

**RELAZIONE DI PROGETTO**  
(A cura del coordinatore di progetto)

<b>1. Tematica e Filiera</b>	<b>FACCE SURPLUS ERA-NET</b>		
<b>2. Titolo</b>	<b>Incremento della biomassa e della resa di orzo attraverso la modifica dell'architettura della pianta e dell'efficienza fotosintetica</b>  <b>Modifying canopy architecture and photosynthesis to maximize barley biomass and yield for different end-uses</b>		
<b>3. Acronimo</b>	<b>BarPLUS</b>		
<b>4. Progetto</b>	<b>Bando</b>	<b>Affidamento diretto</b>	<b>Sportello</b>
	<sup>1</sup> D.M. 23462/7303/16	<sup>2</sup>	<sup>3</sup>
<b>5. Durata (mesi)</b>	<b>36</b>	<b>Report<sup>4</sup> Finale</b>	<b>Nota<sup>5</sup></b>
<b>6. Dati finanziari</b>	<b>Finanziamento concesso totale (€)</b>	<b>Finanziamento ricevuto (€)</b>	<b>Importo rendicontato (€)<sup>6</sup></b>
	<b>45,980.00</b>	<b>39.880,43</b>	<b>45.978,97</b>
<b>7. Coordinatore di progetto</b>	<b>Nome e COGNOME</b>	<b>Alessandro TONDELLI</b>	
	<b>Qualifica</b>	Ricercatore	
	<b>Istituzione di appartenenza</b>	Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria, Centro di Ricerca Genomica e Bioinformatica	
	<b>Indirizzo</b>	via San Protaso 302, 29017 Fiorenzuola d'Arda (PC)	
	<b>Tel/fax</b>	0523983758 / 0523983750	
	<b>e-mail</b>	alessandro.tondelli@crea.gov.it	



## 10. Relazione del progetto (totale max. 10 pagine)

### 10.1 Descrizione dei risultati in relazione agli obiettivi generali e specifici previsti nel periodo di riferimento (max. 2 pagine)

BarPLUS ha prodotto conoscenze e strumenti per sviluppare un nuovo ideotipo di pianta di orzo, in grado di fornire agli agricoltori un incremento della biomassa per ettaro senza compromettere la resa in granella, obiettivo raggiungibile attraverso l'identificazione geni e alleli responsabili di caratteri chiave quali l'accestimento, la dimensione e l'angolo fogliare, l'efficienza del processo fotosintetico. L'UO CREA-GB si è occupata prevalentemente delle attività previste nei WP2 e WP3.

**WP2.** L'UO CREA-GB ha contribuito all'analisi di allele mining, sfruttando i dati di sequenziamento dell'esoma di circa 500 diverse accessioni di orzo ottenuti nel corso di un precedente progetto FP7 denominato "WHEALBI". Oltre 2.100 SNP e 340 InDel sono stati identificati in circa 70 geni candidati selezionati nel WP1 per un possibile coinvolgimento nella definizione dell'architettura della pianta di orzo e nella produzione di biomassa. Analisi bioinformatiche mediante i software SNPEff (<http://snpeff.sourceforge.net>), SIFT (<http://sift.jcvi.org>) e PROVEAN (<http://provean.jcvi.org>) hanno associato a 292 SNP e 27 InDel un possibile effetto a livello di modificazione della sequenza proteica codificata. Alcuni di questi polimorfismi sono frequenti nella popolazione ed è quindi stato possibile valutare sperimentalmente il loro effetto sui caratteri oggetto di studio, a partire da dati già disponibili (ad esempio per il carattere altezza della pianta) oppure generati in BarPLUS (ad esempio per quanto riguarda le dimensioni o l'angolo fogliare). Tutti i risultati di questa attività sono stati raccolti in un database condiviso tra i partners del progetto. L'UO CREA-GB si è principalmente focalizzata sull'analisi dei diversi alleli identificati, della loro relazione attraverso la costruzione di network aplotipici e della loro distribuzione spaziale (geografica) o temporale (differenziazione tra varietà di orzo derivanti dal breeding, ecotipi locali e progenitori selvatici dell'orzo coltivato). È stata data priorità ai geni che mostravano all'interno della popolazione WHEALBI polimorfismi maggiormente interessanti e per questi sono stati inoltre calcolati diversi indici (diversità nucleotidica, Tajima's D, indice di fissazione  $F_{st}$ ) per valutare la loro conservazione/differenziazione tra le diverse sottopopolazioni facenti parte della collezione di germoplasma. A titolo di esempio, si riportano qui i principali risultati dell'analisi condotta sul gene *PsbR* codificante per un componente del fotosistema II. In diverse ecotipi di orzo provenienti dall'area Mediterranea e dall'Etiopia è stata osservata una delezione di 7 bp che causa un prematuro codone di termine della trascrizione e possibilmente la produzione di una proteina troncata (Figura 1). Questa delezione potrebbe risultare vantaggiosa in ambienti siccitosi, e mostra infatti una associazione significativa con variabili bio-climatiche legate alla piovosità, nelle aree di provenienza di queste linee.

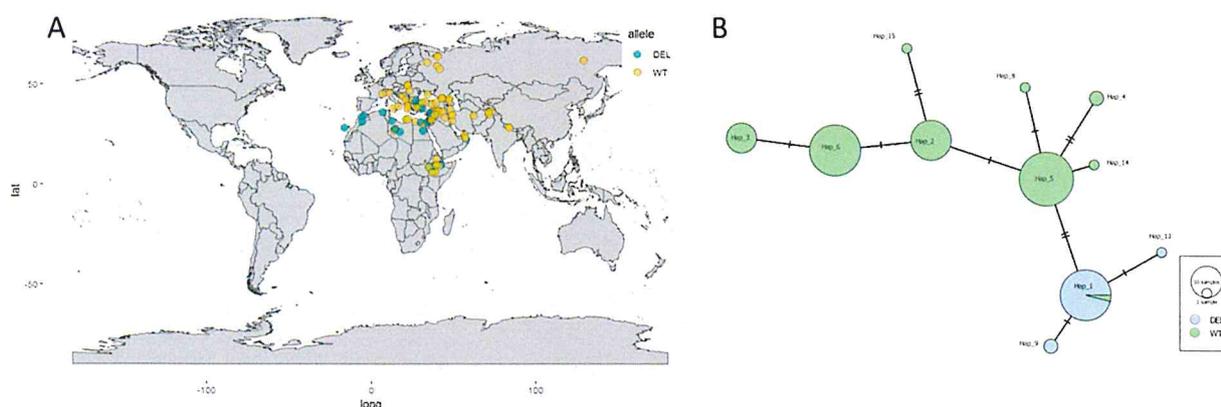


Figura 1: A: distribuzione geografica delle linee con o senza la delezione di 7 bp nel gene *PsbR*. B: haplotype network dello stesso gene, che evidenzia la presenza di 16 aplotipi.

**WP3.** Nelle stagioni agrarie 2016/17, 2017/18 e 2018/19 sono state eseguite prove comparative presso i campi sperimentali di CREA-GB, adottando un disegno a blocchi randomizzati con 3 repliche e parcelle da 6 m<sup>2</sup>, per la caratterizzazione agronomica e morfo-fisiologica di 10 linee elite della collezione WHEALBI, 10 varietà commerciali Italiane, 8 linee mutanti selezionati a partire dalla popolazione TILLING HorTillus nel WP1 e 4 linee derivanti dalla popolazione WHEALBI e selezionate nel WP2 sulla base del lavoro di allele mining. Analoghe prove comparative sono state effettuate dalle UO University of Lleida e UO University of Silesia, utilizzando però 10 varietà commerciali Spagnole e Polacche. Seguendo un protocollo di fenotipizzazione comune, sono stati valutati diversi caratteri fenologici, morfologici e produttivi a livello di parcella: Days to

Jointing (levata), Days to Heading (spigatura), Days to Maturity (maturazione), Plant Height, Grain Yield, Harvest Index, Spike Length. Nella tabella seguente sono riportati i valori estremi e medi per tali caratteri, nelle tre prove effettuate a Fiorenzuola.

2016/17	Days To Jointing	Days To Heading	Days To Maturity	Plant Height (cm)	Grain Yield (t/ha)	Harvest Index	Spike Length (cm)
MIN	143	167	210	84	6.2	0.48	7.0
MEDIA	151	176	214	97	8.9	0.54	9.1
MAX	153	182	218	113	10.7	0.60	11.2
2017/18	Days To Jointing	Days To Heading	Days To Maturity	Plant Height (cm)	Grain Yield (t/ha)	Harvest Index	Spike Length (cm)
MIN	157	176	214	41	2.3	0.39	6.3
MEDIA	165	182	218	75	7.3	0.54	8.8
MAX	169	189	224	95	10.7	0.62	12.3
2018/19	Days To Jointing	Days To Heading	Days To Maturity	Plant Height (cm)	Grain Yield (t/ha)	Harvest Index	Spike Length (cm)
MIN	132	162	205	56	2.5	0.29	-
MEDIA	141	168	209	84	7.5	0.46	-
MAX	145	176	211	106	11.4	0.57	-

Agli stadi di sviluppo di levata, spigatura e maturazione, sono state campionate porzioni di parcella (1 metro lineare da una fila centrale) per quantificare la biomassa prodotta in termini di numero di piante, numero di culmi e spighe, peso secco di foglie, culmi e spighe. Pur essendoci una forte correlazione tra produzione di granella e biomassa allo stadio di maturazione, da queste analisi si possono evidenziare genotipi contrastanti per quanto riguarda i due caratteri in oggetto (Figura 2). Le varietà moderne della collezione WHEALBI hanno prodotto di più rispetto alle varietà commerciali locali, sia in termini di granella che di biomassa totale.

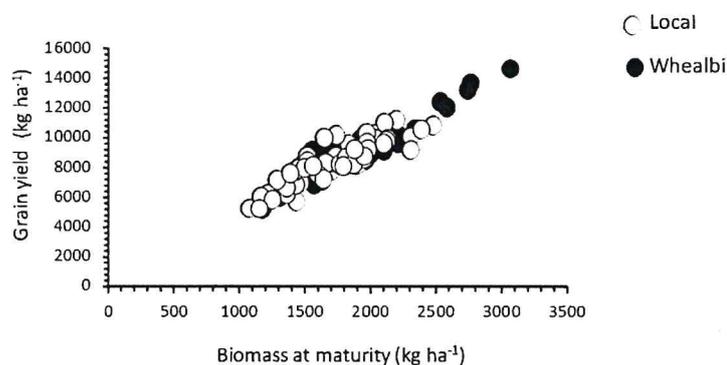


Figura 2: Produzione di granella e biomassa a maturazione per le linee cresciute in Italia e Spagna nei tre anni di prove sperimentali.

Anche il partizionamento della biomassa in foglie, culmi e spighe è genotipi-dipendente: pur avendo una produzione di granella simile, a titolo di esempio Alimini ha mostrato nel 2017 un indice di raccolto (Harvest Index) superiore rispetto a Capella, e quindi una minore produzione di paglia. Il 48.2% della biomassa di Capella infatti è costituito da foglie e culmi, mentre questa percentuale scende al 44.9% in Alimini. La cultivar Atlante, oltre a produrre meno granella, ha mostrato il più alto Harvest Index, con il 58.2% della biomassa costituito da granella. In alcune prove sperimentali sono inoltre stati raccolti importanti dati fisiologici quali l'efficienza dell'uso della radiazione luminosa (RUE Radiation Use Efficiency), l'indice di area fogliare (LAI, Leaf Area Index), la capacità fotosintetica e le dimensioni e l'angolo fogliare. Tra tutti questi parametri, l'unico positivamente correlato alla biomassa accumulata è risultato essere RUE (Figura 3).

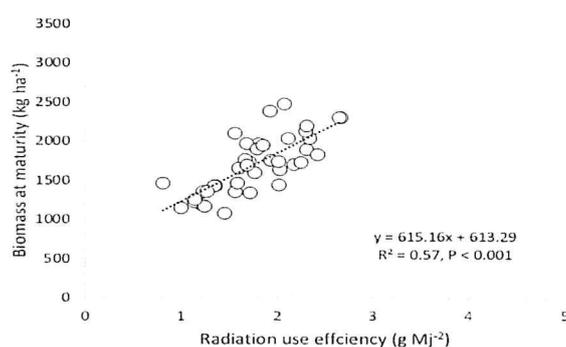


Figura 3: Correlazione tra RUE e biomassa a maturazione, per i dati raccolti nelle prove comparative effettuate in Spagna.

Il terzo anno di prove sperimentali è terminato a luglio 2019 in Italia e Spagna e solamente ad agosto 2019 in Polonia. L'analisi combinata di tutti i dati è attualmente in corso e permetterà di approfondire l'interazione Genotipo X Ambiente e l'effetto delle principali variabili meteo-climatiche sui caratteri misurati.

**WP4.** In collaborazione con l'UO-UniMI (Prof. Fiala, responsabile dell'attività), è stata raccolta la lista degli input di un'azienda agraria tipica della Pianura Padana, che rappresenta uno dei distretti Italiani dell'orzo: caratteristiche dell'azienda, operazioni di campo e mezzi tecnici necessari per la coltivazione, produzioni medie tipiche di granella e paglia. Questi dati sono stati utilizzati per le analisi di Life Cycle Assessment, con lo scopo di valutare il potenziale beneficio da parte dei nuovi ideotipi di orzo "costruiti" in BarPLUS. Il lavoro di analisi dei dati è stato interamente svolto dall'UO-UniMI.

**WP5.** Il responsabile della UO CREA-GB ha partecipato ai meeting annuali, organizzati per la valutazione dei progressi verso gli obiettivi, la pianificazione dei passaggi successivi e di eventuali azioni correttive. Tre newsletter sono state prodotte per la disseminazione dei risultati al pubblico e agli stakeholders. I risultati preliminari sono stati presentati all'Annual Meeting della SIGA (Catania, 2016), ad EUCARPIA (cereal section meeting, Clermont Ferrand, 2018), all'International Barley Mutant workshop (Dundee, 2018) e in un seminario presso la Zhejiang University (Hangzhou, 2019). UO CREA-GB ha contribuito ad un lavoro pubblicato su Plant Physiology, grazie al supporto di BarPLUS e due ulteriori manoscritti sono attualmente in preparazione.

In conclusione, BarPLUS ha permesso di identificare varietà commerciali di orzo potenzialmente utili per aumentare la produzione di biomassa in pieno campo. Analizzando risorse genetiche avanzate quali collezioni di mutanti e di germoplasma, ha identificato geni/alleli alla base di alcuni dei caratteri responsabili della produzione di biomassa. Tali risultati costituiranno una piattaforma per lo sfruttamento della diversità allelica nei futuri programmi di breeding, al fine di costituire un ideotipo di orzo con una duplice destinazione d'uso (granella più conversione della biomassa in energia).

## 10.2 Attività svolte (max 7 pag)

Work Package (WP)	Titolo WP	Risultati	Indicatori di verifica	UO partecipanti
WP 1	Analisi della variabilità genetica e fenotipica in popolazioni di mutanti di orzo	L'attività, volta allo screening di una popolazione mutagenizzata di orzo (HorTILLUS), è inserita nel progetto per ragioni di completezza scientifica ma è totalmente in carico di altre UO.	- Numero di linee mutagenizzate selezionate per la caratterizzazione nei diversi WorkPackages	-Università degli Studi di Milano -University of Silesia -University of Potsdam -University of Lleida
WP 2	Analisi della diversità genetica naturale e allele mining	<u>Task 2.1:</u> Predizione dell'effetto di varianti alleliche sulla funzione di geni candidati. L'UO CREA-GB ha collaborato con l'UO-UniMI (responsabile della task) in questo tipo di analisi fornendo supporto di tipo bioinformatico. A partire dall'allineamento dei dati di sequenziamento dell'esoma di circa 500 diverse accessioni di orzo, sono stati identificati oltre 2100 SNP e 340 InDel in 70 geni candidati selezionati nel WP1 per un possibile coinvolgimento nella definizione dell'architettura della pianta di orzo e nella produzione di biomassa. Attraverso analisi bioinformatiche condotte con software dedicati, a 292	- Database contenente le varianti alleliche (SNPs e InDel) ai geni candidati selezionati e la loro associazione con caratteri morfo-fisiologici di interesse. - Network aplotipici dei medesimi geni e informazioni sulla loro evoluzione e differenziazione spazio-temporale all'interno della	-Università degli Studi di Milano -CREA-GB -University of Potsdam -University of Lleida

		<p>SNP e 27 InDel è stato associato un possibile effetto a livello di modificazione della sequenza proteica codificata.</p> <p><u>Task 2.2:</u> Analisi di distribuzione spazio temporale e di differenziazione allelica.</p> <p>CREA-GB è responsabile dell'attività, che si è inizialmente focalizzata su 11 geni candidati per i quali gli SNP identificati sono stati associati ad un possibile effetto (si veda il punto precedente), e tali varianti erano presenti almeno nel 5% degli individui della popolazione. Per questi geni sono stati calcolati diversi indici (diversità nucleotidica, Tajima's D, indice di fissazione Fst, Haplotype networks) per valutare la loro conservazione/differenziazione e la distribuzione spazio temporale dei diversi alleli. Ulteriori analisi computazionali sono attualmente in corso per associare i diversi alleli alla distribuzione spaziale delle linee che li portano, ed in particolare a processi di adattamento specifico a determinate condizioni ambientali e pedo-climatiche.</p> <p><u>Task2.3:</u> Caratterizzazione fenotipica di linee contrastanti ai geni candidati. Le linee WHEALBI sono state caratterizzate in condizioni di pieno campo e in condizioni controllate (serra) per caratteri morfologici quali dimensione delle foglie e loro angolo di inserzione sul culmo, numero di culmi di accestimento e parametri fotosintetici. I dati fenotipici sono stati in seguito associati alle varianti alleliche identificate, e le linee più interessanti sono state seminate nella prova agronomica comparativa effettuata in Italia nell'annata 2018/19 per valutarne la produzione in termini di granella e biomassa totale.</p>	<p>specie orzo.</p> <p>- Numero di linee selezionate sulla base delle mutazioni identificate.</p>	
WP 3	<p>Caratterizzazione e agronomica e morfo-fisiologica delle linee selezionate, attraverso prove comparative in pieno campo</p>	<p><u>Task 3.1:</u> Disegno del nuovo ideotipo di pianta di orzo.</p> <p>CREA-GB ha partecipato attivamente all'identificazione dei caratteri morfo-fisiologici che potrebbero avere un ruolo chiave nella produzione di biomassa in orzo: la capacità di accestimento (tillering), il portamento fogliare e le dimensioni delle foglie, l'altezza della pianta, l'indice di</p>	<p>- Lista di caratteri con un possibile ruolo nella produzione di biomassa in orzo e relativo protocollo di fenotipizzazione.</p> <p>- Database contenente le informazioni sui</p>	<p>-University of Lleida</p> <p>-CREA-GB</p> <p>-Università degli Studi di Milano</p> <p>-University of Silesia</p> <p>-University of Potsdam</p>

	<p>raccolto (harvest index), l'efficienza fotosintetica. Attraverso la combinazione di questi caratteri sono stati proposti nuovi ideotipi di orzo, in grado di produrre più paglia senza compromettere la resa in granella. La valutazione di questi ideotipi mediante approcci di crop modelling è stata infine effettuata all'interno del WP4.</p> <p><u>Task 3.2:</u> Sviluppo di un protocollo comune per la fenotipizzazione delle piante. Tale protocollo, redatto dalla UO University of Lleida con il coinvolgimento di tutti i partner del progetto, dettaglia le modalità e le tempistiche per la raccolta dei dati fenotipici sia in pieno campo che in condizioni controllate, in particolare per quanto riguarda i caratteri riportati al punto precedente.</p> <p><u>Task 3.3:</u> Studio della variabilità genetica per caratteri legati alla produzione di biomassa in elite cultivar; <u>Task 3.4:</u> caratterizzazione morfo-fisiologica delle linee selezionate nei WP1 e WP2 mediante prove di campo. Nelle stagioni agraria 2016/17, 2017/18 e 2018/19 CREA-GB ha eseguito prove comparative in campo presso la propria azienda sperimentale, per il confronto di 10 linee elite della collezione Whealbi, 10 varietà commerciali Italiane, 8 linee mutanti selezionati nel WP1 e 4 linee selezionate nel WP2 sulla base del lavoro di allele mining (testate solo nel terzo anno). Prove analoghe sono state effettuate dalle UO University of Lleida e UO University of Silesia, utilizzando però 10 varietà commerciali Spagnole e Polacche, al fine di valutare la diversità fenotipica entro ambiente ma anche tra ambienti diversi. Seguendo il protocollo di fenotipizzazione comune (task 3.2), sono stati valutati diversi caratteri fenologici, fisiologici, morfologici e produttivi a livello di parcella: Heading Date, Maturity Date, Plant Height, Spike Length, Grain Yield, Grain Weight, Lodging, Harvest Index. Agli stadi di sviluppo di levata, spigatura e maturazione, sono state inoltre campionate porzioni di parcella</p>	<p>caratteri fenologici, morfologici e produttivi rilevati sui genotipi testati nei tre anni di prove agronomiche comparative in Italia, Spagna e Polonia.</p> <p>- Numero di linee selezionate (anche a partire da quelle testate nei WP1 e WP2) come potenzialmente utili per incrementare la biomassa di orzo.</p>	
--	---	---	--

		<p>(1 metro lineare da una fila centrale) per quantificare la biomassa prodotta in termini di numero di piante, numero di culmi e spighe, peso secco di foglie, culmi e spighe.</p> <p>I dati fenotipici derivanti dalle prove agronomiche comparative sono stati raccolti in una cartella condivisa tra tutti i partner. L'analisi statistica dei dati raccolti nelle singole prove è stata completata, mentre l'analisi multi-environment è attualmente in corso.</p>		
WP 4	<p>Valutazione in silico dell'ideotipo di orzo individuato per la produzione di biomassa e granella e analisi dei benefici economici e ambientali</p>	<p><u>Task 4.1</u>: Definizione della soluzione di modelling; <u>Task 4.2</u>: Valutazione <i>in silico</i> dell'ideotipo di orzo.</p> <p>L'attività è in capo alle UO-UniMI (Prof. Confalonieri) e UO-UniLleida che possiedono l'esperienza e le conoscenze computazionali per l'attività di modelling, ed è prevalentemente concentrata nell'ultimo anno del progetto. L'UO CREA-GB ha collaborato attivamente nella scelta dell'approccio di modelling e nello studio della variabilità dei caratteri da considerare, sfruttando le competenze acquisite su orzo come sistema genetico, come pianta e come crop.</p> <p><u>Task 4.3</u>: Valutazione ambientale ed economica.</p> <p>CREA-GB ha contribuito, in collaborazione con l'UO-UniMI (Prof. Fiala, responsabile dell'attività), nella raccolta dei dati necessari per definire le dimensioni e l'organizzazione di un'azienda agraria tipica della Pianura Padana, che rappresenta uno dei distretti Italiani dell'orzo (lista di inputs). Questi dati sono stati raccolti in un foglio di calcolo per le analisi di Life Cycle Assessment, che è stata effettuata interamente dall'UO UniMI. Analoghe analisi sono state effettuate per i distretti ordeicoli di Spagna e Polonia.</p>	<p>- Database dei caratteri usati per la calibrazione dei modelli e loro variabilità (sia da dati di letteratura che da dati rilevati dalle prove comparative del WP3).</p> <p>- Database contenente le informazioni su un'azienda agraria rappresentativa dei distretti ordeicoli di Italia, Spagna e Polonia, per l'analisi LCA (lista di inputs).</p>	<p>-Università degli studi di Milano -University of Lleida -CREA-GB -University of Silesia</p>
WP 5	<p>Coordinamento e disseminazione dei risultati</p>	<p><u>Task 5.1 e 5.2</u>: Coordinamento del progetto e sito web.</p> <p>CREA-GB ha contribuito al flusso dei materiali e dei dati tra i vari partner (ad esempio materiali genetici e protocolli). Il responsabile della UO (Alessandro Tondelli) ha partecipato ai meeting annuali, organizzati per la valutazione dei progressi verso gli</p>	<p>-Minute dei meeting annuali con i componenti delle varie UO, con presentazione orale delle attività svolte.</p> <p>- Sito web on line (<a href="https://barplus.wor">https://barplus.wor</a></p>	<p>Tutte le UO: -Università degli Studi di Milano -CREA-GB -University of Lleida -University of Potsdam -University of</p>

		<p>obiettivi e la pianificazione dei passaggi successivi e di eventuali modifiche:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- kick-off meeting: organizzato da CREA GB, Fiorenzuola d'Arda, 12-13 Maggio 2016;</li> <li>- 1<sup>st</sup> annual meeting: Potsdam, 23-24 Marzo 2017;</li> <li>- 2<sup>nd</sup> annual meeting: Lleida, 8-9 Marzo 2018.</li> <li>- 3<sup>rd</sup> annual meeting: workshop finale presso l'Università della Silesia in Katowice, 10-11 Luglio 2019.</li> </ul> <p>Il consorzio BarPLUS ha sviluppato un sito web per la divulgazione delle tematiche affrontate nel progetto, la descrizione dei partners, la disseminazione dei risultati, lo scambio di dati tra i partners (intranet).</p> <p><u>Task 5.3: Stakeholder board.</u> Il coordinatore del progetto (Prof. Paolo Pesaresi) ha rappresentato BarPLUS al Kick-off meeting di tutti i progetti FACCE-SurPlus a Copenhagen. Ha inoltre descritto le attività al "Bio-Based Industries 2017 Open Info and Brokerage Event" tenutosi a Bruxelles (Belgio) il 28 aprile 2017. Sono state prodotte e distribuite tre newsletters per la disseminazione delle finalità del progetto e dei principali risultati agli stakeholders (disponibile sul sito web).</p> <p><u>Task 5.4: Formazione, workshops e presentazioni.</u> Le finalità del progetto e i risultati preliminari sono stati riportati in diversi congressi nazionali e internazionali. CREA-GB ha presentato il proprio contributo scientifico al Annual Meeting della SIGA (Catania, 2016), ad EUCARPIA (cereal section meeting, 2018), all'International Barley Mutant workshop (Dundee, 2018) e in un seminario presso la Zhejiang University (Hangzhou, 2019). Il supporto di BarPLUS è stato riconosciuto in 4 pubblicazioni scientifiche su riviste con IF e 2 contributi su libro prodotti dal consorzio (UO-CREA-GB ha contribuito ad un lavoro pubblicato su Plant Physiology e ha prodotto una review sul libro "Achieving sustainable cultivation of barley").</p>	<p>dpress.com/)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-Partecipazioni ad eventi scientifici per la presentazione dei risultati: <ul style="list-style-type: none"> <li>SIGA annual meeting 2016 (Luigi Cattivelli, Catania, 13-16 settembre 2016;</li> <li>EUCARPIA cereal section meeting (Davide Guerra, Clermont-Ferrand, 19-22 Marzo 2018).</li> </ul> </li> <li>- Pubblicazione scientifica: Digel, B., Tavakol, E., Verderio, G., Tondelli, A., Xu, X., Cattivelli, L., Rossini, L., von Korff, M. (2016) Photoperiod-H1 (Ppd-H1) Controls Leaf Size. Plant Physiol. 2016 Sep;172(1):405-15. DOI:10.1104/pp.16.00977. Le metodologie di phenotyping messe a punto nella Task 3.2 hanno migliorato la qualità dei risultati del lavoro.</li> <li>- Capitolo di libro: Tondelli, A., Crosatti, C., Delbono, S., Cattivelli, L. (2019) Advances in understanding of barley plant physiology: response to abiotic stress. In: "Achieving sustainable cultivation of barley", Burleigh Dodds Science Publishing. Il</li> </ul>	Silesia
--	--	--	--	---------

		<p><u>Task 5.5: Collaborazioni esterne.</u> Le attività sono strettamente legate al progetto WHEALBI. In particolare, è stato siglato un accordo con l'Executive Committee di WHEALBI (del quale CREA-GB fa parte) per la condivisione dei dati di sequenziamento della collezione di orzo oggetto di studio nel WP2.</p>	<p>lavoro discute, tra l'altro, come gli stress abiotici influenzano alcuni dei caratteri considerati in BarPLUS (es. l'efficienza della fotosintesi).</p> <p>- Accordo con la direzione di WHEALBI per la condivisione di dati di sequenziamento dell'esoma</p>	
--	--	---	--	--

### 10.3 Descrizione delle interazioni tra le UUOO partecipanti, eventuali collaborazioni esterne ed imprese (inserire diagramma) max 1 pag

Le diverse Unità Operative hanno fortemente collaborato al fine di raggiungere i risultati descritti nel presente documento, sia tramite scambio di materiali genetici, informazioni molecolari e protocolli, sia attraverso la discussione dei risultati preliminari e la pianificazione delle attività e di eventuali azioni correttive. In occasione dei meeting annuali tutti i gruppi di ricerca coinvolti hanno particolarmente apprezzato la modalità estremamente collaborativa con cui si sta portando avanti il progetto. In particolare:

- 1) CREA-GB e Università degli Studi di Milano hanno curato le relazioni con l'Executive Committee del progetto WHEALBI e hanno condiviso i materiali genetici ed i dati molecolari derivanti dal risequenziamento dell'esoma (WP2);
- 2) CREA-GB e Università degli Studi di Milano hanno collaborato in tutte le analisi di allele mining descritte in precedenza (WP2);
- 3) CREA-GB ha collaborato con Università degli Studi di Milano nella definizione della lista di inputs per una azienda agraria tipica della Pianura Padana, per le analisi di LCA (WP4);
- 4) Tutte le UO hanno collaborato alla stesura di un protocollo comune di fenotipizzazione per i caratteri considerati in BarPLUS, sotto il coordinamento di University of Lleida (WP3);
- 5) CREA-GB ha fornito il seme delle 10 cultivar elite di orzo, selezionate all'interno della collezione Whealbi, per le prove comparative di campo (WP3);
- 6) CREA-GB e University of Lleida hanno pianificato gli esperimenti di campo, condividendo il disegno sperimentale e realizzando gli schemi di campo (WP3);
- 7) CREA-GB e i diversi gruppi di Università degli Studi di Milano hanno collaborato nella fenotipizzazione delle linee in campo per i caratteri angolo fogliare, dimensione fogliare, leaf area index e radiation use efficiency, efficienza del fotosistema (WP3);
- 8) CREA-GB ha collaborato con University of Lleida nell'analisi dei dati fenotipici derivanti dalle prove di campo (WP3)
- 9) Tutte le UO hanno condiviso i dati a disposizione e i risultati ottenuti in occasione dei meeting annuali e per la preparazione di pubblicazioni scientifiche e relazioni a convegni.

### 10.4 Ostacoli occorsi ed azioni correttive messe in atto (max 1 pag)

N° WP	Ostacolo occorso	Azione correttiva
WP 2	L'attività di allele mining su un numero elevato di geni (circa 70) si è rivelata piuttosto dispendiosa in termini di tempo e complicata dal punto di vista bioinformatico, soprattutto per la scarsa affidabilità della sequenza genomica di riferimento ad oggi disponibile.	Un terzo anno di prove comparative in campo è stato effettuato nell'autunno 2019 anche se non previsto dal progetto originale, includendo alcune linee selezionate nel WP2 sulla base dell'analisi di allele mining.

	Questo ha portato ad un ritardo nell'identificazione delle linee che portano alleli putativamente interessanti, che non sono quindi state incluse nel secondo anno di prove agronomiche comparative, come invece previsto dal progetto.	
WP 2	Come previsto in sede di scrittura del progetto, alcuni alleli di particolare interesse sono presenti con frequenze basse all'interno della popolazione, impedendo un approccio classico di associazione con un particolare carattere fenotipico.	Per valutare l'effetto di tali alleli rari sono state sviluppate popolazioni segreganti F2, analizzate in bulk nel terzo anno del progetto.

<b>Timbro Istituzione</b>	<b>Il responsabile scientifico Unità Operativa</b>	<b>Il coordinatore di progetto</b>
	<i>nome e cognome: Dr. Alessandro Tondelli</i>	<i>nome e cognome;</i>
	<i>firma</i> 	<i>firma</i>

2. Rendiconto complessivo di progetto

		Periodo		Finale X				
		Intermedio	Finale X				Totale	
		Costo congruo <sup>7</sup>	Finanziamento ricevuto <sup>8</sup>	Importo rendicontato				
		CREA GPG	UO 2	UO 3	UO 4	UO 5		
Personale a tempo indeterminato	Ricercatori							
	Tecnici							
	Pers. ausiliario							
Personale a tempo determinato	Ricercatori	25.000,00	24.750,00					
	Tecnici							
	Pers. ausiliario							
Missioni nazionali ed estere		3.000,00	2.970,00					
<b>B) Subtotale Personale</b>		<b>28.000,00</b>	<b>27.720,00</b>					
<b>C) Materiale di consumo</b>		13.800,00	13.662,00					
<b>D) Attività esterne</b>								
<b>C1 – Consulenze</b>								
<b>C2 – Convenzioni</b>								
<b>C3 - Manutenzioni ecc.</b>								
<b>D) Attrezzature</b>								
<b>E) Spese generali</b>		4.180,00	4.138,20					
<b>F) Cordinamento</b>								
<b>TOTALE</b>		<b>45.980,00</b>	<b>45.520,20</b>	<b>18.723,95</b>				

<b>Timbro Istituzione</b> 	<b>Il responsabile scientifico Unità Operativa</b> nome e cognome: <b>Dr. Alessandro Tondelli</b>	<b>Il Coordinatore di progetto</b> nome e cognome:
	firma <i>A. Tondelli</i>	firma

---

### **Note alla compilazione**

Nota generale: per la compilazione utilizzare carattere Times New Roman, non inferiore a 11, considerando che a tali criteri si riferisce la lunghezza massima delle parti testuali da compilare, ove indicato.

<sup>1</sup> Indicare DM di concessione

<sup>2</sup> Indicare DM di concessione

<sup>3</sup> Indicare DM di concessione

<sup>4</sup> In caso di progetto di durata superiore a 36 mesi indicare nella colonna a fianco a quale periodo si riferiscono le attività descritte

<sup>5</sup> Solo per progetti di durata superiore a 36 mesi

<sup>6</sup> le spese rendicontate e ammesse a liquidazione devono essere pari al 70% dell'importo percepito a titolo di anticipo sul contributo complessivo previsto per l'intero progetto, pertanto a tale quota concorrono le percentuali di spesa di ciascuna UUOO; è possibile che alcune UO concorrano in misura minore al raggiungimento del 70 % e comunque non inferiore al 50% dell'importo ricevuto come anticipo; in tal caso la quota di contributo "mancante" dovrà essere compensata dalle spese delle altre istituzioni partecipanti.

<sup>7</sup> Riferito al costo congruo complessivamente approvato

<sup>8</sup> Indicare per ogni voce l'importo corrispondente alla % ricevuta del finanziamento complessivo ottenuto