ABSTRACT

The sago palm (*Metroxylon sagu* Rottboll) is a halophytic tree and the ultimate solution to two major global issues: food security and the rapid loss of saline free agricultural lands. This palm can produce high amount of starch, besides being resistant to saline and almost disease free. Unfortunately, this valuable palm is currently underappreciated by the scientific community and the genomic landscape of this palm remained scarce to date. The aim of this study is to sequence and characterise the sago palm chloroplast genome, document the organellar genome copy number changes across various developmental stages, organs, localities and phenotypes as well as sequence the entire nuclear genome of sago palm. The sago palm chloroplast and nuclear genome sizes determined in this study are 157,300 bp and 616,599,600 bp respectively, yielded via next generation sequencing technologies. The organellar genome copy number investigation employing the combinatorial approach of both qPCR and long-PCR assays had unearthed that the mature leaf is generally most enriched with unimpeded plastome and mitogenome among other organs. The *Plawei Manit* growth stage was discovered to have the highest unimpeded organellar genomes copy numbers (over 180,000) among the five major growth stages. The trunking phenotype was proven to be superior to that of the spiny and non-trunking phenotypes in terms of organellar genomes copy numbers (over 188,000). Interestingly, the organellar genome copy numbers across four main Sarawak localities in Malaysia are indifferent statistically. This study serves as a groundwork for preliminary sago palm genomic landscape to support future haplotype and genome wide association studies.

Keywords: *Metroxylon sagu*, chloroplast genome, nuclear genome, organellar genome, genomic landscape

Lanskap Genomik Palma Sagu (*Metroxylon sagu *Rottb.)

ABSTRAK

Palma sagu (Metroxylon sagu Rottboll) ialah pohon halofit dan penyelesaian dua masalah global utama: keselamatan makanan dan kehilangan tanah pertanian bebas garam yang pantas. Pokok palma ini dapat menghasilkan banyak kanji, selain lasak terhadap garam dan hampir bebas penyakit. Malangnya, palma ini kini kurang dihargai oleh komuniti saintifik dan landskap genomik palma ini masih belum ada. Tujuan kajian ini adalah untuk menjujuk dan mencirikan genom kloroplas sagu, mendokumentasi perubahan bilangan salinan genom organel di pelbagai peringkat perkembangan, organ, kawasan dan fenotip serta menjujuk keseluruhan genom nuklear palma sagu. Saiz genom kloroplas dan nuklear palma sagu yang ditentukan dalam kajian ini ialah 157,300 bp dan 616,599,600 bp, dihasilkan melalui teknologi penjujukan generasi depan. Penyelidikan salinan genom organel menggunakan cara kombinatori ujian qPCR dan PCR panjang telah menemukan bahawa daun matang pada umumnya paling diperkaya dengan plastom dan mitogenom antara organ-organ lain. Tahap Plawei Manit didapati mempunyai salinan genom organel tertinggi antara lima peringkat pertumbuhan utama (melebihi 180,000). Fenotip berbatang terbukti lebih unggul daripada fenotip berduri dan bukan berbatang dari segi salinan genom organel (melebihi 188,000). Menariknya, nombor salinan genom organel di empat kawasan utama Sarawak di Malaysia tidak berbeza secara statistik. Secara keseluruhan, kajian ini berfungsi sebagai landasan dalam membentuk lanskap genomik awal palma sagu untuk menyokong kajian haplotaip dan seluruh genom pada masa depan.

Kata kunci: *Metroxylon sagu, genom kloroplas, genom nuklear, genom organel, lanskap genomik*