

Геномное разнообразие фитопатогена льна *Colletotrichum lini*

Е.А. Сигова^{1*}, Е.М. Дворянинова¹, Т.А. Рожмина², Л.П. Кудрявцева², А.М. Каплун¹, А.А. Архипов¹, Е.Н. Пушкова¹, Н.В. Мельникова¹, А.А. Дмитриев¹

¹ Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

² Федеральный научный центр лубяных культур, Торжок, Россия

* sigova.ea@phystech.edu

Цель: Изучение геномного разнообразия на уровне хромосомных сборок для 20 штаммов *Colletotrichum lini* – возбудителя антракноза – одного из наиболее распространенных заболеваний льна, которое наносит значительный ущерб льноводству.

Материалы и методы: Геномы 20 штаммов *C. lini* различной вирулентности секвенированы на платформах Oxford Nanopore Technologies (ONT, ячейки R9.4.1 и R10.4.1) и Illumina (NovaSeq 6000, 150+150 н.). Геномные сборки штаммов *C. lini* из данных ONT R9.4.1 получены с использованием Canu и отполированы согласно разработанной нами ранее схеме: RacoN (чтения ONT, 2 итерации) – Medaka (чтения ONT) – Polca (чтения Illumina). Сборки штаммов *C. lini* из данных ONT R10.4.1 получены Hifiasm из предварительно откорректированных Dorado чтений с длиной 10–50 тыс. н. и некорректированных чтений длиной более 50 тыс. н. в качестве ультрадлинных и отполированы чтениями Illumina приложением Pilon. В полученных сборках выделены полные митохондриальные геномы, отфильтрованы мелкие повторяющиеся контиги, оставшиеся контиги отсортированы по уменьшению длины и доведены до уровня хромосом. Качество сборок оценивали приложениями BUSCO (glomerallales_odb10) и QUAST. Теломерные повторы обнаруживали с использованием Tiddk. Для множественных выравниваний геномов штаммов *C. lini* друг на друга использовали LAST.

Результаты: Сборки изученных штаммов *C. lini* обладали полнотой по BUSCO более 97% и состояли из 12–14 хромосом. Сборки содержали 10 основных (core) хромосом и 2–4 дополнительных (accessory) хромосомы, которые характерны для грибных фитопатогенов. Геномы 8 штаммов (6 высоковирулентных, 2 средневирулентных) содержали только 2 дополнительных хромосомы, геномы 11 штаммов (9 высоковирулентных, 1 средневирулентный, 1 слабовирулентный) имели 3 дополнительных хромосомы, геном 1 высоковирулентного штамма содержал 4 дополнительных хромосомы. В результате полногеномного выравнивания сборок штаммов *C. lini* друг на друга выявлены значительные перестройки на хромосоме 2 и небольшие перестройки на концах хромосомы 10 у одного из средневирулентных штаммов, а также значительная перестройка на хромосоме 6 у еще одного средневирулентного штамма.

Выводы: В результате работы получены сборки хромосомного уровня для 20 штаммов *C. lini* различной вирулентности и проведен их сравнительный анализ на полногеномном уровне, который дал представление о геномном разнообразии этого фитопатогена льна. Дальнейшая аннотация собранных геномов с использованием транскриптомных данных и детальное изучение дополнительных хромосом в контексте сравнительного анализа генов, а также изучение обнаруженных перестроек позволят установить гены, которые детерминируют степень вирулентности штаммов.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-16-00169, <https://rscf.ru/project/22-16-00169/>.