

ВИРУС ПОЛОСАТОЙ МОЗАИКИ ПШЕНИЦЫ (*TRITIMOVIRUS TRITICI*) – РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ НА ПШЕНИЦЕ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ И ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ВЫЯВЛЕННЫХ ИЗОЛЯТОВ

Ю. Н. Приходько, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник научно-методического отдела вирусологии, prihodko_yuri59@mail.ru, ORCID ID: 0009-0004-9176-407X;

Т. С. Живаева, научный сотрудник научно-методического отдела вирусологии, zhivaeva.vniikr@mail.ru, ORCID ID: 0009-0008-8312-2666;

Е. Н. Лозовая, научный сотрудник отдела аспирантуры, evgeniyaf@mail.ru, ORCID ID: 0000-0001-8612-5127;

И. Г. Башкирова, кандидат биологических наук, научный сотрудник научно-методического отдела вирусологии, bashkirova@mail.ru, ORCID ID: 0000-0001-9014-4179;

Е. В. Каримова, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник научно-методического отдела вирусологии, elenavkar@mail.ru, ORCID ID: 0000-0001-6474-8913;

А. А. Калашников, младший научный сотрудник лаборатории «Государственная коллекция карантинных организмов», andreysm.uch@mail.ru, ORCID ID: 0009-0007-8827-4792;

Ю. А. Шнейдер, кандидат биологических наук, начальник научно-методического отдела вирусологии, ведущий научный сотрудник, yury.shneyder@mail.ru, ORCID ID: 0000-0002-7565-1241
Федеральное государственное бюджетное учреждение «Всероссийский центр карантина растений», 140150, Московская обл., г.о. Раменский, р.п. Быково, ул. Пограничная, д. 32

Пшеница является ведущей сельскохозяйственной культурой и широко культивируется в Российской Федерации. Один из наиболее вредоносных патогенов этой культуры – вирус полосатой мозаики пшеницы (*Tritimovirus tritici*, Wheat streak mosaic virus, WSMV), способный вызывать значительные потери урожая, достигающие 100 %. Целью проводимых исследований являлись определение распространенности WSMV в посевах пшеницы в различных регионах Российской Федерации и анализ генетических особенностей у изолятов этого вируса, выявленных на территории Краснодарского края. Идентификацию WSMV в отобранных образцах растений пшеницы проводили методом ИФА с тест-системами ведущих фирм-производителей и методом ПЦР с видоспецифичными праймерами. Полученные продукты амплификации подвергли секвенированию. По результатам проведенных обследований в 2024 г. установлена широкая распространенность WSMV в нескольких субъектах Российской Федерации, что не наблюдалось в 2021–2023 годах. Встречаемость этого вируса в образцах из Ставропольского, Краснодарского края, Республики Крым и Волгоградской области составила соответственно 100, 45,4, 41,7 и 30,4 %. Установлено доминирующее распространение на территории Краснодарского края изолятов этого вируса, относящихся к штамму WSMV-B. По последовательности нуклеотидов в генах 6K1 и C1 подавляющее большинство этих изолятов характеризуются высокой идентичностью с достаточно узкой группой изолятов штамма WSMV-B, распространенных в Австрии, Германии, Польше, Украине, Турции, Чехии, Франции и США. Наиболее высокая идентичность имела место для изолятов S34Edirne из Турции, DSMZ PV-0356 из Украины и Sze из Польши, то есть из стран, достаточно близко расположенных к границам Российской Федерации. Выявлено также два изолята WSMV с более высокой идентичностью к штамму WSMV-D, чем к штамму WSMV-B. Наличие достаточно высокой генетической вариативности у выявленных изолятов свидетельствует о неоднократных случаях инвазии WSMV на территорию Краснодарского края из нескольких независимых источников.

Ключевые слова: *Wheat streak mosaic virus, WSMV, ИФА, ПЦР, филогенетический анализ.*

Для цитирования: Приходько Ю. Н., Живаева Т. С., Лозовая Е. Н., Башкирова И. Г., Каримова Е. В., Калашников А. А., Шнейдер Ю. А. Вирус полосатой мозаики пшеницы (*Tritimovirus tritici*) – распространенность на пшенице в Российской Федерации и генетические особенности выявленных изолятов // Зерновое хозяйство России. 2025. Т. 17, № 2. С. 94–102. DOI: 10.31367/2079-8725-2025-97-2-94-102.



PREVALENCE OF WHEAT STREAK MOSAIC RYMОВIRUS (*TRITIMOVIRUS TRITICI*) ON WHEAT IN THE RUSSIAN FEDERATION AND GENETIC CHARACTERISTICS OF IDENTIFIED ISOLATES

Yu. N. Prikhodko, Candidate of Agricultural Sciences, leading researcher of the research and methodological department of virology, prihodko_yuri59@mail.ru, ORCID ID: 0009-0004-9176-407X;

T. S. Zhivaeva, researcher of the research and methodological department of virology, zhivaeva.vniikr@mail.ru, ORCID ID: 0009-0008-8312-2666;

E. N. Lozovaya, researcher of the post graduate department, evgeniyaf@mail.ru, ORCID ID: 0000-0001-8612-5127;

I. G. Bashkirova, Candidate of Biological Sciences, researcher of the research and methodological department of virology, bashkirova@mail.ru, ORCID ID: 0000-0001-9014-4179;

E. V. Karimova, Candidate of Biological Sciences, head of the research and methodological department of virology and bacteriology, senior researcher, elenavkar@mail.ru, ORCID ID: 0000-0001-6474-8913;
A. A. Kalashnikov, junior researcher of the laboratory "State collection of quarantine organisms", andreysm.uch@mail.ru, ORCID ID: 0009-0007-8827-4792;
Yu. A. Shneider, Candidate of Biological Sciences, head of the research and methodological department of virology, leading researcher, e-mail: yury.shneyder@mail.ru, ORCID ID: 0000-0002-7565-1241.
Federal State Budgetary Institution "All-Russian Center for Plant Quarantine" (FGBU "VNIIKR"), 140150, Moscow region, Ramenskoye district, Bykovo, Pogranchnaya Str., 32

Wheat is the leading agricultural crop and is widely cultivated in the Russian Federation. One of the most harmful pathogens of this crop is the wheat streak mosaic rymovirus (*Tritimovirus tritici*, Wheat streak mosaic rymovirus, WSMV), which can cause significant yield losses, reaching 100 %. The purpose of the current study was to determine the prevalence of WSMV in wheat crops in different regions of the Russian Federation and to analyze the genetic characteristics of isolates of this virus identified in the Krasnodar Territory. Identification of WSMV in selected wheat samples was carried out by the ELISA method with test systems from leading manufacturers and by the PCR method with species-specific primers. The obtained amplification products were sequenced. The results of the study conducted in 2024 showed a wide prevalence of WSMV in several constituent entities of the Russian Federation, which was not established in 2021–2023. The incidence of this virus in samples from the Stavropol Territory, Krasnodar Territory, the Republic of Crimea and the Volgograd Region was 100 %, 45.4 %, 41.7 and 30.4 %, respectively. There has been established a dominant distribution of isolates of this virus belonging to the WSMV-B strain in the Krasnodar Territory. According to the nucleotide sequence in the 6K1 and CI genes, most of these isolates are characterized by high identity with a fairly narrow group of isolates of the WSMV-B strain distributed in Austria, Germany, Poland, Ukraine, Turkey, the Czech Republic, France, and the USA. The highest identity was determined for isolates S34Edirne from Turkey, DSMZ PV-0356 from Ukraine and Sze from Poland, i.e. from countries located fairly close to the borders of the Russian Federation. There were also identified two WSMV isolates with a higher identity to the WSMV-D strain than to the WSMV-B strain. The presence of a sufficiently high genetic variability in the identified isolates indicated repeated cases of WSMV invasion into the Krasnodar Territory from several independent sources.

Keywords: *Wheat streak mosaic rymovirus, WSMV, ELISA, PCR, phylogenetic analysis.*

Введение. Пшеница является ведущей зерновой культурой Российской Федерации. Сборы урожая пшеницы в РФ в 2024 г., по предварительным данным Росстата, составили 82419,3 тыс. т, что на 11,2 % (на 10 431,8 тыс. т) меньше, чем в 2023 году. Снижение сборов произошло как за счет сокращения площадей (на 4,1 % – до 28 523,1 тыс. га), так и за счет снижения урожайности (на 7,9 % – до 29,3 ц/га). Одной из причин снижения урожайности могли стать вирусные патогены. В настоящее время на пшенице известно не менее 53 видов фитопатогенных вирусов, относящихся к 23 родам 12 таксономических семейств (CABI, 2025). Помимо прямого снижения урожая, многие вирусы, входящие в фитосанитарные требования стран – импортеров отечественной зерновой продукции, влияют на экспортный потенциал Российской Федерации. Одним из наиболее вредоносных патогенов пшеницы является вирус полосатой мозаики пшеницы (*Wheat streak mosaic virus*, или *Tritimovirus tritici*; акроним – WSMV).

WSMV является типовым видом рода *Tritimovirus* семейства *Potyviridae*. Вирионы WSMV представляют собой гибкие нитевидные частицы со спиральной симметрией длиной 750 нм и диаметром 15 нм, не имеющие оболочки. Каждый вирион состоит из молекулы РНК и примерно 2 тыс. копий белка оболочки, окружающих РНК. Геном WSMV состоит из единственной молекулы одноцепочечной линейной плюс-смысловой РНК, состоящей из 9339–9384 нуклеотидов. РНК транслируется с образованием полипротеина с молекулярной массой 350 кДа, состоящего из 3035 аминокислот. Этот полипротеин процессируется тремя кодируемыми вирусом протеазами (P1, HC-Pro и NIa-Pro) на 10 функционально активных бел-

ков: P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, VPg, NIa-Pro, NIb и белок оболочки (CP). Имеется также дополнительная открытая рамка считывания (ORF) P3N-PIPO, которая экспрессируется как слитый белок с N-концевого участка гена P3 (Tatineni and Hein, 2020).

Растениями-хозяевами WSMV являются кукуруза, овес, просо, пшеница, рожь, сорго, ячмень и не менее 28 видов культивируемых и дикорастущих злаковых трав. Вирус распространен на всех континентах, за исключением Антарктиды, включая 14 стран Европы и 9 стран Азии (CABI, 2025).

В СССР болезнь полосатой мозаики пшеницы была впервые идентифицирована в 1963 г. в Краснодарском крае, а затем была отмечена на Украине, в Молдавии и странах Средней Азии. В современный период в Российской Федерации WSMV регистрировали на Южном Урале, в Среднем Поволжье, Воронежской области, Краснодарском, Ставропольском и Приморском краях. Данные исследования преимущественно основывались на использовании серологического метода диагностики, в связи с чем генетические особенности у российских изолятов этого вируса практически не изучались.

По различиям в последовательности нуклеотидов на геномной РНК мировая популяция WSMV подразделяется на четыре филогенетические группы, или штамма, – А, В, С и D (Redila et al., 2021; Jones et al., 2022). Штамм WSMV-А включает изоляты, распространенные в Мексике. Штамм WSMV-В объединяет изоляты WSMV из различных стран Европы, Ирана и Турции. Штамм WSMV-С объединяет несколько изолятов WSMV из Ирана, которые были выявлены в одном небольшом регионе этой страны. Штамм WSMV-Д объединяет изо-

ляты этого вируса из США и Канады, некоторые из которых распространились затем в Южную Америку, Австралию, Иран и Турцию.

WSMV способен распространяться с семенами пшеницы и кукурузы, в связи с чем положение об отсутствии этого вируса содержится в фитосанитарных требованиях многих стран – импортеров российской зерновой продукции. Передача WSMV с семенами пшеницы варьирует от 0,5 до 2 %, а передача с семенами кукурузы обычно не превышает 0,1 % (Jones, 2021).

Распространение WSMV возможно тремя способами: механическим, семенами и посредством переносчика – пшенично-завитушного клеща *Aceria tosichella* Keifer. Механическая передача вируса происходит, когда сок инфицированных растений попадает на здоровые растения в результате повреждений, вызванных деятельностью человека (например, перемещением сельскохозяйственной техники), травоядными животными и листогрызущими насекомыми или трением листьев растений друг о друга. Наиболее эффективно вирус распространяется с помощью клеща-переносчика (Jones, 2021). В отечественной литературе этот клещ известен под названиями *Aceria tritici* Shev., или *Aceria tulipae* (Keifer), которые в настоящее время считаются синонимами *Aceria tosichella*.

WSMV считается вторым по значимости вирусом пшеницы после вируса желтой карликовости ячменя (BYDV) и вызывает эпизодические, но катастрофические эпифитотии на пшенице в различных регионах мира. В отличие от BYDV, который наносит наибольший вред в условиях прохладного климата, вредоносность WSMV является более высокой в южных регионах, что взаимосвязано с более высокой активностью и репродукционной способностью клеща-переносчика. В Австралии и США неоднократно отмечались потери урожая на уровне 80–98%. В случае заражения восприимчивых сортов озимой пшеницы в раннеосенний период потери урожая могут достигать 100 % (Jones, 2021).

Материалы и методы исследований.

Объектами исследований являлись образцы растений пшеницы с симптомами вирусоподобных аномалий, отобранные в ходе проведения маршрутных обследований. Скрининговые тесты проводили методом иммуноферментного анализа (ИФА) в формате DAS-ELISA с наборами реагентов к WSMV фирм Agdia (США), DSMZ и Loewe (обе – Германия). Все тест-системы использовали согласно прилагаемым к наборам инструкциям фирм-производителей. Реакцию считали позитивной в том случае, если показатель оптической плотности тестируемого образца превышал аналогичный показатель отрицательного контроля не менее чем в три раза.

Экстракцию РНК для проведения полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) проводили коммерческими наборами реагентов Проба-НК (Агродиагностика,

Россия) и ФитоСорб-М (Синтол, Россия) согласно инструкциям фирм-производителей.

ПЦР в «реальном времени» (ОТ-ПЦР-РВ) проводили в одноэтапном формате с набором реагентов «Wheat streak mosaic virus-PB» (Синтол, Россия) по инструкции фирмы-производителя, а также с праймерами и зондом WSMV F1/ WSMV R1/ WSMV P (Tatinene et al., 2010) и с набором реагентов One Tube RT-PCR Taq Man (Евроген, Россия). В последнем случае каждая реакция объемом 25 мкл содержала 5 мкл буфера OneTube PCRmix TaqMan, 3,5 мкл экстрагированной РНК, по 0,5 мкл каждого праймера и зонда, 0,5 мкл ревертазы MMLV и 14,5 мкл стерильной деионизированной воды. Температурно-временной режим составил: 50 °С – 15 мин, 95 °С – 1 мин, 40 циклов (95 °С – 15 сек, 60 °С – 20 сек, 72 °С – 30 сек). ОТ-ПЦР-РВ проводили на амплификаторах АНК-32 (Синтол, Россия), DTLite (ДНК-Технология, Россия) и CFX96 Touch (Bio Rad, США). Положительным считали сигнал, наблюдающийся при $St \leq 35$ при наличии экспоненциальной кривой амплификации.

Классическую ОТ-ПЦР проводили в одноэтапном формате с праймерами PMB-70/ PMB-71 (Jones et al., 2022) и набором реагентов One Tube RT-PCR Taq Man (Евроген, Россия). Каждая реакция объемом 25 мкл содержала: 5 мкл буфера OneTube PCRmix TaqMan, 3,5 мкл экстрагированной РНК, по 0,5 мкл каждого праймера, 0,5 мкл ревертазы MMLV и 15 мкл стерильной деионизированной воды. Температурно-временной режим составил: 50 °С – 15 мин, 95 °С – 1 мин, 40 циклов (95 °С – 15 сек, 58 °С – 20 сек, 72 °С – 30 сек). Классическую ПЦР проводили на амплификаторе Veriti (Thermo Scientific, США).

Визуализацию результатов классической ОТ-ПЦР осуществляли в 1%-м агарозном геле с бромистым этидием в 0,5x TBE-буфере. Величину продуктов амплификации определяли, используя маркеры молекулярного веса ДНК Gene Ruler 100 bp Plus фирмы Fermentas. Тест с праймерами PMB-70/PMB-71 считали положительным при наличии ампликона величиной 748 п.о.

Полученные ампликоны подвергали секвенированию по модифицированному методу Сенгера на генетическом анализаторе AB-3500 (Applied Biosystems, США). Для анализа полученных нуклеотидных последовательностей использовали программное обеспечение BioEdit 7.0.5.3, BLASTN 2.12.0+ и Needleman-Wunsch Global Align Nucleotide Sequences. Филогенетический анализ проводили с помощью программы MEGA11. Для филогенетического анализа наряду с выявленными изолятами были включены следующие изоляты WSMV, депонированные в генбанке NCBI: Czech (AF454454, Чехия), Marmagne (HG810953, Франция), Naghadeh (EU914917, Иран), PV-1141 DSMZ (PP856226, Германия), PV-1196 DSMZ (OR082783, Австрия), PV-0356 DSMZ (MZ202336, Украина), S34Edirne

(MZ405098, Турция), Sze (MN939145, Польша), Turkey 1 (AF454455, Турция), Type strain (AF285169, США). Изолят *Wheat Eqlid mosaic tritimovirus* (NC_009805, Иран) был включен в качестве филогенетической аутгруппы.

Результаты и их обсуждение. В 2021–2024 гг. нами проводилось обследование посевов зерновых культур в различных регионах Российской Федерации с отбором образцов и их тестированием методом ИФА на наличие комплекса вирусов. WSMV за данный период наблюдений был выявлен в Республике Бурятия, Республике Крым, Алтайском, Краснодарском и Ставропольском краях, Волгоградской, Воронежской и Ростовской областях. В 2021–2023 гг. встречаемость WSMV была относительно невысокой (Приходько Ю.Н. и др., 2024). Исключение составила Ростовская область, где этот вирус был зарегистрирован в 33,3 % тест-образцов. Напротив, в 2024 г. WSMV был выявлен в 118 образцах растений пшени-

цы из 346 протестированных. Встречаемость этого вируса в образцах из Ставропольского края, Краснодарского края, Республики Крым и Волгоградской области составила соответственно 100, 45,4, 41,7 и 30,4 % (табл. 1). В Краснодарском крае в 2024 г. WSMV был выявлен в Динском, Каневском, Кореновском, Курганинском, Тбилисском и Усть-Лабинском районах, а в Волгоградской области – в Дубовском, Иловлинском, Светлоярском, Суровикинском и Фроловском районах, что является свидетельством чрезвычайно широкого распространения данного вируса в этих субъектах РФ. Переносчик этого вируса – пшеничный завитушный клещ (*Aceria tosichella* Keifer) был идентифицирован в образцах растений пшеницы из Краснодарского края заведующим лабораторией экологии и генетики насекомых и клещей ФГБУ «ВНИИКР», кандидатом биологических наук И. О. Камаевым (рис. 1).

Таблица 1. Распространенность вируса полосатой мозаики пшеницы (WSMV) в посевах пшеницы в нескольких регионах Российской Федерации
Table 1. Prevalence of wheat streak mosaic rymovirus (WSMV) in wheat crops in several regions of the Russian Federation

Регион РФ	Год	Количество образцов	% образцов, содержащих WSMV
Ставропольский край	2021	66	0,09
Воронежская область	2021	96	–
Волгоградская область	2021	27	11,1
Алтайский край	2022	81	18,5
Иркутская область	2022	21	–
Воронежская область	2022	36	–
Ростовская область	2022	27	33,3
Воронежская область	2023	75	4,0
Волгоградская область	2023	165	5,5
Республика Бурятия	2024	7	14,3
Республика Крым	2024	36	41,7
Ставропольский край	2024	3	100
Краснодарский край	2024	132	45,4
Волгоградская область	2024	22	30,4
Воронежская область	2024	26	–
Орловская область	2024	6	–
Ростовская область	2024	4	–



Рис. 1. Особи пшеничного завитушного клеща на листе растения пшеницы из Краснодарского края (фото И. О. Камаева, публикуется с разрешения автора)

Fig. 1. Species of the wheat curl mite on a wheat leaf from the Krasnodar Territory (photo by I. O. Kamaev, published with permission of the author)

Полученные результаты позволяют сделать вывод о развитии в 2024 г. эпифитотии WSMV на территории Южного и Северо-Кавказского федеральных округов, тогда как на юге Центрального федерального округа этой эпифитотии не наблюдалось. Эпифитотия WSMV усугублялась в некоторых регионах широким распространением BYDV-PAV. Таким образом, одной из причин снижения урожайности пшеницы, наблюдающегося в 2024 г. в южных регионах РФ, наряду с неблагоприятными погодными условиями, могла стать эпифитотия WSMV и BYDV-PAV. Последняя эпифитотия WSMV на территории Краснодарского края наблюда-

лась в 2018–2019 гг. и привела к значительным потерям урожая пшеницы.

В апреле–мае 2024 г. в посевах озимой пшеницы в Краснодарском крае наблюдались многочисленные растения с симптомами заражения WSMV (рис. 2). Все 132 образца растений пшеницы, отобранных в 2024 г. на территории Краснодарского края, были протестированы методами ИФА, ОТ-ПЦР-РВ с набором реагентов «Wheat streak mosaic virus-PB» (Синтол, Россия) и с праймерами и зондом WSMV F1/WSMV R1/WSMV P, а также методом классической ОТ-ПЦР с праймерами PMB-70/PMB-71.



Рис. 2. Растения озимой пшеницы в Краснодарском крае с типичными симптомами заражения WSMV (фото И.Б. Абловой, публикуется с разрешения автора)

Fig. 2. Winter wheat plants in the Krasnodar Territory with typical symptoms of WSMV infection (photo by I.B. Ablova, published with permission of the author)

Продукты амплификации праймеров PMB-70/PMB-71 были подвергнуты секвенированию и анализу с использованием программы Nucleotide Blast NCBI. В итоге были получены последовательности 32 изолятов WSMV из Краснодарского края. Проведенный анализ подтвердил принадлежность всех полученных последовательностей к виду *Wheat streak mosaic virus*. Какая-либо генетическая идентичность с иными вирусами отсутствовала. Полученные последовательности содержали полную последовательность нуклеотидов гена 6K1 и прилегающий 5'-концевой участок гена CI WSMV.

Установлено, что подавляющее большинство выявленных изолятов из Краснодарского края (кроме изолятов KrWS-23 и KrWS-42) относятся к штамму WSMV-B и в той или иной степени – к идентично определенной группе референтных изолятов этого штамма. В эту группу входят следующие референтные изоляты: S34Edirne (Турция), Sze и Sosn (Польша),

DSMZ PV-0356 (Украина), Ноут и DSMZ PV-1141 (Германия), Czech (Чехия), DSMZ PV-1196 и Austria (Австрия), Marmagne (Франция), KM19, RO20, NE01_19 и DC19 (все США). Идентичность последовательностей нуклеотидов этих изолятов на данном участке генома в сравнении с референтными изолятами штамма WSMV-B составила 91,57–99,60 %, тогда как с референтными изолятами штамма WSMV-D – 85,51–90,19 %.

В дальнейшем выявленные изоляты анализировали по полной последовательности нуклеотидов гена 6K1. У вида WSMV этот ген состоит из 152 нуклеотидов и кодирует белок с молекулярной массой 6 кДа. Функции этого белка все еще слабо изучены. По аналогии с другими вирусами семейства *Potyviridae* можно предположить, что зрелый белок 6K1 необходим для репликации и межклеточного транспорта вируса на ранней стадии инфекции. В отношении WSMV установлено, что белок 6K1 индуцирует у растений пшеницы ранние сим-

птомы в виде интенсивных хлоротичных полос и пятен (Tatineni et al., 2023).

По особенностям последовательностей нуклеотидов в гене 6K1 изоляты WSMV, выявленные в Краснодарском крае, подразделялись на пять основных групп в зависимости от идентичности с референтными изолятами штаммов WSMV-B и WSMV-D (табл. 2). Изоляты группы I характеризуются очень высокой идентичностью (на уровне 98,26–100 %) с референтными изолятами штамма WSMV-B. Идентичность изолятов группы II с референтными изолятами штамма WSMV-B является несколько менее высокой

(95,45–99,35 %), а для изолятов группы III такая идентичность составляет всего 91,25–96,03 %. Для всех этих трех групп характерна очень низкая идентичность с референтными изолятами штамма WSMV-D (84,38–92,67 %). Изоляты группы IV незначительно отличаются от изолятов группы III по идентичности к изолятам штамма WSMV-B, но характеризуются несколько более высокой идентичностью к изолятам штамма WSMV-D. Наконец, в группу V вошли два изолята (KrWS-27 и KrWS-42) с более высокой идентичностью к изолятам штамма WSMV-D, чем к изолятам штамма WSMV-B.

Таблица 2. Идентичность последовательностей нуклеотидов гена 6K1 у филогенетических групп изолятов WSMV из Краснодарского края в сравнении с референтными изолятами штаммов WSMV-B и WSMV-D
Table 2. Identity of nucleotide sequences of the 6K1 gene in phylogenetic groups of WSMV isolates from the Krasnodar Territory in comparison with reference isolates of WSMV-B and WSMV strains

Группа	Изоляты WSMV из Краснодарского края	Идентичность с референтными изолятами штаммов:	
		WSMV-B	WSMV-D
I	KrWS-18, KrWS-27, KrWS-41, KrWS-44, KrWS-46, KrWS-61	98,26–100 %	88,09–92,67 %
II	KrWS-20, KrWS-24, KrWS-26, KrWS-37, KrWS-58	95,45–99,35 %	88,03–91,56 %
III	KrWS-39, KrWS-48, KrWS-50, KrWS-56, KrWS-57	91,25–96,03%	84,38–88,89 %
IV	KrWS-6, KrWS-11kp, KrWS-33, KrWS-40, KrWS-47	92,05–98,10 %	87,01–93,43 %
V	KrWS-23, KrWS-42	87,42–89,31 %	89,87–92,45 %

Установлено, что по полной последовательности нуклеотидов в гене 6K1 25 изолятов WSMV, выявленных в Краснодарском крае, характеризуются наиболее высокой идентичностью (96,77–100 %) с изолятами S34Edirne (Турция), Sze (Польша), PV-1196 (Австрия) и RO20 (США) штамма WSMV-B. Для трех изолятов (KrWS-24, KrWS-26 и KrWS-69) констатирована наиболее высокая идентичность (98,08–99,35 %) с изолятом PV-1141 (Германия) штамма WSMV-B. Изоляты KrWS-20 и KrWS-47

оказались максимально идентичными соответственно с изолятами KM19 (США) и Marmagne (Франция) штамма WSMV-B. В Кореновском районе Краснодарского края были выявлены также два изолята WSMV (KrWS-23 и KrWS-42) с более высокой идентичностью к изолятам штамма WSMV-D (90,12–92,45 %, чем к изолятам штамма WSMV-B (87,05 – 89,05%). Наиболее высокая идентичность (92,12–92,45 %) у этих двух изолятов наблюдалась с изолятами DC19 (США) и Naghadeh (Иран) штамма WSMV-D (табл. 3).

Таблица 3. Референтные изоляты WSMV с максимальной идентичностью гена 6K1 с выявленными изолятами этого вируса из Краснодарского края
Table 3. Reference WSMV isolates with maximum identity of the 6K1 gene with the identified isolates of this virus from the Krasnodar Territory

Референтные изоляты WSMV	Идентичность (%)	Изоляты WSMV из Краснодарского края
S34Edirne (Турция, штамм WSMV-B)	100	KrWS-18, KrWS-61
	99,32–99,35	KrWS-26, KrWS-27
S34Edirne (Турция), Sze (Польша), PV-1196 (Австрия), RO20 (США), все относятся к штамму WSMV-B	100	KrWS-41, KrWS-44, KrWS-46, KrWS-89, KrWS-92
	99,35	KrWS-31, KrWS-91
PV-1141 (Германия, штамм WSMV-B)	96,77–98,71	KrWS-6, KrWS-11kp, KrWS-33, KrWS-34, KrWS-35, KrWS-37, KrWS-39, KrWS-40, KrWS-66, KrWS-73, KrWS-81, KrWS-83, KrWS-87, KrWS-93
		KrWS-24, KrWS-26, KrWS-69
KM19 (США, штамм WSMV-B)	98,70	KrWS-20
Marmagne (Франция, штамм WSMV-B)	95,86	KrWS-47
DC-19 (США, штамм WSMV-D)	92,16–92,45	KrWS-23, KrWS-42

Проведенный филогенетический анализ подтвердил достаточно высокую генетическую вариабельность изолятов WSMV, распростра-

ненных в Краснодарском крае, и их подразделение на несколько филогенетических групп (рис. 3).

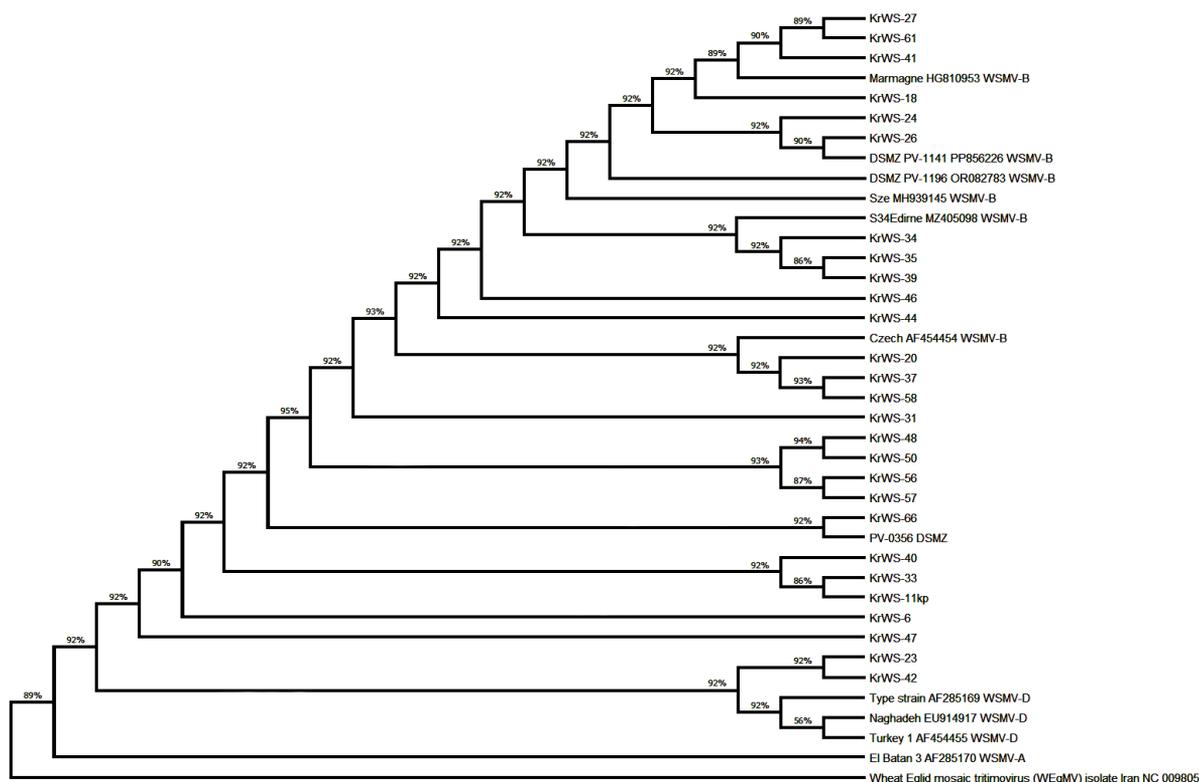


Рис. 3. Филогенетический анализ 27 изолятов WSMV из Краснодарского края и 11 референтных изолятов WSMV по полной последовательности нуклеотидов гена 6K1.

Дерево реконструировано методом ближайшего соседа с помощью программы MEGA11.

Изолят Wheat Eqlid mosaic tritimovirus (NC009805) использован в качестве филогенетической аутгруппы

Fig. 3. Phylogenetic analysis of 27 WSMV isolates from the Krasnodar Territory and 11 reference WSMV isolates based on the complete nucleotide sequence of the 6K1 gene.

The tree was reconstructed using the neighbor-joining method using the MEGA11 program.

The isolate Wheat Eqlid mosaic tritimovirus (NC009805) was used as a phylogenetic outgroup.

По результатам множественного выравнивания последовательностей нуклеотидов гена 6K1 23 изолятов WSMV из Краснодарского края и двух референтных изолятов штамма WSMV-B (PV-0356 и S34Edirne) полная идентичность наблюдалась для 100 из 152 нуклеотидов этого гена. Установлено, что наиболее высокая вариабельность характерна для нуклеотидов в положениях № 1–9, 21–26, 59–74, 81–89, 101–104 и 126–135. Выделяется группа изолятов со вставкой гуанидина в положении нуклеотидов № 4, что не наблюдается у референтных изолятов и у 11 других изолятов из Краснодарского края. Для референтного изолята S34Edirne (Турция) и 13 изолятов из Краснодарского края

(KrWS-18, KrWS-20, KrWS-24, KrWS-26, KrWS-27, KrWS-34, KrWS-35, KrWS-37, KrWS-41, KrWS-44, KrWS-46, KrWS-57 и KrWS-66) характерно также наличие двух консервативных последовательностей T-T-T-T. У остальных анализируемых изолятов, включая референтный изолят PV-0356, в этих консервативных последовательностях имели место единичные замены тиамин на цитозин. Для всех анализируемых изолятов штаммов WSMV-B и WSMV-D выявлено наличие консервативной последовательности AGGAAGCA(T)TGGA(T)T в положении нуклеотидов № 9–20 и консервативной последовательности GTAT(C)TGTA в положении нуклеотидов № 38–45 (рис. 4).

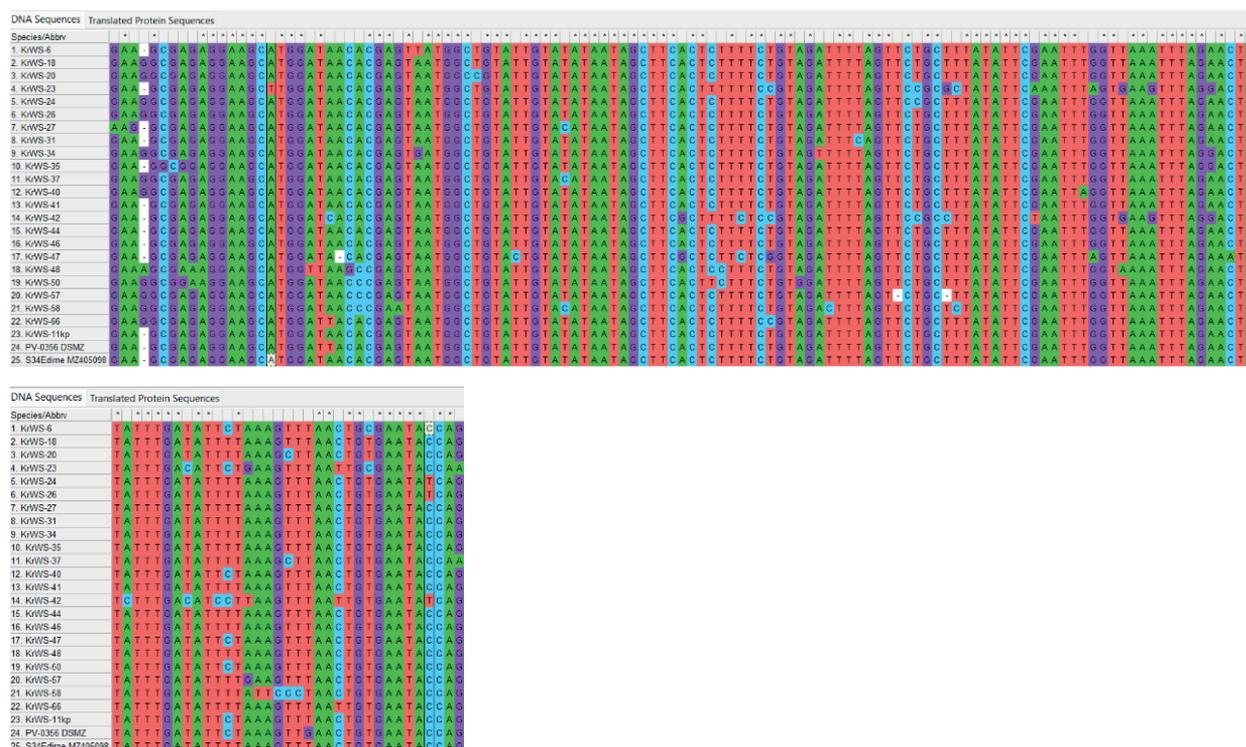


Рис. 4. Множественное выравнивание последовательностей нуклеотидов 5'-концевого и центрального участков (вверху) и 3'-концевого участка (внизу) гена 6K1 23 изолятов WSMV из Краснодарского края и двух референтных изолятов штамма WSMV-B (PV-0356 и S34Edirne), выполненного с использованием программы MEGA11

Fig. 4. Multiple alignment of nucleotide sequences of the 5'-terminal and central regions (top) and the 3'-terminal region (bottom) of the 6K1 gene of 23 WSMV isolates from the Krasnodar Territory and two reference isolates of the WSMV-B strain (PV-0356 and S34Edirne), performed using the MEGA11 program

Выводы. Полученные результаты позволяют сделать вывод о развитии в 2024 г. эпифитотии WSMV на территории Южного и Северо-Кавказского федеральных округов, которая усугублялась в некоторых регионах широким распространением BYDV-PAV. Предпосылкой к развитию эпифитотии могла стать чрезвычайно мягкая зима 2023–2024 гг., способствующая успешной перезимовке переносчика WSMV – пшеничного завитушного клеща.

Установлено, что на территории Краснодарского края преимущественно распространены изоляты штамма WSMV-B, что характерно и для большинства европейских стран. Вместе с тем выявлено два изолята с высокой идентичностью к изолятам штамма WSMV-D, которые преимущественно распространены в Северной Америке. Выделяется также группа изолятов (KrWS-47, KrWS-48, KrWS-50

и KrWS-57), для которых характерна относительно низкая идентичность как с изолятами штамма WSMV-B, так и с изолятами штамма WSMV-D. Возможно, данные изоляты в течение длительного времени распространены на территории Краснодарского края и приобрели определенные генетические отличия от изолятов из других стран. Наличие достаточно высокой генетической вариабельности у выявленных изолятов свидетельствует о неоднократных случаях инвазии WSMV на территорию Краснодарского края из нескольких независимых источников. Не выявлено взаимосвязи между генетическими особенностями анализируемых изолятов и их географическим происхождением.

Финансирование. Исследования выполнены в рамках государственного задания (Пер. № НИОКТР 123022100120-4).

Библиографический список

1. Приходько Ю. Н., Живаева Т. С., Лозовая Е. Н., Шнейдер Ю. А., Пручкина М. А., Башкирова И. Г., Каримова Е. В., Селявкин С. Н., Комаров Д. А., Касаткин Д. Г., Кобзарь В. Ф., Аблова И. Б., Пузырная О. Ю., Керимов Р. В. Видовой состав и распространенность вирусов пшеницы в Российской Федерации // Фитосанитария. Карантин растений. 2024. № S4–2(20). С. 71–72.
2. CABI 2025. *Wheat streak mosaic virus* (wheat streak) datasheet [Электронный ресурс]. URL: <https://www.cabi.org/isc/datasheet/56858> (дата обращения: 11.03.2025).
3. Jones R.A.C. Global plant virus disease pandemics and epidemics// Plants. 2021. Vol. 10(2), Article number: 233. DOI: 10.3390/plants10020233
4. Jones R. A. C., Vazquez-Iglesias I., Hajizadeh M., McGreig S., Gibbs A.J. Phylogenetics and evolution of *Wheat streak mosaic virus*: Its global origin and the source of the Australian epidemic // Plant Pathology. 2022. Vol. 71, P. 1660–1673. DOI: 10.1111/ppa.13609

5. Redila C., Phipps S., Nouri S. Full genome evolutionary studies of wheat streak mosaic-associated viruses using high-throughput sequencing // *Frontiers in Microbiology*. 2021. Vol. 12, Article number: 699078. DOI: 10.3389/fmicb.2021.699078
6. Tatineni S., Hein G. L. Tritimoviruses and Rymoviruses (Potyviridae) // *Encyclopedia of Virology* (Fourth Edition). 2021. Vol. 3, P. 797–804. DOI: 10.1016/B978-0-12-809633-8.21342-3
7. Tatineni S., Graybosch R. A., Hein G. L., Wegulo S. N., French R. Wheat cultivar-specific disease synergism and alteration of virus accumulation during co-infection with *Wheat streak mosaic virus* and *Triticum mosaic virus* // *Phytopathology*. 2010. Vol. 100(3). P. 230–238. DOI: 10.1094/PHYTO-100-3-0230
8. Tatineni S., Alexander J., Nunna H. 6K1, NIa-VPg, NIa-Pro, and CP of *Wheat streak mosaic virus* are collective determinants of wheat streak mosaic disease in wheat // *Phytopathology*. 2023. Vol. 113(6), P. 1115–1127. DOI: 10.1094/PHYTO-10-22-0401-R

References

1. Prikhod'ko Yu. N., Zhivaeva T. S., Lozovaya E. N., Shneider Yu. A., Pruchkina M. A., Bashkirova I. G., Karimova E. V., Selyavkin S. N., Komarov D. A., Kasatkin D. G., Kobzar' V. F., Ablova I. B., Puzyrnaya O. Yu., Kerimov R. V. Vidovoi sostav i rasprostranennost' virusov pshenitsy v Rossiiskoi Federatsii [1. Varietal composition and spread of wheat viruses in the Russian Federation] // *Fitosanitariya. Karantin rastenii*. 2024. № S4–2 (20). S. 71–72.
2. CABI (2025). *Wheat streak mosaic virus* (wheat streak) datasheet [Elektronnyi resurs]. URL: <https://www.cabi.org/isc/datasheet/56858> (data obrashcheniya: 11.03.2025).
3. Jones R. A. C. Global plant virus disease pandemics and epidemics // *Plants*. 2021. Vol. 10(2), Article number: 233. DOI: 10.3390/plants10020233
4. Jones R. A. C., Vazquez-Iglesias I., Hajizadeh M., McGreig S., Gibbs A.J. Phylogenetics and evolution of *Wheat streak mosaic virus*: Its global origin and the source of the Australian epidemic // *Plant Pathology*. 2022. Vol. 71, P. 1660–1673. DOI: 10.1111/ppa.13609
5. Redila C., Phipps S., Nouri S. Full genome evolutionary studies of wheat streak mosaic-associated viruses using high-throughput sequencing // *Frontiers in Microbiology*. 2021. Vol. 12, Article number: 699078. DOI: 10.3389/fmicb.2021.699078
6. Tatineni S., Hein G. L. Tritimoviruses and Rymoviruses (Potyviridae) // *Encyclopedia of Virology* (Fourth Edition). 2021. Vol. 3, P. 797–804. DOI: 10.1016/B978-0-12-809633-8.21342-3
7. Tatineni S., Graybosch R. A., Hein G. L., Wegulo S. N., French R. Wheat cultivar-specific disease synergism and alteration of virus accumulation during co-infection with *Wheat streak mosaic virus* and *Triticum mosaic virus* // *Phytopathology*. 2010. Vol. 100(3), P. 230–238. DOI: 10.1094/PHYTO-100-3-0230
8. Tatineni S., Alexander J., Nunna H. 6K1, NIa-VPg, NIa-Pro, and CP of *Wheat streak mosaic virus* are collective determinants of wheat streak mosaic disease in wheat // *Phytopathology*. 2023. Vol. 113(6), P. 1115–1127. DOI: 10.1094/PHYTO-10-22-0401-R

Поступила: 29.01.25; доработана после рецензирования: 19.03.25; принята к публикации: 19.03.25

Критерии авторства. Авторы статьи подтверждают, что имеют на статью равные права и несут равную ответственность за плагиат.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Авторский вклад. Приходько Ю. Н., Шнейдер Ю. А. – концептуализация исследования; Живаева Т. С. – подготовка опыта; Живаева Т.С., Лозовая Е. Н., Башкирова И. Г., Каримова Е. В. – выполнение полевых / лабораторных опытов и сбор данных; Приходько Ю. Н., Живаева Т. С., Калашников А. А. – анализ данных и их интерпретация; Приходько Ю. Н. – подготовка рукописи.

Все авторы прочитали и одобрили окончательный вариант рукописи.