



# MIKROBIOLOGIJA 2026

Lietuvos mikrobiologų draugijos konferencija

**Pranešimų santraukų knyga**

Balandžio 29–30 d., Palanga

## Turinys

<b>Renginio organizatorius .....</b>	<b>8</b>
<b>Organizacinis komitetas .....</b>	<b>8</b>
<b>Mokslinis komitetas.....</b>	<b>8</b>
<b>Renginio rėmėjai .....</b>	<b>8</b>
<b>Konferencijos programa.....</b>	<b>9</b>
<b>Žodiniai pranešimai .....</b>	<b>12</b>
RESEARCH ON WASTE BIODEGRADATION PROCESSES – IS IT A WASTE OF MONEY? <i>prof. dr. Rolandas Meškys</i> .....	12
DIRVOŽEMIO TRIKDYMO INTENSIVUMO POVEIKIS MIKROBIOTOS TAKSONOMINEI IR FUNKCINEI STRUKTŪRAI <i>dr. Skaidrė Supronienė</i> .....	13
ESSENTIAL OILS FOR SUSTAINABLE MICROORGANISMS VEGETABLE SEEDS CONTROL <i>dr. Neringa Rasiukevičiūtė</i> .....	14
INTRASPECIES AND MICROBIOME VARIATION IN <i>APHANIZOMENON FLOS-AQUAE</i> <i>Petr Sharygin</i> .....	15
VIRUSOLOGIJA 101: KAS ĮLEIDO PARAZITĄ? <i>dr. Laura Kalinienė</i> .....	16
LONG-TERM INVESTIGATIONS OF TICK-BORNE PATHOGENS <i>prof. dr. Algimantas Paulauskas</i> .....	17
THE RESPIRATORY MICROBIOME OF TUBERCULOSIS PATIENTS IN LITHUANIA <i>prof. dr. Julija Armalytė</i> .....	18
MATERNAL ASD-ASSOCIATED MICROBIOTA INDUCE SEX-SPECIFIC BEHAVIORAL, METABOLIC, AND BRAIN TRANSCRIPTOMIC CHANGES IN MICE OFFSPRING <i>dr. Arnas Kunevičius</i> .....	19
GENOMIC DIVERSITY OF ANTIMICROBIAL-RESISTANT <i>ESCHERICHIA COLI</i> AND MICROBIOME COMPOSITION IN BROILER FARMS <i>dr. Jurgita Aksomaitienė</i> .....	20
MULTI-OMIC PROFILING OF KEFIR-FERMENTED HEMP LEAVES REVEALS SYNERGISTIC BIOACTIVITY AGAINST ALZHEIMER’S TARGETS <i>dr. Eric Banan-Mwine Daliri</i> .....	21
SMALL REGULATORY RNAs MODULATE SUSCEPTIBILITY TO CELL WALL-TARGETING ANTIMICROBIALS IN LACTIC ACID BACTERIA <i>dr. Milda Mickutė</i> .....	22

THE MISSING LINK IN VITAMIN B12 METABOLISM: A BACTERIAL PATHWAY FOR A-RIBAZOLE PHOSPHATE DEGRADATION <i>Rokas Statkevičius</i> .....	23
<b>Stendiniai pranešimai</b> .....	<b>24</b>
1. SKIRTINGŲ RAUKŠLĒTALAPIO ERŠKĒČIO ( <i>ROSA RUGOSA</i> ) DALIŲ EKSTRAKTŲ ANTIMIKROBINIS VEIKSMINGUMAS <i>Žaneta Maželienė, Jolita Kirvaitienė, Giedrė Jarienė, Daiva Šakienė, Rasa Volskienė ir Asta Aleksandravičienė</i> .....	24
2. PRELIMINARY CHARACTERIZATION OF THE MICROBIOME OF <i>IXODES RICINUS</i> TICKS FROM LITHUANIA USING NANOPORE 16S rRNA SEQUENCING <i>Saulius Bernotas, Povilas Sakalauskas, Justina Snegirovaitė, Jana Radzijeuskaja, Algimantas Paulauskas</i> .....	25
3. APPLICATION OF MONOCLONAL ANTIBODIES FOR THE DETECTION OF AmpC $\beta$ -LACTAMASES IN BACTERIAL ISOLATES <i>Karolina Bielskė, Indrė Kučinskaitė-Kodzė, Martynas Simanavičius, Julie Nuttens, Rasa Petraitytė-Burneikienė, Justas Dapkūnas, Aurelija Žvirblienė</i> .....	26
4. PNEUMOCOCCAL SEROTYPES IN THE CHANGING VACCINATION LANDSCAPE OF LITHUANIA <i>Aistė Bulavaitė, Aurelija Petrutienė, Jekaterina Sinotova, Nijolė Pupienienė, Raminta Marcinytė, Indrė Padvilikytė, Jelena Razmuk, Svajūnė Muralytė, Milda Plečkaitytė</i> .....	27
5. ŽIEDINĖS EKONOMIKOS PERSPEKTYVA: <i>MICROCYSTIS</i> BIOMASĖS PANAUDOJIMAS BIOPESTICIDAMS KURTI <i>Daiva Burokienė, Dovilė Čepukoit, Judita Koreivienė</i> .....	28
6. MENO KŪRINIUS KOLONIZUOJANČIŲ MIKROSKOPINIŲ GRYBŲ AUGIMO SKIRTINGOMIS TEMPERATŪROS IR VANDENS AKTYVUMO SĄLYGOMIS ĮVERTINIMAS <i>Gabrielė Butėnaitė, Eglė Malachovskienė, Olga Ščit</i> .....	29
7. HIDROPONIKA IR JOJE SLYPINTYS PATOGENAI <i>Dovilė Čepukoit, Daiva Burokienė</i> .....	30
8. IŠ RIZOSFEROS IŠSKIRTŲ BAKTERIJŲ POVEIKIO SKIRTINGŲ AUGALŲ SĖKLŲ DYGIMUI IR DAIGŲ MORFOLOGINIAMS RODIKLIAMS VERTINIMAS <i>Emilija Eklevaitė, Yuliia Lysak, Dovilė Čepukoit, Ieva Sokė, Simona Jaseliūnaitė, Daiva Burokienė</i> .....	31
9. AUGALINIAI EKSTRAKTAI KOVOJE SU ATSPARUMU ANTIBIOTIKAMS: PAPRASTOSIOS GARŠVOS ( <i>AEGOPODIUM PODAGRARIA</i> L.) ĮTAKA ANTIBIOTIKŲ VEIKSMINGUMUI <i>Ugnė Gabrytė, Rūta Mickienė, Audrius Sigitas Maruška</i> .....	32
10. LIETUVOS RINKOJE PARDUODAMŲ FERMENTUOTŲ PROBIOTINIŲ PRODUKTŲ MIKROORGANIZMŲ RŪŠINĖS SUDĒTIES ĮVERTINIMAS IR PALYGINIMAS <i>Eglė Gadeikytė, Vika Gabė</i> .....	33

11. PRAKAITĄ SKAIDANČIŲ BAKTERIJŲ JAUTRUMAS METALO NANODALELĖMIS PADENGTAI MEDVILNINEI MEDŽIAGAI <i>Agnė Giedraitienė, Rita Šiugždinienė, Modestas Ružauskas, Raminta Rodaitė, Darius Milčius</i>	34
12. MIKROBIOTOS ĮVAIROVĖ PAGAL IDENTIFIKUOTŲ GENŲ GAUSĄ FERMENTUOTOSE AVIŽŲ GĖRIMŲ KONCENTRATUOSE <i>Ingrida Mažeikienė, Lina Vaičiulytė, Lina Trakšėlė, Antanas Šarkinas</i>	35
13. MOLECULAR DETECTION AND CHARACTERIZATION OF <i>BABESIA CANIS</i> IN LITHUANIAN SHELTER DOGS USING <i>BC28.1</i> GENE SEQUENCE ANALYSIS <i>Illia Hol, Miglė Razgūnaitė, Justina Snegiriovaitė, Indrė Lipatova, Karolina Jankauskaitė, Birutė Karvelienė, Algimantas Paulauskas, Jana Radzijeuskaja</i>	36
14. SPATIAL AND RISK FACTOR ANALYSES OF VECTOR-BORNE PATHOGEN, <i>ANAPLASMA PHAGOCYTOPHILUM</i> , AMONG SHELTER DOGS IN LITHUANIA <i>Karolina Jankauskaitė, Miglė Razgūnaitė, Birutė Karvelienė, Monika Laukutė, Viktorija Petrauskaitė, Zamokas Gintaras, Algimantas Paulauskas, Jana Radzijeuskaja</i>	37
15. ENTOMOPATOGENINIŲ GRYBŲ ĮVAIROVĖ LIETUVOJE <i>Simona Jaseliūnaitė, Dovilė Čepukoit, Deimantė Tiškevičiūtė, Ieva Sokė, Rasa Čepulytė, Daiva Burokienė</i>	38
16. DOUBLE EMULSION GEL SYSTEM FOR DELIVERY OF PROBIOTICS AND CANNABIDIOL IN FUNCTIONAL FOODS AND ITS IMPACT ON GUT MICROBIOTA <i>Sigita Jeznienė, Ina Jasutienė, Milda Keršienė, Rita Bandariavičiūtė, Laurita Varnaitė-Kapočė, Ieva Bartkuvienė, Vida Audra Budrienė, Arūnas Jonušas, Daiva Leskauskaitė, Aušra Šipailienė</i>	39
17. FLOW CYTOMETRIC ANALYSIS OF HEATSHOCK AND OXIDATIVE STRESS EFFECTS ON SUP35 AGGREGATION <i>Neda Jonutytė-Trembo, Gvidas Katauskas, Eglė Lastauskienė</i>	40
18. QUANTIFICATION BIAS IN <i>STREPTOCOCCUS THERMOPHILUS</i> : HOW INCONSISTENT CELL ENUMERATION DISTORTS PHAGE-HOST COEVOLUTION DYNAMICS <i>Yana Karnitskaya, Laurynas Vaitkus, Giancarlo Russo</i>	41
19. <i>PENICILLIUM</i> LINK, 1809 GENTIES GRYBŲ PAPLITIMAS SPYGLIUOČIŲ MIŠKŲ DIRVOŽEMYJE <i>Simas Kasputis, Jurgita Švedienė</i>	42
20. PRION-VARIANT–DEPENDENT TRANSCRIPTIONAL RESPONSES TO GUHCL DURING OSMOTIC AND DTT-INDUCED ER STRESS IN <i>S. CEREVISIAE</i> <i>Gvidas Katauskas, Neda Jonutytė-Trembo, Eglė Lastauskienė, Audrius Gegeckas</i>	43
21. <i>ESCHERICHIA COLI</i> INFEKUOJANČIŲ BAKTERIOFAGŲ PAIEŠKA IR IZOLIAVIMAS – EDUKACINIS MOKSLINIS PROJEKTAS KAZACHSTANE <i>Artyom A. Egorov, Konstanty Keda, Vasili Hauryliuk, Ilya Terenin</i>	44

22. COMPARATIVE GENOMICS REVEALS CANNABIS AS A SELECTIVE NICHE FOR KEFIR-DERIVED PSYCHOBOTIC CANDIDATES TOWARD GASTROINTESTINAL RESILIENCE <i>Vincent Owusu Kyei-Baffour, Aurelijus Burokas, Eric Banan-Mwine Daliri</i> .....	45
23. FUNCTIONAL TRAITS OF HONEY BEE MALES-INHABITING YEASTS <i>Vilija Lapinskaitė, Paulina Bartkutė, Živilė Strazdaitė-Žielienė, Elena Servienė</i> .....	46
24. ANALYSIS OF NON-CANONICAL 5'-RNA CAPS AND DECAPPING ACTIVITY OF NUDIX HYDROLASES IN LACTIC ACID BACTERIA <i>Janina Ličytė, Milda Mickutė, Kotryna Kvederavičiūtė, Renatas Krasauskas, Raminta Mineikaitė, Elena Milaknytė, Gytė Tupikaitė, Gabrielė Olendraitė, Giedrius Vilkaitis</i> .....	47
25. PASTAROSIOS PUŠIES SPYGLIUS KOLONIZUOJANČIŲ ENDOFITINIŲ GRYBŲ ĮVAIROVĖ SKIRTINGOSE METINĖSE GRUPĖSE <i>Jorijis Jonas Marčėnas, Svetlana Markovskaja</i> .....	48
26. <i>BABESIA</i> SPP. – AN EMERGING TICK-BORNE PATHOGENS <i>Dalytė Mardosaitė-Busaitienė, Jana Radzijeuskaja, Algimantas Paulauskas</i> .....	49
27. ŽEMĖS DIRBIMO BŪDŲ IR GARSTYČIŲ TARPINIO PASĖLIO ĮTAKA DIRVOŽEMIO MIKROBIOLOGINEI ĮVAIROVEI IR FITOPATOGENŲ SLOPINIMUI <i>Neringa Matelionienė, Gražina Kadžienė, Arman Shamshitov, Inga Tamošiūnė, Danas Baniulis, Skaidrė Supronienė</i> .....	50
28. SYNBIOTIC SUPPLEMENTATION ALLIGATES HIGH-FAT DIET-INDUCED METABOLIC AND BEHAVIORAL DYSREGULATION VIA THE MICROBIOTA-GUT-BRAIN AXIS IN FEMALE MICE <i>Ashwinipriyadarshini Megur, Dominyka Kobeckytė, Bablu Kumar, Kamilė Ambrutaitytė, Povilas Barasa, Ieva Šimoliūnė, Rokas Buišas, Akshay Kumar Vijaya, Eglė Lastauskienė, Aurelijus Burokas</i> .....	51
29. MAKIAŽO PAGRINDO PRIEMONĖSE, JŲ APLIKATORIUOSE APTIKTŲ MIKROORGANIZMŲ IDENTIFIKACIJA IR GENETINĖ ĮVAIROVĖ <i>Saulė Norkutė, Ugnė Januškaitė, Žaneta Maželienė, Asta Aleksandravičienė</i> .....	52
30. CHARACTERIZATION OF A NOVEL BIS(2-HYDROXYETHYL) TEREPHTHALATE HYDROLASE GDEST-RM1 USING AN INNOVATIVE AGGREGATE SUSPENSION HYDROLYSIS ASSAY <i>Antanas Padaiga, Rūta Guginytė, Renata Gudiukaitė</i> .....	53
31. EXPRESSION, PURIFICATION, AND CHARACTERIZATION OF RECOMBINANT DIHYDROURACIL OXIDASE FROM FILAMENTOUS FUNGUS <i>ALTERNARIA ALTERNATA</i> <i>Ieva Petkevičiūtė, Daiva Tauraitė, Jaunius Urbonavičius</i> .....	54
32. MOLEKULINIS HEMOTROPINIŲ MIKOPLAZMŲ NUSTATYMAS PRIEGLAUDOS ŠUNIMS IR JŲ GALIMAS RYŠYS SU HEMATOLOGINIAIS POKYČIAIS <i>Viktorija Petrauskaitė, Karolina Jankauskaitė, Miglė Razgunaitė, Birutė Karvelienė, Algimantas Paulauskas, Jana Radzijeuskaja</i> .....	55

33. REVALENCE AND GENETIC DIVERSITY OF LYME BORRELIOSIS AND RELAPSING FEVER <i>BORRELIA</i> SPP. IN LITHUANIA <i>Jana Radzijeuskaja, Justina Snegiriovaitė, Indrė Lipatova, Miglė Razgūnaitė, Algimantas Paulauskas</i> .....	56
34. <i>CANDIDA</i> GENTIES GRYBŲ PAPLITIMAS VILNIAUS MIESTO GLOBOS NAMŲ GYVENTOJŲ TARPE <i>Sylvia Rogoža, Rasmūtė Manelienė, Rita Trumpaitė-Vanagienė, Vika Gabė</i> .....	57
35. DIRVOŽEMIO MIKROBIOTOS CHARAKTERIZAVIMAS ĮPRASTINĖS ŪKININKAVIMO PRAKTIKOS DIRVOŽEMIUOSE <i>Modestas Ružauskas, Rita Šiugždinienė, Lina Merkevičienė, Jurgita Dailidavičienė, Marius Virgailis, Agnė Giedraitienė, Skaidrė Supronienė</i> .....	58
36. NUO REKOMENDACIJŲ IKI PRAKTIKOS: MELSVABAKTERIŲ RIZIKOS VERTINIMO GAIRIŲ TAIKYMAS LIETUVOS MAUDYKLOSE <i>Ieva Sakovskaja, Donata Overlingė, Jolita Petkuvienė, Diana Vaičiūtė, Marija Kataržytė, Greta Kalvaitienė, Ugnė Embrasaitė, Martyna Pareigyte, Hanna Mazur-Marzec</i> .....	59
37. DROUGHT-DRIVEN SHIFTS IN THE TAXONOMIC AND FUNCTIONAL COMPOSITION OF THE WINTER WHEAT RHIZOSPHERE MICROBIOME <i>Egidija Satkevičiūtė, Arman Shamshitov, Gražina Kadžienė, Rita Armonienė, Žilvinas Liatukas, Skaidrė Supronienė</i> .....	60
38. MIKROBIOLOGINIŲ TYRIMŲ SVARBA ŠIUOLAIKINĖJE VISUOMENĖJE <i>Raminta Saulėnaitė, Irina Iljina, Laimutė Ivanauskienė</i> .....	61
39. LEGACY EFFECT OF WHITE MUSTARD COVER CROPPING AND TILLAGE ON ARBUSCULAR MYCORRHIZAL FUNGI COLONIZATION AND COMMUNITY COMPOSITION IN VOLUNTEER BARLEY ROOTS <i>Arman Shamshitov, Gražina Kadžienė, and Skaidrė Supronienė</i> .....	62
40. ŽIEMINIŲ KVIEČIŲ ( <i>TRITICUM AESTIVUM</i> L.) GRYBŲ BENDRIJOS: ENDOSFERA, RIZOSFERA IR DIRVOŽEMIS <i>I. Sokė, D. Čepukoit, S. Jaseliūnaitė, D. Burokienė</i> .....	63
41. ASCH DOMAIN-CONTAINING PROTEINS CAN ACT AS TRANSFER RNA N <sup>4</sup> -ACETYLCYTIDINE ERASERS <i>Roberta Statkevičiūtė, Mikas Sadauskas, Agota Aučynaitė, Audrius Laurynėnas, Rolandas Meškys</i> .....	64
42. LAUKINIŲ KIAUNINIŲ (MUSTELIDAE) UŽSIKRĖTIMAS ERKIŲ PERNEŠAMAI PATOGENAIS <i>Daiva Šakienė, Asta Aleksandravičienė, Loreta Gričiuvienė, Indrė Lipatova, Rasa Vaitkevičiūtė, Algimantas Paulauskas</i> .....	65
43. FERMENTUOTŲ AVIŽŲ GĖRIMŲ KOKYBĖS, SAUGOS RODIKLIŲ IR JUSLINIŲ SAVYBIŲ ANALIZĖ	

<i>Antanas Šarkinas, Natalja Makštutienė, Ingrida Mažeikienė, Lina Trakšėlė, Alviša Šalaševičienė</i> .....	66
44. IMPROVED MICROBIOME PROFILING USING ARL REGRESSION WITH RESAMPLING-SUPPORTED UNCERTAINTY ESTIMATION <i>Robertas Tupikas, Sigitas Šulčius</i> .....	67
45. A GFP-BASED BIOSENSOR FOR SCREENING M <sup>PRO</sup> PROTEASE INHIBITORS <i>Nina Urbelienė, Monika Repšytė, Augustas Kudarauskas, Kristupas Volbikas, Constantinos Patinios, Rolandas Meškys, Darius Balčiūnas</i> .....	68
46. GENOMINIAI POKYČIAI IR DNR METILINIMO MODELIAI SKIRTINGUOSE <i>PSEUDOMONAS AERUGINOSA</i> BAKTERIOFAGAMS ATSPARIUOSE FENOTIPUOSE <i>Laurynas Vaitkus, Giancarlo Russo</i> .....	69
47. THE OVERWINTERING AND MATURATION OF PSEUDOTHECIA OF <i>V. INAEQUALIS</i> <i>Alma Valiuškaitė, Neringa Rasiukevičiūtė, Armina Morkeliūnė, Justina Griauzdaitė, Regīna Rancāne</i> .....	70
48. THE EFFECT OF BEE PROPOLIS AGAINST YEAST AND BACTERIA BIOFILM <i>Olga Vasiljeva, Antanas Strakšys, Arūnas Stirkė, Wanessa De Cassia Martins Antunes De Melo</i> .....	71
49. STAFILOKOKŲ RŪŠINĖS ĮVAIROVĖS IR PAPLITIMO SKIRTINGUOSE VILNIAUS UNIVERSITETO FAKULTETUOSE TYRIMAS <i>Viltė Venckutė, Rusnė Pukanasytė, Tatjana Kirtiklienė, Laima Tamulionytė, Vika Gabė</i> .....	72
50. COMPOSITION OF FUNGAL MICROORGANISMS ON PEARS <i>Iglė Vepškaitė-Monstavičė, Juliana Lukša, Ramunė Stanevičienė, Živilė Strazdaitė-Žielienė, Elena Servienė</i> .....	73
51. METHYLOME SEQUENCING OF PHAGE SUSCEPTIBLE AND NON-SUSCEPTIBLE <i>APHANIZOMENON FLOS-AQUAE</i> <i>Marta Vitkevič, Sigitas Šulčius</i> .....	74
52. EFFECTS OF ANTAGONISTIC SOIL BACTERIA ON MYCELIAL GROWTH, SPORE GERMINATION AND HYPHAL STRUCTURE OF <i>FUSARIUM</i> SPP. <i>Evelina Zavtrikovienė, Renata Žvirdauskienė, Skaidrė Supronienė</i> .....	75
53. DIRVOŽEMIO AKTINOMICETAI KAIP POTENCIALŪS ANTIMIKROBINIŲ MEDŽIAGŲ ŠALTINIAI <i>Renata Žvirdauskienė, Neringa Matelionienė</i> .....	76
54. EFFECT OF FINAL NITROGEN CONCENTRATION ON BIOCHEMICAL COMPOSITION OF GREEN ALGAE <i>SCENEDESMUS QUADRICAUDA</i> <i>Petras Venckus, Eglė Lastauskienė</i> .....	77

## Renginio organizatorius



## Organizacinis komitetas

dr. Rūta Stanislauskienė (pirmininkė)  
dr. Dovilė Čepukoit  
dr. Rūta Kananavičiūtė  
dr. Viktorija Preitakaitė  
dr. Mikas Sadauskas

dr. Jonita Stankevičiūtė  
prof. dr. Aušra Šipailienė  
dr. Iglė Vepškaitė-Monstavičė  
dokt. Aivaras Vilutis  
dokt. Aelita Zabulionė

## Mokslinis komitetas

prof. dr. Julija Armalytė  
prof. dr. Aurelijus Burokas  
dr. Irina Buchovec  
dr. Daiva Burokienė

prof. dr. Renata Gudiukaitė  
dr. Laura Kalinienė  
prof. dr. Jaunius Urbonavičius

## Renginio rėmėjai



## Partneris

Gyvybės mokslų  
centras

## Konferencijos programa

### I diena (balandžio 29 d.)

---

**12:00-13:00** Registracija su kava

**13:00-13:05** Konferencijos atidarymas

**13:05-15:05** I SESIJA (moderatorė dr. Daiva Burokienė)

13:05-13:35 Atidarymo paskaita **prof. dr. Rolandas Meškys**

Vilniaus universitetas Gyvybės mokslų centras

**„Atliekų biodegradacijos procesų tyrimai – ar tai tik pinigų švaistymas?“**

**„Research on waste biodegradation processes – is it a waste of money?“**

13:35-13:55 **dr. Skaidrė Supronienė**

Lietuvos agrarinių ir miškų mokslų centras Žemdirbystės institutas

**„Dirvožemio trikdymo intensyvumo poveikis mikrobiotos taksonominei ir funkicinei struktūrai“**

**„The effect of soil disturbance intensity on the taxonomic and functional structure of the microbiota“**

13:55-14:25 RĖMĖJŲ PASKAITA (**Linea Libera**)

14:25-14:45 **dr. Neringa Rasiukevičiūtė**

Lietuvos agrarinių ir miškų mokslų centras Sodininkystės ir daržininkystės institutas

**„Eteriniai aliejai tvariai mikroorganizmų kontrolei daržovių sėklose“**

**„Essential oils for sustainable microorganisms vegetable seeds control“**

14:45-15:05 **Petr Sharygin**

Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras Algologijos ir mikroorganizmų ekologijos laboratorija

**„Aphanizomenon flos-aquae vidurrūšinės ir mikrobiotos variacijos“**

**„Intraspecies and microbiome variation in Aphanizomenon flos-aquae“**

**15:05-15:30** kavos pertrauka

**15:30-17:30** stendinių pranešimų sesija

**19:00-22:00** GALA vakarienė

## II diena (balandžio 30 d.)

---

**9:00-10:00 LMD visuotinis susirinkimas**

**10:00-10:30 kavos pertrauka**

**10:30-12:20 II SESIJA (moderatorius prof. dr. Jaunius Urbonavičius)**

**10:30-10:50 dr. Laura Kalinienė**

Vilniaus universitetas Gyvybės mokslų centras

**„Virusologija 101: kas įleido parazitą?“**

**„Virology 101: who let the parasite in?“**

**10:50-11:10 prof. dr. Algimantas Paulauskas**

Vytauto Didžiojo Universitetas Gamtos ir technologijos mokslų tyrimų institutas

**„Ilgalaikiai erkių platinamų patogenų tyrimai“**

**„Long-term investigations of tick-borne pathogens“**

**11:10-11:40 RĖMĖJŲ PASKAITA (Nova Natura) dr. Petra Miikkulainen (Global Sales Manager)**

The Baker Company

**„Anaerobinių ir mikroaerofilinių bakterijų kultivavimo aspektai“**

**„Considerations for anaerobic and microaerophilic bacteria culture“**

**11:40-12:00 prof. dr. Julija Armalytė**

Vilniaus universitetas Gyvybės mokslų centras

**„Lietuvos tuberkuliozės pacientų kvėpavimo takų mikrobioma“**

**„The respiratory microbiome of tuberculosis patients in Lithuania“**

**12:00-12:20 dr. Arnas Kunevičius**

Vilniaus universitetas Gyvybės mokslų centras

**„Su motinos autizmo spektro sutrikimu susijusi mikrobiota sukelia lyčiai specifinius elgesio, medžiagų apykaitos ir smegenų transkriptomikos pokyčius pelių palikuonims“**

**„Maternal ASD-associated microbiota induce sex-specific behavioral, metabolic, and brain transcriptomic changes in mice offspring“**

**12:20-13:30 pietūs**

**13:30-15:00 III SESIJA (moderatorė prof. dr. Julija Armalytė)**

**13:30-13:50 dr. Jurgita Aksomaitienė**

Lietuvos sveikatos mokslų universitetas Maisto saugos ir kokybės katedra

**„Antimikrobinėms medžiagoms atsparių *Escherichia coli* genomine įvairovė ir mikrobiomos sudėtis broilerių ūkiuose“**

**„*Genomic diversity of antimicrobial-resistant Escherichia coli and microbiome composition in broiler farms*“**

**13:50-14:10 dr. Eric Banan-Mwine Daliri**

Vilniaus universitetas Gyvybės mokslų centras

**„Kefyre fermentuotų kanapių lapų multi-ominis profiliavimas atskleidžia sinergetinį biologinį aktyvumą prieš Alzheimerio ligos taikinius“**

**„*Multi-omic profiling of kefir-fermented hemp leaves reveals synergistic bioactivity against Alzheimer’s targets*“**

**14:10-14:30 dr. Milda Mickutė**

Vilniaus universitetas Gyvybės mokslų centras

**„Mažos reguliuojančios RNR moduliuoja pieno rūgšties bakterijų jautrumą į ląstelių sienelę veikiančioms antimikrobinėms medžiagoms“**

**„*Small regulatory RNAs modulate susceptibility to cell wall-targeting antimicrobials in lactic acid bacteria*“**

**14:30-14:50 Rokas Statkevičius**

Vilniaus universitetas Gyvybės mokslų centras

**„Trūkstama vitamino B12 metabolizmo grandis: bakterinis  $\alpha$ -ribazolo fosfato skaidymo kelias“**

**„*The missing link in vitamin B12 metabolism: a bacterial pathway for  $\alpha$ -ribose phosphate degradation*“**

**14:50-15:00 Konferencijos uždarymas**

## RESEARCH ON WASTE BIODEGRADATION PROCESSES – IS IT A WASTE OF MONEY?

Rolandas Meškys

Department of Molecular Microbiology and Biotechnology, Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania.  
[rolandas.meskys@bchi.vu.lt](mailto:rolandas.meskys@bchi.vu.lt)

Notwithstanding an extremely fast development of AI-based approaches, modern biotechnology is still based on the application of natural enzymes derived predominantly from microorganisms. Both genetic and biochemical microbial diversity is an immense source of different proteins and biocatalysts. The analysis and exploration of said diversity is one of the main aims of numerous academic groups and companies.

In addition to plethora of natural compound, due to activity of humankind, thousands and thousands of structurally diverse chemicals (xenobiotics) enter biosphere. Biodegradation of xenobiotics by various organisms is a well-known but still understudied process.

In this presentation, the main strategies used by microorganisms to catabolize non-natural chemical compounds will be discussed with an emphasis on recalcitrant ones. An impact of such studies on development of novel industrially relevant biocatalysts will be also disclosed.

**Funding: Research Council of Lithuania, No. S-MIP-24-50.**

# DIRVOŽEMIO TRIKDYMO INTENSYVUMO POVEIKIS MIKROBIOTOS TAKSONOMINEI IR FUNKCINEI STRUKTŪRAI

Skaidrė Supronienė<sup>1</sup>, Danas Baniulis<sup>2</sup>, Inga Tamošiūnė<sup>2</sup>, Neringa Matelionienė<sup>1</sup>, Arman Shamshitov<sup>1</sup>, Simona Pranaitienė<sup>3</sup>, Gražina Kadžienė<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mikrobiologijos laboratorija, Žemdirbystės institutas, Lietuvos agrarinių ir miškų mokslų centras (LAMMC)

<sup>2</sup>Sodo augalų genetikos ir biotechnologijos skyrius, Sodininkystės institutas, LAMMC

<sup>3</sup>Dirvožemio ir augalininkystės skyrius, Žemdirbystės institutas, LAMMC

[skaidre.suproniene@lammc.lt](mailto:skaidre.suproniene@lammc.lt)

Dirvožemio mikroorganizmai yra pagrindiniai azoto ir fosforo biogeocheminių ciklų reguliatoriai agroekosistemose. Tačiau išlieka neaišku, ar skirtingos žemdirbystės praktikos labiau veikia mikrobiotos taksonominę sudėtį, ar jos funkcinį potencialą. Šio darbo tikslas – įvertinti dirvožemio trikdymo intensyvumo ir tręšimo režimo poveikį mikrobiotos taksonominei ir funkcinei struktūrai.

Tyrimai atlikti skirtinguose žemdirbystės ūkiuose bei kontroliuojamame lauko eksperimente su arimo, skutimo ir tiesioginės sėjos variantais, taikant tarpinius pasėlius ir jų neįterpiant. Dirvožemio mėginiai imti 0–20 cm sluoksnyje. Vertinti agrocheminiai rodikliai, bendras bakterijų ir grybų kiekis (qPGR), taksonominė struktūra (DNR metataksominė analizė) ir funkcinių genų, susijusių su azoto ir fosforo apykaita (amoA, narG, nifH, ureC, phoC, phoD, gcd), gausa.

Bendrieji mikrobiotos įvairovės rodikliai reikšmingai nesiskyrė tarp ūkininkavimo sistemų. Taksonominės struktūros skirtumai tarp laukų buvo mažiau išreikšti ir aiškiai nesusieti su atskirais agrocheminiais rodikliais. Tuo tarpu eksperimentiniame lauke dirvožemio trikdymo intensyvumas turėjo statistiškai reikšmingą poveikį funkcinių genų gausai: skutimo variante nustatytas didesnis nitrifikacijos ir denitrifikacijos genų kiekis bei didesnė fosforo mobilizacijos genų gausa, lyginant su arimu ir tiesiogine sėja. Kai kuriais atvejais tarpinių pasėlių įterpimas mažino azoto ciklo genų gausą. Nustatyti reikšmingi ryšiai tarp bendro bakterijų kiekio, suminio azoto ir nitrifikacijos genų.

Rezultatai rodo, kad agroekosistemose taksonominė mikrobiotos struktūra išlieka santykinai stabili, o dirvožemio trikdymo intensyvumas pirmiausia keičia jos funkcinę organizaciją. Tai pabrėžia, kad biogeocheminių procesų reguliavime svarbesnis yra valdymo praktikos pobūdis nei formali ūkininkavimo sistema.

# ESSENTIAL OILS FOR SUSTAINABLE MICROORGANISMS VEGETABLE SEEDS CONTROL

Neringa Rasiukevičiūtė<sup>1</sup>, Alma Valiuškaitė<sup>1</sup>, Justina Griauzdaitė<sup>1</sup>, Vytautas Bunevičius<sup>1</sup>,  
Daiga Birzleja<sup>1</sup>, Armina Morkeliūnė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Plant Protection, Institute of Horticulture, Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Lithuania  
[neringa.rasiukeviciute@lammc.lt](mailto:neringa.rasiukeviciute@lammc.lt)

Fungal microorganisms such as *Alternaria* spp., *Fusarium* spp. and *Botrytis* spp. cause significant yield losses to horticultural crops. One of the traditional methods to control microorganisms is the use of chemical pesticides. Recently, interest in biological products for plant protection as an alternative to chemical plant protection has been rising. Seedborne pathogens inhibit seed germination, cause seedling mortality, or reduce plant growth by damaging the roots and vascular system and affect water and nutrient transport. Additionally, about 90% of all crops are grown from seeds, and they are a potential source of various pathogens, causing seed diseases and survival of pathogens from season to season. Natural antimicrobial compounds can be used for seed disinfection as an alternative to chemical materials. Essential oils are a promising tool for their antifungal properties as biodegradable and eco-friendly botanical products. The demand for natural bio-products significantly increased due to the adverse effects of pesticides. This study aimed to evaluate the antifungal effect of several essential oils against horticultural crop pathogens. The research was carried out at the LAMMC Institute of Horticulture Laboratory of Plant Protection. At first, we evaluated the efficiency of essential oils (EO) against fungal pathogens directly in Petri. The next step was the evaluation of the effect on seeds. The results revealed that *Thymus vulgaris* EO inhibited *Colletotrichum acutatum* completely above 200  $\mu\text{L L}^{-1}$ . *Hyssopus officinalis* EO at 1000  $\mu\text{L L}^{-1}$  reduced colony growth (0.49  $\text{cm day}^{-1}$ ) compared with the control treatment (0.69  $\text{cm day}^{-1}$ ) at 4 DAI. Besides, the highest inhibition (100%) on *B. cinerea* was *Syzygium aromaticum* extract, and the lowest inhibition (31.91%) was *Rosmarinus officinalis* EO. Further research on seed revealed that *T. vulgaris* EO at 200–1000  $\mu\text{L L}^{-1}$  concentrations revealed the potential to suppress the prevalence of *Alternaria* spp. on carrot seeds significantly. *H. officinalis* EO showed the highest inhibition at 600  $\mu\text{L L}^{-1}$  after 7 days. The EO antifungal effect of *Coriandrum sativum* on vegetable seeds revealed that concentration differentially inhibited fungal pathogens. Overall, the results on *T. vulgaris* EO provide promising results for developing an effective biological product to control plant pathogens. The essential oils, as biological plant fungicides, could help to control seed pathogens.

# INTRASPECIES AND MICROBIOME VARIATION IN *APHANIZOMENON FLOS-AQUAE*

Petr Sharygin<sup>1,2</sup>, Sigitas Šulčius<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Medicine, Vilnius University, Lithuania

<sup>2</sup>Laboratory of Algology and Microbial Ecology, Nature Research Centre, Lithuania  
[sigitas.sulcius@gamtc.lt](mailto:sigitas.sulcius@gamtc.lt)

Filamentous cyanobacteria *Aphanizomenon flos-aquae* are among the most common bloom-forming species found in fresh and brackish waters. However, there is a paucity of reference genomes, particularly representing current bloom occurrences, limiting our understanding of the within-species genome content variability. In this study, we used comparative genomics to analyze the pangenome of *A. flos-aquae* and to better understand the role of accessory gene families (those that have no homologs in most or none of the other strains) in adaptive evolution, biogeography and interactions with co-occurring microbes.

We analyzed a total 52 publicly available and newly isolated genomes of *A. flos-aquae* with respect to overall genomic properties and gene content, and identified genes that may confer differential niche competitiveness and help explain competition and succession in *Aphanizomenon* populations. By describing distinct strain-level clades within several well-represented species-level branches, we also provide a solid foundation for future taxonomic revisions of this species. In addition, we examined the relationship between genomic variability in *A. flos-aquae* and the composition of *A. flos-aquae* strain-associated heterotrophic bacteria to test whether microbiome composition depends on cyanobacterial genotype (*sensu* genotypic community filtering). To do this, we reconstructed genome-scale metabolic models for each individual co-occurring taxa and integrating them into community-level cross-feeding networks. We then used these networks to simulate and assess potential cross-feeding interactions, with a particular focus on vitamin and nitrogen exchange, in order to identify patterns of functional complementarity.

We will present how strain-level genomic variation in *A. flos-aquae* influences both the adaptive potential of the species and the composition and functional characteristics of its microbiome. By establishing these links, we provide a framework for a better understanding of how cyanobacterial genetic diversity shapes bloom succession and the dynamics of bloom-associated microbial food webs.

# VIRUSOLOGIJA 101: KAS ĮLEIDO PARAZITĄ?

Laura Kalinienė

Molekulinės mikrobiologijos ir biotechnologijos skyrius, Biochemijos institutas, GMC, VU  
[laura.kaliniene@gmc.vu.lt](mailto:laura.kaliniene@gmc.vu.lt)

Mes gyvename virusų pasaulyje. Kiekviena gyva ląstelė, kiekvienas gyvas organizmas, kiekviena ekologinė niša turi savitą, jai būdingą, virusų repertuarą. Didžioji dalis šių virusų taip ir lieka daugintis savo natūraliuose šeimininkuose, plisti sau įprastose geografinėse zonose, dažnai nepastebėti, nežinomi ar tiesiog "neaktualūs".

Tačiau kas nutinka, kai dėl vieno ar kitų priežasčių kažkuris iš tų virusų pakeičia sau įprastą šeimininką ar geografinę zoną? Kartais tokie pokyčiai sukelia pasaulinio garso įvykius – spartus Zika viruso ligos plitimas Amerikoje ir negrįžtama infekcijos padaryta žala naujagimiams, SARS-CoV-2 plitimo sąlygotos mirtys ir paralyžiuotas įprastas pasaulio žmonių gyvenimas. Tai tik keletas pavyzdžių, kurie iliustruoja kokia dinamiška yra virusų ekosistema ir kaip glaudžiai mes – žmonės – esame su ja susiję.

Vis tik nemaža dalis pokyčių virusų pasaulyje dažniausiai net netampa sensacingomis ir gąsdinančiomis antraštėmis žiniasklaidoje. Tokie virusai, kaip Lassa, Langya, Oropouche, Dabie, Le Dantec, Usutu, Yezo ar Alongshan yra daugeliui negirdėti, tačiau jie sudaro tik nedidelę dalį tų, kurie metų metus besidauginę sau įprastuose šeimininkuose, vis dažniau atranda žmogų.

Iš kur atsiranda šie virusai? Kiek jų dar yra? Kodėl jie geba infekuoti žmogų? Ir bene svarbiausias klausimas: ar kuris nors iš šių virusų gali sukelti kitą pandemiją?

# LONG-TERM INVESTIGATIONS OF TICK-BORNE PATHOGENS

Algimantas Paulauskas

Research Institute of Natural and Technological Sciences, Vytautas Magnus University, Lithuania  
[algimantas.paulauskas@vdu.lt](mailto:algimantas.paulauskas@vdu.lt)

Tick-borne diseases constitute a major health problem in many parts of the world. In the past three decades, many tick-borne pathogens have emerged, creating new challenges for public and animal health in Europe. The factors that drive the emergence of tick-borne diseases are difficult to identify due to the complexity of the pathogen-vector-host triad. Long-term studies are important because they may improve our understanding of the ecological factors that shape the dynamics of tick-borne pathogens.

In Lithuania, the first our studies on tick -borne pathogens began in 2000. Analysis based on long-term datasets (2005–2025) of the incidence of vector-borne diseases in humans and animals in Lithuania, Latvia, Estonia, Norway, Poland and Slovakia demonstrated that exposure to ticks was an important factor influencing tick-borne diseases incidences in human and animals in Lithuania. The geographical and spatial distributions of some European ticks have been changing in the last few decades, and new viral, bacterial and protozoan tick-borne pathogens have been detected in former non-endemic areas. Climate changes over recent decades have led to a wider spatial distribution of ticks, and an extension in their periods of activity in Northern Europe. Climatic changes, the significant increase of tourism and travel of dogs across Europe have caused an increase in the geographical range of canine babesiosis.

Currently, the Baltic countries are an endemic area for several vector-borne diseases such as Lyme borreliosis, tick-borne encephalitis, anaplasmosis, babesiosis, bartonellosis, rickettsiosis. The advances in molecular biology during the last two decades and using of molecular diagnostic techniques have allowed researchers to better diagnose, trace and genetically characterize the causative agents of important endemic tick-borne diseases and have led to the discovery of new emerging vector-borne pathogenic organisms in Lithuania and Northern Europe.

# THE RESPIRATORY MICROBIOME OF TUBERCULOSIS PATIENTS IN LITHUANIA

Aistė Popandopula<sup>1</sup>, Karolina Kėvelaitienė<sup>2,3</sup>, Rūta Mereškevičienė<sup>2,3</sup>, Vaiva Kumpauskaitė<sup>2,3</sup>, Laima Vasiliauskaitė<sup>3,4,5</sup>, Edvardas Danila<sup>2,3</sup>, Aleksandras Konovalovas<sup>1</sup>, [Julija Armalytė](mailto:julija.armalyte@gf.vu.lt)<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Biochemistry and Molecular biology, Institute of Biosciences, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania

<sup>2</sup> Center of Pulmonology and Allergology, Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Lithuania

<sup>3</sup> Clinic of Chest Diseases, Immunology and Allergology, Institute of Clinical Medicine, Faculty of Medicine, Vilnius University, Lithuania

<sup>4</sup> Centre of Laboratory Medicine, Laboratory of Infectious Diseases and Tuberculosis, Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Lithuania

<sup>5</sup> Department of Physiology, Biochemistry, Microbiology and Laboratory Medicine, Institute of Biomedical Sciences, Faculty of Medicine, Vilnius University, Lithuania

[julija.armalyte@gf.vu.lt](mailto:julija.armalyte@gf.vu.lt)

**Background.** Tuberculosis (TB) is a significant global health issue, particularly in Lithuania, which has one of the highest rates of TB and drug-resistant TB in the European Union. The situation highlights the need to understand the factors driving the disease's spread. Recent studies suggest that the infection risk may be impacted by the respiratory microbiome, as TB mycobacteria must survive competition with existing microorganisms.

**Objective.** We aim to investigate the respiratory tract microbiome (both bacterial and fungal) diversity in individuals with active pulmonary TB, including drug-sensitive and drug-resistant cases in Lithuania. Chronic lung disease (CLD) patients were included as a reference group.

**Methods** 97 sputum samples were collected from TB and CLD patients. Bacterial diversity was analyzed via full-length 16S rRNA gene sequencing, fungal diversity was examined through ITS region sequencing (Oxford Nanopore Technologies).

**Results.** The sputum microbiome of CLD patients showed lower diversity and a higher proportion of Pseudomonadota, indicative of dysbiosis; in contrast, TB patients had greater bacterial diversity. No significant differences in microbiome composition were found between drug-sensitive and drug-resistant TB. The ITS sequencing revealed high fungal species diversity, with genera like *Malassezia*, *Saccharomyces*, *Aspergillus* more frequently detected in TB patients; however, no significant differences in alpha or beta diversity were observed among the patients' groups.

**Conclusions.** In comparison to CLD, TB patients' samples exhibited higher diversity, however, no notable differences in microbiome composition were found between drug-sensitive and drug-resistant TB, suggesting that antimicrobial resistance status may not significantly influence the overall sputum microbial community structure.

**Acknowledgment.** This research was funded by a project grant No. S-MIP-24-70 from the Research Council of Lithuania.

# **MATERNAL ASD-ASSOCIATED MICROBIOTA INDUCE SEX-SPECIFIC BEHAVIORAL, METABOLIC, AND BRAIN TRANSCRIPTOMIC CHANGES IN MICE OFFSPRING**

Arnas Kunevičius<sup>1</sup>, Giancarlo Russo<sup>2</sup>, Eric Banan-Mwine Daliri<sup>1</sup>, Dominykas Varnas<sup>3</sup>, Vaidotas Urbonas<sup>3</sup>, Aurelijus Burokas<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Models, Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, Vilnius, Lithuania

<sup>2</sup>EMBL Partnership Institute for Genome Editing Technologies, Life Sciences Center, Vilnius University, Vilnius, Lithuania

<sup>3</sup>Clinic of Children's Diseases, Faculty of Medicine, Vilnius University, 03101 Vilnius, Lithuania

<sup>3</sup>Department, University, Country  
[arnas.kunevicius@gmc.vu.lt](mailto:arnas.kunevicius@gmc.vu.lt)

The microbiota-gut-brain axis is a novel scientific field that combines neuroscience and microbiology. Increasing evidence links alterations in gut microbiota composition with a variety of neurological and neurodevelopmental disorders. The prenatal and early postnatal periods are critical windows of central nervous system development, during which the brain undergoes extensive structural and cellular maturation and is particularly susceptible to environmental influences, including maternal microbiota composition.

To investigate the role of maternal microbiota in neurodevelopment, fecal microbiota transplantation was administered to healthy adult female mice using fecal samples from children with autism spectrum disorder (ASD) or neurotypical controls prior to breeding. Offspring were assessed in adulthood using behavioral testing, gut microbiota profiling, spatial transcriptomics, and metabolomic analysis of cecal and plasma.

Maternal exposure to ASD-derived microbiota induced significant behavioral alterations and extensive metabolic changes in both gut and plasma of the offspring. In addition, spatial transcriptomic analysis revealed extensive, sex-specific gene expression changes across multiple brain regions. Male offspring exhibited downregulation of genes associated with synaptic pruning and cell junction disassembly. While female offspring showed reduced expression of pathways related to neuronal excitation and inhibition balance.

Together, these findings highlight the potential role of maternal gut microbiota in shaping offspring neurodevelopment and reveal sex-specific molecular mechanisms through which microbiota can shape brain function during critical windows of development.

# GENOMIC DIVERSITY OF ANTIMICROBIAL-RESISTANT *ESCHERICHIA COLI* AND MICROBIOME COMPOSITION IN BROILER FARMS

Jurgita Aksomaitienė<sup>1</sup>, Aleksandr Novoslavskij<sup>1</sup>, Evelina Mockutė<sup>1</sup>, Beatričė Kasparavičienė<sup>1</sup>, Neringa Kašėtienė<sup>1</sup>, Mindaugas Malakauskas<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Food Safety and Quality, Faculty of Veterinary Medicine, Lithuanian University of Health Sciences, Tilžės Str. 18, LT-47181 Kaunas, Lithuania  
[jurgita.aksomaitiene@lsmu.lt](mailto:jurgita.aksomaitiene@lsmu.lt)

Poultry farms harbour complex microbial communities that may contribute to the circulation of antimicrobial resistance and influence the development of gut microbiota in broilers. Investigating bacterial population structure together with microbial community composition helps to better understand microbial dynamics in poultry farms.

In this study, whole-genome sequencing (WGS) was performed on *E. coli* isolates obtained from broiler and environmental samples to examine genomic diversity and antimicrobial resistance determinants. In parallel, shotgun metagenomic sequencing was used to analyse microbial communities in broiler fecal and environmental samples, including feeders, drinkers and boot swabs, collected at different stages of the broiler growing cycle.

WGS analysis revealed several distinct *E. coli* lineages belonging to different phylogenetic groups and carrying multiple antimicrobial resistance determinants, including recurrent genomic profiles such as ST162/O8:H19/fimH32 and ST17505/H2/fimH54. wgMLST analysis showed high genomic diversity among the isolates, with each isolate representing a different sequence type. Hierarchical cgMLST clustering further indicated that some isolates were genetically related and formed broader genomic clusters within the broiler farm.

Metagenomic analysis revealed compositional differences between environmental and fecal microbial communities. Environmental samples were mainly dominated by Proteobacteria, whereas fecal microbiota changed markedly during broiler growth. In early stages Proteobacteria were more abundant, while Firmicutes gradually increased and became dominant in later stages, reflecting the maturation of the broiler gut microbiota.

The results indicate that broiler farms harbour genetically diverse *E. coli* populations and microbial communities that change during broiler growth, while antimicrobial resistance determinants were more frequently observed in certain *E. coli* lineages.

# MULTI-OMIC PROFILING OF KEFIR-FERMENTED HEMP LEAVES REVEALS SYNERGISTIC BIOACTIVITY AGAINST ALZHEIMER'S TARGETS

Eric Banan-Mwine Daliri<sup>1</sup>, Vincent Owusu Kyei-Baffour<sup>1</sup>, Gabrielè Rimkutė<sup>1</sup>, Blay Koffie<sup>1</sup>, Aurelijus Burokas<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Models, Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, Sauletekio Ave. 7, LT-10257 Vilnius, Lithuania  
[eric.daliri@gmc.vu.lt](mailto:eric.daliri@gmc.vu.lt)

Kefir commensals comprise many bacteria that perform specialized functions during fermentation. In this study, Tibetan kefir grain bacteria including *Leuconostoc citreum*, and *Leuconostoc pseudomesenteroides* hydrolyzed hemp leaves to release flavonoids and converted glycones to aglycones with their beta-glucosidases. They also produced esterases that biotransform hydroxycinnamic acids leading to an overall increase in the total phenolic and antioxidant capacity of the fermented samples. Microbial fermentation enriched the concentrations of quercetin, ferulic acid, kaempferol and cannflavin A which demonstrated strong multi-target activity against  $\beta$ -secretase, acetylcholine esterase, butyrylcholine esterase and dipeptidyl peptidase 4 by competitive or mixed-mode inhibition. Our results demonstrate that Tibetan kefir-fermented hemp leaves may serve as bio-functional agents for suppressing enzymatic drivers of Alzheimer's pathology and associated metabolic comorbidities.

# SMALL REGULATORY RNAs MODULATE SUSCEPTIBILITY TO CELL WALL-TARGETING ANTIMICROBIALS IN LACTIC ACID BACTERIA

Milda Mickutė<sup>1</sup>, Kotryna Kvederavičiūtė<sup>1</sup>, Janina Ličytė<sup>1</sup>, Renatas Krasauskas<sup>1</sup>, Sigita Grigaitytė<sup>1</sup>, Danguolė Žiogienė<sup>1</sup>, Naglis Mykolas Pakštys<sup>1</sup>, Algirdas Kaupinis<sup>2</sup>, Saulius Kulakauskas<sup>3</sup>, Giedrius Vilkaitis<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Biotechnology, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania

<sup>2</sup>Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania

<sup>3</sup>Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, Micalis Institute, France

[milda.mickute@bti.vu.lt](mailto:milda.mickute@bti.vu.lt)

Lactic acid bacteria (LAB) are widely used in food fermentation and are increasingly explored in biotechnology and medicine as probiotics and live delivery platforms, yet the regulatory mechanisms governing adaptation across these settings remain incompletely understood. Small regulatory RNAs (sRNAs), key post-transcriptional regulators in bacteria, likely contribute to these responses, but their roles in cell wall stress adaptation in LAB remain poorly defined. Here, we examined sRNA-mediated adaptation to the cell wall-targeting antimicrobials lysozyme and penicillin G in the model organism *Lactococcus cremoris* subsp. *cremoris* MG1363 (previously annotated as *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* MG1363).

By combining sRNA sequencing across growth phases and antimicrobial treatments with functional screening, we identified 195 sRNAs, 133 of which were previously unannotated. Expression of 36 sRNAs changed after lysozyme or penicillin G exposure, and 4 were additionally shown to modulate lysozyme susceptibility. Detailed analysis of sLLM2- and sLLM1042+ sRNAs showed that both have pleiotropic roles in stress adaptation. Elevated expression of either sRNA increased resistance to lysozyme but made bacteria more sensitive to penicillin G. Transcriptomic and proteomic analyses showed that sLLM2- affects broad regulatory networks, promotes D-alanylation of teichoic acids, and is associated with increased expression of alanine racemase, linking sRNA activity to cell envelope remodelling. In addition, sLLM2- reduced the abundance of four putative tellurium resistance proteins and increased tellurite sensitivity. For sLLM1042+, transcriptomic and MAPS analyses identified candidate RNA targets, including the MIP/aquaporin family protein GlpF3, supporting direct post-transcriptional regulation.

Together, our findings identify sRNAs as essential components of antimicrobial stress responses in LAB and highlight their context-dependent roles in cell wall homeostasis and resistance.

# THE MISSING LINK IN VITAMIN B12 METABOLISM: A BACTERIAL PATHWAY FOR $\alpha$ -RIBAZOLE PHOSPHATE DEGRADATION

Rokas Statkevičius, Jonita Stankevičiūtė, Rolandas Meškys

Department of Molecular Microbiology and Biotechnology, Vilnius University, Lithuania  
[rokas.statkevicius@gmc.stud.vu.lt](mailto:rokas.statkevicius@gmc.stud.vu.lt)

Corrinoids, including vitamin B12, are among the most complex organometallic cofactors found across all domains of life, facilitating essential biochemical processes such as methyl group transfer, carbon skeleton rearrangement, and reductive dehalogenation. Fully assembled corrinoids (cobamides) consist of an upper Co $\beta$  ligand, a central cobalt-containing corrin ring, and a lower Co $\alpha$  base that forms part of the nucleotide loop attached to the corrin ring. For example, vitamin B12 (cyanocobalamin) carries an artificial cyano group as its upper Co $\beta$  ligand and 5,6-dimethylbenzimidazole (DMB) as the lower base. In nature, however, the nucleoside base of cobamides varies depending on the microorganism that synthesizes them<sup>1</sup>. While the biosynthesis and function of different lower ligands are well understood, their fate after they are no longer required remains largely unknown.

In this study, we sought to identify catabolic pathways for  $\alpha$ -ribazole phosphate ( $\alpha$ RP), the primary lower ligand precursor of vitamin B12. To this end, surface soil and water samples were screened for  $\alpha$ RP degradation activity. Five samples were selected for further analysis, from which several microorganisms belonging to the genera *Agromyces* and *Pseudomonas* were isolated that are capable of removing DMB from  $\alpha$ RP. The responsible gene cluster was identified and found to encode an ADP-ribosylglycohydrolase family protein together with a kinase, a transport system, and a transcription factor. Genes encoding the hydrolase and kinase were cloned, overexpressed, and purified. In vitro assays showed that the kinases are active with multiple  $\alpha$ -nucleosides, while the hydrolase displays broad activity toward  $\alpha$ -nucleotides. Phylogenetic analysis revealed that these gene clusters are widespread among bacteria, including *Escherichia coli* K-12.

Together, these findings identify a previously uncharacterized pathway for the degradation of  $\alpha$ -ribazole derivatives and suggest that  $\alpha$ -nucleoside and  $\alpha$ -nucleotide metabolism may be more widespread in bacteria than previously appreciated.

[1] Yan, J., Bi, M., Bourdon, A. et al. Purinyl-cobamide is a native prosthetic group of reductive dehalogenases. *Nat Chem Biol* 14, 8–14 (2018). <https://doi.org/10.1038/nchembio.2512>

# 1. SKIRTINGŲ RAUKŠLĒTALAPIO ERŠKĒČIO (*ROSA RUGOSA*) DALIŲ EKSTRAKTŲ ANTIMIKROBINIS VEIKSMINGUMAS

Žaneta Maželienė, Jolita Kirvaitienė, Giedrė Jarienė, Daiva Šakienė, Rasa Volskienė ir Asta Aleksandravičienė

Medicinos fakultetas, Kauno kolegija, Pramonės pr. 20, LT-50468 Kaunas, Lietuva  
[zaneta.maeliene@go.kauko.lt](mailto:zaneta.maeliene@go.kauko.lt)

Didėjant vaistams atsparių mikroorganizmų paplitimui, vis daugiau dėmesio skiriama natūralių antimikrobinų medžiagų paieškai. Vaistiniai augalai yra perspektyvus biologiškai aktyvių junginių šaltinis, galintis pasiūlyti alternatyvą sintetiniams preparatams. Raukšlėtalapis erškėtetas (*Rosa rugosa*) tradiciškai naudojamas liaudies medicinoje, tačiau skirtingų augalo dalių antimikrobinis potencialas vis dar nėra pakankamai ištirtas.

Šio tyrimo tikslas buvo įvertinti skirtingų *Rosa rugosa* dalių, lapų, žiedlapių, žiedų, erškėtuogių, stiebų ir šaknų, vandeninių ir etanolinių ekstraktų antimikrobinį veiksmingumą. Antimikrobinis aktyvumas buvo nustatytas naudojant agarą šulinėlių difuzijos metodą, tiriant poveikį *Candida albicans* bei pasirinktoms Gram-teigiamų (*Staphylococcus aureus*, *Bacillus subtilis*, *Enterococcus faecalis* ir *Listeria monocytogenes*) ir Gram-neigiamų (*Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Salmonella enterica* ir *Klebsiella pneumoniae*) bakterijų padermėms.

Tyrimo rezultatai parodė, kad skirtingų augalo dalių ekstraktai pasižymėjo nevienodu antimikrobinio aktyvumu. Didžiausias veiksmingumas nustatytas lapų ir žiedlapių ekstraktuose, o silpniausias – stiebų ekstraktuose. Etanoliniai ekstraktai buvo veiksmingesni nei vandeniniai, pabrėžiant tirpiklio reikšmę biologiškai aktyvių junginių išgavimui. Tiek vandeniniai, tiek etanoliniai ekstraktai pasižymėjo priešgrybeliniu aktyvumu prieš *Candida albicans*, tačiau stipresnis poveikis nustatytas etanoliniuose ekstraktuose. Gauti rezultatai atskleidė *Rosa rugosa* ekstraktų potencialą kaip natūralių antimikrobinų medžiagų šaltinį ir pabrėžia tolimesnių tyrimų būtinybę.

## 2. PRELIMINARY CHARACTERIZATION OF THE MICROBIOME OF *IXODES RICINUS* TICKS FROM LITHUANIA USING NANOPORE 16S rRNA SEQUENCING

Saulius Bernotas, Povilas Sakalauskas, Justina Snegiriovaitė, Jana Radzijeuskaja, Algimantas Paulauskas

Research Institute of Natural and Technological Sciences, Vytautas Magnus University, Kaunas, Lithuania

[sauliusbernotas@vdu.lt](mailto:sauliusbernotas@vdu.lt)

Ticks (*Ixodidae*) are important vectors of pathogens affecting humans and animals. In Lithuania, tick-borne diseases such as Lyme borreliosis and tick-borne encephalitis represent a significant public health concern. In addition to well-known pathogens, ticks harbor complex microbial communities including symbiotic and commensal bacteria that may influence tick physiology and pathogen transmission. However, the microbiome composition of ticks in Lithuania remains poorly characterized.

The aim of this study was to perform a preliminary characterization of the bacterial microbiome of *Ixodes ricinus* ticks collected from several locations in Lithuania using Nanopore sequencing. Adult female *I. ricinus* ticks (n = 100) were grouped into pools of 10 individuals (10 pools). Total microbial DNA was extracted and the full-length 16S rRNA gene (~1.5 kb) was PCR-amplified and sequenced using Oxford Nanopore Technologies. FASTQ files were analysed using the EPI2ME wf-16S Nextflow workflow (v1.6.1), and taxonomic classification was performed using the SILVA 138.1 database.

The analysis revealed that bacterial communities were predominantly dominated by the genus *Rickettsia*. In addition, other bacterial taxa commonly associated with ticks, including *Candidatus Midichloria*, were also detected across the analysed pools.

These preliminary findings provide initial insights into the microbiome composition of *I. ricinus* ticks in Lithuania and highlight dominant bacterial taxa that may contribute to tick biology and pathogen transmission. Further studies with expanded sampling will allow a more detailed characterization of tick-associated microbial communities.

### 3. APPLICATION OF MONOCLONAL ANTIBODIES FOR THE DETECTION OF AmpC $\beta$ -LACTAMASES IN BACTERIAL ISOLATES

Karolina Bielskė<sup>1</sup>, Indrė Kučinskaitė-Kodžė<sup>1</sup>, Martynas Simanavičius<sup>1</sup>, Julie Nuttens<sup>2</sup>, Rasa Petraitytė-Burneikienė<sup>1</sup>, Justas Dapkūnas<sup>1</sup>, Aurelija Žvirblienė<sup>1</sup>

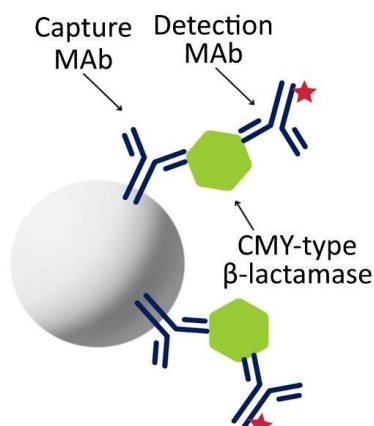
<sup>1</sup>Institute of Biotechnology, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania

<sup>2</sup>ArcDia International Ltd, Turku, Finland

[karolina.bielske@gmc.vu.lt](mailto:karolina.bielske@gmc.vu.lt)

The increasing prevalence of antibiotic resistant bacteria poses a critical risk to human health globally. The emergence of class C  $\beta$ -lactamases (AmpCs) in Gram-negative bacteria is widely identified in healthcare settings, and these  $\beta$ -lactamases are increasingly being detected in livestock, wild and companion animals. The production of these enzymes confers high-level resistance to cephalosporins and  $\beta$ -lactam/ $\beta$ -lactamase inhibitor combinations. Therefore, accurate and easy-to-perform assays for the detection of AmpC-producing bacterial isolates are epidemiologically relevant, leading to more effective use of antibiotics and a comprehensive understanding of  $\beta$ -lactamase prevalence.

This study aimed to apply previously generated and characterized monoclonal antibodies (MAbs) raised against AmpCs for the detection of  $\beta$ -lactamases in bacterial isolates. For this purpose, one MAb panel raised against the CMY family of  $\beta$ -lactamases belonging to the AmpC was selected and applied in a lateral flow immunoassay (LFIA) and two-photon excitation (TPX) assay. Another large collection of broadly reactive MAbs raised against a highly conserved 17-amino acid peptide of AmpC  $\beta$ -lactamases was employed for the detection of AmpCs using the Western blot analysis. Both LFIA and TPX assays were able to detect all analyzed CMY-positive isolates producing CMY-2, CMY-4, CMY-6, CMY-16 and CMY-34 allelic variants. A panel of broadly reactive MAbs against AmpCs demonstrated cross-reactivity with all tested recombinant AmpC  $\beta$ -lactamases and  $\beta$ -lactamase-producing bacterial isolates in Western blot analysis. In this study described novel MAbs, which recognize a wide range of AmpC enzymes, represent a promising tool for the immunodetection of antibiotic resistance determinants in bacterial isolates and are highly promising for rapid diagnostics.



**Figure 1.** Schematic representation of CMY  $\beta$ -lactamase detection using two-photon excitation assay.  $\beta$ -lactamase is captured by MAb coated microparticles and detected by fluorescently labelled MAb

## 4. PNEUMOCOCCAL SEROTYPES IN THE CHANGING VACCINATION LANDSCAPE OF LITHUANIA

Aistė Bulavaitė<sup>1</sup>, Aurelija Petrutienė<sup>2</sup>, Jekaterina Sinotova<sup>2</sup>, Nijolė Pupienienė<sup>2</sup>, Raminta Marcinonytė<sup>3</sup>, Indrė Padvilikytė<sup>3</sup>, Jelena Razmuk<sup>3</sup>, Svajūnė Muralytė<sup>2,3</sup>, Milda Plečkaitytė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Biotechnology, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania

<sup>2</sup>Department of Bacteriology, National Public Health Surveillance Laboratory, Vilnius, Lithuania

<sup>3</sup>Department of Molecular Biology, National Public Health Surveillance Laboratory, Vilnius, Lithuania  
[aiste.bulavaite@bti.vu.lt](mailto:aiste.bulavaite@bti.vu.lt)

*Streptococcus pneumoniae* causes bacteremic pneumonia, meningitis, and sepsis, collectively termed invasive pneumococcal disease (IPD). Pneumococcal conjugate vaccines (PCVs) are based on the bacterial capsular polysaccharides. Lithuania introduced the 10-valent PCV10 in the National Immunization Program in 2014, switching to PCV15 in 2024. This study aimed to assess the impact of PCV10 on the distribution of invasive serotypes.

Invasive pneumococcal isolates (n=1190) collected during the pre-PCV10 (2010–2014) and post-PCV10 (2015–2024) periods were stored at the National Public Health Surveillance Laboratory and serotyped using the Quellung reaction and multiplex PCR. We analyzed serotype distribution in the overall population, in children and adults, and in the adults aged 18–64 years and ≥65 years. The number of invasive pneumococcal isolates significantly exceeded the annually reported IPD cases (1027 vs. 525 in 2010–2023), indicating substantial underreporting. The proportion of PCV10 serotypes declined significantly in the overall population, decreasing from 50% in 2010–2014 to 20% in 2024 (p=0.00002), and within age-specific groups. Non-PCV10 serotypes, primarily 19A (p=0.0015), 3 (p=0.004), and 6C (p=0.0061), and serotypes 8 and 22F, showed increasing trends. Serotype 3 has remained the most prevalent IPD serotype since 2015. From 2018, 19A became the second most common serotype among adults of 18–64 years, while its increase among children was less apparent. Serotypes 3 and 19A are included in PCV13, that was used as an accessory and never as the principal vaccine in Lithuania.

This is the first study in Lithuania to demonstrate that the childhood vaccination program reduced IPD caused by vaccine serotypes. Serotype replacement likely contributed to the increase in non-PCV10 serotype cases among adults. Limitations in current IPD surveillance hinder the ability of health authorities to make timely, evidence-based decisions regarding the choice and use of PCVs.

## 5. ŽIEDINĖS EKONOMIKOS PERSPEKTYVA: *MICROCYSTIS* BIOMASĖS PANAUDOJIMAS BIOPESTICIDAMS KURTI

Daiva Burokienė<sup>1</sup>, Dovilė Čepukoitė<sup>1</sup>, Judita Koreivienė<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Augalų patologijos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras, Lietuva

<sup>2</sup>Algologijos ir mikroorganizmų ekologijos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras, Lietuva  
[daiva.buriokiene@gamtc.lt](mailto:daiva.buriokiene@gamtc.lt)

Klimato kaita ir eutrofikacija vis dažniau lemia toksinus produkuojančių *Microcystis* genties dumblių žydėjimus, kurie kelia grėsmę gėlo vandens ekosistemoms ir visuomenės sveikatai. Siekiant ne tik mažinti neigiamą šių reiškinių poveikį, bet ir tvariai panaudoti susikaupusią biomasę, aktualu įvertinti jos potencialą žiedinės ekonomikos kontekste. Šio tyrimo tikslas – nustatyti *Microcystis* dominuojančios biomasės cheminę sudėtį ir įvertinti jos ekstraktų biopesticidinį aktyvumą prieš augalų patogenus.

Cianobakterijų biomasė 2020–2024 m. buvo renkama iš Kauno tvenkinio, naudojant AS-L/AS-LAND prototipus. Liofilizuota biomasė analizuota nustatant makromolekulinę sudėtį – baltymų, pigmentų, angliavandenių, lipidų kiekius. Atskirų junginių sudėtis buvo nustatyta LC-qTOF metodu, tiriant 70 % metanolio ekstraktus. Biologiniam aktyvumui įvertinti paruošti keturių tipų ekstraktai: vandeninis, metanolinis, aceton-etanolinis, fikocianino. Jų antagonistinis poveikis tirtas prieš *Alternaria*, *Botrytis*, *Diaporthe*, *Fusarium*, *Phytophthora*, *Pythium* genčių patogenus. Patogenų augimas ekstraktais papildytose terpėse vertintas po 7 ir 14 dienų.

Tyrimo rezultatai parodė, kad vandeniniai ekstraktai neturėjo reikšmingo slopinančio poveikio, o kai kuriais atvejais net skatino patogenų augimą. Tuo tarpu metanolinis ekstraktas pasižymėjo stipriu fungicidiniu aktyvumu: po 7 parų *Fusarium culmorum* augimas sumažėjo iki 22,5 %, *Phytophthora cactorum* – iki 44,6 %, *Phytophthora cryptogea* – 42 %, *Pythium oopapillum* – 23,9 %, palyginti su kontrole.

Apibendrinant galima teigti, kad metanolinis *Microcystis* biomasės ekstraktas veiksmingai slopina tam tikrų augalų patogenų augimą. Gauti rezultatai atskleidžia galimybę pavojingus cianobakterijų žydėjimus transformuoti į vertingą žaliavų šaltinį biologinių pesticidų kūrimui ir taip prisidėti prie tvaresnio išteklių valdymo.

Tyrimai atlikti vykdant Lietuvos mokslo tarybos finansuojamą Mokslininkų grupių projektą „HABpest“ (sut. Nr. S-MIP-24-107).

## 6. MENO KŪRINIUS KOLONIZUOJANČIŲ MIKROSKOPINIŲ GRYBŲ AUGIMO SKIRTINGOMIS TEMPERATŪROS IR VANDENS AKTYVUMO SĄLYGOMIS ĮVERTINIMAS

Gabrielė Butėnaitė<sup>1,2,3</sup>, Eglė Malachovskienė<sup>2</sup>, Olga Ščit<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mikrobiologijos ir biotechnologijos katedra, Gyvybės mokslų centras, Vilniaus universitetas, Lietuva

<sup>2</sup>Biodestruktorių tyrimo laboratorija, Gamtos tyrimų centras, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas, Lietuva

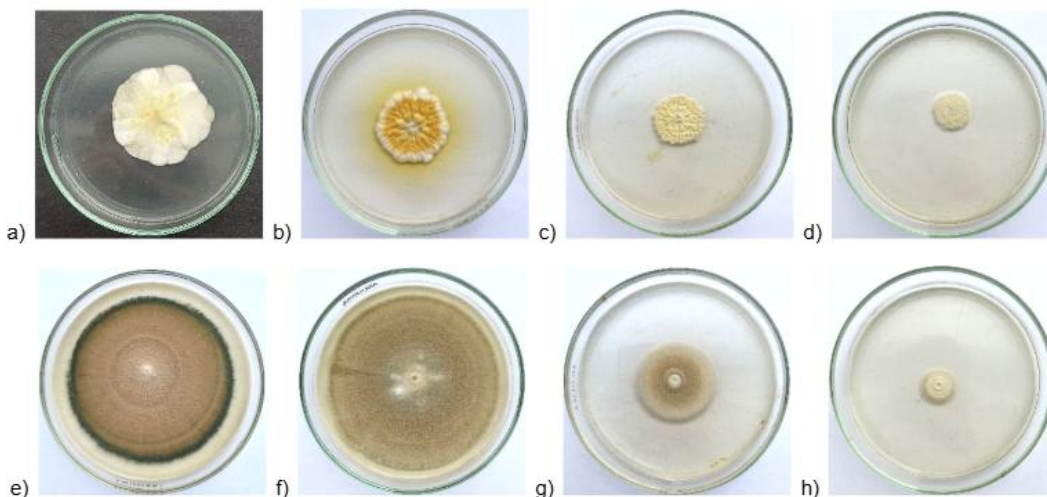
<sup>3</sup>Prano Gudyno restauravimo centras, Lietuvos nacionalinis dailės muziejus, Lietuva

[gabriele.butenaite@gmc.stud.vu.lt](mailto:gabriele.butenaite@gmc.stud.vu.lt)

Netinkamas meno kūrinių sandėliavimas, eksponavimas ir transportavimas padidina mikroskopinių grybų sporų sudygimo riziką. Šie mikroorganizmai pažeidžia meno kūrinius, dėl to jie netenka savo estetinės išvaizdos, vertės ir gali būti visam laikui prarandami. Siekiant išsaugoti kultūrinį paveldą, patalpose svarbu palaikyti tinkamą mikroklimatą. Šio tyrimo tikslas – įvertinti meno kūrinius kolonizuojančių mikroskopinių grybų halofiliškumą/kserofiliškumą ir jų gebėjimą augti esant skirtingoms temperatūros sąlygoms.

Tyrimai buvo atlikti su *Penicillium* sp. E3, *Aspergillus* sp. C3 ir *Chaetomium* sp. K2 izoliatais, išskirtais nuo meno kūrinių, ant kurių buvo aptikta mikroskopinių grybų kolonijų. Grybai buvo auginami ant agarizuotos dichlorano glicerolio terpės su skirtingomis glicerolio koncentracijomis: 0% (DG0), 18% (DG18), 30% (DG30), 40% (DG40) ir ant agarizuotos salyklo ekstrakto (MEA) terpės su skirtingomis NaCl koncentracijomis: 10% (MEA10), 20% (MEA20), 25% (MEA25). Po 28 parų inkubacijos 24°C temperatūroje buvo matuojamas kolonijų skersmuo (mm). Temperatūros įtakos mikroskopinių grybų augimui vertinimas atliktas auginant izoliatas ant MEA terpės 15, 24 ir 35°C temperatūroje. Po 14 parų pamatuotas kolonijų skersmuo (mm).

Gauti rezultatai parodė, kad *Aspergillus* sp. C3 ir *Penicillium* sp. E3 izoliatai priklauso vidutinių kserofilų (1 pav.) ir vidutinių halofilų, o *Chaetomium* sp. K2 – silpnų kserotolerantų ir nehalotolerantų grupėms. Pagal gebėjimą augti esant skirtingoms temperatūros sąlygoms, *Aspergillus* sp. C3 ir *Penicillium* sp. E3 izoliatai buvo priskirti psichrotolerantų, o *Chaetomium* sp. K2 – psichrotolerantinių mezofilų grupei.



1 pav. *Aspergillus* sp. C3 (a–d) ir *Penicillium* sp. E3 (e–h) izoliatų kolonijos ant a, e – DG0; b, f – DG18; c, g – DG30; d, h – DG40 terpės po 28 parų inkubavimo 24°C temperatūroje

Siekiant efektyviai kontroliuoti mikroskopinių grybų plitimą, muziejines vertybes saugančios įstaigos turėtų atsižvelgti į meno kūrinius kolonizuojančių grybų gebėjimą prisitaikyti prie įvairių aplinkos sąlygų ir sugriežtinti patalpų mikroklimato gaires, taip maksimaliai sumažinant užkrato riziką.

## 7. HIDROPONIKA IR JOJE SLYPINTYS PATOGENAI

Dovilė Čepukoit<sup>1</sup>, Daiva Burokienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Augalų patologijos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras, Vilnius, Lietuva

[dovile.cepukeit@gamtc.lt](mailto:dovile.cepukeit@gamtc.lt)

Hidroponinėse sistemose augalai auginami mineralinių medžiagų prisotintame tirpale, kuris nuolat cirkuliuoja aplink šaknis. Tokia aplinka užtikrina efektyvų maistinių medžiagų pasisavinimą, tačiau drėgmė ir šiluma sudaro palankias sąlygas mikroorganizmams daugintis ir plisti. Pagrindinės hidroponikoje aptinkamos patogenų grupės yra bakterijos, grybai, oomicetai, virusai ir dumbliai. Tokie patogenai kaip *Pythium*, *Fusarium*, *Rhizoctonia*, *Phytophthora* sukelia šaknų ir stiebų puvinius, o bakterijos, pvz., *Erwinia* ar *Xanthomonas*, sukelia augalo audinių irimą. Patogenų sukeltų pažeidimų pasėkoje augalai žūsta, o tai tiesiogiai mažina derlių ir gamybos sistemų stabilumą. Sistemų užteršimas dumbliais papildo riziką, sumažina deguonies kiekį vandenyje ir sudaro palankią terpę patogenams.

Tirti hidroponinių sistemų mikrobiologinę būklę yra svarbu dėl augalų sveikatos užtikrinimo, maisto saugos, derliaus produktyvumo bei siekio kurti tvarius auginimo sprendimus. Todėl šio tyrimo tikslas yra nustatyti dažniausiai hidroponikoje aptinkamus patogeninius mikroorganizmus.

Siekiant nustatyti patogenus hidroponikoje buvo tiriami įvairūs sistemos komponentai ir augalinė medžiaga: cirkuliuojantis vanduo, vamzdžiuose susidaręs apnašas, nuograndos nuo putplasčių ir mineralinė vata, kuriuose auginami augalai, augalų dalys: šaknys, stiebai, lapai. Buvo tirtos tokios salotų veislės kaip 'Chunchita', 'Green Tango', 'Red Tango', romaninė salota, taip pat šalavijas ir rozmarinas. Tyrimo metu buvo išskirti grybai, oomicetai ir bakterijos. Pagrindiniai nustatyti mikroorganizmai: *Alternaria alternata*, *Alternaria consortialis*, *Fusarium oxysporum*, *Phytophthora cryptogea*, *Pythium oopapillum*, *Rhizopus*, *Plectosphaerella*, *Acremonium*, *Trichoderma*. Tai rodo šaknų ir stiebų puvinius sukeliančių organizmų dominavimą ir infekcijos plitimą po visą sistemą. Šiuo metu yra tiriamos bakterijos ir auginami augalai patogeniškumo tyrimams atlikti, todėl tyrimo duomenys bus papildyti.

## 8. IŠ RIZOSFEROS IŠSKIRTŲ BAKTERIJŲ POVEIKIO SKIRTINGŲ AUGALŲ SĖKLŲ DYGIMUI IR DAIGŲ MORFOLOGINIAMS RODIKLIAMS VERTINIMAS

Emilija Eklevaitė<sup>1,2</sup>, Yuliia Lysak<sup>1</sup>, Dovilė Čepukoit<sup>1</sup>, Ieva Sokė<sup>1</sup>, Simona Jaseliūnaitė<sup>1</sup>, Daiva Burokienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Augalų patologijos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras, Lietuva

<sup>2</sup> Gyvybės mokslų centras, Vilniaus universitetas, Lietuva

[emilija.eklevaite@gamtc.lt](mailto:emilija.eklevaite@gamtc.lt)

Rizosferoje esantys mikroorganizmai sudaro svarbią augalų mikrobiotos dalį ir gali reikšmingai veikti augalų augimą, vystymąsi bei sėklų dygimą. Pastaraisiais metais didėja susidomėjimas rizosferos bakterijomis, galinčiomis skatinti augalų augimą ir būti panaudotomis tvariose žemės ūkio technologijose kaip biologiniai augimo stimulatoriai ar alternatyva cheminėms priemonėms. Rizosferos bakterijų poveikio augalų sėklų dygimui ir ankstyvajam daigų vystymuisi tyrimai yra svarbūs vertinant jų praktinį pritaikymą.

Šio tyrimo tikslas yra nustatyti iš rizosferos išskirtų bakterijų poveikį skirtingų augalų sėklų dygimui ir daigų bei šaknų augimui.

Tyrimo metu iš rizosferos išskirtos ir išgrynintos bakterijų kultūros (n=144), iš kurių eksperimentui atrinkta dešimt morfologiškai skirtingų izoliatų. Jų poveikis buvo vertinamas naudojant keturių augalų rūšių sėklas: žirnių (*Pisum sativum* L.), pupelių (*Phaseolus vulgaris* L.), rapsų (*Brassica napus* L.) ir kviečių (*Triticum aestivum* L.). Paruoštos bakterijų suspensijos ( $10^8$ – $10^9$  ląst./ml) buvo naudotos sėkloms apdoroti. Sėklos dezinfekuotos 3 % natrio hipochlorito tirpalu ir du kartus nuplautos steriliu vandeniu. Nudžiūvusios sėklos inokuliuotos bakterijų suspensijomis ir patalpintos į vandens agarą terpę. Eksperimento metu vertintas sėklų dygimas ir daigų bei šaknų augimas.

Tyrimo rezultatai parodė, kad skirtingi morfologiškai išsiskiriantys bakterijų izoliatai nevienodai veikia tirtų augalų sėklų dygimą ir struktūrų augimą. Po septynių parų įvertinti iš sėklų išaugę daigų ir šaknų ilgiai. Remiantis gautomis vidutinėmis daigų ir šaknų ilgio reikšmėmis bus atliekama statistinė analizė, siekiant įvertinti bakterijų poveikio reikšmingumą. Statistiškai reikšmingą poveikį parodę izoliatai bus toliau tiriami, nustatant jų molekulinės, cheminės ir biocheminės savybės.

# 9. AUGALINIAI EKSTRAKTAI KOVOJE SU ATSPARUMU ANTIBIOTIKAMS: PAGRASIOS GARŠVOS (*AEGOPODIUM PODAGRARIA* L.) ĮTAKA ANTIBIOTIKŲ VEIKSMINGUMUI

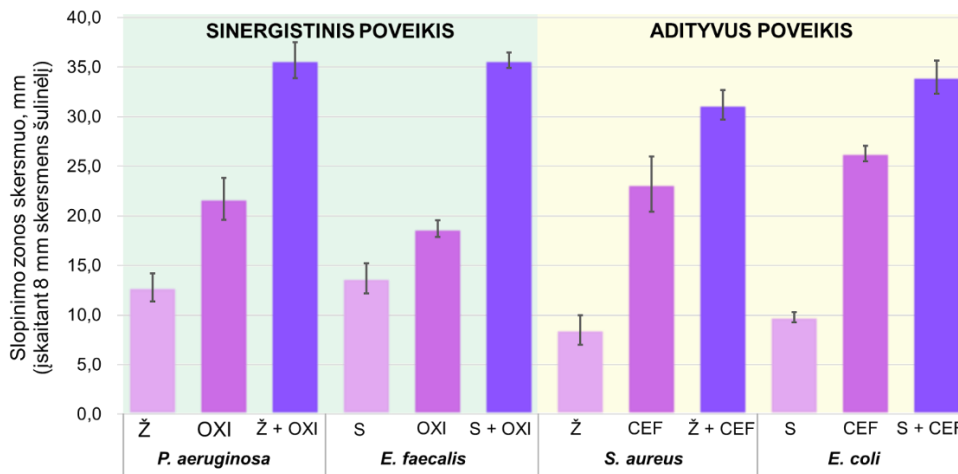
Ugnė Gabrytė<sup>1</sup>, Rūta Mickienė<sup>1</sup>, Audrius Sigitas Maruška<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instrumentinės analizės atviros prieigos centras, Vytauto Didžiojo Universitetas, Lietuva  
[ugne.gabryte@vdu.lt](mailto:ugne.gabryte@vdu.lt)

Didėjantis patogeninių bakterijų atsparumas antimikrobinėms medžiagoms yra viena didžiausių visuomenės sveikatos problemų, įtraukta į Pasaulio Sveikatos Organizacijos (PSO) prioritetinių grėsmių sąrašą. Dėl neatsakingo antibiotikų vartojimo patogenai jiems praranda jautrumą, dėl to tampa sudėtinga gydyti infekcines ligas. Todėl ieškoma būdų, kaip sustiprinti antibiotikų poveikį. Vis didesnis dėmesys skiriamas etnofarmakologijai – tyrimai rodo, kad augaliniai ekstraktai, vartojami kartu su antibiotikais, gali padidinti jų veiksmingumą.

Tyrimo tikslas – įvertinti paprastosios garšvos (*Aegopodium podagraria* L.) įtaką antibiotikų oksitetraciklino, ceftazidino ir penicilino veiksmingumui. Antimikrobinis poveikis tiriamas keturioms bakterijų padermėms, kurios yra įtrauktos į PSO 2024 m. prioritetinių patogenų sąrašą – *E. coli*, *P. aeruginosa*, *S. aureus*, *E. faecalis*. Tyrime naudojami augalo lapų, stiebų, žiedų ir šaknų ekstraktai. Antimikrobinio poveikio tyrimas atliktas šulinėlių difuzijos į agarą metodu (remiantis Europos Farmakopėjos standartu Nr. 20702). Kokybinis antibiotikų ir ekstraktų poveikis įvertintas matuojant slopinimo zonų skersmenis (mm).

Gauti duomenys parodė, jog paprastosios garšvos ekstraktai reikšmingai modifikuoja antibiotikų poveikį, o rezultatai priklauso nuo augalo dalies ir bakterijų rūšies. Ryškiausias veiksmingumo padidėjimas nustatytas *P. aeruginosa* atveju – žiedų ekstraktas padidino oksitetraciklino slopinimo zoną net 60 %. Sinergija pastebėta ir tiriant *E. faecalis* jautrumą oksitetraciklinui – derinant jį su ekstraktais, antibiotiko veiksmingumas padidėjo dvigubai (žr. pvz. 1 pav.). Apie 30 % tirtų atvejų nustatytas adityvus poveikis, kai ekstrakto ir antibiotiko mišinio poveikis yra lygus abiejų komponentų veikimo sumai.



**1 pav.** Paprastosios garšvos (*Aegopodium podagraria* L.) skirtingų dalių (S – stiebų, Ž – žiedų) ekstraktų įtakos antibiotikų (OXI – oksitetraciklinas, CEF – ceftazidinas) veiksmingumui nustatymo rezultatai, išreikšti slopinimo zonos skersmeniu (mm) (įskaitant 8 mm skersmens šulinėlį) (n = 3, SSN ≤ 14,17%)

Tyrimas atskleidė, kad natūralūs augaliniai ekstraktai gali reikšmingai padidinti antibiotikų veiksmingumą net prieš atsparias bakterijų padermes, o tai pagrindžia jų potencialą kombinuotai terapijai kovoje su antimikrobinio atsparumu.

# 10. LIETUVOS RINKOJE PARDUODAMŲ FERMENTUOTŲ PROBIOTINIŲ PRODUKTŲ MIKROORGANIZMŲ RŪŠINĖS SUDĖTIES ĮVERTINIMAS IR PALYGINIMAS

Eglė Gadeikytė<sup>1</sup>, Vika Gabė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Fiziologijos, biochemijos, mikrobiologijos ir laboratorinės medicinos katedra, Biomedicinos institutas, Medicinos fakultetas, Vilniaus universitetas, Lietuva  
[egle.gadeikyte@mf.stud.vu.lt](mailto:egle.gadeikyte@mf.stud.vu.lt)

Pastaruoju metu vis daugiau vartotojų dėmesio sulaukia prekyboje atsirandantys fermentuoti augalinės kilmės produktai, kurie yra apibūdinami kaip puiki alternatyva tradiciniams vaistinėse parduodamiems probiotiniams preparatams. Vis dėlto šiuose produktuose mikroorganizmų sudėtis gali kisti dėl įvairių veiksnių, tokių kaip gamybos procesas, laikymo sąlygos ar aplinkos veiksniai, todėl gali keistis jų rūšinė įvairovė bei probiotinės savybės. Todėl gali būti nesulaukiamas naudingas poveikis sveikatai, kurio yra tikimasi.

Pagrindinis šio darbo tikslas – nustatyti ir palyginti Lietuvos rinkoje parduodamuose fermentuotuose probiotiniuose produktuose esančių mikroorganizmų rūšinę sudėtį.

Tyrimui pasirinkti skirtingų gamintojų penki fermentuotų avižų produktai – A, B, C, D ir E. Probiotiniai fermentuoti produktai iširti atliekant serijinius skiedimus (10, 100 ir 1000 kartų), po to iš kiekvieno skiedimo 100 µL buvo išsėta ant įvairių mitybinių terpių – Mitybinio (Oxoid, Anglija), De Man–Rogosa–Sharpe su Tween 80 (Biolife, Italija), Manitolio druskos (Liofilchem, Italija), Triptono tulžies X-gliukuronido (Biolife, Italija) ir Saburo gliukozės (Liofilchem, Italija) agarų paviršiaus. Pasėliai kultivuoti 24–48 val. 35–37 °C temperatūroje, aerobinėmis ir mikroaerofilinėmis sąlygomis. Izoliatai atrinkti pagal kultūrinės savybes. Nustatytas mikroorganizmų skaičius (BMS), kuris išreikštas kolonijas formuojančių vienetų skaičius viename mililitre (KFV/ml). Išskirti mikroorganizmų izoliatai identifikuoti MALDI-TOF MS metodu.

Iš penkių tirtų fermentuotų avižų produktų, iš viso buvo išskirtas 91 mikroorganizmų izoliatas, iš kurių 60 buvo identifikuoti iki rūšies. Nustatyta, kad 17,9 proc. (n=7) izoliatų priklausė *Lactobacillus* genčiai. Didžiausiu mikroorganizmų skaičiumi pasižymėjo produktas E, o mažiausiu – A. Iš kultūrų, kurias pavyko identifikuoti, A produkte nustatytos 6 skirtingos mikroorganizmų rūšys, B ir C produktuose – 10 skirtingų rūšių, D produkte – 6, o E produkte – 7. Fermentuotose produktuose nustatytas BMS svyravo nuo  $5 \times 10^6$  iki  $1,2 \times 10^8$  KFV/ml.

# 11. PRAKAITĄ SKAIDANČIŲ BAKTERIJŲ JAUTRUMAS METALO NANODALELĖMIS PADENGTAI MEDVILNINEI MEDŽIAGAI

Agnė Giedraitienė<sup>1</sup>, Rita Šiugždinienė<sup>1</sup>, Modestas Ružauskas<sup>1</sup>, Raminta Rodaitė<sup>2</sup>, Darius Milčius<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Mikrobiologijos ir virusologijos institutas, Lietuvos sveikatos mokslų universitetas, Kaunas, Lietuva;

<sup>2</sup>Vandenilio energetikos technologijų centras, Lietuvos energetikos institutas, Kaunas, Lietuva.

[agne.giedraitiene@ismu.lt](mailto:agne.giedraitiene@ismu.lt)

Prakaito kvapas yra reikšminga higienos ir socialinė problema, susijusi su odos mikrobiotos metaboline veikla. Bakterijos *Corynebacterium spp.*, *Staphylococcus hominis* ir *Staphylococcus epidermidis*, bei *Cutibacterium (anksčiau Propionibacterium) acnes* skaido prakaitą, išskirdamos lakiuosius junginius, atsakingus už nemalonų kvapą. Tai lemia poreikį kurti išmaniąją tekstilę, skirtą mikroorganizmų augimui ir aktyvumui slopinti. Metalų oksidų nanodalelės pasižymi antimikrobinėmis savybėmis, jos gali pažeisti bakterijų ląstelių membranas, sukelti oksidacinį stresą ir sutrikdyti metabolinius procesus. Vienas iš inovatyviausių antimikrobinų dangų formavimo būdų yra žemos temperatūros plazminis garinimas – fizinio garų nusodinimo technologija, leidžianti išgauti tolygias ir patvarias nanodangas be tirpiklių naudojimo. Žemos temperatūros plazmos technologijos taikymas vienu metu užtikrina tekstilės paviršiaus valymą ir funkcionalizavimą, padidina pluošto paviršiaus energiją, pagerina nanoklasterių adheziją ir leidžia suformuoti patvarias, tolygiai pasiskirsčiusias nanodangas, išsaugant tekstilės lankstumą ir sumažinant galimą nanodalelių išsiskyrimą į aplinką.

Šio tyrimo tikslas buvo įvertinti cinko oksido (ZnO), volframo oksido (WO<sub>3</sub>) ir geležies (III) oksido (Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub>) nanodalelių, nusodintų ant abiejų medvilninio audinio paviršiaus pusių naudojant plazminį garinimą, antimikrobinį aktyvumą prieš su prakaito kvapu susijusias gramteigiamas bakterijas.

Naudojant terpės praskiedimo metodą, atlikti mikrobiologiniai tyrimai įvertinti *Corynebacterium auriscanis*, *Staphylococcus hominis* ir *meticilinui atspariam S. epidermidis*, bei *Cutibacterium acnes* jautrumą nanodalelėmis padengtam medvilniniam audiniui. Lyginant su kontrole, nustatyta, kad metalų oksidais padengtos nanodangos reikšmingai sumažino tirtų bakterijų augimą, tačiau jų efektyvumas priklausė nuo bakterijų rūšies ir dangos tipo. ZnO 150W danga sumažino *C. auriscanis* ir *S. hominis* augimą apie 60 proc., *C. acnes* – beveik 70 proc., o *S. epidermidis* net 99 proc. Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub> 200W nanodalelėmis dengta danga pasižymėjo stipriu antibakteriniu poveikiu prieš *C. acnes* ir *S. hominis*, taip pat *S. epidermidis* (daugiau nei 90 proc.), o *C. auriscanis* augimą sumažino tik per pusę (57 proc.). Tuo tarpu, WO<sub>3</sub> 200W, dažnai naudojamas pramonėje, slopino gramteigiamų lazdelių *C. auriscanis* ir *C. acnes*, gramteigiamų kokių *S. hominis* augimą nuo 37 iki 61 proc., kai *S. epidermidis* (97 proc.) augimą.

Tyrimo rezultatai rodo, kad metalo oksidų nanodalelėmis, ypač Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub> 200W, dengta medvilnės medžiaga artimiausioje ateityje gali tapti perspektyvia alternatyva prieš prakaitą metabolizuojančias bakterijas.

**Raktiniai žodžiai:** metalo nanodalelės, antimikrobinė danga, *Corynebacterium auriscanis*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus epidermidis*, *Cutibacterium acnes*, medvilninė medžiaga, žemos temperatūros plazmos technologija.

## 12. MIKROBIOTOS ĮVAIROVĖ PAGAL IDENTIFIKUOTŲ GENŲ GAUSĄ FERMENTUOTOSE AVIŽŲ GĖRIMŲ KONCENTRATUOSE

Ingrida Mažeikienė<sup>1</sup>, Lina Vaičiulytė<sup>1</sup>, Lina Trakšėlė<sup>2</sup>, Antanas Šarkinas<sup>1</sup>

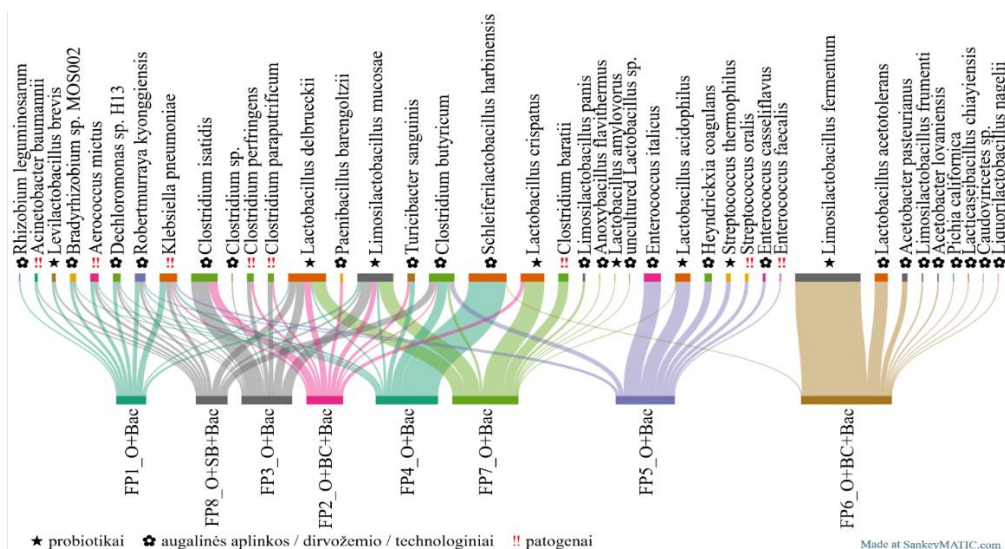
<sup>1</sup>Mikrobiologijos mokslo laboratorija, Maisto institutas, Kauno technologijos universitetas, Lietuva

<sup>2</sup>Chemijos mokslo laboratorija, Maisto institutas, Kauno technologijos universitetas, Lietuva

[ingrida.mazeikiene@ktu.lt](mailto:ingrida.mazeikiene@ktu.lt)

Fermentuoti grūdų produktai aprašyti daugiau nei prieš 4 tūkst. ir vis dabar aktualūs daugelyje tautų kaip maistas, vaistas ar ritualas. Šiuolaikinė bespiečianti fermentuotų produktų rinka yra skatinama susidomėjimo natūraliais, funkcionaliais, žarnynui draugiškais produktais. Su produktų kūrimo entuziazmu, kyla iššūkiai - augalinių priedų įnešama natūrali tarša ir kintanti pamatinių kultūrų veikla koncentratuose.

Shotgun metagenominė analizė leido įvertinti mikrobiologinius procesus pagal identifikuotų genų gausą fermentuotose avižų gėrimų koncentratuose (FAGK). Metagenomų dydis svyravo nuo 6,4 iki 17,9 Gb, o vaisių priedas didino ir genetinių duomenų rinkinius. Bioinformacinė analizė parodė, kad bendrijų įvairovė ir heterogeniškumas yra nuo vidutinės iki labai aukštos (Shannon 1,6 - 4,0 ir Simpson 0,5 – 0,9 indeksai). Alfa įvairovė rūšiai būdingų genų lygmenyje pagal Micro\_NR duomenų bazę svyravo nuo 820 iki 1908. Visuose FAGK nustatytos įvairių grupių „top 10“ rūšys parodytos Sankey diagramoje (1 pav.).



1 pav. 10 dažniausių rūšių FAGK metagenomuose pagal Micro\_NR santykinius genų gausos duomenis Sankey diagramoje (trumpiniai produkto pavadinime: FP - fermentuotas produktas, O - avižos, SB - šaltalankio vaisiai, BC - juodojo serbento vaisiai; Bac – pamatinės kultūros).

Genų aprašas atliktas pagal KEEG, eggNOG, CAZy, PHI ir VFBD duomenų bazes, parodė FAGK funkcinio potencialo skirtumus, bet panašias tendencijas - angliavandenių ir amino rūgščių metabolizmas, aplinkos informacijos apdorojimas ir transportas per membraną, genetinės informacijos palaikymas, perdavimas ir apsauga. Gausiausios fermentų klasės rodančios aktyvią angliavandenių jungčių kaitą buvo glikozilo transferazės ir glikozido hidrolazės. 1–5 % genų buvo susieti su virulentiškumu ir patogeniškumu.

Teigiame, kad fermentuotų avižų koncentratuose susiformuoja heterogeniškos ir dinamiškos ekosistemos, turinčios daugiapakopius metabolitų sintezės kelius, o augaliniai priedai natūraliai įneša polisacharidų skaidytojus, fenolinių junginių modifikuotojus, augalų endofitus ir kitus mikroorganizmus toleruojančius skirtingą pH, kas įrodo nesterilią augalinę matricą ir dinamišką fermentacijos ekosistemą.

# 13. MOLECULAR DETECTION AND CHARACTERIZATION OF *BABESIA CANIS* IN LITHUANIAN SHELTER DOGS USING *BC28.1* GENE SEQUENCE ANALYSIS

Illia Hol<sup>1</sup>, Miglė Razgūnaitė<sup>1</sup>, Justina Snegiriovaitė<sup>1</sup>, Indrė Lipatova<sup>1</sup>, Karolina Jankauskaitė<sup>1,2</sup>, Birutė Karvelienė<sup>2</sup>, Algimantas Paulauskas<sup>1</sup>, Jana Radzijeuskaja<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Vytautas Magnus University, Faculty of Natural Sciences, Donelaičio str. 52, LT-44243 Kaunas, Lithuania

<sup>2</sup>Lithuanian University of Health Sciences, Tilžės str. 18, LT-47181 Kaunas, Lithuania  
[migle.razgunaite@vdu.lt](mailto:migle.razgunaite@vdu.lt)

*Babesia canis* is an intraerythrocytic protozoan and the causative agent of canine babesiosis, a tick-borne disease of increasing clinical and epidemiological relevance across Europe, including Lithuania. Routine diagnostic methods used in veterinary practice - peripheral blood smear microscopy and clinical assessment - have well-documented limitations in sensitivity, particularly in cases of low parasitemia or subclinical infection, and do not reliably allow species-level identification.

This study investigated the prevalence of *B. canis* in shelter dogs in Lithuania using PCR amplification and sequence analysis of the *Bc28.1* gene fragment, which encodes a piroplasm surface protein involved in erythrocyte invasion. Blood samples were collected from 50 dogs, both clinically symptomatic and asymptomatic, during the active transmission season between spring and autumn 2024. *B. canis* DNA was detected in 2 of 50 samples (4%). Sequencing of the *Bc28.1* fragment revealed identical sequences in both positive samples, regardless of clinical status, indicating the presence of a single circulating genotype within the sampled population.

These results demonstrate the utility of molecular methods for sensitive and specific detection of *B. canis* and provide preliminary genotypic data that may contribute to broader epidemiological surveillance efforts in the Baltic region.

**Acknowledgments:** This study was supported by the Research Council of Lithuania (Grant No. S-MIP-23/19).

**Keywords:** *Babesia canis*, canine babesiosis, shelter animals, *Bc28.1* gene.

# 14. SPATIAL AND RISK FACTOR ANALYSES OF VECTOR-BORNE PATHOGEN, *ANAPLASMA PHAGOCYTOPHILUM*, AMONG SHELTER DOGS IN LITHUANIA

Karolina Jankauskaitė<sup>1,2</sup>, Miglė Razgūnaitė<sup>1</sup>, Birutė Karvelienė<sup>2</sup>, Monika Laukutė<sup>1,2</sup>, Viktorija Petrauskaitė<sup>1,2</sup>, Zamokas Gintaras<sup>2</sup>, Algimantas Paulauskas<sup>1</sup>, Jana Radzijeuskaja<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Vytautas Magnus University, Research Institute of Natural and Technological Sciences, Kaunas, Lithuania

<sup>2</sup>Lithuanian University of Health Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Kaunas, Lithuania  
[karolina.jankauskaite@lsmu.lt](mailto:karolina.jankauskaite@lsmu.lt)

**Background:** *Anaplasma phagocytophilum* is an emerging tick-borne zoonotic pathogen infecting both humans and dogs across Europe. Its distribution is expanding due to climate change and the increasing range of tick vectors such as *Ixodes ricinus*. Canine granulocytic anaplasmosis often presents with nonspecific clinical signs or may remain subclinical, making diagnosis challenging. Serological tests may fail to detect early infection, highlighting the importance of molecular methods.

**Aim:** This study aimed to evaluate the seroprevalence and PCR positivity of *Anaplasma phagocytophilum* in asymptomatic shelter dogs in Lithuania and to identify potential epidemiological, clinical, and hematological risk factors associated with infection.

**Methods:** Blood samples from 91 shelter dogs across Lithuania were analyzed using serological testing and real-time PCR for the detection of *A. phagocytophilum*. Epidemiological variables, including age, sex, breed, coat characteristics, geographical location, and housing conditions, were evaluated. Additionally, 24 hematological parameters and clinical examination findings were compared between seropositive and seronegative animals. Phylogenetic analysis was conducted to determine the genetic relationships among detected strains.

**Results:** Serological analysis revealed exposure to *A. phagocytophilum* in 31.9% of dogs, while 8.89% were positive by real-time PCR. Only 3.3% of dogs were positive by both diagnostic methods. No statistically significant associations were found between infection status and evaluated risk factors, including age, sex, breed, coat type, housing conditions, or geographical location. Hematological parameters did not differ significantly between groups, although a slight trend toward lower mean corpuscular volume (MCV) was observed in seropositive dogs. Clinical examination findings showed only weak correlations with infection status. Phylogenetic analysis of *A. phagocytophilum* strains indicated that Lithuanian isolates clustered with other European strains derived from humans, dogs and *Ixodes ricinus* ticks.

**Conclusions:** The findings indicate that *A. phagocytophilum* infection in shelter dogs in Lithuania is relatively common but largely subclinical. The lack of clear clinical or hematological indicators highlights the importance of molecular diagnostics. PCR remains the most reliable method for detecting active infection, while serology mainly reflects past exposure.

**Keywords:** Vector-borne diseases, *Anaplasma* spp., shelter dogs.

## References:

1. Beugnet, F., & Marie, J. L. (2009). Emerging arthropod-borne diseases of companion animals in Europe. *Veterinary Parasitology*, 163(4), 298–305. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2009.05.026>
2. Carrade, D. D., Foley, J. E., Borjesson, D. L., & Sykes, J. E. (2009). Canine granulocytic anaplasmosis: a review. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 23(6), 1129–1141. <https://doi.org/10.1111/j.1939-1676.2009.0378.x>
3. Chomel, B. B. (2011). Tick-borne infections in dogs—an emerging infectious threat. *Veterinary Parasitology*, 179(4), 294–301. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.03.040>
4. Harrus, S., & Waner, T. (2011). Diagnosis of canine monocytotropic ehrlichiosis (*Ehrlichia canis*): an overview. *The Veterinary Journal*, 187(3), 292–296. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2010.02.001>
5. Kohn, B., Galke, D., & Beelitz, P. (2008). Clinical and laboratory parameters in dogs naturally infected with *Anaplasma phagocytophilum*. *Veterinary Record*, 162(17), 526–531. <https://doi.org/10.1136/vr.162.17.526>

## 15. ENTOMOPATOGENINIŲ GRYBŲ ĮVAIROVĖ LIETUVOJE

Simona Jaseliūnaitė<sup>1</sup>, Dovilė Čepukoit<sup>1</sup>, Deimantė Tiškevičiūtė<sup>2</sup>, Ieva Sokė<sup>1</sup>, Rasa Čepulytė<sup>2</sup>, Daiva Burokienė<sup>1</sup>

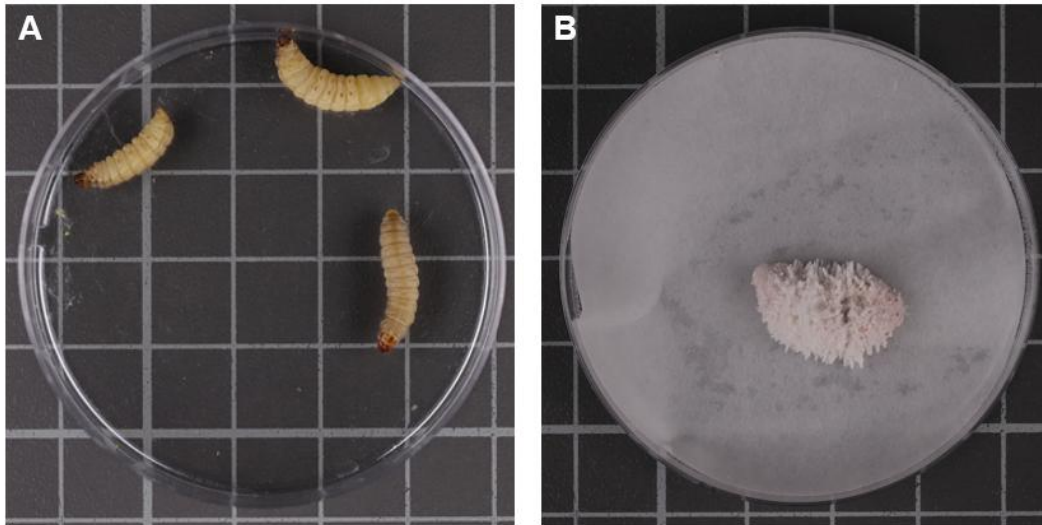
<sup>1</sup> Augalų patologijos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras, Lietuva

<sup>2</sup> Cheminės ekologijos ir elgsenos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas  
Gamtos tyrimų centras, Lietuva  
[simona.jaseliunaite@gamtc.lt](mailto:simona.jaseliunaite@gamtc.lt)

Entomopatogeniniai grybai (EPG) daro didelę įtaką žemės ūkio ir miškų kenkėjų populiacijos valdyme. Šie organizmai pasižymi dideliu virulentiškumu, gebėjimu gaminti įvairius metabolitus, toksinus ir fermentus, o jų atstovai aptinkami skirtingose buveinėse visame pasaulyje. Kai kurioms rūšims būdingos ir augalų augimą skatinančios bei patogenus slopinančios savybės, todėl jos aktualios ne tik kenkėjų populiacijos valdymui, bet ir formuojant tvarios žemdirbystės principus.

Nors entomopatogeninių grybų potencialas yra pakankamai gerai ištirtas, Lietuvoje jų paplitimas ir įvairovė iki šiol tirta menkai. Šiame tyrime pirmą kart sistemingai vertinta natūraliuose miškų ir pievų buveinėse aptinkamų EPG įvairovė, taikant moksle naudojamą *Galleria mellonella* masalo metodą.

Iš 157 skirtingų Lietuvos vietovių (85 miškų ir 72 pievų) buvo surinkti skirtingo tipo dirvožemio mėginiai. Tyrimui panaudota daugiau nei 6280 *G. mellonella* lervų (1 pav.). Šiuo metodu išskirti 584 grybų izoliatai, kurie pagal morfologinius požymius suskirstyti į 21 morfologiškai skirtingą grupę. Septynioms iš jų atlikta ITS regiono sekoskaita. Tarp identifikuotų izoliatų nustatyti *Cordyceps*, *Metarhizium*, *Trichoderma*, *Clonostachys*, *Beauveria*, *Samsoniella*, *Akanthomyces* genčių atstovai. Didžiausias izoliatų grupes sudarė *Cordyceps* ir *Metarhizium* genčių grybai, aptikti tiek miškų, tiek pievų buveinėse. Gauti tyrimo rezultatai rodo, kad Lietuvos teritorijoje aptinkami ekologiškai svarbūs entomopatogeniniai grybai.



**1 pav.** Tyrime naudotos *Galleria mellonella* lervos.  
A – nepaveiktos grybo lervos, B – paveikta EPG lerva.

## 16. DOUBLE EMULSION GEL SYSTEM FOR DELIVERY OF PROBIOTICS AND CANNABIDIOL IN FUNCTIONAL FOODS AND ITS IMPACT ON GUT MICROBIOTA

Sigita Jeznienė<sup>1</sup>, Ina Jasutienė<sup>1</sup>, Milda Keršienė<sup>1</sup>, Rita Bandariavičiūtė<sup>1</sup>, Laurita Varnaitė-Kapočė<sup>1</sup>, Ieva Bartkuvienė<sup>1</sup>, Vida Audra Budrienė<sup>2</sup>, Arūnas Jonušas<sup>2</sup>, Daiva Leskauskaitė<sup>1</sup>, Aušra Šipailienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Food Science and Technology, Faculty of Chemical Technology, Kaunas University of Technology, Kaunas, Lithuania

<sup>2</sup>JVC Biosydyd, Kaunas, Lithuania

[sigita.jezniene@ktu.lt](mailto:sigita.jezniene@ktu.lt)

This research investigates the use of a double emulsion gel system for the delivery of the encapsulated probiotic strain *Lactiplantibacillus plantarum* DSM 24624 and cannabidiol (CBD). Employing the dynamic Simulator of the Human Intestinal Microbial Ecosystem (SHIME®) to replicate human gastrointestinal conditions, this approach facilitates an in-depth analysis of interactions among probiotic bacteria *L. plantarum*, CBD, and the complex microbial communities within the gastrointestinal tract. The analysis examined the delivery efficiency of CBD and probiotics, as well as the impact of this system on microbial composition, diversity, and metabolic activity throughout the digestive process. This was accomplished using HPLC, 16S rRNA gene sequencing and digital PCR techniques.

Following SHIME® supplementation with a double emulsion gel containing probiotics and CBD, quantitative analysis of *L. plantarum* indicated that probiotic bacteria were effectively released from the double emulsion gel, as demonstrated by significantly increased counts following treatment. Furthermore, after HPLC analysis it was evident that CBD was released from the double emulsion gel, with significantly higher concentrations observed in the proximal colon part. The analysis of microbial communities revealed distinct changes in both mucosal and luminal microbiota. Diversity metrics showed a transient elevation in alpha diversity within the mucin layer and a decrease in the lumen, accompanied by substantial alterations in beta diversity throughout the course of the experiment.

The results suggest that double emulsion gel can function as efficient carrier for administering probiotics and CBD to the gastrointestinal tract. Additionally, innovative formulation incorporating both CBD and probiotics may positively modulate gut microbiota composition and metabolic activity.

**Keywords:** cannabidiol, delivery, double emulsion gel, microbiota, probiotics

**Acknowledgments.** This project has received funding from the Research Council of Lithuania (LMTLT), agreement no. S-A-UEI-23-1 (22-12-2023) and from the European Union Funds for the period 2021-2027 under the Measure No. 05-001-01-05-07 (agreement no. 02-020-K-0026).

# 17. FLOW CYTOMETRIC ANALYSIS OF HEATSHOCK AND OXIDATIVE STRESS EFFECTS ON SUP35 AGGREGATION

Neda Jonutyte-Trembo<sup>1</sup>, Gvidas Katauskas<sup>1</sup>, Eglė Lastauskienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Microbiology and Biotechnology, Institute of Biosciences, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania

[neda.jonutyte-trembo@gmc.vu.lt](mailto:neda.jonutyte-trembo@gmc.vu.lt)

Sup35 protein is an essential yeast translation apparatus protein that can also fold into altered, transmissible conformation, known as *[PSI]* prion. Appearance of prion is known to alter stress response and resistance to environmental stressors in yeast. This work tracks aggregation of Sup35 under stress in yeast cells that display weak or strong *[PSI]* phenotype using a genetic circuit that is responsive to Sup35 aggregation via flow cytometry.

The genetic circuit, called yTRAP (developed by Gregory Newby at Whitehead institute), fuses prion domain of Sup35 (that is responsible for aggregation) to a synthetic transcription factor-repressor. Aggregation of this construct induces expression of a green fluorescent protein (GFP), which can be tracked via flow cytometry. Yeast strain 74-D694 cells with either weak or strong *[PSI]* prion were exposed to sub-lethal heat shock (42 °C 30 min) or oxidative stress (1 mM H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> for 60 min) in rich growth media, or the same media supplemented with 5 mM guanidine hydrochloride (GuHCl), a biocontrol agent that cures *[PSI]* prion by inhibiting Hsp104 chaperone, an essential factor for prion propagation. After treatment, cells were recovered in growth media, fixed and measured on BD FACS A1 flow cytometer. Data was normalized to GFP fluorescence in prion-free *[psi-]* cells.

In *[PSI]* strong cells, heat shock by itself had no discernable effect on aggregation, with GFP+ population of heat shocked cells resembling that of cells growing in rich media (0.26% vs. 0.15%). GuHCl treated cells showed a slight increase in aggregation (2.73% of cells were GFP+), however combined heat shock and GuHCl treatment resulted in 9.62% of cells expressing GFP, showing increased aggregation. Cells under oxidative stress alone also showed a weak GFP expression (0.72% of cells were GFP+), but a combined oxidative stress and GuHCl treatment resulted in 11% of sorted population showing GFP expression, indicating aggregation of Sup35.

In *[PSI]* weak cells, heat shock had slight effect on aggregation with 3.95% of sorted population showing GFP expression, the GuHCl treated cells showed stronger aggregation (10.7% GFP+). The combined heat shock and GuHCl treatment induced severe aggregation with a quarter of cells (25%) being GFP+, which is in contrast to strong *[PSI]* cells, where no such severe induction of GFP expression was seen. Oxidative stress alone weakly induced GFP expression (4.88% GFP+ cells) but combined treatment with GuHCl resulted in a noticeable increase in GFP expression with a one fifth (19.5%) of sorted cells being GFP+. These data show, that aggregation is more prominent in weak *[PSI]* prion carrying cells than in cells with strong prion variant. It could be that bigger prion aggregates in weak *[PSI]* cells more readily transfer their altered conformation to aggregating soluble Sup35 and incorporate into the growing amyloid structures. Heat shock also induces the expression of Hsp104 which prevents aggregate formation and actively dissolves already present aggregates, which could explain weak GFP induction under heat stress alone but massive increases when Hsp104 is inhibited by GuHCl present in the media.

# 18. QUANTIFICATION BIAS IN *STREPTOCOCCUS THERMOPHILUS*: HOW INCONSISTENT CELL ENUMERATION DISTORTS PHAGE-HOST COEVOLUTION DYNAMICS

Yana Karnitskaya<sup>1</sup>, Laurynas Vaitkus<sup>1</sup>, Giancarlo Russo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EMBL-VU Partnership Institute for Genome Editing Technologies, Life Sciences Centre - Vilnius University, Vilnius, Lithuania  
[yana.karnitskaya@gmc.vu.lt](mailto:yana.karnitskaya@gmc.vu.lt)

Clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR) and CRISPR-associated protein (Cas) systems are well-known tools for genome editing. In nature, their primary role is to offer adaptive immunity to bacteria and archaea. They do this by recognizing and typically cleaving specific DNA or RNA sequences that correspond to unique spacers located within the CRISPR regions. [1]. Although bacteria with CRISPR-Cas systems can coevolve with phages naturally over time, laboratory studies are limited by the narrow range of model systems. Most bacteria do not develop CRISPR-based immunity against phages or plasmids under lab conditions, or they do so at extremely low rates that require deep sequencing to detect. So far, only *Streptococcus thermophilus* and *Pseudomonas aeruginosa* have been shown to reliably evolve CRISPR immunity in the lab. [2].

Experimental evolution studies of bacteria-phage systems rely on accurate quantification of host cell densities to maintain controlled multiplicities of infection and reproducible ecological conditions. In the *S. thermophilus*-phage 2972 model system, which has become a key framework for studying CRISPR-mediated coevolution, host population size directly determines infection dynamics, selection pressure on resistance mechanisms, and phage replication success [2,3].

This work documents methodological inconsistencies in the enumeration of *S. thermophilus* populations within a controlled coevolution framework and evaluates their potential impact on experimental outcomes. By comparing cell density estimates obtained through different quantification approaches and reconstructing the resulting infection parameters, we demonstrate how small measurement errors propagate into biologically meaningful differences in host–phage interaction dynamics. The results emphasize that methodological standardization of bacterial counting procedures is critical for interpreting evolutionary signals in microbial coevolution experiments.

These findings highlight measurement bias as an often-overlooked experimental variable that can influence conclusions about phage adaptation, CRISPR immunity evolution, and long-term host–phage coexistence.

[1] J. Y. Wang, P. Pausch, and J. A. Doudna, “Structural biology of CRISPR–Cas immunity and genome editing enzymes,” *Nat. Rev. Microbiol.*, vol. 20, no. 11, pp. 641–656, Nov. 2022, doi: 10.1038/s41579-022-00739-4.

[2] J. Common, D. Morley, E. R. Westra, and S. van Houte, “CRISPR-Cas immunity leads to a coevolutionary arms race between *Streptococcus thermophilus* and lytic phage,” *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, vol. 374, no. 1772, p. 20180098, May 2019, doi: 10.1098/rstb.2018.0098.

[3] C.L. Sun, R. Barrangou, B.C. Thomas, P. Horvath, C. Fremaux, J.F. Banfield, Phage mutations in response to CRISPR diversification in a bacterial population, *Environ. Microbiol.* 15 (2013) 463–470. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2012.02879.x>.

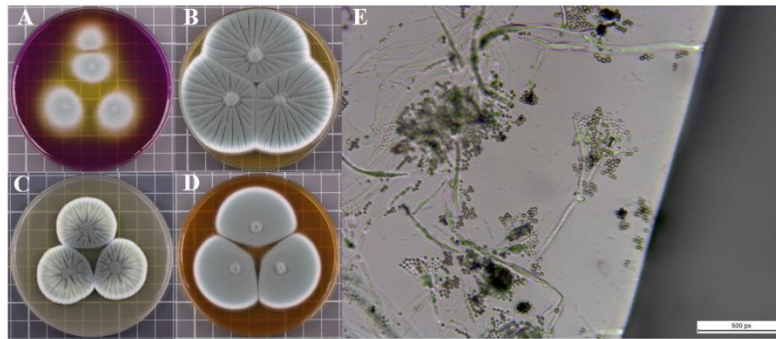
# 19. *PENICILLIUM* LINK, 1809 GENTIES GRYBŲ PAPLITIMAS SPYGLIUOČIŲ MIŠKŲ DIRVOŽEMYJE

Simas Kasputis<sup>1</sup>, Jurgita Švedienė<sup>1</sup>

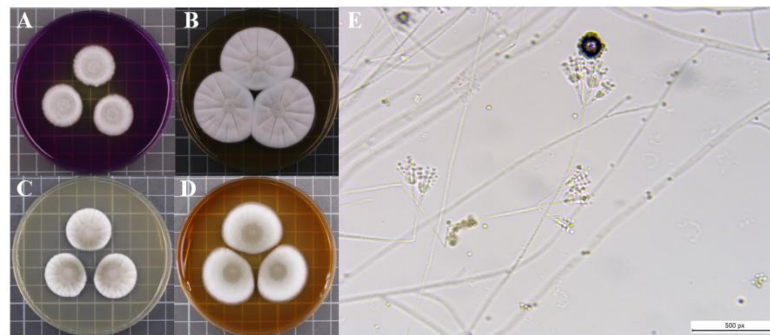
<sup>1</sup>Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras  
[simas.kasputis@gamtc.lt](mailto:simas.kasputis@gamtc.lt)

Miškų ekosistemos yra svarbūs biologinės įvairovės centrai, o didelė šios įvairovės dalis slypi miško dirvožemyje. Jame gyvenantys mikroorganizmai atlieka svarbias funkcijas, tokias kaip: organinių medžiagų skaidymas, mineralizacija ir humuso formavimas, todėl jie yra labai svarbūs dirvožemio funkcionavimui.

Viena iš gausiausių mikroskopinių grybų genčių yra *Penicillium*, kurių šiuo metu žinoma apie 354 rūšis. Gamtoje šie grybai prisideda prie augalų augimo, didina fosforo prieinamumą, skaido organines medžiagas ir gamina įvairius bioaktyvius junginius. Šio tyrimo metu nustatytas didelis kultivuojamų (kolonijas sudarančių vienetų (KSV)) grybų kiekis tirtu miško (Kulbokiškės kaimo, Švenčionių r.) dirvožemyje –  $(3,6 \pm 0,2) \times 10^4$  KSV/g OH horizonte ir  $(5,3 \pm 0,2) \times 10^3$  KSV/g M horizonte. Toks mikroskopinių grybų gausumas rodo aktyvią ir gausią dirvožemio mikroorganizmų bendriją, kuri paprastai būdinga biologiškai aktyviam, geros būklės ir derlingam, besiformuojančiam dirvožemiui. Remiantis morfologiniais ir molekuliniais metodais, šio tyrimo metu buvo identifikuoti 6 mikroskopinių grybų izoliatai, priklausantys *Penicillium* genčiai: *P. montanense*; *P. flavisclerotiatum*; *P. subspinulosum*; *P. chrysogenum*; *P. daleae* bei *P. corylophilum*. Šiame tyrime pristatomos dvi dažniausiai išskirtos rūšys – *P. chrysogenum* (1 pav.) ir *P. daleae* (2 pav.).



**1 pav.** *Penicillium chrysogenum* kolonijų makromorfologiniai požymiai ant skirtingų agarizuotų terpių (A – CREA; B – YES; C – CYA; D – MEA), E – mikroskopinis vaizdas (PDA). Kultūros inkubuotos 7 paras 26 °C temperatūroje.



**2 pav.** *Penicillium daleae* kolonijų makromorfologiniai požymiai ant skirtingų agarizuotų terpių (A – CREA; B – YES; C – CYA; D – MEA), E – mikroskopinis vaizdas (PDA). Kultūros inkubuotos 7 paras 26 °C temperatūroje.

## 20. PRION-VARIANT-DEPENDENT TRANSCRIPTIONAL RESPONSES TO GUHCL DURING OSMOTIC AND DTT-INDUCED ER STRESS IN *S. CEREVISIAE*

Gvidas Katauskas<sup>1</sup>, Neda Jonutytė-Trembo<sup>1</sup>, Eglė Lastauskienė<sup>1</sup>, Audrius Gegeckas<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Microbiology and Biotechnology, Institute of Biosciences, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania

[gvidas.katauskas@gmc.vu.lt](mailto:gvidas.katauskas@gmc.vu.lt)

Yeast prion variants can generate stable phenotypic diversity that may influence stress-response regulation. Here, we assessed how the presence of guanidine hydrochloride (GuHCl) modulates transcriptional stress outputs across three prion phenotypes: [*psi*], weak [*PSI*], and strong [*PSI*], focusing on sorbitol-driven osmotic stress and ER stress induced by DTT exposure.

Cultures were grown as matched pairs with and without GuHCl and then exposed to medium and extreme osmotic stress using sorbitol at 1.2 M and 2.0 M, or to medium and extreme DTT exposure at 5 mM and 8 mM. Transcripts of the osmotic-response marker *GPD1* and the ER-stress marker *KAR2* were quantified by RT-qPCR using *MEX67* as a stable reference gene. GuHCl effects were reported as relative quantification (RQ) compared with the matched –GuHCl condition for each phenotype and stress intensity, using two biological replicates with technical duplicates.

During sorbitol-driven osmotic stress, GuHCl increased *GPD1* more reproducibly under extreme stress than under medium stress. Under extreme osmotic stress (2.0 M sorbitol), [*psi*] and weak [*PSI*] showed consistent induction across biological replicates with mean RQ values of 2.36 and 2.53, respectively. Strong [*PSI*] showed a smaller mean increase (RQ 1.39) with lower replicate consistency. Under medium osmotic stress (1.2 M sorbitol), mean RQ values were 1.84 in [*psi*], 1.79 in weak [*PSI*], and 1.13 in strong [*PSI*]; however, replicate direction was not consistent for [*psi*] and weak [*PSI*], indicating higher biological variability at the lower osmotic level.

During DTT exposure, GuHCl effects on *KAR2* were modest and generally variable across biological replicates. In the absence of DTT, GuHCl increased *KAR2* across all phenotypes with mean RQ values of 2.42 in [*psi*], 1.52 in weak [*PSI*], and 1.49 in strong [*PSI*], with consistent direction. Under medium DTT exposure (5 mM), mean RQ values were 1.34 in [*psi*], 0.79 in weak [*PSI*], and 0.77 in strong [*PSI*], but replicate direction was inconsistent across phenotypes. Under extreme DTT exposure (8 mM), mean RQ values were 0.90 in [*psi*], 0.65 in weak [*PSI*], and 0.98 in strong [*PSI*]; weak [*PSI*] showed the clearest consistent decrease, while [*psi*] and strong [*PSI*] remained replicate-dependent.

Overall, GuHCl effects on *GPD1* and *KAR2* were stress- and phenotype-dependent, with the most reproducible shifts observed for osmotic stress at 2.0 M and more variable responses under DTT.

## 21. *ESCHERICHIA COLI* INFEKCUOJANČIŲ BAKTERIOFAGŲ PAIEŠKA IR IZOLIAVIMAS – EDUKACINIS MOKSLINIS PROJEKTAS KAZACHSTANE

Artyom A. Egorov<sup>1</sup>, Konstanty Keda<sup>2</sup>, Vasili Hauryliuk<sup>1,3,4,5</sup>, Ilya Terenin<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Department of Experimental Medical Science, Lund University, Lund, Švedija

<sup>2</sup>Biotechnologijos institutas, Gyvybės mokslų centras, Vilniaus Universitetas, Vilnius, Lietuva

<sup>3</sup>NanoLund, Lund University, Lund, Švedija

<sup>4</sup>Science for Life Laboratory, Lund, Švedija

<sup>5</sup>Institute of Technology, University of Tartu, Tartu, Estija

[konstanty.keda@gmc.vu.lt](mailto:konstanty.keda@gmc.vu.lt)

Bakteriofagų (fagų) kolekcijos yra nepakeičiamas įrankis, leidžiantis tirti virusų ir šeimininkų sąveiką *in vivo*. Šiame darbe pristatome šešis *Escherichia coli* užkrečiančius fagus, kurie papildo Lund bakteriofagų kolekciją. Šie fagai buvo izoliuoti 2025 m. Molekulinės ir teorinės biologijos mokyklos (School of Molecular and Theoretical Biology) rėmuose. Bakteriofagus iš mėginių, paimtų Mažajame Taldykolo ežere, Astanoje, Kazachstane, naudojant *E. coli* kamienus MG1655ΔRM ir EV36, išskyrė vidurinių mokyklų moksleiviai – mokyklos dalyviai. Izoliuoti fagai apima Taldykol (LuPh6), priklausančią *Kagunavirus* genčiai; „Aidakhar“ (LuPh7) iš *Phapecoctavirus* genties; „Samruk“ (LuPh8) iš *Tequintavirus* genties; T-nelyginio tipo fagą „Baiterek“ (LuPh9) iš *Vequintavirus* genties; ir du T-lyginio tipo fagus „Tulpar“ (LuPh10) bei „Shurale“ (LuPh11), priklausančius *Tequatrovirus* genčiai. Ši išplėsta fagų kolekcija praplečia priemonių rinkinį, skirtą fagų ir šeimininkų sąveikos bei jų molekulinės mechanizmų tyrimams, ir pabrėžia fagų izoliavimą kaip tinkamą veiklą ugdant moksleivius per mokslinį procesą.

## 22. COMPARATIVE GENOMICS REVEALS CANNABIS AS A SELECTIVE NICHE FOR KEFIR-DERIVED PSYCHOBOTIC CANDIDATES TOWARD GASTROINTESTINAL RESILIENCE

Vincent Owusu Kyei-Baffour<sup>1</sup>, Aurelijus Burokas<sup>1</sup>, Eric Banan-Mwine Daliri<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Models, Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, Sauletekio Ave. 7, LT-10257 Vilnius, Lithuania.

[vincent.kyei-baffour@gmc.vu.lt](mailto:vincent.kyei-baffour@gmc.vu.lt)

Modulation of the microbiota-gut-brain axis has emerged as a promising alternative therapeutic strategy for depression. Those live microorganisms that confer such mental health benefits are called psychobiotics. Most psychobiotics have been isolated from the human gastrointestinal tract (GIT), fermented foods, and dairy products. However, strains from sources other than GIT mostly show limited survival under GIT stress, reducing their functional efficacy. Plant niches may function as microbial conditioning environments of stress tolerant psychobiotic candidates with *Cannabis sativa* representing a distinct microbial niche.

This study investigated how *Cannabis sativa* fermentation reshapes kefir derived psychobiotic candidates toward enhanced GIT resilience. A two-level (2<sup>2</sup>) factorial experiment was designed to ferment dried cannabis either spontaneously or with water kefir cultures under submerged and solid-state conditions. Isolates were screened for GIT survival and their whole genomes sequenced. Genome level variations for pre- and post-fermentation strains were characterized and adaptations evaluated *in vitro* to assess how variations translated into enhanced GIT resilience.

Spontaneously fermented cannabis isolates demonstrated strong tolerance to simulated GIT conditions and encoded genes involved in *de novo* tryptophan biosynthesis. Kefir derived strains preserved their neuroactive biosynthetic capacity while acquiring improved GIT stress tolerance following cannabis fermentation through conservation and subtle refinement of existing stress response pathways rather than extensive genomic restructuring. Overall, these findings suggest that *Cannabis sativa* with its rich bioactive compound environment act not only as a potential psychobiotic source but also as a selective ecological niche that shapes existing psychobiotic candidates toward enhanced GIT resilience. These results provide preliminary insight into how psychoactive herbs may shape microbial functions and support the need for further studies into other herbs as alternatives to encapsulation strategies for improving GIT resilience of less tolerant psychobiotic strains.

## 23. FUNCTIONAL TRAITS OF HONEY BEE MALES- INHABITING YEASTS

Vilija Lapinskaitė<sup>1</sup>, Paulina Bartkutė<sup>1</sup>, Živilė Strazdaitė-Žielienė<sup>1</sup>, Elena Servienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius, Lithuania

[vilija.lapinskaite@gamtc.lt](mailto:vilija.lapinskaite@gamtc.lt)

The honey bee (*Apis mellifera* L.) is a eusocial insect widely known for its role in pollination and plant biodiversity. Honey bee colonies are highly organized social units comprising thousands of individuals. Each colony typically includes a few hundred males (drones), thousands of female workers, and a queen. The life cycle of the honey bee consists of four developmental stages: egg, larva, pupa, and adult. Diverse microorganisms, including both beneficial and pathogenic, colonize bees and play important roles in the overall hive health. Microorganisms with biocontrol properties are natural modulators of honey bee microflora. Since most studies have focused on the characterization of worker bee-associated microbes, there is a lack of information about the drones' microbial environment.

During this study, the cultivable fungal microorganisms distributed on honeybee males at different stages of development were isolated and identified using molecular biology methods. Functionality of isolated yeasts were analyzed by performing antimicrobial, autoaggregation, hydrophobicity and biofilm forming assays.

The cultivable analysis shown that sealed larvae hosted the widest variety of yeasts. *Metschnikowia* species were detected across all developmental stages of drones. The assessment of functionality revealed that *M. pulcherrima* and *M. fructicola* exhibited the most pronounced biocontrol properties, accompanied by high levels of autoaggregation and hydrophobicity. *Starmerella apis* and *M. reukaufii* were distinguished by the highest autoaggregation capacity, exceeding 60%, and strong adherence to hydrocarbons. *Starmerella* genus yeasts demonstrated strong biofilm-forming ability.

A healthy microbiome in the hive is essential for honeybee colony development and success. The isolated yeasts with beneficial traits may serve as candidates for future studies aimed at supporting honey bee health. This study was funded by the Research Council of Lithuania (project no. S-MIP-24-55).

## 24. ANALYSIS OF NON-CANONICAL 5'-RNA CAPS AND DECAPPING ACTIVITY OF NUDIX HYDROLASES IN LACTIC ACID BACTERIA

Janina Ličytė<sup>1</sup>, Milda Mickutė<sup>1</sup>, Kotryna Kvederavičiūtė<sup>1</sup>, Renatas Krasauskas<sup>1</sup>, Raminta Mineikaitė<sup>1</sup>, Elena Milaknytė<sup>1</sup>, Gytė Tupikaitė<sup>1</sup>, Gabrielė Olendraitė<sup>1</sup>, Giedrius Vilkaitis<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of biological DNA modification, Institute of Biotechnology, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania  
[janina.licyte@bti.vu.lt](mailto:janina.licyte@bti.vu.lt)

It is well known that eukaryotic RNA can be capped at the 5' end with 7-methylguanosine, which regulates RNA degradation, translation and localization. It was long believed that 5'-RNA capping is unique to eukaryotic organisms. However, it was recently discovered that bacterial RNAs can be modified at the 5' end with nicotinamide adenine dinucleotide (NAD), resembling eukaryotic RNA capping. It has been shown that this modification is important in regulating RNA degradation. In *Escherichia coli* 5'-NAD cap is removed by Nudix hydrolase NudC, modulating RNA stability. Over the past decade, numerous non-canonical RNA cap structures have been detected among all domains of life.

RNA caps, their regulation and Nudix hydrolases have not yet been studied in *Lactobacillales* bacteria, which are important for medicine and industry. Our study demonstrated, for the first time, the presence of substantial amounts of modified 5'-NAD-RNAs in the model lactic acid bacterium *Lactococcus cremoris* subsp. *cremoris* MG1363 and the *Lacticaseibacillus paracasei* BL23 strain, closely related to well-known marketed probiotics. Bioinformatic analysis showed that potential Nudix hydrolases are abundant in *L. cremoris*. In this work we investigated the yet unknown activity of *L. cremoris* Nudix hydrolases. Characterisation of eleven Nudix-like hydrolases from *L. cremoris* showed several homologs that are able to remove the 5'-NAD cap from RNA, requiring manganese cations for optimal activity *in vitro*. Moreover, the addition of Mn<sup>2+</sup> to the medium resulted in a significant reduction in total 5'-NAD-RNA levels in live *L. cremoris* cells, confirming that this metal cofactor also plays an important role in the activation of the decapping activity of Nudix proteins *in vivo*. Biochemical analysis revealed the versatile decapping activity of these enzymes, which hydrolyse not only 5'-NAD but also 5'-Ap4A from the 5'-termini of RNA. Detailed examination of RNA caps and Nudix hydrolases of *Lactobacillales* can help to understand their RNA regulatory pathways and potentially optimize the application of these bacteria.

## 25. PAPERASTOSIOS PUŠIES SPYGLIUS KOLONIZUOJANČIŲ ENDOFITINIŲ GRYBŲ ĮVAIROVĖ SKIRTINGOSE METINĖSE GRUPĖSE

Jorigis Jonas Marčėnas<sup>1</sup>, Svetlana Markovskaja<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Gyvybės mokslų centras, Vilniaus universitetas, Lietuva

<sup>2</sup>Mikologijos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras, Lietuva

[jorigis.marccenas@gmc.stud.vu.lt](mailto:jorigis.marccenas@gmc.stud.vu.lt)

Paprastoji pušis (*Pinus sylvestris*) yra viena ekologiškai ir ekonomiškai svarbiausių medžių rūšių Lietuvoje ir visoje Europoje. Intensyvi miškininkystė, monokultūrų sodinimas ir klimato atšilimas kelia vis didėjančią įvairių ligų protrūkių grėsmę pušinams, dėl sumažėjusio pušų savaiminio atsparumo ligoms ir naujų patogenų bei kenkėjų atsiradimo už natūralių jų paplitimo arealo ribų. Iki šiol, miškų ligų protrūkiai yra kontroliuojami naudojant mažai specifines chemines medžiagas (plataus spektro fungicidus), kurios dažnai daro neigiamą įtaką vietinėms ekosistemoms. Dėl šios priežasties, vis didesnio susidomėjimo sulaukia alternatyvios biologinės kontrolės priemonės (antagonistinės bakterijos ir grybai). Iš jų, svarbi tyrimų sritis yra endofitiniai grybai ir jų išskiriami antriniai metabolitai. Šiuo tyrimu siekta išaiškinti paprastosios pušies spyglius kolonizuojančių endofitinių grybų įvairovę ir jų pasiskirstymą skirtingose pušies metinėse grupėse. Tyrimo metu (2024 – 2025m), iš *P. sylvestris* spyglių, suskirstytų į grupes pagal medžių ir spyglių amžių, ant maistinės agarizuotos terpės (MEA) buvo išskiriami endofitiniai grybai. Iš izoliuotų 88 grybų kultūrų, išskirti 33 skirtingų endofitinių grybų kolonijų morfotipai. Kolonijos apibūdintos remiantis morfologinėmis grybų savybėmis bei molekuliniais tyrimais. Visi identifikuoti endofitiniai grybai (19 taksonų) priklauso aukšliaagrybūnų (Ascomycota) skyriui. Tyrimo metu buvo nustatyta, kad didžiausia endofitinių grybų įvairovė yra vidutinio amžiaus pušų metinės grupės spygliuose. Visose metinėse medžių grupėse, didžiausia rūšių įvairovė buvo 3 metų spygliuose. Nustatytos trys dominojančios endofitinių grybų rūšys, aptinkamos beveik visose metinėse grupėse – *Alternatia tenuissima*, *Epicoccum nigrum* ir *Microsphaeropsis olivacea*.

## 26. *BABESIA* SPP. – AN EMERGING TICK-BORNE PATHOGENS

Dalytė Mardosaitė-Busaitienė, Jana Radzijeuskaja, Algimantas Paulauskas

Vytautas Magnus University, Donelaičio str. 58, 44248, Kaunas, Lithuania  
[dalyte.mardosaite-busaitiene@vdu.lt](mailto:dalyte.mardosaite-busaitiene@vdu.lt)

*Babesia* is an intraerythrocytic protozoan parasite (order Piroplasmida) that causes babesiosis, an important tick-borne infectious disease in humans and animals. Over 100 *Babesia* species infect various mammals, most commonly rodents, and are classified as small (1–3 µm; e.g. *Babesia divergens*, *Babesia microti*, *Babesia venatorum*) or large (3–5 µm; e.g. *Babesia canis*) forms based on morphology, genetics, vector specificity, and pathogenicity. In Europe, *Ixodes ricinus* tick is the main vector of the *Babesia* species (*B. divergens*, *B. venatorum*, and *B. microti*) causing human and cattle (*B. divergens*) babesiosis, while the other tick – *D. reticulatus* – has been recognized as the most important vector of *B. canis*, the causative agent of canine babesiosis. Recorded cases of human babesiosis are still rare, but their number is expected to rise in the coming years. This is because of the widespread and longer seasonal activity of *Ixodes ricinus* due to climate change. Canine babesiosis is rapidly expanding in central and northeastern Europe, its occurrence correlating with the rapid, expansion of the *D. reticulatus*. In Lithuania, *Babesia* species have been detected in rodents, bats, wolves, European bison, domestic animals (dogs and cats), as well as in *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus* ticks. Babesiosis is considered an emerging and re-emerging disease with an increasing annual incidence across Europe.

## 27. ŽEMĖS DIRBIMO BŪDŲ IR GARSTYČIŲ TARPINIO PASĖLIO ĮTAKA DIRVOŽEMIO MIKROBIOLOGINEI ĮVAIROVEI IR FITOPATOGENŲ SLOPINIMUI

Neringa Matelionienė<sup>1</sup>, Gražina Kadžienė<sup>2</sup>, Arman Shamshitov<sup>1</sup>, Inga Tamošiūnė<sup>3</sup>,  
Danas Baniulis<sup>3</sup>, Skaidrė Supronienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Mikrobiologijos laboratorija, ŽI, Lietuvos agrarinių ir miškų mokslo centras, Lietuva

<sup>2</sup>Dirvožemio ir augalininkystės skyrius, ŽI, Lietuvos agrarinių ir miškų mokslo centras, Lietuva

<sup>3</sup>Sodo augalų genetikos ir biotechnologijos skyrius, SDI, Lietuvos agrarinių ir miškų mokslo centras, Lietuva

[neringa.matelioniene@lammc.lt](mailto:neringa.matelioniene@lammc.lt)

Bastutinių (Brassicaceae) šeimos augalai, tokie kaip baltosios garstyčios, yra laikomi biofumigaciniais augalais, dėl jų gebėjimo gliukozinolatų hidrolizės metu išskirti bioaktyvias medžiagas – izotiocianatus, kurie gali natūraliai slopinti dirvožemio patogenus. Tuo tarpu žemės dirbimas mechaniškai trikdo dirvožemio struktūrą ir ardo grybų hifų tinklus, taip potencialiai keisdami mikroorganizmų bendrijų dinamiką.

Šio tyrimo tikslas buvo įvertinti žemės dirbimo būdų (arimo, skutimo ir tiesioginės sėjos) ir garstyčių tarpinių pasėlių (su TP ir be TP) poveikį dirvožemio bakterijų ir grybų įvairovei, bei nustatyti per dirvą plintančių fitopatogeninių grybų DNR biomą dirvožemyje. Dirvožemio mėginiai buvo renkami 2024 ir 2025 m. pavasarį, vasarą ir rudenį. Iš liofilizuotų dirvožemio mėginių išskirta DNR, atlikta 16S rRNR ir ITS metabarkodavimo analizė su Illumina NovaSeq sekoskaita, bei patogenų kiekybinis įvertinimas tikrojo laiko PGR analize.

2024 m. dirvožemio grybų alfa įvairovė tarp tyrimo variantų reikšmingai nesiskyrė. Tačiau 2025 m. genties lygmeniu Šanono įvairovės indeksas buvo reikšmingai didesnis beariminėje sistemoje (tiesioginėje sėjoje), palyginti su arimu. PERMANOVA analizė parodė, kad 2025 m. žemės dirbimo sistema ir tarpinių pasėlių taikymas turėjo įtakos dirvožemio grybų bendruomenės sudėčiai (β įvairovei). Bakterijų alfa įvairovei reikšmingą poveikį turėjo žemės dirbimo būdo ir tarpinių pasėlių kombinacija abejais metais. Tačiau bakterijų β įvairovė tarp tyrimo variantų reikšmingai nesiskyrė.

Tarp dvidešimties gausiausių grybų genčių buvo nustatyti potencialūs augalų patogenai: *Gibellulopsis*, *Fusarium*, *Didymella*, *Plectosphaerella* ir kt. Patogenų DNR gausos rezultatai parodė, kad 2024-2025 m. vasarą *Fusarium culmorum* DNR kiekiui reikšmingą įtaką darė žemės dirbimo sistema, o 2025 m. buvo stebėtas patogeno kiekio padidėjimas taikant įprastinį žemės dirbimą - arimą. *Didymella pinodes* DNR kiekis aptiktas mažiausias pavasarį, bet abejais metais stebėtas ryškus padidėjimas vasarą. Panašiai kaip ir pastarųjų patogenų, *Plectosphaerella cucumerina* gausa buvo reikšmingai mažesnė tiesioginėje sėjoje, palyginti su sumažintu žemės dirbimu (skutimu) su tarpiniu pasėliu.

Šie rezultatai rodo, kad žemės dirbimo intensyvumas ir baltųjų garstyčių tarpiniai pasėliai daro įtaką dirvožemio mikroorganizmų įvairovei ir patogeninių grybų gausai, tačiau šis poveikis priklauso nuo aplinkos sąlygų ir patogenų rūšies.

## 28. SYNBIOTIC SUPPLEMENTATION ALLIVATES HIGH-FAT DIET-INDUCED METABOLIC AND BEHAVIORAL DYSREGULATION VIA THE MICROBIOTA-GUT-BRAIN AXIS IN FEMALE MICE

Ashwinipriyadarshini Megur<sup>1</sup>, Dominyka Kobeckytė<sup>1</sup>, Bablu Kumar<sup>2,3</sup>, Kamilė Ambrutaitytė<sup>1</sup>, Povilas Barasa<sup>1</sup>, Ieva Šimoliūnė<sup>1</sup>, Rokas Buišas<sup>4</sup>, Akshay Kumar Vijaya<sup>1</sup>, Eglė Lastauskienė<sup>5</sup>, Aurelijus Burokas<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Models, Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University

<sup>2</sup>Department of Oncology and Hematology-Oncology, Università degli Studi di Milano, Milan, Italy

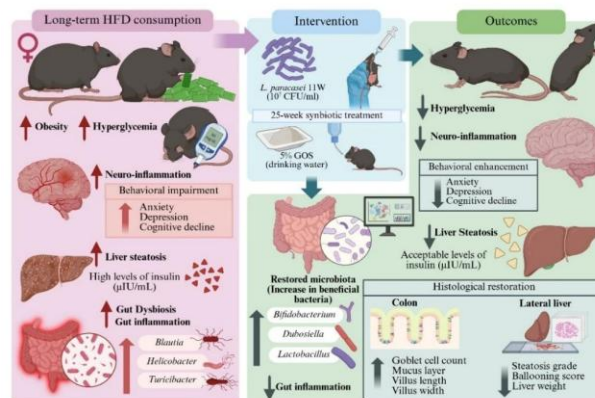
<sup>3</sup>Department of Biosciences, Biotechnology and Environment, University of Bari A. Moro, Bari, Italy

<sup>4</sup>Department of Neurobiology and Biophysics, Institute of Biosciences, Life Sciences Center, Vilnius University

<sup>5</sup>Department of Microbiology and Biotechnology, Institute of Biosciences, Life Sciences Center, Vilnius University

[ashwinipriyadarshini.megur@gmc.vu.lt](mailto:ashwinipriyadarshini.megur@gmc.vu.lt)

Diet-induced metabolic syndrome is closely linked to neurobehavioral disturbances through disruption of the microbiota–gut–liver–brain axis. Despite growing evidence that gut microbiota influences metabolic and brain function, most preclinical studies are conducted in male mice, leaving female responses underexplored. This study investigated the long-term effects of a novel probiotic strain, *Lactocaseibacillus paracasei* 11W, and a synbiotic combination with galacto-oligosaccharides (GOS) in female C57BL/6J mice exposed to long-term high-fat diet (HFD) consumption. Mice were fed HFD for 25 weeks and received alternate-day probiotic supplementation, while synbiotic groups additionally received 5% GOS in drinking water. Metabolic parameters, glucose tolerance, anxiety- and depressive-like behaviors, cognitive performance, colon and liver histology, inflammatory cytokine expression in colon and hippocampus, and gut microbiota composition using 16S rRNA sequencing of cecal samples were evaluated. Chronic HFD consumption induced weight gain, impaired glucose tolerance, behavioral deficits, hepatic steatosis, increased pro-inflammatory cytokine expression, and gut microbiota dysbiosis. Probiotic treatment partially improved metabolic and behavioral alterations. In contrast, synbiotic intervention produced stronger effects, significantly improving glucose metabolism, reducing anxiety- and depressive-like behaviors, restoring recognition memory, improving intestinal and hepatic histology, and suppressing inflammatory cytokine expression in colon and hippocampal region of the brain. Synbiotic supplementation also normalized gut microbiota composition, increasing beneficial genera such as *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, and *Dubosiella*. These findings demonstrate that synbiotic intervention effectively reverses HFD-induced metabolic and neurobehavioral disturbances and highlights microbiota-targeted strategies as promising therapeutic approach for clinical trials.



**Figure 1.** Synbiotic supplementation (*L. paracasei* 11w and 5% GOS) reverses HFD-induced metabolic, inflammatory and behavioral impairments in female mice

## 29. MAKIAŽO PAGRINDO PRIEMONĖSE, JŲ APLIKATORIUOSE APTIKTŲ MIKROORGANIZMŲ IDENTIFIKACIJA IR GENETINĖ ĮVAIROVĖ

Saulė Norkutė<sup>1</sup>, Ugnė Januškaitė<sup>1</sup>, Žaneta Maželienė<sup>1</sup>, Asta Aleksandravičienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Medicinos fakultetas, Kauno kolegija. Pramonės pr. 20, LT-50468 Kaunas, Lietuva  
[saule.nor302@go.kauko.lt](mailto:saule.nor302@go.kauko.lt)

Dažnas makiažo pagrindų ir kompaktinių pudrų naudojimas, kartu su netinkama vartotojų higiena ir aplinkos veiksniais, sukuria palankias sąlygas bakterijų ir grybelių plitimui. Šių priemonių aplikavimui naudojami šepetėliai gali veikti kaip mikroorganizmų rezervuarai arba vektoriai, kaupiantys ir pernešantys juos ant odos ar kosmetikos priemonių. Tyrimo tikslas – nustatyti mikrobine taršą makiažo pagrindo priemonėse ir jų aplikatoriuose bei išskirtų mikroorganizmų genetinę įvairovę.

Tyrimui atlikti buvo surinkta 30 kosmetikos mėginių, iš kurių 10 sudarė skysti makiažo pagrindai, 10 kompaktinių makiažo pagrindų ir 10 makiažo aplikatorių. Į tyrimą įtrauktos tik galiojančios makiažo priemonės ir aplikatoriai neplauti po paskutinio naudojimo. Atlikti identifikaciniai testai ir mikroorganizmų genotipų nustatymas taikant molekulinis tyrimo metodus. Nustačius mikroorganizmų DNR koncentracijas, DNR amplifikacijai naudoti PGR metodai ir elektroforezė, o tiksliai identifikacijai atliekamas sekvenavimas ir gauti rezultatai išanalizuojami naudojant MEGA X Software esantį genų banką.

Skystuose makiažo pagrinduose *Bacillus* spp. nustatytos 70 % mėginių, o plazmos nekoaguliuojantys *Staphylococcus* spp. – 60 % mėginių. Kompaktiniuose makiažo pagrinduose *Bacillus* spp. identifikuotos 100 % mėginių, plazmos nekoaguliuojantys *Staphylococcus* spp. – 80 % mėginių, o *Staphylococcus aureus* – 10 % mėginių. Makiažo aplikatoriuose *Bacillus* spp. nustatytos 100 % mėginių, plazmos nekoaguliuojantys *Staphylococcus* spp. – 90 % mėginių, o *S. aureus* 10 % mėginių. Grybelių ir gramneigiamų žarninių lazdelių nustatyta 20 % mėginių, tuo tarpu *Pseudomonas aeruginosa* – nenustatyta. Didžiausia mikrobine tarša užfiksuota makiažo aplikatoriuose ir kompaktiniuose makiažo pagrinduose, o mažiausia – skystuose makiažo pagrinduose.

Atlikus sekų analizę, buvo nustatytos dvi grybų rūšys, *Aspergillus oryzae* ir *Penicillium hordei*. Taip pat identifikuotos dvi bakterijų rūšys *Priestia aryabhatai* ir *Achromobacter xylosoxidans*.

# 30. CHARACTERIZATION OF A NOVEL BIS(2-HYDROXYETHYL) TEREPHTHALATE HYDROLASE GDEST-RM1 USING AN INNOVATIVE AGGREGATE SUSPENSION HYDROLYSIS ASSAY

Antanas Padaiga<sup>1</sup>, Rūta Guginytė<sup>1</sup>, Renata Gudiukaitė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Biosciences, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania  
[antanas.padaiga@mf.vu.lt](mailto:antanas.padaiga@mf.vu.lt)

Plastics are pervasive polymers that are used in all economic activity sectors. Extensive use and limited biodegradation of these materials have led to exponential accumulation of waste in the environment. In 2024 430.9 megatons of plastics were produced worldwide, with only 9.5 % of the figure being comprised of circular (recycled) plastics. One solution to overcome this pollution is enzymatic degradation. In recent decades, many enzymes capable of polyester plastic degradation were discovered from which the hydrolysis of polyethylene terephthalate (PET) has been studied most extensively.

Enzymatic degradation of PET can lead to formation of bis(2-hydroxyethyl) terephthalate (BHET), mono-2-hydroxyethyl terephthalate (MHET), terephthalic acid (TPA), and ethylene glycol (EG). Many PET hydrolases are only capable of partial degradation of the polymer with BHET and/or MHET as the primary product of the reaction. Intermediate degradation products (BHET and/or MHET) hinder the PET hydrolysis reaction, acting as competitive inhibitors for PET hydrolases. For this reason, BHET hydrolases can be used to enhance PET depolymerization and achieve complete degradation.

In this work, an innovative quantitative method for identification and/or characterization of BHET hydrolases was developed based on previously described turbidimetric assay of BHET hydrolysis in acrylamide gels. BHET aggregate suspension hydrolysis assay (BASH) is based on enzymatic hydrolysis of insoluble BHET aggregates in a dual solvent system, where the amount of BHET hydrolyzed can be calculated based on turbidimetric ( $OD_{600}$ ) measurements. Further, the BASH assay was successfully used to investigate the ability of a recombinant microbial GDEst-RM1 esterase to degrade BHET at various pH and temperature values. The results were validated using ultra-high performance liquid chromatography (UHPLC). In addition, UHPLC was used to identify degradation products MHET and TPA. According to preliminary data, GDEst-RM1 is capable of near complete degradation of 12.5 mM of BHET in 5 minutes or less at a temperature of 55 °C and could be described as a promising novel BHET hydrolase.

In conclusion, an innovative BHET aggregate suspension hydrolysis assay (BASH) was developed and used for the characterization of a promising novel BHET hydrolase GDEst-RM1. The BASH assay is a rapid, quantitative and inexpensive method of investigating BHET hydrolysis, offering an alternative to cutting edge UHPLC methods.

# 31. EXPRESSION, PURIFICATION, AND CHARACTERIZATION OF RECOMBINANT DIHYDROURACIL OXIDASE FROM FILAMENTOUS FUNGUS *ALTERNARIA ALTERNATA*

Ieva Petkevičiūtė, Daiva Tauraitė, Jaunius Urbonavičius

Department of Chemistry and Bioengineering, Vilnius Gediminas Technical University, Lithuania  
[ieva.petkeviciute@stud.vilniustech.lt](mailto:ieva.petkeviciute@stud.vilniustech.lt)

The modified pyrimidine heterocyclic base 5,6-dihydrouracil is widely distributed in RNA molecules, especially in tRNA, across all three Domains of Life. Dihydrouracil oxidase (DHO) is an enzyme that catalyzes the conversion of 5,6-dihydrouracil and 5,6-dihydrothymine into uracil and thymine under aerobic conditions. This enzyme is important for pyrimidine metabolism as it replenishes the cellular pool of uracil and thymine from their 5,6-dihydro forms. Although dihydrouracil oxidases from various microorganisms have been identified in recent years, their catalytic mechanisms remain only partially understood.

In this study, dihydrouracil oxidase was investigated using both *in vivo* and *in vitro* approaches. A plasmid containing the *DHO* gene from *Alternaria alternata* was introduced into auxotrophic *E. coli*  $\Delta pyrF::Km$  or  $\Delta thyA::Km$  strains that require uracil or thymine, respectively, for growth. Growth complementation in minimal M9 medium supplemented with 5,6-dihydrouracil or 5,6-dihydrothymine indicated functional activity of the enzyme *in vivo*. The expression of gene that encodes the recombinant DHO protein was optimized using three *E. coli* strains, BL21 (DE3), Rosetta (DE3), and HMS174 (DE3), under different induction conditions and IPTG as an inducer. Overnight induction at 25°C resulted in the highest production of recombinant protein, while *E. coli* Rosetta (DE3) strain showed the most favorable expression performance overall. The recombinant DHO protein was purified using Ni<sup>2+</sup> affinity chromatography to > 99% purity. Enzymatic activity of the purified DHO was confirmed by three different analytical methods: thin-layer chromatography (TLC), UV spectrophotometry, and high-performance liquid chromatography (HPLC). All methods confirmed successful product (uracil or thymine) formation after incubation of 5,6-dihydrouracil or 5,6-dihydrothymine with the purified enzyme.

The obtained results demonstrate that recombinant DHO protein from *A. alternata* is functionally active both *in vivo* and *in vitro*. These findings provide a basis for further investigation of substrate specificity, catalytic parameters, and the role of conserved amino acids in the enzymatic activity.

## 32. MOLEKULINIS HEMOTROPINIŲ MIKOPLAZMŲ NUSTATYMAS PRIEGLAUDOS ŠUNIMS IR JŲ GALIMAS RYŠYS SU HEMATOLOGINIAIS POKYČIAIS

Viktorija Petrauskaitė<sup>1,2</sup>, Karolina Jankauskaitė<sup>1,2</sup>, Miglė Razgunaitė<sup>1</sup>, Birutė Karvelienė<sup>2</sup>, Algimantas Paulauskas<sup>1</sup>, Jana Radzijeuskaja<sup>1</sup>

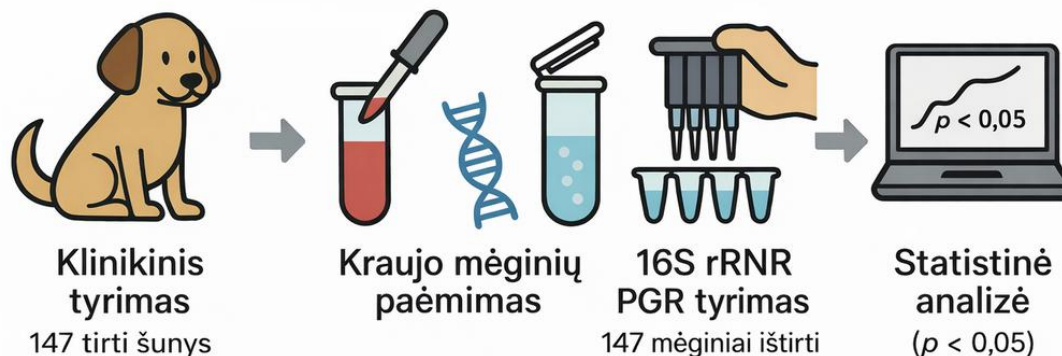
<sup>1</sup>Vytauto Didžiojo universitetas, Gamtos ir technologijos mokslų tyrimų institutas, Kaunas,

<sup>2</sup>Veterinarijos fakultetas, Lietuvos sveikatos mokslų universitetas, Kaunas, Lietuva

[viktorija.petrauskaite@lsmu.lt](mailto:viktorija.petrauskaite@lsmu.lt)

Hemotropinės *Mycoplasma* spp. yra vektorių platinamos bakterijos, kolonizuojantys eritrocitus ir galintys sukelti įvairaus sunkumo hematologinius sutrikimus šunims. Infekcija dažnai būna besimptomė, tačiau gali būti susijusi su hematologiniais ar nespecifiniais klinikiniais pokyčiais. Nepaisant didėjančio susidomėjimo šiais patogenais veterinarinėje medicinoje, jų paplitimas šunų populiacijoje Lietuvoje vis dar menkai ištirtas. Todėl šio tyrimo tikslas buvo nustatyti prieglaudos šunų užsikrėtimą *Mycoplasma* spp. ir įvertinti galimas sąsajas su klinikiniais bei hematologiniais rodikliais.

Ištirti 147 skirtinguose prieglaudose laikomi šunys. Atliktas klinikinis tyrimas ir paimti šunų kraujo mėginiai. *Mycoplasma* spp. nustatymui naudotas PGR metodas, o rūšių identifikavimui – 16S rRNR geno sekoskaita. Gauti duomenys buvo statistiškai įvertinti (1 pav.).



**1 pav.** Tyrimo schema: klinikinis šunų tyrimas, kraujo mėginių paėmimas, hemotropinių *Mycoplasma* nustatymas taikant 16S rRNR pagausinimą PGR metodu ir statistinė duomenų analizė.

Hemotropinių *Mycoplasma* DNR nustatyta 7,48 % (11/147; 95 % PI: 4,23–12,90) tirtų prieglaudos šunų kraujo mėginių. Identifikuotos dvi *Mycoplasma* rūšys, *Candidatus Mycoplasma haematoparvum* (3,40 %; 5/147) ir *Mycoplasma haemocanis* (3,40 %; 5/147). *Mycoplasma* infekcija buvo statistiškai reikšmingai susijusi su balkšvomis gleivinėmis ( $p = 0,021$ ) ir karščiavimu ( $p = 0,015$ ), tačiau reikšmingo ryšio su anemija ( $p = 0,691$ ) ar dermatologiniais pokyčiais ( $p = 0,222$ ) nenustatyta. Statistiškai reikšmingų hematologinių rodiklių skirtumų tarp infekuotų ir neinfekuotų šunų nenustatyta (Mann–Whitney U test,  $p > 0,05$ ). Vienam infekuotam šuniui nustatytas sumažėjęs hematokritas (<37 %), galintis rodyti lengvą anemiją.

Šio tyrimo rezultatai rodo nedidelį hemotropinių *Mycoplasma* paplitimą prieglaudos šunų populiacijoje. Dauguma nustatytų infekcijų buvo subklinikinės, tačiau reikšminga sąsaja su balkšvomis gleivinėmis ir karščiavimu gali rodyti ankstyvą infekcijos pasireiškimą.

### 33. REVALENCE AND GENETIC DIVERSITY OF LYME BORRELIOSIS AND RELAPSING FEVER *BORRELIA* SPP. IN LITHUANIA

Jana Radzijeuskaja<sup>1</sup>, Justina Snegirovaitė<sup>1</sup>, Indrė Lipatova<sup>1</sup>, Miglė Razgūnaitė<sup>1</sup>, Algimantas Paulauskas<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Vytautas Magnus University, Lithuania  
[jana.radzijeuskaja@vdu.lt](mailto:jana.radzijeuskaja@vdu.lt)

*Borrelia* spirochetes are the causative agents of Lyme borreliosis (LB) and relapsing fever (RF). LB is caused by bacteria belonging to the *Borrelia burgdorferi* s. l. complex, which currently comprises 26 genospecies. Lithuania has one of the highest incidence rates of LB in Europe, and *Ixodes ricinus*, the primary vector of *Borrelia* spp., is widespread throughout the country.

Here we present the results of our studies on the prevalence and genetic diversity of *Borrelia* spp. circulating in tick and rodent populations in Lithuania. Questing *I. ricinus* ticks, rodents of different species, and ticks from rodents were collected from natural habitats and urban green spaces across Lithuania. Samples were screened for *Borrelia* DNA using PCR, and multilocus sequence analysis was applied for species and strain identification.

The prevalence of *Borrelia* spp. in ticks varied locally from 1.6% to 41.54%, with significant variation in infection rates among different habitat types. Infection prevalence in rodents differed among host species and sampling locations. Five species belonging to the *B. burgdorferi* s.l. complex (*B. afzelii*, *B. garinii*, *B. burgdorferi*, *B. lusitaniae*, and *B. valaisiana*) were detected, along with *Borrelia miyamotoi* from the RF group. Small rodents, including voles and mice, are considered zoonotic reservoirs for *B. afzelii*, *B. garinii*, *B. burgdorferi* and *B. miyamotoi*, although their relative contribution to the transmission of *Borrelia* pathogens to larval ticks varies among species. Co-infections with two or more *Borrelia* species were detected in both ticks and rodents.

Our findings demonstrate that both natural and urban green areas in Lithuania support the circulation of multiple *Borrelia* species, posing varying risks of tick-borne infections. Continuous monitoring of tick distribution and *Borrelia* prevalence is essential to assess how environmental changes, including climate change and urbanization, influence pathogen circulation and infection risk.

## 34. *CANDIDA* GENTIES GRYBŲ PAPLITIMAS VILNIAUS MIESTO GLOBOS NAMŲ GYVENTOJŲ TARPE

Sylvia Rogoža<sup>1</sup>, Rasmūtė Manelienė<sup>1</sup>, Rita Trumpaitė-Vanagienė<sup>1</sup>, Vika Gabė<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Odontologijos institutas, Medicinos fakultetas, Vilniaus universitetas, Lietuva

<sup>2</sup>Fiziologijos, biochemijos, mikrobiologijos ir laboratorinės medicinos katedra, Biomedicinos institutas, Medicinos fakultetas, Vilniaus universitetas, Lietuva

[sylvia.rogoza@mf.stud.vu.lt](mailto:sylvia.rogoza@mf.stud.vu.lt)

Vyresnio amžiaus asmenims, gyvenantiems institucinėse priežiūros įstaigose (globos namuose ir slaugos ligoninėse) dėl lėtinių ligų ir bendrai naudojamų medicininių prietaisų, dažniau pasireiškia *Candida* genties grybų sukeltos burnos ir sisteminės infekcijos. Burnos kandidozė yra opi problema, nes asmenims su nusilpusiu imunitetu, infekcija gali pasiekti sisteminį lygmenį. Didėja vyresnio amžiaus žmonių kandidemijos ir invazinių *Candida* genties grybų sukeltų infekcijų dažnis.

Tyrimo tikslas – įvertinti *Candida* genties grybų paplitimą tarp asmenų, kurie gyvena Vilniaus miesto socialinės globos namuose.

Tyrimas buvo vykdomas Vilniaus miesto A socialinės globos namuose 2025 m. nuo lapkričio mėn. pradžios iki gruodžio mėn. pabaigos, gavus Vilniaus regioninio biomedicininio tyrimų etikos komiteto leidimą Nr. 2024/1-1563-1024. Iš tyrimo sutikusių dalyvauti ir kriterijus atitikusių socialinės globos namų gyventojų buvo paimta tiriamoji medžiaga (burnos skalavimo mėginys), kuri nugabenta į Vilniaus universiteto Medicinos fakulteto Biomedicinos mokslų instituto Mikrobiologijos skyriaus laboratoriją. Iš tiriamosios medžiagos buvo paruošti koncentruoti burnos skalavimo mėginiai, atliekami jų 1:10 ir 1:100 skiedimai, kurie išsėti ant chromogeninės terpės Chromo®Bio Candida (Biolab, Vengrija) paviršiaus. Pasėliai kultivuoti 48 val. 37 °C temperatūroje, aerobinėmis sąlygomis. *Candida* genties grybų identifikacija atlikta remiantis rezultatais, kurie buvo gauti mikroskopijos, išskirtų grynų kultūrų kultivavimu 37 °C ir 42 °C temperatūrose, germinatyvinių vamzdelių testo bei MALDI-TOF MS metodo pagalba.

Iš viso tyrime dalyvavo 16 socialinės globos namų gyventojų, iš kurių didžioji dalis t. y. 87,5 proc. (n=14) buvo moterys ir 87,5 proc. (n=14) buvo 85 metų arba vyresnio amžiaus. Nustatyta, kad daugumos (87,5 proc.; n=14) globos namų gyventojų burna buvo kolonizuota *Candida* genties grybais – *C. albicans* (68,8 proc.; n=11), *C. glabrata* (31,3 proc.; n=5), *C. dubliniensis* (18,8 proc.; n=3), *C. parapsilosis* (12,5 proc.; n=2), *C. tropicalis* (6,3 proc.; n=1) ir *C. lusitanae* (6,3 proc.; n=1).

## 35. DIRVOŽEMIO MIKROBIOTOS CHARAKTERIZAVIMAS ĮPRASTINĖS ŪKININKAVIMO PRAKTIKOS DIRVOŽEMIUOSE

Modestas Ružauskas<sup>1,2</sup>, Rita Šiugždinienė<sup>1</sup>, Lina Merkevičienė<sup>2</sup>, Jurgita Dailidavičienė<sup>2</sup>, Marius Virgailis<sup>1</sup>, Agnė Giedraitienė<sup>1</sup>, Skaidrė Supronienė<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mikrobiologijos ir virusologijos institutas, Lietuvos sveikatos mokslų universitetas

<sup>2</sup>Anatomijos ir fiziologijos katedra, Lietuvos sveikatos mokslų universitetas

<sup>3</sup>Mikrobiologijos laboratorija, Lietuvos agrarinių ir miškų mokslų centras

[modestas.ruzauskas@lsmu.lt](mailto:modestas.ruzauskas@lsmu.lt)

Dirvožemio mikroorganizmai yra ne tik svarbi dirvožemio dalis, bet ir dinamiškas medžiagų transformacijos dirvožemyje šaltinis. Jie atlieka gyvybiškai svarbias ekosistemos funkcijas, tokias kaip skaidymas ir maistinių medžiagų ciklas, ir sudaro simbiotinius ryšius su augalais. Apie tai, kaip skiriasi mikrobiomas naudojant skirtingą ūkininkavimo praktiką augalininkystėje duomenų yra nedaug. Tikėtina, kad mikroorganizmų sudėtis skiriasi taikant ekologinio, intensyvaus ar tausojančio ūkininkavimo praktiką. Šis darbas turėjo du tikslus: pirmiausiai buvo siekiama nustatyti vyraujančios mikrobiotos sudėtį įprastinio ūkininkavimo praktiką (naudojant sėjomainą ir auginant mišrias kultūras) taikančiuose vidurio Lietuvos ūkių dirvožemiuose, o antrasis – nustatyti tiriamos dirvožemio mikrobiotos funkcinį metabolizmo kelių ir atsparumo antibiotikams genetines determinantes.

Dirvožemio mėginiai buvo rinkti penkiuose Kėdainių, Radviliškio ir Raseinių rajonų ūkių laukuose, iš pagrindinių augalų šaknų zonos, 5–20 cm sluoksniu, keturiais lauko pakartojimais. Surinkti mėginiai laikyti ant ledo ir tą pačią dieną pristatyti į laboratoriją, kurioje atliktas mėginių apjungimas į vieną bendrą mėginį. DNR išskyrimas atliktas su ZymoBIOMICS®-96 MagBead DNA rinkiniu (JAV). Sekvenavimo bibliotekos paruoštos naudojant Illumina DNA Prep Kit (Illumina, JAV). Paruošti mėginiai buvo sekvenuoti su Illumina NextSeq® 2000 (JAV), atliekant “shotgun” tipo sekoskaitą. Mikroorganizmų sudėtis buvo profiliuota naudojant duomenų bazę Sourmash. Bakterijų, grybelių ir kitų mikroorganizmų identifikavimui naudotos GTDB ir GenBank duomenų bazės. Atsparumo antimikrobinėms medžiagoms genų identifikavimas atliktas DIAMOND sekos palyginimo įrankiu pagal referentines duomenų bazes. Funkcinis bakterijų profiliavimas buvo atliktas naudojant Humann3 duomenų bazę, nustatant pagrindines metabolizmo reakcijas (pathways).

Nustatyta, jog dažniausi eukariotiniai mikroorganizmai tirtuose dirvožemiuose buvo *Rostrstelium ellipticum*, *Pedospumella encystans*, *Spumella vulgaris* ir *Podosphaera cerasi*. Šie grybų ir protistų atstovai sudarė 74 proc. visų eukariotinių mikroorganizmų. Tuo tarpu, prokariotų įvairovė buvo kur kas platesnė. Iš viso identifikuota daugiau nei 150 prokariotų taksonų rūšių lygmenyje. Iš identifikuotų prokariotų rūšių, vyravo bakterijos, tokios kaip *Solirubrobacter soli*, *S. pauli*, *Nocardioides cavernae*, *N. gaungzhouensis*, *N. islandensis* ir kitos *Nocardioides* rūšys, *Luteitalea pratensis*, *Bradyrhizobium algeriense*, *B. erythroplei* ir kitos *Bradyrhizobium* rūšys, *Pedococcus crimeus*, *Microvirga ossetica*, *Mycobacterium* spp.

Funkcinių metabolizmo kelių tyrimai atskleidė nukleotidų ir aminorūgščių sintezės ir skaldymo kelių dominavimą dirvožemio bakterijose, kas rodo aktyvų ir efektyvų dirvožemio mikrobiomą, prisitaikiusį prie pakankamai intensyvaus žemės ūkio naudojimo. Šie keliai atspindėjo stiprų organinio azoto ir anglies perdirbimą, energiją taupančias augimo strategijas ir funkcinės savybes, dažniausiai siejamas su augalams naudingais dirvožemio mikroorganizmais.

Įprastinio ūkininkavimo ūkių dirvožemio mikrobiota turėjo atsparumo antibiotikams koduojančius genus daugeliui antibiotikų klasių, net ir sintetiniams, gamtoje tiesiogiai neaptinkamiems antibiotikams, tokiems kaip chinolonai. Galima teigti, kad dirvožemio bakterijos prisitaikę ne tik prie natūralios aplinkos, bet yra turėję kontaktą ir su žmogaus sukurtais ir naudojamais antimikrobiniais vaistais, kurie naudojami žmonių ir gyvūnų gydymui.

## 36. NUO REKOMENDACIJŲ IKI PRAKTIKOS: MELSVABAKTERIŲ RIZIKOS VERTINIMO GAIRIŲ TAIKYMAS LIETUVOS MAUDYKLOSE

Ieva Sakovskaja<sup>1</sup>, Donata Overlingė<sup>1</sup>, Jolita Petkuvienė<sup>1</sup>, Diana Vaičiūtė<sup>1</sup>, Marija Kataržytė<sup>1</sup>, Greta Kalvaitienė<sup>1</sup>, Ugnė Embrasaitė<sup>1</sup>, Martyna Pareigyte<sup>1</sup>, Hanna Mazur-Marzec<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Jūros tyrimų institutas, Klaipėdos universitetas, Lietuva

<sup>2</sup>Jūrų biologijos ir biotechnologijos katedra, Gdanskio universitetas, Lenkija

[ieva.sakovskaja@ku.lt](mailto:ieva.sakovskaja@ku.lt)

Melsvabakterės yra svarbus maudyklų kokybės vertinimo rodiklis, kurių keliami rizika vertinama matuojant jų gausumą ir chlorofilą „a“ (HN 92:2018). Tačiau tikrąją riziką apibūdina jų produkuojami toksinai (mikrocistiniai), kurie tiesiogiai koreliuoja su melsvabakterių biomase ir chlorofilu „a“ (esant toksinių melsvabakterių dominavimui). Šiuo metu Lietuvoje ir pasaulyje nėra akredituotų metodų, naudojamų mikrocistinių koncentracijų nustatymui, todėl netiesiogiai vertinami anksčiau minėti parametrai.

Siekiant pritaikyti HN 92:2018 reikalavimus vertinant maudyklų vandens kokybę, 2022 m. buvo atliktas tyrimas, kurio metu buvo tiriami trys skirtingo produktyvumo paviršiniai vandens telkiniai vakarų Lietuvoje (Kretingos dvaro parko I-ojo tvenkinio ir Kaščių ežero poilsinės zonos bei Kalotės ežeras). Tyrimo metu buvo pastebėta, kad melsvabakterių gausumo rezultatai ne kartą pervertino keliamą riziką maudyklų lankytojams. Kai melsvabakterių gausumo vertės viršydavo nustatytas normas, mikrocistinių koncentracijos išlikdavo žemos, o tai leidžia daryti išvadą, kad keliamos rizikos nebuvo. Taip nutinka todėl, kad melsvabakterių bendrijoje gali dominuoti tiek toksinės, tiek netoksinės rūšys, todėl vien jų gausumo matavimai gali klaidingai įvertinti keliamą riziką.

Pagal Pasaulio sveikatos organizacijos (PSO) rekomendacijas (WHO, 2021), kurių pagrindu būna atnaujinama ir HN 92:2018, vandens kokybę rekomenduojama vertinti ne gausumo parametru, bet melsvabakterių biomase ir mikrocistinių koncentracija.

Atlikus pateiktų dokumentų vertinimą bei remiantis atliktu tyrimu, rekomenduojame:

- Melsvabakterių gausumo rodiklį keisti į biomasės parametro vertinimą, kuris tiksliau atspindi keliamą riziką dėl mikrocistinių poveikio;
- Mikroskopavimo metu svarbu atsižvelgti į melsvabakterių rūšinę sudėtį, kad įvertinti santykį tarp potencialiai toksiškų ir netoksiškų rūšių;
- Mikrocistinių koncentracijų nustatymas turėtų būti atliekamas kartu su biomasės parametru. Jeigu tam skirta įranga (pvz. LC-MS/MS) yra neprieinama, galima naudoti prieinamus greituosius testus.

Literatūra:

1. Lietuvos Respublikos sveikatos apsaugos ministerija, 2018. Lietuvos higienos normos HN 92:2018 Papildiniai ir jų maudyklų vandens kokybė.
2. WHO, 2021. Guidelines on recreational water quality, Volume 1: coastal and fresh waters.

## 37. DROUGHT-DRIVEN SHIFTS IN THE TAXONOMIC AND FUNCTIONAL COMPOSITION OF THE WINTER WHEAT RHIZOSPHERE MICROBIOME

Egidija Satkevičiūtė<sup>1</sup>, Arman Shamshitov<sup>1</sup>, Gražina Kadžienė<sup>2</sup>, Rita Armonienė<sup>3</sup>, Žilvinas Liatukas<sup>4</sup>, Skaidrė Supronienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Microbiology Laboratory, Institute of Agriculture, Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Lithuania

<sup>2</sup>Department of Soil and Crop Management, Institute of Agriculture, Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Lithuania

<sup>3</sup> Laboratory of Genetics and Physiology, Institute of Agriculture, Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Lithuania

<sup>4</sup> Department of Cereal Breeding, Institute of Agriculture, Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Lithuania

[egidija.satkeviciute@lammc.lt](mailto:egidija.satkeviciute@lammc.lt)

Drought is a major abiotic stress that affects crop productivity and can alter microbial communities in the plant rhizosphere. The rhizosphere microbiome plays an important role in plant adaptation to environmental stress by influencing nutrient cycling and plant resilience.

This study aimed to evaluate taxonomic and functional changes in the rhizosphere microbiome of three winter wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties grown in Lithuania: “Ada”, “Artist”, “Lakaja DS”. The vegetation experiment was performed under semi-controlled greenhouse conditions. Wheat was grown under control (70% of field capacity, FC) and drought (30% FC) conditions in loam soil for 4 weeks.

Metagenomic analysis was performed on rhizosphere soil samples using shotgun sequencing (Illumina, BMK, Germany). Community composition analysis showed that the rhizosphere microbiome was dominated by *Proteobacteria* (up to 78.91% of relative abundance), *Bacteroidetes* (up to 28.53%), and *Actinobacteria* (up to 17.96%), while drought reduced the relative abundance of *Proteobacteria* and increased *Bacteroidetes* in cultivars “Ada” and “Lakaja DS”. Alpha diversity (Shannon index) did not differ significantly between treatments and between varieties. Beta diversity analysis revealed no significant differences across treatments (PERMANOVA,  $p > 0.05$ ). Differential abundance analysis identified several taxa associated with each treatment, for example, class *Alphaproteobacteria* and *Chitinophagia* were enriched in the control group, whereas class *Betaproteobacteria* and *Actinomycetia* were more abundant under drought conditions (LDA score 4.39, 4.04, 4.43 and 4.39 accordingly). Such shifts are common in drought-affected soils. Functional profiling indicated minor shifts in pathways related to alpha-linolenic acid metabolism and ethylbenzene degradation under treatments.

Overall, drought induced moderate taxonomic shifts in the winter wheat rhizosphere microbiome, while functional potential and overall community diversity remained largely stable, suggesting a resilient microbial community with cultivar-specific responses.

## 38. MIKROBIOLOGINIŲ TYRIMŲ SVARBA ŠIUOLAIKINĖJE VISUOMENĖJE

Raminta Saulėnaitė<sup>1</sup>, Irina Iljina<sup>1\*</sup>, Laimutė Ivanauskienė<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Nacionalinė visuomenės sveikatos priežiūros laboratorija, Mikrobiologinių tyrimų skyrius, Vilnius, Lietuva  
[raminta.saulenaite@nvspl.lt](mailto:raminta.saulenaite@nvspl.lt)

Nacionalinėje visuomenės sveikatos priežiūros laboratorijoje yra atliekami aplinkos mikrobiologiniai tyrimai. Šie tyrimai yra svarbūs siekiant įvertinti mikroorganizmų paplitimą, įvairovę ir funkcijas. Mikrobiologiniams aplinkos tyrimams priskiriami maisto, vandens, paviršių, kosmetikos ir farmacijos tyrimai. Tyrimai yra svarbūs norint užtikrinti saugų ir stabilų produktų vartojimą bei naudojimą, taip pat svarbu įvertinti patogeninių mikroorganizmų paplitimą ir nustatyti galimą taršą. Tyrimai atliekami vadovaujantis standartais arba standartinėmis veiklos procedūromis. Laboratorijoje įdiegta ir akredituota kokybės vadybos sistema pagal LST EN ISO/IEC 17025:2018 standarto reikalavimus.

Maisto ir vandens mikrobiologiniai tyrimai yra itin svarbi visuomenės sveikatos ir aplinkos apsaugos sritis, skirta užtikrinti, kad vartotojams tiekiami produktai būtų saugūs ir atitiktų higienos bei kokybės reikalavimus. Kosmetikos ir farmacijos mikrobiologiniai tyrimai yra esminė kokybės kontrolės ir saugos užtikrinimo dalis, kadangi šie produktai tiesiogiai liečiasi su žmogaus oda, gleivinėmis ar net patenka į organizmo vidų. Visų šių tyrimų tikslas – užtikrinti, kad produktai būtų saugūs, stabilūs ir atitiktų griežtai reglamentuotus reikalavimus.

Apibendrinant, mikrobiologiniai tyrimai yra neatsiejami nuo ligų prevencijos ir visuomenės sveikatos apsaugos. Jie sudaro pagrindą rizikos vertinimui, kontrolės priemonių taikymui ir nuolatiniam saugos gerinimui. Ne maisto produktų, vandens, maisto mikrobiologiniai tyrimai yra būtini siekiant apsaugoti vartotojų sveikatą, užtikrinti produktų stabilumą ir atitikti tarptautinius saugos bei kokybės standartus. Jie sudaro svarbų pagrindą tiek produktų gamybai, tiek jų nuolatiniai kontrolei rinkoje.

# 39. LEGACY EFFECT OF WHITE MUSTARD COVER CROPPING AND TILLAGE ON ARBUSCULAR MYCORRHIZAL FUNGI COLONIZATION AND COMMUNITY COMPOSITION IN VOLUNTEER BARLEY ROOTS

Arman Shamshitov<sup>1</sup>, Gražina Kadžienė<sup>2</sup>, and Skaidrė Supronienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Microbiology Laboratory, Institute of Agriculture, Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry (LAMMC)

<sup>2</sup> Department of Soil and Crop Management, Institute of Agriculture, (LAMMC)  
[arman.shamshitov@lammc.lt](mailto:arman.shamshitov@lammc.lt)

Brassica cover crops are widely used in agroecosystems, yet their legacy effects on arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) remain variable and not fully understood. We examined how a standing white mustard (*Sinapis alba* L.) cover crop interacts with tillage intensity to influence AMF colonization and community composition in volunteer barley roots. AMF responses were assessed using complementary approaches, including microscopic quantification of root colonization, 18S rRNA gene amplicon sequencing, and taxon-specific quantitative PCR. Roots were sampled before mustard termination to avoid plant tissue disruption and isothiocyanate release, allowing host-mediated effects to be distinguished from potential biofumigation-related disturbance.

AMF colonization was mainly influenced by soil disturbance, with significantly higher colonization under no-tillage than under conventional tillage. In contrast, community responses varied with taxonomic resolution. At the amplicon sequence variant (ASV) level, the presence of white mustard reduced AMF richness, while diversity and evenness remained largely unchanged. When analyzed at the genus level, richness remained stable, whereas diversity and evenness declined under the combined influence of cover cropping and conventional tillage, indicating that soil disturbance modulated cover-crop legacy effects. Dominant *Glomeraceae* lineages were relatively stable across treatments, and total AMF abundance showed no consistent response to management, although *Rhizophagus irregularis* was more abundant under no-tillage. Colonization intensity was positively associated with ASV richness rather than with individual taxa, suggesting that early colonization dynamics may depend more on overall community diversity than on the dominance of specific lineages.

These findings indicate that even short-term management practices can reorganize early-season AMF communities in a context-dependent manner, with potential implications for crop establishment and soil mutualistic networks.

## 40. ŽIEMINIŲ KVIEČIŲ (*TRITICUM AESTIVUM* L.) GRYBŲ BENDRIJOS: ENDOSFERA, RIZOSFERA IR DIRVOŽEMIS

I. Sokė<sup>1</sup>, D. Čepukoit<sup>1</sup>, S. Jaseliūnaitė<sup>1</sup>, D. Burokienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Augalų patologijos laboratorija, Valstybinis mokslinių tyrimų institutas Gamtos tyrimų centras, Vilnius  
[ieva.soke@gamtc.lt](mailto:ieva.soke@gamtc.lt)

Endosferos, rizosferos ir dirvožemio grybai daro teigiamą įtaką sveiko augalo augimo bei vystymosi procesams. Šie mikroorganizmai gali apsaugoti šeiminkus nuo biotinio ir abiotinio streso, reguliuoti jų augimą bei stimuliuoti maistinių medžiagų įsisavinimą. Dėl šių savybių grybai gali būti panaudojami fitopatogenų kontrolės, organinės medžiagos skaidymo ir mikrobiologinių trąšų biotechnologijose, kurios ypač paklausios tokiose srityse kaip žemės ūkis. Tai galima sieti su augančios žmonių populiacijos didėjančiu maisto poreikiu, kurį patenkinti turi augalinė produkcija.

Žieminiai kviečiai (*Triticum aestivum* L.) yra vienas iš labiausiai auginamų kultūrinių augalų vidutinio klimato juostose. Jie tiesiogiai susiję su pasauline ekonomika ir apsirūpinimu maistu. Nepalankūs biotiniai ir abiotiniai veiksniai lemia žiemiųjų kviečių derliaus sumažėjimą bei kokybės suprastėjimą. Šias problemas galima spręsti mikroskopiniais grybais grįstomis biotechnologijomis, tačiau norėdami sužinoti, kokią įtaką augalui daro tiriamieji mikroorganizmai, pirmiausia turime atlikti jų identifikavimą. Tad šio tyrimo tikslas yra nustatyti žiemiųjų kviečių endosferos, rizosferos ir dirvožemio grybų įvairovę.

Žiemiųjų kviečių augalai ir jų dirvožemis buvo surinkti 2025 metų balandžio-liepos mėnesiais Švenčionių rajone. Endosferos mikroskopiniai grybai buvo išskiriami iš šaknų, rizosferos – iš jų nuoplovų, o dirvožemio – iš substrato neturėjusio tiesioginio kontakto su požemine augalo dalimi. Iš viso buvo išskirti 550 izoliatai: 283 – iš dirvožemio, 226 – iš endosferos ir 41 – iš rizosferos. Visi izoliatai buvo suskirstyti į 111 morfologinių grupių pagal kolonijos fenotipinius požymius. Planuojama grupių atstovus identifikuoti remiantis ITS regiono seka. Gauti tyrimo rezultatai suteiks duomenų apie žiemiųjų kviečių grybų bendrijų rūšių įvairovę.

# 41. ASCH DOMAIN-CONTAINING PROTEINS CAN ACT AS TRANSFER RNA N<sup>4</sup>-ACETYLCYTIDINE ERASERS

Roberta Statkevičiūtė<sup>1</sup>, Mikas Sadauskas<sup>1</sup>, Agota Aučynaitė<sup>1</sup>, Audrius Laurynėnas<sup>2</sup>, Rolandas Meškys<sup>1</sup>

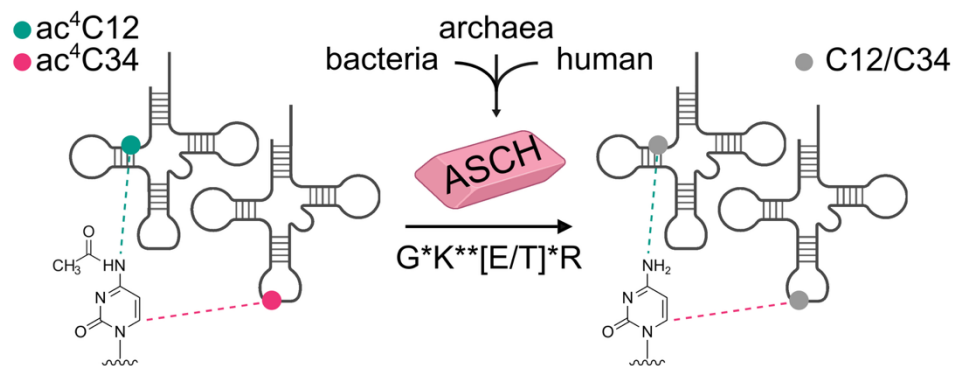
<sup>1</sup>Department of Molecular Microbiology and Biotechnology, Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, 10257 Vilnius, Lithuania

<sup>2</sup>Department of Bioanalysis, Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, 10257 Vilnius, Lithuania

[roberta.statkeviciute@gmc.vu.lt](mailto:roberta.statkeviciute@gmc.vu.lt)

N<sup>4</sup>-acetylcytidine (ac<sup>4</sup>C) is a conserved RNA modification associated with RNA stability, accurate translation, and human diseases. While enzymes responsible for ac<sup>4</sup>C formation are known, less is understood about its possible removal. The *Escherichia coli* protein YqfB, belonging to the widespread yet poorly characterized activating signal cointegrator homology (ASCH) domain protein family, has been described as an amidohydrolase acting on free ac<sup>4</sup>C and related N-acylated cytidine derivatives.

Here, we investigated whether ASCH domain-containing proteins could act on ac<sup>4</sup>C within tRNA molecules. We characterized 19 ASCH family proteins from bacterial, archaeal, and human sources. Recombinant proteins were purified, and their activity was analyzed by TLC for nucleoside hydrolysis and by HPLC-MS/MS for ac<sup>4</sup>C level evaluation in tRNA. While nucleoside hydrolysis was not observed for all tested proteins, all deacetylated tRNA in vitro using both bacterial and eukaryotic substrates. In addition, their activity was supported by decreased ac<sup>4</sup>C levels upon expression in *E. coli* (fig. 1).



**Figure 1.** Schematic representation of tRNA deacetylation by ASCH domain-containing proteins. ac<sup>4</sup>C12 and ac<sup>4</sup>C34 indicate modified positions in eukaryotic and bacterial tRNAs, respectively.

Nucleic acid interactions were examined using electrophoretic mobility shift assays (EMSA) with tRNA, ssRNA, and ss/dsDNA oligonucleotides. The proteins displayed diverse binding properties: some interacted with RNA and/or DNA, while others showed no detectable binding. In a subset of archaeal proteins, a C-terminal helix-turn-helix domain was identified and shown to promote strong tRNA binding. Despite differences in sequence, structure, and nucleic acid binding, all tested ASCH proteins shared the ability to remove ac<sup>4</sup>C from tRNA. This provides the first evidence of enzymatic ac<sup>4</sup>C deacetylation in tRNA and expands current understanding of the functional diversity of this protein family.

## 42. LAUKINIŲ KIAUNINIŲ (MUSTELIDAE) UŽSIKRĖTIMAS ERKIŲ PERNEŠAMAIS PATOGENAIS

Daiva Šakienė, Asta Aleksandravičienė, Loreta Gričiuvienė, Indrė Lipatova, Rasa Vaitkevičiūtė, Algimantas Paulauskas

Gamtos ir technologijos mokslų tyrimų institutas, Vytauto Didžiojo universitetas, Kaunas, Lietuva  
[daiva.sakiene@vdu.lt](mailto:daiva.sakiene@vdu.lt)

Kiauniniai (Mustelidae) yra plačiai Europoje paplitę smulkūs plėšrieji žinduoliai, tačiau duomenų apie jų vaidmenį erkių pernešamų patogenų cirkuliacijoje gamtinėse ekosistemose vis dar trūksta. Dėl savo ekologijos ir elgsenos šie gyvūnai dažnai kontaktuoja su erkėmis, todėl gali dalyvauti erkių pernešamų patogenų palaikyme ir plitime. Šio tyrimo tikslas buvo įvertinti laukinių kiauninių užsikrėtimą erkių pernešamais patogenais Lietuvoje.

2013–2025 metais įvairiuose Lietuvos regionuose surinkti akmeninės kiaunės (*Martes foina*), miškinės kiaunės (*Martes martes*), kanadinės audinės (*Neovison vison*) ir paprastojo (tamsiojo) šeško (*Mustela putorius*) audinių mėginiai. Iš mėginių išskirta DNR buvo tiriama naudojant tikro laiko PGR, siekiant nustatyti *Anaplasma/Ehrlichia* spp., *Babesia* spp., *Rickettsia* spp., *Bartonella* spp. ir *Borrelia* spp. Teigiami mėginiai buvo toliau analizuojami taikant lizdinę, pusiau lizdinę ir tradicinę PGR bei atliekant nukleotidų sekų analizę patogenų identifikacijai.

Molekuliniai tyrimai parodė, kad laukinių kiauninių mėginiuose buvo nustatyta *Babesia* spp., *Anaplasma phagocytophilum*, *Rickettsia raoultii*, *Ehrlichia muris*. Patogenų paplitimas skyrėsi priklausomai nuo kiauninių rūšies. Gauti rezultatai rodo, kad kiauniniai Lietuvoje gali prisidėti prie erkių pernešamų patogenų cirkuliacijos gamtinėse ekosistemose, nors jų rezervuarinis vaidmuo gali skirtis tarp rūšių. Šis tyrimas papildė duomenis apie kiauninių reikšmę vektorinių infekcijų ekologijoje ir pabrėžia tolesnių tyrimų būtinybę, siekiant išsamiau įvertinti jų vaidmenį patogenų perdavimo grandinėje.

Tyrimai buvo iš dalies finansuoti VDU KLIGEN fondo projekto „Kiauninių žinduolių (Mustelidae) užsikrėtimas erkių pernešamais patogenais Lietuvoje“ lėšomis (projekto Nr. P-N-25-03).

## 43. FERMENTUOTŲ AVIŽŲ GĖRIMŲ KOKYBĖS, SAUGOS RODIKLIŲ IR JUSLINIŲ SAVYBIŲ ANALIZĖ

Antanas Šarkinas, Natalja Makštutienė, Ingrida Mažeikienė, Lina Trakšėlė, Alviya Šalaševičienė

Kauno technologijos universitetas, Maisto institutas  
[antanas.sarkinas@ktu.lt](mailto:antanas.sarkinas@ktu.lt)

Avižų gėrimai, augalinės kilmės produktai, pasirodė esąs puikūs tradicinių pieno produktų pakaitalai, padedantys sumažinti laktozės netoleravimą ir alergijas. Fermentacija ne tik pagerina avižų gėrimų juslinius rodiklius, bet ir sustiprina jų maistines bei funkcines savybes, veikiant pieno rūgšties bakterijoms.

Fermentuotų avižų gėrimų mikrobiologiniai, cheminiai ir jusliniai rodikliai yra susiję, jų integruotas stebėjimas gali sudaryti pagrindą teisiniam šių produktų saugos ir kokybės reglamentavimui. Tiriant aštuonių modifikacijų gėrimų savybių pokyčius dviejų mėnesių laikotarpiu, siekiama pasiūlyti pagrįstus ribinius rodiklius, galinčius tapti pagrindu nacionalinėms teisės normoms. Fermentuotų gėrimų mikroflorą sudaro įvairios probiotinės bifidobakterijų ir pieno rūgšties bakterijų rūšys. Kontroliuojami ir indikatoriai, gedimą, toksikoinfekcijas ar apsinuodijimus galintys sukelti mikroorganizmai bei pH, etilo alkoholio koncentracija, sviesto rūgšties kiekis.

Vertinant probiotinių bakterijų skaičių produkto matricose galima konstatuoti, kad jos lieka gyvybingos visu tyrimo laikotarpiu iki 64 parų. Saugos rodikliai avižų gėrimuose užtikrinami, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella*, *Staphylococcus aureus* neaptinkami, *Bacillus cereus* aptikimas gali rodyti apsinuodijimo pavojų, vienoje matricoje *B. cereus* aptinkamos jau tyrimo pradžioje, laikymo eigoje jų skaičius auga, po 64 parų randama  $(1,5 \pm 0,3) \times 10^6$  KSV/ml.

Fermentuotų produktų juslinės savybės gali pablogėti atsirandant kvapo pokyčiams, kurie apibūdinami kaip: „jaučiamas gaižus, panašus į išlaikyto sūrio kvapą, rūgštus, su gedimo požymiais, mielių fermentacijos kvapas“. Buvo nustatyti mikroorganizmai, galintys turėti įtakos fermentuotų avižų produktų juslinėms savybėms, tai koliforminių bakterijų, mezofilinių anaerobinių mikroorganizmų sporų, pelėsinų grybų, mielių skaičius.

Neigiama įtaka juslinėms savybėms koreliuoja su mezofilinių anaerobinių mikroorganizmų ir mielių padidėjusiu skaičiumi.

Tyrimai finansuoti pagal Žemės ūkio, maisto ūkio ir žuvininkystės 2023–2027 metų mokslinių Tyrimų ir eksperimentinės plėtros projekto vykdymo 2025 m. spalio mėn. sutartį Nr. MTE-25-12 „Maisto grandinėje siūlomų bakterinių preparatų tyrimai“

# 44. IMPROVED MICROBIOME PROFILING USING ARL REGRESSION WITH RESAMPLING-SUPPORTED UNCERTAINTY ESTIMATION

Robertas Tupikas<sup>1,2</sup>, Sigitas Šulčius<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Medicine, Vilnius University, Lithuania

<sup>2</sup>Laboratory of Algology and Microbial Ecology, Nature Research Centre, Lithuania

[sigitas.sulcius@gamtc.lt](mailto:sigitas.sulcius@gamtc.lt)

Identifying differentially abundant (DA) microbes across various samples is a common objective in microbiome studies. However, numerous available DA tools produce quite contradictory results because they differ in how they handle compositionality, sparsity, and heterogeneous sequencing depth in microbiome data. As a result, there is a need for improved DA tools that enable more comprehensive analyses across a broad range of biologically relevant scenarios.

Here, we introduce **PURSUE** (Microbiome **P**rofilin**g** **U**sing multinomial **R**egression with resampling-**S**upported **U**ncertainty **E**stimation), an improved multinomial regression and differential ranking-based method for microbiome profiling. The PURSUE combines DACOMP-style reference-based normalization with a MaAsLin3-style two-part modeling strategy that separately models prevalence and positive abundance. Statistical inference is performed using an LDM-style restricted Freedman-Lane row permutation process, which enables hypothesis testing under complex study designs. Evidence from the prevalence and abundance models is then aggregated using a union test based either on ACAT or a minimum- $p$  approach, with the final  $p$ -values calibrated by permutation and multiple-testing adjustment. In addition, PURSUE include uncertainty estimation and batch-effect correction, providing valuable contextual information and enabling to explore more complex experimental designs, both of which are crucial for interpreting environmental microbial community data in ecological studies. Finally, we will demonstrate the performance of PURSUE in comparison with other commonly used DA methods.

## 45. A GFP-BASED BIOSENSOR FOR SCREENING M<sup>PRO</sup> PROTEASE INHIBITORS

Nina Urbelienė<sup>1</sup>, Monika Repšytė<sup>2</sup>, Augustas Kudarauskas<sup>1</sup>, Kristupas Volbikas<sup>1</sup>,  
Constantinos Patinios<sup>3</sup>, Rolandas Meškys<sup>1</sup>, Darius Balčiūnas<sup>2,4</sup>

<sup>1</sup>Institute of Biochemistry, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania.

<sup>2</sup>Institute of Biotechnology, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania.

<sup>3</sup>VU LSC-EMBL Partnership Institute for Genome Editing Technologies, Life Sciences Center, Vilnius University, Lithuania.

<sup>4</sup>Department of Biology, Temple University, Philadelphia, PA 19122, United States.

[nina.urbeliene@bchi.vu.lt](mailto:nina.urbeliene@bchi.vu.lt)

Proteases represent a major class of therapeutic targets in modern drug discovery. Continued research into protease structure, specificity, and regulation is expected to facilitate the development of more effective treatments for not only for viral and bacterial infections, but also for cancer, cardiovascular disorders, and other diseases where protease activity is implicated. Many viruses translate their entire genetic information into a single long, inactive "polyprotein" chain. Without the viral protease to cleave this chain into functional pieces, the virus cannot mature and infect other cells. The ability to specifically recognize and cut diverse substrate sequences is a characteristic that is conserved across various families of viral proteases.

Drug development strategies targeting proteases typically focus on designing inhibitors that either block the enzyme's active site or alter its catalytic mechanism, for example, broader-spectrum M<sup>PRO</sup> protease inhibitors. So far, more than 1,000 potential covalent inhibitors targeting the M<sup>PRO</sup> protease SARS-CoV-2 of have been tested, but only nirmatrelvir (Paxlovid®) has received approval from the FDA. Hence, clinical trials are still ongoing to develop effective drugs against novel coronaviruses and SARS-CoV-2 variants resistant to currently prescribed inhibitors. The resistance is mainly due to mutations in the Mpro (3CLpro) gene, particularly at the inhibitor binding site.

In this study, we present a biosensor system that generates a positive fluorescence signal for screening M<sup>PRO</sup> protease inhibitors in *E. coli* and human embryonic kidney (HEK293T) cells. For this purpose, we used a GFP-based reporter containing M<sup>PRO</sup> protease target sites. Co-expression of M<sup>PRO</sup> protease and the GFP sensor indicated efficient hydrolysis of the modified GFP in both organisms. Additionally, we demonstrated the digestion reaction and its inhibition *in vitro* and *in vivo* experiments.

**Funding:** Research Council of Lithuania "Development of fluorescent sensors for discovery of targeted antibiotics by positive selection", No. S-MIP -24- 94.

## 46. GENOMINIAI POKYČIAI IR DNR METILINIMO MODELIAI SKIRTINGUOSE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* BAKTERIOFAGAMS ATSPARIUOSE FENOTIPUOSE

Laurynas Vaitkus, Giancarlo Russo

EMBL-PI, GMC, Vilniaus Universitetas, Vilnius, Lietuva  
[elektroninis.paštas@pranešėjas.lt](mailto:elektroninis.paštas@pranešėjas.lt)

Bakteriofagai, tai vienas svarbiausių bakterijų evoliuciją formuojančių veiksnių. Pastaruoju metu jie vis dažniau nagrinėjami kaip alternatyva antibiotikams. Tačiau oportunistiniai patogenai, tokie kaip *Pseudomonas aeruginosa*, pasižymi įvairiais atsparumo bakteriofagams mechanizmais, kurių molekuliniai mechanizmai vis dar nėra iki galo aiškūs. Šio darbo tikslas buvo ištirti genominius pokyčius ir DNR metilinimo modelių skirtumus skirtinguose bakteriofagai atspariuose *P. aeruginosa* fenotipuose.

Tyrime analizuota *Pseudomonas aeruginosa* PA14 ir lizinio bakteriofago DMS3vir sąveika. Darbo metu buvo atrinkti du morfologiškai skirtingi bakteriofagams atsparūs *Pseudomonas aeruginosa* kolonijų morfotipai – fraktalinis ir taškinis. Šie morfotipai pakartotinai paveikti ta pačia bakteriofago DMS3vir koncentracija, siekiant įvertinti jų atsaką į fagų poveikį ir nustatyti su tuo susijusius genetinius bei epigenetinius pokyčius. Atlikta pilno genomo sekoskaita panaudojant „Oxford Nanopore“ technologiją. Taip pat vertinti CRISPR lokusų pokyčiai bei galimi papildomi atsparumo mechanizmai.

Iš gautų rezultatų matyti, kad skirtingi *Pseudomonas aeruginosa* morfotipai gali taikyti skirtingas atsparumo strategijas. Fraktalinio morfotipo kolonijose atsparumas siejosi su CRISPR sistemos aktyvumu ir naujų tarpiklių (angl. *spacer*) įgijimu, o taškinio morfotipo kolonijose buvo nustatyti ryškesni metilinimo pokyčiai. Tyrimas atskleidžia, kad *P. aeruginosa* prisitaikymas prie bakteriofagų apima ir genominius, ir epigenominius pokyčius, kurie yra svarbūs formuojantis skirtingiems atsparumo fenotipams.

## 47. THE OVERWINTERING AND MATURATION OF PSEUDOTHECIA OF *V. INAEQUALIS*

Alma Valiuškaitė<sup>1</sup>, Neringa Rasiukevičiūtė<sup>1</sup>, Armina Morkeliūnė<sup>1</sup>, Justina Griauzdaitė<sup>1</sup>, Regīna Rancāne<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry, Lithuania

<sup>2</sup> LBTU Institute for Plant Protection Research “Agrihortis”, Latvia  
[alma.valiuskaite@lammc.lt](mailto:alma.valiuskaite@lammc.lt)

One of the most significant apple diseases in temperate zones in the world is apple scab (*Venturia inaequalis*). The aim was to evaluate the influence of weather factors on the overwintering and maturation of the apple scab pathogens in leaf litter. Research conducted at Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry Institute of Horticulture. In autumn of 2020, 2021 and 2022 at 50% leaf fall (BBCH 95), infected leaves of scab susceptible apple cvs. Alva, Auksis and Lobo collected from integrated orchard. The maturity stages of pseudothecia of *V. inaequalis* were investigated weekly March in 2021, 2022 and 2023. Ten leaves selected randomly from each leaf bed until the first discharge of ascospores detected. Two pseudothecia were randomly picked off with a scalpel from the leaf under the microscope and evaluated microscopically for to detect the maturity stage of pseudothecia and asci. The maturity stage of pseudothecia and asci was rated starting from stage 4 using a stage schedule as follows: 4 – pseudoparaphyses beginning to appear in the lumen of pseudothecium as the ascogonium disappears; 5 – lumen of pseudothecium filled with pseudoparaphyses; 6 – the appearance of asci; 7 – asci one half of mature size; 8 – asci formed but contents not differentiated; 9 – asci with spores begin to form, but not yet septate; 10 – asci with ascospores being formed, usually septate; 11 – asci with ascospores formed, but not pigmented; 12 – ascospores pigmented and mature; 13 – ascospores discharged; 14 – asci aborted. The meteorological conditions fixed by iMETOS (Pessl Instruments, Austria) weather station. We calculated degree days starting from leaf fall (BBCH 95) until the release of ascospores for each apple cultivar in 2021, 2022, and 2023. Results revealed that pseudothecia of *V. inaequalis* developed until March in the overwintered leaves of all evaluated apple cultivars. Ascospores of pathogens matured at the beginning of April, but the first spores discharged at the end of April or at the beginning of May when the physiological maturity was reached. The general tendency was that although the weather conditions differed from year to year, the time of first ascospore release of *Venturia* spp. was similar between the years. However, results indicated that on apple cultivars with late leaf fall *V. inaequalis* started to release ascospores later than on cultivars with an early leaf fall. It was determined a difference between the actual first ascospore discharge and the first infection risk by the decision support system (DSS). The DSS predicted the initial infection risk before the actual first ascospore discharge, so spraying can be done later than the *Venturia inaequalis* model suggests.

## 48. THE EFFECT OF BEE PROPOLIS AGAINST YEAST AND BACTERIA BIOFILM

Olga Vasiljeva<sup>1</sup>, Antanas Strakšys<sup>1</sup>, Arūnas Stirké<sup>1</sup>, Wanessa De Cassia Martins Antunes De Melo<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Functional Materials and Electronics, State Research Institute Center for Physical Sciences and Technology, Lithuania  
[olga.vasiljeva@ftmc.lt](mailto:olga.vasiljeva@ftmc.lt)

Antimicrobial resistance presents a significant challenge to global health and well-being, particularly due to microbial biofilms that decelerate effective treatment of chronic infections. This study evaluates the effect of bee propolis dissolved in NADES (Natural Deep Eutectic Solvents) on *Staphylococcus aureus* and *Candida albicans* biofilm formation. Planktonic cells of *S. aureus* were treated with samples containing different concentrations (2, 4, 6, 8 and 10 mg/ml) of propolis and a CFU assay was applied in order to optimize the final concentration of propolis and the time of incubation needed to inhibit the growth of bacterial cells.

Using these previous results *S. aureus* and *C. albicans* biofilms were treated with samples containing the greater propolis concentration (6 mg/ml), and CFU assay and XTT were performed to evaluate the efficacy of it in disrupting established biofilms. Results indicate a significant reduction in cell proliferation and viability in treated biofilms compared to untreated controls.

This research highlights the potential of propolis as a natural antimicrobial agent and provides strong arguments for the usage of „green chemistry“, supporting further investigation into wider application of propolis and NADES against other biofilm-forming pathogens in clinical settings.

# 49. STAFILOKOKŲ RŪŠINĖS ĮVAIROVĖS IR PAPLITIMO SKIRTINGUOSE VILNIAUS UNIVERSITETO FAKULTETUOSE TYRIMAS

Viltė Venckutė<sup>1</sup>, Rusnė Pukanasytė<sup>1</sup>, Tatjana Kirtiklienė<sup>2</sup>, Laima Tamulionytė<sup>3</sup>, Vika Gabė<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Medicinos fakultetas, Vilniaus universitetas, Lietuva

<sup>2</sup> Gyvybės mokslų centras, Vilniaus universitetas, Lietuva

<sup>3</sup> Vilniaus universiteto ligoninė Santaros klinikos, Lietuva

<sup>4</sup> Fiziologijos, biochemijos, mikrobiologijos ir laboratorinės medicinos katedra, Biomedicinos institutas, Medicinos fakultetas, Vilniaus universitetas, Lietuva

[vilte.venckute@mf.stud.vu.lt](mailto:vilte.venckute@mf.stud.vu.lt)

Viešųjų erdvių paviršiai, ypač durų rankenos, pasižymi didele mikrobine tarša ir vaidina svarbų vaidmenį pernešant potencialiai patogeniškus mikroorganizmus akademinėje aplinkoje. Šio tyrimo tikslas – įvertinti *Staphylococcus* genties bakterijų paplitimą tarp skirtingų Vilniaus universiteto fakultetų.

Tyrimas buvo vykdomas 2025 m. balandžio mėn. 3-5 dienomis trijuose Vilniaus universiteto fakultetuose – Medicinos fakultete (MF), Matematikos ir informatikos fakultete (MIF) ir Gyvybės mokslų centre (GMC). Mėginiai (N = 120) surinkti nuo dažnai liečiamų paviršių – išorinių ir vidinių durų rankenų. Mėginiai buvo imami nuo viso durų rankenos paviršiaus, naudojant sterilų, fiziologiniu tirpalu suvilgytą tamponėlį, tose pačiose vietose tuo pačiu metu (tarp 7:00 ir 8:00 val. bei tarp 16:00 ir 17:00 val.). Surinkti mėginiai 2 val. bėgyje išsėti į Manitolio druskos agarą (Liofilchem, Italija). Pasėliai kultivuoti 24 val. 37 °C temperatūroje. Po kultivavimo buvo nustatytas išskirtų stafilokokų kolonijas sudarančių vienetų (KSV) skaičius. Stafilokokų rūšių identifikacijai taikyti bakterioskopinis metodas, latekso aglutinacijos testas (Oxoid, Olandija) ir MALDI-TOF masės spektrometrijos (Bruker MALDI Biotyper Sirius System) metodas.

Tyrimo metu iš viso buvo išskirta 1579 KSV, iš kurių daugiau nei pusė t. y. 55,7 % (n = 880) sudarė *Staphylococcus* genties bakterijos. Identifikuota 13 skirtingų stafilokokų rūšių: 11 rūšių MIF, ir po aštuonias MF ir GMC. Didžiausias stafilokokų kiekis nustatytas MF (53,3 %; n = 469), vyraujančios rūšys – *S. saprophyticus* (33,5 %; n = 157) ir *S. epidermidis* (27,9 %; n = 131). Tuo tarpu MIF išaugo 37,9% (n = 334) visų stafilokokų, kurių didžioji dalis buvo *S. hominis* (39,2 %; n = 131) ir *S. epidermidis* (36,5 %; n = 122). Mažiausiai stafilokokų rasta GMC (8,8 %; n = 77), kur dominuojančios rūšys buvo *S. hominis* (45,5 %; n = 35) ir *S. capitis* (24,7 %; n = 19).

Didžiausia *Staphylococcus* genties rūšių įvairovė buvo stebėta MIF, tačiau daugiausiai stafilokokų kolonijų išaugo MF.

## 50. COMPOSITION OF FUNGAL MICROORGANISMS ON PEARS

Iglė Vepškaitė-Monstavičė<sup>1</sup>, Juliana Lukša<sup>1,2</sup>, Ramunė Stanevičienė<sup>1</sup>, Živilė Strazdaitė-Žielienė<sup>1</sup>, Elena Servienė<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Genetics, State Scientific Research Institute Nature Research Center, Lithuania

<sup>2</sup>Department of Chemistry and Bioengineering, Vilnius Gediminas Technical University, Lithuania

[igle.vepstaitė-monstavice@gamtc.lt](mailto:igle.vepstaitė-monstavice@gamtc.lt)

Pear (*Pyrus communis*) fruits, due to their benefits in taste and nutrition, are widely used in the daily diet. The various microorganisms that inhabit them can influence fruit quality, postharvest behavior, susceptibility to spoilage, and affect human health. In this study, we determined the composition of fungal microorganisms on naturally fallen pears using culture-dependent methods and ITS2-based Next Generation Sequencing. Metagenomic analysis revealed that dominant genera were *Hanseniaspora*, *Aureobasidium*, and *Microcyclospora*, representing more than 90% of the total microbial community. *Hanseniaspora uvarum* was confirmed as the dominating species among cultivable yeasts, followed by *Metschnikowia* sp. and *Pichia* sp. The growth rates of isolated yeast strains were evaluated, and detected that *H. uvarum*, and *P. terricola* demonstrated the lowest generation times, while *M. fructicola*, and *P. fermentans* – the highest. The yeast interactions were tested using a pairwise co-culture assay, and the complete inhibition of *P. terricola* by *H. uvarum* was observed. *H. uvarum* exhibited moderate suppressive effects toward *P. fermentans* and *M. fructicola*. Other pairwise interactions of yeasts were weak. The analysis of antagonistic activity revealed that *M. fructicola* showed inhibitory effects against *S. cerevisiae* yeasts and *Staphylococcus aureus*, *Listeria innocua*, and *Salmonella typhimurium* bacteria. This yeast strain presents significant advantages for application in biocontrol.

This investigation can contribute to a broader understanding of the complex relationships between fruit host and their resident fungal microbiota, including both pathogenic and beneficial species. A comprehensive analysis of the modes of action of antagonistic yeasts, along with their interactions, is important for ensuring biosafety and developing sustainable agriculture.

# 51. METHYLOME SEQUENCING OF PHAGE SUSCEPTIBLE AND NON-SUSCEPTIBLE *APHANIZOMENON FLOS-AQUAE*

Marta Vitkevič<sup>1,2</sup>, Sigitas Šulčius<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Microbiology and Biotechnology, Life Science Centre, Vilnius University, Lithuania

<sup>2</sup>Laboratory of Algology and Microbial Ecology, Nature Research Center, Lithuania<sup>1</sup>

[sigitas.sulcius@gamtc.lt](mailto:sigitas.sulcius@gamtc.lt)

Restriction-modification (R-M) systems provide significant protection to the microbial cell against invasion of foreign dsDNA, including phage genomes. The protection mechanism is straightforward – the unmethylated foreign DNA entering bacterial cell is cleaved by the endonuclease activity. The more a phage genome contains restriction sites, the more susceptible it is to restriction. In addition, it has been shown that host-specific methylation may affect phage ability to infect and propagate within the host cell. Thus, one could hypothesize that alterations in methylome profile of the host may confer resistance against infecting phage.

To investigate the role of methylation in phage-host interactions, we used cyanobacterium *Aphanizomenon flos-aquae* strain 2012/KM1/D3 – cyanophage vB\_AphaS CL131 (CL131) as a model virus-host system. We employed long-read Oxford Nanopore sequencing, which can detect various forms of DNA modification directly during the sequencing process, to analyze methylomes of both, the CL131 cyanophage and cyanophage-susceptible and non-susceptible *A. flos-aquae* strains.

Our findings indicate that cyanophage CL131 contains numerous restriction sites that are potentially targeted by *A. flos-aquae* restriction endonucleases (REases), with only ~38 % of REase recognition sites being methylated, and with the overall level of genome methylation being as high as 5 %. Comparative analysis revealed highly similar level of genome methylation between cyanophage-susceptible (0.76 %) and non-susceptible (0.74 %) *A. flos-aquae* strains, with over 99% of genes methylated in both phenotypes at least in one position. This preliminary analysis implies that *A. flos-aquae* resistance to the cyanophage CL131 is likely not mediated by DNA methylation patterns. Instead, the evidence of significant phage genome methylation suggests a viral strategy to evade host R-M systems, potentially facilitating successful infection and lysis by mimicking host DNA profile.

## 52. EFFECTS OF ANTAGONISTIC SOIL BACTERIA ON MYCELIAL GROWTH, SPORE GERMINATION AND HYPHAL STRUCTURE OF *FUSARIUM* SPP.

Evelina Zavtrikovienė<sup>1</sup>, Renata Žvirdauskienė<sup>1</sup>, Skaidrė Supronienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Microbiology Laboratory/Institute of Agriculture, Lithuanian Research centre for Agriculture and Forestry, Lithuania

[evelina.zavtrikoviene@lammc.lt](mailto:evelina.zavtrikoviene@lammc.lt)

*Fusarium* head blight is one of the most destructive cereal diseases in the world, caused by *Fusarium graminearum* (*F.gram*) and *Fusarium culmorum* (*F.cul*). It has been reported that non-gramineous plants and weeds act as asymptomatic reservoirs of *Fusarium* spp. in agroecosystems, whereas antagonistic bacteria are able to inhibit the growth and pathogenicity of these pathogens. The aim of this study was to evaluate the antagonistic activity of a soil bacterium strain (12-45) against *F. gram* and *F. culm*, by determining its effect on the mycelium growth, spore germination and hyphal structure using scanning electron microscopy (SEM). The tested 12-45 bacteria - *Bacillus amyloliquefaciens* Hy7 strain (99%, according to 16S). *F. cul* (14-24N, 14-24P) and *F. gram* (25-36N, 25-36P) were isolated from non-gramineous plants (N) and weeds (P). The antagonistic effect was assessed by the dual culture method on potato dextrose agar (PDA). Spore germination was tested by incubating suspensions in liquid medium. Spore germination was assessed after 0, 8 and 24 h, counting the germination of 100 spores under a light microscope. After the dual culture test, morphological changes in hyphae in the zone of bacterial-fungal interaction were analyzed by SEM using high vacuum. It was found that strain 12-45 was able to form clear zones of inhibition: the average zone of inhibition against *F.gram* reached 4.4 mm, against *F.cul* – 2.4 mm, regardless of the origin of the isolates from different host plants. Spore germination test showed that in the negative control after 8 and 24 h. 98–100% of spores germinated. In the fungicide variant after 8 h. spore germination reached 36% (24P) and 35% (19P). In bacteria variant spore germination reached 67% (24P) and 71% (19P). After 24 h. spore germination increased in all groups (83–94%). SEM analysis showed that the effect of bacteria caused hyphal surface deformations, including wrinkling and structural flattening. In the samples with fungicide treatment clear hyphal ruptures were observed, while in the negative control, the hyphae remained morphologically unchanged. In conclusion, strain 12-45 inhibited *F. graminearum* more strongly than *F. culmorum*, moderately reduced spore germination at early stages, and induced structural changes in hyphae confirmed by SEM analysis, indicating its potential as a biological control agent against diseases caused by *Fusarium* spp.

## 53. DIRVOŽEMIO AKTINOMICETAI KAIP POTENCIALŪS ANTIMIKROBINIŲ MEDŽIAGŲ ŠALTINIAI

Renata Žvirdauskienė<sup>1,2</sup>, Neringa Matelionienė<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Maisto mokslo ir technologijos katedra/Cheminės technologijos fakultetas, KTU, Lietuva

<sup>2</sup>Mikrobiologijos laboratorija/Žemdirbystės institutas, LAMMC, Lietuva

[renata.zvirdauskiene@ktu.lt](mailto:renata.zvirdauskiene@ktu.lt)

Mikroorganizmai laikomi vienu svarbiausių natūralių bioaktyvių junginių šaltinių. Tarp jų ypatingą reikšmę turi aktinomicetai – filamentinės grameigiamos bakterijos, priklausančios *Actinobacteria* tipui ir gebančios sintetinti įvairius antimikrobinus antrinius metabolitus. Dėl didėjančio mikroorganizmų atsparumo antibiotikams, naujų antimikrobinų medžiagų paieška išlieka aktuali.

Šio tyrimo tikslas - išskirti aktinomicetus iš skirtingų dirvožemių ir įvertinti jų antimikrobines savybes *in vitro*. Aktinomicetų izoliacija atlikta taikant selektyvias maistines terpes ir klasikinį sėjimo metodą (giluminiu ir paviršiniu būdais). Išskirtos kultūros buvo išgrynintos, identifikuotos morfologiškai ir tolimesniems tyrimams atrinkti 9 izoliatai.

Antimikrobinis aktyvumas vertintas dvigubos kultūros ir difuzijos į agarą metodais. Tyrimo metu gauti keli morfologiškai skirtingi aktinomicetų izoliatai, kurių antimikrobinis aktyvumas prieš tirtus bakterinius ir grybinius patogenus skyrėsi, todėl atrinkti 5 stipriausiu antimikrobinu poveikiu pasižymėję izoliatai.

Atrinktų izoliatų kultūros fermentuotos skystoje terpėje, naudojant rotacinį purtymą, bioaktyvios medžiagos ekstrahuotos etilo acetatu, o jų aktyvumas įvertintas diskų difuzijos metodu. Nustatyta, kad vieno izoliato ekstraktas pasižymėjo stipriu antibakteriniu, o kito – stipriu fungicidiniu aktyvumu, tuo tarpu likę izoliatai turėjo silpną arba vidutinį fungicidinį poveikį.

Stipriausiu antimikrobinu aktyvumu pasižymėję izoliatai identifikuoti molekuliniais metodais, atlikus 16S rRNR geno sekoskaitą, kuri leido nustatyti jų taksonominę priklausomybę.

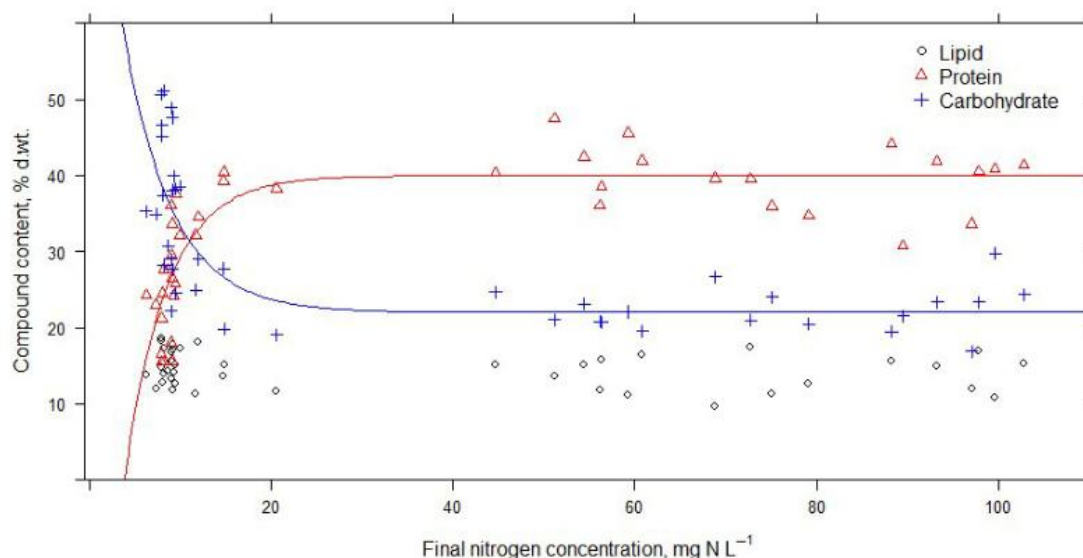
Gauti rezultatai patvirtina, kad dirvožemio aktinomicetai išlieka perspektyviu antimikrobinų medžiagų šaltiniu.

## 54. EFFECT OF FINAL NITROGEN CONCENTRATION ON BIOCHEMICAL COMPOSITION OF GREEN ALGAE *SCENEDESMUS QUADRICAUDA*

Petras Venckus<sup>1</sup>, Eglė Lastauskienė<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Life Sciences Center, Institute of Biosciences, Vilnius University, Lithuania  
[petras.venckus@gf.vu.lt](mailto:petras.venckus@gf.vu.lt)

Environmental conditions play a crucial role in shaping the biochemical composition of algae biomass. This study examines the impact of nitrogen availability on the biochemical profile of the green microalga *S. quadricauda* biomass, in particular variations in protein, lipid, and carbohydrate content. During this study, a locally isolated strain of *S. quadricauda* was cultivated in Bold's basal medium and Vilnius city municipal wastewater under different environmental conditions.



**Figure 1.** Carbohydrate, protein, and lipid content in the biomass dependence on the final total nitrogen concentration. Lines represent best-fit curves for protein (red line) and carbohydrate (blue line) contents.

The results (Fig. 1) demonstrate that *S. quadricauda* have adaptive metabolic responses and they determine biomass composition. Variations in environmental factors led to measurable shifts in the relative proportions of major biochemical compounds. Under nitrogen-abundant cultivation conditions, algae accumulated proteins (~35-40%), but under nitrogen deprivation, algae tend to store fixed carbon as carbohydrates. Also, there is a dependence between the severity of nitrogen starvation and the biochemical composition of the biomass. This indicates that manipulating growth conditions can be used to optimize biomass quality for different uses. Overall, the findings highlight the importance of environmental control during cultivation as a strategy for steering biomass biochemical composition.

Pranešimų santraukų knyga  
Nacionalinė konferencija „Mikrobiologija 2026“  
Balandžio 29-30 d.  
Palanga

Lietuvos mikrobiologų draugija  
[www.mikrobiologija.lt](http://www.mikrobiologija.lt)