

Филогеномика грибов класса *Leotiomyces* О.Е. Ericsson & Winka, основанная на ANI

¹Василенко О.В., ¹Кочкина Г.А., ¹Иванушкина Н.Е., ²Малов В.О., ³Логачева М.Д.,
¹Озерская С.М.

¹Отдел ВКМ ФИЦ ПНЦБИ РАН, Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина, г. Пущино

²Факультет биотехнологии МГУ им. Ломоносова

³Лаборатория эволюционной геномики ФББ МГУ им. Ломоносова; ovasilenko@gmail.com

Класс *Leotiomyces* — это один из крупнейших по известному биоразнообразию классов царства грибов. В нем имеются крупные таксономические группы, выработавшие стратегии выживания в экстремальных условиях. Ключом к пониманию путей их приобретения, а также систематической структуры является естественная и объективная модель эволюции - филогенетическое дерево. Наиболее надежными являются деревья, построенные на основе анализа большого объема нуклеотидных последовательностей, в идеале - всего генома. Дистантные деревья, основанные на попарном сравнении геномов, в отличие от других, требующих мультилокусного тотального выравнивания, менее требовательны к качеству геномных сборок, поэтому могут использовать наиболее репрезентативные выборки геномов. Мы вправе предложить свой вариант филогеномной модели класса *Leotiomyces*, так как для него уже имеется в открытом доступе более полутора сотен полногеномных сборок, более 20 из которых получено с нашим участием, а также мы первыми в мире начали применять вычисление ANI для грибов в таксономических интересах.

Цель работы - построить на основе наиболее быстрого из корректно работающих алгоритмов - FastANI - дистантное филогеномное дерево класса *Leotiomyces* и выявить характерные для таксонов различного ранга относительные межгеномные дистанции (ОМД). Мы первыми на деле совершаем попытки такого рода в микологии, хотя в бактериологии для таксонов видового ранга критерии существуют и обновляются (Chun et al., 2018). Необходимость использования для грибов и других эукариот в ближайшей перспективе подхода, основанного на ОМД, в 2018 году декларировали пока в виде планов на ближайшее будущее представители NCBI, США (Ciuffo et al., 2018). Мы использовали имеющиеся в базе GenBank полногеномные сборки, относящиеся к данному классу; а также секвенировали восемь новых на платформе Illumina, а три из них дополнительно и на Oxford Nanopore. ОМД вычисляли на основе т.н. показателя средней нуклеотидной идентичности (FastANI, Chirag et al. 2018).

Результаты исследования. Полученные данные позволяют оценить особенности внутривидовой дисперсии значений ОМД у грибов. Проведено также сравнение по критерию конгруэнтности деревьев, построенных по выравниванию геномного масштаба и по таблице ОМД, вычисленной при разных настройках FastANI-метода. Проблема "вырождения" ОМД при увеличении эволюционной дистанции существует и в качестве решения не может автоматически использовать подход, имеющийся для прокариот. В дальнейшем мы будем все вновь появляющиеся геномы присоединять к "нашему" дереву, актуализируя его. Более общие закономерности применения ANI для филогеномики грибов можно изучить, выйдя за пределы данного класса, на более существенной статистике, и это неизбежный будущий тренд, так как его планирует формировать GenBank (NCBI, США; Ciuffo et al., 2018).

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 18-04-01347.