

## **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**

### **20.80009.5107.11**

În experiențele de câmp, seră și laborator au fost efectuate cercetări privind caracterizarea și evaluarea accesionilor de culturi cerealiere (porumb), leguminoase (fasolea, năut), legumicole (tomate, ardei, dovlecel, pepene galben), tehnice (inul, susanul), netradiționale. A fost completat "pașaportul" morfo-biologic al mostrelor studiate după indici cantitativi și calitativi, s-au evidențiat forme cu productivitate sporită și rezistență la factorii abiotici și biotici stresogeni. În baza hibridărilor intraspecifice la tomate și năut a fost creat un material genetic prețios de hibrizi heterotici și linii ce poate fi utilizat în ameliorare ca surse genetice sau transmis pentru testare oficială. Investigațiile în situ s-au axat pe inventarierea populațiilor unor rude sălbatice ale plantelor cultivate în ecosistemele forestiere din zona de sud a Republicii Moldova, precum și colectarea soiurilor autohtone de culturi agricole în raioanele Cimișlia, Căușeni, Cantemir și Leova. Aceste cercetări vor contribui la salvarea genofondului local de la degradare prin conservarea ex situ și optimizarea păstrării și utilizării formelor native din flora spontană. S-a evidențiat potențialul de păstrare a semințelor genotipurilor de tomate, pepene galben și dovlecel și s-a demonstrat specificitatea genotipică a acestui fenomen. În baza datelor experimentale s-au elaborat recomandări privind prognoza păstrării genotipurilor în Banca de gene. Au fost continuate lucrări referitoare la menținerea bazei de date pentru colecțiile resurselor genetice vegetale.

S-a stabilit că secvențele de nucleotide ale două izolate de '*Ca. P. solani*' sunt 100% similare cu un șir de secvențe din NCBI care au fost identificate în țările europene. Identificarea moleculară a fitopatogenilor și secvențelor genomice implicate în căile biosintetice ale micotoxinelor în semințele culturilor cerealiere și leguminoase s-a efectuat cu utilizarea metodelor nested-PCR și real-time PCR. S-a executat o analiză comparativă privind spectrul fitopatogenilor din genurile *Fusarium*, *Penicillium* și *Aspergillus* în probe de ADN, izolate din semințele genotipurilor culturilor cercetate, în dependență de soiul și durata păstrării. La depozitare un șir de patogeni fungici a fost depistat în semințele genotipurilor de grâu analizate care nu au fost identificate imediat după recoltare, ceea ce indică acumularea infecției chiar și după un termen scurt de depozitare. Cele mai frecvente gene implicate în sinteza micotoxinelor din probele de grâu au fost genele pentru sinteza ocratoxinei și zearalenonei; în probele de porumb au fost depistate genele pentru sinteza aflatoxinei și fumonizinei. Plantele leguminoase au fost, de regulă, mai puțin contaminate cu gene pentru sinteza micotoxinelor. Conform analizei ELISA a fost stabilit conținutul crescut de ohratoxină A în mostrele depozitate, dar în o mostră conținutul ohratoxinei A a depășit norma UE de 100 ori.

## **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**

**20.80009.5107.11**

**EN**

In the field, greenhouse and laboratory experiments, research was carried out on the characterization and evaluation of accessions of cereal crops (maize), leguminous (beans, chickpeas), vegetables (tomatoes, peppers, zucchini, melon), technical crops (flax, sesame), non-traditional ones. The morpho-biological "passport" of the studied accessions was completed according to the quantitative and qualitative indices, forms with increased productivity and resistance to stressogenic abiotic and biotic factors were highlighted. Based on intraspecific hybridizations in tomato and chickpea, a valuable genetic material of heterotic hybrids and lines was created that can be used in breeding as genetic sources or transmitted for the official testing. The *in situ* studies were focused on the inventory of the populations of some wild relatives of the cultivated plants in the forest ecosystems of the southern part of the Republic of Moldova, as well as the collection of native varieties of agricultural crops in the districts of Chimishlia, Causheni, Cantemir and Leova. This research will contribute to saving the local gene pool from degradation through *ex situ* conservation and optimizing the preservation and use of native forms in the spontaneous flora. The seed storage potential of tomato, melon and zucchini genotypes was highlighted and the genotypic specificity of this phenomenon was demonstrated. Based on the experimental data, recommendations were developed regarding the forecast of the preservation of genotypes in the Gene Bank. Maintenance of the database of plant genetic resource collections continued.

It was established that the nucleotide sequences of two '*Ca. P. solani*' isolates have 100% similarity to a number of sequences from NCBI that have been identified in European countries. The molecular identification of phytopathogens and genomic sequences involved in the biosynthetic pathways of mycotoxins in the seeds of cereal and leguminous crops was performed using nested-PCR and real-time PCR methods. A comparative analysis was performed regarding the spectrum of phytopathogens from the genera *Fusarium*, *Penicillium* and *Aspergillus* in DNA samples, isolated from the seeds of the studied crop genotypes, depending on the variety and duration of storage. During storage, a number of fungal pathogens was detected in the seeds of the analyzed wheat genotypes, which were not identified immediately after harvest. This indicates the accumulation of infection even during a short storage period. The most frequent genes involved in the synthesis of mycotoxins in wheat samples were the genes for the synthesis of ochratoxin and zearalenone; in the corn samples were the genes for the synthesis of aflatoxin and fumonisin. Leguminous plants were generally less contaminated with genes for mycotoxin synthesis. According to the ELISA analysis, the increased content of ochratoxin A was established in the stored samples, moreover, in one sample the content of ochratoxin A exceeded the EU norm by 100 times.