

Primer borrador del genoma de *Paspalum malacophyllum*, especie de relevancia como fuente de inmunidad al ergot en el pasto *P. dilatatum*

Héctor Oberti¹, Rafael Reyno², Sara Murchio¹, Camila Goñi¹, Marco Dalla Rizza¹

¹ Laboratorio de Biotecnología, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Canelones, Uruguay

² Programa de Pasturas y Forrajes, INIA Tacuarembó, Uruguay

hoberti@inia.org.uy; mdallarizza@inia.org.uy

Keywords: secuenciación genómica, marcadores funcionales, biotecnología

Introducción

Uruguay cuenta con forrajeras nativas C4 que tienen destacada capacidad de adaptación al cambio climático pero con limitaciones en producción de semilla, aspectos sanitarios y en calidad de forraje que afectan aspectos de salud/bienestar animal y las emisiones netas de gases de efecto invernadero. El tipo común de *P. dilatatum* (apomictica y pentaploide) tiene una susceptibilidad documentada a *Claviceps paspali*, el hongo del cornezuelo o ergot, que es el agente causal de la 'trepidación por *Paspalum*' en el ganado que se alimenta en pastos infectados. *C. paspali* ha sido reportada en las especies nativas de nuestro país (Oberti et al 2020) y esto hace que el hongo tenga oportunidad de cumplir su ciclo de vida durante gran período del año, existiendo fuente permanente de infección en todo nuestro territorio nacional. Nuestro grupo de investigación está trabajando con la especie *P. malacophyllum* identificada como inmune al ergot y ha sido empleada en cruzamientos interespecíficos para transmitir la inmunidad en *P. dilatatum* (Bennett y Bashaw 1960, Burson et al 1998). Este proyecto se planteó generar marcadores funcionales de *P. malacophyllum* asociados a genes de inmunidad. Para esto se secuenció, ensambló y anotó estructural y funcionalmente el primer genoma de la especie *P. malacophyllum*. Con esta información se buscó *in silico* identificar marcadores específicos de genes relacionados con inmunidad (marcadores funcionales) y microsátelites. Nuestra hipótesis de trabajo es que el conocimiento genómico de *P. malacophyllum* contribuirá a desentrañar fuentes de inmunidad reportada en la especie. Más aún, su empleo en el programa de mejoramiento de *P. dilatatum* contribuirá a levantar las limitantes en producción de semilla y salud animal.

Métodos

Se realizó la secuenciación de un genotipo diploide de *P. malacophyllum* utilizando lecturas largas PacBio Sequel II las cuales fueron ensambladas utilizando Canu con los parámetros por defecto. Este ensamblado fue anotado estructuralmente mediante Maker3 y luego funcionalmente utilizando la base de datos NR de NCBI e InterPro. Se predijeron mediante la herramienta DRAGO3 y por homología con la base de datos PRGdb

posibles genes relacionados con la inmunidad en esta especie. Mediante Orthofinder2 se identificaron genes específicos de esta especie en comparación con *Setaria itálica*, *Sorghum bicolor*, *Zea mays*. De la unión de genes relacionados a la inmunidad y especie específico se seleccionaron 14 candidatos como posibles marcadores funcionales.

Resultados y discusión

Se ensambló un primer borrador de genoma de *P. malacophyllum* de aproximadamente 998 Mb de tamaño con un total de 8750 contigs siendo el más grande de 2.2Mb. La anotación estructural predijo 52.859 genes que codifican proteínas, de los cuales el 87% se han anotado funcionalmente. En base a las predicciones *in silico* se determinaron 3167 genes que podrían estar relacionados a inmunidad y 9862 genes especie específicos de *P. malacophyllum*. De estos, 130 genes comparten ambas características de interés (especie específicos y relacionados a inmunidad). En base a la presencia de dominios de genes que codifican proteínas similares a receptores de membrana (RLP) se seleccionan 14 a ser estudiados como marcadores funcionales.

Conclusiones

El borrador del genoma de la especie *P. malacophyllum* así como un análisis integral de posibles genes relacionados a la inmunidad pueden ser de gran utilidad para programas de mejoramiento de esta u otras especies del género *Paspalum*.

Agradecimientos

Este proyecto fue financiado por INIA proyecto BT-19.

Referencias

Oberti H, Dalla Rizza M, Reyno R, Murchio S, Altier N, Abreo E. (2020). Diversity of *Claviceps paspali* reveals unknown lineages and unique alkaloid genotypes. *Mycologia*, 112(2):230-243.
Bennett, H.W. and Bashaw, E.C. (1960). An interspecific hybrid in *Paspalum*. *The Journal of Heredity*, 51:81-85.
Burson, B.L., and M.A. Hussey. (1998). Cytology of *Paspalum malacophyllum* and its relationship to *P. juergensii* and *P. dilatatum*. *International Journal of Plant Sciences*, 15:153-59.