

**TITULO DEL PROYECTO:** “HiFi pan-genome and pan-transcriptome for pistachio adaptation to climate change”.

**Entidades participantes:** IRIAF (España), University of Palermo, (Italia), Max Planck Institute, (Alemania), CREA-Centre for Genomics and Bioinformatics, (Italia), UC Davis, EE. UU.

**Investigador Coordinador (OPI al que pertenece):** Esaú Martínez Burgos, (IRIAF)

**Organismo Financiador:** Pacific Biosciences of California, Inc.

**Duración:** desde: 18/03/2021 hasta: Aprox. 18/03/2022

**Financiación:** Se financia la secuenciación del genoma y del transcriptoma por medios propios de la empresa concedente del proyecto. Aprox. 15.000 € / Subproyecto IRIAF: NP

#### PERSONAL INVESTIGADOR DEL SUBPROYECTO PARTICIPADO POR EL IRIAF:

EQUIPO PARTICIPANTE	SITUACIÓN ADMINISTR. (*)	DEDICACIÓN (UNICA O COMPARTIDA)	CENTRO
<b>INVESTIGADOR PRINCIPAL:</b> Esaú Martínez Burgos	Funcionario	Compartida	CIAG EL CHAPARRILLO
<b>PERSONAL INVESTIGADOR:</b> Adela Mena Morales	Contratada	Compartida	IVICAM

#### OBJETIVOS

Se trata de un proyecto colaborativo de pangenómica y pantranscriptómica para identificar la diversidad funcional (genes e isoformas del ARN mensajero) que servirán como base para posteriores trabajos de selección y mejora de variedades de pistachero, en concreto para buscar variedades más productivas y con menores requerimientos de frío invernal, para adaptarse a las condiciones ambientales que se plantean con el cambio climático.

Debido a su dioica, los cultivares de pistacho son altamente heterocigotos, lo que conduce a una gran diversidad de haplotipos que pueden explotarse para la reproducción. Sin embargo, tal diversidad junto con una naturaleza genómica altamente repetitiva (> 70% de elementos transponibles) también desafían el desarrollo de recursos genómicos adecuados. Hasta ahora, solo se ha producido un ensamblaje de genoma limitado (Contig N50: 76kb). Afortunadamente, el enorme progreso de las tecnologías PacBio ahora permite un proyecto más ambicioso del genoma del pistacho. El alto rendimiento del secuenciador Sequel II vinculado a la precisión de PacBio HiFi en lecturas aún más largas proporciona una perspectiva ideal de éxito en este desafiante genoma. Iso-seq también permitirá una búsqueda precisa de alto rendimiento de variantes de transcripciones completas relacionadas con la adaptación climática.

## RESULTADOS FINALES

Gracias al empleo del secuenciador Sequel II de la empresa PacBio, pensamos llegar a los siguientes resultados finales:

- Ensamblaje pangénomico. Se secuenciará el genoma de  $\geq 6$  cultivares (genoma haploide 600Mb) que difieren en las características de adaptación al cambio climático. Estos datos servirán como un punto de partida crítico hacia nuestro objetivo a largo plazo de utilizar la secuenciación de alta fidelidad para caracterizar la diversidad genómica en las colecciones globales de pistachos para descubrir genes útiles para mejorar la adaptación climática.
- Comparación pan-transcriptoma. Se utilizarán cuatro tejidos relevantes para el desarrollo de rasgos de adaptación al calentamiento (brotes previos a la rotura, primordios florales, frutos en desarrollo, hojas) en los seis cultivares previamente seleccionados.

## INFORMACIÓN CIENTÍFICA Y TÉCNICA PROPORCIONADA POR EL PROYECTO.

Artículos científicos y divulgativos, patentes, capítulos de libros, trabajos presentados a congresos, otros trabajos de difusión

En desarrollo.