

Seminário Parcial de Acompanhamento e Avaliação

NExTFRUT

Núcleo de excelência em genômica de fruteiras tropicais

Processo 0193.001198/2016

Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal

Equipes e instituições originalmente participantes do projeto :

Dario Grattapaglia e Orzenil B. Silva-Junior – EMBRAPA Rec. Gen. Biotecnologia

Fabio Gelape Faleiro – EMBRAPA Cerrados

Carlos Antonio F. Santos – EMBRAPA Semi-Árido

Lázaro J. Chaves e Rosane Collevatti – Univ. Federal de Goiás

Alexandre Pio Viana – Univ. Est. Norte Fluminense

Lucio Alencar Figueiredo – Univ. de Brasília

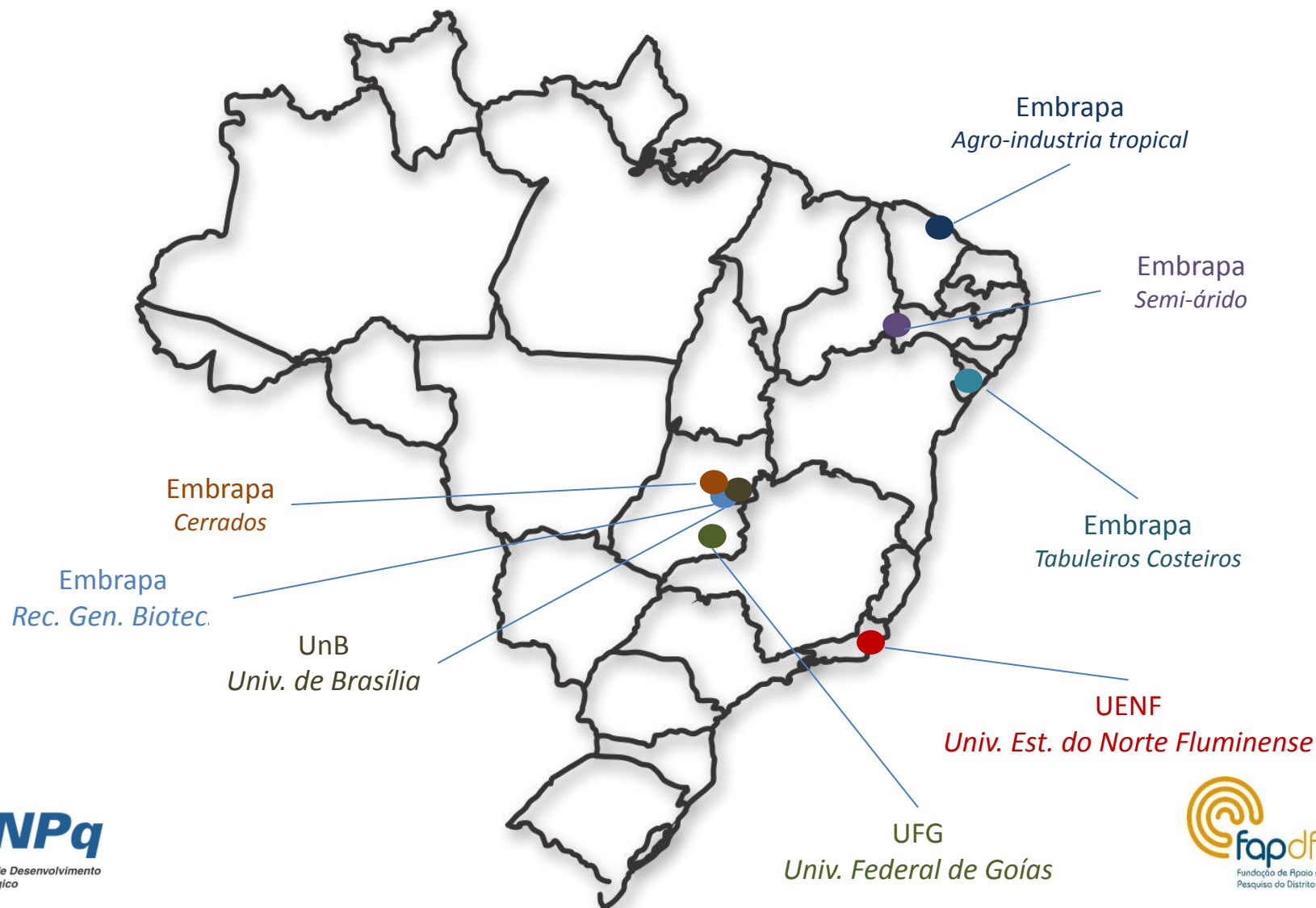
Equipes e Instituições adicionadas durante o projeto

Cleso A. Patto Pacheco e Ana Veruska Muniz – EMBRAPA Tabuleiros Costeiros

Dheyne Silva Melo e Patricia Bordallo - EMBRAPA Agroindustria Tropical

NExTFRUT - Núcleo de Excelência em Fruteiras Tropicais nativas

Núcleo com competência e tradição como fonte geradora e transformadora de conhecimento científico-tecnológico para aplicação em programas e projetos de relevância ao desenvolvimento do país



Breve contextualização do projeto e relevância do tema

- ✓ O Brasil detém uma das maiores **diversidades de espécies de fruteiras tropicais** do mundo, em sua grande maioria ainda pouco ou não exploradas comercialmente
- ✓ Crescente **demanda mundial por frutas tropicais**: aumento de produtividade e qualidade
- ✓ A diversidade inexplorada das frutas tropicais brasileiras pode ser potencializada pelo uso da **genômica aplicada**
 - ✓ Programas mais dinâmicos e cientificamente embasados e monitorados de coleta e caracterização da diversidade existente
 - ✓ Implementação de estratégias aceleradas de melhoramento genético assistido por informação genômica (identificação de QTL de maior efeito, seleção genômica)
- ✓ **Desenvolvimento de recursos genômicos** de base para alavancar as espécies para outro patamar de pesquisa científica e tecnológica para décadas à frente
- ✓ Genômica aplicada, **fortemente integrada com programas de melhoramento** e desenvolvimento de cultivares
- ✓ **PRONEX-NEXTFRUT**: formação e interação de grupos com competência e tradição como fonte geradora e transformadora de conhecimento científico-tecnológico para aplicação em programas e projetos de relevância ao desenvolvimento do país.

Objetivos propostos x realizados

OBJETIVO GERAL: desenvolvimento e aplicação de recursos genômicos para dinamizar a conservação, caracterização e o melhoramento genético de três espécies de fruteiras nativas do Brasil de elevado potencial econômico e ainda pouco exploradas



Passiflora edulis (et al.)



Psidium guajava



Hancornia speciosa

Objetivos propostos x realizados



Objetivo proposto	Realizado
Draft do genoma de 1.687 Mb	Sim 93.8% de cobertura scaffolds >50kb
Plataforma de SNPs para genotipagem	Sim SeqSNP 2000 SNPs
Genotipagem de bancos de germoplasma	480 acessos (Em andamento)
Modelos de NIRS para fenotipagem	Sim - Brix (em andamento para outras)
Análises: estrutura, core collection, QTLs	Em andamento CBMV, autocompatib.



Objetivo proposto	Realizado
Draft do genoma de 538 Mb	Sim 99.5% de cobertura scaffolds >50kb
Plataforma de SNPs para genotipagem	Sim Axiom array 6800 SNPs
Genotipagem de bancos de germoplasma	Sim 480 acessos genotipados
Modelos de NIRS para fenotipagem	Não - (em andamento)
Análises: estrutura, core collection, GWAS	Sim GWAS RKN (em andamento para outros)



Objetivo proposto	Realizado
Draft do genoma de 518 Mb	Sim - 95.6% de cobertura scaffolds >50kb
Plataforma de SNPs para genotipagem	DArTseq 5000 SNPs (em andamento)
Genotipagem de bancos de germoplasma	513 acessos (em andamento)
Modelos de NIRS para fenotipagem	Sim - Latex (em andamento para outras)
Análises: estrutura, core collection, GWAS	Em andamento

Materiais e Métodos

Sequenciamento dos genomas

- Illumina short reads
- Chromium 10X
- PacBioSequel long reads

Mapas genéticos (para montagem do genoma ficaram obsoletos)

- Construídos para goiaba
- Previstos para maracujá

Sequenciamento de RNA

- Maracujá: 22 bibliotecas sequenciadas para 7 espécies 3 tecidos de Passiflora
- Goiaba : obsoleto e foram usados dados do GenBank
- Mangaba: pendente (muita dificuldade na extração de RNA devido ao látex)

Plataformas de genotipagem: Não foi usada a tecnologia KASP (cara e menos eficiente)

- Goiaba: Axiom array com 6800 SNPs
- Maracujá: SeqSNP de 2000 SNPs selecionados
- Mangaba: genotipagem por sequenciamento – complexidade reduzida DArTseq

Atividades planejadas x realizadas

Codigo	Descrição da atividade	% realização
A-1	Treinamento de talentos (6 Dr.; 8 MSc; 2 Posdoc; 3 DTI)	100
A-2	Métodos NIRS de frutos (mangaba latex e maracujá brix)	70
A-3	Genomas sequenciados (três genomas com >90% em scaffold >50kb)	100
A-4	Coleção de RNAs para anotação (maracujá e goiaba; mangaba pendente)	80
A-5	Publicações em revistas indexadas (15 IF <2; 8 IF>3)	70
A-6	Genotipagem de populações biparentais (mudança de estratégia)	100
A-7	Plataformas de genotipagem (goiaba pronto; maracujá e mangaba em andamento)	80
A-8	Avaliações fenotípicas no campo (RKN goiaba; CBMV e autocomp. Maracuja; produt. Mangaba)	70
A-9	Descoberta de SNPs (via RNAseq, DArTSeq e sintenia - mudança de estratégia)	100
A-10	Genotipagem de progênies segregantes	80
A-11	Análises genéticas (estrutura, core collection, GWAS, SGA, mapeamento QTLs)	50
A-12	Genotipagem de acessos de BAG	80
A-13	Prova de conceito de SGA (mudança parcial de objetivo para GWAS)	70

Recurso aprovado x gasto

* Coordenador	Dario Grattapaglia
* Título do projeto	NExTFRUT Núcleo de EXcelência em genômica aplicada a FRUTEiras Tropicais (<i>Nucleus of Excellence in Tropical Fruit crops</i>)
* Processo nº	0193.001198/2016
* Instituição Executora	EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia
* Valor aprovado	R\$ 999.954,19

EXECUÇÃO FINANCEIRA

	Recursos Liberados	Recursos Gastos	Saldo
Capital	224.778,30	(-181.615,78)	43.162,52
Custeio	739.175,89	(-495.066,66)	244.109,23
Bolsa	36.000,00	(-74.700,00)	(-38.400,00) *
Saldo	999.954,19	(-751.382,44)	248.571,75 #
Data da situação	19/05/2021	19/05/2021	19/05/2021

* Em atendimento à solicitação do coordenador do projeto, em 2/4/2018 a FAP-DF autorizou um remanejamento de até R\$ 109.800,00 da rubrica de custeio para a rubrica de bolsas conforme a necessidade do projeto. Planeja-se utilizar apenas parte deste remanejamento para bolsas

O saldo atualizado na conta investimento do BRB em 19/05/2021 era **R\$ 261.748,21** em função dos rendimentos acumulados

ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA713343/

BioProject BioProject

Advanced Browse by Project attributes

Display Settings: Send to:

Psidium guajava cultivar:UENFGO8.1-10 Accession: PRJNA713343 ID: 713343

Psidium guajava cultivar:UENFGO8.1-10 Genome sequencing and assembly

Whole-genome sequencing and assembly of a *Psidium guajava* adult plant derived from two generations of selfing using PACBIO Sequel I technology.

See Genome Information for *Psidium guajava*

NAVIGATE ACROSS

14 additional projects are related by organism.

Accession	PRJNA713343
Data Type	Genome sequencing and assembly, Variation
Scope	Monoisolate
Organism	Psidium guajava [Taxonomy ID: 120290] Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Myrtales; Myrtaceae; Myrtoideae; Myrteae; Pimenta group; Psidium; Psidium guajava
Grants	"NEXTFRUT Nucleus of excellence in applied genomics of tropical fruit" (Grant ID 0193.001198/2016, Federal District Research Foundation, Brasilia, Brazil)
Submission	Registration date: 10-Mar-2021 Brazilian Agricultural Research Corporation
Relevance	Agricultural
Locus Tag Prefix	J3R85

Related information

BioSample

Taxonomy

Recent activity

Psidium guajava

PRJNA713343

Meuwissen et al.

Hancornia species bisphosphate

Hancornia (278)

Genoma de *Psidium guajava* depositado no GenBank

Genome sequence assembly of Passion Fruit (*Passiflora edulis* Sims)

[Cite](#)[Download all \(364.86 MB\)](#)[Share](#)[Embed](#)[+ Collect](#)

146
views

0
downloads

0
citations

Version 4 Dataset posted on 11.11.2020, 11:55 by [Orzenil B. Silva-Junior](#), [Dario Grattapaglia](#), [Fábio Faleiro](#)

The genome sequence assembly of Passion Fruit (*Passiflora edulis* Sims). For the passion fruit genome sequencing was used a semi-inbred plant of self-compatible accession "CPAC MJ-M-21" (Roxo Jaboticaba) previously evaluated for maximum homozygosity via genotyping with microsatellites. We generated raw reads from whole-genome sequencing platforms (Pacbio Sequel II and 10X Linked-Reads) and assembled the sequence data to create a quality de novo assembly of passion fruit with 97% recovered as per BUSCO analysis. The final genome assembly has a total length of 1.3 Gb, contains 1,868 scaffolds with an N50 value of 4 Mb. Repeat sequences constitute around 65% of the assembly. Protein-coding gene annotation identified around 41,000 gene models presented in the genome assembly with extrinsic support of RNA-Seq data gathered from multiple species of the Passifloraceae family. This dataset contains the FASTA formatted file and many of basic contig and scaffold-level statistics calculated on the basis of the script `assemblathon_stats.pl` (github.com/ucdavis-bioinformatics/assemblathon2-analysis).

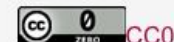
CATEGORIES

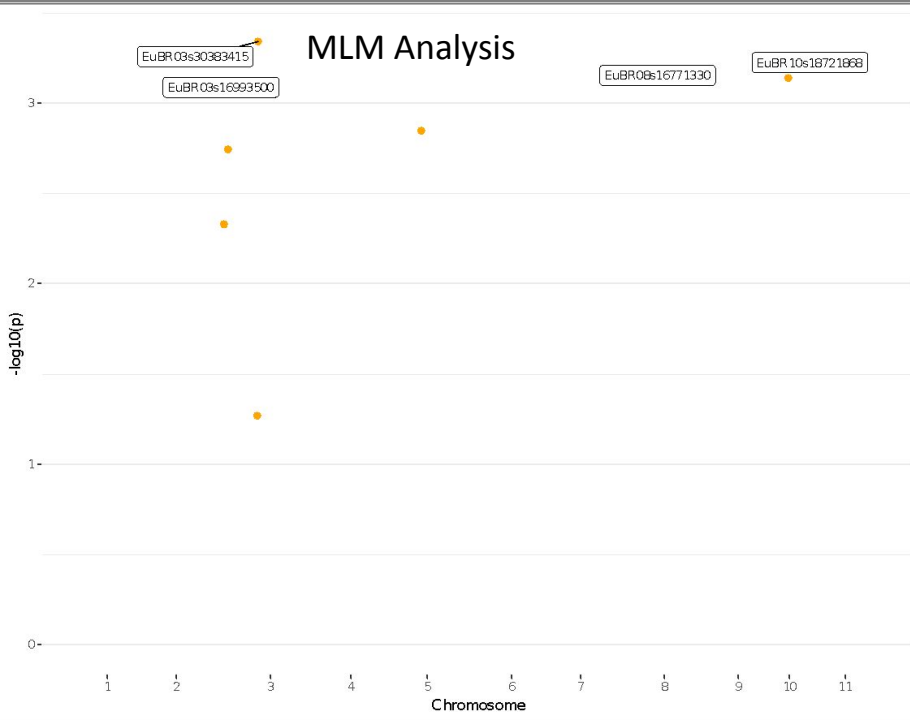
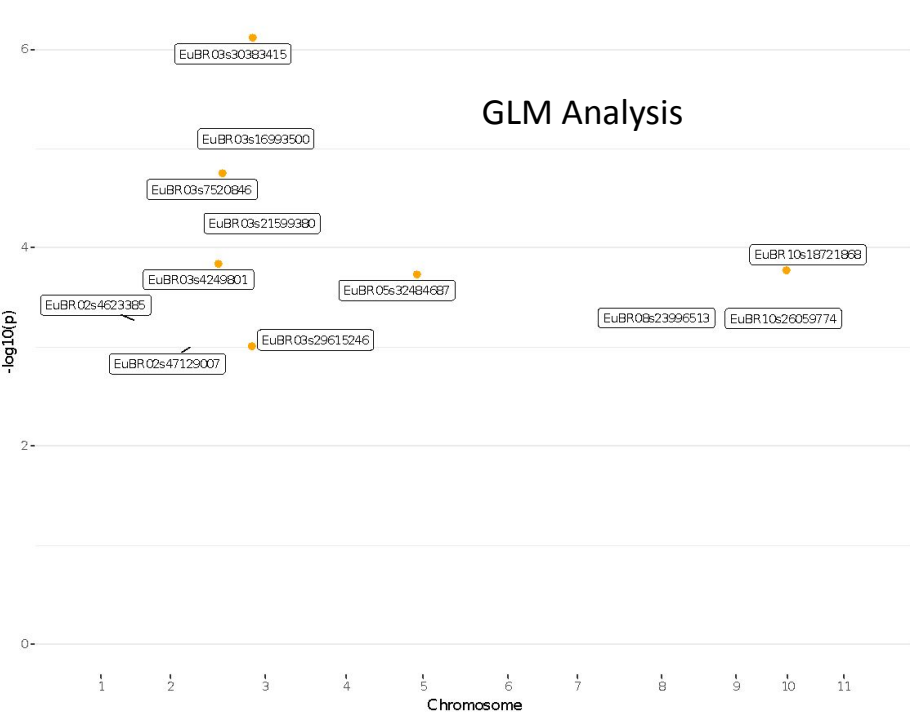
- [Crop and Pasture Improvement \(Selection and Breeding\)](#)

KEYWORDS

[genome sequence assembly](#)[Passifloraceae.](#)[Passiflora edulis Sims](#)

LICENCE





Detecção de genes envolvidos na resistência a *Meloidogyne enterolobii* de associação em goiabeira (*Psidium guajava*)



Psidium guajava
SUSCEPTÍVEL



Psidium guineense
RESISTENTE

Table 3. Summary of the main features of four SNP variants associated with RKN resistance on chromosome 3 of *Psidium guajava* likely to cause functional and regulation changes on six predicted genes (see text for details).

Feature	EuBR03s4249801	EuBR03s7520846	EuBR03s30383415	EuBR03s29615246
<i>P. guajava</i> assembly region	scaffold_103	scaffold_422	scaffold_10	scaffold_10
<i>P. guajava</i> assembly locus #	178,669	80,835	147,466	621,264
<i>P. guajava</i> assembly position (bp)	1,062,170	2,787,520	12,060,170	12,533,968
Reference allele	T	A	G	G
Major allele (A) associated with the RKN resistant phenotype)	C	G	A	A
Minor allele (B) associated with the RKN susceptible phenotype	T	A	G	G
Minor allele frequency	0.129	0.245	0.209	0.455
Counts of genotype AA	135	85	102	86
Counts of genotype AB	21	73	57	9
Counts of genotype BB	11	3	6	71
Downstream gene variant	psidium_gu_T0001034; uniprot:EUGRSUZ_C00164	-	ncbi:psidium_gu_T0000466; uniprot:EUGRSUZ_C01790	-
Intron variant	psidium_gu_T0001035;uniprot:EUGRSUZ_C00165	-	-	-
Missense variant	-	ncbi:psidium_gu_T0027905; uniprot:EUGRSUZ_C00406	ncbi:psidium_gu_T0000464; uniprot:EUGRSUZ_C01791	ncbi:psidium_gu_T000050; uniprot:EUGRSUZ_C01744
Protein name	EUGRSUZ_C00164: Hexosyltransferase; EUGRSUZ_C00165:mitochondrial outer membrane protein porin 4 (similar)	EUGRSUZ_C00406: Dicer-like 4 protein (similar)	EUGRSUZ_C01790:ENT domain-containing protein; EUGRSUZ_C01790:DUF642	EUGRSUZ_C01744:F-box domain-containing protein
SNP probe sequence [variant SNP site]	TGATGACCTATTACAATGGCATT AAACTCGTTCTAATCCCCCAAA ATGCTGCCAATAAT[C/T]CATAG TGGTGTGCAGCTTTTAATCTTCCC TAATCTAAAAGGGTCACCAAAACA CTTATCTG	ATTAGGCTCATTGCAACCTGAAA GCCTAACACCATACATACCTGGC GTTTAACTTCCTCA[G/A]GTCGA AAAAGGOGATTTGCAAAGGGGC TAGAAGTGCCACGCACAACAGG GCCATAATAAT	GTGCCCTATGAGTCGAAGGGCA AAGGCGGGTTCAAGCGCGCTGT CCTGCGGTTCCAGGCC[A/G]TGT CCATGAGGACCAGGATCATGTTT TACAGCACGTTCTACACCATGAG GAGTGACGATT	ATTGGGCACTATGCCACGGCTGT TGCTGATTTAACCCTTACTAGCCT CCATAATGTCACT[A/G]AGAGA GGGCTTTGGGTCATGGGCAATG GTCATGGTTTGCAAAGGTTGAG GTCTTTGATAG

Resultados parciais alcançados

- ✓ **Genoma de *Passiflora edulis* 1687 Mb** (duas montagens) depositado no Figshare com embargo
 - ✓ 10X Chromium Linked reads/Illumina HiSeqX : 1500 Scaffolds > 50kb 82.6%
 - ✓ PacBioSequel: 3357 scaffolds > 50kb; 93.7% do genoma coberto
- ✓ **Genoma de *Psidium guajava* 539 Mb** (depositado no GenBank BioProject ID PRJNA713343)
 - ✓ PacBio Sequel: 135 scaffolds > 50Kb; 99.5% do genoma coberto
- ✓ **Genoma de *Hancornia speciosa* 518 Mb**
 - ✓ PacBioSequel: 579 scaffolds > 50kb; 95.6% do genoma coberto
- ✓ **Bases de dados de SNPs e plataformas de genotipagem**
 - ✓ Passiflora: coleção de 9626 SNPs de RNAseq; sistema SeqSNP (SPAT) com 2000 SNPs selecionados
 - ✓ Psidium: Axiom array com 6800 SNPs
 - ✓ Hancornia: DArTseq (em andamento – previsão Junho 2021; 5000 SNPs)
- ✓ **Metodos de quimiometria com NIRS (near infrared spectroscopy)**
 - ✓ Modelos calibrados para Brix em Passiflora
 - ✓ Modelos calibrados para discriminação de acessos de mangaba
- ✓ **Identificação de genes de resistência para *Meloidogyne enterolobii* RKN em *Psidium* via GWAS**
- ✓ Diversas análises em andamento no momento

Cronograma de execução para a prorrogação do projeto

ATIV.	ATIVIDADE	TRIMESTRE			
		1	2	3	4
A-2	Aplicação de modelos desenvolvidos de NIRS para avaliação de teor de sólidos solúveis, teor de vitamina C, pH e acidez em frutos de maracujá e goiaba				
A-5	Redigir e submeter para publicação mais 4 artigos científicos em revistas internacionais de impacto IF> 2.0 descrevendo os genomas de maracujá e mangaba e as plataformas de genotipagem				
A-7	Finalizar a análise de dados de validação das plataformas de genotipagem SPAT para maracujá e DArTseq para mangaba				
A-8	Finalizar a avaliação de características agronômicas de produtividade de mangaba, resistência ao vírus CBMV de maracujá , autocompatibilidade em maracujá e nanismo em coqueiro para a execução dos experimentos de mapeamento de associação				
A-11	Realizar análises genéticas dos dados de genotipagem levantados para os acessos dos bancos de germoplasma das três espécies, incluindo: (1) análise de estrutura genética dos bancos de germoplasma, (2) reconstrução de pedigrees e estimativa de parentesco em famílias de polinização aberta; (3) composição de coleções nucleares; (4) identificação de conjuntos de SNPs indicativos de assinaturas de seleção natural				
A-12	Finalizar a genotipagem de acessos de maracujazeiro e mangabeira dos bancos ativos de germoplasma (BAGs) da EMBRAPA e da UENF				
A-13	Executar modelagem de seleção genômica em maracujazeiro para resistência ao vírus CBMV; para produtividade para a mangabeira e finalizar os modelos de seleção genômica para cajueiro				