

Titolo assegno: Paleogenomica di *Vitis vinifera* da siti archeologici del centro-nord Italia
Paleogenomics of *Vitis vinifera* from archaeological sites in central-northern Italy

Progetto di riferimento: PRIN 2022_ ArchaeoAdWines - Archaeology of Adriatic Wine (Prot. 20228C8EFW); CUP: J53D23000110006;

Progetto

Il presente assegno di ricerca è promosso all'interno del progetto Prin 2022 ArchaeoAdWines che si occupa dello studio del vino nella società e nell'economia antica, con un particolare focus sull'antica regione dell'Alto Adriatico, attraverso una prospettiva diacronica dal VII secolo a.C. fino alla tarda antichità, per evidenziarne le evoluzioni e trasformazioni in ambito vitivinicolo. Il tema su cui si concentrerà la ricerca dell'assegnista sarà l'acquisizione di dati paleogenomici su campioni di *Vitis vinifera* da siti archeologici finalizzate ad analisi filogenetiche e di genetica di popolazione.

Piano attività

Le attività di ricerca riguarderanno l'applicazione delle più avanzate procedure e protocolli sviluppati nel settore di ricerca del DNA antico. In particolare le attività riguarderanno il campionamento di reperti destinati alle analisi paleogenomiche, la creazione della relativa documentazione fotografica, la decontaminazione dei reperti, l'estrazione del DNA, la preparazione di librerie genomiche, l'arricchimento del campione per porzioni genomiche di interesse, il sequenziamento tramite tecnologie NGS, l'interpretazione dei dati per la valutazione del DNA endogeno e dei pattern di degradazione, la mappatura di genomi, l'analisi di genetica di popolazione e filogenetica per la contestualizzazione dei dati nella variabilità europea antica e moderna.

Research activities will concern the application of the cutting-edge procedures and protocols of ancient DNA. In particular, they will be focussed on the sampling of archaeological remains for palaeogenomic analysis, the photographic documentation, the decontamination of the remains, the DNA extraction, the preparation of genomic libraries, the enrichment of genomic portions of interest, the sequencing using NGS technologies, the data interpretation for the evaluation of endogenous DNA and degradation patterns, the mapping of genomes, the analysis of population genetics and phylogenetic analysis for the contextualization of the data in ancient and modern European variability.