RESPOSTA DIFERENCIAL DE GENÓTIPOS DE CAFÉ ARÁBICA A DIFERENTES AMBIENTES REVELADA POR MARCADORES SILICODART

Matheus Alves Silva[1], João Pedro Martins Rainha[1], Fabiano Tristão Alixandre[2], Adésio Ferreira[1], Marcia Flores da Silva Ferreira[1]

[1]Universidade Federal do Espírito Santo, Alto Universitário, s/n, Guararema - 29500-000 - Alegre- ES, Brasil, alvesmatheuss21@gmail.com, jpedrostorm@gmail.com, adesio.ferreira@ufes.br, marcia.ferreira@ufes.br

[2]Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), Av. José Matinozo, 246, Centro - Casa do Agricultor - 29630-000 - Brejetuba-ES, fabianotristao@incaper.es.gov.br

Resumo

A interação genótipo × ambiente (G×E) é um fator relevante no melhoramento do café arábica (*Coffea arabica* L.), e marcadores SilicoDArT permitem detalhar a variação de fragmentos moleculares entre diferentes ambientes. Neste estudo, esses marcadores foram utilizados para comparar perfis de fragmentos entre quatro genótipos de café arábica cultivados em três ambientes com produtividades contrastantes no Espírito Santo, ao longo de quatro fases fenológicas. A partir de dados binários contabilizou-se, para cada genótipo e fase, o número de *loci* exclusivos do ambiente de menor produtividade (Brejetuba) em relação aos demais (Afonso Cláudio e Conceição do Castelo). Considerando o somatório de ocorrências de fragmentos exclusivos de Brejetuba, Arara (5.832) e Japi (4.974) se destacaram, enquanto Catucaí (2.141) e Acauã Novo (2.283) apresentaram os menores valores. A maior ocorrência desses fragmentos em Arara, Japi e, em menor grau, em Acauã Novo sugere maior presença de sítios de restrição não metilados, indicando possível desmetilação diferencial.

Palavras-chave: Adaptabilidade. Marcadores moleculares. Produtividade. Variação ambiental.

Área do Conhecimento: Ciências Agrárias, Agronomia.

Introdução

A espécie *Coffea arabica* L. é cultivada em um amplo gradiente altitudinal no Espírito Santo, o que pode resultar em interação genótipo × ambiente (G×E) significativa e dificultar a recomendação de cultivares amplamente adaptadas (Alixandre, 2026). Estudos com café arábica têm demonstrado que a interação G×E é frequentemente significativa para produtividade e qualidade de bebida (Beksisa, 2021; Oliveira et al., 2025). A identificação de genótipos com comportamento mais estável em diferentes altitudes é importante para programas de melhoramento, pois cultivares que associam elevado potencial produtivo à estabilidade podem reduzir riscos relacionados às oscilações climáticas e de mercado (Filla et al., 2024; Alixandre, 2026).

Em estudo conduzido por Alixandre (2026), avaliando a interação G×E para produtividade em nove municípios do Espírito Santo, observou-se que Brejetuba se destacou como um ambiente restritivo, com baixa média produtiva. Além disso, a resposta dos genótipos às condições locais foi diferencial, com alguns materiais apresentando maior queda de produtividade do que outros. Esse diagnóstico indicou que as condições ambientais de Brejetuba limitam a expressão do potencial produtivo de forma desigual entre os genótipos, o que motivou a busca por possíveis evidências relacionadas a essa resposta diferencial.

A plataforma DArTseq™ utiliza enzimas de restrição na preparação de bibliotecas genômicas. Os marcadores SilicoDArT são marcadores dominantes extraídos *in silico* que indicam a presença ou ausência de fragmentos de restrição específicos. Embora SNPs e *indels* sejam as causas mais frequentes desses marcadores, variações epigenéticas decorrentes do uso de enzimas sensíveis à metilação também compõem sua origem molecular (Sansaloni et al., 2020). Nesse contexto, a presença ou ausência de fragmentos pode refletir, entre outros fatores, polimorfismos na metilação da citosina

nos sítios de restrição, uma vez que enzimas sensíveis à metilação modulam a clivagem do DNA, permitindo inferir sobre a variação epigenética (Sansaloni et al., 2020).

Neste estudo objetivou-se utilizar os marcadores SilicoDArT para comparar os perfis de fragmentos entre genótipos cultivados em Brejetuba e nos demais ambientes (Afonso Cláudio e Conceição do Castelo), buscando possíveis relações com a queda de produtividade observada.

Metodologia

Foram avaliados quatro genótipos de *Coffea arabica* L.: Acauã Novo, Arara, Catucaí 785 e Japi. Os experimentos foram instalados em 2019 em três municípios do Espírito Santo: Brejetuba (1050 m), Afonso Cláudio (990 m) e Conceição do Castelo (780 m), em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições e três plantas por parcela. O manejo seguiu as recomendações técnicas (Prezotti et al., 2007).

Folhas jovens foram coletadas em quatro épocas durante a safra 2023/2024, abrangendo as fases de pós-colheita, florada, chumbinho/expansão e granação/maturação. O DNA genômico foi extraído pelo método CTAB (Doyle; Doyle, 1990) e enviado para genotipagem pela plataforma DArTseq™ (Sansaloni et al., 2011) no *Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo* (CIMMYT), no México. A plataforma utiliza enzimas de restrição na preparação da biblioteca; neste estudo, foram utilizadas as enzimas *Pst*I e *Hpa*II, sensíveis à metilação do DNA.

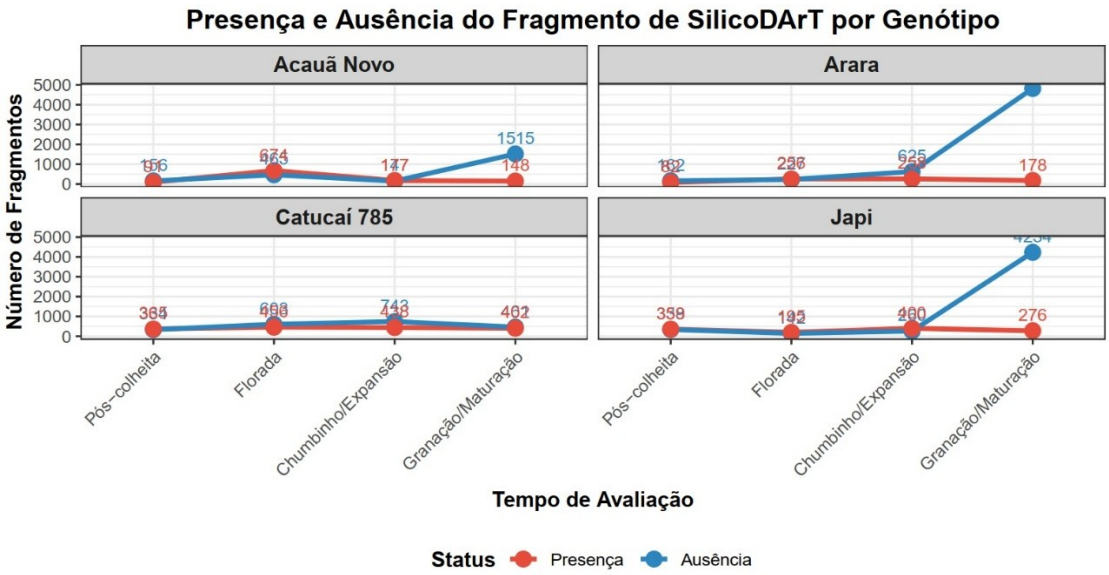
Para a contagem de fragmentos exclusivos por genótipo e fase, foram descartados todos os *loci* que apresentavam dados perdidos (NA) em qualquer uma das amostras avaliadas. Para cada genótipo e fase fenológica, separaram-se os indivíduos de Brejetuba e os dos demais ambientes. Para cada *locus*, verificou-se se todos os indivíduos de Brejetuba apresentavam valor 1 e todos do demais ambientes valor 0 (classe "presente apenas em Brejetuba"), ou vice-versa (classe "presente apenas nos demais ambientes"). As contagens foram obtidas para cada combinação genótipo-fase. Para obtenção do somatório de ocorrências por genótipo, os valores de cada classe (presente em Brejetuba e presente nos demais ambientes) foram somados ao longo das quatro fases fenológicas para cada genótipo, refletindo o acúmulo de ocorrências *locus*-fase. Os resultados foram plotados em gráfico de barras utilizando *ggplot2* (Wickham, 2016) no software R (R Core Team, 2026). Para cada genótipo, foram utilizados dados de produtividade da safra de 2024 (Alixandre, 2026), apresentados em tabela.

Resultados

Os padrões de fragmentos exclusivos variaram entre genótipos e fases (Figura 1). Para Acauã Novo, a maioria dos fragmentos exclusivos de Brejetuba concentrou-se na fase de granação/maturação (1.515 fragmentos), com valores menores nas demais fases (156, 465, 147). A classe "presente apenas nos demais ambientes" teve pico na florada (674). Para Japi, observou-se padrão semelhante, com grande número de fragmentos exclusivos de Brejetuba na granação/maturação (4.234) e valores baixos nas outras fases (338, 142, 260). Para Arara, o pico de fragmentos exclusivos de Brejetuba também ocorreu na granação/maturação (4.818), mas as contagens nas outras fases foram mais equilibradas (162, 227, 625). Catucaí 785 apresentou o perfil mais estável, com contagens de fragmentos exclusivos de Brejetuba relativamente baixas em todas as fases (334, 603, 743, 461) e valores de ausência semelhantes (365, 456, 438, 402).

Os somatórios de ocorrências de fragmentos diferenciais por genótipo, bem como a distribuição entre as duas classes, são apresentados na Tabela 1. Os dados de produtividade de 2024 evidenciam que todos os genótipos tiveram no geral produtividade inferior em Brejetuba. Arara e Japi, que apresentaram os maiores somatórios de ocorrências de fragmentos exclusivos de Brejetuba (5.832 e 4.974), também tiveram as maiores quedas de produtividade (34,52 e 25,56 sacas/ha a menos). Catucaí 785 e Acauã Novo, com menores números de fragmentos exclusivos de Brejetuba (2.141 e 2.283), apresentaram quedas menores (7,87 e 1,51 sacas/ha).

Figura 1 - Número de fragmentos SilicoDArT das classes "presente apenas em Brejetuba" (barras azuis) e "presente apenas nos demais ambientes" (barras vermelhas) para cada genótipo e fase fenológica.



Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Tabela 1 - Produtividade média (sacas de 60 kg/ha) e somatório de ocorrências de fragmentos SilicoDArT exclusivos por genótipo, com a separação das classes "presente apenas em Brejetuba" e "presente apenas nos demais ambientes" (valores somados nas quatro fases fenológicas).

Genótipo	Média de produtividade de Brejetuba	Média de produtividade de Afonso Cláudio e Conceição do Castelo	Diferença de produtividade	Somatório de ocorrências exclusivas em Brejetuba	Somatório de ocorrências exclusivas nos demais ambientes	Somatório total de ocorrências diferenciais
Catucaí 785	44,12	51,99	7,87	2.141	1.661	3.802
Arara	28,00	62,52	34,52	5.832	774	6.606
Japi	39,39	64,95	25,56	4.974	1.230	6.204
Acauã Novo	50,54	52,05	1,51	2.283	1.090	3.373

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Discussão

Os genótipos avaliados apresentaram perfis contrastantes de fragmentos SilicoDArT exclusivos entre Brejetuba e os demais ambientes. Catucaí 785 destacou-se pela estabilidade, com contagens relativamente equilibradas ao longo das fases, enquanto Arara, Japi e Acauã Novo exibiram picos expressivos na granação/maturação, sugerindo resposta diferencial mais acentuada nessa fase crítica do ciclo.

A concentração de fragmentos exclusivos de Brejetuba na granação/maturação para esses genótipos coincide com a queda de produtividade observada (Alixandre, 2026). Isso sugere que as condições ambientais de Brejetuba podem afetar mais intensamente esses genótipos durante o enchimento dos grãos e maturação.

O predomínio de fragmentos exclusivos de Brejetuba em Arara e Japi, e em menor grau em Acauã Novo, sugere maior ocorrência de sítios não metilados naquele ambiente, consistente com uma possível desmetilação diferencial. Esses resultados são coerentes com os de Alixandre (2026), que

identificou Arara como um dos genótipos de maior estabilidade produtiva em outros ambientes, embora, neste estudo, Arara tenha apresentado queda expressiva em Brejetuba na safra de 2024.

Métodos tradicionais de avaliação de adaptabilidade e estabilidade, como o proposto por Eberhart e Russell (1966) e as abordagens multivariadas AMMI e GGE Biplot, são amplamente utilizados para identificar genótipos superiores e compreender a interação genótipo-ambiente (GxE) em ensaios multiambientais (Beksisa, 2021; Oliveira et al., 2025). Embora abordagens biométricas quantifiquem o desempenho fenotípico, a caracterização molecular por meio de marcadores SilicoDArT agrega valor ao detalhar a variação dos fragmentos entre os ambientes avaliados. No entanto, como o presente estudo tem caráter descritivo, os resultados não estabelecem causalidade direta sobre o comportamento da interação GxE, sendo necessários estudos de validação funcional.

Conclusão

Os genótipos de *Coffea arabica* diferiram quanto ao número de fragmentos SilicoDArT exclusivos entre Brejetuba e os demais ambientes. Catucaí 785 apresentou o perfil mais estável, com contagens equilibradas ao longo das fases, enquanto Arara, Japi e Acauã Novo exibiram picos expressivos na granação/maturação. O maior somatório de ocorrências de fragmentos exclusivos em Brejetuba para Arara e Japi, e em menor grau para Acauã Novo, sugere maior presença de sítios de restrição não metilados naquele ambiente, indicando possível desmetilação diferencial potencialmente relacionada à queda de produtividade.

Referências

ALIXANDRE, F. T. Interação genótipo × ambiente em Coffea arabica L.: produtividade e qualidade sensorial de bebida. 2026. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre.

BEKSISA, L. GGE Biplot Analysis of Genotype x Environment Interaction and Bean Yield Stability of Arabica Coffee (*Coffea arabica* L.) Genotypes in Southwestern Ethiopia. **American Journal of BioScience**, v. 9, n. 3, p. 110-115, 2021. DOI: 10.11648/j.ajbio.20210903.16.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de café**. v. 6, safra 2025, n. 2. Brasília, 2025.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FILLA, V. A.; COELHO, A. P.; MORELLO, O. F. et al. Agronomic performance of Arabica coffee cultivars for the low-altitude region. **The Journal of Agricultural Science**, v. 162, n. 6, p. 584-595, 2024. DOI: 10.1017/S0021859624000674.

INCAPER. **Informações da cafeicultura capixaba**. Vitória: Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural, 2025.

KILIAN, A. et al. Diversity Arrays Technology: A Generic Genome Profiling Technology on Open Platforms. In: POMPANON, F.; BONIN, A. (ed.). **Data Production and Analysis in Population Genomics**. Totowa, NJ: Humana Press, 2012. p. 67-89. (Methods in Molecular Biology, v. 888).

KROHLING, C. A.; MATIELLO, J. B.; EUTRÓPIO, F. J.; CARVALHO, C. H. S. de. Adaptation of progenies/cultivars of arabica coffee (*Coffea arabica* L.) in mountainous edafoclimatic conditions. **Coffee Science**, v. 13, n. 2, p. 198-209, 2018.

OLIVEIRA, N. H. C. de; PAULA, R. C. de; MORELLO, O. F. et al. Adaptability and stability of Coffea arabica cultivars for yield in low-altitude region. **Euphytica**, v. 221, n. 5, p. 67, 2025. DOI: 10.1007/s10681-025-03524-5.

PREZOTTI, L. C.; GOMES, J. A.; DADALTO, G. G.; OLIVEIRA, J. A. **Manual de recomendação de calagem e adubação para o Estado do Espírito Santo: 5ª aproximação**. Vitória: SEEA/INCAPER/CEDAGRO, 2007.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2026.

SANSALONI, C. et al. Diversity Arrays Technology (DArT) and next-generation sequencing combined: genome-wide, high throughput, highly informative genotyping for molecular breeding of *Eucalyptus*. **BMC Proceedings**, v. 5, P54, 2011.

SANSALONI, C. et al. Diversity analysis of 80,000 wheat accessions reveals consequences and opportunities of selection footprints. **Nature Communications**, v. 11, p. 4572, 2020.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. Springer, 2016.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), pelo apoio no projeto, na montagem das áreas experimentais, na disponibilização dos genótipos e no manejo do experimento. O presente trabalho também foi realizado com o apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) – Termo de Outorga n° 427/2025 (Processo nº 2025-3TBR9); do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.