

Análisis comparativo de dos mitogenomas de *Pseudocercospora fijensis*

Ossa Bustamante, Valeria¹; Torres Bonilla, Javier^{2,*}; Arango Isaza, Rafael³

1. Estudiante de Biotecnología. 2. Docente Facultad Ciencias de la Salud. Grupo Biociencias. I.U. Colegio Mayor de Antioquia. 3. Profesor Asociado, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín * Autor de correspondencia: javier.torres@colmayor.edu.co



Introducción

¿Qué es la sigatoka?

Enfermedad que afecta principalmente al género *Musa* generando pérdidas del 50% y 100% de la producción (1).

Es causada por *Pseudocercospora fijensis*, *P. eumusae* y *P. musae* (1). Colombia, con 49 mil ha, es el 5° país exportador de banano a nivel mundial (2).

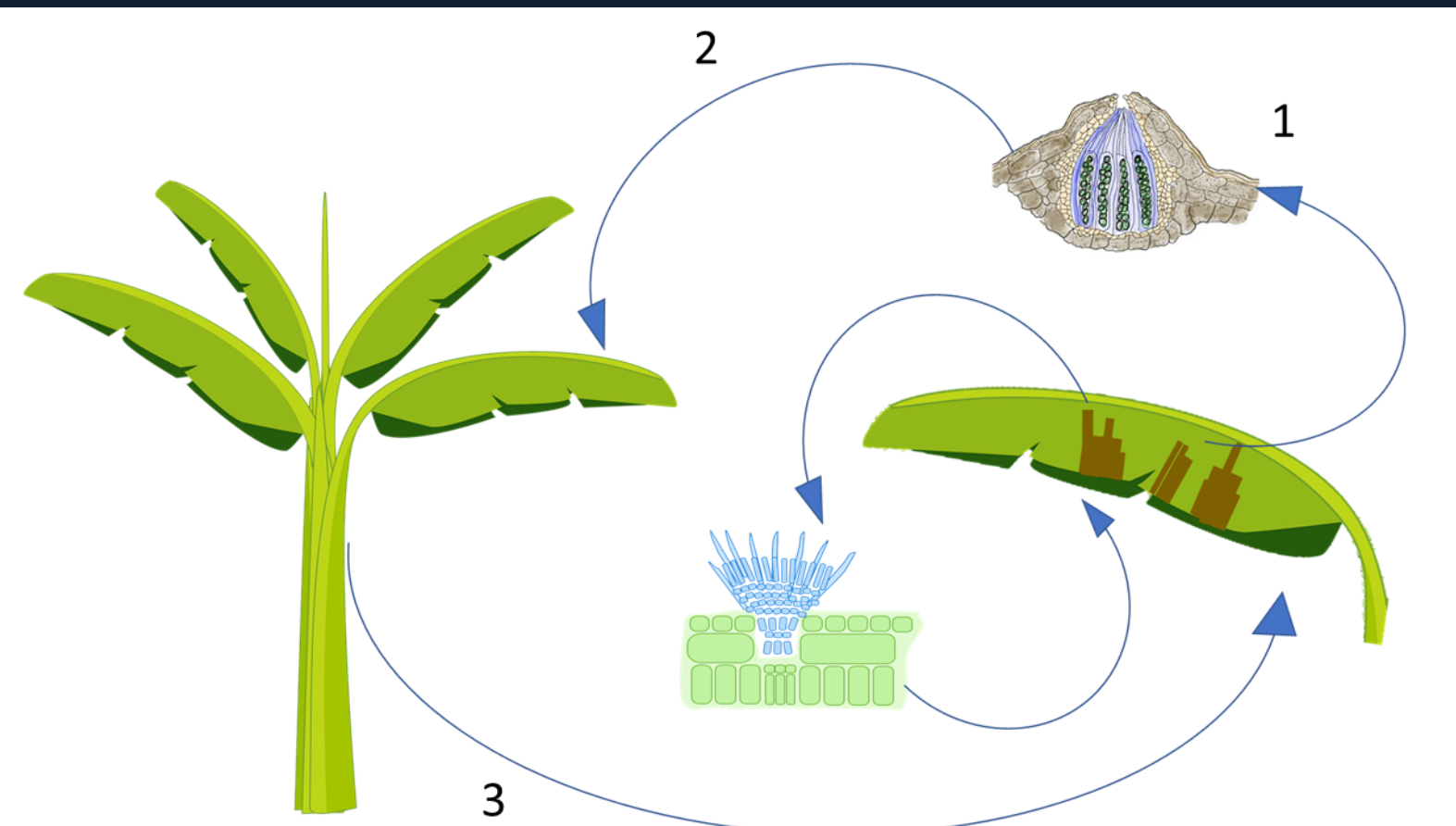
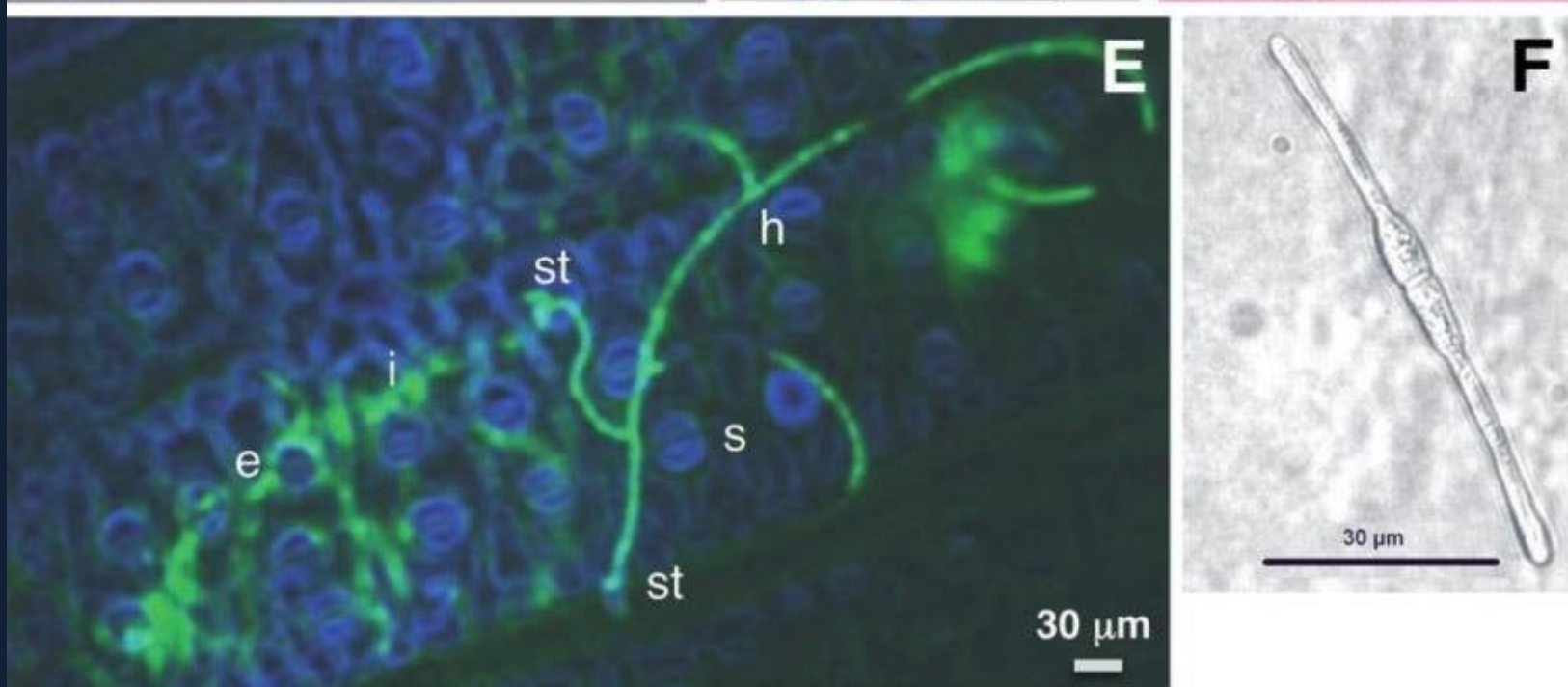
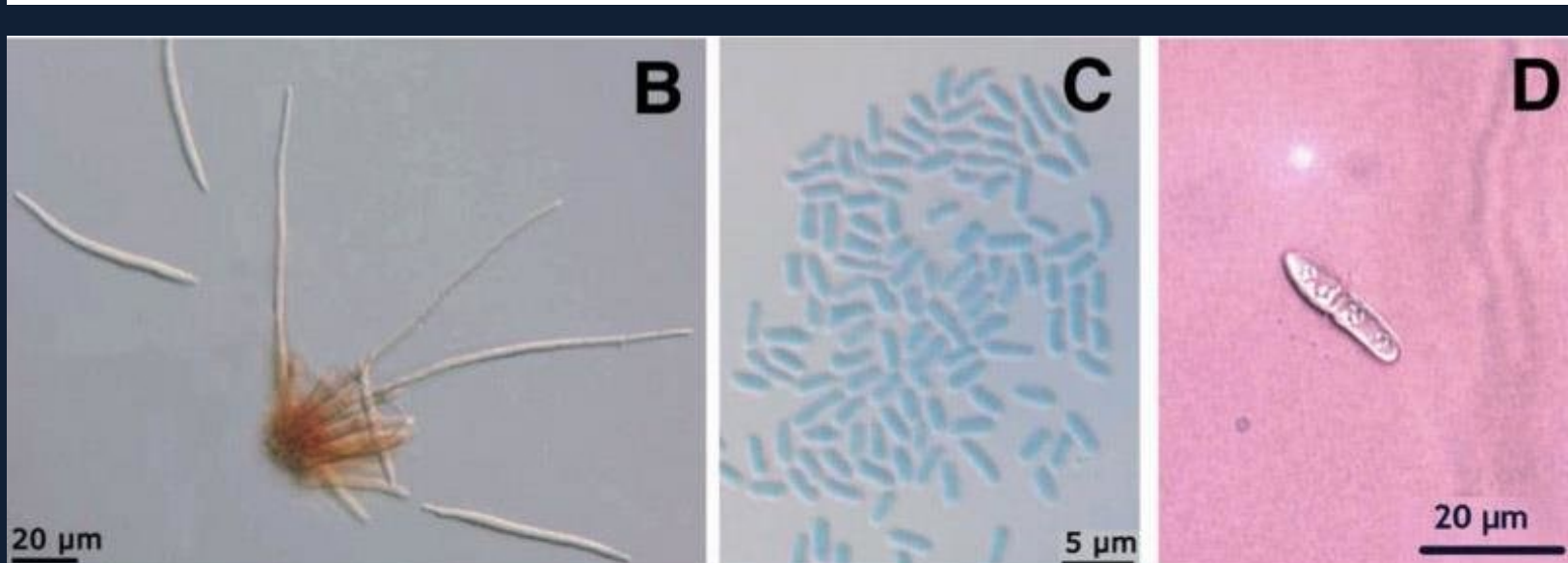


Figura 1. Ciclo de vida de *Pseudocercospora fijensis*. 1) Reproducción sexual en las hojas con síntomas y producción de ascosporas. 2) Dispersión de ascosporas a largas distancias por medio del viento hacia plantas sanas. 3) Desarrollo de síntomas en las plantas sanas. 4) Reproducción asexual por medio de conidiosporas y proceso de autoinfección en la planta enferma (3).



42 ciclos de fumigación con químicos por ciclo de producción, lo que equivale a **300 millones de dólares** en el manejo de la sigatoka. Genera **resistencia y contaminación ambiental** (4).

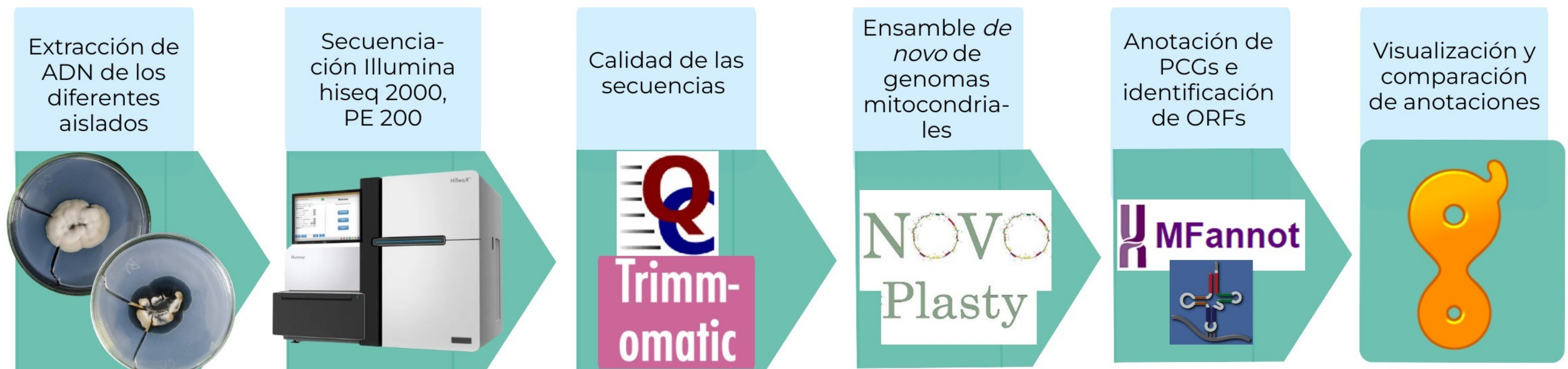


Es un **ascomiceto hemibiotrófico**, que se puede encontrar en los principales países productores de *Musa* spp. (5). El **mitogenoma** es de más o menos **74 mil pb** (6).

OBJETIVO

Analizar comparativamente dos mitogenomas de *Pseudocercospora fijensis* ensamblados *de novo*.

MÉTODOS



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tabla 1. Estadísticas del ensamble de los mitogenomas.

PARÁMETRO	MFCAM10-6	MF0810
Total contigs:	14	2
Average insert size:	366 bp	335 bp
Total reads:	146.990.130	130.204.540
Aligned reads:	4.751.612	5.425.642
Assembled reads:	4.065.416	4.728.616
Organelle genome %:	3.23%	4.17 %
Average organelle coverage:	9.737	11.124

Figura 2. Visualización de la anotación de los PCGs de A.) MFCAM10-6 y B.) MF0810.

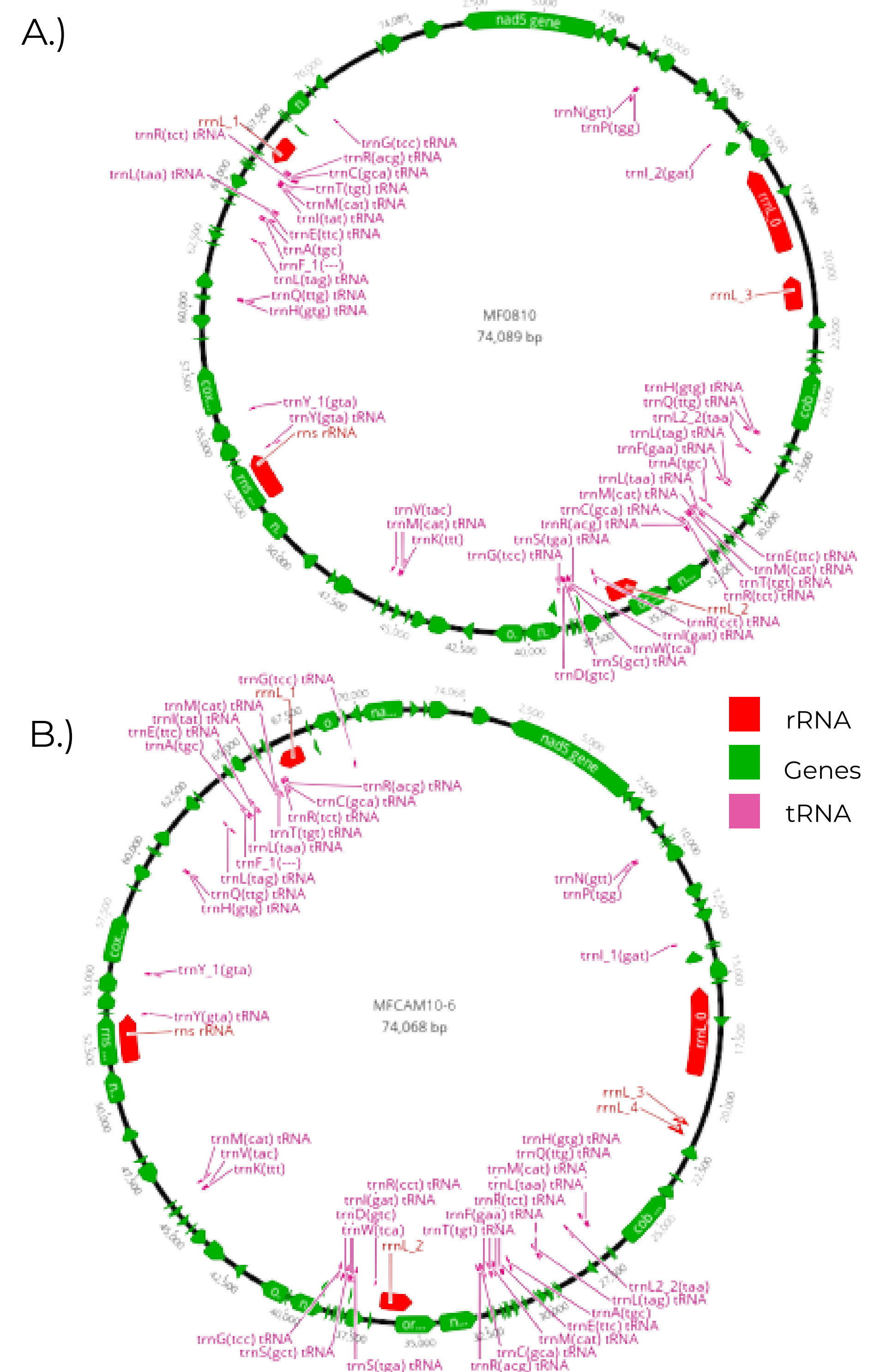
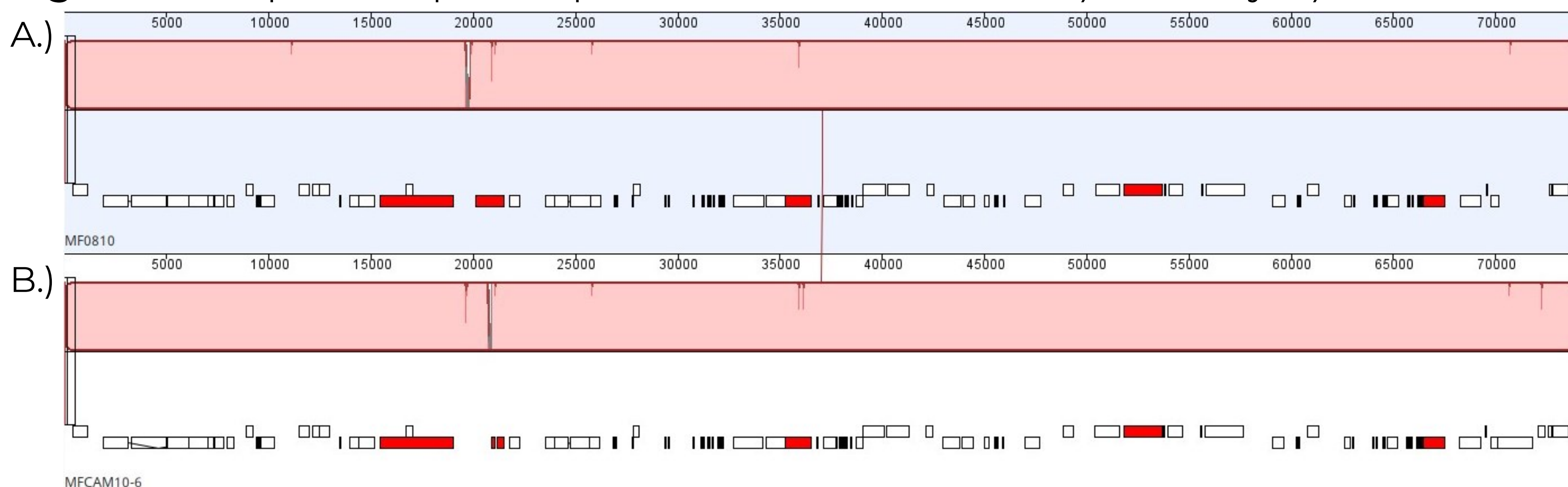


Tabla 2. Comparación de la cantidad de PCGs encontrados en las anotaciones de MF0810 y MFCAM10-6.

GENES	MFCAM10-6	MF0810
atp	5	6
tRNA	43	43
rRNA	6	5
COX	3	3
COB	2	2
NAD	5	7
GIY	4	3

Figura 3. Comparación por bloques de las anotaciones de A.) MF0810 y B.) MFCAM10-6



CONCLUSIONES

La diferencia en la cantidad de genes determinados pueden indicar reordenamientos y adaptaciones del organismo. Es importante conocer el patógeno para desarrollar nuevas dianas para el manejo y control de la enfermedad.

Referencias

