

# Sequenziamento, assemblaggio e caratterizzazione di due ceppi di *Metschnikowia fructicola* usati nella lotta biologica alle malattie postraccolta

Edoardo Piombo\*,\*\*\*\*\* - Noa Sela\*\* - Sara Olari\*  
- Michael Wisniewski\*\*\* - Maria Hoffmann\*\*\*\* -  
Maria Lodovica Gullino\*,\*\*\*\*\* - Marc Wallard\*\*\*\*-  
Elena Levin\*\*\*\*\* - Davide Spadaro\*,\*\*\*\*\* - Samir Droby\*\*

\*Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali ed Alimentari DISAFA - Università degli Studi di Torino - Grugliasco (TO)

\*\*Dept. Plant Pathology and Weed research, ARO, The Volcani Center, Rishon Le-Zion, 7505101, Israel

\*\*\*United States Department of Agriculture – Agricultural Research Service (USDA-ARS), Kenersville, WV 254430, USA

\*\*\*\*United States Food and Drug Administration (FDA), Division of Microbiology, Office of Regulatory Science, College Park, MD 20740, USA

\*\*\*\*\*Centro di competenza per l'Innovazione in campo agro-ambientale AGROINNOVA - Università degli Studi di Torino, Grugliasco (TO).

\*\*\*\*\*Dept. Postharvest Science, ARO, The Volcani Center, Rishon Le-Zion, 7505101, Israel

Il lievito *Metschnikowia fructicola* è un efficiente agente di lotta biologica, utile per contenere malattie postraccolta su prodotti ortofrutticoli (Fig. 1). Sono stati suggeriti diversi meccanismi che potrebbero essere usati dal lievito per svolgere la propria azione, in primis la produzione di chelanti del ferro (Saravanakumar *et al.*, 2008), l'induzione dell'espressione di geni del frutto coinvolti nella resistenza, la produzione di enzimi in grado di degradare la parete cellulare fungina (Banani *et al.*, 2015) e la sintesi di elevate quantità di anioni superossido (Macarisin *et al.*, 2010). Abbiamo assemblato la sequenza di due ceppi di *M. fructicola* tramite sequenziamento PacBio e Illumina. Tramite PacBio si è ottenuto un genoma di alta qualità diviso in 93 contig, con una dimensione di circa 26 Mb, il quale è stato oggetto di caratterizzazione strutturale e funzionale tramite MAKER, Blast2GO e CAT. Sono stati identificati 8.629 geni, di cui 1.145 putativamente coinvolti nel metabolismo dei carboidrati (CAZyme), e l'analisi dell'espressione genica ha rivelato che tali geni sono fortemente espressi quando *M. fructicola* si trova a contatto con tessuti danneggiati del frutto. L'analisi comparativa delle proteine di *M. fructicola* e di altri tre genomi evolutivamente vicini ha permesso di scoprire un "nucleo" di proteine omologhe, codificate da 5776 geni. La comparazione dei due genomi di *M. fructicola*



Figura 1 - Mela attaccata da *Botrytis cinerea*, uno dei patogeni postraccolta che *Metschnikowia fructicola* è in grado di contenere.

Figure 1 - Apple attacked by *Botrytis cinerea*, one of the postharvest pathogens that *M. fructicola* is able to control.

sequenziati ha portato all'identificazione di 564.302 polimorfismi, 2.004 dei quali sono stati predetti avere un impatto significativo sulla funzionalità di una proteina. L'assemblaggio della sequenza genomica è un passaggio di fondamentale importanza nella ricerca su *M. fructicola*, in quanto rende possibili studi di genomica comparativa utili per spiegare sia l'attività di lotta biologica sia l'estrema variabilità di questo lievito.

## Ringraziamenti

Il presente lavoro è stato svolto con il contributo del progetto "LIFE.SU.SA.FRUIT - Low pesticide IPM in sustainable and safe fruit production", finanziato dall'Unione Europea al DISAFA. (LIFE13 ENV/HR/000580).

## Lavori citati

BANANI H., SPADARO D., ZHANG D., MATIC S., GARIBALDI A., GULLINO M. L. (2015) - Postharvest application of a novel chitinase cloned from *Metschnikowia fructicola* and overexpressed in *Pichia pastoris* to control brown rot of peaches. International Journal of Food Microbiology, 199, 54-61.

MACARISIN D., DROBY S., BAUCHAN G., WISNIEWSKI M. (2010) - Superoxide anion and hydrogen peroxide in the yeast antagonist-fruit interaction: A new role for reactive oxygen species in postharvest biocontrol? Postharvest Biology and Technology, 58 (3), 194-202.

SARAVANAKUMAR D., CIAVORELLA A., SPADARO D., GARIBALDI A., GULLINO M. L. (2008) - *Metschnikowia pulcherrima* strain MACH1 outcompetes *Botrytis cinerea*, *Alternaria alternata* and *Penicillium expansum* in apples through iron depletion. Postharvest Biology and Technology, 49 (1), 121-128.