

ARTYKUŁ ORYGINALNY

Przenoszenie wirusa żółtej karłowatości jęczmienia PAS (barley yellow dwarf virus-PAS, BYDV-PAS) przez mszycę czeremchowo-zbożową (*Rhopalosiphum padi*) i mszycę różano-trawową (*Metopolophium dirhodum*)

Transmission of barley yellow dwarf virus-PAS (BYDV-PAS) by bird cherry-oat aphid (*Rhopalosiphum padi*) and rose grain aphid (*Metopolophium dirhodum*)

Katarzyna Trzmiel*, Emily Pusch

Streszczenie

Żółta karłowatość jęczmienia (ŻKJ) jest jedną z najgroźniejszych chorób wirusowych upraw zbóż na świecie. Głównym sprawcą tej choroby w Polsce jest wirus żółtej karłowatości jęczmienia PAS (barley yellow dwarf virus-PAS, BYDV-PAS), który był najczęściej wykrywany w porażonych roślinach jęczmienia. Jedyną formą rozprzestrzeniania się ŻKJ w środowisku jest przenoszenie wirusa przez wektory owadzie. Celem badań była ocena przenoszenia BYDV-PAS przez mszycę czeremchowo-zbożową (*Rhopalosiphum padi*) i mszycę różano-trawową (*Metopolophium dirhodum*) na rośliny trzech odmian jęczmienia, w warunkach szklarniowych. Infekcyjność wektorów potwierdzono poprzez wykrycie obecności BYDV-PAS bezpośrednio w ciele owadów oraz w roślinach, na których one żerowały, z wykorzystaniem reakcji odwrotnej transkrypcji i łańcuchowej reakcji polimeryzacji (RT-PCR) oraz sekwencjonowania. Do oceny wydajności transmisji wirusa przez badane gatunki mszyc na różne odmiany jęczmienia zastosowano test enzymo-immunologiczny (DAS-ELISA). Wyniki badań wykazały różnice w skuteczności przenoszenia BYDV-PAS przez *R. padi* (100%) i *M. dirhodum* (60,87–75,56%). Nie stwierdzono istotnych różnic w reakcji badanych odmian jęczmienia na zakażenie BYDV-PAS.

Słowa kluczowe: jęczmień, BYDV-PAS, przenoszenie, wektor, mszyce

Abstract

Barley yellow dwarf disease (BYD) is one of the most dangerous viral diseases of cereal crops worldwide. Barley yellow dwarf virus-PAS (BYDV-PAS) is the main causal agent of this disease in Poland and is most frequently detected in infected barley plants. The only means of BYD spread in the environment is through virus transmission by insect vectors. The aim of this study was to evaluate the transmission of BYDV-PAS by bird cherry-oat aphid (*Rhopalosiphum padi*) and rose grain aphid (*Metopolophium dirhodum*) to plants of three barley cultivars under greenhouse conditions. The infectivity of the vectors was confirmed by detecting the presence of BYDV-PAS directly in the bodies of the insects as well as in the plants on which they fed, using reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) and sequencing. To assess the efficiency of virus transmission by the studied aphid species to different barley cultivars, a double antibody sandwich enzyme-linked immunosorbent assay (DAS-ELISA) was used. The results showed differences in the effectiveness of BYDV-PAS transmission by *R. padi* (100%) and *M. dirhodum* (60.87–75.56%). No significant differences were found in the response of the tested barley cultivars to BYDV-PAS infection.

Keywords: barley, BYDV-PAS, transmission, vector, aphids

Wstęp / Introduction

Żółta karłowatość jęczmienia (ŻKJ) jest jedną z głównych i najgroźniejszych chorób wirusowych zbóż uprawnych i dzikich traw, która powszechnie występuje na całym świecie. Objawy ŻKJ to przebarwienia liści spowodowane obniżoną zawartością chlorofilu oraz zahamowaniem procesu fotosyntezy zainfekowanych roślin. Kolor przebarwień zależy od gatunku rośliny żywicielskiej. Żółte przebarwienia u jęczmienia, pomarańczowo-czerwone u pszenicy, czerwone u kukurydzy, rdzawo-brązowe u żyta oraz antocyjanowe u owsa i wielu dzikich traw rozpoczynają się od szczytów i brzegów liści, stopniowo postępują w głąb, a z czasem mogą objąć całą powierzchnię blaszki liściowej. W przypadku szczególnie niebezpiecznych wczesnych porażek młodych ozimin przebarwienia liści mogą przechodzić w nekrotyzację i zamieranie pojedynczych liści, a w końcu całej rośliny. Kolejnym typowym objawem choroby jest redukcja systemu korzeniowego, zahamowanie wzrostu oraz karłowatość porażonych roślin. Chore rośliny wydają mniej gorzej wykształconych lub płonnych kłosów (Ali i wsp. 2018). Rodzaj i nasilenie objawów zależą od wielu czynników: gatunku wirusa; gatunku, a nawet odmiany porażonej rośliny; panujących warunków klimatycznych, a także stadium rozwojowego rośliny w momencie jej infekcji. Straty plonów wahały się od 5 do 80%, ze średnią na poziomie 30% (Perry i wsp. 2000; Aradottir i Crespo-Herrera 2021). Obniżki plonów owsa i jęczmienia sięgały odpowiednio do 15% i 25%, a u pszenicy wahały się na poziomie od 17 do 46% (Ali i wsp. 2018). Żółta karłowatość jęczmienia wywoływana jest przez grupę spokrewnionych ze sobą sferycznych wirusów, których genom tworzy pojedyncza nić RNA o dodatniej polaryzacji (+ss RNA) (Domier 1995). Wirusy te porażają wszystkie ważne gospodarczo zboża oraz wiele gatunków traw, które stają się ich rezerwuarem w środowisku. W zależności od gatunku gospodarza, z którego izolowano wirusy, przyjmowały one różne nazwy zwyczajowe: wirus żółtej karłowatości jęczmienia (barley yellow dwarf virus, BYDV), wirus żółtej karłowatości zbóż (cereal yellow dwarf virus, CYDV) lub wirus żółtej karłowatości pszenicy (wheat yellow dwarf virus, WYDV). Obecność ŻKJ po raz pierwszy w Polsce potwierdzono na uprawach owsa (Hoppe i wsp. 1983). Kolejne badania wskazywały na występowanie lokalnych pojedynczych lub mieszanych infekcji zbóż, wywołanych przez wirusy żółtej karłowatości jęczmienia MAV i PAV (BYDV-MAV i BYDV-PAV) oraz znacznie rzadziej przez wirusa żółtej karłowatości zbóż RPV (CYDV-RPV) (Jeżewska i wsp. 2010). Analizy molekularne licznych próbek zbóż, zebranych z różnych regionów Polski podczas masowego występowania ŻKJ w 2014 roku (Jeżewska i Trzmiel 2016), ujawniły obecność nowych gatunków: wirusów żółtej karłowatości jęczmienia PAS, SGV i GAV (BYDV-PAS, BYDV-SGV i BYDV-GAV), które dosyć często występowały w infekcjach mieszanych (Trzmiel 2017). Według aktualnej taksonomii BYDV-PAV, BYDV-

-PAS, BYDV-MAV należą do rodzaju *Luteovirus* w rodzinie Tombusviridae (ICTV 2022), natomiast CYDV-RPV do rodzaju *Polerovirus* w rodzinie Solemoviridae (ICTV 2023), a BYDV-SGV do rodzaju *Solemovirus*, także w rodzinie Solemoviridae (ICTV 2023). Wszystkie wymienione powyżej gatunki wirusów są przenoszone trwale, z różną wydajnością, przez wektory – około 25 gatunków mszyc (Halbert i Voegtlin 1995). Niektóre z tych patogenów, jak np. wirusy żółtej karłowatości jęczmienia kerII i kerIII (BYDV-kerII i BYDV-kerIII) przenoszone są przez jeden gatunek mszyc *Rhopalosiphum padi*, podczas gdy np. BYDV-PAV jest wydajnie przenoszony przez kilka wektorów (*R. padi*, *Sitobion avenae*, *Sitobion miscanthi*, *Sitobion fragariae*, *Metopolophium dirhodum*, *Schizaphis graminum*) (Leybourne 2023). Pomimo tych różnic jest to jedyny sposób ich rozprzestrzeniania w środowisku, stąd ocena oddziaływań wirus-vektor stanowi istotną część analiz ŻKJ.

Dotychczas badania wirus-vektor w Polsce dotyczyły jedynie przenoszenia rodzimych izolatów BYDV-PAV i BYDV-MAV przez mszyce zbożowe (Jeżewska 1998). Wyniki prac prowadzonych w ostatnich latach w Zakładzie Wirusologii i Bakteriologii Instytutu Ochrony Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego (IOR – PIB) wskazują na wyraźną dominację porażek zbóż przez BYDV-PAS (gatunek *Luteovirus pashordei*) w naszym kraju. Gatunek ten najczęściej wykrywano w roślinach jęczmienia (Trzmiel i Hasiów-Jaroszewska 2023). Poza terytorium Polski BYDV-PAS potwierdzono również w Nowej Zelandii (Delmiglio 2008), Czechach (Jarošová i wsp. 2013), USA (Hodge i wsp. 2020) i Estonii (Sõmera i wsp. 2021), a ostatnio także w Australii (Nancarrow i wsp. 2024), Irlandii (Byrne i wsp. 2024) i Turcji (İlbağlı 2025), co wskazuje na proces dalszego rozszerzania jego zasięgu geograficznego oraz ogólny wzrost jego znaczenia. Z kolei wyniki monitoringu występowania najważniejszych gatunków mszyc w Polsce potwierdziły stałą dominację liczebną *R. padi*. Do grupy głównych dziesięciu gatunków mszyc odławianych w aspiratorach Johnsona w naszym kraju, aczkolwiek w dużo niższej liczebności, należy także *M. dirhodum* (Roik i wsp. 2024).

Celem pracy była ocena skuteczności przenoszenia polskiego izolatu wirusa żółtej karłowatości jęczmienia PAS (BYDV-PAS) przez mszycę czeremchowo-zbożową (*R. padi*) oraz mszycę różano-trawową (*M. dirhodum*), charakteryzujące się zróżnicowaną liczebnością populacji, na rośliny jęczmienia w warunkach szklarniowych.

Materiały i metody / Materials and methods

Kolonie mszyc / Aphid colonies

W przeprowadzonych badaniach wykorzystano dwa gatunki mszyc żerujących na zbożach, tj. *R. padi* (fot. 1) oraz *M. dirhodum* (fot. 2), które są wymieniane w grupie wektorów wirusów wywołujących ŻKJ (Halbert i Voegtlin 1995).



Fot. 1. *Rhopalosiphum padi* wykorzystywane w doświadczeniach szklarniowych

Photo 1. *Rhopalosiphum padi* used in greenhouse experiments



Fot. 2. *Metopolophium dirhodum* wykorzystywane w doświadczeniach szklarniowych

Photo 2. *Metopolophium dirhodum* used in greenhouse experiments

Odłowione owady w 2024 roku na terenie Wielkopolski (okolice Poznania) utrzymywane na zdrowych roślinach jęczmienia odmian Flavour i Bażant w izolatorach entomologicznych, w szklarni Zakładu Wirusologii i Bakteriologii IOR – PIB (fot. 3).

Źródło inokulum / Source of inoculum

Źródłem wirusa były rośliny jęczmienia z charakterystycznymi objawami ŻKJ (fot. 4), zebrane podczas monitoringu upraw w 2024 roku z terenu Wielkopolski. Wyniki uprzednio wykonanych badań diagnostycznych, reakcji odwrotnej transkrypcji i łańcuchowej reakcji polimerazy (RT-PCR) oraz sekwencjonowania, potwierdziły porażenie tych roślin przez BYDV-PAS.



Fot. 3. Mszyce zbożowe utrzymywane na roślinach jęczmienia w izolatorze entomologicznym

Photo 3. Cereal aphids maintained on barley plants in an entomological isolator



Fot. 4. Objawy żółtej karłowatości jęczmienia na roślinach jęczmienia użytych jako źródło inokulum w badaniach

Photo 4. Symptoms of barley yellow dwarf disease on barley plants used as an inoculum source in this study

Badane odmiany jęczmienia / Barley cultivars tested

Efekty przenoszenia wirusa testowano na wybranych dwóch odmianach jęczmienia ozimego (Bażant i Maybrit) oraz jednej odmianie jęczmienia jarego (Flavour).

Pierwszy etap badań – ocena infekcyjności mszy / The first stage of research – assessment of aphid infectivity

Niezainfekowane mszyce umieszczano w izolatorach wraz z porażonymi roślinami źródłowymi w celu żerowania i nabycia wirusa (ang. acquisition access period – AAP). Po

upływie czterech, pięciu i sześciu dni pojedyncze mszyce pobierano do analiz molekularnych. Równolegle, w tych samych czasookresach, partie kilkunastu sztuk pozostałych mszyc przenoszono ręcznie do kolejnego izolatora na zdrowe rośliny jęczmienia i pozostawiono do żerowania na okres inokulacji (ang. inoculation access period – IAP), od pięciu do siedmiu dni. Po siedmiu dniach od rozpoczęcia przenoszenia owadów, wszystkie mszyce usunięto, wykonując zabieg opryskiwania insektycydem Mospilan 20 SP (s.cz. acetamipryd), a rośliny po żerowaniu pozostawiono i dalej utrzymywano w izolatorach, w szklarni. Po upływie około 30 dni po zabiegu pojedyncze próbki roślin pobierano do analiz molekularnych.

Obecność BYDV-PAS wykrywano w ciele owadów oraz w roślinach, na których żerowały, za pomocą reakcji RT-PCR. Całkowity RNA z pojedynczych osobników *R. padi* i *M. dirhodum* oraz roślin jęczmienia izolowano przy użyciu zestawu RNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Niemcy) zgodnie z procedurą producenta. Jakość uzyskanych próbek RNA oceniono spektrofotometrycznie w NanoDrop 2000 Spectrophotometer (Thermo Scientific, USA), a następnie przechowywano w temperaturze -20°C . W reakcjach RT-PCR, do badań próbek RNA z owadów, użyto dwóch par starterów BYcp-F/BYcp-R oraz ACT-1/ACT-2, natomiast do testowania próbek RNA z jęczmienia zastosowano jedynie BYcp-F i BYcp-R. Pierwsza para starterów BYcp-F (CCACTAGAGAGGTGGTGAATG) i BYcp-R (CCGTGTTGAGGAGTCTACC) (Kundu 2008) umożliwia amplifikację fragmentu genu białka płaszczki wirusów wywołujących ŻKJ, a przez odczytanie sekwencji nukleotydów (nt) poprawne oznaczenie gatunku wirusa. Drugą parę starterów ACT-1 (TTCACCACCACCGCYGAG) i ACT-2 (ATACCGGGTACATGGTGG) (Canning i wsp. 1996) zastosowano do amplifikacji sekwencji kodującej fragment genu aktywny owadów, w celu sprawdzenia jakości wyizolowanego materiału genetycznego i poprawności wykonywanych reakcji RT-PCR. Testy RT-PCR dla próbek owadów i roślin prowadzono w warunkach opisanych odpowiednio w pracach Strażyński i wsp. (2011) oraz Trzmiel i Hasiów-Jaroszewska (2023). Produkty reakcji RT-PCR rozdzielano podczas elektroforezy w 1% żelu agarozowym, z dodatkiem 2 μl Midori Green (NIPPON Genetics Europe GmbH, Niemcy) i wizualizowano w świetle UV. Specyficzność otrzymanych produktów potwierdzono za pomocą bezpośredniego sekwencjonowania metodą Sanger. Uzyskane produkty RT-PCR eluowano z żelu przy użyciu zestawu Wizard[®] SV Gel and PCR Clean-Up System (Promega, USA) zgodnie z procedurą zalecaną przez producenta, a następnie przesyłano wraz z zestawem starterów (BYcp-F/BYcp-R) do sekwencjonowania, do firmy zewnętrznej (Genomed S.A., Polska). Otrzymane sekwencje nt wstępnie edytowano, używając oprogramowania BioEdit, wersja 7.2.5 (Hall 1999), a uzyskane sekwencje konsensusowe analizowano przy zastosowaniu Standard Nucleotide BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PA->

GE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome). Po potwierdzeniu infekcyjności badanych mszyc, tj. wykryciu obecności BYDV-PAS zarówno w ciele owadów, jak i w roślinach, na których one żerowały, wykonano kolejne analizy w celu porównania wydajności transmisji BYDV-PAS przez badane dwa gatunki mszyc.

Drugi etap badań – ocena skuteczności przenoszenia BYDV-PAS przez mszyce / The second stage of the research – evaluation of the effectiveness of BYDV-PAS transmission by aphids

Eksperymenty szklarniowe wykonywano zgodnie z procedurą opisaną przez Jeżewską (1998). Niezainfekowane mszyce umieszczano w izolatorach wraz z porażonymi roślinami źródłowymi (AAP) na okres siedmiu dni. Infekcyjne mszyce *R. padi* i *M. dirhodum* nakładano ręcznie na młode siewki trzech odmian jęczmienia, w fazie drugiego liścia (BBCH 12), po pięć osobników na jedną roślinę i pozostawiano do żerowania na okres inokulacji (IAP – siedem dni), po czym usuwano je, wykonując zabieg opryskiwania insektycydem. W każdym doświadczeniu testowano od 15 do 20 roślin. Całość eksperymentu wykonywano w szklarni, w temperaturze około 20°C , w standardowych warunkach nasłonecznienia (16 h dzień/8 h noc), w dwóch powtórzeniach.

Ocena porażenia roślin po żerowaniu mszyc / Assessment of plant infection after aphid feeding

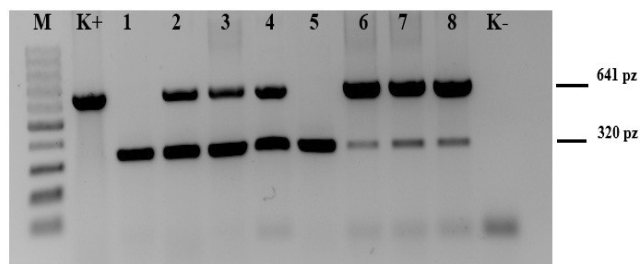
Analizy diagnostyczne roślin jęczmienia, na których żerowały infekcyjne mszyce, wykonywano po około 30 dniach (4–5 tygodni) od początku eksperymentu. Do potwierdzenia obecności wirusa w roślinach użyto testu enzymo-immunologicznego (ang. double antibody sandwich enzyme-linked immunosorbent assay – DAS-ELISA) (Clark i Adams 1977) z zestawem przeciwciał i koniugatu (firmy Loewe, Niemcy), który umożliwia wykrywanie spokrewnionych gatunków BYDV-MAV, BYDV-PAV i BYDV-PAS. Do analiz wykorzystano negatywne próby kontrolne, czyli niezainfekowane rośliny jęczmienia, które wysiewano i utrzymywano w warunkach szklarniowych oraz komercyjną kontrolę pozytywną grupy wirusów BYDV z firmy Loewe. Testy diagnostyczne prowadzono zgodnie z procedurą zalecaną przez producenta. Odczyty wyników wykonano w czytniku mikroplątek ELx800 (BioTek Instruments, USA), przy długości fali 405 nm. Za pozytywne wyniki uznawano te, dla których odczytana wartość gęstości optycznej (OD) była przynajmniej trzykrotnie wyższa od średniej wartości OD uzyskanej dla kontroli negatywnej.

Wyniki i dyskusja / Results and discussion

Wstępne analizy molekularne potwierdziły obecność BYDV-PAS w badanych mszycach *R. padi* i *M. dirhodum*. Po elektroforezie w żelu agarozowym wykazano obecność

dwóch produktów reakcji RT-PCR (fot. 5). Dla wszystkich badanych próbek mszyc otrzymano produkt specyficzny dla genu aktywności owadów, o spodziewanej wielkości 320 pz. Uzyskany wynik świadczy o poprawnie wykonanej izolacji RNA z mszyc. Specyficzny dla grupy wirusów BYDV produkt, o spodziewanej wielkości 641 pz, otrzymano dla próbek mszyc żerujących na porażonych roślinach jęczmienia, a także dla próbek roślin jęczmienia, na które przeniesiono badane mszyce. Dla próbek owadów utrzymywanych na niezainfekowanych roślinach nie uzyskano tego produktu reakcji. Otrzymane wyniki RT-PCR potwierdziły obecność wirusa w mszycach, zarówno *R. padi*, jak i *M. dirhodum*, w czwartym oraz kolejno w piątym i szóstym dniu ich żerowania na roślinach źródłowych (96–144 h IAP) (fot. 5). Wyniki bezpośredniego sekwencjonowania wykazały zgodność (97% identyczności) odczytanej sekwencji nt z innymi sekwencjami nt fragmentu genu białka płaszczka (CP) BYDV-PAS zdeponowanymi w Banku Genów NCBI.

Wyniki kolejnych doświadczeń szklarniowych wykazały zdolność przenoszenia polskiego izolatu BYDV-PAS przez obydwa badane gatunki mszyc (rys. 1, tab. 1). Przy czym obserwowano różnice w wydajności transmisji na korzyść *R. padi*, dla których wykazano 100% skuteczności przenoszenia wirusa, bez względu na odmianę jęczmienia. W przypadku *M. dirhodum* stwierdzono niższy odsetek zakażonych roślin, zarówno w pierwszym, jak i drugim powtórzeniu doświadczenia (tab. 1), a uzyskane wartości



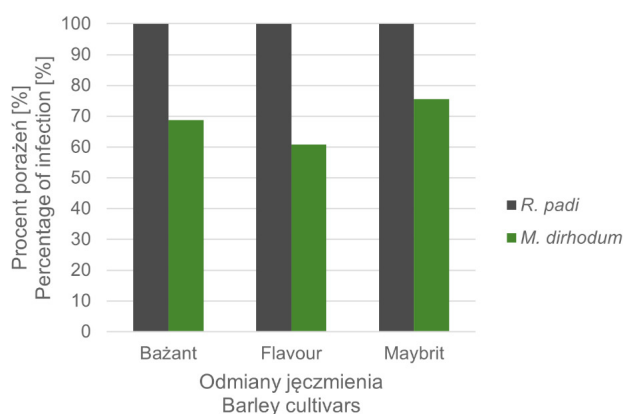
Fot. 5. Rozdział po elektroforezie produktów RT-PCR ze starterami BYcp-F/BYcp-R i ACT-1/ACT-2
M – marker DNA 100 bp (Invitrogen, Thermo Scientific); K+ – kontrola pozytywna (zainfekowana roślina źródłowa); 1–4 – próbki *Metopolophium dirhodum* (1 – mszyce niezainfekowane, 2 – mszyce po 96 h IAP, 3 – mszyce po 120 h IAP, 4 – mszyce po 144 h IAP); 5–8 – próbki *Rhopalosiphum padi* (5 – mszyce niezainfekowane, 6 – mszyce po 96 h IAP, 7 – mszyce po 120 h IAP, 8 – mszyce po 144 h IAP); K- – kontrola negatywna

Photo 5. Electrophoresis of RT-PCR products with BYcp-F/BYcp-R and ACT-1/ACT-2 primer pair
M – 100 bp DNA ladder (Invitrogen, Thermo Scientific); K+ – positive control (infected source plant); 1–4 – *Metopolophium dirhodum* samples (1 – non-infected one, 2 – aphids after 96 h IAP, 3 – aphids after 120 h IAP, 4 – aphids after 144 h IAP); 5–8 – *Rhopalosiphum padi* samples (5 – non-infected one, 6 – aphids after 96 h IAP, 7 – aphids after 120 h IAP, 8 – aphids after 144 h IAP); K- – negative control

porażenia wahały się od 35,7 do 94,4%. Poza tym, nie stwierdzono istotnych różnic w reakcji trzech badanych odmian jęczmienia na zakażenie BYDV-PAS. Rośliny, na których żerowały infekcyjne mszyce, wykazywały typowe objawy ŻKJ, tj. żółte przebarwienia liści. Przykład takich objawów zaprezentowano dla jęczmienia odmiany Bażant (fot. 6). Wartości gęstości optycznej (OD), dla badanych próbek różnych odmian jęczmienia, w teście DAS-ELISA, po żerowaniu infekcyjnych mszyc były wyraźnie wyższe (od 0,964 do 2,355), niż te uzyskane dla roślin niezainfekowanych, użytych jako kontrola ujemna testu (od 0,017 do 0,035).

Badania nad przenoszeniem różnych gatunków BYDV przez ich wektory były prowadzone od dawna. Masterman i wsp. (1994) opisując badania z lat 1988–1990 stwierdzili, że szkockie populacje *R. padi* przenosiły różne gatunki BYDV na poziomie około 34%, a *M. dirhodum* zainfekowały średnio 22% roślin owsa. Natomiast wyniki opisane przez Ranieri i wsp. (1993) wskazywały na przenoszenie BYDV-PAV przez meksykańskie populacje *R. padi* na poziomie 54%, a przez *M. dirhodum* na poziomie 21% infekcji. Badania nad polskim izolatem BYDV-PAV (Jeżewska 1998) potwierdziły zdolność transmisji wirusa na rośliny pszenicy, pszenżyta i owsa przez *R. padi* (od 14 do 27% wydajności) oraz *M. dirhodum* (od 10 do 22%). Z kolei badania Gray i wsp. (1998) oraz Habekuss i wsp. (1999) wykazały 100% skuteczność przenoszenia BYDV-PAV przez *R. padi*, odpowiednio na rośliny owsa i jęczmienia.

BYDV-PAS został wyodrębniony od BYDV-PAV i opisany jako nowy gatunek dopiero w 2002 roku (Mayo 2002). Opublikowane wyniki badań dotyczące BYDV-PAS z Czech wykazały zdolność przenoszenia wirusa zarówno przez *R. padi*, jak i *M. dirhodum*, a poziom zakażonych



Rys. 1. Ocena skuteczności przenoszenia wirusa żółtej karłowatości jęczmienia PAS przez *Rhopalosiphum padi* i *Metopolophium dirhodum* na podstawie wyników DAS-ELISA

Fig. 1. Assessment of the effectiveness of barley yellow dwarf virus-PAS transmission by *Rhopalosiphum padi* and *Metopolophium dirhodum* based on DAS-ELISA results

Tabela 1. Szczegółowe wyniki doświadczeń szklarniowych dotyczące infekowania BYDV-PAS roślin jęczmienia przez mszyce
Table 1. Detailed experimental results on BYDV-PAS infection of barley plants by aphids

Numer doświadczenia Experiment number	Gatunek mszyc Aphid species	Roślina żywicielska [odmiana jęczmienia] Host [barley cultivar]	Liczba roślin zakażonych/ Liczba roślin badanych Number of infected plants/ Number of tested plants	Procent porażen Infection percentage [%]
1	<i>Rhopalosiphum padi</i>	Bażant	18/18	100
	<i>Rhopalosiphum padi</i>	Flavour	20/20	100
	<i>Rhopalosiphum padi</i>	Maybrit	20/20	100
	<i>Metopolophium dirhodum</i>	Bażant	17/18	94,4
	<i>Metopolophium dirhodum</i>	Flavour	25/31	80,65
	<i>Metopolophium dirhodum</i>	Maybrit	17/30	56,7
2	<i>Rhopalosiphum padi</i>	Bażant	15/15	100
	<i>Rhopalosiphum padi</i>	Flavour	15/15	100
	<i>Rhopalosiphum padi</i>	Maybrit	15/15	100
	<i>Metopolophium dirhodum</i>	Bażant	5/14	35,7
	<i>Metopolophium dirhodum</i>	Flavour	9/14	64,3
	<i>Metopolophium dirhodum</i>	Maybrit	11/16	68,75



Fot. 6. Objawy żółtej karłowatości jęczmienia na jęczmieniu odmiany Bażant zakażonego przez infekcyjne mszyce *Rhopalosiphum padi*

Photo 6. Barley yellow dwarf disease symptoms on barley cultivar Bażant plants infected by infections aphids *Rhopalosiphum padi*

roślin jęczmienia oszacowano odpowiednio na 19% i 9% (Jarošová i wsp. 2013). Analogiczne badania BYDV-PAS

z Australii, z wykorzystaniem tych samych dwóch gatunków mszyc oraz pszenicy, potwierdziły 43% i 2% zakażeń roślin infekowanych odpowiednio przez *R. padi* i *M. dirhodum* (Nancarrow i wsp. 2025). Wyniki licznych prac zebrane i opracowane przez Leybourne'a (2023) pokazują zróżnicowaną efektywność przenoszenia różnych gatunków wirusów wywołujących ŻKJ, przez różne gatunki wektorów i na różne gatunki roślin żywicielskich. *Rhopalosiphum padi* zaliczono do grupy głównych i zdecydowanie lepiej przebadanych wektorów, aniżeli wykorzystywany również w niniejszej pracy *M. dirhodum*, dla którego to gatunku istnieje dużo mniej doniesień literaturowych. Przedstawione rezultaty podjętych badań uzupełniają aktualny stan wiedzy o ŻKJ. Należy podkreślić, że analizowanie zależności wirus–wektor–roślina stanowi ogromny obszar badań, który stale się rozszerza i uwzględnia coraz więcej zmiennych, jak np. wpływ różnych endosymbiontów czy wewnątrzpopulacyjną zmienność genetyczną wektorów owadzi (Leybourne 2023; Leybourne i wsp. 2024).

Wnioski / Conclusions

- Wykazano, że *R. padi* skuteczniej przenosi wirusa żółtej karłowatości jęczmienia PAS (100% wydajności) niż *M. dirhodum* (od 35,7 do 94,4% wydajności).
- Nie stwierdzono istotnych różnic w reakcji testowanych odmian jęczmienia Bażant, Flavour i Maybrit na BYDV-PAS.

Podziękowanie / Acknowledgements

Autorki składają podziękowania dr. hab. Przemysławowi Strażyńskiemu za pomoc przy klasyfikacji gatunkowej

odłowionych mszyc zbożowych. Badania realizowano w ramach dotacji celowej Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (zadanie 1.12).

Literatura / References

- Ali M., Anwar S., Shuja M.N., Tripathi R.K., Singh J. 2018. The genus *Luteovirus* from infection to disease. *European Journal of Plant Pathology* 151 (4): 841–860. DOI: 10.1007/s10658-018-1425-8
- Aradottir G., Crespo-Herrera L. 2021. Host plant resistance in wheat to barley yellow dwarf viruses and their aphid vectors: a review. *Current Opinion in Insect Science* 45: 59–68. DOI: 10.1016/j.cois.2021.01.002
- Byrne S., Schughart M., Ballandras V., Carolan J.C., Sheppard L., McNamara L. 2024. The first survey using high-throughput sequencing of cereal and barley yellow dwarf viruses in Irish spring and winter barley crops. *Irish Journal of Agricultural and Food Research* 63 (1): 1–16. DOI: 10.15212/ijaf-2023-0110
- Canning E.S.G., Penrose M.J., Barker I., Coates D. 1996. Improved detection of barley yellow dwarf virus in single aphids using RT-PCR. *Journal of Virological Methods* 56 (2): 191–197. DOI: 10.1016/0166-0934(95)01959-6
- Clark M.F., Adams A.N. 1977. Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. *Journal of General Virology* 34 (3): 475–483. DOI: 10.1099/0022-1317-34-3-475
- Delmiglio C. 2008. The incidence and phylogenetic analysis of viruses infecting New Zealand's native grasses. Ph.D. Thesis. University of Auckland, New Zealand.
- Domier L.L. 1995. Genome structure and function of barley yellow dwarf viruses. s. 181–201. W: *Barley Yellow Dwarf 40 Years of Progress* (C.J. D'Arcy, P.A. Burnett, red.). APS Press, St. Paul, Minnesota, USA, 374 ss.
- Gray S.M., Chapin J.W., Smith D.M., Banerjee N., Thomas J.S. 1998. Barley yellow dwarf luteoviruses and their predominant aphid vectors in winter wheat grown in South Carolina. *Plant Disease* 82 (12): 1328–1333. DOI: 10.1094/pdis.1998.82.12.1328
- Habekuss A., Leistner H.U., Schliephake E. 1999. Characterization of *Rhopalosiphum padi* genotypes differing in the geographical origin by transmission efficiency of barley yellow dwarf viruses and molecular markers. *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz / Journal of Plant Diseases and Protection* 106: 437–443.
- Halbert S., Voegtlin D. 1995. Biology and taxonomy of vectors of barley yellow dwarf viruses. s. 217–258. W: *Barley Yellow Dwarf 40 Years of Progress* (C.J. D'Arcy, P.A. Burnett, red.). APS Press, St. Paul, Minnesota, 374 ss.
- Hall T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95–98.
- Hodge B.A., Paul P.A., Stewart L.R. 2020. Occurrence and high-throughput sequencing of viruses in Ohio wheat. *Plant Disease* 104 (6): 1789–1800. DOI: 10.1094/pdis-08-19-1724-re
- Hoppe W., Ruskiewicz M., Zielińska L. 1983. Occurrence of barley yellow dwarf virus on oat cultures in Poland. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* 291: 119–129.
- ICTV 2022. 2022.015P. Tombusviridae rename sp. https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202403768&taxon_name=Luteovirus%20pashordei [dostęp: 23.02.2026].
- ICTV 2023. 2023.019P. Solemoviridae rename sp. https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202403793&taxon_name=Luteovirus%20sgvhordei%20pashordei [dostęp: 23.02.2026].
- İlbağlı H. 2025. First report of barley yellow dwarf virus PAS in maize in Türkiye. *Journal of Plant Pathology* 107: 753. DOI: 10.1007/s42161-024-01757-2
- Jarošová J., Chrpová J., Šip V., Kundu J.K. 2013. A comparative study of the *Barley yellow dwarf virus* species PAV and PAS: distribution, accumulation and host resistance. *Plant Pathology* 62 (2): 436–443. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2012.02644.x
- Jeżewska M. 1998. Transmission of barley yellow dwarf luteovirus isolates MAV and PAV by cereal aphid *Metopolophium dirhodum*. *Journal of Plant Protection Research* 38 (1): 5–10.
- Jeżewska M., Cajza M., Buchowska-Ruskowska M. 2010. Monitoring and molecular diagnostics of cereal viruses. s. 157–180. W: *Ograniczanie strat w plonach roślin uprawnych z zachowaniem bezpieczeństwa żywności* (D. Sosnowska, red.). Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań, 284 ss.
- Jeżewska M., Trzmiel K. 2016. Outbreak of barley yellow dwarf in winter cereals in Poland in the season 2014/2015. *Progress in Plant Protection* 56 (3): 296–301. DOI: 10.14199/ppp-2016-048
- Kundu J.K. 2008. First report of *Barley yellow dwarf virus*-PAS in wheat and barley grown in the Czech Republic. *Plant Disease* 92 (11): 1587. DOI: 10.1094/PDIS-9211-1587B
- Leybourne D.J. 2023. How does vector diversity influence the transmission efficiency of yellow dwarf virus? Perspectives from a review. *Plant Pathology* 73 (5): 1042–1059. DOI: 10.1111/ppa.13871
- Leybourne D.J., Whitehead M.A., Will T. 2024. Genetic diversity in vector populations influences the transmission efficiency of an important plant virus. *Biology Letters* 20 (5): 20240095. DOI: 10.1098/rsbl.2024.0095
- Masterman J., Holmes S.J., Foster G.N. 1994. Transmission of barley yellow dwarf virus by cereal aphids collected from different habitats on cereal farms. *Plant Pathology* 43 (4): 612–620. DOI: 10.1111/j.1365-3059.1994.tb01598.x
- Mayo M.A. 2002. ICTV at the Paris ICV: Results of the plenary session and the binomial ballot. *Archives of Virology* 147 (11): 2254–2260. DOI: 10.1007/s007050200052
- Nancarrow N., Kinoti W.M., Rodoni B., Lam S.K., Trębicki P. 2024. First report of Barley yellow dwarf virus PAS (*Luteovirus pashordei*) in oat in Australia. *Plant Disease* 108 (4): 1123. DOI: 10.1094/PDIS-10-23-2195-PDN
- Nancarrow N., Rodoni B., Lam S.K., Trębicki P. 2025. Yellow dwarf viruses: aphid transmission efficiency and cereal host range. *Plant Disease* 109 (8): 1770–1780. DOI: 10.1094/PDIS-11-24-2523-RE

- Perry K.L., Kolb F.L., Samsons B., Lawson C., Cisar G., Ohm H. 2000. Yield effects of barley yellow dwarf virus in soft red winter wheat. *Phytopathology* 90 (9): 1043–1048. DOI: 10.1094/PHYTO.2000.90.9.1043
- Ranieri R., van Os B., Lister R.M. 1993. Vector relationships of four barley yellow dwarf virus Mexican isolates and four species of cereal aphids found commonly in the Valley of Mexico. *Southwestern Entomologist* 18 (3): 163–167.
- Roik K., Tratwal A., Małas S., Bocianowski J. 2024. Monitoring and signaling of the most important aphid species in the territory of Greater Poland and Silesia Provinces. *Agriculture* 14 (12): 2260. DOI: 10.3390/agriculture14122260
- Sömera M., Massart S., Tamisier L., Sooväli P., Sathee K., Kvarnheden A. 2021. A survey using high-throughput sequencing suggests that the diversity of cereal and barley yellow dwarf viruses is underestimated. *Frontiers of Microbiology* 12: 673218. DOI: 10.3389/fmicb.2021.673218
- Standard Nucleotide BLAST. https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome [dostęp: 22.04.2025].
- Strażyński P., Ruskowska M., Jeżewska M., Trzmiel K. 2011. Evaluation of the risk of the autumn infection of winter barley with barley yellow dwarf viruses transmitted by anholocyclic forms of bird cherry-oat aphid *Rhopalosiphum padi* L. in Poland. *Journal of Plant Protection Research* 51 (3): 314–321. DOI: 10.2478/v10045-011-0051-7
- Trzmiel K. 2017. Identification of barley yellow dwarf viruses in Poland. *Journal of Plant Pathology* 99 (2): 493–497. DOI: 10.4454/jpp.v99i2.3869
- Trzmiel K., Hasiów-Jaroszewska B. 2023. Molecular characteristics of barley yellow dwarf virus-PAS – the main causal agent of barley yellow dwarf disease in Poland. *Plants* 12 (19): 3488. DOI: 10.3390/plants12193488