

FRANCESCO SALAMINI¹

Tra ricerca e divulgazione: ricordo di Antonio Michele Stanca

¹ Membro associato, Max Planck Gesellschaft, Monaco

INTRODUZIONE. DIRETTORE A FIORENZUOLA

Angelo Bianchi è stato per molti anni professore di genetica vegetale presso la Facoltà di Agraria di Piacenza dell'Università Cattolica. Quando alla carriera accademica preferì lo sviluppo della genetica applicata presso gli Istituti del Ministero dell'agricoltura, divenne direttore a Bologna (Piante industriali), poi a Salerno (Orticoltura) e infine a Roma dell'Istituto per la Cerealicoltura. Negli istituti che dirigeva, il professore era solito affidare posti di responsabilità a giovani ricercatori che con lui avevano superato all'università il (difficile!) corso di Genetica vegetale. Non è stato il caso di Michele Stanca. Bianchi così ricorda nella sua autobiografia l'ammissione di un non allievo al suo allora chiamato "Gruppo di Bianchi":

a un giovane la cui fidanzata era già in Istituto (...) feci sapere che avrei favorito la sua assegnazione all'Istituto (...) a condizione che avesse accettato di andare a lavorare in una sezione periferica tutta da costruire e che si fosse occupato della genetica e del miglioramento di una specie minore di cereali, (...) meritevole di attenzione sia per i risultati teorici che per quelli pratici (...) se qualcuno l'avesse adeguatamente adottata come primogenita creatura. Aggiunsi che avrebbe ovviamente dovuto passare almeno un anno presso un eminente centro sperimentale che si occupasse della specie e poi, se tutto andava per il suo verso, si sarebbe fatta una sezione ad hoc, dato che la sede che stava sulla carta era quella che si dice, dal punto di vista del nostro lavoro, solo un'espressione geografica. Il giovane andò in Inghilterra al posto giusto; incontrò un collega inglese che gli fece qualche domanda e, avutane giusta risposta, commentò: «Noi inglesi andiamo in Italia per imparare la fisica, voi Italiani venite da noi per la genetica, O.K». Tornato in Italia, egli si trovò con amici e colleghi che più scherzosamente commentavano «Sì, tutto bene, ma sinora qui si potrebbe solo mungere un toro!» (l'azienda agraria presentava solo una stalla e qualche

vecchia abitazione). Dopo 18 anni sorgeva una sezione tutta nuova perché si era formato un gruppo di lavoro sull'orzo rispettabile a livello anche internazionale.

Bianchi nell'occasione regalò a Michele il suo testo *L'abc della genetica delle piante*, nonché una sua monografia sull'orzo, la dote su cui contare per affrontare il compito affidatogli. Michele non fece alcuna fatica ad affiatarsi con i membri del gruppo di Bianchi. In più, fu capace di instaurare con il professore un rapporto intenso e positivo, tanto che non fu difficile promuoverlo per concorso a dirigere la Sezione. Quanto è successo dopo lo conosciamo: evidentemente prima la moglie, poi i colleghi e alla fine anche Bianchi avevano visto giusto. Quando, nel 1985, chi scrive lasciò la sezione di Bergamo dell'Istituto di Cerealicoltura, Michele fu molto attento a non disperdere il sapere relativo ai metodi molecolari allora in via di accumulo in Istituto: lo utilizzò e ampliò per caratterizzare la nuova versione della sua Sezione che si andava configurando all'interfaccia tra miglioramento genetico e genetica avanzata.

TAPPE DELLA CARRIERA PRESSO L'ENTE NAZIONALE DI RICERCA AGRARIA

Sperimentatore, 1972. Direzione per incarico a Fiorenzuola, 1975. Borsa CNR-NATO: un anno al Plant Breeding Institute di Cambridge, 1980. Vincitore della direzione a Fiorenzuola d'Arda, 1984. Membro del comitato scientifico «Drenaggio... etc», MAF, 1989. Nuova sede 1990. Coordinatore ECP/GR Barley Working Group, 1996. Coordinatore «Stress abiotici» UE RESGEN, 1999. Cura del meeting «EU Barley Project GENRES CT98-104», 2000. Comitato dell'International Workshop on Barley Leaf Diseases. Coordinatore Genoma frumenti, Cromosoma 5A. Member European Barley Genome Net.

ORZO: PROVE COMPARATIVE, FISILOGIA PRODUTTIVA, MIGLIORAMENTO GENETICO

Succeduto a De Cillis alla direzione dell'Istituto per la Cerealicoltura di Roma, il prof. Bianchi si pose l'obiettivo di riportare l'istituzione a un livello nazionale comparabile a quello che aveva caratterizzato l'era Strampelli. A quel tempo, inoltre, lo sviluppo dei rapporti internazionali stimolato dalla Comunità europea poneva seri modelli di gestione pratica delle novità vegetali figlie della rivoluzione verde. Nelle discussioni sul rinnovamento varietale – e anche nell'aggiudicazione di risorse comunitarie dedicate – il confronto con quanto veniva sviluppato dalle istituzioni internazionali imponeva di innovare il settore. L'intervento adottato fu di organizzare, per ciascun cereale, una rete di valutazione

varietale che includeva anche genotipi di recente rilascio. La decisione contribuì a stabilire rapporti positivi con il mondo agricolo, nonché con Enti nazionali, regionali e Facoltà di agraria, il tutto coordinato dalle sezioni operative dell'Istituto, nel caso dell'orzo dalla Sezione di Fiorenzuola. L'attività annuale si risolveva in una pubblicazione di liste varietali completate da raccomandazioni. Un esempio di questa attività riferita all'orzo è riportato in Gianinetti et al. (2008). Non vengono citate, per intuibili motivi, tutte le pubblicazioni annuali sull'argomento del gruppo Stanca, che si sono susseguite ormai per quasi 50 anni, di solito ospitate in un numero speciale de «L'Informatore agrario».

Gli studi di fisiologia produttiva sono comunemente condotti per comprendere quali indici selettivi possono essere introdotti nei programmi di miglioramento genetico. Studi di questo tipo sono stati frequenti a Fiorenzuola e due di questi sono di seguito brevemente commentati. L'efficienza agronomica nell'uso dell'azoto è la capacità di aumentare la produzione come risposta alla quantità di azoto somministrato. Risulta simile in orzo e frumento, ma, in termini di risposta produttiva massima, il frumento ha richieste azotate superiori. Si conclude che l'orzo ha la capacità di produrre meglio in condizioni di basso impiego di fertilizzanti (pubblicato su «European Journal of Agronomy»; 389 citazioni; Delogu et al., 1998). Il secondo studio riguarda le produzioni di una collezione di genotipi di orzo in condizioni irrigue e asciutte. Il calcolo dell'indice di stress WSI permette di identificare varietà con alta produttività potenziale e una bassa interazione genotipo \times ambiente. In questi genotipi, il potenziale produttivo ha un ruolo preminente; cioè la selezione basata sulla minima perdita produttiva in condizioni di stress non identifica i genotipi migliori («Crop Science»; 190 citazioni; Rizza et al., 2004). In una sua diapositiva, Stanca così commenta la stabilità produttiva di varietà diverse:

i) the lines identified as being specially adapted to one or other of the selection sites, showed no advantage over those with general adaptation; ii) the yield advantage of specifically adapted lines over lines with general adaptation to both sites was not significant; iii) this indicated that, overall, the higher yielding lines were also the more stable lines.

Un contributo che in parte copre gli interessi di fisiologia produttiva più recenti del Centro di Fiorenzuola (Cattivelli, 2008) ha avuto più di 1000 citazioni a livello internazionale.

Il miglioramento genetico dell'orzo era parte importante della missione assegnata a Michele Stanca dal direttore dell'Istituto per la Cerealicoltura. Da subito il programma di miglioramento varietale conobbe un grande successo: la prima varietà rilasciata nel 1985, Arda, raggiunse attorno al 50% del seme certificato per l'orzo distico. Nel periodo 1985-2015 Fiorenzuola ha rilasciato

21 varietà di orzo, 15 distiche, 6 esastiche. Le 13 rilasciate per ultime sono dotate di resistenza al virus BaYMV e al fungo *Puccinia graminea*. Le varietà per uso zootecnico sono 17, 2 per malto, 2 a seme nudo per uso umano. In base ai dati disponibili, negli anni recenti, le varietà più coltivate sono state Arda (15% nel 2015), Cometa (14% nel 2006), Aliseo (5% nel 1998), Nure 2-3%. Le due varietà di avena e le quattro di tritcale coprono il 4-6% del seme certificato. Secondo Michele Stanca

Arda was characterised by reduced plant height, increased tillering capacity, high seed weight, earliness of heading time, phenotypic plasticity. For the first time the grain yield increased significantly with an immediate effect on the spreading of the barley crop in Italy, Greece and Spain. In five years Arda occupied 50% of two rowed barley acreage, 20% of total Italian barley acreage and became very popular around the Mediterranean basin.

MIGLIORAMENTO GENETICO ASSISTITO

L'approccio basato su marcatori molecolari localizzati a specifici loci cromosomici, ha permesso di sviluppare, anche per l'orzo, dense mappe di ricombinazione. Da subito le mappe furono utilizzate in studi tendenti a decodificare la base della variabilità genetica continua. Fu semplice comprendere che anche questo tipo di variazione aveva una base discontinua, rappresentata da fattori genetici, indicati con l'acronimo QTL, mappati con una certa approssimazione nelle mappe di ricombinazione. Marcatori concatenati nelle mappe ai QTL che influenzano caratteri di interesse agronomico possono entrare in procedure, in parte robotizzate (*marker assisted selection*, MAS), per accumulare il maggior numero possibile di fattori genetici utili in specifiche linee in selezione. Una seconda fase delle procedure MAS ha l'obiettivo di identificare il gene che sottende uno specifico QTL. Il caso che viene brevemente descritto riguarda un progetto sviluppato a Fiorenzuola. Tredici geni con funzioni regolative negli stress da freddo e da siccità sono stati amplificati in sei linee di orzo che avevano dato origine a tre mappe cromosomiche basate sulla ricombinazione tra marcatori molecolari. Sono poi stati creati marcatori molecolari diallelici per geni posizionati in una unica mappa (di consenso tra le tre disponibili), definendo la posizione di 16 loci candidati per ospitare geni regolativi degli stress studiati. Alla mappa di consenso sono poi state aggiunte le posizioni di loci QTL identificate dalla letteratura disponibile in esperimenti condotti in condizioni di stress (fig. 1). Un cluster di sei geni *CBF* co-mappa sul cromosoma 5H nelle vicinanze di un QTL per tolleranza al freddo. Gli autori hanno concluso che i geni *CBF* (*C-repeats binding factor*) per sé sono coinvolti nella resistenza al freddo. Quattro

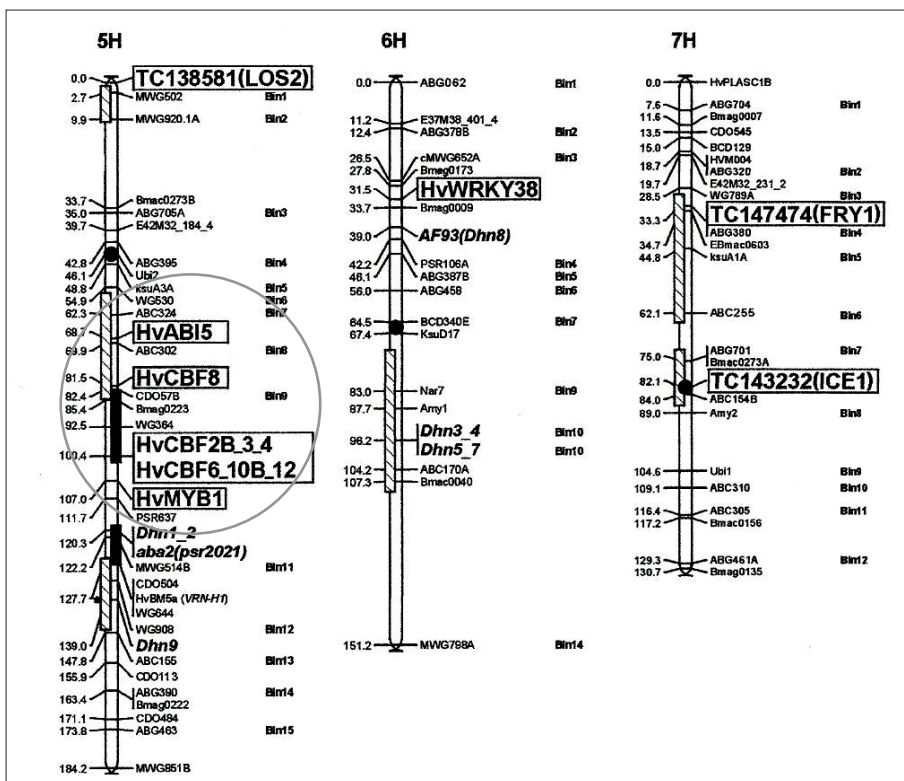


Fig. 1 Nella mappa molecolare di orzo (qui riportata solo per tre cromosomi) sono stati localizzati 16 loci candidati per ospitare geni regolativi degli stress studiati. Sono poi stati aggiunte le posizioni di loci QTL per stato di stress (freddo: barre tratteggiate; idrico: barre nere). Un cluster di sei geni CBF co-mappa sul cromosoma 5H nelle vicinanze di un QTL per tolleranza al freddo (Cerchio in grigio)

di 16 QTL per resistenza allo stress da siccità sono stati associati a geni regolatori. I risultati possono essere utilizzati nella selezione assistita di genotipi di orzo («Theoretical and Applied Genetics»; 156 citazioni; Tondelli et al., 2006). L'uso di procedure MAS ha avuto – e avrà – sensibili affinamenti ed è sfociato nella selezione genomica (a cui si accenna più avanti).

GENETICA

Nelle pubblicazioni dei ricercatori che sono stati attivi a Fiorenzuola, vengono frequentemente descritti esperimenti con contenuto genetico. Non è comune,

però, incontrare casi in cui la genetica non è solo una impostazione di metodo (come atteso per chi si concentra sul miglioramento genetico), ma è il preciso oggetto della ricerca che vuole scoprire nuove regole dell'eredità e sviluppo degli organismi considerati. In questo senso, si possono citare come esempi i lavori di mappatura genica di Francia et al. (2004) e di Comadran et al. (2009) su *linkage disequilibrium* in una mappa di concatenazione. Voglio qui approfittare delle righe concesse allo scrivente per ricordare uno sviluppo di genetica vegetale quasi paradigmatico del come una disciplina può procedere, esempio che coinvolge Fiorenzuola. Attorno al 1980, un professore dell'Università di Colonia, Peter Starlinger, chiese a chi scrive se si poteva pensare a un esperimento per clonare uno degli elementi trasponibili descritti geneticamente da Barbara McClintock. Dopo lunghe discussioni si decise di catturare l'elemento mobile *Ds* inserendolo nel gene *Adh* (codifica per un alcol deidrogenasi), per il quale esisteva una sonda molecolare. Era anche disponibile una tecnica per selezionare polline *Adh*- che, dopo trattamento con alcol allilico, sopravvive mentre il polline non mutato si inattiva. L'esperimento ebbe successo e venne pubblicato (Döring et al., 1984): il mutante *Adh-2F11* causato da *Ds* fu isolato e permise importanti sviluppi. Peter Starlinger sequenziò l'elemento *Ds* e il suo regolatore *Ac* e pubblicò su «Nature»; Mike Freeling, co-autore americano della pubblicazione ricordata, riportò sull'«EMBO Journal» il clonaggio del primo gene *Homeobox* delle piante, muovendo *Ds* al locus dominante *Knotted*; al MPI di Colonia, sulla base dell'omologia topografica delle regioni *Adh-Knotted* di mais e *Adh-Hooded* di orzo, fu clonato il gene *Bkn3* responsabile del fenotipo *Hooded* (Müller et al., 1995). Da qui inizia la collaborazione con Fiorenzuola, collaborazione che ha contribuito a chiarire il controllo genetico della struttura del lemma, la più importante brattea fiorale dell'orzo che ospita l'arista. Furono identificati 5 loci genetici *suK* che sopprimono il fenotipo *Hooded* (fig. 2) e si definirono le interazioni tra i geni *suK*, *lk* (arista del lemma corta), *K* (fenotipo *Hooded*) e il mutante *lel* (*leafy lemma*), questo ultimo isolato a Fiorenzuola da una linea genetica omozigote per l'allele recessivo al gene *lk2*. I risultati furono pubblicati in tre articoli tutti accettati dalla rivista «Genetics» (Castiglioni et al., 1998; Pozzi et al., 2000; Roig et al., 2004).

BIOLOGIA MOLECOLARE E GENOMICA

La Sezione, dopo alcuni anni dall'arrivo del Prof. Bianchi alla direzione della Ceralicoltura di Roma, iniziò ad approfondire alcuni temi applicativi adottando approcci di biologia molecolare. Tra i molti lavori pubblicati, si possono

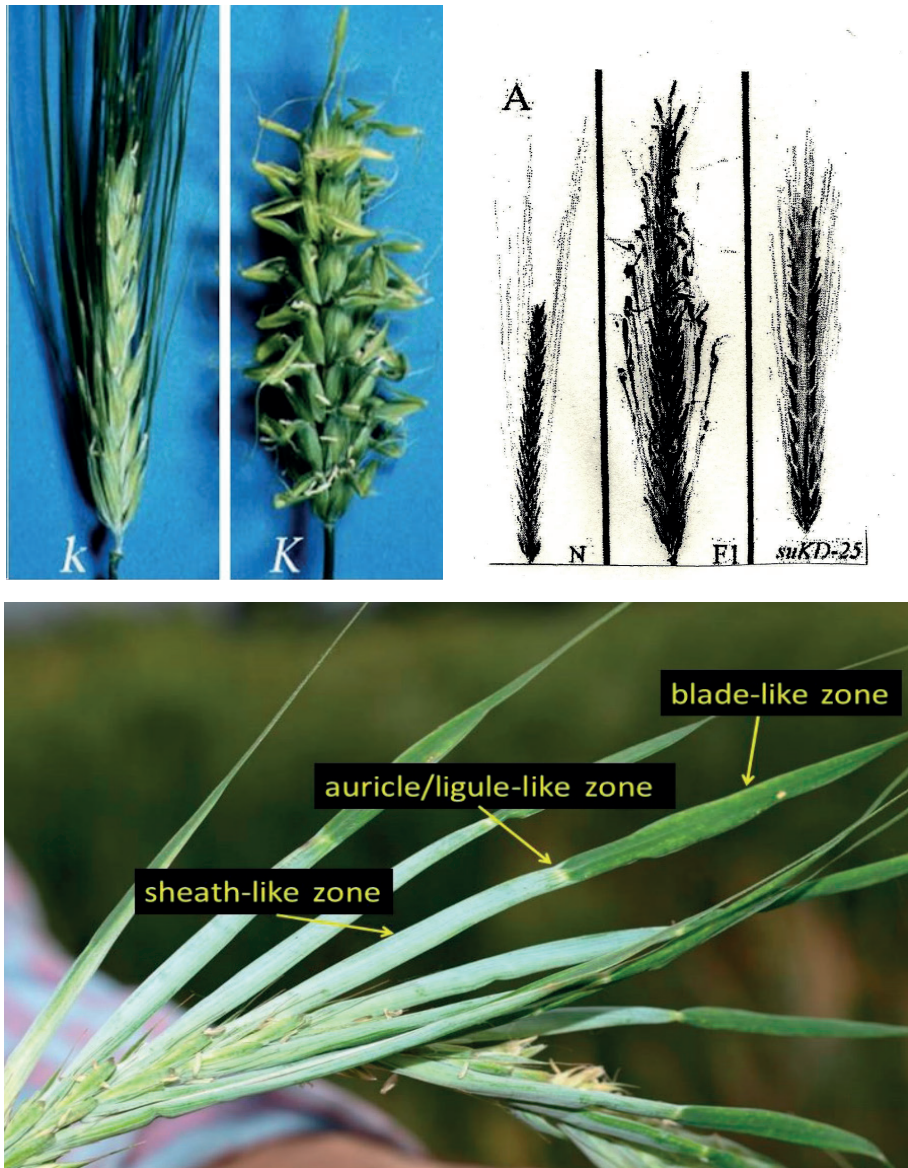


Fig. 2 Da sinistra: K, fenotipo «Hooded» determinato da un allele dominante che induce la comparsa sul lemma, invece dell'arista, di un extra fiore con inversione della polarità tissutale; N, fenotipo normale (selvatico); «suKD-25», fenotipo di uno dei mutanti soppressori di «Hooded» indotto da mutagenesi (le ariste dei cinque soppressori geneticamente diversi sono corte rispetto al selvatico); F1, fenotipo dell'incrocio tra «suK-25» e il selvatico: ricompare il fenotipo «Hooded»; lel: fenotipo del mutante «leafy lemma» isolato nel 1990 a Fiorenzuola. La brattea è trasformata in una foglia (Pozzi et al., 2000)

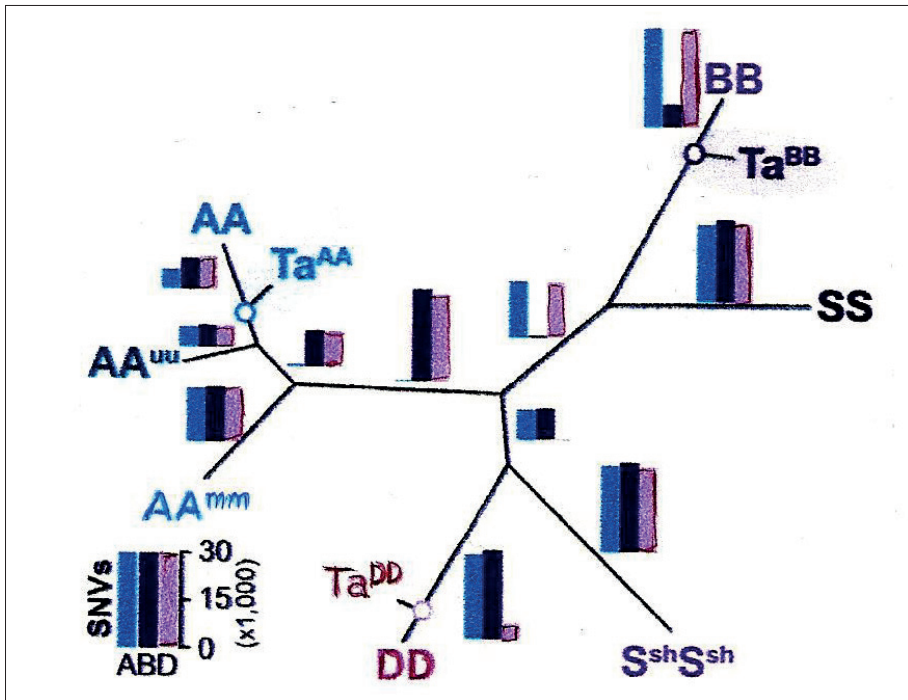


Fig. 3 Relazioni filogenetiche tra specie di «Triticum» e «Aegilops» basate su confronti tra sequenze genetiche determinate con l'analisi genomica. Il grafico è ripreso da IWGSC (2014). TaAA, TaBB, TaDD: sequenze da genomi A, B, D di «T.vulgare» confrontate con quelle di «T.monococcum» AA^{mm}, «T. urartu» AA^{uu}, «Ae. speltoides» SS, «Ae. Sharonensis» ShSh, «Ae. Tauschii» DD e con quelle della specie tetraploide «T. turgidum» AABB. Tra le sequenze sono stati individuate variazioni a singoli nucleotidi SNP, indicate come SNVs, poi utilizzate per l'assemblaggio del grafico. Gli istogrammi indicano il numero di SNVs utilizzate (scala in basso a sinistra)

citare esempi relativi a regolazione genica post-trascrizionale e post-traduzionale, mappature geniche, livello di trascritti in condizione di stress, trascrittomica normalizzata, espressione genica nel cloroplasto (Mazzucotelli et al., 2008; Francia et al., 2007; Atienza et al., 2004; Faccioli et al., 2007; Dal Bosco et al., 2003). Inevitabilmente, la pratica della biologia molecolare all'inizio del nuovo millennio è scivolata verso la genomica. Il Centro di Fiorenzuola ha così partecipato alla decodificazione del genoma del frumento tenero curata da un consorzio internazionale di scienziati appartenenti a 37 diverse istituzioni. Sono state annotati più di 120.000 geni distribuiti nei genomi A, B e D. L'analisi comparativa dei geni di specie donatrici dei diversi genomi e di quelli di frumenti diploidi e tetraploidi ha dimostrato una alta somiglianza tra

i genomi A, B e D, insieme a una sostanziale bassa perdita di sequenze geniche dopo gli eventi di poliploidizzazione. I dati hanno permesso di chiarire con alta precisione le relazioni filogenetiche tra specie di *Triticum* e *Aegilops* in base a confronti della variazione di singoli nucleotidi (SNP), variazioni indicate con l'acronimo SNVs in figura 3 (IWGSC, 2014). Nell'ambito del progetto internazionale, il Centro di Fiorenzuola ha poi approfondito la genomica del cromosoma 5A (Vitulo et al., 2011). La frazione codificante di questo cromosoma corrisponde a circa l'1,2% del DNA totale. Il numero dei geni dell'intero cromosoma è leggermente superiore a 5000; partecipano a 37 processi biologici (risposta a stress ecc.), a 25 funzioni molecolari (DNA binding ecc.) e codificano per 25 componenti cellulari (membrane, mitocondri ecc.) (fig. 4).

INSEGNAMENTO

Nel box di seguito è riportato un elenco di compiti-impegni che Stanca ha svolto in ambito accademico. Anche per chi conosceva da vicino la quotidianità del lavoro che svolgeva, era difficile capire come facesse a trovare il tempo da dedicare all'insegnamento. Senza dubbio lo aiutava la sua facilità di parola (che lo ha caratterizzato anche come grande affabulatore) e la partecipazione a molti comitati e convegni anche internazionali, occasioni per puntuali aggiornamenti scientifici.

DISCENTE E DOCENTE

Laurea in Scienze Agrarie. Abilitazione alla professione. Abilitazione all'insegnamento di chimica generale, poi scienze naturali. Docente di Agronomia a Veterinaria, UniMilano (1996/97). Docente all'Istituto Agronomico di Zaragoza. Professore di Agronomia all'Università di Modena (2000-2001). Docente di Genetica «EU FP7 AGRISAFE» a Martonvasar. Membro della Scuola di dottorato, Università di Parma. Docente Telecom «Lezioni sul Progresso».

COORDINAMENTO DELLE POLITICHE DI RICERCA, DIVULGAZIONE E PRESENZA IN ACCADEMIE

Le attività di rappresentanza nazionale e internazionale dei responsabili delle Sezioni periferiche della Cerealicoltura erano quasi imposte dal direttore dell'Istituto. Il prof. Bianchi si era, infatti, formato anche in ambiente internazionale (fu allievo di Paul Mangelsdorf ad Harvard e borsista con Barbara

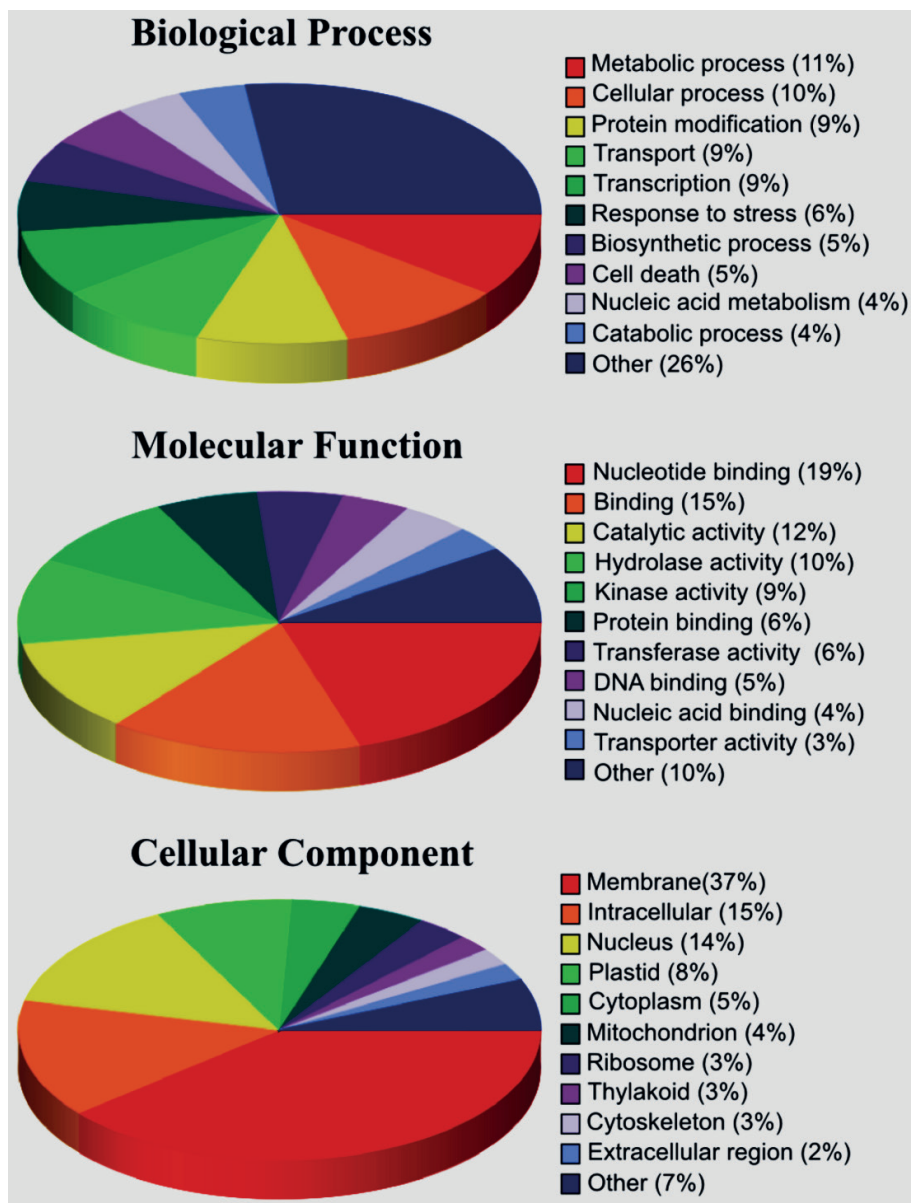


Fig. 4 Partecipazione dei geni del cromosoma 5A del frumento tenero a processi biologici (in alto), a funzioni molecolari (al centro) o che codificano per componenti cellulari (in basso). Da Vitulo et al. (2011)

McClintock, poi Premio Nobel per la scoperta dei geni trasponibili). Nelle diverse sezioni l'internazionalizzazione avvenne con tempi e modalità diverse, prima a Bergamo (maiscoltura) ma quasi subito anche a Fiorenzuola. Fu facilitata dalle riunioni amicali tra i membri del gruppo di "Bianchi" che, dagli anni Settanta dello scorso secolo, si ritrovavano (spesso a Fiorenzuola) per formulare proposte su come riorganizzare, anche logisticamente, i centri di ricerca in agricoltura. Stanca probabilmente acquisì anche dal gruppo la visione della struttura internazionale che andava sviluppando a Fiorenzuola (almeno un membro del gruppo, che pur continuava a frequentare le riunioni, era nel frattempo attivo in un altro Paese europeo). È stato merito particolare di Michele essere chiamato a operare presso prestigiose Società scientifiche come riconoscimento della capacità di trasmettere e divulgare quanto accumulava nella sua esperienza direttiva e dai risultati scientifici dei suoi laboratori.

Basilio Borghi, membro del "Gruppo", ha scritto che Stanca ha saputo far fruttare i talenti ricevuti da Angelo Bianchi. Il giudizio sul ricercatore e sull'uomo non può prescindere dal considerare come centrale questa sua attività di politico della ricerca. La figura, in questo senso, si inquadra bene in una citazione ancora una volta di Bianchi:

Tra un secolo a chi analizzerà la nostra cultura o noi stessi non importerà del nostro conto in banca, della nostra auto, dello stile della nostra casa, o anche dei riconoscimenti che abbiamo avuto, MA di quali contributi abbiamo dato agli altri col nostro lavoro: insegnamento, suggerimenti, servizio o quant'altro sarà stato trasmesso ingrandito negli anni (J.E. Foss, *Presidential Address*, «Agr. J.», 1996, 88, 121; traduzione di A. Bianchi, 1997).

COORDINAMENTO E DIVULGAZIONE DELLA RICERCA

Socio SIGA. Socio di Eucarpia. Membro consiglio direttivo SIGA (1981-82). Socio SIA (1987). Membro Crop Science Society of America (1990). Presidente Sezione Cereali EUCARPIA (1998). Accademico dei Georgofili. Consiglio Direttivo FISV. Presidente SIGA. Presidente AISSA. Accademico dell'Accademia Nazionale di Agricoltura. Membro del Consiglio Accademico e vicepresidente dell'Accademia dei Georgofili. Accademico dell'Accademia degli Incamminati di Modigliana. Presidente UNASA. President of UNION of European Academies for Science Applied to Agriculture, Food and Nature – UEAA.

RIASSUNTO

Il ricordo è quello di un collega che ha condiviso con il ricordato una parte della vita scientifica dell'Istituto per la Cerealicoltura di Roma, al tempo diretto dal prof. Angelo

Bianchi. Vengono considerati i principali aspetti dell'attività di Stanca sviluppati nel corso della sua lunga attività di coordinatore della ricerca e di motore per lo sviluppo di una, allora, sezione di un Istituto nazionale: carriera nell'Ente, aspetti accademici, risultati pratici, interessi di biologia molecolare, marcatori e genomica al servizio del miglioramento genetico, presenza e ruoli in Accademie nazionali e ruoli internazionali. Vengono anche ricordate le sue attività di docenza e, in particolare, il ruolo puntiglioso ed efficace nella fondazione e sviluppo di una sezione dell'Istituto della Cerealcoltura, trasformata poi in un moderno Centro di genomica applicata.

ABSTRACT

The note is dedicated to the memory of Michele Stanca. The scientific life of this scholar is summarized: role in an important national Institute, development of barley research related to yield physiology, breeding, assisted breeding by molecular markers, genetics, molecular biology and genomics. The role of Michele in teaching plant breeding and agronomy is also mentioned, together with his contribution to national and international initiatives and participation to scientific academies.

BIBLIOGRAFIA

- ATIENZA S.G., FACCIOLI P., PERROTTA G., DALFINO G., ZSCHIESCHE W., HUMBECK K.A., STANCA A.M., CATTIVELLI L. (2004): *Large scale analysis of transcripts abundance in barley subjected to several single and combined abiotic stress conditions*, «Plant Science», 167, pp. 1359-1365.
- BIANCHI A. (1997): *Genetica agraria, missione di vita*, Edizioni Informatore Agrario, Verona.
- CASTIGLIONI P., POZZI C., HEUN M., TERZI V.M., MÜLLER K.J., ROHDE W., SALAMINI F. (1998): *An AFLP-based procedure for the efficient mapping of mutants and DNA probes in barley*, «Genetics», 149, pp. 2039-2056.
- CATTIVELLI L., RIZZA F., BADECK F.W., MAZZUCOTELLI E., MASTRANGELO A.M., FRANCIÀ E., MARÈ C., TONDELLI A., STANCA A.M. (2008): *Drought tolerance improvement in crop plants: an integrated view from breeding to genomics*, «Field crops research», 105, pp. 1-14.
- COMADRAN J., THOMAS W.T.B., VAN EEUWIJK F.A., CECCARELLI S., GRANDO S., STANCA A.M., PECCHIONI N., AKAR T., AL-YASSIN A., BENBELKACEM A., OUABBOU H., BORT J., ROMAGOSA I., HACKETT C.A., RUSSELL J.R. (2009): *Patterns of genetic diversity and linkage disequilibrium in a highly structured Hordeum vulgare association-mapping population for the Mediterranean basin*, «Theoretical and Applied Genetics», 119, pp. 175-187.
- DAL BOSCO C., BUSCONI M., GOVONI C., BALDI P., STANCA A.M., CROSATTI C., BASSI R., CATTIVELLI L. (2003): *Cor gene expression in barley mutants affected in chloroplast development and photosynthetic electron transport*, «Plant physiology», 131, pp. 793-802.

- DELOGU G., CATTIVELLI L., PECCHIONI N., DE FALCIS D., MAGGIORE T., STANCA A.M. (1998): *Uptake and agronomic efficiency of nitrogen in winter barley and winter wheat*, «European Journal of Agronomy», 9, pp. 11-20.
- DÖRING H.P., FREELING M., JOHNS M.A., KUNZE P., MERCKELBACH A., SALAMINI F., STARLINGER P. (1984): *A Ds-mutation of the Adh1 gene in Zea mays L.*, «Mol. Gen. Genet.», 193, pp. 199-204.
- FACCIOLI P., CICERI G.P., PROVERO P., STANCA A.M., MORCIA C., TERZI V. (2007): *A combined strategy of "in silico" transcriptome analysis and web search engine optimization allows an agile identification of reference genes suitable for normalization in gene expression studies*, «Plant molecular biology», 63, pp. 679-688.
- FRANCIA E., RIZZA F., CATTIVELLI L., STANCA A.M., GALIBA G., TOTH B., HAYES P.M., SKINNER J.S., PECCHIONI N. (2004): *Two loci on chromosome 5H determine low-temperature tolerance in a 'Nure'(winter) × 'Tremois'(spring) barley map*, «Theoretical and Applied Genetics», 108, pp. 670-680.
- FRANCIA E., BARABASCHI D., TONDELLI A., LAIDÒ G., RIZZA F., STANCA A.M., BUSCONI M., FOGHER C., STOCKINGER E.J., PECCHIONI N. (2007): *Fine mapping of a HvCBF gene cluster at the frost resistance locus*, «Theoretical and Applied Genetics», 115, pp. 1083-1091.
- GIANINETTI A., STANCA A.M. (Coord.) ET AL. (2008): *Le varietà per le semine 2008 di orzo zootecnico. Risultati delle prove nazionali 2007-2008*, «L'Informatore Agrario», 31, pp. 34-41.
- IWGC, INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (2014): *A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (Triticum aestivum) genome*, «Science», 345, pp. 6194.
- MAZZUCOTELLI E., MASTRANGELO A.M., CROSATTI C., GUERRA D., STANCA A.M., CATTIVELLI L. (2008): *Abiotic stress response in plants: when post-transcriptional and post-translational regulations control transcription*, «Plant Science», 174, pp. 420-431.
- MÜLLER K.J., ROMANO N., GERSTNER O., GARCIA-MAROTO F., POZZI C., SALAMINI F., ROHDE W. (1995): *The barley Hooded mutation caused by a duplication in a homeobox gene intron*, «Nature», 374, pp. 727-730.
- POZZI C., FACCIOLI P., TERZI V., STANCA A.M., CERIOLI S., CASTIGLIONI P., FINK R., CAPONE R., MÜLLER K.J., BOSSINGER G., ROHDE W., SALAMINI F. (2000): *Genetics of mutations affecting the development of a barley floral bract*, «Genetics», 154, pp. 1335-1346.
- RIZZA F., BADECK F.W., CATTIVELLI L., LIDESTRI O., DI FONZO N., STANCA A.M. (2004): *Use of a water stress index to identify barley genotypes adapted to rainfed and irrigated conditions*, «Crop science», 44, pp. 2127-2137.
- ROIG C., POZZI C., SANTI L., MÜLLER K.J., STANCA M., SALAMINI F. (2004): *The genetics of barley hooded suppression*, «Genetics», 167, pp. 439-448.
- TONDELLI A., FRANCIA E., BARABASCHI D., APRILE A., SKINNER J.S., STOCKINGER E.J., STANCA A. M., PECCHIONI N. (2006): *Mapping regulatory genes as candidates for cold and drought stress tolerance in barley*, «Theoretical and Applied Genetics», 112, pp. 445-454.
- VITULO N., ALBIERO A., FORCATO C., CAMPAGNA D., DAL PERO F., BAGNARESI P. ET AL. (2011): *First survey of the wheat chromosome 5A composition through a Next Generation Sequencing approach*, «PLoS ONE», e26421.