



Doctoral Thesis

Global population genetics and phylogeography of the rice sheath blight, maize banded leaf and soybean aerial blight pathogen *Rhizoctonia solani* anastomosis group 1 IA

Author(s):

Bernardes de Assis, Joana

Publication Date:

2010

Permanent Link:

<https://doi.org/10.3929/ethz-a-006039366> →

Rights / License:

[In Copyright - Non-Commercial Use Permitted](#) →

This page was generated automatically upon download from the [ETH Zurich Research Collection](#). For more information please consult the [Terms of use](#).

**Global population genetics and phylogeography of the rice sheath
blight, maize banded leaf and soybean aerial blight pathogen
Rhizoctonia solani anastomosis group 1 IA.**

A dissertation submitted to the

SWISS FEDERAL INSTITUTE OF TECHNOLOGY ZÜRICH

For the degree of
DOCTOR OF SCIENCES

Presented by
Joana Bernardes de Assis

M.Sc. Genetics UFMG, Federal University of Minas Gerais, Brazil

Born 23 August 1980

Citizen of Brazil

Accepted on recommendation of

Prof. Dr. Marc A. Cubeta
Prof. Dr. Paulo C. Ceresini
Prof. Dr. Bruce A. McDonald

SUMMARY

This thesis represents the only in-depth population genetic study ever conducted for any *Rhizoctonia* pathosystem. The soilborne basidiomycetes fungus *Rhizoctonia solani* AG-1 IA was subjected to population genetics and phylogeography studies. It causes leaf blight on soybean, sheath blight on rice, and banded leaf and sheath blight on maize. Besides these economically important crops, it is also associated with hosts such as sorghum, mungbean and cowpea. A collection of 1,611 isolates representing field populations infecting rice, maize and soybean from important crops areas were investigated. The aims of this study were to elucidate the population biology and demographic history of the pathogen, by characterizing patterns of host specialization, reproductive modes and migration contexts.

Microsatellite loci were used to characterize the population structure and reproductive modes from rice-, maize- and soybean-infecting populations. Sympatric populations from distinct hosts (maize/rice and rice/soybean) were genetically differentiated and cross-pathogenicity tests indicated higher aggressiveness of the isolates on the original hosts, despite the fact that the isolates were still able to cross-infect. Coupled with this, historical migration rates indicated that the both soybean- and maize-infecting populations from U.S.A and Venezuela probably originated from sympatric rice-infecting populations. We hypothesized that both maize- and soybean-infecting populations have arisen through selection and adaptation from an originally rice-infecting population, constituting a host jump or a host shift. As the rice-, maize- and the soybean-adapted populations were still cross pathogenic, we postulated that this ecological adaptation could be a recent event, probably dating back to the introduction of rice and soybeans in North America, and to the expansion of maize crops in Venezuela over former rice crop areas.

Evidence of recombination, thus the occurrence of the sexual cycle was found in all populations. The analysis of genetic diversity, Hardy-Weinberg equilibrium tests and multilocus associations revealed that the reproductive mode of the populations ranged from mixed to fully recombining with different amounts of inbreeding. The distribution of genetic diversity over different geographical scales was measured for populations within the same host group (Poaceae- or Fabaceae-infecting populations) and between populations from different hosts. Lack of population differentiation was found only among populations within the same host group, but over geographical scales ranging from 59km to 6,000 Km. On the other hand, higher levels of population differentiation were found between populations within the same host group and between distinct host groups, regardless of the geographical scale. In this way, genetic distances did not increase with geographical

distance and isolation by distance was rejected on a global scale. This apparent lack of isolation by distance probably suggests that gene flow is being mediated by the movement of contaminated agricultural goods, such as seeds infested with sclerotia.

Moreover, historical migration rates provided insights about the origins of the Poaceae- and Fabaceae-infecting populations of the New World and Middle East. Within the rice-infecting group, the overall pattern of pathogen migration was from a source population in either Eastern or Southern China, towards recipient populations in the Middle East and North America. This pattern could be interpreted as an evidence of the introduction of the pathogen in North America and Middle East from China. Thus, an Asian origin (probably Chinese) for both North America and the Middle East rice-infecting populations of *R. solani* AG-1 IA seemed plausible.

DNA sequences derived from restriction fragment length polymorphism loci (RFLP) and a fragment from the Elongation Factor 1-alpha (EF) gene were used to characterize the evolutionary history of *R. solani* AG-1 IA populations. For this, 204 isolates were genotyped, representing 13 field populations infecting rice, maize and soybean. We used coalescent-based approaches to identify the contribution of recombination and mutation to the observed haplotype diversity. The sequence data analysis showed that recombination happened in all populations with a similar magnitude and the ancestral recombination graphs (ARG) revealed few events giving rise to haplotypes observed in both Poaceae- and Fabaceae-infecting groups. Most of the recombination events gave rise to haplotypes unique to one of the groups. More over, the coalescent-based gene genealogy showed that the Poaceae- and Fabaceae-infecting groups are not completely separate lineages, as many polymorphisms and haplotypes were still shared. Nevertheless, haplotypes associated only with the Fabaceae-infecting group were 0.25-0.30 units of coalescent time more recent than the putative ancestral from a rice origin in Asia.

Based on all these findings we postulate that the genetic structure of *R. solani* AG-1 IA populations is consistent with the occurrence of the sexual cycle and dispersal across medium and long distances. In addition, Poaceae- and Fabaceae-adapted populations are becoming progressively more divergent due to host specialization processes. Though the centre of origin of *R. solani* AG-1 IA could not be identified in the present study, global migration patterns indicated that, within the rice-infecting group, the populations of China acted as the source of immigrants into the Middle East and North America.

RIASSUNTO

Questa tesi rappresenta l'unico studio mai condotto finora sulla genetica di popolazione connesso al patosistema *Rhizoctonia*. Questo lavoro presenta studi di genetica della popolazione e fitogeografia riguardanti il fitopatogeno *Rhizoctonia solani* AG-1 IA appartenente alla classe dei Basidiomiceti. Questo patogeno causa “leaf blight” della soia, “sheath blight” del riso, “banded leaf” e “sheath blight” del mais. Oltre a queste importanti colture, *R. solani* può infettare ospiti come sorgo, mungo e il fagiolo dall'occhio. Un totale di 1,611 isolati comprendenti popolazioni collezionate da riso, mais e soia delle regioni importanti per la produzione sono stati analizzati. Lo scopo di questo studio è di chiarire la biologia di popolazione e la storia demografica del patogeno *R. solani* generando modelli di specializzazione verso gli ospiti, fenomeni riproduttivi e contesto di migrazione.

Dei microsatelliti sono stati analizzati per caratterizzare la struttura e i fenomeni riproduttivi delle popolazioni patogeniche a riso, mais e soia. Popolazioni simpatriche ottenute da ospiti distinti (mais/riso and riso/soia) sono state trovate geneticamente differenti e test di patogenicità tra specie (cross-pathogenicity tests) indicano maggiore aggressività degli isolati sull'ospite d'origine, pur mantenendo la capacità di infettare un ospite differente. Inoltre, tassi di migrazione storici indicano che entrambe le popolazioni patogeniche a soia e mais provenienti da USA e Venezuela ebbero origine da una popolazione simpatica patogenica al riso. L'ipotesi è che entrambe queste popolazioni derivino da un'unica popolazione originariamente patogenica al riso. Selezione e adattamento hanno permesso un cambio di ospite tramite “host jump” o “host shift”. Visto che le popolazioni adattate a riso, mais e soia mantengono la capacità di infettare gli altri ospiti, ipotizziamo che questo adattamento ecologico possa essere recente, probabilmente risalente all'introduzione di riso e soia in Nord America e all'espansione del mais in Venezuela in aree coltivate a riso.

Ricombinazione genetica è stata trovata in tutte le popolazioni rivelando la presenza del ciclo sessuale per il patogeno. Le analisi di diversità genetica, dell'equilibrio di Hardy-Weinberg e dell'associazione di loci multipli (multilocus associations) indicano che il sistema riproduttivo delle popolazioni varia da misto a completamente ricombinante con differenti quantità di endogamia (inbreeding). La distribuzione di diversità genetica fra differenti aree geografiche è stata misurata per popolazioni con lo stesso gruppo di ospite (popolazioni patogeniche a Poaceae o a Fabaceae) e tra popolazioni provenienti da ospiti diversi. La mancanza di differenziazione fra popolazioni è stata trovata solamente fra quelle popolazioni che infettano lo stesso gruppo di ospiti ed esclusivamente su scale geografiche variabili fra 59 km fino a 6,000 km. D'altra parte, alti livelli di differenziazione di popolazione sono stati trovati tra popolazioni patogeniche allo stesso gruppo di ospiti e tra gruppi distinti di ospiti senza prescindere da scale geografiche. Distanze genetiche e distanze geografiche

non sono correlate, per tanto l'isolamento tramite distanza fra popolazioni non è confermato su scala globale. Questa apparente mancanza di isolamento tramite distanza potrebbe suggerire che il flusso genico è mediato dal movimento di merci contaminate come sementi contaminate da sclerozi.

Inoltre, tassi di migrazione storica forniscono spunti sull'origine delle popolazioni patogeniche a Poaceae e Fabaceae delle Americhe e del Medio Oriente. Fra il gruppo patogenico al riso, lo schema di migrazione del patogeno rivela movimenti da una popolazione d'origine nel Est o nel Sud della Cina a popolazioni riceventi in Medio Oriente e Nord America. Questo modello può essere interpretato come una prova dell'introduzione di *R. solani* AG-1 IA patogenico al riso in Nord America e in Medio Oriente dall'Estremo Oriente e più probabilmente dalla Cina.

Sequenze di DNA ottenute da polimorfismo da lunghezza dei frammenti di restrizione (RFLP) e da sequenza parziale del gene Elongation Factor 1-alpha sono state usate per caratterizzare la storia evolutiva delle popolazioni di *R. solani* AG-1 IA. A questo scopo, 204 isolati rappresentanti 13 popolazioni patogeniche a riso, mais e soia sono state genotipizzate. Per identificare il contributo di ricombinazioni e di mutazioni alla diversità degli aplotipi osservati, sono state usate analisi di coalescenza. L'analisi mostra che ricombinazione avvenne allo stesso modo in tutte le popolazioni. Inoltre il grafico di ricombinazione ancestrale (Ancestral Recombination Graphs, ARG) rivela che un numero ristretto di eventi hanno originato aplotipi presenti in entrambi i gruppi patogenici a Poaceae e Fabaceae. La maggioranza degli eventi di ricombinazione ha originato aplotipi unici a uno dei due gruppi patogenici. Inoltre, la genealogia genetica basata sulla coalescenza mostra che i gruppi patogenici a Poaceae e Fabaceae non sono completamente separati visto che polimorfismi e aplotipi sono ancora condivisi. Tuttavia, aplotipi associati al solo gruppo patogenico Fabaceae sono 0.25-0.30 unità di coalescenza più recenti rispetto alla probabile sequenza ancestrale.

Sulla base di questi risultati postuliamo che la struttura genetica delle popolazioni di *R. solani* AG-1 IA è consistente con la presenza del ciclo sessuale e con migrazioni su medie-lunghe distanze. In aggiunta, le popolazioni adattate a Poaceae e Fabaceae divergono progressivamente tramite il processo di specializzazione all'ospite. Sebbene questo studio non sia in grado di identificare il centro d'origine di *R. solani* AG-1 IA, i modelli di migrazione globale indicano che tra le popolazioni patogeniche al riso, le popolazioni cinesi furono all'origine delle attuali popolazioni del Medio Oriente e Nord America.