

Assemblaggio ibrido e genomica comparative di tre isolati di *Gnomoniopsis castaneae*

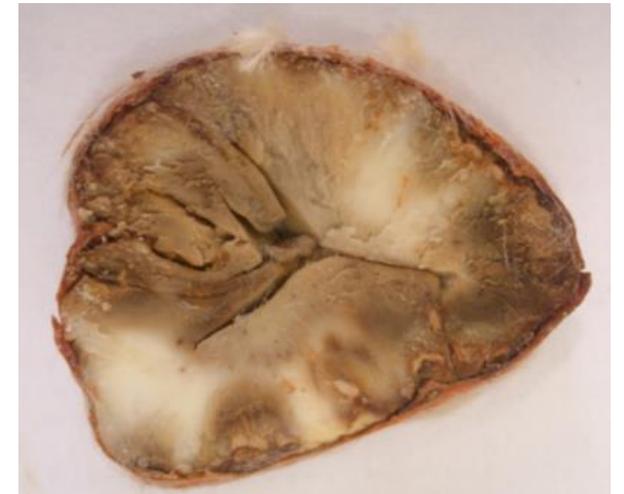
^{1*}Turco S., ¹Drais M.I., ²Bastianelli G., ²Morales-Rodriguez C.,
³Gonthier P., ²Vannini A., ¹Mazzaglia A.

¹Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali, Università degli Studi della Tuscia, via S. Camillo de Lellis snc, 01100 Viterbo, Italia;

²Dipartimento per l'innovazione nei sistemi biologici, agroalimentari e forestali, Università degli Studi della Tuscia, via S. Camillo de Lellis snc, 01100 Viterbo, Italia;

³Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, Università degli Studi di Torino, Largo Braccini 2, 10095 Grugliasco, Italia.

E-mail: *silvia.turco@unitus.it



Gnomoniopsis castaneae: il caso studio

G. castaneae (sin. *G. smithogilvyi*) è il fungo responsabile del marciume bruno delle castagne. Attualmente segnalato in Europa, Australasia, Centro e Nord America, in Italia ha causato perdite alla produzione che in alcune annate hanno raggiunto picchi del 60-70%.

Per capire meglio i meccanismi genetici, endofitici e patogenici del fungo, in questo studio abbiamo sequenziato e assemblato per la prima volta il genoma di tre diversi isolati: l'ex typus italiano MUT-401, un secondo isolato italiano MW494885 (LN) e un isolato neozelandese ICMP 14040 (NZ).



Combinando i vantaggi delle tecniche di sequenziamento Illumina (con reads corte) e Oxford Nanopore (read lunghe), siamo riusciti ad assemblare quasi completamente i tre genomi con un N50 di 4 Mb e una lunghezza media di 39.5 Mb.



Blocchi di sintenia individuate da Sibelia e visualizzati con Circos

