



**Universitatea *Transilvania* din Braşov**

**TEZĂ DE ABILITARE**  
**REZUMAT**

**Evaluarea diversităţii genetice la specii de arbori din România**

**Domeniul: Silvicultură**

**Alexandru Lucian CURTU**

**Universitatea *Transilvania* din Braşov**

**BRAŞOV, 2016**

Diversitatea genetică este esențială pentru adaptarea și supraviețuirea speciilor. Scopul cercetărilor postdoctorale a fost evaluarea cu ajutorul mai multor tipuri de tehnici moleculare (aloenzime, PCR-RFLPs, genomic SSRs, EST-SSRs) a diversității genetice la specii de arbori din România. Modul de distribuire a diversității genetice la nivel intra- și interpopulațional a permis o mai bună înțelegere a factorilor care au avut un rol determinant în evoluția speciilor studiate.

Analiza diversității genetice în complexul de specii *Quercus* a reprezentat o direcție prioritară de cercetare. Într-o primă etapă, evaluarea comparativă a populațiilor de *Q. robur* și *Q. pedunculiflora* - un taxon mai bine adaptat la condițiile de uscăciune din silvostepă - pe baza a șapte gene care codifică enzime, a indicat un nivel scăzut de diferențiere genetică, care nu a permis o separare clară a populațiilor în raport cu fenotipul acestora. Analiza de ADN cloroplastic a reliefat un trecut comun al celor doi taxoni în sud-estul țării: toate haplotipurile de ADN cloroplastic găsite la *Q. pedunculiflora* au fost observate și la *Q. robur*. În etapa a doua, cu ajutorul unui set format din markeri genetici foarte variabili de tip gSSR și EST-SSR, s-a reușit în premieră separarea populațiilor de *Q. pedunculiflora* față de cele de *Q. robur*. Analiza Bayesiană a indicat, de asemenea, o structură cu două grupuri genetice omogene, unul corespunzător speciei *Q. robur* și unul pentru *Q. pedunculiflora*. Markerii genetici de tip EST-SSR au relevat o diversitate mai redusă în interiorul populațiilor, dar un grad mai ridicat de diferențiere între populații și specii, decât cei de tip gSSR. Rezultatele obținute sugerează că *Q. pedunculiflora* este o specie incipientă sau subspecie a *Q. robur* și că procesul de speciație ecologică este în plină desfășurare. Un nivel ridicat de diferențiere genetică a fost observat între cele două specii autohtone din secția *Dascia*, *Q. frainetto* și *Q. pubescens*, specii care ating pe teritoriul României limita nordică a arealului. Analizele s-au bazat pe un set de șapte markeri moleculari de tip gSSR și EST-SSR. Gradul mai scăzut de puritate genetică estimat pentru *Q. frainetto* poate fi explicat printr-o frecvență mai ridicată a hibridărilor introgresive.

O structură genético-spațială (SGS) de intensitate slabă, dar semnificativă din punct de vedere statistic, a fost evidențiată pentru fiecare din cele patru specii prezente într-o pădure de amestec de cvercinee (*Q. robur*, *Q. petraea*, *Q. frainetto* și *Q. pubescens*). Specia cea mai puțin răspândită în arboret, *Q. frainetto*, a prezentat cea mai puternică SGS. Eliminarea exemplarelor hibride din analiză a condus la obținerea unei SGS de intensitate mai ridicată, fapt care sugerează că fenomenul de hibridare naturală diminuează intensitatea SGS. Existența SGS indică un grad ridicat de naturalitate al arboretului.

Un nivel foarte ridicat de diferențiere genetică între speciile autohtone de cvercinee (cu valori  $F_{ST}$  de până la 0,91) a fost obținut la o genă care codifică un tip de dehidrină (*Dhn-3*) - o proteină implicată în răspunsul plantei la factorii de stres. Frecvențele celor două alele majore observate la locusul *Dhn-3* au fost foarte asemănătoare între populațiile aceleiași specii, variind totodată foarte mult între specii, cu excepția perechii *Q. robur* - *Q. pedunculiflora*.

Șapte markeri genetici foarte variabili de tip gSSR au fost folosiți pentru evidențierea unor diferențe între cele două specii de stejar pufos menționate în România: *Q. pubescens* și *Q. virgiliana*. Analizele au indicat un nivel foarte scăzut de diferențiere genetică și lipsa unui suport statistic pentru două entități genetice specifice celor doi taxoni, fapt care sugerează că *Q. virgiliana* este mai degrabă o unitate intraspecifică a speciei *Q. pubescens* decât o specie de sine stătătoare.

Analiza de ADN cloroplastic în arborete de *Q. robur* și *Q. petraea* din regiunea Moldovei a scos în evidență un număr foarte mare de haplotipuri, a căror grupare spațială reflectă rutele de migrare postglaciară a stejarilor și/sau influențe antropogene. O valoare mai ridicată a indicelui de diferențiere genetică între populațiile de *Q. petraea*, comparativ cu cele de *Q. robur*, susține ipoteza unei dispersii mai bune a ghindelor în cazul ultimei specii.

Diferențele genetice reduse, estimate pe baza unui set de 12 gene care codifică enzime, între populații de molid (*Picea abies*), eșantionate în întregul lanț carpatic, precum și între subpopulații de molid de mică și mare altitudine, situate de-a lungul unor profile altitudinale, indică existența unui flux genic foarte intens între acestea. Investigații genetice preliminare cu ajutorul markerilor de tip EST-SSR în brădetele de limită altitudinală inferioară din zona limitrofă șesului Bârsei nu au evidențiat diferențe semnificative între arborii rezistenți și cei afectați de fenomenul de uscare, chiar dacă, pentru exemplarele rezistente de brad (*Abies alba*), valorile diversității genetice sunt ușor mai ridicate.

Direcțiile viitoare de cercetare se vor concentra pe analiza, cu ajutorul noilor tehnologii de genotipare și instrumente analitice, a factorilor ce influențează structurile genetice ale populațiilor actuale, precum și evoluția acestora în viitor.