

Komparativní genomika hub rodu *Geosmithia* napříč ekologickými strategiemi

TEREZA VESELSKÁ

Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, Vídeňská 1083, 142 00 Praha 4

Rod *Geosmithia* zahrnuje houby asociované s podkorním hmyzem, jejichž ekologická role zůstává z velké části nejasná. Výjimkou jsou tři ambrosiové druhy (*G. microcorthyli*, *G. eupagioceri* a *G. cnesini*), nutriční symbionti ambrosiových brouků, kteří v bělovém dřevě aktivně pěstují houby, které jim slouží jako jediný zdroj potravy. Navzdory fylogenetické nepříbuznosti vykazují ambrosiové houby konvergentní fenotyp: kvasinkovitý růst a palisádovité uspořádání hyf s kulovitými konidii, kterými se brouk živí. Podobný fenotyp se však vyskytuje i u dalších druhů rodu *Geosmithia*, zejména u specialistů žijících v úzké symbióze s lýkožravými kůrovci napadajícími stromy z čeledi *Pinaceae*. Tato symbióza je v rodě pravděpodobně ancestrální a je výsledkem dlouhodobé koevoluce. Ostatní druhy rodu tvoří generalistické asociace s různorodými hostiteli. Různé typy symbiózy, od volných po obligátní, se v rámci evoluce rodu vyvinuly opakovaně a nezávisle, což činí rod *Geosmithia* výjimečným modelem pro studium adaptací spjatých s přechodem k obligátní symbióze.

Pro srovnávací analýzy bylo vybráno 11 druhů *Geosmithia*: 3 ambrosiové, 3 specialisti a 5 generalistů. Jejich genomy byly sekvenovány technologií PacBio HiFi a sestaveny až na úroveň chromozomů. U čtyř druhů byla správnost složení genomů ověřena pomocí Hi-C sekvenace (Illumina NextSeq), která rovněž poskytla data pro analýzu prostorové organizace genomu. Transkriptomová data generovaná pro každý studovaný druh a vlastní proteinová databáze byla využita k anotaci genomů.

Velikost genomů se pohybovala mezi 25,9–30,3 Mb se zastoupením repetitivních elementů 3,4–11,5 %. Genomy byly sestaveny převážně do 9 chromozomů, s výjimkou dvou generalistů s 10 chromozomy. I mezi blízkce příbuznými druhy byla pozorována nízká chromozomová syntenie, často doprovázená akumulací repetitivních sekvencí v oblastech chromozomových zlomů a vznikem druhově specifických genů. Hi-C analýza potvrdila přítomnost Rablovy konformace chromatinu a umožnila predikci poloh centromer, jejichž struktura však zůstává nejasná. Počet anotovaných genů se pohyboval od 6 993 do 8 472, přičemž specialisté vykazovali redukovaný počet, zejména mezi signálními proteiny a CAZymes.