

Scheda (ITA):	AGR/07 – Genetica Agraria		Anno: 2016
Referente:	Margherita Lucchin	PO	margherita.lucchin@unipd.it
	Gianni Barcaccia	PA	gianni.barcaccia@unipd.it
Componenti:	Serena Varotto	PA	serena.varotto@unipd.it
	Giulio Galla	RtdA	giulio.galla@unipd.it
	Alessandro Vannozzi	RtdA	alessandro.vannozzi@unipd.it

N. Ricerca: aree tematiche e linee strategiche	Note
--	------

01	Approcci genomici e trascrittomici per l'analisi della plasticità fenotipica in vite in relazione alle caratteristiche qualitative della produzione e lo studio dei meccanismi genetici e molecolari che controllano la tolleranza a stress biotici e abiotici finalizzato all'individuazione di geni candidati per il miglioramento genetico.
02	Analisi trascrittomica e genomica del sistema riproduttivo delle piante, con particolare riferimento allo studio dei fattori genetico-molecolari che controllano l'apomissia in specie modello (es. iberico) e il clonaggio e/o mappaggio dei geni responsabili di barriere riproduttive come la maschio-sterilità e l'auto-incompatibilità in specie orto-frutticole (es. radicchio e olivo).
03	Uso di marcatori molecolari per la caratterizzazione genetica di biodiversità e la selezione genetica di varietà (MAB, marker-assisted breeding) e sviluppo di saggi diagnostici per la tracciabilità genetica di prodotti agro-alimentari di origine vegetale mediante SSR genotyping, AFLP fingerprinting, SNP haplotyping e DNA barcoding.
04	Analisi della variabilità genetica (genomica e trascrittomica) ed epigenetica (metilazione del DNA, modifiche istoniche, sRNA e ncRNA) per valutare la risposta agli stress abiotici nel contesto dei cambiamenti climatici e del loro effetto sullo sviluppo in piante di interesse agrario.

Laboratorio: Laboratori di Genetica agraria e Biotecnologie vegetali; LabGen, Laboratorio di Genomica.

Specie: vite, olivo, radicchio, mais e altri cereali (es. frumento e orzo), specie orticole (es. Solanaceae), iberico, specie forestali (es. salice).

Tecnologie/Metodologie: Analisi del genoma con marcatori molecolari PCR-derivati, incluso SSR genotyping e DNA barcoding. Trascrittomica: studio dell'espressione genica mediante mRNA profiling, NG sequencing e Microarray, Real-Time RT-qPCR, ibridazione in situ, immunolocalizzazione di proteine mediante microscopia confocale. Analisi della metilazione del DNA per conversione con bisolfito e sequenziamento, immunoprecipitazione della cromatina e sequenziamento e analisi delle modifiche istoniche. Colture in vitro. Analisi bioinformatica, assemblaggio di genomi e trascrittomi, predizione e annotazione genica (ontologia genica, GO). Analisi dei polimorfismi del DNA e calcolo di statistiche di diversità/similarità genetica.

Principali campi e sottocampi ERC: LS2_1 Genomica, genomica comparativa, strutturale e funzionale; LS2_2 Trascrittomica; LS2_7 Genetica quantitativa; LS8_4 Biodiversità, biologia di conservazione; LS9_4 Scienze delle piante (comprendete Genetica Vegetale, Genetica dei Sistemi Riproduttivi e delle Popolazioni, e Miglioramento Genetico).

Note: ricerca di base (clonaggio genico e analisi dell'espressione genica) e ricerca applicata (analisi della struttura genetica delle popolazioni e miglioramento genetico di specie agro-alimentari)