ETH zürich

ETH Library

Mitochondrial genomes of plant pathogenic fungi

Doctoral Thesis

Author(s):
Torriani, Stefano F.F.

Publication date:
2008

Permanent link:
https://doi.org/https://doi.org/10.3929/ethz-a-005807786

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.

Diss. ETH No. 18123

MITOCHONDRIAL GENOMES OF PLANT PATHOGENIC FUNGI

A dissertation submitted to the

SWISS FEDERAL INSTITUTE OF TECHNOLOGY ZURICH

For the degree of

DOCTOR OF SCIENCE

Presented by

STEFANO F. F. TORRIANI

Dipl. Natw. ETH

Born 17 January 1980

Citizen of Switzerland

Accepted on recommendation of

Prof. Dr. Bruce A. McDonald, examiner

Prof. Dr. Alexander Widmer, co-examiner

2008

Summary

The mitochondrial genomes of plant pathogenic fungi was the leitmotiv of this work that 1) completely annotated the mitochondrial genomes of two wheat-infecting pathogens, *Mycosphaerella graminicola* and *Phaeosphaeria nodorum*, 2) inferred the mitochondrial evolutionary history of *M. graminicola* and 3) studied the evolutionary mechanisms influencing the occurrence and spread of strobilurin (QoI) fungicide resistances.

The two obtained mitochondrial genomes were the first analyzed from any species from the class Dothideomycetes, including more than 6000 known species and some of the most economically important plant pathogenic fungi. The fungal mitochondrial genomes displayed some common characteristics interspecifically, including a standard set of genes involved in oxidative phosphorylation, two genes for the large and the small ribosomal subunits and a set of tRNAs genes, which often clustered in groups showing conservation in gene order between organisms in the large Pezizomycotina subphylum of Ascomycota. The mitochondrial tRNA gene order was proposed as an additional criterion in phylogenetic analyses to distinguish between fungal classes. Another distinctive feature of fungal mitochondrial genomes is the variable number of introns.

The evolutionary history of the *M. graminicola* mitochondrial genome was inferred using four sequence loci, dating the divergence from the ancestral *Mycosphaerella* populations, between 10,000 and 9,000 years ago, coinciding with the domestication of wheat and essentially confirming the analysis based on nuclear markers. The insertion/deletion polymorphisms distinguishing the mitochondrial haplotypes were characterized. A putative gene predicted to encode protein acting as virulence factor proposed to increase the pathogenicity to durum wheat (*Triticum turgidum*), was identified exclusively in mitochondrial RFLP haplotype 4.

To provide better fungicide management strategies the evolutionary mechanisms driving the emergence and spread of resistance need to be studied. QoIs target the protein encoded by the mitochondrial gene *cytochrome b*. *M. graminicola* and the barley-infecting pathogen *Rhynchosporium secalis* were therefore screened for QoI resistance. All 841 tested *R. secalis* isolates from a global collection were completely sensitive with an estimated naïve resistance frequency less than 0.12%. *M. graminicola* populations displayed high QoI resistance

frequencies in Europe, ranging from 30% to 100%. In *M. graminicola,* selection, parallel genetic adaptation and migration were identified as the principal forces shaping the evolution of fungicide resistances. The same evolutionary pattern of QoI resistance in *M, graminicola* could be extended to other fungal pathosystems or fungicides having different modes of action.

Riassunto

Il genoma mitocondriale dei funghi fitopatogeni è stato il filo conduttore di questo lavoro durante il quale: 1) è stato annotato l'intero genoma mitocondriale di due patogeni del frumento *Mycosphaerella graminicola* e *Phaeosphaeria nodorum*, 2) è stata dedotta la storia evolutiva di *M. graminicola,* 3) sono stati investigati i meccanismi evolutivi responsabili dello sviluppo e diffusione della resistenza ai fungicidi analoghi delle strobilurine.

I due genomi mitocondriali ottenuti sono i primi analizzati di specie appartenenti alla classe Dothideomycetes, che comprende più di 6,000 specie e alcuni fra i funghi fitopatogeni economicamente più dannosi. I genomi fungini mitocondriali mostrano alcune caratteristiche comuni a livello interspecifico, come l'espressione di un gruppo di geni dedicati alla fosforilazione ossidativa, due geni codificanti per altrettanti RNA ribosomiali (rRNA) e una gamma di RNA di trasporto (tRNA), i quali sovente sono raggruppati in clusters e mostrano una conservazione nell'ordine genico fra gli appartenenti alla suddivisione Pezizomycotina. Questo lavoro propone di usare l'ordine genico dei tRNA mitocondriali quale criterio aggiuntivo in analisi filogenetiche per differenziare classi fungine. Un numero variabile di introni fra un organismo e l'altro è una caratteristica distintiva dei genomi mitocondriali dei funghi.

La storia evolutiva del genoma mitocondriale di *M. graminicola* è stata dedotta usando quattro loci genetici datando la separazione di questa specie dalle popolazioni ancestrali di *Mycosphaerella* fra 10,000 e 9,000 anni fa, simultaneamente alla domesticazione del frumento; ciò che conferma i risultati di una precedente analisi basata su loci nucleare. Le inserzioni e delezioni di DNA, che distinguono gli aplotipi mitocondriali di *M. graminicola*, sono state caratterizzate identificando un gene putativo (esclusivo dell'aplotipo 4) che si suppone codifichi un fattore di virulenza in grado di aumentare la patogenicità verso il grano duro (*Triticum durum*).

L'analisi dei meccanismi evolutivi alla base dello sviluppo e diffusione delle resistenze è di fondamentale importanza per fornire migliori strategie di gestione dei fungicidi. *M. graminicola* e *Rhynchosporium secalis*, un patogeno dell'orzo, sono stati dunque esaminati alla ricerca d'isolati resistenti ai fungicidi analoghi delle strobilurine che agiscono sul

citocromo b, codificato da un gene mitocondriale. Tutti gli 841 isolati di *R. secalis* provenienti dai cinque continenti sono risultati sensibili e la frequenza di resistenza stimata è inferiore a 0.12%. Le popolazioni europee di *M. graminicola* invece mostrano frequenze di resistenza variabili fra 30-100%. Dall'analisi di *M. graminicola* si deduce che selezione, adattamento genetico parallelo e migrazione sono le principali forze che modellano l'evoluzione delle resistenze. Questa interpretazione probabilmente può essere estesa ad altri sistemi patologici fungini e a fungicidi aventi modi d'azione differenti da quello dei fungicidi analoghi delle strobilurine.