



Foro Latinoamericano- Caribeño de Cacao

Desafíos y pautas para una cacaocultura moderna y sostenible en la región

Modelos de predicción genómica para el mejoramiento preventivo del cacao utilizando la Colección Internacional de Germoplasma del CATIE

Jean-Philippe Marelli, Andrew Gitto, Ina Schlathoelter, Erica M. Goss, Don Livingstone, Adriana Arciniegas Leal, Rolando Cerda Bustillos, Vanessa Sanchez, Stefan Royaert, Luciel Fernandes, Dahyana Britto, Jeremy T. Brawner

*jean-philippe.marelli@effem.com

30 de Agosto 2023

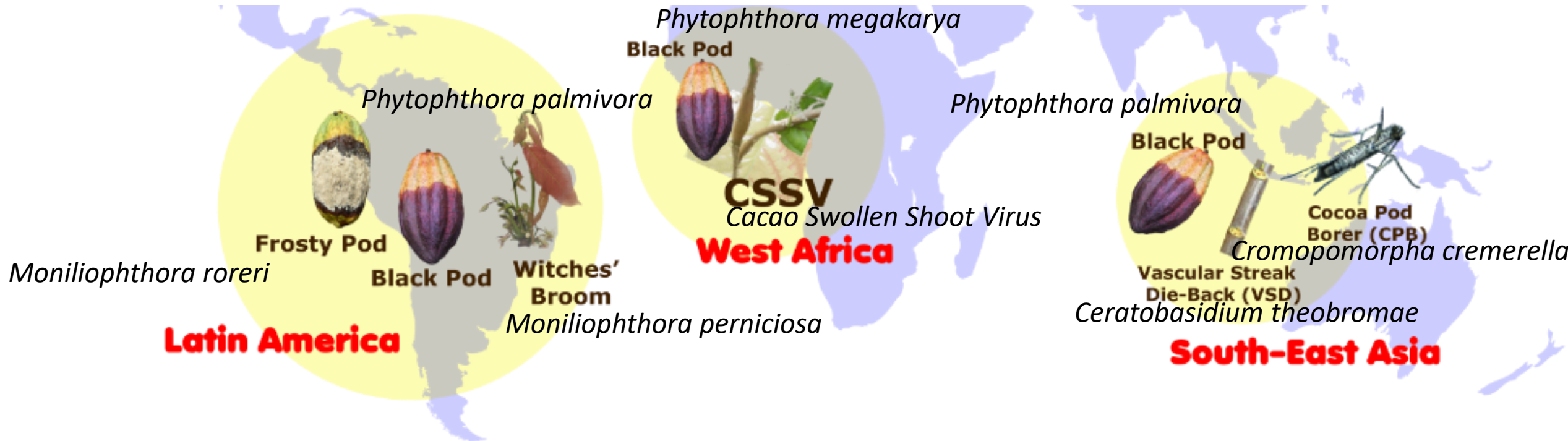
MARS
Tomorrow starts today



Enfermedades del cacao en el mundo



Apróximadamente el 38% de la cosecha se pierde cada año



Se necesita más investigación para combatir las enfermedades del cacao



- El cacao no ha recibido la atención científica prestada a cultivos como el arroz, el maíz y el trigo.
- Si bien los rendimientos de otros cultivos han mejorado dramáticamente en las últimas décadas, el rendimiento del cacao se ha estancado, ya que lucha por hacer frente a plagas y enfermedades que no se comprenden bien. Todavía hay muchas incógnitas en la patología y entomología de las plantas de cacao.
- La falta de investigación y comprensión de las enfermedades del cacao significa que los pequeños agricultores luchan por mantener el ritmo de las pérdidas de enfermedades y el cacao se vuelve menos competitivo para ellos.



**Pero los
rendimientos son
sólo
 $\frac{1}{5}$
a
 $\frac{1}{2}$**

**Cacao perdido por
plagas y
enfermedades**

$\frac{1}{3}$

**El cacao puede
producir**

>4

**Toneladas de cultivo
por hectárea**

Las enfermedades del cacao y el cambio climático



REUTERS®

World ▾

Business ▾

Markets ▾

Sustainability ▾

More ▾

High risk of Black Pod in West African cocoa -Climate42 consultancy

Reuters

September 24, 2021 11:58 AM GMT-3 · Updated 2 years ago



Aa

Cote d'Ivoire's main season cocoa crop strengthened by above-average rain

By Anthony Myers

08-Aug-2023 - Last updated on 08-Aug-2023 at 17:26 GMT

SHARE



Black Pod Disease Wreaks Havoc on Ghana's Cocoa Industry, Sending Prices Soaring to a 13-Year High



BY EBENEZER MENSAH — JULY 6, 2023

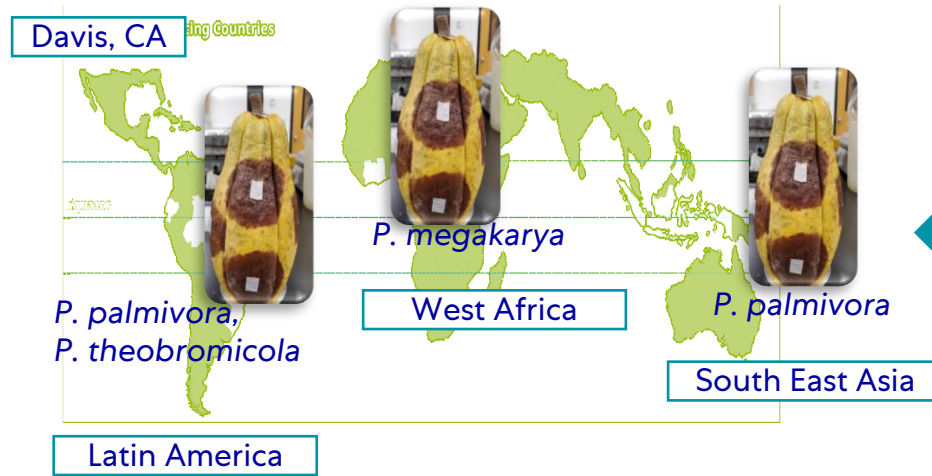


Por qué utilizar un enfoque de mejoramiento preventivo?



Representación Global del Germoplasma 'Panel de Diversidad'

Validar
Distribuir
MAS
Mapeo fino
Dual RNA-seq
Descubrimiento de genes



Fenotipado y secuenciación regionales a "nivel de árbol"

Conjuntos de estimación
'Para predecir cruces para el mejor fenotipo'



Datos de fenotipado de precisión
Conjuntos de datos de secuenciación profunda

Producto A: Selección de 'líneas' regionales utilizando predicciones de fenotipo/genotipo

Producto B: Gene stacking para distribuir a través de MAS

Producto C: Líneas de élite seleccionadas con todos los rasgos posibles de la enfermedad y productividad

Palabras clave :

Línea = Nuevo producto clonado

MAS = Selección asistida por marcadores

Cruces: Raza 2 padres

Panel de diversidad global: representar la genética en todos los lugares

Fenotipado: nivel preciso y cuantitativo de resistencia a enfermedades en una línea

Secuenciación profunda: permite múltiples enfoques genómicos

Conjuntos de estimación: el subconjunto de datos feno/geno regionales permite predecir los mejores cruces

Objetivo y Aplicación



Objetivo:

Crear protocolos eficientes de evaluación de enfermedades que puedan combinarse con datos del genotipo del cacao y genotipo de patógeno para: identificar clones/parentales resistentes a enfermedades y aislados virulentos, identificar genes que regulan la resistencia y virulencia, y predecir la resistencia de cualquier clon de cacao genotipado.

Aplicación:

Fenotipar un subconjunto de 300 clones en la colección de diversidad del CATIE combinar con datos genotípicos generados por nuestro equipo de mejoramiento para: 1) predecir el desarrollo de lesiones para todos (~1,200) clones del CATIE después de la inoculación con (~80) aislados de *P. megakarya* y 2) identificar genes que se expresan diferencialmente y marcadores que están asociados con resistencia y virulencia. 3) Validar estos modelos para selección en países donde ya se encuentra la enfermedad (Costa de Marfil/Ghana).

Recursos genómicos de cacao y sus patógenos



Phytozome 13
THE PLANT GENOMICS RESOURCE



Organism Information:

Theobroma cacao v2.1

Phytozome genome ID: 523 • NCBI taxonomy ID: 3641

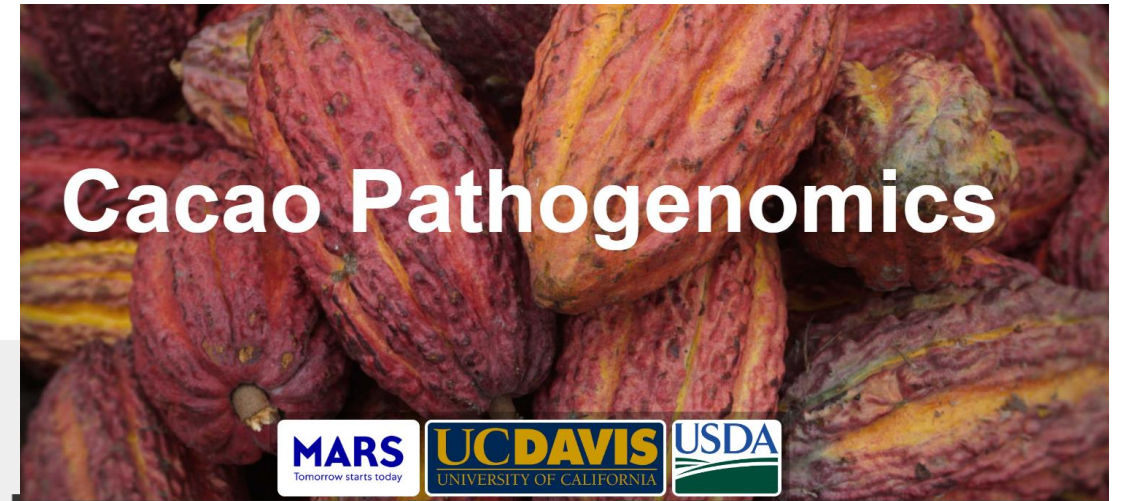
RST JGI

Keyword search

Blast search

JBrowse

Download



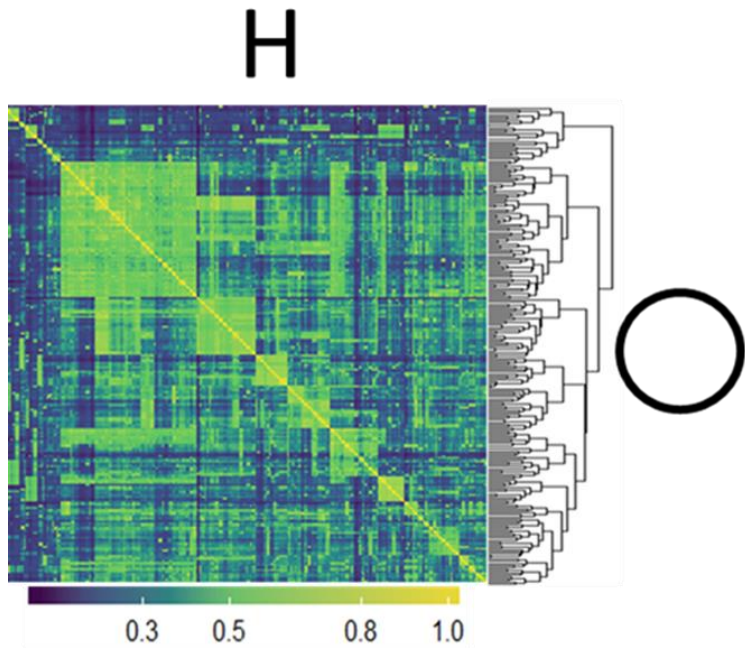
Cocoa Genome Hub

Access the cocoa Criollo Genome Version 2 with 99% of the genes anchored to the 10 chromosomes

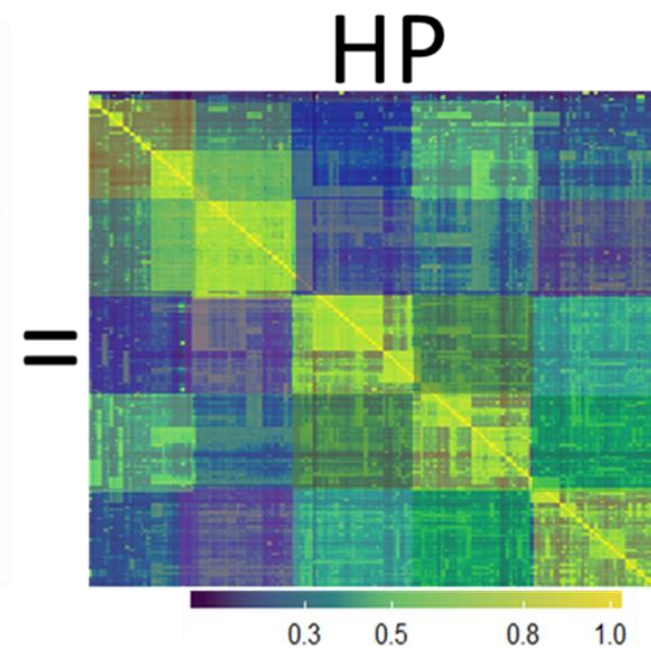
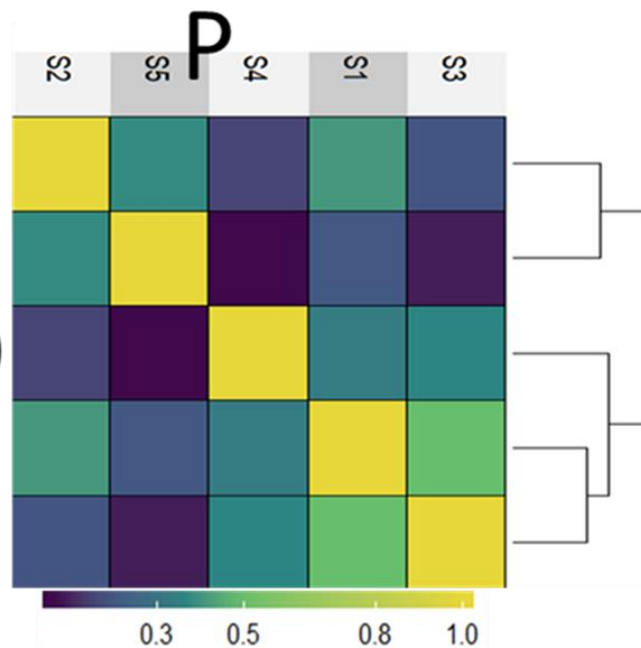
Uso de la relación genómica entre planta y sus patógenos



Relación con la planta huesped



Relación con el patógeno



- Si se fenotipan 300 clones de cacao, cada uno con un *P. megakarya* diferente (100 aislados)
- El uso de la matriz HP predecirá los BLUP del diámetro de la lesión para los 300 clones x 100 aislados

¿Cuál es la hipótesis clave en esta etapa?



El bioensayo de resistencia a la Mazorca negra desarrollado ...

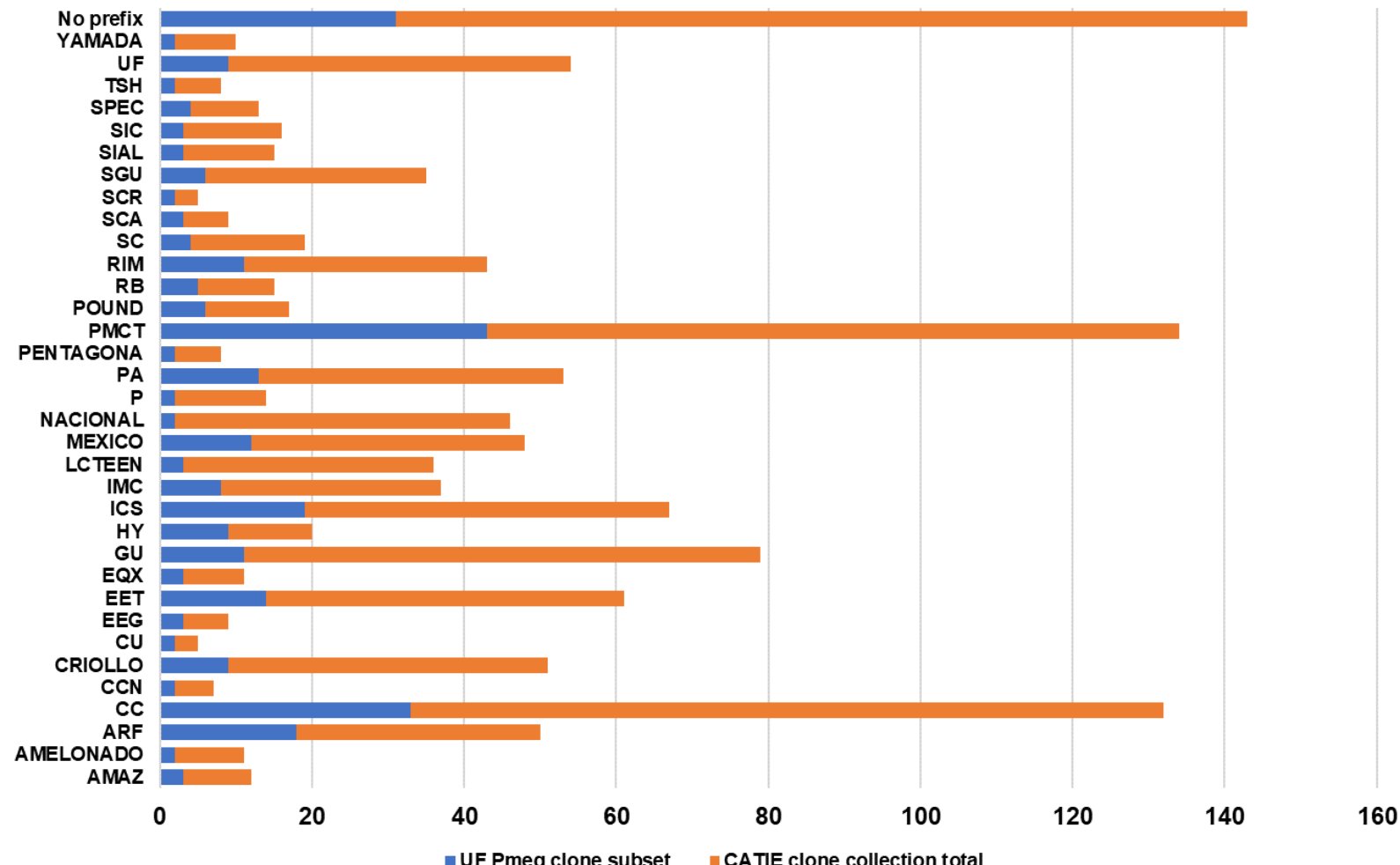


1. Es repetible
2. Puede diferenciar entre clones
3. Muestra diferencias estadísticamente significativas entre clones
4. Imita el proceso y las condiciones naturales de infección lo mejor posible
5. Muestra una heredabilidad moderada para el diámetro de la lesión: 20 a 45% (indica que el rasgo puede ser controlado por la genética)

Resumen de la estrategia de desarrollo del método de bioensayo



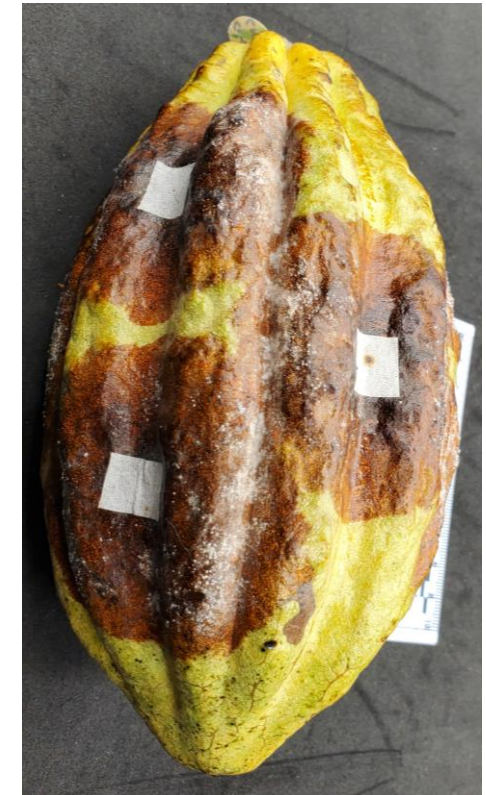
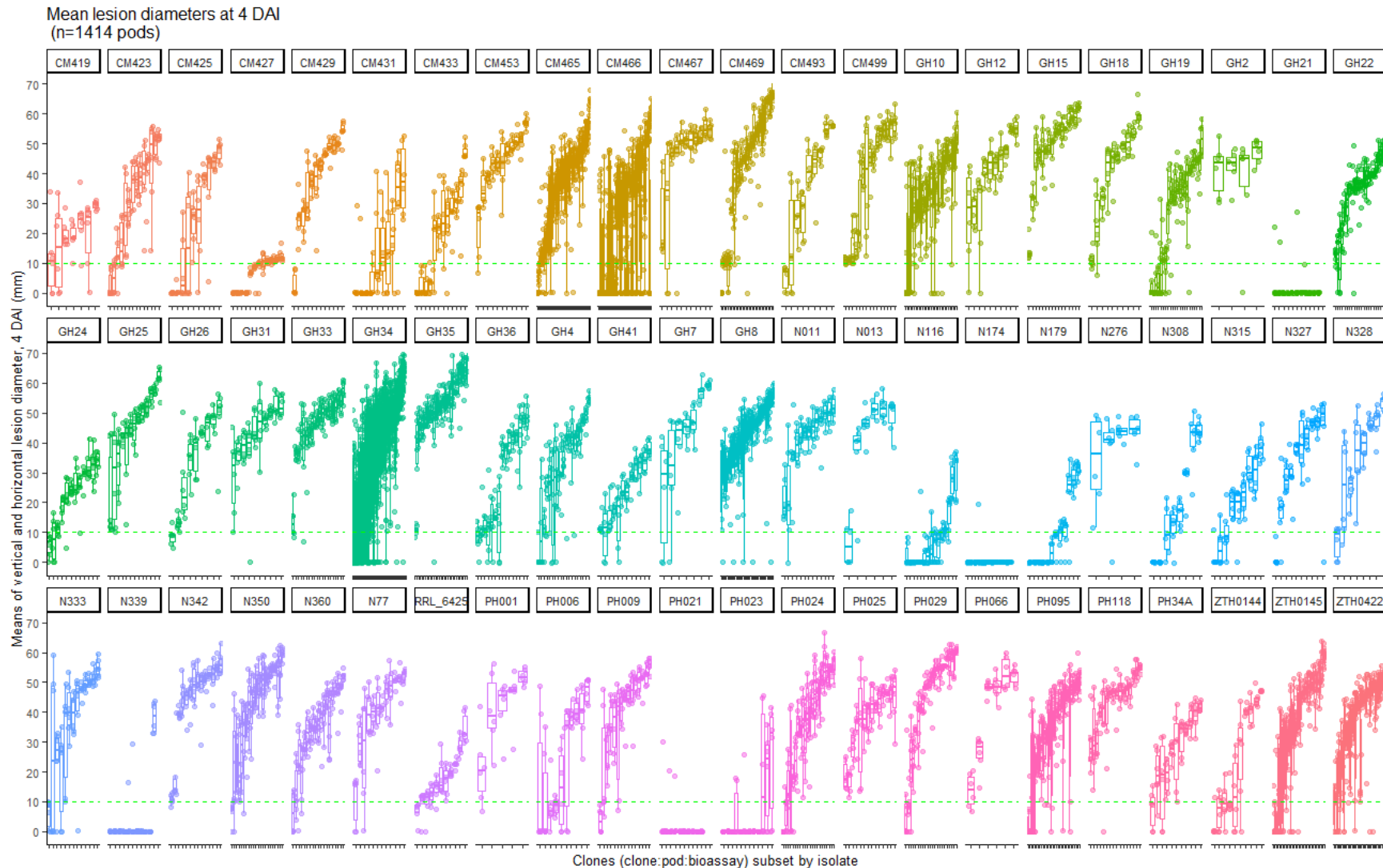
Representation of major clone asession prefixes in 300 clone subset compared to CATIE cacao collection



Cuanto mayor sea la "conexión" genética en la población de clones de entrenamiento (300 clones) con la población de prueba, mayor será el rendimiento predictivo de los modelos de predicción genómica

*Al menos el 80% de todos los clones del CATIE pertenecen a estos 34 grupos/prefijos de adhesión al CATIE (989/1.235 clones totales del CATIE)

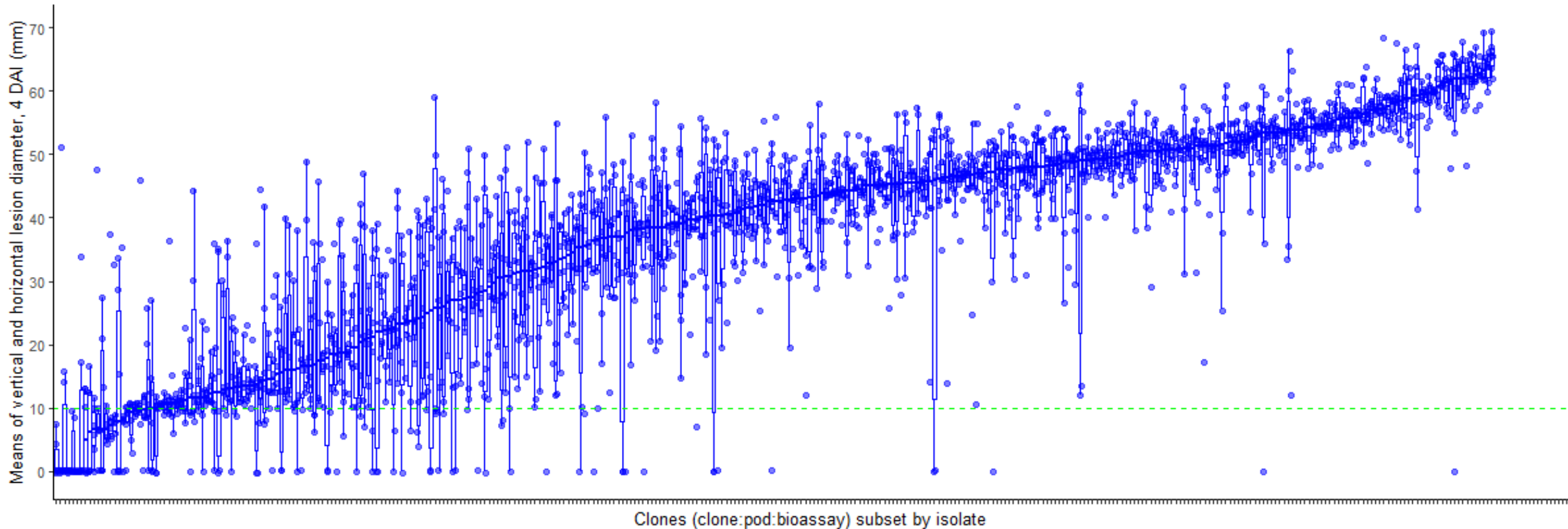
Fenotipado de mazorcas: Bioensayo con mazorcas enteras



Fenotipado de mazorcas: Bioensayo con mazorcas enteras



Mean lesion diameters at 4 DAI - GH34



Linear mixed models used to predict BLUPs = Best Linear Unbiased Predictions

- Allows for unbalanced experimental design

Análogos entre ensayos multiambientales y uso de múltiples aislados



- Interacciones entre el genotipo × el medio ambiente
- Análogo interacciones Genotipo cacao × *P. megakarya* aislamiento

$$V_{\text{Environment}} = V_{\text{isolate}}$$

$$P = G + E + G \times E$$

↓ ↓ ↓ ↓

$$V_P = V_G + V_E + V_{G \times E}$$

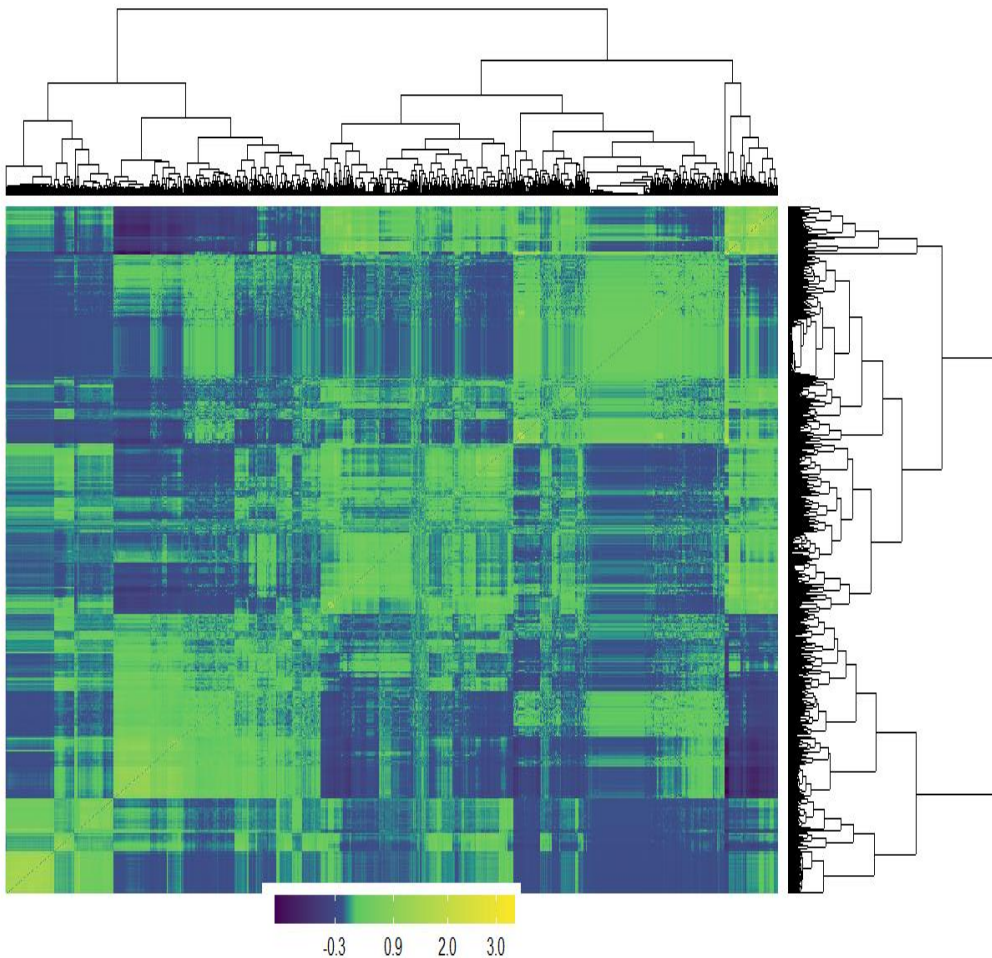
Broad-sense heritability/Repeatability = H^2

$$H^2 = V_{\text{Genotype}} / V_{\text{Phenotype}}$$

Uso de relaciones genómicas para mejorar las predicciones de resistencia



Relación genómica de 1.190 clones de cacao en CATIE



Heredabilidad= H^2

Datos CATIE black pod (*P.palmivora*), Cacao H^2 =
Cacao H^2 = 0.44 (0.18) con marcadores
0.36 (0.17) sin marcadores

Datos CATIE frosty pod (*Moniliophthora roreri*), Cacao H^2 =
Cacao H^2 = 0.21 (0.03) con marcadores
0.24 (0.02) sin marcadores

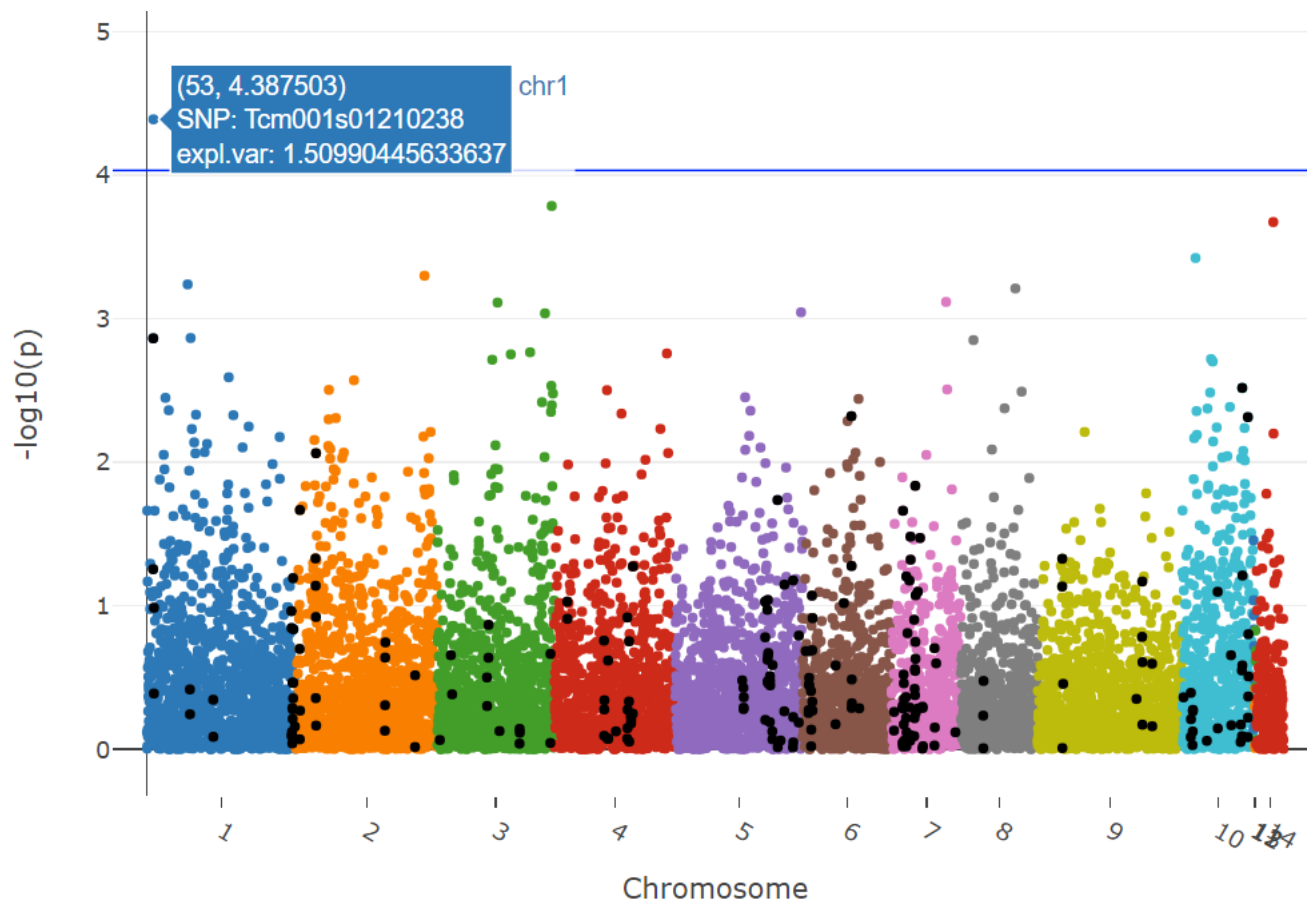
Datos CATIE y UF black pod (*P.megakarya*),
Cacao H^2 = 0.18 (0.03) con marcadores
0.16 (0.02) sin marcadores
P. megakarya H^2 = 0.49 (0.05) con marcadores
0.50 (0.05) sin marcadores

Con las relaciones genómica, tenemos predicciones de todos los clones usando los 350 ya evaluados y podemos enfocar la búsqueda.

Uso de relaciones genómicas para identificación del genes de resistencia



Pruebas del Asociación Genoma Amplia para *P.megakarya*



Los alelos preferidos de estos genes pueden ser estacados con cruzamientos específicos. Genes que activan las alarmas de resistencia son **NLRs** (en Negro) Cerca de 500 “*intracellular nucleotide-binding site leucine-rich repeat receptors*, o ‘*NOD-like receptors*’ estan en nuestro panel de marcadores.

Estos alelos pueden ser estacados en progenies nuevas, particularmente si buscamos en familias del cruzamiento entre clones superiores para resistencia al *P.megakarya*, como:

COCA-3370-5; Pentagona-17; LCTEEN-37; POUND-19-A

Es interesante que Pound-7 esta entre las mejores 5% para *P. megakarya* y ya esta provada como resistente con *P. palmivora*

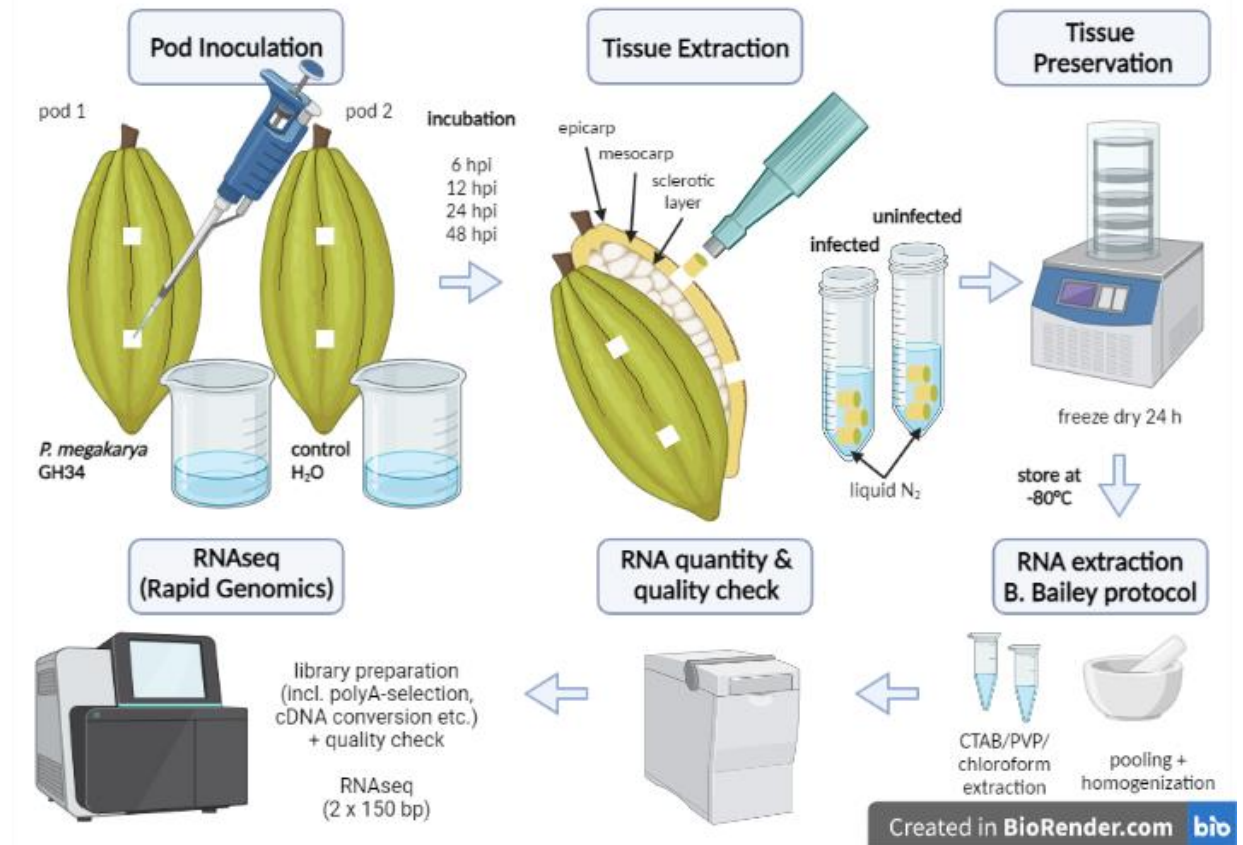
Diseño experimental dual RNA-seq



Objetivo : RNA-seq para determinar métodos y tiempo de muestreo

Pre-screening Dual-RNA-seq		
Treatments	2	<i>P. megakarya</i> GH-34, distilled water
Cacao clones	2	UF-273 type I (susceptible), POUND-7 clone B (resistant)
Time points	4	6 hpi, 12 hpi, 24 hpi, 48 hpi (Pmeg-inoc.)
	2	6 hpi, 48 hpi (Mock-inoc.)
Biol. replications	3	
# samples	36	

F1 mapping population of UF-273 Type I and Pound 7 at CATIE – SNPs associated to black pod rot have been described (Gutiérrez et al., 2021)



Colaboración con CNRA (Cote d'Ivoire)

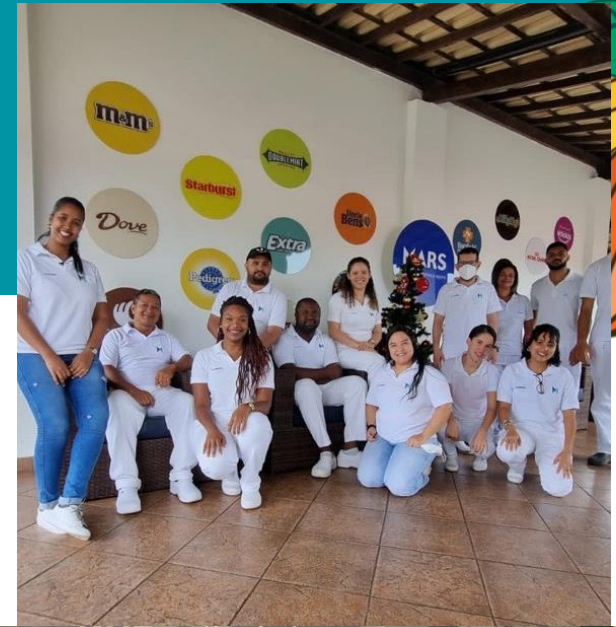


Bailey and Lyndel (2006)



Dr. Desire Pokou, CNRA

El Equipo





Foro Latinoamericano- Caribeño de Cacao

Desafíos y pautas para una cacaocultura moderna y sostenible en la región

GRACIAS

jean-philippe.marelli@effem.com

