



## Обнаружение и молекулярный анализ вируса мягкой зеленой мозаики табака на пионе *Paeonia wittmanniana*

Е.В. Моцарь<sup>1</sup>, А.А. Шевелева<sup>1</sup>, Ф.С. Шарко<sup>2</sup> , А.П. Михайленко<sup>1</sup> , С.Н. Чирков<sup>1</sup>, \* 

<sup>1</sup>Кафедра вирусологии, биологический факультет, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Россия, 119234, г. Москва, Ленинские горы, д. 1, стр. 12;

<sup>2</sup>Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт», Россия, 123182, г. Москва, пл. Академика Курчатова, д. 1

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

Вирус мягкой зеленой мозаики табака (tobacco mild green mosaic virus, TMGMV, род *Tobamovirus*, семейство *Virgaviridae*) обнаружен на новом растении-хозяине — пионе *Paeonia wittmanniana* Hartwiss ex Lindl. Вирус выявлен в Ботаническом саду МГУ имени М.В. Ломоносова при анализе виroma пиона Виттмана с симптомами морщинистости на листьях. В результате метатранскриптомного секвенирования был собран вирусспецифический контиг длиной 6331 нуклеотид. Он представлял собой почти полную последовательность генома TMGMV, содержал четыре открытые рамки считывания, типичные для тобамовирусов, и оказался близкородственным (99,2% идентичности) изоляту TMGMV из табака *Nicotiana glauca* (MT675965). Присутствие вируса в растении пиона было подтверждено с помощью полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией с вирусспецифическими праймерами, разработанными на основе полногеномной последовательности пионового изолята TMGMV. Биологическое тестирование также показало наличие вируса в анализируемом растении пиона. В результате механического заражения *N. benthamiana* экстрактом из зараженного пиона в инокулированных растениях развивалась бессимптомная системная инфекция TMGMV. При инокуляции листьев табака *N. glutinosa* экстрактом из зараженных растений *N. benthamiana* на них образовывались мелкие локальные некрозы, типичные для TMGMV. Это первое обнаружение TMGMV на пионе в России, что расширяет круг природных растений-хозяев этого вируса, список вирусов, заражающих пион, и информацию о географической распространенности TMGMV.

**Ключевые слова:** пион, *Paeonia wittmanniana*, виром, тобамовирус, tobacco mild green mosaic virus, высокопроизводительное секвенирование, растения-индикаторы вирусов

DOI: 10.55959/MSU0137-0952-16-80-4-3

Пион (*Paeonia* spp.) — одно из самых распространенных декоративных растений. Благодаря крупным, ароматным и ярким цветкам, разнообразию видов, простоте культивирования и способности сохранять декоративность в течение длительного времени, пионы широко используются в ландшафтном дизайне, они также популярны как цветы на срезку. Кроме того, пион известен как лекарственное растение, поскольку цветки, листья и семена травянистых и древовидных пионов содержат большое количество различных биологически активных веществ с выраженным терапевтическим действием [1, 2].

Грибные, бактериальные и вирусные болезни снижают декоративную ценность пионов и ограничивают возможность комплексного использования их растительных ресурсов [3]. На сегодняш-

ний день на различных видах и сортах пиона во всем мире обнаружено 14 вирусов с положительным РНК-геномом из семейств *Betaflexiviridae*, *Bromoviridae*, *Closteroviridae*, *Secoviridae* и *Virgaviridae*, а также вирус бронзовости томатов (tomato spotted wilt virus) из семейства *Tospoviridae*, геном которого представлен однополой РНК отрицательной полярности [4, 5]. Наиболее частыми проявлениями вирусных инфекций являются мозаика, линейные узоры и хлороз на листьях, а также скручивание и другие виды деформации листовой пластинки. Некоторые вирусы вызывают задержку роста и образование галлов на корнях. Вегетативное размножение позволяет сохранять сортовые качества пионов, но, в то же время, способствует эффективной передаче вирусов потомству и их накоплению в ряду поколений.

В июне 2023 г. при обследовании коллекции пионов в Ботаническом саду МГУ имени М.В. Ломоносова было обнаружено растение пиона *P. wittmanniana* с симптомами морщинистости на листьях. При высокопроизводительном секвенировании (high-throughput sequencing, HTS) тотальной РНК из этого растения были получены прочтения, родственные вирусу мягкой зеленой мозаики табака (tobacco mild green mosaic virus, TMGMV, род *Tobamovirus*, семейство *Virgaviridae*). Род *Tobamovirus*, самым известным представителем которого является вирус табачной мозаики (tobacco mosaic virus, TMV), включает около сорока видов вирусов с вирионами палочковидной формы и однонитевой молекулой геномной РНК длиной 6,3–6,6 kb. 5'-конец РНК кэпирован, а 3'-конец организован в тРНК-подобную структуру. РНК содержит четыре открытых рамки считывания (open reading frame, ORF). ORF1 транслируется непосредственно с геномной РНК с образованием вирусной репликазы, включающей домены метилтрансферазы (methyltransferase, MTR) и хеликазы (helicase, HEL). При сквозном прочтывании («readthrough») рибосомой терминирующего кодона ORF1 возникает ORF2, которая, в дополнение к упомянутым доменам, кодирует вирусную РНК-зависимую РНК-полимеразу. ORF3 и ORF4 кодируют, соответственно, транспортный белок (movement protein, MP) и белок оболочки (coat protein, CP). MP и CP транслируются с субгеномной РНК. От растения к растению тобамовирусы распространяются главным образом при механическом контакте зараженного растения со здоровым,

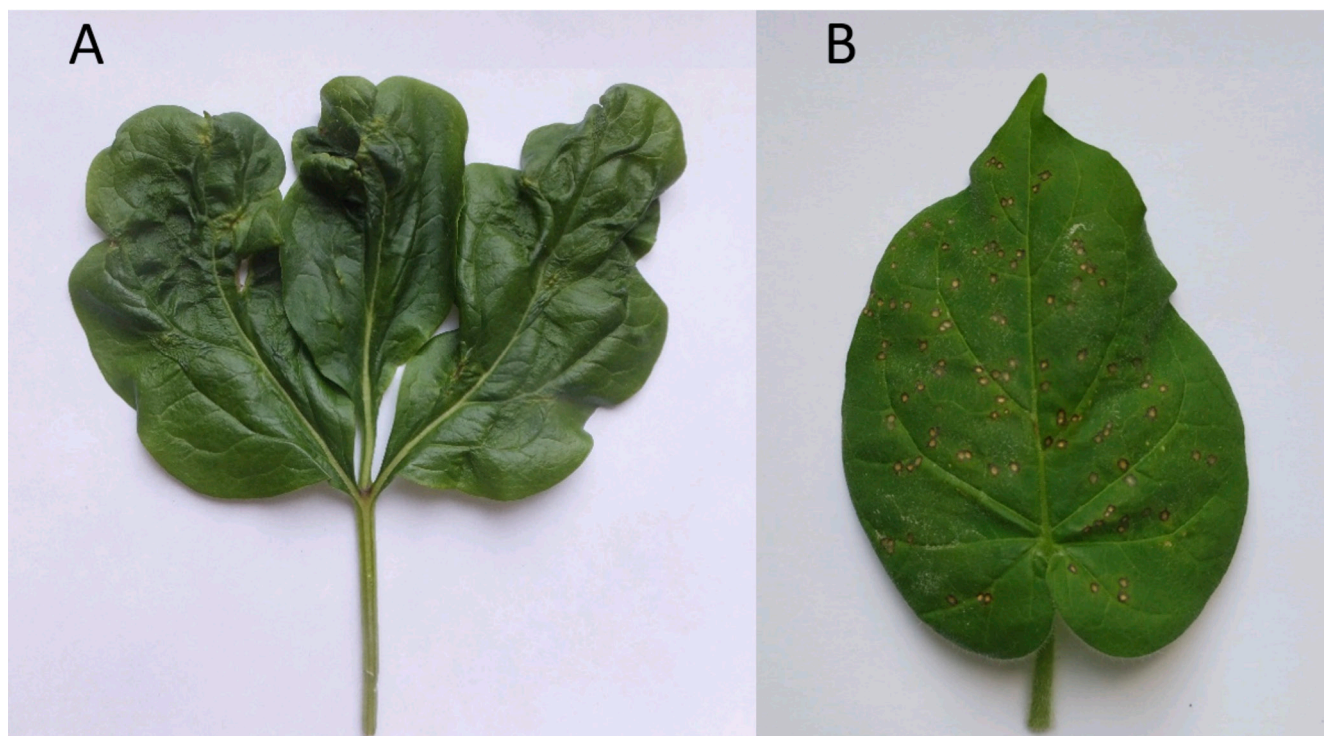
однако для ряда вирусов важную роль играют передача через семена и насекомыми-опылителями [6].

Целью данной работы являлись сборка и анализ полного генома пионового изолята TMGMV.

### Материалы и методы

Растение пиона *P. wittmanniana* Hartwiss ex Lindl. с симптомами морщинистости на листьях (рис. 1А) было обнаружено в Ботаническом саду МГУ имени М.В. Ломоносова в июне 2023 г. Задержка образования бутонов на этом растении была еще одним из возможных симптомов вирусной болезни.

Тотальную РНК экстрагировали из свежих листьев, используя метод, основанный на применении детергента цетилтриметиламмония бромида (cetiltrimethylammonium bromide, СТАВ) [7]. Приблизительно 150 мг листовой ткани растирали в ступке в 1 мл предварительно нагретого (65°C) СТАВ-буфера, содержащего 20 мкл 2-меркаптоэтанола, и обрабатывали хлороформом/изоамиловым спиртом для получения осветленного водного экстракта нуклеиновых кислот, как описано ранее [7]. К супернатанту добавляли сухой LiCl до конечной концентрации 3 М [8] и оставляли на ночь при температуре -10...-15°C. На следующее утро нуклеиновые кислоты осаждали центрифугированием при 18200×g при 4°C в течение 30 мин. Осадок растворяли в 100 мкл деионизованной воды, свободной от нуклеаз. Качество и концентрацию полученной РНК определяли на спектрофотометре Ultrospec 1100 pro (Amersham Biosciences Corp., Piscataway, NJ, USA). Препараты РНК хранили при температуре -70°C до использования.



**Рисунок.** Морщинистость на листьях *Paeonia wittmanniana* (А) и местные некрозы на листе *Nicotiana glutinosa* (В), зараженных вирусом мягкой зеленой мозаики табака (tobacco mild green mosaic virus).

Библиотеки кДНК синтезировали на матрице тотальной РНК с помощью набора TruSeq Stranded Total RNA Library Prep Plant kit (Illumina, США) и секвенировали на платформе Illumina NovaSeq 6000 (Illumina, США) в Национальном исследовательском центре «Курчатовский институт». Полученные парноконцевые прочтения размером 150 нуклеотидов (нт) обрезали и фильтровали по качеству с помощью FastQC v.0.12 и fastp v.0.23.4 [9], используя настройки по умолчанию. Контиги собирали *de novo* с помощью программы metaSPAdes v.3.15 [10]. Вирусспецифические контиги идентифицировали с помощью NCBI BLASTn v.2.15.0 (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>, дата обращения 12 февраля 2025 г.) и базы данных NCBI core nt (core\_nt) с пороговым значением  $E=1e-05$ . Отфильтрованные прочтения картировали на контиг TMGMV с помощью программы Bowtie2 v.2.4.4 [11].

Тотальную РНК использовали также для выявления TMGMV в полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР). Первую нить кДНК синтезировали с помощью случайных гексамерных праймеров и обратной транскриптазы вируса мышиной лейкемии Молони (Moloney murine leukemia virus, MMLV, Evrogen, Россия). В ПЦР использовали ДНК-полимеразу Encyclo (Evrogen, Россия) и вирусспецифические праймеры PnW-GM-F/R (5'-GACGAGTCTATCGCGTCATCGA-3'/5'-AAGTGGACGAACAACCACTGCTGAT-3'), разработанные на основе полноразмерной последовательности генома TMGMV, определенной в этой работе. Условия проведения ПЦР включали начальную денатурацию при 94°C в течение 3 мин, за которой следовали 35 циклов амплификации (денатурация 94°C – 30 с, отжиг 56°C – 30 с, элонгация 72°C – 50 с) и окончательную достройку продуктов ПЦР при 72°C в течение 7 мин. РНК из бессимптомных растений пиона служила отрицательным контролем. Продукты ПЦР анализировали с помощью электрофореза в 1,5%-ном агарозном геле, содержащем бромистый этидий, и фотографировали с помощью прибора MultiDoc-It (Analytik Jena US LLC, США). Ампликон ожидаемого размера выделяли из агарозного геля с помощью набора BC022 (Evrogen, Россия) и секвенировали методом Сэнгера в обоих направлениях на фирме Evrogen.

ORF в вирусспецифическом контиге идентифицировали с помощью программы NCBI ORFfinder (<https://ncbi.nlm.nih.gov/orffinder>, дата обращения 3 марта 2025 г.). Консервативные домены в вирусных белках картировали с использованием базы данных NCBI Conserved Domain Database (CDD, <https://ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>, дата обращения 3 марта 2025 г.). Для анализа вновь собранного генома TMGMV использовали доступные в GenBank полные геномы изолятов

этого вируса из других растений-хозяев. Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей проводили с помощью алгоритма ClustalW, встроенного в программу MegAlign программного пакета DNASTar Lasergene (версия 15) [12]. Полученные выравнивания использовали для определения нуклеотидной идентичности вирусных изолятов.

Для биологического тестирования использовали два вида растений-индикаторов – табак *Nicotiana benthamiana* и *N. glutinosa*, первое из которых заражается TMGMV системно, а второе реагирует образованием местных некрозов на листьях [13]. Навеску листа пиона с симптомами болезни растирали в ступке с водой в соотношении 1:15 (вес/объем). Неосветленный экстракт использовали для механической инокуляции листьев среднего яруса растений *N. benthamiana* в возрасте 8–10 листьев с целитом в качестве абразива. Через 10–14 сут после инокуляции тестировали TMGMV в верхних неинокулированных листьях с помощью ОТ-ПЦР, как описано выше. Растения *N. glutinosa* заражали аналогичным образом, используя в качестве инокулята водный экстракт листьев *N. benthamiana*, инфицированных TMGMV.

## Результаты

В результате HTS было получено 51144034 парноконцевых прочтения длиной 150 пар нуклеотидов (п.н.), которые были использованы для сборки контигов *de novo* с помощью программы metaSPAdes. С помощью BLASTn был обнаружен единственный вирусспецифический контиг длиной 6331 нт, близкородственный (идентичность 99,2%) изоляту TMGMV из растений табака *N. glauca* (MT675965). На собранный контиг картировалось 6137 прочтений, которые покрывали 97,9% вирусного генома. Средняя глубина покрытия генома составила 11,9×.

С помощью программы NCBI ORFfinder в контиге были выявлены четыре ORF. ORF1 (нуклеотидные позиции 47–3382) кодирует вирусный белок массой 125,8 кДа, содержащий домены MTR и HEL. ORF2 (47–4876) кодирует, кроме того, РНК-зависимую РНК-полимеразу семейства *Virgaviridae*. ORF3 (4866–5636) частично перекрывается с 3'-концом ORF2 и кодирует МР массой 28,4 кДа, принадлежащий к 30К-суперсемейству МР. ORF4 (5642–6121) отделена от ORF3 интервалом в 5 нт и кодирует СР массой 17,6 кДа, относящийся к суперсемейству белков оболочки TMV. Нетранслируемые 5'- и 3'-участки генома состоят из 46 нт и 210 нт соответственно. Полученные данные показывают, что контиг длиной 6331 нт является, по-видимому, почти полной последовательностью генома пионового изолята TMGMV, названного PnW. Эта последовательность была депонирована в GenBank под номером PX242201.

Зараженность пиона TMGMV была подтверждена с помощью ОТ-ПЦР. Вирусспецифические праймеры PnW-GM-F/R амплифицировали полностью ген CP вместе с фланкирующими последовательностями и генерировали ампликон ожидаемого размера 610 п.н. Его нуклеотидная последовательность была идентична соответствующей области генома, определенной с помощью HTS. Другим подтверждением присутствия TMGMV в растении пиона явились результаты биологического тестирования на лабораторных растениях-индикаторах. TMGMV из пиона механически передавался на *N. benthamiana*, что приводило к системному заражению инокулированных растений этим вирусом. Инфекция была бессимптомной, но TMGMV выявлялся с помощью ОТ-ПЦР как в инокулированных, так и в неинокулированных листьях верхних ярусов. На листьях табака *N. glutinosa* после их инокуляции водным экстрактом из растения *N. benthamiana*, зараженного TMGMV, через 3–4 сут образовывались мелкие местные некрозы (рис. 1Б), типичные для этого вируса [13]. Перенести вирус непосредственно с пиона на *N. glutinosa* не удалось – возможно, из-за низкого содержания TMGMV в пионе.

В виrome анализируемого пиона не было обнаружено значимых последовательностей других вирусов. Это позволяет предположить, что морщинистость и задержка цветения могут быть связаны с заражением TMGMV. В пользу этой версии говорит и тот факт, что у восьми других пионов Виттмана, произрастающих в Ботаническом саду МГУ, морщинистость на листьях не обнаружена и результаты их тестирования на TMGMV с помощью ОТ-ПЦР оказались отрицательными.

### Обсуждение

Экспозиции Ботанического сада МГУ представлены тысячами дикорастущих видов и культурных сортов травянистых, кустарниковых и древесных растений умеренного пояса со всех континентов. При визуальном осмотре на многих растениях регулярно выявляются характерные признаки вирусных болезней, такие как мозаика, хлоротическая и кольцевая пятнистость, деформация листовой пластинки, морщинистость, карликовость и другие симптомы. Можно предположить, что насаждения Ботанического сада являются не только источником биоразнообразия живых растений, но и резерватом заражающих их вирусов из различных регионов мира.

В данной работе на пионе *P. wittmanniana* выявлен TMGMV, секвенирован и охарактеризован почти полный геном этого вируса. Вирус был обнаружен при метатранскриптомном анализе симптоматического растения пиона и подтвержден с помощью ОТ-ПЦР и биологическими тестами на растениях-индикаторах. Это первое обнаруже-

ние TMGMV на пионе в России, что расширяет круг природных хозяев этого вируса, список вирусов, заражающих пион, и информацию о географической распространенности TMGMV.

TMGMV был впервые найден в растениях табака *N. glauca* на Канарских островах почти столет назад [14]. В настоящее время TMGMV выявлен в Северной и Южной Америке, Индии, Китае, Юго-Восточной Азии, Австралии, на Ближнем и Среднем Востоке, в Средиземноморском бассейне, Африке, Западной и Центральной Европе [15]. В данной работе этот вирус впервые обнаружен в России.

TMGMV обладает самым широким спектром хозяев среди тобамовирусов, заражая 73 вида однодольных и двудольных растений из 23 семейств [16]. На пионе вирус обнаружен впервые.

Известно, что изоляты TMGMV из разных видов растений и разных местообитаний генетически очень близки. Предполагается, что вирус не нуждается в адаптации к новому хозяину для его заражения [15, 16]. Геном пионового изолята PnW практически идентичен геному TMGMV из табака *N. glauca*, что, по-видимому, свидетельствует в пользу высказанной гипотезы. Вместе с тем накопление вируса в разных видах растений варьирует в широких пределах, достигая максимальных значений у представителей семейства Solanaceae. В растениях других видов TMGMV может накапливаться в значительно меньших количествах [16].

Обнаружение пионового изолята TMGMV расширяет список известных вирусов пиона. Ранее на этой культуре был описан другой представитель семейства Virgaviridae – вирус погremковости табака (tobacco rattle virus, TRV) [17]. TRV и TMGMV принадлежат к роду *Tobravirus* и к роду *Tobamovirus* соответственно, и отличаются структурой генома.

TMGMV, как и другие тобамовирусы, легко передается механически, например, при соприкосновении с зараженным растением, садовым инвентарем или при контакте вирусных частиц, находящихся в почве, с корнями растений [13]. Частицы тобамовирусов отличаются очень высокой стабильностью и могут годами сохранять инфекционность во внешней среде [16]. По этой причине вирус может представлять потенциальную опасность для окружающих растений разных видов и в первую очередь, очевидно, для других пионов. Коллекция пионов в Ботаническом саду МГУ насчитывает свыше 300 сортов, а также 18 видов и подвидов, многие из которых включены в Красную книгу Российской Федерации [18]. Возможность их заражения TMGMV еще предстоит определить, хотя визуальный осмотр коллекции не выявил симптомов морщинистости листьев на других видах и сортах пиона.

Результаты работы могут способствовать оздоровлению коллекций Ботанического сада от ви-

русных болезней путем искоренения зараженных растений и/или оздоровления наиболее ценных экземпляров биотехнологическими методами, основанными на вычленении апикальной меристемы, термотерапии и применении ингибиторов вирусос *in vitro*.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант № 23-16-00032). Исследования выполнены без использования животных и без привлечения людей в качестве испытуемых. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Li P., Shen J., Wang Z., Liu S., Liu Q., Li Y., He C., Xiao P. Genus *Paeonia*: a comprehensive review on traditional uses, phytochemistry, pharmacological activities, clinical application, and toxicology. *J. Ethnopharmacol.* 2021;269(4):113708.
- Rodgers A. *Peonies*. Portland, OR: Timber Press, Inc.; 2000. 384 pp.
- Garfinkel A.R., Chastagner G.A. Disease of peonies. *Handbook of Florists' Crop Diseases*. Eds. R.J. McGovern, W.H. Elmer. Springer International Publishing AG; 2018: 663–691.
- Lu W., Hong C., Huang Z., Zhao G., Liang Y., Gao H. Virus diseases of peonies. *Horticulturae*. 2025;11(5):517.
- Shaffer C. *The Virome of Peony and the Population Structure of Its Most Prominent Viruses*. Fayetteville: University of Arkansas; 2020. 74 pp.
- International Committee on Taxonomy of Viruses: ICTV. URL: <https://ictv.global/report/chapter/virgaviridae/virgaviridae/tobamovirus> (дата обращения 29.08.2025).
- Bonilla F.R., Cieniewicz E. Distribution and diversity of prunus necrotic ringspot virus, prune dwarf virus, and peach latent mosaic viroid in wild *Prunus* spp. in South Carolina and Georgia. *PhytoFrontiers*. 2022;2(4):363–370.
- 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.
- Chen S., Zhou Y., Chen Y., Gu J. fastp: an ultrafast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*. 2018;34(17):i884–i890.
- Nurk S., Meleshko D., Korobeynikov A., Pevzner P.A. metaSPAdes: a new versatile metagenomic assembler. *Genome Res.* 2017;27(5):824–834.
- Langmead B., Salzberg S. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nat. Methods*. 2012;9(4):357–359.
- Burland T.G. DNASTAR's Lasergene sequence analysis software. *Bioinformatics Methods and Protocols. Methods in Molecular Biology*, vol. 132. Eds. S. Misener and S.A. Krawetz. N.J.: Humana; 2020:71–91.
- Wetter C. Tobacco mild green mosaic virus. *The Plant viruses*. Eds. M.H.V. Van Regenmortel, H. Fraenkel-Conrat. N.Y.: Plenum Press; 1986: 205–219.
- McKinney H.H. Mosaic diseases in the Canary Islands, West Africa and Gibraltar. *J. Agric. Res.* 1929;39:577–578.
- de Andrés-Torán R., Guidoum L., Zamfir A.D., Mora M.A., Moreno-Vázquez S., García-Arenal F. Tobacco mild green mosaic virus (TMGMV) isolates from different plant families show no evidence of differential adaptation to their host of origin. *Viruses*. 2023;15(12):2384.
- Zamfir A.D., Babalola B.M., Fraile A., McLeish M.J., García-Arenal F. Tobamoviruses show broad host ranges and little genetic diversity among four habitat types of a heterogeneous ecosystem. *Phytopathology*. 2023;113(9):1697–1707.
- Garfinkel A.R., Steinlage T., Chumley J., Chastagner G.A. *Tobacco Rattle Virus in Peonies: A Reference Guide for Cut Flower and Rootstock Producers*; Washington: Washington State University; 2017. 10 pp.
- Ефимов С.В., Дегтярева Г.В. Коллекция пионов в Ботаническом саду МГУ: пример взаимодействия между фундаментальными и прикладными направлениями исследований. *Лесной вестник / Forestry Bulletin*. 2018;22(2):47–54.

Поступила в редакцию 05.09.2025

После доработки 30.11.2025

Принята в печать 01.12.2025

## RESEARCH ARTICLE

# Detection and molecular characterization of tobacco mild green mosaic virus on the peony *Paeonia wittmanniana*

E.V. Motsar<sup>1</sup>, A.A. Sheveleva<sup>1</sup>, F.S. Sharko<sup>2</sup> , A.P. Mikhailenko<sup>1</sup> , S.N. Chirkov<sup>1</sup>, \* 

<sup>1</sup>Department of Virology, Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Leninskie Gory 1–12, Moscow, 119234, Russia;

<sup>2</sup>National Research Center “Kurchatov Institute,” Academician Kurchatov Square 1, Moscow, 123182, Russia

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

Tobacco mild green mosaic virus (TMGMV, genus *Tobamovirus*, family *Virgaviridae*) was detected for the first time on a new host plant, the peony *Paeonia wittmanniana* Hartwiss ex Lindl. The virus was found in the Botanical Garden of Lomonosov Moscow State University when studying the virome of a peony plant with wrinkling symptoms on the leaves using high-

throughput sequencing. A virus-specific contig with a length of 6331 nucleotides was assembled. It represented a nearly complete sequence of the TMGMV genome, contained four open reading frames typical of tobamoviruses, and was most closely related (99.2% identity) to the TMGMV isolated from tobacco *Nicotiana glauca* (MT675965). The presence of the virus in the peony was confirmed by RT-PCR using virus-specific primers designed based on the whole genome sequence of the TMGMV peony isolate. Biological testing also revealed the presence of the virus in the analyzed plant. Mechanical inoculation of *N. benthamiana* by water extract from infected peony resulted in asymptomatic systemic TMGMV infection in inoculated plants. When *N. glutinosa* leaves were inoculated with an extract from infected *N. benthamiana* plants, small necrotic local lesions typical of TMGMV formed on them. This is the first report of TMGMV from peony in Russia, expanding the natural host range of this virus, adding the list of viruses infecting peonies and information on the geographical TMGMV distribution.

**Keywords:** *peony, Paeonia wittmanniana, virome, tobamovirus, tobacco mild green mosaic virus, high-throughput sequencing, virus indicator plants*

**Funding:** The research was funded by Russian Science Foundation, project No. 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: anncsh@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>

*Михайленко Андрей Петрович* – вед. инженер ботанического сада биологического факультета МГУ. Тел. 8-495-9395503; e-mail: caelifera@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2328-0538>

*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>