

Curriculum Vitae

Informazioni personali

Cognome e nome

Orrù Luigi

E-mail

luigi.orrù@crea.gov.it

ORCID iD

0000-0003-3496-218X

Attività Scientifica

Data

marzo 2008 - oggi

Posizione

Ricercatore

Attività principale

I suoi interessi scientifici sono principalmente rivolti all'applicazione di approcci di genomica e di metagenomica allo studio di microrganismi di interesse industriale e agrario

Nome e indirizzo del datore di lavoro

Centro di Ricerca Genomica e Bioinformatica (CREA-GB) –Via S. Protaso 302, 29017 Fiorenzuola D'Arda (PC).

Data

gennaio 2005 – febbraio 2008

Posizione ed attività

Assegno di ricerca su “Impiego di tecniche molecolari per la valorizzazione della biodiversità animale”

Nome e indirizzo del datore di lavoro

Istituto Sperimentale per la Zootecnia (CRA) – Via Salaria 31, 00015 Monterotondo (Roma).

Data

marzo 2003 - dicembre 2004

Posizione ed attività

Titolare di contratti nel corso dei quali si è occupato della ottimizzazione delle procedure di tracciabilità per il controllo e la protezione delle carni mediante l'utilizzo di DNA Markers.

Nome e indirizzo del datore di lavoro

Istituto Sperimentale per la Zootecnia (CRA) – Via Salaria 31, 00015 Monterotondo (Roma).

Data

luglio 2000 - luglio 2002

Posizione ed attività	Borsa di studio nell'ambito del progetto Telethon: " Altered bone cell function in osteopetrosis"
Nome e indirizzo del datore di lavoro	Dipartimento di Medicina Sperimentale dell'Università di L'Aquila -Via Vetoio, Coppito 2, 67100 L'Aquila
Istruzione e formazione	
Data	<u>1997-2000</u>
Titolo rilasciato	Dottorato di Ricerca in Farmacologia Cellulare e Molecolare
Tesi	Caratterizzazione dell'attività farmacologica e della affinità recettoriale di nuove Deltorfine..
Nome e tipo d'organizzazione erogatrice dell'istruzione e formazione	Università di Roma "La Sapienza", Istituto di Farmacologia Medica
Data	<u>1995</u>
Titolo rilasciato	Laurea in Scienze Biologiche
Tesi	Effetti di due derivati dell'Adenosina sull'espressione di geni regolatori del differenziamento di mioblasti in coltura.
Nome e tipo d'organizzazione erogatrice dell'istruzione e formazione	Università degli Studi di Roma "La Sapienza".
Brevetti	
	Domanda di brevetto industriale numero 102020000019921 depositata il 10/08/2020 avente per titolo: "Nuovi peptidi antimicrobici"
Coordinamento/Responsabilità di progetti	
	2022. Responsabile di Unità Operativa progetto BRUGEN - Studio della risposta cellulo-mediata in corso di brucellosi e analisi possibili correlazioni con i differenti genotipi di brucella nella Bufala Mediterranea (<i>Bubalus bubalis</i>). Finanziato dal Ministero della Salute nell'ambito dei progetti di ricerca corrente degli Istituti Zooprofilattici.
	2018 – 2022. Responsabile della task: "Interrelationships between soil diversity and functioning" nell'ambito del progetto H2020 DIVERFARMING - Crop diversification and low-input farming across Europe: from practitioners engagement and ecosystems services to increased revenues and chain organisation
	2016-2018. Coordinatore del progetto PAMVEG "Genome mining di peptidi antimicrobici vegetali e loro impiego nelle produzioni vegetali" finanziato dal Mipaaf con DM 16886/7303/2016 del 21/06/2016

Partecipazione a progetti

2009- 2010. Coordinatore del progetto **QUALITRAC** “Analisi della qualità della carne mediante gene expression fingerprinting”. Approvato con nota CRA protocollo n. 9419/2 del 14 novembre 2008

2020 **CATERPILLAR**. Canapa tessile per la produzione di alimenti funzionali e di biomasse proteiche per l'alimentazione animale

2020 **CEREALMED** Enhancing diversity in Mediterranean cereal farming systems

2013 – 2014. **PASS_WORLD**. “Pasta e salute nel mondo” – Realizzazione di una innovativa pasta alimentare funzionale arricchita di componenti bioattivi e probiotici

2010 – 2012. **ESPLORA** – Esplorazione della biodiversità vegetale ed animale alla ricerca di alleli superiori da inserire nei programmi avanzati di miglioramento genetico a sostegno dell'agricoltura nazionale. DM 14658/7303/2010 del 1/7/2010

2009 – 2011. Progetto internazionale sequenziamento genoma frumenti - **Mappa fisica del cromosoma 5A**. D.M. 7398/7303/08 del 24/07/2008

Partecipazione a comitati editoriali

Dal 2018 - Membro dell'Editorial Board (Review Editor) della rivista internazionale *Frontiers in Microbiology*.

<https://loop.frontiersin.org/people/508070/overview>

Pubblicazioni

Riviste indicizzate ISI WoS/Scopus

Orrù, L., Canfora, L., Trinchera, A., Migliore, M., Pennelli, B., Marcucci, A., Farina, R., Pinzari, F. (2021). How tillage and crop rotation change the distribution pattern of fungi. *Frontiers in Microbiology*, 12, 1469

Cuartero, J., Özbolat, O., Sánchez-Navarro, V., Egea-Cortines, M., Zornoza, R., Canfora, L., **Orrù, L.**, Pascual, J.A., Vivo, J.-M., Ros, M. (2021). Changes in bacterial and fungal soil communities in long-term organic cropping systems. *Agriculture*, 11 (5)445. doi: 10.3390/agriculture11050445

Tamburino, R., Sannino, L., Cafasso, D., Cantarella, C., **Orrù, L.**, Cardi, T., Cozzolino, S., D'Agostino, N., Scotti, N. (2021). Cultivated tomato (*Solanum lycopersicum* L.) suffered a severe cytoplasmic bottleneck during domestication: Implications from chloroplast genomes. *Plants*, 9 (11),1443, pp. 1-15. doi: 10.3390/plants9111443

Bassi D., **Orrù L.**, Cabanillas Vasquez J., Cocconcelli PS., Fontana C. (2020). Peruvian chicha: A Focus on the Microbial Populations of This Ancient Maize-Based Fermented Beverage. *Microorganisms*. 8(1), 93; <https://doi.org/10.3390/microorganisms8010093>

Jahnke, M., D'Esposito, D., **Orrù, L.**, Lamontanara, A., Dattolo, E., Badalamenti, F., et al. (2019). Adaptive responses along a depth and a latitudinal gradient in the endemic seagrass *Posidonia oceanica*. *Heredity* 122, 233. doi:10.1038/s41437-018-0103-0.

Perpetuini, G., Donati, I., Cellini, A., **Orrù, L.**, Giongo, L., Farneti, B., et al. (2019). Genetic and functional characterization of the bacterial community on fruit of three raspberry (*Rubus idaeus*) cultivars. *Journal of Berry Research Preprint*, 1–21. doi:10.3233/JBR-180340

Purahong, W., **Orrù, L.**, Donati, I., Perpetuini, G., Cellini, A., Lamontanara, A., et al. (2018). Plant Microbiome and Its Link to Plant Health: Host Species, Organs and *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* Infection Shaping Bacterial Phyllosphere Communities of Kiwifruit Plants. *Front. Plant Sci.* 9. doi:10.3389/fpls.2018.01563.

Michelotti, V., Lamontanara, A., Buriani, G., **Orrù, L.**, Cellini, A., Donati, I., et al. (2018). Comparative transcriptome analysis of the interaction between *Actinidia chinensis* var. *chinensis* and *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* in absence and presence of acibenzolar-S-methyl. *BMC Genomics* 19, 585. doi:10.1186/s12864-018-4967-4

Zago M., **Orrù L.**, Rossetti L., Lamontanara A., Fornasari ME., Bonvini B., Meucci A., Carminati D., Cattivelli L., Giraffa G. (2017). Survey on the phage resistance mechanisms displayed by a dairy *Lactobacillus helveticus* strain. *Food Microbiology* 66:110_116

Silvia Sebastiani, M., Bagnaresi P., Sestili S., Biselli C., Zechini A., **Orrù L.**, Cattivelli L., Ficcadenti N. (2017). Transcriptome Analysis of the Melon-*Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* Race 1.2 Pathosystem in Susceptible and Resistant Plants. *Frontiers in Plant Science*, 8, 362. <http://doi.org/10.3389/fpls.2017.00362>

Bassi, D., Cappa, F., Gazzola, S., **Orrù, L.**, Cocconcelli, P. S. (2017). Biofilm Formation on Stainless Steel by *Streptococcus thermophilus* UC8547 in Milk Environments Is Mediated by the Proteinase PrtS. *Applied and Environmental Microbiology*, 83(8): e02840-16.

D'Esposito D., **Orrù L.**, Dattolo E., Bernardo L., Lamontanara A., Orsini L., Serra I., Mazzuca S., Procaccini G. (2016). Transcriptome characterisation and SSR marker development in the seagrass *Posidonia oceanica*. *Scientific Data* 3. doi:10.1038/sdata.2016.115

Matić S., Bagnaresi P., Biselli C., **Orrù' L.**, Amaral Carneiro G., Siciliano I., Valé G., Gullino M.L., and Spadaro D. (2016). Comparative transcriptome profiling of resistant and susceptible rice genotypes in response to the seed borne pathogen *Fusarium fujikuroi*. *BMC Genomics* 17(1):608. doi: 10.1186/s12864-016-2925-6.

Capozzi V., Di Toro MR., Grieco F., Michelotti V., Salma M, Lamontanara A., Russo P., **Orrù L.**, Alexandre H. (2016). Viable But Not Culturable (VBNC) state of *Brettanomyces bruxellensis* in wine: new insights on molecular basis of VBNC behaviour using a transcriptomic approach. *Food Microbiology*. 59:196-204

Salveti E., **Orrù L.**, Capozzi V., Martina A., Lamontanara A., Keller D., Cash H., Felis GE., Cattivelli L., Torriani S., Spano G. (2016). *Integrate genome-based assessment of safety for probiotic strains: Bacillus coagulans GBI-30, 6086 as a case study*. Appl Microbiol Biot 100(10):4595-4605

Lysoe E., Frandsen RJN, Divon HH., Terzi V., **Orrù L.**, Lamontanara A., Kolseth AK., Nielsen KF., Thrane U. (2016). *Draft genome sequence and chemical profiling of Fusarium langsethiae, an emerging producer of type A trichothecenes*. Int J Food Microbiol. 221:29-36

Barabaschi D., Magni F., Volante A., Gadaleta A., Simkova H., Scalabrin S., Prazzoli ML., Bagnaresi P., Lacrima K., Michelotti V., Desiderio F., **Orrù L.**, Mazzamurro V., Fricano A., Mastrangelo A., Tononi P., Vitulo N., Jurman I., Frenkel Z., Cattonaro F., Morgante M., Blanco A., Dolozel J., Delledonne M., Stanca M., Cattivelli L., Valè G. (2015). *Physical mapping of bread wheat chromosome 5A: an integrated approach*. Plant Genome-US doi:10.3835/plantgenome2015.03.0011

Guerra D., Lamontanara A., Bagnaresi P., **Orrù L.**, Rizza F., Zelasco S., Beghè D., Ganino T., Pagani D., Cattivelli L., Mazzucotelli E. (2015). *Transcriptome changes associated with cold acclimation in leaves of olive tree (Olea europaea L.)*. Tree Genet Genomes 11:113 DOI 10.1007/s11295-015-0939-x

Moliteri VMC., Paris R., Onofri C., **Orrù L.**, Cattivelli L., Pacifico D., Avanzato C., Ferrarini A., Delledonne M., Mandolino G. (2015). *Early transcriptional changes in Beta vulgaris in response to low temperature*. Planta 242(1):187-201 doi:10.1007/s00425-015-2299-z

Aragona M., Minio A., Ferrarini A., Valente MT., Bagnaresi P., **Orrù L.**, Tononi P., Zamperin G., Infantino A., Valè G., Cattivelli L. and Delledonne M. (2014). *De novo genome assembly of the soil-borne fungus and tomato pathogen Pyrenochaeta lycopersici*. BMC Genomics 2014, 15:313 doi:10.1186/1471-2164-15-313

Bagnaresi P., Biselli C., **Orrù L.**, Urso S., Crispino L., Abbruscato P., Piffanelli P., Lupotto E., Cattivelli L., Valè G. (2012). *Comparative transcriptome profiling of the early response to Magnaporthe oryzae in durable resistant vs susceptible rice (Oryza sativa L.) genotypes*. PLoS ONE. 7(12): e51609. doi:10.1371/journal.pone.0051609

Colaiacono M, Bernardo L, Centomani I, Crosatti C, Giusti L, **Orrù L.**, Tacconi G, Lamontanara A, Cattivelli L and Faccioli P. (2012). *A survey of microRNA length variants contributing to miRNome complexity in peach (Prunus persica L.)*. Front. Plant Sci. 3:165. doi: 10.3389/fpls.2012.00165

Orrù L., Abeni F., Gennaro C., Grandoni F., Crisà A., De Matteis G., Scatà MC., Napolitano F., Moioli B. (2012). *Leptin gene haplotypes are associated with change in immunological and hematological parameters in dairy cow during the peripartum period*. Journal of Animal Science. 90:16-26. doi:10.2527/jas.2010-3706

Rizza F., Pagani D., Gut M., Prasil IT., Lago C., Tondelli A., **Orrù L.**, Mazzucotelli E., Francia E., Badeck FW., Crosatti C., Terzi V., Cattivelli L., Stanca AM. (2011). *Diversity in the response to low temperature in representative barley genotypes cultivated in Europe*. Crop Science. 51(6): 2759-2779 doi:10.2135/cropsci2011.01.0005

Orrù L., Cifuni GF., Piasantier E., Corazzin M., Bovolenta S., Moioli B. (2011). Association analyses of single nucleotide polymorphisms in the Lep and SCD1 genes on the fatty acid profile of muscle fat in Simmental bulls. Meat Science 87:344-348

Piasentier E., Bovolenta S., Moioli B., **Orrù L.**, Valusso R., Corazzin M. (2009). Fatty acid composition and sensory properties of Italian Simmental beef as affected by genes frequency of Montbéliarde origin. Meat Science 83:543-550. doi:10.1016/j.meatsci.2009.07.003.

Signorelli F., **Orrù L.**, Napolitano F., De Matteis G., Scatà MC., Catillo G., Marchitelli C. and Moioli B. (2009). *Exploring polymorphisms and effects on milk traits of the DGAT1, SCD1 and GHR genes in four cattle breeds*. Livestock Science. 125:74-79 doi:10.1016/j.livsci.2009.02.014

Orrù L., Catillo G., Napolitano F., De Matteis G., Scatà MC., Signorelli F. and Moioli B. (2009). *Characterization of a SNPs panel for meat traceability in six cattle breeds*. Food Control. 20:856-860. doi:10.1016/j.foodcont.2008.10.015

Signorelli F., Contarini G., Annichiarico G., Napolitano F., **Orrù L.**, Catillo G., Haenlein GFW. and Moioli B. (2008). *Breed differences in sheep milk fatty acid profiles: Opportunities for sustainable use of animal genetic resources*. Small Ruminant Research. 78: 24-31

Moioli B., Contarini G., Avalli A., Catillo G., **Orrù L.**, De Matteis G., Masoero G. and Napolitano F. (2007). *Short communication: Effect of stearoyl-Coenzyme A Desaturase polymorphism on fatty acid composition of milk*. J. Dairy Sci. 90: 3553-3558.

Moioli B., Napolitano F., **Orrù L.** and Catillo G. (2006). *Analysis of the genetic diversity between Gentile di Puglia, Sopravissana and Sarda sheep breeds using microsatellite markers*. Italian Journal of Animal Science. 5:73-78.

Orrù L., Napolitano F., Catillo G. and Moioli B. (2006). *Meat molecular traceability: How to choose the best set of microsatellites?* Meat Science. 72: 312-317.

Moioli B., Napolitano F., **Orrù L.** and Catillo G. (2005). *Single nucleotide polymorphism detection in promoter III of the acetyl-CoA carboxylase- α gene in sheep*. Journal of Animal Breeding and Genetics. 122: 418-420.

Moioli B., Napolitano F., **Orrù L.** and Catillo G. (2005). *Single nucleotide polymorphism detection in promoter I of the acetyl-CoA carboxylase- α gene in sheep*. Small Ruminant Research. 59: 49-53.

Rucci N., Di Giacinto C., **Orrù L.**, Millimaggi D., Baron R. and Teti A. (2005). *A novel protein kinase C α -dependent signal to ERK 1/2 activated by $\alpha v \beta 3$ integrin in osteoclast and in Chinese hamster ovary (CHO) cells*. Journal of Cells Science. 118(15): 3263-3275

Perez M., Migliaccio S., Taranta A., Festuccia C., **Orrù L.**, Brama M., Bologna M., Faraggiana T., Baron R. and Teti A. (2001). *Melanome cells stimulate osteoclastogenesis, c-Src expression and osteoblast cytokines*. European Journal Cancer. 37(5):629-40

Fuso A., Cavallaro R.A., **Orrù L.**, Buttarelli F.R. and Scarpa S. (2001). *Gene silencing by S-adenosylmethionine in muscle differentiation*. FEBS Lett. 508(3): 337-40.

Scarpa S., Narzi L., Lucarelli M., **Orrù L.** and Strom R. (2001). *Erythroid differentiation and regulatory gene expression are modulated by adenosine derivatives interfering with S-adenosylmethionine metabolic pathway*. Journal of Cell Biochemistry 81(3):401-12.

Negri L., Lattanzi R., Tabacco F., **Orrù L.**, Severini C., Scolaro B. and Rocchi R. (1999). *Dermorphin and Deltorphan glycosylated analogues: synthesis and antinociceptive activity after systemic administration*. Journal of Medicinal Chemistry. 42(3):400-404

Genome Announcements

Perez-Ramon A., Mohedano ML., Puertas A., Lamontanara A., **Orrù L.**, Spano G., Capozzi V., Duenas MT., Lopez P. (2016). Draft genome sequence of *Pediococcus parvulus* 2.6; a prebiotic β -glucan producer strain. Genome Announc 4(6) DOI: 10.1128/genomeA.01381-16

Puertas A., Capozzi V., Llamas M., Lopez P., Lamontanara A., **Orrù L.**, Russo P., Spano G., Duenas MT. (2016). Draft genome sequence of *Lactobacillus collinoides* CUPV237 an exopolysaccharide and riboflavin producer isolated from cider. Genome Announc 4, e00506-16.

La Torre A., Bassi D., Zotta T., **Orrù L.**, Lamontanara A., Cocconcetti S. (2016). Draft genome sequence of *Clostridium sporogenes* strain UC9000 isolated from raw milk. Genome Announc 4(2):e00244-16 doi:10.1128/genomeA.00244-16

Campedelli I., Belen Florez A., Salvetti E., Delgado S., **Orrù L.**, Cattivelli L., Alegria A., Felis GE., Torriani S., Mayo B. (2015). Draft genome sequence of three antibiotic-resistant *Leuconostoc mesenteroides* strains of dairy origin. Genome Announc 3(5):e01018-15 doi: 10.1128/genomeA.01018-15

Lamontanara A., Caggianiello G., **Orrù L.**, Capozzi V., Michelotti V., Bayjanov JR., Renckens B., van Hijum S., Cattivelli L., Spano G. (2015). Draft genome sequence of *Lactobacillus plantarum* Lp90 isolated from wine. Genome Announc 3(2):e0097-15. doi: 10.1128/genomeA.00097-15

Orrù L., Salvetti E., Cattivelli L., Lamontanara A., Michelotti V., Capozzi V., Spano G., Keller D., Cash H., Martina A., Torriani S., Felis GE. (2014). Draft genome sequence of *Bacillus coagulans* GBI-30, 6086, a widely used spore-forming prebiotic strain. Genome Announc 2(6):e01080-14. doi:10.1128/genomeA.01080-14.

Capozzi V., Russo P., Lamontanara A., **Orrù L.**, Cattivelli L., Spano G. (2014). Genome sequence of five *Oenococcus oeni* strains isolated from Nero di Troia wine from the same terroir in Apulia, southern Italy. Genome Announc 2(5):e01077-14. doi:10.1128/genomeA.01077-14.

Riviste Nazionali

Lamontanara A., **Orrù L.**, Cattivelli C., Russo P., Spano G., Capozzi V. (2014). Genome sequence of *Oenococcus oeni* OM27, the first fully assembled genome of a strain isolated from an Italian wine. *Genome A.* 2(4): e00658-14

Tacconi G., Tosi L., Giacomini A., Nari L., Berra L., Spadaro D., Prencipe S., Rosati M., Savian F., Saro S., Morone C., Cipriani G., Bardi L., Giannini M., Ermacora P., Serra S., Scortichini M., Martini M., Orrù L., Cacioppo O. (2020). La moria del kiwi al 2020: Lungi dalla soluzione! "Moria del kiwi: una malattia complessa in cui concorrono fattori biotici e abiotici". *Kiwi Informa* 4: 6 - 16

Abeni, F. **Orrù, L.** Catillo, G. Napolitano, F. (2010). La leptina incide su produzione e fertilità delle vacche da latte. *L'Informatore Agrario* 66(27): 43-45

Moioli B. Napolitano F., **Orrù L.**, Catillo G. and Congiu G. (2006). *La genetica aiuta la qualità del latte*. *L'Informatore Agrario* 18:52-54.

Capitoli di libri

Orru L. (2019). Bioinformatics workflow for the analysis of soil fungal communities by ITS MiSeq amplicon sequencing. Chapter 3.7.1 pp 350-354 In "Handbook of plant and soil analysis for agricultural systems." ÁLVARO FUENTES, J. et. al (Eds). Cartagena: Universidad Politécnica. 389 p. ISBN: 978-84-16325-86-3

Orru L. (2019). Sequencing soil samples for qualitative metagenomics – ITS Illumina amplicon protocol. Chapter 3.6 pp 345-348 In "Handbook of plant and soil analysis for agricultural systems." ÁLVARO FUENTES, J. et. al (Eds). Cartagena: Universidad Politécnica. 389 p. ISBN: 978-84-16325-86-3

Borrelli MG., **Orrù L.**, De Vita P., Barabaschi D., Mastrangelo AM., Cattivelli L. Integrated views in plant breeding: from the perspective of biotechnology. In: Victor O. Sadras and Daniel Calderini, editors: *Crop Physiology*, Oxford: Academic Press; 2014, p. 467-486.

Conference Proceedings

Canfora L., Orrù L., Farina R., Felici B., Migliore M., Pennelli B., Pinzari F. (2019). Effects of diversification on agricultural soil fungal biodiversity and community structures under Mediterranean conditions. In *First European Conference on Crop Diversification* (p. 94).

Fontana PD., **Orrù L.**, Fontana CA., Cocconcilli PS., Vignolo GM., Salazar SM. (2019). Soil microbial community responses to different sugarcane management strategies as revealed by 16S metagenomics. *Proceeding of the International Society of Sugar Cane Technologists*. 30:502-510

Michelotti V., Lamontanara A., Buriani G., Cellini A., Donati I., Vanneste JL., Cattivelli L., Spinelli F., **Orrù L.**, Tacconi G. (2015). Unraveling the molecular interaction between *Pseudomonas syringae* pv *actinidiae* (Psa) and the kiwifruit plant through RNAseq approach. *Proceeding of the first International Symposium on Bacterial Canker of Kiwifruit. Acta Horticulturae* 1089:89-94. DOI: 10.17660/ActaHortic.2015.1095.10

Michelotti V., Lamontanara A., Orrù L., Cattivelli C., Tacconi G., Buriani G., Cellini A., Donati I., Spinelli F., Vanneste J. (2014). *RNA-seq analysis of the molecular interaction between Pseudomonas syringae pv actinidiae (PSA) and the kiwifruits*. Proceeding of the 8th International Symposium on Kiwifruits. Acta Horticulturae 1096:357-362

Orrù L., Terzano GM., Napolitano F., Savarese MC., De Matteis G., Scatà MC., Catillo G. and Moioli B. (2007). *DNA polymorphisms in River Buffalo leptin gene*. Italian Journal of Animal Science Vol 6 supplement 2 pp 342-344

Napolitano F., **Orrù L.**, De Matteis G., Catillo G. and Moioli B. (2006). *Occurrence of the DGAT1 K232A SNP in a few italian breeds and association with variation in milk fat content*. Proceeding of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production August 13-18, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil.

Orrù L., Napolitano F., Catillo G., De Matteis G., and Moioli B. (2006). *High-throughput genotyping by DHPLC of the bovine leptin Exon 3 reveals a novel single nucleotide polymorphism that results in an amino acid substitution*. Proceeding of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production August 13-18, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil.

Moioli B., **Orrù L.**, Catillo G., Congiu GB. And Napolitano F. (2005) *Partial sequencing of Stearoyl-CoA desaturase gene in buffalo*. Italian Journal of Animal Science. Vol 4 supplement 2 pp 25-27

Orru L., Napolitano F., Catillo G. and Moioli B.: *Meat traceability using molecular markers in the italian cattle breeds* (2004): Atti del XXXIX Simposio Internazionale di Zootecnia "Meat Science & Research"