



**INFORME FINAL DE PROGRAMA
PROYECTO “ADAPTACIÓN DE LA CAFICULTURA AL CAMBIO
CLIMÁTICO” COOPERACIÓN TÉCNICA NO REEMBOLSABLE No.
ATN/OC-12235-RG**

Manizales, Diciembre de 2014

TABLA DE CONTENIDO

INTRODUCCIÓN

EJECUCIÓN DEL PROGRAMA

1. COMPONENTE 1

1.1 Objetivo

1.2 Desarrollo

2. COMPONENTE 2

2.1 Objetivo

2.2 Desarrollo

2.3 Resultados

2.4 Proyecciones

3. COMPONENTE 3

3.1 Objetivos

3.2 Desarrollo

3.3 Resultados

3.4 Proyecciones

4. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5. ANEXO MATRIZ DE RESULTADOS

INTRODUCCIÓN

El objetivo general de este programa fue contribuir a fortalecer la competitividad y sostenibilidad de la producción de café de alta calidad en el mercado mundial a través de tecnología genómica de avanzada. Un mejor conocimiento del genoma del café facilitará el desarrollo de variedades resistentes y mejor adaptadas a cambios climáticos y una mejor caracterización, utilización y conservación del germoplasma del género *Coffea*. Igualmente el proyecto contribuirá a la reducción en los costos de producción, facilitando el desarrollo de variedades resistentes y más adaptadas a estrés bióticos/abióticos, el aumento en la producción y el énfasis en calidad, en el contexto de cambio climático para hacer sostenible la caficultura para pequeños productores.

El proyecto fue ejecutado por la Federación Nacional de Cafeteros de Colombia (FNC), a través del Centro Nacional de Investigaciones de Café (Cenicafé). La Federación Nacional de Cafeteros de Colombia es una institución de carácter gremial, privada y sin ánimo de lucro que tiene por objeto, orientar, organizar, fomentar y regular la caficultura colombiana procurando el bienestar del caficultor a través de mecanismos de colaboración, participación y fomento de carácter económico, buscando mantener el carácter de capital social estratégico de la caficultura colombiana.

Fecha de aprobación del Proyecto:	Junio 30 del 2010
Fecha de firma del Convenio:	Agosto 17 del 2010
Fecha estimada para el último desembolso:	Noviembre 30 del 2013
Fecha final de ejecución:	Agosto 17 del 2014

EJECUCIÓN DEL PROGRAMA

1. Componente 1: Construcción de una librería BAC de *Coffea eugenioides*

1.1. Objetivo

Construir una librería genómicas de largo inserto con la metodología de Cromosomas Artificiales de Bacterias (BAC por sus siglas en inglés) de *C. eugenioides*, ancestro maternal diploide de la especie *Coffea arabica*.

1.2. Desarrollo:

De común acuerdo con el BID, este componente fue eliminado por razones técnicas, en particular el rezago técnico de la construcción de BACs ante los desarrollos en secuenciación. Se fortaleció con estos recursos (contribución y aporte local) la secuenciación con nuevas tecnologías del componente 2 y hacer así una mejor utilización del presupuesto en términos de costo/beneficio.

2. Componente 2: Secuenciación del genoma del café y adaptación de las nuevas tecnologías de secuenciación para estudios de diversidad del género *Coffea*.

1.1 Objetivo

Adaptar las nuevas tecnologías de secuenciación (Next Generation Sequencing o tecnologías de siguiente generación) al café. Estas tecnologías han sido desarrolladas de manera comercial desde 2007 y se basan en el uso de nanotecnología para reducir significativamente los costos de secuenciación y permitir la secuenciación individual de genomas para estudios de variabilidad genética.

1.2 Desarrollo

Se contrató con Cornell University y Roche la adaptación de las nuevas tecnologías de secuenciación al café utilizando las más novedosas plataformas disponibles en su momento: 454 GS FLX Titanium, 454 1Kb Beta chemistry, Illumina HiSeq 2,000, Illumina/Moleculo y Pacific Biosciences (PacBio RS II) Single Molecule Real-Time (SMRT™) Sequencing. Las muestras a secuenciar consistieron en DNA genómico de las accesiones referencia de *C. eugenioides* y *C. arabica* de la Colección Colombiana de Café de Cenicafé. Esta información se complementó con secuenciación de RNA y BACs para mejorar el ensamblaje de genomas secuenciados *de novo* y para identificar variaciones estructurales con alta resolución. A medida que se generaron los datos de secuenciación se realizó el ensamblaje de los genomas para determinar la suficiencia del cubrimiento.

2.3 Resultados

Para *C. eugenioides*, se construyeron y secuenciaron 16 Librerías genómicas, donde aplicando el software de remoción de duplicados se obtuvo un total de 20,737,202 secuencias que están representando 9,594 millones de bases de alta calidad, correspondientes a 14X (14 veces) el tamaño del genoma, estimado en 660 millones de bases. El número de secuencias contíguas (Contigs) fue de 50,085, y el de Scaffolds fue de 30,263.

Este archivo se ha utilizado para realizar ensamblajes utilizando diferentes softwares como CLC, GS-Assembler y Mira, y de esta manera mapear los datos de *C. canephora*, cuyo genoma ya está en fases terminales de ensamblaje y anotación. Para esto se utilizó el programa para visualización de mapas genéticos “Tablet” el cual permite representar en forma gráfica las regiones donde hay coincidencias entre genomas de 2 o más organismos. En este estudio se utilizaron secuencias del genoma de la especie *C. canephora* como genoma de referencia y se ubicaron sobre este genoma secuencias de la especie *C. eugenioides* para determinar aquellas regiones donde existen similitudes/diferencias entre las 2 especies. En la Figura 1 se puede observar regiones con una alta similitud entre secuencias de la especie *C. eugenioides* y secuencias del cromosoma 5 de *C. canephora*. Un análisis similar se puede observar en la Figura 2 pero, en este caso la similitud corresponde a secuencias del cromosoma 11 de *C. canephora*, observándose mayores diferencias en lo que se conoce técnicamente como “variaciones estructurales” entre los dos genomas; el estudio de estas regiones es fundamental dado que nos permitirá encontrar genes o regiones de secuencias que permitirán distinguir entre estas dos especies a nivel genético.

De igual forma este estudio permite discernir regiones de los genomas de las dos especies que son altamente variables y en los cuales podemos distinguir secuencias que se conocen como “transposones” que son altamente repetidas en los genomas (Figura 3). A pesar de su variabilidad, estas regiones no son muy útiles técnicamente para diferenciar entre especies.

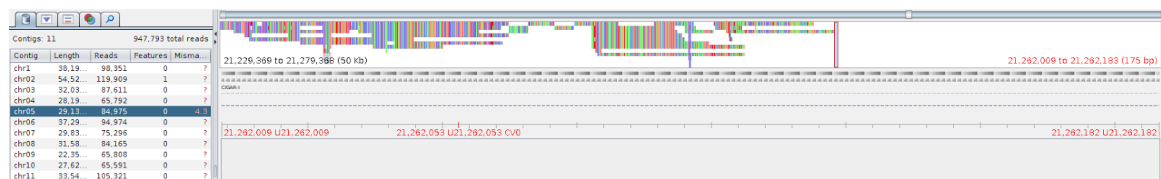


Figura 1. Localización genética de secuencias de la especie *C. eugenioides* sobre secuencias del cromosoma 5 del genoma de la especie *C. canephora*.



Figura 2. Localización genética de secuencias de la especie *C. eugenioides* sobre secuencias del cromosoma 11 del genoma de la especie *C. canephora*.



Figura 3. Localización genética de secuencias de la especie *C. eugenioides* sobre secuencias del cromosoma 2 del genoma de la especie *C. canephora*.

Al mapear las secuencias de RNA en el ensamblaje de *C. eugenioides*, se encontró que 37,111, que corresponden al 92% de los genes encontrados hasta la fecha para café, lo que indica una alta calidad en la información obtenida, que ahora puede complementarse con la estructura completa de cada gen por la secuenciación de intrones, sus promotores genéticos, y la ubicación relativa dentro de del genoma.

Para el genoma de *C. arabica* se obtuvo un cubrimiento más extenso, correspondiente a 40X con Illumina Moleculo y 60X con PacBio, valores muy altos considerando el tamaño total del genoma de 1300 bp. El 99,9% de las secuencias de Illumina Moleculo se encuentra representado en las secuencias de PacBio. Los análisis indican que de 40,038 los genes conocidos de Coffea, 37,402 (93,4%) mapearon en el ensamblaje actual, al igual que 79,735 secuencias borde de la librería de extremos de BACs (BAC End Sequences), o el 99,5%. Estos resultados confirman la robustez del ensamblaje obtenido, y garantizan que las nuevas versiones del ensamblaje van a ser más sólidas en la medida que se generen dada la consistencia de los datos.

2.4 Proyecciones

Los resultados han arrojado el alcance del objetivo inicial de adaptar el uso de las nuevas tecnologías en la secuenciación del genoma de las especies *Coffea eugenioides* y *C. arabica*. El proceso incluyó la preparación de DNA en la calidad y cantidad requerida para las tecnologías utilizadas, superar problemas logísticos en el envío de muestras a laboratorios en Estados Unidos, dimensionar las bases de datos generadas por cada tecnología e implementar el software para incorporar los resultados de cada tecnología en un ensamblaje único que permitiera entregar el primer borrador trabajable de cada genoma, proceso especialmente complicado con genomas poliploides como el de la especie *C. arabica*.

Debe considerarse que cada ensamblaje requiere alrededor de 10,000 horas de procesamiento (4 semanas) de los terabytes de datos obtenidos, lo cual implica disponer de infraestructuras adecuadas para el almacenamiento de datos, su transmisión a los centros de cómputo, la optimización de procesos en paralelo con suficiente memoria que permitan hacer la tarea de la manera más eficiente posible, y la adecuación de herramientas de visualización de resultados.

El uso combinado de las plataformas de secuenciación ha permitido optimizar la cobertura por fragmento de DNA secuenciado. La longitud de las secuencias generadas con las plataformas 454, Illumina Moleculo y PacBio han favorecido la optimización del ensamblaje, sirviendo de "backbone" para que secuencias cortas de las otras plataformas Illumina permitieran mayor cobertura y corrección de errores en áreas de homopolímeros.

De esta manera se ha completado la curva de aprendizaje para continuar con la exploración genómica de materiales de café importantes para los programas de mejoramiento alrededor del mundo, donde equipos de científicos pueden hacer uso de los ensamblajes entregados por este proyecto y por un costo muy bajo re-secuenciar a escasa profundidad sus materiales de interés que ofrezcan respuestas específicas a los problemas particulares de cada zona o país.

Componente 3: Desarrollo de herramientas genómicas para facilitar la selección de variedades de café adaptadas a efectos de cambio climático, diseminación de resultados y fortalecimiento de red científica existente de países productores de café

3.1 Objetivos

- (i) Desarrollo de herramientas genómicas para facilitar la caracterización de germoplasma del género *Coffea* y aumentar su utilización futura en programas de mejoramiento para adaptabilidad a cambio climático
- (ii) Realizar talleres de capacitación y diseminación de resultados para permitir el fortalecimiento de la capacidad tecnológica e innovación a nivel hemisférico y
- (iii) Entrenar a un estudiante de doctorado/postdoctorado en desarrollo de herramientas genómicas para adaptación del café a cambio climático

(i) Desarrollo de herramientas genómicas para facilitar la caracterización de germoplasma

3.2 Desarrollo

Se construyeron librerías de mRNA de 47 muestras de híbridos de *Coffea arabica* y sus parentales, sometidos a condición de sol y de sombra. En la Tabla 1 se describen las muestras y genotipos utilizados en este estudio. Para la obtención de RNA-seq se utilizó la tecnología de secuenciación SBS (Sequence By Synthesis) en un equipo HiSeq 2000 de Illumina. El total de secuencias de RNA-seq obtenidas en cada muestra se describe en la Tabla 2. Las secuencias obtenidas fueron anotadas y su expresión cuantificada por medio del programa HTSeq-count.

3.3 Resultados

Se identificaron un total de 25,575 secuencias diferentes, y la cuantificación de la expresión de las secuencias en cada una de las muestras permitió realizar un análisis de agrupamiento de las muestras expuestas al sol y a la sombra para determinar diferencias de expresión de genes entre las muestras en las dos condiciones. Este análisis de agrupamiento para cada una de las condiciones se detalla en las Figuras 4 y 5. Este tipo de aproximación al estudio de nuevas variedades de café nos permite comenzar a separar los híbridos de acuerdo a su comportamiento en diferentes condiciones ambientales. En este caso es posible separar los diversos híbridos estudiados por grupos de acuerdo a su mayor o menor adaptabilidad a condiciones de sol y de sombra. Estos estudios son fundamentales dados los nuevos escenarios de cambio climático a los cuales se debe adaptar la caficultura en los países productores.

TABLA 1. Muestras utilizadas para experimentos de RNA-seq y los genotipos origen de dichas muestras.

GENOTIPO	MUESTRA DE mRNA*	GENOTIPO	MUESTRA DE mRNA*
CX2385xE057	SH_CX_E057_13	E057	SUN_E057_504
CX2385xE057	SH_CX_E057_14	E057	SUN_E057_507
CX2385	SH_CX_23	E286	SUN_E286_554
CX2385	SH_CX_26	E286	SUN_E286_558
CX2385	SH_CX_29	E554	SUN_E554_563
CX2385xE286	SH_CX_E286_96	E554	SUN_E554_567
CX2385xE286	SH_CX_E286_97	CX2385xE286	SUN_CX_E286_748
CX2385xE554	SH_CX_E554_106	CX2385xE286	SUN_CX_E286_749
CX2385xE554	SH_CX_E554_107	CX2385	SUN_CX_753
CU1842xE057	SH_CU_E057_144	CX2385	SUN_CX_757
CU1842xE057	SH_CU_E057_147	CX2385	SUN_CX_759
CU1842xE554	SH_CU_E554_205	CX2385xE057	SUN_CX_E057_761
CU1842xE554	SH_CU_E554_207	CX2385xE057	SUN_CX_E057_770
CU1842xE286	SH_CU_E286_222	CX2385xE554	SUN_CX_E554_846
CU1842xE286	SH_CU_E286_224	CX2385xE554	SUN_CX_E554_849
CU1842	SH_CU_241	CU1842xE286	SUN_CU_E286_895
CU1842	SH_CU_242	CU1842xE286	SUN_CU_E286_897
CU1842	SH_CU_243	CU1842	SUN_CU_904
E554	SH_E554_394	CU1842	SUN_CU_906
E554	SH_E554_395	CU1842	SUN_CU_909
E286	SH_E286_433	CU1842xE554	SUN_CU_E554_965
E286	SH_E286_438	CU1842xE554	SUN_CU_E554_969
E057	SH_E057_461	CU1842xE057	SUN_CU_E057_971
E057	SH_E057_462		

* SH: Condición de sombra

SUN: Condición de sol

TABLA 2. Número de secuencias de RNA-seq obtenidas para cada una de las muestras al sol y a la sombra.

MUESTRAS A LA SOMBRA	No. DE LECTURAS	MUESTRAS AL SOL	No. DE LECTURAS
SH_CU_E554_207_2	26.727.134	SUN_CU_909_3	21.501.766
SH_CU_E554_205_1	28.823.318	SUN_CU_906_2	18.098.014
SH_CU_E057_147_2	22.613.092	SUN_E286_554_1	21.715.072
SH_CU_241_1	22.430.779	SUN_CX_E554_849_2	21.359.519
SH_CU_242_2	23.208.481	SUN_CX_E057_761_1	21.781.794
SH_CU_243_3	19.961.594	SUN_E554_567_2	24.320.592
SH_CU_E286_222_1	25.628.327	SUN_E554_563_1	19.515.590
SH_CX_26_2	23.061.132	SUN_CU_E554_969_2	24.145.548
SH_E057_461_1	22.168.232	SUN_CU_E286_897_2	27.770.853
SH_E286_433_1	25.382.422	SUN_CX_759_3	22.604.187
SH_CU_E286_224_2	21.630.547	SUN_CX_E057_770_2	18.383.716
SH_CX_E286_96_1	21.603.230	SUN_CU_904_1	21.205.825
SH_CX_23_1	27.342.917	SUN_CX_E286_748_1	22.903.102
SH_E286_438_2	22.077.306	SUN_CX_E286_749_2	28.689.085
SH_CX_E057_13_1	24.544.055	SUN_E286_558_2	18.006.348
SH_CX_E554_106_1	17.324.346	SUN_CX_753_1	24.535.798
SH_CX_29_3	22.801.122	SUN_CU_E057_980_2	17.219.418
SH_CU_E057_144_1	24.749.203	SUN_CU_E057_971_1	24.255.289
SH_CX_E286_97_2	22.929.323	SUN_CX_757_2	24.863.061
SH_E057_462_2	22.107.060	SUN_CU_E286_895_1	24.851.987
SH_E554_394_1	22.696.104	SUN_CU_E554_965_1	23.863.771
SH_E554_395_2	21.943.331	SUN_E057_507_2	23.441.591
SH_CX_E554_107_2	23.780.513	SUN_E057_504_1	30.046.626
SH_CX_E057_14_2	14.860.564	SUN_CX_E554_846_1	23.438.026

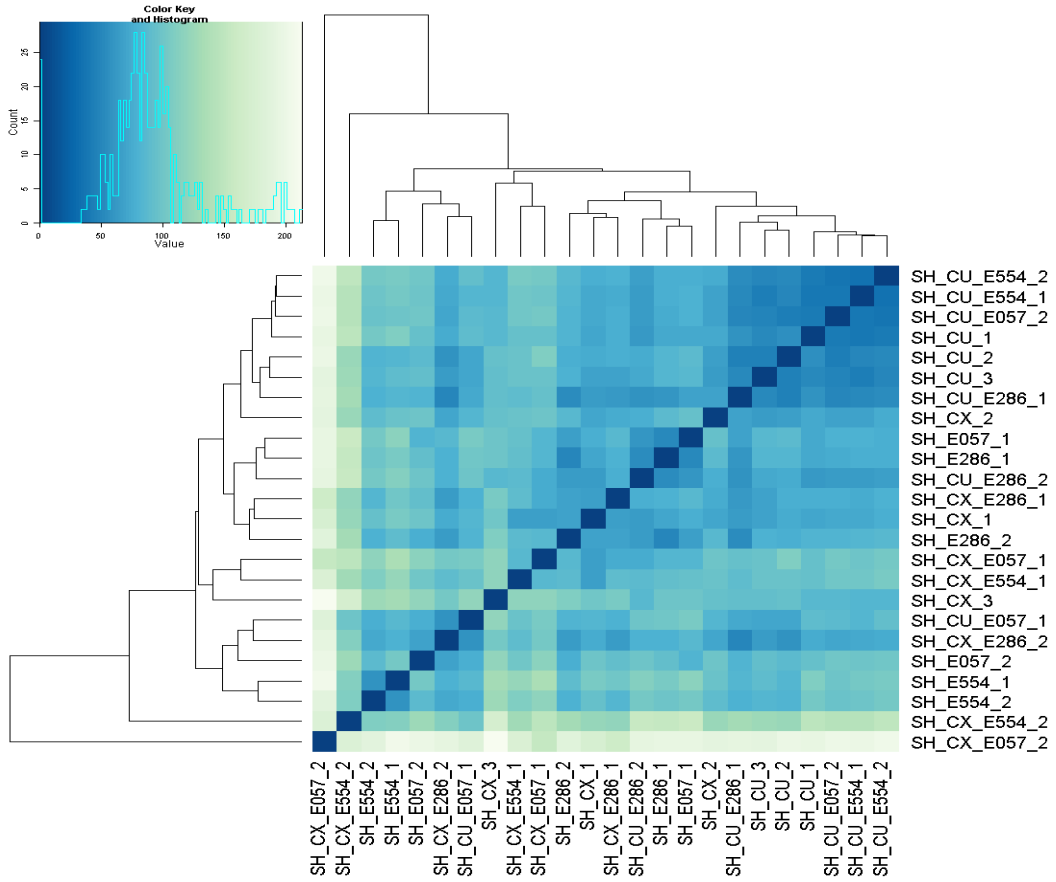


FIGURA 4. Heatmap que muestra las distancias Euclidianas y agrupaciones entre las muestras analizadas por RNA-seq de las muestras a la sombra.

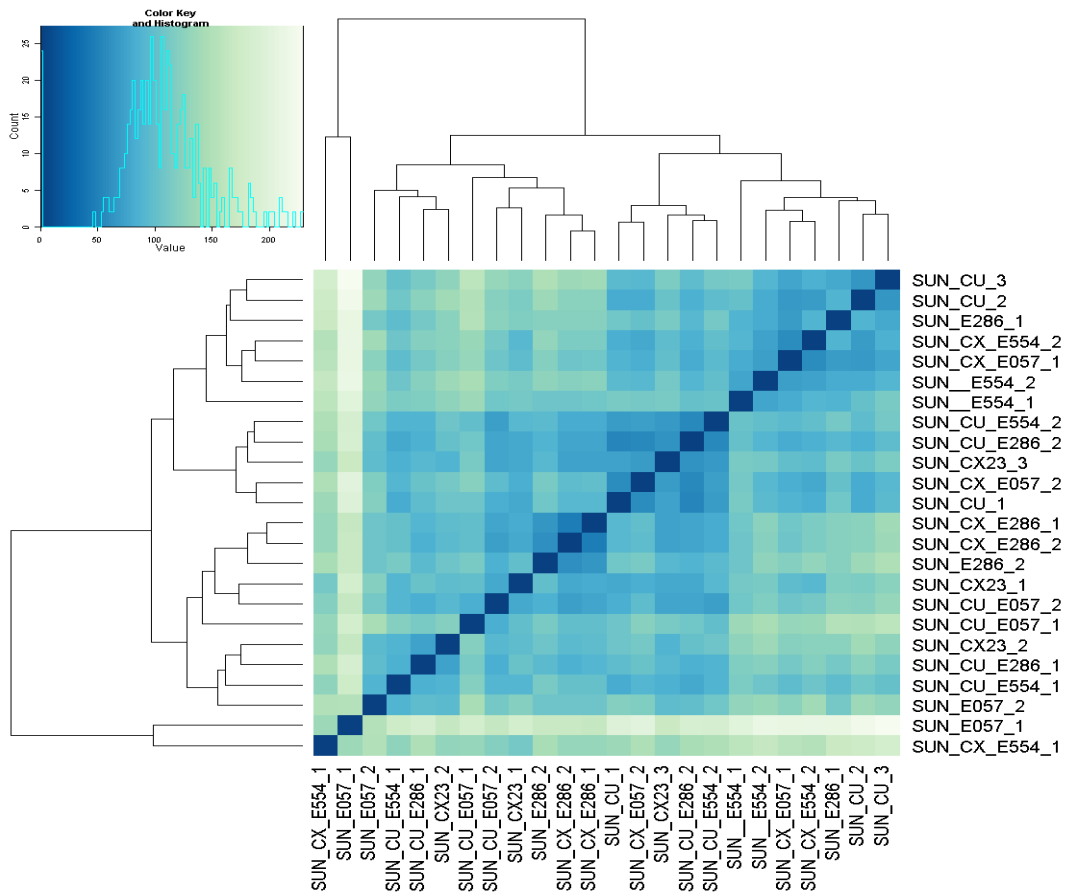


FIGURA 5. Heatmap que muestra las distancias Euclidianas y agrupaciones entre las muestras analizadas por RNA-seq de las muestras al sol.

(ii) Talleres de capacitación y diseminación de resultados

Se adelantaron 2 talleres bajo la temática “Consecuencias y perspectivas del Cambio Climático en la caficultura de América Latina”, organizado por Cenicafé y patrocinado por el Banco Interamericano de Desarrollo (BID) en el marco del 24º Congreso Internacional de la Ciencia del Café (ASIC) en San José de Costa Rica, el 13 de noviembre de 2012, y del 25º congreso de ASIC en Armenia, Colombia, el 11 de septiembre de 2014. Estos talleres, con la participación de científicos y representantes gremiales de México, Guatemala, El Salvador, Honduras, Costa Rica, Panamá, República Dominicana, Jamaica y Colombia, revisaron de manera conjunta los efectos de las condiciones climáticas en el cultivo del café, compartieron las medidas de mitigación adoptadas, evaluaron su efectividad, y proyectaron hacia el futuro posibles vías de adaptación, con énfasis en el

desarrollo de variedades mejoradas con el apoyo de nuevas tecnologías de investigación científica, en especial la investigación genómica.

Para cada taller se desarrollaron 3 temas así:

Taller 1

1. Efectos del Cambio Climático en los años recientes
2. Medidas tomadas para mitigar los efectos
3. Proyecciones a futuro para adaptarse a las nuevas condiciones

Taller 2

1. Percepción climática y su aplicación en la caficultura
2. Efectos de la variabilidad climática en la fisiología del café y su fauna asociada
3. Genómica del café como herramienta en la adaptación al cambio climático

Así mismo se entregaron instrucciones de acceso al primer repositorio de datos genómicos de café generados por el proyecto, y ubicado en la dirección <http://bioinformatics.cenicafe.org>.

Adicionalmente se realizaron varias participaciones entre 2011 y 2014 en la conferencia anual de Plant and Animal Genome (PAG), que se realiza en San Diego, California en la segunda semana de enero, en particular con presentaciones en la sección de Coffee Genomics Workshop, por parte de los investigadores de Cenicafé Marco Cristancho, Huver Posada, Pablo Benavides, Carmenza Góngora y Álvaro Gaitán. Durante los días de las conferencias se realizaron reuniones de ajuste de metodologías y revisión de resultados con los colaboradores de ROCHE, Cornell y la Universidad de Maryland, con quienes se coordinaron acciones para la ejecución del proyecto. De esta manera se diseminaron resultados con la comunidad internacional, además de recibir valiosas opiniones de pares científicos.

(iii) Entrenar a un estudiante de doctorado/postdoctorado en desarrollo de herramientas genómicas para adaptación del café a cambio climático

Durante el transcurso del proyecto el estudiante de Doctorado Carlos Maldonado adelantó su entrenamiento en edición de mapas físicos y en análisis de genomas completos de plantas en The Arizona Genomics Institute - AGI. En particular, Carlos estuvo trabajando en el genoma de *Oryza glumaepatula*, especie silvestre de Sur América muy cercana al arroz, como parte de una iniciativa internacional que pretende crear variedades de arroz que dupliquen o tripliquen la producción con menos requerimiento de insumos para enfrentar el aumento de la población humana en los años por venir a partir de la secuenciación de 11 especies del género *Oryza*. Con los datos del proyecto, Carlos ha iniciado análisis directamete

sobre las secuencias de café, en particular con *C. eugenioides*), y estará en capacidad de continuar con los desarrollos una vez se reintegre al grupo de Mejoramiento Genético de Cenicafé en 2015..

Por su parte los estudiantes Lucio Navarro (Universidad de Purdue) y Flor Edith Acevedo (Penn State University) adelantaron trabajos en la identificación de genes candidatos en las interacciones entre plantas e insectos parásitos. En el primer caso, Lucio estudió genes de virulencia del mosquito del trigo (*Mayetiola destructor*) realizando análisis genómicos en el Purdue Genomics Facility, así como también analizando muestras de secuenciación de 454 de la Broca del Café, para proceder al ensamblaje de su genoma. Por su parte, Flor Edith ha iniciado estudios de la Palomilla del maíz (*Spodoptera frugiperda*), observando diferencias entre las proteínas presentes en la saliva de la oruga de esta especie que ataca a maíz y la que ataca a arroz, con miras a encontrar cual es la que induce reacciones de resistencia en la planta hospedera.

Finalmente, Alveiro Salamanca llevó a cabo su investigación de Doctorado en University of California Davis sobre eficiencia del uso del Nitrógeno en la variedad Castillo, actualmente usada como variedad de adaptación a problemas de la Roya del Cafeto en Colombia. Estos trabajos están dando luces sobre el efecto en la fisiología de la plata en escenarios variables de condiciones climáticas y de nutrición.

3.4 Proyecciones

El componente 3 fue desarrollado bajo la perspectiva de iniciar procesos de aplicación de los resultados de utilizar nuevas tecnologías genómicas del componente 2 en problemas actuales de la caficultura asociados al cambio climático.

Los trabajos con poblaciones de híbridos han evidenciado la expresión de genes que reaccionan de manera diferencial a condiciones específicas de cultivo, como lo es la sombra y la plena exposición solar. La selección rápida y acertada de materiales que puedan comportarse bien en ambas condiciones, o que incluso puedan tener ventajas bajo condiciones de sombra, favorecerá la conformación de variedades con un alto potencial de responder adecuadamente ante las condiciones cambiantes del clima, y ante modificaciones permanentes del ambiente que puedan establecerse en el futuro. La identificación de genes marcadores para estas condiciones significa ahorros importantes en tiempo y en costos de desarrollo de variedades, las cuales deben diseñarse para responder a las condiciones locales, que representen una ventaja de manera local al productor de café, y que impliquen menores costos de producción, menores pérdidas por efecto de clima y de enfermedades, y en lo posible mejores calidades de bebida que de permitan obtener mayores precios por su café.

En general los países de Centro y Suramérica siguen presentando una escasez de personal entrenado para desarrollar tecnologías genómicas de última generación, y de aprovecharlas para buscar soluciones a problemas de la caficultura. Los talleres organizados durante el proyecto reflejan los problemas comunes que sufren los productores de estas zonas, y también los inconvenientes locales que se presentan la diversidad de ambientes y de culturas que producen café en América latina. Los talleres a su vez permitieron conocer a los científicos interesado en el tema, y fortalecer así las conexiones entre grupos de investigación que pueden aportar con sus experiencias locales, y recibir de las experiencias de otros. El compromiso ha sido buscar espacios adicionales y más extensos para intercambio de conocimientos y capacitaciones prácticas en temas de genómica y mejoramiento de genético de café, así como en otros problemas asociados a cambio climático, como son el manejo de enfermedades y plagas, floración y maduración de café, nutrición y conservación de la riqueza en biodiversidad que acompaña al cultivo del café. Finalmente se debe fortalecer la red de adquisición de datos climáticos, y asociarla con conceptos agroclimáticos que permitan generar alertas tempranas para los productores y entender mejor el efecto de los cambios en el clima sobre las especies asociadas a la producción de café.

A este respecto, el proyecto en este componente permitió preparar a una nueva generación de científicos a nivel doctoral en temas de avanzada de Mejoramiento Genético y Genómica aplicada, con 4 estudiantes preparados en centros de investigación de punta. Este grupo de investigadores preparados asegura la continuidad y el avance en la aplicación de los resultados de este proyecto.

4. Conclusiones y recomendaciones

Bajo un esquema de trabajo que perseguía el logro de un bien común, como lo fue develar la información genética presente en la planta de café, para el beneficio de millones de productores en los países de Centro y Suramérica, se logró articular un trabajo asociativo patrocinado por el BID y ejecutado por Cenicafé, con la colaboración de la academia representada por la Universidad de Cornell y la industria genómica por ROCHE, en un tiempo relativamente corto y a unos costos muy reducidos. Es un modelo interesante para aplicar en otros cultivos de interés para la región, donde los efectos del cambio climático han sido evidentes, y donde respuestas para adaptarse al problema son requeridas con urgencia, pero necesitan de un componente fuerte de tecnología para superar cuellos de botella en caracterización de recursos genéticos y aplicación de la genética para generar nuevas variedades.

Se evidenció la necesidad de equipos legales con capacidad de entender y regular temas de propiedad intelectual en trabajos interinstitucionales, ya que la tramitación de contratos se llevó buena parte del tiempo de ejecución del proyecto.

En lo posible estos temas deberían ser acordados entre oficinas jurídicas con anterioridad al inicio de la ejecución presupuestal.

Igualmente fue evidente el vacío en personal científico capacitado para entender y aprovechar desarrollos tecnológicos, como lo es la genómica, pero también para generar e interpretar datos climáticos en el área agrícola. Futuros esfuerzos para mitigar los efectos del cambio climático deben involucrar la preparación de personal en temas de punta en estos y otros campos, ya sea mediante intercambios o educación mas formal, de manera que se puedan reducir a la práctica y de manera local los avances en tecnología que puedan apoyar al agricultor.

5. ANEXO MATRIZ DE RESULTADOS

A continuación se presenta el formato correspondiente al Anexo III de matriz de resultados.

Matriz de Resultados
ADAPTACIÓN DE LA CAFICULTURA AL CAMBIO CLIMÁTICO (RG-T1655)

Objetivo del Proyecto	Impulsar a través de tecnología genómica de avanzada la competitividad y sostenibilidad de la producción de café de alta calidad en el mercado mundial en el contexto de cambio climático.	
Componente 2	Meta	Logro
Productos		
Secuencia <i>de novo</i> del genoma de la especie diploide <i>C. eugenioides</i> y de la especie <i>C. arabica</i> que representa 70% del mercado mundial y es producida principalmente en América Latina*	1	.
Resultados Intermedios Ensamble del genoma de referencia de la especie diploide <i>C. eugenioides</i> para servir de base al ensamblaje del genoma de la especie tetraploide <i>C. arabica</i> . Dada la complejidad del genoma de <i>C. arabica</i> su ensamblaje será basado en los genomas de sus progenitores diploides <i>C. canephora</i> y <i>C. eugenioides</i> *	<ul style="list-style-type: none"> • Dos (2) informes técnicos de avances • Un (1) estudiante de doctorado de CENICAFE entrenado en U. Maryland en ensamblaje y anotación de las secuencias derivadas del proyecto usando las plataformas 454 and Solexa • Un (1) estudiante de doctorado de CENICAFE entrenado en Cornell en el desarrollo de herramientas genómicas de avanzada para estudios de diversidad del género <i>Coffea</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • Tres (3) informes técnicos de avances • Dos (2) genomas ensamblados: Un (1) estudiante de doctorado de CENICAFE entrenado en U. de Arizona en ensamblaje y anotación de las secuencias usando las nuevas plataformas de secuenciación
Resultado Secuenciación del genoma del café usando las nuevas plataformas: 454 GS FLX Titanium/Roche y Solexa/Illumina para facilitar el desarrollo de herramientas genómicas de avanzada para estudios de diversidad del género <i>Coffea</i>	<ul style="list-style-type: none"> • Creación de una (1) base de datos pública con las secuencias derivadas del proyecto • Un (1) reporte técnico final 	<ul style="list-style-type: none"> • Creación de dos (2) bases de datos públicas con las secuencias derivadas del proyecto en el portal bioinformatics.cenicafe.org: <i>C. eugenioides</i> y <i>C. arabica</i> • Un (1) reporte técnico final

Componente 3	Meta	Logro
Productos		
Se promoverá el desarrollo de herramientas genómicas de avanzada para facilitar la caracterización/ conservación de gemoplasma del género <i>Coffea</i> y para promover su mayor utilización e incrementar la diversidad genética del cultivo y su adaptabilidad a cambios climáticos	<ul style="list-style-type: none"> • Un (1) informe técnico 	<ul style="list-style-type: none"> • Un (1) informe técnico final
Resultados Intermedios Entrenamiento en desarrollo de herramientas genómicas de avanzada para adaptación del café a cambio climático	<ul style="list-style-type: none"> • Dos (2) informes técnicos de avance • Un estudiante (1) de doctorado/ post doctorado de CENICAFE entrenado en IRD 	<ul style="list-style-type: none"> • Tres (3) informes técnicos de avance • Tres estudiantes (3) de doctorado de CENICAFE entrenados en Purdue University, University of California Davis y Penn State University
Resultado Se genera interés entre los países de la región en colaborar a nivel científico en el fortalecimiento de la red existente a nivel internacional de genómica del café para facilitar la disseminación de información relevante con miras a reducir vulnerabilidad del cultivo a los efectos de cambio climático y generar tecnología sostenible y amigable al medio ambiente	<ul style="list-style-type: none"> • Un (1) informe técnico final • Al menos un (1) foro internacional realizado, para promover estudios de caracterización/ conservación de diversidad en <i>Coffea</i> y desarrollo e implementación de herramientas genómicas en programas de mejoramiento como una opción para disminuir vulnerabilidad ante los efectos de variabilidad y cambio climático 	<ul style="list-style-type: none"> • Un (1) informe técnico final • Dos (2) foros internacionales realizados para promover estudios de caracterización/ conservación de diversidad en <i>Coffea</i> y desarrollo e implementación de herramientas genómicas en programas de mejoramiento como una opción para disminuir vulnerabilidad ante los efectos de variabilidad y cambio climático • Seis (6) presentaciones en el congreso internacional de Plant and Animal genome (PAG)