

Etude de la variation structurale du génome et description du pangénome chez le champignon *Pseudocercospora fijiensis* parasite du bananier

Encadrement : Sébastien Ravel (sebastien.ravel@cirad.fr) et Jean Carlier (jean.carlier@cirad.fr), UMR PHIM Montpellier

Contexte :

Les résistances variétales sont de plus en plus utilisées en agriculture pour lutter contre les maladies. Cependant les populations pathogènes s'adaptent entraînant un contournement ou une érosion de ces résistances les rendant ineffectives. Dans le but de développer des stratégies durables d'utilisation des résistances, il est essentiel de comprendre l'architecture adaptative sous-jacente à ces adaptations. Une adaptation locale à des résistances quantitatives a été mise en évidence dans notre équipe chez le champignon microscopique *Pseudocercospora fijiensis* responsable d'une grave maladie foliaire du bananier (la maladie des raies noires, Dumartinet *et al*, 2019). Des premières études de génomiques des populations suggèrent une architecture adaptative complexe sous-jacente à cette adaptation avec une base génétique polygénique et redondante (Carlier *et al*, 2021, Dumartinet *et al*, 2021 soumis). Des variations entre isolats structurales, dans le contenu en gènes et en éléments transposables, comme cela a été observé chez des espèces proches (Badet *et al*, 2020), pourraient également jouer un rôle dans l'évolution de cette espèce. Une première étude de génomique structurale, à partir de la séquence 'long read' de 3 génomes de *P. fijiensis*, a permis de développer les workflows pour tester la qualité des assemblages et avoir un premier aperçu de la variabilité intraspécifique (Durand, 2022). Nous proposons dans le cadre de ce présent stage d'estimer plus précisément cette variabilité en comparant un plus grand nombre de génomes.

Déroulement du stage :

Des variations de structure, dans le contenu en gènes et en éléments transposables seront recherchées et décrites à partir d'assemblages et d'annotations *de novo* de 15 nouveaux génomes obtenus par la technologie Oxford Nanopore. Les assemblages seront réalisés avec l'outil CulebrONT auquel nous avons participé au développement (Orjuela *et al*, 2022). La qualité de l'assemblage et l'annotation des génomes seront réalisées à l'aide de différents workflows basés sur « Snakemake » déjà mis en place dans l'équipe. Ceux-ci seront à améliorer avec l'intégration de nouveaux outils et la vérification de leur portabilité à différents environnements informatiques et à d'autres espèces. Une bioanalyse sera réalisée à partir de ces données pour construire le pan-génome (comprenant toutes les séquences) et le pan-gène atlas (comprenant uniquement les séquences des gènes) de *P. fijiensis*.

Rémunération :

Gratification mensuelle de 600€.

Références :

Arango Isaza, R. E., Diaz-Trujillo, C., Dhillon, B., Aerts, A., **Carlier, J.** *et al* (2016). Combating a Global Threat to a Clonal Crop: Banana Black Sigatoka Pathogen *Pseudocercospora fijiensis* (Synonym *Mycosphaerella fijiensis*) Genomes Reveal Clues for

Disease Control. *PLOS Genetics*, 12(8), e1005876.
<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005876>

Badet T., U. Oggenfuss, L. Abraham, B. A. McDonald and D. Croll. A 19-isolate reference-quality global pangenome for the fungal wheat pathogen *Zymoseptoria tritici*. *BMC Biol* 2020 Vol. 18 Issue 1 Pages 12. DOI: 10.1186/s12915-020-0744-3

Carlier, J., Bonnot, F., Roussel, V., **Ravel, S.**, Martinez, R. T., Perez-Vicente, L., Abadie, C., & Wright, S. (2021). Convergent Adaptation to Quantitative Host Resistance in a Major Plant Pathogen. *MBio*, 12(1). <https://doi.org/10.1128/mBio.03129-20>

Dumartinet, T., Abadie, C., Bonnot, F., Carreel, F., Roussel, V., Habas, R., Martinez, R. T., Perez-Vicente, L., & **Carlier, J.** (2019). Pattern of local adaptation to quantitative host resistance in a major pathogen of a perennial crop. *Evolutionary Applications*.
<https://doi.org/10.1111/eva.12904>

Orjuela, Julie; Comte, Aurore; **Ravel, Sébastien**; Charriat, Florian; Vi, Tram; Sabot, François ; Cunnac, Sébastien . CulebrONT: a streamlined long reads multi-assembler pipeline for prokaryotic and eukaryotic genomes. *Peer Community Journal*, Volume 2 (2022), article no. e46. doi : 10.24072/pcjournal.153.
<https://peercommunityjournal.org/articles/10.24072/pcjournal.153/>

Durand, T. (2022). Analyse de la structure génomique du champignon pathogène du bananier *Pseudocercospora fijiensis*. Rapport de stage de Master 2 Bio-informatique, Université de Clermont Auvergne.