**Bologna, li 6-12-2022**

**Titolo**

**“Studio della diversità genetica dei frumenti tetraploide con tecniche di genomica strutturale e funzionale”**

Un assegno di ricerca di 2 anni ulteriormente rinnovabile per due anni è disponibile nel gruppo di ricerca di Genetica e Genomica agraria del DISTAL.

L’assegnista si occuperà della conduzione di ricerche principalmente sulla genomica strutturale e funzionale del frumento duro e tenero. L’aspetto principale della ricerca contribuire riguarda lo sviluppo del pangenoma dei frumenti tetraploidi. Il candidato collaborerà con un team di ricerca internazionale per caratterizzare la variazione genetica strutturale e funzionale presente nella collezione Global Durum Genomic Resource (https://wheat.pw.usda.gov/GG3/global\_durum\_genomic\_resources).

Il candidato contribuirà alle attività del progetto nazionale PRIN “PANWHEATGRAIN” ove l’attività principale riguarderà la caratterizzazione strutturale e l’annotazione funzionale di genomi di frumenti tetraploidi e wild relatives sequenziati con tecnologia PAC-BIO HiFi e OxfordNanopore. Il candidato si occuperà di analisi bioinformatiche e di attività di wet-lab per la definizione del pangenoma della specie, analisi di caratterizzazione dei trascrittomi utilizzando RNA-seq e Isoseq, analisi di annotazione genica e di gene network, analisi di genome-wide association mapping ed analisi di selective sweep utilizzando i dati sviluppati nel progresso o pregressi disponibili alla Unità di ricerca. Il candidato si occuperà inoltre in parte anche dell’allevamento di materiali vegetali e nella conduzione di esperimenti in camera di crescita, serra e pieno campo necessari agli obiettivi del progetto.

In particolare i target finali sono lo sviluppo e l’utilizzo del pangenoma per connettere i varianti strutturali presenti nel germoplasma con i pattern di espressione genica e di gene network ed il fenotipo di interesse che riguarda i caratteri di impatto agronomico dello sviluppo (fioritura, fertilità e qualità), della tolleranza a stress abiotici (caratteri del sistema radicale) e della resistenza ai patogeni (resistenza alle malattie).

**Piano delle attività di ricerca:**

* Assemblaggio e annotazione dei pangenomi
	+ Analisi strutturale di 6 genomi di frumento duro e wild relatives (PacBio HiFi)
	+ Annotazione genica da dati trascrittomici (RNASeq e Isoseq)
	+ Analisi strutturale comparativa tra i genomi di frumento duro e quelli di frumento tenero
* Analisi trascrittomiche e dei network genici
	+ Analisi dell’espressione e della regolazione genica nei diversi genotipi in relazione a:
		- sviluppo della spiga e accumulo proteico nella cariosside
		- risposta a stress biotici e abiotici
		- risposta alla concimazione azotata
	+ Analisi di co-espressione e gene-network
* Analisi aplotipiche e associazione tra variazione genomica/strutturale e hub genici.

In questo contesto, al candidato è richiesta una esperienza di dottorato e/o postdoc negli ambiti della genetica e genomica (strutturale e funzionale), preferibilmente nell’ambito vegetale, e soprattutto di bioinformatica (analisi e comparazione di assemblaggi, annotazione genica, mappaggio e analisi trascrittomiche, gene network).

Il candidato prenderà parte attiva nella gestione del progetto e degli esperimenti e anche nella gestione di attività di formazione e tutoraggio di studenti magistrali e di PhD e di esercitazioni nelle classi magistrali.

E’ richiesta capacità di lavoro in team ma anche autonomia operativa, ottima conoscenza della lingua inglese, capacità di contribuire alla produzione di draft di lavori scientifici.

***Title:***

**"Study of the genetic diversity of tetraploid wheats with structural and functional genomics techniques"**

A 2-year research grant, further renewable for two years, is available in the Agricultural Genetics and Genomics research group of DISTAL.

The research fellow will be responsible for conducting research activities mainly on the structural and functional genomics of durum and soft wheat. The main objective is to contribute towards the development of the pangenome of tetraploid wheats. The candidate will collaborate with an international research team to characterize the structural and functional genetic variation present in the Global Durum Genomic Resource collection (https://wheat.pw.usda.gov/GG3/global\_durum\_genomic\_resources).

The candidate will work in the frame of the national PRIN project "PANWHEATGRAIN" where the main activity is the structural characterization and functional annotation of tetraploid and wild relatives wheat genomes sequenced with PAC-BIO HiFi and OxfordNanopore technology.

The candidate will carry out bioinformatic analyzes and wet-lab activities for the definition of the pangenome of the species, transcriptome characterization analysis using RNA-seq and Isoseq, gene annotation and gene network analysis, genome-wide association mapping analysis and selective sweep analysis using data developed in the project or previously available to the Research Unit.

The candidate will also partially deal with developing genetic materials and managing experiments in growth chambers, greenhouses and open fields necessary for the objectives of the project.

Final targets are the development and use of the pangenome to connect the structural variants in the germplasm with gene expression and gene network patterns and the phenotypes for traits with an agronomic impact on development (flowering, fertility and quality), tolerance to abiotic stress (characteristics of the root system) and resistance to pathogens (resistance to diseases).

**Research activity plan:**

- **Assembly and annotation of pangenomes:**

Structural analysis of 6 durum wheat genomes and wild relatives (PacBio HiFi)

Gene annotation from transcriptomic data (RNASeq and Isoseq)

Comparative structural analysis between durum wheat and common wheat genomes

**- Transcriptomic and gene network analysis**

Analysis of gene expression and regulation in different genotypes in relation to:

ear development and protein accumulation in the kernel

response to biotic and abiotic stress

response to nitrogen fertilization

Co-expression and gene-network analysis

**- Haplotype analysis and association between genomic/structural variation and gene hubs and phenotypes.**

The candidate is required to have PhD and/or postdoc experience in the fields of genetics and genomics (structural and functional), preferably in the plant field, and in bioinformatics (analysis and comparison of assemblies, gene annotation, mapping and transcriptomic analysis, gene network).

The candidate will take an active part in the management of the project and of the experiments and also in the management of training and tutoring activities of master and PhD students and exercises in master classes.

The ability to work in a team is required but also operational autonomy, excellent knowledge of the English language, ability to contribute to the production of drafts of scientific papers.

The candidate will take an active part in the management of the project and of the experiments and also in the management of training and tutoring activities of master and PhD students and exercises in master classes.

The ability to work in a team is required but also operational autonomy, excellent knowledge of the English language, ability to contribute to the production of drafts of scientific papers.