

CZU: 581.169:582.952.6

DOI: <https://doi.org/10.5281/zenodo.7442249>

## GENOTIPAREA POPULAȚIILOR DE *OROBANCHE CUMANA* Wallr. CU MARCHERI MICROSATELIȚI SSR

*Maria DUCA, Ana MUTU, Steliana CLAPCO*

*Universitatea de Stat din Moldova*

Lucrarea a vizat evaluarea diversității genetice în cadrul a 33 de populații de lupoaie (*Orobanche cumana* Wallr.) cu origine geografică diferită, prin genotiparea cu 14 marcheri microsatețiți SSR. Majoritatea marcherilor (Ocum-052, Ocum-059, Ocum-070, Ocum-081, Ocum-087, Ocum-160, Ocum-196 și Ocum-197) au pus în evidență o diversitate accentuată atât la nivel inter-, intrapopulațional, cât și regional. În cadrul populațiilor de lupoaie investigate a fost relevată prezența a 153 de profile molecular-genetice și a 98 de alele. Lungimea secvențelor nucleotidice SSR amplificate a variat de la 76 la 343 pb. Populațiile de lupoaie din Taraclia, Svetlii, Izbîște, Căzânești, Prepețița, Congaz (Republica Moldova), Radnevo, Rosenova (Bulgaria), Hohott (China), Keșan, Merkez, Tracia (Turcia) și OR-SR43 (Serbia) s-au remarcat printr-un nivel ridicat de variabilitate genetică intrapopulațională. Populațiile provenite din Bulgaria și Serbia, după numărul de profile moleculare (1-3) și media numărului total de alele (3,67 – Bulgaria; 3,63 – Serbia) s-au dovedit a fi relativ mai omogene comparativ cu cele colectate din Republica Moldova (1-10 profile; media – 3,82), Turcia (1-6 profile; media – 4,02) și China (1-9 profile; media – 4,72).

**Cuvinte-cheie:** *Orobanche cumana* Wallr., populație, marcheri SSR, alelă, diversitate genetică, profil genetic.

### GENOTYPING OF *OROBANCHE CUMANA* WALLR. POPULATIONS WITH SSR MICROSATELLITE MARKERS

The aim of this study was to evaluate the genetic diversity of 33 *Orobanche cumana* Wallr. populations with different geographical origin using 14 SSR microsatellite markers. The most of the markers (Ocum-052, Ocum-059, Ocum-070, Ocum-081, Ocum-087, Ocum-160, Ocum-196 and Ocum-197) a high genetic diversity at the inter- and intra-population level, as well as regionally, have been highlighted. Within the broomrape populations investigated, the presence of 153 molecular-genetic profiles and 98 alleles was revealed. The length of the amplified SSR nucleotide sequences ranged from 76 to 343 bp. A high intrapopulation genetic variability for the populations from Taraclia, Svetlii, Izbiste, Cazanesti, Prepelita, Congaz (Republic of Moldova), Radnevo, Rosenova (Bulgaria), Hohott (China), Kesan, Merkez, Thrace (Turkey) and OR-SR43 (Serbia) was found. The populations of *O. cumana* from Bulgaria and Serbia proved to be relatively more homogeneous, according to the number of molecular profiles (1-3) and the average number of total alleles (3.67 – Bulgaria; 3.63 – Serbia), compared to those collected from the Republic of Moldova (1-10; 3.82, respectively), Turkey (1-6; 4.02, respectively) and China (1-9; 4.72, respectively).

**Keywords:** *Orobanche cumana* Wallr., population, SSR markers, allele, genetic diversity, genetic fingerprint.

Prezentat la 04.11.2022

Publicat: decembrie 2022