

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ



УДК 578.2+578.53

Секвенирование и анализ полного генома российского изолята вируса А черешни (cherry virus A)**Е.В. Моцарь¹, А.А. Шевелева¹, Ф.С. Шарко² , И.В. Митрофанова³ , С.Н. Чирков^{1,*}** ¹Биологический факультет, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Россия, 119234, г. Москва, Ленинские горы, д. 1, стр. 12;²Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт», Россия, 123182, г. Москва, пл. Академика Курчатова, д. 1;³Главный ботанический сад имени Н.В. Цицина, Российская академия наук, Россия, 127276, г. Москва, Ботаническая ул., д. 4

*e-mail: s-chirkov1@yandex.ru

Вирусные болезни косточковых плодовых культур (*Prunus* spp.) снижают урожай, ухудшают качество плодов и укорачивают продуктивную жизнь деревьев. Из более чем пятидесяти известных вирусов, поражающих этих культуры, вирус черешни А (cherry virus A, CVA, род *Capillovirus* в семействе *Betaflexiviridae*) является одним из самых распространенных. При обследовании коллекции косточковых Главного ботанического сада имени Н.В. Цицина РАН (г. Москва) было обнаружено дерево черешни (*P. avium*) сорта Ипуть с вирусоподобными симптомами морщинистости на листьях. При изучении вирома этого растения с помощью высокопроизводительного секвенирования получены прочтения, родственные CVA, и собран полный геном нового изолята этого вируса, названного SwC14. Типичным для капилловирусов образом, геном SwC14 содержал две открытые рамки считывания, кодирующих вирусную репликазу, белок оболочки и транспортный белок. Последовательность генома SwC14 наиболее близка ряду канадских изолятов CVA из черешни (идентичность 99,4%) и на 81,4–95,0% идентична изолятам этого вируса из других видов косточковых и других регионов мира, включая охарактеризованный ранее крымский изолят РТС (идентичность 82,0%). Методом полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией CVA был также выявлен в шести из семи других обследованных бессимптомных сортов черешни. Это первое сообщение о находке дивергентных изолятов CVA в Центральной России, что расширяет информацию о географическом распространении и генетическом разнообразии вируса.

Ключевые слова: косточковые культуры, генофондовые коллекции, фитовирусы, вирус А черешни, высокопроизводительное секвенирование, филогенетический анализ

DOI: 10.55959/MSU0137-0952-16-79-3-6

Введение

Косточковые плодовые культуры (*Prunus* spp., семейство *Rosaceae*) возделываются по всему миру и имеют важное экономическое значение [1]. Вирусные болезни снижают урожай, ухудшают качество плодов и укорачивают продуктивную жизнь деревьев. Известно более пятидесяти вирусов, способных заражать косточковые. В последние годы этот список быстро расширяется ввиду активного изучения вирома плодовых деревьев с помощью высокопроизводительного секвенирования (high-throughput sequencing, HTS) [2–4].

В России осуществляется регулярный мониторинг вирусных болезней косточковых культур, охватывающий промышленные и дачные сады,

питомники, сортовые и генофондовые коллекции, дикорастущие косточковые [5]. Основными объектами фитосанитарного мониторинга являются вирус оспы сливы и иларвирусы некротической кольцевой пятнистости и карликовости слив как самые вредоносные и наиболее распространенные. Вместе с тем, распространенность большинства других известных вирусов косточковых культур — например, вируса А черешни (cherry virus A, CVA) — остается практически не изученной.

CVA является представителем рода *Capillovirus* из семейства *Betaflexiviridae*. Геном состоит из одонитевой полиаденилированной РНК положительной полярности размером около 7,5 тыс. п.н., в которой идентифицированы две открытые рамки

считывания (open reading frame, ORF). ORF1 кодирует полипротеин, содержащий белки репликации и белок оболочки (coat protein, CP) вируса. ORF1 фланкирована 5'- и 3'-некодирующими участками генома (untranslated regions, UTR). ORF2 находится полностью внутри ORF1 и транслируется в другой рамке считывания с образованием транспортного белка (movement protein, MP) [6].

CVA был впервые найден на черешне (*P. avium*) в Германии [6]. В настоящее время он является одним из самых распространенных вирусов этой культуры и обнаружен также на вишне (*P. cerasus*), персике (*P. persica*), абрикосе (*P. armeniaca*), сливе (*P. domestica*), алыче (*P. cerasifera*), японской (китайской) сливе (*P. salicina*), вишне мелкопильчатой (*P. serrulata*) и абрикосе японском (*P. mume*) [7]. CVA передается от растения к растению при вегетативном размножении, главным образом через прививки [8]. На вишне и черешне инфекция CVA обычно протекает латентно, и ни одно заболевание этих культур не может быть достоверно ассоциировано с данным вирусом. Однако CVA может модулировать симптомы, индуцируемые другими вирусами, и влиять на совместимость привоя и подвоя [9, 10]. CVA распространен повсюду, где возделывают черешню. Единственный до последнего времени российский изолят РТС этого вируса был обнаружен на межвидовом гибриде абрикоса и алычи в коллекции косточковых культур Никитского ботанического сада в Крыму [11].

Еще один изолят CVA недавно обнаружен на черешне в Главном ботаническом саду имени Н.В. Цицина РАН (ГБС) в Москве. Целями данной работы были секвенирование, сборка и характеристика полного генома московского изолята CVA, а также его сравнение с известными изолятами данного вируса, доступными в GenBank.

Материалы и методы

Листья черешни сорта Ипуть с вирусоподобными симптомами морщинистости, а также семи других деревьев черешни различных сортов без внешних признаков болезни собирали в коллекции косточковых лаборатории культурных растений ГБС в августе 2022 г. Все деревья черешни были в возрасте от 4 до 5 лет и привиты на антипку (*P. mahaleb*). Образцы доставляли на кафедру вирусологии биологического факультета МГУ имени М.В. Ломоносова и хранили при температуре 4°C до дальнейшей обработки.

Общую РНК выделяли из свежих листьев с помощью цетилтриметиламмония бромида (cetriltrimethylammonium bromide, СТАВ) [12]. Библиотеку кДНК синтезировали на матрице общей РНК из черешни Ипуть с помощью набора TruSeq Stranded Total RNA Library Prep Plant kit (Illumina, San Diego, США) и секвенировали на платформе Illumina MiSeq в Национальном исследовательском центре «Курчатовский Институт». Получен-

ные парноконцевые прочтения длиной 150 нуклеотидов (нт) обрезали и фильтровали по качеству с помощью FastQC v.0.11.9 и Trim Galore v.0.6.5 (https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/trim_galore, дата обращения 19 сентября 2023 г.), используя настройки по умолчанию. Контиги собирали *de novo* с помощью программы metaSPAdes версии 3.15 [13]. Вирусные контиги идентифицировали путем выравнивания всех собранных контигов на нуклеотидную коллекцию NCBI GenBank с помощью BLASTn (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>, дата обращения 21 декабря 2023 г.) с пороговым значением $E = 1e-05$. Отфильтрованные прочтения картировали на контиги CVA с помощью программы Bowtie2 v.2.4.4 [14].

Общую РНК использовали также в качестве матрицы для выявления CVA в полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР). Первую нить кДНК синтезировали с помощью затравки из случайных гексамерных праймеров и обратной транскриптазы вируса мышиной лейкемии Молони (Moloney murine leukemia virus, MMLV) (оба реагента производства Евроген, Москва). В ПЦР использовали Taq ДНК-полимеразу (Евроген) и праймеры CVA-F1 (5'-AGAATCAGGCTCTGTCTTAGGT-3') и CVA-R1 (5'-TCTAGCTCTTGTGAGCGTGGT-3'), которые были разработаны на основе полной последовательности генома крымского изолята РТС (OQ865368) [11]. Эти праймеры амплифицировали 5'-концевой сегмент гена MP с образованием ампликона размером 837 п.н. в следующих условиях: денатурация 94°C – 3 мин, 35 циклов ПЦР (денатурация 94°C – 30 с, отжиг 54°C – 30 с, элонгация 72°C – 1 мин) и окончательная достройка при 72°C в течение 10 мин. Общая РНК из черешни, не зараженной CVA, служила отрицательным контролем. Продукты ПЦР анализировали методом электрофореза в 1,5%-ном агарозном геле, окрашивали бромистым этидием и фотографировали с помощью гель-документирующего устройства MultiDoc-It (Analytik Jena US LLC, Upland, США).

Для анализа нового генома CVA были использованы геномные последовательности других изолятов этого вируса, доступные в GenBank. Множественное выравнивание, определение степени идентичности и филогенетический анализ полногеномных нуклеотидных последовательностей проводили с помощью программы MEGA X [15]. Филогенетическое дерево реконструировали с использованием метода максимального правдоподобия и модели General Time Reversible. Рамки считывания в полном вирусном геноме идентифицировали с помощью программы ORF finder (<https://ncbi.nlm.nih.gov/orffinder>, дата обращения 29 мая 2024 г.). Консервативные домены вирусных белков картировали с помощью базы данных Conserved Domain Database (CDD, <https://ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>, дата обращения 29 мая 2024 г.).

Результаты и обсуждение

При обследовании насаждений косточковых плодовых культур ГЭС обнаружено дерево черешни сорта Ипать с симптомами морщинистости и стягивания центральной жилки листовой пластинки (рис. 1). При анализе виroma этого растения с помощью HTS было получено около 10 млн (9999801) прочтений длиной 150 п.н., из которых 8676 (0,09%) картировались на геном CVA с глубиной покрытия от 400× до 720×. Собранный из вирусных прочтений контиг длиной 7401 нт оказался наиболее близок (99,3–99,4% идентичности) геномам канадских изолятов CVA 13TF120_N8 (KY510908), 13TF101_N33 (KY510892) и 19SP016 (MZ291924) из черешни, а также изоляту Rannanja 46 (KU215411) из вишни (при 100%-ном покрытии референсных геномов) и, таким образом, представлял собой почти полный геном российского изолята этого вируса. При ОТ-ПЦР на матрице общей РНК из восьми сортов черешни с использованием CVA-специфичных праймеров в сорте Ипать был получен ампликон ожидаемого размера 837 п.н., что подтверждало присутствие CVA в исследуемом образце (рис. 2). Секвенирование продукта ПЦР показало его полную идентичность соответствующей последовательности генома CVA, определенной с помощью HTS. Обнаруженный в ГЭС изолят CVA получил название SwC14. Частичная и полная последовательности генома SwC14 были депонированы в GenBank под номерами OQ921584 и PQ036874 соответственно.

Типичным для рода *Capillovirus* образом, две ORF были предсказаны в геноме SwC14. ORF1 длиной 7029 нт кодирует полипротеин из 2342 аминокислотных (amino acid, aa) остатков, а ORF2 длиной 1392 нт (нуклеотиды 5440–6831) находится в другой рамке считывания и кодирует МР из 463 aa. В полипротеине были обнаружены мотивы вирусной метилтрансферазы (позиции 43–351), РНК-хеликазы (818–1096), РНК-зависимой РНК-полимеразы (1283–1600) и белка оболочки триховирусов (Tricho_coat superfamily, позиции 2178–2335). Вирусный домен неизвестной функции (DUF1717) обнаружен в N-концевом участке полипротеина (позиции 1–78). 5'- и 3'-UTR (за исключением поли-А-последовательности) состояли из 94 и 278 нт соответственно.

Филогенетический анализ всех доступных полноразмерных геномов CVA (n = 127, дата обращения 1 июня 2024 г.) показал, что вирусные изоляты, в полном соответствии с предыдущими данными [7, 16, 17], объединены в несколько групп (рис. 3). SwC14 входил в кластер, образованный 17 изолятами CVA, найденными главным образом на черешне в Канаде [7], а также в Чехии и Индии [18]. Один изолят (KU215411) был выявлен в Чехии на вишне. Входящие в этот кластер изоляты имели длину генома от 7344 до 7440 нт и были

идентичны SwC14 на 98,9–99,4%. С полными геномами CVA из других филогенетических групп SwC14 идентичен на 81,4–95,0%. В частности, SwC14 оказался на 82% идентичен изоляту РТС, обнаруженному ранее в Крыму на межвидовом гибриде абрикоса и алычи [11]. При этом ORF1 и ORF2 обоих изолятов CVA были одинаковой длины и кодировали белки одинакового размера. По-видимому, изоляты РТС и SwC14 были независимо завезены в Россию с зараженным материалом из разных источников.



Рис. 1. Морщинистость на листьях черешни (*Prunus avium*), зараженной вирусом А черешни.

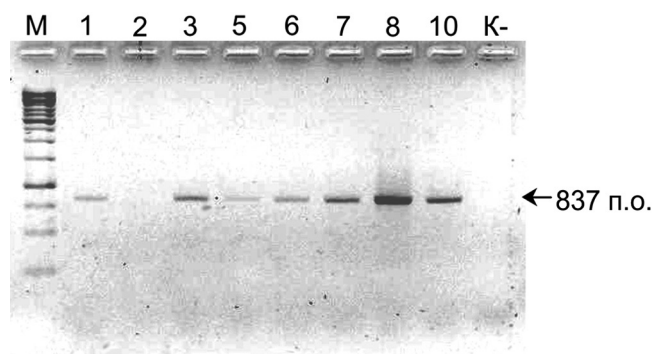


Рис. 2. Электрофорез в геле агарозы продуктов ПЦР, полученных при анализе образцов черешни сортов Юлия (1), Черемшанная (2), Ипать (3), Ревна (5), Тютчевка (6), Орловская Янтарная (7), Витязь (8), Бряночка (10). К- отрицательный контроль из черешни, не зараженной CVA. М – GeneRuler 1 kb DNA ladder (Thermo Scientific). Стрелка справа от рисунка указывает на продукт ПЦР размером 837 пар оснований.

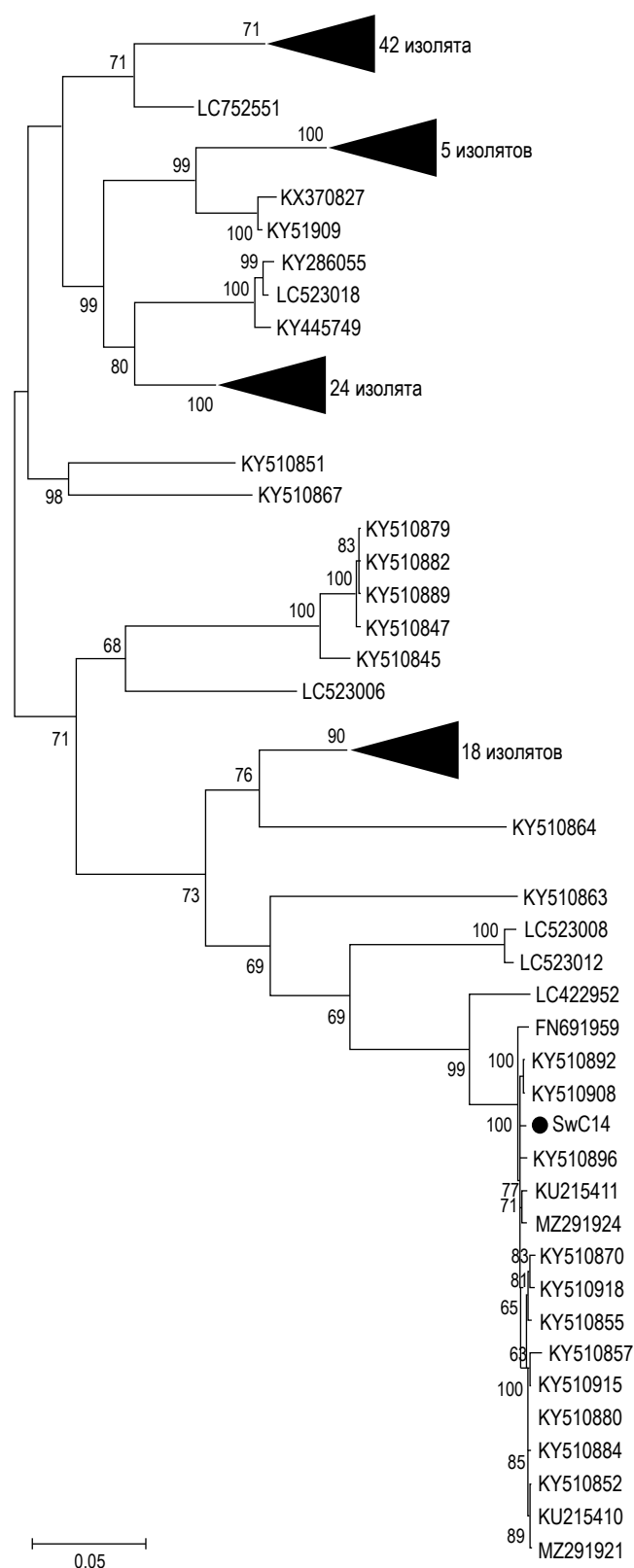


Рис. 3. Филогенетический анализ полных геномов вируса А черешни (CVA). Дерево реконструировано методом максимального правдоподобия с модели использованием General Time Reversible в программе MEGA X [15]. Номера последовательностей CVA в GenBank указаны на концах ветвей. Знаком (•) отмечен изолят SwC14, изученный в данной работе. Черными треугольниками обозначены конденсированные кластеры. Значения бутстрэп-анализа из 1000 случайных выборок (>60%) указаны рядом с узлами. Масштабная черта означает количество замен на 1 нуклеотид.

CVA распространяется в насаждениях черешни в основном при прививках зараженного материала [8]. Поскольку изученные в данной работе деревья черешни были привитые, их зараженность этим вирусом была изучена с помощью ОТ-ПЦР, несмотря на отсутствие видимых симптомов. Помимо сорта Ипуть, CVA был обнаружен в шести из семи других обследованных сортов (рис. 2), что указывает на широкое распространение этого вируса в насаждениях черешни в ГБС. Секвенирование продуктов ПЦР показало, что изоляты CVA из сортов Юлия, Ревна, Тютчевка, Орловская Янтарная и Бряночка на 99,1–99,6% идентичны соответствующему участку генома SwC14 из сорта Ипуть и, видимо, имеют с этим изолятом общего предка. В то же время, изолят из сорта Витязь оказался идентичен SwC14 только на 87,7% и близкородственен австралийским изолятам CVA LV35S1 (LC523012) и TAS12S2 (LC523008) из черешни [19] (идентичность 99,3–99,7%). Частичные последовательности MP CVA были депонированы в GenBank под номерами PQ117754–PQ117758. Принимая во внимание тесное родство изолятов CVA из нескольких сортов черешни, можно предположить, что вирус был привнесен в насаждения с зараженным подвоем (антипкой). Однако у сорта Витязь заражен был, по-видимому, подвой. Очевидно, путь интродукции CVA включал в себя инфицирование и привоев, и подвоев. Обнаружение новых изолятов CVA в г. Москве расширяет информацию о географическом распространении и генетическом разнообразии вируса.

Инфекция CVA на черешне обычно бессимптомна [8]. Однако на листьях черешни сорта Ипуть, зараженной изолятом SwC14, была обнаружена сильная морщинистость, обусловленная стягиванием центральной жилки листа. Наблюдаемые симптомы могли быть вызваны другими вирусами. Заражение одного и того же дерева несколькими вирусами из различных таксономических групп часто наблюдается на черешне [20]. Однако изучение виroma этого дерева не выявило прочтений, родственным каким-либо другим вирусам, помимо CVA (данные не представлены). Остальные зараженные CVA деревья черешни были бессимптомны. Таким образом, причины морщинистости еще предстоит определить. Возможно, она не связана с вирусной инфекцией, а, например, является результатом питания тлей на молодых листьях, которые затем возобновили рост.

Следует отметить, что праймеры CVA-F1/CVA-R1 были разработаны для диагностики нечерешневых изолятов вируса [11]. В данной работе они распознавали также ряд дивергентных черешневых изолятов (рис. 2). Известно, что в силу высокого генетического разнообразия CVA (идентичность между полногеномными последовательностями составляет 79,0–99,9% [7]), уни-

версальные праймеры для надежного выявления любых изолятов вируса в ОТ-ПЦР пока не разработаны [7, 10, 20]. В этой связи использование праймеров CVA-F1/CVA-R1 может иметь большое практическое значение для успешного выявления новых изолятов CVA в различных косточковых культурах.

Таким образом, в насаждениях косточковых культур ГБС выявлен CVA и секвенирован полный геном одного из изолятов. Обнаружение дивергентных изолятов в географически отдаленных областях России (Крым и Москве) указывает на возможность существования генетиче-

ски разнообразной популяции этого вируса на различных косточковых культурах в Европейской части России.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант № 23-16-00032). Авторы выражают глубокую благодарность В.А. Крючковой за помощь при обследовании коллекции косточковых ГБС. Исследования выполнены без использования животных и без привлечения людей в качестве испытуемых. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Hadidi A., Barba M. Economic impact of pome and stone fruit viruses and viroids. *Virus and virus-like diseases of pome and stone fruits*. Eds. A. Hadidi, M. Barba, T. Candresse, W. Jelkmann W. St. Paul: APS Press; 2011. 428 pp.
2. Maliogka V., Minafra A., Saldarelli P., Ruiz-García A., Glasa M., Katis N., Olmos A. Recent advances on detection and characterization of fruit tree viruses using high-throughput sequencing technologies. *Viruses*. 2018;10(8):436.
3. Rubio M., Martinez-Gomez P., Marais A., Sanchez-Navarro J.A., Pallas V., Candresse T. Recent advances and prospect in *Prunus* virology. *Ann. Appl. Biol.* 2017;171(2):125–138.
4. Rott M., Xiang Y., Boyes I., Belton M., Saeed H., Kesanakurti P., Hayes S., Lawrence T., Birch C., Bhagwat B., Rast H. Application of next generation sequencing for diagnostic testing of tree fruit viruses and viroids. *Plant Dis.* 2017;101(8):1489–1499.
5. Приходько Ю.Н., Живаева Т.С., Шнейдер Ю.А., Кондратьев М.О. Видовой состав и распространенность вирусов в насаждениях косточковых культур Европейской части Российской Федерации. *Бюл. ГНБС*. 2024;150:63–68.
6. Jelkmann W. Cherry virus A: cDNA cloning of dsRNA, nucleotide sequence analysis and serology reveal a new plant capillovirus in sweet cherry. *J. Gen. Virol.* 1995;76(8):2015–2024.
7. Kesanakurti P., Belton M., Saeed H., Rast H., Boyes I., Rott M. Comparative analysis of cherry virus A genome sequences assembled from deep sequencing data. *Arch. Virol.* 2017;162(9):2821–2828.
8. Marais A., Candresse T., Svanella-Dumas L., Jelkmann W. Cherry virus A. *Virus and virus-like diseases of pome and stone fruits*. Eds. A. Hadidi, M. Barba, T. Candresse and W. Jelkmann. St. Paul: APS Press; 2011. 428 pp.
9. James D., Jelkmann W. Detection of cherry virus A in Canada and Germany. *Acta Hort.* 1998;472:299–303.
10. Marais A., Svanella-Dumas L., Barone M., Gentit P., Faure C., Charlot G., Ragozzino A., Candresse T. Development of a polyvalent RT-PCR assay covering the genetic diversity of *Cherry capillovirus A*. *Plant Pathol.* 2012;61(1):195–204.
11. Chirkov S., Sheveleva A., Tsygankova S., Slobodova N., Sharko F., Petrova K., Mitrofanova I. First report and complete genome characterization of cherry virus A and little cherry virus 1 from Russia. *Plants*. 2023;12(18):3295.
12. Gambino G., Perrone I., Gribaudo I. A rapid and effective method for RNA extraction from different tissues of grapevine and other woody plants. *Phytochem. Anal.* 2008;19(6):520–525.
13. Nurk S., Meleshko D., Korobeynikov A., Pevzner P.A. metaSPAdes: A new versatile metagenomic assembler. *Genome Res.* 2017;27(5):824–834.
14. Langmead B., Salzberg S. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nat. Methods*. 2012;9(4):357–359.
15. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.* 2018;35(6):1547–1549.
16. Noorani M.S., Khan A.J., Khursheed S. Molecular characterization of cherry virus A and prunus necrotic ringspot virus and their variability based on nucleotide polymorphism. *Arch. Phytopathol. Plant Protect.* 2022;55(4):387–404.
17. Gao R., Xu Y., Candresse T., He Z., Li S., Ma Y., Lu M. Further insight into genetic variation and haplotype diversity of *Cherry virus A* from China. *PloS One*. 2017;12(10):e0186273.
18. Noorani M.S., Awasthi P., Singh R.M., Ram R., Sharma M.P., Singh S.R., Ahmed N., Hallan V., Zaid A.A. Complete nucleotide sequence of cherry virus A (CVA) infecting sweet cherry in India. *Arch. Virol.* 2010;155(12):2079–2082.
19. Kinoti W.M., Nancarrow N., Dann A., Rodoni B.C., Constable F.E. Updating the quarantine status of *Prunus* infecting viruses in Australia. *Viruses*. 2020;12(2):246.
20. Cao X., Tian L., Yuan X., Andika I.B. Development of a multiplex RT-PCR and the occurrence characteristics of viral diseases in sweet cherries in the Shandong province, China. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 2022;121:101881.

Поступила в редакцию 05.08.2024

После доработки 02.11.2024

Принята в печать 06.11.2024

RESEARCH ARTICLE

Sequencing and analysis of the complete genome of the Russian cherry virus A isolate

E.V. Motsar¹, A.A. Sheveleva¹, F.S. Sharke² , I.V. Mitrofanova³ , S.N. Chirkov^{1,*} 

¹Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Leninskie gory 1–12, Moscow, 119234, Russia;

²National Research Center “Kurchatov Institute,” Academician Kurchatov Square 1, Moscow, 123182, Russia;

³Tsitsin Main Botanical Garden, Russian Academy of Sciences, Botanicheskaya st. 4, 127276, Moscow, Russia

*e-mail: s-chirkov1@yandex.ru

Virus diseases of stone fruit crops (*Prunus* spp.) reduce both fruit yield and quality and shorten the productive life of fruit trees. Of the more than fifty known viruses affecting these crops, cherry virus A (CVA, genus *Capillovirus*, family Betaflexiviridae) is one of the most common. During a survey of stone fruit collections of the Tsitsin Main Botanical Garden of the Russian Academy of Sciences (Moscow), a sweet cherry (*P. avium*) tree of the cultivar Iput with virus-like rugosity symptoms on the leaves was found. When studying the virome of this plant using high-throughput sequencing, reads related to CVA were obtained and the complete genome of a new isolate of this virus, named SwC14, was assembled. Typically of capilloviruses, the SwC14 genome contained two open reading frames encoding a viral replicase, a coat protein and a movement protein. The SwC14 genome sequence was shown to be closest to the genomes of some Canadian sweet cherry CVA isolates (99.4% identity) and 81.4–95.0% identical to isolates of this virus from other stone fruit species and other regions of the world, including the previously characterized Crimean isolate PTC (82.0% identity). CVA was also detected in six of the seven other symptomless cherry cultivars examined by RT-PCR. This is the first report of a divergent CVA isolate in Central Russia, which expands information on the geographical distribution and genetic diversity of the virus.

Keywords: stone fruit crops, germplasm collections, plant viruses, cherry virus A, high-throughput sequencing, phylogenetic analysis

Funding: The research was funded by Russian Science Foundation, project number 23-16-00032.

Сведения об авторах

Моцарь Елена Валериевна — аспирант кафедры вирусологии биологического факультета МГУ. Тел.: 8-495-939-56-26; e-mail: elena.motsar31@gmail.com

Шевелева Анна Александровна — канд. биол. наук, науч. сотр. кафедры вирусологии биологического факультета МГУ. Тел.: 8-495-939-56-26; e-mail: annesh@yandex.ru

Шарко Федор Сергеевич — канд. биол. наук, ст. науч. сотр. лаборатории палеогеномики НИЦ «Курчатовский институт». Тел.: 8-499-196-71-00 доб. 7937; e-mail: fedosic@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1189-5597>

Митрофанова Ирина Вячеславовна — чл.-корр. РАН, докт. биол. наук, зав. лабораторией физиологии и иммунитета растений, гл. науч. сотр. лаборатории защиты растений Главного ботанического сада имени Н.В. Цицина РАН. Тел.: 8-978-843-85-23; e-mail: irimitrofanova@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4650-6942>

Чирков Сергей Николаевич — докт. биол. наук, вед. науч. сотр. кафедры вирусологии биологического факультета МГУ. Тел.: 8-495-939-56-26; e-mail: s-chirkov1@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1353-4373>