

水竹菱斑病原四川新小滴孢腔菌的基因组测序与比较基因组分析

刘利娟, 杨春琳, 梁芳, 李成松, 曾倩, 韩珊, 李姝江, 刘应高*

(四川农业大学林学院, 四川成都 611130)

摘要:【目的】获得高质量的四川新小滴孢腔菌 (*Neostagonospora sichuanensis*) 基因组资源, 通过比较基因组学解析基因组结构特征, 挖掘致病相关基因资源, 为后续探索病原菌与寄主水竹的互作关系提供试验依据。【方法】利用 PacBio Sequel IIe 测序平台和 Illumina NovaSeq PE150 测序平台对四川新小滴孢腔菌进行测序和组装, 通过基因组注释、比较基因组学分析和基因家族分析等对基因组特征、遗传特性及致病相关基因进行探索。【结果】获得了四川新小滴孢腔菌全基因组序列精细图, 发现基因组内的重复序列显著扩张, 且具有强烈的重复诱导点 (RIP) 突变证据。基因组内存在特殊的“二分”结构, 即基因组由 A T 富集区和 GC 平衡区同源核苷酸区块交替组成。在进化过程中, 四川新小滴孢腔菌与其他被分析的同科多数真菌物种一样, 均经历了广泛的基因家族丢失而并非获得。次级代谢产物 (SMs) 生物合成簇层次聚类分析结果表明, 四川新小滴孢腔菌与半活体营养型病原菌油菜黑胥病菌 (*Leptosphaeria maculans*) 聚类到一支。此外, 菌株的 SM 核心基因在同科不同物种间较为保守, 基因组中未发现特有的 SM 核心基因。植物细胞壁降解酶 (PCWDEs) 模块层次聚类分析结果显示, 四川新小滴孢腔菌与半活体营养型病原菌小麦发酵腐霉 (*Zymoseptoria tritici*) 聚类为一支。5 个半纤维素酶家族、1 个纤维素酶家族和 1 个果胶酶家族在四川新小滴孢腔菌基因组中发生了扩张。唯一碳源试验结果表明, 菌株在含有木聚糖的培养基中生长优于含有果胶和纤维素的培养基, 与上述更多数量的半纤维素降解酶家族扩张结果一致。主坐标分析 (PCoA) 结果表明, 四川新小滴孢腔菌基因组的效应子与被分析的死体营养型和半活体营养型病原菌基因组的效应子呈聚集型分布。四川新小滴孢腔菌与不同营养型病原菌之间共有的效应子家族为 21 个, 与同科病原菌之间共有的效应子家族为 41 个, 细胞壁降解酶类效应子在这些效应子中均占据主导地位。【结论】首次获得四川新小滴孢腔菌基因组资源, 明确了基因组的基本特征, 同时根据基因组的致病相关基因推测四川新小滴孢腔菌的生活型更接近半活体营养型。