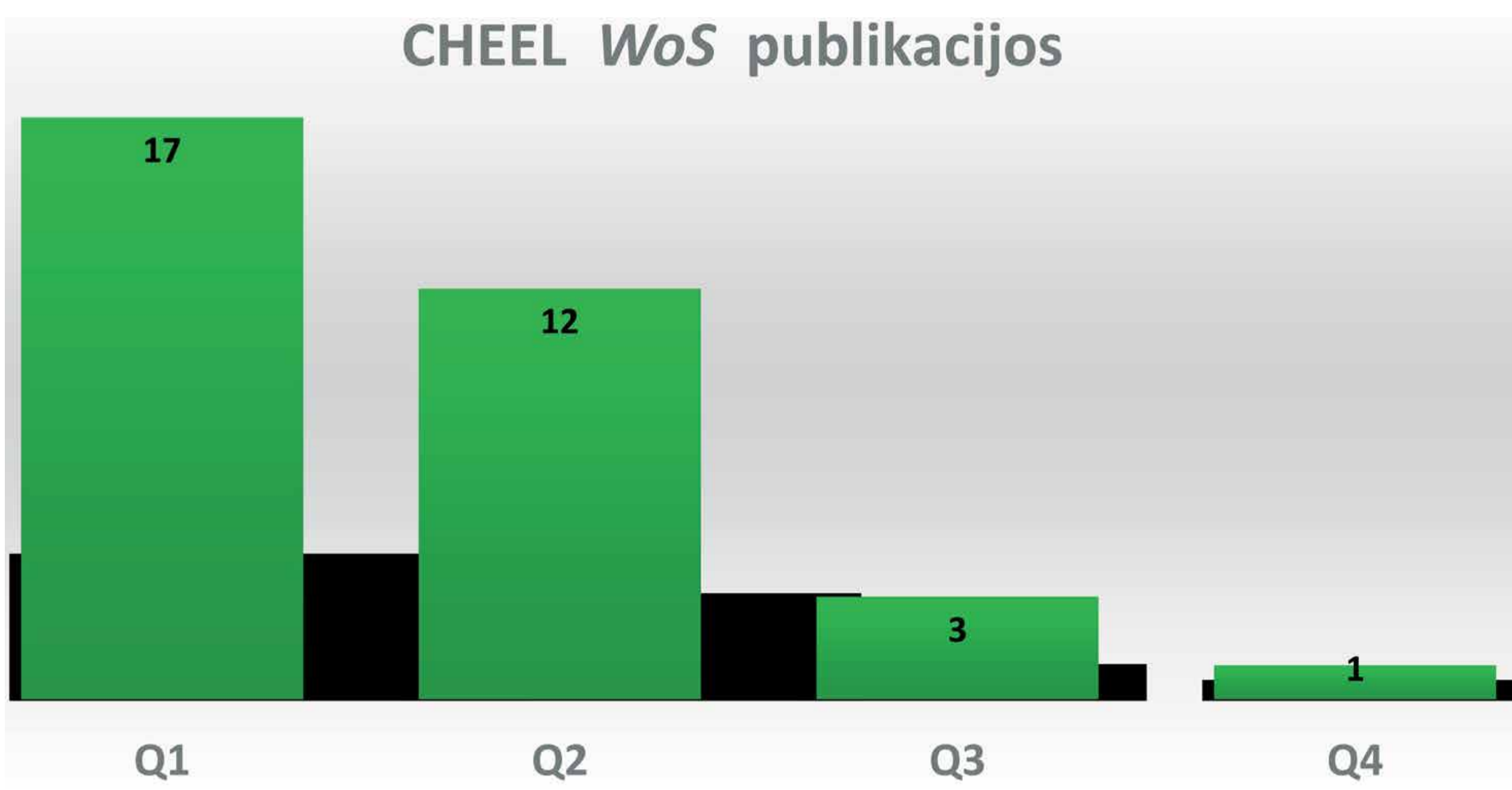


Biologinių sistemų funkcionavimo, dalyvaujant lakiems organiniams junginiams, fundamentiniai ir taikomieji aspektai vabzdžių ir jų mitybinių augalų modelinių rūšių pavyzdžiu

V. Būda, R. Mozūraitis, L. Blažytė-Čereškienė, E. Budrys, A. Budrienė, R. Butkienė, J. R. Stonis, D. Aleknavičius, V. Apšegaitė, R. Čepulytė, S. Orlovskytė, S. Radžūtė, A. Remeikis, M. Lazauskaitė
Cheminės ekologijos ir elgsenos laboratorija

Fundamentinių tyrimų svarbiausi rezultatai

2017–2021 m. straipsniai



1. Atrastas šaltalankio uogų kenkėjo *Rhagoletis batava* agregacinis feromonas (optiškai aktyvus gama-laktono izomeras) neabejotinai ateityje bus panaudotas kaip priemonė kenkėjo monitoringui ir kontrolei, o maliariją platinančių uodų agregacijos feromono atradimas – pavojingą ligą platinančių vabzdžių-vektorių populiacijai reguliuoti.

2. Identifikuotas maliariją sukeliančio parazito *Plasmodium falciparum* išskiriamas metabolitas, veikiantis kaip fagostimuliantas maliariją platinantiems *Anopheles*, *Aedes* ir *Culex* genčių uodams; optimizavus mitybinį mišinį ir parinkus toksišką medžiagą, mišinys gali būti panaudojamas aplinkai draugiškose kontrolės programose, siekiant kontroliuoti maliarijos platinimą.

Iš Q1 žurnalų

3. Vabzdžių apdulkintojų ir jų lankomų augalų chemoekologiniai tyrimai praplėtė žinias apie šioje sistemoje vykstančius cheminės komunikacijos procesus bei atskleidė, jog ir apdulkintojai–generalistai turi tam tikro laipsnio specializaciją, paremtą skirtingu kvapų jutimu.

4. Atrastas naujas paprastosios eglės *Picea abies* ir kenkėjo žievėgraužio *Ips typographus* sąveikoje dalyvaujantis junginys, kuris yra eglės žievėje ir kuris veikia žievėgraužio elgseną. Junginys identifikuotas. Olfaktometrini tyrimai parodė, kad šis junginys yra repelentiškas abiejų lyčių individams, todėl veikia kaip eglė gynybinis junginys. Fundamentinis rezultatas ateityje gali turėti taikomąją reikšmę miškininkystės praktikai.

5. Rekonstruota kenkėjų kontrolės ekosistemines paslaugas atliekančių naujų rūšių–antrininkų filogenija, panaudojant skirtingą evoliucijos greitį turinčius ir skirtingą gamtinės atrankos poveikį patiriančius DNR žymenis; įvertinta skirtumų įtaka rekonstrukcijos rezultatams.

Taikomųjų tyrimų svarbiausieji rezultatai

ES patentas

Feromono taikymo augalų apsaugai demonstracinis darbas



Skirtinguose Lietuvos regionų 6 sodininkystės ūkiuose (po 2 intensyvios gamybos, ekologiniuose ir tausojančios aplinką gamybos ūkiuose, gaminančiuose nacionalinės kokybės produkciją) atliktas demonstracinis bandymas kovai su obuoliniu vaisėdžiu, panaudojant sintetinį lytinio feromono analogą ir dviejų tipų šio feromono skleidėjus. Seminaruose ūkininkai supažindinti su šio aplinkai draugiško metodo taikymu, jo efektyvumu ir reikalingomis priemonėmis.

Aptiktos 146 mokslui naujos rūšys

2019–2021 m. laikotarpiu į laboratorijos personalą įsijungė prof. Rimantas Stonis ir dr. Andrius Remeikis. Jie aprašė 144 mokslui naujas mikrodrugių rūšis, nors ilgalaikėje programoje šie tyrimai nebuvo planuoti. Publikacijos skelbiamos tarptautiniuose žurnaluose, dauguma – Q3 kvartilyje. 2 mokslui naujas vapsvų rūšis aprašė dr. Eduardas Budrys su kolegomis.

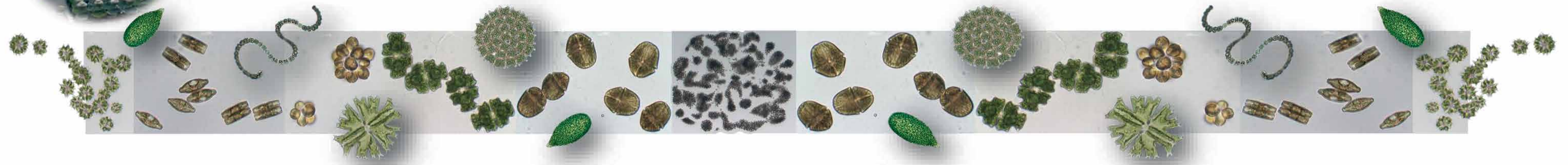
Dumblių ir melsvabakterių tolerantiškumas natūraliems ir antropogeniniams veiksniams, rūšių įvairovės ir produktyvumo kaitos tendencijos

J. Kasperovičienė, J. Karosienė, J. Koreivienė,
I. Vitonytė, K. Savadova-Ratkus, D. Morudov
Algologijos ir mikroorganizmų ekologijos laboratorija



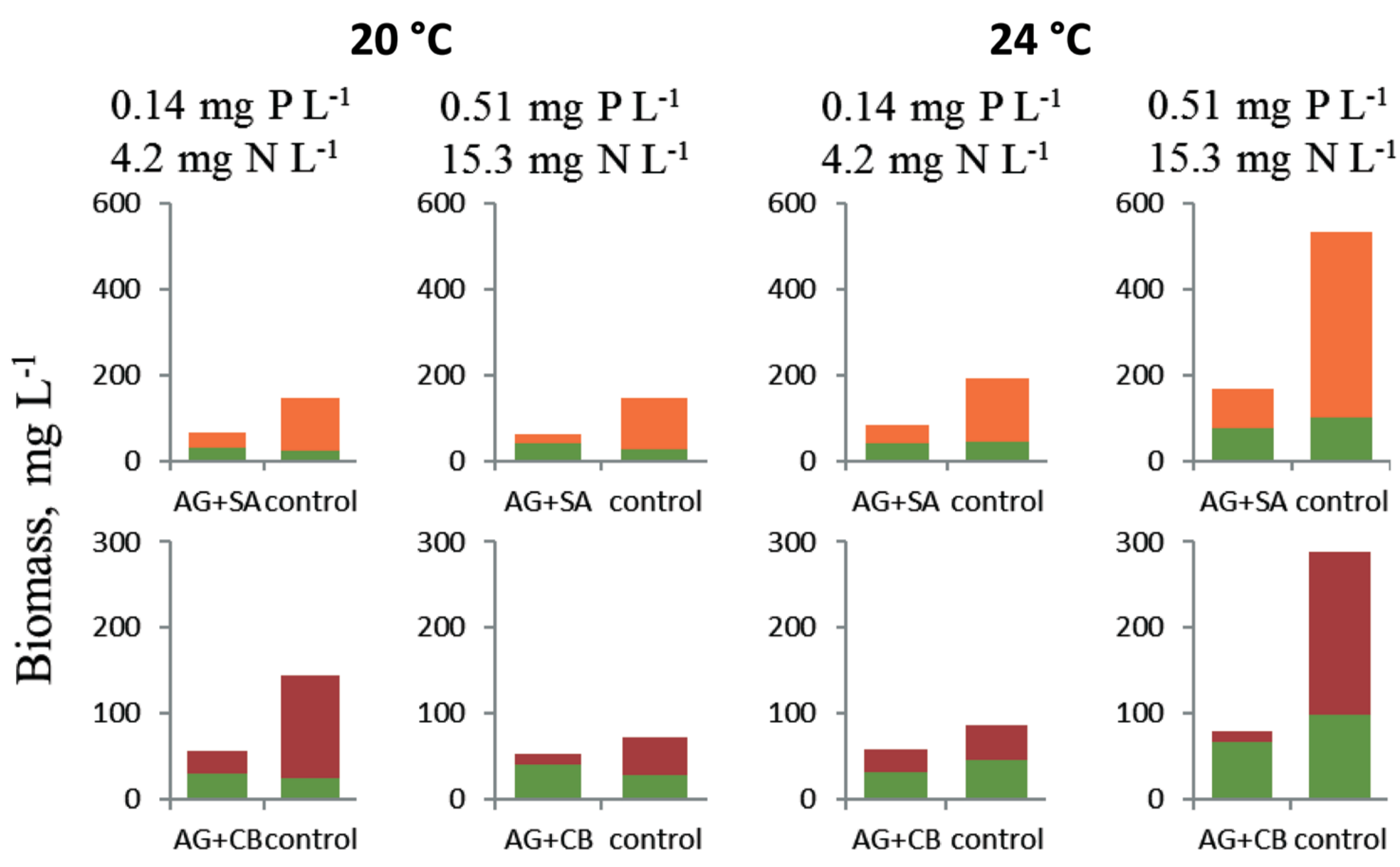
GTC AMEL dumblių ir melsvabakterių kolekcija

Kolekcijoje palaikoma apie 500 dumblių ir melsvabakterių rūšių izoliatų. Kolekcija pildoma naujomis rūšimis.

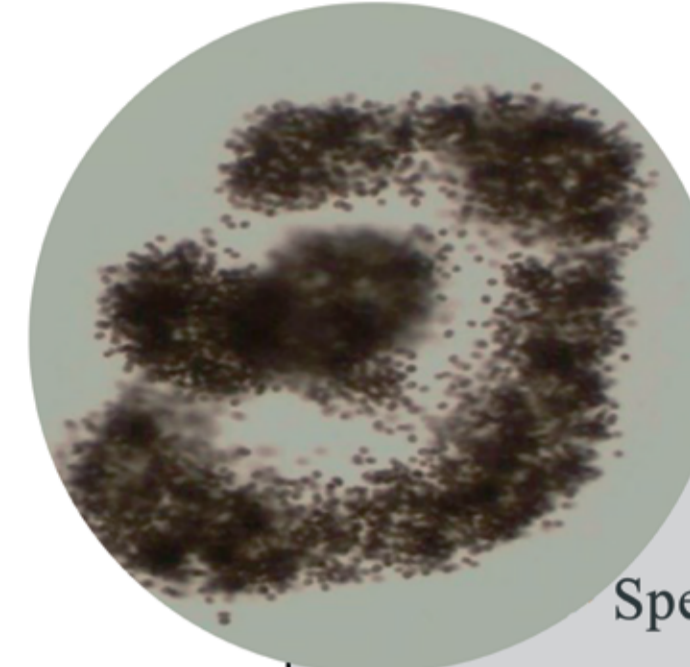


Vietinių ir svetimžemių melsvabakterių rūšių izoliatų tarprūšinės konkurencijos tyrimai

■ *A. gracile* ■ *S. aphanizomenoides* ■ *C. bergii*



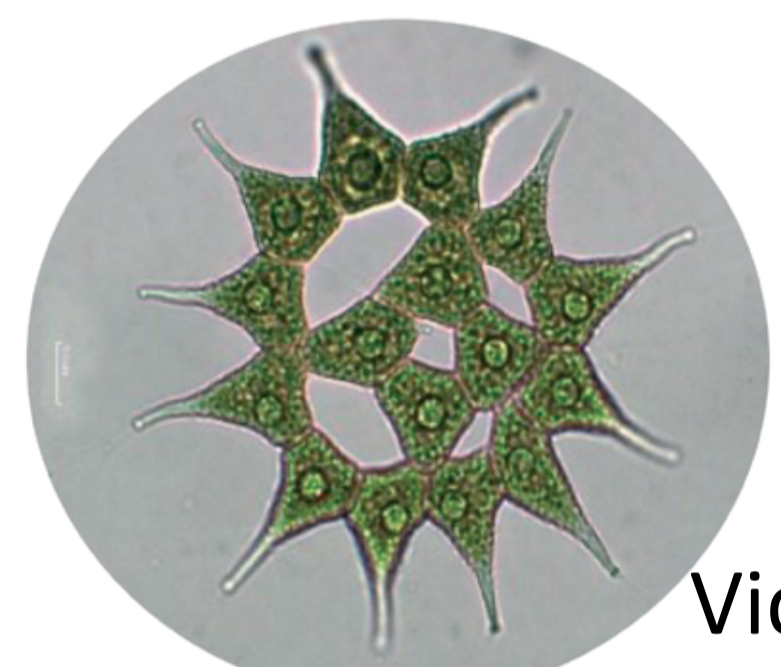
Maistinės medžiagos turi didesnę įtaką tarprūšinei konkurencijai nei temperatūra ar rūšių biologiniai ypatumai klimato šiltėjimo ir stiprėjančios eutrofikacijos sąlygomis.



Antriniai metabolitai melsvabakterėse

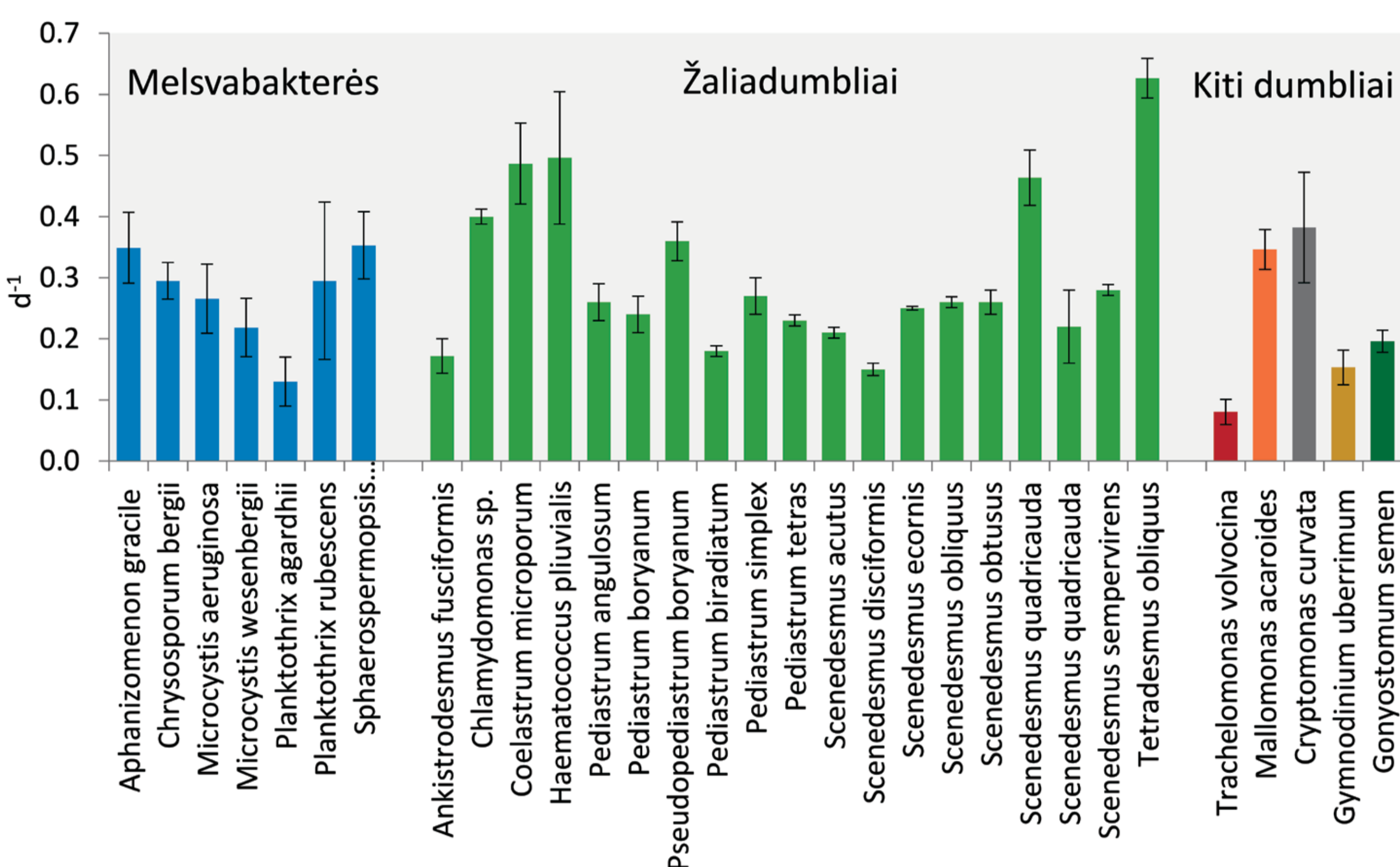
Species	Lake	Strain	Cyanotoxins			NRPs		
			MCs	ATX-a	STX	APs	AERs	CPs
Chroococcales								
<i>Microcystis aeruginosa</i>	Širvys	D7-09	+	-	-	-	-	-
		G2-08	+	-	-	n.a.	n.a.	n.a.
		1 strain	-	-	-	n.a.	n.a.	n.a.
	Jieznas	B6-07	-	-	-	-	-	+
		C6-07	-	-	-	-	-	+
		B11-05	-	-	-	+	-	+
<i>Microcystis flos-aquae</i>	Širvys	D7-07	-	-	-	-	+	-
		1 strain	-	-	-	-	-	-
		G5-04	-	-	-	n.a.	n.a.	n.a.
	Jieznas	D11-09	+	-	-	+	-	-
		E10-09	+	-	-	-	-	-
		E11-05	-	-	-	+	-	+
<i>Microcystis viridis</i>	Jieznas	D8-06	+	-	-	-	-	+
		G4-08	+	-	-	-	-	+
		F10-05	+	-	-	-	-	-
		G10-05	+	-	-	-	-	+
<i>Microcystis wessenbergii</i>	Jieznas	C4-08	+	-	-	-	+	-
		5 strains	-	-	-	-	-	-
Total: 17 strains								

Identifikuoti bioaktyvūs junginiai, priklausantys aeruginosinų, anabaenpeptinų, cianopeptolinų, mikrogininų klasėms, cianotosinai (mikrocistiniai ir saksitoksinai). Didžiausia bioaktyvių junginių įvairovė išsiskyrė *Microcystis* spp. ir *Planktothrix agardhii* iš 14 tirtų melsvabakterių rūšių (79 izoliatai).

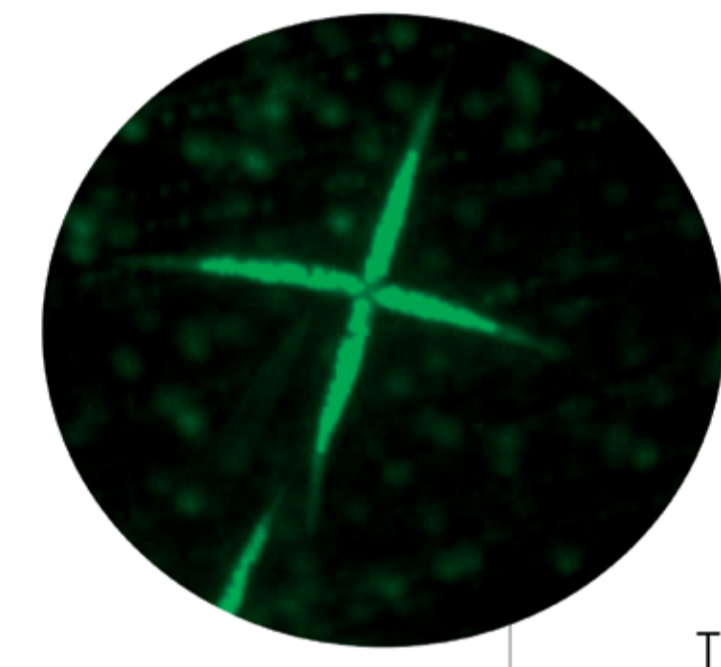


Dumblių ir melsvabakterių atranka biotechnologijai

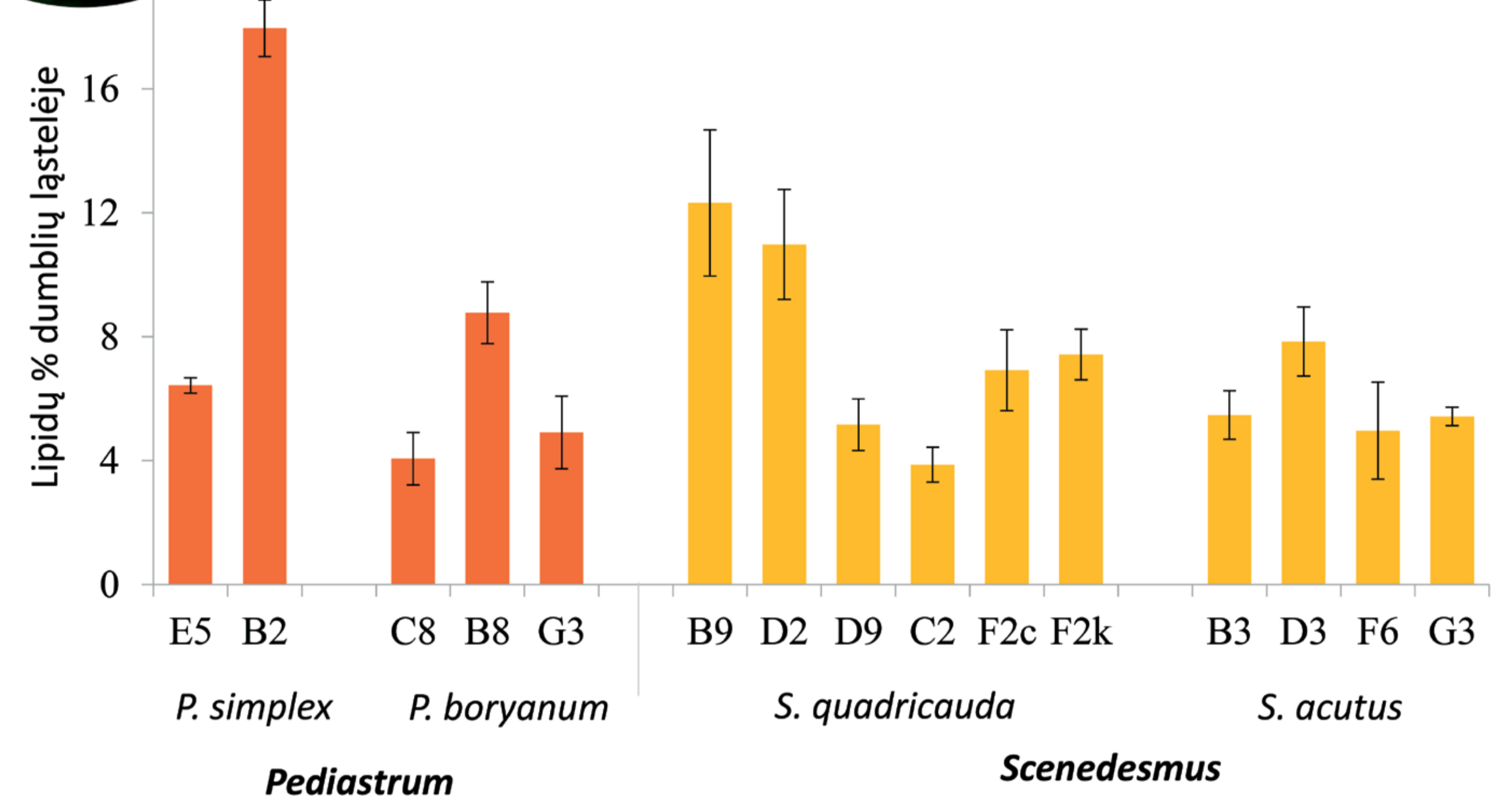
Vidutinis augimo greitis eksponentinėje augimo fazėje



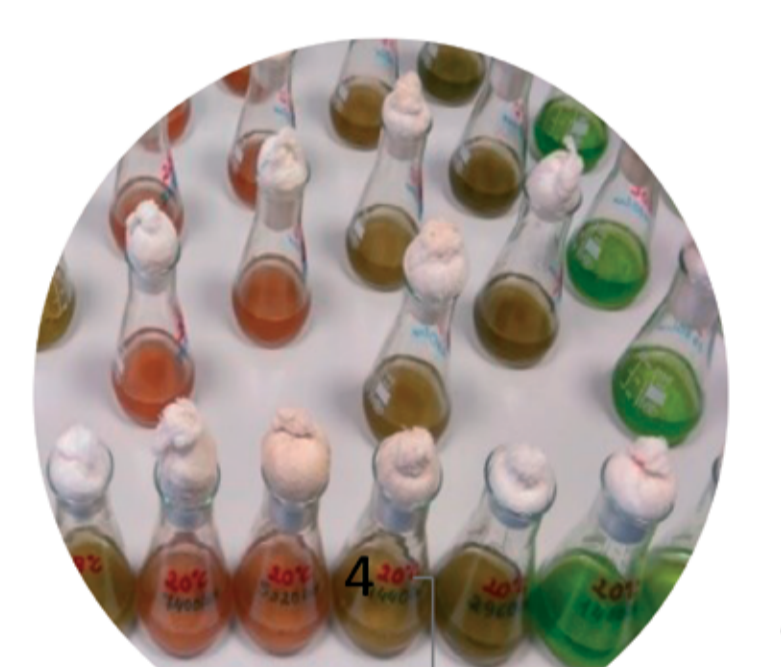
Melsvabakterės ir žaliadumbliai pagal augimo greitį turi didžiausią panaudojimo potencialą biotechnologijoje.



Lipidų kaupimas Pediastrum ir Scenedesmus žaliadumblių rūšių izoliatų biomaseje

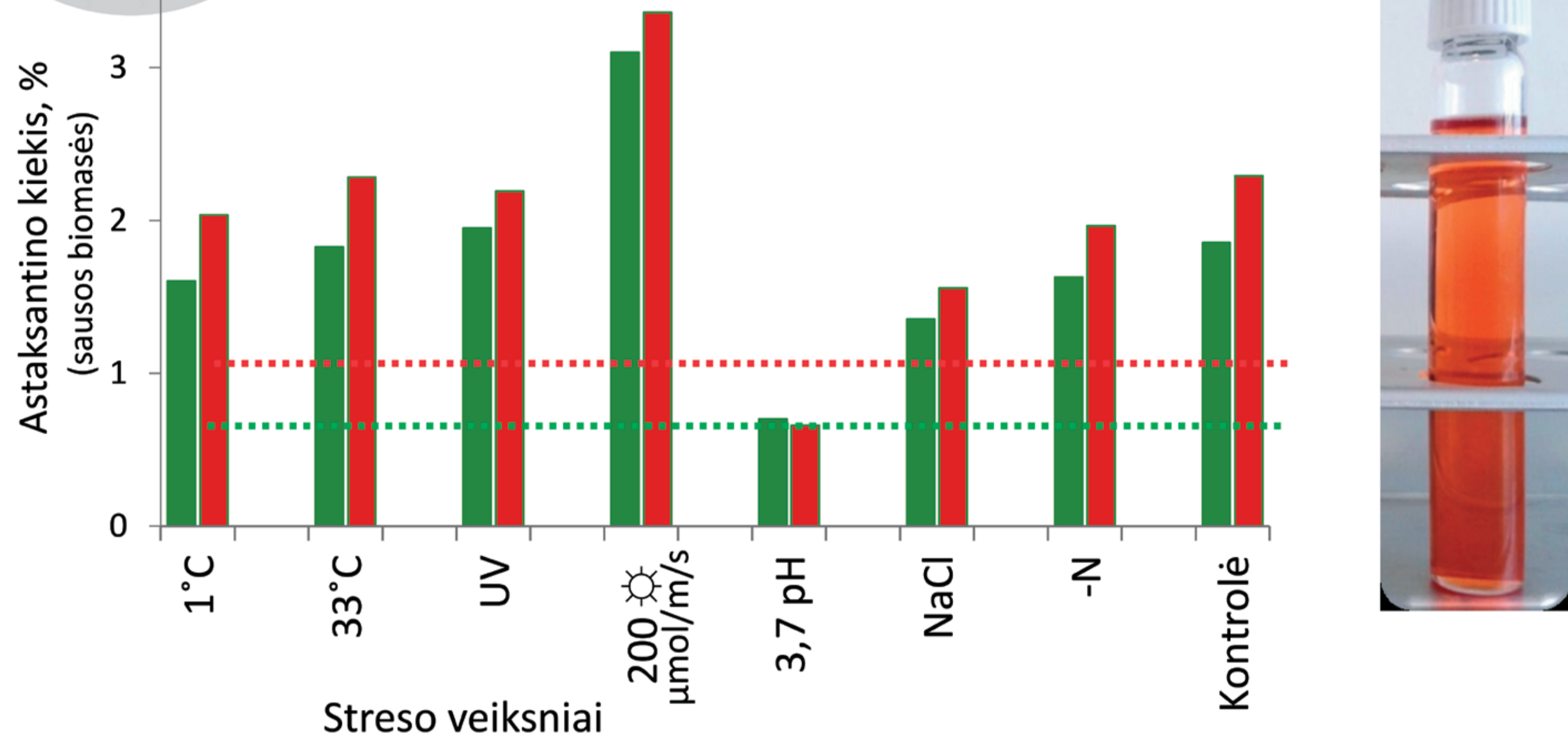


Lipidų kiekis ląstelėse įvertintas klasikiais ir inovatyviais *express* metodais. Nustatyta dažymo epifluorescenciniais BODIPY dažais efektyvumo priklausomybė nuo ląstelės apvalkalėlio struktūros, dažo koncentracijos ir ląstelių tankio mėginyje.

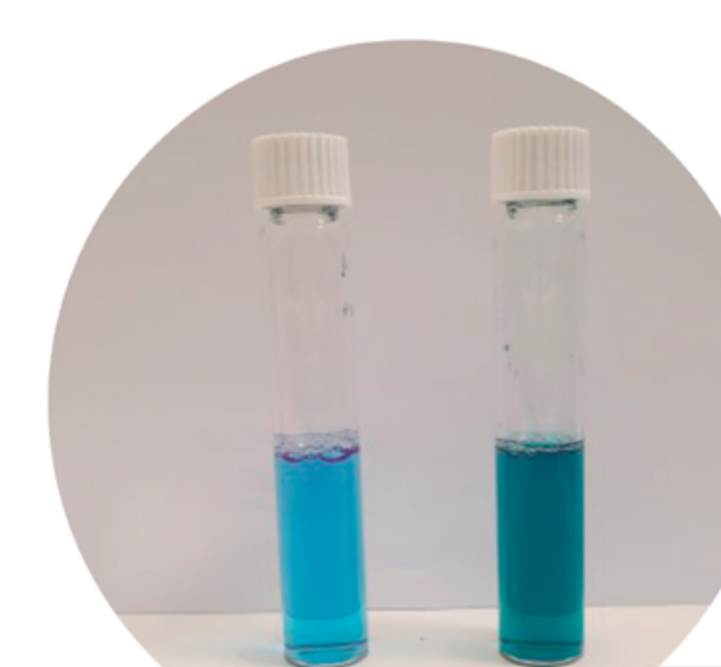


Haematococcus pluvialis izoliatų atranka ir optimizavimas

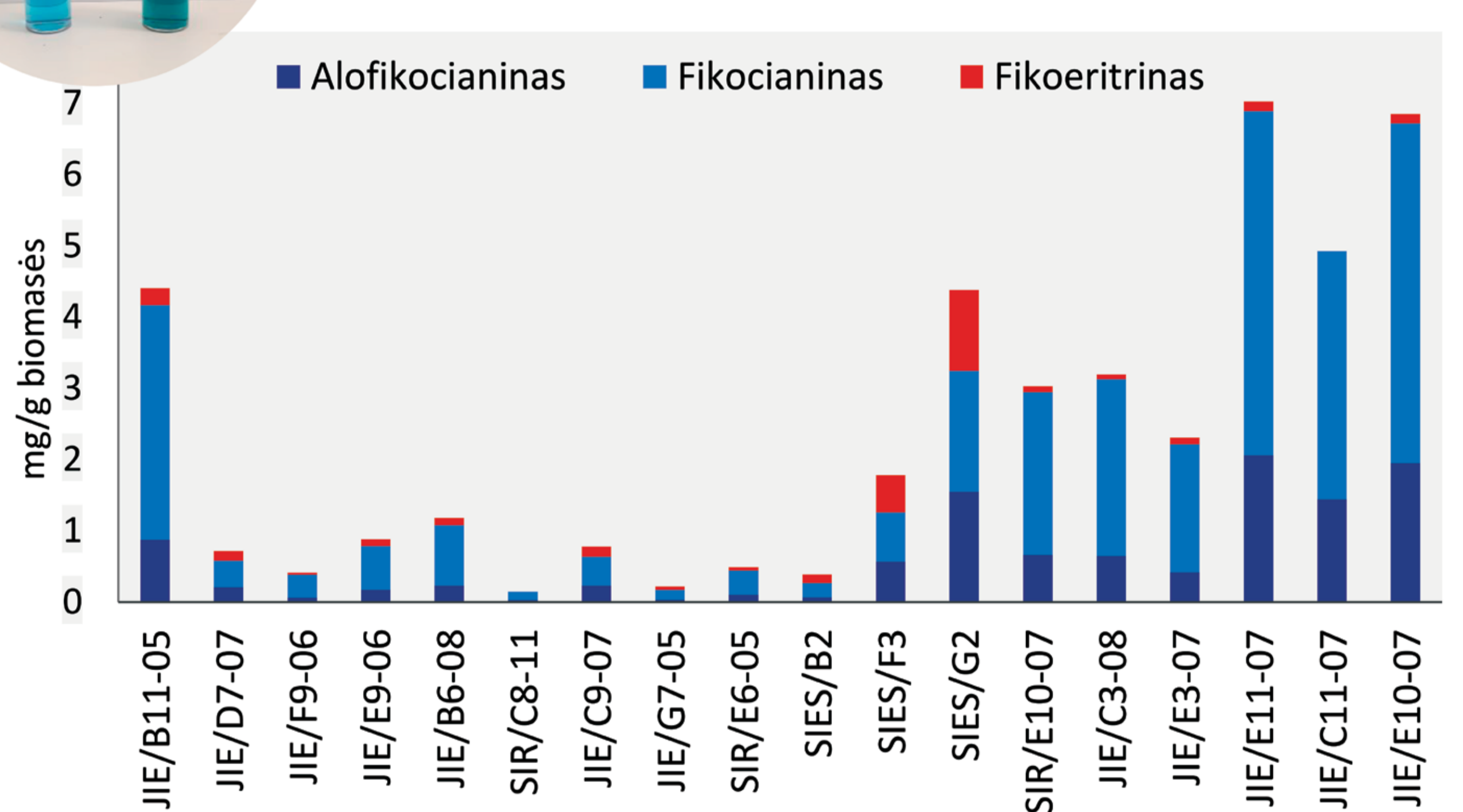
Astaksantino kaupimasis skirtingo streso sąlygomis



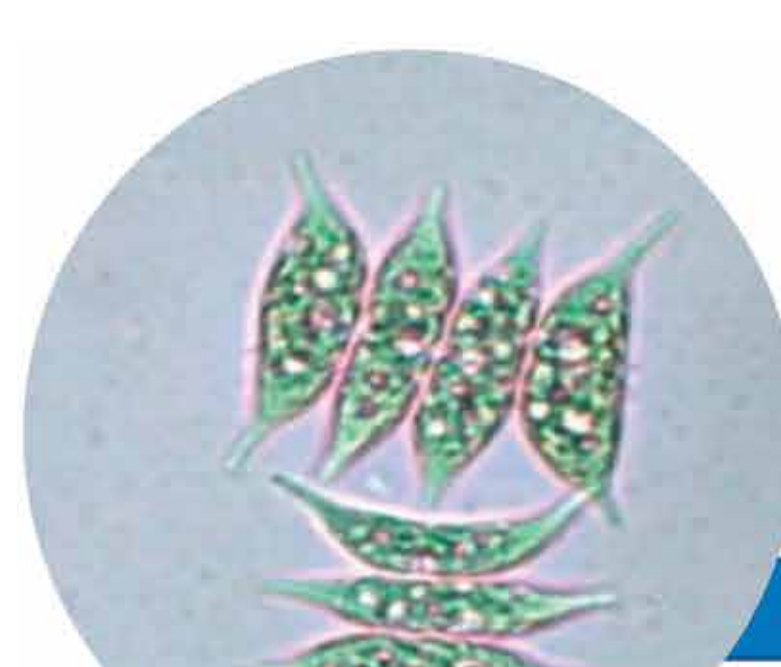
Optimizavus augimo sąlygas ir mitybinę terpę, *H. pluvialis* žaliadumblio izoliatas augimo greitis padidėjo nuo 0.67 d⁻¹ iki 1.06 d⁻¹. Cistų biomasėje buvo sukaupta > 3 % komerciškai vertingo karotenoido astaksantino.



Fikobiliproteinų kaupimo ypatumai melsvabakterėse

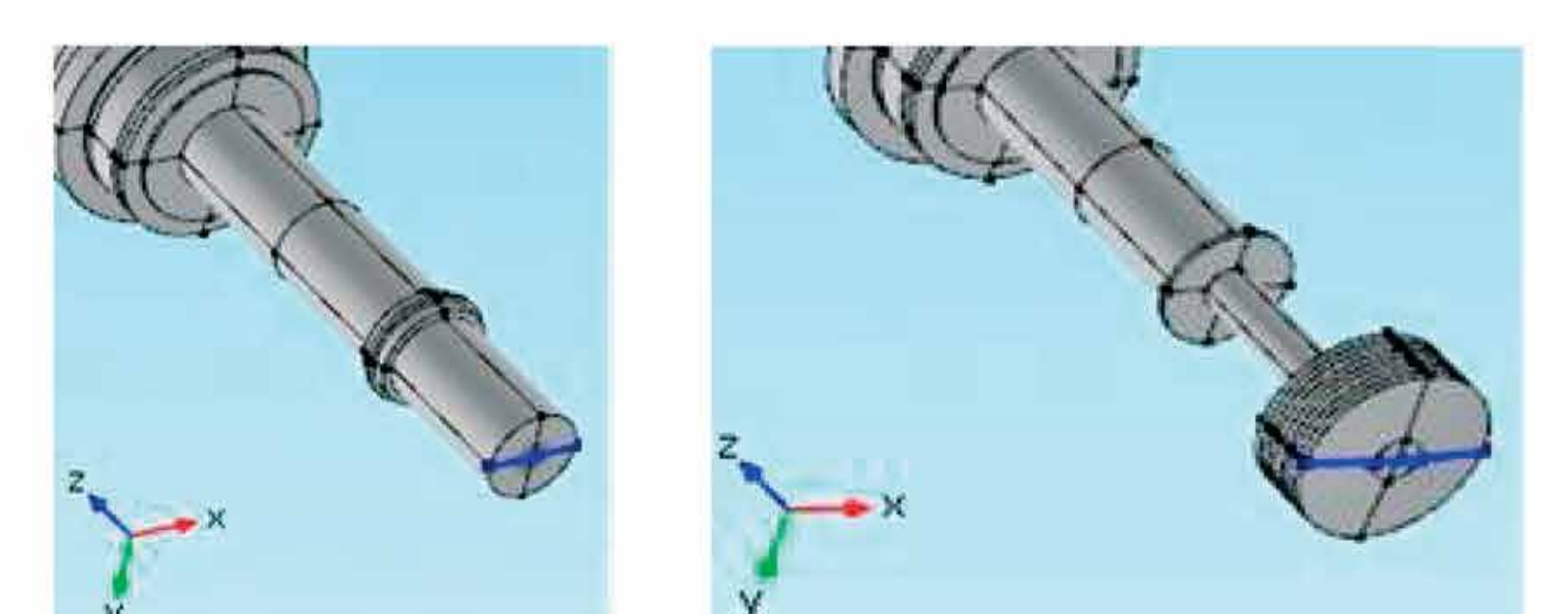


Temperatūra ir šviesos intensyvumas turėjo įtakos penkių melsvabakterių rūšių (28 izoliatai) augimo greičiui, biotechnologijoje plačiai taikomų fikobiliproteinų įvairovei ir produkcijai.



Dumblių ląstelių sienelių ardymas ultragarsine pjuzomechanine sistema

	Kontrolė (nepaveikta)	Dumblių ląstelių tankis mln./ml			
		Standartinis antgalis		Daugiasluoksnis diskas	
		1 min.	2 min.	1 min.	2 min.
<i>Scenedesmus obliquus</i>	12,2 ± 3,2	9,7 ± 1,3	8,5 ± 2,3	9,5 ± 3,2	9,3 ± 3,5
<i>Monoraphidium griffithii</i>	7,3 ± 1,5	3,6 ± 0,2	1,8 ± 0,1	6,8 ± 1,1	7,0 ± 1,1



Standartinis antgalis Daugiasluoksnis diskas

Dumblių kolonijų ir ląstelių ardymo efektyvumas ultragarsinėse pjuzomechaninėse sistemose siekė 53 % po 1–2 min. poveikio aukšto dažnio virpesiais. Tai rodo geras ultragarso taikymo perspektyvas biotechnologijoje, siekiant gauti didesnę tikslių produktų kieki.

Apibendrinimas

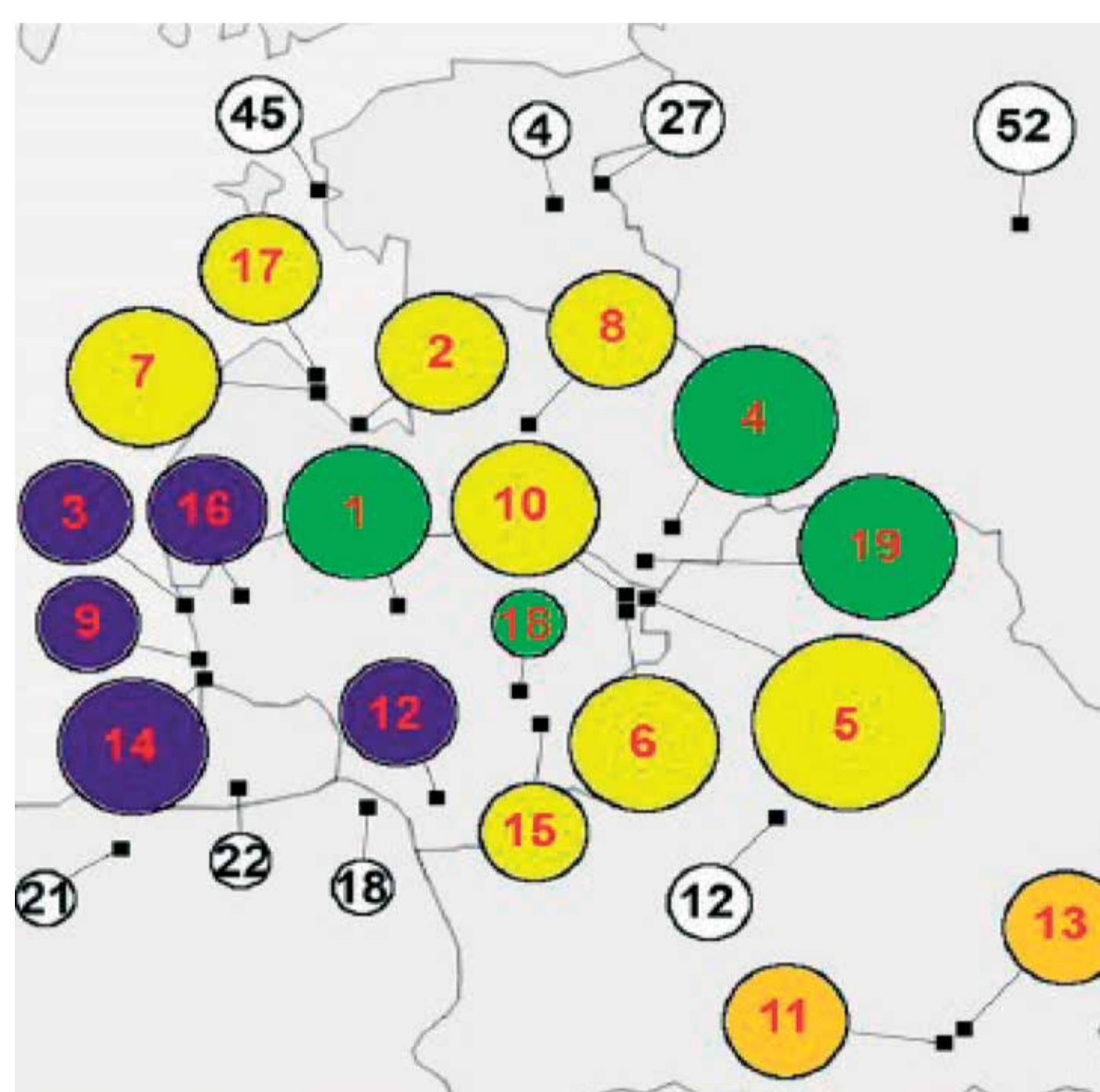
Dumblių ir melsvabakterių tyrimai leido įvertinti vietinių ir invazinių rūšių konkurencingumą ir produktyvumo sąsajas įvairios prigimties aplinkos veiksnių gradientu, jų stabilumą ir kaitą reguliuojančius veiksnius, nustatyti gėlavandenių ekosistemų tvarumo ypatumus globalios kaitos sąlygomis.

Gauti nauji duomenys apie dumblių ir melsvabakterių izoliatų kaupiamas biologiškai aktyvias medžiagas, atrinktos perspektyvios rūšys fitoremediacijai ir bioproduktų gamybai, įvertintos vietinių rūšių panaudojimo galimybės biotechnologijoje ir saugios ekologiškos aplinkos kūrimui.

D. Butkauskas, P. Prakas, E. Rudaitytė-Lukošienė, R. Vyšniauskienė,
D. Šneideris A. Ragauskas, V. Rančelienė
Molekulinės ekologijos laboratorija

1. Informatyvių molekulinį žymenų paieška ir panaudojimas paplitusių bei atkuriamų rūšių (mažųjų plūdenų, paprastųjų ešerių, aštrianopių erškėtu), migruojančių paukščių (keršulių, paprastųjų purpelių, europinių putpelių) genetinio kintamumo, populiacinės genetinės struktūros, migracinių kelių tyrimuose

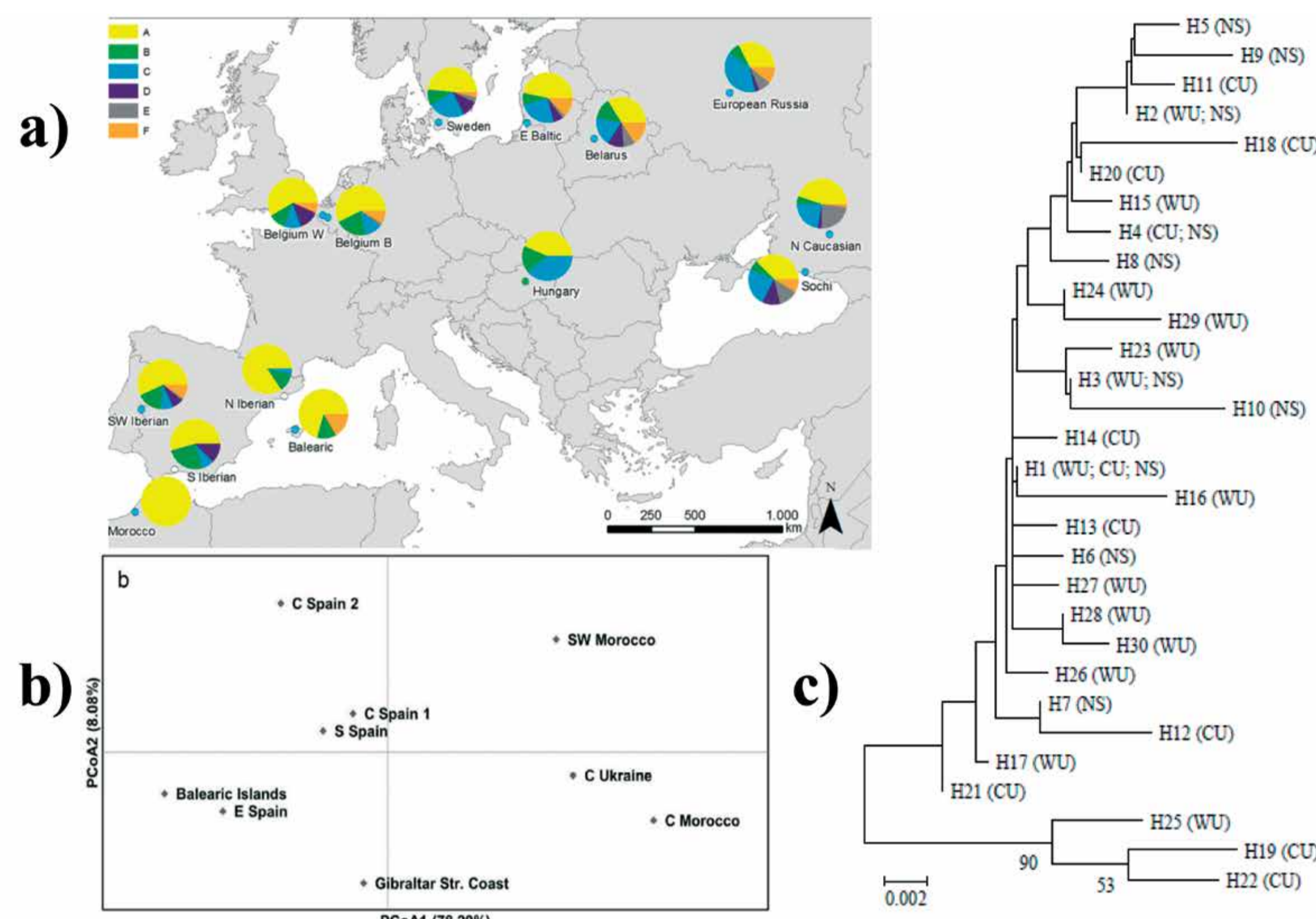
Remiantis DNR sekoskaitos ir fragmentų analizės duomenimis, atskleisti mažųjų plūdenų (*Lemna minor*) ir paprastųjų ešerių (*Perca fluviatilis*) (1 pav.) genetinės įvairovės ypatumai Lietuvos ir kaimyninių šalių teritoriniuose vandenyse. Sukaupiti mikrosatelitinių fragmentų, kai kurių branduolio genų ir mtDNR kontrolinio regiono sekoskaitos duomenys naudojami nustatant mūsų regione paplitusių rūšių populiacijų genetinę struktūrą, siekiant fiksuoti pokyčius, sąlygojamus intensyvėjančios antropogeninės veiklos Baltijos regione ir kaimyninėse šalyse.



1 pav. *Perca fluviatilis* haplogrupių pasiskirstymas Baltijos regione.

2. Remiantis gautais molekulinį tyrimų rezultatais, parengtos rekomendacijos, pasitarnausiančios tirtų paukščių biologinei įvairovei išsaugoti

Remiantis mtDNR sekoskaitos duomenimis atskleisti sėslių ir migruojančių karvelių keršulių (*Columba palumbus*), europinių putpelių (*Coturnix coturnix coturnix*) ir paprastųjų purpelių (*Streptopelia turtur*) populiacinės genetinės struktūros ypatumai Europoje (2 pav.).

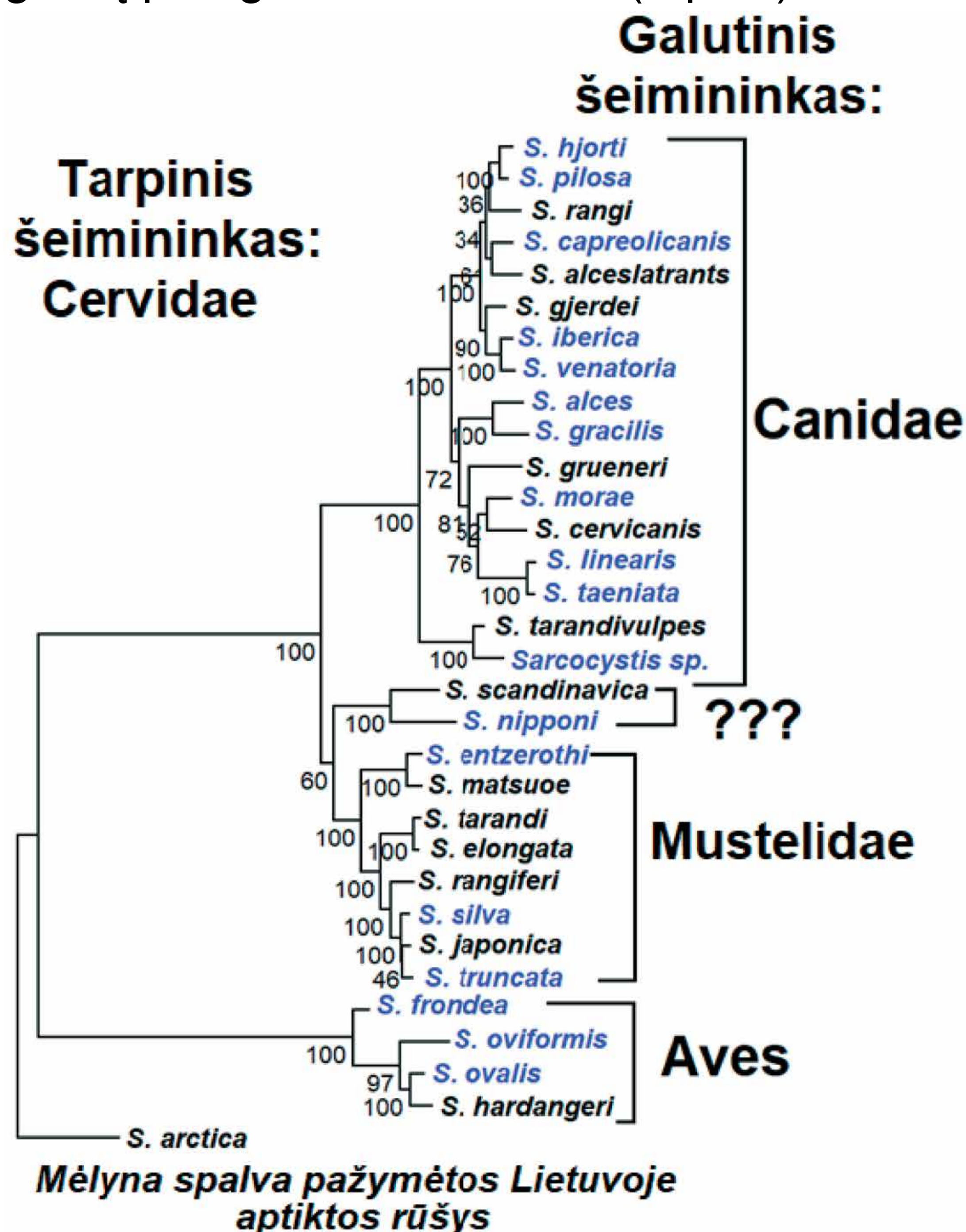


2 pav. Karvelių keršulių (*Columba palumbus*) haplogrupių pasiskirstymas Europoje (a), paprastųjų purpelių (*Streptopelia turtur*) tarp populiacinių ryšių, atskleisti PCo sistemoje (b) ir europinių putpelių (*Coturnix coturnix coturnix*) haplotipus siejantys filogenetiniai ryšiai (c).

Rengiant šių rūšių apsaugai aktualius gamtotvarkos planus rekomenduojame remtis sukaupytų molekulinį duomenų analizės rezultatais, pagrindžiančiais genotipiškai savitų subpopuliacijų egzistavimą.

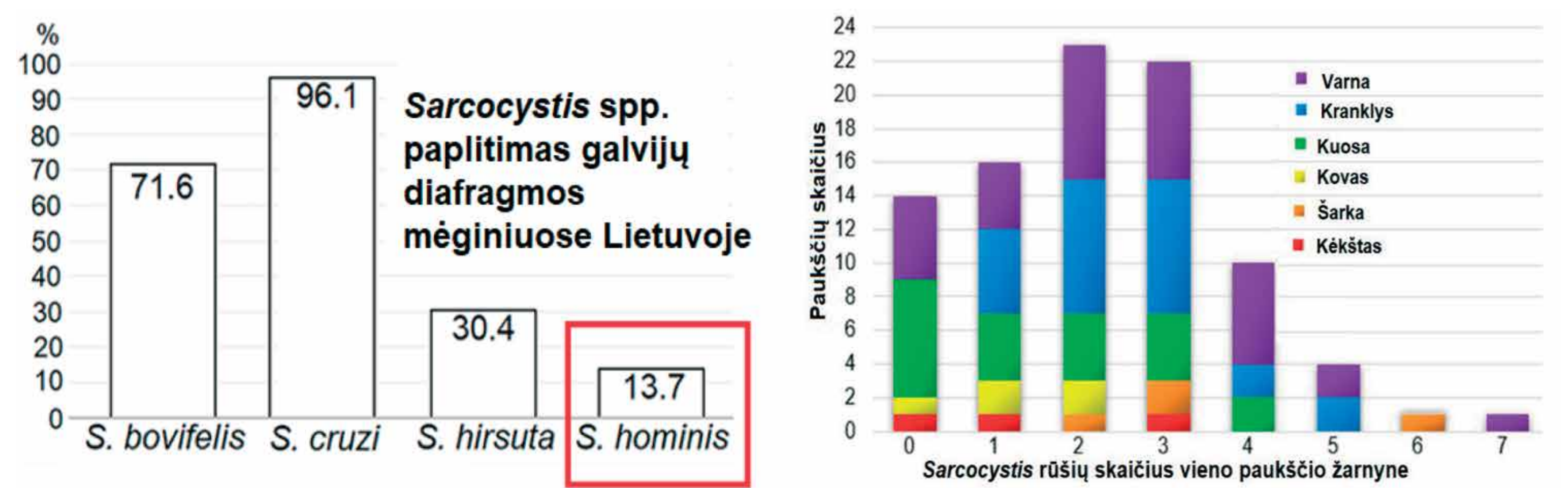
3. Taikant tradicinius morfologinius-parazitologinius ir molekulinį tyrimų metodus gauta svarbių fundamentalių žinių apie *Sarcocystis* genties pirmuonių parazitus

- Nustatyta, kad *Sarcocystis* infekcijos ekstensyvumas ir intensyvumas priklauso nuo šeimininko rūšies, amžiaus, gyvenamosios aplinkos. Aukštas užsikrėtimo laipsnis nustatytas Lietuvoje medžiojimuose stambiuosiuose žinduoliuose, o paukščiuose – vidutinis arba žemas.
- Sarcocystis* rūšys, pasižymi skirtingu specifiskumu tarpiniam šeimininkui. Atskleista, kad mažesnio specifiskumo rūšys yra patogeniškesnės.
- Sarcocystis* spp. padėtis filogenetiniame medyje nurodo parazitų ir jų šeimininkų koevoliucinius ryšius.
- Rekomenduojame filogenetinę analizę naudoti nuspėjant galimus *Sarcocystis* spp. platintojus ir aptiktų parazitų giminingumą patogeninėms rūšims (3 pav.).



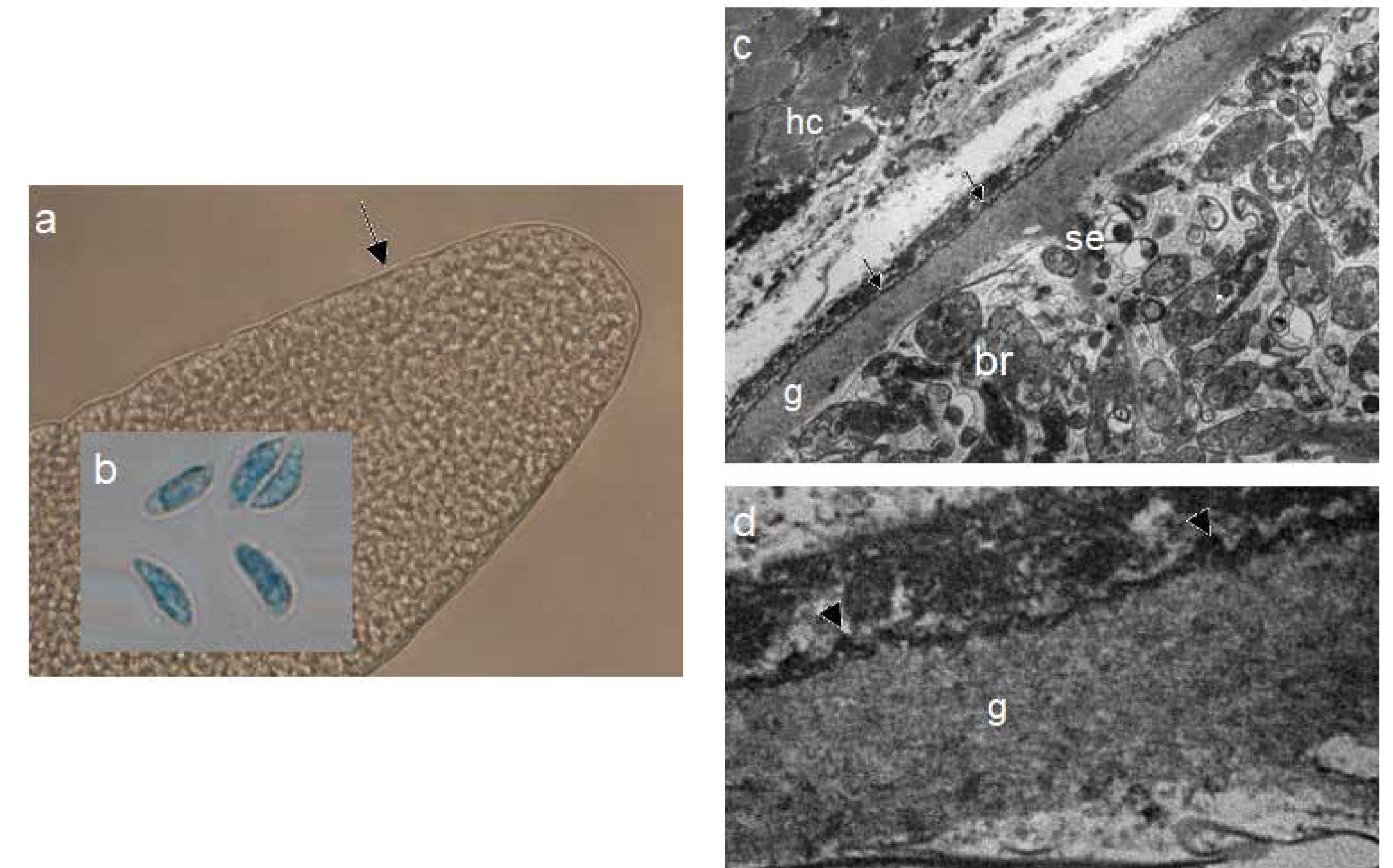
4. DNR sekų analize grindžiamų *Sarcocystis* genties rūšių identifikacijos metodikų vystymas

- Sukurtos molekuline analize pagrįstos metodikos nustatant *Sarcocystis* rūšis tarpinių šeimininkų raumeninių audinių pavyzdžiuose ir galutinių šeimininkų plonojo žarnyno mėginiuose.
- Derinami du identifikacijos tarpiniuose šeimininkuose būdai: 1) pavienių sarkocistų izoliacija ir molekulinis charakterizavimas, 2) raumenų virškinimas, rūšiai specifinis PGR ir sekoskaita.
- Identifikacija galutiniuose šeimininkuose: oocistų/sporocistų izoliavimas iš plėšrūnų/visaėdžių žarnynų, gDNR išskyrimas, lizdinė PGR ir sekoskaita.
- Sarcocystis* rūšims identifikuoti rekomenduojame naudoti: paukščiuose, plėšriuosiuose žinduoliuose (Carnivora) ir graužikuose (Rodentia) aptinkamiems parazitams – 28S rRNR ir *ITS1*, porakanopiuose žinduoliuose (Artiodactyla) randamiems parazitams – *cox1*.
- Sukurta molekulinė diagnostinė metodika, identifikuojanti žmogui patogeninę *S. hominis* rūšį. Metodiką siūlome naudoti epidemiologiniuose tyrimuose ir testuojant jautienos ir jos produktų saugumą.



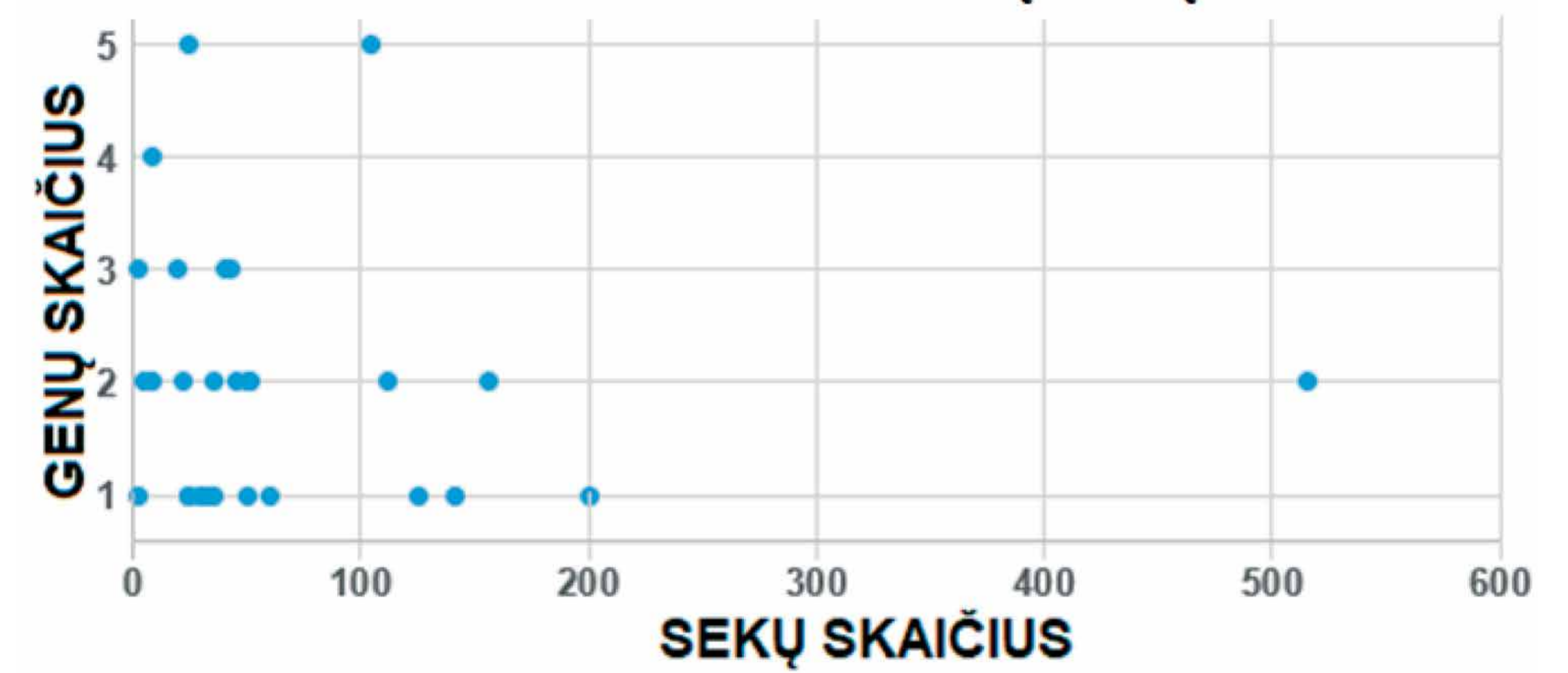
5. Pildomos ir saugomos GTC etaloninės *Sarcocystis* rūšių kolekcijos, o gautos DNR sekos deponuotos atviros prieigos duomenų bazėse

- Aprašytos 6 naujos *Sarcocystis* rūšys: *S. entzerothi*, *S. nipponi*, *S. frondea*, *S. fulicae*, *S. ratti* ir *S. kutkienae*, aptinkamos graužikų, elnių ir paukščių raumenyse.



- Laboratorijoje saugoma 48 *Sarcocystis* rūšių DNR, išskirta iš individualių sarkocistų.
- Publikuoti 29 moksliniai straipsniai, kuriuose referuojama apie laboratorijoje gautų DNR sekų paskelbimą NCBI Genų banke. Iš viso deponuotos 2004 sekos.

VIENAME STRAIPSNYJE DEONUOTŲ SEKŲ SKAIČIUS



Svarbiausi pasiekimai

- Įgyvendinant programos uždavinius, buvo vykdomi 6 moksliniai projektai, tarp kurių vienas tarptautinis.
- Aprašytos ir užregistruotos 6 mokslui naujos *Sarcocystis* genties rūšys. Šių organizmų elektroninės mikroskopijos tyrimų medžiaga ir DNR saugoma GTC.
- Gauti rezultatai publikuoti 37 straipsniuose „ISI Web of Science“ periodiniuose leidiniuose, turinčiuose citavimo indeksą (iš jų 24 Q1–Q2 kvartilij).
- Vykdam aktyvų tarptautinį bendradarbiavimą, 19 mokslinių straipsnių publikuota kartu su partneriais iš 15 valstybių. Penki užsienio mokslininkai buvo atvykę į laboratoriją vykdyti programą, o vienas programos vykdytojas buvo išvykęs į užsienį.
- Gauti rezultatai viešinti daugiau kaip 40 tarptautinių ir nacionalinių konferencijų, skelbti keliuose moksliniuose straipsniuose.
- Programos tema parengtos 2 daktaro disertacijos, rengiamos 3 daktaro disertacijos. Parengta 20 bakalauro ir magistro darbų.

Kuršių Nerijos pušis pažeidžiančių fitoplazmų molekulinis tyrimas

D. Valiūnas, A. Ivanauskas, M. Žižytė-Eidetienė,
D. Šneideris, M. Dėlkus
Augalų patologijos laboratorija

UNESCO saugomoje Kuršių nerijos nacionalinio parko teritorijoje ėmė masiškai ruduoti pušų spygliai ir džiūti jų ūgliai

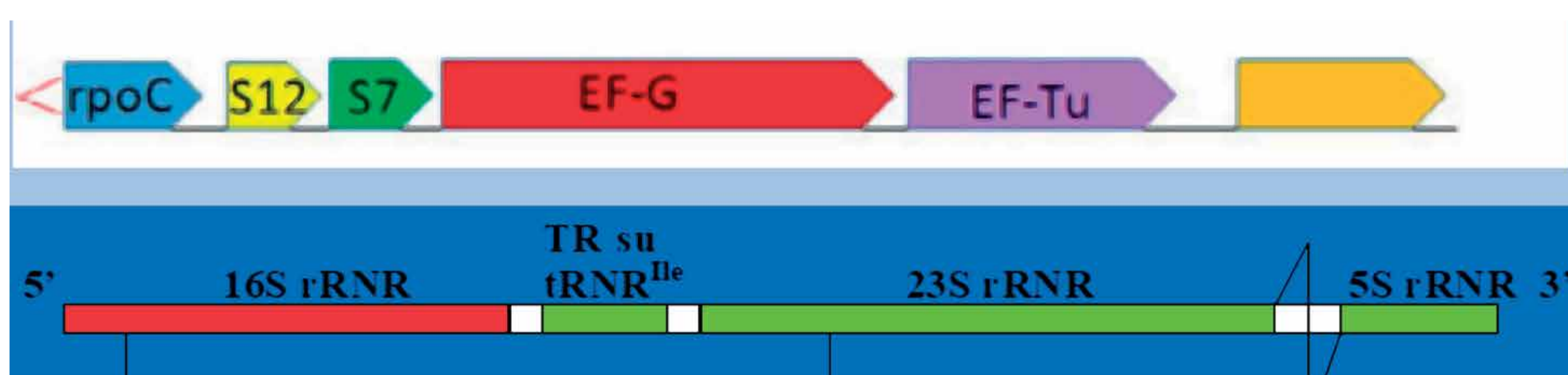
UNESCO saugojamoje Kuršių nerijos teritorijoje '*Candidatus Phytoplasma pini*' fitoplazma (karnienoje parazituojanči viduląstelinė patogeninė *Mollicutes* klasės bakterija) buvo identifikuota 80% simptominių pušų.



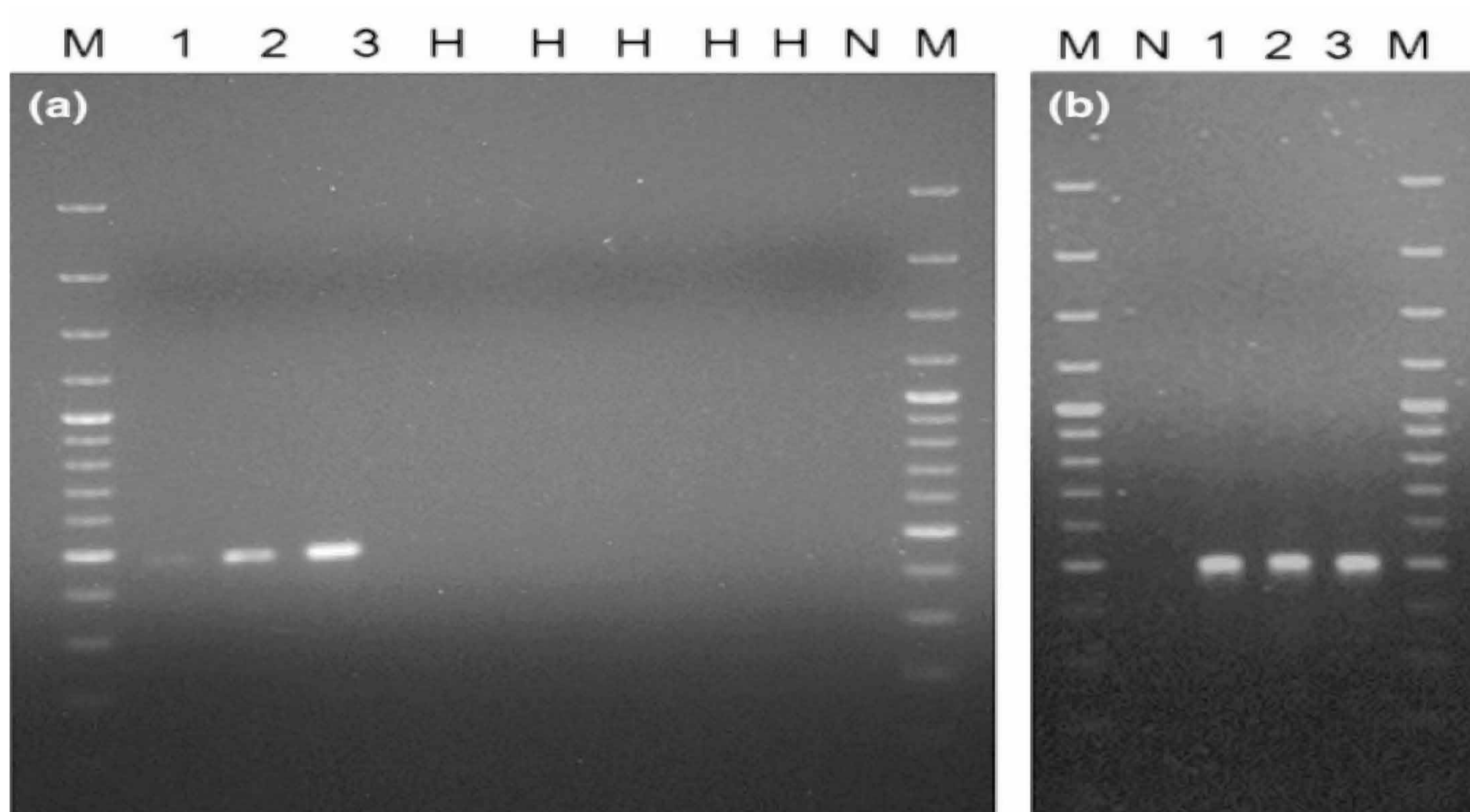
1 pav. Fitoplazmų sukeltų pušų ligų simptomai: proliferacija ir gausus šakojimasis, šakų deformacija, augalo džiūvimas, spyglių susmulėjimas, sutrumpėjimas ir pageltimas ar paraudimas, „raganų šluotos“, kamuoliškos struktūros.



Naujų molekulinė DNR žymenų kūrimas biologinės įvairovės ir vidurūšinės divergencijos tyrimams



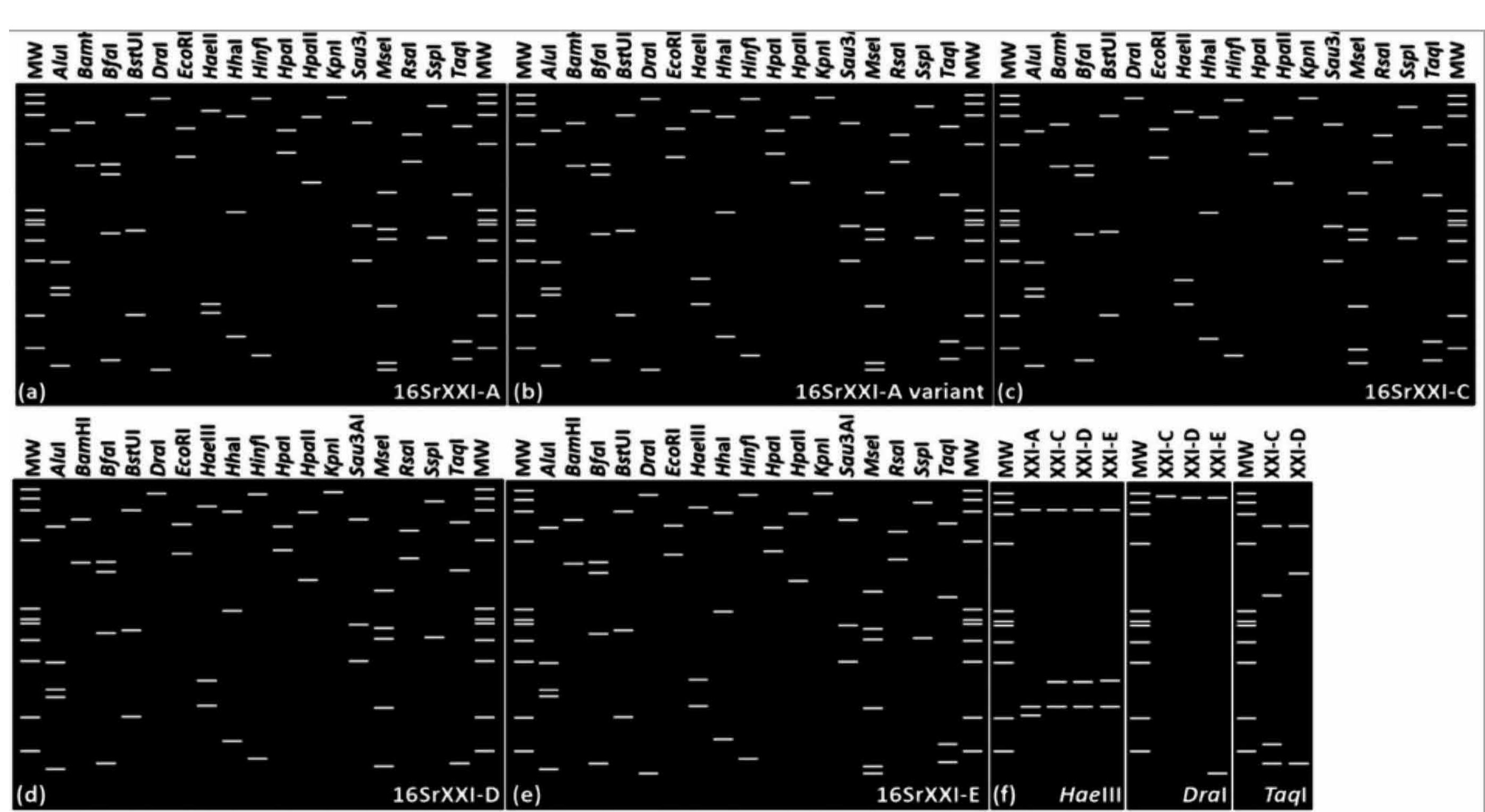
2 pav. Pasirinkti fitoplazmų genomo fragmentai koduojantys 16S rRNR ir translacijos elongacijos faktoriaus EF-TU (*tuf*) genus.



3 pav. 16S rRNR ir *tuf* (EF-TU) žymeninių (markerinių) genų fragmentų pagausinimas, naudojant naujai sukurtus pradmenis. Gauti PGR produktai: (a) 484 bp 16S rRNR; (b) 513 bp *tuf*; H, sveikas augalas; N, neig. K.

Sukurtas greito ir patikimo '*Candidatus Phytoplasma pini*' ('*Ca. P. pini*') (16SrXXI-A pogrūpis) Lietuvoje paplitusios pušų fitoplazmos aptikimo ir identifikavimo metodas. Fitoplazmų kiekiai sumedėjusiuose plikasėkliuose augaluose (jų karnienoje) yra labai maži, todėl jiems aptikti ir identifikuoti yra naudojama daug laiko užimanti lizdinė PGR (dvi pradmenų poros ir dvi PGR reakcijos). Tyrimams atlikta kalninėse pušyse Kuršių nerijoje aptiktos fitoplazmos dalinė genomo sekoskaita, naudojant naujos kartos sekoskaitos (NGS) technologiją. Iš gautų sekų buvo pasirinktos sekos koduojančios 16S rRNR ir translacijos elongacijos faktoriaus EF-TU (*tuf*) genus. Šių sekų ir sekų iš Genų banko duomenų bazės (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) pagrindu sukūrėme pradmenis ir atitaikėme PGR sąlygas tiesioginei PGR, kurios metu pagausinami 484 bp 16S rRNR ir 513 bp *tuf* genų fragmentai, kurie yra specifiniai šiai fitoplazmai. Tai leidžia greitai aptikti ir indentifikuoti ('*Ca. P. pini*') fitoplazmas. Be to, tyrimams pritaikytas ir *secA* genas (Valiūnas ir kt., 2019; Šneideris ir kt., 2021).

Derinant metodus, peržiūrėta ir patobulinta pušų fitoplazmų sistematika, nustatyta jų įvairovė ir vabzdžiai šeimininkai



4 pav. Pušų fitoplazmų PGR produktų *in silico* restrikcijos fragmentų ilgio polimorfizmo analizės profiliai.



5 pav. Nustatyti pušų fitoplazmų šeimininkai amarai

Praplėstos žinios apie Lietuvoje ir pasaulyje aptinkamų pušų fitoplazmų įvairovę.

Papildomi sekoskaitos duomenys ir *in silico* restrikcijos fragmentų ilgio polimorfizmo analizė leido patikslinti kai kurių 16SrXXI-A fitoplazmų pogrūpio atstovų taksonominę padėtį ir buvo išskirti į naujus 16SrXXI-C ir 16SrXXI-D fitoplazmų pogrūpius; taip pat nustatyta fitoplazma, priklausanti naujam 16SrXXI-E fitoplazmų pogrūpiui (Valiūnas ir kt., 2019; Marcone, Valiūnas ir kt., 2021; Ivanauskas ir kt., 2022).

Nustatyti '*Candidatus Phytoplasma pini*' (16SrXXI fitoplazmų klasifikacinės sistemos grupė) vabzdžiai šeimininkai, priklausantys Aphididae šeimos *Cinara* (*Cinara*) *pini*, *Cinara* (*Cinara*) *piniphila*, *Cinara* (*Shizolachnus*) *pineti* rūšims. Šie vabzdžiai gali būti panaudoti kalnines pušis (*Pinus mugo*) infekuojančių fitoplazmų plitimo stebėsenai ir diagnostikai (Ivanauskas ir kt., 2022).

Rezultatų pagrindu parengtos rekomendacijos biologinei įvairovei išsaugoti ir ekologiškai būklei gerinti laukinėje gamtoje

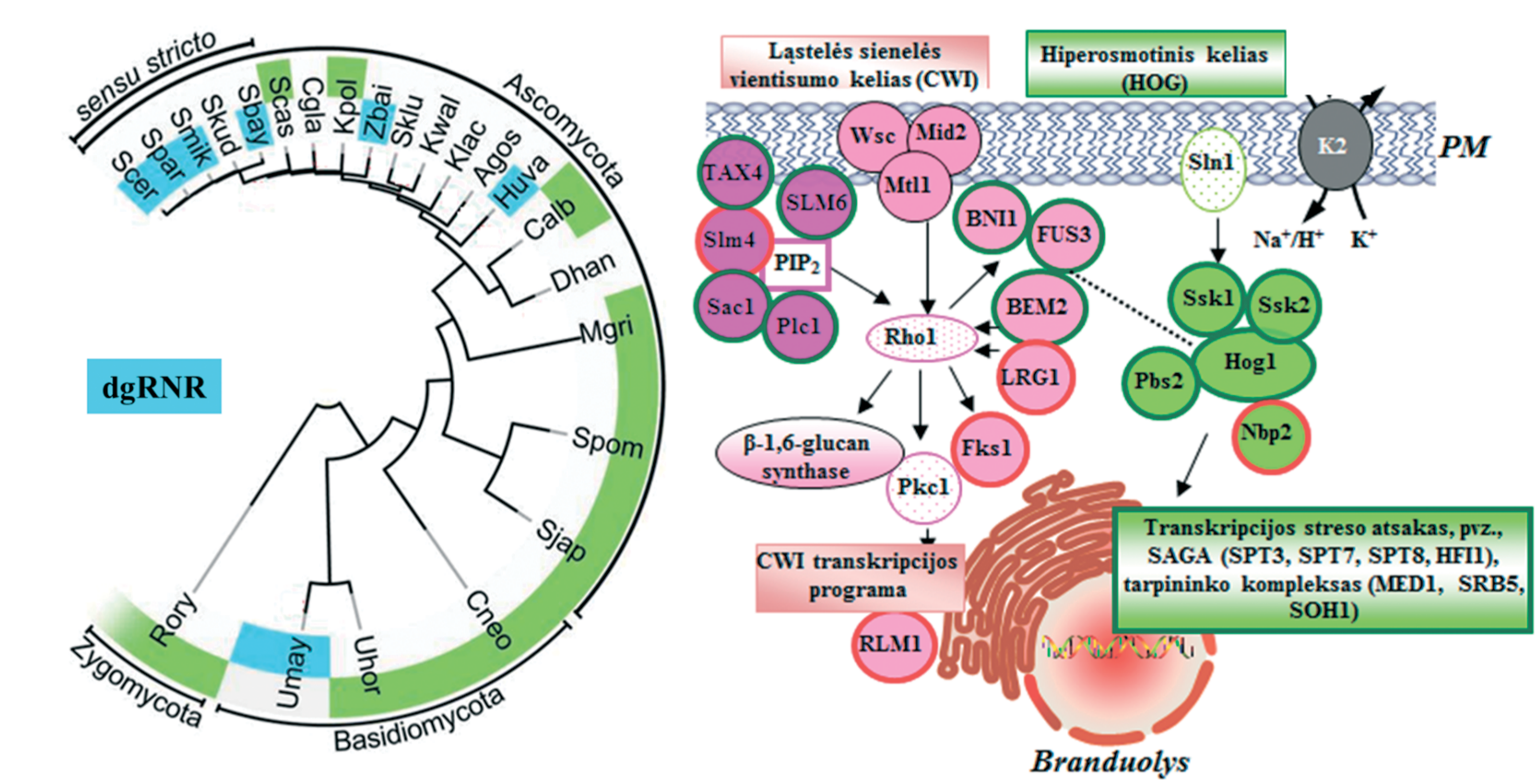
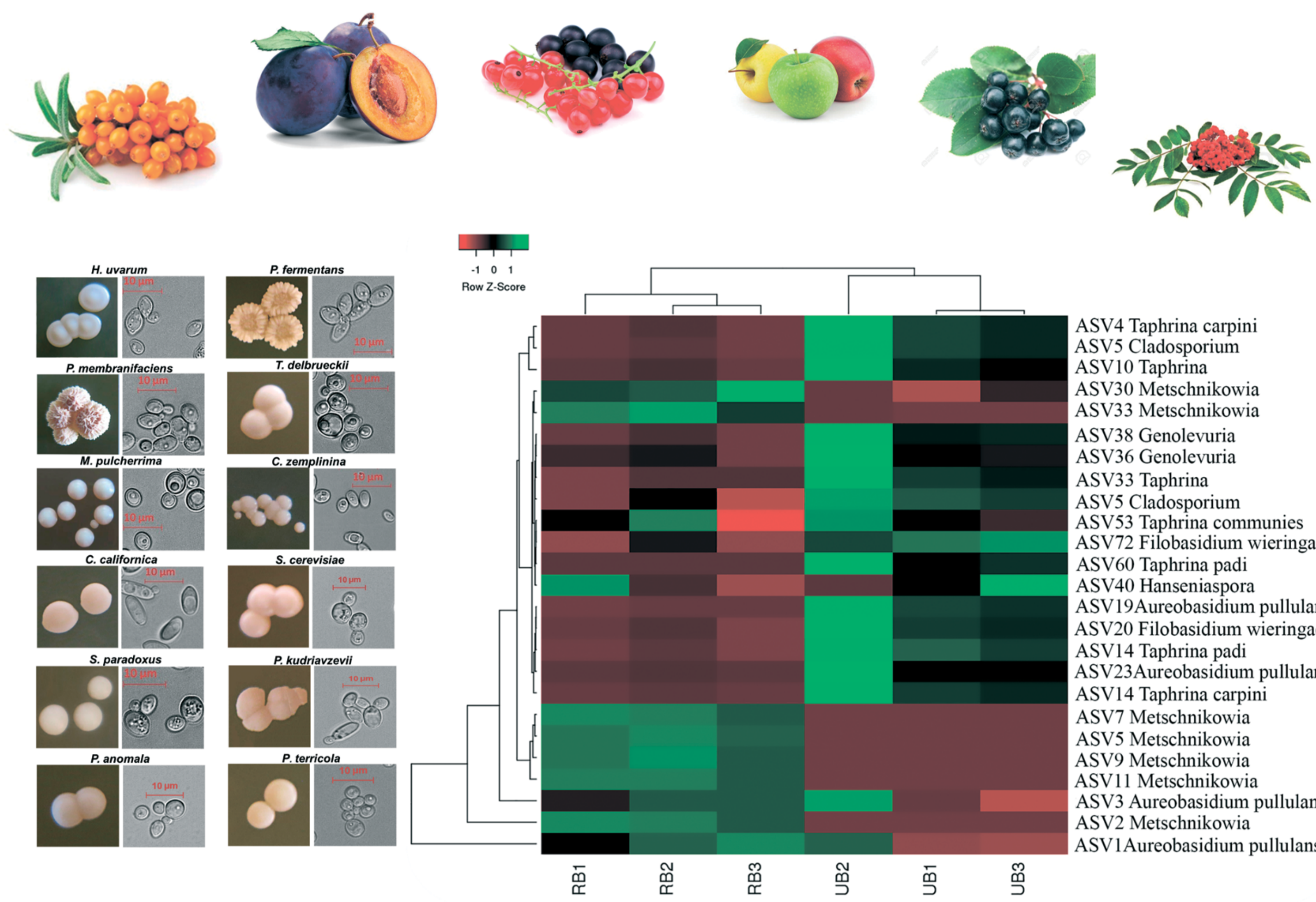
1. Pušų ligas sukeliančių '*Candidatus Phytoplasma pini*' fitoplazmų diagnostikai ir identifikavimui tinkami naudoti yra 16S rRNR, *rp*, *secY*, *secA* ir *tuf* genetiniai žymenys. Sukurta metodika greitai ir patikimai identifikuoti fitoplazmą, pagausinant minėtų genų fragmentus.
2. Identifikavus fitoplazminę infekciją, kalninių pušų (*Pinus mugo*) fitoplazminių ligų kontrolei rekomenduojame naudoti simptomatinių pušų kirtimą, atsodinimą naujomis, geriausia – paprastosiomis pušimis (*Pinus sylvestris*) ir amarų (Aphidoidea), kaip fitoplazmų vabzdžių šeimininkų, stebėseną.
3. Amarai, kaip pušų geltligę sukeliančių fitoplazmų šeimininkai, gali būti panaudoti jų ankstyvajai diagnostikai ir kalninių pušų populiacijų stebėsenai.

Rezultatai naudingi Valstybinei augalininkystės tarnybai, Kuršių nerijos nacionalinio parko administracijai, LAMMC Miškų institutui, VĮ Valstybiniam miškotvarkos institutui, Kretingos urėdijai ir Valstybinei miškų tarnybai.



Molekuliniai, funkciniai ir evoliuciniai procesai, reakcijos bei organizmų sąveikos skirtingo kompleksiško biosistemose, adaptacija ir atsparumas įvairios kilmės stresoriams

Kęstutis Arbačiauskas, Laima Baltrūnaitė, Elena Servienė



Ištirta laukinių smulkiųjų žinduolių (pelnių, pelėnų, kirstukų) žarnyno mikrobiotos sudėtis ir nustatyti ją formuojantys veiksniai, iš kurių svarbiausias yra šeimininko rūšis (evoliucinis veiksnys), lyginant su mitybos ir aplinkos (buveinės) veiksniais.

Atlikta metagenominė graužikų žarnyno mikrobiotos analizė parodė aiškų jos išsiskyrimą tarp laukinių ir laboratorinių grupių. Atlikti detalūs graužikų žarnyno *Lactobacillus* ir *Bifidobacterium* genčių bakterijų genominiai tyrimai, identifiikuotos rūšys, įvertinti ekologiniai ir evoliuciniai tarpusavio ryšiai ir mechanizmai; gautos fundamentinės žinios svarbios medicinai, žarnyno mikrobiotos moduliacijoje.

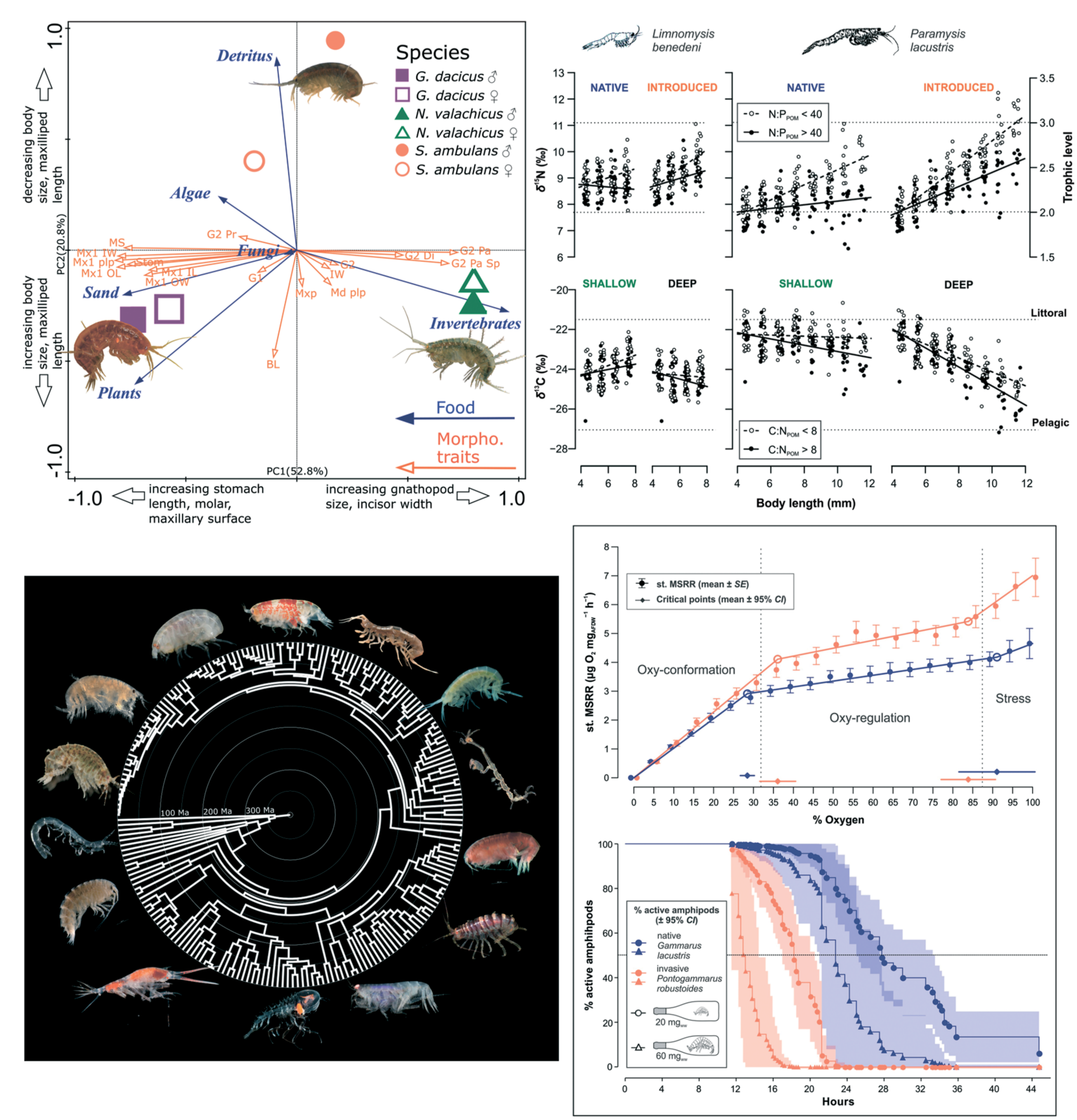
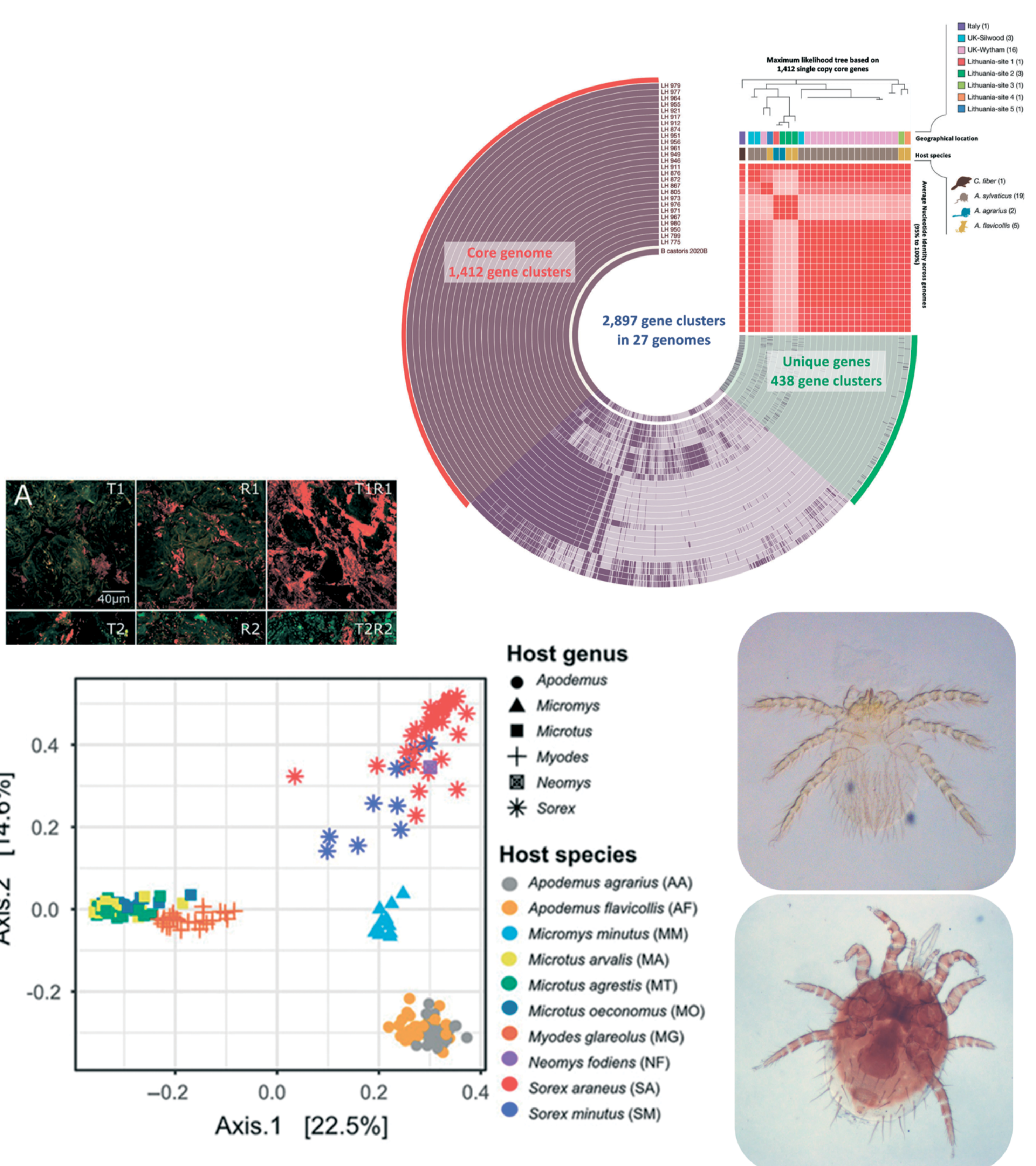
Smulkiųjų žinduolių kraujo parazitų (Protista) ir ekto parazitų (Ixodida, Mesostigmata, Trombidiformes) tyrimų metu pirmą kartą Lietuvoje registruoti *Trypanosoma* ir *Hepatozoon* genčių kraujo parazitai, ekto parazitų fauna papildyta 2 Lietuvai naujomis rūšimis – *Laelaps clethrionomydis* ir *Neotrombicula japonica*. Detali įvairių veiksnių įtakos Mesostigmata būrio erkių gausumui analizė parodė, kad svarbiausi šių parazitų bendrijas formuojantys veiksniai yra šeimininko rūšis ir buveinė.

Pritaikius aukšto našumo sekoskaitos ir mikroorganizmų kultivavimo technologijas, ištirta, kad mikroorganizmų bendrijų struktūra ant kultūrinių ir laukinių augalų vaisių priklauso nuo augalo-šeimininko savybių ir išorinės aplinkos; taip pat galima teigti, kad bakterijų, grybų ir vienląsčių parazitinių pirmuonių paplitimas vandens ir dirvožemio ekosistemose yra veikiamas antropogeninės taršos.

Nustatyta, kad mikroorganizmų fiziologinės charakteristikos, gebėjimas sintetinti bioaktyvius junginius lemia atskirų mikroorganizmų tarpusavio suderinamumą, įsitvirtinimą gamtinėje aplinkoje ir prisideda prie mikroekosistemos struktūros reguliavimo ir tvarumo išlaikymo.

Išanalizavus mielių biocidinių sistemų funkcionavimo mechanizmus, pademonstruota, kad ląstelių-taikinių koduojami genetiniai veiksniai ir jų sąveikos yra esminiai, moduluojant atsaką į biocidinių medžiagų sukeltą stresą ir fundamentiniame lygmenyje pagilina supratimą apie streso valdymo galimybes.

Nustatyta, kad virusinės biocidinės sistemos turi minimalų poveikį mielės-šeimininkės genų raiškai, kas įrodo ilgalaikį prisitaikymą ir pateikia įžvalgų apie viruso ir šeimininko suderinamumą ir bendrus biologinių sistemų adaptacijos mechanizmus.



Pirmąkart nustatyti ryšiai tarp gėlavandenių šoniplaukų mitybos ir morfologijos parodė, kad pastarąją galima naudoti kaip jų mitybinės nišos rodyklę.

Stabiliųjų izotopų tyrimai parodė, kad Lietuvoje svetimkraštės Ponto–Kaspijos mizidės naujai kolonizuotose ekosistemose eksploatuoja platesnę mitybinę nišą nei natūraliame areale. Eksploatuojamą nišą veikiausiai lemia vandens telkinio gylis, konkurentų (ne)buvimas ir stochiometrija.

Respirometriniai ir išgyvenimo tyrimai parodė, kad Lietuvoje invazinė Ponto–Kaspijos kietašarvė šoniplauka yra gerokai jautresnė deguonies stygiui nei vietinė ežerinė šoniplauka. Tai paaiškina ribotą invazinės rūšies paplitimą Lietuvos ežeruose.

Pirmoji pasaulyje viso šoniplaukų Amphipoda būrio molekulinė filogenija su sukalibruota laiko skale atskleidė seną būrio kilmę (vėlyvajame paleozojuje), tačiau palyginti jauną ekologinę radiaciją (kainozojuje). Tai leidžia manyti, kad šiltėjantis klimatas ribojo šaltamėgių vandens vėžiagyvių diversifikaciją.

IIMTEP programa „Biologinių sistemų funkcijų, reakcijų, adaptacijos tyrimai ir taikymo perspektyvos“, 2017–2021 m.

Vadovas - prof. dr. K. Arbačiauskas