



Struktura i dynamika zmienności wirusów w uprawach cukinii oraz ich wektorach owadzi

mgr inż. Martyna Szkatulska¹, mgr inż. Daria Budzyńska, dr Julia Minicka, dr Aleksandra Zarzyńska-Nowak, dr hab. inż. Przemysław Strażyński, prof. dr hab. Beata Hasiów-Jaroszewska

¹m.szkatulska@iortpib.poznan.pl

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

WSTĘP

Według danych statystycznych powierzchnia upraw roślin dyniowatych (*Cucurbitaceae*) w Polsce systematycznie rośnie (<https://stat.gov.pl/>). Cukinia wykazuje wysoką podatność na infekcje wirusowe, które mogą prowadzić do znacznego obniżenia wydajności plonów. W ostatnich latach odnotowano kilka poważnych epidemii wywołanych przez różne gatunki wirusów roślinnych, skutkujących stratami sięgającymi nawet 95% całkowitej produkcji. Rozprzestrzenianie się oraz intensyfikacja chorób wirusowych są ściśle powiązane ze zmianami klimatycznymi, globalizacją łańcuchów dostaw żywności, ekspansją geograficzną patogenów oraz ewolucją nowych wariantów wirusów o zwiększonej wirulencji i zdolnościach adaptacyjnych. Ze względu na brak skutecznych metod zwalczania wirusów, kluczowe znaczenie ma profilaktyka oraz stosowanie odmian odpornych. Wirusami które najczęściej porażają cukinię są: wirus mozaiki arbuza (watermelon mosaic virus, WMV, *Potyvirus citrulli*) oraz wirus żółtej mozaiki cukinii (zucchini yellow mosaic virus, ZYMV, *Potyvirus cucurbitaflavivessellati*). Objawy infekcji obejmują mozaikę, chlorozę liści, deformacje owoców oraz zahamowanie wzrostu roślin (Fig. 1). Wirusy te są efektywnie przenoszone przez mszyce, które stanowią najważniejszą grupę wektorów wirusów roślinnych, odpowiadających za transmisję wielu różnych gatunków. Wydłużony okres wegetacyjny związany z ociepleniem klimatu, a zwłaszcza występowanie ciepłych i długich jesieni, sprzyja intensywnemu rozwojowi populacji mszyc i wydłuża okres ich aktywności migracyjnej oraz żerowania. Zjawisko to istotnie zwiększa ryzyko masowego rozprzestrzeniania się infekcji wirusowych na polach uprawnych. Chwasty rosnące w sąsiedztwie upraw mogą pełnić rolę rezerwuarów wirusów, stanowiąc potencjalne źródło infekcji oraz wpływać na epidemiologię chorób wirusowych. Obecność wirusów w chwastach sprzyja ich przetrwaniu w środowisku, zwłaszcza poza sezonem wegetacyjnym umożliwia ich rozprzestrzenianie się za pośrednictwem wektorów.

Celem badań było przeprowadzenie kompleksowych analiz występowania i struktury populacji wirusów porażających uprawy cukinii oraz ich wektorów owadzi w Polsce.

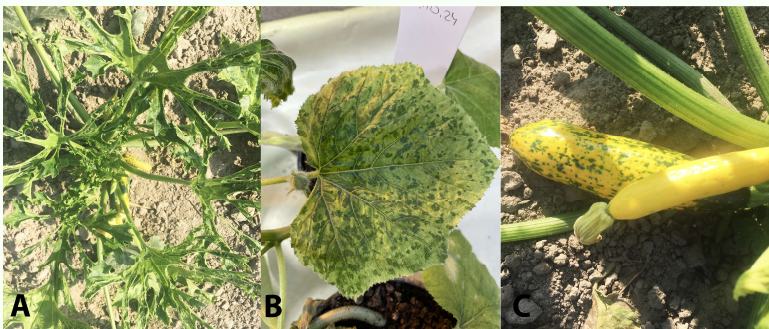


Figura 1. Cukinie z objawami infekcji wirusowej, takimi jak deformacja liści (A), mozaika (B) oraz przebarwienia owoców (C)

MATERIAŁY I METODY

Monitoring upraw cukinii, chwastów oraz mszyc prowadzono w latach 2022-2024 w województwie wielkopolskim i kujawsko-pomorskim. Zbierano zarówno rośliny z objawami charakterystycznymi dla infekcji wirusowej (Fig. 1), jak i asymptomatyczne. Z mszyc oraz roślin utworzono próbki zbiorcze składające się z 10 roślin lub 15 mszyc. Próbkę rozcierano w ciekłym azocie, następnie izolowano RNA, a w kolejnym etapie usuwano DNA i oczyszczano chlorkiem litu. Otrzymane RNA zostało sprawdzone pod względem jakościowym oraz ilościowym, a wybrane próbki poddano sekwencjonowaniu wysokoprzepustowemu (NovaSeq, Illumina). Przesekwencjonowano ponad 250 próbek zbiorczych. Otrzymane dane analizowano pod względem jakościowym, a następnie mapowano do bazy danych NCBI virus RefSeq (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/>) przy pomocy programu CLC Genomics Workbench wersja 20.0.3 (Qiagen).

Jako kryterium detekcji wirusów w badanych próbkach przyjęto ≥ 100 odczytów zmapowanych do genomu wirusa na milion odczytów biblioteki (reads per milion, rpm) oraz pokrycie genomu wynoszące $\geq 50\%$.

WYNIKI

W badanych regionach i latach stwierdzono przewagę WMV (Fig. 2A), który występował zarówno w cukiniach asymptomatycznych, jak i symptomatycznych oraz chwastach. WMV został wykryty w pojedynczych i mieszanych infekcjach głównie z ZYMV. W roku 2022 w województwie kujawsko-pomorskim zaobserwowano wyraźną przewagę występowania wirusów WMV i ZYMV (Fig. 2B). W kolejnych latach częstość występowania WMV była zbliżona w obu analizowanych województwach, natomiast ZYMV nadal dominował w województwie kujawsko-pomorskim. Warto podkreślić, że w 2023 roku wirusa ZYMV nie wykryto w województwie wielkopolskim. Ponadto, w żadnym z analizowanych lat nie stwierdzono obecności wirusa ZYMV w próbkach pochodzących z chwastów (Fig. 2C).

Stwierdzono obecność nowych, dotąd nie wykrytych w Polsce wirusów, takich jak wirus mozaiki kabaczka (squash mosaic comovirus, SqMV, *Comovirus cucurbitae*). SqMV został wykryty w infekcji mieszanej z WMV w próbce pochodzącej z cukinii. W próbkach z chwastów wykryto między innymi: malva vein clearing virus (MVCV, *Potyvirus malvae*) w ślazi zaniebanym (*Malva neglecta*), opium poppy mosaic virus (OPMV, *Umbravirus papaveri*) w bodziszkach drobnym (*Geranium pusillum*) oraz physostegia chlorotic mottle virus (PhCMoV, *Alphanucleorhabdovirus physostegiae*) w rdeście ptasim (*Polygonum aviculare*). W licznych próbkach, pochodzących z mszyc stwierdzono obecność afidorodnego wirusa żółtaczki dyniowatych (cucurbit aphid-borne yellows virus, CABYV, *Polerovirus CABYV*). W pojedynczych próbkach pozyskanych z mszyc wykryto również obecność wirusa WMV, jednak liczba odczytów zmapowanych do genomu wirusa była niższa niż przyjęty próg detekcji. Badania są kontynuowane także w roku bieżącym.

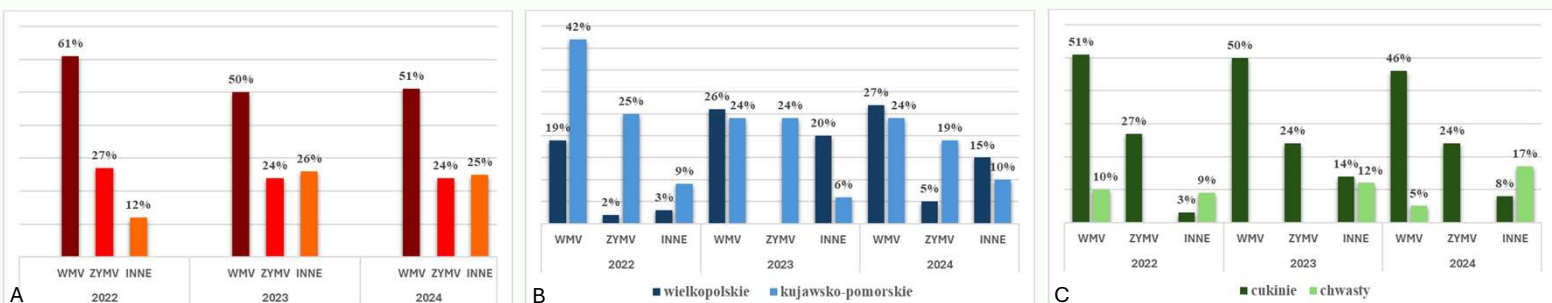


Figura 2. Wykresy przedstawiające procentowy udział poszczególnych wirusów zidentyfikowanych w badanych latach (A), z podziałem na poszczególne województwa (B) oraz z podziałem na wirusy obecne w chwastach i cukiniach (C)

WNIOSKI

Badania wykazały obecność wirusów zarówno w roślinach symptomatycznych, jak i niewykazujących objawów. Dominującym wirusem w uprawie był WMV. Wirusy występowały zarówno w infekcjach pojedynczych, jak i mieszanych, przy czym zaobserwowano przewagę infekcji mieszanych nad pojedynczymi. Obecność wirusów w mieszanych infekcjach może skutkować synergistycznymi oddziaływaniami i nasileniem symptomów chorobowych. Zaobserwowano zróżnicowanie w występowaniu poszczególnych gatunków wirusów w zależności od badanego regionu i roku zbioru. Wykryto obecność nowych, dotąd niewystępujących na terenie Polski wirusów.