

Rezumatul activității și a rezultatelor obținute în proiect în anul 2025

25.80012.7007.31 SE "Caracterizarea genetico-moleculară ale genotipurilor de cartofi din gospodăriile țărănești conservate la Banca de Gene Națională"

În prima etapă de implementare a proiectului, stocul biologic al mai multor genotipuri locale de cartof (*Solanum tuberosum* L.) colectate de pe parcelele private din Republica Moldova și depozitate în Banca de Gene a Institutului de Genetică, Fiziologie și Protecție a Plantelor a fost caracterizat pe baza descriptorilor fenotipici și a nivelurilor de susceptibilitate a cartofului la agenți patogeni fungici. Trăsăturile agronomice de interes, cum ar fi rezistența la boli, au în majoritatea cazurilor un fundal genetic complex și sunt adesea guvernate de un număr mare de secvențe genomice cu impact individual mic asupra formării caracterului respectiv. Prin urmare, este esențial să se cupleze screening-ul molecular al genelor implicate în căile de rezistență cu reacția plantei la anumiți factori de stres sub impactul complex al condițiilor de mediu. Pentru aceasta, 25 de genotipuri de cartof au fost reproduse pe câmpurile experimentale ale Institutului de Genetică, Fiziologie și Protecție a Plantelor în șase replici biologice fiecare. Pe baza descriptorilor internaționali, genotipurile testate au relevat o eterogenitate ridicată în cadrul grupului testat, ceea ce implică niveluri ridicate de polimorfism și o sursă potențială de germoplasmă valoroasă pentru ameliorare. ADN-ul total a fost extras din tuberculii și frunzele genotipurilor testate. Aceste probe de ADN urmează să fie stocate pe termen lung pentru analize moleculare ulterioare pentru prezența anumitor gene implicate în formarea rezistenței cartofului la boli. Screening-ul pentru identificarea genotipurilor de cartof cu rezistență potențială la anumite boli fungice a fost efectuat pe baza acumulării ADN-ului agenților patogeni în țesutul vegetal prin PCR în timp real cu primeri specifici pentru fungii *Fusarium*. Screening-ul molecular al genotipurilor de cartof a fost efectuat utilizând markeri specifici pentru detectarea *F. avenaceum*, *F. verticillioides*, *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. sporotrichioides*, *F. proliferatum*, *F. incarnatum*, *F. graminearum*, *F. solani*, *F. oxysporum*. Eficiența reacției a fost evaluată pe baza curbelor de amplificare, iar valoarea ΔC_q a fost derivată din indicele ciclului de prag pentru a evalua conținutul relativ de ADN fungic din probele testate în comparație cu controlul. Genotipul N3 a fost contaminat cu cel mai mare număr de specii patogene, inclusiv *Fusarium spp.*, *F. avenaceum*, *F. verticillioides*, *F. equiseti*. În plus, la acest genotip s-a observat un conținut semnificativ mai mare de agenți patogeni *Fusarium* în comparație cu celelalte genotipuri analizate. Un conținut mai mare de *Fusarium spp.* a fost găsit în probele de tuberculi comparativ cu probele de frunze. În același timp, genotipurile N44, N53, N69, N91 și N101 au prezentat valori ΔC_q egale cu zero, ceea ce ar putea indica o potențială rezistență la *Fusarium*. Prin urmare, screening-ul preliminar a redus grupul testat la șase genotipuri: N7, N44, N53, N69, N91 și N101, ce prezintă un interes deosebit ca potențiali donatori de rezistență la fungii *Fusarium* și candidați pentru analiza moleculară a genomurilor acestora. Susceptibilitatea redusă la agenți patogeni fungici a genotipurilor de cartof testate, comparativ cu soiurile standard, susține ipoteza proiectului conform căreia cultivarea izolată în gospodării individuale pe termen lung a cartofului sub acțiunea integrate a factorilor biotici și abiotici din Republica Moldova a condiționat manifestarea unor trăsături noi în genotipurile locale de cartof.

25.80012.7007.3 ISE "Molecular genetic characterization of potato genotypes from subsistence farms preserved in the National Gene Bank".

During the first stage of project implementation, biologic stock of several local potato genotypes (*Solanum tuberosum* L.) collected from subsidiary plots of Moldovan farmers and stored in Gene Bank of Institute of Genetics, Physiology and Plant Protection was characterized based on phenotypic descriptors and levels of potato susceptibility to certain fungal pathogens. Agronomical traits of interest such as resistance to diseases, in most cases have complex genetic background and often are governed by a large number of genomic sequences with small individual impact on the manifestation of the respective character. Therefore, it is essential to couple molecular screening of genes involved in resistance pathways with plant's reaction to certain stressor under complex impact of environmental factors. For this, 25 potato genotypes were reproduced on experimental fields of Institute of Genetics, Physiology and Plant Protection in six biologic replicates each. Based on international descriptors, the genotypes tested revealed high heterogeneity within the tested group that implies high levels of polymorphisms and potential source of valorous germplasm for breeding. Total DNA was extracted from tubers and leaves of the genotypes tested. These DNA samples are to be stored for long-term period for subsequent molecular analysis for the presence of certain genes involved in forming potato resistance to diseases. Screening for revealing potato genotype with potential resistance to certain fungal diseases was performed based on accumulation of pathogen's DNA in plant tissue via real-time PCR with specific primers for *Fusarium* fungi. Molecular screening of potato genotypes was performed using specific markers for the detection of *F. avenaceum*, *F. verticillioides*, *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. sporotrichioides*, *F. proliferatum*, *F. incarnatum*, *F. graminearum*, *F. solani*, *F. oxysporum*. The efficiency of the reaction was assessed based on amplification curves and ΔCq value was derived from threshold cycle index to evaluate relative content of fungal DNA in tested samples compared to control. Genotype N3 was contaminated with the highest number of pathogenic species, including *Fusarium* spp., *F. oxysporum*, *F. avenaceum*, *F. equiseti*. In addition, a significantly higher content of *Fusarium* pathogens was observed in this genotype compared to the other genotypes analyzed. A higher content of *Fusarium* spp. was found in tuber samples compared to leaf samples. At the same time, genotypes N7, N44, N53, N69, N91 and N101 presented ΔCq values equal to zero, which could indicate their potential resistance to *Fusarium*. Therefore, preliminary screening shrank the tested group to six genotypes N7, N44, N53, N69, N91 and N101, which pose a particular interest as potential donors of resistance to *Fusarium* fungi and primary candidates for through molecular analysis of their genomes. The higher performance regarding susceptibility to fungal pathogens of the tested potato genotypes compared to standard-cultivars advocates for project's hypothesis that long-term isolated cultivation of potato in subsistence farms under integrated biotic and abiotic factors of the Republic of Moldova potentially conditioned the selection of novel traits in local potato genotypes.

Conducătorul de proiect

ABA

DEAGHILEVA Angela

Data

12.5.2025

