ANÁLISE MORFOLÓGICA E GENÔMICA DE CLONES DE *Coffea canephora* NO PRIMEIRO ANO DE DESENVOLVIMENTO EM CAMPO

Maiara Aparecida Moreira Portes, Matheus Alves Silva, Rosana Gomes de Oliveira, Mariana Cansian Sattler, Miguel Bergamin Genelhu Cruz, João Lucas Pereira Fernandes, Marcia Flores da Silva Ferreira, Adésio Ferreira

Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Departamento de Agronomia, Alto Universitário, s/nº, Bairro Guararema, Alegre – ES, CEP 29500-000, Brasil. maiara.portes@edu.ufes.br, alvesmatheuss21@gmail.com, rosana.gomes1997@gmail.com, mariana_sattler@hotmail.com, miguelbergamim1@gmail.com, joao.cripiton@gmail.com, mfloressf@gmail.com adesioferreira@gmail.com

Resumo

A variabilidade genética de *Coffea canephora* nas lavouras capixabas, associada ao uso crescente de clones de genealogia nem sempre documentada, demanda estratégias para caracterizar os genótipos cultivados e sob seleção, visando ao cultivo e ao melhoramento genético. Este trabalho avaliou o desenvolvimento de 14 genótipos de *C. canephora* no primeiro ano de campo, com base em características morfológicas (quatro avaliações) e em 2.242 SNPs, ambos submetidos a agrupamento hierárquico. Os genótipos Z21, R22, R8 e 173.7.5 apresentaram maior crescimento, enquanto V6, BRS1216, 143 e 57.4 apresentaram menor crescimento. Os agrupamentos morfológico e genético coincidiram em 13 dos 14 genótipos, divergindo apenas no BRS1216. Os resultados evidenciam que a caracterização morfológica e genômica discriminou de forma consistente os genótipos avaliados, revelando padrões de variabilidade e divergência úteis à identificação de materiais promissores para o melhoramento genético de *C. canephora*.

Palavras-chave: Caracterização morfológica. *Coffea canephora*. Diversidade genética. SNPs.

Área do Conhecimento: Ciências Agrárias, Agronomia.

Introdução

Entre as 133 espécies conhecidas do gênero *Coffea* sp., apenas *Coffea arabica* L. e *Coffea canephora* Pierre ex A.Froehner são cultivadas em larga escala (Kawuki et al., 2026). Entretanto, epidemias de ferrugem do cafeeiro, causadas por *Hemileia vastatrix*, somadas à crescente demanda por materiais mais produtivos, impulsionaram a expansão do cultivo de *C. canephora*, espécie que hoje responde por cerca de 40% da produção mundial de café (Talhinhas et al., 2017; Kawuki et al., 2026).

Essa espécie compreende dois grupos botânicos principais, Conilon e Robusta (Ferrão et al., 2020). No Brasil, o Espírito Santo é o principal polo produtor de Conilon, concentrando 67% da produção nacional (CONAB, 2026). O Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) conduz o melhoramento genético do "Conilon Capixaba" desde 1985, com onze cultivares lançadas (Ferrão et al., 2020). A Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) também atua nesse processo, sendo a única instituição de ensino superior do Brasil a coordenar registros de cultivares de café, com dez cultivares registradas no Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA).

Atualmente, as lavouras de *C. canephora* no Espírito Santo apresentam variabilidade genética também decorrente da introdução de materiais genéticos, como os Robustas Amazônicos, híbridos comerciais entre Conilon e Robusta desenvolvidos pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), e de clones selecionados por viveiristas e produtores em populações seminais de genealogia nem sempre documentada (Zaidan et al., 2023; Oliveira et al., 2026; Vial et al., 2026). Marcadores moleculares, sobretudo os *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs), consolidam-se como abordagem eficiente para investigar a diversidade genética, a estrutura populacional e a diferenciação entre os grupos, por serem abundantes, codominantes e amplamente distribuídos no genoma (Kilian et al., 2012; Akpertey et al., 2022; Zaidan et al., 2023; Oliveira et al., 2026). Associar essa caracterização genética a dados morfológicos de campo é importante para compreender o componente genético da variação fenotípica observada.

Neste contexto, este estudo teve como objetivo caracterizar 14 clones de *C. canephora* por meio de análises genômicas com marcadores SNPs e caracteres morfológicos avaliados durante o primeiro ano de desenvolvimento em campo. Esses clones foram selecionados por melhoramento e são cultivados no estado, pertencendo aos grupos Conilon, Robusta Amazônico e híbridos, e foram implantados em experimento da UFES em Mimoso do Sul – ES, em 2025. Com isso, espera-se ampliar a compreensão da diversidade genética da espécie e subsidiar estratégias de conservação, seleção e uso do germoplasma desse recurso genético.

Metodologia

Material Vegetal

Foram avaliados 14 genótipos de *C. canephora* em delineamento de blocos casualizados, com três repetições, no município de Mimoso do Sul – ES (21°03'01"S, 41°30'44"W, 190 m de altitude) (Tabela 1). O experimento foi implantado em 06 de junho de 2025. As plantas foram irrigadas por gotejamento e, a partir de 16/10/2025, passaram a receber fertirrigação.

Tabela 1. Classificação dos 14 genótipos de *C. canephora* quanto a genótipo, grupo genético e cultivar comercial.

Genótipo	Grupo	Cultivar comercial	Órgão de registro no MAPA	N° de registro
V6	Conilon	Vitória Incaper 8142	Incaper	20471
Z21	Conilon	Seleção por produtor	-	-
143	Conilon	EMCAPA 8131	Incaper	5382
57.4	Conilon	Seleção de melhoramento	UFES	-
173.7.5	Conilon	Seleção de melhoramento	UFES	-
G42.1	Conilon	Seleção de melhoramento	UFES	-
G123.5	Conilon	Seleção de melhoramento	UFES	-
R8	Robusta Amazônico	Seleção por produtor	-	-
R22	Robusta Amazônico	Seleção por produtor	-	-
R25	Robusta Amazônico	Seleção por produtor	-	-
LB80	Robusta Amazônico	Seleção por produtor	-	-
A1	Híbrido	Andina, Monte Pascoal, Plena e Tributun	UFES	39441, 50300, 31002, 37808
BRS1216	Híbrido	BRS1226	Embrapa	39561
BRS2336	Híbrido	BRS2336	Embrapa	39562

Fonte: Elaborado com base em Brasil (2000) e Espindula et al. (2022).

Análises morfológicas no desenvolvimento inicial

Foram realizadas quatro avaliações, no período de 12/11/2025 a 23/05/2026, das variáveis altura da planta (cm), diâmetro da copa (cm), diâmetro do caule (mm) e comprimento dos ramos plagiotrópicos leste e oeste (cm), com auxílio de fita métrica e paquímetro digital, em intervalos bimestrais. No software R, versão 4.5.1, calculou-se a média de cada característica e um índice composto de crescimento, obtido pela padronização (z-score) das quatro variáveis. Esse índice foi utilizado para ranquear os genótipos e para agrupá-los hierarquicamente (método de Ward, distância euclidiana).

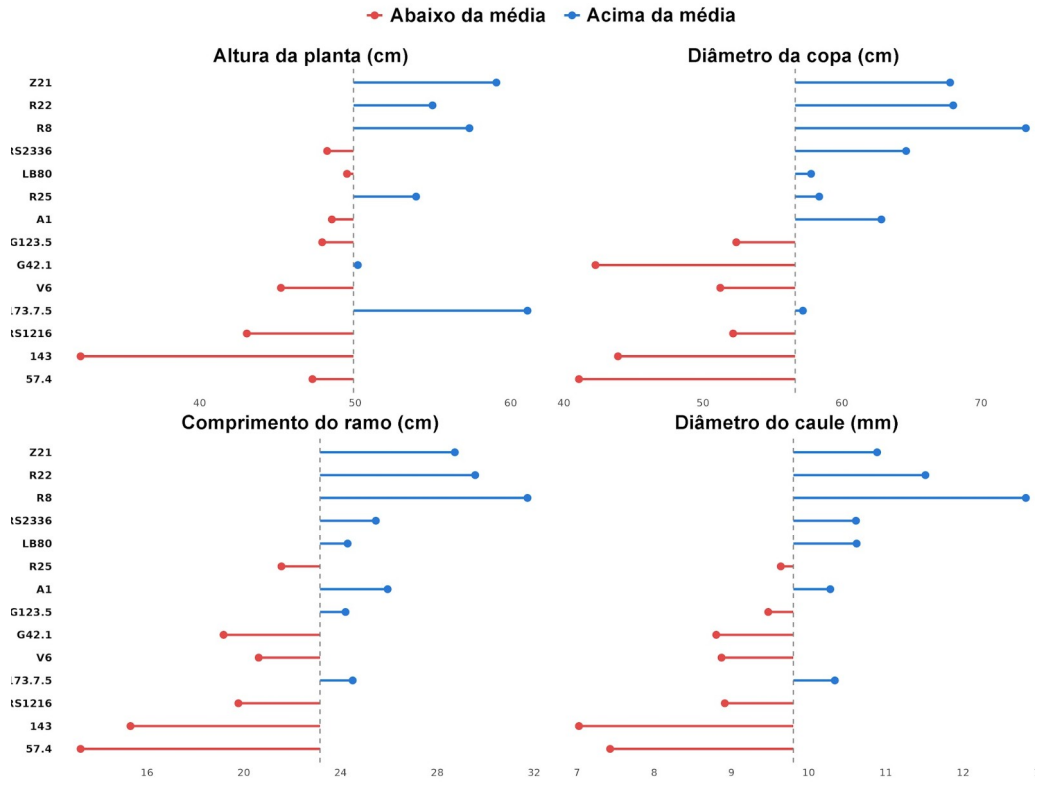
Genotipagem e análise dos marcadores SNPs

Amostras de folhas jovens foram coletadas e submetidas à extração de DNA pelo protocolo CTAB (Doyle; Doyle, 1990), com adaptações para cafeeiro (Zaidan et al., 2023). O DNA de qualidade adequada foi enviado ao Servicio de Análisis Genético para la Agricultura (SAGA, México) para genotipagem via DArTseq™, resultando em 5.251 SNPs. Após filtragem no pacote "dartR" (Gruber et al., 2018), considerando critérios de reprodutibilidade (0.98), Call rate (0.95) e MAF (0.05), permaneceram 2.242 SNPs, utilizados no agrupamento hierárquico dos genótipos (método de Ward, distância euclidiana) (Sansaloni et al., 2020).

Resultados

Com base na análise de médias e desvios dos caracteres avaliados nas quatro coletas, os genótipos foram categorizados em três grupos quanto ao desempenho de crescimento. Os de maior desempenho, Z21, R22, R8 e 173.7.5, apresentaram valores acima da média nas quatro características. Os de desempenho intermediário foram BRS2336, LB80 e A1 (acima da média em três das quatro características) e R25, G123.5 e G42.1 (acima da média em apenas uma ou duas). Os de menor desempenho, V6, BRS1216, 143 e 57.4, apresentaram valores abaixo da média nas quatro características (Figura 1A).

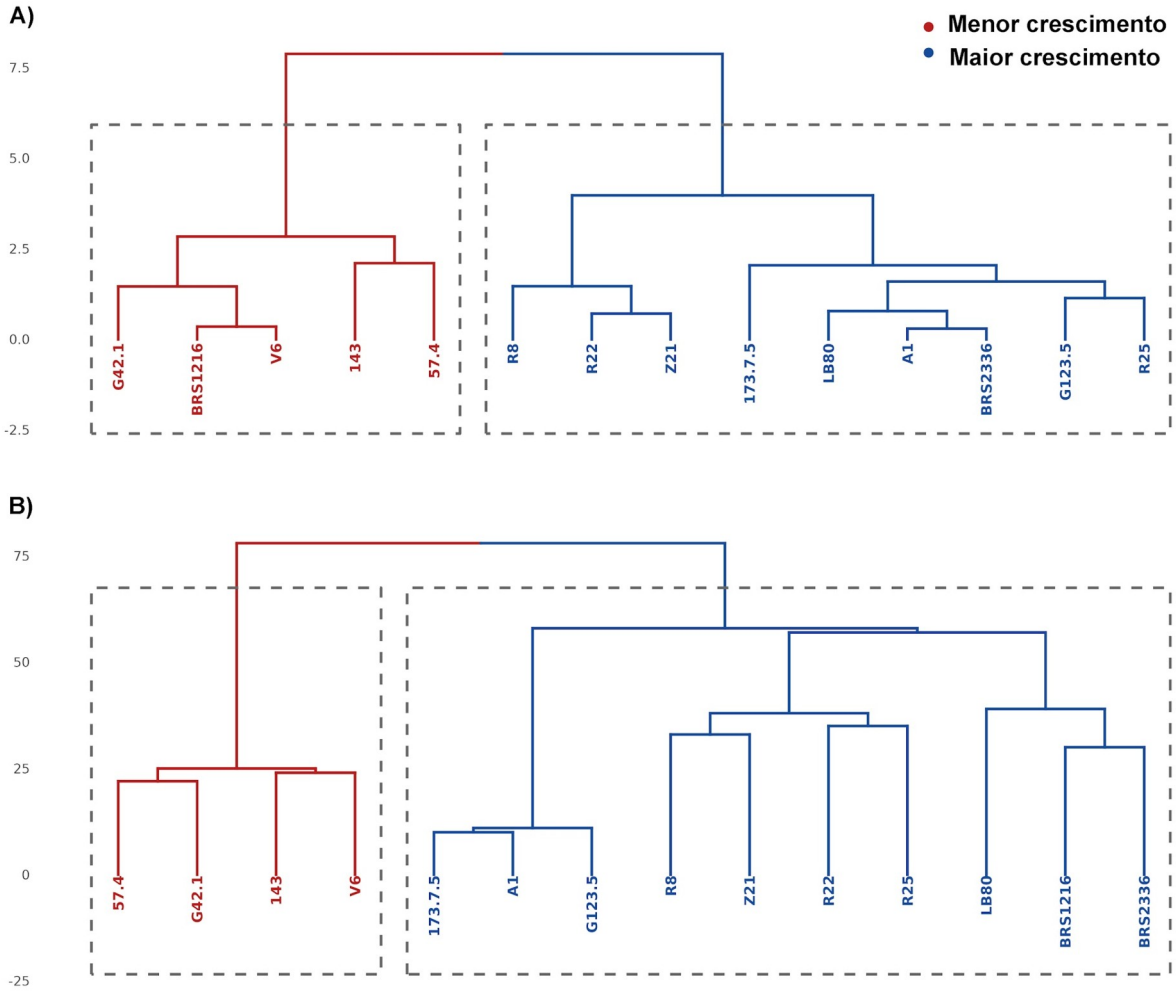
Figura 1. Média de crescimento dos 14 genótipos de *C. canephora*, calculada a partir das quatro coletas, para altura da planta (cm), diâmetro da copa (cm), comprimento do ramo (cm) e diâmetro do caule (mm). A linha tracejada indica a média geral de cada característica; pontos em azul representam valores acima da média, e em vermelho, valores abaixo da média.



Fonte: elaborada pelos autores, com base nos dados da pesquisa (2026).

O agrupamento hierárquico com caracteres morfológicos (Figura 2A) formou dois grupos: um de menor crescimento, com cinco genótipos (vermelho: G42.1, BRS1216, V6, 143 e 57.4), e um de maior crescimento, com nove genótipos (azul: R8, R22, Z21, 173.7.5, LB80, A1, BRS2336, G123.5 e R25). O agrupamento por SNPs (Figura 2B) também formou dois grupos, mas com composição distinta: um grupo menor, com quatro genótipos (vermelho: 57.4, G42.1, 143 e V6), e um grupo maior, com dez genótipos (azul: os mesmos nove de maior crescimento da Figura 2A, e o BRS1216). Nas duas análises, 13 dos 14 genótipos mantiveram o mesmo agrupamento; apenas o BRS1216 divergiu, classificado no grupo de menor crescimento na análise morfológica, mas no grupo maior na análise por SNPs.

Figura 2. Agrupamento hierárquico (método de Ward, distância euclidiana) dos 14 genótipos de *C. canephora*. (A) Com base na média das quatro características morfológicas: grupo de menor crescimento (vermelho, n = 5) e de maior crescimento (azul, n = 9). (B) Com base na similaridade genética de 2.242 marcadores SNP: grupo menor (vermelho, n = 4) e maior (azul, n = 10).



Fonte: elaborada pelos autores, com base nos dados da pesquisa (2026).

Discussão

Os resultados obtidos evidenciam que os 14 genótipos de *C. canephora* avaliados apresentam variabilidade expressiva tanto no crescimento inicial quanto na constituição genética, com destaque para Z21, R22, R8 e 173.7.5, superiores nas quatro características morfológicas analisadas. Esse resultado converge com estudos que associam o crescimento em *C. canephora* a marcadores SNPs, e não apenas a fatores ambientais. De Faria Silva et al. (2022), ao avaliarem 165 clones de Conilon, Robusta e híbridos com 17.885 SNPs, associaram marcadores à altura de planta, ao diâmetro de copa e ao vigor vegetativo, indicando que diferenças de crescimento como as observadas neste estudo podem ter origem genômica. Por outro lado, Vial et al. (2026), ao avaliar mudas de Conilon, Robusta e híbridos, ponderaram que essa superioridade inicial não garante bom desempenho em campo, por depender da interação genótipo × ambiente. Diante disso, o desempenho de Z21, R22, R8 e 173.7.5, obtido a partir de apenas quatro avaliações, ainda precisa ser confirmado em avaliações de campo de médio e longo prazo.

Na análise genômica, os 2.242 SNPs retidos após a filtragem definiram bem os agrupamentos, confirmando sua eficiência para estudar a diversidade genética de *C. canephora* (Kilian et al., 2012; Akpertey et al., 2022). A única divergência entre as análises ocorreu no BRS1216, que, apesar do menor crescimento morfológico, agrupou-se por SNPs com os genótipos de maior desenvolvimento. Esse resultado pode estar associado ao seu perfil híbrido, já que a morfologia de híbridos nem sempre reflete o background genético. De Oliveira et al. (2026), que obtiveram F_{st} de 0.77 entre Conilon e Robusta (o maior já relatado para a espécie) e verificaram que híbridos podem assemelhar-se morfologicamente a um dos grupos botânicos. Por ser híbrido comercial da Embrapa, levanta-se a

hipótese de que o BRS1216 tenha potencial heterótico voltado à produção, ainda não expresso no vigor inicial e a ser confirmado ao longo do ciclo produtivo. Alternativamente, a divergência poderia estar ligada à plasticidade fenotípica, comum na fase inicial de desenvolvimento de espécies perenes. Ainda que preliminares, estes resultados sugerem a complementaridade entre dados morfológicos e moleculares na caracterização de genótipos (Kawuki et al., 2026).

Por fim, a combinação entre a caracterização morfológica inicial e a genotipagem por SNPs mostra-se uma ferramenta útil para orientar decisões de seleção nos programas de melhoramento de *C. canephora* no Espírito Santo, sobretudo diante de materiais de genealogia híbrida ou não documentada, cada vez mais comuns nas lavouras capixabas (Zaidan et al., 2023; Vial et al., 2026).

Conclusão

Os genótipos avaliados apresentaram divergência genética e morfológica. Os novos clones selecionados mostraram-se compatíveis com genótipos de Conilon já registrados e amplamente cultivados no estado, evidenciando o valor desse recurso genético, enquanto os materiais introduzidos, Robustas Amazônicos e híbridos da Embrapa, já divergem genética e morfologicamente no primeiro ano de desenvolvimento em campo. Os agrupamentos morfológico e genético coincidiram na maioria dos genótipos, exceto no BRS1216, evidenciando que o desempenho morfológico no primeiro ano de cultivo, isoladamente, não representa o grupo genético de um clone.

Referências

AKPERTEY, A. et al. Genetic variability for vigor and yield of robusta coffee (*Coffea canephora*) clones in Ghana. **Heliyon**, v. 8, n. 8, e10222, 2022.

BRASIL. Secretaria de Apoio Rural e Cooperativismo. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. Portaria nº 2, de 17 de novembro de 2000. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, 21 nov. 2000. Seção 1, n. 223, p. 6-7, 2000.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Conab). **Safra de café 2026**. Disponível em: https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-cafe. Acesso em: 23 ago. 2026.

DE FARIA SILVA, L. et al. Genome-wide association study of plant architecture and diseases resistance in *Coffea canephora*. **Euphytica**, v. 218, artigo 92, 2022.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.

ESPINDULA, M. C. et al. **Robustas Amazônicos: os cafeeiros cultivados em Rondônia**. 1. ed. Porto Velho, RO: Embrapa, 2022. 144 p.

FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; VOLPI, P. S.; FONSECA, A. F. A.; VERDIN FILHO, A. C.; COMÉRIO, M. Cultivares de cafés Conilon e Robusta. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 41, n. 309, p. 17-25, 2020.

GRUBER, B. et al. dartr: an r package to facilitate analysis of SNP data generated from reduced representation genome sequencing. **Molecular Ecology Resources**, v. 18, n. 3, p. 691-699, 2018.

KAWUKI, R. et al. Genetic improvement of robusta coffee (*Coffea canephora*) in the 20th and 21st centuries: prospects for increasing future breeding effectiveness and impact. **Frontiers in Plant Science**, v. 16, artigo 1719980, 2026.

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: methods and protocols**. Totowa, NJ: Humana Press, 2012. p. 67-89.

OLIVEIRA, R. G. et al. Genomic discrimination of the botanical groups conilon and robusta of *Coffea canephora*. **Scientific Reports**, v. 16, artigo 5584, 2026.

SANSALONI, C. et al. Diversity analysis of 80,000 wheat accessions reveals consequences and opportunities of selection footprints. **Nature Communications**, v. 11, n. 1, p. 4572, 2020. DOI: 10.1038/s41467-020-18404-w.

TALHINHAS, P. et al. The coffee leaf rust pathogen *Hemileia vastatrix*: one and a half centuries around the tropics. **Molecular Plant Pathology**, v. 18, n. 8, p. 1039-1051, 2017.

VIAL, P. et al. Diversity of *Coffea canephora* genotypes from the Robusta and Conilon botanical groups at the seedling stage. **International Journal of Plant Biology**, v. 17, n. 4, artigo 34, 2026.

ZAIDAN, U. F. Z. et al. Diversity and structure of *Coffea canephora* from old seminal crops in Espírito Santo, Brazil: genetic resources for coffee breeding. **Tree Genetics & Genomes**, v. 19, artigo 40, 2023.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com 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.