



MINISTERUL AGRICULTURII
ȘI DEZVOLTĂRII RURALE



ADER 311

Faza III - 2025

*Cercetări privind utilizarea markerilor moleculari
pentru crearea și promovarea în producție a unor
soiuri de grâu cu rezistență genetică la bolile
criptogamice*



ADER 311 (2023-2026)

Proiect finanțat prin: Ministerul Agriculturii și Dezvoltării Rurale

Tip proiect: Plan Sectorial 2023-2026 - ADER 2026

Acronim proiect: ADER 3.1.1.

Contract nr.: 311/17.07.2023

Autoritatea Contractantă: Ministerul Agriculturii și Dezvoltării Rurale, Planul sectorial pentru cercetare-dezvoltare din domeniul agricol și de dezvoltare rurală pe anii 2023-2026, "Agricultură și Dezvoltare Rurală - ADER 2026"

CONSORTIU PROIECT

Contractor: Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Agricolă Fundulea (Director de proiect: Dr. Daniel CRISTINA)

Partener 1: Universitatea pentru Științele Vieții "Ion Ionescu de la Brad" din Iași (Responsabil proiect: Dr. Iulian GABUR)

Partener 2: Institutul de Biologie București al Academiei Române (Responsabil proiect: Dr. Florența- Elena HELEPCIUC)

Partener 3: Universitatea de Științe Agronomice și Medicină Veterinară din București (Responsabil proiect: Dr. Mihaela IORDĂCHESCU)

Faza 3/2025

Perioada de derulare: 31.10.2024 - 30.10.2025

Obiectivul general al proiectului (nr. 3): DEZVOLTAREA DE CERCETĂRI FUNDAMENTALE, ÎN SCOPUL DESCHIDERII DE NOI CĂI DE PROGRES ÎN CERCETAREA APLICATIVĂ.

Obiectivul specific al proiectului (3.1): Dezvoltarea cercetărilor de genetică, genetică moleculară, genomică și proteomică, pentru deschiderea de noi orizonturi în ameliorare.

DESCRIEREA ȘTIINȚIFICĂ ȘI TEHNICĂ

Faza: nr. III/2025 - Îmbunătățirea metodologiei de testare, validare și selecție a germoplasmei de grâu de toamnă cu însușiri superioare pentru minimizarea impactului bolilor criptogamice (rugini, mălură și/sau septorioză)

Termen: 31.10.2024 început fază - 30.10.2025 predare fază.

Obiectivele fazei:

1. Utilizarea speciilor sălbatice înrudite cu grâul pentru creșterea diversității genetice la nivelul germoplasmei adaptate/ameliorate de grâu de toamnă.
2. Îmbunătățirea metodologiei de testare, validare și selecție a germoplasmei de grâu de toamnă cu însușiri superioare pentru minimizarea impactului bolilor criptogamice.
3. Explorarea interacțiunilor dintre rădăcinile grâului și speciile de *Tilletia* ce determină mălura comună.

- Activitate 3.1. Analize moleculare pentru detectarea alelelor de rezistență în vederea piramidării/cumulării genelor sau elementelor ce conferă grâului rezistență la rugini, septorioză și/sau mălură (CP, P1).
- Activitate 3.2. Analize moleculare privind elemente genetice asociate cu producții ridicate (CP).
- Activitate 3.3. Noi hibridări cu specii sălbatice (biotipurile evidențiate în faza 2 cu elemente de rezistență la boli fungice) (CP).
- Activitate 3.4. Caracterizarea moleculară a unor amfiploizi sintetici privind rezistența la boli fungice (CP). Continuarea hibridărilor pentru obținerea de noi amfiploizi sintetici (CP).
- Activitate 3.5. Observații fenotipice în câmp privind rezistența/sensibilitatea la boli fungice (CP, P1).
- Activitate 3.6. Evaluarea pe baza unor analize genomice a efectului piramidării genelor de rezistență la boli (rugini, septorioză și/sau mălură) în linii de grâu (CP, P1)
- Activitate 3.7. Analize genomice pentru identificarea de noi surse de rezistență la boli fungice (P1).
- Activitate 3.8. Analize de microscopie și/sau biochimice privind răspunsul plantelor la atacul bolilor fungice (P2).
- Activitate 3.9. Elaborarea/optimizarea unor metode biochimice pentru analiza unor enzime cu implicații în răspunsul de apărare al plantelor de grâu la atacul speciilor de *Tilletia* (CP+P2).
- Activitate 3.10. Selecție materiale cu progres genetic (CP, P1, P2, P3).
- Activitate 3.11. Elaborarea unor metode de lucru in vitro privind explorarea interacțiunii dintre rădăcinile grâului și *Tilletia* sp. (CP+P3).
- Activitate 3.12. Testarea in vitro a unor substanțe cu efect alelopativ, sintetizate de grâu la nivelul rădăcinii, asupra germinării teliosporilor de *Tilletia* sp. (CP+P3).
- Activitate 3.13. Elaborarea/optimizarea unor metode de microscopie/biochimice pentru evidențierea infecției/rezistenței plantelor de grâu contaminate cu *Tilletia* (CP+P2).
- Activitate 3.14. Introducerea în testare a unor linii cu progres genetic în culturi comparative și multiplicare semințe (CP, P1).
- Activitate 3.15. Introducerea în sistemul oficial de testare și înregistrare a unei linii noi de grâu (CP).
- Activitate 3.16. Diseminarea rezultatelor.
- Activitate 3.17. Realizarea dispozitivului experimental din câmp pentru anul 2026 (CP).
- Activitate 3.18. Analiza rezultatelor preliminare și stabilirea strategiei pentru următoarea etapă (CP, P1, P2, P3).

Bolile criptogamice (bolile fungice) precum **ruginile**, **septorioza** (pătarea frunzelor) și **mălura** reprezintă o amenințare semnificativă pentru producția de grâu, având un impact negativ asupra producției și calității recoltei, impact ce poate varia în funcție de mai mulți factori, cum ar fi condițiile meteorologice, rasele de patogeni, practicile agricole și nivelul de rezistență genetică al soiurilor de grâu cultivate.

Rezistența la bolile fungice reprezintă o provocare continuă pentru cercetători și amelioratori. Modelele de virulență unice și complexe, evoluția continuă ce conduce la învingerea/depășirea rezistenței genetice în soiuri, schimbările în dinamica populației, migrația transfrontalieră au dus la epidemii localizate/regionale care duc la amenințări la adresa securității alimentare. Acest lucru subliniază necesitatea de a identifica, caracteriza și utiliza gene eficiente de rezistență la rugini, septorioză și mălură din diverse surse în liniile de pre-ameliorare și ulterior în viitoarele soiuri de grâu.

Utilizarea rezistenței genetice și introducerea genelor de rezistență la mai multe rase specifice, cu efect pleiotrop și la nivel de plantă adultă, în linii de grâu, pot îmbunătăți durabilitatea rezistenței.



Rezistența genetică folosită de amelioratori se prezintă sub două clase generale de gene bazate pe efectele lor fenotipice, rezistența specifică rasei sau tulpinii patogenului (genele R) și genele de rezistență a plantelor la faza adultă („adult plant resistance” - APR). Genele R funcționează în principal de la plantulă („seedling resistance” - SR) până la stadiile avansate de creștere a plantelor („all stage resistance” - ASR), în timp ce genele APR funcționează în principal la stadiul de plantă adultă. Genele de rezistență la ruginile grâului din clasele R și APR sunt desemnate *Lr*, *Yr* și *Sr* (pentru rugina brună, galbenă și, respectiv, neagră), fără distincție între clasele R sau APR.

Genele ASR oferă rezistență în toate stadiile de creștere ale plantei dar această rezistență se pierde în timp datorită evoluției continue a patogenului.

Genele APR oferă rezistență durabilă pe termen lung. Unele dintre genele APR, cum ar fi *Lr34*, *Lr46* și *Lr67*, au fost clonate și s-au dovedit a fi loci ce conferă rezistență conferă rezistență durabilă nu numai împotriva ruginii brune, dar și împotriva ruginii galbene, ruginii negre, făinare, și la virusul piticirii galbene a orzului -BYDV: *Lr34/Sr57/Yr18/Pm38/Bdv1*, *Lr46/Yr29/Sr58/Pm39* și *Lr67/Sr55/Yr46/Pm46*

Utilizarea genelor APR împreună cu 4-5 gene de rezistență la plantulă (SR), ASR și/sau QTL-uri este o strategie care oferă rezistență durabilă, putând să ajungă până la imunitate.

Screeningul detaliat al germoplasmei poate duce la descoperirea unor mecanisme alternative de apărare. Mecanismele de evitare pot reduce șansele de infecție. Astfel de exemple de evitare sunt reprezentate de proprietățile suprafeței frunzelor care interferează cu patogenul, orientarea tubului germinativ și găsirea stomatelor pentru a intra în frunze. Stomatele în unele cazuri sunt acoperite excesiv de ceară cuticulară care împiedică tuburile de germinație ale fungilor (*Puccinia sp.*) să recunoască/găsească stomatele, ceea ce duce la eșecul penetrării agentului patogen în frunză.

Analizele moleculare din această fază s-au realizat pe un material biologic format din 265 de linii de grâu din cadrul a 5 populații, 44 de linii cultivate pe parcele (selectate în etapa anterioară) și 16 amfiploizi sintetici.

Nr. Crt.	Genotip	Genealogie
1	15-2	Litera x DH4B Fav/GEW
2	15-3	Litera x DH4B Fav/GEW
3	15-4	Litera x DH4B Fav/GEW
4	15-5	Litera x DH4B Fav/GEW
5	15-6	Litera x DH4B Fav/GEW
6	15-7	Litera x DH4B Fav/GEW
7	15-8	Litera x DH4B Fav/GEW
8	15-9	Litera x DH4B Fav/GEW
9	15-10	Litera x DH4B Fav/GEW
10	15-12	Litera x DH4B Fav/GEW
11	15-13	Litera x DH4B Fav/GEW
12	15-14	Litera x DH4B Fav/GEW
13	15-15	Glosa x DH4B Fav/GEW
14	15-16	Glosa x DH4B Fav/GEW
15	15-17	Glosa x DH4B Fav/GEW
16	15-18	Glosa x DH4B Fav/GEW
17	15-19	Glosa x DH4B Fav/GEW
18	15-20	Glosa x DH4B Fav/GEW
19	15-22	Glosa x DH4B Fav/GEW
20	15-23	Glosa x DH4B Fav/GEW
21	15-24	Glosa x DH4B Fav/GEW
22	15-25	Glosa x DH4B Fav/GEW
23	16-2	Glosa x DH4B Fav/GEW
24	16-3	Glosa x DH4B Fav/GEW

Nr. Crt.	Genotip	Genealogie
25	16-4	Glosa x DH4B Fav/GEW
26	16-5	Glosa x DH4B Fav/GEW
27	16-6	A2-183 x DH4B Fav/GEW
28	16-7	A2-183 x DH4B Fav/GEW
29	16-8	B2-24 x DH4B Fav/GEW
30	16-9	B2-24 x DH4B Fav/GEW
31	16-10	B2-24 x DH4B Fav/GEW
32	16-12	B2-24 x DH4B Fav/GEW
33	16-13	B2-24 x DH4B Fav/GEW
34	16-14	B2-24 x DH4B Fav/GEW
35	16-15	B2-24 x DH4B Fav/GEW
36	16-16	B2-24 x DH4B Fav/GEW
37	16-17	B2-24 x DH4B Fav/GEW
38	16-18	B2-24 x DH4B Fav/GEW
39	16-19	B2-24 x DH4B Fav/GEW
40	16-20	B2-24 x DH4B Fav/GEW
41	16-22	B2-24 x DH4B Fav/GEW
42	16-23	B2-24 x DH4B Fav/GEW
43	16-24	B2-24 x DH4B Fav/GEW
44	16-25	B2-24 x DH4B Fav/GEW

Număr de genotipuri	Cod 2025	Genealogie
91	H411	B2-98 x E1a
27	H419	Bogdana x (H9g gri x Bogdana)
27	H421	Consecvent x (H9g gri x Consecvent)
24	H422	(H9g gri x Consecvent) x Consecvent
96	H423	B2-98 x Amurg

Genotip	Genealogie
E46	DDU 8 / Tauschii squarrosa (2466)
H354	Condur / Tauschii squarrosa 2453
H355	Condur / Tauschii squarrosa strangulata 2468
H362	DDU 8 / Tauschii squarrosa 2453
H365	DDU 2-24 / Tauschii squarrosa 2453
H366	DDU 2-24 / Tauschii squarrosa strangulata 2468
H369	GCO 3-25 / Tauschii squarrosa 2453
H373	Grandur / Tauschii squarrosa strangulata 2468
H373A	Grandur / Tauschii squarrosa strangulata 2468
H373B	Grandur / Tauschii squarrosa strangulata 2468
H373C	Grandur / Tauschii squarrosa strangulata 2468
H373D	Grandur / Tauschii squarrosa strangulata 2468
H377	DDU 2-24 / Tauschii squarrosa 2453
H381	GCO 3-25 / Tauschii squarrosa 2453
H391-1	Agedur / Triticum urartu (1)
H394	Pandur / Tauschii squarrosa strangulata 2468

Analizele moleculare au fost demarate cu reacțiile pentru evidențierea prezenței translocației cu cromatină de secară 1RS:1AL. Rezultatele moleculare privind prezența translocației 1RS:1AL în liniile H411 (B2-98 x E1a) au evidențiat prezența acesteia în 56 din cele 91 de linii. În cazul liniilor H423 (B2-98 x Amurg) prezența translocației 1RS:1AL a fost evidențiată în 62 din cele 96 de linii analizate.

Gena *Lr9* cu originea în *Triticum umbellulatum* este o genă localizată pe cromozomul 6B ce conferă rezistență la rugina brună în toate stadiile de dezvoltare ale plantelor („All Stage Resistance” - ASR). Analizele efectuate pe grupul de linii H419 au evidențiat prezența alelei de rezistență în formă homozigotă în 19 linii, 6 linii heterozigote și 1 linie cu alela de sensibilitate. În cazul H421, alela de rezistență a fost identificată în 25 din cele 27 de linii și două linii ce prezintă formă heterozigotă. În grupul H422, alela de rezistență a fost identificată în 14 linii, restul de 10 linii prezentând varianta homozigotă.

Gena *Lr21* este localizată pe cromozomul 1DS și este o genă ce conferă rezistență la rugina brună la planta adultă („Adult Plang Resistance” - APR). Analizele moleculare efectuate pe liniile H411 au evidențiat prezența alelei de rezistență în 62 linii.

Gena *Lr24* localizată pe cromozomul 3DL (origine *Agropyron elongatum*) este o genă ce conferă rezistență la rugina brună la plantulă („Seedling Resistance” - SR). Gena *Lr24* este înălțuită cu gena *Sr24* ce conferă rezistență la rugina neagră. Rezultatele obținute în această etapă pentru grupul de linii H411 au evidențiat prezența alelei de rezistență în formă homozigotă în 19 linii, 25 linii heterozigote și 47 de linii ce prezintă alela de sensibilitate. În cazul liniilor H419 o singură linie a prezentat alela de rezistență în formă homozigotă, 15 linii heterozigote și 11 linii ce prezintă alela de sensibilitate. Pentru grupul de linii H421 prezența genei *Lr24* a fost mai scăzută, doar 9 din cele 27 de linii prezintă varianta heterozigotă și 18 linii alela de sensibilitate. În grupul de linii H422, prezența genei *Lr24* a fost evidențiată în formă heterozigotă în 12 din cele 24 de linii analizate, restul liniilor prezentând alela de sensibilitate.

Gena *Lr32* este o genă transferată din *Aegilops tauschii* pe cromozomul 3DS din grâu ce conferă rezistență la rugina brună la planta adultă (APR). Analizele moleculare efectuate pentru liniile H411 au evidențiat prezența alelei de rezistență în 23 de linii, 19 linii heterozigote și 49 de linii ce prezintă alela de sensibilitate.

Gena *Lr34*-(*Yr18-Sr57-Pm18*) este localizată pe cromozomul 7DS și conferă rezistență la rugina brună la planta adultă. De asemenea, *Lr34* conferă rezistență și la rugina galbenă (*Yr18*), rugina neagră (*Sr57*) și făinare (*Pm18*). Pentru grupul de linii H411 s-a evidențiat prezența alelei de rezistență în stare homozigotă în 44 de linii, 12 linii heterozigote și 35 de linii ce prezintă alela de sensibilitate de la nivelul acestui locus. Pentru grupul liniilor H423 alela de rezistență a fost identificată în 6 linii (formă homozigotă), 58 de linii heterozigote și 31 de linii cu alela de sensibilitate. În cazul celor 44 de linii cultivate în parcele prezența alelei de rezistență s-a observat în 36 de linii (formă homozigotă) și doar 8 linii ce prezintă alela de sensibilitate.

Gena *Lr37* provine de la specia sălbatică *Aegilops ventricosa* (cromozom 2NS) și a fost transferată în grâu (cromozom 2AS) prin încrucișări interspecifice. Această translocatie prezintă în afară de gena *Lr37* (rezistență la rugina brună) și genele *Yr17* (rezistență la rugina galbenă) și *Sr38* (rezistență la rugina neagră). Analizele au fost efectuate pe liniile din populația H423. Alela de rezistență a fost evidențiată în 30 de linii (forma homozigotă), 47 de linii au fost heterozigote iar 19 au prezentat alela de sensibilitate.

Gena *Lr46* (*Yr29- Sr58- Pm39*) este o genă cu localizare pe cromozomul 1BL ce conferă rezistență la rugina brună la planta adultă (APR). *Lr46* este înlănțuită cu genele *Yr29*, *Sr58* și *Pm39*, ce conferă rezistență la rugina galbenă, rugina neagră și făinare. Analizele moleculare au fost efectuate pe materialul biologic format din liniile populației H423 (forma parentală Amurg prezintă alela de rezistență) și liniile cultivate în parcele care au avut ca formă parentală linia dublu haploidă B2-24 (*Lr46+*). În cazul grupului H423, alela de rezistență a fost evidențiată în formă homozigotă în 16 linii, 44 de linii heterozigote și 36 de linii cu alela de sensibilitate. Rezultate obținute pentru cele 28 de linii cultivate pe parcele din combinația B2-24 x DH4B Fav/GEW au evidențiat prezența alelei de rezistență a genei *Lr46* în 4 linii (formă homozigotă) iar alela de sensibilitate în 12 linii.

Gena *Lr48* este o genă localizată pe cromozomul 2BS și conferă rezistență la rugina brună la planta adultă (APR). Rezultatele au evidențiat alela de rezistență în formă homozigotă în 29 de linii, 43 de linii heterozigote și 24 de linii ce prezintă alela de sensibilitate.

Gena Yr52 este o genă localizată pe cromozomul 7BL ce conferă rezistență la rugina galbenă la temperatură ridicată („High-Temperature Adult-Plant resistance” - HTAP). Pentru grupul de linii H423 alela de rezistență a fost identificată în 27 de linii (formă homozigotă), 39 de linii heterozigote și 28 de linii ce prezintă alela de sensibilitate. În cazul liniilor cultivate în parcele, prezența alelei de rezistență în formă homozigotă a fost observată în 34 din 44 de linii analizate, în celelalte 10 linii fiind prezentă alela de sensibilitate .

Gena Yr72 este o genă de rezistență la rugina galbenă localizată pe cromozomul 2BS. Rezultatele moleculare obținute au arătat o prezență scăzută a genei Yr72 în grupul liniilor H411 (B2-98 - Yr72+), alela de rezistență în formă homozigotă este prezentă la nivelul unei singure linii, 9 linii heterozigote și 80 de linii ce prezintă alela de sensibilitate. În cazul celor 44 de linii cultivate în parcele, alela de rezistență a fost evidențiată în 9 linii, 7 linii heterozigote și 28 de linii ce prezintă alela de sensibilitate.

Gena Yr78 este o genă ce conferă rezistență la rugina galbenă la planta adultă, localizată pe cromozomul 6BS. Rezultatele obținute pentru liniile H411 au evidențiat prezența alelei de rezistență în 50 de linii, 17 linii heterozigote și 23 de linii cu alela de sensibilitate. În cazul liniilor cultivate în parcele, alela de rezistență a fost prezentă în 28 de linii, 1 linie heterozigotă și 15 linii ce prezintă alela de sensibilitate.

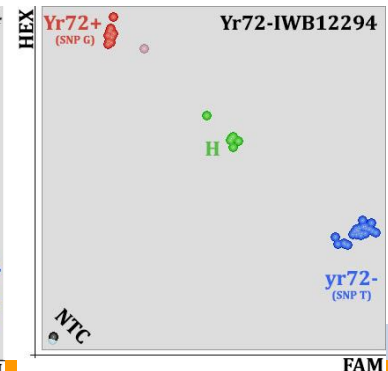
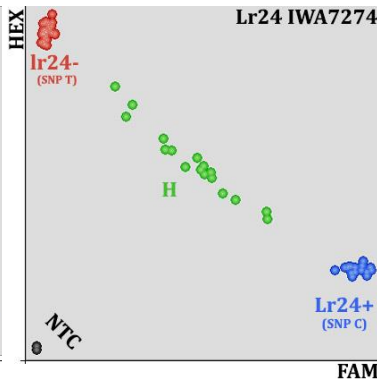
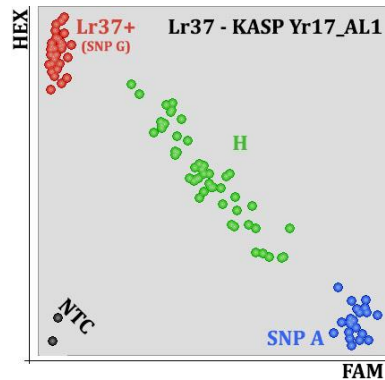
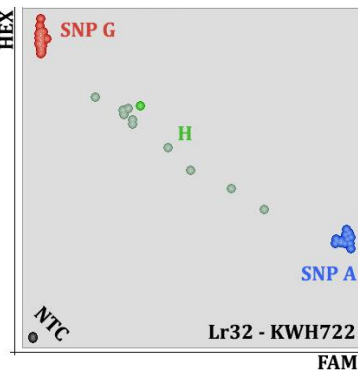
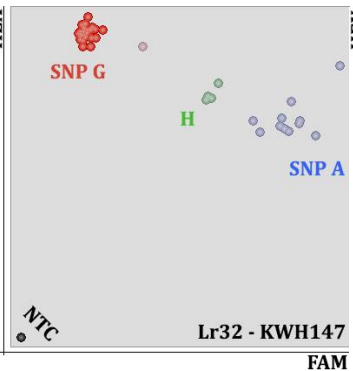
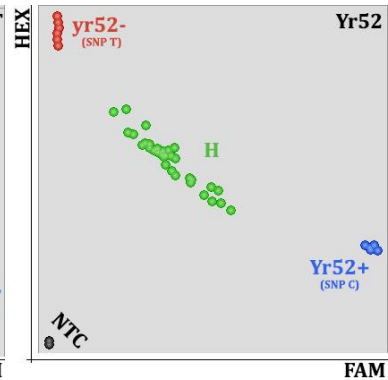
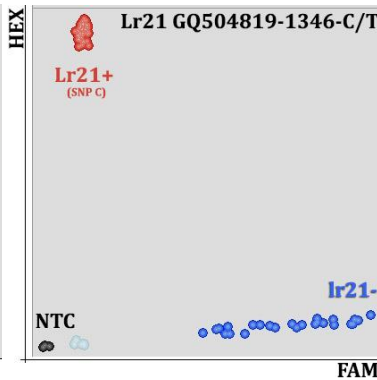
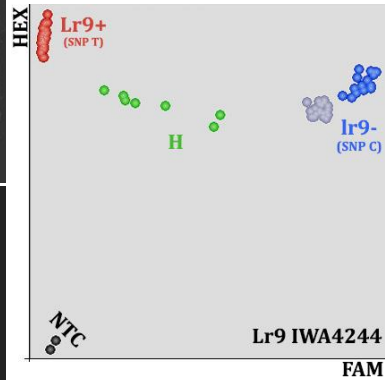
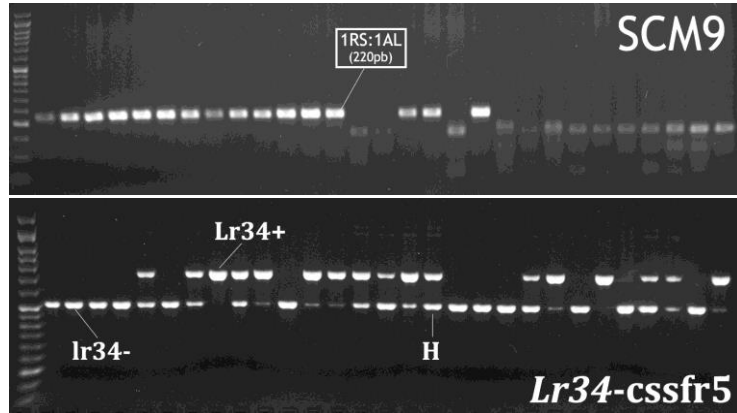
QYrsk.wgp-4BL este un QTL (Quantitative Trait Locus - caracter cantitativ poligenic) major de pe cromozomul 4BL ce conferă rezistență la rugina galbenă. Varianta favorabilă de la acest locus a fost prezentă în 35 de linii, 32 de linii heterozigote și 29 de linii cu varianta de sensibilitate în cazul populației H423.

AX-94843704 este un marker SNP identificat în studii de tip MTAs localizat pe cromozomul 1B, asociat cu rezistența/toleranța la rugina neagră. Analizele KASP s-au efectuat pentru liniile din populația H423 (B2-98 prezintă alela favorabilă A). Rezultatele obținute au evidențiat prezența alelei favorabile în 41 de linii, 29 de linii heterozigote și 26 de linii ce prezintă alela de sensibilitate.

Gena *Stb15* este o genă localizată pe cromozomul 6A ce conferă rezistență la septorioză. În grupul de linii H419 alela de rezistență a fost prezentă în 13 linii, 12 linii heterozigote și 2 linii ce prezintă alela de sensibilitate. În cazul grupului H421, alela de rezistență a fost evidențiată în 16 linii, 10 linii heterozigote și o linie cu alela de sensibilitate. Pentru grupul H422, s-a evidențiat prezența alelei de rezistență în formă homozigotă în 21 de linii și 3 linii heterozigote.

Gena *Stb16q* este localizată pe cromozomul 3D și conferă rezistență la septorioză. Rezultatele obținute pentru liniile H423 au evidențiat prezența alelei de rezistență în formă homozigotă în 33 de linii, 34 de linii heterozigote și 29 de linii ce prezintă alela de sensibilitate.

Gena *Bt3* este o genă de rezistență la mătura comună a grâului. Rezultatele moleculare pentru populația H411 au evidențiat prezența alelei de rezistență în 20 de linii, 25 de linii heterozigote și 46 de linii ce prezintă alela de sensibilitate. În cazul populației H423, alela de rezistență a fost identificată în 26 de linii, 38 de linii heterozigote și 32 de linii ce prezintă alela de sensibilitate.



Capacitatea de producție la grâu este un caracter cantitativ complex, determinat de numeroase gene și de interacțiunea dintre acestea, și în același timp, de interacțiunea genelor cu factorii de mediu. Crearea de noi soiuri de grâu cu un potențial de producție ridicat, o calitate îmbunătățită și o stabilitate crescută a producției în fața schimbărilor climatice și a presiunii bolilor este un obiectiv de actualitate pentru programele de ameliorare la nivel global.

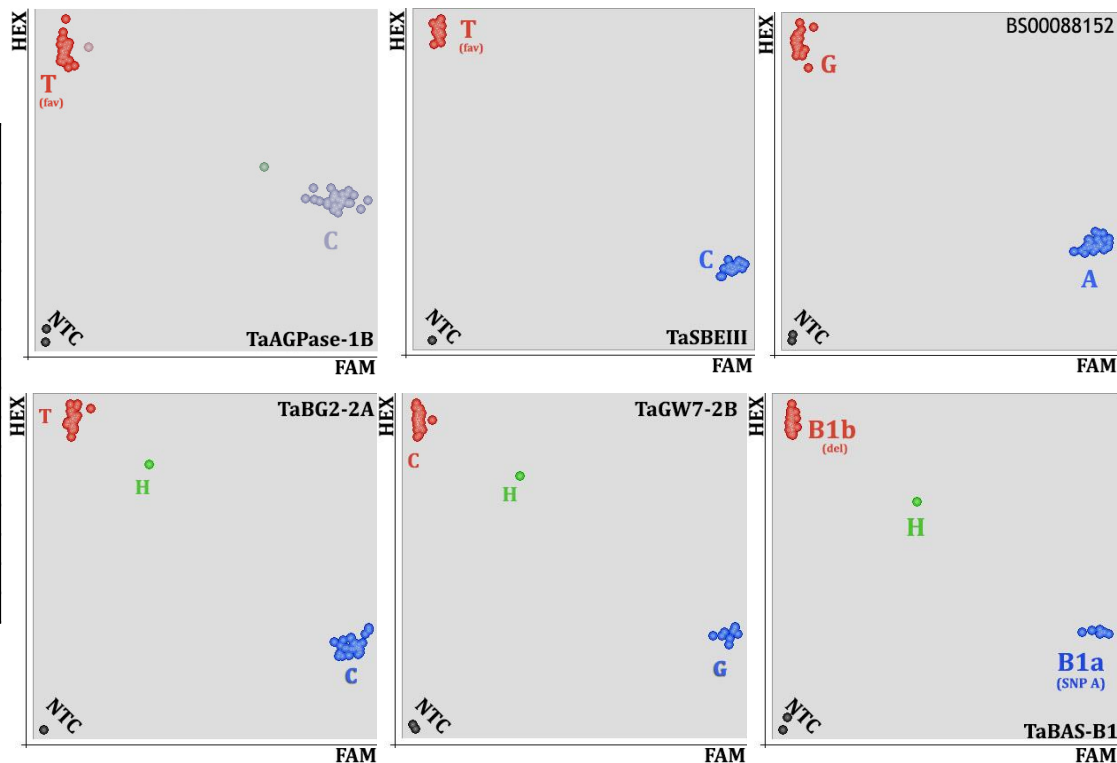
Identificarea, selecția și cumulara celor mai bune combinații de gene sunt una din abordările programelor de ameliorare ce conduc la obținerea unor genotipuri de grâu mai productive, rezistente și adaptate la schimbările climatice, contribuind la securitatea alimentară globală.

Material biologic: Analizele au fost efectuate pe material biologic format din 44 de linii selectate în etapa din 2024, cultivate în parcele de 6mp pentru evaluarea potențialului de producție.

În cadrul acestei activități au fost analizate gene implicate în **controlul dimensiunilor boabelor** (*TaGS-D1*, *TaGW2-6A*, *TaTEF-7A*, *TaGSNE*, *TaCKX4*, *TaBG2-2A* și *TaGW7*), **sinteza și metabolismul carbohidraților** (*TaSBEIII*, *TaAGPase-1B*, *TaAGPase-1D* și *1-FEH w3*), **răspunsul la stresul abiotic** (*TaBAS-B1*, *TaPPH-7A*, *TaSPP-5A*, *TaDRO-5A*, *Dreb-B1* și *TaSNRK2.9*), **controlul înfloririi și adaptarea la fotoperioadă** (*TaFT-D1*, *PPD-D1*), **arhitectura plantei și prevenirea căderii** (*Rht-B1*, *Rht-D1*, *TaCOMT-3B*), **răspunsul la stimuli hormonal** (*TaGASR7-A1* și *TaCKX4*). Au fost de asemenea analizate QTL-uri (asociate cu elemente de producție) și gene identificate în studii de specialitate dar pentru care nu există în acest moment informații detaliate despre mecanismul de acțiune.

Rezultatele moleculare au evidențiat în toate liniile prezența variantelor alelice favorabile de la nivelul mai multor loci genetici implicați în elemente de producție. Genotipurile au prezentat între 3 (liniile 15-5 și 15-9) și 10 (linia 15-15) **variante alelice favorabile cumulate**. Dintre elementele genetice analizate s-au remarcat genele *TaAGPase-1B*, *TaBAS-B1*, *TaGW7-2B*, *TaCOMT-3B*, *TaSBEIII*, *TaPPH-7A* și *TaBG2-2A*, cât și QTL-urile țintite de markerii BS00088152 și BS00022104, cu o diferență medie de producție dintre grupul de linii cu alela favorabilă față de celelalte linii mai mare de 100kg.

Locus	Medie producție (Kg)		Diferență
	Var. fav.	Altă var.	
<i>TaAGPase-1B</i>	2741	2533	208
<i>TaBAS-B1</i>	2632	2428	204
BS00022104	2675	2499	176
<i>TaGW7-2B</i>	2627	2475	152
<i>TaCOMT-3B</i>	2720	2580	140
<i>TaSBEIII</i>	2661	2536	125
<i>TaPPH-7A</i>	2661	2536	125
BS00088152	2654	2542	113
<i>TaBG2-2A</i>	2638	2526	111
<i>TaDRO-5A</i>	2682	2586	96
IWA5913 (<i>TaTKW-7AL</i>)	2652	2557	95
<i>TaCKX4</i>	2625	2530	95
1-FEH w3	2643	2558	85
BS000106922	2629	2569	60
<i>TaAGPase-1D</i>	2593	2592	1



În această etapă, alături de analizele moleculare pentru elementele genetice implicate în producție, a fost abordat și potențialul liniilor ca **sursă de antociani**, o parte din linii prezentând boabe cu **pericarp mov**. Antocianii sunt compuși cu puternice proprietăți antioxidante, contribuind la combaterea radicalilor liberi și la reducerea inflamației, fiind asociați cu beneficii pentru sănătatea cardiovasculară și cognitivă. Astfel, a fost determinat conținutul total de compuși polifenolici (CTP), conținutul total de flavonoide (CTF), conținutul total de antociani (TAC) și activitatea antioxidantă pentru 9 genotipuri, dintre care patru genotipuri au avut culoarea bobului normală, patru genotipuri ce prezintă culoarea mov și amfiploidul sintetic E31 ce prezintă culoarea albastră.



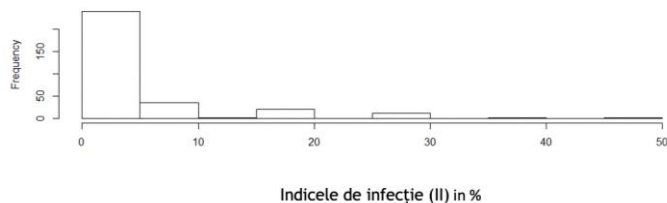
Rezultatele au evidențiat o activitate antioxidantă ridicată în cazul liniilor cu bob colorat comparat cu cele cu bob de culoare normală, sugerând astfel posibilitatea utilizării grâului cu **pericarp mov ca aliment funcțional**, cu beneficii pentru sănătatea cardiovasculară și cognitivă.

În cadrul acestei activități, la INCDA Fundulea s-au realizat infecții cu uredospori de *Puccinia triticina* pentru realizarea observațiilor fenotipice. Astfel, uredosporii de *Puccinia triticina* (rugina brună a grâului) au fost amestecați cu talc într-un raport de 1:5 (greutate/greutate) și aplicați uniform pe frunzele a 2-3 soiuri sensibile (spreader), pe fiecare rând, folosind recipiente metalice prevăzute cu site fine. Înainte de inoculare, plantele au fost pulverizate cu apă distilată care conținea Tween 20 (0,1 ml%) pentru a favoriza aderența sporilor. Plantele inoculate au fost acoperite cu pungi de plastic timp de 24 de ore pentru a menține o umiditate ridicată în timpul incubării. Ulterior, dezvoltarea bolii a decurs în condiții de mediu naturale, fără irigare suplimentară.

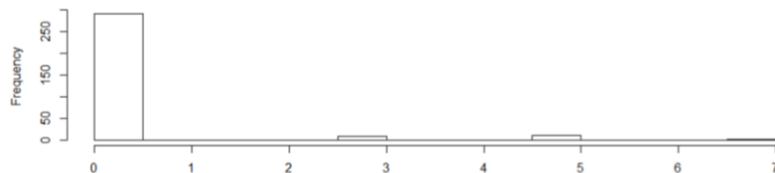
Observațiile fenotipice s-au realizat pe linii din populația H411 (B2-98 x E1a) pentru rezistența la rugina brună. Rezultatele au evidențiat faptul că 35 din 41 de linii evaluate prezintă o bună rezistență/toleranță la rugina brună. Restul de 6 linii au prezentat un scor mai slab pentru rezistența la rugina brună.

Partenerul P1 USV Iași a efectuat observații fenotipice în câmp privind rezistența/sensibilitatea la boli criptogame, în câmpurile de cercetare ale IULS, Ferma didactica și de cercetare Ezăreni. Evaluarea comportamentului genotipurilor de grâu din câmpurile experimentale în condiții naturale de infecție, în vederea identificării materialului cu nivel ridicat de rezistență la principalele boli fungice - rugini (brună, galbenă, neagră), septorioză și mărură - pentru corelarea datelor fenotipice cu cele moleculare și selecția liniilor valoroase. Observațiile au fost realizate în fenofazele specifice (burduf-înspicare și înflorire), perioade optime pentru manifestarea simptomelor specifice bolilor țintă. Evaluările s-au efectuat vizual, pe plante întregi, conform scorurilor standard (0-9 sau scala Cobb pentru rugini), estimând procentul de atac și tipul de reacție. În cazul mărurii, s-a efectuat o evaluare la maturitate, prin desfacerea spicelor și cuantificarea proporției de boabe afectate.

Indicele de infecție la *Puccinia triticina* (rugina brună a grâului) în populația IULS



Infecție la *Puccinia graminis f. sp. tritici* (rugina neagră) în populația IULS, în scala 1-9



În cadrul acestei etape s-a continuat **diversificarea germoplasmei** prin efectuarea a noi hibridări pentru obținerea de amfiploizi sintetici utilizând ca genitori soiuri de grâu durum, soiul de triticale Zaraza și cinci specii din genul *Aegilops*. De asemenea, s-au realizat hibridări pentru obținerea de noi linii de pre-ameliorare având ca genitori amfiploizi sintetici, grâu sintetic hexaploid și soiul Columna înregistrat în anul 2025.

În plus, analizele moleculare efectuate pe **amfiploizi sintetici** au evidențiat prezența unei gene de rezistență la septorioză, **Stb19**. Analizele efectuate până în prezent au evidențiat doar prezența alelei de sensibilitate în soiurile de grâu recente ceea ce deschide oportunitatea de a utiliza amfiploizii identificați cu alela de rezistență ca resursă genetică pentru viitoare încrucișări.

Amfiploizi sintetici obținuți în 2025

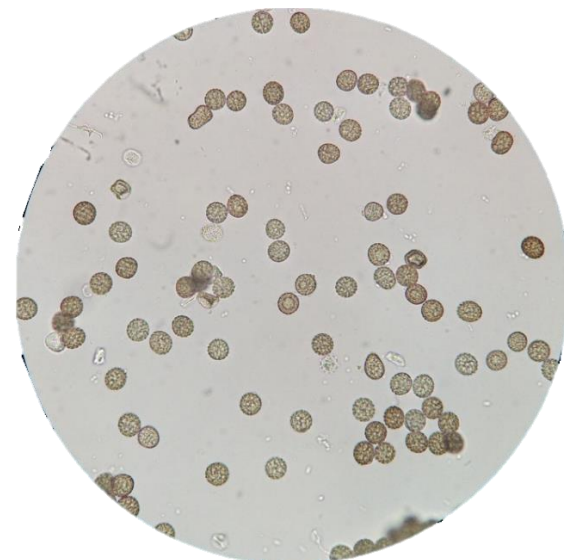
Hibridare	COD	Nr. spice lucrate	Nr. cariopse disecate	Nr. embrioni cultivați <i>in vitro</i>	Nr. plante regenerate
Condur x AVE 29	E-101 A	2	38	3	-
Zaraza x AKO 7	E-102 A	6	120	1	-
Agedur x ASH 4	E-103 A	13	132	-	-
Condur x AVE 29	E-104 A	19	190	2	2
Condur x ASH 4	E-105 A	1	15	2	2
Grandur x SP 62	E-106 A	18	160	22	18



Studiile efectuate de către partenerul P3 USAMV București privind detectarea timpurie a infecției cu *Tilletia caries* la grâu prin tehnici de qPCR și dPCR au evidențiat **tehnica dPCR**, deoarece această tehnică oferă o mai bună acuratețe a situației infecției, implicit a eficacității de prevenire a atacului cu mărură în urma aplicării tratamentelor biologice pe bază de microorganisme utile. Din studiul comparativ al rezultatelor generate de analizele moleculare pentru detectarea infecției cu *T. caries* la grâu s-a observat că tehnica qPCR-SYBR Green subestimează nivelul de atac cu mărură în rândul plantelor tinere, sugerând o eficacitate ridicată a tratamentelor. În schimb, tehnica qPCR-TaqMan supraestimează nivelul atacului, relatând o eficacitate scăzută a tratamentelor.

Varianta de tratament	qPCR		dPCR
	SYBR Green	TaqMan	
CPT	89,92 %	66,04 %	78,54 %
CBT	72,63 %	35,38 %	46,33 %
CTT	74,69 %	39,15 %	48,27 %
Notă: Eficacitatea tratamentelor a fost calculată în baza încărcăturii de ADN ($\log_{10}$ fg/ μ L) cuantificată prin qPCR și dPCR, după metoda Abbot.			

În paralel studiilor realizate *in vitro*, în cadrul câmpului de testare al INCDA Fundulea a fost organizată o experiență în colaborare cu echipa Facultății de Biotehnologii din USAMV (P3) pentru testarea potențialului de biocontrol *in vivo* al unor tulpini selecționate de microorganisme benefice plantelor. Experimentele realizate pentru evaluarea potențialului de biocontrol *in vitro* cât și *in vivo* al unor tulpini selecționate de microorganisme benefice plantelor au condus la **identificarea unei tulpini de *Pseudomonas* sp. care determină reducerea gradului de infecție cu mărură.**



Teliospori de *Tilletia* spp.

În această etapă a fost înregistrat în sistemul oficial de testare ISTIS (nr. 3220/12.08.2025) genotipul cu denumirea provizorie **FDL Hotar**.

În cadrul acestei etape au fost selectate materiale biologice cu potențial genetic pentru a fi cultivate în următoarea etapă, respectiv, 8 linii selectate dintr-un total de 205 (liniile au fost testate și evaluate agronomic în câmpul de ameliorare al INCDA Fundulea). Totodată, dintre liniile ce au fost cultivate în parcele pentru evaluarea potențialului de producție s-a remarcat linia 16-20 cu pericarp mov și o producție apropiată de cea a matorului Columna. Tot în cadrul acestei faze au fost selectate linii cu progres genetic pentru rezistență la boli din populația H411 (B2-98 x E1a) care se vor cultiva în sezonul 2025-2026 în câmpul de ameliorare (138 linii), iar populația H423 (B2-98 x Amurg) va fi semănată integral (aproximativ 400 de linii). Pentru multiplicarea de semințe au fost selectate patru linii, respectiv 15-3, 16-4, 16-12 și 16-20 (toate patru cu pericarp colorat).

Nr. Crt.	Cod	Genealogie	MMB
1	H-406	Voinic/B-98	41,2
2	H-408	B2-98/Pitar	45
3	H-408	B2-98/Pitar	44
4	H-410	B2-98/Otilia	44,2
5	H-421	Consecvent//H9g/Consecvent	33,6
6	H-422	H9g/2*Consecvent	39,2
7	H-422	H9g/2*Consecvent	40,6
8	H 422	H9g/2*Consecvent	36,8

Realizarea dispozitivului experimental din câmp pentru anul 2026

În cadrul acestei activități au fost selectate și semănate linii de perspectivă în câmpul experimental de la INCDA Fundulea. Această activitate a fost începută în data de 20.10.2025. Datorită condițiilor climatice această activitate este încă în desfășurare.



Aspecte din câmpul experimental INCDA Fundulea 29.10.2025

Prezentări orale:

1. Sesiunea internă de referate, INCA Fundulea, 03.03.2025. "Diversitate genetică și rezistență la rugini și septorioză: potențialul genotipurilor de grâu de la INCA Fundulea (rezultate parțiale)". Autori: Daniel CRISTINA, Alexandru DUMITRU, Alina TURCU, Laura CONTESCU, Matilda CIUCA
2. Sesiunea Aniversară ICAR - EDIȚIA IV - "BIOTEHNOLOGIILE ȘI VIITORUL SECURITĂȚII ALIMENTARE NAȚIONALE", București, 29 Mai 2025. "Contribuția secarei în rezistența grâului la mălură (*Tilletia spp.*)" Autori: Matilda Ciucă, Indira Galit, Victor Petcu, Alina-Gabriela Turcu, Elena-Laura Conțescu și Daniel Cristina.
3. XXIII Bunt and Smut Workshop, 1-2 iunie, Uppsala, Suedia. „Rye chromatine by 1RS:1AL translocation involved in wheat resistance to bunt”. Autori: Matilda Ciucă, Cristina Daniel, Indira Galit, Alina-Gabriela Turcu, Alexandru Dumitru și Victor Petcu

Postere:

1. BOIU-SICUIA Oana-Alina, GALIT Indira, CIUCĂ Matilda, 2025. PCR-based detection of *Tilletia* - A step towards early evaluation of wheat biocontrol efficacy. Conferința Internațională XXIII Bunt and Smut Workshop Program, desfășurată la Uppsala, Suedia, 1-2 iunie 2025.
2. Development of colored wheat lines through synthetic amphiploids Autori: Alexandru - Leonard Dumitru, Daniel Cristina, Alina-Gabriela Turcu, Elena-Laura Conțescu, Aglaia Popa, Matilda Ciuca. 19th EWAC - The European Cereals Genetics Co-operative Conference, 10 noiembrie 2025, Budapesta, Ungaria
3. The synthetic hexaploid wheat as genetic resources for wheat leaf rust resistance Autori: Matilda Ciuca, Alexandru Dumitru, Indira Galit, Alina-Gabriela Turcu, Daniel Cristina. 8th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 11-13 noiembrie 2025, Budapesta, Ungaria

Lucrări (WOS) în curs de publicare (acceptate la publicare în revista Romanian Agricultural Research):

1. Tiberiu Emilian Sârbu, Dănuț-Petru Simioniuc, Danela Murariu, Violeta Simioniuc, Iulian Gabur- "Phenotypic investigation of *Triticum aestivum* L. genotypes cultivated in the North-Eastern area of Romania";
2. Tiberiu Emilian Sârbu, Dănuț-Petru Simioniuc, Iulian Gabur, Alexandru Leonard Dumitru, Oroian Mihai, Danela Murariu - "Estimates of phenotypic and quality variance, heritability and genetic progress of local varieties of antique wheat (*Triticum monococcum* L.) ";
3. Tiberiu Emilian Sârbu, Dănuț-Petru Simioniuc, Daniel Cristina, Iulian Gabur - "Development of a fast and reliable molecular characterisation method of *Puccinia spp* in wheat".

Rezultatele obținute în această etapă pe materialele biologice obținute la INCDA Fundulea au evidențiat diversitatea genetică și potențialul genetic al liniilor pentru ameliorarea rezistenței la boli fungice și de asemenea, potențialul genetic pentru ameliorarea unor elemente genetice implicate în producție la grâu.

Astfel, s-au remarcat în populația H411 (B2-98 x E1A) linii la nivelul cărora s-a realizat transferul/cumularea/piramidarea unor elemente genetice de rezistență la boli fungice, respectiv linii care prezintă peste 4 alele de rezistență în formă homozigotă de la nivelul unor gene de rezistență la rugina brună (*Lr21*, *Lr24*, *Lr32* și *Lr34*), gene de rezistență la rugina galbenă (*Yr72* și *Yr78*) cât și gena pentru rezistență la mălura comună *Bt3*. Un alt element genetic prezent în aceste linii este și translocația cu cromatină de la secară T:1AL.1RS, transferat din forma parentală B2-98. Dintre liniile remarcate în cadrul populației H411 se menționează următoarele profile genetice:

- Linia 411-74-2: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr24+*, *Lr34+*, *Yr78+* și *Bt3+*;
- Liniile 411-43-1, 411-43-2 și 411-43-4: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr32+*, *Yr78+* și *Bt3+*;
- Linia 411-54-2: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr24+*, *Lr32* (het), *Lr34+* și *Bt3+*;
- Liniile 411-12, 411-13 și 411-16: *Lr24+*, *Lr34+*, *Yr72* (het), *Yr78+* și *Bt3+*;
- Liniile 411-43-3 și 411-44-2: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr32+*, *Yr78+* și *Bt3* (het);
- Linia 411-54-3: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr24+*, *Lr32* (het), *Lr34* (het), *Yr78* (het) și *Bt3+*;
- Linia 411-54-5: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr24+*, *Lr32+*, *Lr34* (het) și *Yr78* (het);
- Linia 411-69-1: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr34+*, *Yr72+*, *Yr78* (het) și *Bt3*(het);
- Liniile 411-74-4 și 411-74-7: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr24* (het), *Lr34+*, *Yr78+* și *Bt3* (het);
- Linia 411-74-6: T:1AL.1RS, *Lr21+*, *Lr34+*, *Yr78+* și *Bt3* (het).

În cadrul populației H423 (B2-98 x Amurg) au fost analizate elemente genetice precum translocația 1AL:1RS, Lr34, Lr37, Lr46, Lr48, Yr52, QTL rugină galbenă QYRSK-WGP-4BL (notat mai jos ca QYRSK), AX-94843704 (rugină neagră; notat mai jos cu AX), STB16q și Bt3. Rezultatele au evidențiat genotipuri în care s-a realizat transferul și cumulara de elemente genetice favorabile pentru rezistență la boli, fapt demonstrat de prezența a cel puțin patru alele favorabile în formă homozigotă în 42 de linii. Dintre acestea menționăm:

- Linia H423-17: T:1AL.1RS, Lr46+, Lr48+, Yr52+, QYRSK (het), Stb16q+ și Bt3+;
- Linia H423-337: T:1AL.1RS, Lr34+, Lr37 (het), Lr46 (het), Lr48 (het), Yr52+, AX+, Stb16q+ și Bt3+;
- Linia H423-341: T:1AL.1RS, Lr34 (het), Lr37+, Lr46 (het), Lr48+, Yr52+, QYRSK+, AX+ și Bt3 (het);
- Linia H423-338: T:1AL.1RS, Lr34 (het), Lr37+, Lr46 (het), Lr48+, Yr52+, QYRSK+, AX+, Stb16q (het) și Bt3 (het);
- Linia H423-238: T:1AL.1RS, Lr37+, Lr48+, AX+, Stb16q+ și Bt3 (het);
- Linia H423-249: T:1AL.1RS, Lr34 (het), Lr37+, Lr46+, Lr48 (het), Yr52+, QYRSK (het), AX+, Stb16q (het) și Bt3 (het);
- Linia H423-335: T:1AL.1RS, Lr34+, Lr37+, Lr48+, AX+, Stb16q (het) și Bt3 (het).

Analizele efectuate pentru liniile din populațiile H419 (Bogdana x (H9g GRI x Bogdana)), H421 (Consecvent x (H9g Gri X Consecvent)) și H422 ((H9g Gri X Consecvent) x Consecvent) au evidențiat prezența alelei favorabile în formă homozigotă pentru gena Lr9 în 58 de linii din totalul de 88 analizate, și alela favorabilă pentru gena Stb15 în 50 de linii. În 34 de linii s-a realizat cumulara în formă homozigotă a celor două alele favorabile.

În această fază au fost analizate molecular 44 de linii pentru prezența unor elemente genetice implicate în producție precum genele implicate în controlul dimensiunilor boabelor (*TaGS-D1*, *TaGW2-6A*, *TaTEF-7A*, *TaGSNE*, *TaCKX4*, *TaBG2-2A* și *TaGW7*), sinteza și metabolismul carbohidraților (*TaSBEIII*, *TaAGPase-1B*, *TaAGPase-1D* și *1-FEH w3*), răspunsul la stresul abiotic (*TaBAS-B1*, *TaPPH-7A*, *TaSPP-5A*, *TaDRO-5A*, *Dreb-B1* și *TaSNRK2.9*), controlul înfloririi și adaptarea la fotoperioadă (*TaFT-D1*, *PPD-D1*), arhitectura plantei și prevenirea căderii (*Rht-B1*, *Rht-D1*, *TaCOMT-3B*), răspunsul la stimuli hormonal (i>*TaGASR7-A1* și *TaCKX4*). Au fost de asemenea analizate QTL-uri (asociate cu elemente de producție) și/sau gene identificate în studii de specialitate dar pentru care nu există în acest moment informații detaliate referitoare la mecanismul de acțiune.

Liniile analizate au fost selectate în etapa anterioară a proiectului și au fost cultivate în parcele de 6mp pentru evaluarea capacității de producție. Rezultatele obținute au evidențiat prezența în toate liniile a variantelor alelice favorabile de la nivelul mai multor loci genetici implicați în elemente de producție. Genotipurile au prezentat între 3 (liniile 15-5 și 15-9) și 10 (linia 15-15) variante alelice favorabile cumulate. Rezultatele vor fi utilizate ulterior pentru a stabili care dintre aceste profile genetice (alele favorabile cumulate) prezintă efect aditiv și sunt favorabile pentru producție la grâu în condițiile de cultivare din România. Dintre elementele genetice analizate s-au remarcat genele *TaAGPase-1B*, *TaBAS-B1*, *TaGW7-2B*, *TaCOMT-3B*, *TaSBEIII*, *TaPPH-7A* și *TaBG2-2A*, cât și QTL-urile țintite de markerii BS00088152 și BS00022104, cu o diferență medie de producție dintre grupul de linii cu alela favorabilă față de celelalte linii mai mare de 100kg.

Suplimentar, alături de analizele moleculare pentru elementele genetice implicate în producție, a fost abordat și potențialul liniilor ca **sursă de antociani**, o parte din linii prezentând boabe cu **pericarp mov**. Rezultatele au evidențiat o activitate antioxidantă ridicată în cazul liniilor cu bob colorat comparat cu cele cu bob de culoare normală, sugerând astfel posibilitatea utilizării grâului cu **pericarp mov ca aliment funcțional**, cu beneficii pentru sănătatea cardiovasculară și cognitivă.

Deoarece producția la grâu este un caracter extrem de complex (influențat atât de fondul genetic cât și de condițiile de mediu) liniile au fost analizate și pentru evidențierea prezenței unor gene de rezistență la rugina brună și rugina galbenă. Rezultatele au arătat prezența alelelor favorabile de la nivelul genelor *Lr34*, *Lr46*, *Yr52*, *Yr72* și *Yr78*.

În această etapă au fost analizați molecular 16 amfiploizi sintetici noi pentru identificarea de posibile noi surse de gene. Astfel, s-a evidențiat prezența alelei favorabile de la nivelul genei **Stb19** (ce conferă rezistență la septorioză) în amfiploizii E46 (DDU 8 / *Tauschii squarrosa* (2466)) și H354 (Condur / *Tauschii squarrosa* 2453). Analizele efectuate până în prezent au evidențiat doar prezența alelei de sensibilitate în soiurile de grâu recente ceea ce deschide oportunitatea de a utiliza amfiploizii identificați cu alela de rezistență ca resursă genetică pentru viitoare încrucișări.

Diversificarea germoplasmei a continuat și în această etapă prin efectuarea a noi hibridări pentru obținerea de amfiploizi sintetici utilizând ca genitori soiuri de grâu durum, soiul de triticale Zaraza și cinci specii din genul *Aegilops*. De asemenea, s-au realizat hibridări pentru obținerea de noi linii de pre-ameliorare având ca genitori amfiploizi sintetici, grâu sintetic hexaploid și soiul Columna înregistrat în anul 2025.

Au fost selectate materiale biologice cu potențial genetic pentru a fi cultivate în următoarea etapa, respectiv, 8 linii selectate dintr-un total de 205 (liniile au fost testate și evaluate agronomic în câmpul de ameliorare al INCDA Fundulea). Totodată, dintre liniile ce au fost cultivate în parcele pentru evaluarea potențialului de producție s-a remarcat linia 16-20 cu pericarp colorat și o producție de 84% raportat la martorul Columna. Tot în cadrul acestei faze au fost selectate linii cu progres genetic pentru rezistență la boli din populația H411 (B2-98 x E1a) care se vor cultiva în sezonul 2025-2026 în câmpul de ameliorare (138 linii), și populația H423 (B2-98 x Amurg) care va fi semănată integral (aproximativ 400 de linii). Pentru multiplicarea de semințe au fost selectate patru linii, respectiv 15-3, 16-4, 16-12 și 16-20 (toate patru cu pericarp colorat).

Studiile efectuate privind detectarea infecției cu *Tilletia caries* la grâu prin tehnici de qPCR și dPCR au evidențiat tehnica dPCR, deoarece această tehnică oferă o mai bună acuratețe a situației infecției, implicit a eficacității de prevenire a atacului cu mălură în urma aplicării tratamentelor biologice pe bază de microorganisme utile.

Experimentele realizate pentru evaluarea potențialului de biocontrol *in vitro* cât și *in vivo* al unor tulpini selecționate de microorganisme benefice plantelor au condus la identificarea unei tulpini de *Pseudomonas* sp. care determină reducerea gradului de infecție cu mălură.

Rezultate din această etapă au fost diseminate prin trei prezentări orale (Sesiunea internă de referate INCDA Fundulea; Sesiunea Aniversară ICAR - EDIȚIA IV - "BIOTEHNOLOGIILE ȘI VIITORUL SECURITĂȚII ALIMENTARE NAȚIONALE"; Conferința Internațională XXIII Bunt and Smut Workshop), trei postere (Conferința Internațională XXIII Bunt and Smut Workshop; 19th EWAC - The European Cereals Genetics Co-operative Conference; 8th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding) și trei articole ISI care au fost acceptate spre publicare în *Romanian Agricultural Research*.

În această etapă a fost înregistrat în sistemul oficial de testare ISTIS (nr. 3220/12.08.2025) genotipul cu denumirea provizorie **FDL Hotar**.

Materialele biologice obținute în cadrul acestei etape sunt valoroase pentru programul de ameliorare al grâului, evidențiindu-se atât linii cu potențial genetic pentru rezistență la boli și pentru elemente implicate în producție cât și surse noi de gene (amfiploizi sintetici).

Rezultatele obținute confirmă faptul că obiectivele fazei III/2025 și toate activitățile din planul de realizare au fost îndeplinite integral. Totodată, rezultatele evidențiază necesitatea continuării proiectului și creează premisele derulării în bune condiții a 26 proiectului în anul următor dar și viabilitatea și șansele de succes ale proiectului.

- Diversificarea stocului de markerilor moleculari utilizați la evidențierea prezenței elementelor genetice ce conferă rezistență/toleranță la bolile fungice și continuarea analizelor moleculare;
- Aprofundarea efectului cumulării genelor implicate în rezistența/toleranța la boli;
- Aprofundarea analizelor biochimice și de microscopie pe material biologic din următoarea etapă a proiectului;
- Aprofundarea metodelor de cuantificare rapidă a patogenului prin tehnici RT-PCR;
- Aprofundarea potențialului de biocontrol al unor microorganisme;
- Aprofundarea potențialului de producție la genotipuri cu elemente favorabile pentru elemente genetice implicate în producție;
- Identificarea de noi linii cu potențial genetic, respectiv, linii în care s-a realizat piramidarea (cumularea) de gene/QTL-uri de rezistență/toleranță la boli fungice;
- Înmulțire de semințe pentru liniile cu progres genetic;
- Creșterea diversității genetice a materialului biologic prin utilizarea unor specii sălbatice precum *Thinopyrum* sp., *Aegilops* sp., *Triticum dicoccoides*, *Triticum timopheevii*, *Secale cereale*, etc.