

Applied Genomics Studies on the Generation of Coffee Varieties Based on Their Genetic Diversity

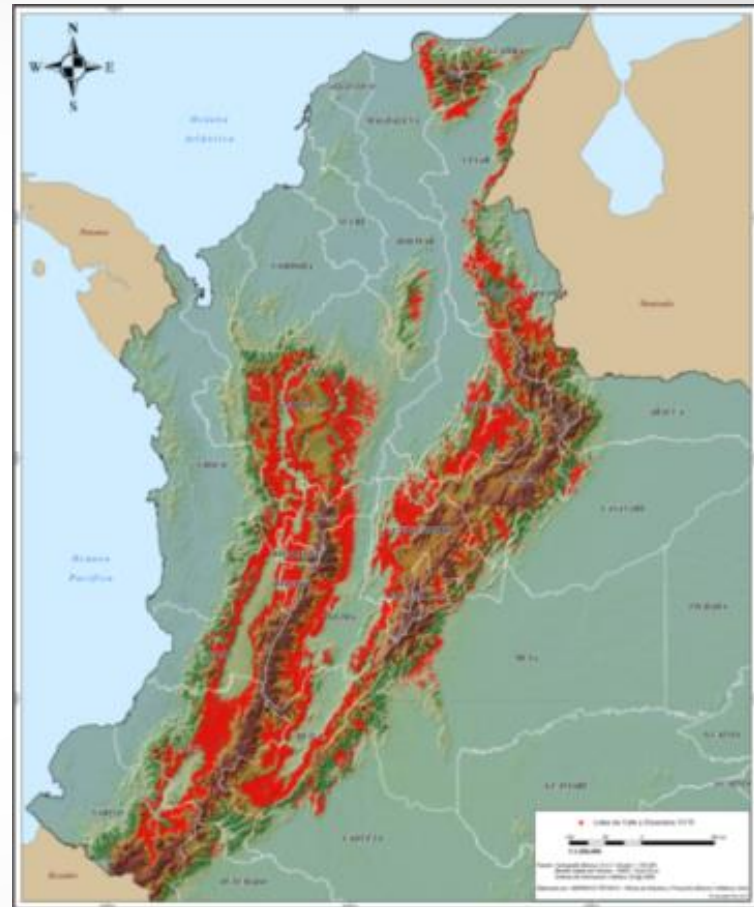
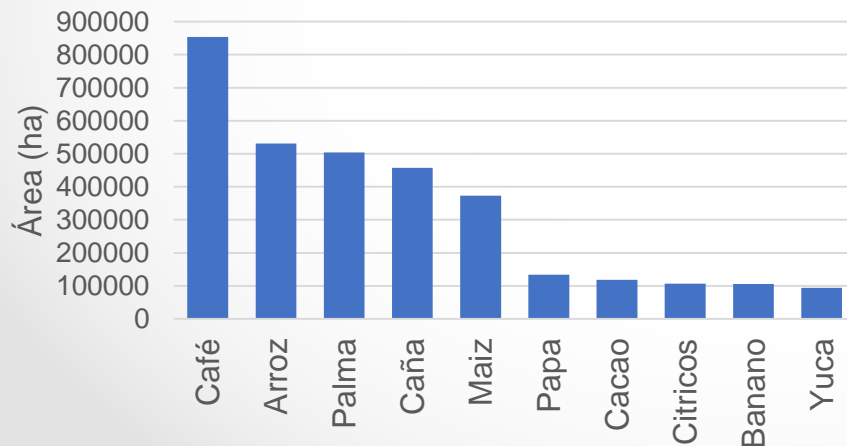
Seminario ASPA-DAAD
25 de Noviembre 2021

Carlos Ernesto Maldonado Londoño
I.A., M.Sc., Ph.Dc.
Investigador Científico I
Mejoramiento Genético



FNC en cifras

Cafeteros agremiados	>340.000
Empleos directos caficultura	~2.000.000
Área cultivada – 2020	844.744 ha
Tercer productor mundial (FAO – 2019)	8.8%



Género *Coffea*

130 especies:

41 de África continental

65 de Madagascar

1 de Gran Comora

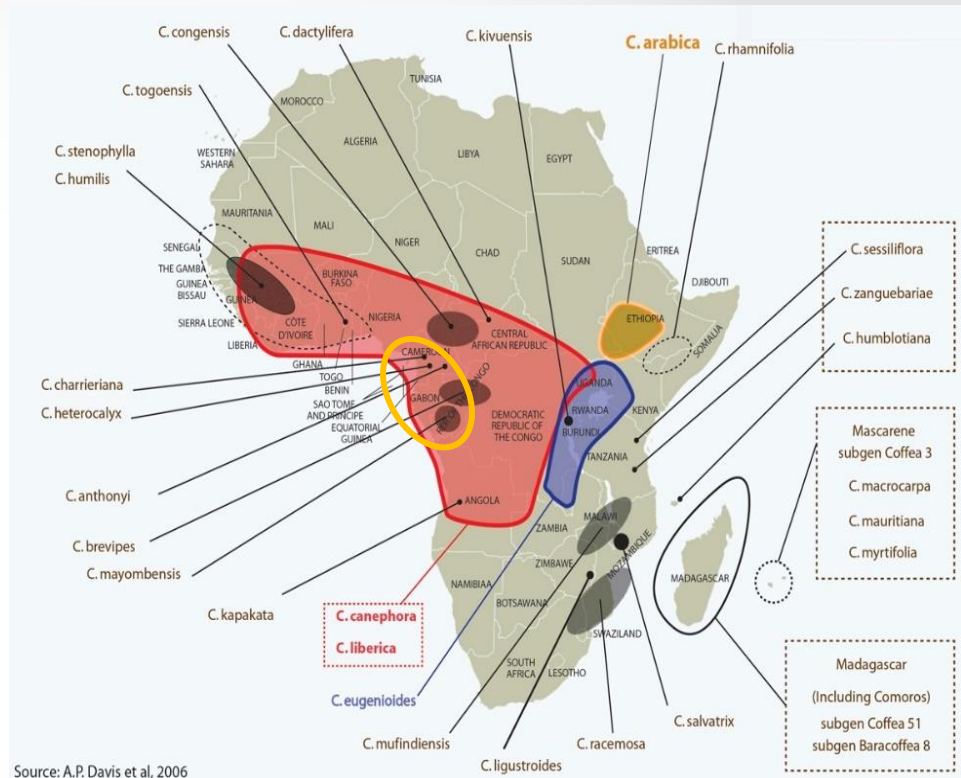
3 de Islas Mauricio y Reunión

20 de Asia y Australasia

Especies cultivadas (exportaciones):

C. arabica 57,8%

C. canephora 42,2%



Coevolución con plagas y enfermedades

Davis *et al.*, 2006
 Davis *et al.*, 2011
 Davis & Rakotonasolo, 2021
<http://www.ico.org>

1. *Hemileia vastatrix*
2. *Colletotrichum kahawae*
3. *Hypothenemus hampei*



Origen de *Coffea arabica*

Coffea eugenioides

$2n = 2x = 22$
~660 Mb

×

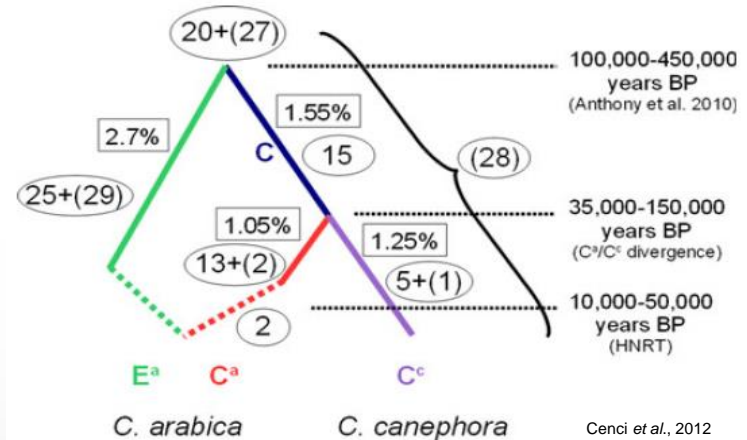
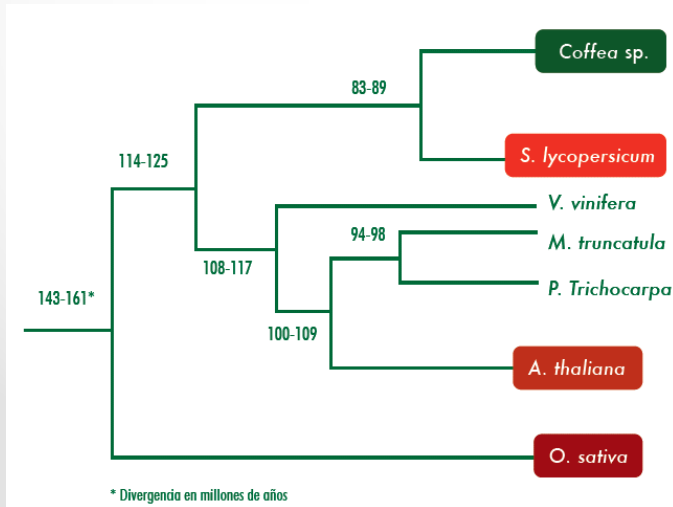
Coffea canephora

$2n = 2x = 22$
~710 Mb



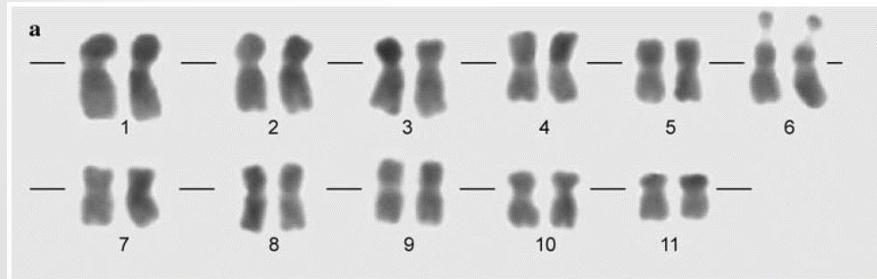
Coffea arabica

$2n = 4x = 44$
1100 - 1400 Mb

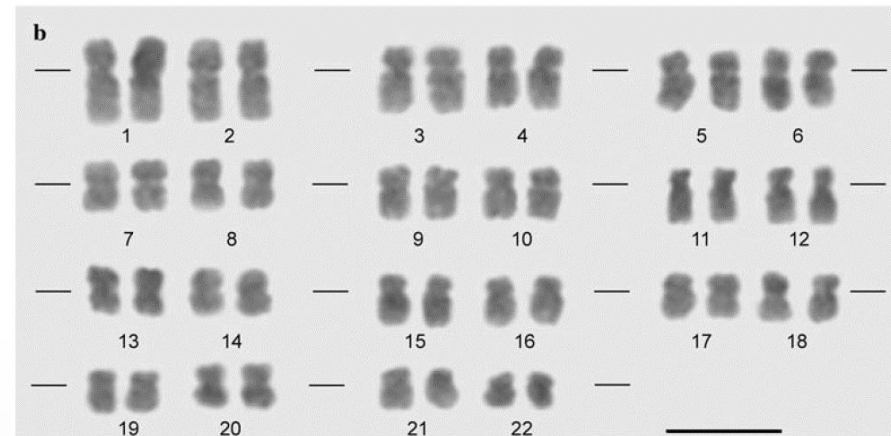


Comparison of the *Coffea canephora* and *C. arabica* karyotype based on chromosomal DNA content

Wellington Ronildo Clarindo · Carlos Roberto Carvalho

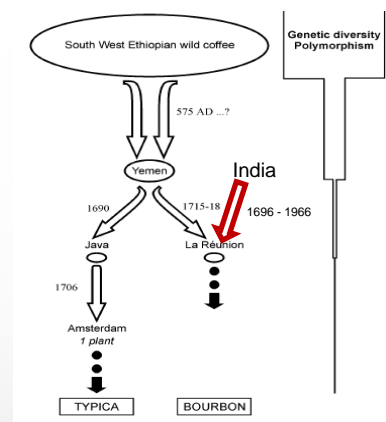
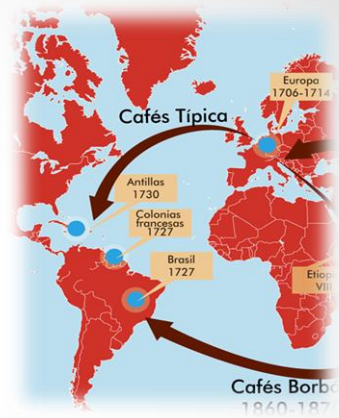
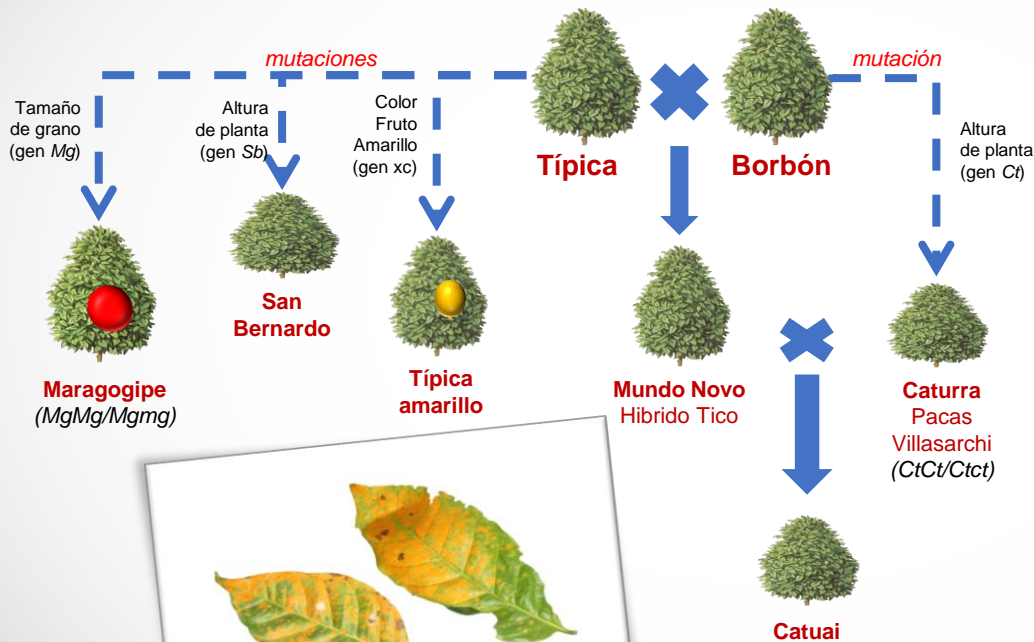


C. canephora $2n=2x=22$, ~710 Mb



C. arabica $2n=4x=44$, 1100 – 1400 Mb

Origen de las principales variedades tradicionales de *C. arabica* cultivadas en América



MEJORAMIENTO GENÉTICO



Mejoramiento Genético de Café



Colección
Colombiana
de Café -
CCC



Desarrollo
de
Variedades
Mejoradas

Colección Colombiana de Café - CCC

Colección Internacional (28,7%)

Clase	Número de Accesiones	Part. (%)
<i>Coffea arabica</i>	885	85,26
<i>Coffea canephora</i>	93	9,32
<i>Coffea liberica</i>	19	1,54
<i>Coffea congensis</i>	5	0,58
<i>Coffea eugenioides</i>	2	0,19
<i>Coffea kapakata</i>	2	0,19
<i>Coffea racemosa</i>	5	0,48
<i>Coffea salvatrix</i>	1	0,10
<i>Coffea stenophyla</i>	1	0,10
<i>Coffea benghalensis</i>	1	0,10
Híbridos Interespecíficos	17	1,83
Total	1031	
Introducciones		
Área	4.24 ha	

Colección de Trabajo (71,3%)

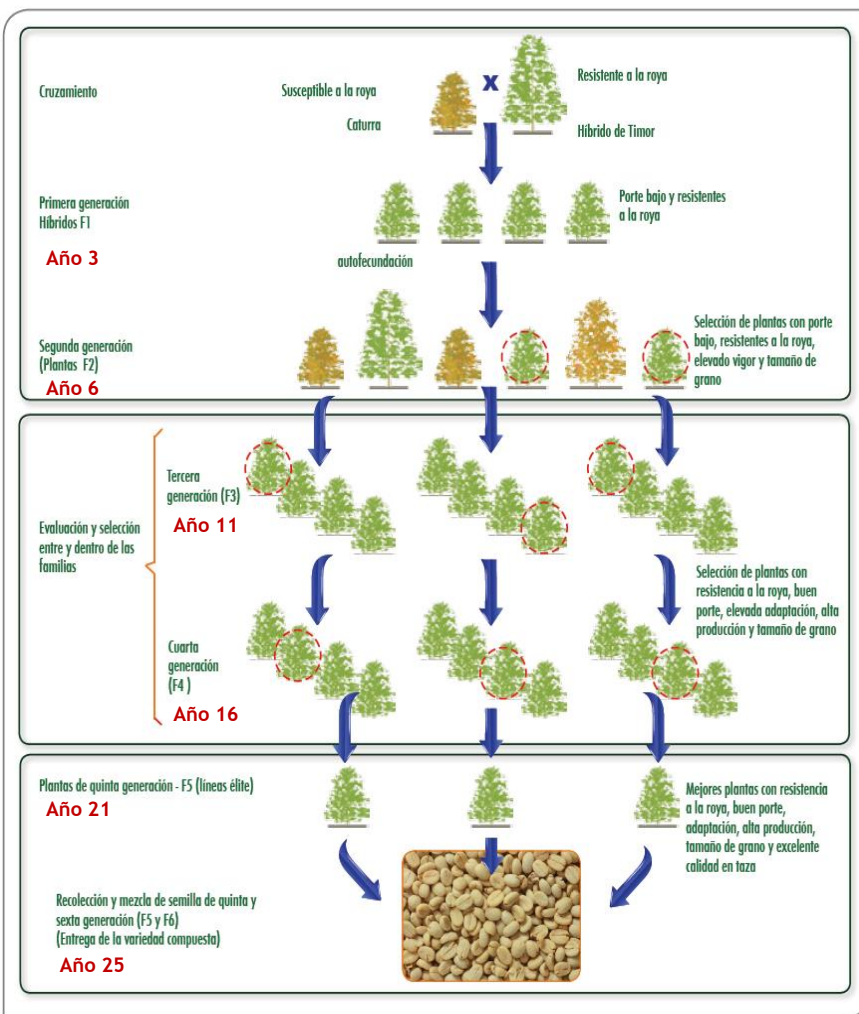
Clase	Número de Accesiones	Part. (%)
Selecciones dentro		
Introducciones	797	30,87
Cruzamientos		
Intervarietales (H1000)	62	2,40
Cruz. Fuentes de Res. C. arabica (H2000)	195	7,55
Cruzamientos con el H de T (H3000)	476	18,44
Híbridos Interespecíficos (H4000)	542	20,99
Clones Elite (Colombia, Castillo®, Cenicafe 1)	354	13,87
Otros	152	5,89
Total Selecciones	2578	
Área	4.29 ha	

Total Accesiones
3609

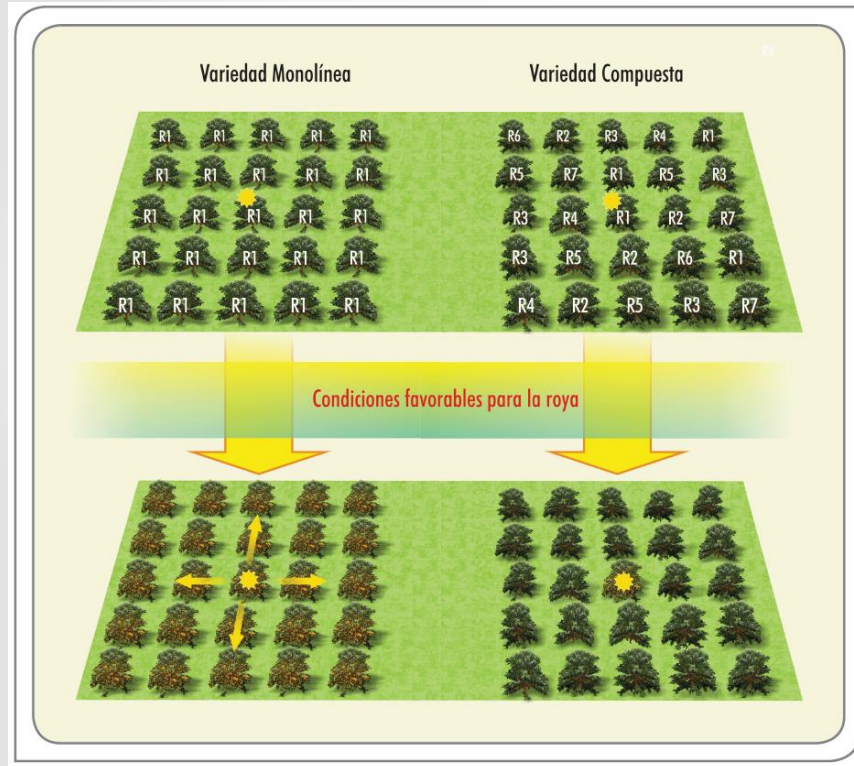
Proceso de Mejoramiento de Variedades Compuestas con Resistencia a Roya

SH6, SH7, SH8, SH9, SHn

	Generaciones de autofecundación				
	Porcentaje				
Homocigósis (%)		50	75	88	94
Característica	F1	F2	F3	F4	F5
Vigor		X	X	X	X
Porte		X	X		
Morfología		X	X	X	X
Grano		X	X	X	X
Producción			X	X	X
Adaptación			X	X	X
Taza				X	X
Resistencia a roya		X	X	X	X
Resistencia a CBD				X	X



Proceso de Mejoramiento de Variedades Compuestas con Resistencia a Roya



VARIEDAD COLOMBIA



38 años
Resistente a la roya

Liberada en 1983

Variedades de café cultivadas en Colombia



1938. Típica



1938. Borbón



1960. Caturra



1980. Colombia



2002. Tabi



2005. Castillo®



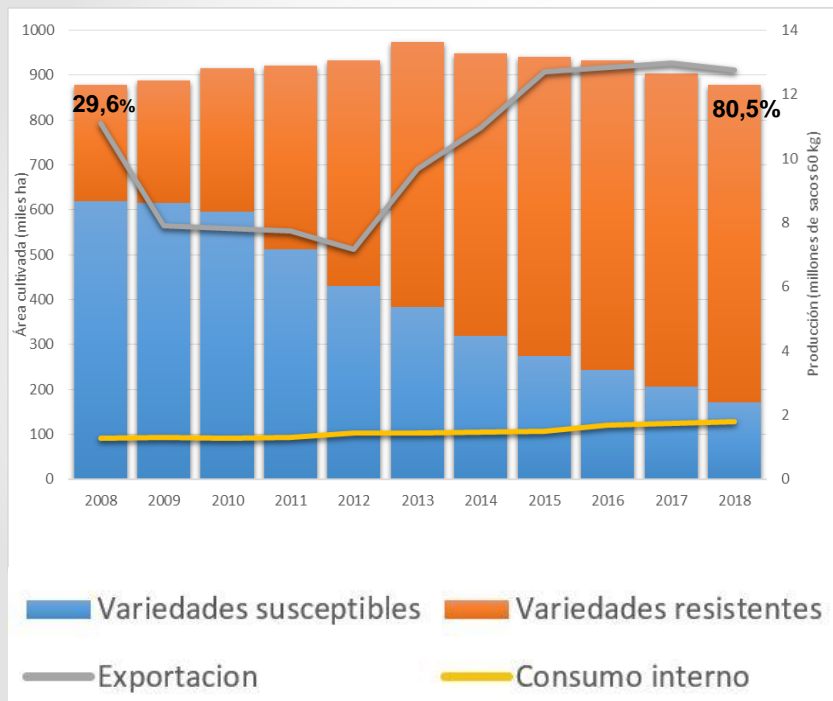
2016. Cenicafé-1



2017. Castillo®
Zonales



Adopción tecnológica



Mapa genético *Coffea arabica*

848 marcadores, 3840 cM



Tamaño de fruto

CBD resistance



Produccion

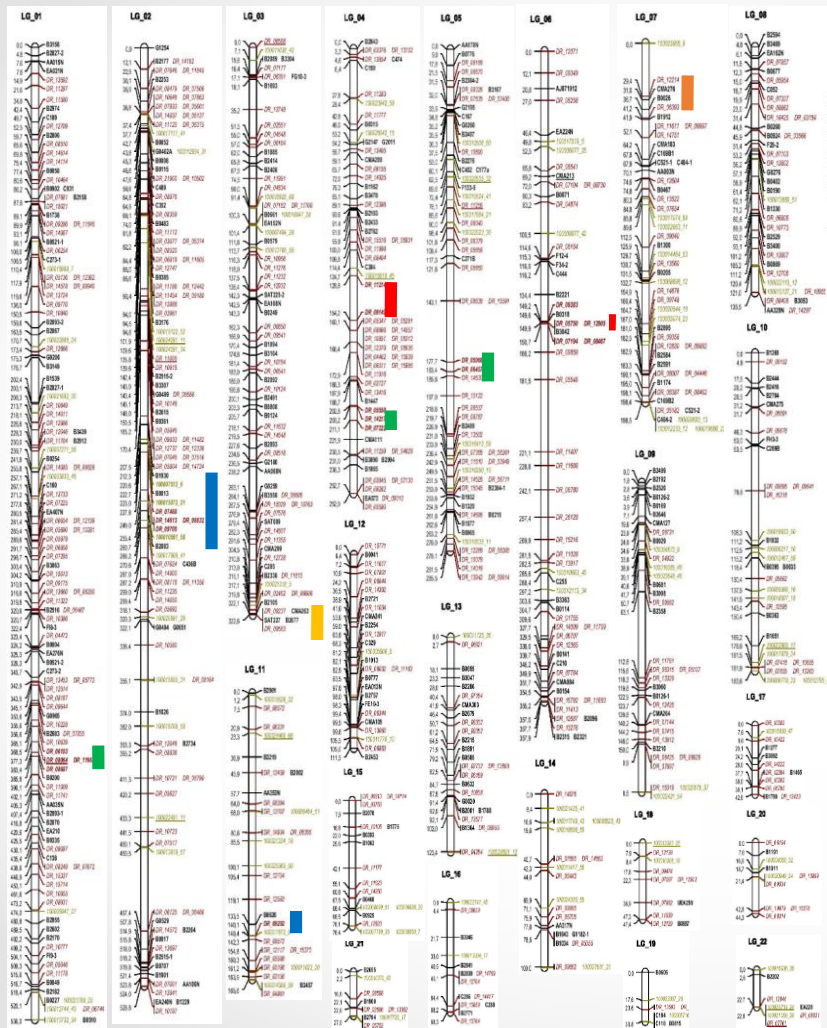


Resistance to
CLR, CBD,
nematodes



Altura

Moncada et al., 2016



Secuenciación Genómica de *Coffea*

Coffea canephora

$2n = 2x = 22$
~710 Mb

Pseudomolecula (Linkage group)	No. Scaffolds	Size (Mb)	No. Genes	Density (genes/Mb)
1 (A)	34	38.2	2198	57.5
2 (B)	42	54.5	4000	73.4
3 (C)	29	32	1632	51
4 (D)	35	28.2	1727	61.2
5 (E)	33	29.1	1661	57.1
6 (F)	31	37.3	2839	76.1
7 (G)	21	29.8	2146	72
8 (H)	39	31.6	1718	54.4
9 (I)	26	22.3	1094	49.1
10 (J)	34	27.6	1653	59.9
11 (K)	25	33.5	1753	52.3
Un	12996	205.6	3603	17.5
Total		569.7		

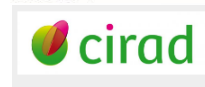


9 países
18 instituciones
53 investigadores

The Arabica Coffee Genome Consortium



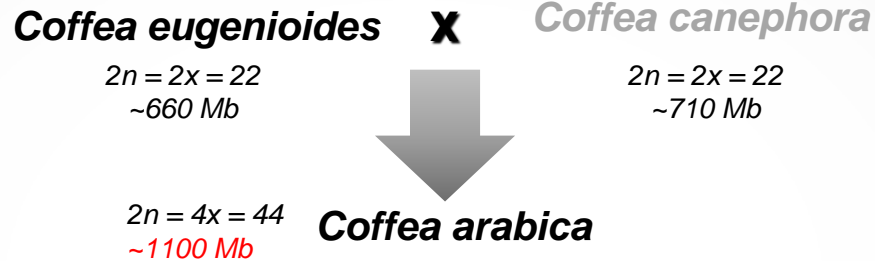
Research



80,26 % del genoma secuenciado
51% de la secuencia en cromosomas
22421 genes en cromosomas



Genoma de *C. arabica* var. Caturra

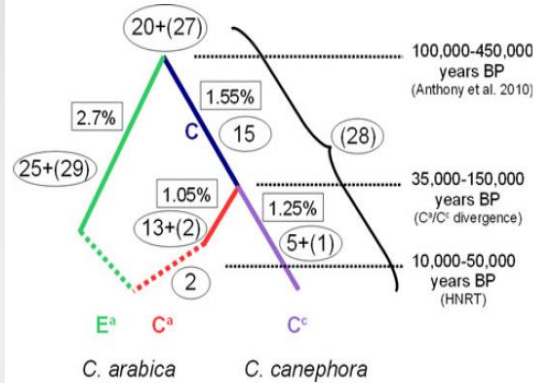


Cornell University

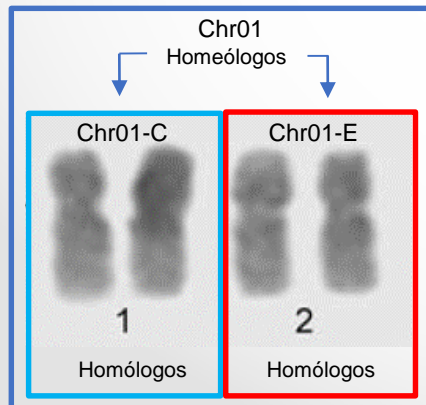
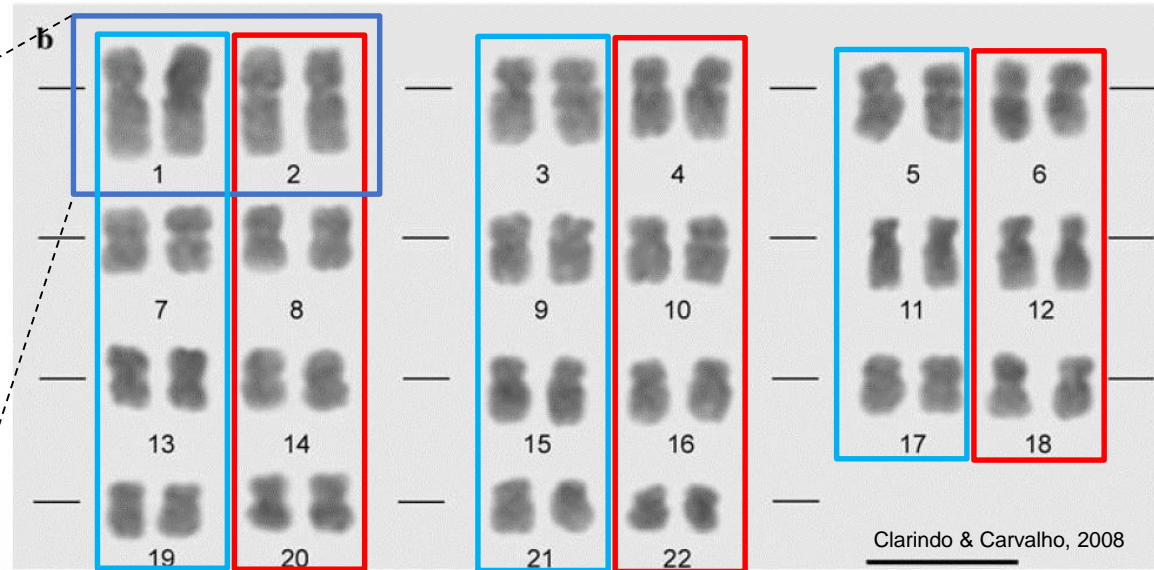


Secuenciación Genómica de *Coffea*

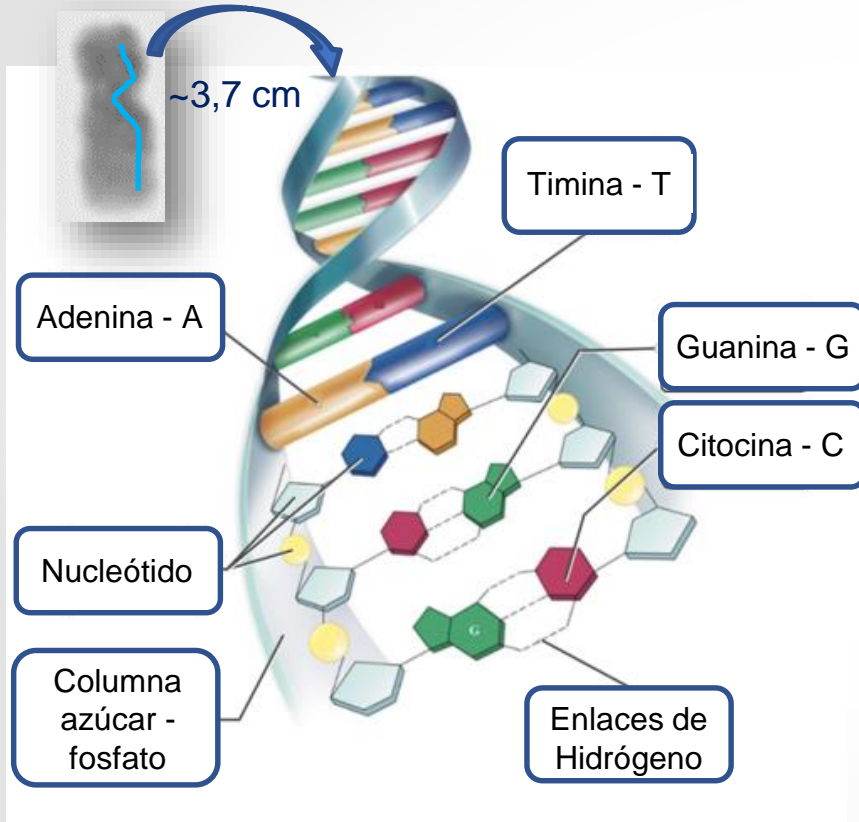
Cenci et al., 2012



C. arabica 2n=4x=44, 1100 – 1400 Mb



Secuenciación Genómica de *Coffea*



3' - G C T... - 5'

5' - C G A... - 3'

>Chr01C_Cara_1.0 | NC_039898.1

1 - TAAGAGAATTCAAAATAAAATGGTGGACTGGATTCAATCA
 AGAATTTGGAGATCAAATAATGTGATCAGATTCCTGACT
 ACTGGAGACAAAATTAAGTGGACAGCTACTACCACTACT
 CAACAAGAGACAGTCAATCAATCAATCCAAAGACT
Calibri No. 11, espacio sencillo, carta
 ACACCAACTCCAATCCTCCTCCAAAAAGAGACAAAGAAAAAG
 GTGACGGAAATCCCATCCCAAGCAAGACCCAGTAACTTT
16.9 mt, 338 resmas
 TTAATAAAGCAAATCATGCAGAATCCCGAGATGCTGAAA
336.700 páginas
 GAATATCTGAATTTTTCAAAAGCCAAAAGAAGAAGACA
Edificio de 5 pisos
 AAATAGAGGAGCCAGCAGGATCATCAGAATCTACTTTTG
 ATCCTTTTGATCATTTTCATCCCTCCGACAAAATCCAAACG
 ACTTTTGAAAAAGATGTCGGCCACCACAAATGAAAGCAA
 AATTAATTCAAATGAAATGCAGAATTGAGCCTCTATAA
 ATAGATTCAGATTCAGAAGACAGGCATCGGCAAAAAA
 ATCAGAAGTTGTAATAGACTTGTCTTAGTTTTCTACTAC
 TCCCACTTA... - 50.636.588

Secuenciación Genómica de *Coffea*

Coffea eugenioides

Coffea eugenioides overview

Lineage: Eukaryota[8466]; Viridiplantae[881]; Streptophyta[794]; Embryophyta[788]; Tracheophyta[780]; Spermatophyta[769]; Magnoliopsida[751]; eudicotyledons[608]; Gunneridae[608]; Pentapetalae[608]; asterids[182]; lamiids[126]; Gentianales[13]; Rubiaceae[8]; Ixoroideae[4]; Gardenieae complex[4]; Bertiereae - Coffeae clade[3]; Coffeae[3]; Coffea[3]; *Coffea eugenioides*[1]

Summary

Submitter: Johns Hopkins University
Assembly level: Chromosome
Assembly: GCA_003713205.1 Ceug_1.0 **scaffolds:** 3,5
BioProjects: PRJNA508372
Whole Genome Shotgun (WGS): INSDC: RHJT000000000.1
Statistics: total length (Mb): 699.904
protein count: 38150
GC%: 37.153
NCBI Annotation Release: 100

Organism Overview ; Organelle Annotation Report [1]

ID: 71



Coffea arabica (coffee)

Coffea arabica is the oldest and most cultivated species of coffee plant.

Lineage: Eukaryota[8466]; Viridiplantae[881]; Streptophyta[794]; Embryophyta[788]; Tracheophyta[780]; Spermatophyta[769]; Magnoliopsida[751]; eudicotyledons[608]; Gunneridae[608]; Pentapetalae[608]; asterids[182]; lamiids[126]; Gentianales[13]; Rubiaceae[8]; Ixoroideae[4]; Gardenieae complex[4]; Bertiereae - Coffeae clade[3]; Coffeae[3]; Coffea[3]; *Coffea arabica*[1]

Coffee, one of the world's largest traded commodities, comes from evergreen coffee trees. *Coffea arabica* is the earliest cultivated species of coffee and is still most widely grown. It is an allotetraploid with 11 sets of chromosomes ($2n=4x=44$). Linkage map has been developed for diploid species, *C. canephora* an economically important [More...](#)

Summary

Submitter: Johns Hopkins University
Assembly level: Chromosome
Assembly: GCA_003713225.1 Cara_1.0 **scaffolds:** 2,833 **contigs:** 3,523 **N50:** 3,917,557 **L50:** 70
BioProjects: PRJNA506972
Whole Genome Shotgun (WGS): INSDC: RHJU000000000.1
Statistics: total length (Mb): 1094.45
protein count: 67222
GC%: 36.9585
NCBI Annotation Release: 100



The National
Center for
Biotechnology
Information
- RefSeq

Genoma de *C. eugenioides*

Ceug_1.0

Organism name: [Coffea eugenioides \(eudicots\)](#)

Isolate: CCC68of

Sex: hermaphrodite

BioSample: [SAMN10269643](#)

BioProject: [PRJNA497891](#)

Submitter: Johns Hopkins University

Date: 2018/11/08

Assembly level: Chromosome

Genome representation: full

RefSeq category: representative genome

GenBank assembly accession: GCA_003713205.1 (latest)

RefSeq assembly accession: GCF_003713205.1 (latest)

RefSeq assembly and GenBank assembly identical: yes

WGS Project: [RHJT01](#)

Assembly method: MaSuRCA v. 3.2.4; FALCON-Unzip v. 0.9

Expected final version: yes

Genome coverage: 160.0x

Sequencing technology: Illumina HiSeq; PacBio RS; 10x Chromium

IDs: 2070231 [UID] 7777478 [GenBank] 7992058 [RefSeq]

See [Genome](#)
Information for
Coffea eugenioides



U.S. National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information



Cornell University



JOHNS HOPKINS
UNIVERSITY



Genoma de *C. eugenioides*



Global statistics

Total sequence length	699,903,961
Total ungapped length	685,333,821
Gaps between scaffolds	0
Number of scaffolds	3,530
Scaffold N50	47,530,510
Scaffold L50	7
Number of contigs	7,012
Contig N50	204,058
Contig L50	809
Total number of chromosomes and plasmids	11
Number of component sequences (WGS or clone)	3,530

Feature	Ceug_1.0
Genes and pseudogenes	35,455
protein-coding	29,100
non-coding	4,519
transcribed pseudogenes	0
non-transcribed pseudogenes	1,836



Cornell University

695 Disease resistance genes



JOHNS HOPKINS
UNIVERSITY

14 RNA-seq



Genoma de *C. eugenioides*

Molecule	Total Length	Scaffold Count	Ungapped Length	Scaffold N50	Spanned Gaps	Unspanned Gaps
All	699,903,961	3,530	685,333,821	47,530,510	3,482	0
Chromosome 1	53,691,034	1	53,128,293	53,691,034	186	0
Chromosome 2	79,790,123	1	78,045,236	79,790,123	430	0
Chromosome 3	48,389,548	1	46,877,987	48,389,548	343	0
Chromosome 4	43,756,297	1	42,983,982	43,756,297	199	0
Chromosome 5	52,590,270	1	51,255,892	52,590,270	334	0
Chromosome 6	56,253,515	1	54,920,599	56,253,515	333	0
Chromosome 7	40,525,418	1	39,848,450	40,525,418	190	0
Chromosome 8	47,530,510	1	46,259,367	47,530,510	314	0
Chromosome 9	42,903,947	1	41,923,770	42,903,947	259	0
Chromosome 10	39,566,964	1	38,783,941	39,566,964	206	0
Chromosome 11	53,112,746	1	51,750,686	53,112,746	329	0
unplaced	141,793,589	3,519	139,555,618	56,965	359	0



Cornell University



JOHNS HOPKINS
UNIVERSITY



Genoma de *C. arabica* var. Caturra

Cara_1.0

Organism name: [Coffea arabica \(coffee\)](#)

Infraspecific name: Cultivar: Caturra red

Isolate: CCC135-36

Sex: hermaphrodite

BioSample: [SAMN10272287](#)

BioProject: [PRJNA497895](#)

Submitter: Johns Hopkins University

Date: 2018/11/08

Assembly level: Chromosome

Genome representation: full

RefSeq category: representative genome

GenBank assembly accession: [GCA_003713225.1](#) (latest)

RefSeq assembly accession: [GCF_003713225.1](#) (latest)

RefSeq assembly and GenBank assembly identical: no ([hide details](#))

- Only in RefSeq: chromosome Pltd (in non-nuclear assembly-unit)
- Data displayed for RefSeq version

WGS Project: [RHJU01](#)

Assembly method: MaSuRCA v. 3.2.4; FALCON-Unzip v. 0.9

Expected final version: yes

Genome coverage: 160.0x

Sequencing technology: Illumina HiSeq; PacBio RSII; 10x GemCode

IDs: 2070241 [UID] 7777488 [GenBank] 7936378 [RefSeq]

See [Genome Information for Coffea arabica](#)



Cornell University



JOHNS HOPKINS
UNIVERSITY



Genoma de *C. arabica* var. Caturra

Global statistics

Total sequence length	1,094,446,607
Total ungapped length	1,092,174,254
Gaps between scaffolds	0
Number of scaffolds	2,833
Scaffold N50	42,465,768
Scaffold L50	11
Number of contigs	3,523
Contig N50	3,917,557
Contig L50	70
Total number of chromosomes and plasmids	23
Number of component sequences (WGS or clone)	2,833

Feature counts

Feature	Cara_1.0
Genes and pseudogenes 	56,902
protein-coding	44,759
non-coding	7,582
transcribed pseudogenes	121
non-transcribed pseudogenes	4,440
genes with variants	12,448

104 RNA-seq
2.148 M reads



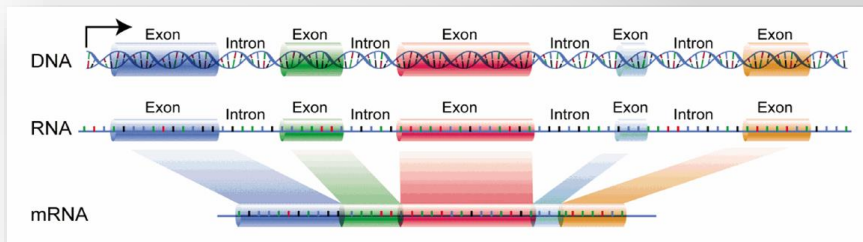
Cornell University



JOHNS HOPKINS
UNIVERSITY



Genes expresados por cromosoma



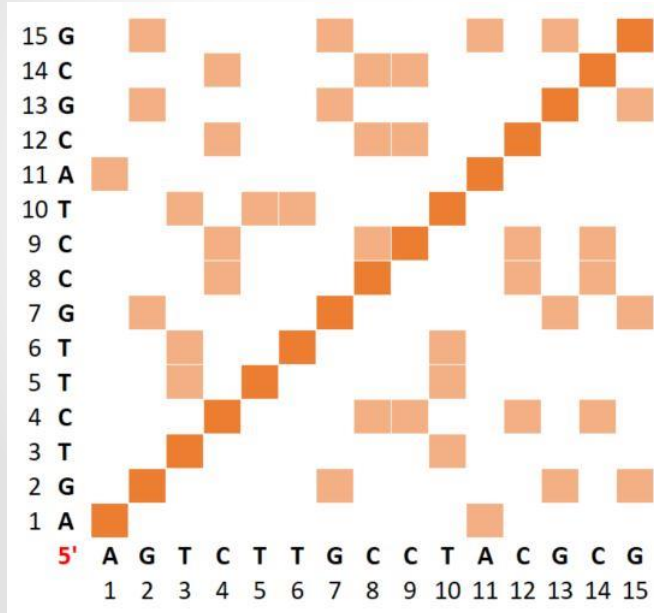
<https://www.genome.gov>

Cromosoma	NCBI ID	Size (Mb)	Genes predichos	Genes expresados	Genes expresados (%)
Chr1_can	NC_039898.1	50.64	2647	1830	69.13
Chr1_eug	NC_039899.1	48.76	2811	2122	75.49
Chr2_can	NC_039900.1	66.16	4480	3467	77.39
Chr2_eug	NC_039901.1	71.63	4709	3570	75.81
Chr3_can	NC_039902.1	41.57	2255	1472	65.28
Chr3_eug	NC_039903.1	37.27	1953	1308	66.97
Chr4_can	NC_039904.1	41.79	1973	1457	73.85
Chr4_eug	NC_039905.1	42.51	2325	1719	73.94
Chr5_eug	NC_039906.1	39.44	2013	1439	71.49
Chr5_can	NC_039907.1	45.9	2225	1576	70.83
Chr6_can	NC_039908.1	55.18	2904	2192	75.48
Chr6_eug	NC_039909.1	52.24	2927	2197	75.06

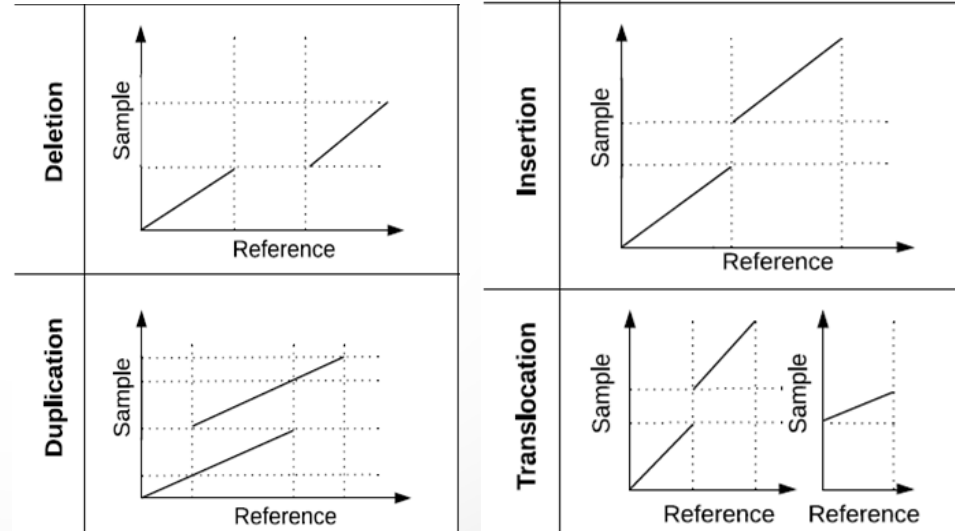
Cromosoma	NCBI ID	Size (Mb)	Genes predichos	Genes expresados	Genes expresados (%)
Chr7_can	NC_039910.1	38.85	2420	1656	68.43
Chr7_eug	NC_039911.1	35.39	2114	1579	74.69
Chr8_eug	NC_039912.1	45.12	2333	1605	68.80
Chr8_can	NC_039913.1	39.01	2174	1550	71.30
Chr9_can	NC_039914.1	38.06	1456	990	67.99
Chr9_eug	NC_039915.1	35.84	1472	1040	70.65
Chr10_eug	NC_039916.1	40.46	2104	1487	70.67
Chr10_can	NC_039917.1	45.43	1936	1578	81.51
Chr11_can	NC_039918.1	36.22	2002	1516	75.72
Chr11_eug	NC_039919.1	42.47	2026	1360	67.13
No anclado			2921	2083	71.31
Total		989.94	56180	40793	72.61

Genómica comparativa y estructural

Dot-plot

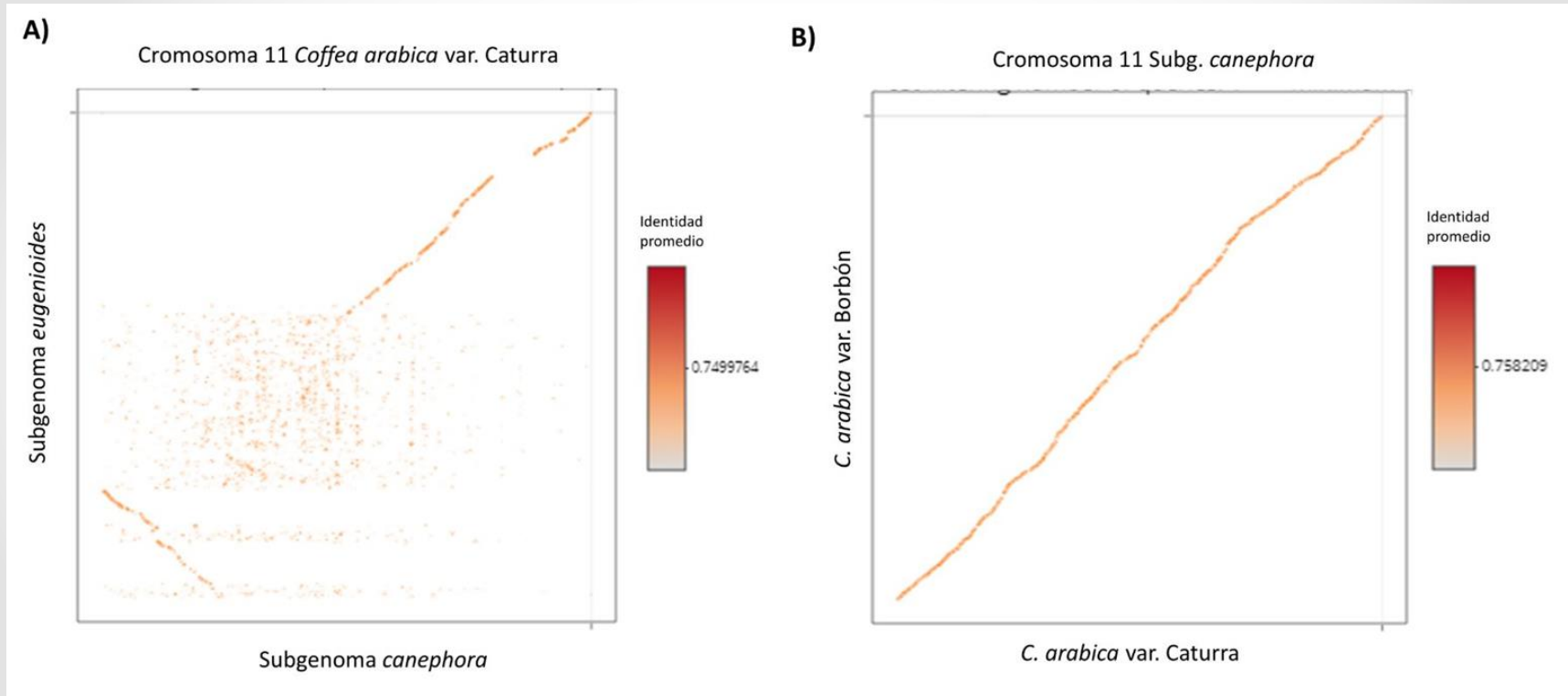


Mummer4
Minimap2
dotPlotly (R)



Mahmoud, et al., 2019

Genómica comparativa entre homeólogos y homólogos en *Coffea arabica*

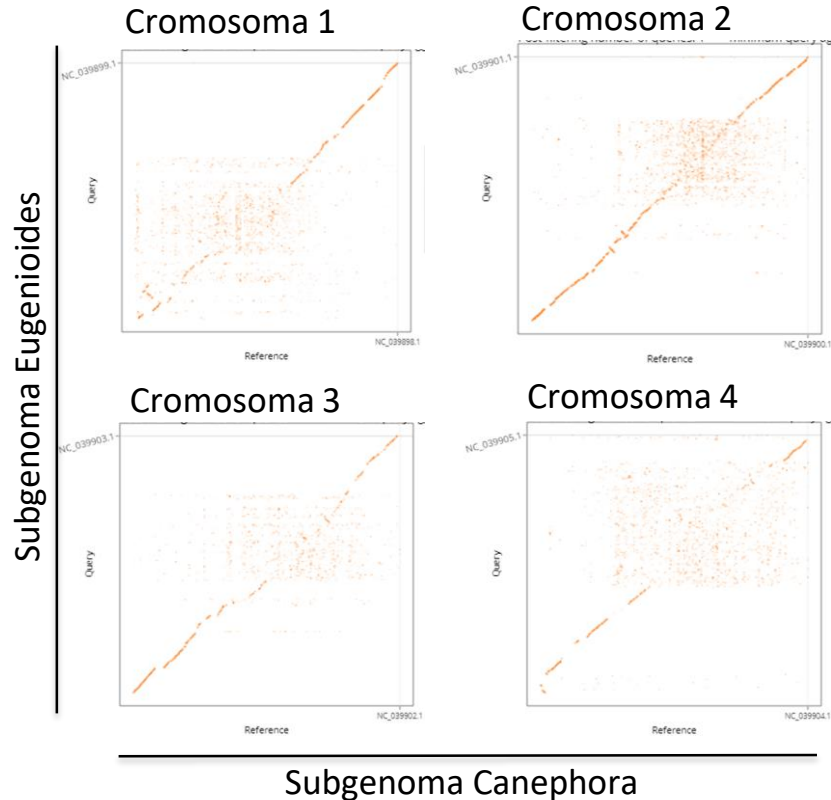


A) dot-plot entre subgenomas (homeólogos) de la variedad Caturra,

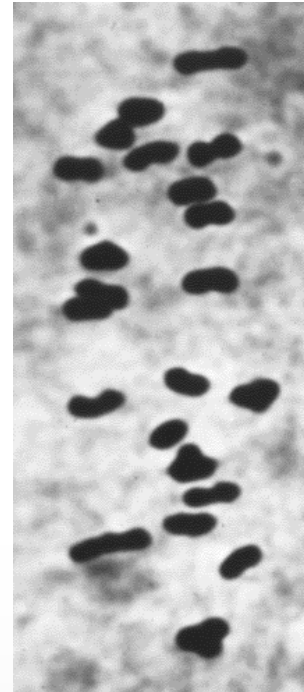
B) dot-plot entre cromosomas homólogos de las variedades Caturra y Borbón.

Genómica comparativa entre subgenomas de *C. arabica*

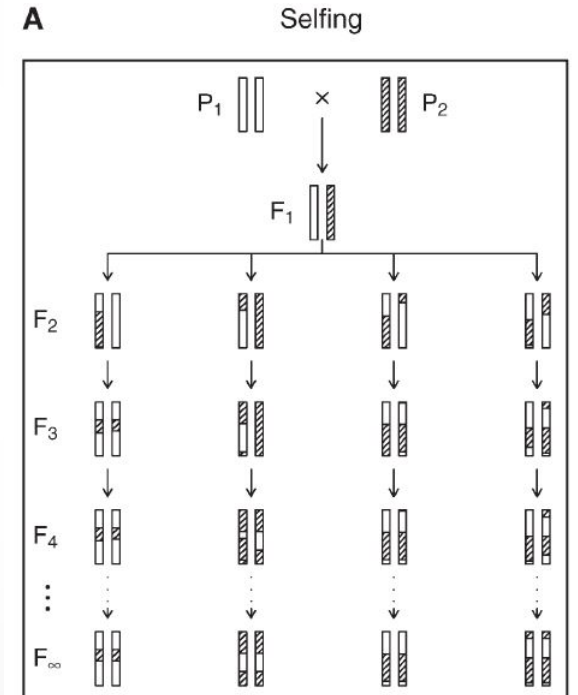
Diplodización del alotetraploide



No. bivalentes en metafase = 22



Lashermes, 2008

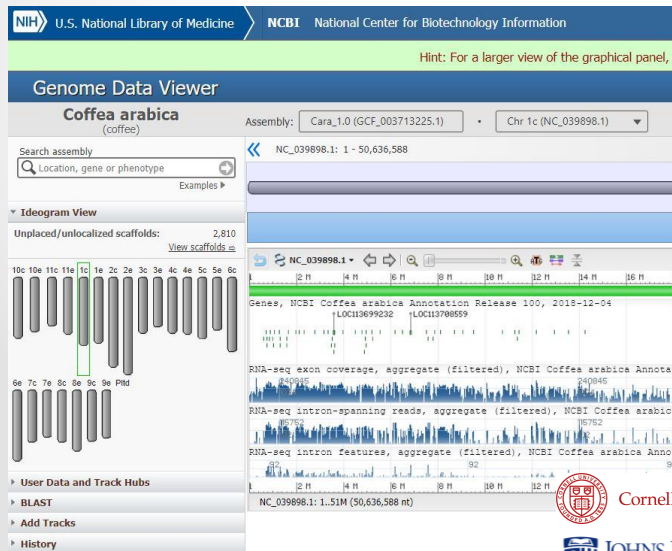


Broman, 2005

Desarrollo de marcadores -SAM

Pasos:

1. Búsqueda de marcadores polimórficos (diferencias)
2. Genotipificar y fenotipificar población (cualitativo, cuantitativo)
3. Ordenar los marcadores (Mapa genético)
4. Establecer relación entre los marcadores y cada rasgo
5. Verificar relación en derivados del progenitor



Secuencia genómica:

Posición de los marcadores - Cromosoma

Genes candidatos

Mejores marcadores

Genómica comparativa

CCC0557-1	C	A	T	A	C	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	A	T	A	
CCC0557-2	C	A	T	A	N	C	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	A	T	A
CCC0557-3	N	A	T	A	T	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	A	T	A	
CCC0557-4	C	A	T	A	C	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	A	T	A	
CCC0557-5	C	A	T	N	A	G	A	T	G	A	A	T	G	T	C	T	A	T	A	
CCC0557-6	C	A	T	A	N	A	G	A	T	G	A	A	T	G	T	C	T	A	T	A
CCC0557-7	C	A	N	A	C	A	G	A	T	G	A	A	T	G	T	C	T	A	T	A
CCC1052-1	C	A	T	N	N	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	
CCC1052-10	C	A	T	A	N	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	
CCC1052-2	C	A	T	A	N	A	G	A	T	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A
CCC1052-4	C	A	T	A	N	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	
CCC1052-5	C	A	T	A	C	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	
CCC1052-6	C	A	T	A	C	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	
CCC1052-7	C	A	T	A	N	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	
CCC1052-8	C	A	T	A	T	C	N	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	
CCC1052-9	C	A	T	N	N	A	G	A	G	A	A	T	G	T	C	T	G	T	A	

469

Julio de 2016
Gerencia Técnica /
Programa de Investigación Científica
Fondo Nacional del Café



Cenicafé 1

Nueva variedad de porte bajo,
altamente productiva,
resistente a la roya y al CBD,
con mayor calidad física
del grano

A finales de 1960, el Programa de Mejoramiento Genético de Cenicafé inició el desarrollo de variedades resistentes a la roya del café, altamente productivas, con el perfil de taza característico del café de Colombia, porte bajo, uniformidad fenotípica razonable y adaptabilidad. Bajo este esquema y como resultado de la evaluación y selección rigurosa de al menos cuatro generaciones (Filiales o F) y en cada generación, y ciclos de cuatro cosechas, en 1980 Cenicafé entregó la variedad Colombia (3), bajo el concepto de variedad compuesta (2, 8). Esto significa que es una variedad de café que está constituida por diferentes progenies, que a su vez tienen diversos mecanismos de resistencia frente a la roya del café. Es así como el concepto de diversidad genética se utiliza como mecanismo para el establecimiento de una resistencia durable frente a la roya.



Avances Técnicos
Cenicafé

489

Marzo de 2018
Gerencia Técnica /
Programa de Investigación Científica
Fondo Nacional del Café



Variedades Castillo® Zonales

Resistencia a la roya con mayor
productividad

Zonas cafeteras

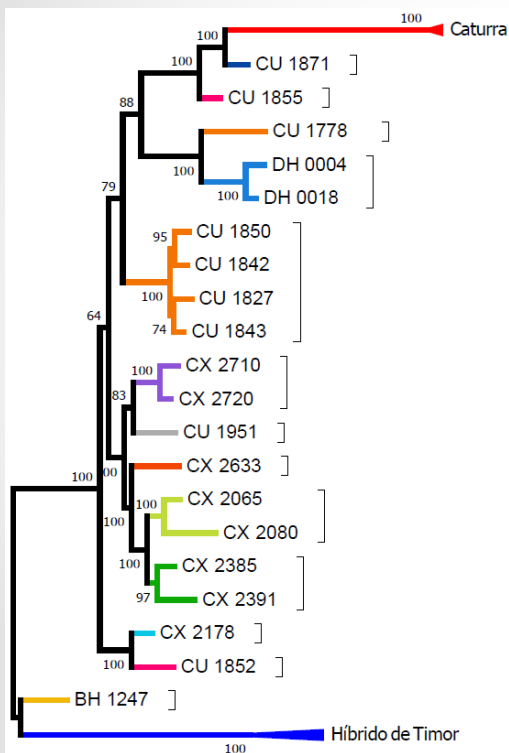
- Zona Norte y Oriente
- Zona Centro
- Zona Sur



En 2005 Cenicafé liberó las variedades compuestas Castillo® general y sus siete componentes regionales (1-7,9), las cuales, a la fecha, son las responsables de al menos el 50% de la producción nacional de café. Las variedades Castillo® se desarrollaron a partir del cruzamiento de Caturra x Híbrido de Timor 1343, utilizando la diversidad genética como estrategia para tener una resistencia durable contra la roya del café.

Castillo® zona Centro
Castillo® zona Sur
Castillo® zona Norte

Filogenia, genealogía, composición y presencia de marcadores moleculares asociados al CBD de la variedad Castillo® Zonales



Familia (F3)	Castill o Norte	Castill o Centr o	Castill o Sur	Ck-1 SAT235	Ck-1 SAT207
B 1030	✓	✓	✓	1/0	0
B 1027	✓	✓	✓	1/0	0
B 0988		✓		1	1
AW 3089	✓	✓	✓	1	1
AW 3089	✓			1	1
B 0988	✓		✓	1	1
B 0988		✓		1	1
B 0987		✓	✓		
B 0988		✓	✓	1	1
B 1096			✓	1	1
B 1096			✓	1	1
B 1233	✓	✓	✓	1	1
B 1141	✓			1	1
B 1361	✓			1	1
B 1361	✓	✓	✓	1	1
B 1239		✓		1	1
B 1239	✓			1	1
B 1322	✓	✓		1	1
B 1027			✓	1/0	0
A 0219		✓		1	1



>17.000 variantes de un solo nucleótido (SNPs) en todo el genoma y de ellas 2,233 estuvieron ausentes en el genoma del progenitor materno (var. Caurra)

Fuentes de Resistencia a la roya

RESISTENCIA
A ROYA



Centro de
Investigação das
Ferrugens do
Cafeeiro/ISA/ULisboa

SH5

SH6 SH7 SH8 SH9

Introgresiones
C. canephora
Híbrido de Timor

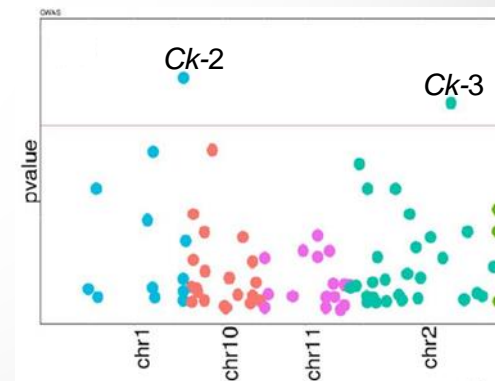
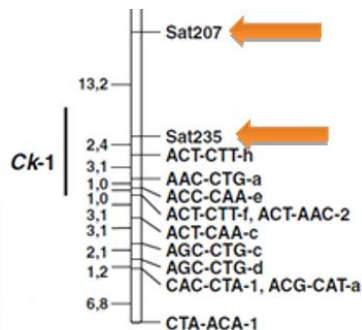
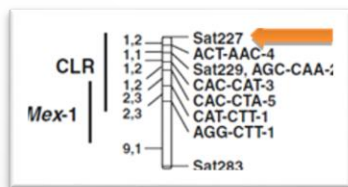
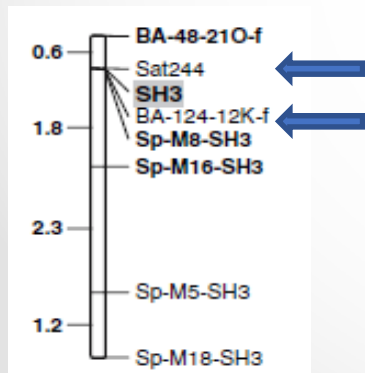
SH1 SH2
SH3 SH4 SHN

Introgresión
C. liberica
S288

C. arabica
Coffea spp.

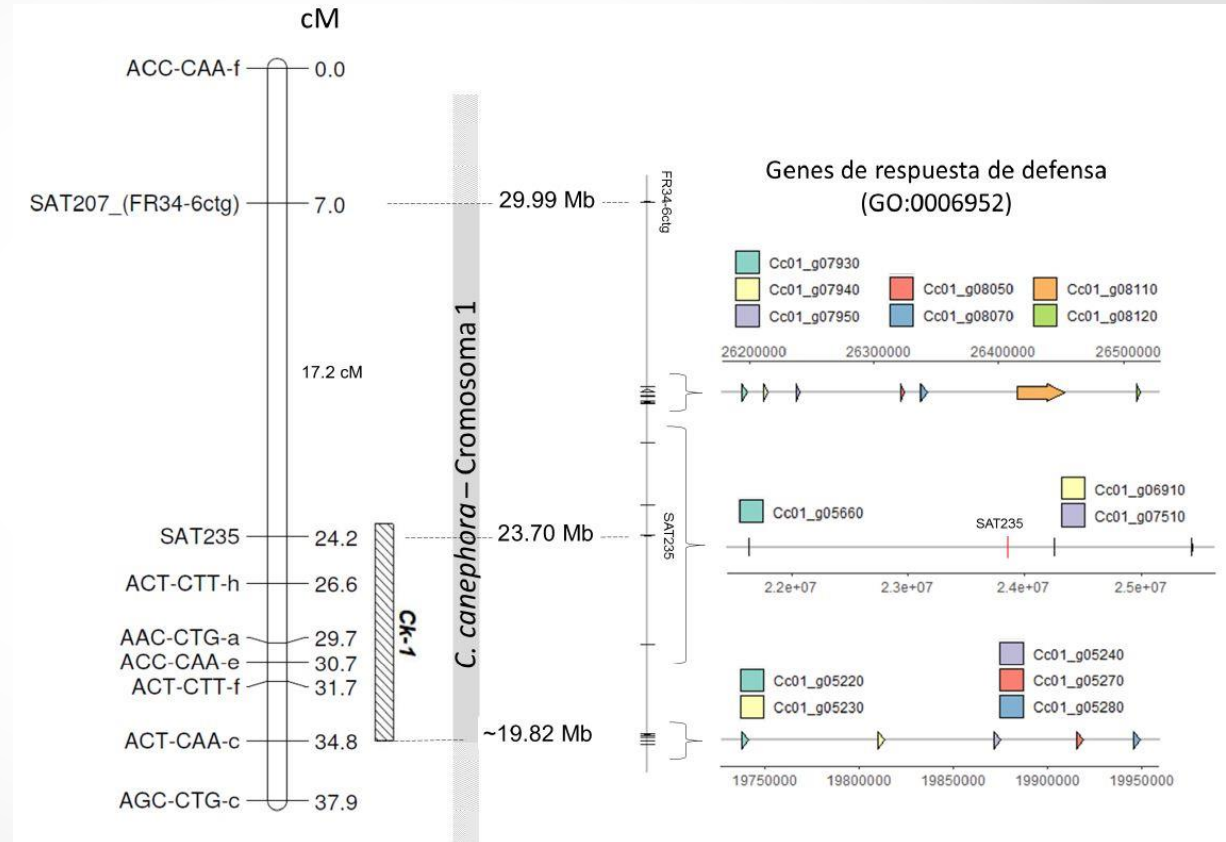
Implementación de SAM en mejoramiento genético del café

Fuente de resistencia	Genes resistencia a la roya	Genes resistencia al CBD	Variedades Cenicafé
<i>C. arabica</i>	<u>SH1, SH2, SH4</u> y SH5	<i>R-</i> , <i>kk</i> (<i>Ck-2</i> , <i>Ck-3</i>) <i>Kk</i>	
<i>C. liberica</i>	SH3		
Hibrido de Timor	SH6, SH7, SH8, SH9 y <u>SH?</u> (TH-1343)	<i>Ck-1</i> (T-) (TH-1343)	Colombia, Tabi, Castillo®, Cenicafé-1, Castillo® Zonales



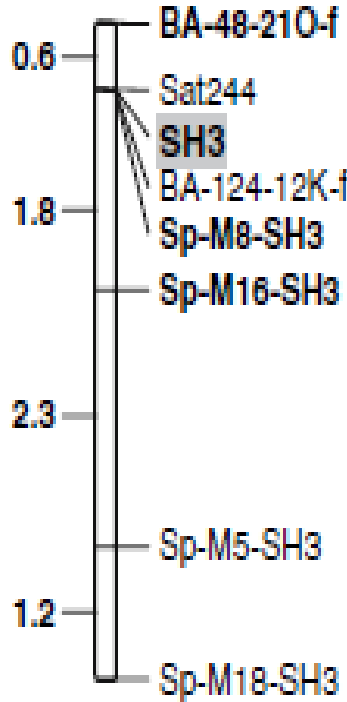
Posicionamiento de la región genómica que contiene el gen *Ck-1* de resistencia a CBD y roya (SH?)

- Borrador del genoma del Híbrido de Timor HT-1343

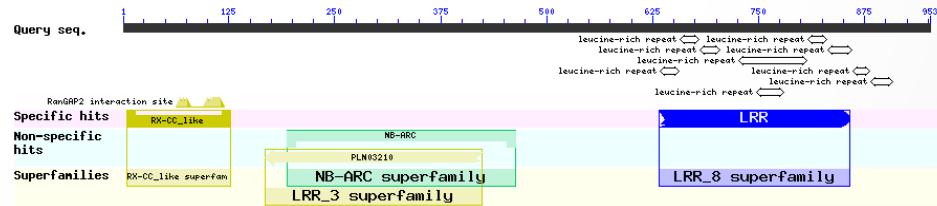


Secuenciación genómica de *C. liberica* gen candidato a SH3

Mahe et al., 2008



- Borrador del genoma de *C. liberica*
- Gen R candidato a SH3

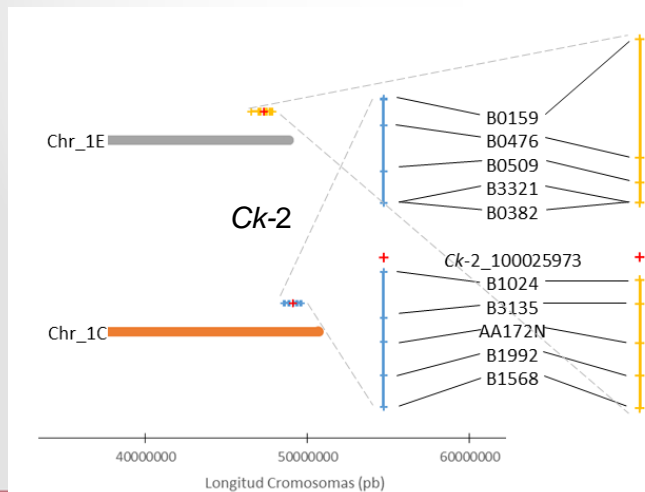
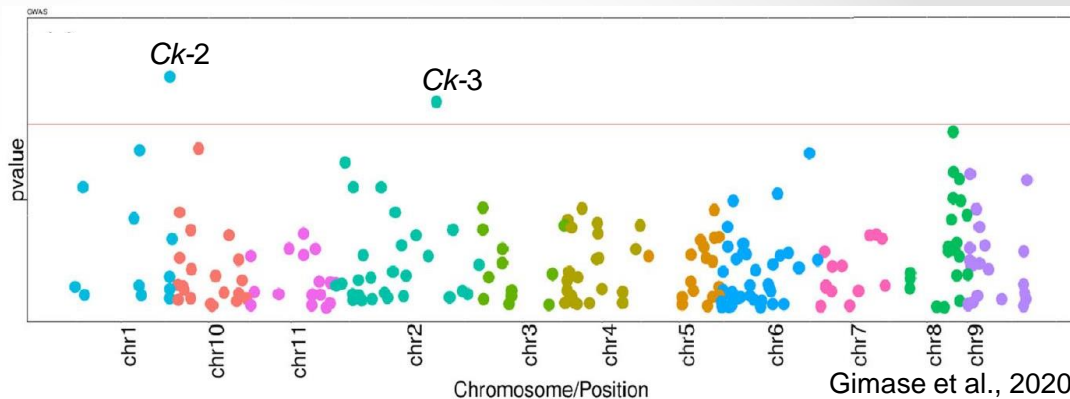


List of domain hits					
	Name	Accession	Description	Interval	E-value
[+]	NB-ARC	pfam00931	NB-ARC domain;	194-463	9.12e-74
[+]	RX-CC_like	cd14798	Coiled-coil domain of the potato virus X resistance protein and similar proteins; The potato ...	5-127	1.66e-31
[+]	PLN03210	PLN03210	Resistant to <i>P. syringae</i> 6; Provisional	168-424	3.87e-06
[+]	LRR	COG4886	Leucine-rich repeat (LRR) protein [Transcription];	633-858	1.63e-03

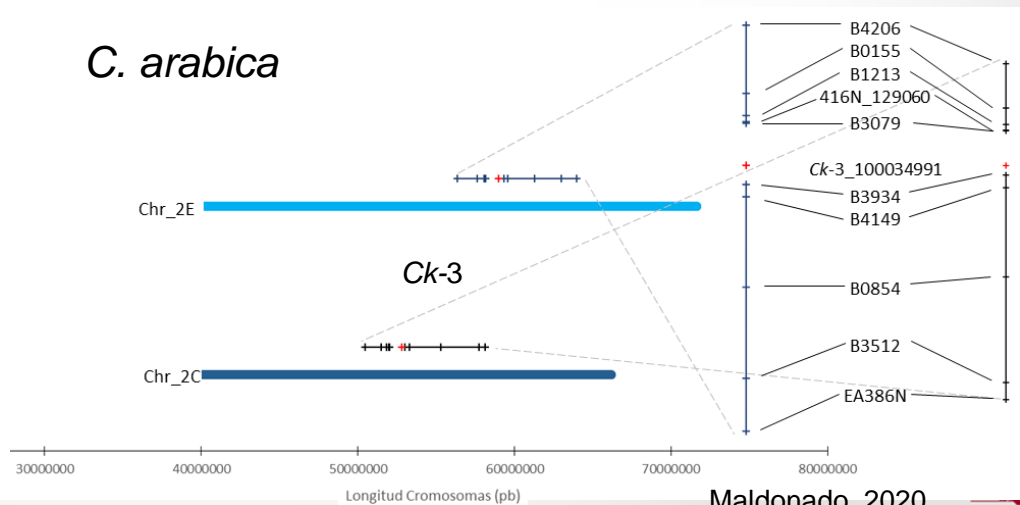
Conversión de marcadores usando el genoma de *C. arabica* y SSR-DB

Posicionamiento por GWAS de marcadores SNP asociados con resistencia a roya provenientes de Rume Sudan sobre el genoma de *C. canephora*

Gimase *et al.*, 2020



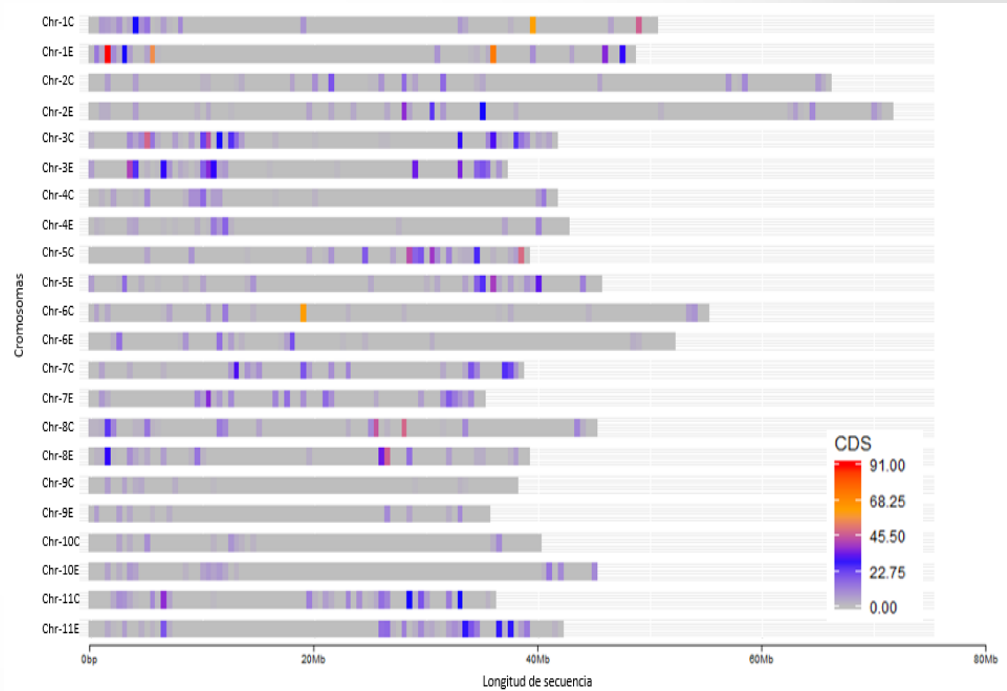
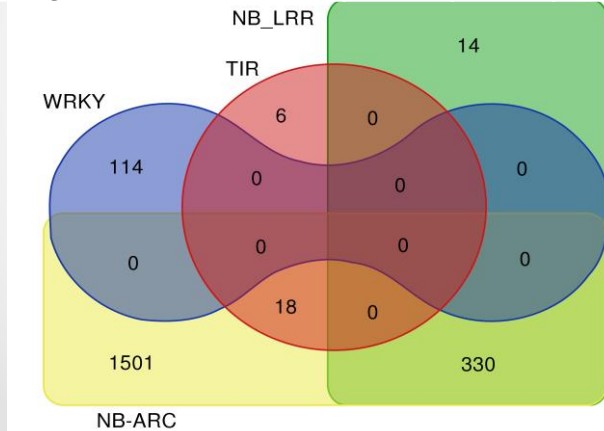
C. arabica



Maldonado, 2020

Genes de defensa a enfermedades en café *Coffea arabica* variedad Caturra (SH5)

Especie / Dominio	No. genes por dominio funcional			
	NB-ARC	NB-LRR	TIR	WRKY
<i>C. arabica</i> (SH5)	1023	221	24	87
<i>C. eugenioides</i>	889	190	8	51

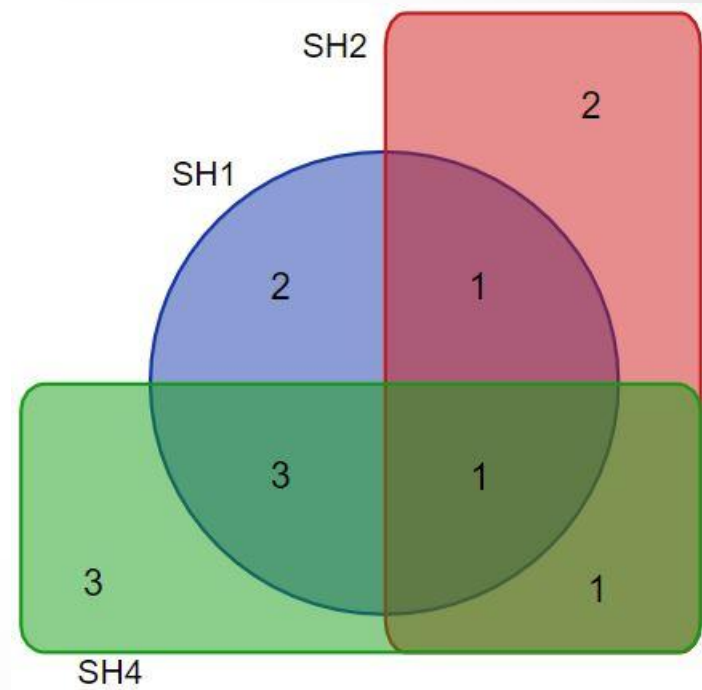


Agrupamiento y distribución de dominios funcionales asociados con resistencia a enfermedades en *C. arabica*.

Análisis de segregación masal de portadores de genes de resistencia SH1, SH2 y SH4

Clones Diferenciales - CIFC

Genes	Total	Introducción
SH1 SH2 SH4	1	S. 286-1 x S. 12 Kaffa
SH1 SH2	1	KP-532
SH1 SH4	3	S. 12 Kaffa S.4 Agaro x Geisha Dilla y Alghe x S.4 Agaro
SH2 SH4	1	KP. 423 x S.4 Agaro
SH1	2	Dilla y Alghe Geisha (2)
SH2	2	Dk 1/6 S. 795
SH4	3	S.4 Agaro Wush Wush x S.288 S.4 Agaro x S.288-23
Total	13	



Análisis de segregación masal de portadores de genes de resistencia SH1, SH2 y SH4

- Resistencia dada por variantes alélicas de genes dominantes
- Selección de variantes no silenciosas – cambio en la proteína codificada
- Variantes en heterozygosis en híbridos de los diferenciales
- Conversion de marcadores SNP a SSR

Gen	No. Var.	Tipo		# Gen	# Prot	# Variantes en CDS				Genes candidatos	Marcadores SSR/Mrk
		SNP	InDel			NB-ARC	NB-LRR	WRKY	TIR		
SH1	93	92	1	29	37	38	11	2	0	3	6
SH2	154	146	8	52	79	79	22	5	1	4	6
SH4	39	35	4	25	37	43	11	2	0	4	6

Saturación del mapa genético del café

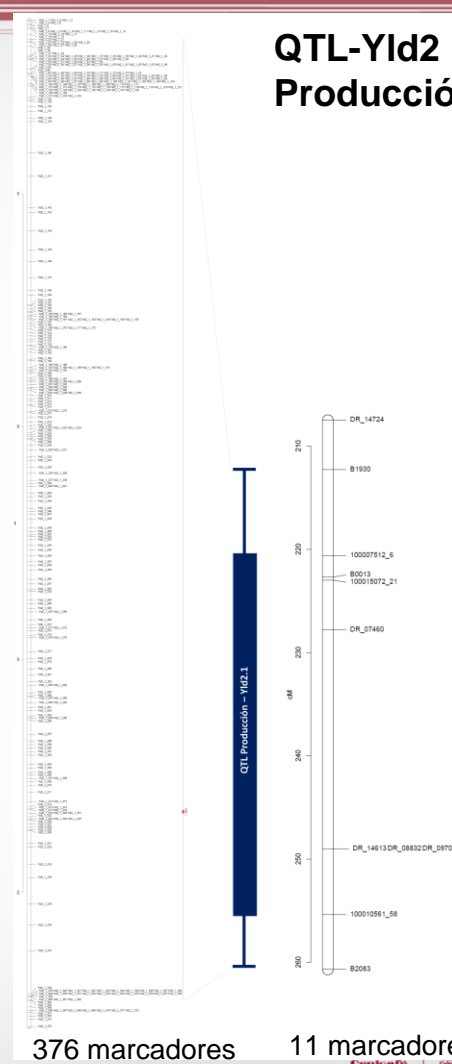
De 848 a 35.244 marcadores

Grupo de Ligamiento	Cromosoma	No. marcadores	Tamaño cM
LG1	Chr1_CaE	3480	303,418
	Chr11_CaE	3439	
LG2	Chr8_CaE	2932	338,846
	Chr10_CaE	2908	
LG3	Chr6_CaE	4834	215,762
LG4	Chr4_CaE	3304	176,034
LG5	Chr2_CaE	3128	230,017
LG6	Chr3_CaE	3083	192,225
LG7	Chr5_CaE	2911	212,974
LG8	Chr8_CaE	2150	99,307
LG9	Chr7_CaE	1916	282,358
LG10	Chr2_CaE	448	220,756
LG11	Chr2_CaE	304	100,008
LG12	Chr2_CaE	144	53,006
LG13	Chr9_CaE	87	26,225
LG14	Chr6_CaE	82	29,375
LG15	Chr11_CaE	74	20,15
LG16	Ch11_CaE	15	3,023
LG17	Chr4_CaE	5	0,151
Gran Total		35.244	2.503,6

Fenotipificación:

Producción, resistencia a roya, granulometría, diámetro de tallo, altura de la planta, defectos de grano (triángulo y caracol), trigonelina, ácido linólico, calidad de la bebida (acidez, aroma y balance), conversión en trilla, cafeína, lípidos, ácido esteárico, entre otros.

QTL-Yld2
Producción



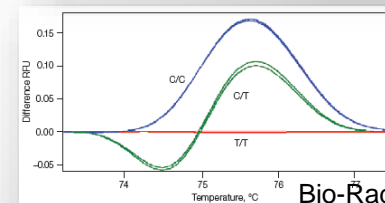
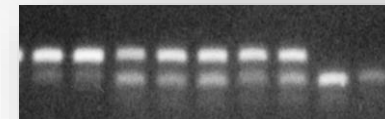
376 marcadores

11 marcadores

Base de datos de microsatelites (SSR) en café

Conversión de marcadores

Secuencia	Size (Mb)	Amplicones totales	Un amplicon perfecto	Dos amplicones perfectos	SSR <i>de novo</i>
1c	50,64	1.512	78	137	6.712
1e	48,76	1.475	105	139	6.646
2c	66,16	1.678	135	225	10.816
2e	71,63	1.769	189	219	10.599
3c	41,57	1.052	106	58	5.491
3e	37,27	819	42	63	4.594
4c	41,79	1.078	48	74	5.251
4e	42,51	1.188	81	70	5.176
5c	39,44	1.052	63	59	5.494
5e	45,9	1.331	74	49	4.533
6c	55,18	1.515	110	114	7.903
6e	52,24	1.397	121	110	7.209
7c	38,85	950	97	102	5.615
7e	35,39	839	52	98	4.838
8c	45,12	1.094	70	69	5.321
8e	39,01	1.038	77	65	5.552
9c	38,06	1.278	42	72	4.523
9e	35,84	1.035	48	76	4.032
10c	40,46	1.080	46	92	5.287
10e	45,43	1.318	90	93	5.411
11c	36,22	944	79	89	5.351
11e	42,47	1.306	79	92	5.147
Plástido	0,16	11	1		
UnAnc	104,37	3.919	54	27	7.883
Total	1.094,47	30.678	1887	2192	



Desarrollo de Variedades





PORTALES WEB



www.cenicafe.org



agroclima.cenicafe.org



biblioteca.cenicafe.org

REDES OFICIALES



Cenicafé FNC



@cenicafe



cenicafé



CenicaféFNC

CarlosErnesto.Maldonado@cafedecolombia.com

cenicafe@cafedecolombia.com

