



Unione europea
Fondo sociale europeo



REGIONE DEL VENETO

Regione del Veneto
Giunta Regionale
Direzione Formazione e Istruzione

RELAZIONE CONSUNTIVA SULL'ATTIVITA' DI RICERCA
(borse di ricerca)

DGR n. 1463 del 08/10/2019

Cod. Ente: 1695 Rag. Sociale Università degli studi di Verona Asse Occupabilità

Cod. progetto 1695-0011-1463-2019 Titolo CARATTERIZZAZIONE DI TRATTI MIGLIORATIVI DI INTERESSE PER LA VITIVINICOLTURA VERONESE, IN POPOLAZIONI DI VITE OTTENUTE DA INCROCIO

Cod. Intervento 1695/10260112-001/231/DEC/20 Titolo dell'intervento SELEZIONE ASSISTITA DA MARCATORI DI VITIGNI CON SORGENTI DI RESISTENZA A PERONOSPORA PIRAMIDATA UTILI PER BREEDING DI VARIETÀ DI INTERESSE LOCALE Sede Verona

*La sottoscritta **Annalisa Polverari** in qualità di Referente/Tutor per la ricerca*

*La sottoscritta **Diana Bellin** in qualità di Referente/Tutor per la ricerca*

con riferimento all' intervento in oggetto,

*La sottoscritta **Martina Marini** in qualità di Destinatario dell'intervento in oggetto,*

DICHIARANO

che l'intervento in oggetto nel **periodo dal 30/09/2020 al 29/09/2021** si è articolato nelle seguenti attività:

Attività (*Descrivere le diverse attività svolte nel periodo di riferimento*)

In collaborazione con l'azienda Gozzo si sono prodotte piante di vite da seme e si sono propagate talee per produrre i vari materiali utili per le analisi genetiche e di resistenza svolte nel progetto. Si sono effettuate analisi genetiche con marcatori SSR in 17 popolazioni F1 di vite prodotte incrociando tra loro ibridi portatori di diversi geni di resistenza a patogeni. L'obiettivo era quello di selezionare tra gli individui analizzati le piante che hanno ereditato e piramidato più loci per la resistenza a *Plasmopara viticola* e a *Erysiphe necator* agenti della peronospora ed oidio rispettivamente. Contemporaneamente le stesse analisi sono state applicate anche a 243 individui già a dimora ottenuti dall'incrocio di Corvina, un vitigno locale, con l'ibrido resistente Solaris per identificare gli individui che hanno ereditato la resistenza. Inoltre per questa popolazione d'incrocio è stata condotta anche una caratterizzazione genetica più approfondita mediante ibridazione su chip Illumina *Vitis18KSNP* (Laucou et al., 2018). I dati risultanti verranno utilizzati per la compilazione della mappa genetica da usarsi poi per il mappaggio di determinati genetici per la fenologia usando i dati fenotipici raccolti. Parallelamente infatti si è effettuato in collaborazione con il destinatario dell'assegno 2 il rilievo delle epoche fenologiche (germogliamento, fioritura, invaiatura e maturazione) per le popolazioni d'incrocio Corvina x Solaris e Cabernet Sauvignon x Corvina, già a dimora presso l'azienda partner del progetto, i Vivai Gozzo. Infine si è proceduto ad effettuare l'analisi ed elaborazione dei dati ottenuti che sono stati utilizzati per la

preparazione di abstract e poster per diversi convegni in modo da divulgare i risultati ottenuti.

Metodologie operative (*Esporre le metodologie applicate in funzione delle attività svolte e dei contesti operativi di riferimento*)

Estrazione del DNA genomico mediante il Kit di estrazione *DNeasy Plant Mini Kit* (Qiagen, Germany) delle piante F1 ottenute dall'incrocio di diversi ibridi di vite.

Misurazione quantitativa e qualitativa al fine di valutare la concentrazione e la purezza del DNA genomico attraverso una elettroforesi su gel di agarosio 2% e un'analisi al *NanoDrop 8000 UV-Vis Spectrophotometers*. Amplificazione dei marcatori SSR mediante PCR. Per quanto riguarda i marcatori molecolari utilizzati per identificare i loci di resistenza a *P.viticola* (*Rpv*) e a *Erysiphe necator* (*Ren*) si sono usati primer e condizioni riportati in letteratura nei lavori di Di Gaspero et al. 2012 (marcatori UDV305 e UDV737 per selezionare la resistenza al locus *Rpv3*), Schwander et al. 2012 (marcatore GF09-46 per selezionare la resistenza al locus *Rpv10*), Venuti et al 2013 (marcatore UDV370 per selezionare la resistenza al locus *Rpv12*) e Zyprian et al 2016 (marcatore GF15-28 per selezionare la resistenza al locus *Ren3*).

Purificazione dei prodotti di PCR mediante l'utilizzo di beads magnetiche e successivamente corsa elettroforetica capillare mediante sequenziatore Sanger. Alla fine della corsa per ogni campione analizzato è stato costruito un elettroferogramma che è stato analizzato tramite il software Peak Scanner.

Rilevamento delle fasi fenologiche sulle popolazioni d'incrocio Corvina x Solaris e Cabernet Sauvignon x Corvina presenti nei campi produttivi dell'azienda partner del progetto i Vivai Gozzo. La determinazione della epoca fenologica è stata effettuata mediante più rilievi settimanali rapportando lo stadio di sviluppo delle piante alle scale di sviluppo disponibili in letteratura (Lorenz et al., 19965). Questa attività è stata condotta in collaborazione con il destinatario dell'assegno 2.

Per la popolazione d'incrocio Corvina x Solaris si è proceduto anche alla caratterizzazione genetica mediante ibridazione su chip Illumina Vitis18KSNP (Laucou et al., 2018) dei DNA estratti dai singoli individui. I dati genetici sono stati estratti con il software GenomeStudio e quindi elaborati utilizzando il software Assist (Di Guardo et al., 2014). I dati risultanti verranno utilizzati per la compilazione della mappa genetica da usarsi poi per il mappaggio di determinati genetici per la fenologia usando i dati fenotipici raccolti.

Risultati (*Indicare i risultati conseguiti rapportati agli obiettivi della ricerca*)

Nel corso del progetto si sono analizzate circa 10 piante per ognuno dei 17 diversi incroci effettuati tra ibridi resistenti. Gli incroci a disposizione erano Johanniter x Solaris (JxS), Johanniter x 34111 (Jx34), Johanniter x Bronner (JxBR), Johanniter x Cabernet cantor (JxCC), Johanniter x Sauvignier gris (JxSG), Johanniter x Monarch (JxM), Bianca x 34111 (Bx34), Aromera x 34111 (Ax34), Aromera x Cabernet cantor (AxCC), Aromera e Sauvignier gris (AxSG), Monarch x Bianca (MxB), Monarch x Prior (MxP), Monarch x 34111 (Mx34), Sauvignier gris x 34111 (SGx34), Sauvignier x Bianca (SGxB), Chambourcin x Solaris (CHxS) e Chambourcin x Cabernet cantor (CHxCC).

Gli incroci CHXS e SGX34 non sono stati considerati perché erano stati rilevate solo autofecondazioni per il primo incrocio e per una difficile interpretazione dei dati per il secondo, in quanto le taglie alleliche tra i parentali erano molto simili.

Per tutti gli incroci in cui i parentali portavano entrambi i loci di resistenza *Rpv3* e *Rpv10*, si sono identificati con successo degli individui piramidati. Il numero di individui piramidati ottenuto varia tra 1 e 5 per incrocio, in 8 diversi incroci, per un totale di 24 individui. Nel dettaglio 10 individui portano assieme gli aplotipi *Rpv3.1* e *Rpv3.3* con il locus *Rpv10*, mentre 12 portano l'aplotipo *Rpv3.1* al locus *Rpv3* e *Rpv10*. Rare, sono invece le combinazioni dell'aplotipo *Rpv3.2* con *Rpv10*. La combinazione *Rpv3.3* e *Rpv10*, seppure includa diverse sorgenti di resistenza non è stata considerata nel conteggio delle 24 piante piramidate perché già presente in alcuni degli ibridi usati come parentali e quindi non un target specifico di questo studio. Tuttavia lo studio ha identificato anche 7 genotipi con questa combinazione.

Le analisi condotte hanno permesso di verificare anche che l'ibrido Sauvignier gris non porta il gene *Rpv10* ma solo l'aplotipo *Rpv3.2*. Questo ibrido era stato incrociato con ibridi che portano il locus *Rpv3* di resistenza, ma purtroppo non con ibridi che portano il locus *Rpv10*. Gli incroci ottenuti con questo parentale non hanno consentito pertanto la piramidazione di sorgenti di resistenza diverse.

Per quanto riguarda invece gli incroci con il parentale portante il locus di resistenza *Rpv12*, ovvero l'ibrido 34111, non si sono ottenuti individui piramidati per gli incroci Mx34 e Jx34. Si sono ottenuti invece 3 individui portanti l'aplotipo *Rpv3.1* con il locus *Rpv12* sia per l'incrocio Ax34 che per l'incrocio Bx34.

Nella tabella 1 sono riportati nel dettaglio per ogni incrocio il numero di individui piramidati che si sono ottenuti e le combinazioni di loci di resistenza alla peronospora.

		NUMERO D'INDIVIDUI PIRAMIDATI						
madre	pollen	<i>Rpv3.1+10</i>	<i>Rpv3.2+10</i>	<i>Rpv3.3+10</i>	<i>Rpv3.1+3.3+10</i>	<i>Rpv3.3+3.3+10</i>	<i>Rpv3.2+3.3+10</i>	<i>Rpv3.1+12</i>
johannitter	solaris				4			
johannitter	bronner				1			
johannitter	monarch	3		2	1			
monarch	bianca	4		1	1			
monarch	prior	1		1		1		
johannitter	cabernet cantor			1	3			
aromera	cabernet cantor	2		1				
chambourcin	cabernet cantor	2	1				1	
johannitter	sauvignier gris							
aromera	sauvignier gris							
sauvignier gris	bianca							
monarch	34111							
aromera	34111							3
johannitter	34111							
bianca	34111							3

Tabella 1

Sugli individui piramidati verranno condotte analisi future per testare l'effettiva resistenza tramite infezioni mirate su dischetti fogliari o in pieno campo. Contestualmente si è analizzata anche la presenza o meno del locus *Ren3* per la resistenza all'oidio. Su 26 individui presi in considerazione 21 di essi portano anche il locus per la resistenza all'oidio. Questo risultato è positivo in quanto la maggior parte dei trattamenti contro questo fungo si effettua assieme al trattamento contro la peronospora.

Per quanto riguarda l'analisi della progenie della popolazione d'incrocio Corvina x Solaris composta da 243 piante, si è ottenuto che 70 individui hanno ereditato il locus *Rpv3.3*, 54 il locus *Rpv10*, 54 nessun gene e 65 entrambi i loci di resistenza *Rpv10* e *Rpv3.3*.

Di quest'ultimo gruppo 27 piante hanno ereditato anche il locus di resistenza *Ren3*. Per i primi 137 individui è stata effettuata anche l'ibridazione del DNA sullo SNPchip Illumina *Vitis18KSNP*. Dopo elaborazione dei dati tramite i software GenomeStudio e Assist si sono ottenuti i risultati riportati in tabella 2. L'analisi ha consentito complessivamente lo scoring di 6786 SNPs polimorfici tra i parentali in 137 individui utili per la produzione di un dataset per la costruzione di una mappa di linkage.

Corvina X Solaris	
APPROVED	6786
DISCARDED	11285
Monomorphic	8270
Failed	2244
DistortedAndUnexpSegreg	746
NullAllele-Failed	25

Tabella 2

Il rilevamento delle fasi fenologiche su questa stessa popolazione d'incrocio Corvina x Solaris e sulla popolazione Cabernet Sauvignon x Corvina, presenti entrambe nei campi produttivi dell'azienda partner del progetto i Vivai Gozzo, ha previsto il monitoraggio giornaliero e/o settimanale durante tutta la stagione 2021, da fine marzo a metà settembre.

Per ogni popolazione si è ricavata la data dell'avvenuto germogliamento, fioritura, invaiatura e maturazione; in modo da poter individuare gli individui più o meno precoci per ogni stadio.

In figura 1 e figura 2 sono riportati alcuni esempi di elaborazione dei dati ottenuti per la popolazione Corvina x Solaris, presente in duplice copia nel campo (L left e R right), relativi alle epoche fenologiche germogliamento e fioritura. Si veda la relazione consuntiva dell'assegno 2 con cui l'attività è stata condotta in collaborazione per altri dettagli.

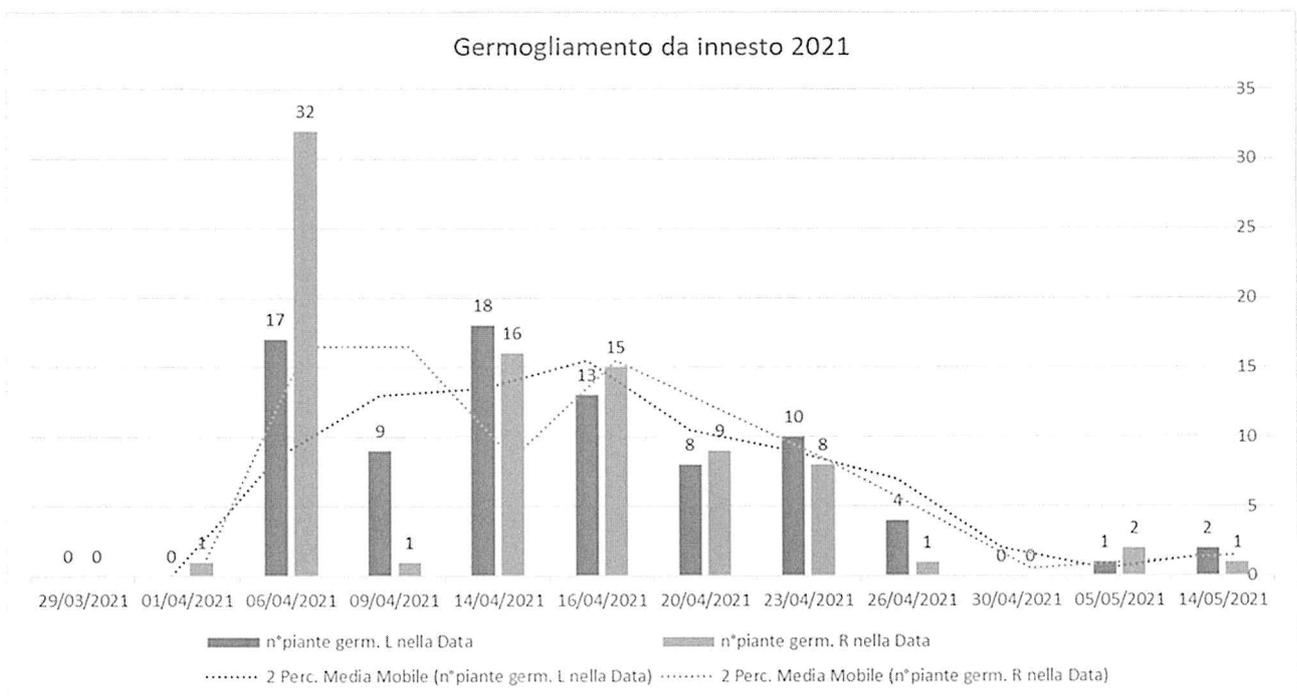


Figura 1

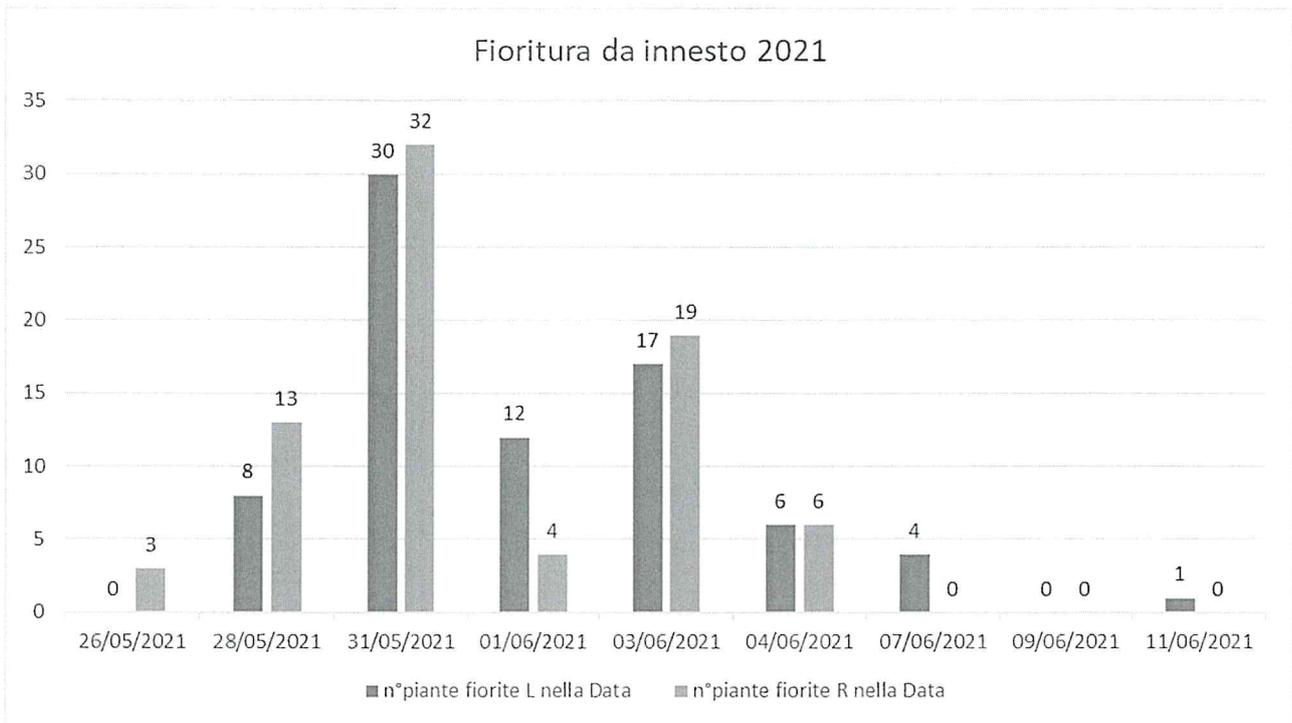


Figura 2

Il proseguo del lavoro consisterà nella costruzione della mappa genetica a partire dai dati genetici prodotti. Inoltre si produrrà una mappa QTL in modo da integrare i dati genetici con i dati fenotipici (comprendenti il rilevamento della data di germogliamento, fioritura, invaiatura, maturazione) ottenuti durante la stagione 2021 e nelle annate precedenti.

Sede di svolgimento dell'attività (Riportare il luogo in cui si è svolta l'attività)

- Università degli Studi di Verona, Dipartimento di Biotecnologie, Ca' Vignal 1, Laboratorio di biotecnologie genetiche vegetali;
- Azienda Vivai Gozzo, porto San Pancrazio VR;
- Università degli Studi di Verona, Dipartimento di Biotecnologie, Villa Lebrecht
- Smart Working dal domicilio dell'assegnista, Via C.Colombo, 37047 San Bonifacio, VR.

Luogo e data Verona, 29/09/2021

Firma del Destinatario Martina Parini

Firma del Referente/Tutor per la Ricerca
(Prof.ssa Bellin) [Signature]

Firma del Responsabile di progetto
(Prof.ssa Polverari) [Signature]



Unione europea
Fondo sociale europeo



REGIONE DEL VENETO

Regione del Veneto
Giunta Regionale
Direzione Formazione e Istruzione

ABSTRACT DI RICERCA
(intervento borse di ricerca)

DGR n. 1463 del 08/10/2019

Cod. Ente: 1695 Rag. Sociale Università degli studi di Verona Asse Occupabilità

Titolo progetto CARATTERIZZAZIONE DI TRATTI MIGLIORATIVI DI INTERESSE PER LA VITIVINICOLTURA VERONESE, IN POPOLAZIONI DI VITE OTTENUTE DA INCROCIO
cod. 1695-0011-1463-2019 **COD. CUP:** B35J19001610002

Cod. Intervento 1695/10260112-001/231/DEC/20

Titolo dell'intervento: SELEZIONE ASSISTITA DA MARCATORI DI VITIGNI CON SORGENTI DI RESISTENZA A PERONOSPORA PIRAMIDATA UTILI PER BREEDING DI VARIETÀ DI INTERESSE LOCALE

Relativamente all'intervento in oggetto che si è svolto nel **periodo dal 30/09/2020 al 29/09/2021** viene riportato un breve abstract sull'attività di ricerca svolta

Due grandi avversità si incontrano nella coltivazione della vite che possono essere di tipo biotico ed abiotico. Tra i fattori biotici rientrano diversi patogeni della vite i più noti dei quali sono sicuramente *Plasmopara viticola* ed *Erysiphe necator* agenti della peronospora e dell'oidio rispettivamente. Di conseguenza la sua coltivazione richiede l'uso di grandi quantità di pesticidi che risultano un rischio sia per la salute del consumatore sia per la fauna del suolo. Per diminuire l'uso di fungicidi e antimicrobici e combattere tali patologie sono stati già effettuati diversi studi per ricercare fonti di resistenza ai diversi patogeni naturalmente presenti in specie affini da poter introgredire nelle varietà suscettibili di interesse. L'utilizzo di vitigni migliorati per la resistenza a questi patogeni consente una riduzione dell'utilizzo di antiparassitari con un conseguente risparmio economico e salvaguardia ecologica, migliorando quindi in modo consistente l'impatto ambientale e garantendo produzioni più sane per il consumatore finale.

Questi incroci portano ad un rimescolamento genetico ed è quindi necessario selezionare le progenie con attenzione, identificando le piante che portano le resistenze evitando però la contaminazione con aromi indesiderati o caratteristiche agronomiche non utili. I metodi molecolari aiutano a ridurre i tempi di questa selezione. In particolare ci si può avvalere di analisi con marcatori molecolari, ovvero frammenti di DNA associati ad un tratto di cromosoma utili a determinare la presenza o l'assenza di un determinato gene in individui diversi. Nello specifico questo approccio richiede l'estrazione del DNA genomico. Il DNA estratto viene poi sottoposto a valutazione quantitativa e qualitativa al fine di determinarne la concentrazione e la purezza. Successivamente si effettua l'analisi con marcatori SSR associati ai loci di resistenza. Una volta amplificate queste regioni microsatellite si procede alla purificazione dei prodotti di e successivamente alla corsa elettroforetica capillare mediante sequenziatore Sanger. Alla fine della corsa per ogni campione analizzato si estrae un elettroferogramma che viene analizzato tramite il software Peak Scanner per dedurre le taglie alleliche ai loci SSR analizzati dai vari marcatori e definire quali progenie hanno ereditato la taglia allelica associata al locus di resistenza.

In particolare, il mio lavoro si è concentrato sull'analisi con questa procedura di alcune piante di vite prodotte dalla germinazione dei semi ottenuti dagli incroci effettuati nella primavera del 2019 tra diversi ibridi portatori di resistenze di diversa origine. Oltre ad esse si è analizzata anche la popolazione d'incrocio di Corvina, cultivar autoctona del territorio veronese, con Solaris, ibrido portatore di resistenza, ottenuta nel 2015 e 2016. Per quanto riguarda i marcatori molecolari utilizzati per identificare i loci di resistenza a *P.viticola* (Rpv) e a

Erysiphe necator (Ren) si sono usati primers e condizioni riportati in letteratura nei lavori di Di Gaspero et al. 2012 (marcatori UDV305 e UDV737 per selezionare la resistenza al locus *Rpv3*), Schwander et al. 2012 (marcatore GF09-46 per selezionare la resistenza al locus *Rpv10*), Venuti et al 2013 (marcatore UDV370 per selezionare la resistenza al locus *Rpv12*) e Zyprian et al 2016 (marcatore GF15-28).

Nello specifico sono state analizzate circa 10 piante per ognuno dei 17 diversi incroci effettuati; gli incroci a disposizione erano Johanniter x Solaris (JxS), Johanniter x 34111 (Jx34), Johanniter x Bronner (JxBR), Johanniter x Cabernet cantor (JxCC), Johanniter x Sauvignier gris (JxSG), Johanniter x Monarch (JxM), Bianca x 34111 (Bx34), Aromera x 34111 (Ax34), Aromera x Cabernet cantor (AxCC), Aromera e Sauvignier gris (AxSG), Monarch x Bianca (MxB), Monarch x Prior (MxP), Monarch x 34111 (Mx34), Sauvignier gris x 34111 (SGx34), Sauvignier x Bianca (SGxB), Chambourcin x Solaris (CHxS) e Chambourcin x Cabernet cantor (CHxCC).

Gli incroci CHXS e SGX34 non sono stati considerati perché erano stati rilevate solo autofecondazioni per il primo incrocio e per una difficile interpretazione dei dati per il secondo.

Per tutti gli incroci in cui i parentali portavano entrambi i geni di resistenza *Rpv3* e *Rpv10*, si sono identificati con successo degli individui piramidati. Il numero di individui piramidati ottenuto varia tra 1 e 5 per incrocio, in 8 diversi incroci, per un totale di 24 individui selezionati.

Nel dettaglio 10 individui portano assieme gli aplotipi *Rpv3.1* e *Rpv3.3* con il locus *Rpv10*, mentre 12 portano l'aplotipo *Rpv3.1* al locus *Rpv3* e *Rpv10*. Rare, solamente due, sono invece le combinazioni dell'aplotipo *Rpv3.2* con *Rpv10*.

La combinazione *Rpv3.3* e *Rpv10*, seppure includa diverse sorgenti di resistenza non è stata qui riportata perché già presente in alcuni degli ibridi usati come parentali e quindi non un target specifico di questo studio. Per quanto riguarda invece gli incroci con il parentale portante il locus di resistenza *Rpv12*, ovvero l'ibrido 34111, non si sono ottenuti individui piramidati per gli incroci Mx34 e Jx34. Si sono ottenuti invece 3 individui portanti l'aplotipo *Rpv3.1* con il locus *Rpv12* sia per l'incrocio Ax34 che per l'incrocio Bx34.

Dagli individui piramidati ritenuti d'interesse, per approfondire analisi future sia fenotipiche sia per testare l'effettiva resistenza tramite infezioni mirate su dischetti fogliari o in pieno campo una volta propagati, si è analizzata anche la presenza o meno del locus *Ren3* per la resistenza all'oidio. Su 26 individui presi in considerazione 21 di essi portano anche il locus per la resistenza all'oidio. Questo risultato è positivo in quanto la maggior parte dei trattamenti contro questo fungo si effettua assieme al trattamento contro la peronospora.

Per quanto riguarda l'analisi della progenie della popolazione d'incrocio Corvina per Solaris composta da 243 piante, si è ottenuto che 70 individui hanno ereditato il locus *Rpv3.3*, 54 il locus *Rpv10*, 54 nessun gene e 65 entrambi i loci di resistenza *Rpv10* e *Rpv3.3*. Di quest'ultimo gruppo 27 piante hanno ereditato anche il locus di resistenza *Ren3*.

Questi individui selezionati, nei prossimi anni, potranno essere dei potenziali candidati per ulteriori programmi di piramidazione, andando anche a testare la resistenza con infezioni controllate e in pieno campo una volta messi a dimora in un campo sperimentale.

Inoltre, durante la stagione estiva, la resistenza a *Plasmopara viticola* è stata studiata nei genotipi selezionati geneticamente ottenuti dall'incrocio Corvina x Solaris sia in campo che attraverso infezioni mirate su dischi fogliari in ambiente controllato. Queste osservazioni mostrano il diverso grado di resistenza in diversi individui che hanno ereditato diverse combinazioni nel numero di loci *Rpv*; sulla base dell'introggressione dei geni di resistenza e di ulteriori parametri fenotipici analizzati, alcuni individui sono stati propagati in più copie per effettuare una caratterizzazione più approfondita.

Tra i fattori abiotici avversi che colpiscono la coltivazione della vite invece consideriamo tutte le cause ambientali tra cui: la siccità, lo stress termico, danni dovuti alle alte e basse temperature. Il surriscaldamento globale in particolare sta compromettendo sempre più la qualità del vino.

Il cambiamento climatico, nelle nostre zone, diventa infatti ogni anno sempre più rilevante. Temperature troppo alte durante la maturazione della bacca portano ad importanti effetti negativi sulla qualità delle uve, quali una riduzione nel contenuto finale di antociani o importanti metaboliti nella bacca, nonché squilibri nei parametri di maturazione con aumento del contenuto zuccherino e riduzione del livello di acidità.

L'adattamento delle varietà ai cambiamenti climatici è quindi un ulteriore obiettivo del breeding della vite, che include la selezione di varietà a maturazione tardiva che possono sfuggire alle condizioni estive più calde, preservando le prestazioni distintive e la qualità del vino.

Con l'obiettivo di approfondire la comprensione del determinismo genetico per i tratti fenologici, si sono prese in considerazione in particolare due popolazioni di incrocio, quella ottenuta incrociando la cultivar autoctona Corvina, tipica del territorio veronese e medio-tardiva con una varietà resistente precoce, Solaris, già descritta sopra e un'altra ottenuta incrociando Corvina con la cultivar internazionale Cabernet Sauvignon. Nel dettaglio si sono valutate le fasi fenologiche di germogliamento, fioritura, invaiatura e maturazione insieme alla valutazione di alcuni parametri morfologici e qualitativi alla raccolta delle uve di diverse annate che vanno dal 2018 a oggi.

La mia collaborazione ha visto il rilievo e l'elaborazione dei dati relativi a tutte le fasi fenologiche delle piante messe a dimora nei campi produttivi situati presso l'azienda partner del progetto i Vivai Gozzo a Verona.

Parallelamente per la popolazione d'incrocio Corvina x Solaris è stato estratto da ciascun genotipo propagato il DNA ed utilizzato per la caratterizzazione genotipica mediante ibridazione su chip Illumina Vitis18KSNP (Laucou et al., 2018). I dati genetici sono stati estratti con il software GenomeStudio e quindi elaborati utilizzando il software Assist (Di Guardo et al., 2014). I dati risultanti verranno utilizzati per la compilazione della mappa genetica da usarsi poi per il mappaggio di determinati genetici per la fenologia usando i dati fenotipici raccolti.

Inoltre durante l'anno mi sono occupata dell'elaborazione e dell'analisi dei dati raccolti pregressi e della preparazione di abstract e poster per i convegni di Conavi 2021, Macrowine 2021, Siga 2021 per la diffusione dei risultati ottenuti finora nell'ambito del progetto.

Verona, 29/09/2021

Firma del Destinatario (assegnista) Martina Morini

Firma del Referente per la ricerca (prof.ssa Bellin) M. Bellin

Firma del Responsabile di progetto (prof.ssa Polverari) Polverari