



## POTENCIAL DO USO IMAGENS DIGITAIS NA CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE PROGÊNIES DE MARACUJAZEIRO AZEDO

### POTENTIAL OF DIGITAL IMAGES IN THE PHENOTYPICAL CHARACTERIZATION OF PROGENIES OF SOUR PASSION FRUIT

*Jorge Tadeu Fim Rosas, Edilson Marques Junior, Gabriel Antônio Dalapícula Serafini, Rodrigo Monte Lorenzoni, Carlos Eduardo Magalhães dos Santos*

Universidade Federal de Viçosa, Campus Viçosa. jorgetadeufimrosas@hotmail.com, edilsonmarquesjr@hotmail.com, gapserafini@gmail.com, rodrigomlorenzoni@gmail.com, carlos.magalhaes@ufv.br.

Autor correspondente: edilsonmarquesjr@hotmail.com

Apresentado na

30ª Semana Agronômica do CCAE/UFES - SEAGRO 2019

16 a 20 de setembro de 2019, Alegre - ES, Brasil

**RESUMO** – Um gargalo para o melhoramento de plantas é a necessidade de avaliar um elevado número de plantas, a fim de encontrar combinações alélicas favoráveis. A fenotipagem de alto rendimento, com uso de plataformas e processamento de imagens, permite a caracterização, rápida, precisa e de baixo custo de um elevado número de acessos. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar o potencial de imagens digitais RGB na caracterização de progênies de maracujazeiro azedo. Imagens de cinco progênies de maracujazeiro azedo (natureza híbrida, polinização aberta e autofecundação) foram obtidas a partir do sensor CMOS, de 16 megapixels e processadas para obtenção dos valores digitais das bandas RGB, e cálculo dos índices de vegetação para caracterização das progênies. Foi realizada uma análise descritiva nos dados e a análise componentes principais foi empregada para discriminação das progênies. Os valores digitais e os índices foram eficientes na caracterização das progênies. Uma progênie híbrida (HS2) foi a que mais se distinguiu de todas as progênies avaliadas.

**PALAVRAS-CHAVE:** Processamento de imagens, Fenotipagem de alto rendimento, RGB.

**KEYWORDS:** Image processing, High-throughput phenotyping, RGB.

**SEÇÃO:** Biotecnologia e Melhoramento de plantas.

## INTRODUÇÃO

Apesar do crescimento nos últimos anos, a produtividade média dos cultivos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims) é em torno de 14 toneladas por hectare, considerada baixa frente ao potencial da cultura (CERQUEIRA-SILVA et al., 2015). O melhoramento genético é tido como o principal responsável pela expansão da cultura no país, e atualmente, além da produtividade, os programas de melhoramento estão focados na obtenção de cultivares resistentes as principais moléstias da cultura, e de maior adaptabilidade (MELETTI, 2011).



Ganhos em programas de melhoramento, e conseqüentemente seu sucesso, estão diretamente relacionados a eficiência de identificar genótipos superiores. Um componente crítico no melhoramento de plantas, que tem limitado os ganhos nos programas é a dificuldade em identificar rápida e precisamente genótipos superiores, a partir da avaliação de características fenotípicas em campo (ARAUS et al., 2018). A fenotipagem é um gargalo, principalmente quando se trabalha com caracteres poligênicos, em que muitas vezes a característica mensurada não expressa o real potencial genético dos acessos, mas sim a interação entre sua constituição genotípica e o meio no qual está inserido. Além disso, a maioria das atividades de caracterização morfoagrônomicas são realizadas de forma manual, devido a falta de tecnologias apropriadas para tal finalidade, o que a caracteriza como um processo laborioso e demorado, e inviabiliza a avaliação em escalas maiores (TANGER et al., 2017).

Técnicas de fenotipagem de alto rendimento, recentemente desenvolvidas têm buscado superar estes entraves. A utilização de imagens de altas resoluções permite a avaliação de caracteres morfoagrônomicos e fisiológicos de grande número de indivíduos simultaneamente, em pequeno intervalo de tempo e baixa necessidade de mão-de-obra (GEBREMEDHIN et al., 2019). As imagens permitem a extração de índices que possibilitam ter uma caracterização precisa e rápida, a baixos custos do objeto em estudo. Imagens RGB (*Red, Green and Blue*) permitem monitorar ocorrência de doenças, densidade de plantas, tamanho e número de grãos, frutificação e florescimento, senescência, tamanho foliar, conteúdo de clorofila, índices de vegetação, dentre diversas outras características (ARAUS et al., 2018).

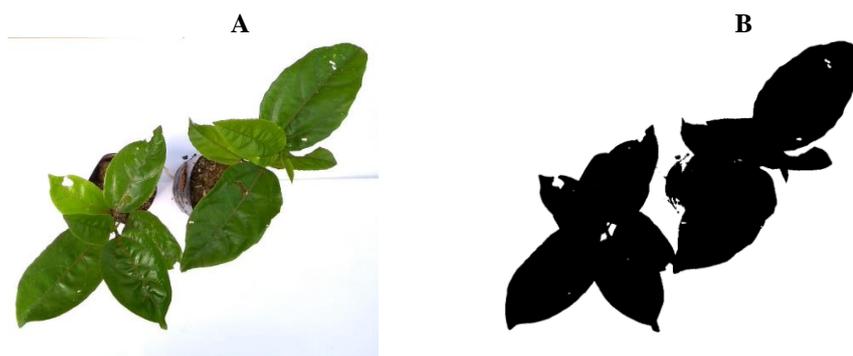
Em maracujazeiro ainda são escassos ou inexistentes trabalhos nesse sentido, e evidencia a necessidade de pesquisas que visam a adoção de técnicas mais precisas e eficientes para fenotipagem. Assim, objetivou-se com este estudo, apresentar o potencial do uso de imagens digitais, na caracterização de progênies de maracujazeiro azedo.

## METODOLOGIA

O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão do Setor de Fruticultura, da Universidade Federal de Viçosa – UFV, em um delineamento inteiramente casualizado. Cinco progênies de maracujá azedo foram utilizadas neste estudo, nas quais três foram progênies híbridas, obtidas por cruzamento controlado (HS1, HS2 e HS3), uma de polinização aberta (PA) e uma de autofecundação, onde cada progênie foi representada por 10 plantas em fase inicial de desenvolvimento (mudas).

As imagens foram obtidas fazendo uso de um Smartphone da marca Motorola modelo MotoG5S. O aparelho possui um sensor CMOS (*Complementary Metal-Oxide Semiconductor*) fabricado pela Sony, modelo IMX298 que captura imagens RGB (*Red, Green and Blue*) com uma resolução de 16 megapixels e 24 bits de profundidade.

No momento da aquisição das imagens, a câmera foi configurada no modo manual, para que assim, todas as imagens fossem obtidas nas mesmas condições. A velocidade do obturador foi configurada para 1/250 s e o ISO foi mantido em 100. O foco e o balanço de branco foram utilizados no modo automático. As imagens foram registradas a uma distância de 80 cm do alvo. Para a padronização das imagens um fundo branco, constituído em EVA, foi utilizado. Em cada imagem estava contido 2 plantas, como pode ser observado na figura 1 A.





**Figura 1.** Obtenção das imagens para processamento. A) Imagem original; B) Imagem segmentada.

Após a aquisição das imagens, estas foram processadas fazendo uso da biblioteca OpenCV (*Open Source Computer Vision Library*) com interface para o Python versão 2.7. O processamento das imagens consistiu na segmentação das mesmas, que permitiu isolar as plantas em blobs (Figura 1 B). Após a segmentação foram calculados a média dos valores digitais da banda vermelha, da banda verde e da banda azul da região de interesse. Além das médias dos valores digitais de cada banda, foram calculados cinco índices de vegetação, os quais são apresentados na tabela 1.

**Tabela 1.** Índices de vegetação utilizados na caracterização das progênies de maracujazeiro azedo.

Índice	Equação	Referência
RGBVI	$[(G \cdot R) - (R \cdot B)] / [(G \cdot R) - (R \cdot B)]$	Bendig et al. 2015
GLI	$[(2 \cdot G - R - B)] / [(2 \cdot G + R + B)]$	Louhaichi et al. 2001
VARI	$[(G - R)] / (G + R - B)$	Gitelson et al. 2002
NGRDI	$[(G - R)] / (G + R)$	Tucker 1979
NGBDI	$[(G - R)] / (G + B)$	Verrelst et al. 2008

A estatística descritiva foi realizada para apresentar o comportamento das variáveis em estudo para cada progênie. Em seguida, a análise de componentes principais foi utilizada para discriminação das progênies.

## RESULTADOS E DISCUSSÕES

As variáveis espectrais foram eficientes para caracterização das progênies estudadas. A progênie HS2 foi a que mais de destacou dentre as progênies, com maior média para as variáveis R, G e B. Estudos realizados por Yang et al. (2015) associa folhas com maior quantidade de verde ao maior teor de clorofila em plantas de arroz, e segundo os autores, essa característica pode predizer a presença de locos que caracterizem genótipos superiores. Ao avaliar os índices de vegetação, os valores médios de alguns não apresentaram diferença entre as progênies, mas apresentam altos coeficientes de variação, indicando uma maior variação dentro das progênies nestes índices (Tabela 2). O desvio padrão (sd) e o coeficiente de variação (CV) apresentam considerável variação entre as progênies para as mesmas variáveis, o que pode ser explicado pela variância genética dentro destas progênies. Em geral, PA apresenta os menores coeficientes de sd e CV, indicando uma maior homogeneidade dentro desta progênie.

**Tabela 2.** Análise descritiva de média, desvio padrão (sd) e coeficiente de variação em porcentagem (CV), para as progênies híbridas HS1, HS2 e HS3, polinização aberta (PA) e progênie em primeira geração de autofecundação (S1) nas diferentes variáveis espectrais analisadas.

	HS1			HS2			HS3			PA			S1		
	Média	sd	CV	Média	sd	CV	Média	sd	CV	Média	sd	CV	Média	sd	CV
R	28.8	3.0	10.3	45.7	2.5	5.4	29.0	4.2	14.5	29.6	1.7	5.9	27.9	2.1	7.4
G	70.5	3.6	5.1	108.5	5.2	4.8	70.2	4.6	6.5	73.8	3.4	4.6	76.6	5.7	7.5
B	52.4	4.3	8.3	77.1	13.4	17.4	50.5	4.7	9.4	52.2	2.3	4.3	58.4	6.8	11.7
RGBVI	0.5	0.0	8.4	0.5	0.1	10.8	0.5	0.0	4.4	0.6	0.0	4.9	0.6	0.0	2.4
GLI	0.3	0.0	11.1	0.3	0.0	16.4	0.3	0.0	7.4	0.3	0.0	7.8	0.3	0.0	5.1
VARI	0.9	0.1	8.7	0.8	0.1	12.9	0.9	0.2	19.6	0.9	0.1	8.5	1.1	0.2	17.9
NGRDI	0.4	0.0	6.5	0.4	0.0	4.6	0.4	0.0	8.6	0.4	0.0	2.3	0.5	0.0	6.4
NGBDI	0.3	0.0	6.7	0.3	0.0	7.6	0.3	0.0	4.4	0.4	0.0	3.4	0.4	0.0	2.6



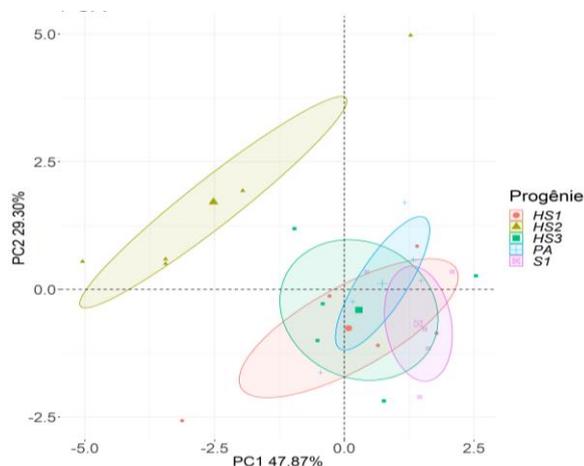
Os dois primeiros componentes principais explicaram 77,17% da variação total. As variáveis que mais contribuíram na caracterização das progênies foram NGBDI, R, RGBVI e B na CP1, e GLI, VARI na CP2, estando estas variáveis altamente correlacionadas com estes componentes, com coeficientes de correlação acima de 70%, exceto VARI (Tabela 3).

Ao discriminar as progênies por meio da análise de componentes principais, é possível observar que HS2 é a progênie que mais se destaca (Figura 2). Nas demais progênies não é possível observar um padrão de diferenciação entre elas. A não discriminação dessas progênies pode ser devido ao fato de alguns genitores das progênies HS1, HS3 e PA, possuírem uma relação de parentesco entre si e, portanto, compartilhar alelos semelhantes. Assim, apesar da segregação genética dentro destas progênies, as mesmas não se distinguiram entre si.

**Tabela 3.** Contribuição e correlação das variáveis espectrais nos dois primeiros componentes principais.

VAR	Contribuição		Correlação	
	CP1	CP2	CP1	CP2
R	0.159709	0.139561	0.782059	-0.571981
G	0.108574	0.128238	0.644819	-0.548285
B	0.145829	0.002679	0.747301	-0.079241
RGBVI	0.159217	0.152100	-0.780852	-0.597123
GLI	0.095800	0.267683	-0.605699	-0.792153
VARI	0.020276	0.205151	-0.278653	0.693482
NGRDI	0.120209	0.043345	-0.678489	0.318764
NGBDI	0.190386	0.061243	-0.853868	-0.378901

Os resultados encontrados no presente trabalho mostram que no melhoramento do maracujazeiro, técnicas de processamento de imagens para a fenotipagem, podem ser promissoras. O potencial das imagens RGB na caracterização morfológica foi demonstrado também por Ge et al. (2016) em milho, ao caracterizar a dinâmica temporal da água no crescimento destas plantas. Em trigo, imagens RGB foram utilizadas para contagem do número de espigas em campo, a partir de algoritmos, e os resultados correlação acima de 90% entre a contagem manual e a contagem a partir do algoritmo, além disso os resultados do algoritmo apresentou maiores relações com a produção de grãos, do que a contagem, evidenciando o potencial da ferramenta na fenotipagem (FERNANDEZ-GALLEG0 et al., 2018).



**Figura 2.** Dispersão e discriminação das progênies de maracujazeiro azedo a partir da análise de componentes principais.



## CONCLUSÃO

Imagens digitais foram eficientes na caracterização de progênies de maracujazeiro azedo, e possuem potencial para a fenotipagem de alto rendimento em programas de melhoramento da cultura.

## REFERÊNCIAS

- ARAUS, J. L.; KEFAUVER, S. C.; ZAMAN-ALLAH, M.; OLSEN, M. S.; CAIRNS, J. E. Translating high-throughput phenotyping into genetic gain. **Trends in plant science**, v. 23, n. 5, p. 451-466, 2018.
- BENDIG, J.; YU, K.; AASEN, H.; BOLTEN, A.; BENNERTZ, S.; BROSCHEIT, J.; GNYP, M.L.; BARETH, G. Combining UAV-based plant height from crop surface models, visible, and near infrared vegetation indices for biomass monitoring in barley. **International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation**, v. 39, p. 79-87, 2015.
- CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; JESUS, O. N.; OLIVEIRA, E. J.; SANTOS, E. S. L.; SOUZA, A. P. Characterization and selection of passion fruit (yellow and purple) accessions based on molecular markers and disease reactions for use in breeding programs. **Euphytica**, v. 202, p. 345-359, 2015.
- FERNANDEZ-GALLEGO, J. A.; KEFAUVER, S. C.; GUTIÉRREZ, N. A.; NIETO-TALADRIZ, M. T.; ARAUS, J. L. Wheat ear counting in-field conditions: high throughput and low-cost approach using RGB images. **Plant methods**, v. 14, n. 1, p. 22, 2018.
- GE, Y.; BAI, G.; STOERGER, V.; SCHNABLE, J. C. Temporal dynamics of maize plant growth, water use, and leaf water content using automated high throughput RGB and hyperspectral imaging. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 127, p. 625-632, 2016.
- GEBREMEDHIN, A.; BADENHORST, P. E.; WANG, J.; et al. Prospects for Measurement of Dry Matter Yield in Forage Breeding Programs Using Sensor Technologies. **Agronomy**, v. 9, p. 1-19, 2019.
- GITELSON, A. A.; KAUFMAN, Y. J.; STARK, R.; RUNDQUIST, D. Novel algorithms for remote estimation of vegetation fraction. **Remote sensing of Environment**, v. 80, n. 1, p. 76-87, 2002.
- LOUHAICHI, M.; BORMAN, M. M.; JOHNSON, D. E. Spatially located platform and aerial photography for documentation of grazing impacts on wheat. **Geocarto International**, v. 16, n. 1, p. 65-70, 2001.
- MELETTI, L. M. M. Avanços na cultura do maracujá no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, ed. especial, p. 83-91, 2011.
- TANGER, P. et al. Field-based high throughput phenotyping rapidly identifies genomic regions controlling yield components in rice. **Scientific Reports**, v. 7, p. 42839-42847, 2017.
- TUCKER, C. J. Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation. **Remote sensing of Environment**, v. 8, n. 2, p. 127-150, 1979.
- VERRELST, J. M. E.; SCHAEPMAN, B.; KOETZ; KNEUBUHLER, M. Angular sensitivity analysis of vegetation indices derived from CHRIS/PROBA data. **Remote Sensing of Environment**, v. 112, n. 5, p. 2341-2353, 2008.
- YANG, W.; GUO, Z.; HUANG, C.; WANG, K.; JIANG, N.; FENG, H.; XIONG, L. Genome-wide association study of rice (*Oryza sativa* L.) leaf traits with a high-throughput leaf scorer. **Journal of experimental botany**, v. 66, n. 18, p. 5605-5615, 2015.