

# Analisi genomica di *Fusarium fujikuroi* per l'identificazione di geni chiave per la patogenesi su riso

Edoardo Piombo\*\*\* - Maria Lodovica Gullino\*\*\* - Angelo Garibaldi\* - Davide Spadaro\*\*\*

\*Centro di Competenza per l'Innovazione in Campo agro-ambientale (Agroinnova) – Università degli Studi di Torino – Grugliasco (TO)

\*\*Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari (DiSAFA) – Università degli Studi di Torino – Grugliasco (TO)

*Fusarium fujikuroi* è un patogeno del riso trasmesso per seme in grado di causare la malattia nota come “bakanae”. Sebbene i sintomi più noti associati alla presenza di questo patogeno siano l'assottigliamento e l'allungamento della pianta, *F. fujikuroi* presenta un'enorme variabilità intraspecifica nella sintomatologia che induce, con ceppi in grado di provocare nanismo e ingiallimento invece dei sintomi più comuni (Niehaus *et al.*, 2017), così come isolati apparentemente incapaci di causare la malattia.

Il bakanae è attualmente diffuso in tutto il mondo, e può provocare perdite che vanno fino al 75% della produzione (Saremi *et al.*, 2008). Sebbene esistano cultivar di riso con diverso grado di suscettibilità alla malattia, ad oggi non è ben chiaro quale sia il motivo della resistenza al bakanae dimostrata da alcune varietà, e le interazioni tra fungo e pianta che avvengono durante la patogenesi non sono ancora state chiarite (Fig. 1).

Nello studio presentato sono stati sottoposti a sequenziamento Illumina *high throughput* due ceppi di *F. fujikuroi* (C2S e SG4) rispettivamente caratterizzati da virulenza scarsa e nulla, una caratteristica provata in ripetuti saggi di patogenicità, condotti a diverse temperature. I genomi dei due ceppi sono stati assemblati tramite il software “SPAdes” (Bankevich *et al.*, 2012), ottenendo assemblati di 45,02 Mb in 631 scaffold (C2S) e 45,6 Mb in 821 scaffold (SG4), dimensioni che rispettano quanto riportato in letteratura per i ceppi di *F. fujikuroi* (Niehaus *et al.*, 2017). Al momento non ci sono altri genomi di ceppi non virulenti di *F. fujikuroi* disponibili sui database pubblici, e si presume che le analisi di genomica comparativa con ceppi virulenti già sequenziati, attualmente in corso, permetteranno di individuare geni chiave per la patogenesi del bakanae, facendo chiarezza sulle interazioni pianta-patogeno alla base di questa importante malattia del riso. Le informazioni ottenute saranno inoltre fondamentali nello sviluppo di cultivar di riso resistenti alla malattia.

## Ringraziamenti

Lavoro svolto nell'ambito del programma Horizon 2020 UE, No 634179 “Effective Management of Pests and Harmful Alien Species - Integrated Solutions” (EMPHASIS).

## Lavori citati

BANKEVICH A., NURK S., ANTIPOV D., GUREVICH A. A., DVORKIN M., KULIKOV A. S., LESIN V. M., NIKOLENKO S. I., PHAM S., PRJIBELSKI A. D., PYSHKIN A. V., SIROTKIN A. V., VYAHHI N., TESLER G.,

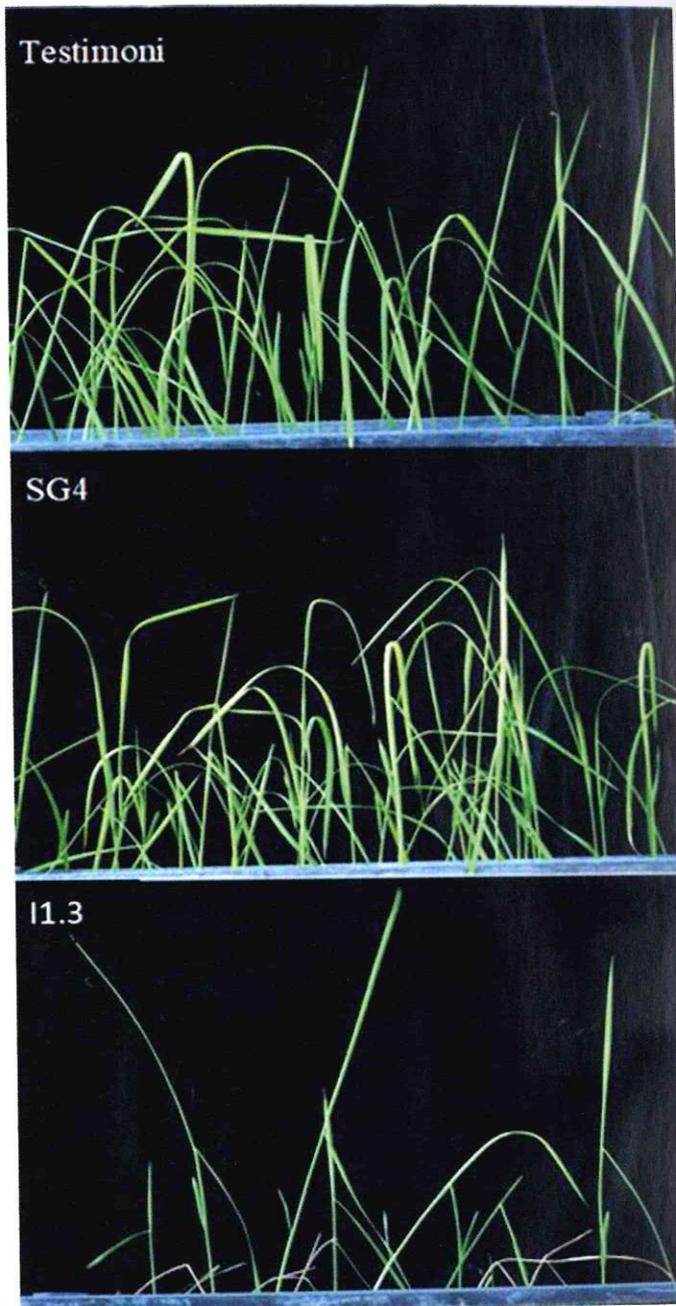


Figura 1 - Piante di riso cv. Galileo inoculate con i ceppi I1.3 (alta virulenza) e SG4 (virulenza nulla) di *Fusarium fujikuroi*. Le piante sono state cresciute a 31 °C, con un fotoperiodo composto da 16 ore di luce e 8 di buio. Le foto sono state scattate a due settimane dalla germinazione. Figure 1 - Rice plants of cultivar Galileo, inoculated with *Fusarium fujikuroi* strains I1.3 (high virulence) and SG4 (not virulent). The plants were grown at 31 °C, with a photoperiod composed of 16 hours of light and 8 of dark. The pictures were taken at two weeks since germination.

ALEKSEYEV M. A., PEVZNER P. A. (2012) - SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *Journal of Computational Biology*, 19, 455-477.

NIEHAUS E. M., KIM H. K., MÜNSTERKÖTTER M., JANEVSKA S., ARNDT B., KALININA S. A., HOUTERMAN P. M., AHN I. P., ALBERTI I., TONTI S., KIM D. W., SIEBER C. M. K., HUMPF H.-U., YUN S.-H., GULDENER U., TUDZYNSKI B. (2017) - Comparative genomics of geographically distant *Fusarium fujikuroi* isolates revealed two distinct pathotypes correlating with secondary metabolite profiles. *PLoS pathogens*, 13 (10), e1006670.

SAREMI H., AMMARELLOU A., MAREFAT A., OKHOVAT S. M. (2008) - Binam a rice cultivar, resistant for root rot disease on rice caused by *Fusarium moniliforme* in Northwest, Iran. *International Journal of Botany*, 4, 383-389