



Abstracts del VIII Convegno Nazionale del Castagno



Portici, 14-16 settembre 2022

Reggia Borbonica di Portici

Conveners

Claudio Di Vaio

Chiara Cirillo



Assemblaggio del genoma di castagno (*C.sativa*) e sviluppo di un array di genotipizzazione ad alta densità

Diego Micheletti¹, Luca Bianco¹, Sara Alessandri², Stefano Piazza¹, Daniela Torello Marinoni³, Claudia Mattioni⁴, Cristiano Vernesi¹, Federico Sebastiani⁵, Vera Pavese³, Mickael Arnaud Malnoy¹, Michela Troggo¹, Paola Pollegioni⁴, Mirko Moser¹, Roberto Botta², Sergio Murolo⁶, Luca Dondini², Luisa Palmieri¹

1) Research and Innovation Center, Edmund Mach Foundation, 38010 S. Michele all'Adige

2) Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari (DISTAL), Alma Mater Studiorum Università di Bologna

3) DISAFA-Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, Università degli Studi di Torino, 10095 Grugliasco (Torino)

4) Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri (IRET), Consiglio Nazionale delle Ricerche, 05010 Porano

5) Institute for Sustainable Plant Protection, Consiglio Nazionale delle Ricerche, 50019 Sesto Fiorentino (Firenze)

6) Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Politecnica delle Marche, 60131 Ancona

Keywords: Chestnut genome, SNP genotyping, genoma, *C. sativa*

Il castagno (*Castanea sativa*) è un membro della famiglia delle Fagaceae e rappresenta una specie family and rappresenta una coltivazione economicamente importante per l'Italia con una produzione annua di 26.000 tonnellate (FAO, 2017). Per valorizzare e migliorare ulteriormente il germoplasma del Castagno Italiano è essenziale uno studio approfondito del genoma di *C. sativa* e della diversità genomica. Ad oggi non sono disponibili dati genomici per *C. sativa*, per questo presentiamo il primo assemblaggio su scala cromosomica della cultivar "Marrone di Chiusa Pesio" e lo sviluppo di un array di genotipizzazione Axiom contenente circa 15K SNP di Castanea.

L'assemblaggio de-novo è stato prodotto utilizzando una strategia di sequenziamento ibrida che combina un'elevata copertura (100X) di reads lunghe (Oxford Nanopore Technology) e corte (Illumina). La dimensione totale del genoma assemblato è di 750,8 Mbp per un totale di 238 contig. Il valore di N50 è di 25,0 Mbp in 12 scaffold mentre N90 è di 2,9 Mbp in 42 scaffold. Gli scaffold sono stati ancorati e orientati in 12 pseudo-cromosomi utilizzando una mappa genetica densa derivata da un incrocio tra "Madonna" e "Bouche de Betizac" (Torello Marinoni et al, 2020).

Per consentire lo studio della diversità genetica in *C. sativa* abbiamo sequenziato l'intero genoma di più di 50 accessioni di diversa origine e abbiamo identificato più di 10 milioni di SNP e piccole INDEL utilizzando il genoma di *C. mollissima* come riferimento. Un sottoinsieme di 10-15K SNP di alta qualità e uniformemente distribuiti sull'intero genoma sono stati selezionati per costruire un array Axiom (Thermo Fisher) multispecie.