

## Miglioramento genetico

### Il genoma di limone, un nuovo strumento per lo studio di caratteri di interesse agronomico e per il breeding

Di Guardo M.<sup>1</sup>, Moser M.<sup>2</sup>, Moretto M.<sup>2</sup>, Catalano C.<sup>1</sup>, Deng Z.<sup>3</sup>, Distefano G.<sup>1</sup>, Cestaro A.<sup>2</sup>, La Malfa S.<sup>1</sup>, Troglio M.<sup>2</sup>, Bianco L.<sup>2</sup>, Gentile A.<sup>1</sup>

mario.diguardo@unict.it

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), Università di Catania, Via Valdisavoia 5, 95123, Catania, Italia

<sup>2</sup>Centro di Ricerca ed Innovazione (CRI), Fondazione Edmund Mach, San Michele all' Adige, Trento, Italia

<sup>3</sup>College of Horticulture and Landscape, Hunan Agricultural University, 410128 Changsha, China

Il lavoro presenta per la prima volta i risultati del sequenziamento del genoma di limone [*Citrus limon* (L.) Burm. f.], la terza specie per importanza economica all'interno del genere *Citrus*. La varietà scelta per il sequenziamento è stata 'Femminello Siracusano', alla luce sia delle ottime caratteristiche qualitative del frutto, che di quelle agronomiche. Il sequenziamento è stato condotto combinando tecniche *short reads* (Illumina) e *long reads* (Oxford Nanopore, ONT). Il numero totale di basi sequenziate è stato di 40,16 Gb per Illumina e di 46,2 Gb per ONT, corrispondenti ad un *coverage* di circa 100X per ciascuna tecnologia. La lunghezza del genoma aploide stimata con le sequenze illumina è risultata essere di circa 312 Mb con un'eterozigosità stimata di 3,56%. Entrambi i valori della nostra analisi sono in linea con quanto riportato in lavori precedenti e, per quanto riguarda il grado di eterozigosità, questa risulta compatibile con la natura ibrida del limone i cui progenitori sono il cedro (*C. medica* L.) e l'arancio amaro (*C. aurantium* L.); quest'ultimo, a sua volta, derivato da un mandarino e dal pummelo (*C. maxima* L.).

Parallelamente, l'RNA totale proveniente da 4 tessuti (foglia, fiore, frutto e radice) è stato estratto e sequenziato con tecnologia Illumina paired-ends generando un numero di *reads* compreso fra 20 milioni (foglia) e 23,4 milioni (frutto).

Dall'analisi del trascrittoma, supportate dal genoma assemblato, sono stati identificati ed annotati XXXX trascritti. Il sequenziamento condotto sui vari tessuti ha permesso di caratterizzare un numero di geni espressi esclusivamente nei vari tessuti: 477 in foglia, 903 in frutto, 1339 in radice e 1993 in fiore. In aggiunta sono state condotte anche analisi relative alla presenza e distribuzione di regioni caratterizzate dalla presenza di sequenze caratteristiche di retrotrasposoni LTR (*long terminal repeats*) e di microRNA (miRNA) noti, al fine di avere un'immagine più completa anche delle regioni non codificanti del genoma.

La disponibilità di un genoma di riferimento per la specie rappresenta un passo fondamentale per la messa a punto di analisi di associazione genotipo-fenotipo, quali ad esempio quelle già in corso al fine di genotipizzare popolazioni segreganti per analisi QTL, e per studi di genomica funzionale allo scopo di individuare e validare geni candidati coinvolti in caratteri di interesse agronomico.

**Parole chiave:** Citrus, assemblaggio genoma, trascrittoma, Illumina, Oxford Nanopore.