

Frecvența variantelor alelice ale unor markeri moleculari asociați cu rezistența la secetă și arșiță, la un set de genotipuri de grâu (*Triticum aestivum* L.)

Allele variants frequency for some molecular markers associated with drought and heat resistance in a set of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes

Daniel Cristina¹, Cristina-Mihaela Marinciu¹,
Alina-Gabriela Turcu¹, Elena-Laura Conțescu¹, Nicolae N. Săulescu¹

Abstract

Climate changes impose additional water and high temperature stresses to wheat, worldwide. Molecular markers associated with drought and heat tolerance can facilitate the identification and breeding of wheat cultivars better adapted to future climatic conditions. We analyzed a set of diverse wheat genotypes for ten molecular markers, previously reported as associated with drought and/or heat resistance. Frequency of favorable alleles varied much among markers, with markers *PPD-D1* and *TaAGPase-1B*, *PPD* having favorable alleles in almost all genotypes, while for markers *DE106* and *TaDRO-5A* favorable alleles were found in only 6 of the 102 genotypes.

The number of favorable alleles cumulated by each genotype varied from two to eight, with the maximum number found in cultivars originated from countries frequently affected by drought and heat (Egypt or Australia). Most of the analyzed genotypes, as well as most cultivars released from NARDI Fundulea, had only three favorable alleles. This suggests a possible way to improve drought and heat resistance of Romanian wheat cultivars by introgressing favorable alleles not existing in present cultivars. Our results suggest that cumulating favorable alleles of markers associated with different mechanisms of resistance to drought and/or heat resistance may contribute to the development of wheat cultivars with improved adaptation to future climate conditions.

Cuvinte cheie: climate changes, weather stress, molecular markers.

Keywords: schimbări climatice, stres climatic, markeri moleculari.

INTRODUCERE

Temperaturile din ce în ce mai ridicate și secetele tot mai frecvente cauzate de deja vizibilele schimbări climatice sunt provocări majore pentru producerea sustenabilă de grâu, ca și pentru securitatea alimentară globală. În fața acestor provocări, este imperativ să se

¹ INCDA Fundulea. E-mail: cristinamarinciu77@gmail.com

Tehnoredactare: Elisabeta BARBU

obțină soiuri de grâu productive și reziliente față de condițiile climatice, care să poată face față provocărilor impuse de condițiile de mediu și să asigure securitatea alimentară pentru populația mondială în continuă creștere (Yuling Zheng și colab. 2025).

Markerii moleculari, folosiți în ameliorarea plantelor pentru identificarea și monitorizarea variabilității genetice, ajută la selectarea trăsăturilor dorite, permițând creșterea preciziei și vitezei progresului genetic. Numeroase cercetări efectuate pe plan mondial au permis identificarea de markeri asociați rezistenței la secetă și arșiță (Cristina și colab. 2025).

Prezenta lucrare a avut ca obiectiv caracterizarea frecvenței alelelor favorabile ale unor markeri moleculari asociați cu toleranța la secetă și arșiță pentru un set de genotipuri diverse, precum și evaluarea potențialului acestora pentru utilizarea în programele de ameliorare destinate adaptării la schimbările climatic.

MATERIAL ȘI METODE

Materialul biologic

Au fost analizate din punct de vedere genetic 102 variante de grâu, care au cuprins:

- ✓ trei soiuri martor provenind din zone frecvent afectate de secetă și arșiță, respectiv Egiptul și Australia (Giza 160, Halberd și Drysdale);
- ✓ opt soiuri create la INCDA Fundulea (Glosa, Otilia, Pitar, Ursita, Voinic, FDL Abund, FDL Consecvent și FDL Columna);
- ✓ patru alte soiuri (străine sau de la alți amelioratori), cultivate în România;
- ✓ 87 linii provenite din programul de ameliorare de la INCDA Fundulea.

Markeri moleculari

Au fost efectuate analize cu markeri moleculari asociați unor gene implicate direct/indirect în toleranța la secetă și arșiță. Pentru fiecare marker a fost urmărită identificarea alelei sau a haplotipului considerat favorabil pe baza rezultatelor raportate în literatura de specialitate.

✓ **1-FEH w3 (6B)** este principala genă implicată în activitatea totală a enzimei 1-FEH, cu rol în remobilizarea fructanului din tulpină către boabe. Fructanii au un rol important în umplerea boabelor și recuperarea după acțiunea stresului biotic și abiotice.

Gena prezintă două haplotipuri *W* (de la soiul *Westonia* obținut în vestul Australiei), asociat cu producții ridicate în condiții scăzute de precipitații (Zhang și col., 2015) și *K* (de la soiul Kauz dezvoltat în CYMMYT, Mexic), considerat tolerant la secetă (Rajaram et al., 2002). Rezultate parțiale cu privire la toleranța grâului la secetă au sugerat faptul că haplotipul *K* ar fi favorabil în condițiile de seceta din sudul României.

✓ **TaBAS-B1** este gena implicată în protecția clorofilei împotriva factorilor abiotici, cum ar fi seceta și arșița; cercetările au indicat o asociere pozitivă semnificativă între *Tabas1-B1a* (alelă favorabilă) și conținutul de clorofilă a frunzei steag după înflorit cât și cu masa a 1000 de boabe.

✓ **TaAGPase-1B** - AGPase catalizează prima etapă-cheie a sintezei amidonului în plastide (cloroplaste și amiloplaste). Gena este asociată cu MMB (activă în special în etapa de umplere a boabelor) și cu conținutul de amidon. Este influențată de secetă/arșiță (temperaturile ridicate reduc activitatea genei ceea ce în final conduce la boabe șiștave).

✓ **TaDRO-5A** - Analizele au arătat că haplotipurile genei *TaDRO-5A* au fost corelate semnificativ cu înălțimea plantei, greutatea a o mie de boabe (MMB) și unghiul de creștere a rădăcinii. Efectele genetice ale *Hap-5A-A* au arătat o creștere a unghiului de creștere a rădăcinii și a MMB, și o scădere a adâncimii rădăcinii și a taliei, în timp ce haplotipul *Hap-5A-C* a prezentat efectele opuse. *Hap-5A-C* a fost haplotipul favorabil în regiunile aride din întreaga lume.

✓ **TaSBEIII** - Enzima de ramificare a amidonului (SBE) catalizează formarea punctelor de ramificare prin scindarea legăturii α -1,4 în poliglucani și reatașarea lanțului printr-o legătură α -1,6. Prin controlul formării punctelor de ramificare ale amidonului, aceasta influențează direct dezvoltarea endospermului și greutatea finală a boabelor. La plantele superioare există trei tipuri de izoforme SBE (SBEI, SBEII și SBEIII), numărul de izoforme SBE fiind specific speciei. Analiza asocierii dintre variația alelică TaSBEIII-A și trăsăturile agronomice a constatat că gena a fost asociată cu MMB în mini-colecția de bază din China. Varietățile care prezintă alela T au avut MMB mai mare decât cele care prezintă alela C; prin urmare, alela T reprezintă o variație alelică favorabilă.

✓ **TaCKX4** - Gena implicată în controlul nivelului de citokinină (CTX). Enzimele citokinin oxidază/dehidrogenază (CKX) catalizează degradarea permanentă a citokininelor, fitohormoni ce joacă un rol crucial în reglarea proliferării și diferențierii celulelor plantelor și, de asemenea, controlează diferite procese în creșterea și dezvoltarea plantelor, cum ar fi senescența, ramificarea rădăcinilor, transducția semnalelor nutriționale, formarea cloroplastelor și productivitatea culturilor. Genele *Tackx4* (3A) și *TaCKX6-D1* (3D) au efect și asupra conținutului și stabilității clorofilei din frunze, MMB și producției.

✓ **TaPPH-7A** - Gena pentru feofitinază („*Pheophytin pheophorbide hydrolase*”; *Pheophytinase*, *PPH*) codifică o hidrolază implicată în degradarea clorofilei. Haplotipul favorabil, conform studiului realizat de Wang și col. (2019), este *TaPPH-7A-1* (A), fiind asociat cu MMB și cu conținutul de clorofilă (în timpul umplerii boabelor în condiții de secetă).

✓ **Dreb-B1**, identificată în grâu comun (*Triticum aestivum* L.), localizată pe cromozomul 3BL. Aceasta joacă un rol crucial în reglarea toleranței la stresul abiotic, incluzând seceta, salinitatea și temperaturile scăzute. Haplotip favorabil este **B1a**.

✓ **QTL qDSI.4B.1** reprezintă un locus cantitativ (QTL) cu efect major, situat pe cromozomul 4B și este responsabil de până la 22% din variația fenotipică a toleranței la secetă și a menținerii producției grâului în condiții de stres hidric (Liu și colab., 2023). Markerul DE106 (pe baza SNP-ului Excalibur_c10033_106 A/G) prezintă varianta A asociată cu alela favorabilă (genotip tolerant) și varianta G cu alela sensibilă.

✓ **PPD-D1** - determină controlul genetic privind sensibilitatea la fotoperioadă, influențând data înspicătului și elemente de producție; *D1a* (329pb) – insensibil; *D1b* (532pb) – sensibil.

Genotiparea moleculară a fost realizată prin tehnica KASP (Kompetitive Allele Specific PCR), o metodă de genotipare extrem de eficientă și precisă, utilizată pentru detectarea polimorfismelor nucleotidice unice (SNP-uri) și/sau a inserțiilor/delețiilor.

Tehnica se bazează pe o reacție PCR competitivă și folosește trei primeri specifici: doi primeri specifici fiecărei alele, fiecare având la capătul 5' o secvență unică ("coadă") care corespunde unui anumit fluorofor (de regulă, FAM pentru o alelă și HEX/VIC pentru cealaltă) și un primer revers comun.

Amplificarea ADN s-a realizat cu ajutorul master mixului de genotipare PACE2.0 Genotyping Master Mix de la 3CR Bioscience (UK) conform indicațiilor de la producător.

Amplificare s-a realizat în termocycler Eppendorf Mastercycler X50h, placă 384 de godeuri.

Parametrii termici de amplificare conform specificațiilor de la producător:

Descriere	Temperatură	Timp	Nr. de cicluri
Activare enzimă	94°C	15 min	1
Denaturare	94°C	20 s	10
Prindere primeri și extensie	65-57°C	60 s (scădere 0.8°C per ciclu)	
Denaturare	94°C	20 s	30-34
Prindere primeri și extensie	57°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).

Având în vedere că markerii utilizați sunt asociați cu mecanisme fiziologice diferite implicate în răspunsul plantelor la stres hidric și/sau termic, este teoretic probabil ca prin cumulara alelelor favorabile pentru mai mulți markeri să se obțină rezultate superioare. În acest context, am analizat frecvența cu care au fost cumulate alelele favorabile pentru mai mulți markeri în cadrul genotipurilor investigate, precum și variația numărului total de alele favorabile între genotipuri. Având în vedere că pentru markerul *1Feh-w3* există date contradictorii privind alela favorabilă, acest marker nu a fost inclus în analizele următoare.

REZULTATE ȘI DISCUȚII

Rezultatele analizelor moleculare au evidențiat o mare variabilitate în privința prezenței și frecvenței alelelor favorabile ale markerilor asociați cu rezistența la secetă și arșiță (tabelul 1).

**Frecvența variantelor alelice ale unor markeri moleculari asociați cu rezistența la 5
secetă și arșiță, la un set de genotipuri de grâu (*Triticum aestivum* L.)**

Tabelul 1

**Variantele de grâu caracterizate din punct de vedere genetic, pentru prezența genelor asociate cu
toleranța la secetă și arșiță**
(Wheat genotypes genetically characterized for the presence of genes associated with drought
and heat tolerance)

Nr. crt.	Nr. 2026	Genotipul	1Feh-w3	TaBAS-B1	TaAGPase-1B	TaDRO-5A	TaSBEIII	TaCKX4	TaPPH-7A	Dreb-B1	qDS1.4B.1 De106	ppD-D1	Nr. Alele favorabile
1	MT-1	GIZA 160	W	B1a	T	HapC	T	HapA	A	B1b	A	D1a	8
2	MT-2	HALBERD	W	B1a	T	HapC	C	HapA	G	B1a	A	D1a	7
3	MT-3	DRYSDALE	K	B1a	T	HapA	T	HapA	A	H	A	D1a	7
4	GCCN-1	GLOSA	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
5	GCCN-2	OTILIA	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
6	GCCN-3	PITAR	K	B1b	T	HapC	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
7	GCCN-4	URSITA	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
8	GCCN-5	VOINIC	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
9	GCCN-6	FDL ABUND	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
10	GCCN-7	FDL COLUMNNA	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
11	GCCN-8	FDL CONSECVENT	W	B1b	T	HapA	C	HapC	G	B1b	G	D1a	2
12	GCC8-30	APACHE	W	B1a	T	HapA	T	HapC	A	B1a	A	D1a	7
13	GCC8-22	AVENUE	W	B1a	T	HapC	H	HapA	H	H	H	D1a	5
14	GCC8-17	PG102	W	B1a	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	6
15	GCC8-24	ANAPURNA	W	H	T	HapA	C	HapA	G	B1b	H	D1a	3
16	GCO1-6	19073G0-12	W	H	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
17	GCO1-17	19315G3-03	H	H	T	HapA	T	H	A	B1b	G	D1a	4
18	GCO3-4	23665G	H	B1b	T	HapA	H	HapA	H	B1b	G	D1a	3
19	GCO2-23	23646G	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	H	D1a	4
20	GCO3-5	23672G1	H	B1b	T	HapA	H	HapA	H	B1b	G	H	2
21	GCO3-12	21133G1	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
22	GCO2-17	23623G1	W	B1b	T	HapA	H	HapA	H	B1b	G	D1a	3
23	GCO2-20	23643G1	W	B1b	T	HapA	C	HapA	H	B1b	G	D1a	3
24	GCO2-25	23661G1	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1a	G	D1a	4
25	GDD1-2	20099GP1-1	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1a	G	D1a	6
26	GDD1-3	20099GP1-2	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1a	G	D1a	6
27	GDD1-5	17282G1-011	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1a	G	D1a	4
28	GDD1-6	19030G0-11	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5

Nr. crt.	Nr. 2026	Genotipul	1Feh-w3	TaBAS-B1	TaAGPase-1B	TaDRO-5A	TaSBEIII	TaCKX4	TaPPH-7A	Dreb-B1	qDSI.4B.1 De106	PPD-D1	Nr. Alele favorabile
29	GDD1-7	19030G0-12	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
30	GDD1-8	19030G0-13	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
31	GDD1-9	19030G0-14	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
32	GDD1-10	19030G0-15	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
33	GDD1-12	19030G0-16	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
34	GDD1-13	19030G0-17	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
35	GDD1-14	19061G0-41	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
36	GDD1-15	19061G0-42	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
37	GDD1-16	19061G0-43	K	B1b	T	HapA	C	HapA	H	B1b	G	D1a	3
38	GDD1-17	19061G0-44	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
39	GDD1-18	19073G0-41	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
40	GDD1-19	19073G0-42	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
41	GDD1-20	19073G0-43	W	H	H	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	2
42	GDD1-22	19073G0-44	H	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
43	GDD1-23	19084G0-11	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
44	GDD1-24	19084G0-12	H	B1b	T	HapA	H	HapA	H	B1b	G	D1a	3
45	GDD1-25	19084G0-13	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
46	GDD2-2	19084G0-14	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
47	GDD2-3	19084G0-15	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
48	GDD2-4	19084G0-16	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
49	GDD2-5	19084G0-41	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
50	GDD2-6	19084G0-42	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
51	GDD2-7	19084G0-43	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
52	GDD2-8	19084G0-44	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
53	GDD2-9	19100G0-61	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
54	GDD2-10	19100G0-62	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
55	GDD2-12	19100G0-63	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
56	GDD2-13	19100G0-64	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
57	GDD2-14	19148G0-21	K	B1b	T	H	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
58	GDD2-15	19230G0-11	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1a	G	D1a	4
59	GDD2-16	19230G0-12	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1a	G	D1a	4
60	GDD2-17	19230G0-13	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1a	G	D1a	4
61	GDD2-18	19239G0-11	W	B1b	T	HapA	C	HapC	G	B1b	G	D1a	2
62	GDD2-19	19251G0-31	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
63	GDD2-20	19251G0-32	H	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3

**Frecvența variantelor alelice ale unor markeri moleculari asociați cu rezistența la 7
seacă și arșiță, la un set de genotipuri de grâu (*Triticum aestivum* L.)**

Nr. crt	Nr. 2026	Genotipul	1Feh-w3	TaBAS-B1	TaAGPase-1B	TaDRO-5A	TaSBEIII	TaCKX4	TaPPH-7A	Dreb-B1	qDS1.4B.1 De106	ppD-D1	Nr.Alele favorabile
64	GDD2-22	19284G0-21	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
65	GDD2-23	19284G0-22	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
66	GDD2-24	19290G0-21	K	H	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
67	GDD2-25	19290G0-22	K	B1a	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
68	GDD3-3	19290G0-24	K	B1a	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
69	GDD3-4	19296G0-31	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
70	GDD3-5	19301G0-31	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
71	GDD3-6	19301G0-32	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
72	GDD3-7	19303G0-11	W	B1a	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
73	GDD3-8	19303G0-12	K	B1a	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
74	GDD3-9	19303G0-13	K	B1a	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
75	GDD3-10	19367G0-21	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
76	GDD3-12	19367G0-22	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
77	GDD3-13	19367G0-23	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
78	GDD3-14	19368G0-11	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
79	GDD3-15	19378G0-31	H	B1b	T	HapA	C	HapA	H	H	A	D1a	4
80	GDD3-16	19384G0-41	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
81	GDD3-17	19384G0-42	H	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
82	GDD3-18	19384G0-43	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
83	GDD3-19	19386G0-11	K	B1b	T	HapC	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
84	GDD3-20	19389G0-21	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
85	GDD3-22	19389G0-22	K	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
86	GDD3-23	20203G1-1	K	H	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
87	GDD3-24	20203G1-2	H	B1b	T	HapA	H	HapA	H	B1b	G	D1a	3
88	GDD3-25	20203G1-3	H	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
89	GDD4-2	20210G1-1	W	B1b	C	HapA	C	HapC	G	B1a	G	D1a	2
90	GDD4-3	20212G3-1	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
91	GDD4-4	20212G3-2	K	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
92	GDD4-5	20217G3-1	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
93	GDD5-25	22067G1	H	B1b	T	HapC	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
94	GDD6-7	22074G4	W	B1b	T	HapC	C	HapA	H	B1b	G	D1a	4
95	GDD7-3	22092G2	K	B1b	T	H	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
96	GDD7-20	22133G2	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	A	D1a	3
97	GDD9-12	22286G1	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5

Nr. crt	Nr. 2026	Genotipul	1Feh-w3	TaBAS-B1	TaAGPase-1B	TaDRO-5A	TaSBEIII	TaCKX4	TaPPH-7A	Dreb-B1	qDSI.4B.1 De106	PPD-D1	Nr. Alele favorabile
98	GDD9-14	22289G1	H	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
99	GDD9-23	22305G1	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5
100	GDD12-8	22378G2	W	B1b	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
101	GDD12-23	21400G-ERB3	W	B1b	T	HapA	T	HapA	A	H	G	D1a	5
102	GDD4-22	22016G4	W	B1a	T	HapA	C	HapA	G	H	G	D1a	4

*Alelele favorabile sunt scrise cu text „**bold**”.

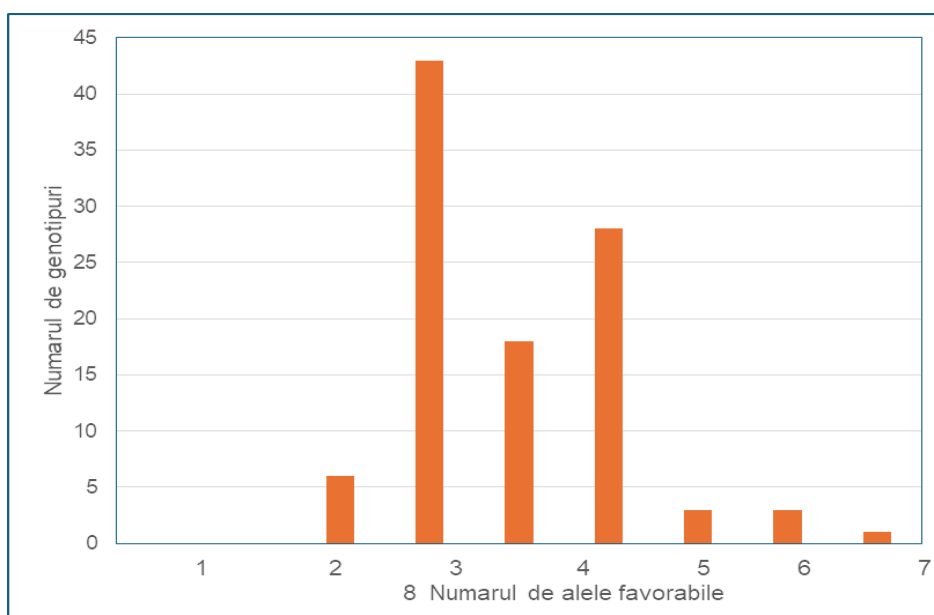
În urma analizelor moleculare pentru cele 102 genotipuri de grâu s-a observat o mare variabilitate între markerii analizați în privința frecvenței alelelor favorabile:

- Pentru markerul *1Feh-w3*, ambele haplotipuri ale genei au fost identificate în materialul analizat, și anume haplotipul W (Westonia) în 52 genotipuri și haplotipul K (Kauz) în 36 genotipuri;
- Pentru markerul *TaBAS-B1*, alela favorabilă B1a a fost identificată în 12 genotipuri;
- Pentru markerul *TaAGPase-1B*, alela favorabilă T a fost identificată în 100 genotipuri;
- Pentru markerul *TaDRO-5A*, haplotipul favorabil HapC a fost identificat în 6 genotipuri;
- Pentru markerul *TaSBEIII*, alela favorabilă T a fost identificată în 36 genotipuri;
- Pentru markerul *TaCKX4*, haplotipul favorabil HapA a fost prezent în 97 de genotipuri;
- Pentru markerul *TaPPH-7A*, alela favorabilă A a fost prezentă în 36 de genotipuri;
- Pentru markerul *Dreb-B1*, alela favorabilă B1a a fost prezentă în 10 genotipuri;
- Pentru markerul *DE106*, alela favorabilă A a fost prezentă în 6 genotipuri;
- Pentru markerul *PPD-D1*, tot materialul analizat a prezentat alela D1a care dă insensibilitatea la fotoperioada, ceea ce înseamnă că plantele pornesc devreme în vegetație primăvară, nefiind influențate de lungimea zilei.

Se observă că alelele favorabile au fost prezente în stare homozigotă pentru unii markeri (precum *PPD-D1* sau *TaAGPase-1B*) la aproape toate genotipurile analizate, în timp ce pentru alți markeri frecvența a fost foarte scăzută. Cercetări viitoare vor trebui să clarifice dacă frecvența scăzută a acestor markeri se datorează absenței lor în materialul inițial folosit, sau unor posibile efecte secundare nefavorabile în condițiile specifice de la Fundulea.

**Frecvența variantelor alelice ale unor markeri moleculari asociați cu rezistența la 9
secetă și arșiță, la un set de genotipuri de grâu (*Triticum aestivum* L.)**

După cum se poate observa și din figura 1, numai un genotip a cumulat alele favorabile pentru 8 din cei 9 markeri analizați, iar câte 3 genotipuri au cumulat alele favorabile pentru câte 7 sau 6 markeri. Majoritatea genotipurilor au prezentat alele favorabile pentru 3 din markerii analizați.



*Figura 1 – Distribuția genotipurilor analizate potrivit numărului de alele favorabile
(Distribution of the analyzed genotypes according to the number of favorable alleles)*

Analizând numărul de markeri pentru care s-au identificat alele favorabile la soiurile recente create la INCDA Fundulea, se observă că majoritatea au avut alele favorabile doar pentru 3 markeri, dar soiul FDL Columna a prezentat alele favorabile pentru 5 markeri asociați stresului hidric și termic (tabelul 2). Aceasta corespunde comportării foarte bune ale acestui soi în condițiile climatice, adesea puțin favorabile, impuse de schimbările climatice (Marinciu si colab. 2025).

Tabelul 2

Caracterizarea genetică a soiurilor de grâu de toamnă create la INCDA Fundulea, pentru alelele markerilor asociați rezistenței la secetă și arșiță

(Genetic characterization of winter wheat varieties created at NARDI Fundulea, for marker alleles associated with drought and heat resistance)

Nr. crt.	2026	Nume soi	TaAGPase-1B	TaDRO-5A	TaSBEIII	TaCKX4	TaPPH-7A	Dreb-B1	Drought-DE106	PPD-D1	Nr. alele favorabile
1	GCCN-1	GLOSA	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
2	GCCN-2	OTILIA	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
3	GCCN-3	PITAR	T	HapC	C	HapA	G	B1b	G	D1a	4
4	GCCN-4	URSITA	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
5	GCCN-5	VOINIC	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
6	GCCN-6	FDL ABUND	T	HapA	C	HapA	G	B1b	G	D1a	3
7	GCCN-8	FDL CONSECVENT	T	HapA	C	HapC	G	B1b	G	D1a	2
8	GCCN-7	FDL COLUMNA	T	HapA	T	HapA	A	B1b	G	D1a	5

Analizând genotipurile care au cumulat cel puțin 5 alele favorabile (cum au fost identificate la soiul FDL Columna), ordonate după numărul de alele favorabile, se remarcă faptul că soiul egiptean Giza 160 și soiurile australiene Halberd și Drysdale, folosite ca martori pentru rezistența la stres hidric și termic, au fost printre variantele care au cumulat cele mai multe alele favorabile (tabelul 3). Două linii create la Fundulea au cumulat alele favorabile pentru 6 din markerii analizați, iar pentru alte 17 linii au fost identificate alele favorabile pentru 5 markeri, același număr ca și la FDL Columna, dar uneori parțial diferiți.

Aceste linii promit o comportare în condiții de stres hidric și termic comparabilă sau chiar superioară soiului FDL Columna.

Analizând formele parentale ale genotipurilor evidențiate, se poate observa că ele prezintă o variabilitate genetică suficientă, deși unii părinți precum Nogal sau 14485G apar mai frecvent.

Tabelul 3

Variantele de grâu evidențiate pentru numărul de alele favorabile la markerii asociați cu toleranța la secetă și arșiță

(Wheat genotypes highlighted for the number of favorable alleles at markers associated with drought and heat tolerance)

Nr. 2026	Genotipul	Forme parentale	Nr. alele favorabile
MT-1	GIZA 160		8
MT-2	HALBERD 1		7
MT-3	DRYSDALE		7
GCC8-30	APACHE		7
GDD1-2	20099GP1-1	13299G, 12141G	6

**Frecvența variantelor alelice ale unor markeri moleculari asociați cu rezistența la 11
secetă și arșiță, la un set de genotipuri de grâu (*Triticum aestivum* L.)**

Nr. 2026	Genotipul	Forme parentale	Nr. alele favorabile
GDD1-3	20099GP1-2	13299G, 12141G	6
GCC8-17	PG102		6
GCCN-7	FDL COLUMNNA	NOGAL, OTILIA	5
GCO3-12	21133G1	TRUBLION, 16257G	5
GDD1-5	17282G1-011	10226G, VOINIC	5
GDD1-6	19030G0-11	NOGAL, GLOSA, URSITA	5
GDD1-7	19030G0-12	NOGAL, GLOSA, URSITA	5
GDD1-8	19030G0-13	NOGAL, GLOSA, URSITA	5
GDD1-9	19030G0-14	NOGAL, GLOSA, URSITA	5
GDD1-10	19030G0-15	NOGAL, GLOSA, URSITA	5
GDD1-12	19030G0-16	NOGAL, GLOSA, URSITA	5
GDD1-13	19030G0-17	NOGAL, GLOSA, URSITA	5
GDD1-14	19061G0-41	14485G, 14078G	5
GDD1-17	19061G0-44	14485G, 14078G	5
GDD1-23	19084G0-11	ABUND, 14485G	5
GDD1-25	19084G0-13	ABUND, 14485G	5
GDD2-2	19084G0-14	ABUND, 14485G	5
GDD2-3	19084G0-15	ABUND, 14485G	5
GDD2-4	19084G0-16	ABUND, 14485G	5
GDD9-23	22305G1	OK17324, COLUMNNA	5

Prezența în acest tabel a soiului Apache sugerează că alele favorabile pentru markerii analizați pot fi găsite și la soiuri originare din zone temperate.

CONCLUZII

Rezultatele prezentate în această lucrare:

- sugerează că există posibilități de ameliorare a soiurilor actuale cultivate în România prin introgresia de alele favorabile care nu există în genotipul acestora;
- au identificat alele favorabile mai puțin frecvente în materialul de ameliorare, care au șanse să îmbunătățească comportarea soiurilor viitoare în contextul schimbărilor climatice;
- susțin ipoteza că prin cumulara de alele favorabile ale markerilor asociați rezistenței la stres hidric și termic se poate anticipa o performanță superioară.

În cazul soiurilor create la INCDA Fundulea, majoritatea au prezentat alele favorabile pentru trei dintre markerii analizați, în timp ce soiul FDL Columnna a cumulat cinci alele favorabile. Acest rezultat este în concordanță cu buna sa comportare observată în condiții de cultură și indică faptul că unele dintre alelele asociate toleranței la stres hidric și termic

sunt deja prezente în soiurile românești, dar și că există posibilități de îmbogățire a fondului genetic prin introducerea unor variante favorabile absente din acestea.

Sursa de finanțare: Acest studiu s-a realizat cu surse din bugetul proiectului PN23.18.02.01 (Ministerul Educației și Cercetării - Autoritatea Națională pentru Cercetare).

REFERINȚE BIBLIOGRAFICE

- CRISTINA, D., MANDEA, V., MARINCIU, C. M., TURCU, A. G., CONȚESCU, E. L., & CIUCĂ, M., 2025 – *Molecular markers associated with drought and heat resistance, used in wheat breeding programs at NARDI Fundulea*. *Analele Institutului National De Cercetare-Dezvoltare Agricola Fundulea*, Vol. 93.
- LIU, G., LIU, D., ZHANG, A., LIU, H., MIA, M.S., MULLAN, D. AND YAN, G., 2023 – *Identification of KASP markers and candidate genes for drought tolerance in wheat using 90K SNP array genotyping of near-isogenic lines targeting a 4BS quantitative trait locus*. *Theoretical and Applied Genetics*, 136(9), p.190.
- MARINCIU, C. M., ȘERBAN, G., VASILE MANDEA, I. G., CIUCĂ, M., CRISTINA, D., & SĂULESCU, N. N., 2025 – *Direct Multi-trials Estimation of Genetic Progress in Wheat Breeding at NARDI Fundulea, Romania*. *Romanian Agricultural Research*, 42, 165-173.
- RAJARAM S, BORLAUG NE, VAN GINKEL M., 2002 – *CIMMYT international wheat breeding*. In: BC Curtis, S Rajaram, H Gómez-Macpherson, eds. *Bread wheat improvement and production*. The Food and Agriculture Organization of the United Nations: Rome, Italy, 103–117.
- YULING ZHENG, ZHENYU CAI, ZHENG WANG, TAGARIKA MUNYARADZI MARUZA, GUOPING ZHANG, 2025 – *The Genetics and Breeding of Heat Stress Tolerance in Wheat: Advances and Prospects*. *Plants*, 14(2), 148; <https://doi.org/10.3390/plants14020148>.
- ZHANG JINGJUAN, Z.J., XU YUNJI, X.Y., CHEN WEI, C.W., DELL, B., VERGAUWEN, R., BIDDULPH, B., KHAN, N., LUO HAO, L.H., APPELS, R. AND ENDE, W.V.D., 2014 – *A wheat 1-FEH w3 variant underlies enzyme activity for stem WSC remobilization to grain under drought*.

Prezentată Comitetului de redacție 05 iunie 2026