

Utilizarea speciilor sălbatice/populațiilor locale cu scopul îmbunătățirii cerealelor cultivate în contextul actualelor schimbări climatice

**Using crop wild relatives/local populations to improve cultivated cereals
in the context of actual climate change**

Elena Laura Conțescu¹, Matilda Ciucă¹, Elena Partal¹,
Florin Gabriel Anton¹, Daniela Horhocea¹, Alexandru Dumitru¹

Abstract

The current climate changes, but also the increasing need for higher amounts of food, linked to the growth of the world population, have highlighted the importance of identifying solutions to satisfy these food needs, one of them being the need to obtain new genotypes with improved adaptability to new environmental conditions, high yield and superior quality traits.

The intensive use of selection for the breeding species of agronomic interest has led over time to a narrowing of the genetic base of the current crops, a problem which can be overcome by identifying and using new genetic resources such as wild relatives of cultivated species or local populations, available in banks of genes, botanical gardens or in spontaneous vegetation.

The wild relatives of crops include the ancestors of all cultivated species and are rich sources of diversity for many useful traits in plant breeding, playing an important role in broadening the gene pool with new agronomically important traits.

Thus, our goal was to highlight the importance of wild species for maintaining genetic diversity, as a reservoir of useful genes for cultivated crops, but also to identify how we can use their genetic potential, by reviewing existent literature, for improving yield, nutritional quality, plant architecture, adaptability to climate change, etc. of cultivated plants.

Currently, the evolution of genetics and genomics has accelerated the identification and the use of those wild species valuable traits in breeding programs by rapid introgression of alleles of interest from these species.

Cuvinte cheie: adaptabilitate, cereale, ameliorare, specii sălbatice.

Keywords: adaptability, cereals, breeding, wild species.

INTRODUCERE

“Domesticirea” culturilor a început acum aproximativ 10.000 de ani în multe părți ale lumii: Orientul Mijlociu (grâu, orz), Mezoamerica (porumb), regiunea Andină (cartofi, roșii), Asia de Sud-Est (orez și soia). Datorită migrației către noi teritorii, vechii fermieri

¹INCDA Fundulea. E-mail: contescu_elena_laura@yahoo.com

au avut ocazia să transporte și să testeze semințele culturilor domestice în medii noi și să selecteze soiurile pretabile noilor condiții locale. Acesta a fost începutul ameliorării plantelor, definită ca „arta și știința de a îmbunătăți ereditatea plantelor în beneficiul omenirii” (Sleper și Pöhlman, 2006).

După introducerea unor noi inputuri precum: irigații, îngrășăminte sau pesticide, amelioratorii și fermierii actuali au reușit să obțină producții ridicate și culturi de calitate, însă aceste culturi sunt de cele mai multe ori adaptate unor condiții pedoclimatice specifice, în care pot oferi cel mai bun randament.

În ultimul deceniu, la nivel global, suprafețe mari de teren au suferit modificări serioase din cauza degradării solului dar și a lipsei precipitațiilor/posibilităților de irigare, în consecință, soiurile/hibridii care erau obișnuite cu vechile condiții pedoclimatice, nu mai pot răspunde la noile condiții, în principal datorită bazei lor genetice înguste. În acest context, utilizarea rudelor sălbatice ale speciilor cultivate/populațiilor locale în scopul extinderii diversității genetice dar și pentru a îmbunătăți adaptabilitatea acestora pare a fi o abordare rezonabilă și durabilă pentru ameliorarea culturilor.

În prezent, noi unelte, precum analizele genetice, screeningul rudelor sălbatice ale culturilor pentru îmbunătățirea toleranței genotipurilor cultivate la diferite stresuri abiotice și biotice (secetă, frig, căldură, boli, insecte etc.) prezintă un instrument util și necesar.

PERSPECTIVE DE EXPLOATARE A SPECIILOR SĂLBATICE PENTRU ÎMBUNĂTĂȚIREA CEREALELOR CULTIVATE

Grâu (*Triticum aestivum*) - a început să fie cultivat acum aproximativ 10.000 de ani ca urmare a tranziției omului de la vânătoare și migrație la așezări permanente și practicarea agriculturii. Primele forme cultivate de grâu erau diploide (genom AA - einkorn) și tetraploide (genom AABB - emmer), toate indiciile genetice arătând că zona de proveniență inițială este partea de sud-est a Turciei. Cultivarea grâului s-a extins apoi către Orientul Apropiat, acum circa 9000 de ani când a apărut în cultură pentru prima dată grâul hexaploid.

Grâul pentru panificație (*Triticum aestivum* - genomul BBAADD) este o specie tânără hexaploidă formată prin hibridizarea între un progenitor tetraploid domesticat (genom BBAA) și *Aegilops tauschii*, donatorul diploid al subgenomului. Ultimele noutăți descoperite cu ajutorul genomicii (secvențiere) sugerează că donatorul subgenomului B este o specie distinctă, încă necunoscută sau dispărută (Levy și Feldman, 2022). Deși grâul a suferit multe schimbări de mediu de-a lungul evoluției sale și prin urmare trebuia să aibă potențial adaptativ la schimbările climatice, datorită gestionării greșite a utilizării și conservării vastului său genofond, în prezent trebuie găsite noi surse de diversitate genetică.

Specii sălbatice ce pot fi utilizate pentru ameliorarea grâului

Aegilops tauschii, progenitorul sălbatic diploid al grâului pentru subgenomul D prezintă o diversitate alelică mai mare decât grâul cultivat (*Triticum aestivum*) fiind un adevărat rezervor de diversitate genetică ce poate fi utilizat pentru a îmbunătăți calitatea grâului dar și rezistența la anumiți factori de mediu. Cu ajutorul markerilor moleculari,

diverse genotipuri de *Aegilops tauschii* au fost testate pentru caractere cu interes agronomic, studiile concentrându-se în special pe rezistența la diferiți factori abiotici și biotici, cu scopul de a selecta genotipurile care pot fi utilizate ca germoplasmă parentală pentru încrucișări ulterioare cu grâul comun. După o muncă enormă, cercetătorii au reușit să transfere o parte din acele gene utile în genotipurile de grâu cultivate obținându-se astfel: rezistența sporită la insecte (Xu și colab., 2006; Joukhadar și colab., 2013), la diferiți agenți patogeni (Kou și colab., 2023; Gaurav și colab., 2022; Singh și colab., 2000; Ghaffary și colab., 2012; Raupp și colab., 2001), productivitate și calitate (Mohamed și colab., 2022; Su și colab., 2020; Yang și colab., 2020; Li și colab., 2014; Rasheed și colab., 2014; Mujeeb-Kazi și colab., 2008; Tang și colab., 2008).

Triticum turgidum var. *dicoccoides* este o importantă resursă genetică ce poate fi utilizată pentru a îmbunăți actualele soiuri moderne de grâu cu noi gene valoroase. Este sursă valoroasă pentru conținut ridicat de proteine (Liu și colab., 2019), rezistență la agenți patogeni (Zhu și colab., 2022; Zhang și colab., 2019; Saccomanno și colab., 2018; Peng și colab., 2013; Xie și colab., 2008; Oliver și colab., 2007; Marais și colab., 2005; Uauy și colab., 2005), toleranță la secetă (Krugman și colab., 2011), conținut mai mare de proteine prin introducerea genei *Gpc1* transferată de la *Triticum dicoccoides* (Săulescu și colab., 2010).

Culturile perene se caracterizează prin capacitatea de a recrește după fiecare recoltă, oferind o acoperire mai bună a solului decât cultura anuală. Datorită sistemului radicular extins, culturile perene reprezintă o resursă valoroasă pentru reducerea eroziunii solului, economisirea resurselor de apă și nutrienți, dar și pentru creșterea retenției carbonului în sol. Studiile legate de obținerea soiurilor perene de grâu au început în urmă cu aproximativ 100 de ani în fosta URSS și de acolo s-au extins în multe țări, primul soi de grâu peren, Montana-2 (MT-2) fiind obținut în urmă cu mai bine de 30 de ani (Schulz-Schaeffer și Haller, 1987; Jones și colab., 1999).

Speciile perene de *Thinopyrum* sunt resurse genetice importante pentru îmbunătățirea grâului cultivat datorită numeroaselor gene de rezistență la agenți patogeni (Li și colab., 2022; Zhan și colab., 2014), deficit de fosfor (Zhang și colab., 2021), calitate superioară (Garg și colab., 2014), stres hidric (Culman și colab., 2013) dar și pentru afinitatea genetică cu grâul cultivat.

Elymus L., cel mai mare gen din familia *Poaceae* și din tribul *Triticeae*, cuprinde aproximativ 150 de specii distribuite în principal în zonele temperate din emisfera nordică. Citologic, speciile din genul *Elymus* conțin subgenomuri St, H, Y, P și W din genomurile *Pseudoroegneria*, *Hordeum*, *Agropyron* și, respectiv, *Australopyrum*. Speciile din genul *Elymus* au relații taxonomice strânse cu grâul, secara și orzul și, prin urmare, servesc ca rezervor genetic de potențiale gene străine pentru îmbunătățirea acestor culturi împotriva anumitor factori de stres dar și a altor trăsături agronomice (Khan și colab., 2022). Există numeroase studii științifice care au avut ca scop încrucișarea *Elymus* sp. cu grâul comun pentru a transfera: genele de rezistență la agenți patogeni (Steed și colab., 2022; Gong și colab., 2019; Ma și colab., 2019; Zeng și colab., 2013; Wang și colab., 1999) toleranță la secetă (Kumar și colab., 2022; Khan și colab., 2022; Ruan și colab., 2013), calitate (Yan și colab., 2021; Wilkinson și colab., 2018).

Leymus este un gen care cuprinde aproximativ 50 de specii, toate originare din regiunile temperate ale Emisferei Nordice. Speciile acestui gen se găsesc cel mai adesea în Asia de Est, America de Nord fiind un centru secundar. Numeroase gene provenind de la diferite specii de *Leymus* sp au fost utilizate pentru a îmbunătăți soiurile cultivate de grâu în ceea ce privește: rezistența la salinitate (Xiao și colab., 2012; Liu și colab., 2001), diferiți agenți patogeni (Ma și colab., 2019; Zhao și colab., 2019; Zhang și colab., 2017; Rahmatov și colab., 2016; Yang și colab., 2015; Bao și colab., 2012; Qi și colab., 2008; Chen și colab., 2005), toleranța la stresul termic (Edet și colab., 2018; Mohammed și colab., 2014), absorbția azotului la nivel radicular (Subbarao și colab., 2021).

Orzul (*Hordeum vulgare*) este a patra cea mai mare cultură de cereale la nivel global, după grâu, orez și porumb, fiind o cultură care se pretează pentru cultivarea pe o diversă varietate de medii. Planta își are originea undeva în Estul Mijlociu, unde se pare ca a și fost domesticit acum circa 8000 î.Hr. din progenitorul său sălbatic *Hordeum spontaneum* (Morrell și Clegg, 2007). Taxonomic, orzul aparține tribului *Triticeae* din familia *Poaceae* (*Gramineae*). Pe baza morfologiei, Bothmer și Jacobsen au identificat patru secțiuni, una dintre acestea fiind *Hordeum*, ce cuprinde 3 specii.

Specii sălbatice ce pot fi utilizate pentru ameliorarea orzului

Hordeum vulgare subsp. spontaneum, este ruda sălbatică primară a orzului și o sursă importantă de diversitate genetică pentru ameliorarea orzului cultivat. Orzul sălbatic a fost folosit cu succes ca sursă de gene pentru: toleranță la salinitate (Ebrahim și colab., 2020; Shavrukov și colab., 2010) conținut ridicat în β -glucani și microelemente (Elouadi și colab., 2021), rezistență/toleranță la secetă sau arșiță (Bahrami și colab., 2019; Lakew și colab., 2011, 2013; Tyagi și colab., 2011; Chen și colab., 2008; Talame și colab., 2004), rezistență la agenți patogeni (Rehman și colab., 2021), calitate și adaptabilitate (Zhou și colab., 2016; Gong și colab., 2013; Eglinton și colab., 1999).

Hordeum bulbosum L., de asemenea o rudă sălbatică a orzului, este considerat o sursă valoroasă de diversitate genetică pentru îmbunătățirea orzului cultivat, în special în ceea ce privește rezistența sau toleranța la patogeni. Populațiile de orz sălbatic sunt surse bogate de variații alelice, grupate în diferite seturi de cromozomi și conferind caractere precum: toleranța la secetă (Chen și colab., 2008; Lakew și colab., 2011; Naz și colab., 2014), la salinitate (Wang și colab., 2016; Garthwaite și colab., 2005), rezistență la diferiți patogeni (Hoseinzadeh și colab., 2020; Yu și colab., 2018; Fetch și colab., 2009; Pickering și colab., 1995), obținerea liniilor dublu haploide la orz și grâu (Mihăilescu și Giura, 1998).

Porumbul (*Zea mays* ssp. *mays*) aparține familiei *Poaceae* și tribului *Maydeae* care cuprinde șapte genuri, printre care și *Zea* și *Tripsacum*. Genul *Zea* este format din patru specii dintre care numai *Zea mays* L. ($2n = 20$) este importantă din punct de vedere economic. Specia își are originile în Mexic și America Centrală (Singh și Kumar, 2016), datele arheologice arătând că acesta a fost cultivat începând cu acum 2000-2500 ani î.Hr.

Diversitatea fenotipică și genetică extraordinară a porumbului, fără nici o asemănare morfologică evidentă cu vreuna din rudele sale sălbatice, a condus la existența unor teorii

diferite asupra originii sale evolutive, cea mai cunoscută și acceptată fiind aceea că porumbul a evoluat din teosinte (Galinat, 1988; Cuevas-Sánchez, 2011; Serna-Saldivar, 2010). Odată cu evoluția geneticii moleculare, ipoteza evoluției porumbului din teosinte a fost edificată prin identificarea formelor de teosinte, respectiv *Zea mays* ssp. *Parviglumis* și *Zea mays* ssp. *mexicana*, ca strămoși direcți ai porumbului cultivat (Yang și colab., 2023). Prin urmare, elucidarea originii acestei culturi reprezintă un caz tipic în care analizele moleculare moderne, au fost esențiale pentru a diferenția cel mai apropiat strămoș al porumbului de alte rude sălbatice apropiate.

Ca și în cazul altor culturi de interes agronomic, ameliorarea extensivă a porumbului, pentru randament și calitate, a determinat pierderea altor multe caractere de interes, ceea ce a dus la o vulnerabilitate crescută la stresul biotic și abiotic. O soluție pentru remedierea acestor probleme putând fi utilizarea unor gene valoroase de la rudele sălbatice ale porumbului, teosinte și *Tripsacum dactyloides*. Acestea pot fi încrucișate cu porumbul fiind considerate surse bogate de gene neatinse pentru trăsături pe care porumbul cultivat le-a pierdut sau nu le posedă.

Specii sălbatice ce pot fi utilizate pentru ameliorarea porumbului

Speciile de **Teosinte**, cele mai apropiate rude sălbatice ale porumbului, cuprind ierburi anuale: *Zea luxurians*, *Zea mays* spp. *Parviglumis*, *Zea mays* spp. *huetenangensis* sau perene: *Zea diploperennis* și *Zea perennis*, toate avându-și originea în Mexic sau America Centrală.

Introgresia de gene de la aceste rude sălbatice ale porumbului, a fost utilizată pentru: a conferi rezistență la agenți patogeni (Amusan și colab., 2008; Rich și Ejeta, 2008; Menkir și colab., 2006; Wei și colab., 2003; Kim și colab., 1999; Ramirez, 1997; Lane și colab., 1997; Pásztor și Borsos, 1990; Findley și colab., 1982), dăunători (Ramirez, 1997; Pásztor și Borsos; 1990), toleranță la bălțire (Mano și Omori, 2007).

Genul *Tripsacum* este compus din aproximativ 12 specii perene, majoritar întâlnite în Mexic și Guatemala, dar sunt răspândite și în regiunile calde din SUA și America de Sud, câteva specii fiind prezente chiar și în Asia și Asia de Sud-Est. Speciile de importanță economică pentru agricultură din acest gen sunt *Tripsacum dactyloides* și *Tripsacum laxum*. Având ca scop ameliorarea actualilor hibridi cultivați de porumb, *Tripsacum* a fost utilizat pentru transferul unor gene de rezistență la: dăunători (Prischmann și colab., 2009; Eubanks, 2006; Moellenbeck și colab., 1995), boli (Gurney și colab., 2003; Rich și Ejeta, 2008; Kim și colab., 1999; Gurney și colab., 2003; Bergquist, 1979), toleranță la salinitate (Klein și colab., 2006; Hameed și colab., 2016), rezistență/toleranță la secetă (Clark și colab., 1998; Eubanks, 2000; Maazou și colab., 2017; McMillen și colab., 2022).

SITUAȚIA ACTUALĂ LA NIVEL NAȚIONAL

Efectele schimbărilor climatice sunt din ce în ce mai vizibile și în România, cu atât mai mult cu cât cea mai mare parte din suprafețele agricole nu beneficiază de irigații.

Prin urmare, avem nevoie de soluții cât mai rapide pentru obținerea unor genotipuri cu capacitate mare de adaptabilitate și performante, iar acestea nu vor putea fi obținute la

timp doar prin utilizarea exclusivă a metodelor clasice de ameliorare, deoarece rata de câștig genetic pentru toleranța la stresul abiotic va fi limitată de distanța filogenetică și nivelul scăzut de hibridare. Pentru a depăși aceste impedimente, utilizarea markerilor moleculari poate fi o unealtă necesară și utilă îmbunătățirii într-un timp mult mai scurt a performanțelor actualelor genotipuri de cereale.

De aceea, exploatarea biodiversității disponibile în băncile de gene și a diversității disponibile în natură este o necesitate pentru reușita identificării de noi resurse genetice ce pot fi utilizate pentru a depăși pierderile de producție cauzate creșterea temperaturilor și diminuarea precipitațiilor.

În țara noastră au existat preocupări pentru adaptarea culturilor la schimbările climatice, fiind vizate culturi precum: porumbul (Varga și colab., 2022), grâul (Ciucă și colab., 2009, 2021; Șerban și colab., 2019; Giura și colab., 2019), orzul (Rizza și colab., 2018) etc.

În acest context, cercetările noastre au ca scop să identifice, să colecteze și să protejeze diversitatea genetică a plantelor ce prezintă caracteristicile necesare pentru adaptarea celor mai importante culturi la schimbările climatice. De asemenea, ne propunem să punem la dispoziția amelioratorilor această diversitate, astfel încât să poată fi folosită în continuare pentru obținerea de noi soiuri, adaptate la condițiile climatice actuale și la schimbările care vor urma. Până în prezent, au fost identificate în flora spontană genotipuri de *Leymus* care au fost utilizate pentru efectuarea unor hibridări. Au fost solicitate genotipuri sălbatice de cereale de la băncile de gene, o parte din ele au fost deja cultivate (figura 1), respectiv genotipurile care au ajuns în perioada corespunzătoare semănatului, restul urmând să fie cultivate și analizate.



Figura 1 – Rude sălbatice ale cerealelor în câmpul INCDA Fundulea, *Triticum timopheevii* (stânga) și genotipuri de Teosinte (dreapta)
[Crop wild relatives in NARDI Fundulea experimental field
Triticum timopheevii (left) and Teosinte genotypes (right)]

Cele zece bănci de gene care au răspuns favorabil până în prezent solicitărilor noastre (Nordic Genetic Resource Center, National Germplasm Resources Laboratory, Wheat Genetics Resource Center Gene Bank, CIMMYT Wheat Bank, CIMMYT Maize Bank, National Agricultural and Food Centre and Research Institute of Plant Production, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Institute of Biosciences and BioResources, The

Federal Ex situ Gene Bank Gatersleben și Banca de Resurse Genetice Vegetale „Mihai Cristea” Suceava) ne-au permis colectarea a mai mult de 200 de genotipuri de specii sălbatice (tabelul 1), acestea reprezentând potențiale surse de ameliorare pentru actualele genotipuri de cereale cultivate.

Tabelul 1

Denumirea speciilor sălbatice colectate de la bănci de gene
(Crop wild relatives collected from gene banks)

Specii sălbatice și genotipuri vechi recepționate în anul 2023		
<i>Aegilops columnaris</i>	<i>Elymus kronokensis</i>	<i>Triticum aestivum</i>
<i>Aegilops cylindrica</i>	<i>Elymus lanceolatus</i>	<i>Triticum araraticum</i>
<i>Aegilops kotschy</i>	<i>Elymus repens</i>	<i>Triticum boeoticum</i>
<i>Aegilops lorentii</i>	<i>Elymus tsukushiensis</i>	<i>Triticum dicoccoides</i>
<i>Aegilops markgrafii</i>	<i>Hordeum bulbosum</i>	<i>Triticum monococcum</i>
<i>Aegilops searsii</i>	<i>Hordeum distichum</i>	<i>Triticum spelta</i>
<i>Aegilops speltoides</i>	<i>Hordeum hrasdanicum</i>	<i>Triticum timopheevii</i>
<i>Aegilops tauschii</i>	<i>Hordeum marinum</i>	<i>Triticum turgidum</i>
<i>Aegilops ventricosa</i>	<i>Hordeum murinum</i>	<i>Triticum urartu</i>
<i>Avena byzantine</i>	<i>Hordeum spontaneum</i>	<i>Zea diploperennis</i>
<i>Avena falcata</i>	<i>Hordeum vulgare</i>	<i>Zea luxurians</i>
<i>Avena sativa</i>	<i>Leymus angustus</i>	<i>Zea mays sbs. parviglumis</i>
<i>Avena strigosa</i>	<i>Leymus arenarius</i>	<i>Zea nicaraguensis</i>
<i>Elymus borianus</i>	<i>Leymus mollis</i>	<i>Zea mays ssp. mays</i>
<i>Elymus caninus</i>	<i>Leymus paboanus</i>	<i>Zea mays sbs. mexicana</i>
<i>Elymus dahuricus</i>	<i>Leymus racemosus</i>	<i>Tripsacum dactyloides</i>
<i>Elymus elongatus</i>	<i>Thinopyrum bessarabicum</i>	
<i>Elymus fedtschenkoi</i>	<i>Thinopyrum intermedium</i>	

În cadrul proiectului PN 23.18.01.01 “Abordări moleculare, citogenetice și fiziologice pentru adaptarea cerealelor la schimbări climatice” finanțat de Ministerul Educației și cercetării, plantele de *Leymus* sp. cu rizomi, identificate în flora spontană, au fost utilizate pentru hibridări, de asemenea s-a realizat și analiza citologică la nivel de radicele.

Rezultatele au demonstrat utilitatea markerilor moleculari în completarea și accelerarea procesului de obținere a noi genotipuri cu rezistență/toleranță la acțiunea nefavorabilă a factorilor biotici și abiotici.

Identificarea, procurarea și cultivarea primelor genotipuri de Teosinte reprezintă startul înființării colecției de specii sălbatice pentru porumb [raport anual Proiect Nucleu PN 23.18 (CROPREZ)] (<https://www.incda-fundulea.ro/cercet/pronuc/rappn23.pdf>).

CONCLUZII

Speciile sălbatice au un rol foarte important în menținerea variabilității genetice, utilizând potențialul lor genetic putem identifica soluții pentru a asigura producția durabilă a culturilor în contextul actualelor schimbări climatice, motiv pentru care

cercetările ce vizează menținerea variabilității în vederea asigurării adaptabilității culturilor trebuie să devină prioritare.

Progresul rapid al tehnicilor moleculare, precum ameliorarea asistată de markeri moleculari și tehnicile de hibridare interspecifică vor contribui la creșterea capacității de utilizare a acestor caractere valoroase provenite de la rudele sălbatice ale culturilor.

Viitoare studii asupra trăsăturilor fenotipice și genotipice ale rudelor sălbatice ar putea extinde considerabil elucidarea rolului anumitor alele și a fluxului de gene între culturile cultivate și rudele lor sălbatice.

Sursa de finanțare

• **Proiectul Nucleu PN 23.18** “Adaptarea principalelor culturi agricole la schimbările climatice prognozate pentru România, prin metode genetice și tehnologice moderne”, subproiectul **PN 23.18.01.01** “Abordări moleculare, citogenetice și fiziologice pentru adaptarea cerealelor la schimbări climatice”, Contract 43N/2023, finanțat de Ministerul Cercetării, Inovării și Digitalizării.

REFERINȚE BIBLIOGRAFICE

- AMUSAN, I.O., PATRICK, J.R., ABEBE, M., THOMAS, H., GEBISA, E., 2008 – *Resistance to Striga hermonthica in a maize inbred line derived from Zea diploperennis*. New Phytol., 178: 157-166.
- BAHRAMI, F., ARZANI, A., RAHIMMALEK, M., 2019 – *Photosynthetic and yield performance of wild barley (Hordeum vulgare ssp. spontaneum) under terminal heat stress*. Photosynthetica, 57(1).
- BAO, Y., WANG, J., HE, F., MA, H., WANG, H., 2012 – *Molecular cytogenetic identification of a wheat (Triticum aestivum) - American dune grass (Leymus mollis) translocation line resistant to stripe rust*. Genet. Mol. Res., 11(3): 3198-3206.
- BERGQUIST, R.R., 1979 – *Selection for disease resistance in a maize breeding programme. II. Introgression of an alien genome from Tripsacum dactyloides conditioning resistance in Zea mays*. Proceedings of the tenth meeting of the Maize and Sorghum Section of Eucarpia, Varna, Bulgaria: 200-206.
- CHEN, G., LI, C., SHI, Y., NEVO, E., 2008 – *Wild barley, Hordeum spontaneum, a genetic resource for crop improvement in cold and arid regions*. Sciences in Cold and Arid Regions, 1: 115-124.
- CHEN, P., LIU, W., YUAN, J., WANG, X., ZHOU, B., WANG, S., ZHANG, S., FENG, Y., YANG, B., LIU, G., LIU, D., 2005 – *Development and characterization of wheat-Leymus racemosus translocation lines with resistance to Fusarium Head Blight*. Theoretical and Applied Genetics, 111: 941-948.
- CIUCĂ, M., TODORVSKA, E., KOLEV, S., NICOLAE, R., GUINEA, I., SĂULESCU, N., 2009 – *Marker-Assisted Selection (MAS) for drought tolerance in wheat using markers associated with membrane stability*. An. INCDA Fundulea, LXXVII: 7-12.
- CIUCĂ, M., TURCU, A.G., CONȚESCU, E.L., DUMITRU, A., CRISTINA, D., 2021 – *Screening winter wheat germplasm for detection of 1-FEH W3 variants for improvement of drought tolerance using KASP assay*. Lucrări Științifice, seria Agronomie, 64(1): 105-108.
- CLARK, R.B., ALBERTS, E.E., ZOBEL, R.W., SINCLAIR, T.R., MILLER, M.S., KEMPER, W.D., FOY, C.D., 1998 – *Eastern gamagrass (Tripsacum dactyloides) root penetration into and chemical properties of claypan soils*. Plant and Soil, 200: 33-45.
- CUEVAS-SANCHEZ, J.A., 2011 – *Evolucion natural y antropogenica de Zea spp en Mesoamerica*. Rev. Archaeobios, 1(5): 1-43.
- CULMAN, S.W., SNAPP, S.S., OLLENBURGER, M., BASSO, DEHAAN, L.R., 2013 – *Soil and water quality rapidly responds to the perennial grain Kernza wheatgrass*. Agronomy Journal, 105(3): 735-744.
- EBRAHIM, F., ARZANI, A., RAHIMMALEK, M., SUN, D., PENG, J., 2020 – *Salinity tolerance of wild barley Hordeum vulgare ssp. spontaneum*. Plant Breeding, 139(2): 304-316.

- EDET, O.U., GORAFI, Y.S., CHO, S.W., KISHII, M., TSUJIMOTO, H., 2018 – *Novel molecular marker-assisted strategy for production of wheat–Leymus mollis chromosome addition lines*. Scientific Reports, 8(1): 16117.
- EGLINTON, J.K., EVANS, D.E., BROWN, A.H.D., LANGRIDGE, P., MCDONALD, G., JEFFERIES, S.P., BARR, A.R., 1999 – *The use of wild barley (Hordeum vulgare ssp. spontaneum) in breeding for quality and adaptation*. In Proceedings of the ninth Australian barley technical symposium, 29: 1-6.
- ELOUADI, F., AMRI, A., EL-BAOUCHI, A., KEHEL, Z., SALIH, G., JILAL, A., KILIAN, B., IBRIZ, M., 2021 – *Evaluation of a Set of Hordeum vulgare subsp. spontaneum Accessions for β -Glucans and Microelement Contents*. Agriculture, 11(10): 950.
- EUBANKS, M., 2000 – *Pilot study for heritability of enhanced drought tolerance in corn via Tripsacum-Z. diploperennis hybrids*. Maize Genetics Cooperation Newsletter, 74: 27-28.
- EUBANKS, M.W., 2006 – *A genetic bridge to utilize Tripsacum germplasm in maize improvement*. Maydica, 51(2): 315-327.
- FETCH, JR, T., JOHNSTON, P.A., PICKERING, R., 2009 – *Chromosomal location and inheritance of stem rust resistance transferred from Hordeum bulbosum into cultivated barley (H. vulgare)*. Phytopathology, 99(4): 339-343.
- FINDLEY, W.R., NAULT, L.R., STYER, W.E., GORDON, D.T., 1982 – *Inheritance of maize chlorotic dwarf virus resistance in maize \times Zea diploperennis backcrosses*. Maize News Lett., 56: 165-166.
- GALINAT, W.C., 1988 – *The origin of corn*. In: Sprague, G.F., Dudley, J.W. (eds.), Corn and Corn Improvement. American Society of Agronomy, Madison: 1-31.
- GARG, M., YANAKA, M., TANAKA, H., TSUJIMOTO, H., 2014 – *Introgression of useful genes from T. hinopyrum intermedium to wheat for improvement of bread-making quality*. Plant Breeding, 133(3): 327-334.
- GARTHWAITE, A.J., VON BOTHMER, R., COLMER, T.D., 2005 – *Salt tolerance in wild Hordeum species is associated with restricted entry of Na⁺ and Cl⁻ into the shoots*. Journal of Experimental Botany, 56(419): 2365-2378.
- GAURAV, K., ARORA, S., SILVA, P., SÁNCHEZ-MARTÍN, J., HORSNELL, R., GAO, L., BRAR, G.S., WIDRIG, V., JOHN RAUPP, W., SINGH, N., WU, S., 2022 – *Population genomic analysis of Aegilops tauschii identifies targets for bread wheat improvement*. Nature Biotechnology, 40(3): 422-431.
- GHAFFARY, T., S.M., FARIS, J.D., FRIESEN, T.L., VISSER, R.G., VAN DER LEE, T.A., ROBERT, O., KEMA, G.H., 2012 – *New broad-spectrum resistance to septoria tritici blotch derived from synthetic hexaploid wheat*. Theoretical and Applied Genetics, 124: 125-142.
- GIURA, A., ȘERBAN, G., CIUCĂ, M., CRISTINA, D., TURCU, A.G., SĂULESCU, N.N., 2019 – *Improved tolerance to increased temperatures during grain filling in a winter wheat (Triticum aestivum L.) line selected from a cross involving Aegilops speltoides Tausch*. Romanian Agricultural Research, 36: 21-26.
- GONG, B., ZHU, W., LI, S., WANG, Y., XU, L., WANG, Y., ZENG, J., FAN, X., SHA, L., ZHANG, H., QI, P., 2019 – *Molecular cytogenetic characterization of wheat-Elymus repens chromosomal translocation lines with resistance to Fusarium head blight and stripe rust*. BMC Plant Biology, 19: 1-11.
- GONG, X., LI, C., ZHANG, G., YAN, G., LANCE, R., SUN, D., 2013 – *Novel genes from wild barley Hordeum spontaneum for barley improvement*. In: Advance in Barley Sciences, Proceedings of 11th International Barley Genetics Symposium, Springer Netherlands: 69-86.
- GURNEY, A.L., GRIMANELLI, D., KANAMPIU, F., HOISINGTON, D., SCHOLE, J.D., PRESS, M.C., 2003 – *Novel sources of resistance to Striga hermonthica in Tripsacum dactyloides, a wild relative of maize*. New Phytologist, 160(3): 557-568.
- HAMEED, A., GUL, B., KHAN, M.A., 2016 – *Exogenous Chemical Treatments Have Differential Effects in Improving Salinity Tolerance of Halophytes*. In: Halophytes for Food Security in Dry Lands, Academic Press: 213-229.
- HOSEINZADEH, P., RUGE-WEHLING, B., SCHWEIZER, P., STEIN, N., PIDON, H., 2020 – *High resolution mapping of a Hordeum bulbosum-derived powdery mildew resistance locus in barley using*

- distinct homologous introgression lines*. *Frontiers in plant Science*, 11: 225, <https://www.inceda-fundulea.ro/cercet/pronuc/rappn23.pdf>.
- JONES, T.A., ZHANG, X.Y., WANG, R.R.C., 1999 – *Genome characterization of MT-2 perennial and OK-906 annual wheat × intermediate wheatgrass hybrids*. *Crop Science*, 39(4): 1041-1043.
- JOUKHADAR, R., EL-BOUHSSINI, M., JIGHLY, A., OGBONNAYA, F.C., 2013 – *Genome-wide association mapping for five major pest resistances in wheat*. *Molecular Breeding*, 32: 943-960.
- KHAN, A., ALI, A., ULLAH, Z., ALI, I., KAUSHIK, P., ALYEMENI, M.N., RASHEED, A., SHER, H., 2022 – *Exploiting the drought tolerance of wild Elymus species for bread wheat improvement*. *Frontiers in Plant Science*, 13: 982844.
- KIM, S.K., AKINTUNDE, A.Y., WALKER, P., 1999 – *Responses of maize inbreds during development of Striga hermonthica infestation*. *Maydica*, 44: 333-339.
- KLEIN, J.D., WOOD, L.A., GENEVE, R.L., 2006 – *Hydrogen peroxide and color sorting improves germination and vigor of eastern gamagrass (Tripsacum dactyloides) seeds*. In: IV International Symposium on Seed, Transplant and Stand Establishment of Horticultural Crops; Translating Seed and Seedling, 782: 9398.
- KOU, H., ZHANG, Z., YANG, Y., WEI, C., XU, L., ZHANG, G., 2023 – *Advances in the Mining of Disease Resistance Genes from Aegilops tauschii and the Utilization in Wheat*. *Plants*, 12(4): 880.
- KRUGMAN, T., PELEG, Z., QUANSAH, L., CHAGUÉ, V., KOROL, A.B., NEVO, E., FAHIMA, T., 2011 – *Alteration in expression of hormone-related genes in wild emmer wheat roots associated with drought adaptation mechanisms*. *Functional & Integrative Genomics*, 11(4): 565-583.
- KUMAR, A., SHARMA, A., SHARMA, R., CHOUDHARY, A., SRIVASTAVA, P., KAUR, H., PADHY, A.K., 2022 – *Morpho-physiological evaluation of Elymus semicostatus (Nees ex Steud.) Melderis as potential donor for drought tolerance in Wheat (Triticum aestivum L.)*. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 69: 411-430.
- LAKEW, B., EGLINTON, J., HENRY, R.J., BAUM, M., GRANDO, S., CECCARELLI, S., 2011 – *The potential contribution of wild barley (Hordeum vulgare ssp. spontaneum) germplasm to drought tolerance of cultivated barley (H. vulgare ssp. vulgare)*. *Field Crops Research*, 120(1): 161-168.
- LAKEW, B., HENRY, R.J., EGLINTON, J., BAUM, M., CECCARELLI, S., GRANDO, S., 2013 – *SSR analysis of introgression of drought tolerance from the genome of Hordeum spontaneum into cultivated barley (Hordeum vulgare ssp. vulgare)*. *Euphytica*, 191: 231-243.
- LANE, J.A., CHILD, D.V., MOORE, T.H.M., ARNOLD, G.M., BAILEY, J.A., 1997 – *Phenotypic characterisation of resistance in Zea diploperennis to Striga hermonthica*. *Maydica*, 42: 45-51.
- LEVY, A.A., FELDMAN, M., 2022 – *Evolution and origin of bread wheat*. *The Plant Cell*, 34(7): 2549-2567.
- LI, M., YUAN, Y., NI, F., LI, X., WANG, H., BAO, Y., 2022 – *Characterization of Two Wheat-Thinopyrum ponticum Introgression Lines With Pyramiding Resistance to Powdery Mildew*. *Frontiers in Plant Science*, 13: 943669.
- LI, J., WAN, H.S., YANG, W.Y., 2014 – *Synthetic hexaploid wheat enhances variation and adaptive evolution of bread wheat in breeding processes*. *Journal of Systematics and Evolution*, 52(6): 735-742.
- LIU, J., HUANG, L., WANG, C., LIU, Y., YAN, Z., WANG, Z., XIANG, L., ZHONG, X., GONG, F., ZHENG, Y., LIU, D., 2019 – *Genome-wide association study reveals novel genomic regions associated with high grain protein content in wheat lines derived from wild emmer wheat*. *Frontiers in Plant Science*: 464.
- LIU, X., SHI, J., ZHANG, X.Y., MA, Y.S., JIA, J.Z., 2001 – *Screening salt tolerance germplasms and tagging the tolerance gene (s) using microsatellite (SSR) markers in wheat*. *Acta Botanica Sinica*, 43(9): 948-954.
- MA, H., ZHANG, X., YAO, J., CHENG, S., 2019 – *Breeding for the resistance to Fusarium head blight of wheat in China*. *Front. Agric. Sci. Eng.*, 6(3): 251-264.
- MAAZOU, A.R.S., QIU, J., MU, J., LIU, Z., 2017 – *Utilization of wild relatives for maize (Zea mays L.) improvement*. *African Journal of Plant Science*, 11(5): 105-113.
- MANO, Y., OMORI, F., 2007 – *Breeding for flooding tolerant maize using "teosinte" as a germplasm resource*. *Plant Root*, 1: 17-21.
- MARAIS, G.F., PRETORIUS, Z.A., WELLINGS, C.R., MCCALLUM, B., MARAIS, A.S., 2005 – *Leaf rust and stripe rust resistance genes transferred to common wheat from Triticum dicoccoides*. *Euphytica*, 143: 115-123.

- MCMILLEN, M.S., MAHAMA, A.A., SIBIYA, J., LÜBBERSTEDT, T. SUZA, W.P., 2022 – *Improving drought tolerance in maize: Tools and techniques*. *Frontiers in Genetics*, 13, 1001001.
- MENKIR, A., KLING, J.G., BADU-APRAKU, B., IBIKUNLE, O., 2006 – *Registration of 26 tropical maize germplasm lines with resistance to Striga hermonthica*. *Crop Sci.*, 46: 1007-1009.
- MIHĂILESCU, A., GIURA, A., 1998 – *Evaluation of pollinators (Zea mays L. and Hordeum bulbosum L.) for wheat and barley haploid production*. *Research Institute for Cereals and Industrial Crops*, 8264: 9-10.
- MOELLENBECK, D.J., BARRY, B.D., DARRAH, L.L., 1995 – *Tripsacum dactyloides (Gramineae) seedlings for host plant resistance to the western corn rootworm (Coleoptera: Chrysomelidae)*. *Journal of Economic Entomology*, 88(6): 1801-1803.
- MOHAMED, I.E.S., OE, H., KAMAL, N.M., MUSTAFA, H.M., GORAFI, Y.S.A., TAHIR, I.S.A., TSUJIMOTO, H., TANAKA, H., 2022 – *Enhancing Wheat Flour Quality through Introgression of High-Molecular-Weight Glutenin Subunits from Aegilops tauschii Accessions*. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 6: 887795..
- MOHAMMED, Y.S.A., TAHIR, I.S.A., KAMAL, N.M., ELTAYEB, A.E., ALI, A.M., TSUJIMOTO, H., 2014 – *Impact of wheat-Leymus racemosus added chromosomes on wheat adaptation and tolerance to heat stress*. *Breeding Science*, 63(5): 450-460.
- MORRELL, P.L., CLEGG, M.T., 2007 – *Genetic evidence for a second domestication of barley (Hordeum vulgare) east of the Fertile Crescent*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(9): 3289-3294.
- MUJEEB-KAZI, A., GUL, A., FAROOQ, M., RIZWAN, S., AHMAD, I., 2008 – *Rebirth of synthetic hexaploids with global implications for wheat improvement*. *Australian Journal of Agricultural Research*, 59(5): 391-398.
- NAZ, A.A., ARIFUZZAMAN, M., MUZAMMIL, S., PILLEN, K., LÉON, J., 2014 – *Wild barley introgression lines revealed novel QTL alleles for root and related shoot traits in the cultivated barley (Hordeum vulgare L.)*. *BMC Genetics*, 15: 1-12.
- OLIVER, R.E., STACK, R.W., MILLER, J.D., CAI, X., 2007 – *Reaction of wild emmer wheat accessions to Fusarium head blight*. *Crop Science*, 47(2): 893-897.
- PÁSZTOR, K., BORSOS, O., 1990 – *Inheritance and chemical composition in inbred maize (Zea mays L.) × teosinte [Zea mays subsp. mexicana (Schröder) Iltis] hybrids*. *Növénytermelés*, 39: 193-213.
- PENG, J., SUN, D., PENG, Y., NEVO, E., 2013 – *Gene discovery in Triticum dicoccoides, the direct progenitor of cultivated wheats*. *Cereal Research Communications*, 41(1): 1-22.
- PICKERING, R.A., HILL, A.M., MICHEL, M., TIMMERMAN-VAUGHAN, G.M., 1995 – *The transfer of a powdery mildew resistance gene from Hordeum bulbosum L to barley (H. vulgare L.) chromosome 2 (2I)*. *Theoretical and Applied Genetics*, 91: 1288-1292.
- PRISCHMANN, D.A., DASHIELL, K.E., SCHNEIDER, D.J., EUBANKS, M.W., 2009 – *Evaluating Tripsacum-introgressed maize germplasm after infestation with western corn rootworm (Coleoptera: Chrysomelidae)*. *Journal of Applied Entomology*, 133(1): 10-20.
- QI, L.L., PUMPHREY, M.O., FRIEBE, B., CHEN, P.D., GILL, B.S., 2008 – *Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene Fhb3 for resistance to Fusarium head blight disease of wheat*. *Theoretical and Applied Genetics*, 117: 1155-1166.
- RAHMATOV, M., ROUSE, M.N., STEFFENSON, B.J., ANDERSSON, S.C., WANYERA, R., PRETORIUS, Z.A., HOUBEN, A., KUMARSE, N., BHAVANI, S., JOHANSSON, E., 2016 – *Sources of stem rust resistance in wheat-alien introgression lines*. *Plant Disease*, 100(6): 1101-1109.
- RASHEED, A., XIA, X., OGBONNAYA, F., MAHMOOD, T., ZHANG, Z., MUJEEB-KAZI, A., HE, Z., 2014 – *Genome-wide association for grain morphology in synthetic hexaploid wheats using digital imaging analysis*. *BMC Plant Biology*, 14: 1-21.
- RAMIREZ, D.A., 1997 – *Gene introgression in Maize (Zea mays ssp mays L.)*. *Philipp. J. Crop Sci.*, 22: 51-63.
- RAUPP, W.J., BROWN-GUEDIRA, G.L., GILL, B.S., 2001 – *Cytogenetic and molecular mapping of the leaf rust resistance gene Lr39 in wheat*. *Theoretical and Applied Genetics*, 102: 347-352.
- REHMAN, S., AMOUZOUNE, M., HIDDAR, H., ABERKANE, H., BENKIRANE, R., FILALI-MALTOUF, A., AL-JABOUBI, M., ACQBOUCH, L., TSIVELIKAS, A., VERMA, R.P.S., KEHEL, Z., 2021 – *Traits discovery in Hordeum vulgare sbsp. spontaneum accessions and in lines derived from*

- interspecific crosses with wild Hordeum species for enhancing barley breeding efforts*. Crop Science, 61(1): 219-233.
- RICH, P.J., EJETA, G., 2008 – *Towards effective resistance to Striga in African maize*. Plant Signal. Behav., 3: 618-621.
- RIZZA, F., VASILESCU, L., BADECK, F.-W., MORCIA, C., ALBERICI, R., BUDE, A., ALIONTE, E., PETCU, E., BARONCHELLI, M., FACCINI, N., PAGANI, D., TERZI, V., 2018 – *Agrobiodiversity for Adaptive and Yield Traits in Romanian and Italian Barley Cultivars across Four*. Continental Environments. Agronomy: 8(6): 79.
- RUAN, L., ZHANG, J., XIN, X., MILLER, A.J., TONG, Y., 2013 – *Elymus dahuricus H⁺-PPase EdVP1 enhances potassium uptake and utilization of wheat through the development of root system*. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 13(3): 716-729.
- SACCOMANNO, A., MATNY, O., MARONE, D., LAIDÒ, G., PETRUZZINO, G., MAZZUCOTELLI, E., DESIDERIO, F., BLANCO, A., GADALETA, A., PECCHIONI, N., DE VITA, P., 2018 – *Genetic mapping of loci for resistance to stem rust in a tetraploid wheat collection*. International Journal of Molecular Sciences, 19(12): 3907.
- SĂULESCU, N.N., ITTU, G., GIURA, A., CIUCĂ, M., MUSTĂȚEA, P., ITTU, M., ȘERBAN, G., NEACȘU, F.A., 2010 – *Diversificarea bazei genetice ca fundament al progresului în ameliorarea grâului*. INCDA Fundulea, 78: 7-20.
- SCHULZ-SCHAEFFER, J., HALLER, S.E., 1987 – *Registration of Montana-2 perennial x Agrotriticum intermediodurum Khizhnyak*. Crop Sci., 27(4): 822-823.
- SERNA-SALDIVAR, S.O., 2010 – *Grain development, morphology and structure*. Cereal Grains: Properties, Processing and Nutritional Attributes. CRC Press, Boca Raton: 109-128.
- SINGH, R.P., NELSON, J.C., SORRELLS, M.E., 2000 – *Mapping Yr28 and other genes for resistance to stripe rust in wheat*. Crop Science, 40(4): 1148-1155.
- SINGH, M., KUMAR, S., 2016 – *Broadening the Genetic Base of Grain Cereals*, Springer.
- SLEPER, D.A., POEHLMAN, J.M., 2006 – *Breeding field crops (No. Ed. 5)*. Blackwell publishing, Ames, IA.
- SHAVRUKOV, Y., GUPTA, N.K., MIYAZAKI, J., BAHU, M.N., CHALMERS, K.J., TESTER, M., LANGRIDGE, P., COLLINS, N.C., 2010 – *HvNax3-a locus controlling shoot sodium exclusion derived from wild barley (Hordeum vulgare ssp. spontaneum)*. Functional and Integrative Genomics, 10: 277-291.
- STEED, A., KING, J., GREWAL, S., YANG, C.Y., CLARKE, M., DEVI, U., KING, I.P., NICHOLSON, P., 2022 – *Identification of fusarium head blight resistance in triticum timopheevii accessions and characterization of wheat-t. timopheevii introgression lines for enhanced resistance*. Frontiers in Plant Science, 13: 943211.
- SU, Y., LIAO, P., SONG, D., HUANG, S., HE, J., GAO, X., LI, S., 2020 – *Application of Aegilops tauschii-Triticum aestivum recombinant inbred lines for grain protein content quantitative trait loci detection and wheat improvement*. Canadian Journal of Plant Science, 100(4): 425-434.
- SUBBARAO, G.V., KISHII, M., BOZAL-LEORRI, A., ORTIZ-MONASTERIO, I., GAO, X., IBBA, M.I., KARWAT, H., GONZALEZ-MORO, M.B., GONZALEZ-MURUA, C., YOSHIHASHI, T., TOBITA, S., 2021 – *Enlisting wild grass genes to combat nitrification in wheat farming: A nature-based solution*. Proceedings of the National Academy of Sciences, 118(35), p.e2106595118.
- ȘERBAN, G., MARINCIU, C.M., MANDEA, V., ITTU, G., SĂULESCU, N.N., 2019 – *A simple approach to select for tolerance to heat stress during grain filling in winter wheat (Triticum aestivum L.)*. Romanian Agricultural Research, 36: 11-19.
- TALAME, V., SANGUINETI, M.C., CHIAPPARINO, E., BAHRI, H., BEN SALEM, M., FORSTER, B.P., ELLIS, R.P., RHOUMA, S., ZOUMAROU, W., WAUGH, R., TUBEROSA, R., 2004 – *Identification of Hordeum spontaneum QTL alleles improving field performance of barley grown under rainfed conditions*. Annals of Applied Biology, 144(3): 309-319.
- TANG, Y.L., YANG, W.Y., TIAN, J.C., JUN, L.I., FANG, C.H., 2008 – *Effect of HMW-GS 6+ 8 and 1.5+ 10 from synthetic hexaploid wheat on wheat quality traits*. Agricultural Sciences in China, 7(10): 1161-1171.

- TYAGI, K., PARK, M.R., LEE, H.J., LEE, C.A., REHMAN, S., STEFFENSON, B., YUN, S.J., 2011 – *Fertile crescent region as source of drought tolerance at early stage of plant growth of wild barley (Hordeum vulgare L. ssp. spontaneum)*. Pakistan Journal of Botany, 43(1): 475-486.
- UAUY, C., BREVIS, J.C., CHEN, X., KHAN, I., JACKSON, L., CHICAIZA, O., DISTELFELD, A., FAHIMA, T., DUBCOVSKY, J., 2005 – *High-temperature adult-plant (HTAP) stripe rust resistance gene Yr36 from Triticum turgidum ssp. dicoccoides is closely linked to the grain protein content locus Gpc-B1*. Theoretical and Applied Genetics, 112: 97-105.
- VARGA, A., HAȘ, V., TRITEAN, N., VANA, C., CĂLUGĂR, R., MUREȘANU, F., ȘOPTERIAN, L., 2022 – *Hibrid de nouă generație semitimpuriu Turda 380 adaptat schimbărilor climatice din zona de centru a țării*. An. INCDA Fundulea, XC: 63-71.
- WANG, C.M., XIA, Z.R., WU, G.Q., YUAN, H.J., WANG, X.R., LI, J.H., TIAN, F.P., ZHANG, Q., ZHU, X.Q., HE, J.J., KUMAR, T., 2016 – *The coordinated regulation of Na⁺ and K⁺ in Hordeum brevisubulatum responding to time of salt stress*. Plant Science, 252: 358-366.
- WANG, S.L., QI, L.L., CHEN, P.D., LIU, D.J., FRIEBE, B., GILL, B.S., 1999 – *Molecular cytogenetic identification of wheat-Elymus tsukushiense introgression lines*. Euphytica, 107: 217-224.
- WEI, W.H., ZHAO, W.P., SONG, Y.C., LIU, L.H., GUO, L.Q., GU, M.G., 2003 – *Genomic in situ hybridization analysis for identification of introgressed segments in alloplasmic lines from Zea mays × Zea diploperennis*. Hereditas, 138: 21-26.
- WILKINSON, M.D., KING, R., GRIMALDI, R., 2018 – *Sequence diversity and identification of novel puroindoline and grain softness protein alleles in Elymus, Agropyron and related species*. Diversity, 10(4): 114.
- XIAO, X., SHA, L., FAN, X., ZHOU, Y., 2012 – *Salt tolerance on seed germination of five Leymus species*. World Journal of Agricultural Sciences, 8(6): 585-589.
- XIE, W., NEVO, E., 2008 – *Wild emmer: genetic resources, gene mapping and potential for wheat improvement*. Euphytica, 164: 603-614.
- XU, S.S., CAI, X., WANG, T., HARRIS, M.O., FRIESEN, T.L., 2006 – *Registration of two synthetic hexaploid wheat germplasms resistant to Hessian fly*. Crop Science, 46(3): 1401-1403.
- YAN, M., LI, M., YANG, Z., YU, F., DU, X., 2021 – *Characterization of 1Sty13, a novel high-molecular-weight glutenin subunit from Elymus sibiricus L*. Plant Genetic Resources, 19(4): 308-311.
- YANG, N., WANG, Y., LIU, X., JIN, M., VALLEBUENO-ESTRADA, M., CALFEE, E., CHEN, L., DILKES, B.P., GUI, S., FAN, X., HARPER, T.K., 2023 – *Two teosintes made modern maize*. Science, 382(6674), p.eadg8940.
- YANG, X., WANG, C., LI, X., CHEN, C., TIAN, Z., WANG, Y., JI, W., 2015 – *Development and molecular cytogenetic identification of a novel wheat-Leymus mollis Lm# 7Ns (7D) disomic substitution line with stripe rust resistance*. PLoS One, 10(10), p.e0140227.
- YANG, Y., WAN, H., YANG, F., XIAO, C., LI, J., YE, M., CHEN, C., DENG, G., WANG, Q., LI, A., MAO, L., 2020 – *Mapping QTLs for enhancing early biomass derived from Aegilops tauschii in synthetic hexaploid wheat*. Plos one, 15(6), p.e0234882.
- YU, X., KONG, H.Y., MEIYALAGHAN, V., CASONATO, S., CHNG, S., JONES, E.E., BUTLER, R.C., PICKERING, R., JOHNSTON, P.A., 2018 – *Genetic mapping of a barley leaf rust resistance gene Rph26 introgressed from Hordeum bulbosum*. Theoretical and Applied Genetics, 131: 2567-2580.
- ZENG, J., CAO, W., HUCL, P., YANG, Y., XUE, A., CHI, D., FEDAK, G., 2013 – *Molecular cytogenetic analysis of wheat-Elymus repens introgression lines with resistance to Fusarium head blight*. Genome, 56(1): 75-82.
- ZHAN, H., LI, G., ZHANG, X., LI, X., GUO, H., GONG, W., JIA, J., QIAO, L., REN, Y., YANG, Z., CHANG, Z., 2014 – *Chromosomal location and comparative genomics analysis of powdery mildew resistance gene Pm51 in a putative wheat-Thinopyrum ponticum introgression line*. PLoS One, 9(11), p.e113455.
- ZHANG, A., LI, W., WANG, C., YANG, X., CHEN, C., ZHU, C., PENG, N., TIAN, Z., WANG, Y., ZHANG, H., LIU, X., 2017 – *Molecular cytogenetics identification of a wheat-Leymus mollis double disomic addition line with stripe rust resistance*. Genome, 60(5): 375-383.
- ZHANG, D., ZHU, K., DONG, L., LIANG, Y., LI, G., FANG, T., GUO, G., WU, Q., XIE, J., CHEN, Y., LU, P., 2019 – *Wheat powdery mildew resistance gene Pm64 derived from wild emmer (Triticum*

- turgidum* var. *dicoccoides*) is tightly linked in repulsion with stripe rust resistance gene *Yr5*. The Crop Journal, 7(6): 761-770.
- ZHANG, X., CUI, C., BAO, Y., WANG, H., LI, X., 2021 – Molecular cytogenetic characterization of a novel wheat-*Thinopyrum intermedium* introgression line tolerant to phosphorus deficiency. The Crop Journal, 9(4): 816-822.
- ZHAO, J., LIU, Y., CHENG, X., PANG, Y., LI, J., SU, Z., WU, J., YANG, Q., BAI, G., CHEN, X., 2019 – Development and identification of a dwarf wheat-*Leymus mollis* double substitution line with resistance to yellow rust and *Fusarium* head blight. The Crop Journal, 7(4): 516-526.
- ZHOU, H., LIU, S., LIU, Y., LIU, Y., YOU, J., DENG, M., MA, J., CHEN, G., WEI, Y., LIU, C., ZHENG, Y., 2016 – Mapping and validation of major quantitative trait loci for kernel length in wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*). BMC Genetics, 17: 1-9.
- ZHU, K., LI, M., WU, H., ZHANG, D., DONG, L., WU, Q., CHEN, Y., XIE, J., LU, P., GUO, G., ZHANG, H., 2022 – Fine mapping of powdery mildew resistance gene *MIWE74* derived from wild emmer wheat (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) in an NBS-LRR gene cluster. Theoretical and Applied Genetics, 135(4): 1235-1245.

Prezentată Comitetului de redacție 29 noiembrie 2023