

NOVA SPOZNANJA O EPIDEMIOLOGIJI ZLATE TRSNE RUMENICE NA OSNOVI PROUČEVANJA GENETSKE RAZNOLIKOSTI POVZROČITELJA BOLEZNI

Nataša MEHLE¹, Zala KOGEJ ZWITTER², Irena BAJDE³, Jakob BRODARIČ⁴, Ana
VUČUROVIČ⁵

¹⁻⁵Nacionalni inštitut za biologijo, Ljubljana

¹Univerza v Novi Gorici, Fakulteta za vinogradništvo in vinarstvo, Vipava

²Mednarodna podiplomska šola Jožefa Štefana, Ljubljana

IZVLEČEK

Zlata trsna rumenica je neozdravljiva bolezen trte, ki jo povzroča karantenska fitoplazma *Grapevine flavescence dorée*. Pomembna pot prenosa fitoplazme, povzročiteljice zlate trsne rumenice, na večje razdalje, so okuženi cepiči, podlage in trsne cepljenke, med trtami pa fitoplazmo učinkovito raznaša ameriški škržatek (*Scaphoideus titanus*). Navzočnost te fitoplazme je bila potrjena tudi v divji trti (*Vitis sylvestris*), navadnem srobotu (*Clematis vitalba*), črni jelši (*Alnus glutinosa*), velikem pajesenu (*Ailanthus altissima*), leski (*Corylus avellana*) in vrbi (*Salix* sp.). Iz teh alternativnih gostiteljev lahko fitoplazmo na trto naključno prenesejo nekatere druge žuželke, ki sesajo rastlinski sok, kot so vzhodnjaški škržatek (*Orientalus ishidae*), jelšev škržatek (*Oncopsis alni*) in navadni dolgoglavec (*Dictyophara europaea*). Za učinkovito preprečevanje širjenja bolezni zlate trsne rumenice je nujno dobro poznavanje njene epidemiologije. V ta namen smo proučili genetsko raznolikost izolatov fitoplazme povzročiteljice zlate trsne rumenice, ki smo jih zaznali na trtah v vinogradih v Sloveniji v obdobju od 2017 do 2023. Genotipe izolatov fitoplazme iz trt smo primerjali z genotipi izolatov, ki smo jih odkrili v alternativnih gostiteljih in prenašalcih ter z genotipi izolatov odkritih v drugih državah. Na podlagi teh primerjav so nakazane možne poti širjenja te fitoplazme v Sloveniji, ovrednoten pa je tudi pomen alternativnih gostiteljev in prenašalcev.

Ključne besede: epidemiologija, fitoplazma, gostitelji, prenašalci, zlata trsna rumenica

252

¹ doc. dr., Večna pot 121, SI-1000 Ljubljana, e-pošta: natasa.mehle@nib.si

² mag. mol. funkc. biol., prav tam

³ dipl. bioteh., prav tam

⁴ mag. mikrobiol., prav tam

⁵ dr., prav tam

ABSTRACT

NEW INSIGHTS INTO THE EPIDEMIOLOGY OF GRAPEVINE FLAVESCENCE DORÉE BASED ON A STUDY OF THE GENETIC DIVERSITY OF THE CAUSAL AGENT

The quarantine phytoplasma Grapevine flavescence dorée causes an incurable disease of grapevines. Infected grafts, rootstocks and cuttings are an important pathway for long-distance transmission of the phytoplasma, while *Scaphoideus titanus* effectively spreads the phytoplasma between vines. The presence of this phytoplasma has also been confirmed on wild grapevine (*Vitis sylvestris*), clematis (*Clematis vitalba*), black alder (*Alnus glutinosa*), tree of heaven (*Ailanthus altissima*), hazelnut (*Corylus avellana*), and willow (*Salix*). Other insects, such as *Orientus ishidae*, *Oncopsis alni*, and *Dictyophara europaea*, can inadvertently transfer the phytoplasma from these alternative hosts to the grapevines. To effectively prevent the spread of Grapevine flavescence dorée, a thorough understanding of its epidemiology is essential. To achieve this, we investigated the genetic diversity of phytoplasma isolates causing grapevine yellows disease detected in Slovenian vineyards between 2017 and 2023. We compared the genotypes of grapevine isolates with those found in alternative hosts and insect vectors, as well as with genotypes detected in other countries. Based on these comparisons, possible routes of spread of this phytoplasma in Slovenia are suggested, and the importance of alternative hosts and vectors is evaluated.

Key words: epidemiology, grapevine flavescence dorée, hosts, phytoplasma, vectors

1 UVOD

Trto (*Vitis*) lahko okuži vsaj 24 različnih fitoplazem, ki se uvrščajo v devet različnih 16Sr skupin (Dermastia in sod., 2017). V Evropi je najpomembnejša fitoplazma Grapevine flavescence dorée (fitoplazma FD), ki je iz skupine 16SrV in jo učinkovito med trtami prenaša ameriški škržatek (*Scaphoideus titanus*) (Martini in sod., 2002). Fitoplazma FD je povzročiteljica neozdravljive bolezni trte, imenovane zlata trsna rumenica. Fitoplazma FD pogosto povzroča epifitocije, saj se lahko zanese v veliko število vinogradov v neki regiji, delež prizadetih trt v vinogradu pa lahko doseže 95 % (Bressan in sod., 2006). Dokazali smo, da se lahko fitoplazma FD med trtami, če ni zadrževalnih ukrepov, širi s faktorjem 40 na leto (Prezelj in sod., 2013).

Izolate iz skupine 16SrV, ki so podobni ali enaki fitoplazmi, ki povzroča zlato trsno rumenico, smo v Sloveniji potrdili tudi v navadnem srobotu (*Clematis vitalba*), črni in sivi jelši (*Alnus glutinosa*, *A. incana*), v velikem pajesenu (*Ailanthus altissima*) in v leskah (*Corylus avellana*) (Mehle in Dermastia, 2019; Mehle in sod., 2011; Mehle in sod., 2019). Na okuženih rastlinah srobot, jelše in velikega pajesena običajno nismo opazili znakov bolezni, nasprotno pa gojene leske, kjer smo potrdili okužbo s fitoplazmo iz skupine 16SrV, propadajo (Mehle in sod., 2011; Mehle in sod., 2019). V Švici, kjer so fitoplazme iz skupine 16SrV odkrili na samoniklih leskah in vrbah

(*Salix* sp.), ki so rastle v bližini vinograda s trtami okuženimi z zlato trsno rumenico, pa bolezenskih znamenj na leskah (in tudi vrbi) niso opazili (Casati in sod., 2017). Ugotovili so, da iz okuženega navadnega srobota na trto fitoplazmo lahko prenese navadni dolgoglavec (*Dictyophara europaea*), z okužene jelše na trto pa vzhodnjaški škržatek (*Orientus ishidae*) in jelšev škržatek (*Oncopsis alni*), glede na najnovejše raziskave pa morda tudi škržatek *Allygus* spp. (Maixner in sod., 2000; Filippin in sod., 2009; Dermastia in sod., 2017; Malembic-Maher in sod., 2020). Navadni dolgoglavec, vzhodnjaški škržatek in najverjetneje tudi *Allygus* spp. iz srobota oziroma jelše na trto prenesejo izolate, ki jih potem med trtami lahko raznaša ameriški škržatek (Malembic-Maher in sod., 2020). Vzhodnjaški škržatek je polifag, ki se pogosto prehranjuje tudi na leskah, zato obstaja sum, da je verjeten prenašalec te fitoplazme med leskami in morda tudi z lesk na trto in obratno (Casati in sod., 2017; Mehle in Dermastia, 2019). Ugotovljeno je bilo, da jelšev škržatek lahko na trto iz jelše zanese le izolate fitoplazme iz skupine 16SrV, ki jih ameriški škržatek ne more prenašati (Malembic-Maher in sod., 2020).

Za učinkovito preprečevanje širjenja boleznih zlate trsne rumenice je nujno dobro poznavanje njene epidemiologije. V ta namen smo v okviru raziskave, ki smo jo objavili v Kogej Zwitter in sod. (2023), proučili genetsko raznolikost izolatov fitoplazem iz skupine 16SrV, ki smo jih zaznali v Sloveniji v obdobju od 2017 do 2022 na trtah, leskah, ameriškem in vzhodnjaškem škržatku. Osredotočili smo se na analizo gena *MAP*, na podlagi katere lahko fitoplazme skupine 16SrV grupiramo v različne skupine in na ta način posredno preverimo, ali jih ameriški škržatek lahko raznaša ali ne (Malembic-Maher in sod., 2020). Naknadno smo genetsko raznolikost na nivoju gena *MAP* za fitoplazme iz skupine 16SrV analizirali še na vzorcih trt in ameriškega škržatka iz leta 2023 ter rezultate primerjali glede na pretekla leta, kar je predstavljeno v tem prispevku. V prispevku predstavljamo tudi znane podatke o pojavnosti pri nas odkritih genotipov na trti v drugih državah in drugih gostiteljih. Na podlagi teh primerjav so nakazane možne poti širjenja te fitoplazme v Sloveniji, ovrednoten pa je tudi pomen alternativnih gostiteljev in prenašalcev.

2 MATERIALI IN METODE

Analize gena *MAP* smo izvedli na DNA izolirani iz vzorcev trt in ameriškega škržatka, ki so bili v letu 2023 odvzeti v okviru nacionalnega programa preiskave za ugotavljanje navzočnosti fitoplazme *Grapevine flavescence dorée* in v katerih je bila v skladu z EPPO PM7/79(2) (EPPO, 2016) potrjena prisotnost fitoplazem skupine 16SrV, ki vključuje tudi fitoplazmo povzročiteljico zlate trsne rumenice (fitoplazma FD). Tarčno zaporedje gena *MAP* smo pomnožili z ugnezdno PCR, določili nukleotidna zaporedja produktom ugnezdene PCR in nato nukleotidna zaporedja primerjali z znanimi zaporedji map genotipov. Podrobno je izvedba opisana v Kogej Zwitter in sod. (2023).

3 REZULTATI IN RAZPRAVA

3.1 Map genotipi, ugotovljeni na vzorcih trt

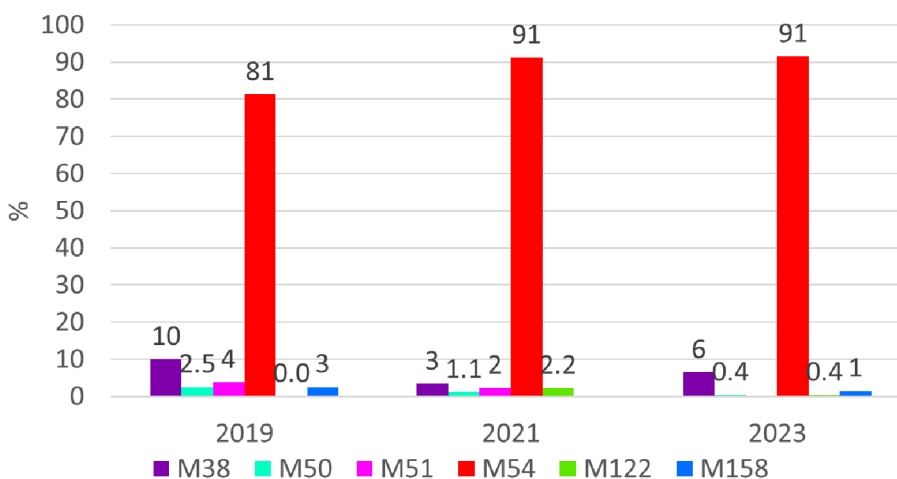
V letu 2023 smo map genotip določali 302 vzorcem trte v katerih smo predhodno dokazali okužbo s fitoplazmo iz skupine 16SrV, ki vključuje tudi fitoplazmo FD. V 21 vzorcih trte je bila koncentracija fitoplazme prenizka za uspešno določitev genotipa map; genotip map smo uspešno določili 281 vzorcem trte. Skupno smo v teh 281 vzorcih trt iz leta 2023 zaznali 5 različnih map genotipov: M54 je bil določen v 257 vzorcih (91,4%), M38 v 18 vzorcih (6,4%), M158 v 4 vzorcih (1,4%), v enem vzorcu pa M122 (0,4%) in v enem M50 (0,4%). Vse te genotipe smo v vzorcih trt zaznali tudi že v preteklih letih (Slika 1). Tako kot v 2023, je bil tudi v 2019 in 2021, genotip M54 prevladujoč. V letu 2023 v vzorcih trt nismo zaznali genotipa M51, katerega prisotnost smo potrdili v parih vzorcih trt iz 2019 in 2021.

V letu 2023 smo v vseh treh analiziranih vzorcih trt iz JZ dela Slovenije potrdili okužbo z M54 (Slika 2). Tudi v preteklih letih, je bil na trtah iz JZ dela Slovenije pretežno potrjen M54, zaznan pa je bil tudi genotip M38 (Kogej-Zwitter in sod., 2023). Drugih genotipov na vzorcih trt iz JZ dela Slovenije do sedaj nismo potrdili.

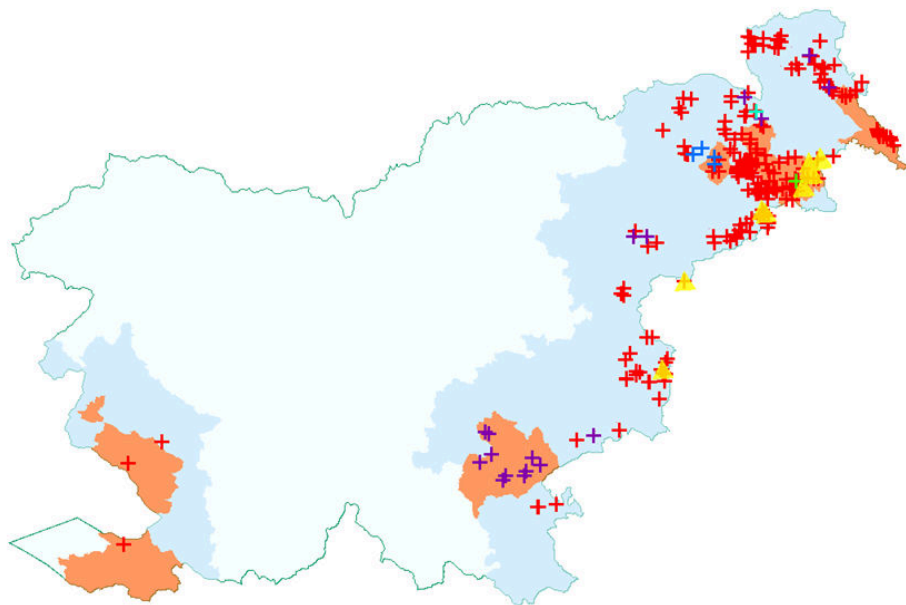
V JV delu Slovenije je leta 2023 na trti prevladoval genotip M38, zaznan pa je bil tudi M54 (Slika 2). Genotip M38 je na trtah iz JV dela Slovenije prevladoval tudi v preteklih letih, poleg njega pa smo v preteklih letih na tem območju na trti potrdili še M54, M50 in M51 (Kogej-Zwitter in sod., 2023).

Leta 2023 je na trtah vzorčenih v SV in V delu Slovenije prevladoval genotip M54, odkriti pa so bili tudi posamični vzorci trte z M38, na SV delu Slovenije pa še M158, M122 in M50 (Slika 2). Tudi v preteklih letih je v SV in V Sloveniji prevladoval na trti genotip M54, poleg njega pa so bile na tem območju odkrite v preteklosti še trte z M38, M158, M122, M50 in M51 (Kogej-Zwitter in sod., 2023).

255



Slika 1: Map genotipi odkriti v vzorcih trt iz Slovenije leta 2019, 2021 in 2023. Prikazan je procent glede na vse določene map genotipe v izbranem letu. V letu 2019 je bilo skupno analiziranih 80 vzorcev, v letu 2021 90 in v letu 2023 281 vzorcev trt.



Slika 2: Prikaz razporeditve map genotipov odkritih v vzorcih trt in ameriškega škrzatka leta 2023. Legenda: + M54, + M38, + M50, + M158, + M122. Z rumenim trikotnikom so označene lokacije ulova ameriškega škrzatka v katerem smo ugotovili genotip M54. (avtor slike: Primož Pajk, UVHVVR).

3.2 Map genotipi, ugotovljeni v vzorcih ameriškega škrzatka

V letu 2023 smo map genotip določali 12 vzorcem ameriškega škrzatka v katerih smo predhodno dokazali okužbo s fitoplazmo iz skupine 16SrV. V treh vzorcih ameriškega škrzatka je bila koncentracija fitoplazme prenizka za uspešno določitev genotipa map, v vseh devetih vzorcih ameriškega škrzatka, kjer smo genotip map uspeli določiti, pa smo določili genotip M54. Vsi osebki, v katerih smo določili genotip M54, so bili ulovljeni v vinogradih, kjer je bila tudi na trti potrjena okužba z FD fitoplazmo genotipa M54 (Slika 2). M54 genotip je bil tudi edini genotip odkrit v vzorcih ameriškega škrzatka iz preteklih let (v preteklih letih smo genotip map določili skupno 5 vzorcem ameriškega škrzatka; Kogej-Zwitter in sod. (2023)).

3.3 Opis map genotipov, odkritih v vzorcih trt

Fitoplazme iz skupine 16SrV, ki vključujejo tudi fitoplazmo FD, se razvrščajo v različne skupine, od katerih nekatere lahko raznaša ameriški škržatek (fitoplazme klasificirane kot VmpA II in III), druge pa ne (fitoplazme klasificirane kot VmpA I). Fitoplazme, ki jih lahko raznaša ameriški škržatek in zato lahko povzročijo epifitocije v vinogradih so glede na gen *MAP* iz skupin Map-FD1, Map-FD2 in Map-FD3 (Malembic-Maher in sod., 2020). Vse map genotipe odkrite do sedaj na trtah iz

Slovenije uvrščamo bodisi v Map-FD1, Map-FD2 ali Map-FD3, kar pomeni, da so bile vse trte iz Slovenije, ki smo jih analizirali do sedaj, okužene z genotipi FD, ki jih lahko raznaša ameriški škržatek (Preglednica 1).

Večina izbruhov zlate trsne rumenice v slovenskih vinogradih je povezana z genotipom M54 iz skupine Map-FD2. Ta genotip je najpogostejši na trtah tudi v Franciji, Italiji in na Hrvaškem (Malembic-Maher in sod., 2020; Plavec in sod., 2019; Rizzoli in sod., 2021; Rossi in sod., 2019). M54 je edini genotip, ki smo ga do sedaj zaznali v vzorcih ameriškega škržatka ulovljenih v Sloveniji. M54 ni bil nikoli ugotovljen na jelšah (*Alnus glutinosa*), srobotu (*Clematis vitalba*) in ne v škržatku *Oncopsis alni* (Malembic-Maher in sod., 2020). Ni bil zaznan tudi v nobenem do sedaj analiziranem vzorcu gojene leske (*Corylus avellana*) iz Slovenije in tudi ne v vzorcih *Orientalis ishidae*, ulovljenih v Sloveniji (Kogej Zwitter in sod., 2023). So ga pa zaznali na samoniklih leskah v Švici, ki niso kazale znakov bolezní in so rastle v bližini vinogradov s potrjeno okužbo z FD genotipa M54 (Casati in sod., 2017).

Genotip M38, ki se tudi uvršča v skupino Map-FD2, smo v Sloveniji, poleg na trti, odkrili tudi na gojenih leskah in *O. ishidae* (Kogej Zwitter in sod., 2023). V drugih državah je bil potrjen na trti in v *S. titanus*, ter na jelšah in v *Oncopsis alni* (Malembic-Maher in sod., 2020; Plavec in sod., 2019). M38 se od M54 razlikuje v zgolj dveh nukleotidih in predpostavljajo, da je M38 predhodnik M54 (Malembic-Maher in sod., 2020).

Genotip M122, ki se prav tako kot M54 in M38 uvršča v skupino Map-FD2, smo v Sloveniji, poleg na trti, odkrili tudi na gojenih leskah in *O. ishidae* (Kogej Zwitter in sod., 2023). M122 se od M38 razlikuje v zgolj enem nukleotidu. Odkrit je bil tudi na trti v Franciji, na Madžarskem in na Hrvaškem (Plavec in sod., 2019).

Genotip M50, ki se uvršča v skupino Map-FD1, smo v Sloveniji, poleg na trti, odkrili tudi na gojenih leskah in *O. ishidae* (Kogej Zwitter in sod., 2023). V Franciji, Italiji in na Madžarskem, je bil poleg na trti potrjen tudi v jelšah in v *Oncopsis alni*, najden pa je bil tudi v srobotu (Malembic-Maher in sod., 2020).

Genotip M158 smo do sedaj odkrili zgolj v vzorcih trt. To je genotip, ki se uvršča v skupino Map-FD1 in do sedaj še ni bil opisan v drugih državah (Kogej Zwitter in sod., 2023).

Iz skupine Map-FD3 je bil na trti iz Slovenije do sedaj ugotovljen le genotip M51, ki pa na vzorcih trt iz leta 2023 ni bil potrjen. M51, katerega naravni gostitelj je srobot, je prevladujoči genotip na trti v Srbiji (Krstić in sod., 2022). Na Hrvaškem je bila njegova najdba na trti omejena na mejo s Slovenijo in Srbijo (Plavec in sod., 2019). M51 je bil na srobotu potrjen tudi v Italiji in na Madžarskem (Krstić in sod., 2022; Plavec in sod., 2019; Rossi in sod., 2019). V Sloveniji smo vzorce srobotu analizirali na segmentu DNA FD9 s katerim smo potrdili, da gre za izolate FD-C (Mehle in sod., 2011), ki se glede na podatke iz literature uvrščajo v Map-FD3, nismo pa preverili map genotip. M51 je bil potrjen tudi na velikem pajesenu (*Ailanthus altissima*) (Malembic-Maher in sod., 2020).

Preglednica 1: Osnovni podatki o genotipih odkritih na trti v Sloveniji.

Map genotip	Skupina	Leska in vzhodnjaški škržatek (v Sloveniji)**	Potrjena prisotnost v drugih državah				
			trta	leska	jelša	srobot	pajesen
M54	Map-FD2*	-	+	+	-	-	-
M38	Map-FD2*	+	+	-	+	-	-
M122	Map-FD2*	+	+	-	-	-	-
M50	Map-FD1*	+	+	-	+	+	-
M158	Map-FD1**	-	-	-	-	-	-
M51	Map-FD3*	-	+	-	-	+	+

*Malembic-Maher in sod. (2020); **Kogej Zwitter in sod. (2023)
+ genotip odkrit na vzorcih; - genotip, ki na vzorcih še ni bil odkrit

4 SKLEPI

V obdobju od 2019 do 2023 smo na vzorcih trt zaznali skupno šest različnih genotipov gena *MAP*. Od teh genotipov je v vseh proučevanih letih, v vseh vinorodnih deželah, prevladoval genotip M54, z izjemo okolice Novega mesta kjer je prevladoval genotip M38. Ostale štiri genotipe (M50, M51, M122 in M158) smo zaznali le na manjšem številu vzorcev trt. Genotip M54 je prevladujoč genotip na trti tudi v Franciji, v Italiji in na Hrvaškem; v Srbiji pa prevladuje na trti genotip M51. Srobot in jelše niso verjeten rezervoar genotipa M54. Ker je bil genotip M54 zaznan v prosto rastočih leskah v Švici, je smiselno da tudi v Sloveniji preverimo okuženost prosto rastočih lesk, ki rastejo v bližini vinogradov s trtami okuženimi s fitoplazmo FD.

Možni rezervoarji genotipa M38, M50 in M122 so gojene leske. Ker sta bila v drugih državah genotipa M38 in M50 pogosto odkrita na jelšah, M51 pa na srobotu, pa tudi na nekaterih vzorcih pajesena, so jelša, srobot in pajesen možen rezervoar fitoplazem genotipa M38, M50 in M51.

5 ZAHVALA

Analize na vzorcih iz leta 2023 ter evalvacija rezultatov analiz so bile izvedene v okviru strokovne naloge s področja zdravstvenega varstva rastlin katere naročnik in plačnik je Ministrstvo za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano. Posebna zahvala gre Upravi za varno hrano, veterinarstvo in varstvo rastlin ter vsem vzorčevalcem.

6 LITERATURA

- Bressan, A., Larrue, J., Boudon Padiou, E. 2006. Patterns of phytoplasma-infected and infective *Scaphoideus titanus* leafhoppers in vineyards with high incidence of Flavescence dorée. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 119: 61–69.
- Casati, P., Jermini, M., Quaglino, F., Corbani, G., Schaerer, S., Passera, A., Bianco, P.A., Rigamonti, I.E. 2017. New insights on flavescence dorée phytoplasma ecology in the vineyard agroecosystem in southern Switzerland. *Annals of Applied Biology*, 171: 37–51.

- Dermastia, M., Bertaccini, A., Constable, F., Mehle, N. 2017. Grapevine yellows diseases and their phytoplasma agents. Biology and detection. Cham, Switzerland: Springer: 99 str.
- EPPO. 2016. PM7/79(2) Grapevine flavescence dorée phytoplasma. EPPO Bulletin, 46 (1): 78-93.
- Filippin, L., Jovič, J., Cvrkovič, T., Forte, V., Clair, D., Toševski, I., Boudon-Padieu, E., Borgo, M., Angelini, E. 2009. Molecular characteristics of phytoplasmas associated with Flavescence dorée in clematis and grapevine and preliminary results on the role of *Dictyophara europaea* as a vector. Plant Pathology, 58: 826–837.
- Kogej Zwitter, Z., Seljak, G., Jakomin, T., Brodarič, J., Vučurovič, A., Pedemay, S., Salar, P., Malembic-Maher, S., Foissac, X., Mehle, N. 2023. Epidemiology of flavescence dorée and hazelnut decline in Slovenia: geographical distribution and genetic diversity of the associated 16SrV phytoplasmas. Frontiers in Plant Science, 14:1217425.
- Krstić, O., Cvrkovič, T., Marinkovič, S., Jakovljevič, M., Mitrovič, M., Toševski, I., Jovič, J. 2022. Genetic diversity of flavescence dorée phytoplasmas in vineyards of Serbia: from the widespread occurrence of autochthonous map-M51 to the emergence of endemic map-FD2 (Vectotype II) and new map-FD3 (Vectotype III) epidemic genotypes. Agronomy, 12, 448: 18 str.
- Maixner, M., Reinert, W., Darimont, H. 2000. Transmission of grapevine yellows by *Oncopsis alni* (Schrank) (Auchenorrhyncha: Macropsinae). Vitis, 39: 83–84.
- Malembic-Maher, S., Desqué, D., Khalil, D., Salar, P., Bergey, B., Danet, J.-L., in sod. 2020. When a palearctic bacterium meets a nearctic insect vector: genetic and ecological insights into the emergence of the grapevine flavescence dorée epidemics in Europe. PLoS Pathogens, 16, 3: e1007967.
- Martini, M., Botti, S., Marcone, C., Marzachi, C, Casati, P., Bianco, P.A., Benedetti, R., Bertaccini, A. 2002. Genetic variability among flavescence dorée phytoplasmas from different origins in Italy and France. Molecular and Cellular Probes, 16: 197–208.
- Mehle, N., Dermastia, M. 2019. Towards the evaluation of potential insect vectors of phytoplasmas infecting hazelnut plants in Slovenia. Phytopathogenic mollicutes, 9, 1: 49-50.
- Mehle, N., Rupar, M., Seljak, G., Ravnikar, M., Dermastia, M. 2011. Molecular diversity of "flavescence dorée" phytoplasma strains in Slovenia. Bulletin of Insectology, 64: 29–30.
- Mehle, N., Jakoš, N., Mešl, M., Miklavc, J., Matko, B., Rot, M., Ferlež Rus, A., Brus, R., Dermastia, M. 2019. Phytoplasmas associated with declining of hazelnut (*Corylus avellana*) in Slovenia. European Journal of Plant Pathology, 155: 1117–1132.
- Plavec, J., Budinščak, Ž., Križanac, I., Škorič, D., Foissac, X., Šeruga Musić, M. 2019. Multilocus sequence typing reveals the presence of three distinct flavescence dorée phytoplasma genetic clusters in Croatian vineyards. Plant Pathology, 68: 18–30.
- Prezelj, N., Nikolić, P., Gruden, K., Ravnikar, M., Dermastia, M. 2013. Spatiotemporal distribution of flavescence dorée phytoplasma in grapevine. Plant Pathology, 62, 4: 760-766.
- Rizzoli, A., Belgeri, E., Jermi, M., Conedera, M., Filippin, L., Angelini, E. 2021. *Alnus glutinosa* and *Orientalis ishidae* (Matsumura, 1902) share phytoplasma genotypes linked to the 'Flavescence dorée' epidemics. Journal of Applied Entomology, 145: 1015– 1028.
- Rossi, M., Pegoraro, M., Ripamonti, M., Abbà, S., Beal, D., Giraud, A., Veratti, F., Malembic-Maher, S., Salar, P., Bosco, D., Marzachi, C. 2019. Genetic diversity of flavescence dorée phytoplasmas at the vineyard scale. Applied and Environmental Microbiology, 85, 10: e03123-18.