|  |
| --- |
| La dott.ssa Giuseppina Logozzo, ricercatore confermato SSD AGR07 - Genetica Agraria, ha sviluppato competenze e materiali nei campi di:­ conservazione della Biodiversità e salvaguardia di risorse genetiche vegetali ­ analisi genomica in specie di interesse agrario­ esplorazione,e raccolta, valutazione e conservazione di germoplasma di specie ortive, leguminose e frumenti, *a*.­ studi sulla variazione per caratteri morfologici, biochimici e molecolari in germoplasma di fagiolo, cece e lenticchia e di altre specie coltivate e selvatiche.­ analisi della struttura genetica e dei processi evolutivi in germoplasma di fagiolo.­ sviluppo di modelli per la costituzione di ‘core collection’, della valutazione della variazione genetica in germoplasma di fagiolo, degli effetti della conservazione “ex situ” sulla struttura genetica delle popolazioni vegetali e determinazione dei rischi di erosione.1985 Laurea in Scienze Agrarie presso l’Università degli Studi di Palermo1988/1989 borsa di studio “Metapontum Agrobios” Società Consortile 1990 borsa di studio annuale nell’ambito della tematica: Esplorazione e raccolta di germoplasma contro il pericolo di erosione genetica del Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR - Istituto del Germoplasma di Bari).dal 2000 a oggi ricercatore confermato in Università dagli Studi della Basilicata SSD AGR07 Genetica agraria.ATTIVITÀ DI RICERCA: Responsabile di attività di ricerca per: a) esplorazione e raccolta, valutazione e conservazione di germoplasma di leguminose (fagiolo, cece e lenticchia), frumento duro, e di altre specie coltivate e selvatiche. b).Studi sulla variazione per caratteri morfologici, biochimici e molecolari in germoplasma di fagiolo, frumento duro, e di altre specie coltivate e selvatiche. c) Sviluppo di modelli per la costituzione di “core collections”. d) Valutazione della variazione genetica in germoplasma di fagiolo e frumento duro. e) studio degli effetti della conservazione “ex situ” ed "in situ" sulla struttura genetica di popolazioni vegetali e determinazione dei rischi di erosione genetica. f) Analisi della struttura genetica e dei processi evolutivi in germoplasma di fagioloPARTECIPAZIONE IN PROGETTI DI RICERCA: -2020-2025: INCREASE – Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems. H2020 project.-2018–2020: PARDOM, Parallel Domestications: the Phaseolus replicated experiment to understand genome evolution and adaptation, PRIN Project MIUR 20177RL4KL.-2018–2020: Responsabile scientifico, SA.GRA.L. -La Saragolle e gli antichi grani lucani custoditi, PSR Basilicata 2014/2020.-2018–2020: Responsabile scientifico, PHAS.G.RE.EN., conservazione e uso sostenibile di risorse genetiche di fagiolo (Phaseolus vulgaris L.) lucano”, PSR Basilicata 2014/2020­Progetto di rilevanza Internazionale 2017/2018 - AGILE: Application of Genomics to Innovation in the Lentil Economy.­2015–2018: ‘BEAN\_ADAPT: Evolution in a changing environment: the genetic architecture of adapta-tion outside centres of domestication of Phaseolus vulgaris and P. coccineus’, ERA-CAPS Call2014.-2016–2019: Partecipazione, AGILE: Application of Genomics to Innovation in the Lentil Economy (Genome Canada).-2013–2014 ‘Azioni integrate per la salvaguardia e la valorizzazione di specie vegetali autoctone a rischio di estinzione’. Misura 214-Azione 5 ‘Agrobiodiversità: progetti di azioni integrate’ - PSR Basilicata 2007-2013.­ 2013–2014 PSR Progetto regionale 2007-2013 Bando Misura 214: BIO-TILLAGE: Aspetti innovativi per il miglioramento delle performance ambientali e produttive dei sistemi cerealicoli no-tillage, WP2: Radici e BIO-TILLAGE nei sistemi zero-Tillage.­Progetto nazionale COFIN 2008, Identificazione di geni e di regioni genomiche coinvolte nei processi di adattamento durante la domesticazione e l’introduzione in Europa di *Phaseolus vulgaris*.­Progetto regionale 2007 – Raccolta, caratterizzazione, valorizzazione e tutela di ecotipi di fagiolo (*Phaseolus vulgaris* L.) per l’ottenimento di produzioni tipiche certificate nel territorio di Casalbuono nel Parco del Cilento .­Progetto nazionale COFIN 2005: Analisi della struttura genetica e del linkage disequilibrium in popolazioni domesticate e selvatiche di *Phaseolus vulgaris* L. ­Progetto nazionale COFIN 2002: Fagioli in Europa: Struttura della diversità genetica per effetto della colonizzazione e del sistema riproduttivo ­Settore Agrobiotecnologie Progetto S.C.R.I.G.N.O. 2002: Identificazione e valorizzazione di risorse genetiche di fagiolo comune dei bacini idrografici del Mezzogiorno d’Italia per un’agricoltura sostenibile.PUBBLICAZIONI RECENTIGioia, T., Logozzo, G., Marzario, S., Spagnoletti Zeuli, P., Gepts, P. (2019). Evolution of SSR diversity from wild types to U.S. advanced cultivars in the Andean and Mesoamerican domestications of common bean (Phaseolus vulgaris). PlosOne. DOI: 10.1371/journal.pone.0211342. (IF: 2.766, JCR 2018)Marzario, S., Logozzo, G., David, J., Spagnoletti Zeuli, P., Gioia, T. (2018). Molecular genotyping (SSR) and agronomic phenotyping for utilization of durum wheat (Triticum durum Desf.) “ex situ” collection from Southern Italy: a combined approach including pedigreed varieties. Genes, 9, 465; doi:10.3390/genes9100465. (IF: 3.191, JCR 2018)Gioia, T., Logozzo, G., Attene, G., Bellucci E., Benedettelli, S., Negri, V., Papa, R., Spagnoletti Zeuli, P. (2013). Evidence for introduction bottleneck and extensive inter-gene pool (Mesoamerica x Andes) hybridization in the European common bean (Phaseolus vulgaris L.) germplasm. PLoS ONE 8(10) e75974. doi:10.1371/journal.pone.0075974. (IF: 2.766, JCR- 2017-2018)Gioia, T., Logozzo, G., Kami, J., Spagnoletti Zeuli, P., & Gepts, P. (2013). Identification and characterization of a homolog to the Arabidopsis INDEHISCENT Gene in common bean. J. of Heredity 104:273-286. (IF: 2.574, JCR- 2018).Bitocchi, E., Bellucci, E., Giardini, A., Rau, D., Rodriguez, M., Biagetti, E., Santilocchi, R., Spagnoletti Zeuli, P., Gioia, T., Logozzo, G., Attene, G., Nanni, L., Papa, R. (2013). Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (Phaseolus vulgaris) in Mesoamerica and the Andes. New Phytologist 197:300-313. (IF: 7.433, JCR 2017).Bitocchi E., Nanni L., Bellucci E., Rossi M., Giardini A., Spagnoletti-Zeuli P., Logozzo G., Stougaard J., Mcclean P., Attene G., Papa R.. – (2012) - Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. vol. 109(14), p. E788-E796, ISSN: 1091-6490. DOI: 10.1073/pnas.1108973109. IF 9.681. A.N. WOS:000302294700005 ISSN: 0027-8424Montesano V., Negro D., Sarli G., Logozzo G., Spagnoletti Zeuli P. – (2011) -Landraces in inland areas of Basilicata region, Italy: monitoring and perspectives for on farm conservation. Genetic Resources and Crop Evolution. vol 59(5), p. 701-716. ISSN: 0925-9864. DOI 10.1007/s10722-011-9712-7 1. IF 1.554. A.N. WOS:000304108300005Angioi S.A., Rau D., Attene G., Nanni L., Bellucci E., Logozzo G., Negri, V., Spagnoletti Zeuli P., Papa R. – (2010) - Beans in Europe: Origin e structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. Theoretical and Applied Genetics. Vol. 121 (5), p. 829-843. ISSN: 0040-5752. DOI: 10.1007/s00122-010-1353-2. IF 3.264. A.N. WOS:000280948400003.Masi P., Logozzo G., Donini P., Spagnoletti Zeuli P. – (2009) - Analysis of genetic structure in widely distributed common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces with different plant growth habits using SSR and AFLP markers. Crop Science. Vol. 49 (1), p. 187-199, ISSN: 0011-183X. DOI: 10.2135/cropsci2008.05.0265. IF 1.735. A.N. WOS:000263344300023Logozzo G., Donnoli R., Macaluso L., Papa R., Knupffer H., Spagnoletti Zeuli P. (2007). Analysis of the contribution of Mesoamerican and Andean gene pools to European common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm and strategies to establish a core collection. GENETIC RESOURCES AND CROP EVOLUTION 2007 doi:10.1007/S10722-006-9185-2. |