Godos Norkutės disertacija

**Autorius:** Goda Norkutė

**Disertacijos pavadinimas:** Tris svarbias miško medžių ligas – alksnių džiūtį, guobų marą ir uosių džiūtį sukeliančių invazinių patogenų populiacijų tyrimai

**Mokslo kryptis:** Ekologija ir aplinkotyra 03 B

**Mokslinis vadovas:** dr. V. Lygis

**Doktorantūros studijų laikotarpis:** 2013-1017

**Santrauka**

Pagrindinis šio darbotikslas buvo apibūdinti trijų invazinių patogenų populiacijas: alksnių džiūties sukėlėjo *Phytophthora alni* sensu lato – septyniose Europos šalyse (daugiausiai dėmesio skiriant Lietuvai ir Šveicarijai), guobų maro sukėlėjo *Ophiostoma novo-ulmi* - tik Lietuvoje, ir uosių džiūties sukėlėjo *Hymenoscyphus fraxineus* - Lietuvoje ir Šveicarijoje.

Šiame darbe buvo tirtos ir palygintos džiūstančių alksnių aplinkoje aptinkamų mikroorganizmų bendrijos Lietuvoje ir Šveicarijoje. *Phytophthora* x *alni* ir *P. uniformis* populiacijos tirtos panaudojant medžiagą, surinktą septyniose Europos šalyse; tyrimai atskleidė didelę *P.* x *alni* ir mažą *P. uniformis* genotipinę įvairovę.

Guobų maro tyrimų metu surinkti duomenys leidžia teigti, kad Lietuvoje šią ligą sukelia išimtinai *O. novo-ulmi*, o jo populiacijos pasižymi vidurūšiniaishibridais. Vegetatyvinio suderinamumo testų pagalba nustatyta didelė šio patogeno populiacijų genotipinė įvairovė, kas rodo aukštą vidurūšinės rekombinacijos laipsnį.

*H. fraxineus* populiacijų tyrimai parodė, kad Lietuvoje šio patogeno populiacijos pasižymi aukšta genotipine, bet žema genetine įvairove: visi identifikuoti multilokusų genotipai pateko į vieną genetinį klasterį be pastebimo erdvinio pasiskirstymo. Skirtingu laiku atlikti palyginamieji *H. fraxineus* virulentiškumo tyrimai suteikė patikimus duomenis apie atskirų šio patogeno izoliatų virulentiškumą. Tyrimai taip pat parodė, kad virulentiškumas nekoreliuoja su tų pačių izoliatų grybienos augimo greičiu kultūroje (*in vitro*).

Publikacijos

1. Lygis V, Prospero S, Burokiene D, Schoebel CN, Marciulyniene D, **Norkute G**, Rigling D, 2017. Virulence of the invasive ash pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* in old and recently established populations. *Plant Pathology* **66**, 783–791.
2. Motiejūnaitė J, Kutorga E, Kasparavičius J, Lygis V, **Norkutė G**, 2016. New records from Lithuania of fungi alien to Europe. *Mycotaxon* **131**, 49–60.
3. Burokienė D, Prospero S, Jung E*,* Marciulyniene D, Moosbrugger K, **Norkute G**, Rigling D ,Lygis V, Schoebel CN, 2015. Genetic population structure of the invasive ash dieback pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* in its expanding range. *Biological Invasions* **17**, 2743–2756.

Dissertation of Goda Norkutė

**Author:** Goda Norkutė

**The title of dissertation:** Characterization of populations of invasive pathogens – causal agents of three major forest tree diseases: alder decline, Dutch elm disease and ash dieback

**Subject area:** Ecology and environmental sciences 03 B

**Scientific supervisor:** dr. V. Lygis

**The period of research:** 2013-2017

**Summary**

**The main aim of the present study was** to characterize populations of invasive pathogens – causal agents of three major forest tree diseases: alder decline (***Phytophthora alni* species complex – in seven European countries with an emphasis on Lithuania and Switzerland)**, Dutch elm disease (DED, ***Ophiostoma novo-ulmi* – in Lithuania)** and ash dieback(***Hymenoscyphus fraxineus* – in Lithuania and Switzerland).**

Microorganism communities in environment of declining alder trees were investigated and compared in Lithuania and Switzerland. Microsatellite analysis of *P.* x *alni* and *P. uniformis* DNA samples from seven European countries revealed relatively high genotypic diversity of *P.* x *alni* populations*,* while in *P. uniformis* populations it was very low. Populations of both species always had one dominant genotype.

As causal agent of DED, only *O. novo-ulmi* (and its intraspecific hybrids) was isolated from symptomatic elm trees in Lithuania*.* High genotypic diversity and high probability of intraspecific recombination were revealed within *O. novo-ulmi* populations.

Microsatellite analysis of *H. fraxineus* DNA samplesindicated high genotypic but low genetic diversity across Lithuanian populations of the pathogen which showed no spatial structure. A significant correlation in virulence of the same set of *H. fraxineus* isolates was observed in two *F. excelsior* seedling inoculation experiments, indicating that such experiments provide reliable results for virulence assessment. It was also demonstrated that isolate virulence doesn’t correlate with its mycelium growth rate *in vitro*.

**Publications:**

1. Lygis V, Prospero S, Burokiene D, Schoebel CN, Marciulyniene D, **Norkute G**, Rigling D, 2017. Virulence of the invasive ash pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* in old and recently established populations. *Plant Pathology* **66**, 783–791.
2. Motiejūnaitė J, Kutorga E, Kasparavičius J, Lygis V, **Norkutė G**, 2016. New records from Lithuania of fungi alien to Europe. *Mycotaxon* **131**, 49–60.
3. Burokienė D, Prospero S, Jung E*,* Marciulyniene D, Moosbrugger K, **Norkute G**, Rigling D ,Lygis V, Schoebel CN, 2015. Genetic population structure of the invasive ash dieback pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* in its expanding range. *Biological Invasions* **17**, 2743–2756.