

Smart Diaspora 2023

Revoluții și evoluții ale științelor omice în epoca postgenomică

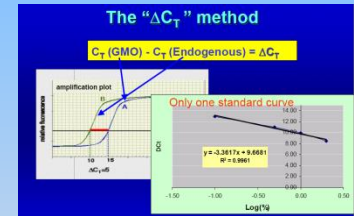
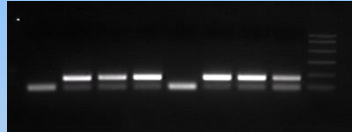
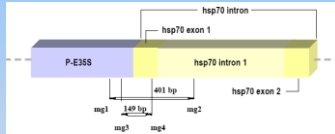
10 - 13 Aprilie 2023,
Timișoara

www.diaspora-stiintifica.ro

Eveniment aflat sub înaltul patronaj
al Președintelui României



APLICATII ALE INGINERIEI GENETICE IN LUMEA PLANTELOR



Popescu Sorina

Universitatea de ȘTIINȚELE VIETII
"Regele Mihai I" Timisoara

MODIFICAREA GENETICĂ A DOUĂ SOIURI ROMÂNEȘTI DE CARTOF PENTRU REZISTENȚA LA ATACUL GÂNDACULUI DIN COLORADO

Proiect finanțat de Banca Mondială

"Promotion and extension of sustainable and efficient technologies in potato culture"

Două soiuri de cartof produse la Stațiunea de Cercetare a Cartofului Târgu Secuiesc

COVAL



REDSEC

- producție mare
- rezistență la virusuri
- calitate bună

Agrobacterium tumefaciens cu plasmida binară pMON 9843 furnizată de Compania Monsanto

Gene	Promotor	Secventa terminala
<i>cry3A</i> : cry3A delta-120 endotoxin (<i>Bacillus thuringiensis</i> subsp. <i>Tenebrionis</i>)	<i>arabSSU1A</i> : A. thaliana ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase (Rubisco) small subunit promoter	<i>nos</i> : A. tumefaciens nopaline synthase (nos) 3'-polyadenylation signal
<i>CP4 epsps</i> : 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (<i>Agrobacterium tumefaciens</i> CP4)	<i>FMV</i> : figwort mosaic virus (FMV) 35S chloroplast transit peptide (CTP2) from A. thaliana	<i>Ps E9 3'</i> : P. sativum (pea) ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase small subunit E9 gene 3' non-translated region

Au fost selectate câte 20 de linii din fiecare soi, în funcție de conținutul proteinei CRY III A

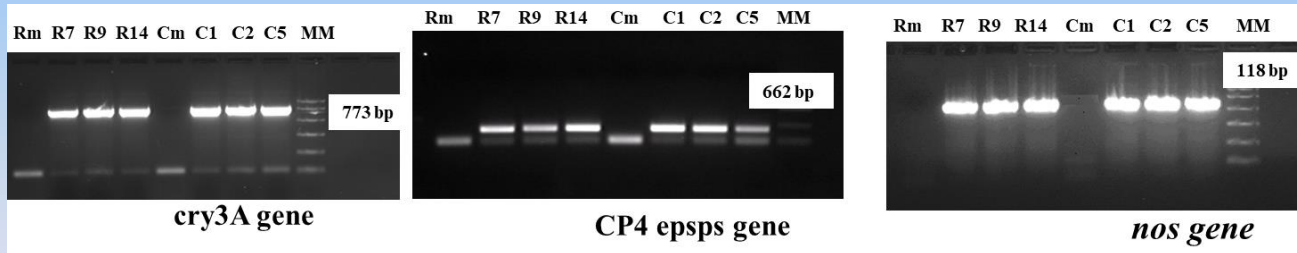
TESTUL DE REZISTENȚĂ - LEAF DISC BIOASSAY

Multiplicarea în seră și procerea de minituberculi



În urma testului de rezistență au fost selectate câte trei linii pentru fiecare soi modificat genetic

TESTAREA MOLECULARĂ



CONCLUZII

Modificarea genetică a două soiuri de cartof – Redsec și Coval.
Plantele au fost testate în laborator și în seră, dar s-au oprit datorită legislației restrictive.

EVALUAREA IMPACTULUI PRODUS DE CULTIVAREA PORUMBULUI MODIFICAT GENETIC ASUPRA MEDIULUI

Proiect MAKIS/142043/20082008-2010 - coordonator Prof. Dr. Badea Elena

Evaluarea, la nivel de fermă, a impactului unor tehnologii de cultură a porumbului în România asupra biodiversității și asupra calității și cantității recoltei”

Scopul proiectului

Evaluarea ratei fertilizărilor încrucișate între plantele modificate genetic și convenționale, prin detectarea și cuantificarea secvențelor specifice porumbului MON 810.

Sursa de transgene a fost constituită din soiul de porumb DKC4442YG, conținând evenimentul de transformare MON 810.

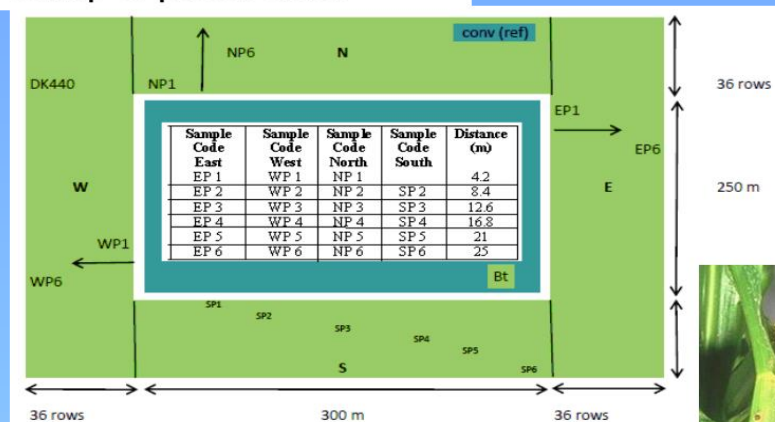
Ca receptor a fost utilizată o linie izogenică de porumb, cu o înflorire sincronizată cu cea modificată genetic. Astfel s-au asigurat condițiile optime pentru fluxul de gene mediat de polen.

Probele de analizat au fost prelevate atât din câmpuri experimentale cât și comerciale:

În 2007 și 2008 Compania Monsanto a cultivat parcele de porumb modificat genetic (300 x 250m) înconjurate de câte 36 de rânduri de porumb convențional.

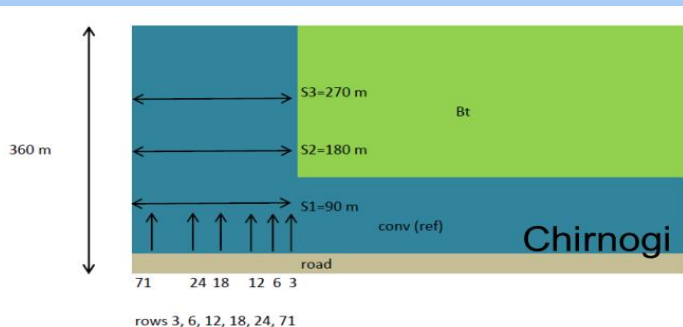
În 2008 studiul s-a desfășurat și în câmpuri comerciale localizate în zone pedo-climatice diferite, favorabile pentru cultura porumbului și anume în sud- Judetul Calarasi, în est- Judetul Braila și în vest – Judetul Timis.

Câmp experimental

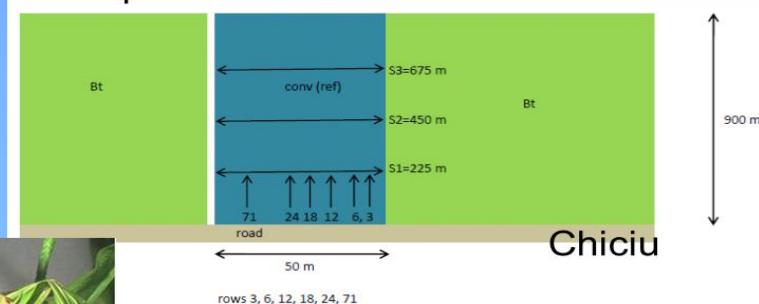


Probele au fost colectate din fiecare al șaselea rând (6 probe pe fiecare direcție geografică).

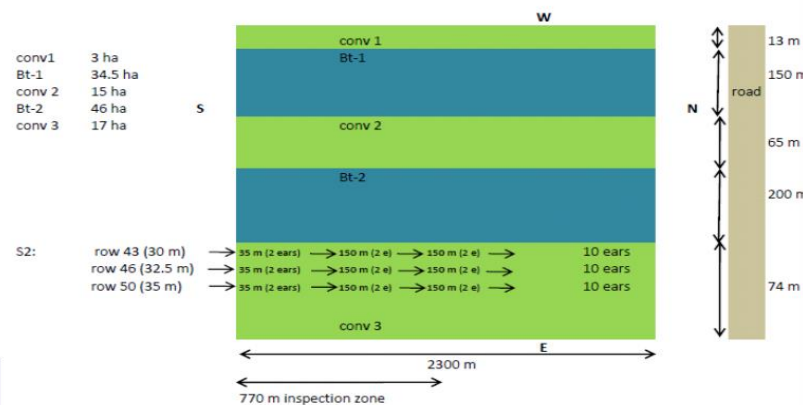
Câmp comercial



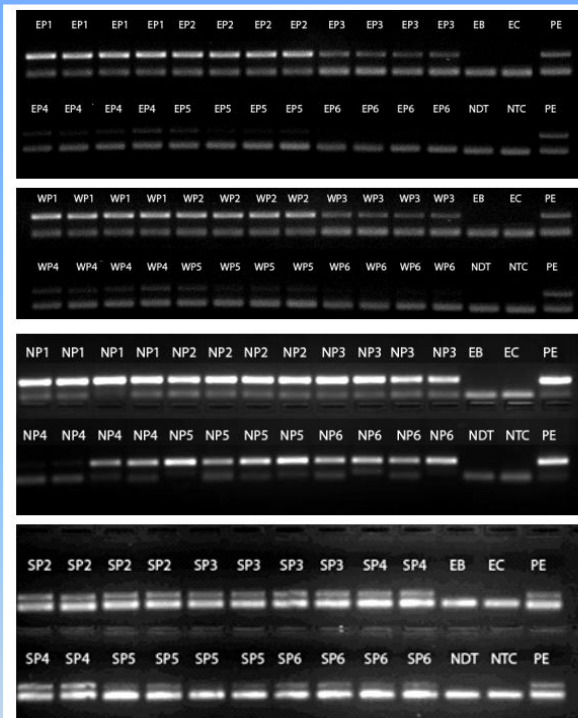
Câmp comercial



Câmp comercial



Smart Diaspora 2023

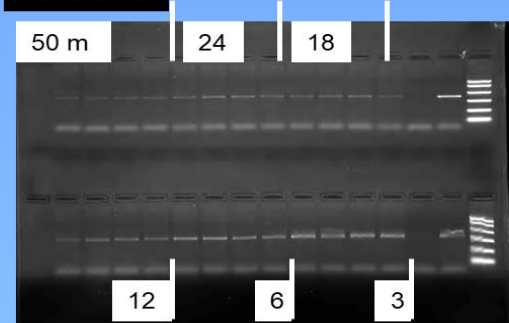


Est - EP1 (4.2 m), EP2 (8.4m), EP3 (12.6 m). EP4 (16.8 m), EP5 (21 m), EP6 (25 m);
West -WP1 (4.2 m), WP2 (8.4m), WP3 (12.6 m). WP4 (16.8 m), WP5 (21 m), WP6 (25 m);
Nord - NP1 (4.2 m), NP2 (8.4m), NP3 (12.6 m). NP4 (16.8 m), NP5 (21 m), NP6 (25 m);
Sud -SP2 (8.4m), SP3 (12.6 m). SP4 (16.8 m), SP5 (21 m), SP6 (25 m);
 EB - Control negativ de extractie; EC - Control de mediu;
 NDT -Control negativ; NTC -Control PCR PE - Control pozitiv de extractie

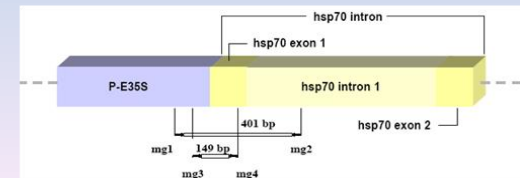
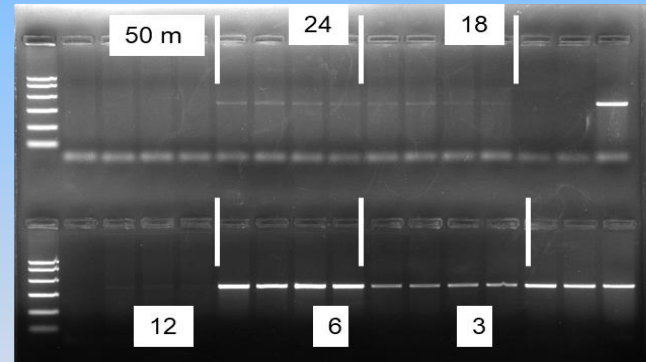
Detectia transgenei

Primerii mg1, mg2
410bp

CHICIU



CHIRNOGI

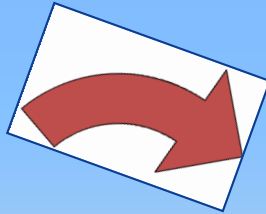


Cuantificarea porumbului MG

Pentru determinarea cantitativă se amplifică în paralel un fragment specific speciei (*Zea mays*) și anume gena **hmg** - **high mobility group protein** cu o secvență transgenică, specifică zonei de legătură dintre promotorul 35S și secvența genomului vegetal, cu ajutorul unor primeri și sondelor moleculare TaqMan specifice.

CUANTIFICARE

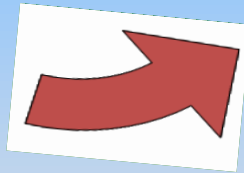
ADN MG



$\% \text{ MG} = \text{ADN MG} /$

$\text{ADN specific speciei}$

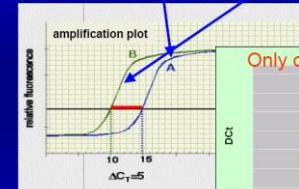
CUANTIFICARE
ADN SPECIFIC SPECIEI



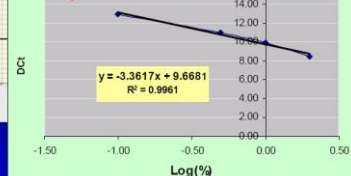
DETERMINARE RELATIVA metoda ΔC_t

The " ΔC_T " method

$$C_T(\text{GMO}) - C_T(\text{Endogenous}) = \Delta C_T$$



Only one standard curve





Sample code	Conc. (%)	Sample code	Conc. (%)	Sample code	Conc. (%)	Sample code	Conc. (%)	Distance (m)	Average conc. (%)
E 1	6	W 1	2,2	N1	2,9	-	-	4,2	3,70
E 2	8,6	W 2	3,8	N2	0,5	S 2	1,7	8,4	3,65
E 3	2,4	W 3	0,9	N3	0,4	S 3	1,3	12,6	1,25
E 4	1,8	W 4	0,6	N 4	0,1	S 4	1,0	16,8	0,88
E 5	0,8	W 5	0,4	N5	0,2	S 5	0,2	21	0,40
E 6	0,5	W 6	0,1	N6	0,1	S 6	0,4	25	0,28

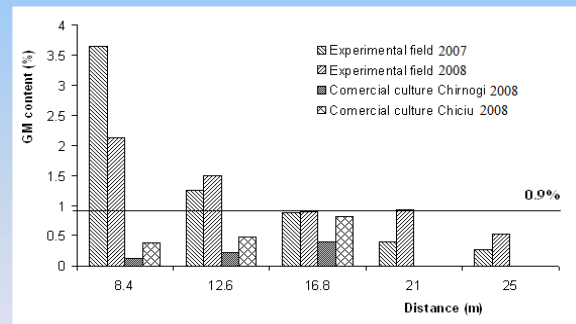
În cazul **câmpurilor experimentale** conținutul de MG în porumbul convențional a fost diferit, depinzând de direcția geografică. Distanțele necesare pentru scăderea conținutului de MG sub 0,9% a fost de 21m în anul 2007 și 25m în anul 2008.

CONCLUZII

- Rezultatele obținute în ambele sistemele experimentale a arătat o scădere a contaminării invers proporțională cu distanța față de sursa.
- Se consideră că o distanță de 25m este suficientă pentru a asigura izolarea spațială a câmpurilor modificate genetic, pentru a evita contaminarea cu MG.

Sample code	Distance (m)	Conc [%]	
		Chiciu	Chirnogi
R 3	2.1	2.02±0.29	4.08±0.58
R 6	4.2	1.08±0.15	9.62±1.37
R 12	8.4	0.38±0.05	0.11±0.01
R 18	12.6	0.48±0.07	0.21±0.03
R 24	16.8	0.82±0.12	0.39±0.06
R 71	50	0.28±0.04	negative

Probele colectate din **câmpurile comerciale** au avut conținuturi mai mici de GM, distanța la care procentul a fost mai mic de 0,9% fiind de 8,4m.



Rezultatele obținute pot reprezenta o bază științifică în elaborarea legislației cu privire la cultivarea plantelor modificate genetic în România.

DETECȚIA ȘI CUANTIFICAREA PLANTELOR MODIFICATE GENETIC ÎN PRODUSE AGRICOLE ȘI ALIMENTARE

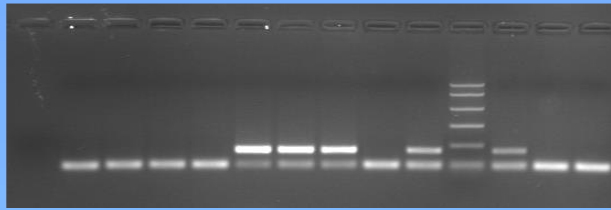
Programului Cercetare de excelență, Modul IV / 263 /2006-2008 - coordonator Prof. Dr. Badea Elena

Dezvoltarea capacității de detectare, identificare și cuantificare a organismelor modificate genetic și a derivatelor lor moleculare în produsele agricole și alimentare, conform standardelor UE

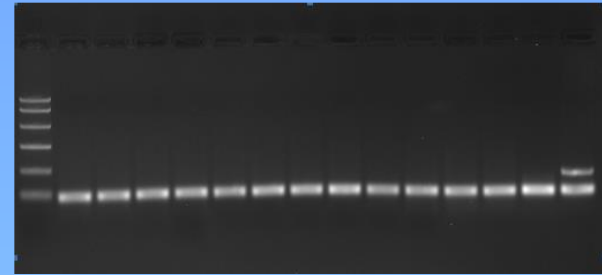
Organizarea Laboratorului de Genetică Moleculară, întocmirea documentației tehnice, validarea metodelor de lucru, ceea ce a condus la acreditarea laboratorului pentru detecția și cuantificarea plantelor modificate genetic în produse agricole și alimentare (certificat LI 812/2009).



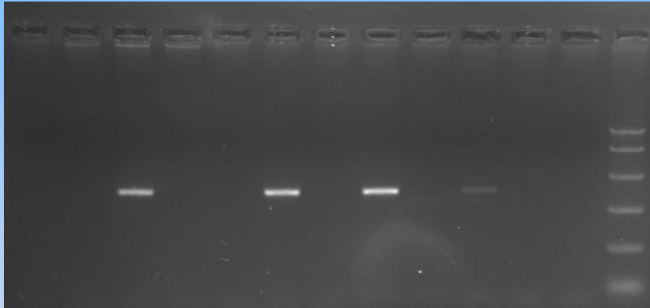
Smart Diaspora 2023



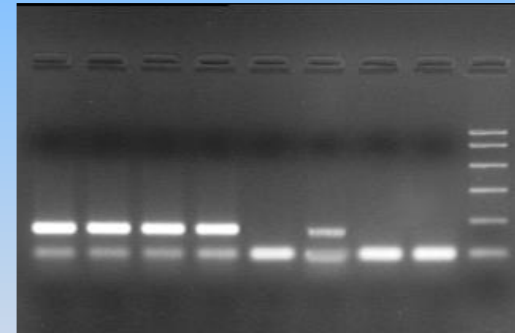
Amplificare cu HA-nos 118-f/HA-nos 118-r pentru probele de făină și furaj



Amplificare HA-nos 118-f/HA-nos 118-r pentru texturate din soia



Amplificare cu mg1/mg2 pentru probele de făină și furaj



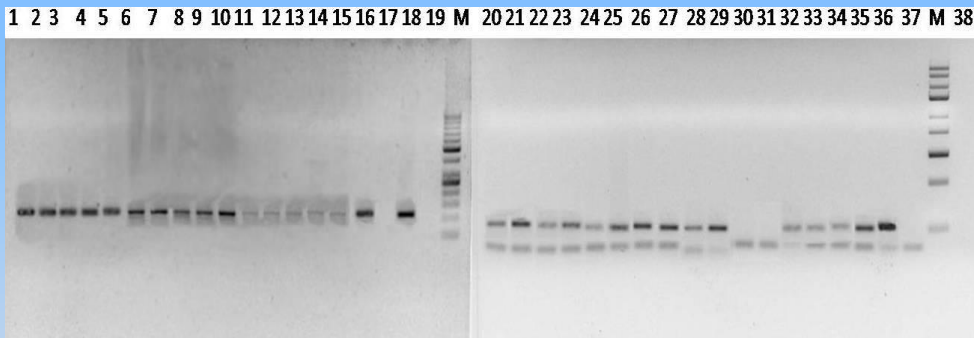
Amplificare cu HA-nos 118-f/HA-nos 118-r pentru probele de făină și furaj



Scopul cercetarii:

Evaluarea posibilității de a detecta secvențe transgenice în țesuturile animalelor de fermă hrănite cu furaje care conțin soia modificată genetic;

Au fost analizate diferite tipuri de tesuturi (muschi, ficat și stomac);



**Detectia lectinei - gena
specifica pentru soia**

1-5 ficat
6-10 tesut muscular
11-15- stomac
16 furaj
17-control negativ
18- control pozitiv

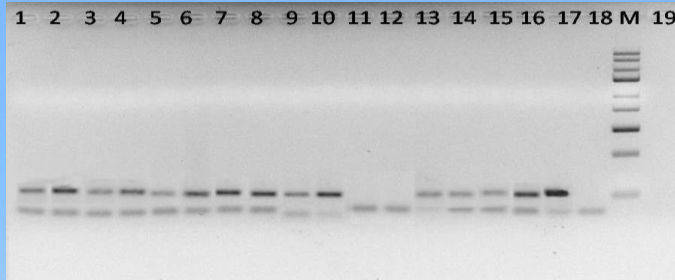
**Detectia ADN transgenic
(secventa terminal t-nos)**

20-24 ficat
25-29 tesut muscular
30-34- stomac
35- furaj
36--control pozitiv
37- control negativ
38- NTC

Au fost identificate secvente de ADN
specifice pentru soia (furaj) in toate
tesuturile animale analizate

Prezenta secventelor ADN transgenic
in tesuturile animale analizate a fost
intamplatoare

Ce se întâmplă cu secvențele modificate genetic după ce animalele sunt sacrificate și țesuturile sunt procesate?



Detectia ADN transgenic (secventa terminala t-nos) in probe procesate

- 1-5 ficat
- 6-10 tesut muscular
- 11-15- stomac
- 16- furaj
- 17-control pozitiv
- 18- control negativ

Rezultatele amplificărilor PCR nu au fost afectate considerabil de prelurarea mecanică; secvențele transgenice au fost încă detectabile în acele probe care au fost pozitive în forma proaspătă.

CONCLUZII

S-au identificat cantități reduse de secvențe transgenice atât în țesuturile proaspete cât și în cele procesate.

Pentru a stabili proceduri standard operaționale validate sunt necesare experimente mai complexe, care să ia în studiu un număr mai mare de animale.

EVALUAREA VARIABILITĂȚII GENETICE CU AJUTORUL MARKERILOR MOLECULARI

2003 - experimente orientate spre evaluarea variabilității genetice cu ajutorul markerilor moleculari

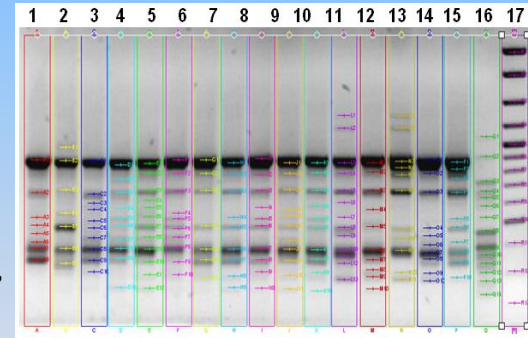
Proiect “**Screening-ul toleranței la salinitate a unor populații locale de legume în vederea conservării potențialului genetic și a biodiversității**” PN-II-PT-PCCA-2011-3.1-0965, 2012-2015, coordonator Prof. dr. Radu Șumălan

Stabilirea amprentelor moleculare, gradului de înrudire și a dendrogramei la aproximativ 300 de populații locale de tomate, fasole ceapă și usturoi, colectate atât din zona de vest a României cât și din Moldova

Proiect “**Evaluarea potențialului productiv, de fitoremediere și adaptabilitate la stresul hidric a unor genotipuri de Salix, în stațiuni impropii culturilor agricole**” PN II Nr. 111/2014 coordonator Prof. dr. Mihaela Corneanu

Evaluarea genetică a unor genotipuri de salcie

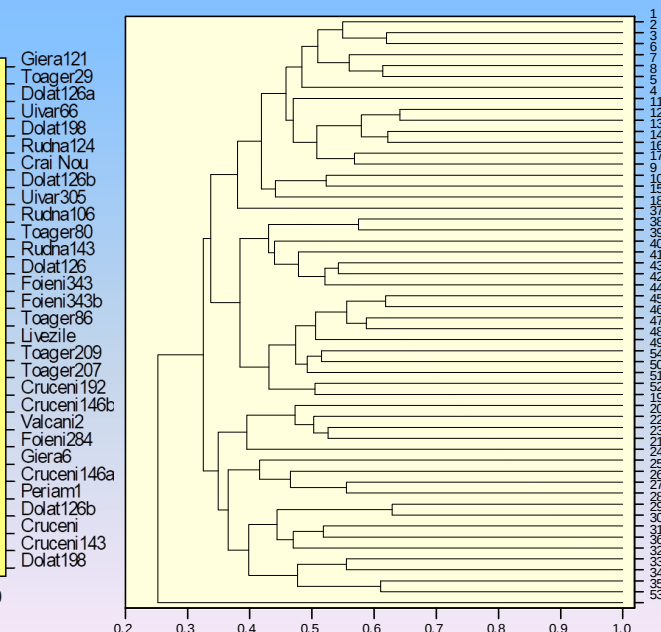
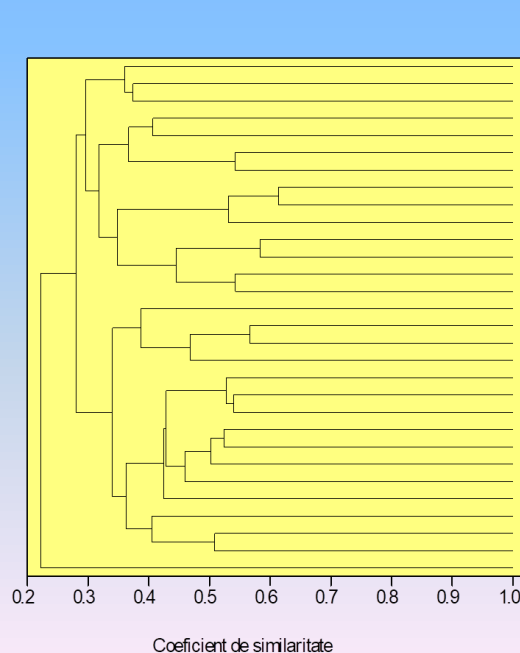
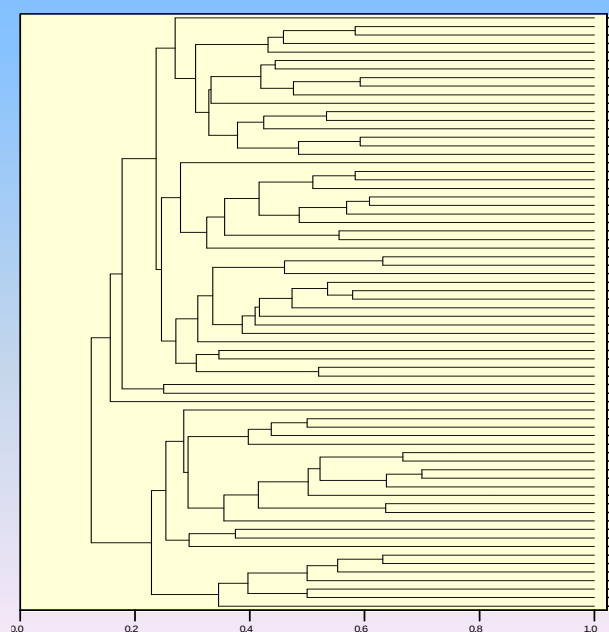
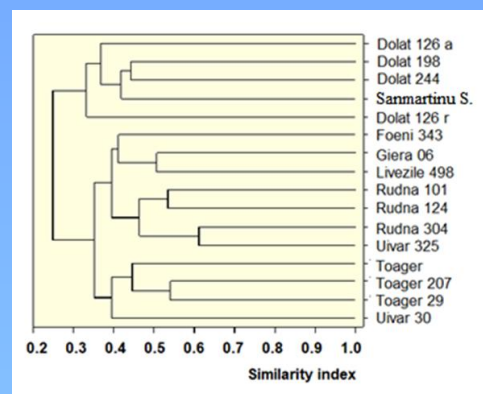
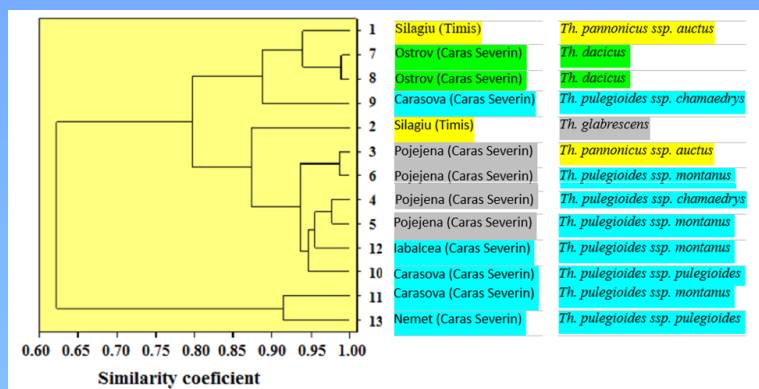
Alte colaborări - amprente moleculare și gradul de înrudire la ecotipuri de lucerna, bujor, tei, ulm, orhidee sălbatice etc.



Markeri
utilizați

Markeri RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)
Markeri microsateliti SSR (Single Sequence Repeats)
Markeri ISSR (Inter Simple Sequence Repeats)
Markeri Minisateliti DAMD (Directed Amplification of Minisatellites)
Markeri ScoT (Start Codon Targeted)

Smart Diaspora 2023



Autenticitatea alimentelor

Identificarea prezenței făinii de pește în furaje, a soiei modificate genetic în mezeluri, a laptelui de vacă în brânza de capră, etc.

Solicitarea unui fermier - contract “*Determinarea OMG și a produselor de origine animala in furaje*” încheiat cu S.C. Avicola San Roberto SRL.

Proiect “*Szeged-Timisoara axis for the safe food and feed*” – SZETISA1 HURO/0901/147/2.2.2-2011-2012,

Director de proiect Prof. dr. Sorina Popescu în colaborare cu Universitatea Szeged, Ungaria

Identificarea speciilor de *Fusarium* din regiunea trans-frontalieră cu ajutorul tehnicilor moleculare

Cercetările au fost continuate în cadrul unei teze de doctorat “*Studiu privind infecția cu Fusarium la culturile din zona de vest a României*”, coordonator Prof. dr. Dorica Botau, în urma căreia s-a evaluat influența arealului geografic asupra profilului speciilor și chemotipurilor de *Fusarium*.



Fusarium ID database and NCBI

```
ACGCATCGGAGAGACGCAGCGTGTGCTACGCTATGTTAGTATGAG
AACATGATGACGGGACCTTCAAACCTACCAATGACGGCGACATAGT
AGCGAGGAGTCTCGAACTTCCAGAGGGCGATATCAATGGGGATAC
CACGCTCACGCTCGGCTTTGAGCTTGTCAAGAACCCAGGCGTACT
TGATGGAACCCCTTACCGCGCTAATTTCTTCCCTTTTACAGGCAGT
TATTGACTGGGGGGAGTCAAAAACCCATAGCCCCCAAGAGGTGCC
CCCCGCGCCCAATCCTCTTCGAGACAGATTCTCTGCTTTAAATTG
GGCCTTCCCTTTTACAAAAATATTTATTTTATACA
```

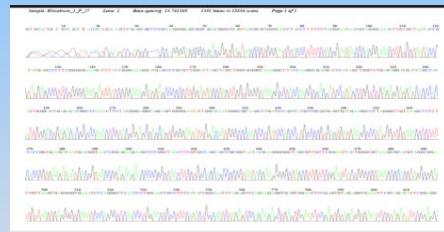
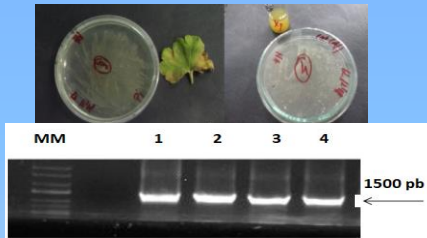
Smart Diaspora 2023

BARCODING

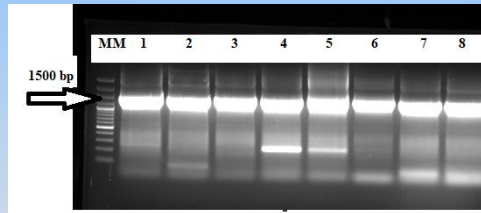
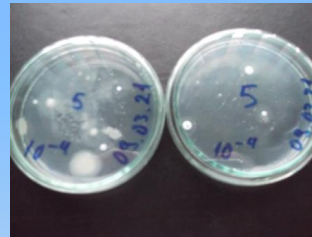
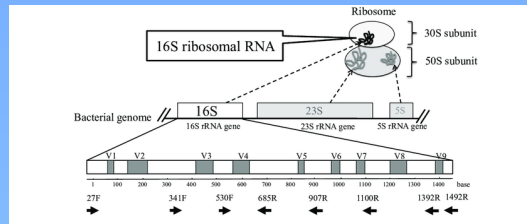
BACTERII



PATOGENI LA MUSCATE



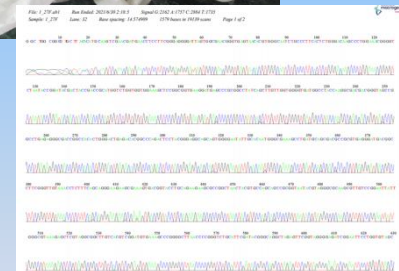
	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident.	Accession
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1555	1555	94%	0.0	91.32%	MF202623.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. P2020 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1559	1559	95%	0.0	96.98%	MT247538.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1546	1546	92%	0.0	91.43%	MF202623.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. P2020 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1546	1546	92%	0.0	91.70%	MT247538.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1541	1541	92%	0.0	91.34%	MF202623.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1541	1541	92%	0.0	91.34%	MF202623.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1541	1541	92%	0.0	91.34%	MF202623.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1541	1541	92%	0.0	91.34%	MF202623.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1541	1541	92%	0.0	91.34%	MF202623.1
☒	<i>Streptomyces</i> sp. strain F-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	1541	1541	92%	0.0	91.34%	MF202623.1

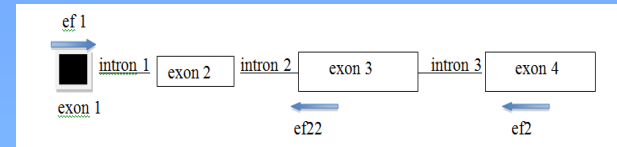
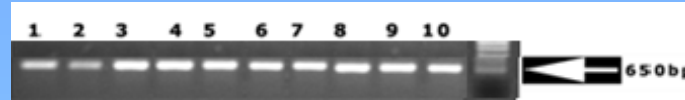


Identificarea moleculară

Streptomyces nigrescens
Streptomyces virginiae, sinonim cu *Streptomyces cinnamomensis*
Streptomyces chartreusii
Streptomyces albidoflava sinonim cu *Streptomyces canescens*, *Streptomyces sampsonii*

ACTINOMICETE DIN SOL





CCCGATTGCGGTGACGGTAGCGTCTGATAGCCATGTTAGTATGAGAATGTGATGACAGCATTGGTGACAACATACCAATGACGGTGACATAGTAGCGAGGAGTCTCGAACTTCCAGAGG
GCGATATCAATGGTGATACCACGCTCACGCTCGGCTTTGAGCTTGCAAGAACCAGGCGTACTTGAAGGAACCTTACCGAGCTCGGCGGCTTCTATTGACAGGTGGTTAGTGACTG
TTTGACACGTGATGATGACCGCCCAGGGAATGGATTGTGGGAAGAGGGTCGACCCCTCGTCTATCGACTGGCGGGATTACTTTGTACCCGGGAAATAATACCATCTCATATATTAGT
TAAATCTTTCACCTATATCCGGAGCCCCAATTCCACGGTCTATTCATTCCAGAGCCACCATTATTACTGGTATAACTATCAAAAAATTATTATGACGCATGAACTGTTACAATTACTTATA
ACATGGTCTCTGTTAGGTCTGACGTCCCTAACTCTCGCGATTAATATTGATATCCTTACCTACCATTCCCATCATACCAATAGTAGATATACGTACCATTGAGTTATATCCGCCCTTATT
GTTGCC

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [Clear](#) Query subrange [?](#)

From To

Or, upload file No file chosen [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

☐ Align two or more sequences [?](#)

Choose Search Set

Database ☒ Standard databases (nr etc.) ☐ rRNA/ITS databases ☐ Genomic + transcript databases ☐ Betacoronavirus

Organism [?](#)

☐ Enter organism name or id—completions will be suggested ☐ exclude [Add organism](#)

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown [?](#)

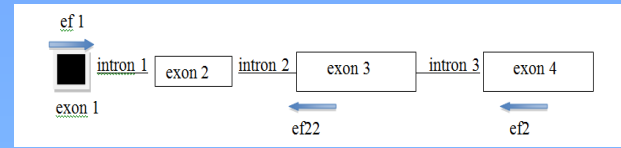
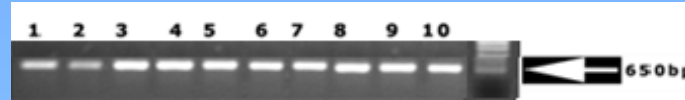
☐ Models (XM/XP) ☐ Uncultured/environmental sample sequences

Exclude ☐ Sequences from type material

Limit to

Species identification Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☐	Fusarium graminearum strain 433-2 translation elongation factor 1-alpha (TEF1) gene, complete cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	2106	MH572248.1
☐	Fusarium graminearum isolate 1772 translation elongation factor 1-alpha (TEF1) gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	608	MF974407.1
☐	Fusarium graminearum strain 16FQ4-15 translation elongation factor 1-alpha gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	644	KY471842.1
☐	Fusarium graminearum isolate A3 elongation factor 1a (tef1) gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	672	KX269081.1
☐	Fusarium graminearum strain 14XY2X-18 translation elongation factor 1-alpha gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	644	KP247739.1
☐	Fusarium graminearum isolate NE1c-16Fg translation elongation factor 1-alpha gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	660	MT299367.1



CCCGATTGCGGTGACGGTAGCGTCTGATAGCCATGTTAGTATGAGAATGTGATGACAGCATTGGTGACAACATACCAATGACGGTGACATAGTAGCGAGGAGTCTCGAACTTCCAGAGG
GCGATATCAATGGTGATACCACGCTCACGCTCGGCTTTGAGCTTGCAAGAACCCAGGCGTACTTGAAGGAACCTTACCGAGCTCGGCGGCTTCTATTGACAGGTGGTTAGTGACTG
TTTGACACGTGATGATGACCGCCCAGGGAATGGATTGTGGGAAGAGGGTCGACCCCTCGTCTATCGACTGGCGGGATTACTTTGTACCCGGGAAATAATACCATCTCATATATTAGT
TAAATCTTTCACCTATATCCGGAGCCCCAATTCCACGGTCTATTCATTCCAGAGCCACCATTATTACTGGTATAACTATCAAAAAATTATTATGACGCATGAACTGTTACAATTACTTATA
ACATGGTCTCTGTTAGGTCTGACGTCCCTAACTCTCGCGATTAATATTGATATCCTTACCTACCATTCCCATCATACCAATAGTAGATATACGTACCATTGAGTTATATCCGCCCTTATT
GTTGCC

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [Clear](#) Query subrange [?](#)

From

To

Or, upload file No file chosen [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

☐ Align two or more sequences [?](#)

Choose Search Set

Database ☒ Standard databases (nr etc.) ☐ rRNA/ITS databases ☐ Genomic + transcript databases ☐ Betacoronavirus

Nucleotide collection (nr/nt) [?](#)

Organism [Add organism](#)

Enter organism name or id—completions will be suggested

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown [?](#)

☐ Models (XM/XP) ☐ Uncultured/environmental sample sequences

Exclude ☐ Sequences from type material

Limit to

Species identification Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☐	Fusarium graminearum strain 433-2 translation elongation factor 1-alpha (TEF1) gene, complete cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	2106	MH572248.1
☐	Fusarium graminearum isolate 1772 translation elongation factor 1-alpha (TEF1) gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	608	MF974407.1
☐	Fusarium graminearum strain 16FQ4-15 translation elongation factor 1-alpha gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	644	KY471842.1
☐	Fusarium graminearum isolate A3 elongation factor 1a (tef1) gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	672	KX269081.1
☐	Fusarium graminearum strain 14XY2X-18 translation elongation factor 1-alpha gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	644	KP247739.1
☐	Fusarium graminearum isolate NE1c-16Fg translation elongation factor 1-alpha gene, partial cds	Fusarium grami...	497	497	50%	5e-136	96.10%	660	MT299367.1

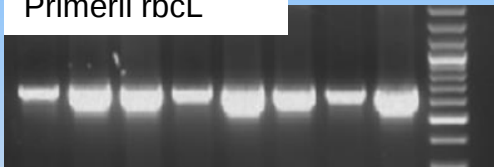
Consortiul CBOL “Barcode of Life-Plant Working Group” a evaluat șapte regiuni cloroplastice și a recomandat utilizarea unei combinații între doi loci

matK + rbcL (mat K- gena cmaturaza K și rbc L – gena ribuloz-bifosfat arboxilaza);

gena rbcL conferă universalitatea, iar matK rezoluția înaltă, dar totuși eficacitatea acestei combinații este de 72% deoarece nu permite diferențierea speciilor înrudite.

De curând s-a propus secvențierea întregului genom cloroplastic, dar nici una dintre aceste proceduri nu a fost unanim acceptată.

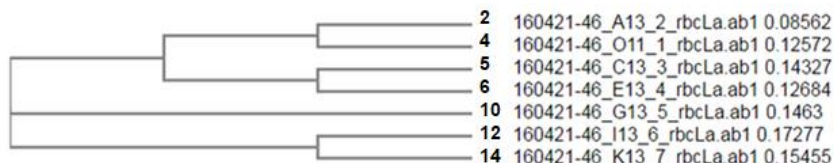
Primerii rbcL



160421-46_A13_2	-----CTCAACCCGGAGTTCACCGGAGGAAGCGGGGGCCGCGGTAGCTGCCGAA	160421-46_A13_2	CTCAACCCGGAGTTCACCGGAGGAAGCGGGGGCCGCGGTAGCTGCCGAA
160421-46_C13_3	-----TGATCGTTACAAAGGACGATGCCTATACACATTGAGCCTGTTCCTGGAGAAG	160421-46_C13_3	TGATCGTTACAAAGGACGATGCCTATACACATTGAGCCTGTTCCTGGAGAAG
160421-46_E13_4	-----AAACTCAATTTATTGCTTATGTAGCTACCCACTCGACCTTTTGAAGAA	160421-46_E13_4	AAACTCAATTTATTGCTTATGTAGCTACCCACTCGACCTTTTGAAGAA
160421-46_I13_6	-----GGTTCGTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGGGGTAAATGATTTGGGGT	160421-46_I13_6	GGTTCGTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGGGGTAAATGATTTGGGGT
160421-46_K13_7	-----CAAAGCCTTCGCGGCCCTCGCTGGAGGATTCGCAAGATTCCTACTGCTT	160421-46_K13_7	CAAAGCCTTCGCGGCCCTCGCTGGAGGATTCGCAAGATTCCTACTGCTT
160421-46_O11_1	-----ATGTTAAAACTTTTCAAGGTCGCGCTCACGGCATCCAGGTTGAGAGAGAT	160421-46_O11_1	ATGTTAAAACTTTTCAAGGTCGCGCTCACGGCATCCAGGTTGAGAGAGAT
			AAATTGAACAAGATGCGCGCTCCCTATTGGGATGTACTATTAACCTAA
			ATTGGGATTATCCGCTAAAACTACGGTAGAGCAGTTTATGAATGTCTTC
			GCGGTGGGCTTGATTTTACCAAGATGATGAAAACGTGAATCCCAACANNNN
			CCATCATGACGGGAATGACTGCCGCTGGGTAGACAACCTGGAGGCGGCC
			TTGCCGTCGATCCGGCCCTCGAAGACCTTTTAAAGGTGCTAGCAAGCGT
			CGTCGAACACACGTTACGCTCGTCTGACCTTGAGGCACCTAGCGGC
			CTCTGCCGTTAGCATCCCCCATTTGTACATGGAGCTTCGACCCCTCCT
			TCATTCTAGTATTTGCACCTCTTATTCCTTCAACCCCTTCCCTCTCTCCAT
			TCTCTTATTTTTCATCCCTATTATTAAGTTTCTCTCTATTTCTTTTT
			TTTCAACTCTCTGATACTACTTTATCTCTTATATACTTAAGAATATTC
			ACTAATCGGGCGAGTACTTTACTTATTTTCTATTATTACATACTGTACG
			TTCTCTTTTACATGGAGATCTTTTGTGTTATCGCTGANNNNN
			CCATCATGACGGGAATGACTGCCGCTGGGTAGACAACCTGGAGGCGGCC
			TTGCCGTCGATCCGGCCCTCGAAGACCTTTTAAAGGTGCTAGCAAGCGT
			CGTCGAACACACGTTACGCTCGTCTGACCTTGAGGCACCTAGCGGC
			CTCTGCCGTTAGCATCCCCCATTTGTACATGGAGCTTCGACCCCTCCT
			TCAATTCTAGTATTTGCACCTCTTATTCCTTCAACCCCTTCCCTCTCCAT
			TACTATTATTTCTTTTCATCCCTATTATATCTTTATAATATCTTATAT
			TTCTCTCTATTTTTCATTTAAACCCCTTCCCTCTTTTCTCTTTCCCC
			CCACTCCCACACTTATACTATTAATTAAGTTTCTCTCTATTTCTTTTT
			TTTCAACTCTCTGATACTACTTTATCTCTTATATACTTAAGAATATTC
			ACTAATCGGGCGAGTACTTTACTTATTTTCTATTATTACATACTGTACG

>160421-46_O11_1_rbcLa.ab1

CTCAACCCGGAGTTCACCGGAGGAAGCGGGGGCCGCGGTAGCTGCCGAA
 TCCTTACGCGGTACTTGGACAACGTGTGGACCGATGACTTACAGCCT
 TGATCGTTACAAAGGACGATGCCTATACACATTGAGCCTGTTCCTGGAGAAG
 AAACCTCAATTTATTGCTTATGTAGCTACCCACTCGACCTTTTGAAGAA
 GGTTCGTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGGGGTAAATGATTTGGGGT
 CAAAGCCTTCGCGGCCCTCGCTGGAGGATTCGCAAGATTCCTACTGCTT
 ATGTTAAAACTTTTCAAGGTCGCGCTCACGGCATCCAGGTTGAGAGAGAT
 AAATTGAACAAGATGCGCGCTCCCTATTGGGATGTACTATTAACCTAA
 ATTGGGATTATCCGCTAAAACTACGGTAGAGCAGTTTATGAATGTCTTC
 GCGGTGGGCTTGATTTTACCAAGATGATGAAAACGTGAATCCCAACANNNN
 CCATCATGACGGGAATGACTGCCGCTGGGTAGACAACCTGGAGGCGGCC
 TTGCCGTCGATCCGGCCCTCGAAGACCTTTTAAAGGTGCTAGCAAGCGT
 CGTCGAACACACGTTACGCTCGTCTGACCTTGAGGCACCTAGCGGC
 CTCTGCCGTTAGCATCCCCCATTTGTACATGGAGCTTCGACCCCTCCT
 TCATTCTAGTATTTGCACCTCTTATTCCTTCAACCCCTTCCCTCTCTCCAT
 TCTCTTATTTTTCATCCCTATTATTAAGTTTCTCTCTATTTCTTTTT
 TTTCAACTCTCTGATACTACTTTATCTCTTATATACTTAAGAATATTC
 ACTAATCGGGCGAGTACTTTACTTATTTTCTATTATTACATACTGTACG
 TTCTCTTTTACATGGAGATCTTTTGTGTTATCGCTGANNNNN
 CCATCATGACGGGAATGACTGCCGCTGGGTAGACAACCTGGAGGCGGCC
 TTGCCGTCGATCCGGCCCTCGAAGACCTTTTAAAGGTGCTAGCAAGCGT
 CGTCGAACACACGTTACGCTCGTCTGACCTTGAGGCACCTAGCGGC
 CTCTGCCGTTAGCATCCCCCATTTGTACATGGAGCTTCGACCCCTCCT
 TCAATTCTAGTATTTGCACCTCTTATTCCTTCAACCCCTTCCCTCTCCAT
 TACTATTATTTCTTTTCATCCCTATTATATCTTTATAATATCTTATAT
 TTCTCTCTATTTTTCATTTAAACCCCTTCCCTCTTTTCTCTTTCCCC
 CCACTCCCACACTTATACTATTAATTAAGTTTCTCTCTATTTCTTTTT
 TTTCAACTCTCTGATACTACTTTATCTCTTATATACTTAAGAATATTC
 ACTAATCGGGCGAGTACTTTACTTATTTTCTATTATTACATACTGTACG

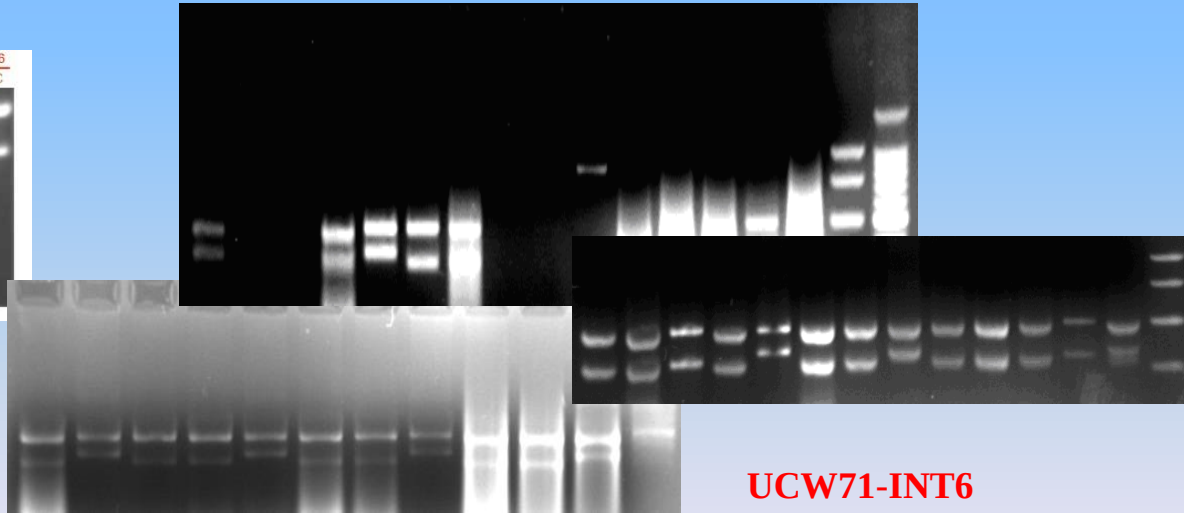
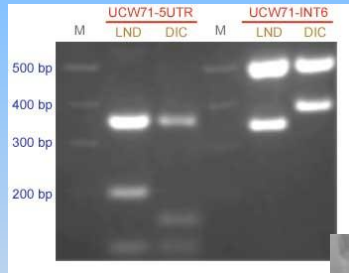


GRAU

Proiect “Construirea unei noi baze genetice pentru cerealele viitorului” contractul de finanțare CEEEX nr. 2/2005-coordonator Prof. dr. Nedelea Gabriel, in colaborare cu INCDA Fundulea

Conținutul de proteine din cereale este unul dintre cei mai importanți factori de calitate pentru pastele făinoase și grâul pentru pâine.

Gena HGPC (GpC-B1) transferată de la *Triticum turgidum ssp. dicoccoides* în grâul dur este o resursă valoroasă pentru creșterea conținutului de proteine



UCW71-INT6



62 linii studiate

16 linii – identificarea genei Gpc-B

Proiect: **„Imbunatatirea calitatii furajului la lucerna prin modificarea arhitecturii plantei cu ajutorul metodelor biotehnologice”** CEEEX nr. 23/2005- coordonator Prof. dr. Badea Elena, in colaborare cu INCDA Fundulea

Identificarea determinismului genetic al caracterului multifoliolar la specia *Medicago sativa* tetraploidă

Alcătuirea populației de cartare



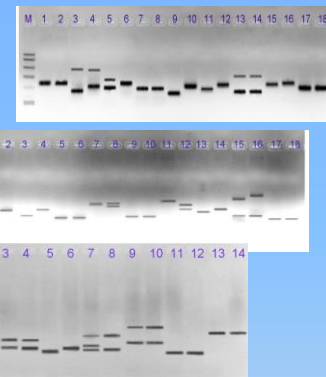
X



GENERAȚIA F_1 :



OBȚINEREA GENERAȚIEI F_2 → AUTOPOLLENIZARE

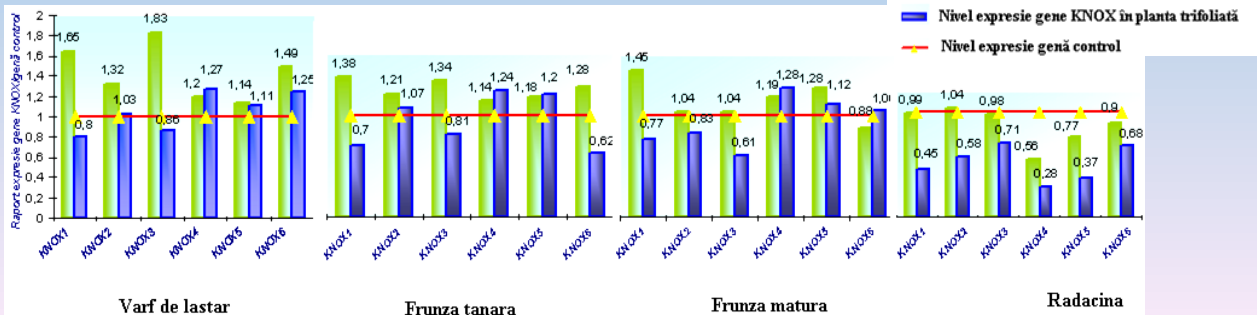
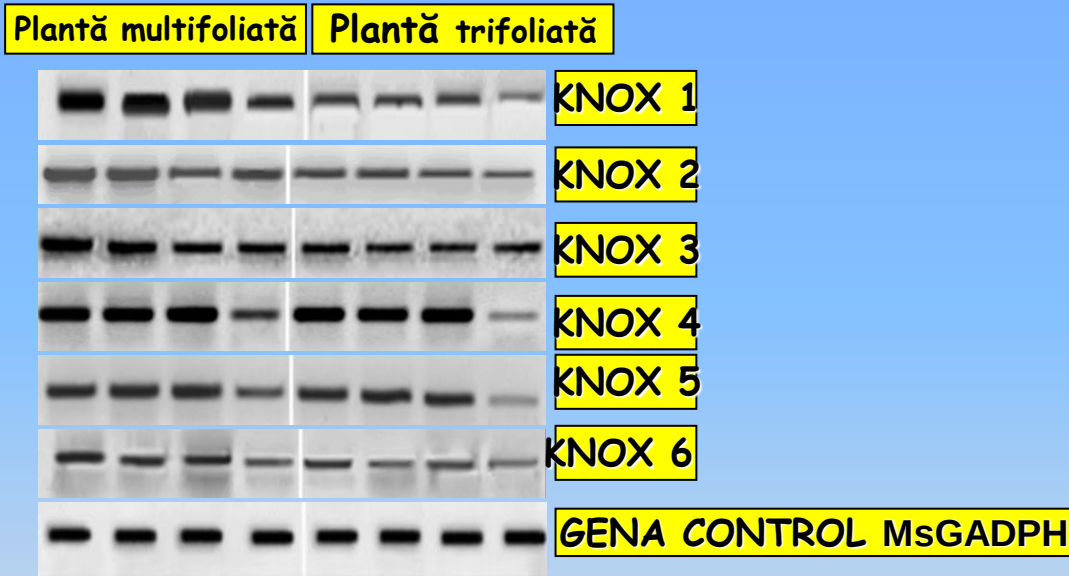


**Markeri RAPD
SSR**

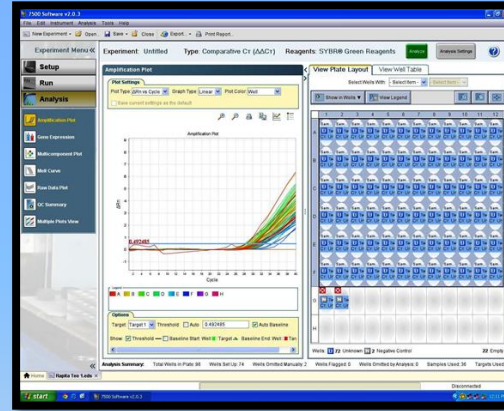
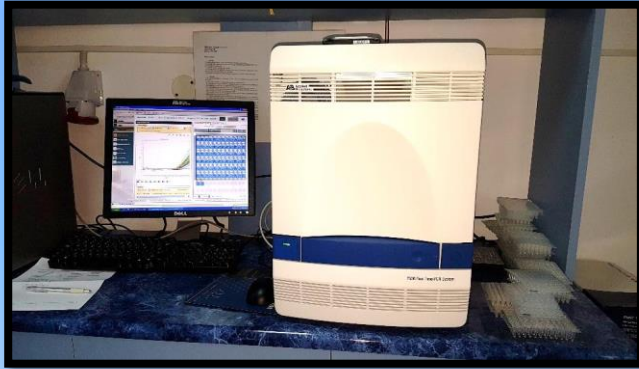
Imposibilitatea identificării unor markeri linkați cu caracterul multifoliolar a demonstrat că apariția acestui caracter nu se datorează unei mutații la nivel genic, ci mai degrabă unor modificări în expresia genelor care sunt răspunzătoare de morfologia frunzei și implicit de numărul de foliole care formează frunza compusă a lucernei.

*Nivelul expresiei genelor
KNOX, în diferite organe ale
plantelor tri și multifoliolate*

METODA
SEMICANTITATIVA



Influenta stresului hidric asupra unor procese fiziologice si a expresiei genelor *hsp* la rapita (*Brassica napus*)



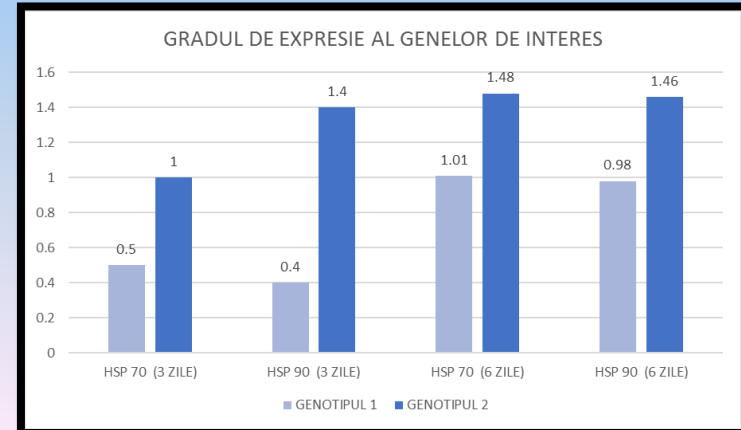
$$X = 2^{(-\Delta(\Delta Ct))}$$

$$\Delta(\Delta Ct)A = \Delta Ct_{AE} - \Delta Ct_{AM}$$

$\Delta Ct_{AM} = Ct_{AM} - Ct_{RM}$, pentru gena A, proba martor

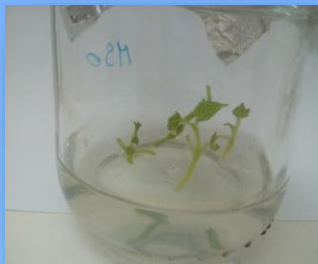
$\Delta Ct_{AE} = Ct_{AE} - Ct_{RE}$, pentru gena A, proba experiment

- Ct_{AM} = valoarea de prag a genei A, proba martor
- Ct_{RM} = valoarea de prag a genei de referință, proba martor
- Ct_{AE} = valoarea de prag a genei A, proba experiment
- Ct_{RE} = valoarea de prag a genei de referință, proba experiment



Smart
Diaspora
2023

MUPLICARE IN VITRO



PAULOWNIA

AFIN



Inducerea variabilitatii somatice la unele plante medicinale in vederea imbunatatirii proprietatilor terapeutice (hipogliceminate, antibacteriene) ale acestora (Cercetare Exploratorie/Idei / 731-2007) - Director de proiect Prof. dr. Botau Dorica

Mai multe studii au demonstrat că substanțele conținute în fructul de *Momordica charantia* pot mima hormonul secretat de pancreas numit insulină. De aceea mai este numit și “insulina naturală” sau “insulina verde”.
La ora actuală, *Momordica charantia* este cea mai populară și utilizată plantă în tratarea diabetului.



***Momordica charantia* L.**
-castravete amar-



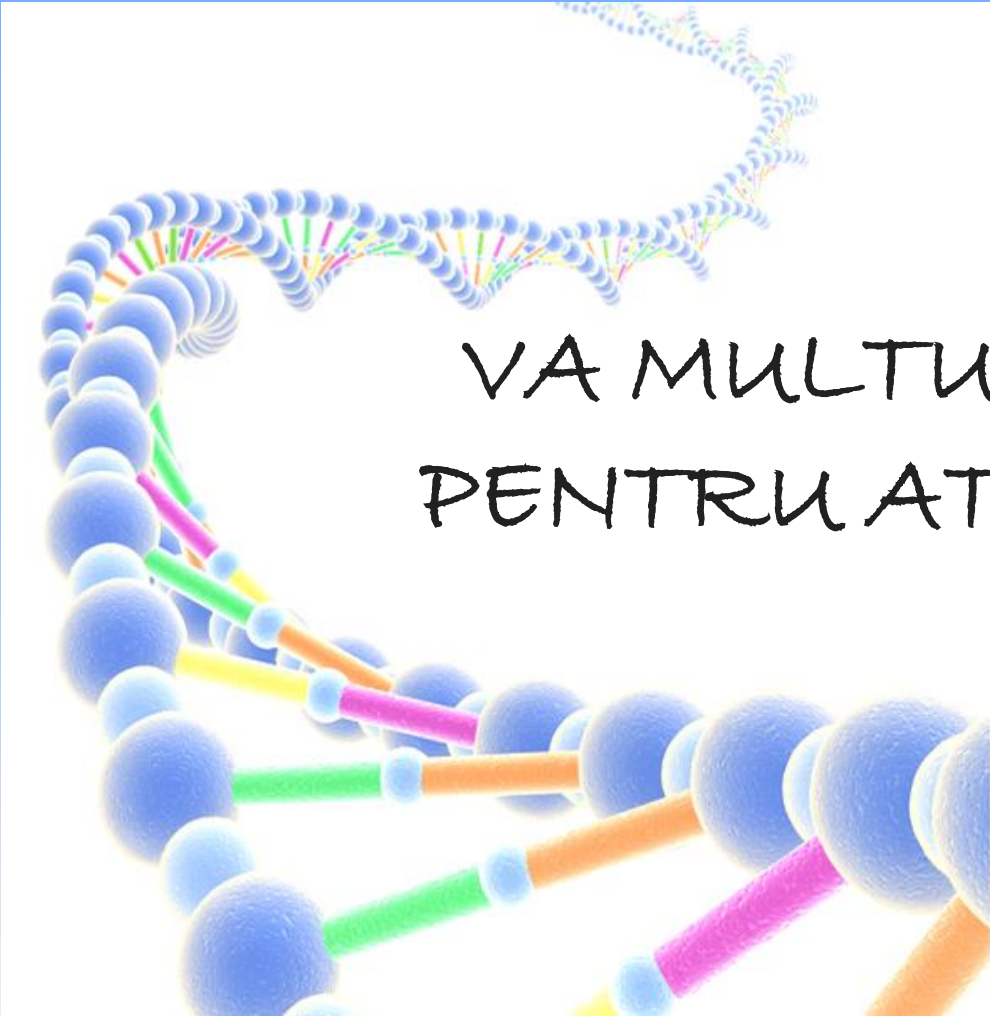
Producerea de
metaboliti secundari



Culturi *in vitro*



Culturi in camp



VA MULTUMESC
PENTRU ATENTIE!

Smart
Diaspora
2023