

## Rezumatul activității și a rezultatelor obținute în proiect perioada 2020-2023

”Conservarea ex situ de lungă durată a resurselor genetice vegetale în Banca de gene cu utilizarea metodelor biologiei moleculare în testarea stării de sănătate a germoplasmei vegetale”

**Cifra proiectului:** 20.80009.5107.11

A fost efectuat un studiu multilateral al resurselor genetice vegetale pentru alimentație și agricultură. S-au obținut date originale privind manifestarea unor caractere cantitative și calitative la mostrele culturilor agricole în număr de peste 2200 genotipuri. A fost studiat caracterul exprimării trăsăturilor care determină sterilitatea liniilor din generațiile F<sub>4</sub>-F<sub>6</sub> și caracterul moștenirii diferitelor tipuri de sterilitate de către hibridii F<sub>1</sub>. S-au evaluat 10 linii din generația F<sub>8</sub> care sunt purtătoare ale genelor marker mutante – *rin*, *nor*, *alb*, *ls*, *br*, *sp*<sup>±</sup>, *sp*<sup>+</sup>, *sp* etc. Pe baza lor s-au obținut 19 combinații hibride F<sub>1</sub> cu un efect de heterozis înalt. Au fost create și omologate soiuri (*Dimetra*, *Ilica*, *Petramak*) și hibridi (*RozaMak*, *Ingstar*) noi de tomate. Din populațiile hibride de *Cicer arietinum* au fost selectate linii care au depășit martorii după productivitate cu 12,0-17,8%. În populațiile mutante de in și susan, obținute în urma iradierii cu razele gamma, au fost evidențiate forme cu caractere morfo-biologice pozitive care pot fi utilizate în schemele de ameliorare. A fost efectuată inventarierea rudelor sălbatice ale unor culturi pomicole în ecosistemele forestiere din toate zonele eco-geografice ale Republicii Moldova și s-au evidențiat forme valoroase de *Pyrus pyraster*, *Prunus avium*, *Malus sylvestris* pentru investigații de ameliorare și silvicultură. Din 91 de localități rurale de pe teritoriul a 25 raioane s-au colectat peste 1040 de mostre locale de plante cultivate. Cercetările efectuate sunt importante pentru salvarea fondului genetic autohton de la dispariție. A fost determinat potențialul de păstrare a mostrelor din colecțiile de grâu comun, grâu durum, tomate, șerlai, in, schinduf, pepene galben, dovlecel și s-au evidențiat genotipuri contraste după acest indice, fapt ce poate fi utilizat pentru prognozarea longevității semințelor în perioada păstrării lor în Banca de gene. A fost completat și monitorizat sistemul de informații privind colectarea, evaluarea și prezervarea mostrelor de resurse genetice vegetale pentru alimentație și agricultură.

S-a efectuat analiza comparativă prin metodele nested-PCR, multiplex-PCR, PCR în timp real cu primeri specifici în baza secvențelor din GenBank, privind spectrul fitopatogenilor din genurile *Fusarium*, *Penicillium* și *Aspergillus* și ‘*Ca. P. solani*’ în probe de ADN, izolate din semințele și plantele la diferite faze ontogenetice ale genotipurilor culturilor cerealiere, legumicole și leguminoase în dependență de soiul și durata păstrării. S-a constatat că spectrul de funghi din probele de semințe depozitate în ultimii ani se lărgeste. S-au depistat patogenii specifici pentru fiecare cultură, inclusiv cei care nu pot fi identificați prin metode convenționale și în cazurile de infecții mixte. Secvențele nucleotidice ale două tulpini ‘*Ca. P. solani*’ au 100% similare cu un șir de secvențe din NCBI care au fost identificate în țările europene. Plantele leguminoase au fost în general mai puțin contaminate cu funghi toxigenici. La depozitarea în condiții diferite *F. avenaceum* și *F. culmorum* fost detectați în boabele de grâu, care nu au fost identificate în boabe imediat după recoltare. Identificarea speciilor din genurile *Fusarium* (9 specii), *Penicillium* (6 specii) și *Aspergillus* (3 specii) în probe de ADN izolate din diferite organe de porumb, grâu, triticale, tomate, cartof, năut și susan a fost efectuată prin analiza moleculară. Au fost optimizate procedeele pentru identificarea tulpinilor ‘*Ca. P. solani*’ în plantele din f. *Solanaceae*. A fost evaluată corelația dintre prezența patogenilor fungici și micotoxinelor în baza clusterilor de gene de sinteză a micotoxinelor (zearalenonă, aflatoxină, fumonisină, ocratoxină, citrinină, tricotecene, patulină). Testul ELISA s-a demonstrat că conținutul de ocratoxina A în probe de cerealiere a depășit norma UE de 100 ori.

Pe parcursul realizării Proiectului au fost publicate 200 de lucrări științifice, inclusiv două monografii, 4 articole în reviste din bazele de date Web of Science și SCOPUS, 17 articole în reviste din Registrul National al revistelor de profil și 97 de articole în culegeri naționale și internaționale. S-au obținut, 3 brevete pentru soi de plantă, 3 adeverințe pentru soi de plantă, au fost depuse 3 cereri de brevet. La saloanele și expozițiile de inventică au fost obținute 14 medalii și diplome.

## Rezumatul activității și a rezultatelor obținute în proiect perioada 2020-2023

”Conservarea ex situ de lungă durată a resurselor genetice vegetale în Banca de gene cu utilizarea metodelor biologiei moleculare în testarea stării de sănătate a germoplasmei vegetale”

**Cifra proiectului:** 20.80009.5107.11

A multilateral survey of plant genetic resources for food and agriculture was carried out. Original data were obtained on the manifestation of some quantitative and qualitative characteristics in samples of agricultural crops in the number of more than 2200 genotypes. The character of expression of the traits determining sterility in the F<sub>4</sub>-F<sub>6</sub> generation lines and the character of inheritance of different types of sterility by the F<sub>1</sub> hybrids were studied. We evaluated 10 lines of the F<sub>8</sub> generation carrying mutant marker genes - *rin*, *nor*, *alb*, *ls*, *br*, *sp*<sup>±</sup>, *sp*<sup>+</sup>, *sp*, etc. On this basis, 19 F<sub>1</sub> hybrid combinations with a high heterosis effect were obtained. New tomato varieties (Dimetra, Ilica, Petramak) and hybrids (RozaMak, Ingstar) were created and registered. From the hybrid populations of *Cicer arietinum*, lines were selected which exceeded the controls in productivity by 12.0-17.8%. In the mutant populations of flax and sesame, obtained as a result of gamma irradiation, forms with positive morpho-biological characteristics were highlighted, which can be used in breeding programmes. The inventory of wild relatives of some fruit crops in forest ecosystems of all eco-geographical areas of the Republic of Moldova was carried out and valuable forms of *Pyrus pyraeaster*, *Prunus avium*, *Malus sylvestris* were highlighted for breeding and forestry studies. More than 1040 local samples of cultivated plants were collected from 91 rural localities on the territory of 25 districts. The research carried out is important for saving the local genetic pool from extinction. The storage potential of samples from the collections of common wheat, durum wheat, tomato, sorghum, flax, fenugreek, melon, zucchini was determined and contrasting genotypes were highlighted according to this index, a fact that can be used to predict the longevity of seeds in the period of their preservation in the gene bank. The information system for the collection, evaluation and conservation of samples of plant genetic resources for food and agriculture was completed and monitored.

Comparative nested-PCR, multiplex-PCR and real-time PCR tests using specific primers to genome sequences presented in GenBank database were performed on DNA isolated from seeds and plant organs of cereals, vegetables and leguminous crops of different cultivars at different phases of ontogenesis depending on genotype and storage time-points. It was demonstrated that fungal spectrum was wider in seed material deposited in recent years. Pathogens specific to each crop were detected, including those that cannot be identified by conventional methods and in cases of mixed infections. Nucleotide sequences of two 'Ca. *P. solani*' strains are 100% similar to a number of sequences from NCBI that have been identified in European countries. Legumes were generally less contaminated with toxigenic fungi. During storage under different conditions *F. avenaceum* and *F. culmorum* were detected in wheat grains, which were not identified in grains immediately after harvest. Identification of different species of *Fusarium* (9 species), *Penicillium* (6 species) and *Aspergillus* (3 species) genera in DNA samples extracted from different organs of maize, wheat, triticale, tomatoes, potatoes and sesame was performed using molecular methods. Protocols for 'Ca. *P. solani*' identification in *Solanaceae* plants were optimized. Correlation between mycotoxin content and quantity of gene clusters involved in production of zearalenone, aflatoxins, fumonisins, ochratoxin A, citrinin, tricothecenes and patulin was evaluated. ELISA test revealed that ochratoxin A quantity in grain samples exceeded 100-fold the respective EU maximum limits.

During the implementation of the project, 200 scientific works were published, including 2 monographs, 4 journal articles from Web of Science and SCOPUS databases, 17 articles in journals from the National Register of professional magazines and 97 articles in national and international collections, 3 plant variety patents, 3 plant variety certificates were obtained, 3 patent applications were submitted. 14 medals and diplomas were obtained at invention fairs and exhibitions.