

PADRÕES DE POLIMORFISMOS GENÉTICOS EM CLONES DE *Coffea canephora* RESISTENTES E SUSCETÍVEIS AO CANCRO DOS RAMOS

Rosana Gomes de Oliveira¹, Mariana Cansian Sattler¹, Jônatas Gomes Santos¹, Giulia Stavrakas Miranda¹, Inobert Melo Lima², Adésio Ferreira¹, Marcia Flores da Silva Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Departamento de Agronomia, Alto Universitário, s/nº, Bairro Guararema, Alegre – ES, CEP 29500-000, Brasil. rosana.gomes1997@gmail.com, mariana_sattler@hotmail.com, gomesjonatas21@gmail.com, giustavrakas@gmail.com, adesioferreira@gmail.com, mfloressf@gmail.com

²Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER), Estação Experimental de Linhares, Rodovia BR-101, km 151 Norte, Linhares – ES, Brasil. inorbert@incaper.es.gov.br

Resumo

O Espírito Santo é o principal estado produtor de *Coffea canephora* no Brasil, reunindo a maior área cultivada e desempenhando papel estratégico para a cafeicultura nacional. Entretanto, a produção tem sido ameaçada pelo Cancro dos Ramos do Cafeeiro (CRC), doença emergente associada a espécies do gênero *Fusarium*. O objetivo deste estudo foi avaliar padrões de polimorfismo genético em clones resistentes e suscetíveis de *C. canephora*. Foram analisados 38 clones classificados em suscetíveis (9) e resistentes (29), definidos com base na literatura, em avaliações do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) e na experiência de consultores/viveiristas. A genotipagem por DArTseq™ gerou 1.200 SNPs de alta qualidade após filtragem. Três clusters genéticos foram identificados: os resistentes apresentaram maior diversidade genética, com grande número de *loci* em heterozigose, enquanto os suscetíveis mostraram uniformidade, predominância de homozigose e baixa variabilidade. Esses resultados ampliam a compreensão da base genética da resistência ao CRC e apoiam a seleção de materiais superiores.

Palavras-chave: Conilon; *Fusarium* spp.; diversidade genética; SNPs.

Área do Conhecimento: Ciências Agrárias, Agronomia.

Introdução

Coffea canephora é cultivada em escala global, correspondendo a cerca de 40% da produção mundial de café (Lu *et al.*, 2022). No Brasil, o estado do Espírito Santo destaca-se no cultivo desta espécie e concentra a maior área plantada (286,7 mil hectares), seguido por Bahia e Rondônia (Conab, 2025) no Brasil. A cadeia produtiva exerce forte impacto econômico e social, sendo essencial para a geração de emprego e renda em diversos municípios capixabas (Ferrão *et al.*, 2022). Em 2025, a produtividade média nacional foi estimada em 50,4 scs/ha, totalizando 18,70 milhões de sacas de 60 kg em 371,3 mil hectares, o que representa 33,6% da safra nacional (Conab, 2025).

Apesar desse avanço, a cafeicultura capixaba enfrenta um desafio fitossanitário sem precedentes: o Cancro dos Ramos do Cafeeiro (CRC), anteriormente denominada Murcha de *Fusarium* do Cafeeiro Conilon (MFCC) (Moraes *et al.*, 2019). A doença foi registrada pela primeira vez em 2015, no município de Jerônimo Monteiro e desde então se expandiu pelas principais regiões produtoras (Belan *et al.*, 2018; Lima *et al.*, 2023; Ravani, 2025). O agente etiológico ainda não está completamente elucidado, mas estudos sugerem a associação de espécies de *Fusarium* (*F. solani*, *F. decemcellulare*, *F. lateritium*) e de *Lasiodiplodia* sp. (Belan *et al.*, 2018; Lima *et al.*, 2023, Ramos *et al.* 2023). Esses patógenos colonizam os tecidos vegetais, ocasionando necrose e rachaduras nos ramos, o que pode levar à redução da produtividade e à morte prematura das plantas (Lima *et al.*, 2023; Ravani, 2025).

Entre os sintomas destacam-se cancrios nos ramos ortotrópicos e plagiotrópicos, iniciados na base com intumescimento e evoluindo para áreas mais extensas (Lima *et al.*, 2023). Também ocorre

curvatura do pecíolo em folhas maduras, murcha, amarelecimento e redução do crescimento dos ramos próximos ao ápice, conferindo à planta aspecto de taça. Com a progressão, há perda de vigor, folhas que passam do verde-pálido ao amarelecimento até secarem, morte de ramos e surgimento de novas brotações após podas, que frequentemente também desenvolvem sintomas e morrem (Belan *et al.*, 2018; Lima *et al.*, 2023). Os sintomas observados em campo indicam que o CRC pode reduzir a produtividade em até 50% e, em casos severos, levar à erradicação precoce de lavouras. O problema é agravado pelo uso de clones geneticamente uniformes e pela disseminação de mudas contaminadas de viveiros sem controle fitossanitário (Lima *et al.*, 2023). Como o cultivo de *C. canephora* ocorre em linhas com diferentes clones, é comum a concentração da doença nos segmentos suscetíveis, resultando na morte das plantas e exigindo sua erradicação (Lima *et al.*, 2023). Pesquisas da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), em parceria com o Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), destacam a necessidade de manejo integrado, como uso de mudas certificadas, eliminação de plantas sintomáticas, seleção de clones resistentes, aplicação de agentes biológicos (*Bacillus* e *Trichoderma*) e uso de moléculas químicas promissoras (Barbosa *et al.*, 2023; Lima *et al.*, 2023).

Diferentes materiais genéticos são cultivados no ES, a maioria tradicionalmente denominados Conilon, oriundos do Incaper, outros denominados Robustas Amazônicas, introduzidos recentemente no estado, alguns híbridos da Embrapa e materiais selecionados pelos próprios viveiristas ou produtores em populações seminais. Assim, avaliações de campo evidenciam variação fenotípica na suscetibilidade ao CRC em relação a diferentes clones cultivados. Os clones LB1, K61, MP3, 12V (02) e Verdim, são considerados os mais suscetíveis (Lima *et al.*, 2023), enquanto Imbigudinho, Bamburral, Bicudo, P2, AD1, A1, AP, Peneirão, G20, L33, VR4, R22, R40 e 7 apresentam maior resistência (Rocha, 2025). A resistência parcial ou quantitativa ao CRC possui natureza poligênica, sendo eficaz contra diferentes raças do patógeno e relativamente durável, já que múltiplas alterações genéticas seriam necessárias para superá-la (Yan *et al.*, 2021; Barbosa *et al.*, 2023). Nesse contexto, compreender se há segregação dos clones resistentes ou suscetíveis ao CRC, quanto ao grupo genético que os clones pertencem, pode ajudar a definir melhores estratégias de manejo e melhoramento para a doença. Neste estudo avaliou-se os padrões de polimorfismo genômicos, com base em SNPs de 38 clones cultivados no Espírito Santo, abrangendo genótipos resistentes e suscetíveis, com o objetivo de identificar diferenças associadas à resistência e subsidiar o desenvolvimento de estratégias de manejo mais eficientes para a doença.

Metodologia

Foram utilizados dados genômicos de 38 clones de *Coffea canephora* avaliados quanto à resistência ou suscetibilidade ao CRC, com base em informações da literatura, em avaliações do Incaper e na experiência de consultores e viveiristas. Do total, 26 genótipos foram coletados na Fazenda Experimental da UFES, em São Mateus, e 12 na Fazenda Experimental do Incaper, em Bananal do Norte, Cachoeiro de Itapemirim. Entre os 38 clones analisados, nove foram classificados como suscetíveis e 29 como resistentes.

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 Serviço de Análise Genética para Agricultura (SAGA, México) para genotipagem via DArTseq™, resultando em 8.508 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 1.200 SNPs para as análises. O perfil genético dos genótipos foi visualizado em um heatmap gerado no pacote “pheatmap” (Kolde, 2019). Em seguida, os genótipos foram comparados de acordo com sua classificação fenotípica (Resistentes × Suscetíveis), e a diversidade genética foi estimada a partir dos parâmetros heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e) e coeficiente de endogamia (F_{is}), utilizando o pacote “HardyWeinberg” (Wigginton *et al.*, 2005).

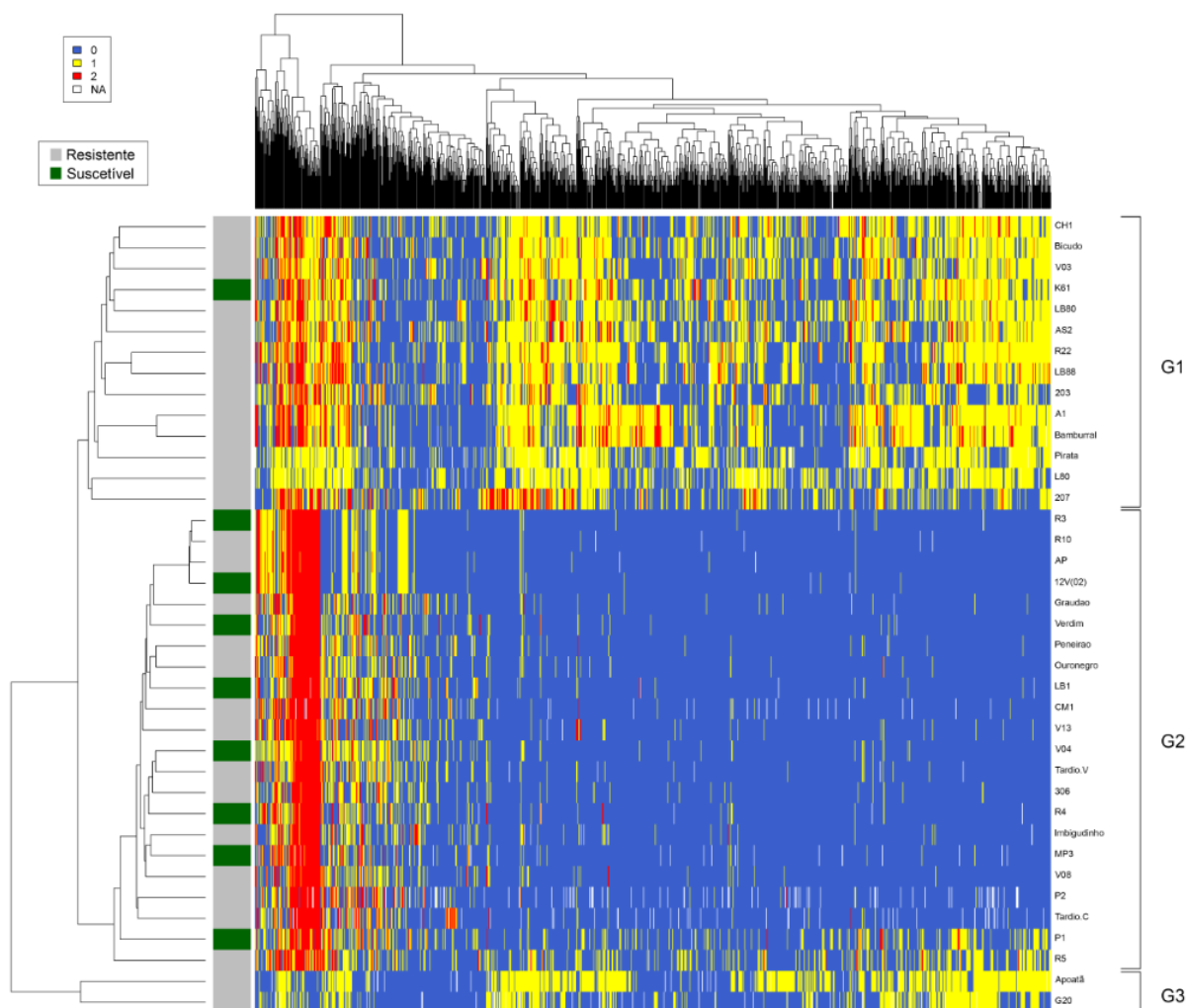
Resultados

A análise dos 38 clones, com base em 1.200 SNPs, evidenciou a formação de três clusters genéticos. Cada clone foi representado por uma linha horizontal, enquanto os SNPs foram dispostos

A Ciência do NANO e seu impacto transformador no MACRO

verticalmente de acordo com os clones. Os clones resistentes estão indicados em cinza e os suscetíveis em verde (Figura 1).

Figura 1 - Heatmap ilustrando o perfil genético de 38 indivíduos classificados como resistentes (cinza) ou suscetíveis (verde) com base em 1.200 SNPs. As cores em cada linha representam os genótipos para cada um dos SNPs, no quais: azul (0) = homozigotos para o alelo de referência, amarelo (1) = heterozigotos, vermelho (2) = homozigotos para o alelo alternativo e branco = dados ausentes (NA).



Fonte: elaborado por Rosana Gomes de Oliveira.

O G1 foi composto por 14 genótipos, sendo 13 resistentes (A1, AS2, Bamburral, Bicudo, CH1, L80, LB80, LB88, Pirata, R22, V03, 203 e 207) e um suscetível (K61). Esse grupo apresentou maior variabilidade genética, evidenciada pela presença maior quantidade de SNPs em heterozigose (amarelo). O G2 teve 22 clones, dos quais oito suscetíveis (12V (02), LB1, MP3, P1, R3, R4, V04 e Verdim), além dos demais 14 resistentes (AP, CM1, Graudão, Imbigudinho, Ouro Negro, P2, Peneirão, R10, R4 306, R5, Tardio C., Tardio V., V08 e V13). Esse grupo concentrou a maior parte dos genótipos suscetíveis, com exceção de K61. O perfil genético deste grupo foi marcado pela elevada frequência de homozigose (azul e vermelho), indicando predominância de alelos fixados. O G3 foi formado por dois indivíduos resistentes (Apoatã e G20), que se agruparam em um ramo independente no dendrograma, apresentando padrão genético distinto em relação aos clusters G1 e G2.

A Ciência do NANO e seu impacto transformador no MACRO

As análises de diversidade genética entre os clones resistentes e suscetíveis, baseadas na H_o , H_e e F_{is} , apresentaram diferenças relevantes. Os clones resistentes apresentaram valores de $H_o = 0,26$, $H_e = 0,31$ e $F_{is} = 0,15$, indicando maior variabilidade genética. Já os clones suscetíveis exibiram $H_o = 0,13$, $H_e = 0,15$ e $F_{is} = 0,08$, revelando menor diversidade genética neste grupo.

Discussão

O perfil genético evidenciou diferentes padrões de polimorfismo genético entre genótipos resistentes e suscetíveis ao CRC. Os clones resistentes ficaram bem distribuídos nos três grupos, mas os considerados suscetíveis agruparam-se quase que exclusivamente em um grupo, mostrando menor variabilidade genética dos clones suscetíveis usados neste estudo. Também, destaca-se neste grupo muitos materiais genéticos característicos de Conilon (Oliveira, 2024). O G1 foi formado, predominantemente, por clones previamente reconhecidos em campo como resistentes e apresentou maior diversidade genética, evidenciada pela presença de um grande número de *loci* em heterozigose. O G3, embora composto apenas pelos genótipos Apoatã e G20, exibiu um perfil diferenciado. Os genótipos apresentaram maior número de alelos em homozigose para o alelo de referência e em heterozigose, evidenciando uma configuração distinta da observada nos clusters G1 e G2.

O G2 apresentou um grande número de SNPs em homozigose, bem como baixos índices de diversidade genética, demonstrando uniformidade genotípica. Esse padrão de uniformidade está de acordo com Belan *et al.* (2018) e Lima *et al.* (2023), que relataram a ocorrência da doença em lavouras geneticamente uniformes, com altas taxas de mortalidade. Nesse contexto, levanta-se a hipótese de que os indivíduos agrupados no G2 estejam relacionados ao grupo botânico Conilon, no qual a endogamia, associada ao processo de domesticação, pode ter reduzido a variabilidade genética e aumentado a suscetibilidade ao CRC. Ressalta-se, entretanto, que nesse grupo também foram identificados 14 clones considerados resistentes, o que sugere que no *background* de Conilon exista variação genética tanto para resistência quanto para suscetibilidade ao patógeno.

A proximidade genética dos clones suscetíveis neste estudo reforça as evidências de campo, especialmente para LB1, MP3, 12V (02) e Verdim, que se agruparam no G2 e estão entre os mais afetados pela doença (Lima *et al.*, 2023). A principal exceção foi o clone K61, descrito como suscetível em condições de campo (Lima *et al.*, 2023), mas posicionou-se no G1. Essa divergência pode estar relacionada à influência de fatores ambientais, à resistência parcial ou ainda à complexidade da base poligênica do caráter (Yan *et al.*, 2021). A vulnerabilidade desses materiais é corroborada por estudos recentes que relatam reduções superiores a 30% de produtividade em poucos anos e mortalidade de até 100% em linhas inteiras sob condições severas (Rocha *et al.*, 2025).

Nesse contexto, análises metagenômicas têm ampliado a compreensão do problema ao revelar elevado enriquecimento de *Fusarium* spp. em plantas sintomáticas, reforçando sua associação como agente central do CRC. No estudo desenvolvido por Bracale (2023), foram avaliados os clones LB1, reconhecido como suscetível, e A1, considerado resistente. Verificou-se colonização intensa por *Fusarium* em tecidos sintomáticos de LB1, enquanto A1 permaneceu assintomático e apresentou perfil microbiano distinto. Esses resultados corroboram os dados de polimorfismos obtidos neste trabalho, nos quais LB1 se agrupou em um cluster de baixa diversidade genética, sugerindo que a menor variabilidade pode favorecer a colonização por *Fusarium* spp. e contribuir para a maior severidade do CRC nesses materiais. Os achados reforçam a importância de integrar informações fenotípicas, genéticas e metagenômicas para uma caracterização mais precisa dos clones, fornecendo subsídios a programas de melhoramento e à adoção de estratégias de manejo mais eficientes (Lima *et al.*, 2023; Yan *et al.*, 2021).

De forma geral, os resultados evidenciam que os clones resistentes apresentam maior diversidade genética, enquanto os suscetíveis se caracterizam por menor variabilidade. Esses achados ressaltam a importância de preservar e explorar a diversidade genética disponível, ampliar o uso de clones resistentes e adotar práticas de manejo integrado, como a utilização de mudas sadias e a diversificação clonal em campo, a fim de reduzir a disseminação e o impacto do CRC nas áreas produtoras de *C. canephora* no Espírito Santo.

Conclusão

A análise genética dos 38 genótipos de *C. canephora* identificou três clusters com padrões de polimorfismo diferentes, contendo genótipos resistentes em todos eles, enquanto os suscetíveis se concentraram em um grupo caracterizado por homozigose e baixa variabilidade. Esses resultados ressaltam a importância da diversidade genética e reforçam a adoção de clones resistentes, aliados à diversificação clonal e a práticas de manejo integrado, como estratégias essenciais para reduzir a disseminação e os impactos do CRC em lavouras capixabas.

Referências

BARBOSA, L. F. S.; OLIOSI, O. B.; CELESTINO, F. G. B.; ALVES, F. R.; XAVIER, A. S.; ROCHA, M. R.; MORAES, W. B. Resistência de cafeeiro a *Fusarium*: uma abordagem mundial. **XXVII Encontro Latino-Americano de Iniciação Científica, XXIII Encontro Latino-Americano de Pós-Graduação e XIII Encontro de Iniciação à Docência**, Universidade do Vale do Paraíba, 2023. doi: 10.18066/inic0540.23.

BELAN, L. L., BELAN, L. L., RAFAEL, A. M., LORENZONI, R. M., SOUZA-SOBREIRA, F. B., SOARES, T. C. B., OLIVEIRA, F. L., MORAES, W. B. First Report of *Fusarium* Species Associated with *Fusarium* Wilt in *Coffea canephora* Plants in Brazil. **Plant Disease**, v. 102, n. 9, p. 1859, 2018.

BRACALE, M. F. Etiology of the stem canker-disease of conilon: an emerging disease of *Coffea canephora* in the states of Espírito Santo and Bahia (Brazil). 2023. 154 f. **Tese (Doutorado em Fitopatologia)** – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2023.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Conab). **Safra de café 2025**. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-cafe>. Acesso em: 29 ago. 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.

FERRÃO, M. A. G.; MENDONÇA, R. F.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, R. G.; VOLPI, P. S.; SENRA, J. F. B.; COMÉRIO, M.; VERDIN FILHO, A. C.; RIVA-SOUZA, E. M. Variabilidade de *Coffea canephora* do Banco Ativo de Germoplasma do Incaper: caracterização dos acessos com base em descritores mínimos. **Circular Técnica**, n. 08-1, p. 1-74, 2022.

GRUBER, B.; UNMACK, P. J.; BERRY, O. F.; GEORGES, A. 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. DOI: <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12745>.

KOLDE, R. pheatmap: Pretty Heatmaps. **R package version 1.0.12, 2019**. Disponível em: <https://cran.r-project.org/package=pheatmap>. Acesso em: 1 set. 2025.

LIMA, I. M.; VENTURA, J. A.; COSTA, H.; SOUZA, A. F.; MORAES, W. B.; VERDIN FILHO, A. C. Cancro dos ramos do cafeeiro (*Coffea canephora*). Vitória: Incaper, 2023. 21 p. (**Incaper. Documentos, 308**). DOI: 10.54682/doc.308.15192059.

LU, Li; TIBPROMMA, Saowaluck; KARUNARATHNA, Samantha C.; JAYAWARDENA, Ruvishika S.; LUMYONG, Saisamorn; XU, Jianchu; HYDE, Kevin D. Comprehensive Review of Fungi on Coffee. **Pathogens** v. 11, 2022.

MORAES W. B.; XAVIER A. S.; ALVES F. R.; BELAN L. L.; BELAN L. L.; ROCHA M. R.; FERREIRA M. S. M. Murcha de *Fusarium* em Cafeeiro Conilon: entender para manejar. In: PARTELLI, F. L.; ESPINDULA, M. C. Café conilon: conhecimento para superar desafios. Alegre, ES: **CAUFES**, p. 31 - 60. 2019.

A Ciência do NANO e seu impacto transformador no MACRO

OLIVEIRA, Rosana Gomes de. Discriminação genômica e morfológica dos grupos botânicos Conilon e Robusta de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. 2024. 123 f. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento)** – Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias e Engenharias, Alegre, 2024.

RAMOS, D. O.; ROSADO, A. W. C.; SOUZA, A. F.; PIO, A. de S.; PEREIRA, O. L. Lasiodiplodia iranensis is the causal agent of *Coffea canephora* dieback in Brazil. **Crop Protection**, v. 172, p. 106318, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2023.106318>.

RAVANI, V. Cancro dos ramos do cafeeiro desafia produção e longevidade de lavouras no ES. Vitória: **Campo Vivo**, 19 ago. 2025. Disponível em: <https://campovivo.com.br/cafeicultura/2025/08/19/cancro-dos-ramos-desafia-producao-e-longevidade-de-lavouras-de-cafe-no-es/>. Acesso em: 1 set. 2025.

ROCHA, M. R. da. *Cancro dos ramos do cafeeiro (CRC): variabilidade de genótipos resistentes e eficácia de fungicidas*. 2024. **Tese (Doutorado em Agronomia)** – Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, ES, 2024.

ROCHA, M. R.; FERREIRA, M. L. S. M.; GRAMACHO, K. P.; FREITAS, C. C.; XAVIER, A. S.; ALVES, F. R.; MORAES, S. P. C. B.; MORAES, W. B.; MORAES, W. B. Improved methodologies to inoculate *Fusarium* spp. in *Coffea canephora*. **Plant Disease**, v. 109, n. 1, p. 1-X, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-24-0241-SR>.

WIGGINTON, J. E.; CUTLER, D. J.; ABECASIS, G. R. A note on exact tests of Hardy-Weinberg equilibrium. **The American Journal of Human Genetics**, v. 76, n. 5, p. 887-893, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1086/429864>.

YAN, H., LI, G., SHI, J., TIAN, S., ZHANG, X., CHENG, R., MA, Z. Genetic control of *Fusarium* head blight resistance in two Yangmai 158-derived recombinant inbred line populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 9, p. 3037-3049, 2021.

ZAIDAN, I. R.; FERREIRA, A.; NOIA, L. R.; 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, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11295-023-01594-x>.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), aos Laboratórios de Genética e Melhoramento Vegetal e de Biometria, ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio institucional e financeiro.