

## **DETECTAREA VARIANTELOR ALELICE ALE GENEI *NAM-A1* ÎNTR-O COLECȚIE DE GENOTIPURI DE GRÂU DE TOAMNĂ OBTINUTE LA INCDA FUNDULEA**

### **DETECTION OF ALLELIC VARIANTS OF THE *NAM-A1* GENE IN A COLLECTION OF WINTER WHEAT GENOTYPES OBTAINED AT NARDI FUNDULEA**

Daniel Cristina<sup>1</sup>, Alina-Gabriela Turcu<sup>1</sup>, Elena-Laura Coțescu<sup>1</sup>,  
Cristina-Mihaela Marinciu<sup>1</sup>, Gabriela Șerban<sup>1</sup>, Matilda Ciucă<sup>1</sup>

#### **Abstract**

Wheat grain quality, a trait that affects both food processing quality and nutritional value, is the decisive factor in measuring the market potential and commercial value of new wheat varieties.

The “No Apical Meristem” (*NAM*) gene encodes a NAC transcription factor with a role in accelerating senescence, increasing the remobilization of nutrients from leaf tissues to developing grains. Hexaploid wheat has five *NAM* genes, three paralogs (on chromosomes 2A, 2B and 2D) and two homeologs (on chromosomes 6A and 6D) of which *NAM-A1* (6A) has a similar function to *NAM-B1* (*Gpc-B1* - *Triticum turgidum* L. subsp. *dicoccoides*), with beneficial effects on the nutritional quality of cereals and on baking properties.

In this study, 42 wheat lines were analyzed for allelic variants at the *NAM-A1* locus using KASP markers. The results revealed the presence of three haplotypes, namely A1a, A1c and A1d. Among these haplotypes, A1d is predominant in the analyzed material, having a frequency of 71% (30/42), followed by A1c (10%) and A1a (7%). Regarding the protein content, genotypes with the A1a haplotype presented higher values, with an average of 15.2%, followed by A1c (14.9%) and A1d (14.3%). However, there are lines with A1d haplotype that have high protein content, suggesting the existence of other factors influencing this character.

In order to establish the role of the *NAM-A1*, *NAM-B1* and *NAM-D1* genes in hexaploid wheat and their interactions with the environment, further research is necessary to establish the most favorable allelic combinations specific to each growing environment.

**Cuvinte cheie:** conținut de proteină, grâu, KASP, *NAM*.

**Keywords:** grain protein content, wheat, KASP, *NAM*.

---

<sup>1</sup>INCDA Fundulea. E-mail: mcincda@gmail.com

## INTRODUCERE

Grâul (*Triticum aestivum* L.) joacă un rol cheie în majoritatea țărilor din întreaga lume, ca sursă majoră de proteine vegetale. La nivelul Uniunii Europene cultura grâului reprezintă una dintre cele mai importante culturi având, în anul 2021, o pondere 45,6% din suprafața totală cultivată cu cereale. În România, s-a obținut în anul 2021, 7,5% din producția totală de grâu a Uniunii Europene, situându-se pe locul patru în ierarhia Statelor Membre, după Franța, Germania și Polonia ([https://insse.ro/...\\_productia\\_vegetala\\_la\\_principalele\\_culturi\\_in\\_anul\\_2021\\_0.pdf](https://insse.ro/..._productia_vegetala_la_principalele_culturi_in_anul_2021_0.pdf)).

Calitatea boabelor de grâu, o trăsătură care afectează, atât calitatea procesării alimentelor, cât și valoarea nutritivă, este factorul decisiv pentru măsurarea potențialului de piață și a valorii comerciale a noilor soiuri de grâu. Prin urmare, îmbunătățirea genetică a trăsăturilor legate de calitatea grâului a primit o atenție deosebită la scară largă (Wang și colab., 2018; Lou și colab., 2021). Cu toate acestea, schimbările climatice globale modifică climatul regiunilor producătoare de grâu, în special în ceea ce privește temperatura și nivelul precipitațiilor, supunând producția și calitatea grâului la un risc crescut, rezultând astfel provocări uriașe pentru securitatea alimentară și sănătate nutrițională (Lou și colab., 2021).

În grâul hexaploid (*Triticum aestivum* L.) și grâul tetraploid (*Triticum turgidum* L. ssp durum), gena „No Apical Meristem (NAM)” de la locusul *Gpc-B1* (*NAM-B1*) având localizare pe brațul scurt al cromozomului 6BS, codifică un factor de transcripție NAC cu rol în accelerarea senescentei, în creșterea remobilizării nutrienților din țesuturile frunzelor în boabele aflate în curs de dezvoltare (Uauy și colab., 2006a; Uauy și colab., 2006b; Distelfeld și colab., 2012) și astfel, conduce la o creștere concentrației de proteine în cereale. Diferite efecte ale genei *NAM-B1* au fost evidențiate în funcție de interacțiunile dintre genotipuri și combinațiile de mediu. În plus, cinetica optimă a senescentei poate să varieze în funcție de nivelurile de azot (Distelfeld și colab., 2012), ceea ce duce la ipoteza că efectele *NAM-B1* pot depinde și de regimurile de fertilizare.

Majoritatea grâului cultivat prezintă alela nefuncțională a genei *NAM-B1* și, astfel, caracterizarea sa fiziologică a început după introgresia segmentului cromozomial de la specia *Triticum turgidum* L. subsp. *dicoccoides* ce poartă alela funcțională. Cu toate acestea, grâul hexaploid prezintă alte cinci gene *NAM*, trei paraloage (pe cromozomii 2A, 2B și 2D) și două omeoaloage (pe cromozomii 6A și 6D) dintre care *NAM-A1* (6A), genă ce prezintă funcție similară cu *NAM-B1*, cu efecte benefice asupra calității nutriționale a cerealelor și asupra proprietăților de panificație (Avni și colab., 2014).

Polimorfismul evidențiat la nivelul genei *NAM-A1* se datorează identificării a două SNP-uri. Primul SNP (SNP-1) a fost identificat în domeniul NAC al genei și este determinat de inversia C/T. Acest SNP determină substituția aminoacidului alanină cu aminoacidul valină în secvența proteică. Al doilea SNP este determinat de o inserție/deleție (IN/DEL) A/del ce determină obținerea unei proteine truncate. Aceste două SNP-uri determină o variabilitate genetică concretizată prin patru haplotipuri (*NAM-A1a*, *NAM-A1b*, *NAM-A1c* și *NAM-A1d*), iar *NAM-A1b* este posibil să fi apărut ca urmare a recombinării dintre haplotipurile *NAM-A1c* și *NAM-A1d* (Cormier și colab., 2015). Studii ulterioare (Alhabbar și colab., 2018), efectuate pe soiuri de grâu australiene,

cu scopul de a investiga asocierile dintre eficiența utilizării azotului și compoziția alelică a genelor *NAM*, au evidențiat faptul că alela nefuncțională *NAM-B1* a fost mai sensibilă la nivelurile de azot și a crescut semnificativ eficiența utilizării azotului (N), ceea ce duce la o producție mai mare de grâu, dar la un conținut redus de proteine. În același studiu, pentru gena *NAM-A1*, s-a demonstrat asocierea semnificativă cu durata perioadei de umplere a boabelor de grâu. În timp ce alela *NAM-A1* a fost asociată cu o fază scurtă până la moderată de umplere a boabelor, alelele c și d au fost legate de faza de umplere a boabelor moderată până la lungă. Astfel, selecția combinațiilor adecvate ale alelelor genei *NAM* poate reprezenta un mecanism de reglare fină a duratei fazelor de creștere care afectează relațiile surse de substanțe (sinteza substanțelor) - depozite de substanțe (rezerve), ceea ce oferă o oportunitate de a dezvolta soiuri cu eficiență crescută de utilizare a azotului pentru anumite condiții de mediu.

Scopul acestui studiu a constat în screeningul unei germoplasme de grâu de toamnă pentru a determina variabilitatea genetică existentă la nivelul genei *NAM-A1* cu ajutorul tehnicii KASP.

## **MATERIAL ȘI METODE**

*Materialul biologic* a constat din 42 de linii de grâu de toamnă obținute la INCDA Fundulea (tabelul 1).

### *Analize de calitate*

Determinarea parametrilor pentru calitatea boabelor s-a realizat în doi ani, respectiv, 2021 și 2022, și au fost determinați cu ajutorul următoarelor echipamente: analizor de boabe INFRATEC 1241 FOSS, Reomixer și Alveograf Chopin (Marinciu și colab., 2019).

### *Analize moleculare*

Analizele moleculare pentru detectarea variantelor alelice de la nivelul locusului *NAM-A1* s-a realizat cu ajutorul tehnicii KASP („Kompetitive allele specific PCR”).

Această tehnică de genotipare are la bază utilizarea unor oligo-extensii, marcate fluorescent. Amplificarea KASP se realizează cu ajutorul unui mix de reacție ce conține casete universale FRET (FAM, HEX/VIC), fluorofor (colorant) de referință pasiv ROX, Taq polimerază, nucleotide libere și MgCl<sub>2</sub> într-o soluție tampon optimizată (LGC Bioresearch Technologies).

Primerii utilizați la această tehnică sunt reprezentați de doi primeri forward specifici fiecărei alele de la nivelul SNP-ului și un primer revers comun. Primerii forward conțin la capătul 5', pe lângă secvența specifică regiunii de interes, și o coadă unică ce corespunde cu una din casetele universale FRET: coada FAM - GAAGGTGACCAAGTTCATGCT și coada HEX/VIC - GAAGGTCGGAGTCAACGGATT.

Reacțiile de amplificare ADN pentru tehnica KASP s-au efectuat cu KASP-TF V4.0 2X Master Mix de la LGC Biosearch Technologies. Pe baza recomandărilor producătorului acestui mix de reacție parametrii termici de amplificare au fost următorii:

94°C - 15 min	activarea enzimei (Hot-start)
94°C - 20 s	X 10 cicluri tip touchdown (temperatura de annealing scade cu 0,6°C per ciclu)
61-55°C - 60 s	
94°C - 20 s	X 26 cicluri
55°C - 60 s	

Citirea și interpretarea rezultatelor tehnicii KASP s-a realizat cu ajutorul cititorului de plăci FLUOstar Omega (BMG Labtech) și a softului KlusterCaller (LGC Biosearch Technologies).

Secvența primerilor (Cormier și colab., 2015):

NAM-6A-SNP1

NAM-6A-SNP1\_Fam: GAAGGTGACCAAGTTCATGCTTACCGCCTCACCGACGT

NAM-6A-SNP1\_HexC:GAAGGTCTGGAGTCAACGGATTACCGCCTCACCGACGC

NAM-6A-SNP1\_Com: TGTACGTACCCTCAGAGAGGCT

NAM-6A-SNP2

NAM-6A-SNP2\_FamA: GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGCGCCACCTCTGGTTTCCA

NAM-6A-SNP2\_Hex\_del: GAAGGTCTGGAGTCAACGGATTGCGCCACCTCTGGTTTCCG

NAM-6A-SNP2\_Com: GATTCCAGTTCACGCCGATACTT

## REZULTATE ȘI DISCUȚII

Rezultatele integrale privind calitatea materialului analizat (media valorilor pentru cei doi ani, 2021 și 2022), cât și cele privind variabilitatea alelică de la nivelul celor două SNP-uri ale genei *NAM-A1* sunt prezentate în tabelul 1.

**Detectarea variantelor alelice ale genei *NAM-A1*  
într-o colecție de genotipuri de grâu de toamnă obținute la INCDA Fundulea**

105

*Tabelul 1*

**Rezultate moleculare privind variabilitatea genetică la locusul *NAM-A1*  
și indici calitativi la un set de linii de grâu de toamnă**  
(Molecular results for genetic variability of *NAM-A1* locus  
and quality results obtained on winter wheat set lines)

Probe	SNP1	SNP2	Haplotipuri <i>NAM-A1</i>	Media valorilor pe doi ani (2021 și 2022)						
				Proteină (%)	Umiditate (%)	Amidon (%)	Gluten umed (%)	Indicele de sedimentare Zeleny (ml)	Tărie aluat (J)	Duritate bob (%)
GGEN-1b	T	del	A1d	14,8	11,3	64,3	37,7	51,3	325,0	71,3
GGEN-1c	T	del	A1d	14,3	11,9	64,7	35,2	47,8	288,3	64,1
GGEN-2	T	del	A1d	14,4	11,4	64,5	35,7	50,7	309,6	68,8
GGEN-3	T	del	A1d	15,2	11,4	64,2	37,9	49,9	338,8	49,1
GGEN-4	T	del	A1d	14,6	11,5	66,0	36,7	46,6	325,6	48,8
GGEN-5	T	del	A1d	14,5	11,4	65,4	36,3	51,2	319,3	61,8
GGEN-6	T	del	A1d	14,1	11,9	65,8	35,6	46,9	276,7	65,7
GGEN-7	T	del	A1d	13,8	11,6	66,3	34,3	40,6	284,9	60,5
GGEN-8	T	del	A1d	13,9	11,5	65,2	33,2	41,0	300,2	58,8
GGEN-9	T	del	A1d	13,8	11,3	65,5	33,4	39,3	308,2	60,7
GGEN-10	T	del	A1d	13,7	12,3	65,6	32,0	39,1	252,3	39,5
GGEN-11	T	del	A1d	14,6	11,8	66,6	35,9	46,2	301,8	46,3
GGEN-12	C	H	A1a/b	13,5	12,1	66,3	32,4	40,0	261,8	58,0
GGEN-13	T	del	A1d	14,9	11,6	64,3	35,5	45,8	339,8	47,3
GGEN-14	T	del	A1d	14,2	11,3	65,1	34,9	42,9	283,2	51,0
GGEN-15	C	A	A1a	15,1	11,3	64,6	36,6	45,0	329,5	45,4
GGEN-16	T	del	A1d	13,2	11,5	65,9	31,4	33,9	283,1	43,4
GGEN-17	C	A	A1a	16,3	11,1	62,9	40,1	51,1	382,5	54,5
GGEN-18	T	del	A1d	14,4	11,5	65,0	35,5	48,0	322,1	64,3
GGEN-19	T	del	A1d	14,6	11,5	64,9	36,7	49,3	311,5	59,9
GGEN-20	T	del	A1d	15,2	11,2	63,7	37,7	48,0	330,6	51,0
GGEN-21	C	na	na	13,4	12,1	46,6	36,2	42,6	267,1	45,7
GGEN-22	T	A	A1c	15,6	10,4	63,9	39,0	51,4	345,6	45,7
GGEN-23	T	A	A1c	14,2	10,7	66,8	36,4	43,8	293,0	59,5
GGEN-24	T	A	A1c	15,0	10,7	64,2	37,6	51,3	317,8	53,6
GGEN-25	C	H	A1a/b	16,4	11,8	64,1	42,1	61,4	345,8	57,1
GGEN-26	T	del	A1d	12,7	12,4	65,9	30,3	36,9	259,9	71,0
GGEN-27	T	del	A1d	14,9	12,4	62,8	36,9	47,2	318,9	71,5
GGEN-28	T	del	A1d	13,0	12,6	65,3	30,3	36,7	235,0	54,9
GGEN-29	T	del	A1d	13,2	12,6	65,7	31,8	37,6	256,1	52,7
GGEN-31	T	del	A1d	13,4	12,1	65,3	32,3	40,8	279,2	63,4
GGEN-32	T	del	A1d	16,4	12,2	61,8	39,2	55,7	336,7	56,1
GGEN-35	T	del	A1d	14,7	11,3	63,9	36,2	45,6	321,7	58,3
GGEN-36	C	A	A1a	14,2	11,4	65,0	34,7	47,0	292,6	61,4
GGEN-37	C	H	h	15,6	11,5	62,5	38,7	55,7	331,1	66,0
GGEN-38	T	del	A1d	14,1	11,7	65,9	34,9	40,2	275,7	56,5
GGEN-39	T	A	A1c	14,7	11,3	65,4	36,4	49,3	313,6	50,5
GGEN-40	C	H	A1a/b	15,0	11,5	64,6	37,0	51,7	314,7	57,3
GGEN-41	T	del	A1d	15,0	11,2	64,6	37,6	52,9	361,5	64,8
GGEN-42	T	del	A1d	14,6	12,1	63,8	36,0	52,7	293,1	71,3
GGEN-43	T	del	A1d	14,1	11,2	64,6	33,7	41,2	309,4	53,7
GGEN-44	T	del	A1d	14,6	11,4	64,7	35,4	44,8	288,8	43,2

Analizele moleculare efectuate cu cei doi markeri KASP aferenți SNP-urilor 1 și 2 (figura 1) au evidențiat faptul că în germoplasma de grâu studiată predomină alela T pentru SNP-1 (81%) și alela cu deleție la SNP-2 (71%), rezultând 3 haplotipuri, respectiv, *NAM-A1a*, *NAM-A1c* și *NAM-A1d*, dar și materiale heterozigote ce sugerează posibilă prezența haplotipului *NAM-A1b*.

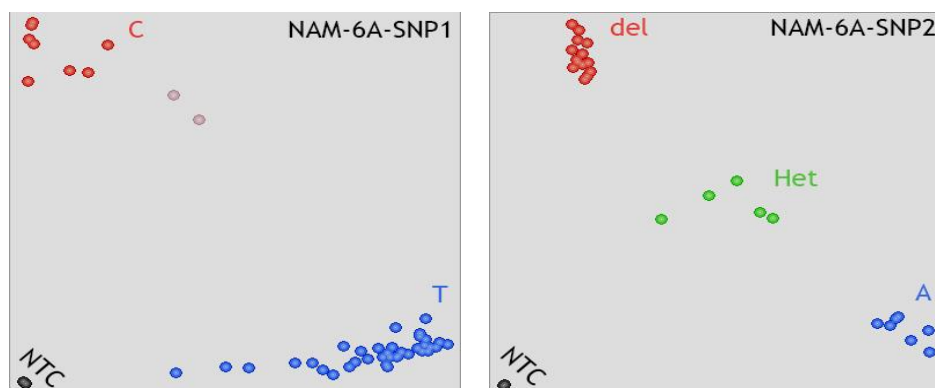


Figura 1 – Rezultatele analizei KASP pentru cele două SNP-uri (roșu = alelă de tip HEX; albastru = alelă de tip FAM; verde = heterozigot/heterogen; negru = probă de control fără ADN)  
[KASP results for NAM-SNP1 and NAM-SNP2 (red = HEX-type allele; blue = FAM-type allele; green = heterozygous/heterogen; black dots represent non-template control)]

Dintre aceste haplotipuri, *NAM-A1d* a fost haplotipul cel mai prezent în materialul studiat, fiind evidențiat în 30 de linii de grâu (71%), urmat de haplotipul *NAM-A1c* (10%) și *NAM-A1a* (7%) (tabelul 2) și material heterozigot la nivelul SNP-ului 2 (10%).

Tabelul 2

**Frecvența haplotipurilor genei *NAM-A1* (6A) în germoplasma de grâu analizată**  
[*NAM-A1* (6A) haplotype frequency in wheat germplasm used in this study]

Haplotip	SNP-1	SNP-2	Frecvența haplotip (%)
<i>NAM-A1a</i>	C	A	7
<i>NAM-A1b</i>	C	Del	Nedetecat
<i>NAM-A1c</i>	T	A	10
<i>NAM-A1d</i>	T	Del	71
Heterozigot	C/T	A/Del	10
Nedeterminat	C	NA*	2

În ceea ce privește indicii calitativi, s-a observat faptul că genotipurile ce prezintă haplotipul *NAM-A1a* prezintă valori superioare pentru conținutul de proteine (medie 15,2%) și tăria aluatului (334,8) față de celelalte genotipuri ce prezintă haplotipurile *A1c* (14,9% proteină; tărie aluat 317,5) și *A1d* (14,3% proteină; tărie aluat 301,2). Genotipurile cu haplotipul *NAM-A1c* prezintă, în medie, valori mai mari decât celelalte două variante pentru amidon, gluten și indicele Zeleny, în timp ce genotipurile cu haplotipul *A1d* prezintă valori superioare pentru duritatea boabelor (tabelul 3).

*Tabelul 3*

**Haplotipurile genei *NAM-A1* și mediile datelor fenotipice**  
(*NAM-A1* haplotypes and average phenotypic data)

Haplotip <i>NAM-A1</i>	Nr. genotipuri	Medii pe doi ani (2021-2022)						
		Proteină (%)	Umiditate (%)	Amidon (%)	Gluten umed (%)	Indicele de sedimentare Zeleny (ml)	Tărie aluat (J)	Duritate bob (%)
A1a	3	15,2	11,3	64,2	37,1	47,7	334,8	53,8
A1c	4	14,9	10,8	65,1	37,3	48,9	317,5	52,3
A1d	30	14,3	11,7	64,9	35,0	45,0	301,2	57,7

În ceea ce privește conținutul de proteine al genotipurilor cu varianta *NAM-A1d* s-a observat că acesta a variat între 12,7 și 16,4. În studii similare, această variantă a fost evidențiată în mod preponderent în elitele europene moderne sugerând că haplotipul ar fi fost selectat în procesul de ameliorare (Cormier și colab., 2015). De asemenea, analiza unei colecții de bază de la nivel mondial, a evidențiat că varianta considerată funcțională, *NAM-A1a*, se găsește în principal în varietăți din Nepal (21 din 23 de genotipuri), China (8 din 16 genotipuri) și Japonia (7 din 12 genotipuri). Mai mult, liniile/soiurile care poartă haplotipul *NAM-A1a* sunt în mare parte grâu de primăvară. De asemenea, studiul unei colecții de elite a evidențiat prezența alelei A1a în elitele cu o calitate superioară de panificație (Cormier și colab., 2015).

Screeningul unor soiuri de grâu de primăvară, din Rusia, pentru variantele alelice ale genei *NAM-A1* a indicat că 60% dintre soiurile analizate conțineau alela *NAM-A1c*, urmată de *NAM-A1d* (33%) și alela *NAM-A1a* (5%). Soiurile cu alela *NAM-A1d* au prezentat un conținut de proteine semnificativ ( $p < 0,01$ ) mai mic decât cele cu *NAM-A1c* și *NAM-A1a* și nu au fost observate diferențe semnificative între alelele evidențiate la locusul *NAM-A1*, atât pentru greutatea boabelor per spic, cât și pentru masa a o mie boabe (Leonova și colab., 2022).

Un alt studiu, efectuat de Yang și colab. (2018), demonstrează că prezența alelei nefuncționale *NAM-B1* este legată de întârzierea senescenței frunzelor, însemnând o perioadă mai lungă de umplere a boabelor și, în general, o eficiență de utilizare a azotului mai mare. Pe de altă parte, studiul lor a evidențiat și faptul că alela funcțională *NAM-B1* și alela *NAM-A1a* au fost asociate cu o perioadă mai scurtă de umplere a boabelor, ceea ce le face utile în regiunile cu un sezon de precipitații scurt, cum ar fi Australia de Vest.

De asemenea, au observat o corelație negativă între alela *NAM-B1* nefuncțională și conținutul de proteine din soiurile analizate. În schimb, prezența alelei funcționale *NAM-B1* s-a corelat cu un conținut mai mare de proteine. Compoziția alelică a genei *NAM-A1* a fost, de asemenea, puternic asociată cu tipurile de maturitate. Soiurile cu alele *NAM-A1a* și *b* au demonstrat maturitate timpurie până la mijlocie, în timp ce soiurile cu alele *NAM-A1c*

și *d* au prezentat maturitate medie până la târzie la același fond genetic (nefuncțional) al alelei *NAM-B1*. Selecția de combinații specifice de alele *NAM-I* oferă o oportunitate de a dezvolta noi soiuri cu eficiență ridicată a utilizării azotului pentru medii țință.

Totodată, sunt necesare abordări privind rolul și variabilitatea genetică a genei *NAM-D1*, în vederea stabilirii precise a rolurilor genelor *NAM-A1*, *NAM-B1* și *NAM-D1* în grâul hexaploid și a interacțiunilor acestora cu mediu. Astfel, se poate stabili combinația alelică favorabilă specifică unui mediu.

## CONCLUZII

Din totalul de 42 de linii de grâu cu diferite fonduri genetice caracterizate pentru variantele alelice ale genei *NAM-A1* s-a constatat că varianta alelică *NAM-A1d* predomină în materialul analizat.

Piramidarea alelelor *NAM-A1* și *-B1*, care sunt asociate cu conținut ridicat de proteină, în noi soiuri/linii este realizabilă cu ajutorul selecției asistate de markeri.

## SURSA DE FINANȚARE

Cercetările au fost finanțate de către Ministerul Cercetării, Dezvoltării, Inovării și Digitalizării prin programul NUCLEU, proiect PN19.25.01.01 (2019-2022).

## REFERINȚE BIBLIOGRAFICE

- ALHABBAR, Z., YANG, R., JUHASZ, A., XIN, H., SHE, M., ANWAR, M., SULTANA, N., DIEPEVEEN, D., MA, W., ISLAM, S., 2018 – *NAM gene allelic composition and its relation to grain-filling duration and nitrogen utilisation efficiency of Australian wheat*. PLoS One, 13(10): p.e0205448.
- AVNI, R., ZHAO, R., PEARCE, S., JUN, Y., UAUY, C., TABBITA, F., FAHIMA, T., SLADE, A., DUBCOVSKY, J., DISTELFELD, A., 2014 – *Functional characterization of GPC-1 genes in hexaploid wheat*. Planta, 239(2): 313-324.
- CORMIER, F., THROUDE, M., RAVEL, C., LE GOUIS, J., LEVEUGLE, M., LAFARGE, S., EXBRAYAT, F., DURANTON, N., PRAUD, S., 2015 – *Detection of NAM-A1 natural variants in bread wheat reveals differences in haplotype distribution between a worldwide core collection and European elite germplasm*. Agronomy, 5(2): 143-151.
- DISTELFELD, A., PEARCE, S.P., AVNI, R., SCHERER, B., UAUY, C., PISTON, F., SLADE, A., ZHAO, R., DUBCOVSKY, J., 2012 – *Divergent functions of orthologous NAC transcription factors in wheat and rice*. Plant Molecular Biology, 78(4): 515-524.
- LEONOVA, I.N., KISELEVA, A.A., BEREZHNYAYA, A.A., STASYUK, A.I., LIKHENKO, I.E., SALINA, E.A., 2022 – *Identification of QTLs for grain protein content in russian spring wheat varieties*. Plants, 11(3): 437.
- LOU, H., ZHANG, R., LIU, Y., GUO, D., ZHAI, S., CHEN, A., ZHANG, Y., XIE, C., YOU, M., PENG, H., LIANG, R., 2021 – *Genome-wide association study of six quality-related traits in common wheat (Triticum aestivum L.) under two sowing conditions*. Theoretical and Applied Genetics, 134(1): 399-418.
- MARINCIU, C.M., ȘERBAN, G., ITTU, G., SĂULESCU, N.N., 2019 – *Quality parameters of several winter wheat varieties tested at NARDI Fundulea*. An. INCDA Fundulea, 87: 7-18.
- PRODUCȚIA VEGETALĂ LA PRINCIPALELE CULTURI ÎN ANUL 2021 – Available online at: [https://insse.ro/cms/sites/default/files/field/publicatii/productia\\_vegetala\\_la\\_principalele\\_culturi\\_in\\_anul\\_2021\\_0.pdf](https://insse.ro/cms/sites/default/files/field/publicatii/productia_vegetala_la_principalele_culturi_in_anul_2021_0.pdf) (ultima accesare 19.10.2022).



- UAUY, C., BREVIS, J.C., DUBCOVSKY, J., 2006a – *The high grain protein content gene Gpc-B1 accelerates senescence and has pleiotropic effects on protein content in wheat*. Journal of Experimental Botany, 57(11): 2785-2794.
- UAUY, C., DISTELFELD, A., FAHIMA, T., BLECHL, A., DUBCOVSKY, J., 2006b – *A NAC gene regulating senescence improves grain protein, zinc, and iron content in wheat*. Science, 314(5803): 1298-1301.
- WANG, D., ZHANG, K., DONG, L., DONG, Z., LI, Y., HUSSAIN, A., ZHAI, H., 2018 – *Molecular genetic and genomic analysis of wheat milling and end-use traits in China: progress and perspectives*. The Crop J., 6: 68-81. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.10.001>
- YANG, R., JUHASZ, A., ZHANG, Y., CHEN, X., ZHANG, Y., SHE, M., ZHANG, J., MADDERN, R., EDWARDS, I., DIEPEVEEN, D., ISLAM, S., 2018 – *Molecular characterisation of the NAM-1 genes in bread wheat in Australia*. Crop and Pasture Science, 69(12): 1173-1181.

*Prezentată Comitetului de redacție 30 septembrie 2022*