 的土层，更深层土壤的病毒分布有待验证，且未涉及不同小麦品种的抗性差异对土壤致病力的影响。而根际作为病毒-禾谷多黏菌-植物三重互作的关键生态位点，其微生物群落组成和动态变化直接影响土传病毒病的发生程度。已有研究表明，WYMV 侵染会显著改变小麦土壤-植物连续体（包括团聚体、根际土壤、根系及叶片）的微生物群落结构。其中有益细菌显著富集，未来研究需整合多组学技术、合成微生物群落构建与功能验证，进一步解析微生物功能活性与抗病性的关联机制[23]，同

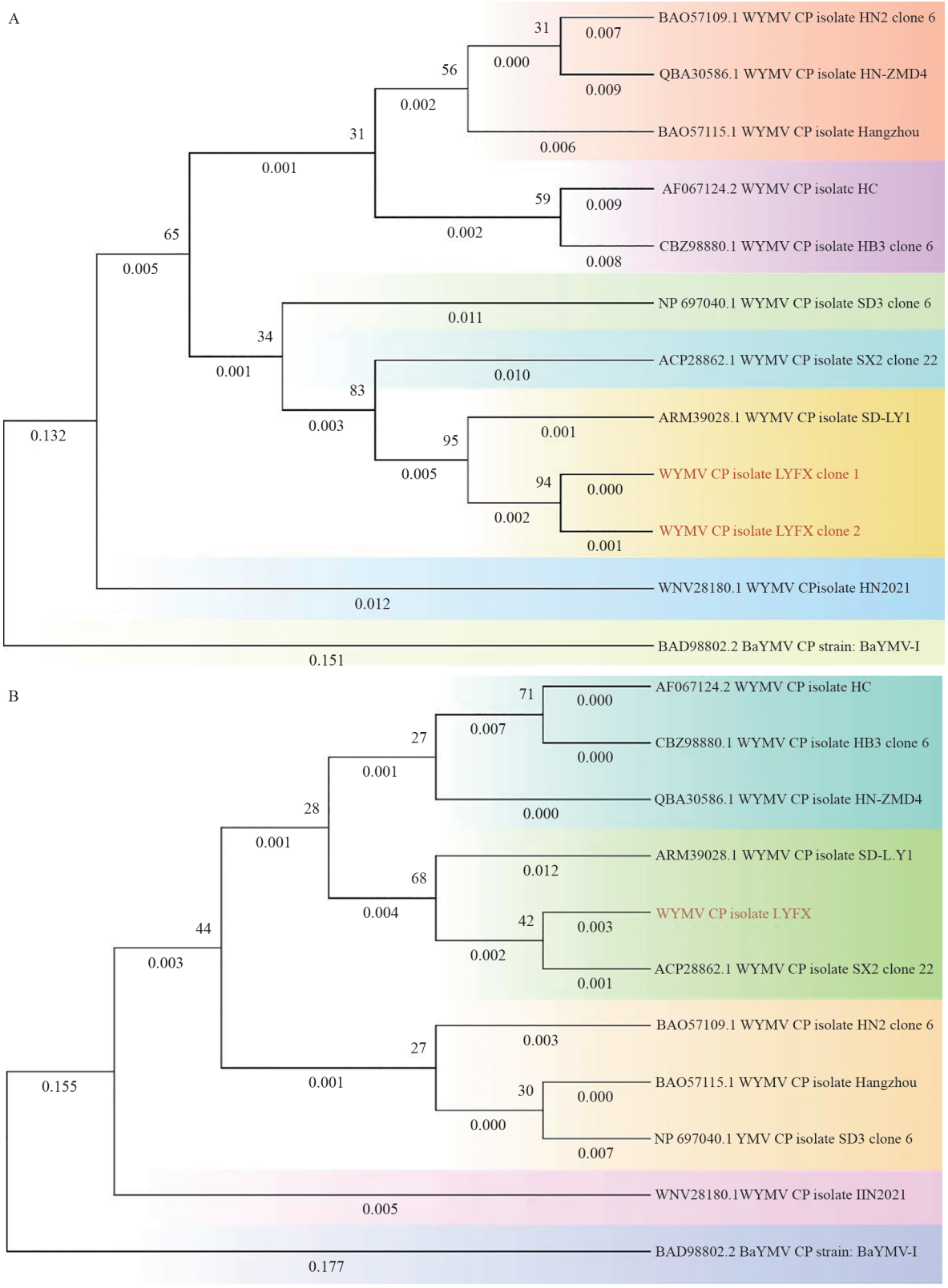
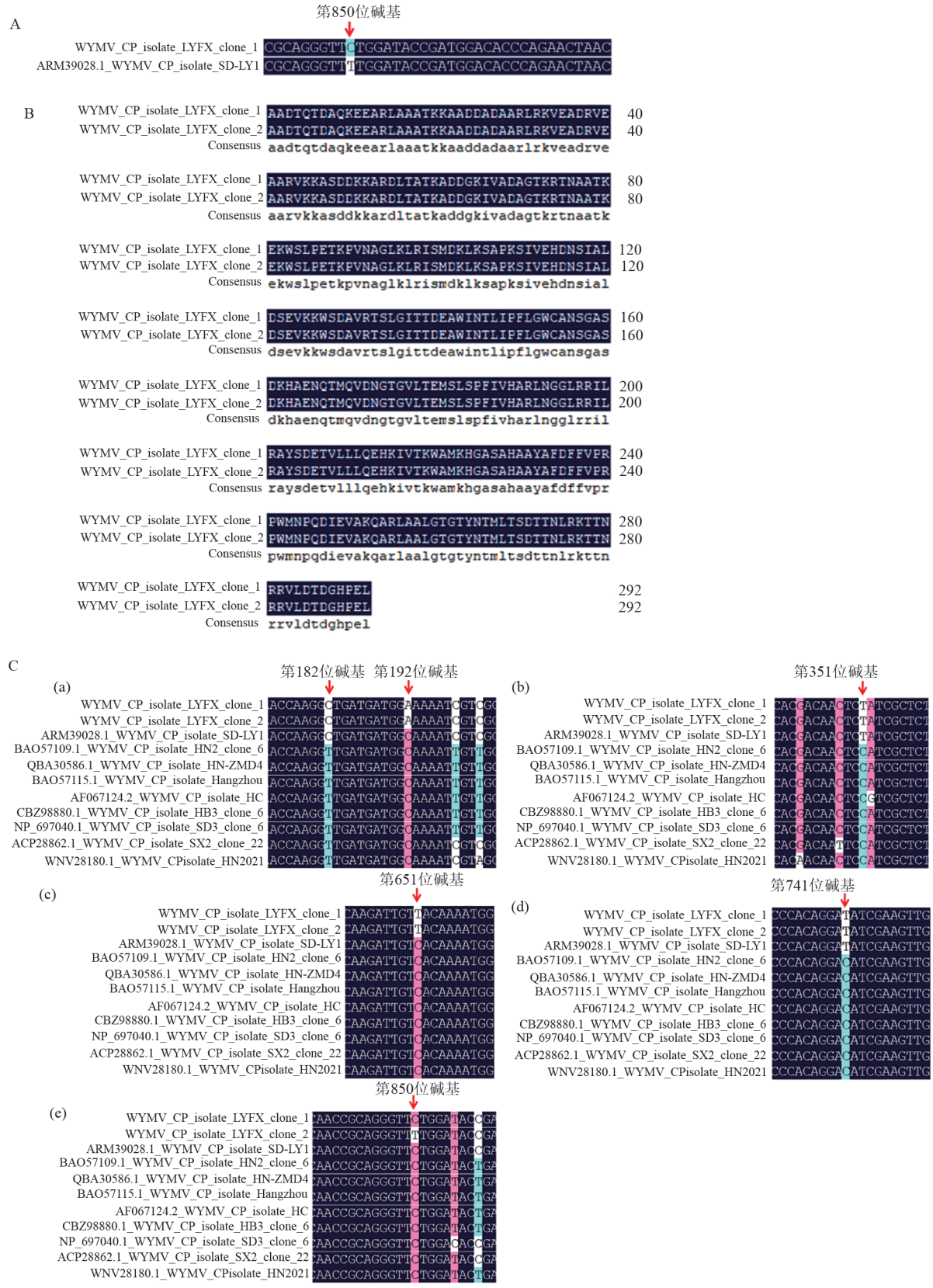


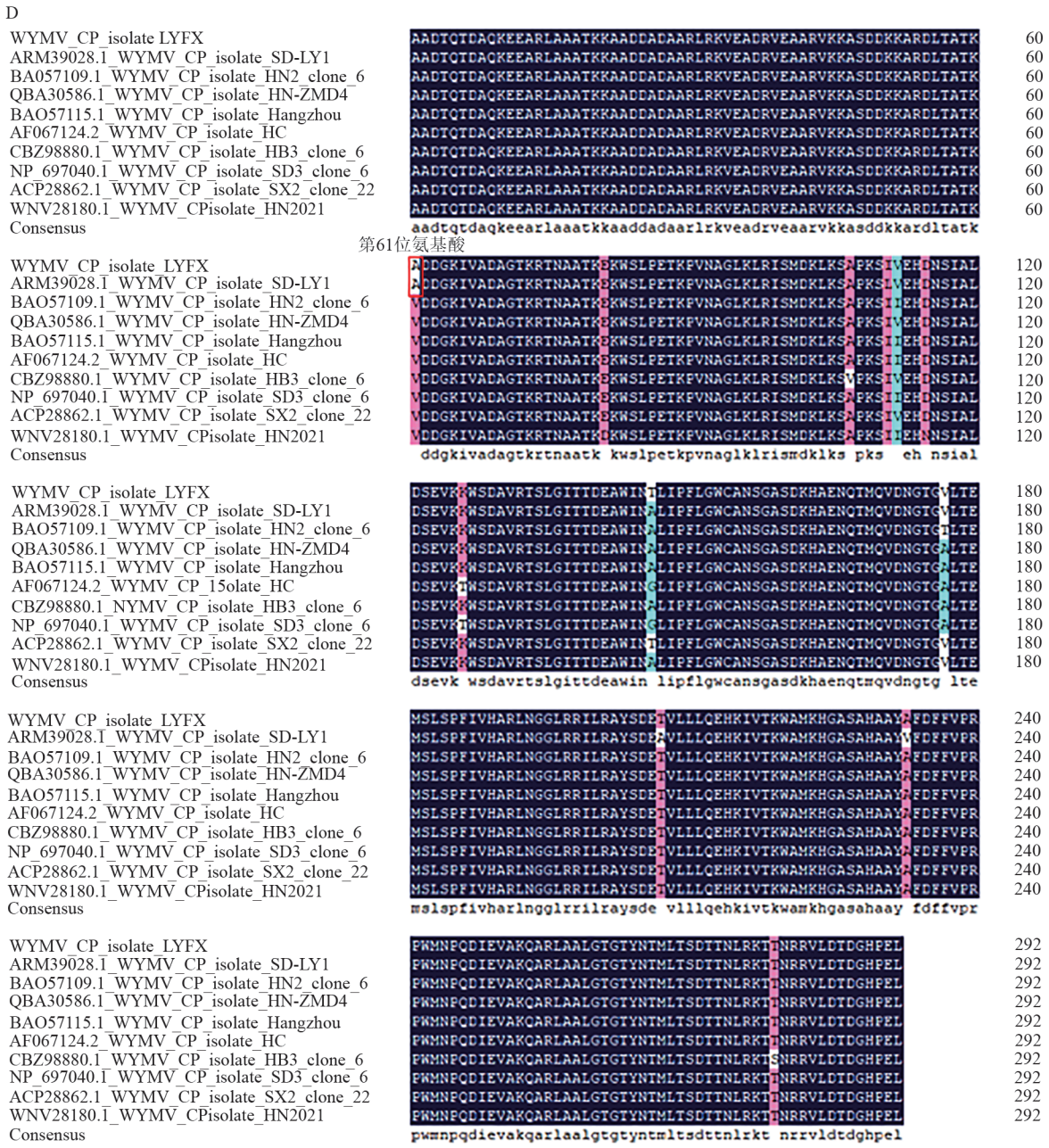
图 6 临沂市费县 WYMV CP 及其他 WYMV 分离物 CP 系统进化树的构建

Fig. 6 Phylogenetic tree construction for the WYMV CP and other WYMV isolates in Fei County, Linyi City

注：A：以 CP 的 DNA 序列构建的系统进化树；B：以 CP 的氨基酸序列构建的系统进化树。

Note: A: Phylogenetic tree constructed from CP nucleotide sequences; B: Phylogenetic tree constructed from CP amino acid sequences.


A
第850位碱基
WYMV_CP_isolate_LYFX_clone_1
ARM39028.1_WYMV_CP_isolate_SD-LY1
B
WYMV_CP_isolate_LYFX_clone_1
WYMV_CP_isolate_LYFX_clone_2
Consensus
C
(a)
第182位碱基
第192位碱基
(b)
第351位碱基
(c)
第651位碱基
(d)
第741位碱基
(e)
第850位碱基



附图 1 不同WYMV分离物CP DNA序列与氨基酸序列比对分析

Attached picture 1 Comparison analysis of CP DNA sequences and amino acid sequences of different WYMV isolates

注：A：两种临沂市费县WYMV分离物CP（WYMV CP isolate LYFX）DNA序列比对分析；B：WYMV CP isolate LYFX氨基酸序列比对分析；C：WYMV CP isolate LYFX与其他WYMV分离物CP DNA序列比较；D：WYMV CP isolate LYFX与其他分离物WYMV CP氨基酸序列比较。

Note: Supplemental Fig. 1. Alignment of the CP DNA and amino acid sequences of different WYMV isolates A: Alignment of the CP DNA sequences from two WYMV isolates (LYFX) obtained from Fei County, Linyi City; B: Alignment of the deduced amino acid sequences of the CP from the LYFX isolates; C: Comparison of the CP DNA sequence between WYMV CP isolate LYFX and other WYMV isolates; D: Comparison of the CP amino acid sequence between WYMV CP isolate LYFX and other WYMV isolates..

时可结合土壤理化性质（如pH、有机质）分析影响病毒分布的因素，并通过田间小区试验验证深翻等措施的防控效果，为构建“土壤管理+抗性品种”的综合防控体系提供依据。

综上所述，本研究初步揭示了WYMV在土壤中的分布规律和进化特征，为小麦黄花叶病的精准防控和病毒演化研究提供了理论基础。

4 结论

本研究从临沂费县病田中以垂直方向，取0~10、10~20、20~30、30~40 cm土层的病土，检测发现WYMV在各土层均有分布，且对小麦的致病力随土层深度增加显著下降，核心致病土层为0~10 cm。在费县病田中分离出两种新的WYMV CP核苷酸序列，二者一致性为99.94%，在第850位碱基有同义突变。与已公布的临沂分离物CP序列相比，第192、351、741、857位碱基是临沂分离物的特有碱基，第201、436、651位碱基不同于已公布的临沂分离物CP序列；且第61位氨基酸为临沂分离物特有，第146和第207位氨基酸不同于已公布的临沂分离物CP序列。经进化分析发现，与本次临沂分离物CP序列相似度最高的为陕西分离物WYMV CP isolate SX2 clone 22。

致谢：感谢中国农业科学院高丽锋研究员惠赠矮抗58小麦种子，感谢宁波大学陈剑平院士团队惠赠扬麦158小麦种子。

参考文献

[1] Guo L, He J, Chen J. Progress and prospects of studies on *Polymyxa graminis* and its transmitted cereal viruses in China[J]. Progress in Natural Science, 2006,15(06):481-490.

[2] Minter F, Saunders D G. Safeguarding wheat yields from cereal fungal invaders in the postgenomicer[J]. Current Opinion in Microbiology, 2023,73(10):102310.

[3] Sawada E. Control of wheat yellow mosaic virus[J]. Journal of Plant Protection Research, 1927,14:444-449.

[4] 李 鹏,崔正勇,高国强,等.小麦黄花叶病研究进展[J].山东农业科学,2017,49(08):168-172.

[5] 阮义理,邹 皖,王 卉.我国真菌传大小麦病毒病的地理分布[J].植物保护学报,1997,24(01):35-38.

[6] Hou D, Bolan N S, Tsang D C W, et al. Sustainable soil use and management: An interdisciplinary and systematic approach[J]. Science of The Total Environment, 2020,729:138961.

[7] 冯丽肖,姜瑶瑶,陈 露,等.小麦土传病毒病发生机制与绿色防控技术[J].植物病理学报,2025,55(04):806-817.

[8] Guo L, He J, Chen J. Occurrence of fungally transmitted wheat mosaic viruses in China[J]. Annals of Applied Biology, 2012,123(01):55-61.

[9] 胡立峰.我国冬麦区禾谷多黏菌的分型鉴定及小麦黄花叶病毒RNA2的遗传变异分析[D].杭州:浙江大学,2017.

[10] Yang J, Liu P, Zhong K, et al. Advances in understanding the soil - borne viruses of wheat: from the laboratory bench to strategies for disease control in the field[J].Phytopathology Research, 2022,4(27):1-14.

[11] 吴 斌,姜珊珊,张 眉,等.山东省小麦土传花叶病毒病的分布与病原鉴定[J].麦类作物学报,2018,38(02):246-252.

[12] 雷娟利,陈 炯,陈剑平,等.我国真菌传线状小麦花叶病毒病病原初步鉴定为小麦黄花叶病毒(WYMV)[J].中国病毒学,1998(01):8.

[13] Estes A P, Brakke M K. Correlation of *Polymyxa graminis* with transmission of soil-borne wheat mosaic virus[J].Virology, 1966,28(04):772-774.

[14] 刘 迪,范志业,陈 琦,等.146个小麦品种(系)对小麦黄花叶病毒病的抗性分析[J].麦类作物学报,2020,40(10):1175-1184.

[15] 吴 斌,姜珊珊,张 眉,等.山东省小麦生产品种对小麦黄花叶病毒病的抗性[J].麦类作物学报,2017,37(03):332-336.

[16] 樊廷海.小麦病毒病的发生和防治技术探析[J].种子科技,2022,40(13):97-99.

[17] Hao J, Chai Y N, Lopes L D, et al. The Effects of soil depth on the structure of microbial communities in agricultural soils in Iowa(United States) [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(04):e02673-20.

[18] Song L, Yang T, Xia S, et al. Soil depth exerts stronger impact on bacterial community than elevation in subtropical forests of Huangshan Mountain[J].Science of The Total Environment, 2022,852:158438.

[19] 庄倩梅.临沂市小麦黄花叶病的发生流行原因分析及综合防控对策[J].农业科技通讯,2016(06):192-194.

[20] Tian S, Song Q, Zhou W, et al. A viral movement protein targets host catalases for 26*S* proteasome-mediated degradation to facilitate viral infection and aphid transmission in wheat[J]. Molecular Plant, 2024,17(04):614-630.

[21] 耿国伟,于成明,王德亚,等.山东省2种新分离株小麦黄花叶病毒的进化分析[J].植物病理学报,2017,47(03):348-356.

[22] Xin T, Zhang Z, Zhang Y, et al. Recessive epistasis of a synonymous mutation confers cucumber domestication through epitranscriptomic regulation [J].Cell, 2025,S0092-8674(25):00674-00679.

[23] Wu C, Wang F, Ge A, et al. Enrichment of microbial taxa after the onset of wheat yellow mosaic disease [J]. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2021, 322(01):107651.