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

**Titolo**

**“Ricerche genetiche e genomiche per innovare la caratterizzazione e registrazione varietale in frumento”**

Nutrire una popolazione mondiale in aumento di fronte ai cambiamenti climatici globali è una sfida a cui rispondere con lo sviluppo di nuove varietà di specie coltivate (di frumento in questo caso specifico) con caratteristiche più desiderabili come elevate rese quali-quantitative anche in condizioni ambientali variabili o a sistemi colturali con ridotti input, elevata efficienza di uso delle risorse nutritive come acqua e macroelementi, resistenza durevole a stress biotici). Per questo obiettivo è necessario innovare lo sviluppo di varietà più performanti sia come produzione che come resilienza/sostenibilità e la conseguente procedura di registrazione varietale. Ciò può essere ottenuto integrando le metodologie classiche con il breeding assistito dalla genomica che dal punto di vista della caratterizzazione fenotipica di campo e della qualità del prodotto (farine, semole e prodotti finiti). E’ disponibile un assegno di ricerca di 12 mesi ulteriormente rinnovabile per tre anni. Il candidato si occuperà di caratterizzare la variabilità strutturale e funzionale di collezioni di germoplasma di frumento duro e tenero e di associarla a caratteristiche di interesse agronomico. Lo step successivo riguarda l’utilizzo di queste conoscenze per lo sviluppo di metodologie e procedure per lo sviluppo di nuove varierà più resilienti e adattate ad un’agricoltura più sostenibile. Queste attività di ricerca previste per l’assegnista di ricerca si inseriscono nel progetto H2020 INNOVAR, SFS-29-2018 - Innovations in plant variety testing, ed in altri progetti in attivazione presso l’area di Genetica del DISTAL (PLAN’EAT e WHEATSECURITY).

Il progetto di ricerca prevede lo svolgimento di analisi genetiche, genomiche, e trascrittomiche atte ad individuare la variabilità genetica e funzionale in germoplasma di frumento duro e di associarla a caratteri di resistenza a stress abiotici e biotici, con particolare focus verso la resistenze ai patogeni principali del frumento (ruggine, septoria e fusarium) e la qualità della granella. il candidato è chiamato a portare conoscenze di genetica, genomica strutturale e funzionale e deve avere familiarità con l’analisi statistica (linguaggio linux, bash scripting e pacchetti R).

Piano delle attività di ricerca:

1. ***Conduzione di analisi genomiche:***

Genotipizzazione di collezioni di germoplasma e popolazioni utilizzando tecniche di genotipizzazione quali SNP array, Genotyping-by-sequencing, exome-capture resequencing, Illumina NGS resequencing

Conduzione di analisi di mappatura per associazione (Genome-wide association mapping), analisi aplotipica dei dati genomici, sviluppo di saggi KASP predittivi degli aplotipi per il breeding assistito.

Analisi bioinformatiche di contenuto genico, annotazione di varianti funzionali, caratterizzazione della espressione e funzione genica di geni candidati per loci implicati nella determinazione dei caratteri di interesse.

Elaborazione di dati fenotipici per caratteri agronomici (fertilità della spiga, resistenza a malattie funginee, resa) raccolti da sperimentazioni in campo con uso di rilievi basati su UAV e remote sensing.

1. ***Conduzione di esperimenti in ambiente controllato (serra o fitotrone) e di campo per la raccolta di dati e campioni biologici per la caratterizzazione della risposta ai patogeni e l’efficienza d’uso delle risorse anche dal punto di vista qualitativo.***

Raccolta ed analisi di dati di campo e fenotipici in camera di crescita riguardo alla risposta varietale ai patogeni principali, alla efficienza d’uso dell’ azoto e alla conseguente qualità della granella

Analisi dei dati di campo e da remote sensing usando mixed models e programmi in R

Analisi bionformatica di dati trascrittomici e data mining su database genomici e funzionali

Analisi e utilizzo dei genomi sequenziati (frumento tenero) e in corso di sequenziamento (frumento duro) per esplorare la variabilità naturale ai loci identificati

**Title**

**"Genetic and genomic research to innovate the characterization and varietal registration in wheat"**

Feeding a growing world population in the face of global climate change is a challenge to be met with the development of new varieties (of wheat in this specific case) with more desirable characteristics. These are high qualitative and quantitative yields in variable environmental conditions or reduced inputs cropping systems, high efficiency in the use of nutrient resources such as water and macroelements, durable resistance to biotic stress. For this objective, it is necessary to innovate the development of varieties to improve their resilience/sustainability and the consequent variety registration procedure. This can be achieved by integrating classical methodologies with genomic-assisted breeding and high-throughput phenotyping to improve the phenotypic characterization and product quality (flours, semolina and finished products). A 12-month research grant is available, further renewable for three years. The candidate will be responsible for characterizing the structural and functional variability of durum and soft wheat germplasm collections and associating it with characteristics of agronomic interest. The candidate will use the acquired data to develop methodologies and procedures for the development and registration of new varieties that are more resilient and adapted to a more sustainable agriculture. The planned research activities are included in the H2020 INNOVAR project, SFS-29-2018 - Innovations in plant variety testing, and in other projects in activation in the Genetics area of ​​DISTAL (PLAN'EAT and WHEATSECURITY ).

The project involves carrying out genetic, genomic and transcriptomic analysis aimed at identifying the genetic and functional variability in durum wheat germplasm and associating it with resistance to abiotic and biotic stresses, with particular focus on resistance to the main pathogens of wheat (rust, septoria and fusarium) and the quality of the grain. The candidate is called to bring knowledge of genetics, structural and functional genomics and must be familiar with statistical analysis (linux language, bash scripting and R packages).

***Research activity plan:***

***1. Conducting genomic analyses:***

Genotyping of germplasm collections and populations using genotyping techniques such as SNP arrays, Genotyping-by-sequencing, exome-capture resequencing, Illumina NGS resequencing

Conducting genome-wide association mapping analyses, haplotype analysis of genomic data, development of KASP haplotype predictive assays for assisted breeding.

Bioinformatics analysis of gene content, annotation of functional variants, characterization of gene expression and function of candidate genes for loci implicated in the determination of the characters of interest.

Processing of phenotypic data for agronomic characteristics (fertility of the ear, resistance to fungal diseases, yield) collected from field trials with the use of surveys based on UAVs and remote sensing.

***2. Conducting experiments in a controlled environment (greenhouse or phytotron) and in the field for the collection of data and biological samples for the characterization of the response to pathogens and the efficiency of use of resources also from a qualitative point of view.***

Collection and analysis of field and phenotypic data in the growth chamber regarding the varietal response to the main pathogens, efficiency of nitrogen use and quality of the grain

Analysis of field and remote sensing data using mixed models and R programs

Bioinformatic analysis of transcriptomic data and data mining on genomic and functional databases

Analysis and use of sequenced genomes to explore natural variability at the identified loci