

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-190

**ОБНАРУЖЕНИЕ ВИРУСА КАРТОФЕЛЯ S
В ТРАНСКРИПТОМНЫХ ДАННЫХ КОЛОРАДСКОГО ЖУКА *****DETECTION OF POTATO VIRUS S IN COLORADO POTATO BEETLE RNA-SEQ DATA**М. Е. Антонец¹, С. А. Боднев², У. Н. Рощая¹, В. Ю. Крюков¹, Д. В. Антонец³¹Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск²Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, р. п. Кольцово³Институт искусственного интеллекта Московского государственного университета им. М. В. ЛомоносоваM. E. Antonets¹, S. A. Bodnev², U. N. Rotskaya¹, V. Yu. Kryukov¹, D. V. Antonets³¹Institute of Systematics and Ecology of Animals SB RAS, Novosibirsk²State Research Center of Virology and Biotechnology "Vector", Koltsovo³Artificial Intelligence Institute, Lomonosov Moscow State University

✉ starchevskayamaria@mail.ru

Аннотация

Представлен частичный геном вируса картофеля S (PVS), собранный из транскриптомных данных колорадского жука, полученных из биологических образцов, собранных в Новосибирской области. Проведена сборка и филогенетический анализ геномных последовательностей PVS, полученных из публичных данных. Полученные результаты указывают на широкое присутствие типичных штаммов PVS в данных колорадского жука и потенциальную роль жука в передаче вируса.

Abstract

A partial genome of potato virus S (PVS) is presented assembled from transcriptomic data obtained from Colorado potato beetle biological samples collected in Novosibirsk region. Assembly and phylogenetic analysis of PVS genomic sequences obtained from publicly available data was performed. The results indicate a widespread presence of typical PVS strains in Colorado potato beetle data and a potential role of the beetle in virus transmission.

Вирус картофеля S (PVS) — широко распространенный патоген картофеля, обычно вызывающий легкие или бессимптомные инфекции. Тем не менее некоторые генотипы могут вызывать потери урожая до 20 %, особенно при коинфекции другими вирусами [1]. Филогенетический анализ различных изолятов PVS с использованием генов RdRp, TGB и CP выявил три филогруппы: PVS^I, PVS^{II} и PVS^{III} [2]. Изоляты группы PVS^I демонстрируют высокую генетическую изменчивость и широко распространены на всех континентах. Группа PVS^{II} преимущественно встречается в Южной Америке (Боливия, Чили, Колумбия, Эквадор, Перу, Бразилия), с недавними обнаружениями в Кении, Новой Зеландии, Китае, Нидерландах и Казахстане. Несмотря на меньшую распространенность, PVS^{II} легче передается тлями и контактным путем, потенциально вызывая более серьезные симптомы у картофеля, что представляет угрозу биологической безопасности для стран, все еще свободных от этого вируса [2]. PVS в основном распространяется механическим путем через зараженный растительный материал [3], а также различными видами тлей, включая *Aphis nasturtii* и *Myzus persicae*, полуперсистентным способом [4]. В отличие от тлей, жуки не считаются переносчиками PVS. Однако известно, что более 70 видов жуков переносят различные вирусы растений, поражающие овощи и злаки, что составляет примерно 11 % всех вирусов, передаваемых насекомыми [5]. Колорадский жук — известный вредитель картофеля. Учитывая питание колорадского жука листьями картофеля и его широкое распространение, можно предположить, что колорадский жук способен приобретать и распространять вирусы картофеля во время питания. Технологии высокопроизводительного секвенирования позволяют обнаруживать вирусный генетический материал в различных типах образцов, включая насекомых-переносчиков. Однако ограниченное число исследований было сосредоточено на поиске вирусов растений в потенциальных насекомых-переносчиках. Идентификация вирусных последовательностей у насекомых может выявить ассоциации «вирус — переносчик» и новые эпидемиологические пути.

Нами были выбраны 218 образцов транскриптомных данных, сгруппированные в 17 проектов, полученных из NCBI SRA, 114 образцов из 9 проектов содержали генетический материал PVS. При этом в 86 образцах последовательности PVS были собраны более чем на 97 % от референсной (NC_007289.1) с достоверной глуби-

* Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 22-14-00309).

© М. Е. Антонец, С. А. Боднев, У. Н. Рощая, В. Ю. Крюков, Д. В. Антонец, 2025

ной покрытия более 20х. Стоит отметить, что в некоторых образцах процент прочтений, принадлежащих PVS, достигает почти 7 %.

В результате анализа метагеномных образцов колорадского жука, полученных ранее в нашей лаборатории (номер NCBI SRA BioProject: PRJNA1013476), были выявлены вирус-позитивные контиги, таксономически принадлежащие PVS. В результате сборки генома был получен частичный геном PVS (номер в GenBank: OR797635.1), Potato virus S isolate CPB3. Представленная геномная последовательность имеет длину 8456 нт и содержит характерные для PVS открытые рамки трансляции, включая RdRp, тройной генный блок (25K, 12K, 7K), CP, за исключением гена 11K, в котором не были прочитаны 85 нт. Наилучший процент идентичности в результате поиска BLAST нуклеотидной последовательности генома составил 95,92 % с образцом, полученным в Кении в 2018 г. (MN689459.1).

Для филогенетического анализа были использованы 363 нуклеотидные последовательности тройного блока генов TGBp1-3: 267 последовательностей, полученных из NCBI Nucleotide, 95 последовательностей, полученных в результате сборки из публичных образцов колорадского жука, и образец Potato virus S isolate CPB3. Выбор этой последовательности для построения филогении был обусловлен функциональным потенциалом. TGB отвечает за перемещение и транслокацию вирусов. Последовательности PVS кластеризовались в пределах глобально распространенной филогруппы PVS¹, что указывает на то, что они являются типичными штаммами PVS, а не сильно дивергентным вариантом.

Эти результаты демонстрируют широкое присутствие генетического материала PVS в колорадском жуке. Учитывая, что новые варианты PVS демонстрируют повышенную трансмиссивность и патогенность, PVS можно считать недооцененным патогеном картофеля, поэтому необходимы дальнейшие исследования, чтобы определить, может ли колорадский жук играть роль в передаче PVS.

Литература

1. Ristić D. et al. The Incidence and Genetic Diversity of Potato virus S in Serbian Seed Potato Crops // *Potato Res.* 2019. Vol. 62, No. 1. P. 31–46.
2. Topkaya Ş. et al. Molecular Analysis of the Global Population of Potato Virus S Redefines Its Phylogeny, and Has Crop Biosecurity Implications // *Viruses.* 2023. Vol. 15, No. 5. P. 1104.
3. Franc G.D., Bantari E.E. Mechanically Transmissible Viruses of Potato // *Virus and Virus-like Diseases of Potatoes and Production of Seed-Potatoes.* Dordrecht: Springer Netherlands, 2001. P. 159–175.
4. Wardrop E.A. et al. Aphid transmission of potato virus S // *Am. Potato J.* 1989. Vol. 66, No. 8. P. 449–459.
5. Wielkopolan B., Jakubowska M., Obrepalska-Stęplowska A. Beetles as Plant Pathogen Vectors // *Front. Plant Sci.* 2021. Vol. 12.