

IX Congresso Brasileiro de Micologia 24 a 27 de Junho de 2019







ANAIS 2019









Presidente da República

Jair Messias Bolsonaro

Ministro da Ciência, Tecnologia, Inovações e Comunicações Marcos Cesar Pontes

Diretora do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia Antonia Maria Ramos Franco Pereira



IX Congresso Brasileiro de Micología 24 a 27 de Junho de 2019

ANAIS 2019

Editores

Maria Aparecida de Jesus, Ani Beatriz Jackisch Matsuura, Luadir Gasparotto, Liliane Coelho da Rocha e Luiz Antonio de Oliveira



MANAUS 2019

Copyright © 2019 - IX Congresso Brasileiro de Micologia -CBMy 2019

Todos os direitos reservados. Nenhuma parte desta obra pode ser reproduzida, arquivada ou transmitida, em qualquer forma ou por qualquer meio, sem permissão escrita da organização do evento.

Edição Técnica

Maria Aparecida de Jesus, Ani Beatriz Jackisch Matsuura, Luadir Gasparotto, Liliane Coelho da Rocha, LuizAntonio de Oliveira

Revisão Técnica

Maria Aparecida de Jesus, Luadir Gasparotto, Ani Beatriz Jackisch Matsuura

Diagramação

Alisson Amorim Siqueira

Editora INPA Editor:

Mario Cohn-Haft.

Produção editorial:

Rodrigo Verçosa, Shirley Ribeiro Cavalcante, Tito Fernandes.

Bolsistas:

Alan Alves, Luiza Veloso, Mariana Franco, Mirian Fontoura, Neoliane Cardoso, Stefany de Castro

As fotos dos fungos da capa dos anais foram as selecionadas no concurso de fotografía "Maria Eneyda Pacheco Kauffman Fidalgo"

Todos os resumos foram reproduzidos no anaisde cópias fornecidas pelos autores e o conteúdo dos textos é de exclusiva responsabilidade dos mesmos. A organização do referente evento não se responsabiliza por consequências decorrentes do uso de quaisquer dados, afirmações e/ou opiniões inexatas ou que conduzam a erros publicados nos resumos. É de inteira responsabilidade dos autores o registro dos trabalhos nos conselhos de ética de uso de animal (CEUA, Conselho de Ética em Pesquisa (CEP) e a Lei da Biodiversidade Brasileira Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado (SisGen).

C749 Congresso Brasileiro de Micologia (9. : 2019 : Manaus : AM)

Anais [recurso eletrônico] / IX Congresso Brasileiro de Micologia, 24, 25,

26, 27 jun em Manaus, AM. – Manaus: Editora INPA, 2019.

6.343 KB : il. color.

ISBN: 978-85-211-0198-7 (on-line)

1. Anais – Congresso. 2. Iniciação Científica SIG. 3.Micologia. I. Título.

CDU: 582.28 CDD: 589.2



Editora do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia

Av. André Araújo, 2936, Petrópolis

Cep: 69067-375 Manaus - AM, Brasil

Tel: 55 (92) 3643-3223

www.inpa.gov.br | e-mail: editora@inpa.gov.br

FUNGOS DA AMAZÔNIA: GENOMA COMPLETO E EDIÇÃO DE GENOMA VIA CRISPR-CAS9

SILVA, Gilvan Ferreira¹; FERNANDES, Joelma dos Santos¹; MACHADO, Ana Karla²; YAMAGISHI, Michel Eduardo Beleza³; KING, Robert²; URBAN, Martin²; Hanada, Rogerio Eiji⁴; PERREIRA, José Odair⁵; PFENNING, Ludwig Heinrich⁶; KIM, O´DONNELL, Kerry⁷; Hammond-Kosack²

Email para correspondência: gilvan.silva@embrapa.br

Fusarium decemcellulare é o agente causal do superbrotamento em guaranazeiro, uma das principais doenças da cultura no Amazonas, podendo causar perdas de até 100% na produção. A doença apresenta diferentes sintomas como: hipertrofia floral, hipertrofia e hiperplasia das gemas vegetativas e tumores semelhantes a galhas no caule. A ocorrência da doença durante todo o ano, aumenta a chance de dispersão do patógeno e as dificuldades de controle. Em virtude da importância deste patossistema para o guaranazeiro e visando a identificação de estratégias de controle da doença, este tabalho teve como objetivo obter e analisar genomas completos de F. decemcelluare, assim como realizar análise funcional via edição gênica de candidatos a fator de patogenicidade. A seleção dos isolados para obtenção dos genomas foi realizada por meio de análise filogenética com mais de 300 isolados de F. decemcellulare de guaranazeiro. Foram identificadas três possíveis espécies pertencentes ao complexo F. decemcellure e genoma de cada uma foi obtido com cobertura > 95% via plataforma Illumina. Para realizar análise comparativa de genomas também foram sequenciados com alta cobertura, duas linhagens homotálicas (não patogênicas). A montagem dos genomas foi realizada por meio da combinação das plataformas Illumina, PacBio e Bionano (optical mapping). Este conjunto de informações está permitindo uma maior compreensão dos possíveis mecanismos utilizados pelo patógeno para desencadear a doença. Foram identificados genes candidatos à virulência, patogenicidade e diferentes clusters gênicos, que codificam enzimas relacionadas à produção de fitormônios, indicando que o desequilíbrio hormonal provocado pelo patógeno pode ser um dos mecanimos utilizados. Para confirmação desta hipótese, análise funcional por meio de edição genênica via CRISPR-CAS9 tem sido realizada.

Palavras-chave: Fusarium decemcellulare, guaranazeiro, patogenicidade, genômica.

¹Embrapa Amazônia Ocidental, ²Rothamsted Research UK, ³Embrapa Informática Agropecuária, ⁴Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, ⁵Universidade Federal do Amazonas. ⁶Universidade Federal de Lavras, ⁷USDA.