

Identyfikacja i różnicowanie genetyczne wirusa mozaiki kolokazji (DsMV)



**Agnieszka Taberska, Julia Minicka, Daria Budzyńska, Beata Hasiów-
Jaroszevska**

Instytut Ochrony Roślin-Państwowy Instytut Badawczy, ul. Władysława Węgorka
20, 60-318 Poznań

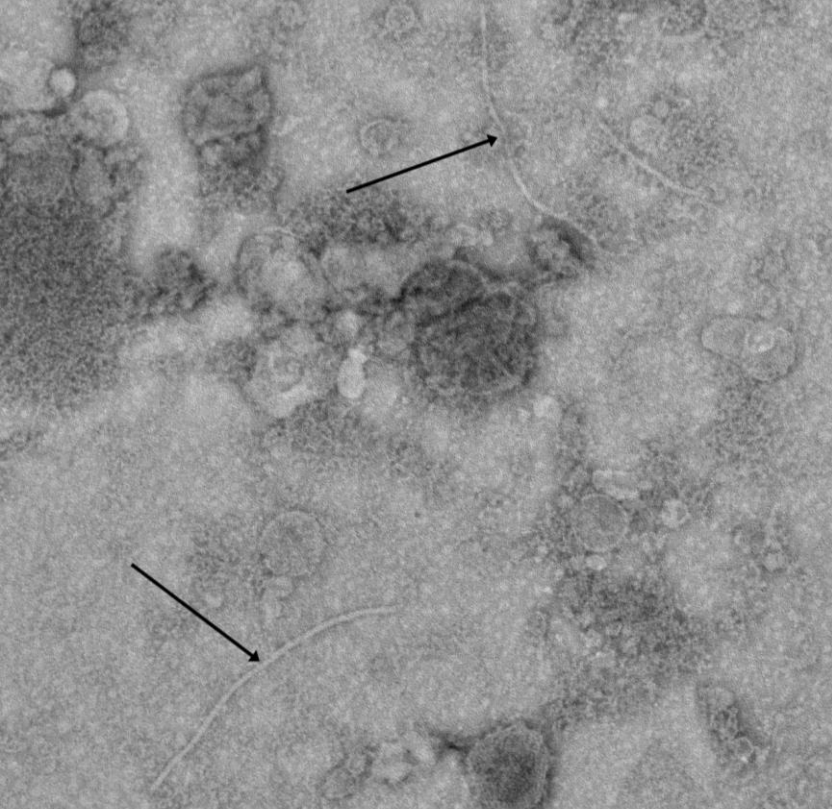
a.taberska@iorpib.poznan.pl



Figura 1 Rośliny z gatunku *Monstera adansonii* z objawami infekcji wirusowej DsMV

1. Wstęp

Wirus mozaiki kolokazji (*dasheen mosaic virus*, DsMV, rodzaj *Potyvirus*, rodzina *Potyviriidae*) poraża rośliny z rodziny *Araceae*. Wirus przenoszony jest w sposób nietrwały przez wiele gatunków mszyc oraz poprzez zakażony materiał propagacyjny podczas wegetatywnego rozmnażania roślin [1]. DsMV po raz pierwszy został wykryty w 1970 roku w uprawach taro (*Colocasia esculenta*) i od tego czasu rozprzestrzenił się niemal na całym świecie [2].



2. Metody

Dotychczas nie wykryto występowania DsMV w Polsce, jednak w latach 2020-2021 zebrano 10 roślin z gatunku *Monstera adansonii* z objawami infekcji wirusowej: jasnozieloną mozaiką na blaszkach liściowych oraz skręconymi i zdeformowanymi liśćmi. Obecność DsMV potwierdzono w 3 spośród badanych roślin, za pomocą transmisyjnej mikroskopii elektronowej (TEM) oraz techniki RT-PCR z użyciem starterów diagnostycznych DMV5708-5731F oraz DMV6131-6154R [1]. W celu uzyskania pełnej sekwencji genu kodującego białko płaszcz (CP) wirusa, zaprojektowano dwie pary starterów, które użyto w reakcjach RT-PCR. Specyficzność otrzymanych produktów RT-PCR potwierdzono za pomocą sekwencjonowania metodą Sanger, a uzyskane sekwencje CP wirusa wraz z 34 innymi sekwencjami CP pobranymi z Banku Genów, wykorzystano do analizy filogenetycznej.

Drzewo filogenetyczne skonstruowano metodą największej wiarygodności (ML) w programie MEGA X stosując model General Time Reversible (GTR + G) (Kumar i wsp. 2018). Wartości bootstrap zostały obliczone przy użyciu 1000 losowych pseudoreplikacji. Informacje dotyczące poszczególnych izolatów (numery akcesyjne, gospodarz oraz miejsce pochodzenia) zostały zamieszczone w legendzie drzewa filogenetycznego.

Figura 2 Nitkowane cząstki wirusowe widoczne w TEM

Figura 3 Rozdział elektroforetyczny produktów reakcji RT-PCR z użyciem starterów diagnostycznych na DsMV

Figura 2

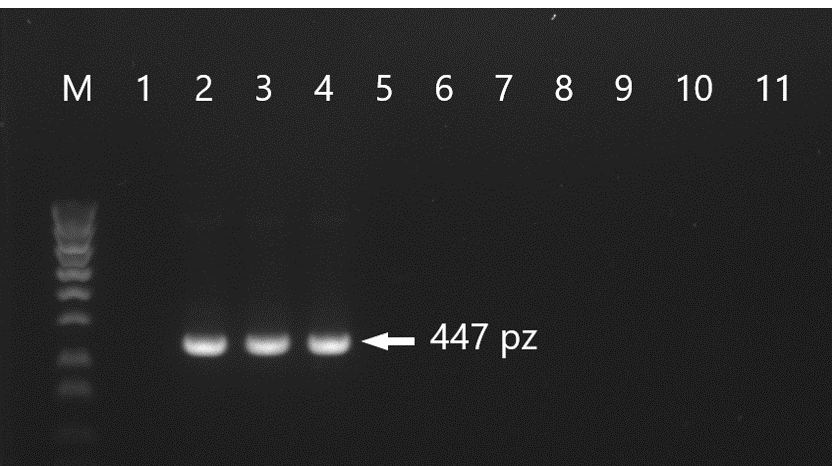
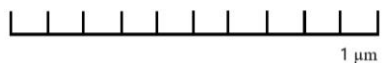
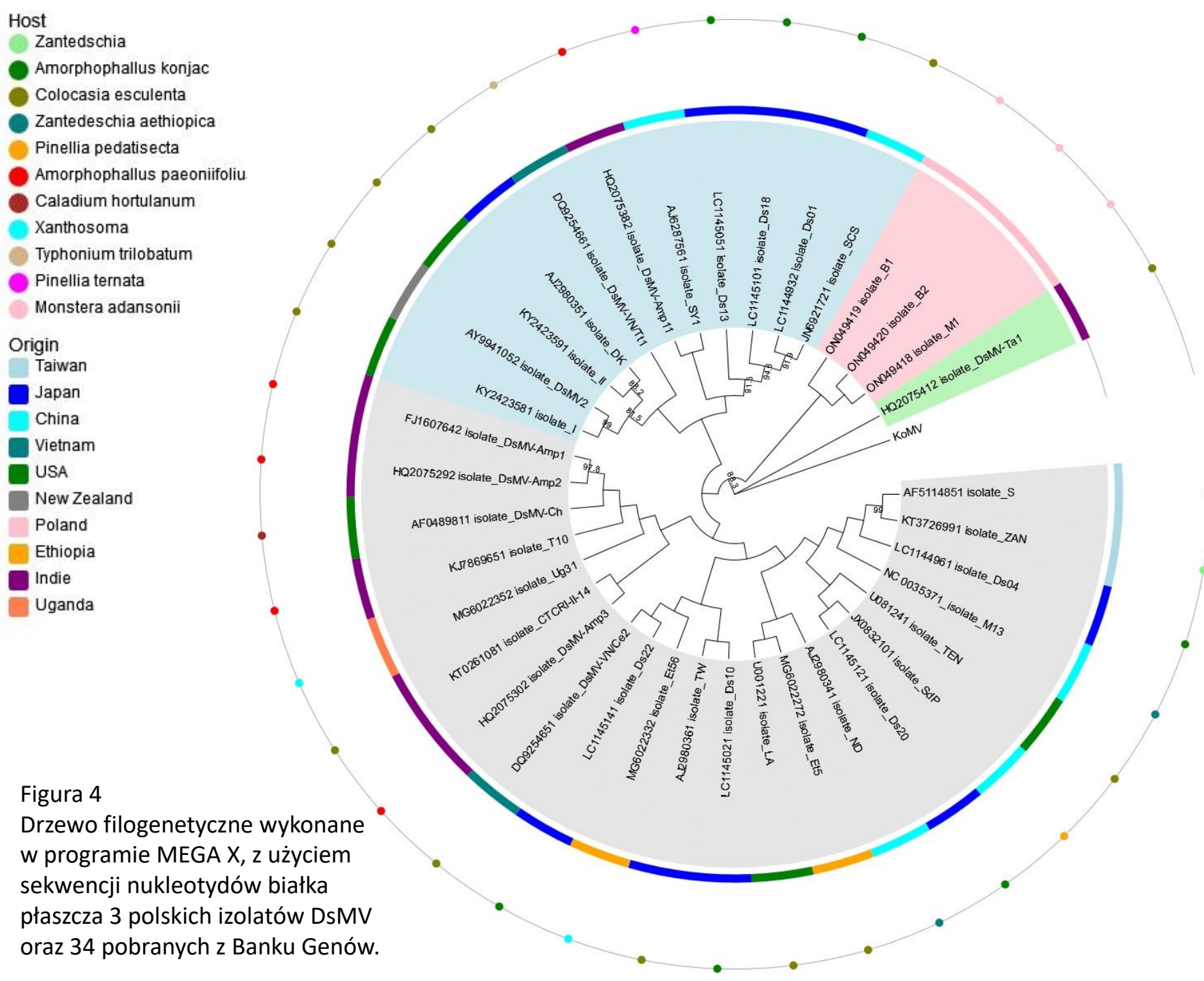


Figura 3



3. Wyniki

- Nie stwierdzono jednoznacznego związku między położeniem geograficznym oraz gospodarzem, a zmiennością genetyczną wirusa, jednak polskie izolaty wirusa z *M. adansonii*, tworzyły odrębną grupę filogenetyczną.
- Badana populacja DsMV charakteryzowała się dużą zmiennością genetyczną, w obrębie sekwencji CP występowały liczne mutacje synonimiczne oraz niesynonimiczne, wykryto również obecność rekombinantów.

Figura 4
 Drzewo filogenetyczne wykonane w programie MEGA X, z użyciem sekwencji nukleotydów białka płaszczka 3 polskich izolatów DsMV oraz 34 pobranych z Banku Genów.



5. Podsumowanie

- Wirus mozaiki kolokazji powoduje znaczne straty w plonie taro, wynoszące nawet do 50%.
- DsMV poraża też rośliny ozdobne wpływając na ich walory estetyczne i tym samym zmniejszając ich wartość handlową [3].
- Rozprzestrzenienie się DsMV w polskich uprawach roślin ozdobnych, może prowadzić do strat ekonomicznych, dlatego szybka i efektywna diagnostyka jest niezwykle istotna.
- Ze względu na wysoki stopień zróżnicowania genetycznego populacji DsMV, wykrywanie wirusa w roślinie może być trudne, toteż niezbędna jest dokładna charakterystyka wirusa w celu opracowania uniwersalnych i specyficznych metod identyfikacji.

Literatura

1. Wang Y, Wu B, Borth WB, Hamim I, Green JC, Melzer MJ, Hu J (2017) Molecular Characterization and Distribution of Two Strains of *Dasheen mosaic virus* on Taro in Hawaii. *Plant Dis.* 101: 1980-1989.
2. Zettler FW, Foxe MJ, Hartman RD, Edwardson JR, Christie RG (1970) Filamentous viruses infecting dasheen and other araceous plants. *Phytopathology* 60: 983-987.
3. Reyes G, Ronnberg-Wastljung A, Nyman M (2006) Comparison of field performance between dasheen mosaic virus-free and virus-infected in vitro plants of cocoyam (*Xanthosoma* spp.) in Nicaragua. *Exp. Agric.* 42: 301-310.

Figura 5

Kolokazja jadalna (*C. esculenta*), Źródło: <https://www.jardineriaon.com/en/malanga.html>