Melhoramento Genético do Mamoeiro UENF/CALIMAN: estratégias de melhoramento e desenvolvimento de novas cultivares

Professor Dr. Messias Gonzaga Pereira
PhD Plant Breeding

22 de Setembro 2022

- Aumento de Produtividade
  - Melhoramento genético +
  - Melhoramento ambiental (manejo)

50% + 50%

- Fruteiras
  - Produtividade
  - Qualidade
    - Tamanho do fruto
    - Firmeza
    - Sabor

- Como fazer melhoramento?
  - Conhecer a cultura
  - Herança das característica
    - Tipos de cultivares
      - Híbridos
      - Variedades
      - ...

- Recursos
  - Pessoal (UENF e CALIMAN)
  - Financeiros (FINEP, CNPq, FAPERJ, CAPES)
  - Estrutura de campo (CALIMAN)
  - Estrutura de laboratório
    - Molecular
    - Genética
    - Pós-colheita
    - Fitopatologia
    - ....

Pessoal

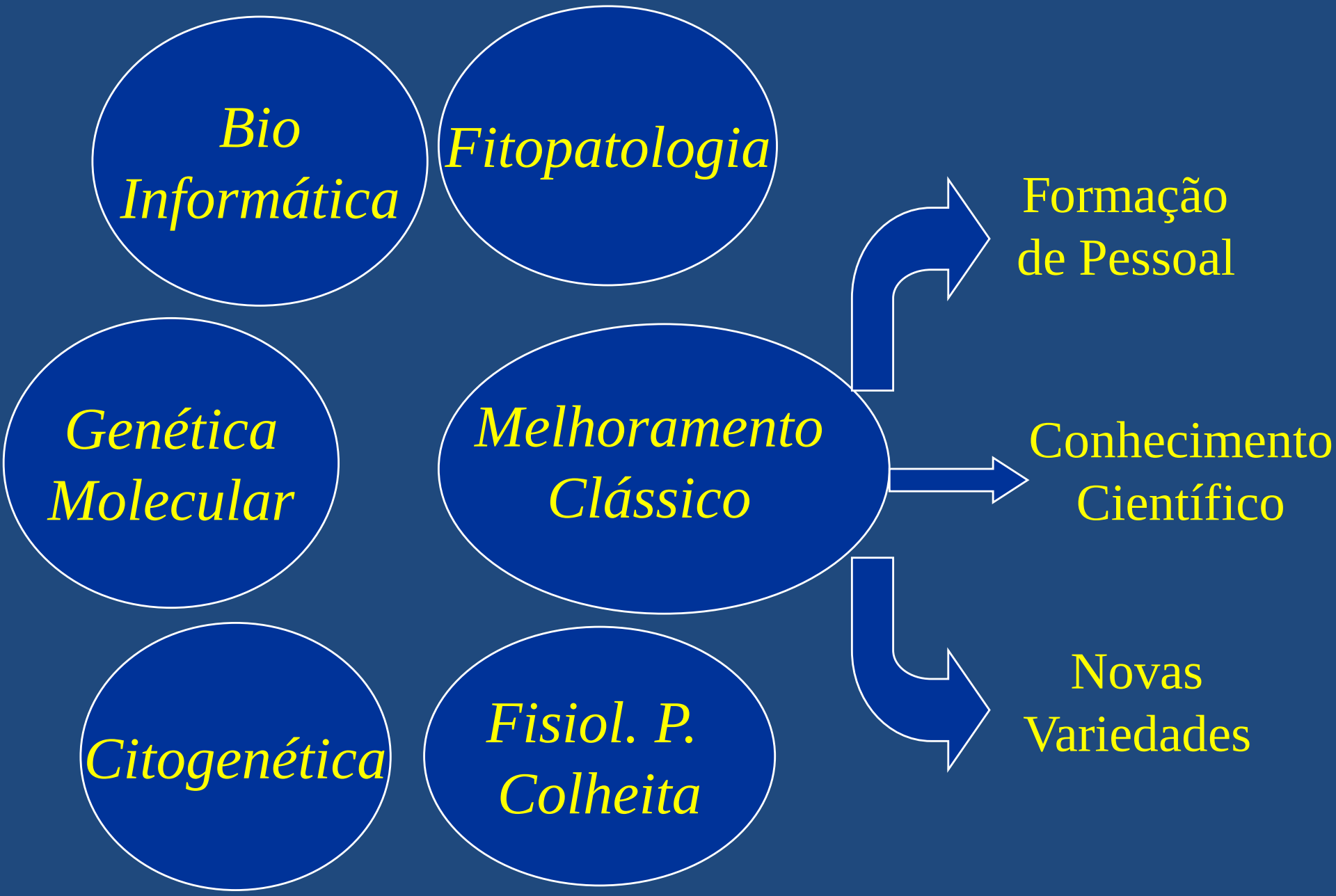
1- UENF

- Professores
- Pós doutores
- Doutorandos
- Mestrandos
- Graduandos

2- CALIMAN

- Técnicos
- Suporte

ESTRATÉGIA DE MELHORAMENTO



Solo

Formosa

Herança

Análise de gerações

Uso de testadores

Análises dialélicas

Componentes de Rendimento

Número e Peso Médio de Frutos

Componentes de Qualidade do Fruto

Firmeza de fruto
Sólidos Solúveis (Brix)

Predominantemente Aditiva e Dominância Parcial

- Viabilidade para melhoramento intrapopulacional
  - Caracteres em geral

- Viabilidade para explorar o vigor híbrido
  - Especialmente Rendimento

Melhoramento Genético do Mamoeiro:

Cruzamentos entre genótipos divergentes.

Desenvolvimento de Linhagens

Exploração do vigor híbrido

Grupos Heteróticos:

SOLO

FORMOSA

Dialelo Parcial

8 Genitores ‘Solo’

X

8 Genitores ‘Formosa’

Híbridos selecionados: (Rendimento e Qualidade)

- Sunrise Solo 72/12 × JS 12
- Sunrise Solo TJ × JS 12
- Baixinho de Santa Amália × JS 12
- Sunrise Solo TJ × JS11
- Sunrise Solo 72/12 x Costa Rica

‘UENF/CALIMAN01’

‘CALIMOSA’

Híbrido UENF/Caliman 01:

- Primeiro híbrido nacional

106

Uso de testadores

Testador ‘Solo’ (SS-72/12)
X
Genótipos ‘Formosa’

Testador ‘Formosa’ (JS-12)
X
Genótipos ‘Solo’

(UC04)

(UC03)

KS x SS

Dialelo completo

1- Existe grupo heterótico?

2- Heterose intra grupo ?

S XS versus Solo Autof.

FXF versus Formosa Autof

.

3- Viável híbrido intra grupo?

Híbrido S x S

Híbrido F x F

Grupos e Genótipos		Formosa (F)				Solo (S)			
		1	2	3	4	5	6	7	8
F	1	⊗	F x F			F x S			
	2		⊗						
	3			⊗					
	4				⊗				
S	5	S x F				⊗	S x S		
	6						⊗		
	7							⊗	
	8								⊗

Cat.	PMF	PROD	ºBrix	OBS
Solo ⊗	357	15991	11,6	
SxS	526 (47%)	26609 (66%)	11,8 (1%)	MB
Formosa ⊗	1214	31437	9,5	
FXF	1412 (16%)	41406 (32%)	10,1 (6%)	MB
PMF	786	23714	10,6	
FxS	946	34270	11,6	MB
SXF	994 (24%)	37265 (56%)	11,2 (7%)	MB

Respostas:

Viável híbrido intra grupo? SIM

Híbrido S x S

Frutos menores

Híbrido S X F

Frutos intermediários

Híbrido F x F

Frutos grandes

Híbridos de dois grupos distintos de genitores (Solo e Formosa)

UC14

Intermediários

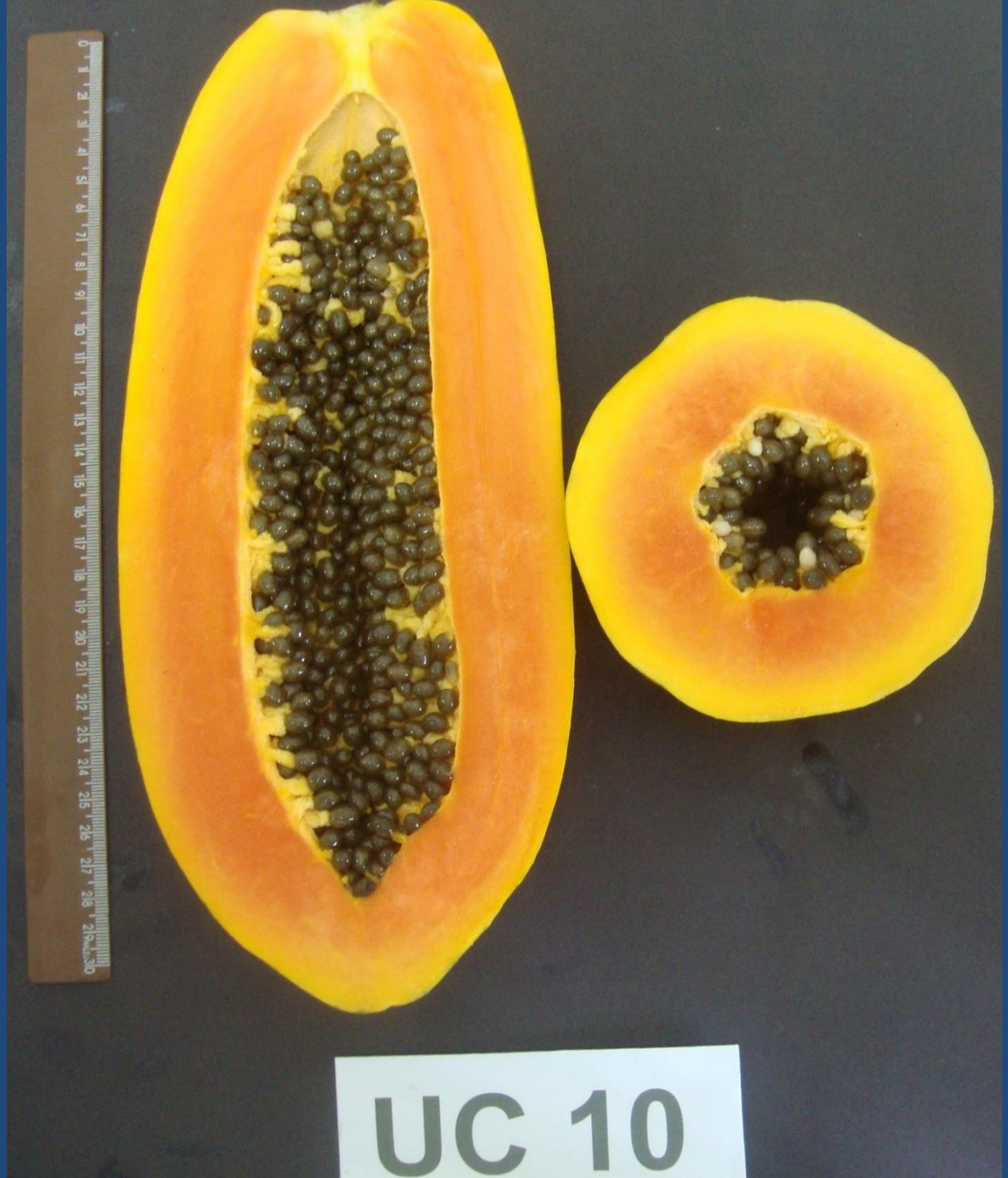
UC16

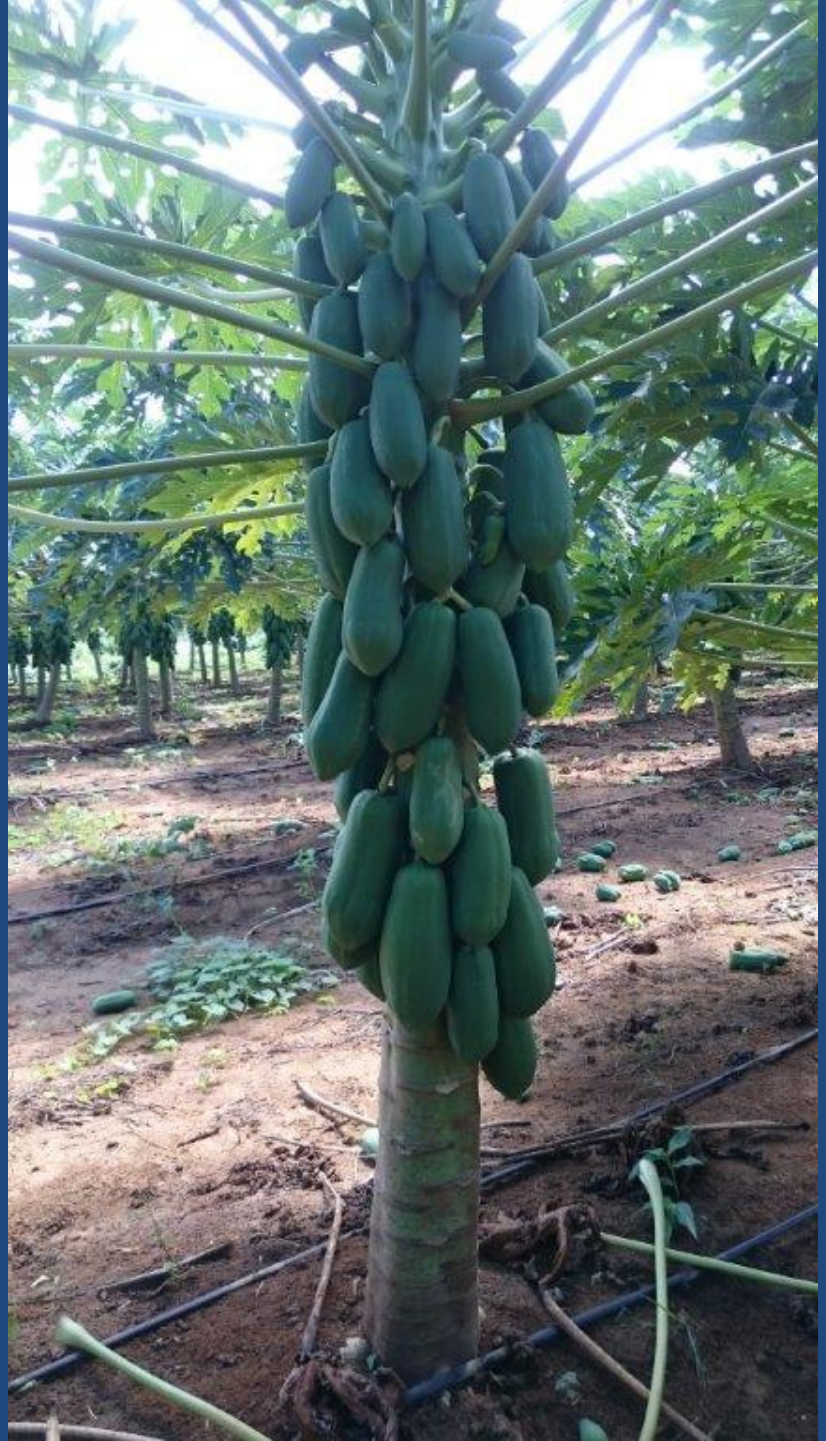
UC10 Formosa x Formosa

UC12 Formosa x Solo x Formosa

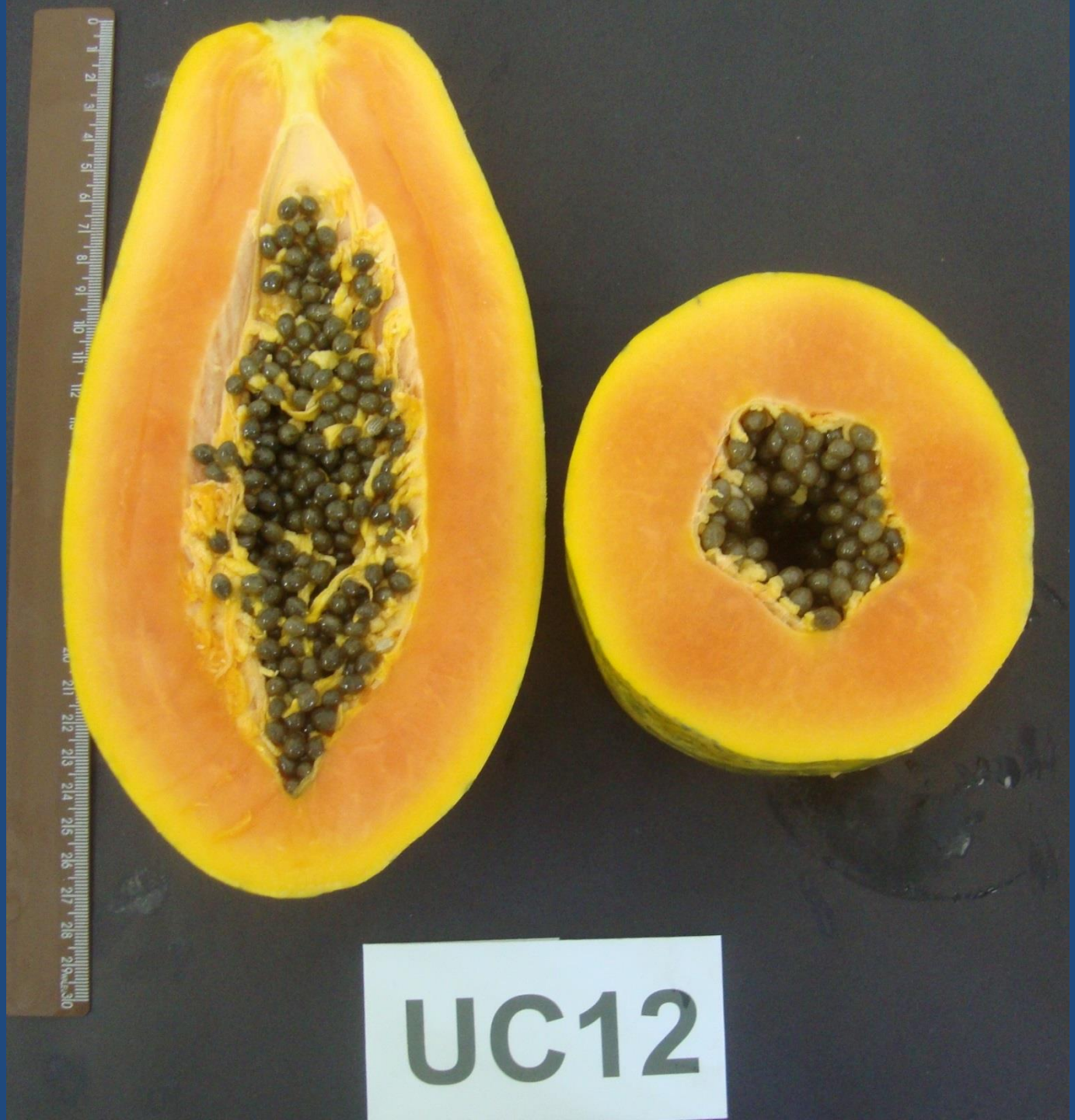
Genótipo	PMF	TSS	PROD	%
UC10	1900	9.8	260	139
UC12	1350	11.0	234	125
Tainung	1550	9.0	186	100
UC14	750	10.0	199	195
UC16	900	10.7	182	178
Golden	400	10.0	102	100

UC10


UC 10



UC12


UC12

06.04.2015 14:25

06 04 2015 14 17

UC16

UC16

642
699
749
885
765
869
320
275
413
642

Conversão sexual do Cariflora

XY^h/XX

XY/XX

XY^h/XX

Cariflora x SS 783

Pop. de retrocruzamentos RC_1, RC_2 e RC_3

Seleção de 22 linhagens

Topcross

JS12

20 híbridos

SS 72-12

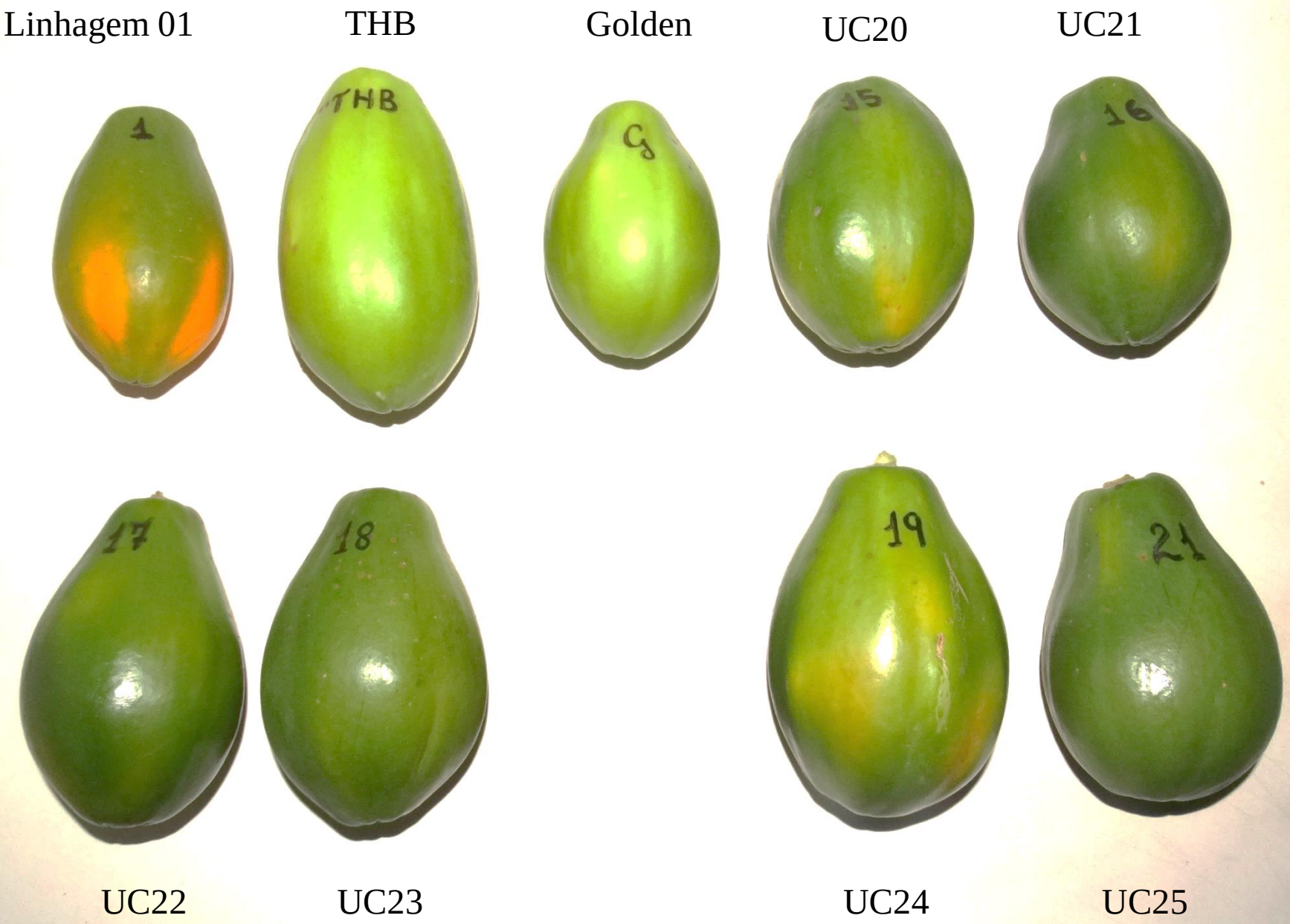
22 híbridos

Genótipo	NFC	PMF	PROD	FF	FP	TSS
Linhagem 01	89	394	34	88	70	11.2
UC27	**108**	**503**	**52**	**90**	**78**	**10.7**
UC28	**85**	**565**	**50**	**102**	**84**	**10.1**
Golden	85	352	30	79	68	9.8
Linhagem 13	72	1083	73	129	106	9,2
Hibrido 40	46	1691	81	126	100	8.9
Tainung	55	1391	76	100	85	8.6

Linhagens em destaque
Dialelo Parcial

(FRUTOS PEQUENOS)

Genótipo	NFC	PMF	PROD	FF	FP	TSS
UC20	60	292	33	113	83	11,3
UC21	47	454	39	116	81	11,8
UC22	48	534	47	105	81	10,7
UC23	52	479	45	119	85	11,0
UC24	50	441	42	114	75	11,4
UC25	50	420	39	110	77	11,4
Golden	46	286	24	102	74	10,7


Linhagem 01
THB
Golden
UC20
UC21
1
THB
G
15
16
17
18
19
21
UC22
UC23
UC24
UC25

UC20

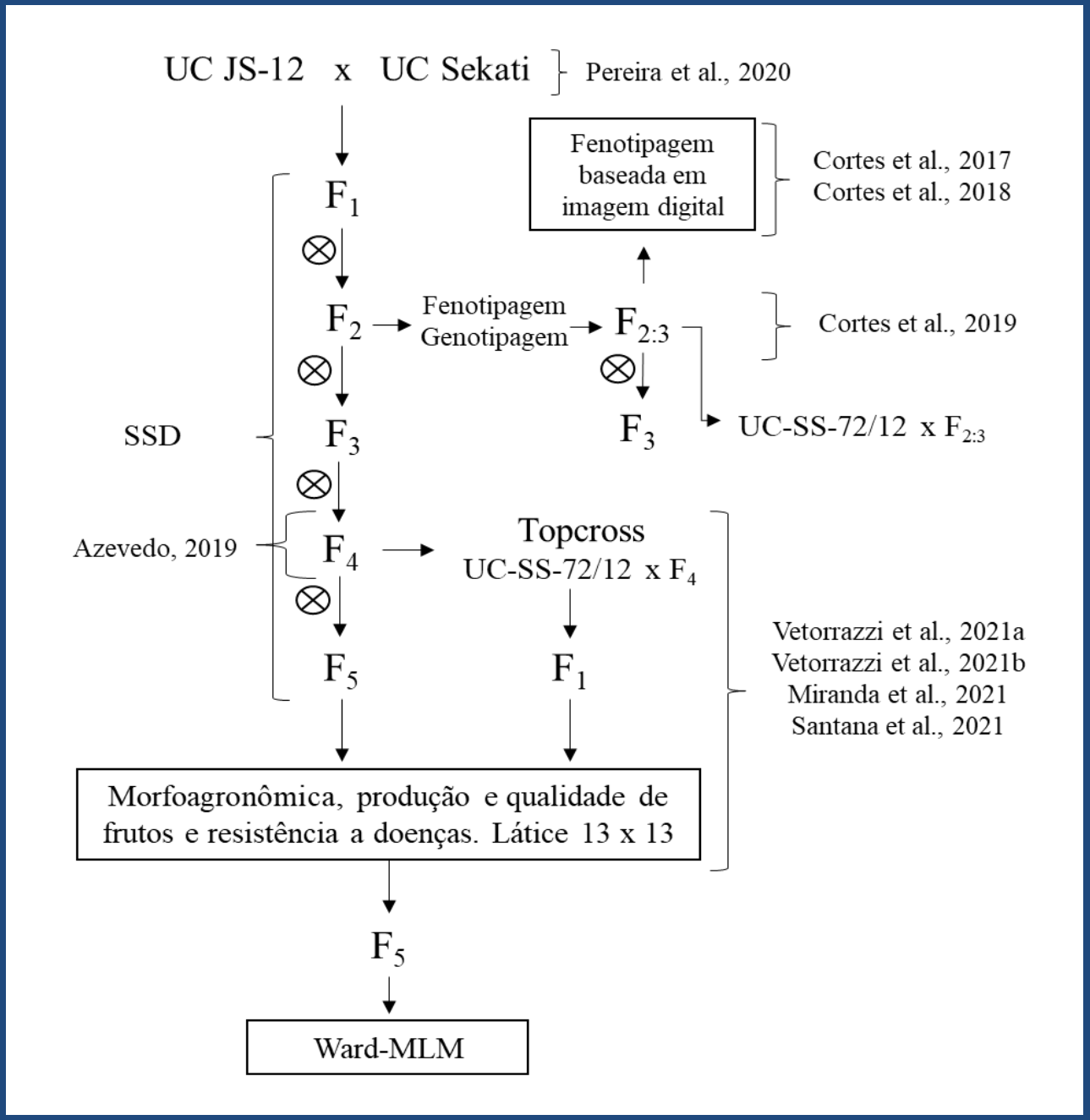
≈ 300 g

Populações Segregantes

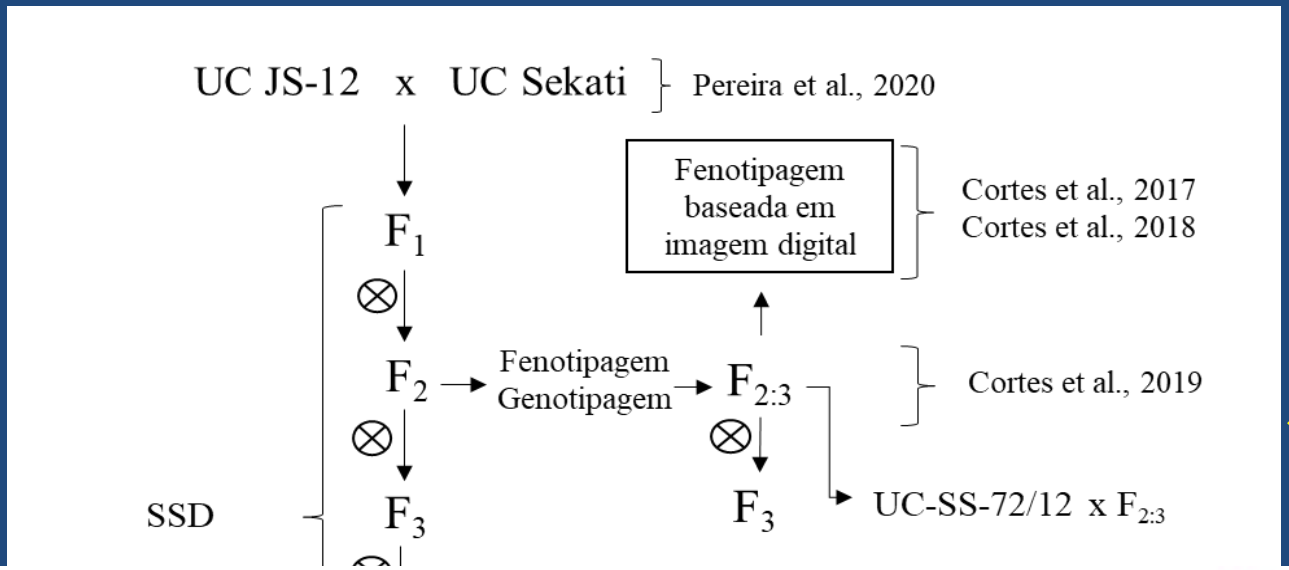
Híbridos Padrão Formosa

FRUTOS GRANDES

Cruzamento biparental e avanço de gerações



Avaliação de Famílias $F_{2:3}$



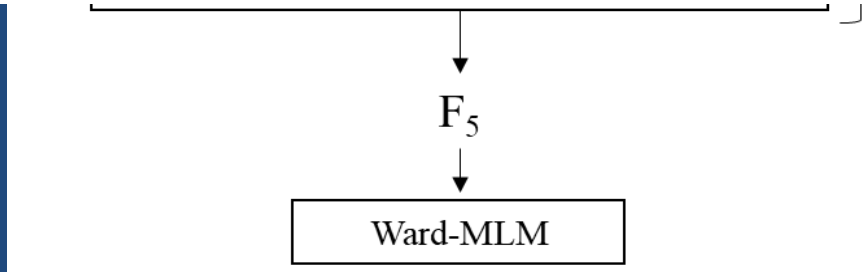
SCIENTIA AGRICOLA

DOI: http://dx.doi.org/10.1590/1678-992X-2016-0482

ISSN 1678-992X

Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping

Diego Fernando Marmolejo Cortes[1]*, Renato Santa-Catarina[1], Alinne Oliveira Nunes Azevedo[1], Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri[1], Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[1], Nádia Fernandes Moreira[1], Geraldo Antônio Ferreguetti[2], Helaine Christine Cancela Ramos[1], Alexandre Pio Viana[1], Messias Gonzaga Pereira[1]



Algumas famílias em destaque já em F_3

Produção em Kg/Planta

Ordem	Linhag.	a	Média Fenot.	Ganho	Ganho (%)	Nova Média
1	6	14,64	58,94	14,64	43,24	48,49
2	16	7,63	47,15	11,13	32,88	44,99
3	14	6,97	47,92	9,74	28,78	43,60
4	9	6,71	44,10	8,99	26,55	42,84
5	5	5,87	40,39	8,36	24,71	42,22
6	8	4,20	40,00	7,67	22,66	41,52
Média geral						33,85
Tainung						41,45

Linhagem 6 Linhagem 14 Linhagem 9

Seleção de linhagens superiores com boa capacidade de combinação

30 Famílias $F_{2:3}$ (32 plantas/Família) = 960 plantas

↓

Seleção de 6 famílias $F_{2:3}$ superiores/ 6 melhores plantas=36 plantas

↓

Top Cross

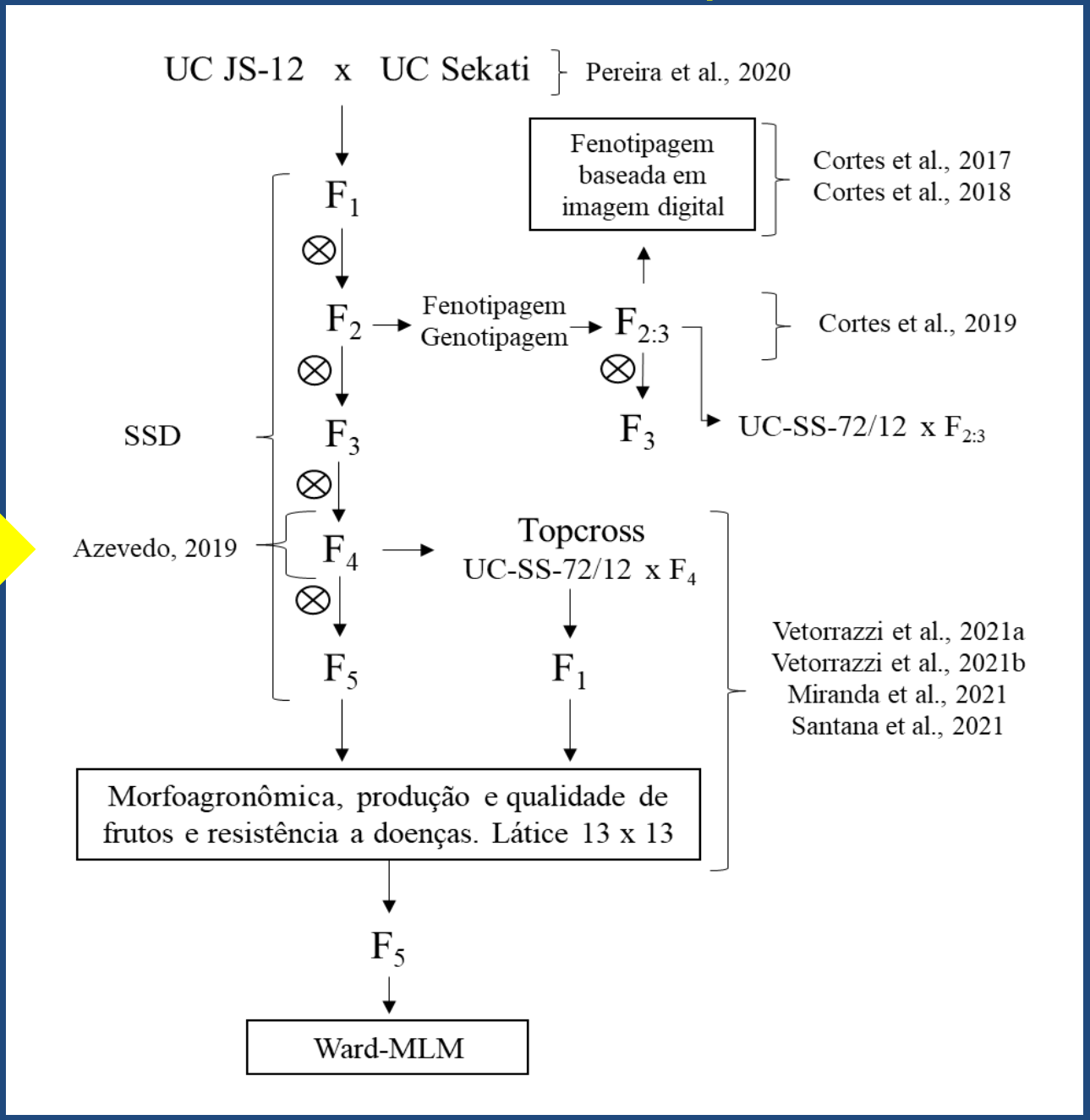
↓

Dialelo Parcial

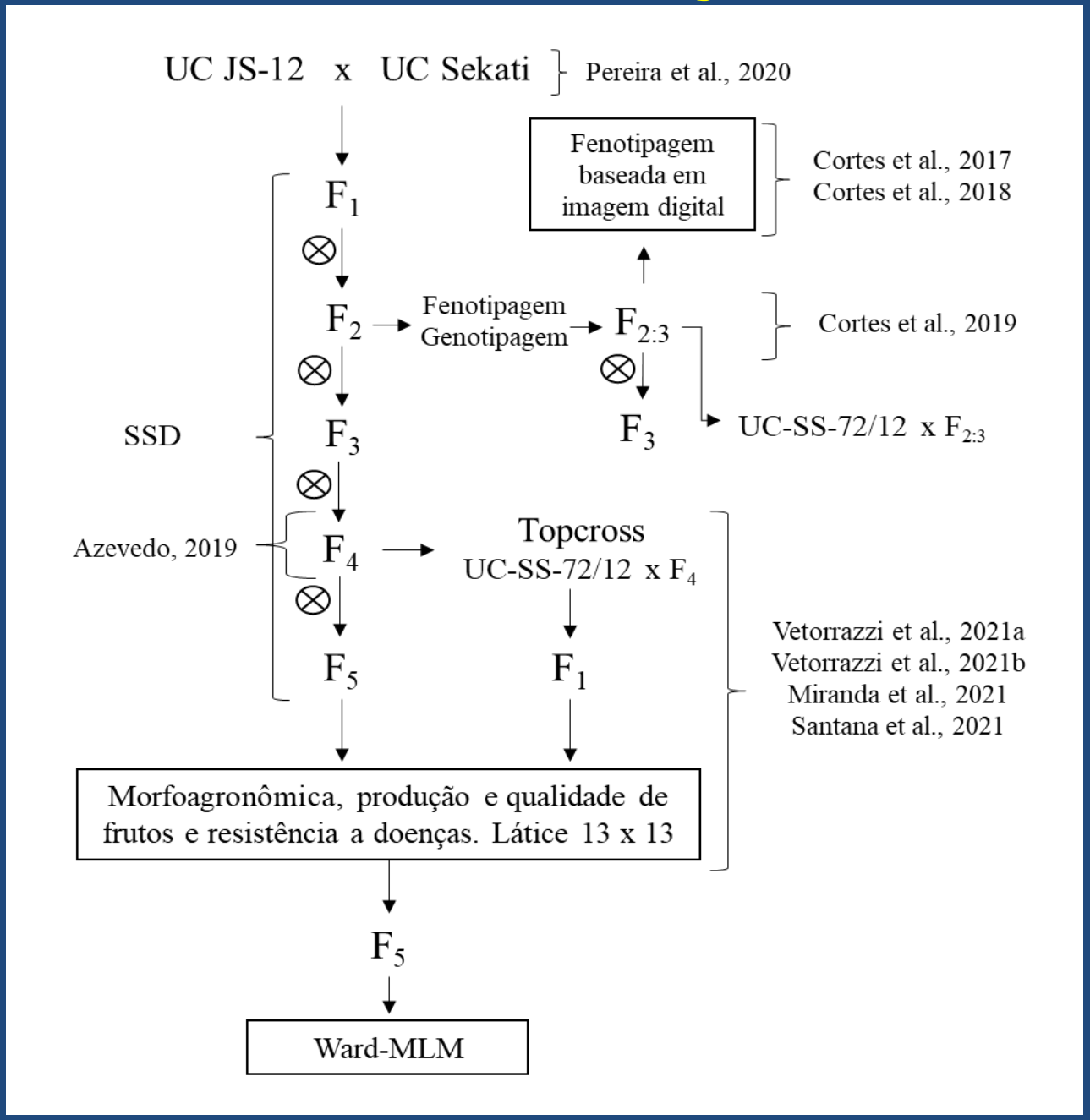
↓

Ensaio de competição (híbridos vs linhagens *per se)*

População F_4



População F_5



Genet Resour Crop Evol
https://doi.org/10.1007/s10722-021-01191-8

RESEARCH ARTICLE

Genetic diversity of papaya (*Carica papaya* L.) F_5 recombinant inbred lines using the Ward-MLM strategy

Julio Cesar Fiorio Vettorazzi · Renato Santa Catarina · Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri · Daniel Pereira Miranda · Josefa Grasiela Silva Santana · Helaine Christine Cancela Ramos · Messias Gonzaga Pereira

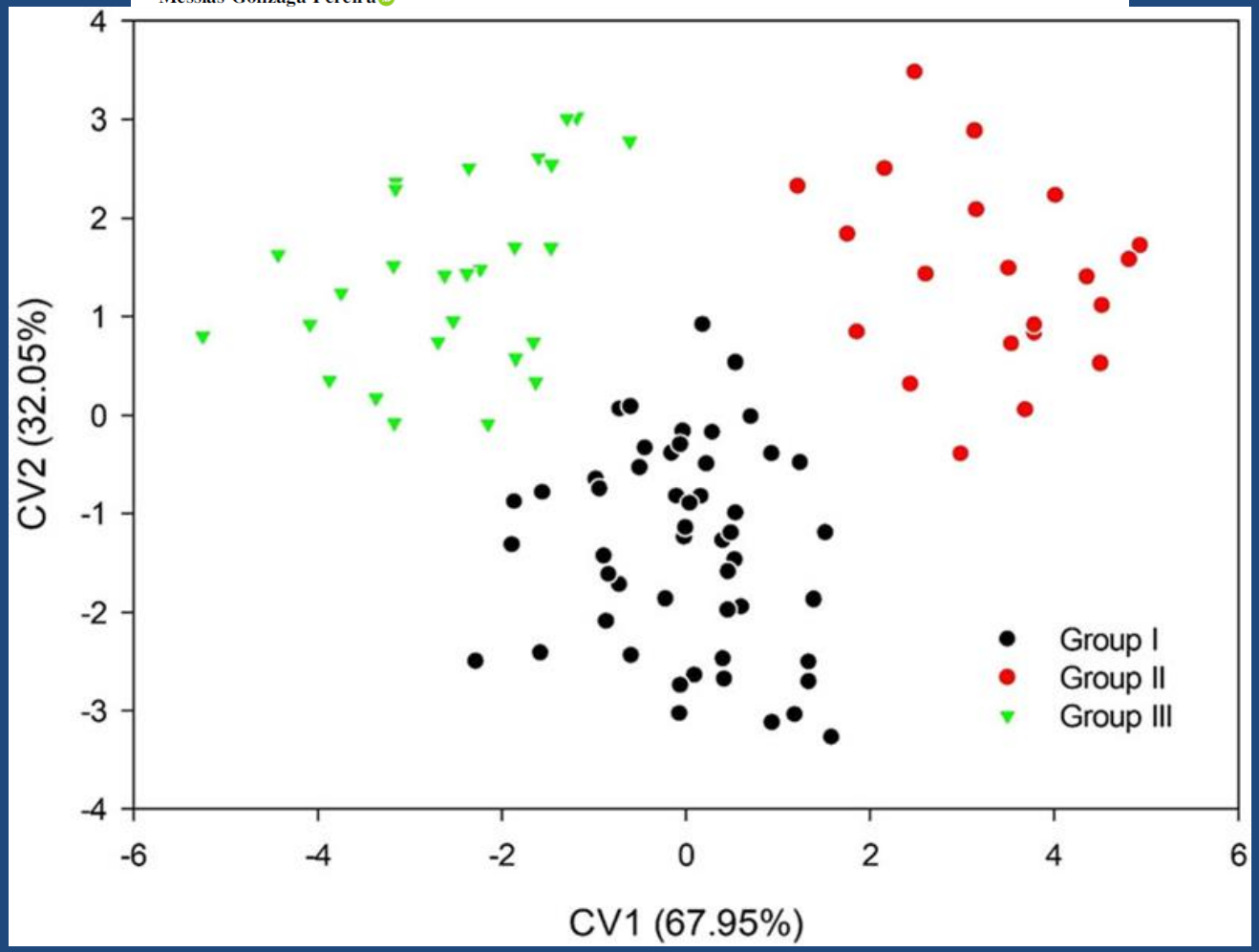
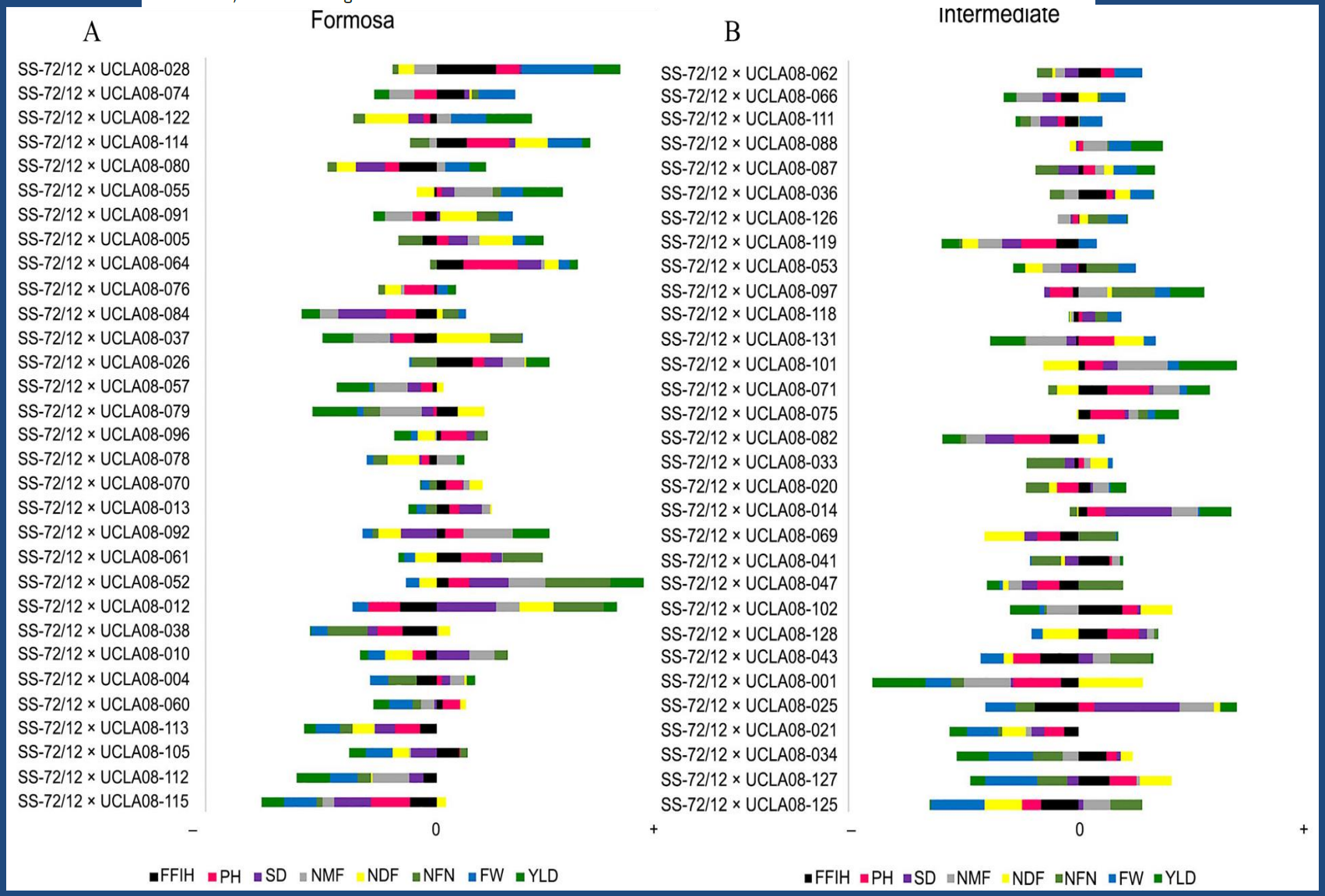


Gráfico das duas primeiras variáveis canônicas para os três grupos formados pela análise Ward-MLM em mamoeiro (Vettorazzi et al., 2021).

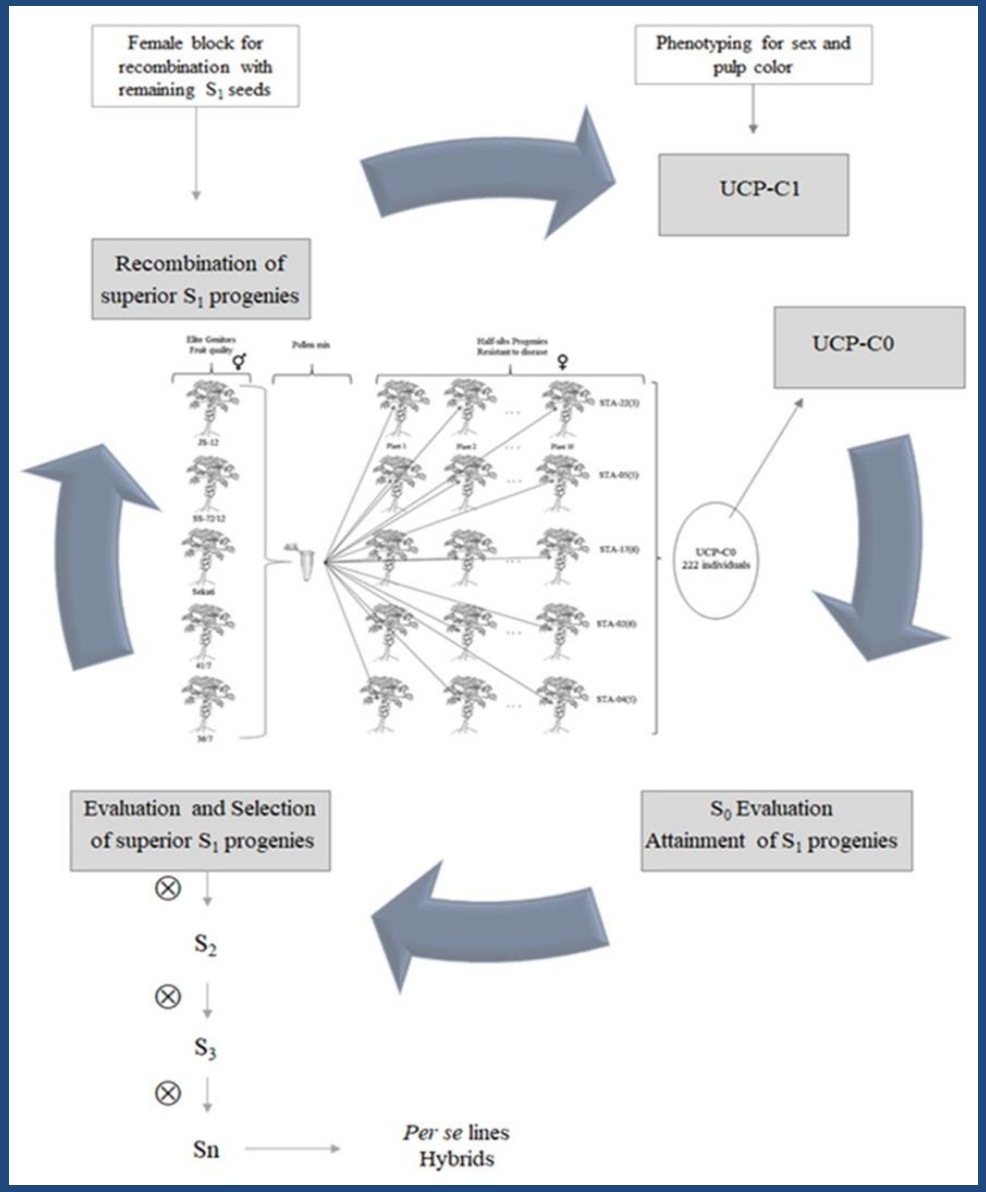
DOI: http://dx.doi.org/10.1590/1678-992X-2019-0191
ISSN 1678-992X
SCIENTIA AGRICOLA
Research Article

Combining ability of recombined F_4 papaya lines: a strategy to select hybrid combination

Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[1]*, Renato Santa-Catarina[1], Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri[1], Diego Fernando Marmolejo Cortes[2], Alinne Oliveira Nunes Azevedo[1], Daniel Pereira Miranda[1], Josefa Grasiela Silva Santana[1], Helaine Christine Cancela Ramos[1], Messias Gonzaga Pereira[1]



Seleção recorrente em mamoeiro



Variabilidade Genética

Contents lists available at ScienceDirect

Scientia Horticulturae

journal homepage: www.elsevier.com/locate/scihorti

Papaya (*Carica papaya* L.) S_1 family recurrent selection: Opportunities and selection alternatives from the base population

Renato Santa Catarina[a,*], Messias Gonzaga Pereira[a], Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[a], Diego Fernando Marmolejo Cortes[b], Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri[a], Alinne Oliveira Nunes Azevedo[a], Nádia Fernandes Moreira[a], Daniel Pereira Miranda[a], Ramon de Moraes[a], Adriana Azevedo Vimercati Pirovani[a], Helaine Christine Cancela Ramos[a], Marcelo Vivas[a], Alexandre Pio Viana[a]

Euphytica (2020)216:117
https://doi.org/10.1007/s10681-020-02655-1

Phenotypic characterization of recurrent selection S_1 Papaya (*Carica papaya* L.) families by multivariate approach

Renato Santa-Catarina · Julio Cesar Fiorio Vettorazzi · Diego Fernando Marmolejo Cortes · Josefa Grasiela Silva Santana · Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri · Daniel Pereira Miranda · Adriana Azevedo Vimercati Pirovani · Nádia Fernandes Moreira · Marcelo Vivas · Messias Gonzaga Pereira

CBAB
CROP BREEDING AND APPLIED BIOTECHNOLOGY

ARTICLE

Recurrent selection in papaya: An effective strategy for the continuous development of new cultivars

Crop Breeding and Applied Biotechnology
21(S): e381321S7, 2021
Brazilian Society of Plant Breeding.
Printed in Brazil
http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332021v21Sa20

Messias Gonzaga Pereira[1*] and Renato Santa-Catarina[1]

https://doi.org/10.1590/1678-4499.20180197

BASIC AREAS - Article

Quantification of floral abnormalities in a population generated from sexual polymorphism aiming at recurrent selection in papaya

Nádia Fernandes Moreira[1*], Telma Nair Santana Pereira[1], Renato Santa Catarina[1], Diego Fernando Marmolejo Cortes[2], Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi[1], Helaine Christine Cancela Ramos[1], Alexandre Pio Viana[1], Messias Gonzaga Pereira[1]

1.Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias - Laboratório de Genética e Melhoramento de Plantas - Campos dos Goytacazes, (RJ) Brazil.
2.Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Mandioca e Fruticultura - Cruz da Almas (BA), Brazil.

Euphytica (2021)217:188
https://doi.org/10.1007/s10681-021-02919-4

Selection for papaya resistance to multiple diseases in a base population of recurrent selection

Ramon de Moraes · Marcelo Vivas · Derivaldo Pureza da Cruz · Renato Santa-Catarina · Rafael Nunes de Almeida · Yure Pequeno de Souza · Rogério Figueiredo Daher · Alexandre Pio Viana · Messias Gonzaga Pereira

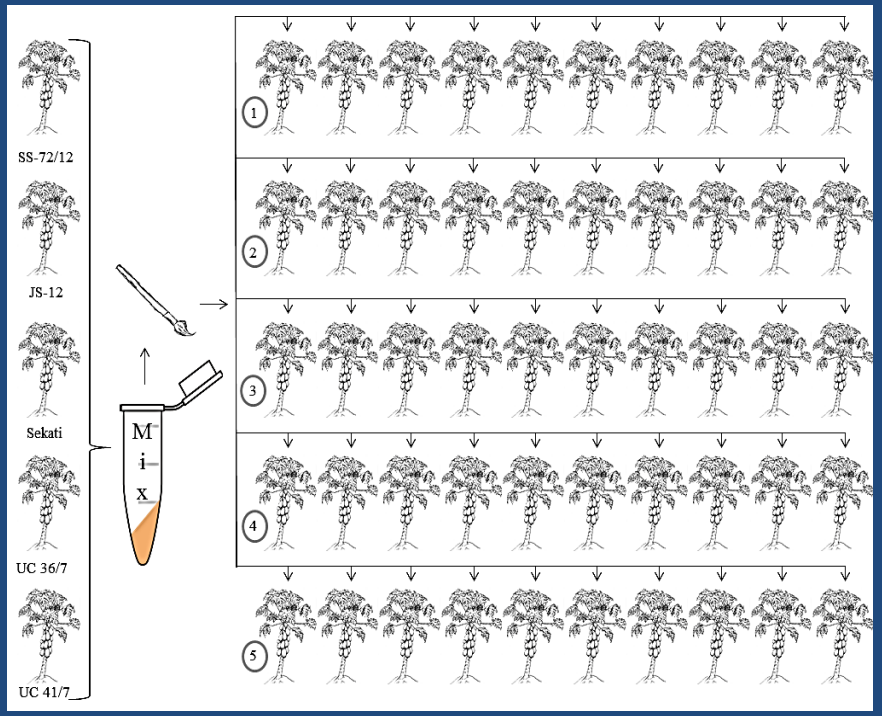
Received: 26 February 2021 | Accepted: 19 June 2021
DOI: 10.1002/agj2.20784

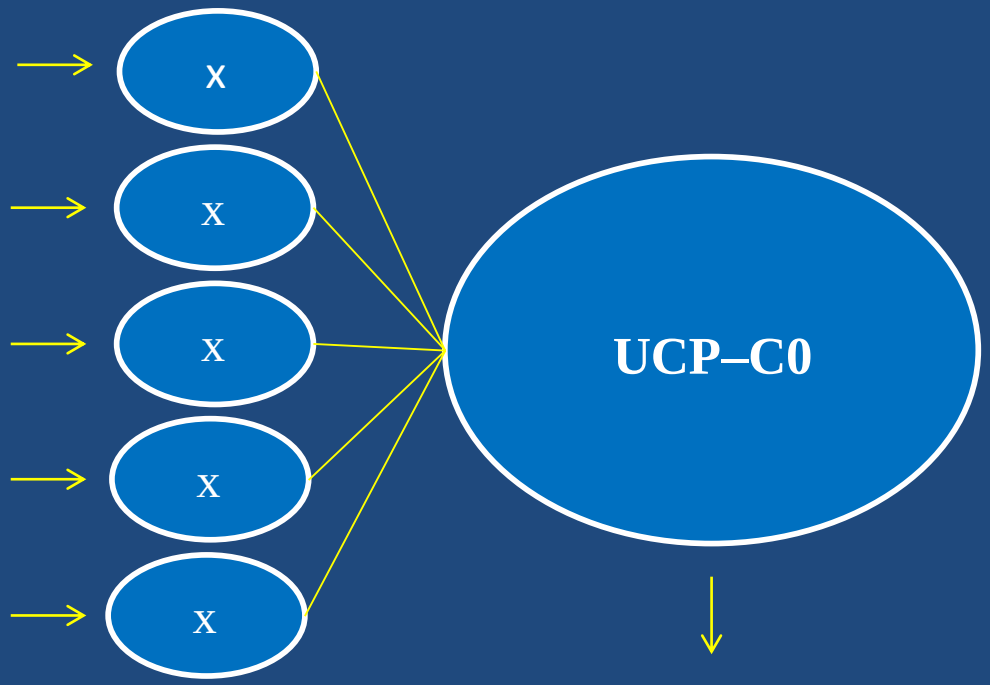
Agronomy Journal

ARTICLE
Agronomic Application of Genetic Resources

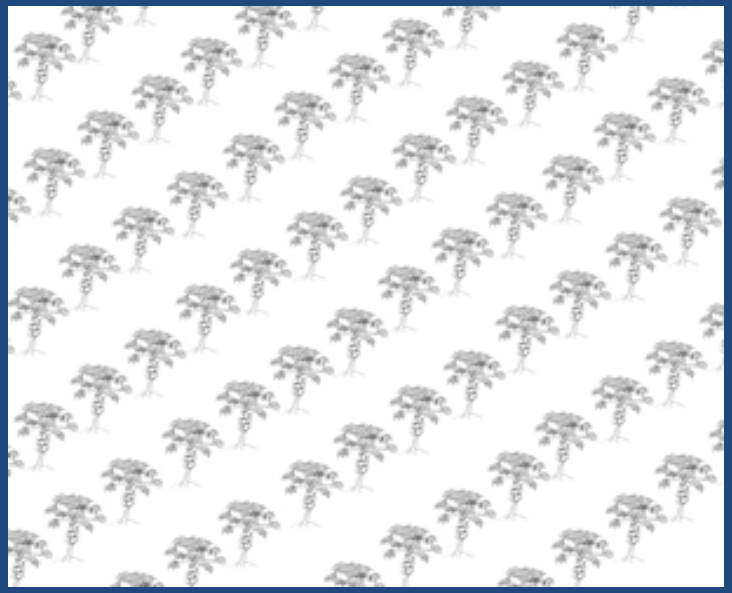
Prospection of genotypes resistant to black spot in half-sib families of papaya

José Tiago Barroso Chagas[1] | Marcelo Vivas[2] | Ramon De Moraes[2] | Helenilson de Oliveira Francelino[2] | Tiago Silva Jorge[3] | Renato Santa-Catarina[2] | Antônio Teixeira do Amaral Júnior[2] | Rogério Figueiredo Daher[2] | Messias Gonzaga Pereira[2]





1 - STA-22(3); 2 - STA-05(5); 3 - STA-17(6); 4 - STA-02(6) e 5 - STA-04(5)



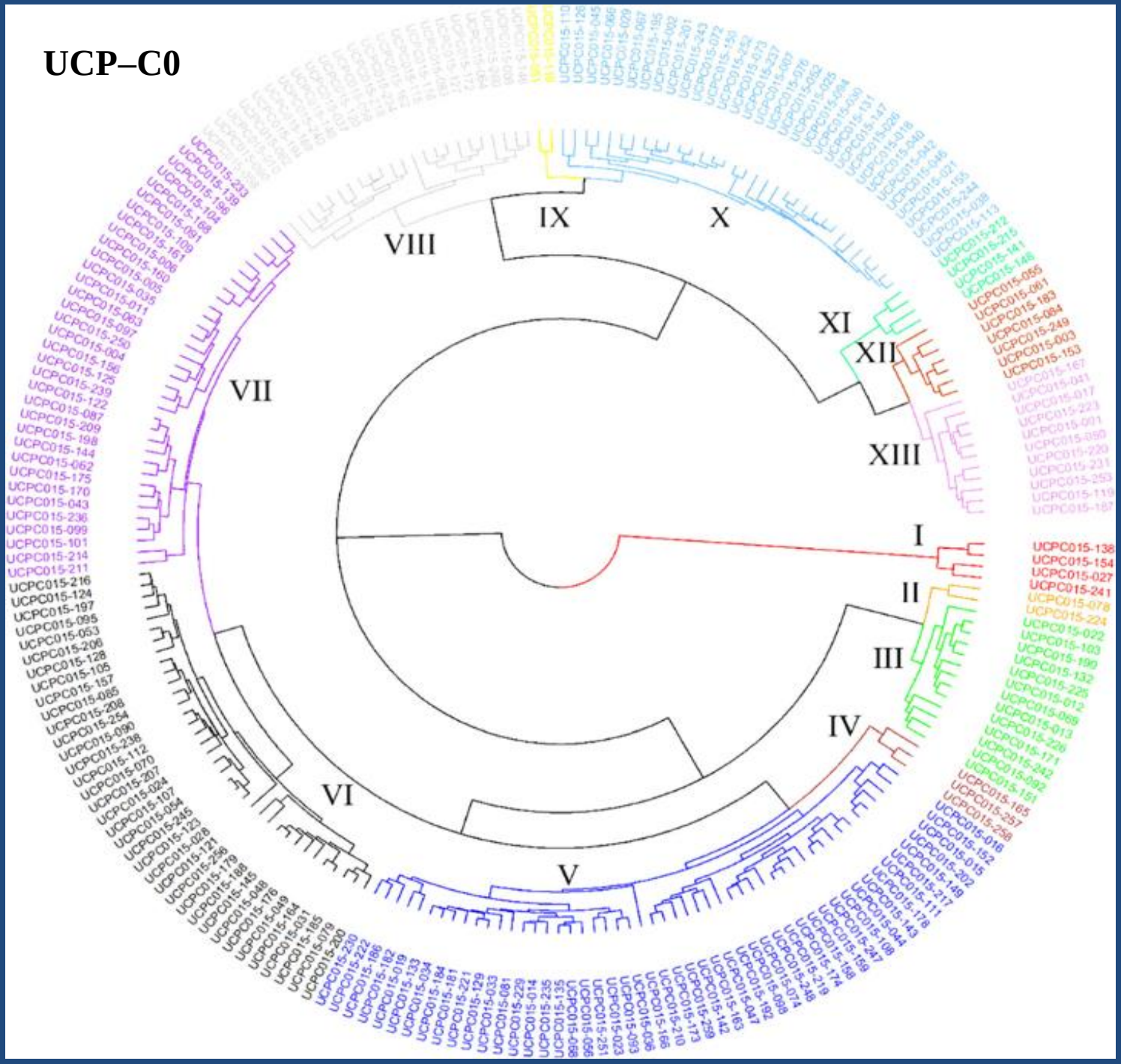
(Avaliação agronômica via fenotipagem digital)

Obtenção de 196 Progênies S_1

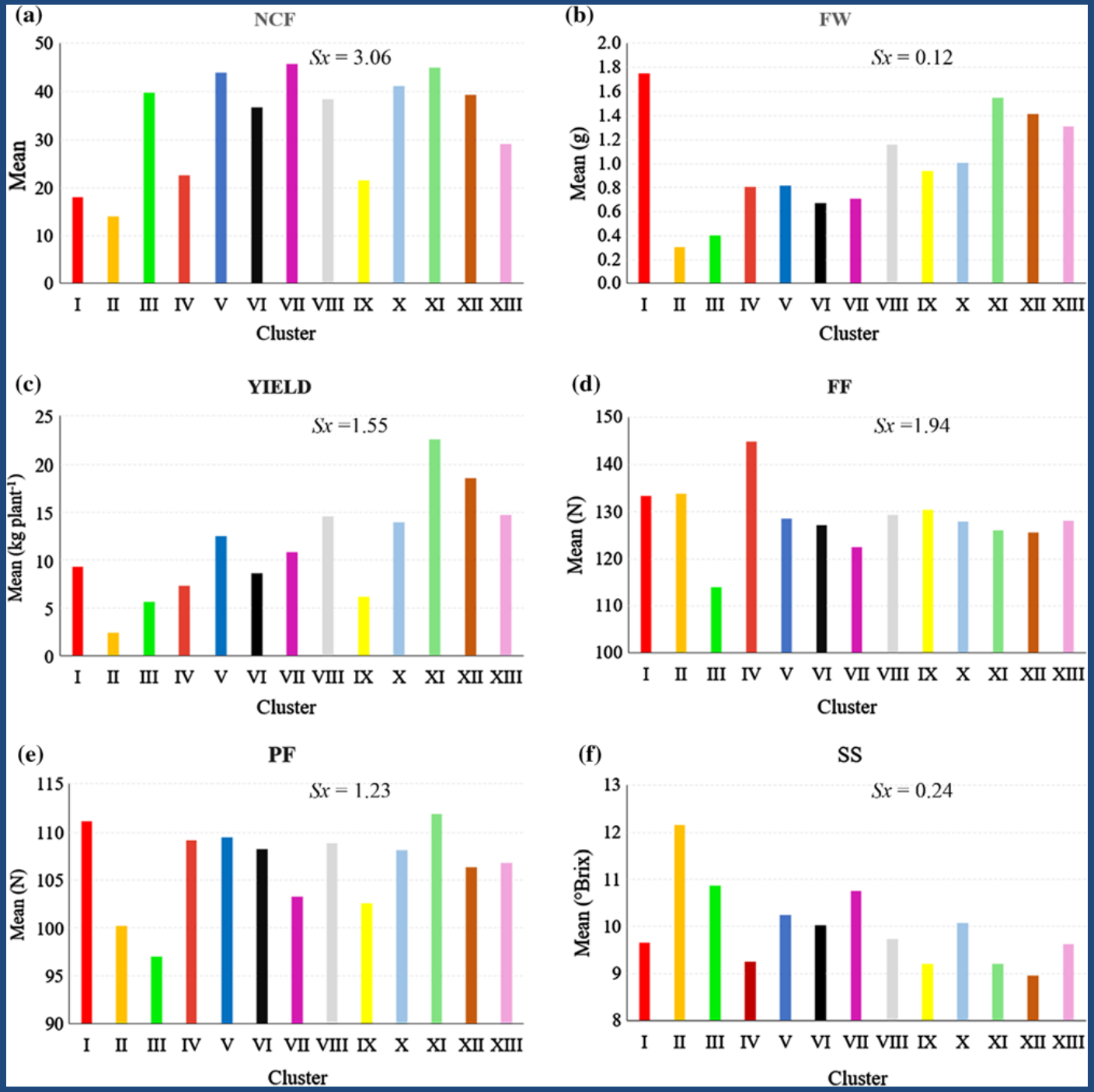
UCP–C0
(Variabilidade Genética)

	NFC	PMF	PROD	FF	FP	TSS
Média	41	863	12	127	107	10
Máximo	122	1890	36	167	133	14,9
Mínimo	6	280	1.2	77	59	5

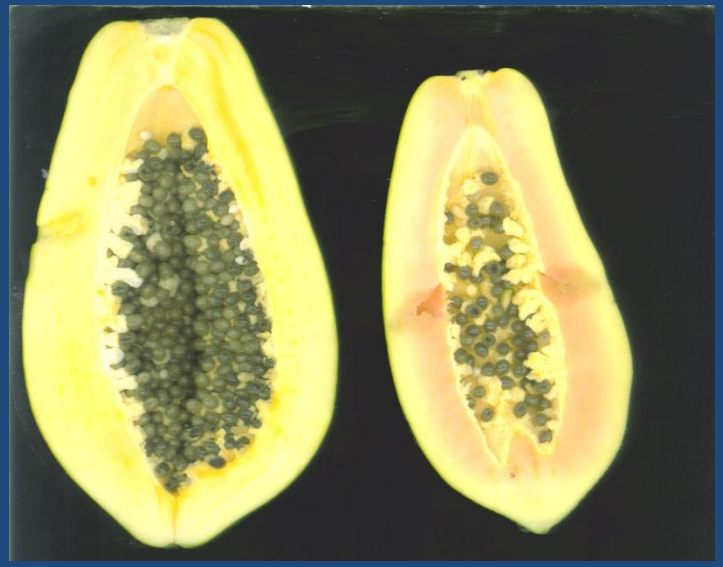
UCP–C0



UCP–C0

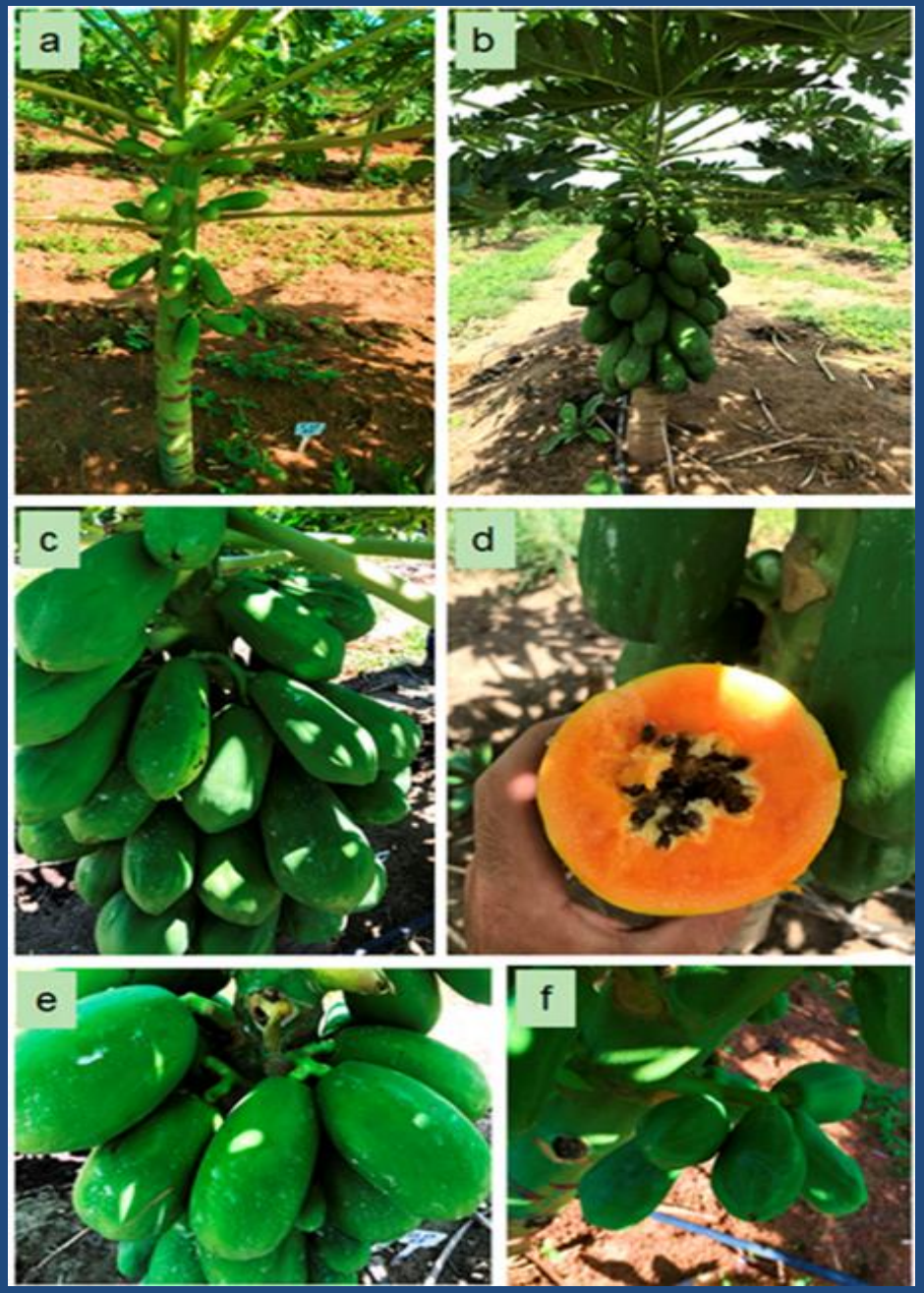

(a)
NCF
Sx = 3.06
Mean
Cluster
(b)
FW
Sx = 0.12
Mean (g)
Cluster
(c)
YIELD
Sx =1.55
Mean (kg plant-1)
Cluster
(d)
FF
Sx =1.94
Mean (N)
Cluster
(e)
PF
Sx = 1.23
Mean (N)
Cluster
(f)
SS
Sx = 0.24
Mean (°Brix)
Cluster
I II III IV V VI VII VIII IX X XI XII XIII

UCP–C0



Progênies S_1

(Selecionadas Para Recombinação)



a) progênie UCP015-061 com fenótipo de pele clara;
b) progênie UCP015-188 com baixa altura de inserção do primeiro fruto;
c) Progênie UCP015-188 com boa frutificação, três frutos por axila;
d) Fruto aberto apresentando o fenótipo laranja para a cor da polpa;
e) Progênie UCP015-015 com boa frutificação, 2 a 3 frutos em algumas axilas;
f) Progênie UCP015-226 com ótima frutificação, 4 a 5 frutos por axila (Pereira e Santa Catarina 2021).

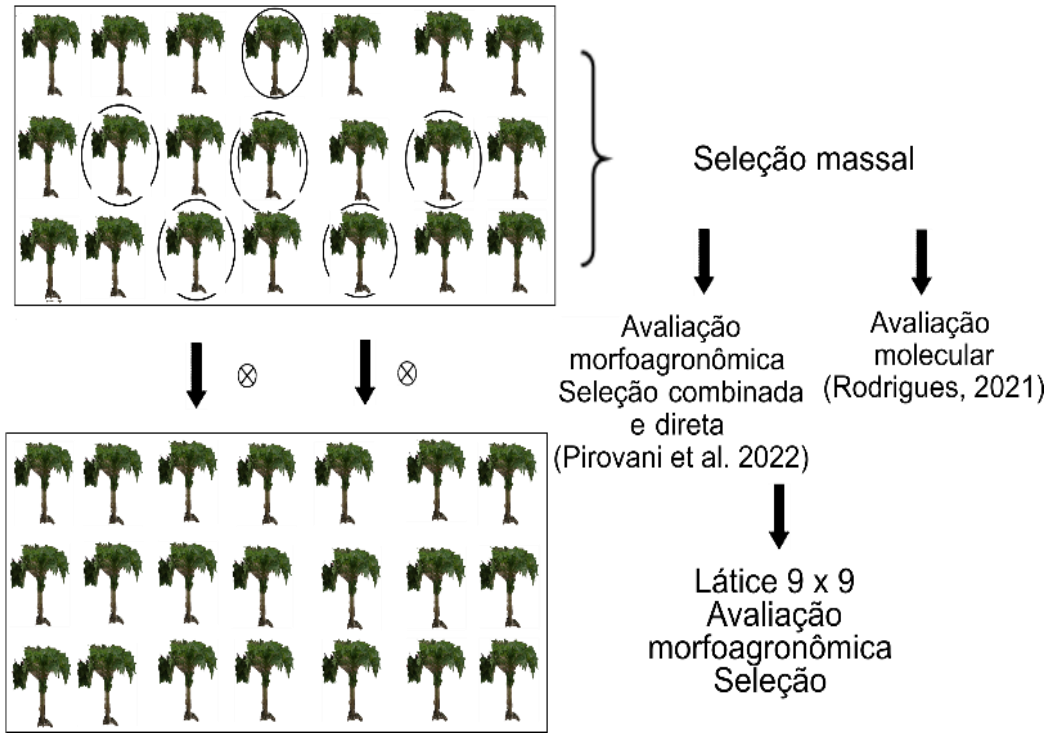
Purificação de Genitores de Híbridos

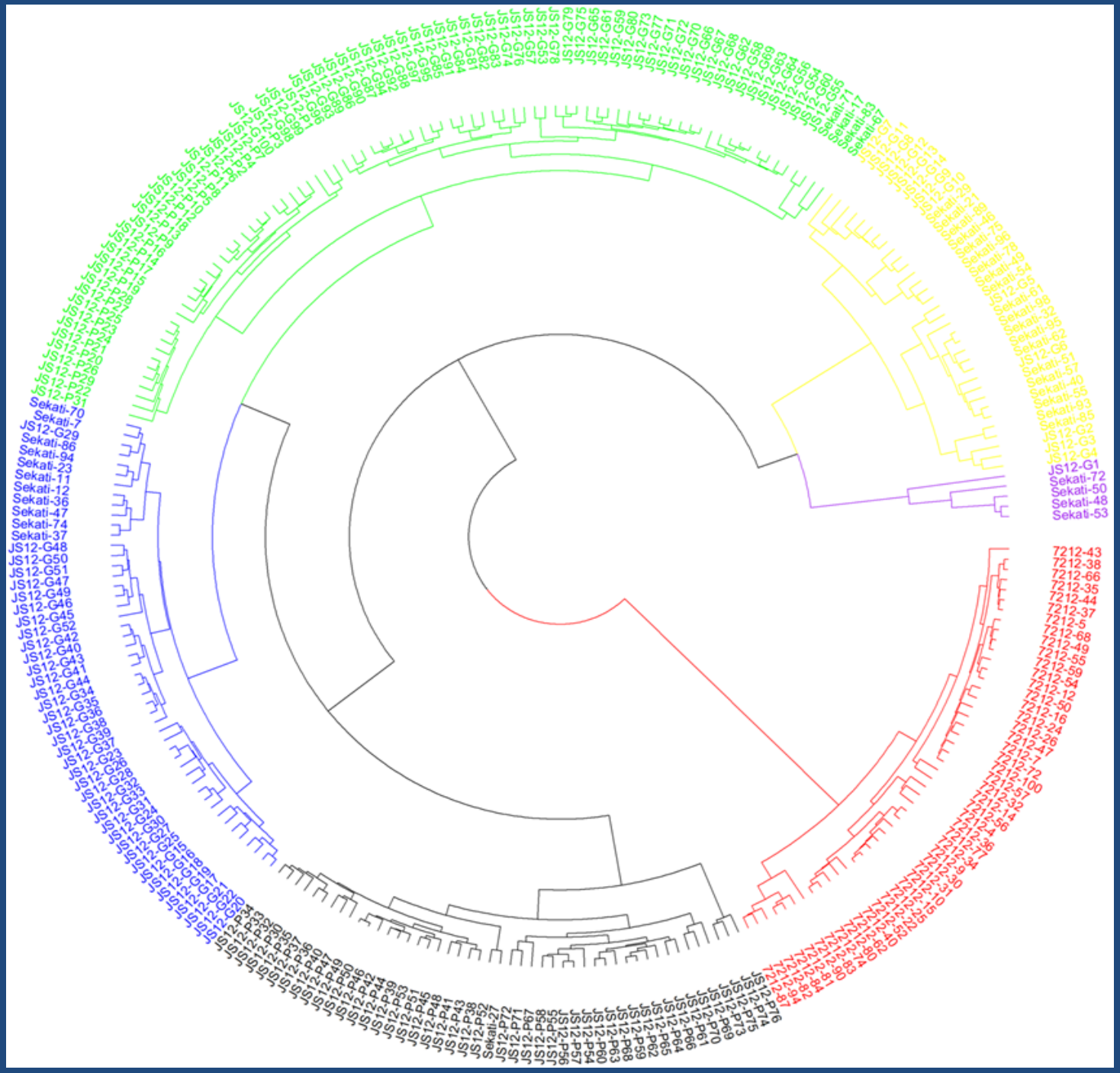
Euphytica (2022) 218:64
https://doi.org/10.1007/s10681-022-03014-y

Is there a possibility to improve a developed hybrid? A current demand on papaya (*Carica papaya* L.)

Adriana Azevedo Vimercati Pirovani · Helaine Christine Cancela Ramos · Renato Santa-Catarina · Daniel Pereira Miranda · Alex Souza Rodrigues · Julio Cesar Fiorio Vettorazzi · Izaias Rodrigues da Silva Júnior · Messias Gonzaga Pereira · Alexandre Pio Viana

A nível de campo



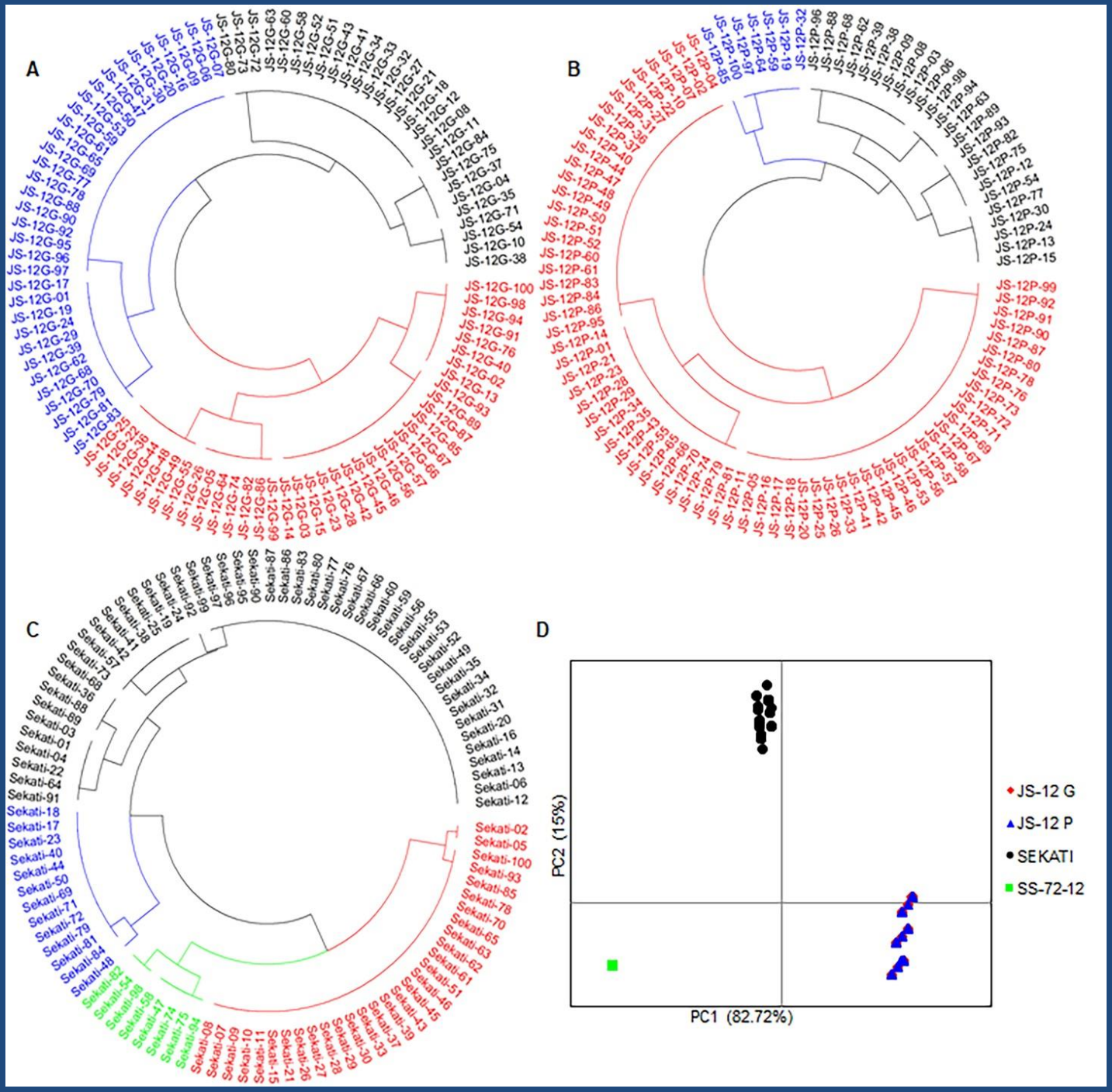

Grupo I
Grupo II
Grupo III
Grupo IV
Grupo V
Grupo VI

A nível molecular

Linhagem	Locos	Na	H_E	H_O	F
SS-72/12	26.00	2.00	0.26	0.00	1.00
JS-12G	25.99	3.00	0.26	0.02	0.94
JS-12P	25.99	3.00	0.26	0.01	0.95
Sekati	25.85	2.13	0.50	0.02	0.97
Média geral	25.96	2.53	0.32	0.01	0.97

Na: número de alelos observados, $\mathbf{H_E}$: heterozigosidade esperada (se em pamixia), $\mathbf{H_O}$: heterozigosidade observada e **F**: índice de fixação.

A nível molecular



Análise e processamento de imagens digitais aplicada no Melhoramento do Mamoeiro

Metas do Programa UENF/CALIMAN

- Validar metodologias de análise e processamento de imagens digitais de baixo custo, aplicada na fenotipagem de características morfoagronômicas em mamoeiro

Scientia Agricola
http://dx.doi.org/10.1590/1678-992X-2016-0134

Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program

Diego Fernando Marmolejo Cortes[1]*, Renato Santa Catarina[1], Gislanne Brito de Araújo Barros[1], Fernanda Abreu Santana Arêdes[1], Silvaldo Felipe da Silveira[2], Geraldo Antônio Ferreguetti[3], Helaine Christine Cancela Ramos[1], Alexandre Pio Viana[1], Messias Gonzaga Pereira[1]

Mensuração de características morfoagronômicas com base na planta

- 150 plantas do híbrido UENF/Caliman-01
- 150 plantas da cultivar THB
- Dois Talhões comerciais da Empresa Caliman Agrícola S/A. Linhares, Espírito Santo
- Plantas amostradas aleatoriamente no talhão

Características avaliadas

- Altura da Planta (AP)-cm
- Diâmetro do Caule (DC)- cm
- Comprimento do Cacho (cm)
- Número de Frutos comerciais (NFCom)
- Número de Frutos deformados (NFD)

Validação

- Mensurações manuais
- Paquímetro digital
- Trena

Captura de Imagens digitais

Figure 1 – Images used to estimate morph-agronomic plant traits. (A and B) indicates the images used in the hybrid 'UENF/Caliman-01'; (C and D) images used in the 'THB' variety. (A and C), Image A perpendicular to the plant considering the axis of the row; (B and D), image B considering the opposite side of the same plant used on image A. Image A was used to measure the plant height (PH), the first fruit insertion height (FFIH) and the stem diameter (SD); and both images (Image A + Image B) were used to estimate the number of commercial fruits (NCF) and the number of deformed fruits (NDF). The orange arrows show the mark used to identify the last fruit evaluated.

Especificações

Câmera Sony DSCHX300

Imagem: espaço RGB

Tamanho da imagem: 2592X 1594 pixels

Modo A, valor de abertura *finder* (F) 5.6

Flash: *on*

Exposição: 0 EV

Foco automático

Velocidade ISO automático

Table 1 – Estimates of average, average difference confidence interval (CI), average relative error of the methodology assisted by digital images (Error %) and Pearson correlations (*r*) for traits: the plant height (PH), the first fruit insertion height (FFIH), the stem diameter (SD), the number of commercial fruits (NCF) and the number of irregular shaped fruits (NDF), measured in the 'UENF/Caliman-01' hybrid and the 'THB' variety using manual and image analysis methodologies.

Trait	Measurement	Average	CI	Error (%)	*r*
'UENF/Caliman-01'					
PH	Manual	224.85 a	[-1.23; 1.10]	0	0.98
PH	Image	224.91 a			
SD	Manual	113.39 a	[-1.02; 2.24]	1	0.97
SD	Image	112.78 a			
FFIH	Manual	78.06 a	[-0.63; 0.09]	0	0.98
FFIH	Image	77.79 a			
NCF	Manual	21.97 a	[-1.05; 1.40]	1	0.98
NCF	Image A + Image B	21.79 a			
NCF	Image A × 2	22.19 a	[-1.50; 1.06]	1	0.93
NCF	Image B × 2	21.40 a	[-0.76; 1.89]	3	0.92
NDF	Manual	4.60 a			
NDF	Image A + Image B	4.50 a	[-0.10; 0.30]	2	0.87
NDF	Image A × 2	4.52 a	[-0.26; 0.42]	2	0.79
NDF	Image B × 2	4.48 a	[-0.23; 0.27]	3	0.71

The same letters in the column do not differ (paired *t* test, $p > 0.05$); The PH and the FFIH is expressed in cm, the SD in mm.

Table 1 – Estimates of average, average difference confidence interval (CI), average relative error of the methodology assisted by digital images (Error %) and Pearson correlations (*r*) for traits: the plant height (PH), the first fruit insertion height (FFIH), the stem diameter (SD), the number of commercial fruits (NCF) and the number of irregular shaped fruits (NDF), measured in the 'UENF/Caliman-01' hybrid and the 'THB' variety using manual and image analysis methodologies.

'THB'					
PH	Manual	190.61 a	[-1.42; 0.07]	0	0.98
PH	Image	191.29 a			
SD	Manual	101.40 a	[-0.06; 3.03]	1	0.97
SD	Image	99.91 a			
FFIH	Manual	74.03 a	[-0.66; 0.19]	0	0.97
FFIH	Image	73.80 a			
NCF	Manual	40.75 a	[-0.55; 0.42]	0	0.97
NCF	Image A + Image B	40.90 a			
NCF	Image A × 2	40.60 a	[-0.72; 1.21]	0	0.90
NCF	Image B × 2	41.20 a	[-1.20; 0.44]	1	0.92
NDF	Manual	3.81 a			
NDF	Image A + Image B	3.63 a	[-0.08; 0.33]	5	0.87
NDF	Image A × 2	4.33 b	[-0.77; -0.27]	14	0.70
NDF	Image B × 2	2.92 b	[0.55; 0.93]	23	0.70

The same letters in the column do not differ (paired *t* test, $p > 0.05$); The PH and the FFIH is expressed in cm, the SD in mm.

Conclusões

- Para as duas cultivares, as estimativas de características morfoagronômicas, assistidas por imagens digitais não apresentaram diferenças significativas em relação à contagem manual, indicando que esta metodologia pode ser utilizada para predizer estas características com alta precisão e pouca mão de obra.

- Considerando que os dois lados fotografados são iguais e correspondem à metade do número de frutos, somente é necessário contar um lado e multiplicar por dois para se obter o número de frutos comerciais.

Australian Journal of Crop Science AJCS

AJCS 12(11):1750-1756 (2018) ISSN:1835-2707
doi: 10.21475/ajcs.18.12.11.p1437

Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L. THB *var.*)

Renato Santa-Catarina*[1], Diego Fernando Marmolejo Cortes[1], Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[1], Helaine Christine Cancela Ramos[1], Geraldo Antônio Ferreguetti[2] and Messias Gonzaga Pereira[1]

Estimação de características morfológicas em frutos de mamão utilizando imagens digitais Scanner

Objetivo

Desenvolver uma metodologia de análise e processamento de imagens digitais utilizando scanner, para avaliar características morfológicas em frutos de mamão.

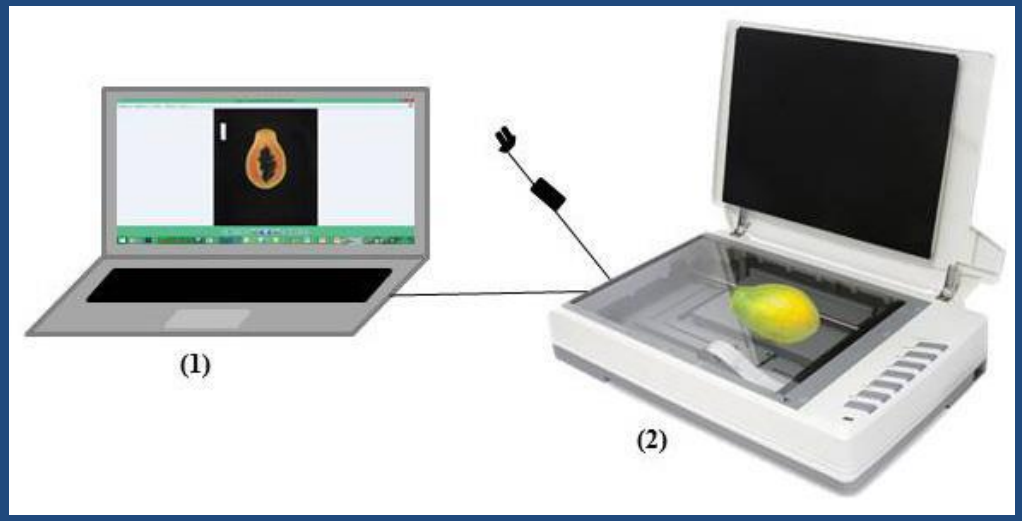
Desenvolver e validar equações para estimação de peso de frutos;

Material e Métodos

- ❖ Variedade THB
- ❖ Talhão comercial – Caliman Agrícola S.A. Linhares, ES.
- ❖ 100 frutos

Mensurações manuais e digitais

- ✓ Paquímetro digital
- ✓ Balança analítica
- ✓ *Software* ImageJ



Carac.	Média Manual	Média Imagem	CV manual	CV imagem	p value	CI	r
CF	13,49	13,47	6,78	6,75	0,232	[-0.0133 ; 0.0535]	0,99
DF	8,26	8,23	5,77	5,42	0,144	[-0.0122 ; 0.0797]	0,94
CCO	9,63	9,61	8,84	8,76	0,187	[-0.0106 ; 0.0528]	0,99
DCO	4,26	4,23	9,66	9,21	0,060	[-0.0008 ; 0.0685]	0,95
EP	2,04	2,03	8,68	8,39	0,061	[-0.0006 ; 0.0267]	0,96
VF	473,50	480,32	17,99	15,45	0,098	[-14.948 ; 1.310]	0,95
PMF	395,16	395,76	17,45	17,12	0,699	[-3.682 ; 2.486]	0,99

Conclusão

Os resultados indicam uma boa precisão da metodologia digital em relação à metodologia manual.

Indicando que esta metodologia pode ser utilizada com segurança para mensurar estas características em frutos de mamão, com boa precisão e pouca mão de obra.

Aplicação da fenotipagem baseada em imagens digitais no melhoramento do mamoeiro

SCIENTIA AGRICOLA

DOI: http://dx.doi.org/10.1590/1678-992X-2016-0482

ISSN 1678-992X

Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping

Diego Fernando Marmolejo Cortes[1]*, Renato Santa-Catarina[1], Alinne Oliveira Nunes Azevedo[1], Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri[1], Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[1], Nádia Fernandes Moreira[1], Geraldo Antônio Ferreguetti[2], Helaine Christine Cancela Ramos[1], Alexandre Pio Viana[1], Messias Gonzaga Pereira[1]

Objetivo:

Comparar a eficiência da metodologia de fenotipagem baseada em imagem digital na estimativa de parâmetros genéticos e na seleção de linhagens recombinantes F_4.

Table 1 – Variance components and Genetic parameters estimated for six morpho-agronomic traits in papaya F_4 recombinant Lines in Linhares, Espírito Santo, Brazil (2016).

Trait	Measure	$\hat{\sigma}^2_g$	$\hat{\sigma}^2_e$	$\hat{\sigma}^2_{pm}$	$\hat{m}$	CVe	$\hat{h}^2_m$	CVg	CVr	Acl
						%		%		
PH	MP	227	328	292.55	166.60	11	0.78	9	0.82	0.88
	IBP A	234	330	299.57	169.30	11	0.78	9	0.82	0.88
SD	MP	49.20	59.60	61.15	83.81	9	0.81	8	0.89	0.90
	IBP A	36.90	62.40	49.35	83.18	10	0.75	7	0.70	0.86
NCF[1]	MP	0.49	0.76	0.64	4.75	18	0.77	15	0.83	0.87
	IBP A+B	0.46	0.67	0.59	4.89	17	0.78	14	0.82	0.88
	IBP A×2	0.51	0.76	0.66	5.04	17	0.77	14	0.82	0.88
	IBP B×2	0.39	0.82	0.55	4.71	19	0.70	13	0.68	0.84
NDF[2]	MP	0.23	0.48	0.33	2.78	25	0.71	17	0.68	0.84
	IBP A+B	0.24	0.52	0.35	2.56	28	0.70	19	0.68	0.84
	IBP A×2	0.23	0.81	0.39	2.59	35	0.59	18	0.51	0.77
	IBP B×2	0.28	0.72	0.43	2.46	34	0.66	22	0.65	0.81
FLLA[1]	MP	0.29	0.50	0.39	5.2	14	0.74	10	0.71	0.86
	IBP A+B	0.34	0.68	0.47	4.93	17	0.71	12	0.71	0.85
	IBP A×2	0.45	0.97	0.65	4.76	21	0.70	14	0.67	0.84
	IBP B×2	0.29	0.82	0.46	5.05	18	0.64	11	0.61	0.80
PROD[1]	MP	0.68	0.80	0.84	3.93	23	0.81	21	0.91	0.90
	IBP A+B	0.66	0.77	0.81	4.12	21	0.81	20	0.95	0.90
	IBP A×2	0.73	0.82	0.89	4.16	22	0.82	21	0.95	0.90
	IBP B×2	0.61	0.97	0.80	3.87	25	0.76	20	0.80	0.87

MP = manual phenotyping; IBP = image-based phenotyping; A+B = trait measured using the image A and Image B. A×2 = trait measured using image A and multiplying by two; B×2 = trait measured using image B and multiplying by two. $\hat{\sigma}^2_g$ = Genetic variance; $\hat{\sigma}^2_e$ = residual variance; $\hat{\sigma}^2_{pm}$ = Phenotypic variance of the mean of Lines; $\hat{m}$ = mean; $\hat{h}^2_m$ = Heritability of the mean of the Lines; CVe = Coefficient of experimental variation; CVg = coefficient of genetic variation; CVr = relative variation coefficient (CVg/CVe) and accuracy of the selection of Lines (Acl). PH = Plant height expressed in m; SD = Stem diameter expressed in mm; NCF = Number of commercial fruits; NDF = Number of deformed fruits; FLLA = Fruitless leaf axils; PROD = Plant production expressed in kg.[1] and [2] indicate data transformed using the expression $\sqrt{x}$ and $\sqrt{x+0.5}$, respectively.

Table 2 – Genetic gains (Gain) and new predicted averages in five traits crucial to papaya breeding for the lines selected by index using manual phenotyping considering the sum of the two evaluation seasons (9 and 12 months after the transplanting) in Linhares, Espírito Santo, Brazil (2016).

Line	PROD		NCF		NDF		FLLA		SD	
	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$
6	100	54.48	30	40.37	18	11.39	-18	16.34	13	107.41
23	19	24.02	42	46.56	36	14.74	-4	25.45	0	83.23
22	-2	16.02	39	45.27	15	10.81	-21	13.93	0	83.93
7	15	22.65	23	36.51	-24	3.27	-14	18.57	1	84.87
18	18	23.81	17	33.18	-42	-0.12	14	37.31	4	90.76
9	23	25.53	14	31.17	5	8.91	-11	20.62	-1	81.82
8	17	23.35	6	26.97	-23	3.57	-18	16.19	8	98.86
13	37	30.96	0	23.81	-19	4.25	3	30.11	0	82.93
Mean	29	27.6	21	35.48	-4	7.1	-8	22.32	3	89.23

Gs = Genetic gain in percentage; $\bar{X}_s$ = new average of the selected lines; SD = Stem diameter expressed in mm; NCF = Number of commercial fruits; NDF = Number of deformed fruits; FLLA = Fruitless leaf axils; PROD = Plant production expressed in kg.

Table 3 – Genetic gains and new predicted averages in five traits crucial to papaya breeding for the lines selected by index using image-based phenotyping considering the sum of the two evaluation seasons (9 and 12 months after the transplanting) in Linhares, Espírito Santo, Brazil (2016).

Line	PROD		NCF		NDF		FLLA		SD	
	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$	G_s	$\bar{X}_s$
6	103	58.82	33	44.05	9	8.23	-22	12.13	9	101.11
18	22	26.54	22	37.53	-48	-1.11	14	33.63	4	90.58
22	-1	17.47	43	49.63	19	9.94	-27	8.70	2	87.53
23	13	23.03	36	45.62	44	14.12	-15	16.42	1	84.70
7	17	24.84	22	37.83	-30	1.88	-9	19.63	2	86.17
8	17	24.51	8	29.52	-16	4.15	-12	17.78	9	100.77
13	31	30.12	-3	23.15	-26	2.45	-2	23.94	1	84.81
9	15	23.67	7	29.20	-3	6.25	-9	19.72	-2	78.92
Mean	27	28.62	21	37.07	-6	5.74	-10	18.99	3	89.32

G_s = Genetic gain in percentage; $\bar{X}_s$ = new average of the selected lines; SD = Stem diameter expressed in mm; NCF = Number of commercial fruits; NDF = Number of deformed fruits; FLLA = Fruitless leaf axils; PROD = Plant production expressed in kg.

Conclusões

A fenotipagem baseada em imagens digital é um instrumento de análise fenotípica eficiente no que diz respeito à precisão seletiva e precisão na captura de variabilidade genética e nos ganhos obtidos a partir da seleção de linhas superiores, quando comparado à metodologia tradicional de fenotipagem.

A metodologia pode ser facilmente adotada, uma vez que as imagens são capturadas usando uma câmera convencional de baixo custo, fácil de manusear e transportar. Além disso, as imagens podem ser armazenadas em um computador para posterior análise.

Reduz tanto o trabalho quanto o tempo gasto nas medições de campo e, assim, melhora a avaliação fenotípica. Dois avaliadores usaram 100 s na metodologia tradicional, enquanto os mesmos avaliadores usaram 16 s para tirar duas fotos por planta e 30 s para analisar as imagens.

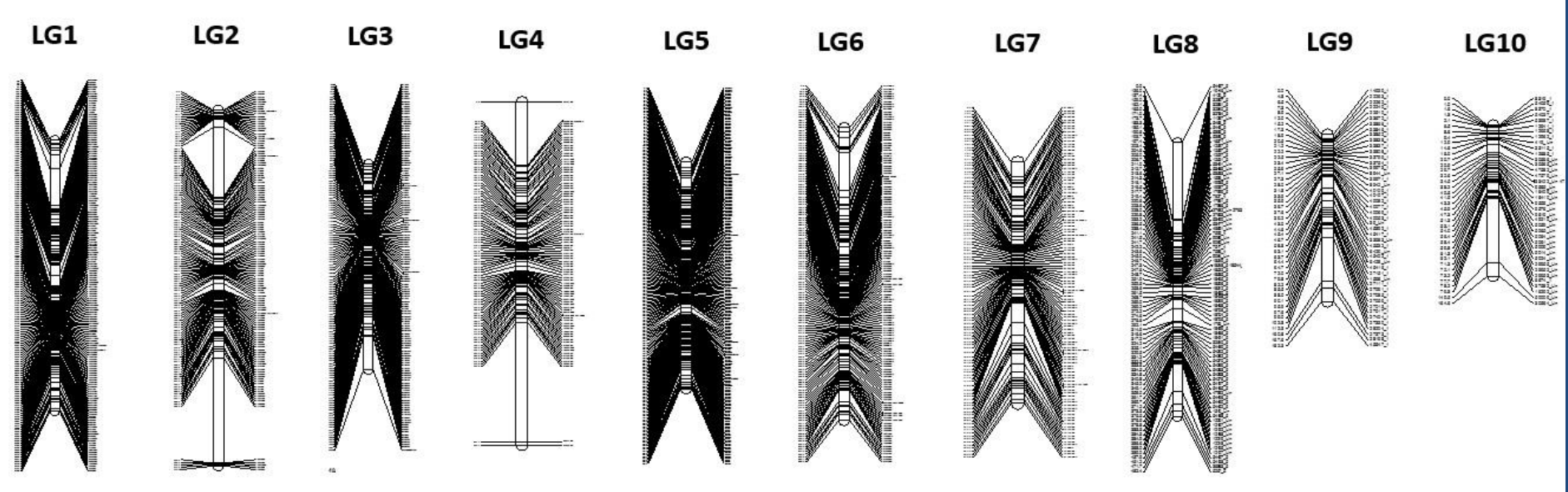
Mapa genético

- Alguns mapas já foram construídos para mamoeiro utilizando marcadores RAPD, SSR e AFLP;
- Até o momento, não foi desenvolvido nenhum mapa com alto grau de saturação, ou seja, com número de GL igual ao número haplóide de cromossomos da espécie;
- O nosso desafio é desenvolver um mapa com alto grau de saturação utilizando marcadores SNPs identificados via RAD-sequencing;
- Projeto desenvolvido em parceria com a University of Illinois at Urbana-Champaign.

Resumo do mapa genético – Resultado preliminar

Number	LG name	Number of markers	Genetic Length (cM)
1	LG1	175	473,0
2	LG2	138	573,5
3	LG3	152	353,3
4	LG4	98	503,2
5	LG5	223	346,3
6	LG6	154	449,9
7	LG7	122	313,3
8	LG8	87	482,9
9	LG9	47	182,3
10	LG10	39	164,6
Total		1235	3.442,3

Mapa genético – Resultado preliminar



- Um segundo conjunto de marcadores SNPs desenvolvidos no LMGV/UENF será adicionado ao mapa.

Fenotipagem da população F2

- Avaliações de campo e laboratório

Marcadores moleculares SSR gênicos e genômicos;

Bioinformática

Publicado em:

OPEN ACCESS Freely available online

PLOS | ONE

Development of a Gene-Centered SSR Atlas as a Resource for Papaya (*Carica papaya*) Marker-Assisted Selection and Population Genetic Studies

Newton Medeiros Vidal[1*¤], Ana Laura Grazziotin[1], Helaine Christine Cancela Ramos[2], Messias Gonzaga Pereira[2], Thiago Motta Venancio[1*]

1 Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brazil, **2** Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brazil

Abstract

Carica papaya (papaya) is an economically important tropical fruit. Molecular marker-assisted selection is an inexpensive and reliable tool that has been widely used to improve fruit quality traits and resistance against diseases. In the present study we report the development and validation of an atlas of papaya simple sequence repeat (SSR) markers. We integrated gene predictions and functional annotations to provide a gene-centered perspective for marker-assisted selection studies.

Localização Genômica.

	SSR type					
Genomic location	**Di**	**Tri**	**Tetra**	**Penta**	**Hexa**	**Total**
Exon	130	3588	117	206	1303	5344
Exon-intron	7	27	4	4	31	73
Intron	7158	1959	2343	1878	2476	15814
Intergenic	54853	24841	19584	19956	19853	139087
Total	**62148**	**30415**	**22048**	**22044**	**23663**	**160318**

doi:10.1371/journal.pone.0112654.t001

Éxon-íntron

73

0,05%

Éxon

5.344

3,33%

Íntron

15.814

9,86%

Intergênico

139.087

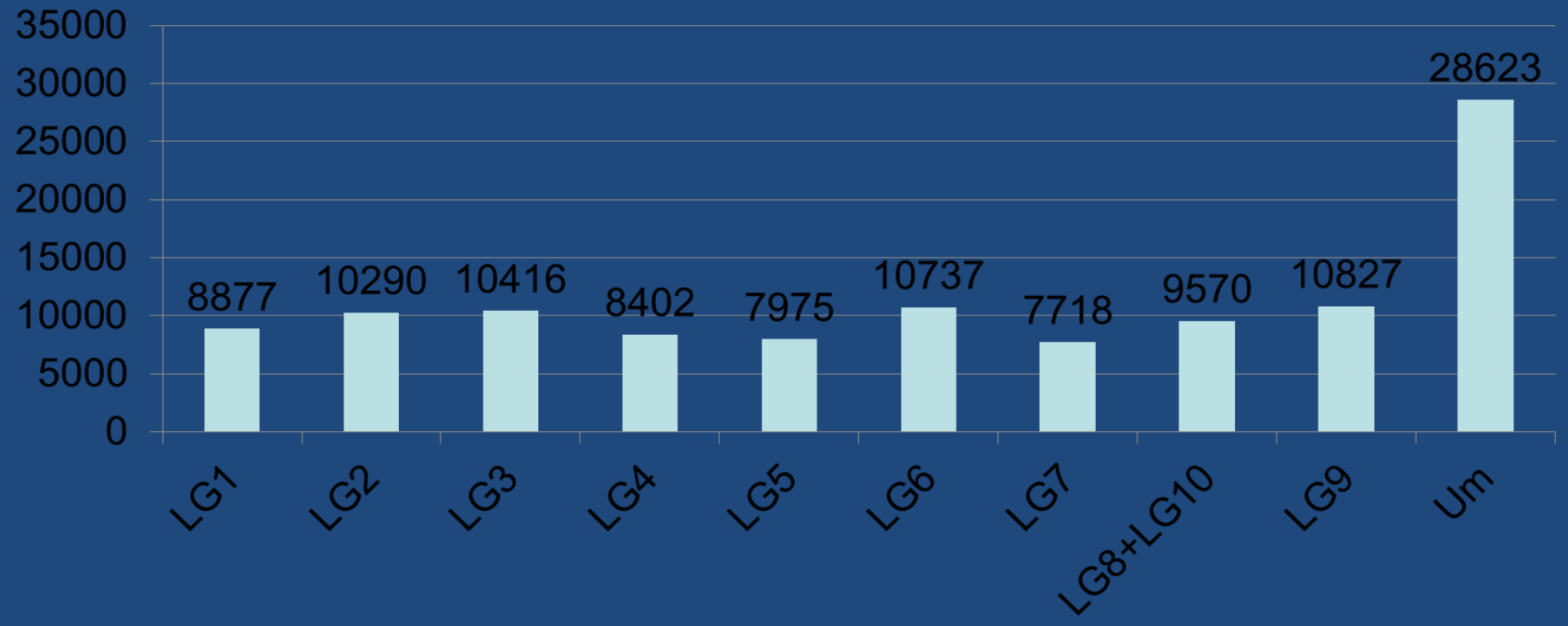
86,76%

Nº de primers desenhados por grupo de ligação.

SSR Type	LG1		LG2		LG3		LG4		LG5		LG6		LG7		LG8+LG10[a]		LG9		Un[b]		Total	
	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%
2	3669	41.3	4254	41.3	4212	40.4	3433	40.9	3154	39.5	4429	41.2	3221	41.7	3988	41.7	4446	41.1	10200	35.6	45008	39.7
3	1645	18.5	1922	18.7	1892	18.2	1565	18.6	1414	17.7	1871	17.4	1307	16.9	1639	17.1	1937	17.9	5483	19.2	20677	18.2
4	1233	13.9	1357	13.2	1351	13.0	1163	13.8	1068	13.4	1436	13.4	1003	13.0	1242	13.0	1458	13.5	3780	13.2	15093	13.3
5	1066	12.0	1271	12.4	1430	13.7	1048	12.5	1114	14.0	1342	12.5	1029	13.3	1252	13.1	1347	12.4	4539	15.9	15441	13.6
6	1264	14.2	1486	14.4	1531	14.7	1193	14.2	1225	15.4	1659	15.5	1158	15.0	1449	15.1	1639	15.1	4621	16.1	17227	15.2
Total	**8877**	**100.0**	**10290**	**100.0**	**10416**	**100.0**	**8402**	**100.0**	**7975**	**100.0**	**10737**	**100.0**	**7718**	**100.0**	**9570**	**100.0**	**10827**	**100.0**	**28623**	**100.0**	**113446**	**100.0**

LG represents the Linkage Groups associated to the nine papaya chromosomes.
[a]LG8 and LG10 are associated to the same chromosome.
[b]SSRs located in scaffolds/contigs were classified as unplaced.
doi:10.1371/journal.pone.0112654.t004

Total → 113.446



Nº de primers por grupo e por localização genômica

Genomic location	LG1		LG2		LG3		LG4		LG5		LG6		LG7		LG8+LG10[a]		LG9		Un[b]		Total	
	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%	#	%
Exon	443	5.0	576	5.6	466	4.5	385	4.6	349	4.4	540	5.0	316	4.1	414	4.3	520	4.8	693	2.4	4702	4.1
Exon-intron	10	0.1	7	0.1	9	0.1	5	0.1	8	0.1	8	0.1	5	0.1	4	0.0	2	0.0	5	0.0	63	0.1
Intron	1457	16.4	1468	14.3	1442	13.8	1231	14.7	1140	14.3	1589	14.8	1029	13.3	1346	14.1	1440	13.3	2018	7.1	14160	12.5
Intergenic	6967	78.5	8239	80.1	8499	81.6	6781	80.7	6478	81.2	8600	80.1	6368	82.5	7806	81.6	8865	81.9	25907	90.5	94521	83.3
Total	**8877**	**100.0**	**10290**	**100.0**	**10416**	**100.0**	**8402**	**100.0**	**7975**	**100.0**	**10737**	**100.0**	**7718**	**100.0**	**9570**	**100.0**	**10827**	**100.0**	**28623**	**100.0**	**113446**	**100.0**

LG represents the Linkage Groups associated to the nine papaya chromosomes.
[a]LG8 and LG10 are associated to the same chromosome.
[b]SSRs located in scaffolds/contigs were classified as unplaced.
doi:10.1371/journal.pone.0112654.t005

Éxon-íntron

63

0,1%

Éxon

4.702

4,1%

Íntron

14.160

12,5%

Intergênico

94.521

83,3%

Informações de apoio

Table S1.

Catalog of gene-centered SSR markers within genic regions (exon, exon-intron, intron).
doi:10.1371/journal.pone.0112654.s001
(ZIP)

Table S2.

Catalog of SSR markers within intergenic regions.
doi:10.1371/journal.pone.0112654.s002
(ZIP)

Table S3.

Class I SSR markers.
doi:10.1371/journal.pone.0112654.s003
(ZIP)

Table S4.

Distribution of SSR motifs by linkage group.
doi:10.1371/journal.pone.0112654.s004
(XLS)

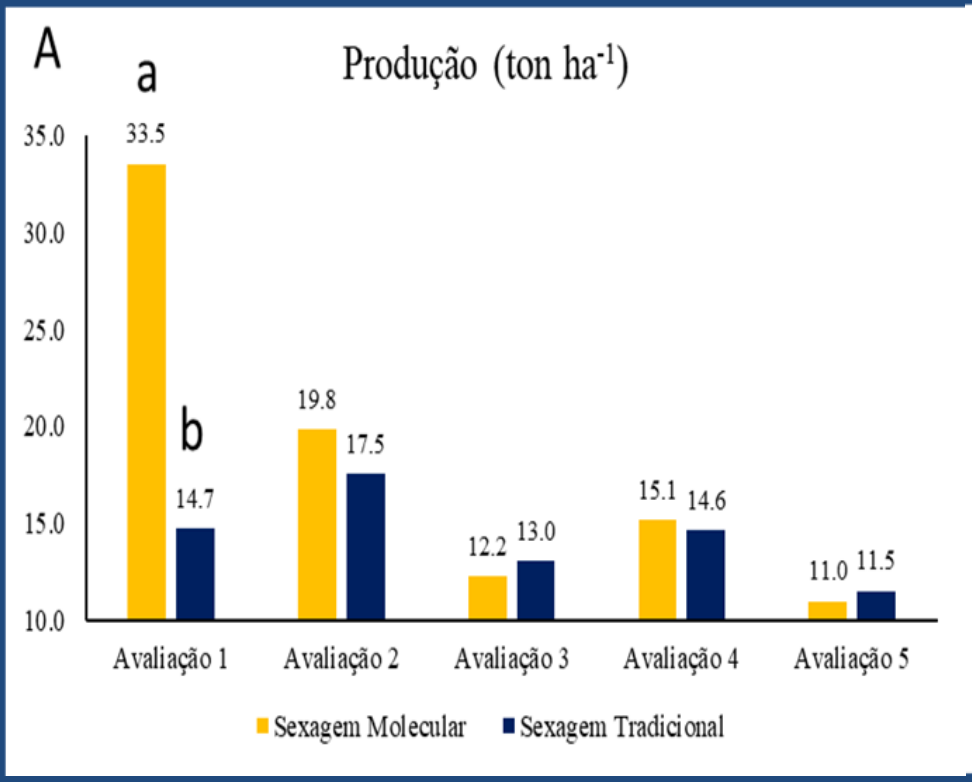
Table S5.

Vidal NM, Grazziotin AL, Ramos HCC, Pereira MG, Venancio TM (2014) Development of a Gene-Centered SSR Atlas as a Resource for Papaya (Carica papaya) Marker-Assisted Selection and Population Genetic Studies. PLoS ONE 9(11): e112654. doi:10.1371/journal.pone.0112654
http://127.0.0.1:8081/plosone/article?id=info:doi/10.1371/journal.pone.0112654

http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0112654

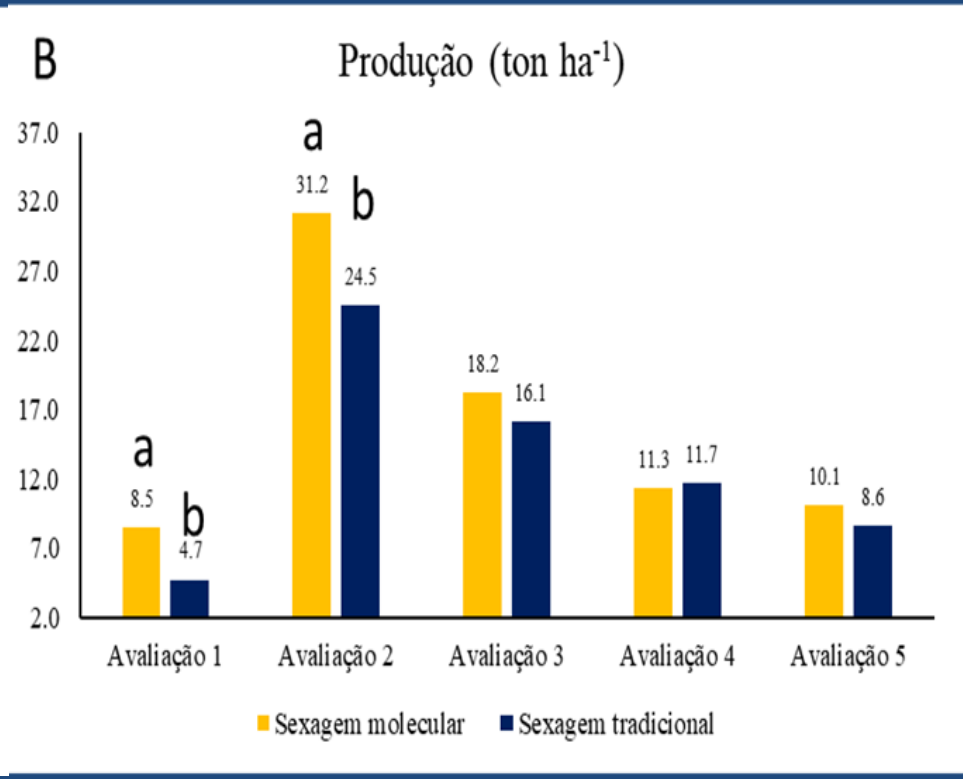
Sexagem molecular

Calimosa



28,4 %

Aliança



20,8 %

Obrigado

messiasgpereira@gmail.com