

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2012.02.002

入侵我国的木尔坦棉花曲叶病毒及其为害

何自福^{1,2*}, 余小漫^{1,2}, 汤亚飞¹

¹广东省农业科学院植物保护研究所, 广东 广州 510640;

²广东省植物保护新技术重点实验室, 广东 广州 510640

摘要: 棉花曲叶病是世界棉花生产上最具毁灭性的病毒病害, 已在巴基斯坦、印度、苏丹、埃及和南非等国棉花产区广泛流行, 造成巨大经济损失。目前, 已克隆了与该病害相关的植物病毒 8 种, 木尔坦棉花曲叶病毒 (CLCuMV) 即是其中之一, 这些病毒均属双生病毒科菜豆金色花叶病毒属。CLCuMV 是引起巴基斯坦、印度棉花曲叶病大流行的主要病原之一。该病毒由烟粉虱以持久方式传播, 也可以嫁接传播, 但不能通过机械摩擦接种传播和种子带毒传播; 其基因组仅含有 DNA-A 组分, 并伴随卫星 β 分子。自 2006 年首次在我国广东朱槿上检测与鉴定到该病毒以来, 目前已在我国广东、广西和海南等多个地理区域发现该病毒引起的病害, 受侵染寄主植物包括朱槿、黄秋葵、棉花和垂花悬铃花; 同时, 已入侵我国的 CLCuMV 及其卫星 β 分子的各地理区域和不同寄主来源的分离物 DNA 序列相似性均大于 99%, 遗传较稳定。基于文献报道及作者近年的研究, 本文对棉花曲叶病的分布、病原、CLCuMV 特性、已入侵我国的 CLCuMV 现状进行了较全面的综述, 同时对入侵我国的 CLCuMV 来源及其威胁我国棉花生产的风险进行了讨论。CLCuMV 对我国棉花等作物的威胁日益加剧, 本研究可为该病毒的防控提供参考。

关键词: 木尔坦棉花曲叶病毒; 入侵; 朱槿; 黄秋葵; 棉花; 垂花悬铃花

Cotton leaf curl Multan virus invading China and its damage potential

Zi-fu HE^{1,2*}, Xiao-man SHE^{1,2}, Ya-fei TANG¹

¹Plant Protection Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou, Guangdong 510640, China;

²Guangdong Provincial Key Laboratory of High Technology for Plant Protection, Guangzhou, Guangdong 510640, China

Abstract: Cotton leaf curl disease is the most devastating virus diseases to cotton production in the world. The disease has been spreading widely in cotton-growing areas in Pakistan, India, Sudan, Egypt and South Africa, and caused enormous economic losses. Up to now, eight species virus including *Cotton leaf curl Multan virus* (CLCuMV) have been cloned from the cotton diseased samples, all of which belongs to the genus *Begomovirus* of the family Geminiviridae. CLCuMV is transmitted in a persistent manner by the sweet potato whitefly (*Bemisia tabaci*), and transmitted by grafting, but not transmitted by mechanical inoculation and seeds. CLCuMV is one of the main pathogens causing cotton leaf curl disease spread widely in Pakistan and India. The genome of the virus has only component A (DNA-A) and associated satellite beta molecular (DNA β). Since CLCuMV was first detected and identified with molecular techniques on *Hibiscus rosa-sinensis* in Guangdong, China, in 2006, the plants with disease symptoms, infected by the virus were found in many areas of Guangdong, Guangxi and Hainan Provinces. The infected host plants include *Hibiscus rosa-sinensis*, *Abelmoschus esculentus*, *Gossypium hirsutum* and *Malvaviscus arboreus*. Both DNA-A and DNA β sequence identities of the isolates from different geographic areas and different host plants in China were more than 99%. It means that the population DNA of CLCuMV invading China is stable. Based on the literatures and our study advances, the world distribution and pathogen of cotton leaf curl disease is summarised, the characteristics of CLCuMV and the present situation after invading China presented, meanwhile, the source of CLCuMV invading China and the risk of CLCuMV threatening the cotton production in China was discussed in this paper. The threat of CLCuMV on cotton and other crops is aggravating in China. The study will provide the basis for the prevention and control of CLCuMV.

Key words: *Cotton leaf curl Multan virus*; invading; *Hibiscus rosa-sinensis*; *Abelmoschus esculentu*; *Gossypium hirsutum*; *Malvaviscus arboreus*

收稿日期 (Received): 2012-03-29 接受日期 (Accepted): 2012-04-29

基金项目: 国家自然科学基金(31171817); 公益性行业(农业)科研专项(201003065); 国家国际科技合作项目(2010ZR0002); 广东省自然科学基金(9151065005000010); 广东省科技计划项目(2011B050400003、2010B050300014); 广州市科技计划项目(2009J1-C171)

作者简介: 何自福, 男, 研究员。研究方向: 植物病毒学

* 通讯作者 (Author for correspondence), E-mail: hezf@gdpri.com

棉花曲叶病是世界棉花生产上最具毁灭性的病毒病害,木尔坦棉花曲叶病毒(*Cotton leaf curl Multan virus*, CLCuMV)是造成棉花曲叶病的主要病原之一。2006 年,首次在我国发现 CLCuMV 侵染引起的朱槿 *Hibiscus rosa-sinensis* Linn. 曲叶病(毛明杰等,2008)。其后,陆续在广东及广西等多个地理区域发现该病害,同时发现该病毒可侵染黄秋葵 *Abelmoschus esculentu* L. (董迪等,2012; 何自福等,2010; Xie *et al.*, 2010)、棉花 *Gossypium hirsutum* L. (Cai *et al.*, 2010) 及垂花悬铃花 *Malva viscosa* Cav. var. *penduliflorus* (DC.) Schery 等多种寄主植物。Briddon (2003) 曾对巴基斯坦棉花曲叶病的发生、病原鉴定及病害防治进行了综述。何自福等(2010)撰写了 CLCuMV 对我国棉花生产构成威胁的综述。本文中,作者结合多年来对该病毒的监测及研究,较系统地介绍棉花曲叶病的分布、病原、CLCuMV 特性及入侵我国的现状,探讨该外来入侵生物对我国棉花生产的威胁,以期为该病毒的防控提供参考。

1 棉花曲叶病的发生、分布及其病原

棉花曲叶病最早报道于尼日利亚 (Farquharson, 1912), 当时只是一个偶发性的次要病害; 其后, 在苏丹 (1924 年) (Idris & Brown, 2000; Kirkpatrick, 1931) 发现该病害。在巴基斯坦, 1967 年才发现棉花曲叶病, 1986 年之前, 该病害在木尔坦地区仅是一个局部性病害 (Hussain & Mahmood, 1988; Hussain *et al.*, 1991); 1988 年开始, 该病害在巴基斯坦棉区流行, 给其棉花生产造成巨大经济损失 (Briddon & Markham, 2000)。另外, 在印度 (Nateshan *et al.*, 1996; Rishi & Chauhan, 1994)、埃及 (Abdel-Salam, 1999) 和南非 (Briddon, 2003) 等国也报道了该病害的严重发生与为害。发生在西半球美国和墨西哥等地的棉花皱叶病与发生在亚洲和非洲的棉花曲叶病明显不同, 其症状主要表现为叶片皱缩, 病原为棉花皱叶病毒 (*Cotton leaf crumple virus*, CLCrV) (Brown & Nelson, 1984, 1987; Brown *et al.*, 1986)。在我国, 长江流域、黄河流域和西北内陆三大棉花产区目前尚未发现棉花曲叶病; 但 2010 年, Cai *et al.* 报道在广西某棉花试验地发现自然感染 CLCuMV 的棉花曲叶病株。

引起世界各地棉花曲叶病的病原病毒不是单一种。目前, 已报道从棉花曲叶病样中克隆了 8 种

菜豆金色花叶病毒属病毒, 分别为 CLCuMV (Briddon & Markham, 2000; Zhou *et al.*, 1998)、阿拉巴德棉花曲叶病毒 (*Cotton leaf curl Alabad virus*, CLCuAV) (Zhou *et al.*, 1998)、Kokhran 棉花曲叶病毒 (*Cotton leaf curl Kokhran virus*, CLCuKV) (Mansoor *et al.*, 2003; Zhou *et al.*, 1998)、番木瓜曲叶病毒 (*Papaya leaf curl virus*, PaLCuV) (Mansoor *et al.*, 2003)、杰济拉棉花曲叶病毒 (*Cotton leaf curl Gezira virus*, CLCuGV) (Idris & Brown, 2002; Idris *et al.*, 2005)、拉贾斯坦棉花曲叶病毒 (*Cotton leaf curl Rajasthan virus*, CLCuRV) (Kirthi *et al.*, 2004)、班加罗尔番茄曲叶病毒 (*Tomato leaf curl Bangalore virus*, ToLCBV) (Kirthi *et al.*, 2004) 和布里瓦拉棉花曲叶病毒 (*Cotton leaf curl Burewala virus*, CLCuBuV) (Amrao *et al.*, 2010)。但是, 这些病毒侵染是否均能引起棉花曲叶病还有待于进一步研究。

研究还发现, 发生于巴基斯坦、印度和非洲等地的棉花曲叶病毒普遍伴随卫星分子 (DNA β), 该分子参与引起棉花曲叶病症状, 是引起棉花曲叶病的致病相关因子 (Briddon, 2003; Mansoor *et al.*, 2003)。因此, 世界各地发生的棉花曲叶病, 实际上是由多种双生病毒及其伴随的卫星分子复合体分别侵染而引起的。

2 CLCuMV 特性

CLCuMV 最早发现于巴基斯坦木尔坦地区 (Multan) (Zhou *et al.*, 1998), 是引起巴基斯坦棉花曲叶病的主要病原之一 (Briddon & Markham, 2000; Mansoor *et al.*, 2003; Zhou *et al.*, 1998)。

分类地位: 双生病毒科菜豆金色花叶病毒属 (Fauquet *et al.*, 2008)。

传播介体: 在自然条件下, 由烟粉虱以持久方式传播, 也可以嫁接传播, 但不能通过机械摩擦接种传播, 也不会通过种子带毒传播 (Brunt *et al.*, 1996)。

自然寄主: 棉花、黄秋葵、朱槿、垂花悬铃花和簇生黄麻 *Corchorus fascicularis* Lam. 等植物。

地理分布: 巴基斯坦、印度及我国华南地区 (广东、广西和海南)。

形态特征: 具有典型的双联体颗粒形态, 大小为 (18 ~ 20) nm × 30 nm。

分子特征: CLCuMV 基因组仅含 A 组分 (DNA-A), 为单链环状, 编码外壳蛋白 (coat protein, CP)、移动蛋白 (movement protein, MP)、复制相关蛋白

(replication associated protein, Rep)、转录激活蛋白(transcriptional activator protein, TrAP)、复制增强蛋白(replication enhancer protein, Ren)和 AC4 蛋白等 6 个蛋白。目前,已完成 DNA-A 全序列测定的 CLCuMV 分离物有 29 个,大小为 2722 ~ 2757 nt (U. S. National Library of Medicine, 2012),这些分离物 DNA-A 间序列相似性达 89.8%~99.9%。CLCuMV 各分离物普遍伴随 DNA β ,已登录 Genbank 的 CLCuMV DNA β 全序列有 23 个,大小为 1346 ~ 1351 nt,其互补链上有一个 ORF,编码 β C1 蛋白;这些 DNA β 的序列相似性达 84.3%~100%。除茎环结构中复制起始点必需的 9 个碱基序列 TA-ATATTAC 外,DNA β 分子与 DNA-A 几乎无序列相似性。DNA β 包裹在病毒粒子中,能被介体烟粉虱传播,其复制依赖于 DNA-A (Saunders *et al.*, 2000)。

3 入侵我国的 CLCuMV 及其为害

3.1 CLCuMV 侵染引起的朱槿曲叶病

朱槿,又称扶桑、大红花等,属锦葵科 Malvaceae 木槿属 *Hibiscus*,原产于我国云南、广东及南美。该植物广泛种植于广东、广西、海南和福建等地。2006 年,首次在广东省广州市天河区发现朱槿曲叶病,病株表现全株叶片向上卷曲、叶脉肿大明显、产生叶耳、开花少或不开花等症状。植株感病后,长势迅速衰弱,后期叶片黄化,最终枯死(图 1)。这些症状与发生在巴基斯坦和印度的棉花曲叶病症状(图 2)极为相似,且分类学上朱槿与棉花同属锦葵科。对广东朱槿曲叶病毒分离物 G6 基因组克隆与序列分析结果表明,该病毒属 CLCuMV 的一个分离物,同时伴随 DNA β (毛明杰等,2008)。



图 1 朱槿曲叶病症状

Fig.1 The symptoms of *H. rosa-sinensis* leaf curl disease in Guangdong Province, China



图 2 巴基斯坦棉花曲叶病症状

Fig.2 The symptoms of cotton leaf curl disease in Pakistan

其后笔者又在广州市各区(天河、海珠、黄埔、花都、南沙)、佛山市三水区(2007 年)、中山市(2007 年)、清远市佛冈县(2008 年)、珠海市(2009

年)、江门市台山县(2009 年)、肇庆市高要市(2010 年)、深圳市(2011 年)、湛江市雷州市(2011 年),以及广西南宁市(2008 年)(林林等,2009)、百色市

田阳县(2011 年)等地发现朱槿曲叶病。在调查的 10 多个朱槿品种中,除七彩朱槿外,其他品种均发病严重,其病株率在 85% 以上。PCR 分子检测及代表分离物基因克隆表明,这些地区的朱槿曲叶病均是由 CLCuMV 侵染引起的,且其 DNA-A 及伴随的 DNA β 序列变异很小,相似性高达 98%~100%,说明入侵广东的 CLCuMV 基因组遗传较稳定。

3.2 CLCuMV 侵染引起的黄秋葵黄脉曲叶病

黄秋葵,又名秋葵、羊角豆等,属锦葵科秋葵属 *Abelmoschus*,作为一种蔬菜作物在印度、巴基斯坦、美国、埃及、尼日利亚、加纳、希腊和土耳其等国被广泛种植。近年来,我国大陆从我国台湾及日本引进黄秋葵,在广东、广西、北京、上海、山东、江苏、浙江、海南和福建等地均有栽培。2008 年,首次在广东广州市花都区一个蔬菜基地的黄秋葵上发现黄

脉曲叶病。病株的典型症状为叶脉黄化,叶片正面形成网络状,叶片背面叶脉肿大凸起明显或叶脉颜色加深,对光可见深绿色条纹;病株幼叶小且向下卷曲,甚至整片幼叶黄化(图 3A)。植株早期被感染后表现为矮化。在发生黄脉曲叶病的黄秋葵田间,其病株率高达 60% 以上(董迪等,2010、2012)。

对广东黄秋葵黄脉曲叶病毒分离物 Okra 06 基因克隆及序列分析结果显示,其基因组仅含 DNA-A,并伴随卫星 DNA β 分子,其 DNA-A 全长为 2737 nt (FJ770370),与 CLCuMV 分离物 G6 (毛明杰等,2008)的相似性最高,达 99%; Okra 06 DNA β 全长为 1347 nt (FJ770371),与 CLCuMV 分离物 G6 DNA β 的相似性也最高(99%)(董迪等,2012)。因此,侵染广东黄秋葵的病毒分离物 Okra 06 与侵染广东朱槿的 CLCuMV 分离物 G6 相同。



图 3 CLCuMV 侵染黄秋葵病株症状

Fig.3 The symptoms of okra plants infected by CLCuMV

A: 黄秋葵黄脉曲叶病症状; B: 黄秋葵黄化曲叶病症状。

A. Okra exhibiting yellow vein and leaf curl symptoms; B. Okra exhibiting symptoms of yellow leaf curl.

3.3 CLCuMV 侵染引起的黄秋葵黄化曲叶病

2009 年,在广州市郊区一个蔬菜基地发现黄秋葵黄化曲叶病,其症状与黄秋葵黄脉曲叶病不同,主要表现为病株黄化明显,发病初期叶脉黄化,后期叶肉也黄化,使整片叶呈黄化花叶症状,病叶小且叶缘向上卷曲,顶叶尤其明显,但叶脉稍肿大或不明显,病株生长严重衰退,果荚少且小(图 3B)。对其病毒分离物 Okra 09 基因组克隆和序列分析表明,其基因组也仅含 DNA-A (2737 nt) 和 DNA β (1347 nt), Okra 09 与分离物 Okra 06 (董迪等,2012)、G6 (毛明杰等,2008)的相似性均高达 99%。因此,引起黄秋葵黄化曲叶病的病毒分离物 Okra 09 与 Okra 06、G6 相同,它们应属同一个株系,只是症状表现有所差异。有关其原因还需做进一步研究。

3.4 CLCuMV 侵染引起的垂花悬铃花曲叶病

垂花悬铃花属锦葵科悬铃花属 *Malvaviscus*,原产于墨西哥和哥伦比亚,在我国广东和云南有种植。2011 年,在广州市发现垂花悬铃花曲叶病,其症状与朱槿曲叶病相似,主要表现为上部叶片向上卷曲,顶叶尤其明显,叶脉肿大,对光可见叶脉变深绿色(图 4)。

对其病毒分离物 GD11 基因组克隆和序列分析表明,其 DNA-A 全长为 2737 nt (JQ424826),DNA β 全长为 1348 nt (JQ424827)。GD11 与 G6、Okra 06、Okra 09 等分离物 DNA-A 及 DNA β 的相似性均大于 99% (待发表)。因此,引起垂花悬铃花的病毒分离物 GD11 也属于 CLCuMV,且与入侵广东的各分离物相同,而垂花悬铃花是 CLCuMV 的新寄主。

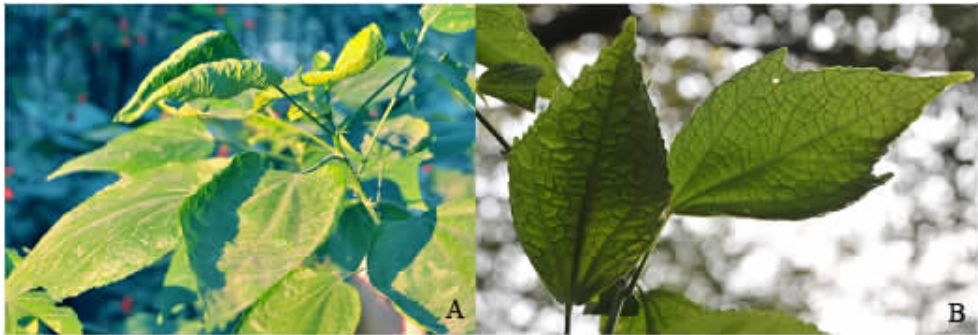


图 4 CLCuMV 侵染垂花悬铃花病株症状

Fig. 4 The symptoms of *M. arboreus* plants infected by CLCuMV in Guangdong, China

A:叶片向上卷曲; B:叶脉肿大。

A. Leaf curling upwards; B. Leaf vein swollen.

4 讨论

4.1 关于我国 CLCuMV 的来源

棉花曲叶病最早发生于非洲尼日利亚 (Farquharson, 1912), 严重流行于印度次大陆的巴基斯坦和印度。但在非洲苏丹、埃及及尼日利亚等流行的主要是 CLCuGV, 而巴基斯坦和印度棉区均存在多种病毒混合侵染, 其中, CLCuMV 最早发现于巴基斯坦木尔坦地区。因此, 推测 CLCuMV 可能起源于巴基斯坦。

2006 年, 在我国广东省广州市首次发现 CLCuMV 侵染引起的朱槿曲叶病, 随后又在广东其他地区及广西南宁陆续发现 CLCuMV 侵染引起的朱槿曲叶病及黄秋葵黄脉曲叶病。朱槿在广东、广西和海南普遍种植, 是城市公路常用的绿化植物; 而广西的朱槿苗木主要来源于广东。因此, 我国的 CLCuMV 可能是由烟粉虱带毒随其他进口农产品或隐症中间寄主植物带毒传入广东, 进而侵染同属锦葵科的朱槿和黄秋葵。关于 CLCuMV 入侵我国的途径, 还需做进一步跟踪监测。

4.2 CLCuMV 为害我国棉花的风险

根据 CLCuMV 为害特点、侵染引起棉花曲叶病的发生现状, 以及同属菜豆金色花叶病毒属的番茄黄化曲叶病毒在我国的传播与扩散经历, 推测 CLCuMV 在我国长江流域棉区、黄河流域棉区和西北内陆棉区均可生存。虽然目前在我国上述三大棉花产区未发现棉花曲叶病, 但是在我国广东、广西和海南部分地区的朱槿、黄秋葵和垂花悬铃花上已感染了 CLCuMV, 说明 CLCuMV 已入侵并定殖我国华南地区。更为重要的是, 在广西南宁已发现了

自然感染 CLCuMV 引起曲叶病的棉花病株 (Cai *et al.*, 2010), 说明入侵我国的 CLCuMV 对棉花具有侵染性。随着我国与巴基斯坦、印度、埃及、苏丹等国贸易往来日益频繁, 引起棉花曲叶病的其他双生病毒可能被进一步传入我国; 同时, 该病毒病的传播介体烟粉虱已在我国各地普遍发生, 该病害很可能随介体烟粉虱快速传播与扩散。因此, 该病害对我国棉花等作物的威胁日益加剧, 有关部门应立即采取有效措施加以控制, 以防其进一步扩散蔓延。

参考文献

董迪, 何自福, 柴兆祥. 2010. 广东黄秋葵黄脉曲叶病样中检测到烟粉虱传双生病毒. 植物保护, 36(1): 65–68.

董迪, 朱艳华, 何自福, 柴兆祥, 余小漫, 罗方芳. 2012. 侵染广东黄秋葵的木尔坦棉花曲叶病毒及伴随卫星 DNA 的分子特征. 华南农业大学学报, 33(1): 33–39.

何自福, 董迪, 李世访, 余小漫, 罗方芳. 2010. 木尔坦棉花曲叶病毒已对我国棉花生产构成严重威胁. 植物保护, 36(2): 147–149.

林林, 胡冬梅, 蔡健和, 陈保善, 蒙姣荣, 秦碧霞. 2009. 侵染南宁市朱槿的木尔坦棉花曲叶病毒基因组结构及寄主范围研究//彭友良, 朱有勇. 中国植物病理学会 2009 年学术年会论文集. 北京: 中国农业科学技术出版社, 336.

毛明杰, 何自福, 虞皓, 李华平. 2008. 侵染朱槿的木尔坦棉花曲叶病毒及其卫星 DNA 全基因组结构特征. 病毒学报, 24(1): 64–68.

Abdel-Salam A M. 1999. Isolation and characterisation of a whitefly-transmitted geminivirus associated with leaf curl and mosaic symptoms in cotton in Egypt. Arab Journal of Biotechnology, 2: 193–218.

Amrao L, Amin I, Shahid M S, Briddon R W and Mansoor S. 2010. Cotton leaf curl disease in resistant cotton is associated

- with a single begomovirus that lacks an intact transcriptional activator protein. *Virus Research*, 152: 153 – 163.
- Briddon R W. 2003. Cotton leaf curl disease, a multicomponent begomovirus complex. *Molecular Plant Pathology*, 4: 427 – 434.
- Briddon R W and Markham P G. 2000. Cotton leaf curls virus disease. *Virus Research*, 71: 151 – 159.
- Brown J K and Nelson M R. 1984. Geminate particles associated with cotton leaf crumple disease in Arizona. *Phytopathology*, 74: 987 – 990.
- Brown J K and Nelson M R. 1987. Host range and vector, relationships of cotton leaf crumple virus. *Plant Disease*, 71: 522 – 524.
- Brown J K, Nelson M R and Lambe R C. 1986. Cotton leaf crumple virus transmitted from naturally infected bean from Mexico. *Plant Disease*, 70: 981.
- Brunt A A, Crabtree K, Dallwitz M J, Gibbs A J, Watson L and Zurcher E J. 1996. Plant viruses online: descriptions and lists from the VIDE database (Version: 20th). <http://www.agls.uidaho.edu/ebi/vdie>.
- Cai J H, Xie K, Lin L, Qin B X, Chen B S, Meng J R and Liu Y L. 2010. Cotton leaf curl Multan virus newly reported to be associated with cotton leaf curl disease in China. *Plant Pathology*, 59: 794 – 795.
- Farquharson C O. 1912. A report of the mycologist//Siddique M A and Hungus L C. *Cotton Growth in Gezira Environment*. Cambridge England: W Haffer and Sons Ltd., 106.
- Fauquet C M, Briddon R W, Brown J K, Moriones E, Stanley J, Zerbini M and Zhou X. 2008. Geminivirus strain demarcation and nomenclature. *Archives of Virology*, 153: 783 – 821.
- Hussain T and Mahmood T. 1988. A note on leaf curl disease of cotton. *Pakistan Cottons*, 32: 248 – 251.
- Hussain T, Tahir M and Mahmood T. 1991. Cotton leaf curl virus. *Pakistan Journal Phytopathology*, 3: 57 – 61.
- Idris A M and Brown J K. 2000. Identification of a new, monopartite *Begomovirus* associated with leaf curl disease of cotton in Gezira, Sudan. *Plant Disease*, 84: 809.
- Idris A M and Brown J K. 2002. Molecular analysis of cotton leaf curl virus Sudan reveals an evolutionary history of recombination. *Virus Genes*, 24: 249 – 256.
- Idris A M, Briddon R W, Simon E, Bull S E and Brown J K. 2005. Cotton leaf curl Gezira virus-satellite DNAs represent a divergent, geographically isolated Nile Basin lineage: predictive identification of a satDNA REP-binding motif. *Virus Research*, 109: 19 – 32.
- Kirkpatrick T W. 1931. Further studies on leaf-curl of cotton in the Sudan. *Bulletin of Entomological Research*, 22: 323 – 363.
- Kirithi N, Priyadarshini C G P, Sharma P, Maiya S P, Hemalatha V, Sivaraman P, Dhawan P, Rishi N and Savithri H S. 2004. Genetic variability of begomoviruses associated with cotton leaf curl disease originating from India. *Archives of Virology*, 149: 2047 – 2057.
- Mansoor S, Briddon R W, Bull S E, Bedford I D, Bashir A, Hussain M, Saeed M, Zafar Y, Malik K A, Fauquet C and Markham P G. 2003. Cotton leaf curl disease is associated with multiple monopartite begomoviruses supported by single DNA β . *Archives of Virology*, 148: 1969 – 1986.
- Nateshan H M, Muniyappa V, Swanson M M and Harrison B D. 1996. Host range, vector relations and serological relationships of cotton leaf curl virus in south India. *Annals of Applied Biology*, 128: 233 – 244.
- Rishi N and Chauhan M S. 1994. Appearance of leaf curl disease of cotton in Northern India. *Journal of Cotton Research and Development*, 8: 179 – 180.
- Saunders K, Bedford I D, Briddon R W, Markham P G, Wong S M and Stanley J. 2000. A unique virus complex causes Ageratum yellow vein disease. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97: 6890 – 6895.
- U. S. National Library of Medicine. 2012. National Center for Biotechnology Information (NCBI). <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>.
- Xie K, Cai J H, Hu D M, Wei X, Jia Q, Qin B X, Chen B S, Meng J R and Liu Y L. 2010. First report of Okra leaf curl disease in China. *Journal of Plant Pathology*, 92(S4): 109.
- Zhou X P, Liu Y L, Robinson D J and Harrison B D. 1998. Four DNA-A variants among Pakistani isolates of cotton leaf curl virus and their affinities to DNA-A of geminivirus isolates from okra. *Journal of General Virology*, 79: 915 – 923.

(责任编辑:杨郁霞)