



# Scientia Agropecuaria

Web page: <http://revistas.unitru.edu.pe/index.php/scientiaagrop>

Facultad de Ciencias  
Agropecuarias

Universidad Nacional de  
Trujillo



## REVIEW

### Genetic improvement in coffee (*Coffea arabica* L.) cultivation: Methodological advances and application proposal using traditional methods and biotechnological tools

Mejoramiento genético en el cultivo de café (*Coffea arabica* L.): Avances metodológicos y propuesta de aplicación utilizando métodos tradicionales y herramientas biotecnológicas

Alan Mike Cardoza Sánchez<sup>1\*</sup> ; Jessica Victoria Quesquén Condori<sup>1</sup> ; Luz Petronila Blas Montenegro<sup>1</sup>   
Rosany Facundo Meza<sup>2</sup> ; Julián Velásquez Guerrero<sup>2</sup> ; Jacqueline Sarmiento Ocmín<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Facultad de Ciencias Agrarias y Ambientales, Universidad Católica Sedes Sapientiae, Filial Rioja, Perú.

<sup>2</sup> Instituto Nacional de Innovación Agraria. Piura, Perú.

\* Corresponding author: [amcardoza@hotmail.com](mailto:amcardoza@hotmail.com) (A. M. Cardoza Sánchez).

Received: 27 November 2024. Accepted: 23 June 2025. Published: 7 July 2025.

#### Abstract

Coffee is a very important crop both nationally and globally, with Peru being the leading exporter of organic coffee, is native to Africa, and the most important species is *Coffea arabica*. The objective of this work was to carry out a literature review about the germplasm used and the genetic improvement methods used in coffee cultivation, with the purpose of proposing an improvement scheme that includes the application of traditional methods and biotechnological tools for improvement of coffee cultivation. Information from genetic improvement programs in Brazil, Colombia and Central America and other institutions dedicated to the management, research and commercialization of coffee cultivation was used. The most used methods for genetic improvement are Pedigree, backcrossing and the production of F1 hybrids through somatic embryogenesis. In Brazil, Colombia and other countries, molecular markers are being used to develop cultivars with rust resistance in a shorter period. Finally, the breeding strategy to be implemented is the pyramiding of genes for rust resistance using molecular markers. This strategy consists of introgressing the SH3 gene present in the *C. liberica* species into the catimor cultivar, which is highly productive and has the rust resistance genes SH6, SH7, SH8 and SH9. This proposal is of great importance in countries like Peru, where coffee represents a strategic export product. Breeding schemes that incorporate gene pyramiding using molecular markers not only improve the efficiency of selecting cultivars with resistance to coffee rust but can also accelerate breeding programs by reducing lengthy phenotypic evaluation cycles. In practice, this could translate into more productive cultivars that are resistant to biotic and abiotic factors and adapted to different types of environments. This would mark a new stage in coffee genetic improvement in Peru, based on precision agriculture and sustainability.

**Keywords:** coffee; genetic improvement; Pedigree; backcrossing; F1 hybrid.

#### Resumen

El café es un cultivo muy importante a nivel nacional y mundial, siendo Perú el primer exportador de café orgánico. Es originario de África y la especie más importante es *Coffea arabica*. El objetivo del presente trabajo fue realizar una revisión de literatura acerca del germoplasma utilizado y los métodos de mejoramiento genético empleados en el cultivo de café, con la finalidad de proponer un esquema de mejoramiento que incluya la aplicación de métodos tradicionales y herramientas biotecnológicas para el mejoramiento del cultivo de café. Se utilizó información procedente de programas de mejoramiento genético en Brasil, Colombia y Centroamérica y otras instituciones dedicadas al manejo, investigación y comercialización del cultivo de café. Los métodos más utilizados para el mejoramiento genético son el Pedigree, el retrocruzamiento y la producción de híbridos F1 mediante embriogénesis somática. En Brasil, Colombia y otros países se están utilizando marcadores moleculares para desarrollar cultivares con resistencia a roya en menor periodo de tiempo. Finalmente, la estrategia de mejoramiento a implementar es la pirimidización de genes para resistencia a roya mediante el uso de marcadores moleculares. Esta estrategia consiste en introgresar el gen SH3 presente en la especie *C. liberica* en el cultivar catimor, el cual es de alta productividad, adaptabilidad y posee los genes de resistencia a roya SH6, SH7, SH8 y SH9. Esta propuesta es de gran importancia en países como Perú, donde el café representa un producto estratégico de exportación. Esquemas de mejoramiento que incorporen la pirimidización de genes mediante el uso de marcadores moleculares no solo mejora la eficiencia en la selección de cultivares con resistencia a la roya, sino que también puede acelerar los programas de mejoramiento al reducir los ciclos de evaluación fenotípica prolongada. En la práctica, esto podría traducirse en cultivares más productivos, resistentes a factores bióticos y abióticos y adaptados a diferentes tipos de ambientes. Esto marcaría una nueva etapa en el mejoramiento genético del café en Perú, basado en la agricultura de precisión y sostenibilidad.

**Palabras clave:** café; mejoramiento genético; Pedigree; retrocruzamiento; híbrido F1.

DOI: <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2025.035>

#### Cite this article:

Cardoza Sánchez, A. M., Quesquén Condori, J. V., Blas Montenegro, L. P., Facundo Meza, R., Velásquez Guerrero, J., & Sarmiento Ocmín, J. (2025). Mejoramiento genético en el cultivo de café (*Coffea arabica* L.): Avances metodológicos y propuesta de aplicación utilizando métodos tradicionales y herramientas biotecnológicas. *Scientia Agropecuaria*, 16(3), 457-468.

## 1. Introducción

El café es un cultivo muy importante a nivel nacional e internacional. A nivel mundial, los cinco principales países productores son Brasil, Vietnam, Colombia, Indonesia y Etiopía (Statista, 2023). Perú ocupa el quinto lugar y junto a Etiopía son los que lideran la producción de café orgánico (Plataforma del Estado Peruano, 2022). El café es originario de los bosques tropicales de África y de las islas que se encuentran al oeste del océano indico (Taiti et al., 2025; Millet et al., 2024; Herrera & Lambot, 2017). Actualmente, se han identificado 130 especies a nivel mundial (Davis & Rakotonasolo, 2021). Las principales especies cultivadas en el mundo son *Coffea arabica* y *C. canephora* y las demás especies se encuentran en estado silvestre o son poco cultivadas (Davis & Rakotonasolo, 2021; Bramel et al., 2017). *Coffea arabica* posee 22 pares de cromosomas y es la única especie tetraploide y las demás especies son diploides (Bramel et al., 2017). La producción a nivel mundial en el año 2022 fue de 172 millones de sacos y el principal país productor de café es Brasil (Statista, 2023). *Coffea arabica* L. es de buena productividad y calidad, pero es susceptible a diferentes plagas y enfermedades como la roya del café (*Hemileia vastatrix* Berk. & Br) (Guerra et al., 2023; Virginio et al., 2021). Por tal razón, en diferentes países, desde los inicios del cultivo de forma extensiva, se establecieron programas de mejoramiento genético con la finalidad de incrementar la productividad, calidad y la resistencia a plagas y enfermedades. Uno de los primeros programas se estableció en 1932 en Brasil, cuando se creó el Instituto Agronómico de Campinas (IAC). Actualmente, existen otras instituciones que cuentan con programas de mejoramiento genético tales como: Centro Nacional de Investigaciones del café – CENICAFE (Colombia), Universidad Federal de Viçosa (UFV), Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Fundación PROCAFE, Empresa Brasileira de investigación (EMBRAPA CAFÉ), Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER) y el Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR) y el Centro Agrônômico Tropical de Investigación y Enseñanza - CATIE (PROMECAFE, 2023; Zambolim et al., 2024). Inicialmente el mejoramiento se centró en identificar mutantes y progenies más productivas entre el cruzamiento de las variedades Typica y Bourbon. Posteriormente con la llegada de la roya del café a Brasil en el año de 1970, se inició la creación de variedades resistentes utilizando el Híbrido de Timor (*C. arabica* x *C. canephora*) el cual posee resistencia a la roya. Este híbrido fue encontrado de manera natural en la isla de Timor y posteriormente, fue recolectado,

evaluado y distribuido por el Centro de Investigação de Ferrugens do Cafeeiro de Portugal a diferentes programas de mejoramiento genético a nivel mundial (Siqueira de Carvalho et al., 2022; Caixeta et al., 2015). Las metodologías empleadas tradicionalmente en el desarrollo de nuevos cultivares de café son el Genealógico o Pedigree, el retro-cruzamiento y la producción de híbridos F1.

Actualmente, con el avance de la biología molecular, se están utilizando marcadores moleculares y la selección genómica para la identificación temprana de genotipos promisorios.

El objetivo de la presente investigación fue realizar una búsqueda de información sobre el germoplasma utilizado y los métodos de mejoramiento genético utilizados en el cultivo de café, con la finalidad de proponer un esquema de mejoramiento que incluya la aplicación de métodos tradicionales y herramientas biotecnológicas para el mejoramiento del cultivo. Se utilizó información procedente de investigaciones realizadas por programas de mejoramiento genético y otras instituciones dedicadas al manejo, investigación y comercialización del cultivo de café. La estrategia propuesta es la piramidización de genes usando marcadores moleculares para desarrollar variedades con resistencia durable a roya mediante la introgresión del gen SH3 presente en la especie *C. liberica* en cultivares con genes de resistencia a roya SH6, SH7, SH8 y SH9.

## 2. Principales especies, variedades e híbridos

### *Coffea arabica* L.

Es la principal especie cultivada en el mundo (aproximadamente 70% de la producción mundial) y en América, se produce en Brasil, Colombia, Honduras, Perú, México, Costa Rica entre otros países (Herrera et al., 2023; Statista, 2023). Es alotetraploide:  $2n = 4x = 44$  (Salojärvi et al., 2024) y se originó del cruzamiento natural entre *C. eugenioides* y *C. canephora* (Salojärvi et al., 2024). Además, es autógama y en condiciones naturales, el 85% de los frutos provienen de la autofecundación y el resto del cruce con otras plantas por la acción de agentes polinizadores (Virginio & Astorga, 2021). Es una especie de buena productividad y calidad, pero es susceptible a diferentes plagas y enfermedades como la broca (*Hypothenemus hampei*), roya del café (*Hemileia vastatrix* Berk. & Br.), *Leucoptera coffeella* (Guérin-Méneville: 1842); Ojo de gallo: *Mycena citricolor* (Berkeley & Curtis), Mancha de hierro (*Cercospora coffeicola* Berk y Cooke) y a los nemátodos del género *Meloidogyne* (Guerra et al., 2023; Moreira et al., 2023; Góngora et al., 2023; Mendoza et al., 2021).

Principales variedades de *C. arabica*

El café fue introducido en Brasil en 1727 y luego se distribuyó a otras partes del continente. Las variedades que inicialmente se cultivaron fueron Typica y Bourbon (Millet et al., 2024). Con estos materiales, posteriormente se realizaron cruzamientos y selección y dieron origen a muchas de las variedades que existen actualmente (Tabla 1).

Tabla 1  
Variedades obtenidas a partir de Typica y Bourbon

| Variedad     | Origen      | Características      |
|--------------|-------------|----------------------|
| Maragogype   | Brasil      | Mutación de Typica   |
| Pache        | Guatemala   | Mutación de Typica   |
| Caturra      | Brasil      | Mutación de Bourbon  |
| Villa Sarchí | Costa Rica  | Mutación de Bourbon  |
| Venecia      | Costa Rica  | Mutación de Bourbon  |
| Pacas        | El Salvador | Mutación de Bourbon  |
| Mundo Novo   | Brasil      | Typica x Bourbon     |
| Catuai       | Brasil      | Mundo Novo x Caturra |
| Pacamara     | El Salvador | Pacas x Maragogype   |

Adaptado de World Coffee Research (2024) y Asociación Nacional del Café (2019).

*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner

Es la segunda especie más cultivada a nivel mundial. Tiene mayor productividad, resistencia a la roya y a los nematodos que *Coffea arabica* L. Además, está adaptada a zonas cálidas y con altitudes menores a 1 000 m.s.n.m, sin embargo, tiene menor calidad de taza (World Coffee Research, 2024; Asociación Nacional del Café, 2019). Es una especie alógama y diploide (2n = 22). Cuenta con alto porcentaje de cruzamiento entre plantas (World Coffee Research, 2024; Caixeta et al., 2022). Debido a que *C. canephora* es una especie alógama, sus cultivares se propagan vía asexual.

Otras especies

Lo parientes silvestres poseen una diversidad gené-

tica oculta la cual podría tener impactos positivos en la mejora genética de los cultivos (Tirnaz et al., 2022; Migicovsky & Myles, 2017). Existen otras especies de café que se encuentran en estado silvestre y son poco utilizadas. Sin embargo, estas son fuente importante de genes para la mejora de la calidad y resistencia a plagas y enfermedades como son la roya del café (*Hemileia vastatrix*), antracnosis (*Colletotrichum kahawae*), broca (*Hypothenemus hampei*) y los nematodos (*Meloidogyne* spp.). Por ejemplo, *Coffea liberica* posee el gen de resistencia a la roya SH3, el cual no está presente en *C. arabica* ni *C. canephora* (Silva et al., 2023; Valencia et al., 2017). También, se han identificado genes de resistencia en *C. pseudozanguebariae* y *C. salvatrix* (Medina et al., 1984). Resistencia a *Meloidogyne exigua* ha sido encontrada en *C. bengalis*, *C. congensis*, *C. dewvrei*, *C. eugenoides*, *C. kapakata*, *C. liberica*, *C. racemosa*, *C. salvatrix*, y *C. stenophylla*. (Medina et al., 1984).

Híbridos interespecíficos

Se han evaluado en diferentes países, distintas progenies entre *C. arabica* y otras especies del género *Coffea*, pero el más utilizado en los programas de mejoramiento genético ha sido el híbrido de Timor (*C. arabica* x *C. canephora*). El híbrido de Timor es un híbrido interespecífico resistente a la roya encontrado de manera natural en la Isla de Timor (Indonesia). Semillas de este híbrido fueron recolectados y proporcionados a diferentes programas de mejoramiento genético en América por el Centro de Investigação de Ferrugens do Cafeeiro (CIFC) de Portugal (World Coffee Research, 2024; Silva et al., 2018; Cortina et al., 2013). A partir de este híbrido se desarrollaron nuevas variedades al realizar cruzamientos con las variedades tradicionales como Caturra, Villa Sarchi y Catuai (Figura 1).

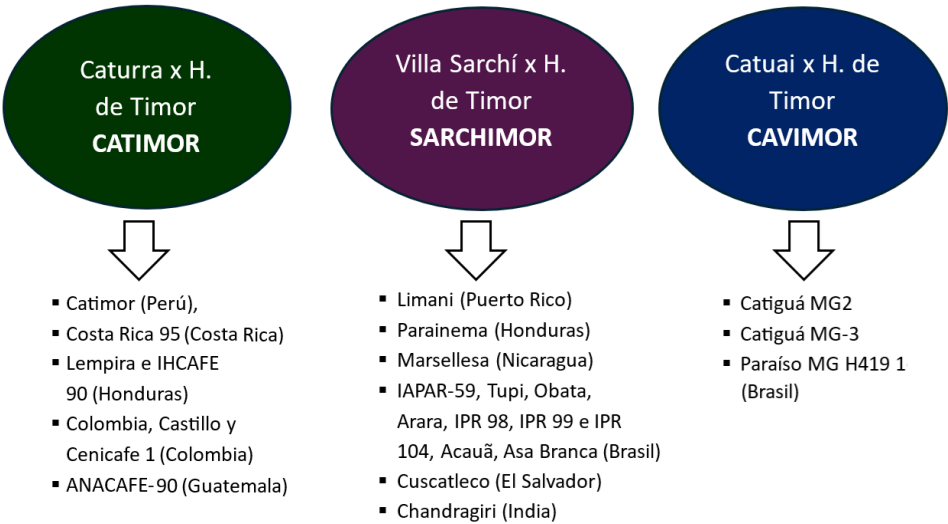


Figura 1. Variedades obtenidas a partir del híbrido de Timor.

También, en Colombia, el híbrido de Timor fue cruzado con la variedad Bourbon originándose la variedad Tabi (Cortina et al., 2013). El cruzamiento entre este híbrido y otras variedades recibió diferentes denominaciones. Por ejemplo, al cruce entre Caturra y el híbrido de Timor se le denominó Catimor y con Villa Sarchi se le denominó Sarchimor.

### 3. Genes de resistencia a la roya del café

La roya del cafeto, causada por el hongo *Hemileia vastatrix*, representa una de las principales amenazas fitosanitarias para el cultivo de café a nivel mundial. Esta enfermedad puede generar pérdidas por encima del 35% de la producción debido a la caída prematura de hojas y la afectación del desarrollo de brotes florales (Mariz et al., 2025; Virginio et al., 2021; Talhinhos et al., 2017; Virginio & Astorga, 2015). Frente a esta problemática, el desarrollo de cultivares resistentes mediante el mejoramiento genético ha sido una estrategia clave. Actualmente, se han identificado nueve genes de resistencia a la roya del café (SH1-SH9) (Figura 2).

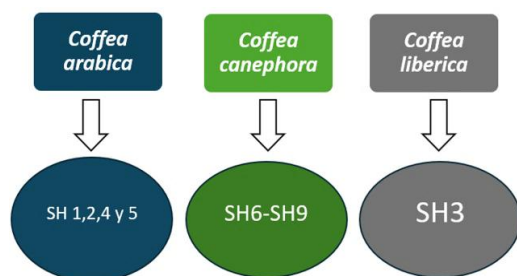


Figura 2. Genes de resistencia a la roya del café según especie.

Los genes SH1, SH2, SH4 y SH5 provienen de *Coffea arabica*, los genes SH6, SH7, SH8, SH9 de la especie *C. canephora*, y el gen SH3 proviene de la especie *C. liberica* (Guerra et al., 2023; Caixeta et al., 2022). Estos genes actúan bajo el modelo de interacción gen-a-gen (teoría de Flor), donde un gen de resistencia en la planta reconoce un gen de avirulencia del patógeno, desencadenando respuestas defensivas. La resistencia puede manifestarse en etapas pre-haustoriales (antes de que el hongo penetre la célula) o post-haustoriales (tras la penetración), implicando mecanismos como la respuesta hipersensible y la producción de proteínas de defensa (Talhinhos et al., 2017). Algunos programas de mejoramiento han integrado otros genes no caracterizados aún, pero que podrían conferir resistencia adicional a distintas razas del hongo (Mariz et al., 2025). Las poblaciones derivadas del Híbrido de Timor, como el Catimor y otras como el Sarchimor, han servido como base para el desarrollo de varie-

dades resistentes en América Latina, Asia y África. No obstante, el surgimiento de nuevas razas virulentas ha reducido la efectividad de algunas de estas variedades, por lo que se continúa explorando nuevas fuentes de resistencia, especialmente en *C. canephora* mediante herramientas de selección asistida por marcadores (Guerra et al., 2023; Talhinhos et al., 2017).

### El híbrido de Timor

Una de las fuentes más importantes de resistencia a la roya es el híbrido de Timor (HdT), un cruzamiento natural entre *Coffea arabica* y *C. canephora*, detectado por primera vez en 1917 en la Isla de Timor. El HdT posee genes de resistencia como SH5 (de *C. arabica*) y SH6, SH7, SH8 y SH9 (de *C. canephora*), lo cual lo convierte en una base genética valiosa para el mejoramiento (Guerra et al., 2023; Caixeta et al., 2022; Silva et al., 2018). Estudios realizados con 152 accesiones del HdT en la Universidade Federal de Viçosa (Brasil) revelaron que todas las accesiones fueron resistentes a la raza II de *H. vastatrix*, y el 92,8% también lo fueron frente a la raza XXXIII, una de las más virulentas. Además, se identificaron perfiles genéticos únicos mediante marcadores SSR (microsatélites), demostrando una alta diversidad genética útil para programas de mejoramiento (Silva et al., 2018).

### El gen SH3

En los últimos años, diferentes programas de mejoramiento han iniciado investigaciones para desarrollar variedades que posean el gen SH3 proveniente de *C. liberica* debido a la pérdida de resistencia de algunas variedades provenientes del híbrido de Timor (Angelo et al., 2023; Silva et al., 2023; Silva et al., 2022; Valencia et al., 2017). Este gen ha cobrado gran relevancia en los programas de mejoramiento genético de café por su capacidad de conferir una resistencia duradera contra la roya. El gen SH3 se destaca por su resistencia estable a múltiples razas del hongo, especialmente frente a aquellas que han superado otros genes como SH6 a SH9. Esta resistencia está mediada por proteínas del tipo CC-NBS-LRR, que reconocen efectores del patógeno en el citoplasma y activan respuestas de defensa como la muerte celular programada (Angelo et al., 2023). En Colombia, Cenicafe logró introgresar el gen SH3 en líneas avanzadas de la variedad Castillo®, con el uso de marcadores moleculares como el BA-124-12K-f, lo que permitió detectar plantas resistentes en etapas tempranas sin necesidad de evaluación en campo (Valencia et al., 2017). Estudios recientes en Brasil validaron marcadores como SP-M16-SH3 y BA-124-12K-f, los cuales demostraron ser eficaces

para identificar la presencia del gen SH3 en genotipos derivados de *C. liberica*. Su uso en selección asistida permite reducir tiempo y costos en los programas de mejoramiento de café arábica (Silva et al., 2023). SH3 funciona según el modelo gen por gen de Flor, donde la interacción entre el gen de resistencia en la planta y el gen de avirulencia del hongo desencadena una respuesta inmune. En muchos casos, SH3 actúa junto con otros genes (como SH1 o SH2) para fortalecer la resistencia y prolongar su durabilidad (Silva et al., 2022).

#### 4. Métodos de mejoramiento genético

##### M. Genealógico o Pedigree

El método Pedigree es un método muy utilizado en diferentes cultivos a nivel mundial (Biswas et al., 2024; Mawasid et al., 2024; Li et al., 2022) (Figura 3).

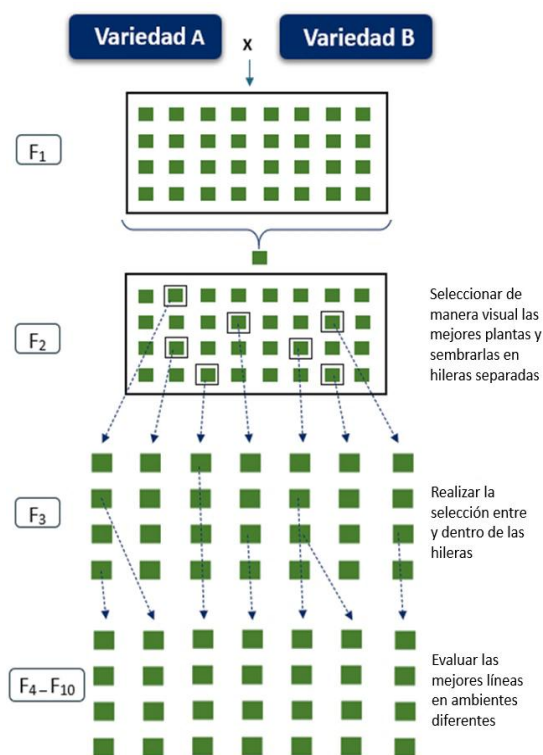


Figura 3. Esquema del Método Genealógico.

Este método consiste en realizar cruzamientos entre especies o variedades de la misma especie y luego en las siguientes generaciones seleccionar individualmente plantas de acuerdo con las características de interés. Una selección puede realizarse en la F1 en caso se presente variabilidad, pero más comúnmente se realiza en la F2. En la F2 y F3 se seleccionan plantas con las características deseadas, por ejemplo, plantas de porte bajo, buena productividad, calidad y resistencia a roya (Siqueira de Carvalho et al., 2022; Caixeta et al., 2015; Cortina

et al., 2013). Luego, a partir de la F4 a F10, las mejores líneas son evaluadas en diferentes ambientes (Ensayos regionales). Finalmente, las líneas con mejor comportamiento servirán para la conformación de las variedades las cuales pueden ser monolineales o compuestas y adaptadas a uno o más ambientes (Cortina et al., 2013). A partir de F6 a F10, dependiendo del objetivo del programa de mejoramiento ya se puede producir semilla para entregar a los productores. En Colombia, se han desarrollado variedades compuestas, es decir las variedades están formadas por diferentes líneas lo que le otorga una resistencia más duradera a la roya del café (Flórez et al., 2016; Cortina et al., 2013). La ventaja de este método es que se pueden evaluar diferentes líneas al mismo tiempo y la desventaja es que se requiere un alto costo de mantenimiento y el tiempo para el desarrollo de nuevas variedades es de 20 a 25 años para el caso del café.

##### Retrocruzamiento

Esta estrategia se utiliza cuando se desea transferir uno o más genes (QTL) de genotipos no adaptados, de especies silvestres o variedades tradicionales hacia una variedad muy productiva o genotipos élite (Bellundagi et al., 2022; Zhang et al., 2021; Tourrette et al., 2021; Migicovsky & Myles, 2017; Caixeta et al., 2015). Además, este método puede ser utilizado cuando se tiene un cultivar muy sembrado en una región pero que es susceptible a una enfermedad que puede poner en riesgo las plantaciones. En ese caso, el genotipo resistente al patógeno se denomina padre donador y el genotipo élite el padre recurrente (Tourrette et al., 2021; Caixeta et al., 2015) (Figura 4).

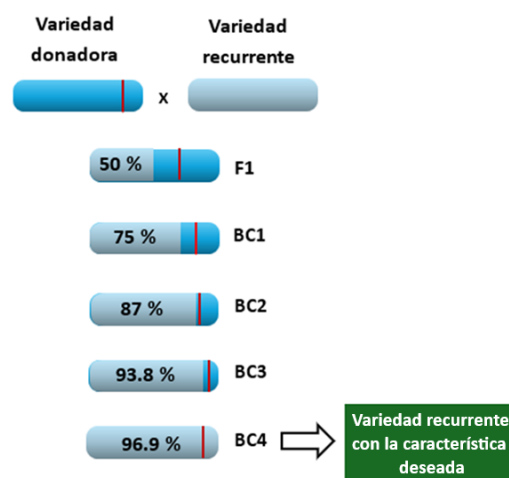


Figura 4. Esquema del método de Retrocruzamiento. La barra roja representa el gen de resistencia que se desea transferir.

El proceso de Retrocruzamiento se inicia con el cruzamiento entre el padre donador y el padre recu-

rente para obtener un híbrido F1. Luego las plantas que posean resistencia serán cruzados (retrocruza) con el padre recurrente durante varios ciclos. Finalmente, se evaluarán y seleccionarán las plantas con las características tanto del padre recurrente como del donador.

Producción de híbridos F1

Los Híbridos F1 son la primera generación de semillas o plantas que provienen del cruzamiento entre dos genotipos, variedades o líneas genéticamente distintas (Zhai et al., 2024; Herridge et al., 2019; Khan, 2017). Los híbridos F1 tienen vigor híbrido, que es una manifestación de heterocigosidad y puede considerarse como lo contrario del deterioro que acompaña a la endogamia (Zhai et al., 2024; Khan, 2017). El fenómeno de los híbridos F1 todavía no se comprende completamente desde el punto de vista genético; sin embargo, ha permitido a los fitomejoradores mejorar varias características agronómicas (Khan, 2017). El objetivo de la producción de híbridos F1 es obtener variedades con buenas características agronómicas, pero en un menor periodo de tiempo. Para la producción de híbridos F1, primero se realiza el cruzamiento entre las dos variedades o líneas puras. Luego, las semillas obtenidas en la primera generación F1 se siembran y se evalúan sus características de productividad, calidad, adaptabilidad, resistencia a plagas y enfermedades entre otras (McCook & Montero, 2024; Pembleton et al., 2015). El tiempo de evaluación puede ser de 4 a 10 años (McCook & Montero, 2024; Virginio & Astorga, 2021). Finalmente, se seleccionarán las mejores plantas las cuales darán origen a las nuevas variedades. Los F1 se propagan vía asexual y la propagación en el caso del café, puede ser por

medio del enraizamiento de brotes o mediante la técnica de embriogénesis somática (Etienne et al., 2024; Virginio & Astorga, 2021; Matamoros et al., 2020). En la Figura 5 se muestra un esquema sobre el proceso para el desarrollo de híbridos F1.

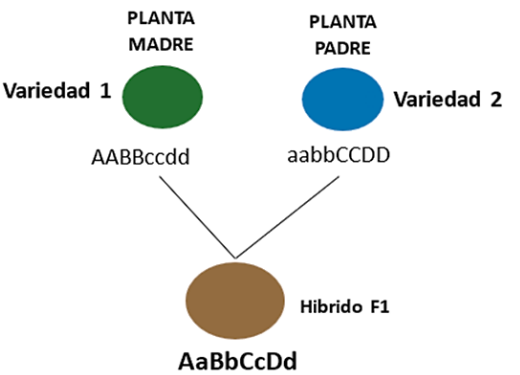


Figura 5. Esquema para la producción de híbridos F1 en café.

Selección asistida por marcadores moleculares (SAM)

Los marcadores moleculares son secuencias de ADN que están relacionados con un gen dentro del genoma. Permiten detectar las variaciones en las secuencias del ADN entre individuos de una misma especie o de especies distintas. Tienen la capacidad de “marcar” o identificar un gen de interés porque son estables y no se ven afectados por el medio ambiente y por efectos pleiotrópicos y epistáticos (López et al., 2024; De Mori & Cipriani, 2023; Amiteye, 2021; Hasan et al., 2021; Adhikari et al., 2017). Para aplicar estrategias moleculares, se utilizan mapas de ligamiento genético para identificar marcadores asociados con características de interés agronómico (Tabla 2).

Tabla 2  
Marcadores moleculares utilizados en el cultivo de café

| Objetivo                                                                                                           | País       | Referencia                                      |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------|-------------------------------------------------|
| Caracterización molecular de variedades                                                                            | Colombia   | Gutiérrez et al. (2024)                         |
|                                                                                                                    | Brasil     | Sousa et al. (2017)                             |
|                                                                                                                    | India      | Mishra et al. (2022)                            |
|                                                                                                                    | Etiopia    | Benti et al. (2021)                             |
|                                                                                                                    | Costa Rica | Zhang et al. (2021) y Astorga (1999)            |
|                                                                                                                    | Indonesia  | Yunita et al. (2020)                            |
| Identificación de genotipos portadores del gen SH3                                                                 | Brasil     | Silva et al. (2023) y Alkimim et al. (2017)     |
|                                                                                                                    | Colombia   | Valencia et al. (2017) y González et al. (2009) |
|                                                                                                                    | India      | Prakash et al. (2011)                           |
|                                                                                                                    | Francia    | Mahé et al. (2008)                              |
|                                                                                                                    | Filipinas  | Santos et al. (2023)                            |
| Identificación de genotipos con genes de resistencia a la roya SH <sub>7</sub> , SH <sub>8</sub> y SH <sub>9</sub> | Brasil     | Diola et al., 2011 y Brito et al., 2010         |
| Posibles genes nuevos (SH10 y SH11) que confieren resistencia a otras razas de roya                                | Brasil     | De Almeida et al. (2021) y Barka et al. (2020)  |
| Identificación de genes Ck-1 Ck-2 y Ck-3 para resistencia a Antracnosis ( <i>Colletotrichum kahawae</i> )          | Brasil     | Silva et al. (2018)                             |
|                                                                                                                    | Kenia      | Gimase et al. (2020) y Gichuru et al. (2008)    |
| Gen Mex-1 para resistencia a <i>Meloidogyne</i>                                                                    | Costa Rica | Noir et al. (2003)                              |
| Pirimidización de genes                                                                                            | Brasil     | Saavedra et al. (2023)                          |

Los marcadores permiten una selección eficiente y rápida de genotipos de interés. Para que sea efectivo, el marcador debe estar físicamente cerca del gen de interés; ser altamente polimórfico, lo que permite la discriminación de diferentes genotipos (Gokavi et al., 2023; Caixeta et al., 2022). Algunas de las ventajas del SAM son: aceleración de la selección de genotipos de interés para el desarrollo de un nuevo cultivar, la selección molecular puede realizarse en cualquier etapa del desarrollo de un cultivo, se puede obtener una mejor comprensión de los estudios de herencia, identificación de QTL para rendimiento o calidad, combinación de dos o más genes de interés en un solo genotipo (pirimidización genética), reducción de costos ya que el proceso de selección en cada generación es realizado con un número mínimo de plantas en el campo; selección indirecta de características fenotípicas y selección encaminadas a la mejora preventiva, como, por ejemplo, en ausencia del patógeno o raza específica responsable de la aparición de una determinada enfermedad (Da Silva et al., 2024; Song et al., 2023; Caixeta et al., 2022). Por tal razón, los marcadores moleculares son una herramienta complementaria muy importante para seleccionar genotipos de manera rápida, acortando así el tiempo para el desarrollo de nuevos cultivares. En el cultivo de café ya se han identificado marcadores para el estudio de su diversidad y para la selección de genotipos con genes de resistencia a enfermedades (Tabla 2).

#### Pirimidización de genes

La pirimidización de genes consiste en combinar en un solo genotipo diferentes genes de resistencia a plagas y enfermedades (Feitosa et al., 2024; Subburaj, et al., 2024; Saavedra et al., 2023; De Almeida et al., 2021; Liu et al., 2020). La combinación de diferentes genes de resistencia evita la aparición de nuevas razas, porque el patógeno tendría que realizar muchos cambios para evadir los mecanismos de resistencia del hospedero. La introgresión de varios genes de resistencia en una sola variedad usando los métodos tradicionales de mejoramiento, puede ser una estrategia difícil, debido a que se puede presentar epistasis, es decir los genes presentes pueden enmascarar los genes introgresados, impidiendo que se realice una selección eficaz. Además, esta estrategia requiere de largos y costosos ensayos de campo a fin de seleccionar el fenotipo de resistencia buscado. Por tanto, es necesario utilizar técnicas que hagan más rápida y efectiva la selección. Una alternativa es en el uso de la selección asistida por marcadores (SAM), la cual permite seleccionar de manera anticipada y precisa genotipos

con el gen de interés, acelerando el desarrollo de variedades (Saavedra et al., 2023). La pirimidización de genes es considerada una medida efectiva para obtener resistencia durable a las enfermedades que afectan a los cultivos (Akter et al., 2024; Feitosa et al., 2024; Thorat et al., 2024; Liu et al., 2020) y también resistencia a plagas (Attamah, et al. 2024; De Almeida et al., 2021). En la Figura 6 se muestra un esquema de la pirimidización de genes.

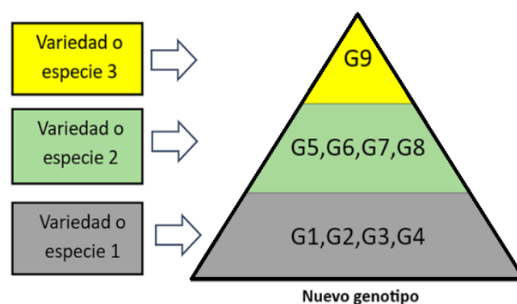


Figura 6. Esquema de la pirimidización de genes.

#### 5. Desafíos actuales, futuros y propuesta de un programa de mejoramiento

El café es un cultivo muy importante a nivel nacional debido a que es el sustento de muchas familias. Los efectos del cambio climático están incrementando la incidencia de plagas y enfermedades en los cultivos por lo que es necesario adoptar medidas de manera urgente para mitigar sus efectos. El desarrollo de variedades resistentes es una estrategia que permite que la producción sea sostenible al reducir el uso de agroquímicos. Los productores de café ya han sufrido una epidemia de roya anteriormente, lo cual ha ocasionado grandes pérdidas económicas, por tal razón, es necesario utilizar nuevas fuentes de genes presentes en los recursos genéticos y las actuales técnicas biotecnológicas para el desarrollo en menor tiempo de variedades con resistencia durable a la roya. Teniendo en cuenta que es de suma importancia el desarrollo de variedades de café con otros genes de resistencia, se propone como estrategia de mejoramiento la pirimidización de genes mediante la selección genealógica y el uso de marcadores moleculares. La pirimidización de genes es considerada una medida efectiva para obtener resistencia durable a enfermedades en los cultivos (Liu et al., 2020; Ramalingam et. al, 2020). El gen a introgresar sería el SH3 proveniente de *C. liberica*, material que se cruzaría con la variedad catimor la cual posee los genes de resistencia SH6, SH7, SH8 y SH9. Catimor es una de las variedades más cultivadas a nivel nacional, es de gran productividad y adaptabilidad, sin embargo, en diferentes regiones y países se ha reportado pérdida

de resistencia a la roya (Saavedra et al., 2023; Silva et al., 2023). Para la identificación del gen SH3 se utilizarán los marcadores moleculares validados por Silva et al. (2023) y Valencia et al. (2017). En la Figura 7 se muestra un esquema con la estrategia de mejoramiento propuesta.

#### Poblaciones F1

Poblaciones F1 se desarrollarán utilizando como progenitores femeninos plantas del cultivar Catimor con presencia de roya en campo. Los progenitores masculinos serán ejemplares de *C. liberica* y al menos es necesario obtener 10 plantas de cada cruzamiento haciendo un total de 80 plantas F1.

#### Poblaciones F2

Cuando las plantas F1 alcancen la madurez reproductiva se cosecharán 20 semillas de cada planta

para obtener 1600 plantas F2. Estas plantas se mantendrán en vivero hasta los tres meses y luego se recolectarán una hoja de cada planta para el análisis molecular. Para la identificación de plantas con el gen SH3, se emplearían los marcadores utilizados por Silva et al. (2023) y Valencia et al. (2017).

#### Poblaciones F3 a F6

Una vez seleccionadas las plantas F2 con la presencia del gen, estas serán llevadas a campo y se evaluará su incidencia de roya y otras características agronómicas de importancia hasta la generación F6. Se seleccionarán plantas con baja altura de planta, resistencia a roya, buena adaptabilidad, productividad y calidad. Las plantas con las mejores características conformarán la nueva variedad.

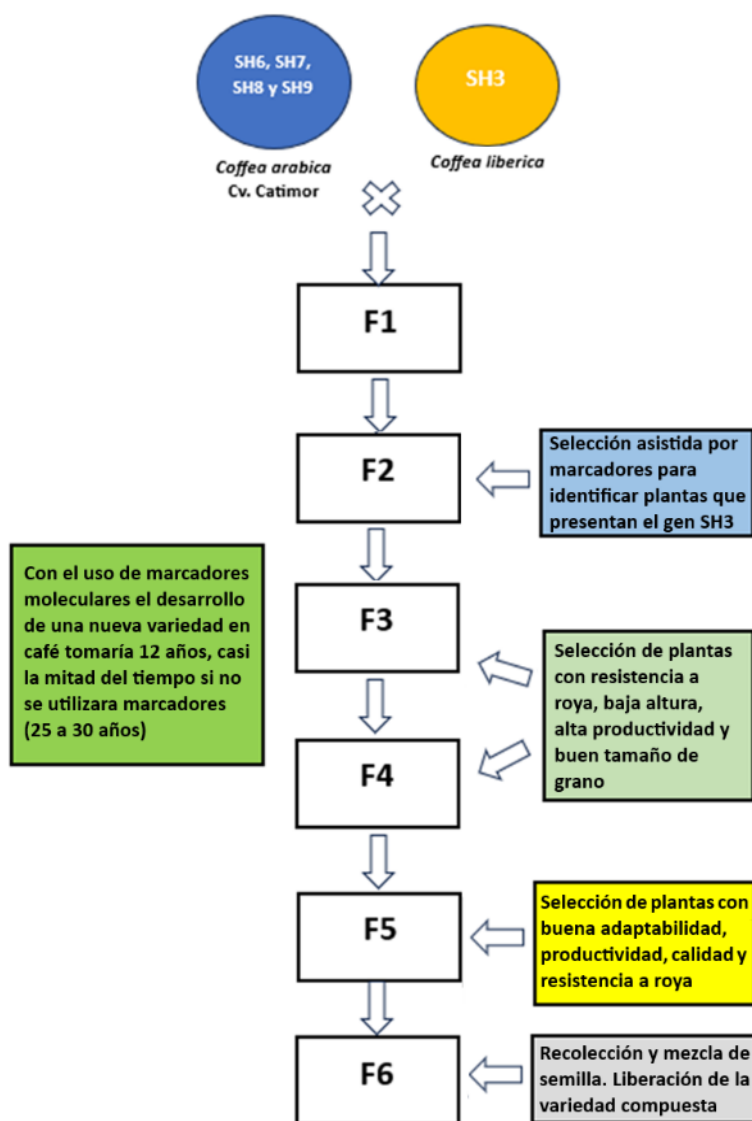


Figura 7. Esquema propuesto de un programa de mejoramiento.

## 6. Conclusiones

*Coffea arabica* L. es la especie de café más cultivada en el mundo, es de buena productividad y calidad, sin embargo, es muy susceptible a plagas y enfermedades como la roya del café (*Hemileia vastatrix* Berk. & Br). La roya es la principal enfermedad que afecta el cultivo del café y la que genera mayor daño económico. Por tal razón, se han creado Programas de mejoramiento genético en diferentes países con la finalidad de desarrollar cultivares altamente productivos, con amplia adaptabilidad y resistencia a la roya empleando híbridos interespecíficos como el híbrido de Timor. Este híbrido es un cruce natural entre *C. arabica* y *C. canephora* encontrado en la Isla de Timor el cual fue posteriormente entregado a diferentes programas a nivel mundial para el desarrollo de cultivares resistentes. Los genes que confieren a resistencia a roya son 9: SH1, SH2, SH3, SH4, SH5, SH6, SH7, SH8 y SH9. Los genes SH1, SH2, SH4 y SH5 provienen de *Coffea arabica*, los genes SH6, SH7, SH8, SH9 de la especie *C. canephora*, y el gen SH3 proviene de la especie *C. liberica*. Los genes de resistencia presentes en *C. arabica* usados solos o en combinación, no brindan resistencia duradera contra la enfermedad. Sin embargo, cuando estos genes son usados en combinación con los de otras especies como *C. canephora* y *C. liberica*, se puede obtener una resistencia más durable.

Los cultivares comerciales poseen los genes de resistencia de *Coffea arabica* y *C. canephora*, pero no presentan el gen SH3 de *C. liberica*. Por tal razón, diferentes programas de mejoramiento genético han identificado marcadores moleculares para introgresar el gen SH3. La pirimidización de genes es la estrategia más adecuada para incorporar nuevos genes de resistencia a roya en las variedades actuales de café y conferir una resistencia durable.

## Contribución de los autores

**A. M. Cardoza Sanchez:** Investigación, Writing – original draft, Visualization. **J. V. Quesquén Condori:** Investigación, Writing – review & editing, Supervision. **L. P. Blas Montenegro:** Investigación, Supervision, Writing – review & editing. **R. Facundo Meza:** Investigación, Supervision, Writing – review & editing. **J. Velásquez Guerrero:** Investigación, Supervision, Writing – review & editing. **J. Sarmiento Ocmín:** Investigación, Supervision, Writing – review & editing.

## Conflictos de interés

Los autores declaran no tener conflictos de interés.

## ORCID

A. M. Cardoza Sánchez  <https://orcid.org/0000-0002-0259-133X>  
 J. V. Quesquén Condori  <https://orcid.org/0000-0003-4734-5666>  
 L. P. Blas Montenegro  <https://orcid.org/0000-0002-9405-2877>  
 R. Facundo Meza  <https://orcid.org/0009-0001-2424-2333>  
 J. Velásquez Guerrero  <https://orcid.org/0009-0008-2893-4098>  
 J. Sarmiento Ocmín  <https://orcid.org/0009-0005-0228-518X>

## References

- Adhikari, S., Saha, S., Biswas, A., Rana, T., Bandyopadhyay, T., & Ghosh, P. (2017). Application of molecular markers in plant genome analysis: a review. *The Nucleus*, 60(3), 283-297. <https://doi.org/10.1007/s13237-017-0214-7>
- Akter, A., Hassan, L., Nihad, S., Hasan, M., Robin, A., Khatun, M., Tabassum, A., & Latif, M. (2024). Pyramiding of bacterial blight resistance genes into promising restorer BRRI31R line through marker-assisted backcross breeding and evaluation of agro-morphological and physiochemical characteristics of developed resistant restorer lines. *PLoS One*, 19(6), e0301342. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0301342>
- Alkimim, E., Caixeta, E., Sousa, T., Pereira, A., Oliveira, A., Zambolim, L., & Sakiyama, N. (2017). Marker-assisted selection provides arabica coffee with genes from other Coffea species targeting on multiple resistance to rust and coffee berry disease. *Molecular Breeding*, 37, 6. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0609-1>
- Amiteye, S. (2021) Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *Heliyon*, 7(10), e08093. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e08093>
- Angelo, P., Sera, G., Shigueoka, L., & Caixeta, E. (2023). Rust resistance SH3 loci in Coffea spp. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 123, 102111. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2023.102111>
- Asociación Nacional del Café (2019). Guía de variedades de café. Guatemala. 48 pp.
- Astorga, C. (1999). Caracterización de variedades cultivadas de café (*Coffea arabica* L.) conservadas en el banco de germoplasma del CATIE. Tesis Maestría - CATIE. Turrialba, Costa Rica.
- Attamah, P., Kusi, F., Kena, A., Awuku, F., Lamini, S., Mensah, G., Zackaria, M., Owusu, E. & Akromah, R. (2024). Pyramiding aphid resistance genes into the elite cowpea variety, Zaayura, using marker-assisted backcrossing. *Heliyon*, 10(11), e31976. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e31976>
- Barka, G., Caixeta, E., Ferreira, S., & Zambolim, L. (2020). In silico guided structural and functional analysis of genes with potential involvement in resistance to coffee leaf rust: a functional marker-based approach. *PLoS ONE*, 15, e0222747. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0222747>
- Bellundagi, A., Ramya, K., Krishna, H., Neelu, J., Shashikumara, P., Singh, K., Singh, G., & Prabhu, K. (2022). Marker-assisted backcross breeding for heat tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Frontiers in Genetics*, 13, e1056783. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.1056783>
- Biswas, P., Santelices, R., Mendoza, R., Lopena, V., Arbelaez, J., Manigbas, N., Cobb, J., Collard, B., & Islam, M. (2024). Assessment of efficiency of breeding methods in accelerating genetic gain in rice. *Agronomy*, 14(3), 566. <https://doi.org/10.3390/agronomy14030566>
- Benti, T., Gebre, E., Tesfaye, K., Berecha, G., Lashermes, P., Kyalo, M., & Kouadio, N. (2020). Genetic diversity among commercial arabica coffee (*Coffea arabica* L.) varieties in Ethiopia using simple sequence repeat markers. *Journal of Crop Improvement*, 35(2), 147-168. <https://doi.org/10.1080/15427528.2020.1803169>
- Bramel, P., Krishnan, S., Horna, D., Lainoff, B., & Montagnon, C. (2017). Global Conservation Strategy for Coffee Genetic Resources. CROP TRUST and World Coffee Research.
- Brito, G., Caixeta, E., Gallina, A., Zambolim, E., Zambolim, L., Diola, V., & Loureiro, M. (2010). Inheritance of coffee leaf rust resistance and identification of AFLP markers linked to the resistance gene. *Euphytica*, 173, 255-264. <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0119-x>
- Caixeta, E. T., de Resende, M. D. V., Alkimim, E. R., Sousa, T. V., de Oliveira, A. C. B., Pereira, A. A., & Alves, R. S. (2022). Aceleração do melhoramento do cafeeiro via seleção genômica: agilidade e eficácia no lançamento de novas cultivares (Documentos, n.º 17). Embrapa Café.

- Caixeta, E., Pestana, K., & Pestana, R. (2015). Melhoramento do cafeeiro: ênfase na aplicação dos marcadores moleculares. En G. García, E. F. dos Reis, J. S. Lima, A. C. Xavier & W. N. Rodrigues (Orgs.), *Tópicos Especiais em Produção Vegetal* (Vol. 1, pp. 154–179). Alegre: CCAUFES.
- Cortina, H., Acuña, J. R., Moncada, M., Herrera, J., & Molina, D. (2013). Variedades de café: Desarrollo de variedades. En Federación Nacional de Cafeteros de Colombia (Ed.), *Manual del cafetero colombiano: Investigación y tecnología para la sostenibilidad de la caficultura* (Vol. 1, pp. 169–202). Cenicafe. [https://doi.org/10.38141/cenbook-0026\\_09](https://doi.org/10.38141/cenbook-0026_09)
- Davis, A., & Rakotonasolo, F. (2021). Six new species of coffee (*Coffea*) from northern Madagascar. *Kew Bulletin*, 76, 497–511. <https://doi.org/10.1007/s12225-021-09952-5>
- Da Silva, R., Caixeta, E., Silva, L., Sousa, T., Barreiros, P., Oliveira, A., Pereira, A., Barreto, C., & Nascimento, M. (2024). Identification of SNP markers and candidate genes associated with major agronomic traits in *Coffea arabica*. *Plants*, 13(13), 1876. <https://doi.org/10.3390/plants13131876>
- De Almeida, D., Caixeta, E., Moreira, K., de Oliveira, A., de Freitas, K., Pereira, A., Rosado, R., Zambolim, L., & Cruz, C. (2021). Marker-assisted pyramiding of multiple disease resistance genes in coffee genotypes (*Coffea arabica*). *Agronomy*, 11(9), 1763. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091763>
- De Almeida, D., Castro, I., Mendes, T., Alves, D., Barka, G., Barreiros, P., Zambolim, L., Sakiyama, N., & Caixeta, E. (2021). Receptor-Like Kinase (RLK) as a candidate gene conferring resistance to *Hemileia vastatrix* in coffee. *Scientia Agricola*, 78(6), e20200023. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2020-0023>
- De Mori, G., & Cipriani, G. (2023). Marker-assisted selection in breeding for fruit trait improvement: A Review. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(10), 8984. <https://doi.org/10.3390/ijms24108984>
- Diola, V., Brito, G., Caixeta, E., Zambolim, E., Sakiyama, N., & Loureiro, M. (2011). High-density genetic mapping for coffee leaf rust resistance. *Tree Genetics & Genomes*, 7(6), 1199–1208. <https://doi.org/10.1007/s11295-011-0406-2>
- Etienne, H., Breiter, J.-C., Brossier, J.-R., Awada, R., Laflaquière, L., Amara, I., & Georget, F. (2024). Coffee somatic embryogenesis: Advances, limitations, and outlook for clonal mass propagation and genetic transformation. En F. M. Da Matta & J. C. Ramalho (Eds.), *Advances in Botanical Research* (Vol. 114, pp. 349–388). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/bs.abr.2024.04.008>
- Feitosa, F. M., dos Santos, I. G., Pereira, A. A., de Oliveira, A. C. B., & Caixeta, E. (2024). Gene pyramiding for achieving enhanced disease and insect multiple resistances in *Coffea arabica*. *Crop Science*, 64(5), 2736–2747. <https://doi.org/10.1002/csc2.21303>
- Flórez, C., Maldonado, C., Cortina, H., Moncada, M., Montoya, E., Ibarra, L., Unigarro, C., Rendón, J., & Duque, H. (2016). Cenicafe 1: Nueva variedad de porte bajo altamente productiva resistente a la roya y al CBD con mayor calidad física del grano. *Avances Técnicos Cenicafe*, 469, 1–8. <https://doi.org/10.38141/10779/0469>
- Gichuru, E., Agwanda, C., Combes, M., Mutitu, E., Ngugi, E., Bertrand, B., & Lashermes, P. (2008). Identification of molecular markers linked to a gene conferring resistance to coffee berry disease (*Colletotrichum kahawae*) in *Coffea arabica*. *Plant Pathology*, 57(6), 1117–1124. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01846.x>
- Gimase, J., Thagana, W., Omondi, C., Cheserek, J., Gichimu, B., Gichuru, E., Ziyomo, C., & Sneller, C. (2020). Genome-wide association study identifies the genetic loci conferring resistance to coffee berry disease (*Colletotrichum kahawae*) in *Coffea arabica* var. Rume Sudan. *Euphytica*, 216, 86. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02621-x>
- Gokavi, N., Gangadharappa, P., Satish, D., Nishani, S., Hiremath, J., & Koulagi, S. (2023). Phenotypic and genotypic variability among exotic arabica coffee genotypes using morphological and molecular markers (SRAP). *Ecological Genetics and Genomics*, 29, 100214. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2023.100214>
- Góngora, C., Gil, Z., Constantino, L., & Benavides, P. (2023). Sustainable strategies for the control of pests in coffee crops. *Agronomy*, 13(12), 2940. <https://doi.org/10.3390/agronomy13122940>
- González, L., Cortina, H., & Herrera, J. (2009). Validación de marcadores moleculares ligados al gen SH3 de resistencia contra la roya en introducciones de la colección colombiana de café. *Cenicafe*, 60(4), 374–389.
- Guerra, L., Diniz, I., Gil, H., Loureiro, A., Pereira, A. P., Tavares, S., Batista, D., Várzea, V., & Lavado, M. (2023). Coffee leaf rust resistance: An overview. En I. L. Ingelbrecht, M. d. C. L. da Silva, & J. Jankowicz-Cieslak (Eds.), *Mutation breeding in coffee with special reference to leaf rust* (pp. 13–42). Springer. [https://doi.org/10.1007/978-3-662-67273-0\\_2](https://doi.org/10.1007/978-3-662-67273-0_2)
- Gutiérrez, D., Bonilla, M., Viáfara, R., & Cárdenas, H. (2024). Caracterización molecular de accesiones de *Coffea arabica* L. de Trujillo, Valle del Cauca, Colombia usando marcadores SSR. *Journal of Neotropical Biology*, 21(1), 50–60. <https://doi.org/10.5216/rbn.v21i1.78154>
- Hasan, N., Choudhary, S., Naaz, N., Sharma, N., & Laskar, R. A. (2021). Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 19(1), 128. <https://doi.org/10.1186/s43141-021-00231-1>
- Herridge, R., Macknight, R., & Brownfield, L. (2019). Prospects for F1 hybrid production in ryegrass. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 63(3), 405–415. <https://doi.org/10.1080/00288233.2018.1559867>
- Herrera, F., Rubí, M., & Rodrigo, C. (2023). *Café mexicano. Producción, mercado y política pública*. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA).
- Herrera, J. C., & Lambot, C. (2017). Chapter 1 – The coffee tree—Genetic diversity and origin. En D. W. Illy & L. Navarini (Eds.), *The craft and science of coffee* (pp. 1–16). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-803520-7.00001-3>
- Khan, N. (2017). F1 hybrid. Reference Module in Life Sciences. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.06413-X>
- Li, C., Wang, W., Pan, Y., Liu, F., He, J., Liu, C., Cao, J., Zhang, X., Zhao, J., & Gai, J. (2022). Germplasm sources, genetic richness, and population differentiation of modern Chinese soybean cultivars based on pedigree integrated with genomic-marker analysis. *Frontiers in Plant Science*, 13, 945839. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.945839>
- Liu, R., Lu, J., Zhou, M., et al. (2020). Developing stripe rust resistant wheat (*Triticum aestivum* L.) lines with gene pyramiding strategy and marker-assisted selection. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 67, 381–391. <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00868-5>
- López, L., Quiroga, J., Arango, N., Ramírez, C., & Flórez, C. (2024). Characterization in populations of *Coffea arabica* L. for resistance to CBD using molecular markers. *Coffee Science*, 19, e192230. <https://doi.org/10.25186/v19i.2230>
- McCook, S., & Montero-Mora, A. (2024). Coffee breeding in a time of crisis: F1 hybrids in Central America since 1990. *Plants, People, Planet*, 6(5), 1070–1079. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10480>
- Mahé, L., Combes, M., Várzea, V., Guilhaumon, C., & Lashermes, P. (2008). Development of sequence characterized DNA markers linked to leaf rust (*Hemileia vastatrix*) resistance in coffee (*Coffea arabica* L.). *Molecular Breeding*, 21(1), 105–113. <https://doi.org/10.1007/s11032-007-9112-z>
- Mariz, B. L., Caixeta, E. T., Resende, M., Oliveira, A., Almeida, D., & Alves, D. (2025). Exploring the Genetic Potential for Multi-Resistance to Rust and Other Coffee Phytopathogens in Breeding Programs. *Plants*, 14, 391. <https://doi.org/10.3390/plants14030391>
- Matamoros, A., Mesén, F., & Jiménez, L. (2020). Efecto de fitohormonas y fertilizantes sobre el enraizamiento y crecimiento de mini-estaquillas de híbridos F1 de café (*Coffea*

- arabica*). *Revista De Ciencias Ambientales*, 54(1), 58-75. <https://doi.org/10.15359/rca.54.1-4>
- Mawasid, F., Syukur, M., Trikoesoemaningtyas, T., & Wibisono, K. (2024). Yield and yield components of tomato (*Solanum lycopersicum*) selected through pedigree method in the lowlands, Bogor-Indonesia. *Agronomía Mesoamericana*, 35, 52476. <https://doi.org/10.15517/am.2024.52476>
- Medina, H., Carvalho, A., Sondahl, M., Fazuoli, L., & Costa, W. (1984). Coffee breeding and related evolutionary aspects. *Plant Breeding Reviews*, 2, 157-193.
- Mendoza, G., Guzmán, O., & Salinas, A. (2021). Manejo de la broca del café, *Hypothenemus hampei* (Ferrari, 1867) (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae), con atrayentes etanólicos en cultivos de café de Coatepec, Veracruz, México. *Revista Chilena de Entomología*, 47(2), 265-273. <https://dx.doi.org/10.35249/rche.47.2.2114>
- Migicovsky, Z., & Myles, S. (2017). Exploiting wild relatives for genomics-assisted breeding of perennial crops. *Frontiers in Plant Science*, 8, 460. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00460>
- Millet, C. P., Delahaie, B., Georget, F., Allinne, C., Solano-Sánchez, W., Zhang, D., Jeune, W., Toniutti, L., & Poncet, V. (2025). Guadeloupe and Haiti's coffee genetic resources reflect the crop's regional and global history. *Plants, People, Planet*, 7(1), 245-262. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10584>
- Mishra, M., Huded, A., Jingade, P., Muniswamy, & Bychappa, M. (2022). Molecular characterization and genetic structure analysis of *Coffea arabica* and *Coffea canephora* cultivars from India using SCoT markers. *Ecological Genetics and Genomics*, 23, 100117. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2022.100117>
- Moreira, A., Vélez, J., Intra, S., & Garcés, F. (2023). Enfermedades que afectan el cultivo de café: Elucidando el ciclo de vida de Roya, Mal de Hilachas y Cercosporiosis. *Scientia Agropecuaria*, 14(3), 395-412. <https://dx.doi.org/10.17268/sci.agropecu.2023.035>
- Noir, S., Anthony, F., Bertrand, B., Combes, M., & Lashermes, P. (2003). Identification of a major gene (Mex-1) from *Coffea canephora* conferring resistance to *Meloidogyne exigua* in *Coffea arabica*. *Plant Pathology*, 52(1), 97-103. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.2003.00795.x>
- Pembleton, L.W., Shinozuka, H., Wang, J., Spangenberg, G.C., Forster, J.W., & Cogan, N.O.I. (2015). Design of an F<sub>1</sub> hybrid breeding strategy for ryegrasses based on selection of self-incompatibility locus-specific alleles. *Frontiers in Plant Science*, 6, 764. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00764>
- Plataforma del Estado Peruano (2022). *Perú es el primer productor y exportador mundial de café orgánico junto con Etiopía*. <https://www.gob.pe/institucion/midagri/noticias/647409-peru-es-el-primer-productor-y-exportador-mundial-de-cafe-organico-junto-con-etiofia>
- Prakash, N., Muniswamy, B., Hanumantha, B., Sreenath, H., Sundaresha, K., Suresh, N., Santhosh, P., Soumya, P., Asha, B., & Bhat, S. (2011). Marker assisted selection and breeding for leaf rust resistance in coffee (*Coffea arabica* L.) some recent leads. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 71, 185-189.
- PROMECAFE - Programa Cooperativo Regional para el Desarrollo Tecnológico y Modernización de la Caficultura (2023). [https://promecafe.net/?page\\_id=20730](https://promecafe.net/?page_id=20730)
- Ramalingam, J., Raveendra, C., Savitha, P., Vidya, V., Chaitra, T., Velprabakaran, S., Saraswathi, R., Ramanathan, A., Arumugam, M., Arumugachamy, S., & Vanniarajan, C. (2020). Gene pyramiding for achieving enhanced resistance to bacterial blight, blast, and sheath blight diseases in rice. *Frontiers in Plant Science*, 11, 591457. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.591457>
- Saavedra, L., Caixeta, E., Barka, G., Borém, A., Zambolim, L., Nascimento, M., Cruz, C., Oliveira, A., & Pereira, A. (2023). Marker-assisted recurrent selection for pyramiding leaf rust and coffee berry disease resistance alleles in *Coffea arabica* L. *Genes*, 14(1), 189. <https://doi.org/10.3390/genes14010189>
- Salojärvi, J., Rambani, A., Yu, Z. et al. (2024). The genome and population genomics of allopolyploid *Coffea arabica* reveal the diversification history of modern coffee cultivars. *Nature Genetics*, 56, 721-731. <https://doi.org/10.1038/s41588-024-01695-w>
- Santos, N., Magat, M., Mondragón, M., Cao, E., & Santos D. (2023). Genetic profiling of locally registered Philippine coffee using molecular markers linked to resistance against diseases and pests. *Biodiversitas*, 24, 4136-4144. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d240752>
- Silva, A., Ariyoshi, C., Shigueoka, L., Pereira, L., & Sera, G. (2023). Assisted selection using molecular markers linked to rust resistance SH3 gene in *Coffea arabica*. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 23(4), e445323413. <https://doi.org/10.1590/1984-70332023v23n4a48>
- Silva, M., Guerra-Guimarães, L., Diniz, I., Loureiro, A., Azinheira, H., Pereira, A., Tavares, S., Batista, D., & Várzea, V. (2022). Una descripción general de los mecanismos implicados en las interacciones café- *Hemileia vastatrix*: perspectivas de plantas y patógenos. *Agronomía*, 12(2), 326. <https://doi.org/10.3390/agronomy12020326>
- Silva, R., Zambolim, L., Castro, I., Rodrigues, S., Cruz, & Caixeta E. (2018). The Híbrido de Timor germplasm: identification of molecular diversity and resistance sources to coffee berry disease and leaf rust. *Euphytica*, 214, 153. <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2231-2>
- Siqueira de Carvalho, C., Lucas, L., Hiroshi, G., Braz, J., Roque de Almeida, S., Santinato, F., & Lenzi, A. (2022). Catálogo de Cultivares de café arábica (Documentos 16). Embrapa Café.
- Song, L., Wang, R., Yang, X., Zhang, A., & Liu, D. (2023). Molecular Markers and Their Applications in Marker-Assisted Selection (MAS) in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agriculture*, 13(3), 642. <https://doi.org/10.3390/agriculture13030642>
- Sousa, T., Caixeta, E., y Alkimim, E., Baíão, A., Alves, A., Zambolim, L., & Sussumu, N. (2017). Molecular markers useful to discriminate *Coffea arabica* cultivars with high genetic similarity. *Euphytica*, 213, 75. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1865-9>
- Statista (2023). *Ranking de los 15 principales países productores de café a nivel mundial en 2022*. <https://es.statista.com/estadisticas/600243/ranking-de-los-principales-productores-de-cafe-a-nivel-mundial/>
- Subburaj, S., Thulasinathan, T., Sakthivel, V., Ayyenar, B., Kambale, R., Rajagopalan, V. R., Manickam, S., Rajasekaran, R., Chellappan, G., Thiagarajan, K., Swaminathan, M., & Muthurajan, R. (2024). Genetic Enhancement of Blast and Bacterial Leaf Blight Resistance in Rice Variety CO 51 through Marker-Assisted Selection. *Agriculture*, 14(5), 693. <https://doi.org/10.3390/agriculture14050693>
- Taiti, C., Vivaldo, G., Mancuso, S. et al. (2025). Volatile organic compounds (VOCs) fingerprinting combined with complex network analysis as a forecasting tool for tracing the origin and genetic lineage of Arabica specialty coffees. *Scientific Reports*, 15, 13709. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-97162-5>
- Talhinhas, P., Batista, D., Diniz, I., Vieira, A., Silva, D., Loureiro, A., Tavares, S., Pereira, A., Azinheira, H., Guerra, L., Várzea, V., & Silva, M. (2017). The coffee leaf rust pathogen *Hemileia vastatrix*: one and a half centuries around the tropics. *Molecular Plant Pathology*, 18(8), 1039-1051. <https://doi.org/10.1111/mp.12512>
- Thorat, S., Gangwar, R., & Sisodia, D. (2024). Gene pyramiding an advanced approach for disease management in rice: A review. *Innovations in Agriculture*, 7, 1-12. <https://doi.org/10.3897/ia.2024.125404>
- Tirnaz, S., Zandberg, J., Thomas, W., Marsh, J., Edwards, D., & Batley, J. (2022). Application of crop wild relatives in modern breeding: An overview of resources, experimental and computational methodologies. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1008904. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1008904>
- Tourrette, É., Falque, M., & Martin, O. C. (2021). Enhancing backcross programs through increased recombination. *Genetics Selection Evolution*, 53, 25. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00619-0>

- Valencia, A., Morales, A., Moncada, M., Cortina, H., & Herrera, J. C. (2017). Introgression of the SH3 gene resistant to rust (*Hemileia vastatrix*) in improved lines of CASTILLO variety (*Coffea arabica* L.). *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 9(8), 130–138. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2017.0664>
- Virginio, E., Medina, B., Zambolim, L., Avelino, J., Lizardo, C., Barquero, M., Chocoj, M. E., Grande, J., Bolaños, R., León, R., & Obin, D. (2021). Estado del arte sobre el conocimiento de razas, monitoreo y control de la roya del café en los países de PROMECAFE. Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE).
- Virginio, E., & Astorga, C. (2021). Estado del arte y manejo de los híbridos F1 (*Coffea arabica* L.) del Programa de Mejoramiento Genético de PROMECAFE (Serie Técnica, Boletín Técnico No. 112). Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE).
- Virginio, E., & Astorga, C. (2015). Prevención y control de la roya del café: Manual de buenas prácticas para técnicos y facilitadores (Serie Técnica, Manual Técnico No. 131). Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE).
- World Coffee Research (2024). *Catálogo de variedades de café*. <https://varieties.worldcoffeeresearch.org/arabica/varieties>
- Yunita, R., Oktavioni, M., Chaniago, I., Syukriani, L., Setiawan, M., & Jamsari, J. (2020). Analysis of genetic diversity of Arabica coffee (*Coffea arabica* L.) in Solok Regency by SRAP molecular markers. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 497(1), 012018. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/497/1/012018>
- Zambolim, L., Caixeta, E., Guerreiro, O., Sera, G., Sera, T., Pereira, A., de Oliveira, A., Verdin, A., de Carvalho, C., & Ramalho, A. (2024). Breeding programs against coffee leaf rust in Brazil: A review. *Journal of Agricultural Science*, 16(5), 61–85. <https://doi.org/10.5539/jas.v16n5p61>
- Zhai, M., Wang, Y., Capulong, C., Qu, H., Liu, Q., & Guo, D. (2024). A comparison of the physicochemical properties, digestibility, and expression patterns of starch-related genes of two supersweet corn hybrids (F1) and their parents. *International Journal of Biological Macromolecules*, 280(4), 135921. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.135921>
- Zhang, D., Vega, F., Solano, W., Su, F., Infante, F., & Meinhardt, W. (2021). Selecting a core set of nuclear SNP markers for molecular characterization of arabica coffee (*Coffea arabica* L.) genetic resources. *Conservation Genetics Resources*, 13(3), 329–335. <https://doi.org/10.1007/s12686-021-01201-y>
- Zhang, F., Shi, Y., Ali, J., Xu, J., & Li, Z. (2021). Breeding by selective introgression: Theory, practices, and lessons learned from rice. *The Crop Journal*, 9(3), 646–657. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2021.03.006>