

Determinación de un posible linaje críptico dentro de la variedad de café Típica (*Coffea arabica*) en Valparaíso, Antioquia



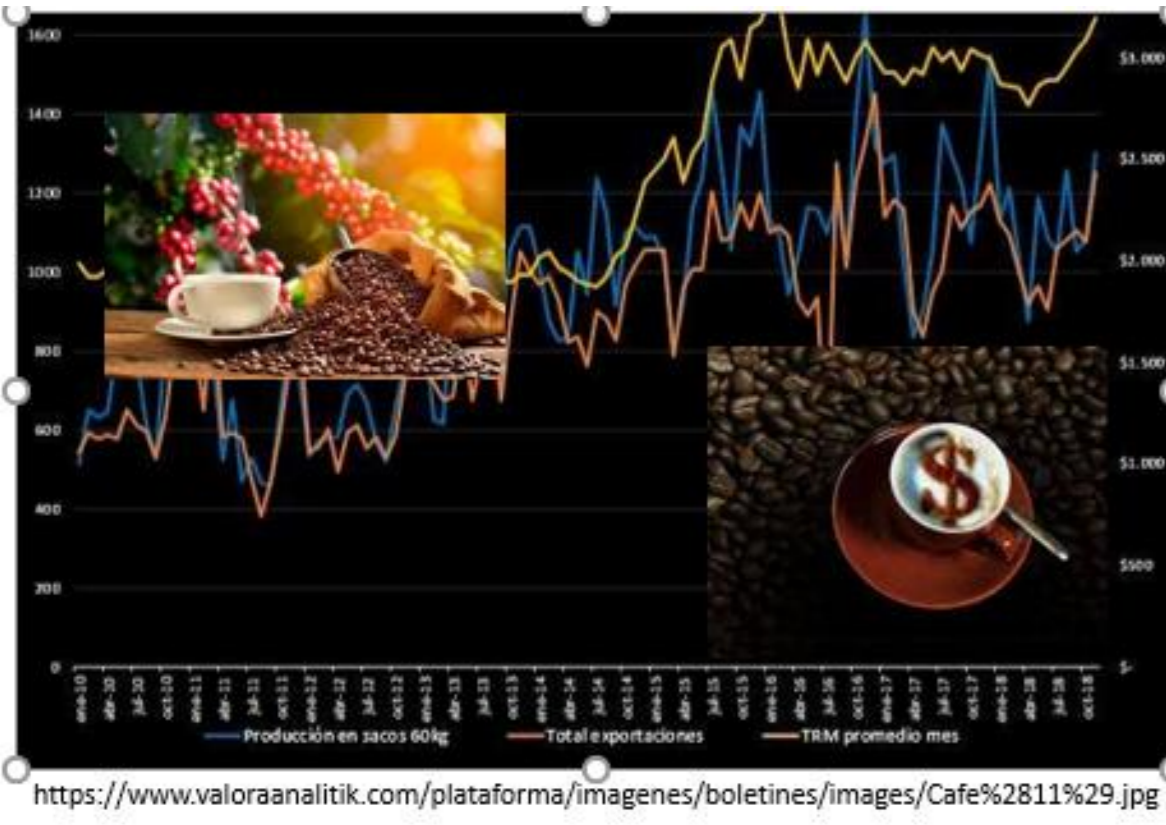
Juan Pablo Garzón Valencia¹, José Gregorio Martínez²

1. Estudiante de Biotecnología, Semillero SIFACS.

2. Docente Facultad de Ciencias de la Salud. Grupo Biociencias.

I.U Colegio Mayor de Antioquia. Autor de correspondencia: juanpablogarzon1000@gmail.com

ESTADO DEL ARTE



<https://www.ecured.cu/images/4/48/Imagen-cafe.jpg>

(Monakhova et al. 2015)

OBJETIVO GENERAL

Determinar la existencia de un linaje críptico con resistencia a la Roya (*Hamileia vastatrix*) dentro de la variedad de Café Típica (*Coffea arabica*).

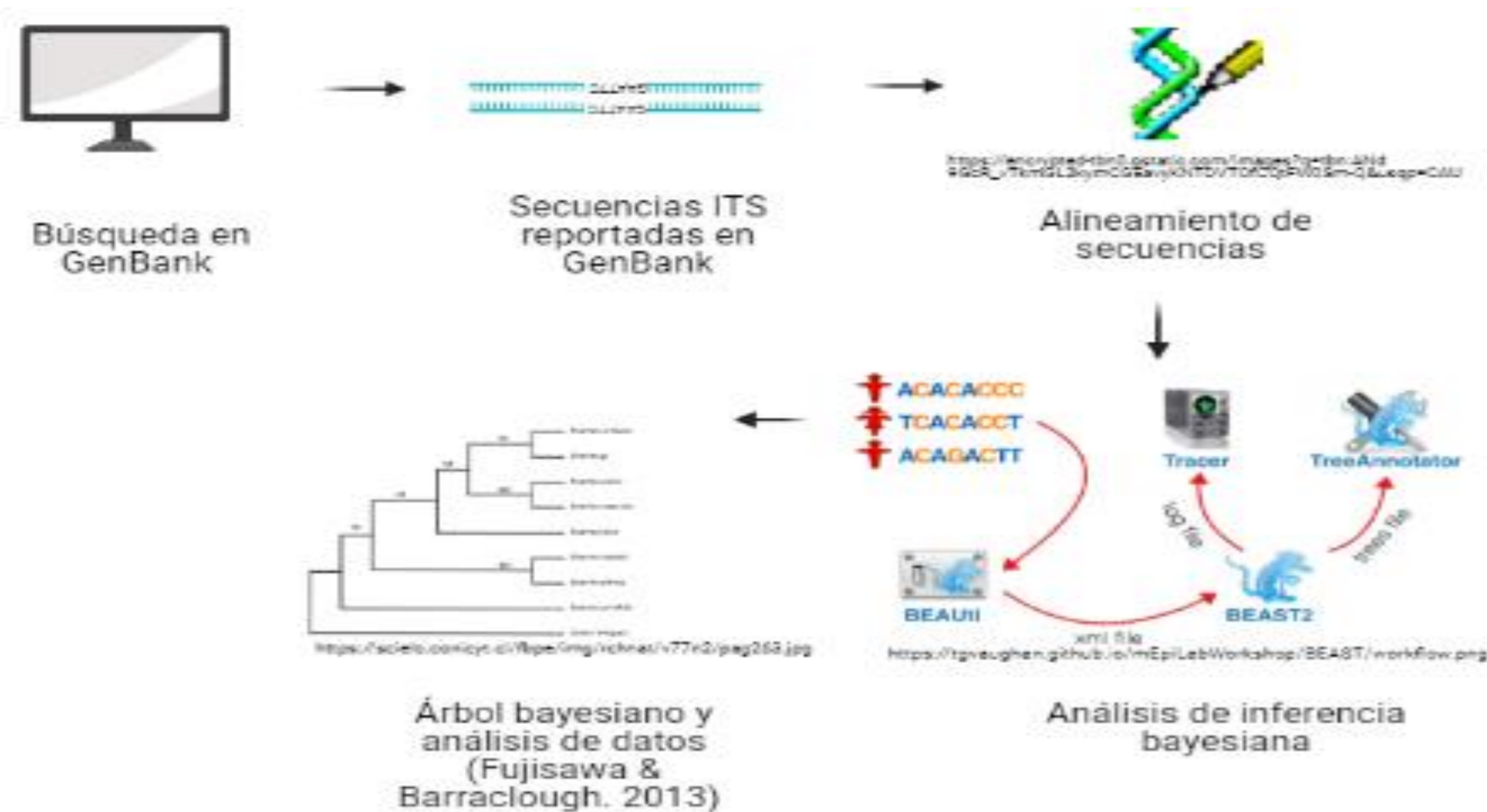
OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Evaluar las relaciones de ancestralidad filogenética existentes entre la variedad Típica clásica y las nuevas plantas resistentes a Roya.
- Evaluar comparativamente los indicadores fenotípicos de resistencia a la Roya entre la variedad Típica clásica y las plantas resistentes.

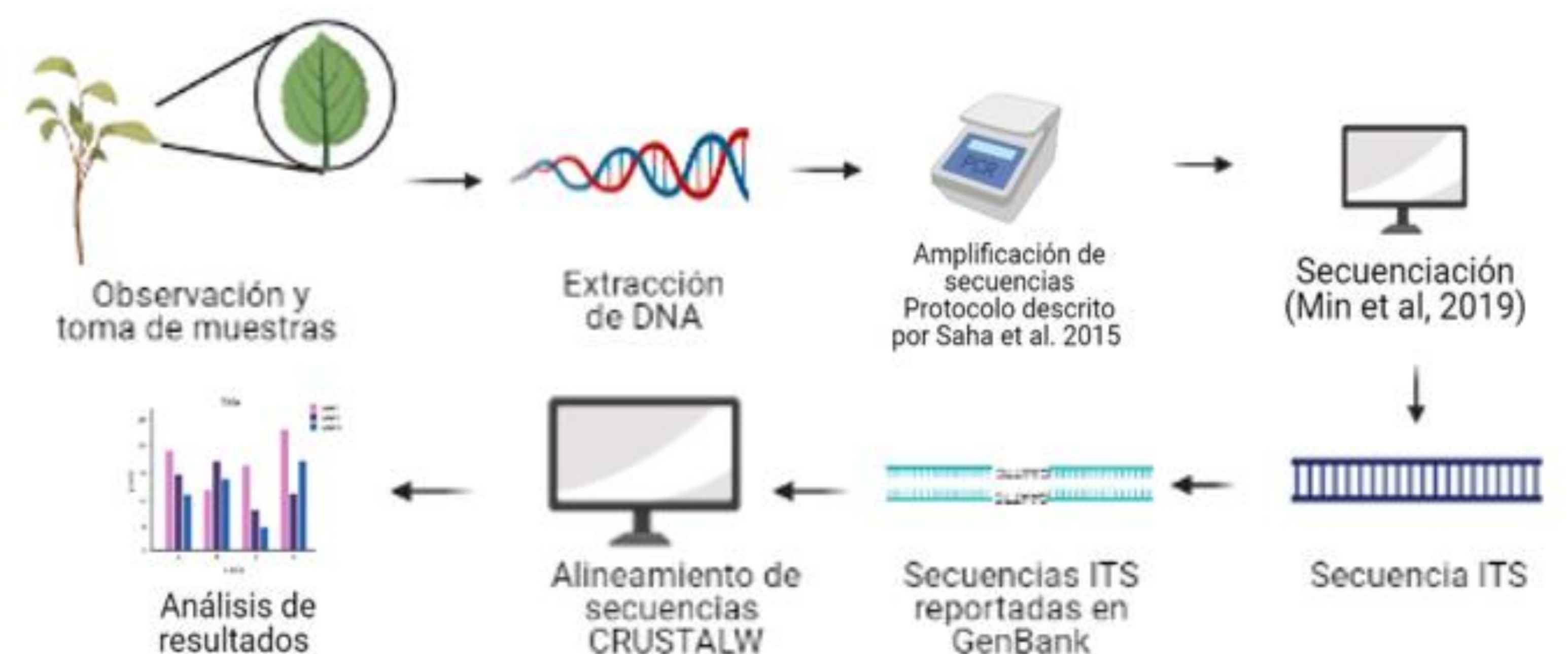
¿Cuál es la distancia genética que existe entre las plantas de café obtenidas en el municipio de Valparaíso y su posible variedad de origen (Típica)?

METODOLOGÍA

Análisis bioinformático de secuencias reportadas



Análisis de secuencias y delimitación de linajes



RESULTADOS PRELIMINARES

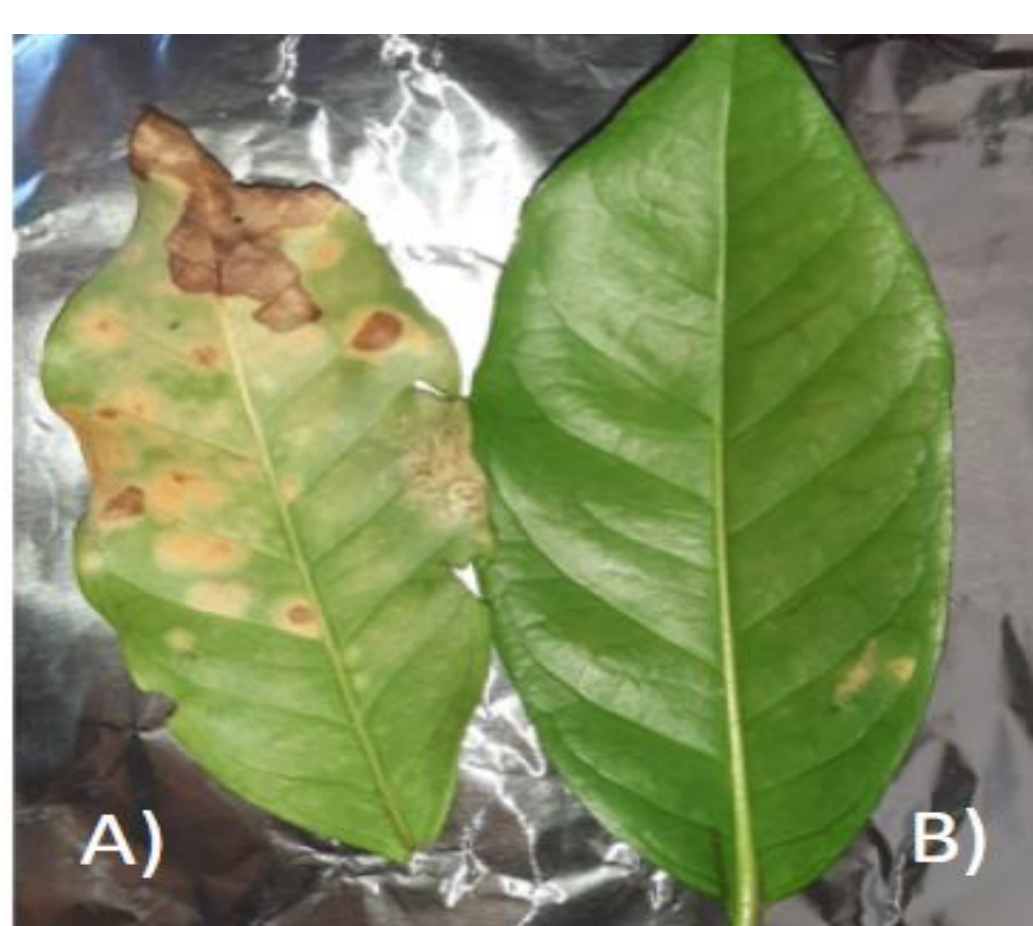


Fig 1. Análisis visual de contaminación por roya en tejido foliar del cultivo simultáneo. A) Variedad castillo. B) Variedad evaluada.

Fig 2. Análisis visual de adaptación al tipo de suelo en tejido foliar del cultivo simultáneo. A) Variedad castillo. B) Variedad evaluada.



CONCLUSIÓN PARCIAL

La aplicación de métodos bayesianos y marcadores moleculares para la determinación de una nueva posible variante de la variedad típica de *Coffea arabica*, permite cuantificar y estimar la información acerca de la capacidad de variabilidad de la especie mencionada, con respecto a nuevas variedades en distintos países donde es cultivada. También, permite la diferenciación genética entre poblaciones de la especie y su tasa de variación

REFERENCIAS

- Anthony, F., Bertrand, B., Quiros, O., Wilches, A., Lashermes, P., Berthaud, J., & Charrier, A. (2001). Genetic diversity of wild coffee (*Coffea arabica* L.) using molecular markers. *Euphytica*, 118(1), 53–65.
- Fujisawa, T., & Barraclough, T. G. (2013). Delimiting species using single-locus data and the generalized mixed Yule coalescent approach: A revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic Biology*, 62(5), 707–724.
- Min, J., Kim, Y., Xi, H., Heo, K. I., & Park, J. (2019). The complete chloroplast genome of coffee tree, *Coffea arabica* L. 'Typica' (Rubiaceae). *Mitochondrial DNA Part B*, 4(2), 2240–2241.
- Monakhova, Y. B., Ruge, W., Kuballa, T., Ilse, M., Winkelmann, O., Diehl, B., Thomas, F., & Lachenmeier, D. W. (2015). Rapid approach to identify the presence of Arabica and Robusta species in coffee using 1H NMR spectroscopy. *Food Chemistry*, 182, 178–184.
- Samson, N., Bausher, M. G., Lee, S. B., Jansen, R. K., & Daniell, H. (2007). The complete nucleotide sequence of the coffee (*Coffea arabica* L.) chloroplast genome: organization and implications for biotechnology and phylogenetic relationships amongst angiosperms. *Plant Biotechnology Journal*, 5(2), 339–353.

Fig 3. Árbol bayesiano de las regiones ITS de *C. arabica* reportados en distintos lugares del mundo.

