

În conformitate cu obiectivele proiectului, a fost evaluat statutul rasial al 39 populații de lupoae colectate din diferite țări cultivatoare de floarea-soarelui (Republica Moldova, România, Bulgaria, Ucraina, Turcia, Serbia, Spania, China), constatându-se prezența unor rase înalt virulente (G, H) în toate localitățile analizate, excepție constituind doar populațiile din Serbia atribuite la rasa E sau o rasă mai puțin virulentă ca E. Cele mai virulente populații se întâlnesc preferențial în România, Ucraina, Turcia, ceea ce confirmă ipoteza conform căreia rasele mai agresive de lupoae au evoluat, în special în jurul Mării Negre, ulterior răspândindu-se spre zone noi. În premieră a fost pusă în evidență prezența rasei H pe teritoriul Chinei. Studiul realizat asupra a 15 populații de lupoae din Republica Moldova a relevat, în majoritatea localităților analizate, prezența unor rase mai agresive comparativ cu cele stabilite în investigațiile din 2014, iar unele populații de lupoae (Soroca, Izbiste, Svetlii, Taraclia și Alexanderfield) au infestat inclusiv genotipul de floarea-soarelui ce conține gene de rezistență la rasa H, ce sugerează apariția unor noi patotipuri mai virulente. Rase mai virulente ca H au fost relevate și în România și Turcia, fiind confirmată ipoteza apariției în aceste țări a unei noi rase I. Datele acumulate contribuie la eliminarea unor confuzii referitoare la apartenența rasială a populațiilor de lupoae din diverse țări și sunt utile în elaborarea unor strategii eficiente de management și control a parazitului capabil să se disperseze rapid în toate statele cultivatoare.

A fost elucidată variabilitatea genetică a populațiilor de lupoae de proveniență diferită, fiind stabilite amprentele moleculare SSR și ISSR. Au fost identificați markerii genetici cei mai informativi, cu importanță aplicativă în evaluarea diversității genetice, SSR (Ocum-052, Ocum-059, Ocum-074, Ocum-081, Ocum-087, Ocum-196, Ocum-197) și ISSR ((AG)8YA, (CTC)4RC, BC807, (CAA)5, BC841, (CAG)5, (CT)8TC, BC857, BC835). S-a constatat că secvențele ISSR di- și trinucleotidice sunt mai informative comparativ cu cele tetranucleotidice. S-a relevat un grad diferit de variabilitate genetică, fiind constatată o diversitate intrapopulațională înaltă în cazul utilizării markerilor SSR și interpopulațională a secvențelor ISSR. Indicii de apreciere a polimorfismului genetic (numărul de alele per locus (N_e), indicele conținutului informațiilor polimorfe (PIC), diversitatea genetică Nei și puterea de rezoluție (R_p)) au constituit – N: 7.857; N_e : 5.243; PIC: 0.745; H: 0.782; R_p : 5.794 în cazul markerilor SSR și N_a :1.99; N_e :1.58; PIC:0.29; H: 0.34; R_p :10.53 pentru ISSR.

Evaluarea influenței condițiilor climatice asupra incidenței patogenilor în diferite zone pedoclimatice de pe teritoriul Republicii Moldova a relevat prezența tulpinilor fungice (*Leptosphaeria lindquistii*, *Diaporthe helianthi*, *Plasmopara halstedii*, *Puccinia helianthi*, *Botrytis cinerea*) preferențial în câmpurile de floarea-soarelui din partea de nord și centru a țării, caracterizate prin cele mai mari cantități de precipitații, pe când lupoai a infestat cultura în special în sud și sporadic în centru – regiuni cu valori ale temperaturii cu aproximativ 1,0-2,5°C mai înalte comparativ cu localitățile nordice. Analiza corelativă a datelor obținute denotă lipsa unor corelații semnificative între gradul de atac cu diferiți agenți patogeni specifici florii-soarelui și condițiile climatice.

Analiza comparativă a practicilor agricole (data semănatului, respectarea rotației și succesiunii culturilor în rotație, tipul și cantitatea îngrășămintelor azot componente) aplicate în 34 de gospodării agricole din diverse zone ale țării (inclusiv 17 infectate și 17 lipsite de infecție) denotă practicile ce favorizează infecția, și anume: revenirea florii-soarelui pe același teren în mai puțin de 5 ani, folosirea unor cantități mai mari de îngrășămintă minerale azot-componente.