

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E ENGENHARIAS**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO**

**MATHEUS ALVES SILVA**

**GENÓTIPOS SEMINAIS DE MATRIZES ANTIGAS DE *Coffea*  
*canephora* DO SUL DO ESPÍRITO SANTO: QUALIDADE DA  
BEBIDA, DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA  
POPULACIONAL E ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA**

ALEGRE - ES

2025

**MATHEUS ALVES SILVA**

**GENÓTIPOS SEMINAIS DE MATRIZES ANTIGAS DE *Coffea*  
*canephora* DO SUL DO ESPÍRITO SANTO: QUALIDADE DA  
BEBIDA, DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA  
POPULACIONAL E ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA**

Tese de Doutorado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito final para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento, na área de concentração Genética e Melhoramento.

Orientador: Prof. Dr. Adésio Ferreira

Coorientadoras: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Marcia Flores da Silva Ferreira e Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Camila Azevedo Ferreira

ALEGRE - ES

2025

Ficha catalográfica disponibilizada pelo Sistema Integrado de  
Bibliotecas - SIBI/UFES e elaborada pelo autor

---

S586g Silva, Matheus Alves, 1994-  
Genótipos seminais de matrizes antigas de Coffea canephora  
do sul do Espírito Santo: qualidade da bebida, diversidade  
genética, estrutura populacional e associação genômica ampla /  
Matheus Alves Silva. - 2025.  
161 p. : il.

Orientador: Adésio Ferreira.  
Coorientadores: Marcia Flores da Silva Ferreira, Camila  
Ferreira Azevedo.  
Tese (Doutorado em Genética e Melhoramentos) -  
Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências  
Agrárias e Engenharias.

1. Café. 2. Avaliação sensorial. 3. Melhoramento genético. I.  
Ferreira, Adésio. II. Ferreira, Marcia Flores da Silva. III.  
Azevedo, Camila Ferreira. IV. Universidade Federal do Espírito  
Santo. Centro de Ciências Agrárias e Engenharias. V. Título.

CDU: 631.523

---


MATHEUS ALVES SILVA

**GENÓTIPOS SEMINAIS DE MATRIZES ANTIGAS DE *Coffea canephora* DO SUL DO ESPÍRITO SANTO: QUALIDADE DA BEBIDA, DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA POPULACIONAL E ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA**

Tese de Doutorado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito final para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento, na área de concentração Genética e Melhoramento.


Aprovada em 18 de fevereiro de 2025.

**COMISSÃO EXAMINADORA**

Documento assinado digitalmente  
 **ADESIO FERREIRA**  
Data: 03/04/2025 11:32:18-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


---

**Dr. Adésio Ferreira**  
Universidade Federal do Espírito Santo  
(Orientador)

Documento assinado digitalmente  
 **RODRIGO SOBREIRA ALEXANDRE**  
Data: 20/03/2025 16:45:34-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


---

**Dr. Rodrigo Sobreira Alexandre**  
Universidade Federal do Espírito Santo  
(Membro interno)

Documento assinado digitalmente  
 **MARCIA FLORES DA SILVA FERREIRA**  
Data: 03/04/2025 10:35:57-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


---

**Dra. Marcia Flores da Silva Ferreira**  
Universidade Federal do Espírito Santo  
(Coorientadora)

Documento assinado digitalmente  
 **PAULO ROBERTO CECON**  
Data: 20/03/2025 09:13:55-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


---

**Dr. Paulo Roberto Cecon**  
Universidade Federal de Viçosa  
(Membro externo)

Documento assinado digitalmente  
 **MILENE MIRANDA PRAÇA FONTES**  
Data: 20/03/2025 13:34:38-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Dra. Milene Miranda Praça Fontes**  
Universidade Federal do Espírito Santo  
(Membro interno)

Documento assinado digitalmente  
 **EDER JORGE DE OLIVEIRA**  
Data: 19/03/2025 18:48:09-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Dr. Eder Jorge de Oliveira**  
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
(Membro externo)

## AGRADECIMENTOS

- A Deus, pelo dom da vida e por me permitir ter saúde e força para enfrentar as dificuldades ao longo do caminho. Agradeço por todas as bênçãos e graças recebidas até hoje, por me sustentar nos momentos desafiadores vividos durante os quatro anos de doutorado e pela proteção diante das dificuldades enfrentadas.
- Ao Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, agradeço pelo ensino de excelência e pela oportunidade de cursar o doutorado.
- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (Capes), agradeço pelo apoio financeiro. Também sou grato à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (Fapes) pela bolsa de doutorado (Edital FAPES nº 10/2020 - PROCAP DOUTORADO 2021) e pelo apoio financeiro para a realização deste trabalho.
- Agradeço ao meu orientador, Prof. Dr. Adésio Ferreira, e à minha coorientadora, Profa. Dra. Marcia Flores da Silva Ferreira, pela orientação, apoio e incentivo constantes, pela paciência, pelo conhecimento compartilhado e pelo suporte dedicado ao desenvolvimento deste trabalho. Sou grato pela confiança depositada em mim e pela oportunidade de orientação desde a graduação, pela contribuição ao meu crescimento acadêmico, profissional e pessoal. Da mesma forma agradeço à Profa. Dra. Camila Azevedo Ferreira pelos ensinamentos, contribuições e disponibilidade para a execução deste trabalho.
- Agradeço aos membros da banca examinadora, pela disponibilidade, participação e pelas valiosas contribuições ao meu trabalho.
- Aos produtores dos municípios de Alegre, Cachoeiro de Itapemirim, Jerônimo Monteiro e São José do Calçado, que disponibilizaram as sementes para a instalação do experimento, e aos pesquisadores que atuaram no mapeamento das lavouras, coleta das sementes, plantio das mudas e condução do experimento em Mimoso do Sul, meu sincero agradecimento.
- Aos pesquisadores do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) nos municípios de Cachoeiro de Itapemirim e Marilândia, e da Ufes de São Mateus, agradeço pela concessão de amostras foliares para a extração do DNA.
- Agradeço aos servidores da Fazenda Experimental do Incaper de Venda Nova do Imigrante, representados pelo Sr. José Spadeto, que ofereceram toda a atenção, cuidado e suporte para a secagem e beneficiamento dos cafés. Um agradecimento especial à Norma

Camargo. Também agradeço aos vinculados ao CECAFES, representados pelo Sr. Douglas Gonzaga de Sousa, pela disponibilidade e boa vontade na análise da qualidade da bebida das numerosas amostras. Um agradecimento especial ao Sr. Fabiano Tristão Alixandre, servidor do Incaper, que me auxiliou em todas as etapas, desde a colheita até as análises de qualidade da bebida. Em nome desses servidores, agradeço a todas as pessoas que contribuíram nas respectivas etapas.

- Aos estudantes, pesquisadores e técnicos do Laboratório de Genética e Melhoramento e do Laboratório de Biometria, agradeço pela amizade, companheirismo e por toda a ajuda durante a execução do experimento, avaliações de campo, atividades de laboratório e análises de dados. Um agradecimento especial a todos que ajudaram na colheita, separação manual dos cafés e avaliações. A realização deste trabalho seria muito difícil sem o apoio de cada um de vocês.

- Agradeço ao Setor de Transportes da Ufes, representado pelo Sr. Jeferson Lopes Dias Moreli, por não medir esforços para disponibilizar os veículos nas inúmeras viagens para coleta, secagem, beneficiamento e avaliação dos cafés. Também agradeço a todos os motoristas que nos conduziram nesses momentos.

- Agradeço aos meus familiares por todo o apoio, orações, incentivo e torcida ao longo dos anos dedicados aos estudos na Ufes. Agradeço pela compreensão diante da minha ausência em tantos momentos importantes. Da mesma forma, agradeço a todos os amigos, especialmente àqueles que, mesmo à distância, sempre me apoiaram. O amor e apoio de todos vocês foram fundamentais neste processo.

- Sou grato a todos que contribuíram, direta ou indiretamente, de alguma forma, para a realização deste trabalho.

SILVA, Matheus Alves. **Genótipos seminais de matrizes antigas de *Coffea canephora* do sul do Espírito Santo: qualidade da bebida, diversidade genética, estrutura populacional e associação genômica ampla**. 2025. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre – ES, 2025.

## RESUMO

O Conilon (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner) foi introduzido no sul do Espírito Santo no início do século XX. A partir dos anos 1990, lavouras antigas foram renovadas com clones, o que pode reduzir a base genética. Por isso, o germoplasma antigo deve ser caracterizado e preservado, pois constitui fonte potencial de variabilidade genética para melhoramento. Neste trabalho, objetivou-se avaliar genótipos de *C. canephora* provenientes de propagação seminal, originados de matrizes selecionadas de lavouras antigas do sul do Espírito Santo relacionados a três aspectos principais: (i) atributos sensoriais, pontuação final e perfis sensoriais; (ii) diversidade genética e estrutura populacional; (iii) estudo de associação genômica ampla (GWAS) para características da qualidade da bebida. O experimento foi instalado em abril de 2018 em Mimoso do Sul (ES), com um delineamento de blocos aumentados de Federer, envolvendo 1.940 plantas distribuídas em 388 famílias de meios-irmãos, e cinco clones comerciais como controle. A qualidade da bebida foi avaliada em 172 genótipos em dois anos de produção (2022 e 2023). Para a análise da diversidade genética e estrutura populacional, foram analisados 649 (447 do experimento e 202 cedidos por outras instituições, que incluíram Conilon, Robusta e intermediários morfológicos) foram avaliados por meio de marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) revelados por DArTseq™. O GWAS incluiu 370 genótipos do experimento. Todos os genótipos atingiram classificação "Finos" (pontuação média: 81,92; variação: 80,81–84,08). Os atributos uniformidade e xícara limpa receberam pontuação máxima, indicando ausência de defeitos. O agrupamento dos genótipos resultou em 11 *clusters*, com os clones comerciais distribuídos em dois deles. Foram identificados 48 perfis sensoriais na roda de sabores, além de 25 perfis não presentes na roda, com alguns mais predominantes que outros. Correlações significativas foram encontradas entre os atributos e perfis sensoriais e a pontuação final. Quanto à diversidade genética e estrutura populacional, seis *clusters* e  $K = 3$  grupos ancestrais foram observados utilizando 1.654 SNPs. O *cluster*

1, com 523 genótipos, abrangeu a maior porção dos genótipos de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas e comerciais. O *cluster* 4, que incluiu genótipos intermediários, destacou-se pela alta heterozigosidade observada (0,37) e  $F_{IS}$  negativo (-0,73), indicando exogamia. Altos valores de  $F_{ST}$  (0,80 e 0,71) indicaram forte divergência genética entre o *cluster* 1 (predominantemente Conilon) e os *clusters* 5-6 (majoritariamente Robusta), e são compostos por grupos ancestrais distintos. No GWAS, foram identificados 246 SNPs com associações significativas: 68 para pontuação final, 40 para fragrância/aroma, 34 para sabor, 19 para sabor residual, 21 para acidez/salinidade, 11 para sensação na boca, 22 para balanço, 15 para amargor/doçura e 16 para geral. Dos 246 SNPs, 148 estão localizados nos cromossomos 1 a 11, com 83 situados em sequências de genes. As funções putativas dos genes candidatos foram identificadas, e alguns marcadores estão associados a mais de uma característica. Coletivamente, os resultados destacam o potencial do germoplasma remanescente do sul do Espírito Santo para programas de melhoramento de *C. canephora*, combinando qualidade sensorial superior e variabilidade genética. Esses genótipos são recursos estratégicos para bancos de germoplasma, garantindo diversidade frente a desafios futuros. As regiões cromossômicas identificadas permitem selecionar marcadores associados a características-chave da bebida, otimizando o desenvolvimento de cultivares de alto padrão com ferramentas genômicas precisas.

**Palavras-chave:** Café; Avaliação sensorial; Melhoramento genético.

SILVA, Matheus Alves. **Seminal genotypes from old parent plants of *Coffea canephora* in southern Espírito Santo: beverage quality, genetic diversity, population structure, and genome-wide association study.** 2025. Thesis (Doctorate in Genetics and Breeding) – Federal University of Espírito Santo, Alegre – ES, 2025.

## ABSTRACT

Conilon coffee (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner) was introduced to southern Espírito Santo in the early 20th century. Since the 1990s, old plantations have been renewed with clonal varieties, potentially reducing the genetic base. Thus, characterizing and preserving historical germplasm is critical, as it represents a potential source of genetic variability for breeding programs. This study aimed to evaluate seed-propagated genotypes of *C. canephora* derived from selected parent plants of old plantations in southern Espírito Santo, focusing on three aspects: (i) sensory attributes, final scores, and sensory profiles; (ii) genetic diversity and population structure; (iii) genome-wide association study (GWAS) for beverage quality traits. The experiment was established in April 2018 in Mimoso do Sul (ES), using Federer's augmented block design with 1,940 plants distributed into 388 half-sibbling families and five commercial clones as controls. Beverage quality was assessed in 172 genotypes over two production years (2022 and 2023). For genetic diversity and population structure analysis, 649 genotypes (447 from the experiment and 202 provided by other institutions, including Conilon, Robusta, and morphological intermediates) were evaluated using single nucleotide polymorphism (SNP) markers generated by DArTseq™. GWAS included 370 experimental genotypes. All genotypes achieved a "Fine" classification (mean score: 81.92; range: 80.81–84.08). Attributes such as uniformity and clean cup received maximum scores, indicating defect-free profiles. Genotype clustering resulted in 11 groups, with commercial clones distributed across two clusters. Forty-eight sensory profiles were identified within the flavor wheel, along with 25 additional profiles not represented in the wheel, with varying predominance. Significant correlations were observed between sensory attributes/profiles and final scores. For genetic diversity and population structure, six clusters and  $K = 3$  ancestral groups were identified using 1,654 SNPs. Cluster 1 (523 genotypes) comprised most seed-propagated genotypes from old plantations and commercial varieties. Cluster 4, containing intermediate genotypes, exhibited high

heterozygosity (0.37) and negative  $F_{IS}$  (-0.73), suggesting outbreeding. High  $F_{ST}$  values (0.80 and 0.71) indicated strong genetic divergence between cluster 1 (predominantly Conilon) and clusters 5–6 (mostly Robusta), composed of distinct ancestral groups. GWAS identified 246 significantly associated SNPs: 68 for final score, 40 for fragrance/aroma, 34 for flavor, 19 for aftertaste, 21 for acidity/saltiness, 11 for mouthfeel, 22 for balance, 15 for bitterness/sweetness, and 16 for overall quality. Of these, 148 SNPs were located on chromosomes 1–11, with 83 situated in gene sequences. Putative gene functions were annotated, and some markers were associated with multiple traits. Collectively, the results underscore the potential of southern Espírito Santo's remnant germplasm for *C. canephora* breeding programs, combining superior sensory quality with genetic diversity. These genotypes are strategic resources for germplasm banks, safeguarding diversity against future challenges. The identified chromosomal regions enable marker-assisted selection for key beverage traits, optimizing the development of elite cultivars through precise genomic tools.

**Keywords:** Coffee; Sensory evaluation; Genetic improvement.

## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>12</b>
<b>OBJETIVOS.....</b>	<b>16</b>
OBJETIVO GERAL.....	16
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	16
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>18</b>
<b>CAPÍTULO I: QUALIDADE DA BEBIDA DE GENÓTIPOS DE <i>Coffea canephora</i> DE RECURSOS GENÉTICOS ANTIGOS DO SUL DO ESPÍRITO SANTO, BRASIL.....</b>	<b>21</b>
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>22</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>24</b>
2.1 MATERIAL VEGETAL.....	24
2.2 COLHEITA E PROCESSAMENTO DO CAFÉ.....	25
2.3 TORRA E MOAGEM.....	25
2.4 ANÁLISE SENSORIAL.....	26
2.5 ANÁLISE DOS DADOS.....	27
<b>3 RESULTADOS.....</b>	<b>27</b>
3.1 PONTUAÇÃO FINAL E ATRIBUTOS SENSORIAIS.....	27
3.2 PERFIS SENSORIAIS.....	33
3.3 CORRELAÇÃO ENTRE A PONTUAÇÃO FINAL E ATRIBUTOS SENSORIAIS X PERFIS SENSORIAIS.....	37
<b>4 DISCUSSÃO.....</b>	<b>39</b>
<b>5 CONCLUSÃO.....</b>	<b>44</b>
<b>6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>45</b>
<b>7 MATERIAL SUPLEMENTAR.....</b>	<b>49</b>
<b>CAPÍTULO II: DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE GERMOPLASMA ANTIGO DE CAFÉ CONILON NO SUL DO ESPÍRITO SANTO, BRASIL.....</b>	<b>61</b>
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>62</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>65</b>
2.1 MATERIAL VEGETAL.....	65
2.2 EXTRAÇÃO DO DNA GENÔMICO E GENOTIPAGEM POR SEQUENCIAMENTO	

.....	68
2.3 FILTRAGEM DOS MARCADORES.....	68
2.4 DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL.....	69
<b>3 RESULTADOS.....</b>	<b>70</b>
<b>4 DISCUSSÃO.....</b>	<b>87</b>
<b>5 CONCLUSÃO.....</b>	<b>92</b>
<b>6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>93</b>
<b>7 MATERIAL SUPLEMENTAR.....</b>	<b>99</b>
<b>CAPÍTULO III: ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA CARACTERÍSTICAS</b>	
<b>DA QUALIDADE DA BEBIDA DE <i>Coffea canephora</i></b>	
.....	120
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>121</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>123</b>
2.1 MATERIAL VEGETAL.....	123
2.2 AVALIAÇÃO DA QUALIDADE DA BEBIDA.....	124
2.3 EXTRAÇÃO DO DNA GENÔMICO E GENOTIPAGEM.....	125
2.4 CORREÇÃO DOS DADOS DA QUALIDADE DA BEBIDA.....	126
2.5 ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS).....	127
2.6 GENES CANDIDATOS.....	128
<b>3 RESULTADOS.....</b>	<b>128</b>
<b>4 DISCUSSÃO.....</b>	<b>141</b>
<b>5 CONCLUSÃO.....</b>	<b>144</b>
<b>6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>145</b>
<b>7 MATERIAL SUPLEMENTAR.....</b>	<b>149</b>
<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS.....</b>	<b>160</b>

## INTRODUÇÃO GERAL

O gênero *Coffea* L. pertence à família Rubiaceae, filo Estreptofitas, classe Equisetopsida, subclasse Magnoliidae e ordem Gentianales (POWO, 2025). Atualmente, abrange 131 espécies reconhecidas, incluindo 20 espécies anteriormente classificadas como pertencentes ao gênero *Psilanthus* (DAVIS et al., 2011; HAMON et al., 2017) e a recente descrição de sete novas espécies (DAVIS; RAKOTONASOLO, 2021; STOFFELEN et al., 2021). A maioria das espécies de *Coffea* é nativa da África continental ou de Madagascar, embora algumas ocorram nas ilhas Comores e Mayotte, nas ilhas Mascarenhas, além de partes da Ásia e do norte da Austrália (DAVIS, 2003; HAMON et al., 2017). Entre as 131 espécies, *Coffea arabica* L. e *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner são as mais relevantes do ponto de vista econômico global (DAVIS et al., 2011; ICO, 2023).

De acordo com um levantamento recente realizado em 2024, o Brasil apresentou uma área total de 1,9 milhão de hectares dedicada à produção de café, com uma produtividade média de 28,8 sacas por hectare (CONAB, 2024). Essa superfície cultivada gerou uma produção de 54,8 milhões de sacas de café. Estima-se que aproximadamente 72,40% da produção nacional seja proveniente de *C. arabica*, enquanto os restantes 27,60% correspondem a *C. canephora*. O estado do Espírito Santo destacou-se como o maior produtor nacional de *C. canephora*, com uma área de cultivo que totaliza 262.988 hectares. Em seguida, Rondônia contribuiu com 48.363 hectares, e a Bahia, com 44.330 hectares. O Espírito Santo é responsável por uma expressiva parcela de 65,5% da produção nacional de *C. canephora*, equivalente a 9,967 milhões de sacas beneficiadas, consolidando-se como um polo de grande importância para a indústria cafeeira do país (CONAB, 2024).

Dada a relevância do café *C. canephora* e de outros produtos agropecuários para a economia do Espírito Santo, foi elaborado o Plano Estratégico de Desenvolvimento da Agricultura Capixaba, chamado PEDEAG 4. Este plano abrange o período de 2023 a 2032 com objetivo de atender às demandas atuais do setor orientando o desenvolvimento estadual e aumentando a competitividade dos agronegócios capixabas (PEDEAG 4, 2023). Quanto ao *C. canephora*, as iniciativas propostas incluem, entre outras, o fortalecimento da pesquisa em produtividade, rentabilidade e melhoramento genético. Também estão previstas o desenvolvimento de novas cultivares e a melhoria do marketing da produção de cafés de qualidade superior. O plano apoia a certificação para atender a mercados mais exigentes e reforça a assistência técnica com foco em sustentabilidade, produtividade e qualidade. Os

eixos estratégicos do PEDEAG 4 têm como foco o fortalecimento e a consolidação das áreas de excelência no agronegócio. Além disso, busca-se expandir essas competências para outras cadeias produtivas, especialmente aquelas com potencial de inovação e absorção de tecnologias (PEDEAG 4, 2023). Assim, investigar a cultura do *C. canephora* é fundamental para garantir o desenvolvimento sustentável da agricultura no Espírito Santo. Isso poderá contribuir para a consolidação da posição do estado como referência produtiva e no fortalecimento de sua competitividade no cenário nacional e internacional.

Relata-se que a introdução de *C. canephora* grupo Conilon no Brasil tenha ocorrido por volta de 1911, em Cachoeiro de Itapemirim, no sul do Espírito Santo (MERLO, 2012; PARTELLI, 2016). No estado, o germoplasma dessa espécie é conservado por instituições públicas, como o Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), Universidade Federal do Espírito Santo (Ufes) e o Instituto Federal do Espírito Santo (Ifes), além de agricultores familiares (SOUZA et al., 2013; SILVA et al., 2017). O germoplasma antigo mantido por agricultores ao longo dos anos representa uma importante reserva de diversidade genética. Essa variabilidade se deve, em grande parte, ao plantio por sementes – método que favorece a recombinação genética e pode originar plantas com adaptações locais e características agronômicas vantajosas. Esse processo é intensificado pela alogamia natural da espécie, condicionada pelo alelo S, que induz a autoincompatibilidade gametofítica (LASHERMES et al., 1996). Contudo, a introdução de cultivares clonais a partir de 1993 (BRAGANÇA et al., 1993), juntamente com a adoção limitada de clones na renovação de lavouras, podem resultar na perda de diversidade genética. Isso pode comprometer o desenvolvimento de novas cultivares, através da redução da base genética. Nesse sentido, é importante caracterizar e preservar os genótipos antigos remanescentes no sul do Espírito Santo (ZAIDAN et al., 2023), pois representam uma fonte importante de variabilidade genética da espécie (FONSECA et al., 1996).

Estimulados pela relevância socioeconômica de *C. canephora* no Espírito Santo e a possível redução da base genética devido à renovação das lavouras, o grupo de pesquisa em Melhoramento Genético do *C. canephora* do CCAE/UFES realizou uma coleta importante em 2017 em quatro municípios do sul do estado: Alegre, Cachoeiro de Itapemirim, Jerônimo Monteiro e São José do Calçado. Foram coletadas sementes provenientes de 388 plantas matrizes presentes em lavouras que possuíam idade entre 15 e 80 anos. Para garantir a variabilidade genética e a representatividade de genótipos promissores, as lavouras foram monitoradas ao longo de três anos. Os critérios de seleção foram: (A) as lavouras tinham que

ser provenientes de sementes; (B) não possuir nenhum genótipo melhorado de propagação clonal; (C) não possuir lavouras próximas com genótipos melhorados; (D) não terem sido disponibilizadas para estudos ou ter havido coleta de genótipos nestas lavouras. As plantas matrizes foram selecionadas com base na produtividade relatada, no vigor vegetativo e na sanidade observada em campo. As sementes coletadas foram propagadas, resultando em 1.940 genótipos que foram utilizadas para instalação de um experimento em Mimoso do Sul em 2018. Após dois anos de análise, a população apresentou genótipos divergentes em desenvolvimento vegetativo e tolerância a estresses bióticos e abióticos (ZAIDAN et al., 2022). Além disso, por meio marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) em 246 genótipos desta população revelaram resultados importantes de diversidade genética (ZAIDAN et al., 2023). Assim, a coleta de germoplasma no sul do estado e os resultados promissores indicam genótipos com potencial para ampliar a diversidade genética, visando o melhoramento da espécie. Nesse sentido, é fundamental dar continuidade aos estudos sobre os genótipos dessa população, avaliar novas características e expandir as pesquisas com esses genótipos.

A avaliação da qualidade da bebida tem um papel fundamental na valorização e sustentabilidade do setor cafeeiro (SOUZA et al., 2018). É crucial entender as preferências desses mercados, que contam com fornecedores competitivos e alinhados às suas exigências. Essa abordagem visa recuperar mercados existentes, conquistar novos compradores e expandir a participação do *C. canephora* em todas as formas de consumo (MACHADO FILHO et al., 2020). A avaliação da qualidade da bebida é uma ferramenta estratégica para identificar genótipos de *C. canephora* que atendem a padrões exigidos pelo mercado, elevando a competitividade e a valorização comercial da espécie. Estudos recentes têm demonstrado avanços significativos nessa área (DALAZEN et al., 2020; LEMOS et al., 2020; PEREIRA et al., 2020; MORAIS et al., 2021; BOLLEN et al., 2024). A identificação de genótipos de *C. canephora* que alcancem altas pontuações finais é importante para atender à demanda do mercado por atributos e perfis sensoriais desejáveis. Essa abordagem pode aumentar a competitividade do setor e possibilitar a manutenção e o incremento de preços e valores agregados.

Embora o *C. canephora* seja de grande importância para o estado do Espírito Santo, observa-se poucos estudos com marcadores moleculares relacionados ao germoplasma local. Esses marcadores são ferramentas essenciais no melhoramento genético, especialmente em estudos de diversidade genética e estrutura populacional. Entre os diversos tipos de

marcadores, os SNPs se destacam por sua ampla distribuição genômica e eficácia (GARAVITO et al., 2016; SPINOSO-CASTILLO et al., 2020; KIMWEMWE et al., 2023). Considerando essa demanda, Zaidan et al. (2023) avaliaram 246 genótipos da população, incluindo 35 genótipos de clones comerciais cultivados no estado. Essa avaliação destacou o potencial dos genótipos como fontes de recursos genéticos para o melhoramento (ZAIDAN et al., 2023). Levando-se em consideração os resultados prévios, verificou-se a necessidade de expandir o número de genótipos avaliados e incluir outros de relevância. Essa abordagem ajudará a compreender melhor as bases genéticas do *C. canephora* e servirá para identificar possíveis parentais em cruzamentos dirigidos, por meio da seleção de genótipos divergentes.

A aplicação de metodologias que integrem dados sobre a qualidade da bebida e abordagens genômicas com SNPs podem ser relevantes para a seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento genético. Nesse cenário, o Estudo de Associação Genômica Ampla (*Genome-Wide Association Studies*; GWAS) emerge como uma estratégia promissora para identificar a relação entre o fenótipo desejado e o genótipo através da localização de regiões genômicas que influenciam características específicas. Essa abordagem permite a identificação de SNPs relevantes, potencialmente associados a genes que afetam o fenótipo (GONZÁLEZ et al., 2017; VISSCHER et al., 2017; MONTEIRO et al., 2021; MIR et al., 2023). As informações obtidas podem acelerar a seleção de genótipos superiores possibilitando o desenvolvimento de novas cultivares de café. Além de aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético através da seleção assistida por marcadores moleculares (ALKIMIM et al., 2017; SOUSA et al., 2019; ASHWATH et al., 2023; MIR et al., 2023). Ademais, os marcadores moleculares são independentes das condições ambientais e podem ser aplicados em qualquer fase do desenvolvimento da planta (ALMEIDA et al., 2021). Um estudo com espécimes de *Coffea* spp., incluindo *C. canephora*, identificou SNPs significativamente associados ao conteúdo de cafeína e trigonelina, os quais impactam a qualidade da bebida (SPINOSO-CASTILLO et al., 2022).

Levando-se em consideração os contextos apresentados, foi desenvolvida a presente Tese de Doutorado em Genética e Melhoramento, na área de concentração Genética e Melhoramento e na linha de pesquisa Melhoramento e Recursos Genéticos. A Tese foi dividida em três capítulos sendo o Capítulo I com foco na avaliação da qualidade da bebida; o Capítulo II com foco no estudo da diversidade genética e estrutura populacional; e no Capítulo III dedicou-se ao estudo de GWAS para características da qualidade da bebida.

## OBJETIVOS

### OBJETIVO GERAL

Avaliar a qualidade da bebida, a diversidade genética e a estrutura populacional, além de realizar um estudo de associação genômica ampla para a qualidade da bebida em genótipos inéditos de *Coffea canephora* de propagação seminal provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do sul do Estado do Espírito Santo, com foco no seu potencial para o melhoramento genético e conservação.

### OBJETIVOS ESPECÍFICOS

#### Capítulo I:

- Avaliar a qualidade da bebida de 172 genótipos de *C. canephora*, representativos de 167 famílias de meios-irmãos e cinco clones comerciais, por meio de atributos sensoriais e perfis de qualidade, em dois anos de produção (2022 e 2023).
- Identificar genótipos divergentes em relação aos atributos e perfis sensoriais da bebida do café.

#### Capítulo II:

- Avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional de 649 genótipos de *C. canephora* por meio de marcadores SNPs, abrangendo genótipos de propagação seminal oriundos de matrizes antigas selecionadas em lavouras no sul do Espírito Santo, clones comerciais e outros genótipos representativos da espécie.
- Verificar o potencial dos genótipos de propagação seminal provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas no sul do Espírito Santo como fonte de diversidade genética para conservação e bancos de germoplasma de *C. canephora*.

### Capítulo III:

-Identificar SNPs que apresentem associações significativas por meio da abordagem de GWAS para pontuação final e em atributos sensoriais da qualidade da bebida em genótipos de *C. canephora*;

-Identificar marcadores localizados em genes candidatos ao controle das características.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALKIMIM, E. R. et al. Marker-assisted selection provides arabica coffee with genes from other *Coffea* species targeting on multiple resistance to rust and coffee berry disease. **Molecular Breeding**, v. 37, p. 1-10, 2017.
- ALMEIDA, D. P. de et al. Marker-assisted pyramiding of multiple disease resistance genes in coffee genotypes (*Coffea arabica*). **Agronomy**, v. 11, n. 9, p. 1763, 2021.
- ASHWATH, M. N. et al. Genome-wide association studies: an intuitive solution for SNP identification and gene mapping in trees. **Functional & Integrative Genomics**, v. 23, n. 4, p. 297, 2023.
- BOLLEN, R. et al. Sensory profiles of Robusta coffee (*Coffea canephora*) genetic resources from the Democratic Republic of the Congo. **Frontiers in Sustainable Food Systems**, v. 8, p. 1382976, 2024.
- BRAGANÇA, S. M. et al. "EMCAPA 8111", "EMCAPA 8121", "EMCAPA 8131": primeiras variedades clonais de café conilon lançadas para o Espírito Santo. EMCAPA, Vitória - ES, Brazil, 1993.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de café – v.11, n.3 (2024) – Brasília: Conab, 2024. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 18 nov. 2024.
- DALAZEN, J. R. et al. Beverage quality of most cultivated *Coffea canephora* clones in the Western Amazon. **Coffee Science**, v. 15, p. e151711, 2020.
- DAVIS, A. P. A new combination in *Psilanthus* (Rubiaceae) for Australasia, and nomenclatural notes on Paracoffea. **Novon**, p. 182-184, 2003.
- DAVIS, A. P. et al. Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data; implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 167, n. 4, p. 357-377, 2011.
- DAVIS, A. P.; RAKOTONASOLO, F. Six new species of coffee (*Coffea*) from northern Madagascar. **Kew Bulletin**, v. 76, n. 3, p. 497-511, 2021.
- MACHADO FILHO, J. A. et al. Qualidade e classificação do café Conilon. Informe Agropecuário. **Cafés Conilon e Robusta: potencialidades e desafios**, Belo Horizonte, v.41, n.309, p.114-123, 2020.
- FONSECA, A. F. A. da. Propagação assexuada de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: PAIVA, R. **Workshop sobre avanços na propagação de plantas lenhosas**. Univ. Federal de Lavras-UFLA, LAVRAS-MG, 1996, p. 31-34.

GARAVITO, A. et al. Identification by the DArTseq method of the genetic origin of the *Coffea canephora* cultivated in Vietnam and Mexico. **BMC Plant Biology**, v. 16, p. 1-12, 2016.

GONZÁLEZ, A. M.; GODOY, L.; SANTALLA, M. Dissection of resistance genes to *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* in UI3 common bean cultivar. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 18, n. 12, p. 2503, 2017.

HAMON, P. et al. Genotyping-by-sequencing provides the first well-resolved phylogeny for coffee (*Coffea*) and insights into the evolution of caffeine content in its species: GBS coffee phylogeny and the evolution of caffeine content. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 109, p. 351-361, 2017.

ICO - International Coffee Organization. Coffee report and outlook - December 2023. Disponível em: <https://icocoffee.org/>. Acesso em: 06 dez. 2024.

KIMWEMWE, P. K. et al. Population structure and genetic diversity of Rice (*Oryza sativa* L.) germplasm from the Democratic Republic of Congo (DRC) using DArTseq-Derived single nucleotide polymorphism (SNP). **Agronomy**, v. 13, n. 7, p. 1906, 2023.

LASHERMES, P. et al. Inheritance and genetic mapping of self-incompatibility in *Coffea canephora* Pierre. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, p. 458-462, 1996.

LEMOS, M. F. et al. Chemical and sensory profile of new genotypes of Brazilian *Coffea canephora*. **Food Chemistry**, v. 310, p. 125850, 2020.

MERLO, P. M. da S. **Conilon capixaba: 100 anos de desafios, crescimento e evolução**. Vitória, ES: Bumerangue Produção de Comunicação, 2012.

MIR, Z. A. et al. Recent advances on genome-wide association studies (GWAS) and genomic selection (GS); prospects for *Fusarium* head blight research in Durum wheat. **Molecular Biology Reports**, v. 50, n. 4, p. 3885- 3901, 2023.

MORAIS, J. A. de et al. Beverage quality of *Coffea canephora* genotypes in the western Amazon, Brazil. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 43, p. e52095, 2021.

MONTEIRO, A. L. R. et al. Genome-wide association study (GWAS) of *Phaseolus vulgaris* resistance to *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*. **Plant Pathology**, v. 70, n. 7, p. 1733-1744, 2021.

PARTELLI, F. L. História do café, com foco no Conilon. In: PARTELLI, F. L. História de Vila Valério: Colonização, desenvolvimento e café Conilon, 1ª ed. Vila Valério, Espírito Santo, Brasil, pp 129–140, 2016.

PEDEAG 4: Plano Estratégico de Desenvolvimento da Agricultura Capixaba 2023/2032. Governo do Estado do Espírito Santo, 2023. Disponível em: <https://seag.es.gov.br/>. Acesso em: 06 dez. 2024.

PEREIRA, P. V. et al. Effect of altitude and terrain aspect on the chemical composition of *Coffea canephora* cherries and sensory characteristics of the beverage. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 101, n. 6, p. 2570-2575, 2020.

POWO - Plants of the World Online. *Coffea* L. Facilitado pelo Royal Botanic Gardens, Kew, 2025. Publicado na Internet; <http://www.plantsoftheworldonline.org/>. Acesso em: 29 jan. 2025.

SILVA, A. E. S. et al. Importância econômica e social do café Conilon no Estado do Espírito Santo. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G.; MUNER, L. H. **Café Conilon**. 2 ed. Vitória, ES: Incaper, 2017. 784p.

SOUSA, T. V. et al. Early selection enabled by the implementation of genomic selection in *Coffea arabica* breeding. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1934, 2019.

SOUZA, C. A. et al. Characterization of beverage quality in *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner. **Coffee Science**, v. 13, n. 2, p. 210-218, 2018.

SOUZA, F. de F. et al. Molecular diversity in *Coffea canephora* germplasm conserved and cultivated in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 221-227, 2013.

SPINOSO-CASTILLO, J. L. et al. Genetic diversity of coffee (*Coffea* spp.) in Mexico evaluated by using DArTseq and SNP markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 67, p. 1795-1806, 2020.

SPINOSO-CASTILLO, J. L. et al. SNP markers identification by genome wide association study for chemical quality traits of coffee (*Coffea* spp.) Germplasm. **Molecular Biology Reports**, v. 49, n. 6, p. 4849-4859, 2022.

STOFFELEN, P. et al. A new coffee species from South-West Cameroon, the principal hotspot of diversity for *Coffea* L. (Coffeaceae, Ixoroideae, Rubiaceae) in Africa. **Adansonia**, v. 43, n. 26, p. 277-285, 2021.

VISSCHER, P. M. et al. 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation. **The American Journal of Human Genetics**, v. 101, n. 1, p. 5-22, 2017.

Z Aidan, I. R. et al. Germplasm characterization of half-sib families from seminal matrices of *Coffea canephora*. **Agronomy Journal**, v. 115, n. 1, p. 108-122, 2022.

Z Aidan, I. 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, n. 19, 2023.

## **CAPÍTULO I: QUALIDADE DA BEBIDA DE GENÓTIPOS DE *Coffea canephora* DE RECURSOS GENÉTICOS ANTIGOS DO SUL DO ESPÍRITO SANTO, BRASIL**

### **RESUMO**

A caracterização da qualidade da bebida de recursos genéticos de *Coffea canephora* no sul do Espírito Santo é importante para a valoração e conservação destes genótipos, dada a crescente substituição de lavouras seminais por clones comerciais. Neste estudo avaliaram-se atributos sensoriais, pontuação final e perfis sensoriais de 172 genótipos, sendo 167 de propagação seminal oriundos de plantas matrizes selecionadas de lavouras antigas no Espírito Santo, e cinco clones comerciais. Os atributos sensoriais variaram em suas pontuações, exceto uniformidade e xícara limpa, que receberam a pontuação máxima. A pontuação final média foi de 81,92, com valores que variaram entre 80,81 e 84,08, classificando todos os genótipos como Finos. Um total de 11 *clusters* quanto aos atributos sensoriais e à pontuação final foram observados, demonstrando divergência entre os genótipos, e clones comerciais distribuídos em dois *clusters*. Identificaram-se 48 perfis na roda de sabores, e 25 não presentes na roda, alguns mais predominantes que outros. Correlações entre os atributos sensoriais e a pontuação final foram identificadas. Coletivamente, os resultados demonstram o potencial dos genótipos de *C. canephora* para produção de cafés de maior qualidade. Os achados abrem novas oportunidades para o melhoramento genético e valorização da diversidade sensorial de recursos genéticos antigos de *C. canephora*.

**Palavras-chave:** Café; Melhoramento genético; Análise sensorial; Diversidade; Conservação.

## 1 INTRODUÇÃO

O gênero *Coffea* L. (Rubiaceae) engloba 131 espécies reconhecidas (POWO, 2025). Dentre elas, *Coffea arabica* L. e *C. canephora* Pierre ex A. Froehner destacam-se como as de maior relevância econômica global (DAVIS et al., 2011; ICO, 2023). No Brasil, a cafeicultura ocupa 1,9 milhões de hectares, com produtividade média de 28,8 sacas por hectare. Em 2024, a produção totalizou 54,8 milhões de sacas (CONAB, 2024), sendo 72,4% de *C. arabica* e 27,6% de *C. canephora*. O Espírito Santo lidera a produção nacional desta última, com 262 mil hectares cultivados e 65,5% do volume total (9,97 milhões de sacas), consolidando sua posição estratégica na cafeicultura brasileira (CONAB, 2024).

Historicamente, o *C. canephora* ocupou uma posição secundária em relação ao *C. arabica* nos mercados nacional e internacional, principalmente devido à percepção associada à suposta qualidade inferior de seus grãos. Isso resultou em preços mais baixos e na escassez de incentivos para melhorar sua qualidade (MACHADO FILHO et al., 2020). Contudo, a demanda por café de alta qualidade de *C. canephora* tem aumentado significativamente, evidenciando a necessidade de caracterizar e valorizar esses grãos (CAMPUZANO-DUQUE et al., 2022; MUHIE, 2022; BAQUETA et al., 2024). Nesse sentido, o mercado global de café está se tornando mais exigente, e é importante considerar suas preferências, uma vez que os compradores têm acesso a fornecedores competitivos. Para recuperar mercados e expandir a participação do *C. canephora*, é fundamental atender a essas demandas (MACHADO FILHO et al., 2020).

Neste cenário, a avaliação da qualidade da bebida é essencial para valorizar o setor cafeeiro (SOUZA et al., 2018). Para viabilizar e fortalecer a avaliação comercial da qualidade de bebida de *C. canephora* foi desenvolvido o protocolo *Fine Robusta Standards and Protocols* pelo *Coffee Quality Institute/Ugandan Coffee Development Authority* (CQI/UCDA) em que é feita a avaliação quantitativa da qualidade do café por meio de um sistema de pontuação em uma escala total de até 100 pontos (HETZEL, 2011). Para complementar esta avaliação e revelar informações mais amplas sobre as características sensoriais do café, foram desenvolvidos os léxicos e a Roda de Sabores do Degustador de Café. Essas ferramentas visam aprimorar a degustação de café padrão por meio da identificação de perfis sensoriais mais detalhados (CHAMBERS et al., 2016; SPENCER et al., 2016).

A avaliação da qualidade da bebida é uma ferramenta estratégica para identificar genótipos de *C. canephora* que atendem a padrões exigidos pelo mercado, elevando a competitividade e a valorização comercial da espécie. Estudos recentes têm demonstrado avanços significativos nessa área (LEMOS et al., 2020; POLÁKOVÁ et al., 2023; MIHAI et al., 2024; VIENCZ et al., 2024). Embora os resultados sejam promissores, alguns estudos têm se concentrado em um número limitado de genótipos e, em algumas situações, não exploram os perfis sensoriais. A escassez de dados sobre a qualidade da bebida incluindo a diversidade de perfis sensoriais específicos de cada genótipo restringe a compreensão integral de sua qualidade, especialmente em populações geneticamente diversificadas (BOLLEN et al., 2024). Isso evidencia uma oportunidade para pesquisas que considerem um maior número de genótipos e caracterizem os perfis sensoriais.

A região sul do Espírito Santo é o local da introdução do *C. canephora* no Brasil. Em 1911, os primeiros genótipos foram estabelecidos em Cachoeiro de Itapemirim (MERLO, 2012; PARTELLI, 2016), originando lavouras derivadas da propagação seminal de matrizes selecionadas por agricultores (FERRÃO et al., 2017). A partir de 1993, no entanto, a adoção de cultivares clonais (BRAGANÇA et al., 1993) impulsionou a substituição dessas lavouras por mudas clonais. Esse processo, aliado ao uso limitado de genótipos comerciais, elevou o risco de estreitamento da base genética local. Tal redução é preocupante, pois a diversidade genética é indispensável para o melhoramento da cultura (ZAIDAN et al., 2023). Nesse contexto, os genótipos antigos remanescentes na região destacam-se como reservatórios de variabilidade ainda não explorada (FONSECA et al., 1996). Esses recursos são fundamentais para a sustentabilidade da cafeicultura, pois além de representarem um patrimônio genético, oferecem variabilidade essencial para o desenvolvimento de clones adaptados às condições locais. Portanto, sua caracterização e conservação tornam-se importantes, garantindo a preservação e uso da diversidade desses recursos genéticos.

Em 2018, o grupo de pesquisa em melhoramento genético de *C. canephora* da Universidade Federal do Espírito Santo estabeleceu um experimento no município de Mimoso do Sul, no sul do estado. Este experimento contou com 1.940 genótipos de propagação seminal, originários de 388 famílias de meios-irmãos, cuja matriz se destacou por seu vigor, sanidade e produção em lavouras antigas da região. Estudos preliminares revelaram genótipos divergentes em características de desenvolvimento vegetativo, além de respostas a estresses bióticos e abióticos (ZAIDAN et al., 2022) e por marcadores SNPs (ZAIDAN et al., 2023). Coletivamente, esses resultados prévios ressaltam a riqueza genética

presente na população estudada, indicando um potencial significativo para o melhoramento genético de *C. canephora*. Portanto, é fundamental dar continuidade a investigações complementares nessa população, com ênfase na avaliação da qualidade da bebida. Isso é relevante porque esses genótipos antigos, ainda não explorados, podem representar uma porção importante de complexidades sensoriais específicas de *C. canephora*, cujo potencial permanece ainda desconhecido. Isso permitirá uma compreensão mais profunda sobre o potencial desses genótipos como fontes para o melhoramento do café, desempenhando um papel essencial na valorização dos recursos genéticos.

Objetiva-se avaliar a qualidade da bebida de genótipos inéditos de *C. canephora*, de propagação seminal provenientes de matrizes selecionadas de lavouras antigas no Espírito Santo. A análise incluirá a avaliação de atributos e perfis sensoriais e a pontuação final da qualidade da bebida, ao longo de dois anos de produção. Serão combinados a degustação padrão de café seguindo o *Fine Robusta Standards and Protocols* com descritores sensoriais definidos pela Roda de Sabores do Degustador de Café para investigação da complexidade sensorial dos genótipos estudados. Busca-se contribuir para a valorização dos genótipos e a sustentabilidade da cafeicultura na região, atendendo à crescente demanda global por cafés de alta qualidade.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 MATERIAL VEGETAL**

Foram avaliados 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 foram selecionados a partir de um total de 1.940 genótipos, com base no vigor vegetativo e no potencial produtivo. Esses genótipos estão distribuídos entre 388 famílias de meios-irmãos de propagação seminal. As famílias foram oriundas de matrizes selecionadas em 208 lavouras antigas do sul do Espírito Santo, que possuíam idades variando entre 15 e 46 anos. A região sul do estado foi escolhida para a coleta porque foi a primeira a receber os genótipos de Conilon introduzidos no Brasil. As famílias de meios-irmãos estão mantidas em um experimento instalado em abril de 2018, em delineamento de blocos aumentados de Federer, localizado em Mimoso do Sul, na região sul do Espírito Santo, Brasil (21° 03' 01" S, 41° 30' 44" W, 190 m). O espaçamento é de 2,5 m entre linhas e 1,0 m entre plantas. O experimento foi

conduzido em condições de sequeiro, sem a aplicação de irrigação suplementar, utilizando exclusivamente a precipitação natural como fonte de água. Cinco clones comerciais cultivados no estado (A1, P2, RBS, RO e Verdin) foram utilizados como controle no experimento. A listagem dos 172 genótipos, com informações sobre sua origem, é apresentada na Tabela Suplementar 1.

## 2.2 COLHEITA E PROCESSAMENTO DO CAFÉ

A colheita foi realizada em dois anos de produção, 2022 e 2023. A colheita manual de todos os frutos da planta foi realizada quando a planta apresentava uma proporção de frutos maduros na planta de ~80%. Após a colheita, foi realizada a pesagem em balança digital (resolução de 0,01 kg) e os maduros foram manualmente separados, para manutenção na amostra apenas dos frutos cereja. Em seguida os frutos foram lavados para a retirada de impurezas aderidas à superfície e a separação de frutos bóia, que poderiam incluir chochos, mal granados, brocados, secos, malformados e imaturos, uma vez que possuem impacto negativo para a qualidade do café. Em seguida, foram submetidos à secagem natural em um terreiro suspenso coberto com plástico, até atingir umidade de  $12 \pm 1$  % (base úmida, bu), estimada com o auxílio de um medidor de umidade de grãos modelo G610i (Gehaka). Após o beneficiamento, foi feita a remoção manual dos grãos verdes, pretos, ardidos, brocados, quebrados, cascas e outras impurezas das amostras, os quais foram descartados.

## 2.3 TORRA E MOAGEM

As amostras foram avaliadas no Centro de Cafés Especiais do Espírito Santo (CECAFES), pertencente ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) de Venda Nova do Imigrante – ES. Em cada ano de avaliação, foram avaliadas três amostras de 100 gramas de café de cada genótipo, totalizando três repetições para cada um. Cada amostra foi então submetida à torra em um torrador de amostras Probat TP2- Leogap, com o conjunto de discos Agtron-SCAA, e o ponto de torra dessas amostras ficou entre as cores determinadas pelo disco #50 para cafés especiais (HETZEL, 2011). Durante a torra, fatores como temperatura e tempo de torra foram monitorados por

termômetros e cronômetros, respectivamente, dentro da faixa de tempo entre 8 e 12 minutos. Após a torra e o resfriamento a 20 °C, os grãos foram armazenados em recipientes metálicos por 24 horas antes da moagem. O moinho de prova (Carmomaq) foi ajustado para que o tamanho das partículas moídas do café torrado passassem por uma peneira com furos de tamanho correspondente a 20 meshes.

## 2.4 ANÁLISE SENSORIAL

Cada amostra foi degustada por quatro avaliadores *Q Robusta Graders* em cinco xícaras. A concentração ótima de 8,75 g de café moído em 150 mL de água foi adotada (HETZEL, 2011). O ponto de infusão da água foi 93 °C. A avaliação pelos degustadores se iniciou no momento em que a temperatura dos copos atingiu 55 °C, respeitando o tempo de quatro minutos para degustação após a infusão. A avaliação ocorreu utilizando o *Fine Robusta Standards and Protocols* proposto pelo *Coffee Quality Institute/Ugandan Coffee Development Authority* (CQI/UCDA) (HETZEL, 2011). Foram avaliados os atributos sensoriais: fragrância/aroma, sabor, sabor residual, acidez/salinidade, sensação na boca, balanço, uniformidade, xícara limpa, amargor/doçura e geral. Cada atributo recebeu pontuação, com valor máximo de 10 pontos, as quais são somadas, e posteriormente subtraídas de possíveis defeitos leves ou graves encontrados na amostra, gerando assim a pontuação final (Figura Suplementar 1). Com base na pontuação final, foi possível determinar a chave de descrição da qualidade do café e sua classificação de acordo com o CQI/UCDA (HETZEL, 2011) (Tabela Suplementar 2).

Durante a análise sensorial, foram avaliados os perfis sensoriais, citados pelos avaliadores no campo de notas (Figura Suplementar 1). Os perfis foram interpretados considerando seus respectivos ângulos da roda de sabores do degustador de café (Figura Suplementar 2). Para a tabulação dos dados coletados, foram atribuídos valores de presença (1) ou ausência (0) para cada perfil identificado.

## 2.5 ANÁLISE DOS DADOS

Para a análise dos dados, foram considerados os valores médios dos dois anos de avaliação. Os dados referentes aos atributos sensoriais e à pontuação final foram submetidos à análise de correlação de Pearson, utilizando o pacote *agricolae* (MENDIBURU; MENDIBURU, 2019). O agrupamento pelo método Ward.D2, a partir da distância euclidiana média padronizada, foi realizado com os pacotes *vegan* (OKSANEN et al., 2013), *ggtree* (YU et al., 2017) e *ggplot2* (WICKHAM et al., 2016). Além disso, foi feito um agrupamento hierárquico (método da ligação média) utilizando a distância euclidiana, baseado nas informações de presença e ausência dos perfis sensoriais identificados nas avaliações dos dois anos. Para isso, foram utilizados os pacotes *phheatmap* (KOLDE, 2019) e *RcolorBrewer* (NEUWIRTH; NEUWIRTH, 2014). Coeficientes de correlação pontual bisserial entre a pontuação final e os atributos sensoriais em relação aos perfis sensoriais foram estimados utilizando o pacote *agricolae* (MENDIBURU; MENDIBURU, 2019). Todas as análises foram conduzidas utilizando o software R versão 4.2.3 (R CORE TEAM, 2025).

## 3 RESULTADOS

### 3.1 PONTUAÇÃO FINAL E ATRIBUTOS SENSORIAIS

A pontuação média final obtida foi de 81,92, com um intervalo variando entre 80,81 e 84,08 (Tabela 1). Segundo o protocolo proposto pelo CQI/UCDA para avaliação da qualidade da bebida de *C. canephora*, pontuações que ficam entre 80 e 90 pontos são classificadas como "Fino" tanto no parâmetro "descrição da qualidade" quanto no parâmetro "classificação" (Tabela Suplementar 2). Os atributos sensoriais apresentaram médias variando entre 7,47 para acidez/salinidade e 10,00 para uniformidade e xícara limpa. Os atributos de uniformidade e xícara limpa atingiram a pontuação máxima de 10,00 em todos os genótipos analisados. O desvio padrão dos atributos sensoriais variou entre 0,00 (para uniformidade e xícara limpa) e 0,16 (para o atributo geral), enquanto a pontuação final teve um desvio padrão de 0,60 (Tabela 1). A Figura 1 apresenta os *boxplots* e a Figura

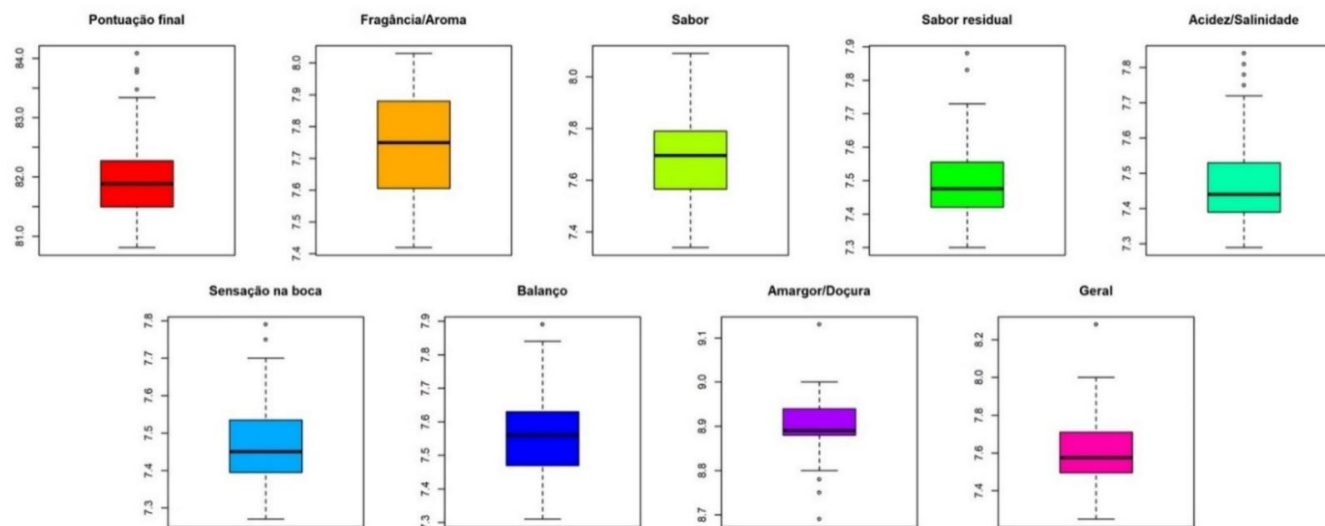
Suplementar 1 apresenta gráficos de densidade referentes a pontuação final e os atributos sensoriais.

Identificou-se uma correlação positiva e significativa ( $p\text{-value} < 0,001$ ) entre a pontuação final e oito dos dez atributos sensoriais, com coeficientes de Pearson  $\geq 0,50$  (Tabela 2). Os atributos uniformidade e xícara limpa foram excluídos da análise devido à ausência de variabilidade (pontuação idêntica entre todos os genótipos). O atributo geral correlacionou-se positivamente com os demais (coeficientes  $\geq 0,31$ ), enquanto amargor/doçura apresentou correlações positivas mais modestas (coeficientes  $\geq 0,27$ ). O atributo balanço mostrou correlação positiva com fragrância/aroma ( $r = 0,19$ ), sabor ( $r = 0,23$ ) e coeficientes  $\geq 0,33$  com os demais. Destacou-se uma forte correlação entre sabor e fragrância/aroma ( $r = 0,86$ ). Em contraste, correlações negativas significativas foram observadas entre: fragrância/aroma e sabor residual ( $r = -0,20$ ), acidez/salinidade ( $r = -0,20$ ) e sensação na boca ( $r = -0,35$ ); sabor e sensação na boca ( $r = -0,18$ ). A maioria das correlações foi significativa, exceto entre sabor e sabor residual ou acidez/salinidade (Tabela 2).

**Tabela 1.** Valor médio, mínimo e máximo, desvio padrão e estimativa do coeficiente de variação (CV %) da pontuação final e dos atributos sensoriais associados à qualidade da bebida avaliada em dois anos de produção em 172 genótipos *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais.

	Pontuação final	Fragrância/ aroma	Sabor	Sabor residual	Acidez/ salinidade	Sensação na boca	Balanço	Uniformidade	Xícara limpa	Amargor/ doçura	Geral
Média	81,92	7,74	7,69	7,49	7,47	7,47	7,56	10,00	10,00	8,90	7,61
Min - Máx	80,81 - 84,08	7,42 - 8,03	7,34 - 8,09	7,30 - 7,88	7,29 - 7,84	7,27 - 7,79	7,31 - 7,89	10,00 - 10,00	10,00 - 10,00	8,69 - 9,13	7,25 - 8,28
Desvio padrão	0,60	0,15	0,15	0,11	0,10	0,10	0,11	0,00	0,00	0,06	0,16
CV (%)	0,74	1,97	1,93	1,41	1,40	1,30	1,44	0,00	0,00	0,72	2,10

**Figura 1.** *Boxplots* da pontuação final e atributos sensoriais da qualidade da bebida avaliada em dois anos de produção em 172 genótipos *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais. A caixa representa o intervalo entre o 1º e 3º quartis, com a mediana indicada pela linha horizontal. As barras de extremidade estendem-se até os valores mínimo e máximo, excluindo os *outliers*, indicados pelos pontos.



**Tabela 2.** Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson entre os valores médios de dois anos de produção da pontuação final da bebida e os atributos sensoriais avaliados em 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais.

	Pf	Fra	Sab	Sres	Sac	Sbo	Bal	Adoc
Pf	-	-	-	-	-	-	-	-
Fra	0,50	-	-	-	-	-	-	-
Sab	0,62	0,86	-	-	-	-	-	-
Sres	0,64	-0,20	-	-	-	-	-	-
Sac	0,57	-0,29	-	0,84	-	-	-	-
Sbo	0,50	-0,35	-0,18	0,77	0,85	-	-	-
Bal	0,76	0,19	0,23	0,53	0,46	0,47	-	-
Adoc	0,62	0,41	0,39	0,30	0,27	0,27	0,33	-
Ger	0,87	0,40	0,49	0,50	0,40	0,31	0,75	0,45

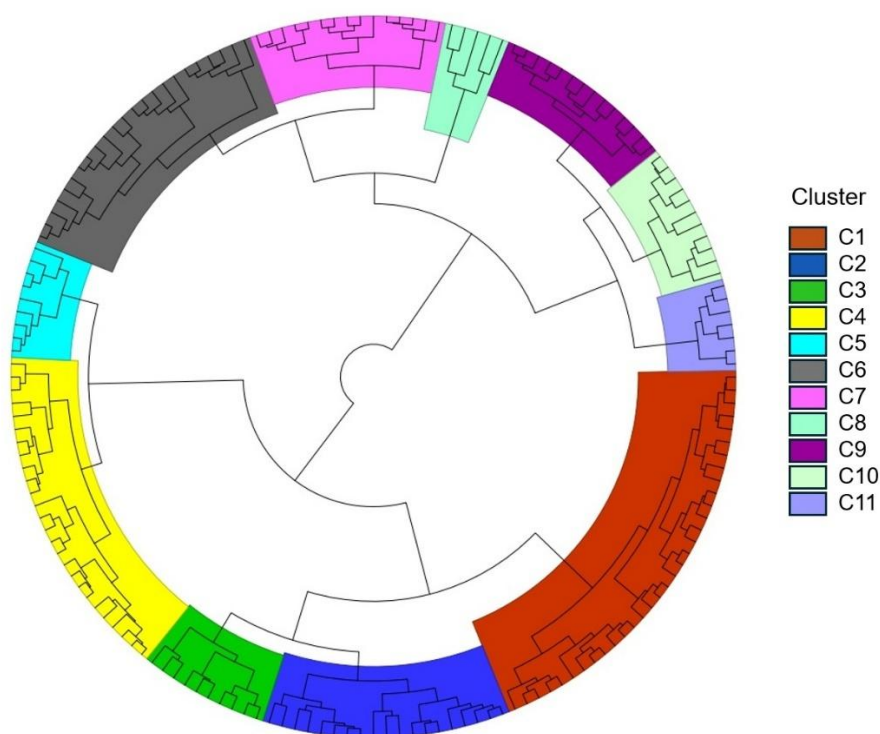
Células destacadas representando os níveis de significância:  $p\text{-value} < 0,05$   $p\text{-value} < 0,01$   $p\text{-value} < 0,001$  Pf = Pontuação final; Fra = Fragrância/aroma; Sab = Sabor; Sres = Sabor residual; Sac = Acidez/salinidade; Sbo = Sensação na boca; Bal = Balanço; Adoc = Amargor/doçura.

A análise de agrupamento dos 172 genótipos a partir da pontuação final e dos atributos sensoriais resultou na formação de 11 *clusters* (Tabela 3; Figura 3). Os clones comerciais P2, RBS e Verdin foram alocados no *cluster* 1, que é o mais numeroso, com 33 genótipos e uma pontuação média de 81,91. Por sua vez, os clones comerciais A1 e RO foram alocados no *cluster* 9, que apresentou uma pontuação média de 82,36 e a maior produtividade estimada, de 47,32 sacas por hectare. Destaca-se também o *cluster* 8, composto por cinco genótipos, que obteve a maior pontuação média final, de 83,69, além do maior valor médio de produção, de 3,20 kg, e o terceiro maior valor de produtividade, de 45,12 sacas por hectare, em comparação aos demais *clusters*. Já o *cluster* 5 apresentou o segundo menor valor médio de pontuação final, com 81,28 pontos e produção e estimativa de produtividade, com os valores 1,45 kg e 23,31 sacas por hectare, respectivamente (Tabela 3).

**Tabela 3.** Distribuição de 172 genótipos de *C. canephora* em 11 clusters. Os clusters foram identificados pelo método Ward.D2, com base na distância euclidiana média padronizada, considerando a pontuação final e os atributos sensoriais associados à qualidade da bebida, avaliados em dois anos de produção. Dentre os genótipos, 167 são de propagação seminal, oriundos de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, enquanto cinco são clones comerciais.

Cluster	Genótipos*	Número de genótipos	Pontuação final (Valor médio) (Min – Máx)	Produção (kg) (média)	Produtividade (sc ha <sup>-1</sup> ) (média)
1	<b>P2</b> , 179.6.3, 162.5.4, 136.19.3, 168.2.4, 31.5, 186.41.1, 173.8.5, 192.5.1, G42.2, G133.3, 173.2, G97.3, G130.3, 161.9.4, G153.3, 28.2.1, 171.6.4, <b>RBS</b> , G153.1, <b>Verdin</b> , G130.5, G75.2, 172.3.1, 186.41.3, G155.1, 162.4.4, 136.23.5, 182.8.3, 24.5, 168.3.2, 162.7.2, 176.4.1	33	81,91 (81,56 – 82,27)	2,44	37,60
2	G37.4, G136.3, 59.5, G128.3, G11.2, 169.10.2, 281.2.2, 57.4, 169.8.2, 183.4.4, 83.2, 172.3.3, 189.4.2, G151.4, G50.4, 144.2.4, G130.1, 86.1, G9.1	19	81,38 (81,02 – 81,65)	2,33	39,55
3	171.2, G129.5, 136.36.3, 182.8.1, 151.8.2, 165.4.1, 59.4, 173.8.2, 181.3.1, G102.4	10	81,16 (80,95 – 81,50)	2,82	40,55
4	179.3.3, G104.2, G128.5, 125.2, 134.1, 7.5, 168.6.1, 162.9.4, 169.6.5, G137.3, 162.2.2, 136.3.4, 170.9.2, 172.7.1, G38.4, G36.5, G64.5, 201.2.1, 170.3, 192.4.4, G151.5, 179.5.5, G41.3, G137.2, 95.2, G8.5	26	81,42 (81,05 – 81,72)	2,44	37,44
5	G17.5, 161.5.5, 168.5.5, 60.3, 181.10.5, 136.19.5, 58.2, G20.3, G33.2	9	81,28 (80,97 – 81,96)	1,45	23,31
6	281.2.1, G62.2, G42.1, G132.5, 39.2, G154.3, G133.1, G43.5, 136.36.2, 179.2.4, 176.2.3, 172.6.1, 162.4.2, 24.4, 161.14.5, G51.4, 186.5.1, G32.1, G123.3, 161.14.4, 186.3.2, 162.9.3, 186.2.5	23	82,52 (82,14 – 83,16)	2,81	46,41
7	G50.3, 186.2.1, 166.2.3, G131.2, 111.1, G37.5, G133.2, 111.2, 46.3, 162.10.1, G129.3, G146.4, G33.1, 169.4.1, 136.32.1	15	81,94 (81,90 – 82,28)	2,32	35,65
8	G73.3, 149.1, 186.5.2, G154.2, 91.3	5	83,69 (83,34 – 84,08)	3,20	45,12
9	G114.4, 192.5, 31.2.3, 179.6.2, G154.4, G114.5, 171.9.2, <b>AI</b> , 173.7.5, <b>RO</b> , 95.1.5, G114.2, 151.8.4, 186.3.4	14	82,36 (81,98 – 82,57)	3,07	47,32
10	168.3.1, 85.1, G95.5, G147.4, G117.1, G38.2, 83.5, G154.1, G93.3, 281.8.2, 125.4	11	81,99 (81,49 – 82,46)	2,65	36,14
11	G151.2, 186.5.3, 173.6.3, G138.1, 183.4.1, 182.9.5, 112.5	7	82,97 (82,81 – 83,19)	2,14	32,23

\*Os clones comerciais foram destacados em vermelho.

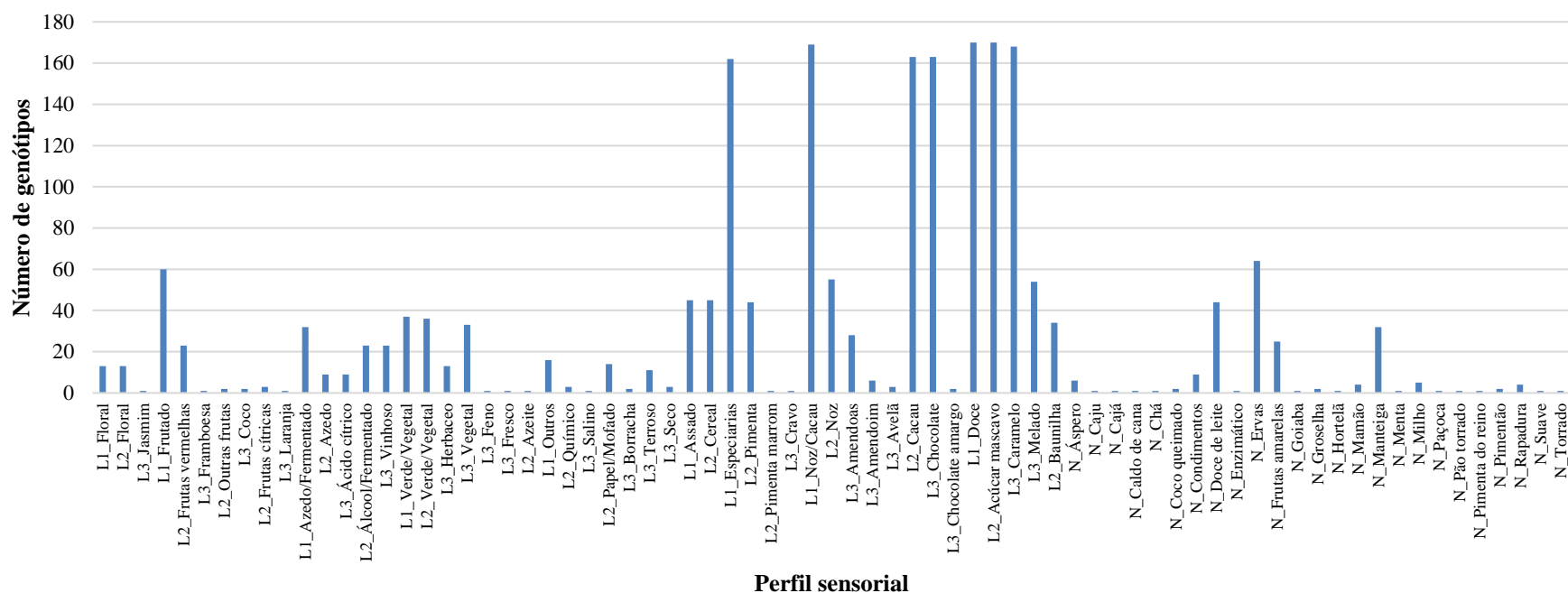


**Figura 3.** Agrupamento obtido pelo método Ward.D2, utilizando a distância euclidiana média padronizada, calculada com base na pontuação final e nos atributos sensoriais da qualidade da bebida, avaliados ao longo de dois anos de produção em 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais. As cores evidenciam 11 *clusters* determinados a partir do critério de Mojena (MOJENA, 1977).

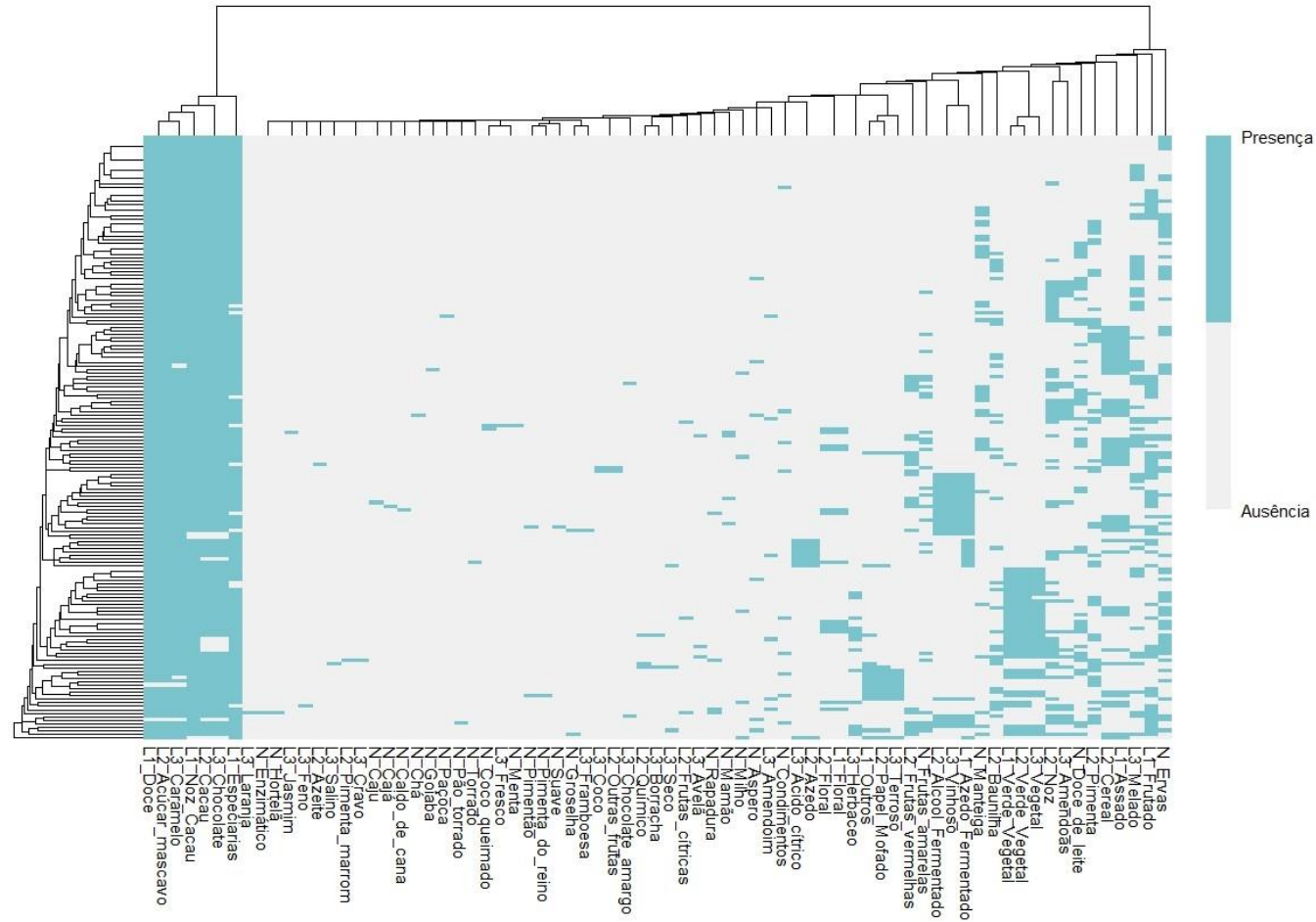
### 3.2 PERFIS SENSORIAIS

A análise de agrupamento, baseada na presença e ausência de perfis sensoriais, evidencia uma clara distinção entre os genótipos, organizados verticalmente na figura (Figura 5). A maioria dos genótipos apresenta uma predominância de perfis que correspondem aos mais frequentes entre eles, como especiarias, chocolate, cacau, noz/cacau, caramelo, açúcar mascavo e doce. Perfis menos frequentes são possíveis ser observados, demonstrando a singularidade sensorial de alguns genótipos e a heterogeneidade sensorial das amostras. A ordenação vertical dos genótipos no dendrograma pode ser visualizada na lista completa disponível na Tabela Suplementar 4.

De forma suplementar, duas representações adicionais dos perfis sensoriais foram elaboradas com base na presença e ausência dos perfis. Na primeira representação, os genótipos foram organizados em 11 *clusters*, previamente identificados por meio da análise de agrupamento utilizando o método de Ward.D2, a partir dos dados dos atributos sensoriais e a pontuação final (Figura Suplementar 4). A disposição dos genótipos, da parte superior à inferior, é detalhada na Tabela Suplementar 5. Na segunda representação, os genótipos foram agrupados conforme a pontuação final, sendo separados em intervalos de 0,5 pontos (Figura Suplementar 5). A ordem dos genótipos, também disposta da parte superior à inferior, pode ser consultada na Tabela Suplementar 6. Em ambas as representações, é possível identificar os perfis predominantes em cada *cluster* de genótipos, com base nos dois critérios: análise de agrupamento e intervalos de pontuação final. As cores utilizadas nas representações dos perfis correspondem às da roda de sabores (Figura Suplementar 2), exceto para os perfis não amostrados na roda, cuja presença foi representada em preto.



**Figura 4.** Gráfico de barras representando o número de genótipos em que cada perfil sensorial foi identificado durante a avaliação da qualidade da bebida em dois anos de produção, abrangendo 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, e cinco são clones comerciais. Na parte inferior, estão exibidos os perfis sensoriais, com sufixos no início de cada identificação que indicam sua posição na roda de sabores do café: L1 = localização interna; L2 = localização intermediária; L3 = localização externa; N = perfis não presentes na roda de sabores.



**Figura 5.** Agrupamento hierárquico (método da ligação média) utilizando a distância euclidiana, com base na presença e ausência de perfis sensoriais identificados na avaliação da qualidade da bebida em dois anos de produção, envolvendo 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, e cinco são clones comerciais. Na parte inferior, estão exibidos os perfis sensoriais, com sufixos no início de cada nome que indicam sua posição na roda de sabores do café: L1 = localização interna; L2 = localização intermediária; L3 = localização externa; N = perfis não presentes na roda de sabores.

### 3.3 CORRELAÇÃO ENTRE A PONTUAÇÃO FINAL E ATRIBUTOS SENSORIAIS X PERFIS SENSORIAIS

A análise de correlação pontual bisserial entre as pontuações finais e os atributos sensoriais em relação aos perfis sensoriais identificados revelou correlações significativas (Tabela 4). Foram observadas correlações tanto positivas quanto negativas entre a pontuação final e todos os oito atributos da análise e os perfis sensoriais. Especificamente, correlações entre a pontuação final e os atributos sensoriais foram identificadas em 32 dos 73 perfis analisados entre os genótipos. Desses, quatro perfis estavam localizados na categoria interna, oito na categoria intermediária, e 12 na categoria externa, enquanto oito perfis não representados na roda de sabores (Tabela 4).

**Tabela 4.** Estimativas dos coeficientes de correlação pontual bisserial entre os valores médios de dois anos de produção, a partir da pontuação final da bebida e os atributos sensoriais em relação aos perfis sensoriais identificados durante a avaliação da qualidade da bebida, abrangendo 172 genótipos de *C. canephora*. Dos 172 genótipos avaliados, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, e cinco são clones comerciais.

Perfil*	Pontuação final	Fragrância/ Aroma	Sabor	Sabor residual	Acidez/ Salinidade	Sensação na boca	Balço	Amargor/ Doçura	Geral
L3_Jasmim	0,18	-	-	0,24	0,23	-	-	-	-
L1_Frutado	-	-	-	-	-	-	-	0,18	-
L2_Outras_frutas	-	-	-	-	-	-	-	0,18	-
L3_Coco	-	-	-	-	-	-	-	0,18	-
L2_Azedo	-	-0,19	-0,17	-	-	-	-	-	-
L3_Ácido_cítrico	-	-0,19	-0,17	-	-	-	-	-	-
L1_Verde_Vegetal	-0,2	-	-	-	-0,17	-0,16	-	-0,2	-
L2_Verde_Vegetal	-0,19	-	-	-	-0,18	-0,16	-	-0,2	-
L3_Herbáceo	-0,17	-	-	-	-	-	-	-	-
L3_Vegetal	-0,18	-	-	-	-0,19	-0,15	-	-0,19	-
L2_Azeite	-	-0,15	-	-	-	-	-	-	-
L1_Outros	-0,21	-	-	-	-	-0,17	-0,27	-0,15	-0,18
L2_Químico	-	-	-	-0,18	-	-	-0,22	-	-
L2_Papel_Mofado	-0,2	-	-	-	-	-	-0,23	-0,17	-0,18
L3_Borracha	-	-	-	-	-	-0,19	-0,2	-	-
L3_Terroso	-0,15	-	-	-	-	-	-0,18	-	-
L3_Seco	-	-	-	-0,17	-	-	-0,16	-	-
L2_Pimenta_marrom	-	-	-	0,16	0,16	0,16	-	-	-
L3_Cravo	-	-	-	0,16	0,16	-	-	-	-
L1_Noz_Cacau	-	0,2	-	-	-	-	-	-	-
L3_Amendoim	-	-	-	-	-	-	-	-0,19	-
L2_Cacau	0,18	0,16	0,17	-	-	-	-	0,17	-
L3_Chocolate	0,18	0,16	0,17	-	-	-	-	0,17	-
L3_Melado	0,2	-	-	0,23	0,21	0,19	0,16	0,2	0,17
N_Doce_de_leite	-	-	-	0,17	0,17	-	-	0,18	0,2
N_Ervas	-	-	-	-	-	-	-	-0,17	-
N_Frutas_amarelas	0,18	-	-	-	-	-	-	0,21	-
N_Mamão	0,15	-	-	-	-	-	-	-	-
N_Manteiga	0,22	-	-	0,16	-	0,19	-	0,24	0,22
N_Rapadura	-	-	-	-	0,16	-	-	-	-
N_Suave	-	-	-	-	-	-	-	-	0,19
N_Torrado	-	-	-0,18	-	-	-	-	-	-

\*Sufixos na identificação de cada perfil sensorial indicam sua posição na roda de sabores do café: L1 = localização interna; L2 = localização intermediária; L3 = localização externa; N = perfis não presentes na roda de sabores. Células destacadas representam os níveis de significância:

$p$ -value < 0,05     $p$ -value < 0,01

## 4 DISCUSSÃO

Neste estudo, avaliou-se a qualidade da bebida de um importante conjunto de genótipos inéditos. A metodologia aplicada foi rigorosa, criteriosa e padronizada, abrangendo todas as etapas, desde a colheita até a análise sensorial, com o objetivo de minimizar as variações potenciais decorrentes do processo metodológico. Os principais achados deste estudo concentram-se em: (i) genótipos de *C. canephora* provenientes de propagação seminal de matrizes selecionadas de lavouras antigas do sul do Espírito Santo, com alta pontuação, e valores superiores aos dos clones comerciais utilizados como controle; (ii) genótipos divergentes quanto aos atributos sensoriais e à pontuação final, com a formação de 11 *clusters* no agrupamento; (iii) a identificação de 48 perfis sensoriais mais e menos frequentes entre os genótipos; (iv) a identificação de 25 perfis não presentes na roda de sabores; (v) correlações significativas entre os atributos sensoriais, a pontuação final e os perfis sensoriais.

A pontuação final da análise sensorial dos 172 genótipos estudados variou de 80,81 a 84,08 pontos, com uma média de 81,92. Esse resultado é consistente com a qualidade da bebida do café Conilon da cultivar clonal “Vitória”, investigada por Filete et al. (2022). Os autores analisaram amostras provenientes de seis municípios das regiões Serrana e Caparaó, no Estado do Espírito Santo, Brasil com altitudes variando entre 376 e 866 metros. Os frutos foram colhidos manualmente, na fase cereja, com maturação superior a 90%, e secos naturalmente em terraços suspensos. As pontuações obtidas variaram de 79,91 (Castelo) a 83,10 (Vargem Alta), com uma média geral de 81,15 pontos. De forma similar, Velásquez et al. (2022) avaliaram vinte plantas de Conilon em 17 lavouras localizadas no Equador, situadas em altitudes de 12, 40, 80 e 625 metros. Os frutos cereja foram selecionados e o processamento natural foi empregado. As pontuações finais variaram de 77,77 (40 metros) a 82,09 (625 metros), com uma média geral de 79,84 pontos, ligeiramente inferior à encontrada no presente estudo.

Os cafés da espécie *C. canephora* podem apresentar características de xícara atraentes, resultando em pontuações de degustação superiores a 80 pontos em uma escala que vai até 100 (HETZEL, 2011). No presente estudo, a variação de pontuação observada, conferiu a todos os genótipos a classificação "Fino", tanto no parâmetro de "descrição da qualidade" quanto no de "classificação" de acordo com a pontuação estabelecida por Hetzel (2011). A indústria de café de maior qualidade de bebida tem experimentado um crescimento

notável globalmente, tornando-se uma tendência proeminente em diversas regiões (SCHUIT et al., 2021; MASPUL et al., 2024). Nesse sentido, cafés de maior qualidade podem oferecer oportunidades para cafeicultores, com produtos valorizados e preços mais altos. A cadeia de valor inclui produtores, intermediários e torrefadoras que definem a qualidade e o público-alvo. De modo que, este processo impacta o valor para o consumidor e a apropriação de valor por todos os envolvidos (BOAVENTURA et al., 2018). A demanda por esses cafés cresce, impulsionada por lojas especializadas e consumidores exigentes que estão em busca de um produto de qualidade (BOAVENTURA et al., 2018).

Em relação aos atributos sensoriais que compõem a pontuação final, foram detectadas variações de pontuação em oito deles: fragrância/aroma, sabor, sabor residual, acidez/salinidade, sensação na boca, balanço, amargor/doçura e geral. Por outro lado, uniformidade e xícara limpa receberam a pontuação máxima (10,00 pontos) para todos os genótipos avaliados. Esses resultados corroboram com os achados de estudos anteriores como Velásquez et al. (2022) que avaliaram genótipos de *C. canephora* no Equador. Bahtiar et al. (2023) que analisaram amostras da Ilha Halmahera, na Indonésia e Bollen et al. (2024) estudaram genótipos de Robusta da República Democrática do Congo. Em todos estes estudos foram identificadas pontuação máxima para uniformidade e xícara limpa. Conforme o protocolo utilizado para análise sensorial, o atributo uniformidade refere-se à consistência do sabor entre as diferentes xícaras da amostra (HETZEL, 2011). A classificação desse atributo é calculada individualmente, xícara por xícara. Atribui-se 2 pontos para cada xícara que apresentar o mesmo sabor das demais. O máximo de 10 pontos é alcançado se todas as cinco xícaras forem iguais. Já o atributo xícara limpa diz respeito à ausência de impressões negativas, desde a primeira ingestão até o sabor final. Qualquer sabor ou aroma que não seja de café desqualifica uma xícara individual. São concedidos 2 pontos para cada xícara que estiver isenta de sabores ou aromas indesejados (HETZEL, 2011). De maneira geral, os dados demonstram padronização e uniformidade em relação a fatores que poderiam interferir na pontuação desses dois atributos. Isso fornece evidências de que as amostras não apresentaram defeitos que comprometessem a avaliação sensorial (DALAZEN et al., 2020).

Os resultados da análise de correlação revelam inter-relações significativas entre os atributos sensoriais e a pontuação final dos genótipos de *C. canephora*. Observou-se que os atributos sensoriais apresentam coeficientes de correlação estimados iguais ou superiores a 0,50. Um exemplo é a correlação positiva entre a pontuação final e o sabor, indicando uma maior pontuação no atributo sabor, que está associada a uma pontuação final mais alta. O

sabor do café, que inclui desde as primeiras impressões até o retrogosto final, resulta da interação entre as sensações gustativas e os aromas percebidos, refletindo a intensidade, qualidade e complexidade dessa combinação (HETZEL, 2011). Além disso, o atributo geral apresentou uma forte correlação com a pontuação final ( $r = 0,87$ ), refletindo a avaliação integrada da amostra, conforme percebida pelo provador. Um café que corresponda às expectativas e apresente qualidades específicas de sabor de origem tende a alcançar uma pontuação elevada (HETZEL, 2011).

Adicionalmente, foram observadas correlações positivas entre os atributos sensoriais, evidenciando as relações entre eles. Destaca-se a correlação entre sabor e fragrância/aroma ( $r = 0,86$ ), características essenciais para a qualidade da bebida. A qualidade aromática e o sabor se mostraram positivamente correlacionados ( $r = 0,86$ ) e agrupados no dendrograma, com base em dados de 21 amostras coletadas de uma fazenda experimental em Tapachula, Chiapas, México, que incluíam genótipos de *C. canephora* e *C. arabica* (GAMBOA-BECERRA et al., 2019). Por outro lado, a qualidade aromática e a acidez apresentaram uma correlação negativa ( $r = -0,55$ ) (GAMBOA-BECERRA et al., 2019), revelando padrões semelhantes aos observados neste estudo.

A diversidade na qualidade da bebida entre os 172 genótipos foi inicialmente evidenciada pela formação de 11 *clusters* no agrupamento. A análise dos genótipos de *C. canephora* revelou uma diversidade evidenciada tanto nas pontuações finais quanto nos atributos sensoriais da qualidade da bebida. O *cluster* 8 que apresentou a maior pontuação média na qualidade de bebida, também apresentou maiores valores de produção superando *clusters* que incluíam clones comerciais de controle como os do *cluster* 1 (P2, RBS e Verdin) e do *cluster* 9 (A1 e RO). Esse *cluster* também apresentou uma produtividade expressiva de 45,12 sacas por hectare. Genótipos que pertencem a esse *cluster*, podem ser considerados candidatos ideais para programas de melhoramento. Eles combinam produção e qualidade, características essenciais para o melhoramento genético de *C. canephora* (CAMPUZANO-DUQUE; BLAIR, 2022).

Em contraste, o *cluster* 5 apresentou o segundo menor valor médio de pontuação final, com 81,28 pontos. Esse *cluster* também mostrou uma produção inferior, de 1,45 kg, e uma estimativa de produtividade menor, de 23,31 sacas por hectare. Essa situação ilustra a necessidade de um enfoque equilibrado na seleção de genótipos. Embora algumas características sensoriais possam ser aceitáveis, uma produtividade baixa pode limitar a viabilidade econômica. A otimização simultânea de produtividade e qualidade pode ser uma

estratégia fundamental para a competitividade no setor cafeeiro, especialmente diante das demandas por padrões elevados e escalabilidade produtiva. Isto se torna importante para o sucesso no cultivo de café, especialmente em um mercado cada vez mais competitivo e exigente.

Observou-se que, de maneira geral, o número de perfis sensoriais não estavam necessariamente relacionado a uma maior pontuação final ou a uma avaliação mais alta dos atributos. Dalazen et al. (2020) relataram evidências de que clones de *C. canephora* apresentavam complexidades distintas, as quais não estavam diretamente associadas a uma maior qualidade da bebida. Isso pode ocorrer porque alguns perfis sensoriais têm um efeito negativo na qualidade do café (DALAZEN et al., 2020). Um ideótipo de perfil sensorial incluiria a maior frequência de perfis como frutado, doce e azedo/fermentado, enquanto apresentaria uma baixa frequência de perfis como verde/vegetativo, outros e torrado (BOLLEN et al., 2024).

Em termos de importância, os atributos de qualidade preferidos por provadores e compradores de *C. arabica* de alta qualidade foram frutado, floral, doce e azedo, enquanto outros e torrado foram os menos valorizados (TRAORE et al., 2018). Corroborando essa perspectiva, a correlação pontual bisserial forneceu evidências de uma relação positiva entre a pontuação final e os atributos sabor residual e acidez/salinidade com o perfil jasmim, que pertence à classe floral. Além disso, o atributo amargor/doçura mostrou correlação positiva com o perfil frutado, enquanto melado, da classe doce, correlacionou-se com a pontuação final e outros seis atributos. Curiosamente, observou-se uma correlação negativa entre fragrância/aroma e sabor com azedo e ácido cítrico. Também foram encontradas correlações negativas entre a pontuação final e quatro atributos relacionados a perfis da classe verde/vegetal, corroborando com a possível influência negativa dessa classe de perfis na qualidade (BOLLEN et al., 2024).

De maneira geral, observou-se uma predominância maior entre os genótipos relacionados aos perfis de especiarias, noz/cacau e doce. Esses perfis são frequentemente encontrados em cafés Robusta Finos, com pontuação igual ou superior a 80 pontos (HETZEL, 2011). Esses achados corroboram parcialmente os resultados de Bollen et al. (2024), que analisaram 70 genótipos de *C. canephora* oriundos de Yangambi, no Congo, e identificaram um predomínio dos perfis noz/cacau e assado, seguido por frutado, doce e azedo/fermentado. Além disso, Dalazen et al. (2020) avaliaram clones com características intermediárias entre Conilon e Robusta, destacando que o clone com a melhor pontuação

média apresentou os perfis doce, amadeirado, frutado e achocolatado. No presente estudo, o perfil floral foi identificado em apenas 13 dos 172 genótipos analisados. Esse perfil é valorizado em cafés arábica de alta qualidade (TRAORE et al., 2018), portanto, sua rara ocorrência nos genótipos de *C. canephora* no presente estudo é importante ser considerada. Essa raridade mostra que esses poucos genótipos podem ser importantes para desenvolver cafés com sabores mais variados e atraentes para o mercado.

A qualidade do café é influenciada por uma interação complexa de fatores. Uma revisão sistemática apontou a influência da geografia, altitude, exposição à luz, temperatura, condições hídricas, manejo de nutrientes, controle de pragas e doenças e a cultivar (AHMED et al., 2021). O processamento pós-colheita, a torra, o armazenamento e os métodos de extração também desempenham papéis cruciais (WANG et al., 2022). O café é considerado um produto de *terroir*, em que aspectos ambientais ou antrópicos influenciam suas características sensoriais, refletindo na sua qualidade (FILETE et al., 2022). Uma análise da literatura revelou que os principais compostos químicos presentes no grão verde incluem alcaloides, compostos fenólicos, carboidratos, lipídios, ácidos orgânicos e proteínas/aminoácidos, relevantes para a qualidade da bebida (HALL et al., 2022). Durante a torrefação, muitos desses compostos se transformam, liberando compostos orgânicos voláteis por meio de processos como pirólise, reação de Maillard e caramelização (TARIGAN et al., 2022). Os compostos químicos do café, especialmente os voláteis, são considerados fundamentais para a qualidade e aceitação do produto pelos consumidores (WANG et al., 2022), refletidos especialmente no seu aroma e sabor (SUNARHARUM et al., 2014; SENINDE; CHAMBERS, 2020). No presente trabalho, buscou-se minimizar as variações potenciais decorrentes do processo metodológico para destacar as diferenças relacionadas aos diversos genótipos, em relação aos atributos sensoriais, pontuação final e os perfis sensoriais.

Os genótipos de *C. canephora*, oriundos da propagação seminal de matrizes selecionadas de antigas lavouras do sul do Espírito Santo, exibiram características sensoriais alinhadas aos padrões da classificação “Fino”. No geral, os padrões de qualidade da bebida foram consistentes com os valorizados nessa categoria. As análises realizadas revelaram pontuações superiores em relação a clones comerciais cultivados no estado, sublinhando a relevância desses genótipos para programas de melhoramento genético e sua potencial inclusão em bancos de germoplasma. Além disso, foram identificados perfis sensoriais variados, com predominância diferenciada entre os genótipos, o que pode facilitar a seleção

de genótipos com características específicas. A identificação de 25 perfis sensoriais não presentes na roda de sabores destaca a singularidade desses genótipos e a oportunidade de explorar novas nuances de sabor desejáveis. Essa diversidade, tanto nos atributos e pontuações finais quanto nos perfis sensoriais, não apenas reforça a importância da conservação e do uso desses genótipos, mas também sugere um potencial significativo para a produção de cafés de maior qualidade, alinhando-se às exigências de um mercado cada vez mais competitivo. Embora haja no geral, um volume importante de pesquisas sobre a qualidade da bebida de *C. arabica*, é notável a escassez de informações específicas sobre *C. canephora*. Assim, este estudo visa contribuir para a redução dessa lacuna, ressaltando a necessidade de investigações que esclareçam os fatores que influenciam a qualidade sensorial do *C. canephora*. Pesquisas direcionadas a esse tema, especialmente com ferramentas “ômicas” podem gerar conhecimentos que valorizem e diferenciem a bebida de *C. canephora* no mercado global.

## 5 CONCLUSÃO

Os genótipos de propagação seminal oriundos de matrizes selecionadas de lavouras antigas no sul do Espírito Santo apresentaram pontuações entre 80,81 e 84,08, classificando-os como cafés finos. A pesquisa identificou 11 *clusters* em relação aos atributos sensoriais e revelou 48 perfis presentes na roda de sabores, e 25 não presentes. Foram encontradas correlações significativas entre os atributos sensoriais, os perfis e a pontuação final. Coletivamente, os resultados demonstram o potencial dos genótipos de *C. canephora* para produção de cafés de maior qualidade. Além disso, os achados abrem novas oportunidades para o melhoramento genético e valorização da diversidade sensorial no mercado global de café.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AHMED, S. et al. Climate change and coffee quality: systematic review on the effects of environmental and management variation on secondary metabolites and sensory attributes of *Coffea arabica* and *Coffea canephora*. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 708013, 2021.

BAHTIAR, B. et al. Bean quality and taste of robusta coffee (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner) from Bale village on Halmahera Island, Indonesia. **GSC Advanced Research and Reviews**, v. 15, n. 3, p. 287-294, 2023.

BAQUETA, M. R. et al. An overview on the Brazilian *Coffea canephora* scenario and the current chemometrics-based spectroscopic research. **Food Research International**, p. 114866, 2024.

BOAVENTURA, P. S. M. et al. Value co-creation in the specialty coffee value chain: The third-wave coffee movement. **Revista de Administração de Empresas**, v. 58, p. 254-266, 2018.

BOLLEN, R. et al. Sensory profiles of Robusta coffee (*Coffea canephora*) genetic resources from the Democratic Republic of the Congo. **Frontiers in Sustainable Food Systems**, v. 8, p. 1382976, 2024.

BRAGANÇA, S. M. et al. "EMCAPA 8111", "EMCAPA 8121", "EMCAPA 8131": primeiras variedades clonais de café conilon lançadas para o Espírito Santo. EMCAPA, Vitória, Brazil, 1993.

CAMPUZANO-DUQUE, L. F.; BLAIR, M. W. Strategies for Robusta Coffee (*Coffea canephora*) improvement as a new crop in Colombia. **Agriculture**, v. 12, n. 10, p. 1576, 2022.

CHAMBERS IV, Edgar et al. Development of a "living" lexicon for descriptive sensory analysis of brewed coffee. **Journal of Sensory Studies**, v. 31, n. 6, p. 465-480, 2016.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de café – v.11, n.3 (2024) – Brasília: Conab, 2024. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 18 nov. 2024.

DALAZEN, J. R. et al. Beverage quality of most cultivated *Coffea canephora* clones in the Western Amazon. **Coffee Science**, v. 15, p. e151711, 2020.

DAVIS, A. P. et al. Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data; implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 167, n. 4, p. 357-377, 2011.

FERRÃO, M. A. G. et al. Origem, dispersão geográfica, taxonomia e diversidade genética de *Coffea canephora*. In: FERRÃO, R. G. et al. *Café Conilon*. 2 ed. Vitória, ES: Incaper, 2017. 784p.

FILETE, C. A. et al. The new standpoints for the terroir of *Coffea canephora* from Southwestern Brazil: Edaphic and sensorial perspective. **Agronomy**, v. 12, n. 8, p. 1931, 2022.

FONSECA, A. D. Propagação assexuada de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: PAIVA, R. (ed.). **Workshop sobre avanços na propagação de plantas lenhosas**. Univ. Federal de Lavras-UFLA, LAVRAS-MG, 1996, p. 31-34.

HALL, R. D. et al. Coffee berry and green bean chemistry—Opportunities for improving cup quality and crop circularity. **Food Research International**, v. 151, p. 110825, 2022.

HETZEL, A. Fine Robusta standards and protocols. **Coffee Quality Institute: Uganda Coffee Development Authority**, p. 28-32, 2011.

ICO - International Coffee Organization. Coffee report and outlook - December 2023. Disponível em: <https://icocoffee.org/>. Acesso em: 18 nov. 2024.

ICO/UCDA - International Coffee Organization/Uganda Coffee Development Authority. Robusta Cupping Protocols. 2010. Disponível em: <https://www.ico.org/documents/pscb-123-e-robusta.pdf>. Acesso em: 26 nov. 2024.

KOLDE, R. pheatmap: Pretty Heatmaps. **R package**, v. 1.0.12, 2019.

LEMONS, M. F. et al. Chemical and sensory profile of new genotypes of Brazilian *Coffea canephora*. **Food chemistry**, v. 310, p. 125850, 2020.

MACHADO FILHO, J. A. et al. Qualidade e classificação do café Conilon. Informe Agropecuário. **Cafés Conilon e Robusta: potencialidades e desafios**, Belo Horizonte, v. 41, n. 309, p.114-123, 2020.

MASPUL, K. A. et al. Investigating the specialty coffee industry's allure for local and global investors. **Jurnal Sosial Sains dan Komunikasi**, v. 2, n. 2, p. 107-115, 2024.

MENDIBURU, F.; MENDIBURU, M. F. Package ‘agricolae’. **R Package, version**, v. 1, n. 3, p. 1143-1149, 2019.

MERLO, P. M. S. **Conilon capixaba: 100 anos de desafios, crescimento e evolução**. Vitória, ES: Bumerangue Produção de Comunicação, 2012.

MIHAI, R. A. et al. Comprehensive assessment of coffee varieties (*Coffea arabica* L.; *Coffea canephora* L.) from Coastal, Andean, and Amazonian regions of Ecuador; A holistic evaluation of metabolism, antioxidant capacity and sensory attributes. **Horticulturae**, v. 10, n. 3, p. 200, 2024.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MUHIE, S. H. Strategies to improve the quantity and quality of export coffee in Ethiopia, a look at multiple opportunities. **Journal of Agriculture and Food Research**, v. 10, p. 100372, 2022.

NEUWIRTH, E.; NEUWIRTH, M. E. Package 'rcolorbrewer'. **ColorBrewer palettes**, v. 991, p. 1296, 2014.

OKSANEN, J. et al. Package 'vegan'. **Community Ecology Package, Version**, v. 2, n. 9, p. 1-295, 2013.

PARTELLI, F. L. História do café, com foco no Conilon. In: PARTELLI, F. L. (ed) **História de Vila Valério: Colonização, desenvolvimento e café Conilon**, 1ª ed. Vila Valério, Espírito Santo, Brasil, pp 129–140, 2016.

POLÁKOVÁ, K. et al. Quality attributes and sensory acceptance of different botanical coffee co-products. **Foods**, v. 12, n. 14, p. 2675, 2023.

POWO - Plants of the World Online. Facilitado pelo Royal Botanic Gardens, Kew, 2025. Disponível em: <http://www.plantsoftheworldonline.org/>. Acesso em: 29 jan. 2025.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 29 jan. 2025.

SCHUIT, P. et al. The potential for income improvement and biodiversity conservation via specialty coffee in Ethiopia. **PeerJ**, v. 9, p. e10621, 2021.

SENINDE, D. R.; CHAMBERS, E. Coffee flavor: A review. **Beverages**, v. 6, n. 3, p. 44, 2020.

SOUZA, C. A. et al. Characterization of beverage quality in *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner. **Coffee Science**, v. 13, n. 2, p. 210-218, 2018.

SPENCER, Molly et al. Using single free sorting and multivariate exploratory methods to design a new coffee taster's flavor wheel. **Journal of Food Science**, v. 81, n. 12, p. S2997-S3005, 2016.

SUNARHARUM, W. B. et al. Complexity of coffee flavor: A compositional and sensory perspective. **Food Research International**, v. 62, p. 315-325, 2014.

TARIGAN, E. B. et al. The changes in chemical properties of coffee during roasting: A review. In: **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**. IOP Publishing, 2022. p. 012115.

THANT, A. A. et al. Genetic diversity and population structure of Myanmar rice (*Oryza sativa* L.) varieties using DArTseq-based SNP and SilicoDArT markers. **Plants**, v. 10, n. 12, p. 2564, 2021.

TRAORE, T. M. et al. What explains specialty coffee quality scores and prices: A case study from the cup of excellence program. **Journal of Agricultural and Applied Economics**, v. 50, n. 3, p. 349-368, 2018.

VELÁSQUEZ, S. et al. Effect of three post-harvest methods at different altitudes on the organoleptic quality of *C. canephora* coffee. **Beverages**, v. 8, n. 4, p. 83, 2022.

VIENCZ, T. et al. Sensory description of beverages of intervarietal hybrids of Conilon and Robusta: Natural and fermented coffees. **Journal of Sensory Studies**, v. 39, n. 1, p. e12893, 2024.

WANG, X. et al. Review on factors affecting coffee volatiles: From seed to cup. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 102, n. 4, p. 1341-1352, 2022.

WICKHAM, H. et al. Package 'ggplot2'. **Create elegant data visualisations using the grammar of graphics. Version**, v. 2, n. 1, p. 1-189, 2016.

YU, G. et al. ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 8, n. 1, p. 28-36, 2017.

ZAIDAN, I. 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, n. 19, 2023.

ZAIDAN, I. R. et al. Germplasm characterization of half-sib families from seminal matrices of *Coffea canephora*. **Agronomy Journal**, v. 115, n. 1, p. 108-122, 2022.

## 7 MATERIAL SUPLEMENTAR

**Tabela Suplementar 1.** Informações sobre a origem de 172 genótipos de *C. canephora*, incluindo a localização geográfica das plantas matrizes das quais foram coletadas sementes para a produção das mudas de 167 genótipos, além da origem de cinco clones comerciais.

Genótipo*	Origem**	Idade da lavoura (anos)	Latitude	Longitude	Altitude (metros)
201.2.1	Alegre	35	S 20° 43' 47.1"	W 41° 27' 12.7"	364
176.2.3	Alegre	40	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117
176.4.1	Alegre	40	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117
136.36.3	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	146
125.2	Cachoeiro de Itapemirim	40	S 20° 48' 27.0"	W 41° 18' 43.1"	143
134.1	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.8"	W 41° 19' 39.2"	152
136.3.4	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1""	W 41° 19' 40.3"	153
186.2.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
183.4.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 33.9"	W 41° 20' 59.6"	120
192.4.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
136.19.5	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
189.4.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133
192.5	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
136.19.3	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
186.41.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
192.5.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
136.36.2	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	146
186.41.3	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.5.3	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
136.23.5	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
125.4	Cachoeiro de Itapemirim	40	S 20° 48' 27.0"	W 41° 18' 43.1"	143
186.5.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
136.32.1	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
186.3.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.3.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
183.4.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 33.9"	W 41° 20' 59.6"	120
186.2.5	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.5.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
171.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
182.8.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
151.8.2	Jerônimo Monteiro	> 25	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111
179.3.3	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
165.4.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 20.7"	W 41° 21' 37.8"	265
173.8.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2""	W 41° 21' 26.7"	199
161.5.5	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252
168.5.5	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205
169.10/2	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	208
168.6.1	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205
181.3.1	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115
162.9.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
169.6.5	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
162.2.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
170.9.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.0"	W 41° 21' 26.3"	194
169.8.2	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
172.7.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
166.2.3	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 18.6"	W 41° 21' 37.8"	265
172.3.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
181.10/5	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115
168.3.1	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	204
170.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.0"	W 41° 21' 26.3"	194
179.6.3	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
162.5.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
179.5.5	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
168.2.4	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205

144.2.4	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	142
173.8.5	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 26.7"	199
173.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
162.10.1	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
161.9.4	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
179.6.2	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
171.6.4	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
171.9.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
172.3.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
173.7.5	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
179.2.4	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
162.4.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
173.6.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
182.8.3	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
168.3.2	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	204
151.8.4	Jerônimo Monteiro	> 25	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111
172.6.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
162.4.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
162.7.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
169.4.1	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
161.14.5	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
161.14.4	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
182.9.5	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
149.1	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	141
162.9.3	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
83.2	São José do Calçado	35	S 21° 03' 58.6"	W 41° 40' 05.6"	304
85.1	São José do Calçado	35	S 21° 03' 59.2"	W 41° 40' 05.6"	302
111.1	São José do Calçado	18	S 20° 57' 51.8"	W 41° 38' 13.7"	410
111.2	São José do Calçado	18	S 20° 57' 51.8"	W 41° 38' 13.7"	410
86.1	São José do Calçado	35	S 21° 03' 59.3"	W 41° 40' 05.4"	302
83.5	São José do Calçado	35	S 21° 03' 58.6"	W 41° 40' 05.6"	304
95.2	São José do Calçado	30	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312
95.1.5	São José do Calçado	30	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312
112.5	São José do Calçado	18	S 20° 57' 52.4"	W 41° 38' 13.3"	405
91.3	São José do Calçado	35	S 21° 03' 57.2"	W 41° 40' 05.9"	308
G129.5	Sul	-	-	-	-
G37.4	Sul	-	-	-	-
G136.3	Sul	-	-	-	-
59.5	Sul	-	-	-	-
G104.2	Sul	-	-	-	-
59.4	Sul	-	-	-	-
G128.5	Sul	-	-	-	-
G128.3	Sul	-	-	-	-
G11.2	Sul	-	-	-	-
7.5	Sul	-	-	-	-
G17.5	Sul	-	-	-	-
G102.4	Sul	-	-	-	-
G137.3	Sul	-	-	-	-
G50.3	Sul	-	-	-	-
281.2.2	Sul	-	-	-	-
57.4	Sul	-	-	-	-
G38.4	Sul	-	-	-	-
G36.5	Sul	-	-	-	-
60.3	Sul	-	-	-	-
G64.5	Sul	-	-	-	-
281.2.1	Sul	-	-	-	-
G151.5	Sul	-	-	-	-
G114.4	Sul	-	-	-	-
G151.4	Sul	-	-	-	-
G131.2	Sul	-	-	-	-
G95.5	Sul	-	-	-	-
G62.2	Sul	-	-	-	-
58.2	Sul	-	-	-	-
G147.4	Sul	-	-	-	-
31.2.3	Sul	-	-	-	-
G20.3	Sul	-	-	-	-

G41.3	Sul	-	-	-	-
G50.4	Sul	-	-	-	-
G117.1	Sul	-	-	-	-
G37.5	Sul	-	-	-	-
G42.1	Sul	-	-	-	-
G133.2	Sul	-	-	-	-
G130.1	Sul	-	-	-	-
31.5	Sul	-	-	-	-
46.3	Sul	-	-	-	-
G132.5	Sul	-	-	-	-
G33.2	Sul	-	-	-	-
G137.2	Sul	-	-	-	-
G42.2	Sul	-	-	-	-
G133.3	Sul	-	-	-	-
39.2	Sul	-	-	-	-
G97.3	Sul	-	-	-	-
G38.2	Sul	-	-	-	-
G154.3	Sul	-	-	-	-
G129.3	Sul	-	-	-	-
G130.3	Sul	-	-	-	-
G154.1	Sul	-	-	-	-
G151.2	Sul	-	-	-	-
G8.5	Sul	-	-	-	-
G153.3	Sul	-	-	-	-
28.2.1	Sul	-	-	-	-
G133.1	Sul	-	-	-	-
G9.1	Sul	-	-	-	-
G93.3	Sul	-	-	-	-
G154.4	Sul	-	-	-	-
G73.3	Sul	-	-	-	-
G153.1	Sul	-	-	-	-
G43.5	Sul	-	-	-	-
G146.4	Sul	-	-	-	-
G114.5	Sul	-	-	-	-
G130.5	Sul	-	-	-	-
G75.2	Sul	-	-	-	-
G155.1	Sul	-	-	-	-
24.5	Sul	-	-	-	-
281.8.2	Sul	-	-	-	-
G33.1	Sul	-	-	-	-
G114.2	Sul	-	-	-	-
24.4	Sul	-	-	-	-
G51.4	Sul	-	-	-	-
G32.1	Sul	-	-	-	-
G123.3	Sul	-	-	-	-
G138.1	Sul	-	-	-	-
G154.2	Sul	-	-	-	-
<b>A1</b>	Cultivar "Tributun"	-	-	-	-
<b>P2</b>	Desconhecido	-	-	-	-
<b>RBS</b>	Desconhecido	-	-	-	-
<b>Verdin</b>	Desconhecido	-	-	-	-
<b>RO</b>	Desconhecido	-	-	-	-

\*Os clones comerciais estão destacados em vermelho. \*\*Alegre, Cachoeiro de Itapemirim, Jerônimo Monteiro e São José do Calçado são municípios situados no sul do Espírito Santo, Brasil. O termo "Sul" indica que a planta matriz que originou o genótipo está instalada em um dos quatro municípios mencionados, mas sem informações específicas sobre qual deles. A Cultivar "Tributun" é registrada pela Universidade Federal do Espírito Santo no Ministério da Agricultura e Pecuária (Mapa) sob o número 37808. O termo "Desconhecido" indica que não há informações anteriores sobre a origem do clone comercial.

**Uganda Coffee Development Authority**

**Robusta Fine Coffee Cupping Form**

Name: \_\_\_\_\_ Date: \_\_\_\_\_ Session: \_\_\_\_\_

Quality scale:				
5.00 - Average	6.00 - Good	7.00 - Very Good	8.00 - Fine	9.00 - Outstanding
5.25	6.25	7.25	8.25	9.25
5.50	6.50	7.50	8.50	9.50
5.75	6.75	7.75	8.75	9.75

Sample # \_\_\_\_\_

Roast Level of Sample \_\_\_\_\_

Attribute	Score	Attribute	Score	Attribute	Score	Attribute	Score	Attribute	Score	Attribute	Score	Overall Score	Total Score	
Fragrance/Aroma	6-10	Flavor	6-10	Salt/Acid	6-10	Bitter/Sweet	6-10	Mouthfeel	6-10	Balance	6-10	Overall	6-10	
Dry Character Break		Aftertaste		Low Salt Hi Acid		Low Bitter Hi Sweet		Rough Smooth		Clean Cups		Defects (subtract)		
		Brackish Savory						Uniform Cups				Taint=2 # cups Intensity		
												Fault=4		Final Score

Notes: \_\_\_\_\_

**Figura Suplementar 1.** Formulário de avaliação de atributos sensoriais da qualidade da bebida de *C. canephora* (ICO/UCDA, 2010).

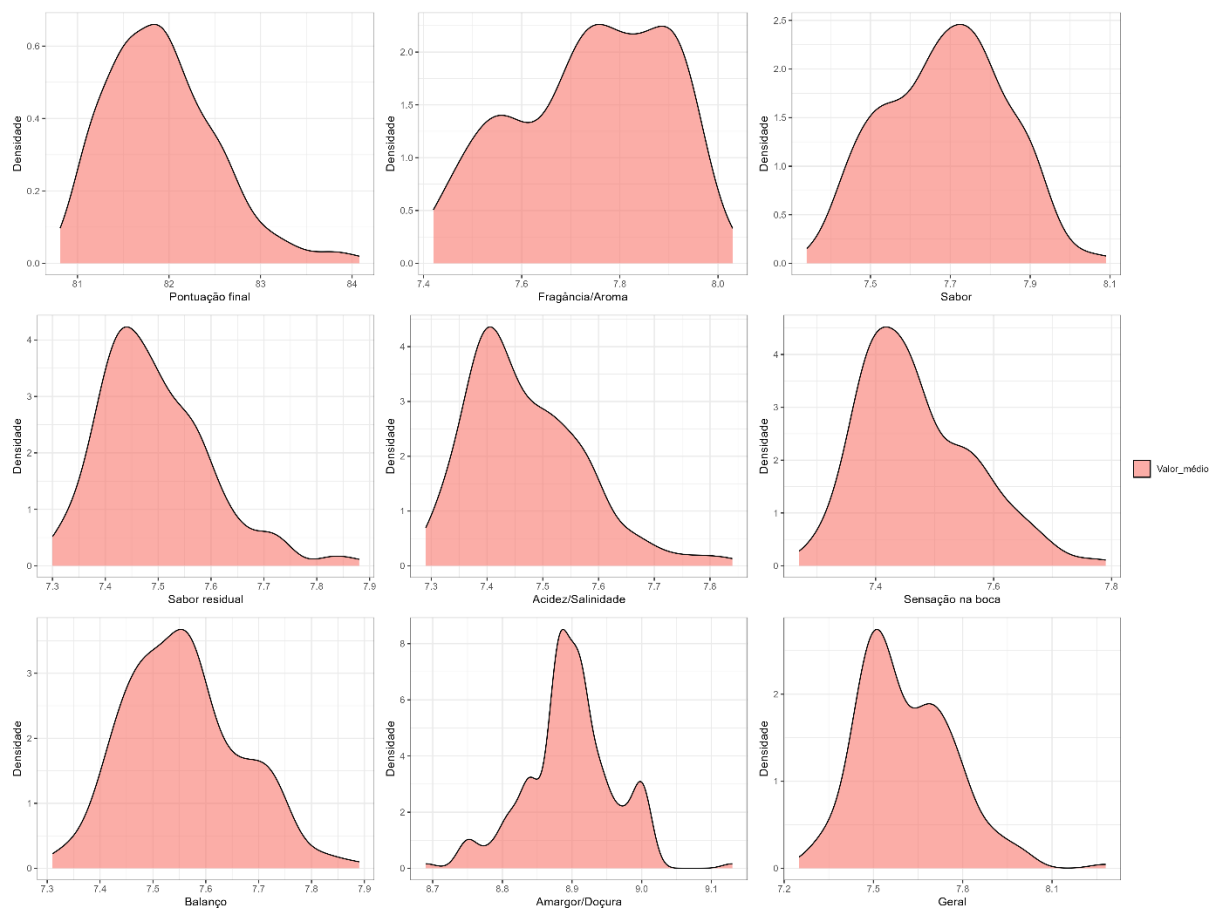
**Tabela Suplementar 2.** Equivalência entre pontuação final, descrição da qualidade e classificação do CQI/UCDA para qualidade da bebida de *C. canephora*.

Pontuação final	Descrição da qualidade	Classificação
90 - 100	Excepcional	Muito fino
80 - 90	Fino	Fino
70 - 80	Muito bom	Prêmio
60 - 70	Médio	Boa qualidade usual
50 - 60	Razoável	Boa qualidade usual
40 - 50	Razoável	Comercial
<40	-	Classificação comercializável
<30	-	Abaixo da classificação mínima
<20	-	Não-classificável
<10	-	Escolha

Fonte: Hetzel (2011).



**Figura Suplementar 2.** Roda de sabores do degustador de café. Fonte: Spencer et al. (2016); <https://sca.coffee/research/coffee-tasters-flavor-wheel>.



**Figura Suplementar 3.** Gráficos de densidade do valor médio da pontuação final e dos atributos sensoriais da qualidade da bebida com base em avaliação de dois anos de produção de 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais.

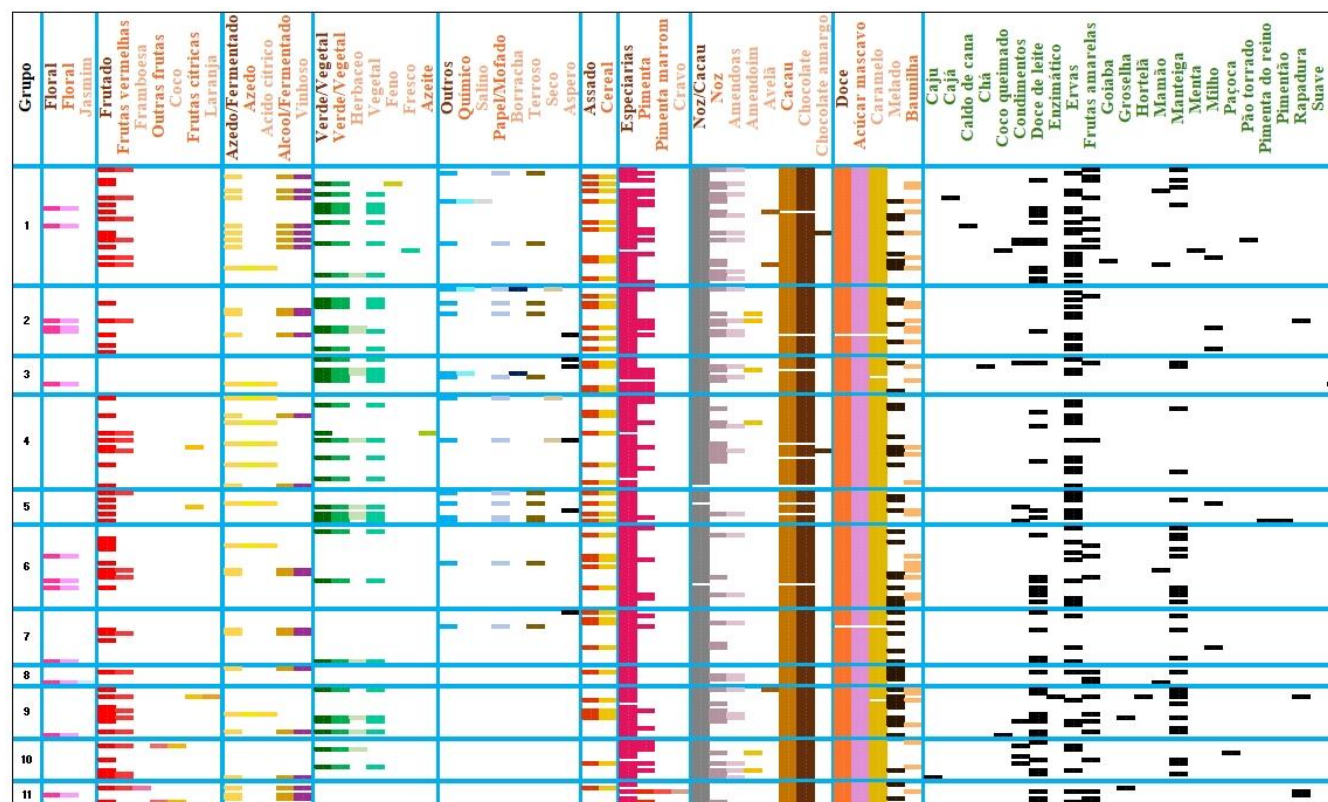
**Tabela Suplementar 3.** Número de genótipos em que os perfis sensoriais foram identificados com base na avaliação realizada em dois anos de produção de 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais. As diferentes cores no nome do perfil correspondem à posição dos perfis sensoriais na roda de sabores do café, sendo: **localização interna**, **localização intermediária**, **localização externa**; e perfis não presentes na roda de sabores.

Perfil	Nº de genótipos	Perfil	Nº de genótipos	Perfil	Nº de genótipos
Floral	13	Papel/Mofado	14	Cajá	1
Floral	13	Borracha	2	Caldo de cana	1
Jasmim	1	Terroso	11	Chá	1
Frutado	60	Seco	3	Coco queimado	2
Frutas vermelhas	23	Assado	45	Condimentos	9
Framboesa	1	Cereal	45	Doce de leite	44
Outras frutas	2	Especiarias	162	Enzimático	1
Coco	2	Pimenta	44	Ervas	64
Frutas cítricas	3	Pimenta marrom	1	Frutas amarelas	25
Laranja	1	Cravo	1	Goiaba	1
Azedo/Fermentado	32	Noz/Cacau	169	Groselha	2
Azedo	9	Noz	55	Hortelã	1
Ácido cítrico	9	Amendoas	28	Mamão	4
Álcool/Fermentado	23	Amendoim	6	Manteiga	32
Vinhoso	23	Avelã	3	Menta	1
Verde/Vegetal	37	Cacau	163	Milho	5
Verde/Vegetal	36	Chocolate	163	Paçoca	1
Herbáceo	13	Chocolate amargo	2	Pão torrado	1
Vegetal	33	Doce	170	Pimenta do reino	1
Feno	1	Acúcar mascavo	170	Pimentão	2
Fresco	1	Caramelo	168	Rapadura	4
Azeite	1	Melado	54	Suave	1
Outros	16	Baunilha	34	Torrado	1
Químico	3	Áspero	6	-	-
Salino	1	Caju	1	-	-

**Tabela Suplementar 4.** Lista de 172 genótipos de *C. canephora*, ordenados de 1 a 172 de acordo com o agrupamento hierárquico (método da ligação média), utilizando a distância euclidiana. O agrupamento foi obtido a partir dos dados de presença e ausência de perfis sensoriais identificados durante avaliação sensorial da qualidade da bebida, em dois anos de produção. A disposição dos genótipos segue a sequência do agrupamento, da porção superior à inferior. Dentre os 172 genótipos, 167 são oriundos de propagação seminal, selecionados de matrizes em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, enquanto cinco são clones comerciais.

Ordem	Genótipo*	Ordem	Genótipo*	Ordem	Genótipo*	Ordem	Genótipo*	Ordem	Genótipo*
1	168.6.1	36	G64.5	71	G36.5	106	192.5.1	141	136.32.1
2	G136.3	37	144.2.4	72	<b>P2</b>	107	28.2.1	142	189.4.2
3	169.8.2	38	95.1.5	73	281.8.2	108	G138.1	143	151.8.2
4	G43.5	39	186.3.2	74	136.19.3	109	7.5	144	182.8.1
5	G41.3	40	186.41.3	75	G38.2	110	162.5.4	145	201.2.1
6	G137.3	41	136.19.5	76	G42.1	111	186.41.1	146	G97.3
7	G33.1	42	169.6.5	77	162.7.2	112	112.5	147	58.2
8	111.2	43	24.5	78	G131.2	113	186.5.3	148	<b>RO</b>
9	136.3.4	44	G130.3	79	83.5	114	G8.5	149	G114.4
10	G146.4	45	G154.2	80	171.2	115	186.5.1	150	173.6.3
11	G151.2	46	186.5.2	81	G93.3	116	192.4.4	151	G42.2
12	186.2.5	47	170.3	82	G38.4	117	G154.3	152	G37.4
13	161.5.5	48	125.2	83	172.3.1	118	182.8.3	153	G20.3
14	162.10.1	49	G154.4	84	186.3.4	119	<b>A1</b>	154	G130.5
15	G117.1	50	83.2	85	91.3	120	162.9.4	155	165.4.1
16	G9.1	51	31.5	86	136.23.5	121	172.7.1	156	179.6.3
17	46.3	52	G147.4	87	149.1	122	173.8.2	157	111.1
18	G153.1	53	161.14.4	88	136.36.3	123	179.3.3	158	176.2.3
19	G130.1	54	168.3.1	89	G32.1	124	G128.5	159	G11.2
20	G114.5	55	179.2.4	90	136.36.2	125	G128.3	160	G33.2
21	G133.1	56	G50.4	91	G17.5	126	G62.2	161	57.4
22	G132.5	57	171.6.4	92	G155.1	127	G129.5	162	172.3.3
23	168.5.5	58	G102.4	93	171.9.2	128	59.4	163	168.2.4
24	39.2	59	181.3.1	94	162.2.2	129	G137.2	164	183.4.4
25	186.2.1	60	134.1	95	182.9.5	130	G154.1	165	31.2.3
26	281.2.1	61	166.2.3	96	85.1	131	168.3.2	166	<b>RBS</b>
27	G151.5	62	59.5	97	G133.2	132	G95.5	167	G151.4
28	G104.2	63	172.6.1	98	24.4	133	173.8.5	168	<b>Verdin</b>
29	179.5.5	64	95.2	99	G73.3	134	G133.3	169	151.8.4
30	G114.2	65	G50.3	100	281.2.2	135	169.10.2	170	170.9.2
31	176.4.1	66	179.6.2	101	183.4.1	136	86.1	171	173.7.5
32	169.4.1	67	162.4.4	102	G37.5	137	G153.3	172	60.3
33	G123.3	68	G129.3	103	G75.2	138	181.10.5	-	-
34	192.5	69	161.14.5	104	162.4.2	139	173.2	-	-
35	162.9.3	70	161.9.4	105	125.4	140	G51.4	-	-

\*Os clones comerciais foram destacados em vermelho.

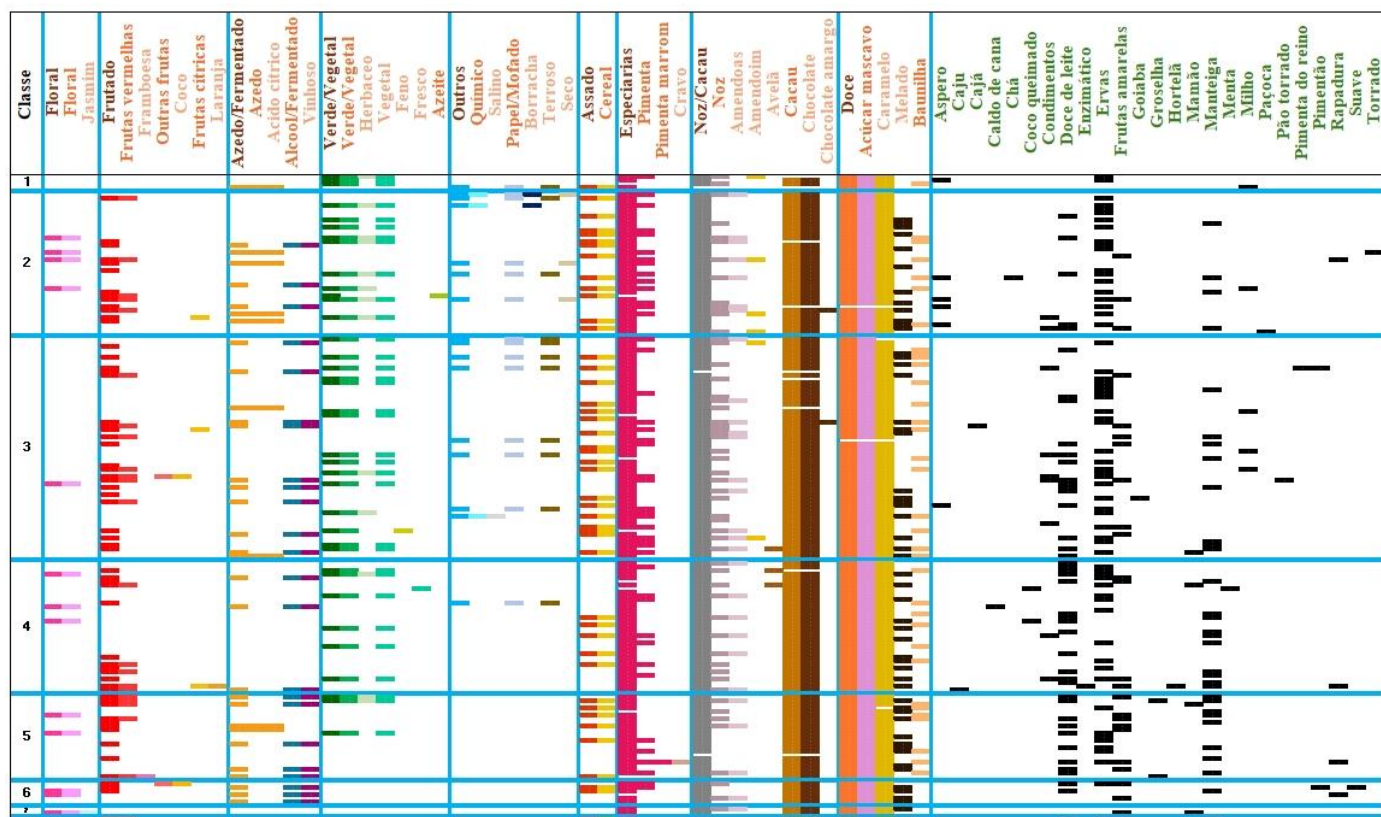


**Figura Suplementar 4.** Perfis sensoriais identificados com base em avaliação em dois anos de produção de 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais. Os 11 *clusters* correspondem aos identificados anteriormente por análise de agrupamento pelo método de Ward.D2, a partir dos atributos sensoriais e pontuação final. As diferentes cores no nome dos perfis na porção superior da figura correspondem à posição dos perfis sensoriais na roda de sabores do café, sendo: localização interna, localização intermediária, localização externa; e perfis não presentes na roda de sabores. As diversas cores apresentadas na figura indicam a presença do perfil para os genótipos dos diferentes *clusters* (a cor branca representa a ausência do perfil). Essas cores correspondem às da roda de sabores (Figura Suplementar 2), com exceção dos perfis não amostrados na roda, cuja presença foi representada em preto.

**Tabela Suplementar 5.** Lista de 172 genótipos de *C. canephora*, ordenados de 1 a 172 de acordo com o agrupamento Ward.D2, utilizando a distância euclidiana média padronizada. O agrupamento foi obtido a partir dos dados médios da pontuação final e dos atributos sensoriais da qualidade da bebida, em dois anos de produção. A ordem dos genótipos está alinhada com aquela exibida na Figura Suplementar 4. Dentre os 172 genótipos, 167 são oriundos de propagação seminal, selecionados de matrizes em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, enquanto cinco são clones comerciais.

Ordem	Cluster Ward.D2	Genótipo o*	Ordem	Cluster Ward.D2	Genótipo o*	Ordem	Cluster Ward.D2	Genótipo o*	Ordem	Cluster Ward.D2	Genótipo o*	Ordem	Cluster Ward.D2	Genótipo o*
1	1	<b>P2</b>	36	2	59.5	71	4	169.6.5	106	6	136.36.2	141	9	G114.4
2	1	179.6.3	37	2	G128.3	72	4	G137.3	107	6	179.2.4	142	9	192.5
3	1	162.5.4	38	2	G11.2	73	4	162.2.2	108	6	176.2.3	143	9	31.2.3
4	1	136.19.3	39	2	169.10.2	74	4	136.3.4	109	6	172.6.1	144	9	179.6.2
5	1	168.2.4	40	2	281.2.2	75	4	170.9.2	110	6	162.4.2	145	9	G154.4
6	1	31.5	41	2	57.4	76	4	172.7.1	111	6	24.4	146	9	G114.5
7	1	186.41.1	42	2	169.8.2	77	4	G38.4	112	6	161.14.5	147	9	171.9.2
8	1	173.8.5	43	2	183.4.4	78	4	G36.5	113	6	G51.4	148	9	<b>AI</b>
9	1	192.5.1	44	2	83.2	79	4	G64.5	114	6	186.5.1	149	9	<b>RO</b>
10	1	G42.2	45	2	172.3.3	80	4	201.2.1	115	6	G32.1	150	9	<b>73.7.5</b>
11	1	G133.3	46	2	189.4.2	81	4	170.3	116	6	G123.3	151	9	95.1.5
12	1	173.2	47	2	G151.4	82	4	192.4.4	117	6	161.14.4	152	9	G114.2
13	1	G97.3	48	2	G50.4	83	4	G151.5	118	6	186.3.2	153	9	151.8.4
14	1	G130.3	49	2	144.2.4	84	4	179.5.5	119	6	162.9.3	154	9	186.3.4
15	1	161.9.4	50	2	G130.1	85	4	G41.3	120	6	186.2.5	155	10	168.3.1
16	1	G153.3	51	2	86.1	86	4	G137.2	121	7	G50.3	156	10	85.1
17	1	28.2.1	52	2	G9.1	87	4	95.2	122	7	186.2.1	157	10	G95.5
18	1	171.6.4	53	3	171.2	88	4	G8.5	123	7	166.2.3	158	10	G147.4
19	1	<b>RBS</b>	54	3	G129.5	89	5	G17.5	124	7	G131.2	159	10	G117.1
20	1	G153.1	55	3	136.36.3	90	5	161.5.5	125	7	111.1	160	10	G38.2
21	1	<b>Verdin</b>	56	3	182.8.1	91	5	168.5.5	126	7	G37.5	161	10	83.5
22	1	G130.5	57	3	151.8.2	92	5	60.3	127	7	G133.2	162	10	G154.1
23	1	G75.2	58	3	165.4.1	93	5	181.10.5	128	7	111.2	163	10	G93.3
24	1	172.3.1	59	3	59.4	94	5	136.19.5	129	7	46.3	164	10	281.8.2
25	1	186.41.3	60	3	173.8.2	95	5	58.2	130	7	162.10.1	165	10	125.4
26	1	G155.1	61	3	181.3.1	96	5	G20.3	131	7	G129.3	166	11	G151.2
27	1	162.4.4	62	3	G102.4	97	5	G33.2	132	7	G146.4	167	11	186.5.3
28	1	136.23.5	63	4	179.3.3	98	6	281.2.1	133	7	G33.1	168	11	173.6.3
29	1	182.8.3	64	4	G104.2	99	6	G62.2	134	7	169.4.1	169	11	G138.1
30	1	24.5	65	4	G128.5	100	6	G42.1	135	7	136.32.1	170	11	183.4.1
31	1	168.3.2	66	4	125.2	101	6	G132.5	136	8	G73.3	171	11	182.9.5
32	1	162.7.2	67	4	134.1	102	6	39.2	137	8	149.1	172	11	112.5
33	1	176.4.1	68	4	7.5	103	6	G154.3	138	8	186.5.2	-	-	-
34	2	G37.4	69	4	168.6.1	104	6	G133.1	139	8	G154.2	-	-	-
35	2	G136.3	70	4	162.9.4	105	6	G43.5	140	8	91.3	-	-	-

\*Os clones comerciais foram destacados em vermelho.



**Figura Suplementar 5.** Perfis sensoriais identificados com base em avaliação em dois anos de produção de 172 genótipos de *C. canephora*. Desses, 167 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais. As classes representam os intervalos de pontuação final: Classe 1 (80,5-80,99); Classe 2 (81,00-81,49); Classe 3 (81,50-81,99); Classe 4 (82,00-82,49); Classe 5 (82,50-82,99); Classe 6 (83,00-83,49); Classe 7 (83,50-83,99); Classe 8 (84,00-84,49). As diferentes cores no nome dos perfis na porção superior da figura correspondem à posição dos perfis sensoriais na roda de sabores do café, sendo: **localização interna**, **localização intermediária**, **localização externa**; e perfis não presentes na roda de sabores. As diversas cores apresentadas na figura indicam a presença do perfil para os genótipos das diferentes classes (a cor branca representa a ausência do perfil). Essas cores correspondem às da roda de sabores (Figura Suplementar 2), com exceção dos perfis não amostrados na roda, cuja presença foi representada em preto.

**Tabela Suplementar 6.** Lista de 172 genótipos de *C. canephora*, ordenados de acordo com o valor médio da pontuação final obtido em avaliação da qualidade da bebida, em dois anos de produção. Os genótipos foram organizados em classes com base nas pontuações finais, utilizando intervalos de 0,5 pontos entre elas. A ordem dos genótipos está alinhada com aquela exibida na Figura Suplementar 5. Dentre os 172 genótipos, 167 são oriundos de propagação seminal, selecionados de matrizes em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, enquanto cinco são clones comerciais.

Class e*	Genótip o**	Pontuação final	Class e*	Genótip o**	Pontuação final	Class e*	Genótip o**	Pontuação final	Class e*	Genótip o**	Pontuação final	Class e*	Genótip o**	Pontuação final
1	182.8.1	80.81	2	G151.4	81.42	3	<b>P2</b>	4	81.74	176.4.1	82	5	151.8.4	82.5
1	G129.5	80.95	2	G36.5	81.43	3	111.1	4	81.75	G97.3	82.01	5	173.7.5	82.51
1	59.4	80.97	2	162.9.4	81.45	3	136.19.3	4	81.75	136.32.1	82.02	5	162.4.2	82.52
1	60.3	80.97	2	181.10.5	81.47	3	166.2.3	4	81.76	G75.2	82.02	5	179.6.2	82.53
2	G37.4	81.02	2	192.4.4	81.47	3	G129.3	4	81.78	G38.2	82.03	5	G154.4	82.53
2	G17.5	81.02	2	136.19.5	81.48	3	G130.5	4	81.78	136.23.5	82.05	5	136.36.2	82.53
2	G137.3	81.05	2	136.36.3	81.49	3	31.5	4	81.81	172.3.1	82.06	5	161.14.5	82.54
2	151.8.2	81.08	2	G147.4	81.49	3	G153.3	4	81.82	G33.1	82.06	5	G133.1	82.57
2	G136.3	81.09	3	165.4.1	81.5	3	46.3	4	81.83	173.8.5	82.07	5	<b>A1</b>	82.57
2	168.6.1	81.1	3	57.4	81.5	3	G155.1	4	81.83	186.41.3	82.11	5	G154.3	82.58
2	134.1	81.14	3	G9.1	81.5	3	168.3.2	4	81.83	176.2.3	82.14	5	G51.4	82.58
2	G128.5	81.16	3	168.3.1	81.52	3	85.1	4	81.83	28.2.1	82.16	5	186.2.5	82.59
2	125.2	81.16	3	144.2.4	81.52	3	<b>Verdin</b>	4	81.85	G43.5	82.16	5	179.2.4	82.6
2	G128.3	81.16	3	G11.2	81.52	3	173.2	4	81.86	192.5	82.17	5	24.4	82.61
2	181.3.1	81.16	3	G41.3	81.52	3	G37.5	4	81.86	G42.1	82.17	5	162.9.3	82.67
2	G102.4	81.17	3	G64.5	81.53	3	G130.3	4	81.88	186.3.4	82.17	5	186.3.2	82.69
2	189.4.2	81.17	3	G33.2	81.56	3	G153.1	4	81.88	172.6.1	82.2	5	186.5.1	82.72
2	58.2	81.17	3	G8.5	81.56	3	162.4.4	4	81.88	G62.2	82.22	5	G132.5	82.73
2	7.5	81.19	3	161.9.4	81.56	3	G133.2	4	81.88	169.4.1	82.22	5	173.6.3	82.81
2	161.5.5	81.19	3	201.2.1	81.57	3	G50.3	4	81.9	83.5	82.23	5	G151.2	82.83
2	173.8.2	81.21	3	169.10.2	81.58	3	179.6.3	4	81.9	G146.4	82.23	5	183.4.1	82.88
2	59.5	81.24	3	169.8.2	81.58	3	G95.5	4	81.9	281.2.1	82.25	5	161.14.4	82.9
2	183.4.4	81.24	3	179.5.5	81.58	3	G42.2	4	81.9	G154.1	82.25	5	186.5.3	82.94
2	179.3.3	81.25	3	G151.5	81.58	3	162.10.1	4	81.9	111.2	82.27	6	182.9.5	83
2	136.3.4	81.25	3	170.3	81.59	3	G117.1	4	81.91	162.7.2	82.27	6	112.5	83.15
2	G130.1	81.25	3	169.6.5	81.6	3	171.6.4	4	81.91	G114.5	82.27	6	G32.1	83.16
2	G20.3	81.27	3	95.2	81.61	3	168.2.4	4	81.93	95.1.5	82.28	6	G138.1	83.19
2	171.2	81.29	3	172.7.1	81.63	3	162.5.4	4	81.96	171.9.2	82.31	6	G154.2	83.34
2	G104.2	81.31	3	86.1	81.63	3	G93.3	4	81.96	39.2	82.32	6	G73.3	83.47
2	281.2.2	81.34	3	G137.2	81.63	3	186.2.1	4	81.97	281.8.2	82.32	7	186.5.2	83.76
2	172.3.3	81.38	3	G50.4	81.65	3	G133.3	4	81.97	G114.2	82.34	7	91.3	83.81
2	168.5.5	81.39	3	<b>RBS</b>	81.71	3	G114.4	4	81.98	<b>RO</b>	82.35	8	149.1	84.08
2	162.2.2	81.41	3	192.5.1	81.71	3	186.41.1	4	81.98	G123.3	82.43	-	-	-
2	170.9.2	81.42	3	G38.4	81.72	3	182.8.3	4	81.98	31.2.3	82.45	-	-	-
2	83.2	81.42	3	G131.2	81.73	4	24.5	4	82	125.4	82.46	-	-	-

\*Classe 1 (80,5-80,99); Classe 2 (81,00-81,49); Classe 3 (81,50-81,99); Classe 4 (82,00-82,49); Classe 5 (82,50-82,99); Classe 6 (83,00-83,49); Classe 7 (83,50-83,99); Classe 8 (84,00-84,49). \*\*Os clones comerciais foram destacados em vermelho.

## **CAPITULO II: DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE GERMOPLASMA ANTIGO DE CAFÉ CONILON NO SUL DO ESPÍRITO SANTO, BRASIL**

### **RESUMO**

A introdução do Conilon (*Coffea canephora*) no Brasil ocorreu no sul do Espírito Santo. As lavouras antigas da região têm sido renovadas pelo uso de mudas clonais, o que pode estreitar a base genética. Objetivou-se avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional de genótipos de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas (com 15 a 80 anos) da região. Foram analisados 649 genótipos, que incluíram ainda amostras de Conilon, Robusta, intermediários morfológicos, comerciais e não comerciais. Seis *clusters* e  $K = 3$  grupos ancestrais foram observados utilizando 1.654 SNPs revelados por meio de DArTseq™. O *cluster* 1, com 523 genótipos, abrangeu a maior porção dos genótipos de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas e comerciais. O *cluster* 4, que incluiu genótipos intermediários, destacou-se pela alta heterozigosidade observada (0,37) e  $F_{IS}$  negativo (-0,73), indicando exogamia. Altos valores de  $F_{ST}$  (0,80 e 0,71) indicaram forte divergência genética entre o *cluster* 1 (predominantemente Conilon) e os *clusters* 5-6 (majoritariamente Robusta), e são compostos por grupos ancestrais distintos. Genótipos antigos do sul do Espírito Santo representam fonte relevante de variabilidade genética para ampliar a base genética de bancos de germoplasma.

**Palavras-chave:** Café; Melhoramento genético; Variabilidade; Conservação.

## 1 INTRODUÇÃO

O gênero *Coffea* L., da família Rubiaceae, abrange 131 espécies reconhecidas (POWO, 2025). Dentre essas espécies, *Coffea arabica* L. e *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner possuem relevância econômica global (DAVIS et al., 2011; ICO, 2023). O Brasil alcançou a produção de 54,8 milhões de sacas de café beneficiado em 2024. Estima-se que 72,12% dessa produção seja de *C. arabica*, enquanto 27,72% seja de *C. canephora*. No âmbito nacional, o estado do Espírito Santo apresenta a maior área dedicada ao cultivo de *C. canephora*, com 262.988 hectares, seguido por Rondônia, com 48.363 hectares, e Bahia, com 44.330 hectares (CONAB, 2024). Do total de produção de *C. canephora* 9.967 mil sacas beneficiadas são provenientes do estado do Espírito Santo que corresponde a 65,5% do total nacional (CONAB, 2024).

Originalmente, dois grupos de *C. canephora* foram identificados com base em marcadores moleculares: Congolezes e Guineanos (BERTHAUD, 1986). O grupo Congolês foi subdividido em SG1 e SG2, refletindo diferenças geográficas e agronômicas. O SG1 está associado ao Conilon, predominante no Espírito Santo, Brasil, enquanto o SG2 refere-se ao Robusta, amplamente cultivado em escala global (MONTAGNON et al., 1998; CUBRY et al., 2008; MUSOLI et al., 2009; ALKIMIM et al., 2021). Com o avanço de técnicas como o *SNP Coffee 8.5K array*, houve uma classificação em oito grupos, vinculando-se a regiões específicas: A (Norte do Congo/Sul dos Camarões), B (Leste da República Centro-Africana), C (Oeste da República Centro-Africana/Camarões), D (Guiné/Costa do Marfim), E (República Democrática do Congo/Camarões), G (Norte e Oeste de Angola), O (Uganda/Sudão do Sul) e R (Sul da República Democrática do Congo) (MEROT-L'ANTHOENE et al., 2018). Nessa estrutura, o Conilon foi alocado no grupo A, e a Robusta nos grupos B e E (CUBRY et al., 2008; MUSOLI et al., 2009; MEROT-L'ANTHOENE et al., 2018). Morfologicamente, o Conilon destaca-se por porte arbustivo, folhas alongadas, maturação precoce e tolerância à seca, embora seja mais suscetível a pragas e doenças. Já a Robusta apresenta crescimento ereto, folhas maiores, peneira média-alta, maturação tardia e maior resistência a estresses bióticos, porém menor adaptação à seca (MONTAGNON et al., 2012; SANTOS et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2018).

A introdução de *C. canephora* no Brasil ocorreu por volta de 1911, com genótipos de Conilon, no município de Cachoeiro de Itapemirim, localizado no sul do Espírito Santo (MERLO, 2012; PARTELLI, 2016). Atualmente, o germoplasma de *C. canephora* nessa

região é preservado majoritariamente por instituições públicas, como o Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), a Universidade Federal do Espírito Santo (Ufes) e o Instituto Federal do Espírito Santo (Ifes), bem como em lavouras antigas remanescentes, de origem seminal, mantidas por agricultores familiares (SOUZA et al., 2013; SILVA et al., 2017). As lavouras antigas do sul do Espírito Santo, desenvolvidas a partir da reprodução sexuada de matrizes selecionadas por agricultores tradicionais, destacam-se por sua relevante diversidade genética (FERRÃO et al., 2017). Esse germoplasma representa um recurso genético valioso, podendo servir como fonte alternativa de variabilidade para enriquecimento de bancos de germoplasma (ZAIDAN et al., 2023).

No entanto, com a introdução de cultivares clonais no Espírito Santo em 1993 (BRAGANÇA et al., 1993), ocorreu um aumento no uso de mudas clonais para a renovação das lavouras. Essa prática, associada ao uso de um número limitado de clones comerciais, pode reduzir a base genética da cultura no estado. Essa redução é crítica para o desenvolvimento de novas cultivares. Portanto, é fundamental identificar, caracterizar e conservar os genótipos antigos que ainda permanecem no sul do Espírito Santo (ZAIDAN et al., 2023). Essa região abrange possivelmente a maior fonte de variabilidade genética da espécie no Brasil (FONSECA et al., 1996). Além disso, esses recursos desempenham um papel importante na sustentabilidade da cafeicultura. Eles são essenciais como fonte de variabilidade para o desenvolvimento de novos clones comerciais adaptados à região.

Recentemente, foi analisada uma população de 1.940 genótipos seminais, provenientes de 388 matrizes selecionadas que se destacaram pelo vigor, sanidade e produção em lavouras antigas da região sul do estado. Os municípios amostrados foram Alegre, Cachoeiro de Itapemirim, Jerônimo Monteiro e São José do Calçado. Nessa análise, foram identificados genótipos divergentes em relação ao desenvolvimento vegetativo, altura das plantas, diâmetro do caule e taxas de crescimento em altura e diâmetro. Além disso, esses genótipos apresentaram diferentes níveis de tolerância à seca, à ferrugem, ao bicho-mineiro e à cochonilha (ZAIDAN et al., 2022). Uma amostra de 246 genótipos, selecionada entre os 1.940, foi avaliada utilizando marcadores de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) e revelou uma alta diversidade genética (ZAIDAN et al., 2023). Diante da importante e representativa coleta de germoplasma realizada no sul do estado, e considerando os resultados promissores obtidos por abordagens fenotípicas e genotípicas anteriores, é fundamental dar continuidade aos estudos nessa população. É essencial ampliar a amostragem de genótipos, pois essa população demonstrou ser uma fonte potencial de

diversidade ainda não explorada. Essa abordagem permitirá uma caracterização mais robusta da diversidade genética e da estrutura populacional. A expansão da amostragem possibilitará capturar variações genéticas e subgrupos que eventualmente não foram detectados na análise inicial, aumentando a representatividade do germoplasma estudado. Além disso, essa estratégia poderá fortalecer a base de dados para futuras investigações, assegurando que recursos genéticos sejam preservados e disponibilizados.

Os SNPs são marcadores moleculares que geralmente são bialélicos e codominantes, apresentando uma ampla distribuição no genoma (MISHRA et al., 2022; GOPIKRISHNA, 2023). Eles desempenham um papel importante nos estudos de diversidade genética (KIMWEMWE et al., 2023). A avaliação genética por meio desses marcadores ainda é escassa para o germoplasma do Espírito Santo, apesar da relevância desse estado para a cultura do café. A técnica utilizada para detecção de SNPs se baseia na redução da complexidade do genoma por meio de enzimas de restrição, com o sequenciamento de próxima geração (SANSALONI et al., 2011). Essa abordagem tem se mostrado altamente informativa e eficiente para a descoberta rápida e em larga escala de SNPs em organismos não modelo (THANT et al., 2021; GELAW et al., 2023; ABDOULAYE et al., 2024). Em *C. canephora*, essa metodologia foi aplicada para identificar marcadores SNPs em estudos de diversidade e estrutura populacional, revelando informações relevantes sobre a populações estudadas (GARAVITO et al., 2016; SPINOSO-CASTILLO et al., 2020; AKPERTEY et al., 2021; ZAIDAN et al., 2023; VERLEYSSEN et al., 2024).

Nesse contexto, objetiva-se avaliar, por meio de SNPs, a diversidade genética e a estrutura populacional de genótipos de *C. canephora* de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas de lavouras antigas do sul do Espírito Santo. Para abranger a diversidade botânica da espécie, foram incluídos genótipos dos grupos Conilon e Robusta, além de indivíduos morfologicamente intermediários entre ambos, mantidos por instituições de pesquisa. O estudo contemplou ainda genótipos comerciais e não comerciais, os quais representam uma amostra estratégica para a preservação do germoplasma de *C. canephora*. A importância deste estudo reside no potencial desses genótipos — originários de lavouras antigas — como recurso genético único para enriquecer bancos de germoplasma. Essa abordagem contribuirá para uma melhor compreensão das bases genéticas do *C. canephora* antigo do sul do Espírito Santo, e poderá subsidiar estratégias de melhoramento genético e conservação.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 MATERIAL VEGETAL

Foram avaliados um total de 649 genótipos de *C. canephora*. Dentre eles, 280 genótipos haviam sido previamente genotipados por Zaidan et al. (2023) e os dados foram integrados ao presente estudo. Dos 649 genótipos, 447 foram selecionados a partir de um total de 1.940, com base no vigor vegetativo e no potencial produtivo. Esses genótipos estão distribuídos entre 388 famílias de meios-irmãos de propagação seminal. As famílias foram oriundas de matrizes selecionadas em lavouras antigas do sul do Espírito Santo, que possuíam idades variando entre 15 e 80 anos. A região sul do estado foi escolhida porque foi a primeira a receber os genótipos de Conilon introduzidos. Neste caso, considerou-se previamente que o experimento contempla apenas genótipos do grupo Conilon. As famílias de meios-irmãos estão mantidas em um experimento instalado em abril de 2018, localizado em Mimoso do Sul, na região sul do Espírito Santo (21° 03' 01" S, 41° 30' 44" W, 190 m).

Nos demais 202 genótipos estão incluídos genótipos de Conilon, Robusta, e morfologicamente intermediários entre os dois grupos e outros sem informações prévias. Eles provêm de diferentes fontes. Uma parte, 167 genótipos, é oriunda do banco de germoplasma (BAG) do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). Esses genótipos foram coletados em Cachoeiro de Itapemirim e Marilândia, no Espírito Santo. O BAG contém genótipos provenientes de coleções do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig), além de progênies selecionadas em lavouras de diversos municípios do Espírito Santo e do Sul da Bahia. Também inclui progênies oriundas de cruzamentos controlados realizados pelo Incaper (FERRÃO et al., 2022). Outra parte, 30 genótipos, vem da coleção de trabalho da Universidade Federal do Espírito Santo (Ufes), que também inclui genótipos provenientes do Epamig. Por fim, uma terceira parte, cinco genótipos, é oriunda de um viveiro comercial localizado no Espírito Santo.

Para fins de controle amostral, dois genótipos de propagação seminal, provenientes de matrizes de lavouras antigas, foram repetidos na genotipagem e nas análises (genótipos G120.5 e G59). Além disso, cinco plantas de diferentes origens foram genotipadas. Todas essas plantas são supostamente de propagação vegetativa derivadas de uma única planta matriz, o clone comercial A1, que é relevante comercialmente para a região. Todas as

amostras foram incluídas nas análises de diversidade genética e estrutura populacional, sem exclusão de nenhuma delas.

A Tabela 1 apresenta origem, classificação em comercial e não comercial, grupo botânico e o número de genótipos. Informações mais detalhadas sobre cada genótipo são encontradas na Tabela Suplementar 1.

**Tabela 1.** Informações de 649 genótipos de *C. canephora* avaliados por marcadores SNPs obtidos via DArTseq™.

Origem*	Comercial/Não comercial	Grupo botânico	Número de genótipos	Genótipos**
Alegre	Não comercial	Conilon	10	176.5.3, 201.2.5, 201.6.5, 176.6.2, 203.2.2, 176.4.3, 176.2.3, 195.2, 201.2.1, 176.4.1
Cachoeiro de Itapemirim	Não comercial	Conilon	54	186.2.1, 136.33.4, 136.34.3, 189.1, 186.3.4, 136.5.5, 183.4.4, 189.4.4, 132.2.4, 136.32.1, 134.1, 136.18.1, 192.4.4, 136.3.4, 192.3.4, 186.5.1, 189.2.3, 187.2, 126.4, 186.41.3, 192.24.4, 136.26.4, 192.2.4, 136.19.5, 125.4, 136.18.3, 192.5, 136.27.5, 192.2.3, 189.2.4, 190.2.2, 136.19.3, 136.26.6, 132.2.1, 190.2.5, 189.4.2, 136.23.5, 136.23.1, 186.5.3, 186.5.2, 136.32.3, 125.5, 136.26.5, 186.4.3, 125.2, 136.36.2, 186.4.2, 192.5.1, 136.36.3, 192.2, 183.4.1, 186.3.2, 186.2.5, 186.41.1
Jerônimo Monteiro	Não comercial	Conilon	133	172.8.3, 146.2, 179.3.3, 166.5.4, 166.1, 171.6.3, 168.10.5, 168.5.5, 161.2.3, 144.5, 168.9.1, 162.2.3, 171.10.4, 169.10.3, 145.3, 180.7.2, 171.2.1, 170.1, 168.3.1, 165.3.2, 173.8.2, 179.4.5, 171.9.2, 166.2.3, 151.8.4, 181.4.1, 172.6.1, 172.5.1, 162.10.2, 161.7.4, 179.2.4, 173.6.5, 169.4.2, 168.6.3, 171.2, 164.10.2, 165.4.1, 170.6.5, 162.3, 162.6.2, 162.7.2, 164.8.2, 179.5.5, 173.3.1, 172.3.3, 151.9.5, 149.3, 169.2, 179.3, 164.4.6, 182.9.5, 149.1, 182.3.5, 144.2.4, G148.2, 182.5.3, 181.3.1, 162.10.4, 179.2.1, 169.5.2, 182.8.3, 172.4.5, 181.4.3, 182.10.1, 166.2.2, 169.10.2, 169.6.4, 173.4, 172.5.4, 171.6.4, 162.9.3, 161.10.3, 163.2.2, 162.10.1, 168.3.4, 151.9.3, 161.14.5, 161.10.2, 168.2.4, 161.5.1, 182.9.1, 181.10.5, 161.2.2, 179.6.3, 151.8.5, 169.8.2, 173.9.4, 171.9.1, 179.6.2, 164.6.4, 173.2.1, 168.3.2, 182.8.1, 151.6.2, 169.4.1, 168.5.4, 162.9.1, 151.8.2, 169.6.3, 182.2.1, 162.9.4, 181.4.4, 168.6.1, 172.7.1, 161.5.5, 161.10.1, 162.4.2, 143.3.5, 172.5.2, 173.5, 161.12.3, 161.10.4, 173.7.5, 179.1, 161.5.4, 173.6.2, 162.5.4, 162.4.4, 165.2.4, 172.3.1, 169.6.5, 173.8.5, 144.1, 173.2, 165.3.1, 170.9.2, 162.2.2, 173.3.4, 182.2.3, 161.14.4, 173.2.4, 173.6.3, 173.3.3
São José do Calçado	Não comercial	Conilon	24	95.1.2, 91.3, 95.2, 111.1, 97.5, 83.2, 98.2, 100.2, 114.4, 86.1, 85.2, 112.2, 113.4, 95.1.5, 103.2, 112.1, 94.4, 91.1, 105.3, 111.2, 112.5, 85.1, 83.5, 85.4
Sul*	Não comercial	Conilon	226	G1.4, 22.2, G77.1, G151.4, G99.5, G19.2, G69.3, G57.2, G27.5, G10.1, G79.2, G46.4, G127.5, G92.3, G93.3, G23.5, 281.6.5, G62.3, 300.3, G26.1, G67.1, G17.4, 62.5, 32.4.2, G80.3, G12.2, G63.5, G60.4, G91.5, G75.2, 64.3, G41.3, G14.2, G25.4, G8.5, G16.3, 131.3.5, G32.5, G59.4 (R1), 24.3, G7.4, G34.1, G104.4, 53.4, G37.5, 32.8.5, 281.8.2, 39.2.5, 60.3, G68.1, G98.3, G52.2, G118.2, G43.5, 75.4, G109.3, G146.4, 59.4, G154.1, G95.5, 54.1, 290.4.6, G2.5, G15.5, G64.5, G74.2, G110.4, G133.1, G156.2, G11.2, G72.1, G120.1, G44.1, G73.1, G111.5, 31.4.2, G9.1, 6.4, G78.3, 28.2.5, G102.4, 31.5, G59.4 (R2), G97.1, G55.1, G96.1, 58.4, G115.4, G3.1, G147.4, G20.3, 61.4, G38.2, G50.3, G56.4, G130.1, G137.1, G61.2, G155.5, 32.10.1, G117.5, 186.6.4, G138.1, 40.2, 29.2.3, G131.2, G127.6, 60.4, G136.2, G143.1, G92.4, G140.5, 21.4, G149.1, G129.5, 31.2.3, G144.3, 281.2.2, G145.5, G128.5, G14.4, 32.4.1, 34.2.3, G153.5, 46.3, G103.1, G120.5 (R1), G132.5, G141.2, G135.5, G120.5 (R2), G114.3, G42.2, G62.2, G114.5, G151.2, G155.1, G114.1, G42.1, G40.4, G114.4, G32.4, G151.5, G154.4, G153.2, G33.1, G130.3, G114.2, G151.3, 57.3, G5.4, G36.5, 58.2, G17.5, G153.1, 281.2.1, G154.2, G146.5, G6.3, G25.1, G154.3, G1.3, 7.5, G154.5, G37.4, 28.2.1, 31.6.1, G50.4, G45.1, G130.5, G31.3, G155.4, 57.4, 24.5, 53.3, G128.2, G39.4, 76.4, 39.2, G32.1, G73.2, 24.4, 281.1, G137.3, G40.2, G136.1, G33.2, G38.4, G97.2, 281.4, 53.2, G136.3, 36.2.4, 59.5, G137.5, G35.3, G97.3, 29.2.1, G131.3, G137.4, G51.4, G40.3, G123.5, G137.2, G65.4, G128.1, G22.1, G73.4, G65.2, G48.1, G133.2, G56.1, G104.2, G133.3, G123.3, G117.1, G97.4, 281.5, G73.3, 21.2, 281.2, G128.3, G128.4, G102.5, G129.3, G40.1
Incapér - Cachoeiro de Itapemirim	Não comercial	Conilon	29	BAG35, BAG129, BAG267, BAG341, BAG57, BAG138, BAG273, BAG347, BAG58, 33.Bahia.149, BAG279, BAG354, BAG59, 30.Bahia.153, BAG291, BAG359, BAG93, 10.Bahia.163, BAG319, BAG110, 13.Bahia.70, BAG320, BAG119, 01.Bahia.172, BAG327, BAG33, BAG127, BAG202, BAG328
		Robusta	18	IAC27.426, EP23.497, 416, IAC01.400, IAC32.431, IAC05.404, IAC38.437, IAC09.408, IAC55.454, IAC10.409, IAC72.471, IAC11.410, IAC73.472, IAC21.420, IAC74.473, IAC22.421, EP20.494, IAC23.422
		Intermediário	20	BAG367, BAG14, 208.176, BAG370, BAG42, BAG205, BAG380, BAG61, BAG238, BAG384, BAG88, BAG254, BAG385, BAG98, BAG255, BAG111, BAG312, BAG134, 203.372, 25.Bahia.166
		Não classificado	5	4B.211, 3B.212, 5B.213_B, 2B.214, 1B.215
Incapér Marilândia	Comercial	Conilon	13	R2, R3, R4, R5, R10, 101, 406, 127, 407, 301, 306, 308, 309
		Intermediário	3	405, 207, A1 (R4)
		Não classificado	25	Robustao_P2, Vitoria_P3, Jequitiba_P6, Robustao_P4, Centenario_P1, Robustao_P3, Vitoria_P4, Centenario_P2, Robustao_P5, Vitoria_P5, Centenario_P3, Diamante_P4, Jequitiba_P1, Centenario_P4, Marilandia_P11, Diamante_P8, Jequitiba_P2, Centenario_P7, Marilandia_P7, Vitoria_P1_U, Jequitiba_P3, Robustao_P1, Vitoria_P2, Jequitiba_P4, 286
		Conilon	5	BAG38, BAG196, BAG216, BAG223, BAG349
Ufes - Ceunes	Comercial	Robusta	19	IAC56.455, BAG558, IAC02.401, IAC71.470, Epamig.42, IAC17.416, EP03.477, Epamig.20, IAC19.418, EP07.481, IAC35.434, EP13.487, IAC45.444, EP38.512, IAC50.449, EP60.534, IAC51.450, EP63.537, Robusta
		Intermediário	15	BAG242, EP57.531, BAG361, IAC18.417, IAC39.438, 327.97, IAC48.447, 6R, EP22.496, 22R, 09.Robustao.78, EP31.505, VCU.13, EP35.509, VCU.20
		Conilon	6	V08.151, V07.160, V01.60, V02.74, V06.130, V10.148
		Intermediário	6	A1 (R2), A1 (R3), V03.66, V13.31, V11.147, V05.80
Viveiro comercial	Comercial	Não classificado	3	Apoata, V04.59, 02.12V
		Intermediário	2	G8, CH1
		Intermediário	1	A1 (R5)
Viveiro comercial	Comercial	Não classificado	27	LB1_201, P2.MP, K61, AS2, Pirata, Imbigudinho, LB1.MP, LB80, Bambural, AP, G20, LB88, Clementino, Peneirao, CM1, Beira.Rio.8, 7.P1, MP3, Verdim.TA, Tardio.C, Bicudo, Graudao.HP, L80, Tardio.V, Encapa.02, Ouro.Negro, Guarani
		Intermediário	1	A1 (R1)
		Não classificado	4	Verdin, RBS, RO, P2

\*Os genótipos com origem "Sul" foram coletados nos municípios de Alegre, Cachoeiro do Itapemirim, Jerônimo Monteiro e São José do Calçado no estado do Espírito Santo, mas sem identificação precisa em campo pelo município de origem. \*\*Genótipos G120.5 (R1) e G120.5 (R2); G59.4 (R1) e G59.4 (R2): "\_R1" e "\_R2" correspondem a réplicas da mesma amostra. Genótipos (A1\_(R1), A1\_(R2), A1\_(R3), A1\_(R4), A1\_(R5)): R1 a R5 correspondem à plantas distintas identificadas como clones oriundos supostamente de uma mesma planta matriz (clone A1). Os genótipos cuja identificação se inicia com "EP" e "IAC" pertencem ao BAG do Incaper, oriundos de intercâmbio com a Epamig e o IAC, respectivamente.

## 2.2 EXTRAÇÃO DO DNA GENÔMICO E GENOTIPAGEM POR SEQUENCIAMENTO

Folhas jovens de cada genótipo foram coletadas e armazenadas em um freezer a -80 °C. A extração do DNA seguiu o protocolo CTAB (DOYLE; DOYLE, 1990), com modificações propostas pelo IAC para otimizá-lo para o café, conforme realizado por Zaidan et al. (2023). A concentração e a integridade do DNA foram avaliadas utilizando o espectrofotômetro NanoDrop™ 2000 (Thermo Scientific). A qualidade do DNA foi testada em um gel de agarose a 0,80 %. As amostras que estavam adequadas para genotipagem foram enviadas ao Serviço de Análise Genética para Agricultura (SAGA) no México. Neste local, foi realizada a genotipagem por sequenciamento utilizando DArTseq™, que permite identificar milhares de SNPs ao longo do genoma da espécie estudada, com foco principal nas regiões gênicas.

A representação do genoma de cada genótipo foi alcançada por meio da redução da complexidade do DNA usando duas enzimas de restrição: *HpaII* (corte frequente) e *PstI* (corte raro). Os fragmentos resultantes foram ligados a um adaptador de código de barras e a um adaptador de amostra para identificação. Em seguida, os fragmentos foram submetidos a uma reação em cadeia da polimerase (PCR) conforme descrito por Kilian et al. (2012). Após a amplificação, quantidades equimolares dos produtos de cada amostra foram agrupadas em uma placa de microtitulação de 96 poços. Esses produtos foram purificados e quantificados para sequenciamento no sistema Illumina NovaSeq 6000. As sequências de código de barras foram identificadas e utilizadas para a chamada de rótulos. Sequências de baixa qualidade foram filtradas, e as sequências idênticas foram agrupadas em arquivos *fastqcall*. Esses arquivos foram processados através dos *pipelines* de chamada de SNPs do DArT PL (DArTsoft-seq14), conforme descrito por Sansaloni et al. (2020). O conjunto de dados obtido foi integrado ao publicado por Zaidan et al. (2023), resultando em um único conjunto. Como resultado, SNPs altamente informativos e de alta qualidade foram obtidos e utilizados para analisar a diversidade genética e a estrutura populacional dos 649 genótipos.

## 2.3 FILTRAGEM DOS MARCADORES

A filtragem dos marcadores foi conduzida considerando os parâmetros de qualidade *call rate* (0,90), reprodutibilidade (0,98) e *minor allele frequency* (MAF) (0,01). Essas

análises foram conduzidas no software R versão 4.2.3 (R CORE TEAM, 2025), utilizando o pacote *dartR* (GRUBER et al., 2018; MIJANGOS et al., 2022). A distribuição dos marcadores ao longo dos onze cromossomos de *C. canephora*, utilizando o genoma de referência publicado por Denoeud et al. (2014) (Strain: DH200=9; Genome assembly: AUK\_PRJEB4211\_v1; GenBank assembly accession: GCA\_900059795.1), disponível no banco de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), foi obtida. A representação gráfica foi alcançada por meio do pacote *CMplot* (LILIN-YIN, 2024).

## 2.4 DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL

A diversidade genética foi avaliada por meio da análise de agrupamento pelo método hierárquico de Ward.D2, utilizando a distância euclidiana média padronizada, utilizando os pacotes *vegan* (OKSANEN et al., 2013), *ggtree* (YU et al., 2017) e *ggplot2* (WICKHAM, 2011). Para determinar o número de *clusters*, utilizou-se o critério estatístico de Mojena (MOJENA, 1977). A heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) e índice de fixação intrapopulacional ( $F_{IS}$ ) foram estimados, bem como o índice de fixação interpopulacional ( $F_{ST}$ ) entre os *clusters* formados a partir do dendrograma. Para a obtenção gráfica do perfil genômico dos genótipos foi gerado um *heatmap* utilizando o pacote *pheatmap* (KOLDE, 2019). A análise molecular de variância (AMOVA) (EXCOFFIER et al., 1992) foi realizada utilizando o pacote de *poppr* (KAMVAR et al., 2014; KAMVAR et al., 2015). A diferenciação entre os *clusters* e a variação genética foram calculadas utilizando o pacote *hierfstat* (GOUDET, 2005).

A estrutura populacional foi analisada utilizando o método *Sparse Non-Negative Matrix Factorization* (sNMF). Cada valor de  $K$  foi testado com 10 repetições independentes, utilizando 10.000 iterações como critério de convergência. A escolha do melhor número de grupos ancestrais ( $K$ ) baseou-se em dois critérios complementares: (i) *cross-entropy* mínima, que aponta o modelo com menor erro de predição; (ii) o ponto de cotovelo na curva, que define o valor de  $K$  além do qual os ganhos em precisão se tornam mínimos. Com base no melhor  $K$ , um gráfico de estrutura populacional (*admixture barplot*) foi construído para visualizar as proporções de ancestralidade dos genótipos. As barras coloridas representam a contribuição relativa de cada grupo ancestral na composição genética das amostras

analisadas. As análises foram conduzidas utilizando o pacote *LEA* (FRICHOT; FRANÇOIS, 2015). Todas as análises foram conduzidas no software R versão 4.2.3 (R CORE TEAM, 2025).

### 3 RESULTADOS

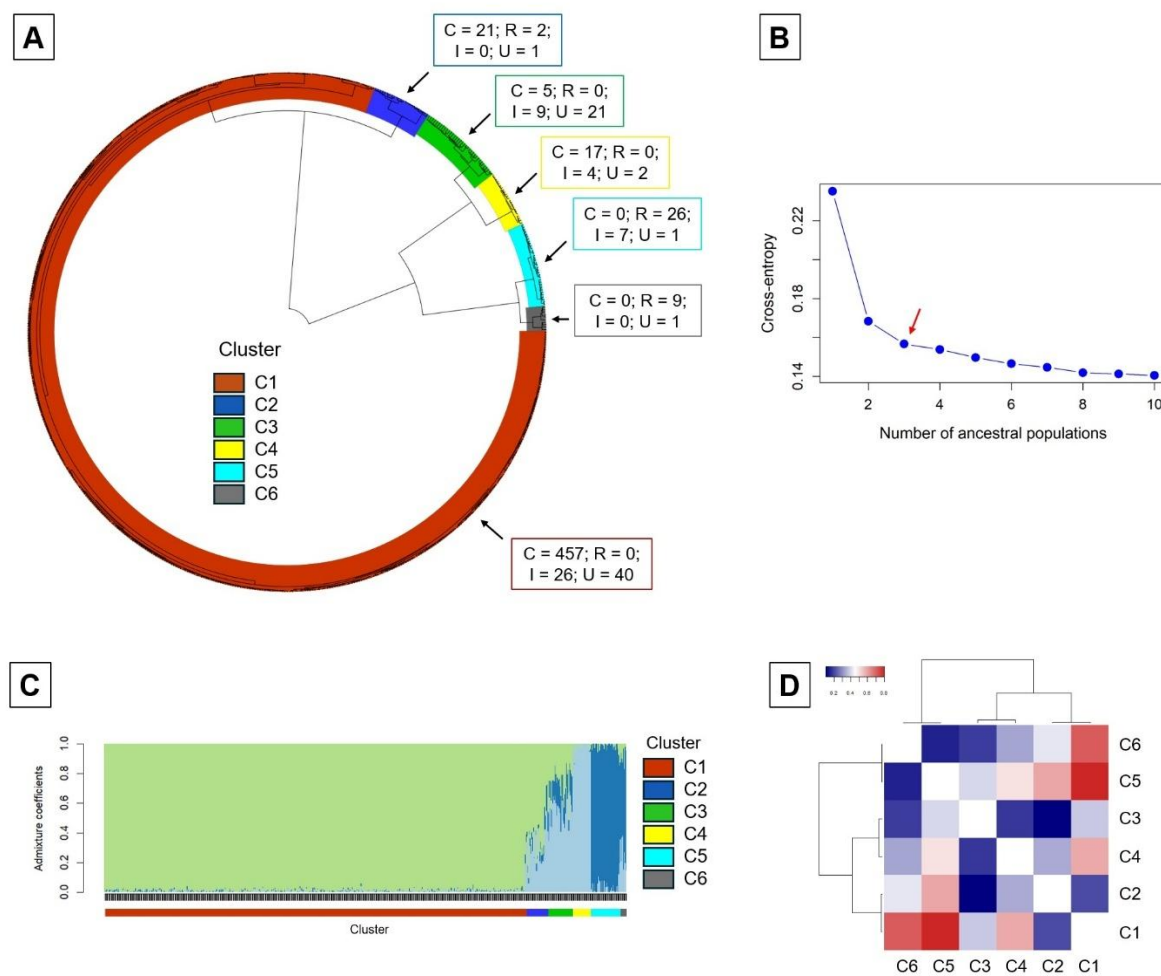
Foram identificados 16.156 SNPs nos 649 genótipos analisados. Após a aplicação de filtros de qualidade, 1.654 SNPs foram utilizados para as análises. Para a plotagem da distribuição desses marcadores ao longo dos onze cromossomos de *C. canephora* (Figura Suplementar 1), foram utilizados 1.029 SNPs localizados em regiões cromossômicas, com base no genoma de referência (DENOEUDE et al., 2014). Os demais marcadores, por estarem posicionados em *scaffolds*, não foram considerados para a plotagem.

A análise de agrupamento pelo método de Ward.D2 resultou em seis *clusters* (Tabela 2; Figura 1A). As amostras do genótipo G120.5, que foram repetidas na genotipagem, foram alocadas no *cluster* 1, enquanto as amostras do genótipo G59.4, também repetidas na genotipagem, foram alocadas no *cluster* 4 (Tabela 2). Quatro dos cinco genótipos identificados como clones comerciais, supostamente originários de uma mesma planta matriz (clone A1), foram alocados no *cluster* 4, enquanto um deles foi alocado em um *cluster* diferente (*cluster* 3) (Tabela 2). As amostras de A1 que permaneceram juntas foram coletadas de diferentes locais: duas amostras do Incaper de Marilândia, uma da coleção de trabalho da Ufes e uma de um viveiro comercial. A amostra que se alocou em outro *cluster* provém do Incaper de Cachoeiro de Itapemirim (Tabelas 1 e 2).

**Tabela 2.** Distribuição de 649 genótipos de *C. canephora* em seis *clusters* (C1 a C6) obtidos pelo método Ward.D2, número de *loci* polimórficos, estimativas da heterozigidade observada (Ho) e esperada (He) e respectivo desvio padrão ( $\pm$  SD) e índice de fixação intrapopulacional ( $F_{IS}$ ) de cada *cluster*.

Cluster	Genótipos*	Nº de genótipos**	Nº de loci polimórficos	Ho $\pm$ SD	He $\pm$ SD	$F_{IS}$
C1	G135.5_C, G98.3_C, 192.24.4_C, G78.3_C, 173.3.3_C, 161.2.3_C, G96.1_C, 173.3.4_C, G154.4_C, 192.2.2_C, 192.3.4_C, 192.5_C, 162.2.2_C, 172.3.3_C, G45.1_C, 166.2.3_C, 172.4.5_C, 165.4.1_C, 162.4.2_C, 95.2_C, 162.10.4_C, 114.4_C, G48.1_C, 171.2_C, <b>Tardio_V_U*</b> , G46.4_C, 134.1_C, 39.2.5_C, 143.3.5_C, G115.4_C, 31.4.2_C, 112.5_C, 111.1_C, G33.2_C, G32.1_C, 151.8.4_C, G14.4_C, G14.2_C, 186.5.2_C, 189.2.4_C, 281.2_C, 281.5_C, 136.26.5_C, 281.1_C, G130.5_C, G130.3_C, 181.4.1_C, 162.3_C, <b>RBS_U*</b> , 170.6.5_C, 168.9.1_C, 172.6.1_C, G64.5_C, 168.3.1_C, 407_C*, <b>Marilandia_P7_U*</b> , <b>Centenario_P3_U*</b> , 301_C*, <b>BAG134_I</b> , <b>Centenario_P1_U*</b> , 405_I*, <b>LB1_201_U*</b> , <b>LB1_MP_U*</b> , <b>BAG385_I</b> , <b>Jequitiba_P1_U*</b> , 176.5.3_C, G69.3_C, G50.3_C, 173.5_C, 170.1_C, G62.2_C, 171.10.4_C, 171.9.2_C, G36.5_C, 173.2_C, 179.5.5_C, 179.2.1_C, 168.3.4_C, 173.4_C, 173.8.5_C, 98.2_C, 190.2.5_C, 173.9.4_C, 173.6.3_C, 173.6.2_C, 136.32.3_C, 171.6.4_C, G60.4_C, 176.4.1_C, 112.1_C, 162.2.3_C, G145.5_C, G68.1_C, 46.3_C, G17.4_C, 146.2_C, G91.5_C, 300.3_C, 32.8.5_C, <b>Centenario_P4_U*</b> , 281.6.5_C, <b>V02.74_C*</b> , 176.6.2_C, G19.2_C, G34.1_C, <b>MP3_U*</b> , G32.5_C, 24.3_C, 136.33.4_C, 208.176_I, <b>BAG58_C</b> , G62.3_C, <b>BAG367_I</b> , 165.2.4_C, <b>BAG93_C</b> , <b>BAG129_C</b> , 09.Robustao.78_I, <b>BAG254_I</b> , <b>BAG14_I</b> , 85.4_C, 85.1_C, <b>V01.60_C*</b> , 62.5_C, <b>V13.31_I*</b> , <b>Centenario_P7_U*</b> , <b>CM1_U*</b> , <b>Vitoria_P4_U*</b> , <b>V05.80_I*</b> , G141.2_C, 75.4_C, 186.41.3_C, 189.4.4_C, G79.2_C, 173.3.1_C, 172.8.3_C, 126.4_C, G63.5_C, G1.3_C, 169.8.2_C, G104.2_C, 166.2.2_C, G97.3_C, <b>Tardio_C_U*</b> , 105.3_C, 168.6.3_C, 169.4.2_C, 172.5.1_C, <b>BAG320_C</b> , <b>BAG319_C</b> , 192.2.3_C, 192.2.4_C, 151.6.2_C, G32.4_C, 151.8.2_C, G42.1_C, 151.9.5_C, 168.3.2_C, 151.8.5_C, 189.4.2_C, 171.9.1_C, 179.6.2_C, 179.6.3_C, G97.2_C, 179.6.3_C, G131.2_C, G15.5_C, 64.3_C, 36.2.4_C, 176.4.3_C, 169.6.3_C, 161.5.4_C, 161.2.2_C, G7.4_C, 176.2.3_C, 136.26.4_C, <b>BAG223_C</b> , G140.5_C, 95.1.2_C, G10.1_C, G149.1_C, G144.3_C, 97.5_C, 306_C*, 172.7.1_C, G118.2_C, <b>Marilandia_P1_U*</b> , 21.2_C, G26.1_C, G38.2_C, <b>BAG61_I</b> , 181.4.4_C, G50.4_C, 169.10.2_C, 24.4_C, 24.5_C, 186.41.1_C, <b>BAG273_C</b> , G35.3_C, G120.1_C, G154.5_C, G6.3_C, 186.2.5_C, 179.1_C, 186.5.3_C, G111.5_C, 172.5.4_C, 166.1_C, 308_C*, G31.3_C, G123.3_C, 144.1_C, <b>BAG111_I</b> , 151.9.3_C, <b>Graudao_HP_U*</b> , <b>BAG42_I</b> , <b>Imbuidinho_U*</b> , <b>Verdin_U*</b> , <b>BAG380_I</b> , 309_C*, <b>BAG119_C</b> , 111.2_C, G43.5_C, <b>BAG267_C</b> , 406_C*, <b>BAG205_I</b> , 10.Bahia.163_C, G12.2_C, G33.1_C, G42.2_C, <b>BAG279_C</b> , 149.3_C, <b>BAG216_C</b> , <b>BAG202_C</b> , 136.32.1_C, <b>BAG327_C</b> , <b>BAG35_C</b> , 127_C*, <b>BAG242_I</b> , <b>BAG196_C</b> , <b>V10.148_C*</b> , <b>V08.151_C*</b> , <b>BAG33_C</b> , 136.23.1_C, G97.4_C, G103.1_C, 136.19.3_C, 136.19.5_C, G39.4_C, 189.2.3_C, 190.2.2_C, 39.2_C, 32.4.1_C, G92.3_C, G153.2_C, 01.Bahia.172_C, 172.3.1_C, G65.4_C, 181.10.5_C, <b>BAG312_I</b> , 164.6.4_C, 136.26.6_C, 136.27.5_C, 186.5.1_C, G127.5_C, G52.2_C, 173.8.2_C, 170.9.2_C, 172.5.2_C, <b>G120.5 (R2)_C</b> , <b>G120.5 (R1)_C</b> , 169.5.2_C, 31.5_C, 161.7.4_C, G77.1_C, 32.10.1_C, G95.5_C, G148.2_C, G67.1_C, 33.Bahia.149_C, 95.1.5_C, 281.4_C, G146.4_C, G153.5_C, <b>RO_U*</b> , 181.4.3_C, 281.8.2_C, 179.4.5_C, 136.23.5_C, G97.1_C, <b>BAG57_C</b> , 169.2_C, 132.2.4_C, <b>Diamante_P8_U*</b> , <b>BAG384_I</b> , 83.5_C, 181.3.1_C, <b>BAG88_I</b> , G27.5_C, 31.2.3_C, 83.2_C, 28.2.5_C, 179.3.3_C, 7.5_C, 132.2.1_C, <b>BAG59_C</b> , <b>Vitoria_P3_U*</b> , <b>Jequitiba_P2_U*</b> , <b>V06.130_C*</b> , <b>Vitoria_P5_U*</b> , <b>BAG341_C</b> , 34.2.3_C, G117.1_C, G9.1_C, 162.5.4_C, 6.4_C, 168.2.4_C, G130.1_C, G11.2_C, 161.5.1_C, 113.4_C, 103.2_C, G57.2_C, 30.Bahia.153_C, 164.10.2_C, <b>Peneirao_U*</b> , 25.Bahia.166_I, 162.4.4_C, G104.4_C, <b>BAG349_C</b> , <b>BAG238_I</b> , <b>Ouro.Negro_U*</b> , 125.5_C, 125.4_C, 125.2_C, 169.4.1_C, 28.2.1_C, G154.3_C, G154.2_C, 85.2_C, 86.1_C, <b>BAG291_C</b> , 59.4_C, 136.18.3_C, 136.18.1_C, G61.2_C, <b>V04.59_U*</b> , <b>BAG98_I</b> , <b>BAG127_C</b> , <b>Jequitiba_P6_U*</b> , 54.1_C, 53.4_C, <b>Robustao_P3_U*</b> , 136.3.4_C, 182.9.1_C, 31.6.1_C, G129.5_C, G3.1_C, G2.5_C, 182.8.1_C, G146.5_C, 168.10.5_C, 186.2.1_C, 144.2.4_C, G44.1_C, 173.2.4_C, 201.6.5_C, 21.4_C, 179.3_C, 166.5.4_C, 131.3.5_C, G75.2_C, 40.2_C, 100.2_C, G154.1_C, <b>Robustao_P5_U*</b> , <b>Robustao_P4_U*</b> , <b>BAG361_I</b> , <b>BAG38_C</b> , 58.2_C, 57.4_C, 61.4_C, 183.4.4_C, <b>BAG359_C</b> , 186.3.4_C, 144.5_C, G51.4_C, 179.2.4_C, <b>BAG354_C</b> , <b>BAG347_C</b> , 58.4_C, G117.5_C, 13.Bahia.70_C, 76.4_C, 169.6.5_C, 145.3_C, 53.2_C, 53.3_C, 91.1_C, G20.3_C, 168.5.4_C, <b>V11.147_I*</b> , 101_C*, 59.5_C, 169.6.4_C, G155.1_C, <b>Diamante_P4_U*</b> , 60.3_C, 161.5.5_C, 94.4_C, G17.5_C, 192.5.1_C, G131.3_C, 112.2_C, 201.2.5_C, G127.6_C, G56.4_C, <b>Verdim_TA_U*</b> , G56.1_C, 182.3.5_C, 186.6.4_C, 29.2.1_C, 29.2.3_C, G102.5_C, 162.10.1_C, G129.3_C, G102.4_C, 186.4.3_C, G74.2_C, G109.3_C, G72.1_C, G41.3_C, 163.2.2_C, 182.9.5_C, 186.4.2_C, 162.6.2_C, 162.10.2_C, 201.2.1_C, 162.9.1_C, G55.1_C, G38.4_C, 162.9.4_C, 164.8.2_C, G65.2_C, 171.2.1_C, 182.8.3_C, 182.5.3_C, 183.4.1_C, 136.34.3_C, 162.9.3_C, G110.4_C, <b>R4_C*</b> , 162.7.2_C, 189.1_C, 195.2_C, <b>BAG255_I</b> , <b>Robustao_P2_U*</b> , <b>BAG370_I</b> , <b>Vitoria_P2_U*</b> , <b>P2_MP_U*</b> , 281.2.2_C, 203.2.2_C, 136.5.5_C, 32.4.2_C, G73.4_C, G40.3_C, G40.2_C, G73.2_C, G73.3_C, G151.2_C, 186.3.2_C, G155.4_C, 173.2.1_C, 281.2.1_C, G40.1_C, G40.4_C, G73.1_C, 173.6.5_C, G156.2_C, G138.1_C, G155.5_C, <b>Jequitiba_P4_U*</b> , G128.2_C, G114.3_C, G114.4_C, G133.3_C, 161.10.4_C, 161.10.2_C, G114.5_C, G133.2_C, G114.2_C, G128.1_C, 161.10.1_C, G114.1_C, 171.6.3_C, G132.5_C, G133.1_C, 161.10.3_C, G37.5_C, G137.5_C, G151.3_C, G136.3_C, G136.3_C, 02.12V_U*, <b>R3_C*</b> , G137.4_C, G128.4_C, <b>AP_U*</b> , G37.4_C, G137.2_C, G137.3_C, Encapa.02_U*, G128.5_C, G151.4_C, G128.3_C, G136.1_C, 192.4.4_C, <b>R10_C*</b> , G151.5_C, G147.4_C, <b>Robustao_P1_U*</b> , G136.2_C, 182.10.1_C, G92.4_C, 60.4_C, G137.1_C	N = 523 (LA = 410; COM = 60; NC = 53). C = 457; R = 0; I = 26; U = 40.	1.252	0,08 $\pm$ 0,14	0,09 $\pm$ 0,15	0,10
C2	<b>P1_U*</b> , <b>BAG328_C</b> , <b>R2_C*</b> , 22.2_C, G153.1_C, <b>R5_C*</b> , 57.3_C, IAC51.450_R, <b>BAG558_R</b> , 161.12.3_C, 180.7.2_C, 168.6.1_C, G23.5_C, 182.2.3_C, G22.1_C, G5.4_C, G25.4_C, 168.5.5_C, 182.2.1_C, 187.2_C, G8.5_C, 91.3_C, G16.3_C, G25.1_C	N = 24 (LA = 18; COM = 3; NC = 3). C = 21; R = 2; I = 0; U = 1.	1.269	0,19 $\pm$ 0,22	0,18 $\pm$ 0,17	-  0,04
C3	<b>LB80_U*</b> , <b>V07.160_C*</b> , 6R_I, <b>Clementino_U*</b> , <b>Centenario_P2_U*</b> , <b>K61_U*</b> , <b>AS2_U*</b> , CH1_U, <b>Bicudo_U*</b> , 22R_I, <b>LB88_U*</b> , 286_U*, <b>BAG110_C</b> , <b>Guarani_U*</b> , <b>L80_U*</b> , <b>Pirata_U*</b> , G8_U, VCU.20_I, VCU.13_I, <b>V03.66_I*</b> , <b>Vitoria_P1_U*</b> , 1B.215_U, 4B.211_U, 2B.214_U, 5B.213_U, 3B.212_U, 207_I*, <b>A1 (R4)_I*</b> , <b>BAG138_C</b> , G99.5_C, <b>Beira.Rio.8_U*</b> , 169.10.3_C, 327.97_I, 203.372_I, <b>Jequitiba_P3_U*</b>	N = 35 (LA = 2; COM = 18; NC = 15). C = 5; R = 0; I = 9; U = 21.	1.572	$\pm$ 0,25	$\pm$ 0,17	-  0,09
C4	149.1_C, 290.4.6_C, <b>P2_U*</b> , 165.3.2_C, <b>G59.4 (R1)_C</b> , G143.1_C, <b>A1 (R1)_I*</b> , <b>G59.4 (R2)_C</b> , G80.3_C, 164.4.6_C, <b>A1 (R3)_I*</b> , G1.4_C, 136.36.2_C, 161.14.5_C, G123.5_C, 161.14.4_C, 136.36.3_C, 173.7.5_C, 165.3.1_C, <b>A1 (R2)_I*</b> , <b>A1 (R5)_I*</b> , G93.3_C	N = 23 (LA = 17; COM = 6; NC = 0). C = 17; R = 0; I = 4; U = 2.	800	$\pm$ 0,44	$\pm$ 0,24	-  0,73
C5	EP35.509_I, EP60.534_R, IAC02.401_R, IAC27.426_R, EP22.496_I, EP13.487_R, EP63.537_R, EP31.505_I, IAC09.408_R, IAC45.444_R, IAC71.470_R, 416_R, IAC17.416_R, IAC35.434_R, IAC01.400_R, IAC18.417_I, <b>Robusta_R</b> , IAC50.449_R, IAC11.410_R, IAC10.409_R, IAC48.447_I, IAC56.455_R, IAC55.454_R, IAC39.438_I, <b>Apoa_U*</b> , EP23.497_R, EP38.512_R, EP57.531_I, IAC22.421_R, IAC21.420_R, IAC12.420_R, Epamig.42_R, IAC38.437_R, Epamig.20_R, EP20.494_R	N = 34 (LA = 0; COM = 1; NC = 33). C = 0; R = 26; I = 7; U = 1.	1.199	$\pm$ 0,17	$\pm$ 0,19	0,25
C6	IAC19.418_R, IAC32.431_R, IAC73.472_R, EP07.481_R, EP03.477_R, IAC05.404_R, IAC74.473_R, IAC72.471_R, <b>G20_U*</b> , IAC23.422_R	N = 10 (LA = 0; COM = 1; NC = 9). C = 0; R = 9; I = 0; U = 1.	1.350	0,23 $\pm$ 0,20	0,27 $\pm$ 0,18	0,21

\*Destaque na cor azul: genótipos de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo; vermelho e com asterisco (\*): clones comerciais; azul e negrito (**G120.5 (R1)\_C** e **G120.5 (R2)\_C**; **G59.4 (R1)\_C** e **G59.4 (R2)\_C**): R1 e R2 correspondem à réplicas da mesma amostra; vermelho e negrito (**A1 (R1)\_I\***, **A1 (R2)\_I\***, **A1 (R3)\_I\***, **A1 (R4)\_I\***, **A1 (R5)\_I\***): R1 a R5 correspondem à plantas distintas identificadas como clones oriundos de uma mesma planta matriz (clone A1). Os genótipos não destacados correspondem aos não comerciais pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Incaper ou à coleção de trabalho da Ufes. Os genótipos que começam com "EP" e "IAC" pertencem ao BAG do Incaper, oriundos de intercâmbio com a Epamig e o IAC, respectivamente. Sufixo "C" = grupo botânico Conilon; "R" = grupo botânico Robusta; "I" = genótipo com características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta; "U" = não especificado o possível grupo botânico. \*\*N = Número total de genótipos no *cluster*; LA = número de genótipos provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas; COM = número de clones comerciais; NC = número de genótipos não comerciais pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma do Incaper ou à coleção de trabalho da Ufes; C = número de genótipos do grupo botânico Conilon; R = grupo botânico Robusta; I = número de genótipos com características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta; U = número de genótipos para os quais não foi previamente especificado o grupo botânico.



**Figura 1.** (A) Dendrograma de 649 genótipos de *C. canephora*, obtido pelo método Ward.D2 por meio da distância euclidiana média padronizada, utilizando 1.654 SNPs. As cores representam os seis *clusters* (C1 a C6) formados a partir do ponto de corte definido pelo critério de Mojena (MOJENA, 1977). Indicações em relação aos *clusters* referem-se ao número de genótipos de Conilon (C), intermediários (I), Robustas (R) e não classificados (U) que compõe o *cluster*. (B) Valores de *cross-entropy* em função do número de grupos ancestrais (K). O número ótimo de grupos ancestrais (K = 3) é indicado pela seta vermelha. (C) *Admixture barplot* considerando K = 3 (item B), com os seis *clusters* do item A indicados no eixo x. (D) *Heatmap* dos índices de fixação interpopulacional ( $F_{ST}$ ) entre os seis *clusters* do item A.

O *cluster* 4 destacou-se ao apresentar o maior valor para  $H_o$  (0,37). Observou-se uma diferença mais expressiva em relação ao valor de  $H_e$  (0,21) quando comparado aos demais *clusters*. Isso resultou em um  $F_{IS}$  negativo (-0,73), mais próximo de -1, indicando um excesso

de heterozigotos e evidenciando exogamia. Este *cluster* é composto por contém 17 genótipos de propagação seminal oriundos de matrizes de lavouras antigas, previamente classificadas como Conilon. Além disso, contém clones comerciais, incluindo A1 (genótipo com características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta), P2 e Bambural (Tabela 2). Por meio do perfil genômico representado pelo *heatmap* observa-se as diferenças deste *cluster* em relação aos demais, com predomínio de heterozigotos (Figura Suplementar 2). Já o *cluster* 3 apresentou o segundo maior valor de  $H_o$  (0,32) próximo a  $H_e$  (0,29), e valor negativo para  $F_{IS}$  (-0,09). Neste *cluster* alocaram-se 35 genótipos, incluindo dois de propagação seminal oriundos de matrizes de lavouras antigas e 18 comerciais (Tabela 2).

No maior *cluster*, o *cluster* 1, alocaram-se 523 genótipos, o que representa 80,59% do total de 649. Desses, 410 genótipos são de propagação seminal oriundos de matrizes de lavouras antigas. Além disso, 60 genótipos são comerciais. A maior parte dos genótipos foi classificada previamente como Conilon. Este *cluster* apresentou ainda os menores valores de  $H_o$  (0,08) e  $H_e$  (0,09), e  $F_{IS} = 0,10$ , indicando déficit de heterozigotos (Tabela 2). O *cluster* 2 foi composto em sua maioria por genótipos oriundos de matrizes de lavouras antigas, totalizando 18 de 24 genótipos. Além disso, incluiu três clones comerciais pertencentes ao banco de germoplasma do Incaper, dos quais dois são provenientes do intercâmbio de germoplasma do IAC ao Incaper (Tabela 2).

Os *clusters* 5 e 6 concentraram 96,29% dos genótipos originados do IAC, resultantes do intercâmbio de germoplasma entre o IAC e o Incaper. Esses *clusters* também englobam todos os genótipos provenientes da Epamig, resultantes do intercâmbio de germoplasma entre a Epamig e o Incaper (Tabela 2). Especificamente, o *cluster* 5 é composto por 19 genótipos do IAC e 12 da Epamig, enquanto o *cluster* 6 é formado por 7 genótipos do IAC e 2 da Epamig. Nesses *clusters*, houve uma predominância de genótipos previamente classificados como Robusta, totalizando 35 dos 37 genótipos desse grupo botânico: 26 no *cluster* 5 e 9 no *cluster* 6. Além disso, os *clusters* apresentaram os maiores valores positivos de  $F_{IS}$ , sendo  $F_{IS} = 0,25$  para o *cluster* 5 e  $F_{IS} = 0,21$  para o *cluster* 6, indicando endogamia (Tabela 2). Cada *cluster* incluiu apenas um clone comercial, o genótipo Apatã no *cluster* 5 e o genótipo G20 no *cluster* 6 (Tabela 2).

Os genótipos obtidos por meio da propagação seminal de matrizes de lavouras antigas foram, em sua maioria, agrupados no *cluster* 1. Este *cluster* inclui também outros genótipos já classificados como Conilon e intermediários (Tabela 2). De maneira semelhante, no *cluster* 4, os genótipos provenientes de matrizes de lavouras antigas foram

agrupados com aqueles previamente identificados como apresentando características intermediárias entre Conilon e Robusta. Esses resultados fornecem evidências de que os genótipos obtidos por propagação seminal de matrizes de lavouras antigas pertencem predominantemente ao grupo botânico Conilon. Em contraste, os genótipos do grupo Robusta alocaram-se, em sua maioria, nos *clusters* 5 e 6. Apenas dois genótipos de Robusta foram alocados no *cluster* 2 (Tabela 2).

Na análise de estrutura populacional, o número ótimo de grupos ancestrais foi determinado como 3 ( $K = 3$ ) (Figura 1B). Observou-se que os genótipos do *cluster* 1, o mais numeroso e predominantemente composto por Conilon (Figura 1A), apresentaram uma predominância de um único grupo ancestral (Figura 1C). O mesmo padrão foi observado no *cluster* 4, que teve os maiores valores de heterozigose observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ), além do menor valor de  $F_{IS}$ , e é composto principalmente por genótipos intermediários. No *cluster* 5, predominantemente formado por Robustas, também se destacou um único grupo ancestral, mas distinto dos outros *clusters*. Embora os *clusters* 1, 4 e 5 apresentem predominantemente um grupo ancestral em sua composição, cada um possui uma cor diferente, representando diferentes grupos ancestrais. Por outro lado, os genótipos dos *clusters* 2 (predominantemente Conilon), 3 (composto por Conilon, intermediários e, em sua maioria, por genótipos não previamente definidos) e 6 (predominantemente Robustas) mostraram uma mistura ligeiramente maior entre diferentes grupos ancestrais (Figura 1C). No geral, esses padrões de mistura foram mantidos quando foram considerados  $K = 4$  e  $K = 5$  de forma suplementar (Figura Suplementar 3A e 3B).

A análise de AMOVA demonstrou que 57,91% da variação genética total está distribuída entre os *clusters* (Tabela Suplementar 2), estabelecidos pelo método de agrupamento Ward.D2, evidenciando uma distinção genética significativa entre eles. Esse padrão foi reforçado por um *p*-valor altamente significativo ( $p < 0,001$ ) associado à variação inter-*clusters*. Paralelamente, a variação observada entre todos os genótipos, independentemente da classificação nos *clusters*, correspondeu a 40,96% da diversidade total, também com nível de significância marcante ( $p < 0,001$ ). Em contraste, a variação intra-*clusters* foi residual, representando apenas 1,13% do total, conforme detalhado na Tabela Suplementar 2.

Os valores de  $F_{ST}$  oscilam entre 0,10 e 0,80, refletindo distintos graus de diferenciação genética entre os *clusters* (Figura 1D). Os pares de *clusters* com maior distância genética foram 1 e 5 ( $F_{ST} = 0,80$ ) e 1 e 6 ( $F_{ST} = 0,72$ ), demonstrando elevada

divergência. Em contrapartida, os *clusters* 3 e 4 ( $F_{ST} = 0,18$ ) e 5 e 6 ( $F_{ST} = 0,15$ ) exibiram as menores diferenciações, indicando proximidade genética (Figura 1D; Tabela Suplementar 3). Esses resultados corroboram a análise de AMOVA (Tabela Suplementar 2), confirmando a estruturação de *clusters* geneticamente distintos e sustentando a presença de subdivisões significativas entre eles.

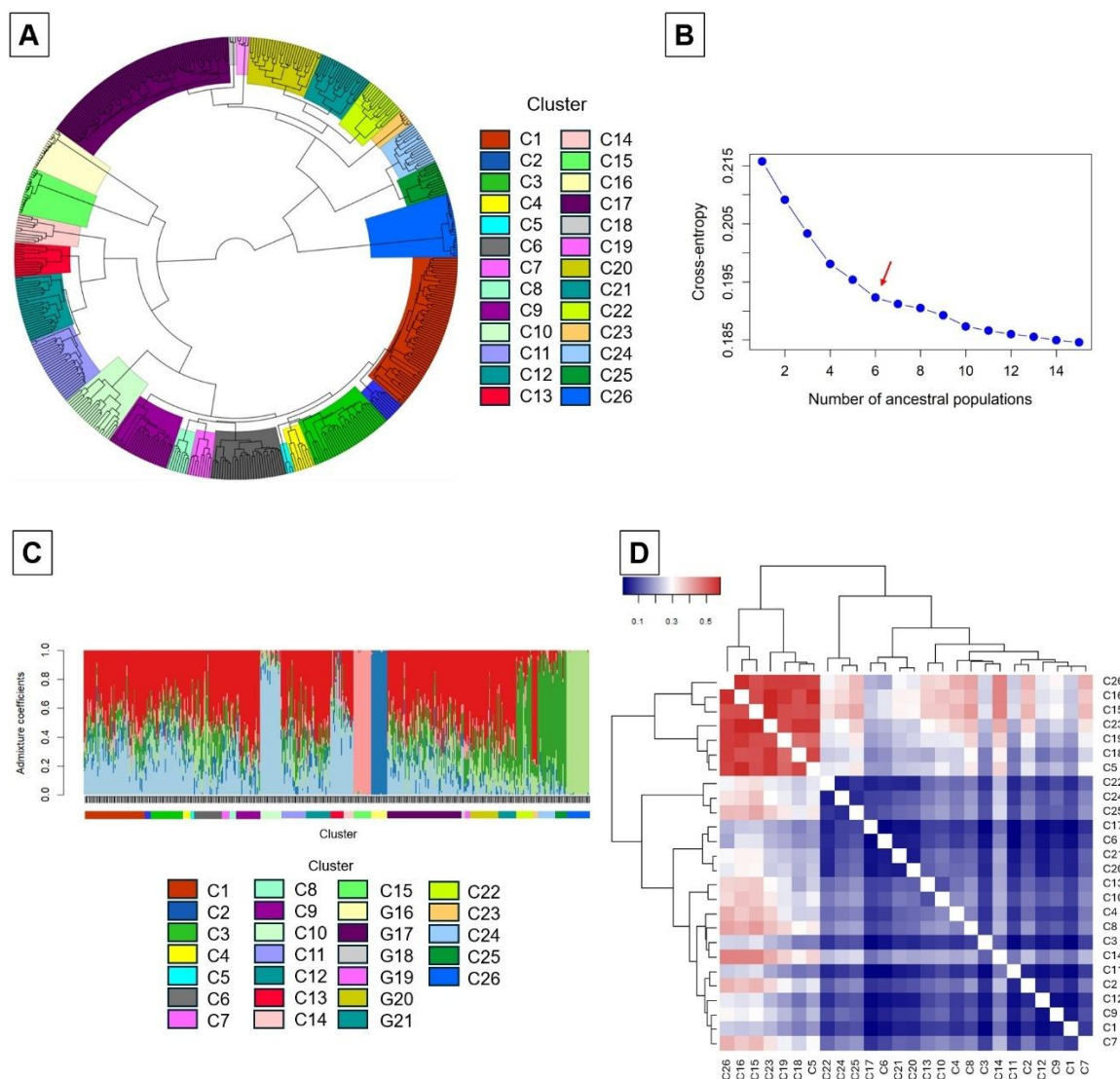
Para investigar de forma mais detalhada os padrões de diversidade genética estrutura populacional, foram realizadas quatro análises adicionais com diferentes conjuntos de genótipos, selecionados dentre os 649. A primeira análise focou no *cluster* 1, identificado na análise de agrupamento inicial pelo método Ward.D2. Este *cluster* destacou-se como o maior, abrangendo 523 dos 649 genótipos analisados (Figura 1A; Tabela 2). A segunda análise focou em 447 genótipos de propagação seminal, originários de matrizes de lavouras antigas. A terceira análise foi dedicada aos 89 genótipos comerciais. Por fim, a quarta análise abrangeu os 37 genótipos do grupo Robusta.

Na análise que considerou os 523 genótipos do *cluster* 1, identificado no agrupamento inicial, foram aplicados os mesmos critérios de filtros de qualidade utilizados anteriormente. A exceção foi o *call rate*, que foi reduzido de 0,90 para 0,85 especificamente para esta análise. Essa alteração teve como objetivo capturar um maior número de marcadores sem comprometer a qualidade da análise. Após a aplicação dos filtros de qualidade, o conjunto final utilizado nas análises incluiu 721 SNPs. Foram formados 26 *clusters* (Figura 2A, Tabela 3). Os genótipos de propagação seminal, oriundos de matrizes de lavouras antigas, se distribuíram entre diferentes *clusters*, exceto nos *clusters* 5, 18 e 19. Da mesma forma, os genótipos comerciais apresentaram comportamento similar, com exceção dos *clusters* 2, 7, 10, 13, 14 e 25. Os genótipos pertencentes ao banco de germoplasma do Incaper ou à coleção de trabalho da Ufes, que não são comerciais, foram alocados em 11 *clusters*. Os valores de  $H_o$  variaram de 0,16 (*cluster* 14) a 0,24 (*cluster* 18), enquanto os valores de  $H_e$  oscilaram entre 0,09 (*clusters* 23 e 26) e 0,24 (*cluster* 11) (Tabela 3).

**Tabela 3.** Distribuição de 523 genótipos de *C. canephora* em 26 clusters (C1 a C26) obtidos pelo método Ward.D2, número de *loci* polimórficos, estimativas da heterozigosidade observada (Ho) e esperada (He) e respectivo desvio padrão ( $\pm$  SD) e índice de fixação intrapopulacional ( $F_{IS}$ ) de cada *cluster*.

Cluster	Genótipos*	Nº de genótipos**	Nº de <i>loci</i> polimórficos	Ho	He	$F_{IS}$
C1	G10.1_C, 95.1.2_C, 300.3_C, G17.4_C, G91.5_C, G75.2_C, 64.3_C, 166.2.3_C, G7.4_C, 39.2.5_C, 97.5_C, G15.5_C, 171.2_C, G11.5_C, 31.4.2_C, 165.4.1_C, 100.2_C, G78.3_C, G96.1_C, 172.3.3_C, 192.24.4_C, 136.26.4_C, 40.2_C, G131.2_C, 125.4_C, G140.5_C, G149.1_C, G144.3_C, 281.2.2_C, 172.4.5_C, 46.3_C, G135.5_C, G42.2_C, 176.4.3_C, 169.8.2_C, 132.2.1_C, 66.3_C, G1.3_C, 7.5_C, G154.5_C, G45.1_C, 169.6.3_C, 181.4.4_C, 143.3.5_C, 186.5.5_C, 39.2_C, 176.2.3_C, 281.1_C, G97.2_C, 125.5_C, 136.26.5_C, 125.2_C, G48.1_C, 162.2.2_C, 281.5_C, 281.2_C, BAG61_I, BAG3_C, 101_C*, BAG223_C, V11.147_I*	N = 61 (LA = 56; COM = 2; NC = 3); C = 59; I = 2; U = 0.	681	0,20 $\pm$ 0,16	0,23 $\pm$ 0,17	0,13
C2	G14.2_C, 189.4.4_C, 189.2.3_C, G14.4_C, 189.2.4_C, 190.2.2_C, G39.4_C, 186.5.2_C	N = 8 (LA = 8; COM = 0; NC = 0); C = 8; I = 0; U = 0.	451	0,19 $\pm$ 0,16	0,19 $\pm$ 0,19	0,06
C3	172.8.3_C, 281.6.5_C, G62.3_C, G26.1_C, G63.5_C, 176.6.2_C, G68.1_C, 136.3.2_C, G95.5_C, 192.3.4_C, 126.4_C, 173.3.1_C, 186.41.3_C, 192.2.4_C, G153.5_C, Marilandia_P11_U*, 192.5_C, G141.2_C, 112.1_C, 192.2.3_C, 169.10.2_C, G154.4_C, 161.2.2_C, G50.4_C, 172.7.1_C, 179.1_C, G123.3_C, 192.2_C, 186.2.5_C, 186.41.1_C, P2.MP_U*, MP3_U*	N = 32 (LA = 29; COM = 3; NC = 0); C = 29; I = 0; U = 3.	658	0,19 $\pm$ 0,15	0,23 $\pm$ 0,17	0,17
C4	95.2_C, 114.4_C, 162.10.4_C, Vitoria_P2_U*, 24.5_C, 162.4.2_C, 24.4_C, V02.74_C*	N = 8 (LA = 6; COM = 2; NC = 0); C = 7; I = 0; U = 1.	426	0,20 $\pm$ 0,23	0,19 $\pm$ 0,19	0,04
C5	Vitoria_P4_U*, CM1_U*, V05.80_I*	N = 3 (LA = 0; COM = 3; NC = 0); C = 0; I = 1; U = 2.	161	0,18 $\pm$ 0,36	0,10 $\pm$ 0,19	-0,52
C6	G77.1_C, G46.4_C, 62.5_C, 132.2.4_C, 60.3_C, 31.5_C, 60.4_C, 85.2_C, 21.4_C, G145.5_C, Diamante_P8_U*, 95.1.5_C, 169.6.4_C, G155.1_C, 151.9.3_C, G17.5_C, 161.5.5_C, 85.1_C, 59.5_C, 85.4_C, BAG98_I, 21.2_C, BAG57_C, 33.Bahia.149_C, BAG367_I, BAG14_I, V01.60_C*, Tardio_V_U*, 306_C*	N = 29 (LA = 20; COM = 4; NC = 5); C = 24; I = 3; U = 2.	627	0,19 $\pm$ 0,17	0,22 $\pm$ 0,17	0,13
C7	166.1_C, 168.9.1_C, 172.6.1_C, 172.5.1_C, 169.4.2_C, 168.6.3_C, G64.5_C, 170.6.5_C, 172.5.4_C	N = 9 (LA = 9; COM = 0; NC = 0); C = 9; I = 0; U = 0.	411	0,19 $\pm$ 0,23	0,19 $\pm$ 0,19	0,04
C8	181.4.1_C, G104.4_C, RBS_U*, 162.3_C, 136.19.5_C, G130.3_C, 136.19.3_C, G130.5_C	N = 8 (LA = 7; COM = 1; NC = 0); C = 7; I = 0; U = 1.	392	0,18 $\pm$ 0,23	0,17 $\pm$ 0,19	0,01
C9	G19.2_C, G98.3_C, Centenario_P1_U*, Vitoria_P5_U*, BAG35_C, BAG267_C, BAG111_I, BAG134_I, 25.Bahia.166_I, 13.Bahia.70_C, BAG327_C, BAG238_I, BAG202_C, BAG242_I, V08.151_C*, BAG196_C, BAG216_C, 127_C*, 301_C*, BAG349_C, V06.130_C*, 308_C*, 309_C*, V10.148_C*	N = 24 (LA = 2; COM = 9; NC = 13); C = 17; I = 5; U = 2.	585	0,19 $\pm$ 0,18	0,21 $\pm$ 0,18	0,12
C10	G69.3_C, 171.10.4_C, 176.5.3_C, 170.1_C, G60.4_C, 171.9.2_C, 98.2_C, 179.5.5_C, G50.3_C, 179.2.1_C, G62.2_C, 171.6.4_C, 168.3.4_C, 173.9.4_C, 190.2.5_C, 173.6.2_C, 136.32.3_C, 173.8.5_C, 173.2_C, 173.3.4_C, 176.4.1_C, 173.6.3_C	N = 22 (LA = 22; COM = 0; NC = 0); C = 22; I = 0; U = 0.	458	0,20 $\pm$ 0,22	0,19 $\pm$ 0,19	-0,01
C11	G92.3_C, G12.2_C, Verdim_U*, 32.8.5_C, G118.2_C, 75.4_C, Centenario_P7_U*, 166.2.2_C, 105.3_C, 165.2.4_C, 172.3.1_C, G104.2_C, BAG129_C, BAG312_I, BAG93_C, 208.176_I, BAG42_I, BAG380_I, BAG119_C, 01.Bahia.172_C, BAG254_I, Imbigudinho_U*, Graudao_HP_U*, V13.31_I*, 09.Robustao.78_I, Tardio_C_U*	N = 26 (LA = 10; COM = 6; NC = 10); C = 14; I = 7; U = 5.	648	0,19 $\pm$ 0,15	0,24 $\pm$ 0,16	0,22
C12	G79.2_C, G43.5_C, 149.3_C, Centenario_P4_U*, 32.4.1_C, G103.1_C, G153.2_C, G33.1_C, 181.10.5_C, 136.26.6_C, 164.6.4_C, 136.23.1_C, 111.2_C, G32.1_C, 161.5.4_C, G33.2_C, G65.4_C, G97.4_C, BAG273_C, BAG279_C, 10.Bahia.163_C, BAG319_C, BAG320_C, BAG205_I, BAG38_C	N = 25 (LA = 17; COM = 1; NC = 7); C = 23; I = 1; U = 1.	632	0,19 $\pm$ 0,16	0,23 $\pm$ 0,17	0,19
C13	151.9.5_C, G38.2_C, 173.4_C, G42.1_C, G32.4_C, 179.6.3_C, 151.8.5_C, 171.9.1_C, 179.6.2_C, 168.3.2_C, 189.4.2_C, 151.6.2_C, 151.8.2_C	N = 13 (LA = 13; COM = 0; NC = 0); C = 13; I = 0; U = 0.	520	0,21 $\pm$ 0,22	0,22 $\pm$ 0,19	0,06
C14	G127.5_C, 173.8.2_C, G34.1_C, G52.2_C, G120.1_C, 186.5.1_C, 136.27.5_C, G120.5_(R1)_C, G120.5_(R2)_C, 172.5.2_C, 170.9.2_C	N = 11 (LA = 11; COM = 0; NC = 0); C = 11; I = 0; U = 0.	411	0,16 $\pm$ 0,20	0,17 $\pm$ 0,19	0,11
C15	173.6.5_C, G156.2_C, G73.1_C, G155.5_C, G138.1_C, Jequitiba_P4_U*, G151.2_C, G40.4_C, 281.2.1_C, 173.2.1_C, G155.4_C, G73.2_C, G40.2_C, G40.3_C, G73.4_C, G73.3_C, 186.3.2_C, G40.1_C	N = 18 (LA = 17; COM = 1; NC = 0); C = 17; I = 0; U = 1.	206	0,20 $\pm$ 0,39	0,10 $\pm$ 0,20	-0,84
C16	171.6.3_C, G37.5_C, G133.1_C, G132.5_C, G114.3_C, G114.5_C, G114.1_C, G114.4_C, 161.10.3_C, G114.2_C, 161.10.2_C, G128.2_C, 161.10.1_C, 161.10.4_C, G128.1_C, G133.2_C, G133.3_C	N = 17 (LA = 17; COM = 0; NC = 0); C = 17; I = 0; U = 0.	225	0,18 $\pm$ 0,37	0,10 $\pm$ 0,19	-0,82
C17	146.2_C, 166.5.4_C, G57.2_C, G27.5_C, 161.2.3_C, 162.2.3_C, G67.1_C, 145.3_C, 168.3.1_C, 179.4.5_C, 131.3.5_C, 151.8.4_C, 281.8.2_C, 111.1_C, G146.4_C, 134.1_C, 161.7.4_C, G154.1_C, G2.5_C, 83.2_C, G11.2_C, 136.3.4_C, 164.10.2_C, G44.1_C, G9.1_C, 6.4_C, RO_U*, G97.1_C, G115.4_C, G3.1_C, 169.2_C, 179.3_C, G130.1_C, Jequitiba_P6_U*, 32.10.1_C, 144.2.4_C, G148.2_C, Robustao_P3_U*, 181.3.1_C, G129.5_C, 113.4_C, 31.2.3_C, Diamante_P4_U*, 169.5.2_C, 34.2.3_C, 181.4.3_C, 103.2_C, 94.4_C, 168.2.4_C, G36.5_C, 161.5.1_C, 182.9.1_C, 28.2.1_C, 136.23.5_C, 31.6.1_C, 169.4.1_C, G31.3_C, 112.5_C, 162.5.4_C, 281.4_C, 83.5_C, 36.2.4_C, G35.3_C, 162.4.4_C, G131.3_C, 192.5.1_C, 144.1_C, BAG341_C, 30.Bahia.153_C, BAG370_I, 173.3.3_C, BAG384_I, BAG127_C, BAG88_I, Peneirao_U*, Ouro.Negro_U*	N = 76 (LA = 64; COM = 6; NC = 6); C = 67; I = 3; U = 6.	683	0,20 $\pm$ 0,16	0,22 $\pm$ 0,16	0,09
C18	Centenario_P3_U*, Marilandia_P7_U*, 407_C*	N = 3 (LA = 0; COM = 3; NC = 0); C = 1; I = 0; U = 2.	189	0,24 $\pm$ 0,42	0,12 $\pm$ 0,21	-0,61
C19	Jequitiba_P1_U*, LB1_201_U*, BAG385_I, 405_I*, LB1.MP_U*	N = 5 (LA = 0; COM = 4; NC = 1); C = 0; I = 2; U = 3.	200	0,22 $\pm$ 0,40	0,12 $\pm$ 0,21	-0,67
C20	186.2.1_C, 168.10.5_C, 144.5_C, 186.3.4_C, 53.4_C, 179.2.4_C, 136.18.1_C, 54.1_C, G20.3_C, 86.1_C, G61.2_C, Robustao_P4_U*, Robustao_P5_U*, 136.18.3_C, 91.1_C, 58.2_C, G146.5_C, 182.8.1_C, 168.5.4_C, 53.3_C, 76.4_C, 173.5_C, 53.2_C, G51.4_C, G117.1_C, BAG291_C, BAG359_C, BAG361_I	N = 28 (LA = 23; COM = 2; NC = 3); C = 25; I = 1; U = 2.	581	0,19 $\pm$ 0,18	0,20 $\pm$ 0,17	0,05
C21	179.3.3_C, 171.2.1_C, 183.4.4_C, 24.3_C, 59.4_C, 28.2.5_C, 164.8.2_C, 58.4_C, 61.4_C, Vitoria_P3_U*, G117.5_C, Jequitiba_P2_U*, 57.4_C, 169.6.5_C, G65.2_C, BAG347_C, BAG58_C, BAG354_C, BAG59_C, V04.59_U*, 406_C*	N = 21 (LA = 13; COM = 4; NC = 4); C = 18; I = 0; U = 3.	544	0,19 $\pm$ 0,18	0,20 $\pm$ 0,18	0,08
C22	136.33.4_C, 136.5.5_C, 201.6.5_C, 162.10.2_C, 162.6.2_C, 203.2.2_C, 182.9.5_C, G137.1_C, 163.2.2_C, G154.2_C, G154.3_C, 162.9.4_C, G384_C, 186.4.2_C, 201.2.1_C, 173.2.4_C	N = 16 (LA = 16; COM = 0; NC = 0); C = 16; I = 0; U = 0.	528	0,23 $\pm$ 0,24	0,20 $\pm$ 0,18	-0,11
C23	201.2.5_C, G56.4_C, G127.6_C, 112.2_C, G56.1_C, Verdim.TA_U*	N = 6 (LA = 5; COM = 1; NC = 0); C = 5; I = 0; U = 1.	155	0,17 $\pm$ 0,37	0,09 $\pm$ 0,19	-0,74
C24	136.34.3_C, 189.1_C, G41.3_C, G32.5_C, G110.4_C, 162.7.2_C, G55.1_C, Robustao_P2_U*, 182.5.3_C, 182.8.3_C, 162.9.3_C, 162.9.1_C, G97.3_C, 195.2_C, 183.4.1_C, BAG255_I, R4_C*	N = 17 (LA = 14; COM = 2; NC = 1); C = 15; I = 1; U = 1.	520	0,21 $\pm$ 0,22	0,20 $\pm$ 0,19	-0,01
C25	32.4.2_C, G109.3_C, G74.2_C, G72.1_C, G102.4_C, 186.6.4_C, 182.3.5_C, 29.2.3_C, 162.10.1_C, 186.4.3_C, 29.2.1_C, G102.5_C, G129.3_C	N = 13 (LA = 13; COM = 0; NC = 0); C = 13; I = 0; U = 0.	388	0,20 $\pm$ 0,26	0,18 $\pm$ 0,20	-0,09
C26	G1514_C, 192.4.4_C, G1474_C, G1362_C, G92.4_C, G128.5_C, 182.10.1_C, Robustao_P1_U*, G151.5_C, G151.3_C, G37.4_C, G137.3_C, G136.1_C, G136.3_C, G137.5_C, G137.4_C, G137.2_C, R3_C*, G128.3_C, G128.4_C, R10_C*, AP_U*, Encapa.02_U*, 02.12V_U*	N = 24 (LA = 18; COM = 6; NC = 0); C = 20; I = 0; U = 4.	226	0,17 $\pm$ 0,37	0,09 $\pm$ 0,19	-0,82

\*Destaque na cor azul: genótipos de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo; vermelho e com asterisco (\*): clones comerciais; azul e negrito (G120.5\_(R1)\_C e G120.5\_(R2)\_C): R1 e R2 correspondem à réplicas da mesma amostra. Os genótipos não destacados correspondem aos não comerciais pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Incaper ou à coleção de trabalho da Ufes. Sufixo “\_C” = grupo botânico Conilon; “\_R” = grupo botânico Robusta; “\_I” = genótipo com características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta; “\_U” = não especificado o possível grupo botânico. \*\*N = Número total de genótipos na *cluster*; LA = número de genótipos provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas; COM = número de clones comerciais; NC = número de genótipos não comerciais pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Incaper ou à coleção de trabalho da Ufes; C = grupo botânico Conilon; R = grupo botânico Robusta; I = genótipo com características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta; U = não especificado o possível grupo botânico.



**Figura 2.** (A) Dendrograma de 523 genótipos de *C. canephora* obtidos pelo método Ward.D2 por meio da distância euclidiana média padronizada, utilizando 721 SNPs. As cores representam os 26 *clusters* (C1 a C26) formados a partir do ponto de corte determinado segundo o critério de Mojena (MOJENA, 1977). (B) Valores de *cross-entropy* em função do número de grupos ancestrais ( $K$ ). O número ótimo de grupos ancestrais ( $K = 6$ ) é indicado pela seta vermelha. (C) *Admixture barplot* considerando  $K = 6$  (item B), com os 26 *clusters* do item A indicados no eixo x. (D) *Heatmap* dos índices de fixação interpopulacional ( $F_{ST}$ ) entre os 26 *clusters* do item A.

Valores negativos de  $F_{IS}$ , que são indicativos de excesso de heterozigotos, foram observados em 11 dos 26 *clusters* (Tabela 3). Destacam-se, entre eles, o *cluster* 16, que apresentou um valor de  $F_{IS} = -0,82$ . Este *cluster* é composto por 17 genótipos de propagação

seminal oriundos de matrizes de lavouras antigas. Outro *cluster* em destaque é o 26, também com um valor de  $F_{IS} = -0,82$ , que inclui 18 genótipos de propagação seminal provenientes de matrizes de lavouras antigas, além de seis genótipos comerciais. O *cluster* 15, apresentou um valor de  $F_{IS} = -0,84$  e é formado por 18 genótipos de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas, juntamente com um genótipo comercial (Tabela 3). Em contraste, valores positivos de  $F_{IS}$ , que evidenciam um excesso de homozigotos, foram registrados em outros *clusters*. Dentre esses, destaca-se o *cluster* 3, com um valor de  $F_{IS} = 0,17$ , inclui 32 genótipos, dos quais 29 são de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas e três são comerciais. Já o *cluster* 12 apresenta um valor de  $F_{IS} = 0,19$  e é composto por 25 genótipos, sendo 17 de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas, um comercial e sete não comerciais do BAG do Incaper. Por fim, o *cluster* 11 com valor de  $F_{IS}$  de 0,22 que possui 10 genótipos de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas, seis comerciais e 10 não comerciais pertencentes ao BAG do Incaper ou à coleção de trabalho da Ufes (Tabela 3).

Na análise de estrutura populacional, o melhor valor de  $K$  foi definido como  $K = 6$  (Figura 2B). De modo geral, observou-se maior estruturação nos *clusters* 10, 15, 16 e 26 (Figura 2C), os quais apresentam composições genéticas distintas, sendo cada *cluster* predominantemente formado por um único grupo ancestral. Dentre esses *clusters* com menor mistura genética, os *clusters* 15, 16 e 26 destacaram-se por apresentar os menores valores de  $F_{IS}$  (mais próximos de -1) (Tabela 3). Por outro lado, os demais *clusters* exibiram, em sua maioria, composições mistas de diferentes grupos genéticos, conforme também evidenciado com  $K = 7$  (Figura Suplementar 4). Os maiores valores de  $F_{ST}$  foram observados entre o *cluster* 23 e os *clusters* 18 (0,56), 16 (0,58) e 15 (0,59) (Figura 2D; Tabela Suplementar 4).

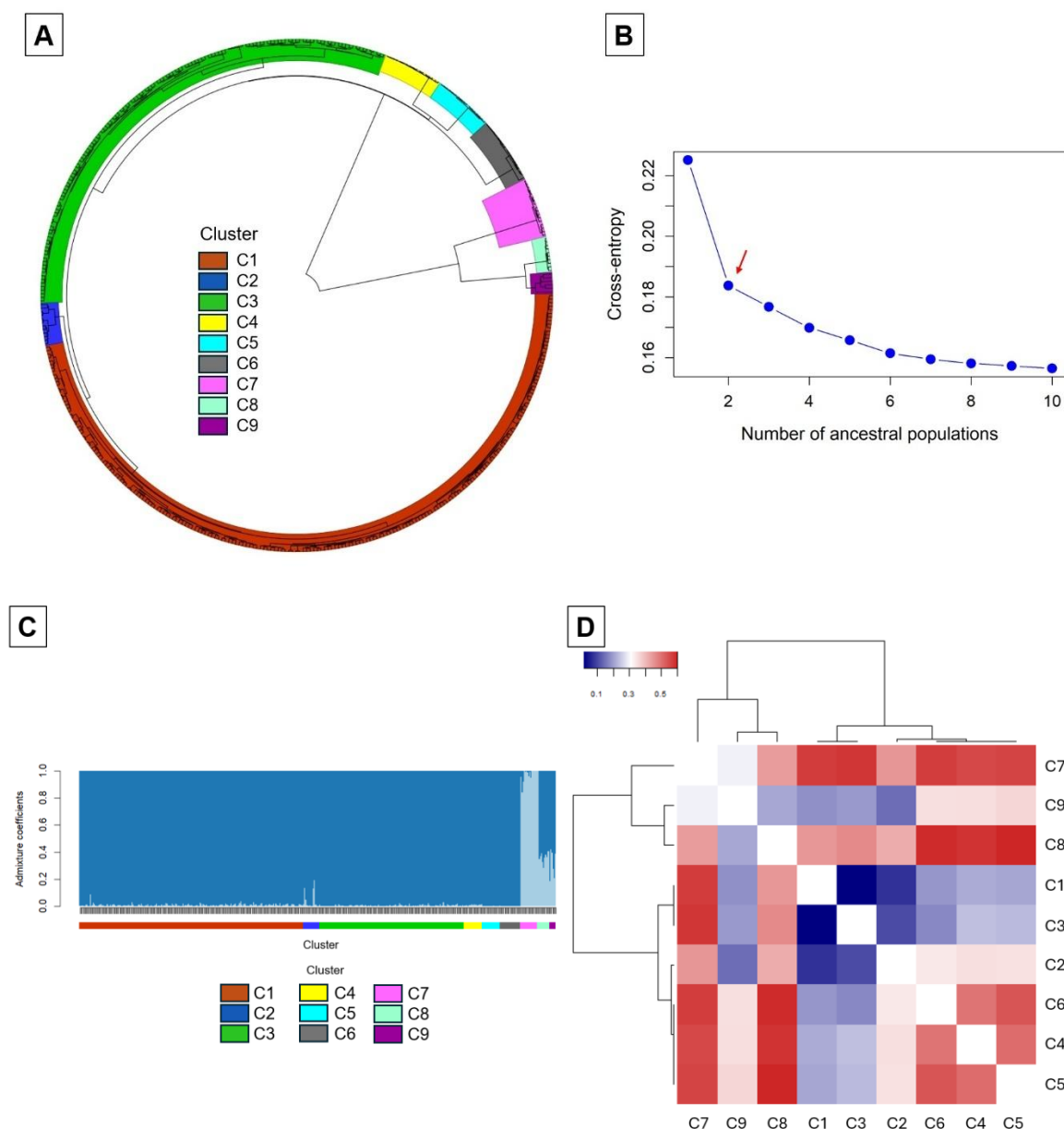
Na análise de 447 genótipos de propagação seminal originários de matrizes de lavouras antigas, foram identificados nove *clusters* (Figura 3A; Tabela 4). Os valores de  $H_o$  variaram de 0,10 (*clusters* 4, 5 e 6) a 0,50 (*cluster* 7), enquanto a  $H_e$  oscilou entre 0,05 (*clusters* 5 e 6) e 0,27 (*cluster* 7). O  $F_{IS}$  variou de -0,81 (*cluster* 4) a 0,14 (*cluster* 2) (Tabela 4). O *cluster* 7, composto por 17 genótipos, destacou-se pelos maiores valores de  $H_o$  (0,50) e  $H_e$  (0,27). Esses genótipos já haviam sido agrupados previamente na análise inicial com 649 genótipos (Tabela 2), juntamente com genótipos comerciais A1 (considerado previamente como um genótipo que possui características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta), P2, Tributun e Bambural. Além disso, o *cluster* 7 exibiu evidências de exogamia, com  $F_{IS}$  de -0,75. Valores similares de  $F_{IS}$  foram registrados nos *clusters* 6 (-0,77), 5 (-0,78) e 4 (-0,81) (Tabela 4). Considerando  $K = 2$  (Figura 3B), os *clusters* 1 a 6

apresentaram composição majoritária de um único grupo ancestral (Figura 3C). Análises adicionais com  $K = 3$  e  $K = 4$  confirmaram esse padrão, exceto para  $K = 4$ , em que os *clusters* 4 e 5 foram predominantemente formados por outro grupo ancestral. Contudo, este grupo exibiu compartilhamento genético com outros *clusters*, ainda que em menor proporção. Por outro lado, o *cluster* 7 destacou-se por exibir uma estruturação genética única, embora com discretos sinais de mistura com outros grupos ancestrais (Figuras Suplementares 5A e 5B). Na análise de  $F_{ST}$ , os valores variaram de 0,20 (entre os *clusters* 1 e 3) a 0,60 (entre os *clusters* 8 e 5) (Figura 3D; Tabela Suplementar 5).

**Tabela 4.** Distribuição de 447 genótipos de *C. canephora* em nove clusters (C1 a C9) obtidos pelo método Ward.D2, número de loci polimórficos, estimativas da heterozigosidade observada (Ho) e esperada (He) e respectivo desvio padrão ( $\pm$  SD) e índice de fixação intrapopulacional ( $F_{IS}$ ) de cada cluster.

Cluster	Genótipos*	Nº de genótipos	Nº de loci polimórficos	Ho $\pm$ SD	He $\pm$ SD	$F_{IS}$
C1	G77.1, 172.8.3, 146.2, G19.2, G69.3, G10.1, G79.2, G46.4, 166.1, 95.1.2, 136.33.4, G92.3, 161.2.3, 281.6.5, G62.3, 168.9.1, 162.2.3, 171.10.4, 176.5.3, 300.3, G17.4, 170.1, G12.2, G63.5, G60.4, G91.5, 168.3.1, 64.3, G14.2, 179.4.5, 171.9.2, 166.2.3, 95.2, 176.6.2, 181.4.1, 189.4.4, G7.4, 172.6.1, G34.1, G104.4, 172.5.1, 32.8.5, 111.1, 39.2.5, G68.1, G98.3, G118.2, G43.5, 136.32.1, 75.4, G146.4, 97.5, 134.1, 169.4.2, G95.5, G15.5, 168.6.3, G64.5, 171.2, 98.2, G120.1, G111.5, 31.4.2, 165.4.1, 192.3.4, G9.1, 170.6.5, G78.3, 162.3, 31.5, 189.2.3, 126.4, G96.1, 179.5.5, 173.3.1, G115.4, 172.3.3, 151.9.5, 149.3, G38.2, G50.3, 186.41.3, 192.24.4, 114.4, 136.26.4, 40.2, G131.2, 192.2.4, 136.19.5, 181.3.1, 125.4, G140.5, G149.1, 162.10.4, 179.2.1, 113.4, G144.3, 281.2.2, G14.4, 32.4.1, 34.2.3, G153.5, 172.4.5, 192.5, 95.1.5, 46.3, G103.1, 166.2.2, G141.2, G135.5, 112.1, G42.2, G62.2, 192.2.3, 169.10.2, 189.2.4, 173.4, G42.1, 172.5.4, G32.4, 176.4.3, G154.4, 171.6.4, G153.2, G33.1, G130.3, 168.3.4, 151.9.3, 190.2.2, 136.19.3, G36.5, 161.5.1, 182.9.1, 181.10.5, 161.2.2, 179.6.3, 136.26.6, 151.8.5, 169.8.2, 132.2.1, G6.3, 173.9.4, 171.9.1, 179.6.2, 164.6.4, 168.3.2, G1.3, 7.5, G154.5, 190.2.5, 189.4.2, 105.3, 151.6.2, G50.4, G45.1, 151.8.2, G130.5, 136.23.1, G31.3, 169.6.3, 181.4.4, 24.5, 111.2, 172.7.1, 112.5, G39.4, 162.4.2, 143.3.5, 172.5.2, 186.5.3, 39.2, G32.1, 176.2.3, 179.1, 161.5.4, 24.4, 281.1, 186.5.2, 173.6.2, G33.2, G97.2, 136.32.3, 281.4, 36.2.4, 125.5, G97.3, 136.26.5, 162.4.4, 165.2.4, 125.2, G65.4, 172.3.1, 173.8.5, 144.1, 173.2, G48.1, 162.2.2, G104.2, G123.3, 173.3.4, 192.2, 176.4.1, G97.4, 281.5, 186.2.5, 21.2, 186.41.1, 281.2, 173.6.3, 173.3.3	210	969	0,11 $\pm$ 0,15	0,12 $\pm$ 0,16	0,12
C2	G127.5, G23.5, 180.7.2, 173.8.2, G52.2, 186.5.1, 136.27.5, <b>G120.5 (R1)</b> , <b>G120.5 (R2)</b> , 168.6.1, 161.12.3, 170.9.2	12	691	0,11 $\pm$ 0,16	0,12 $\pm$ 0,16	0,14
C3	179.3.3, 166.5.4, G57.2, G27.5, 186.2.1, 168.10.5, 144.5, 136.34.3, G26.1, G67.1, 189.1, 186.3.4, 145.3, 136.5.5, 62.5, 32.4.2, 201.2.5, 171.2.1, 183.4.4, G75.2, G41.3, 131.3.5, G32.5, 201.6.5, 24.3, 151.8.4, 53.4, 162.10.2, 281.8.2, 132.2.4, 60.3, G109.3, 59.4, 161.7.4, G154.1, 179.2.4, 136.18.1, 54.1, G2.5, 83.2, G74.2, G110.4, G11.2, 136.3.4, G72.1, 164.10.2, G44.1, 6.4, 100.2, 28.2.5, G102.4, G97.1, 162.6.2, 162.7.2, G55.1, 164.8.2, 203.2.2, 58.4, G3.1, G20.3, 61.4, G56.4, 169.2, 179.3, G130.1, 182.9.5, 86.1, G61.2, 32.10.1, G117.5, 186.6.4, 182.3.5, 29.2.3, G127.6, 60.4, 144.2.4, G148.2, 182.5.3, 85.2, 112.2, 21.4, G129.5, 136.18.3, 31.2.3, G145.5, 169.5.2, 182.8.3, 181.4.3, 103.2, 169.6.4, 94.4, G155.1, 91.1, 162.9.3, 163.2.2, 162.10.1, 168.2.4, 58.2, G17.5, G154.2, G146.5, G154.3, 182.8.1, 28.2.1, 136.23.5, 31.6.1, 169.4.1, 168.5.4, 162.9.1, 57.4, 162.9.4, 53.3, 161.5.5, 76.4, 173.5, G38.4, 85.1, 162.5.4, 53.2, 83.5, 59.5, G35.3, 186.4.3, 29.2.1, G131.3, G51.4, 186.4.2, 192.5.1, 169.6.5, 195.2, G65.2, G56.1, 85.4, G117.1, 201.2.1, 183.4.1, 173.2.4, G102.5, G129.3	139	834	0,11 $\pm$ 0,16	0,11 $\pm$ 0,16	0,06
C4	173.6.5, G156.2, G73.1, G155.5, G138.1, G151.2, G40.4, 281.2.1, 173.2.1, G155.4, G73.2, G40.2, G40.3, G73.4, G73.3, 186.3.2, G40.1	17	234	0,10 $\pm$ 0,29	0,06 $\pm$ 0,15	- 0,81
C5	171.6.3, G37.5, G133.1, G132.5, G114.3, G114.5, G114.1, G114.4, 161.10.3, G114.2, 161.10.2, G128.2, 161.10.1, 161.10.4, G128.1, G133.2, G133.3	17	268	0,10 $\pm$ 0,28	0,05 $\pm$ 0,14	- 0,78
C6	G151.4, 192.4.4, G147.4, G137.1, G136.2, G92.4, G128.5, 182.10.1, G151.5, G151.3, G37.4, G137.3, G136.1, G136.3, G137.5, G137.4, G137.2, G128.3, G128.4	19	298	0,10 $\pm$ 0,28	0,05 $\pm$ 0,14	- 0,77
C7	G1.4, G93.3, G80.3, 165.3.2, <b>G59.4 (R1)</b> , 290.4.6, <b>G59.4 (R2)</b> , 164.4.6, 149.1, G143.1, 161.14.5, 173.7.5, 136.36.2, G123.5, 136.36.3, 165.3.1, 161.14.4	17	790	0,50 $\pm$ 0,46	0,16 $\pm$ 0,24	- 0,75
C8	91.3, 168.5.5, G25.4, G8.5, G16.3, 187.2, G5.4, 182.2.1, G22.1, 182.2.3	10	474	0,28 $\pm$ 0,42	0,23 $\pm$ 0,25	- 0,68
C9	22.2, G99.5, 169.10.3, 57.3, G153.1, G25.1	6	1.031	0,27 $\pm$ 0,23	0,17 $\pm$ 0,17	- 0,01

\*Genótipos destacados em negrito (**G120.5 (R1)** e **G120.5 (R2)**; **G59.4 (R1)** e **G59.4 (R2)**): R1 e R2 correspondem à réplicas da mesma amostra.



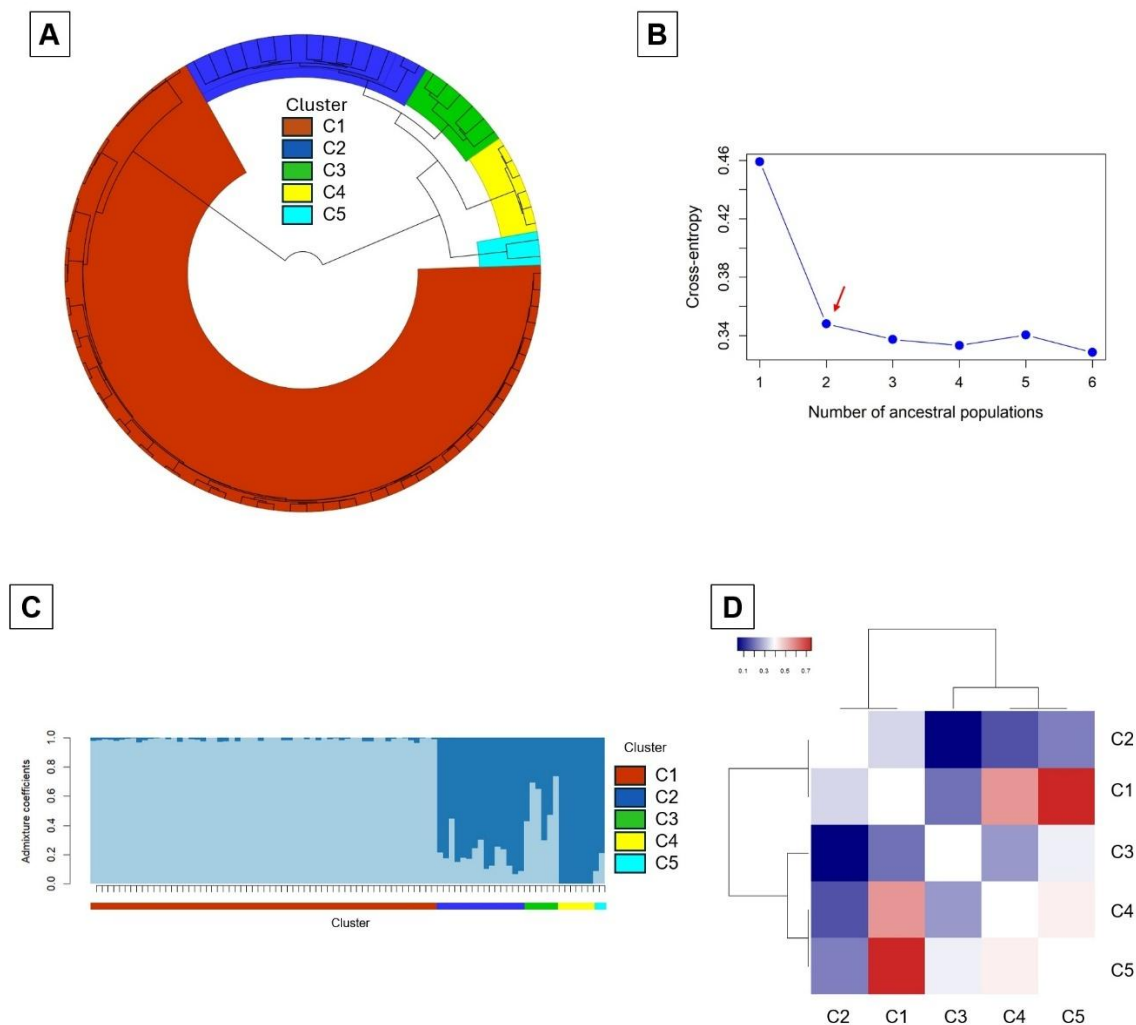
**Figura 3.** (A) Dendrograma de 447 genótipos de *C. canephora* obtido pelo método Ward.D2 por meio da distância euclidiana média padronizada, utilizando 1.306 SNPs. As cores representam os nove *clusters* (C1 a C9) formados a partir do ponto de corte determinado segundo o critério de Mojena (MOJENA, 1977). (B) Valores de *cross-entropy* em função do número de grupos ancestrais ( $K$ ). O número ótimo de grupos ancestrais ( $K = 2$ ) é indicado pela seta vermelha. (C) *Admixture barplot* considerando  $K = 2$  (item B), com os nove *clusters* do item A indicados no eixo x. (D) *Heatmap* dos índices de fixação interpopulacional ( $F_{ST}$ ) entre os nove *clusters* do item A.

Na análise que considerou exclusivamente os 89 genótipos comerciais, foram identificados cinco *clusters* (Figura 5A; Tabela 5). A  $H_o$  variou de 0,08 (*cluster* 1) a 0,34 (*cluster* 4), enquanto a  $H_e$  apresentou variação entre 0,09 (*cluster* 1) e 0,28 (*cluster* 2). O  $F_{IS}$  oscilou entre -0,59 (*cluster* 4) e 0,24 (*cluster* 5). O *cluster* 4, que inclui os genótipos A1, P2 e Bambural, destacou-se pela maior  $H_o$  (0,34) e o menor  $F_{IS}$  (-0,59), indicando excesso de heterozigotos e evidências de exogamia (Tabela 5). Considerando o melhor valor de  $K$  ( $K = 2$ ) (Figura 4B), esse *cluster* exibiu estruturação clara (Figura 4C), padrão mantido mesmo em análises com  $K = 3$  e  $K = 4$  (Figuras Suplementares 6A e 6B). O maior valor de  $F_{ST}$  (0,75) foi observado entre os *clusters* 1 e 5, enquanto o menor (0,05) ocorreu entre os *clusters* 2 e 3 (Figura 4D; Tabela Suplementar 6). Essa elevada diferenciação entre os *clusters* 1 e 5 é consistente com a análise de estrutura populacional, em que, para  $K = 2$ ,  $K = 3$  e  $K = 4$ , ambos os *clusters* mostraram-se predominantemente constituídos por grupos ancestrais distintos (Figura 4C; Figuras Suplementares 6A e 6B).

**Tabela 5.** Distribuição de 89 genótipos comerciais de *C. canephora* em cinco *clusters* (C1 a C5) obtidos pelo método Ward.D2, número de *loci* polimórficos, estimativas da heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) e respectivo desvio padrão ( $\pm$  SD) e índice de fixação intrapopulacional ( $F_{IS}$ ) de cada *cluster*.

<i>Cluster</i>	Genótipos*	Nº de genótipos**	Nº de <i>loci</i> polimórficos	$H_o \pm SD$	$H_e \pm SD$	$F_{IS}$
C1	Verdin_U, RBS_U, RO_U, Robustao_P2_U, Vitoria_P3_U, Jequitiba_P6_U, Robustao_P4_U, Centenario_P1_U, Robustao_P3_U, Vitoria_P4_U, Robustao_P5_U, Vitoria_P5_U, Centenario_P3_U, Diamante_P4_U, Jequitiba_P1_U, Centenario_P4_U, Marilandia_P11_U, Diamante_P8_U, Jequitiba_P2_U, Centenario_P7_U, Marilandia_P7_U, Robustao_P1_U, Vitoria_P2_U, Jequitiba_P4_U, R3_C, R4_C, R10_C, LB1_201_U, 101_C, P2.MP_U, V08.151_C, 405_I, V04.59_U, 406_C, Imbigudinho_U, LB1.MP_U, V01.60_C, 127_C, 407_C, Graudao.HP_U, AP_U, 301_C, Tardio.V_U, V02.74_C, 306_C, Peneirao_U, Encapa.02_U, CM1_U, V13.31_I, V06.130_C, 02.12V_U, 308_C, Ouro.Negro_U, V11.147_I, 309_C, Tardio.C_U, MP3_U, V05.80_I, V10.148_C, Verdim.TA_U	N = 60 (C = 16; R = 0; I = 4; U = 40.	743	0,08 $\pm$ 0,14	0,09 $\pm$ 0,15	0,10
C2	Centenario_P2_U, Vitoria_P1_U, 207_I, Bicudo_U, K61_U, AS2_U, V07.160_C, Pirata_U, LB80_U, V03.66_I, L80_U, LB88_U, Clementino_U, Guarani_U, 286_U	N = 15 (C = 1; R = 0; I = 1; U = 12	1.140	0,31 $\pm$ 0,27	0,28 $\pm$ 0,18	- 0,07
C3	Jequitiba_P3_U, R2_C, R5_C, A1_(R4)_I, Beira.Rio.8._U, P1_U	N = 6 (C = 2; R = 0; I = 1; U = 3.	1.117	0,21 $\pm$ 0,22	0,21 $\pm$ 0,17	0,06
C4	A1_(R1)_I, P2_U, A1_(R2)_I, A1_(R3)_I, Bambural_U, A1_(R5)_I	N = 6 (C = 0; R = 0; I = 4; U = 2.	685	0,34 $\pm$ 0,43	0,19 $\pm$ 0,23	- 0,59
C5	Apoata_U, G20_U	N = 2 (C = 0; R = 0; I = 0; U = 2.	763	0,20 $\pm$ 0,31	0,19 $\pm$ 0,22	0,24

\*Genótipos destacados em vermelho (A1\_(R1)\_I, A1\_(R2)\_I, A1\_(R3)\_I, A1\_(R4)\_I, A1\_(R5)\_I): R1 a R5 correspondem à plantas distintas identificadas como clones oriundos de uma mesma planta matriz (clone A1). \*\*N = Número total de genótipos no *cluster*; C = grupo botânico Conilon; R = grupo botânico Robusta; I = genótipo com características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta; U = não especificado o possível grupo botânico.

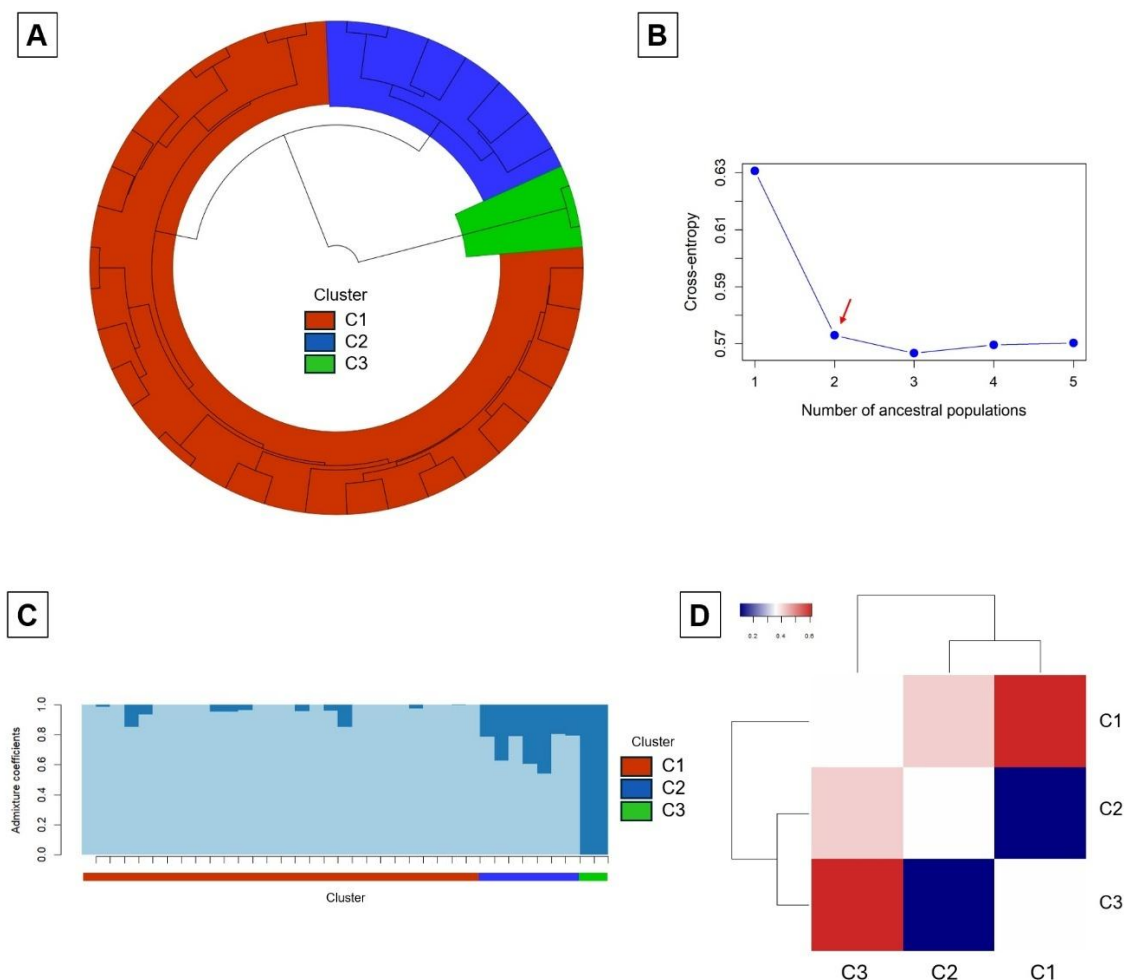


**Figura 4.** (A) Dendrograma de 89 genótipos de *C. canephora* obtido pelo método Ward.D2 por meio da distância euclidiana média padronizada, utilizando 1.628 SNPs. As cores representam os cinco *clusters* (C1 a C5) formados a partir do ponto de corte determinado segundo o critério de Mojena (MOJENA, 1977). (B) Valores de *cross-entropy* em função do número de grupos ancestrais ( $K$ ). O número ótimo de grupos ancestrais ( $K = 2$ ) é indicado pela seta vermelha. (C) *Admixture barplot* considerando  $K = 2$  (item B), com os cinco *clusters* do item A indicados no eixo x. (D) *Heatmap* dos índices de fixação interpopulacional ( $F_{ST}$ ) entre os cinco *clusters* do item A.

Na análise dos 37 genótipos do grupo Robusta, foram identificados três *clusters* (Tabela 6; Figura 5A). O *cluster* 1 incluiu a maioria dos indivíduos (28 de 37). A  $H_o$  variou de 0,15 a 0,24, enquanto a  $H_e$  oscilou entre 0,10 e 0,25. O  $F_{IS}$  apresentou valores entre -0,38 e 0,18 (Tabela 6). Na análise de estrutura populacional, o valor de  $K = 2$  foi o mais adequado (Figura 5B). O *cluster* 3 exibiu estruturação clara, sendo predominantemente composto por um único grupo ancestral (Figura 5C). No entanto, observou-se uma contribuição minoritária do grupo ancestral associado ao *cluster* 3 nos *clusters* 1 e 2. Esse padrão manteve-se consistente mesmo ao considerar  $K = 3$ , conforme ilustrado no *admixture barplot* da Figura Suplementar 6C. Os valores de  $F_{ST}$  variaram de 0,11 (entre os *clusters* 1 e 2) a 0,62 (entre os *clusters* 1 e 3) (Figura 5D; Tabela Suplementar 7), corroborando os resultados da análise de estrutura populacional, que evidenciaram diferenciação marcante entre esses *clusters*.

**Tabela 6.** Distribuição de 37 genótipos comerciais de *C. canephora* em três *clusters* (C1 a C3) obtidos pelo método Ward.D2, número de *loci* polimórficos, estimativas da heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) e respectivo desvio padrão ( $\pm$  SD) e índice de fixação intrapopulacional ( $F_{IS}$ ) de cada *cluster*.

<i>Cluster</i>	Genótipos	Nº de genótipos	Nº de <i>loci</i> polimórficos	$H_o \pm$ SD	$H_e \pm$ SD	$F_{IS}$
C1	IAC27.426, EP23.497, IAC01.400, IAC32.431, IAC38.437, IAC09.408, IAC55.454, IAC10.409, IAC11.410, IAC21.420, IAC22.421, EP20.494, IAC56.455, IAC02.401, IAC71.470, EPAMIG.42, IAC17.416, EPAMIG.20, IAC19.418, IAC35.434, EP13.487, 416, IAC45.444, EP38.512, IAC50.449, EP60.534, EP63.537, Robusta	28	2.062	0,15 $\pm$ 0,17	0,18 $\pm$ 0,18	0,18
C2	IAC05.404, IAC72.471, IAC73.472, IAC74.473, IAC23.422, EP03.477, EP07.481	7	1.942	0,24 $\pm$ 0,23	0,25 $\pm$ 0,18	0,12
C3	BAG558, IAC51.450	2	599	0,19 $\pm$ 0,38	0,10 $\pm$ 0,20	-0,38



**Figura 5.** (A) Dendrograma de 37 genótipos de *C. canephora* obtido pelo método Ward.D2 por meio da distância euclidiana média padronizada, utilizando 2.573 SNPs. As cores representam os três *clusters* (C1 a C3) formados a partir do ponto de corte determinado segundo o critério de Mojena (MOJENA, 1977). (B) Valores de *cross-entropy* em função do número de grupos ancestrais ( $K$ ). O número ótimo de grupos ancestrais ( $K = 2$ ) é indicado pela seta vermelha. (C) *Admixture barplot* considerando  $K = 2$  (item B), com os três *clusters* do item A indicados no eixo x. (D) *Heatmap* dos índices de fixação interpopulacional ( $F_{ST}$ ) entre os três *clusters* do item A.

A Tabela 7 sintetiza as informações das análises, considerando o agrupamento inicial de 649 genótipos. Além disso, apresenta informações das quatro análises adicionais, cada uma envolvendo diferentes conjuntos de genótipos.

**Tabela 7.** Número de *clusters* (agrupamento Ward.D2), estimativas (valor mínimo e máximo) da heterozigiosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ), índice de fixação intrapopulacional ( $F_{IS}$ ) e interpopulacional ( $F_{ST}$ ) e número de grupos ancestrais pela análise de estrutura ( $K$ ) considerando os diferentes conjuntos de genótipos.

Conjunto de genótipos*	N° de <i>clusters</i> (Ward.D2)	$H_o$		$H_e$		$F_{IS}$		$F_{ST}$		$K$
		Min.	Máx.	Min.	Máx.	Min.	Máx.	Min.	Máx.	
<b>649</b>	6	0,08	0,37	0,09	0,29	-0,73	0,25	0,10	0,80	3
<b>523</b>	26	0,16	0,24	0,09	0,24	-0,84	0,22	0,01	0,59	6
<b>447</b>	9	0,10	0,50	0,05	0,27	-0,81	0,14	0,20	0,60	2
<b>89</b>	5	0,08	0,34	0,09	0,28	-0,59	0,24	0,05	0,75	2
<b>37</b>	3	0,15	0,24	0,10	0,25	-0,38	0,18	0,11	0,62	2

\*649: Análise inicial com 649 genótipos; 523: análise considerando 523 dos 649, que corresponde ao *cluster* 1 do agrupamento inicial; 447: análise com os genótipos de propagação seminal originários de matrizes de lavouras antigas; 89: genótipos comerciais; 37: genótipos do grupo Robusta.

#### 4 DISCUSSÃO

Este estudo analisou a diversidade genética e a estrutura populacional de genótipos de café Conilon, com enfoque para aqueles obtidos por propagação seminal de matrizes antigas de lavouras antigas do sul do Espírito Santo. A comparação com outros genótipos de *C. canephora* — incluindo genótipos com características morfológicas intermediárias entre Conilon e Robusta, Robustas, clones comerciais e genótipos não comerciais — revelou informações importantes sobre a diversidade genética e estrutura populacional. Os resultados evidenciaram o valor dos genótipos antigos, ainda não explorados, que constituem um componente fundamental do germoplasma de Conilon no estado do Espírito Santo. Os principais achados indicam: (i) a formação de *clusters* bem definidos de genótipos divergentes, além de misturas de grupos ancestrais na análise da estrutura populacional em alguns casos, e grupos mais estruturados; (ii) genótipos de propagação seminal provenientes de matrizes de lavouras antigas distribuídos em diferentes *clusters* e divergências em relação a genótipos comerciais e não comerciais; (iii) discriminação entre genótipos de Conilon e

Robusta; (iv) uma análise adicional dentro do maior *cluster* identificado no agrupamento inicial que resultou na formação de 26 *clusters* e na identificação de seis grupos ancestrais; e genótipos de propagação seminal provenientes de matrizes de lavouras antigas, genótipos comerciais e do grupo Robusta, que foram classificados em 9, 5 e 3 *clusters*, respectivamente, e em 3, 2 e 2 grupos ancestrais; e (v) padrões consistentes de diferenciação genética e estruturação populacional entre *clusters* e grupos ancestrais, replicados em análises adicionais com diferentes conjuntos de genótipos.

Os genótipos originados da propagação seminal de matrizes de lavouras antigas apresentaram divergência, tanto entre si quanto em relação aos demais genótipos analisados neste estudo. Essa divergência foi evidenciada inicialmente na análise de agrupamento, na qual os genótipos foram distribuídos em quatro dos seis *clusters*. Em uma avaliação anterior, realizada com 280 genótipos, incluindo os analisados neste estudo — 246 de matrizes de lavouras antigas e 34 clones comerciais — observou-se distribuição dos genótipos de lavouras antigas entre os seis *clusters* (ZAIDAN et al., 2023). A alocação de genótipos provenientes de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas em *clusters* que também incluíam clones comerciais sugere uma certa similaridade genética entre esses genótipos. Essa semelhança é particularmente relevante, considerando que os clones comerciais são resultado de um processo de seleção, voltado para a obtenção de características genéticas específicas e desejáveis para o melhoramento (CAMPUZANO-DUQUE et al., 2022). Assim, esses resultados indicam que os genótipos provenientes de lavouras antigas podem contribuir para a expansão da base genética utilizada em programas de melhoramento. Por outro lado, a presença de genótipos de propagação seminal em *clusters* reforça diversidade genética presente nesses genótipos. Essa diversidade ressalta a importância desses genótipos como fontes valiosas para a ampliação da base genética geral. Tal diversidade é fundamental para bancos de germoplasma, pois oferece uma gama ampla de genótipos inéditos e distintos e contribui para a preservação desses recursos genéticos antigos.

Na análise de agrupamento, que incluiu clones cinco amostras comerciais provenientes supostamente de uma mesma planta matriz (clone A1), constatou-se que um dos clones foi alocado em um *cluster*. Esse fenômeno foi observado tanto no agrupamento inicial, que abrangeu 649 genótipos, quanto no agrupamento específico com 89 genótipos comerciais. Hipotetizou-se a possibilidade de erro na identificação em campo do genótipo que se agrupou de forma diferente dos outros quatro. Em um estudo realizado com 400 genótipos de *C. canephora*, coletados de diversos países produtores de café e plantados em

um banco genético no Gana, observou-se acessos com perfis de SNPs idênticos, mas identificações distintas (AKPERTEY et al., 2021). Além disso, foram identificados acessos que compartilhavam a mesma identificação, mas apresentavam perfis de SNPs diferentes. A partir desses achados, ressaltou-se a possibilidade de identificação incorreta das matrizes utilizadas na produção de mudas. Estes apontamentos evidenciam a importância do uso de marcadores moleculares em *C. canephora*, que, além de serem úteis para os estudos de diversidade genética (KIWUKA et al., 2021; TOURNEBIZE et al., 2022), podem auxiliar na discriminação de genótipos que eventualmente possam ter sido identificados incorretamente (AKPERTEY et al., 2021).

Os genótipos oriundos de lavouras antigas do Espírito Santo apresentaram agrupamento preferencial com aqueles classificados como Conilon por Ferrão et al. (2022) por meio de descritores morfológicos, incluídos no presente estudo. Essa similaridade genética confirma a classificação desses genótipos, alinhando-as aos padrões previamente estabelecidos para o grupo Conilon no estudo citado. Além disso, a composição da amostragem no presente estudo, que abrangeu também genótipos de Robusta, intermediários morfológicos e não classificados, desempenhou um papel essencial na robustez das análises. A distinção genética entre os genótipos de Conilon e Robusta, evidenciada tanto pelo agrupamento hierárquico quanto pela análise de estrutura populacional, reforça os achados de Silva et al. (2024). Em seu estudo com 96 genótipos de *C. canephora* cultivados na Amazônia Ocidental, utilizando marcadores SSR, os autores também identificaram a separação entre esses dois grupos botânicos, incluindo variedades do banco de germoplasma da Embrapa e clones de domínio público. Esses resultados podem ter implicações diretas para o melhoramento genético, uma vez que o planejamento de cruzamentos entre grupos divergentes, como Conilon e Robusta, pode explorar as marcantes diferenças moleculares e fenotípicas entre eles. Tais divergências, conforme destacado por Alkimim et al. (2021), são determinantes para modular efeitos de dominância em características de interesse agrônomo, potencializando a heterose e o vigor híbrido em populações derivadas de hibridações estratégicas.

Dentre os seis *clusters*, o *cluster* 4 destacou-se por suas características genéticas. Os valores elevados de  $H_o$  em relação à esperada  $H_e$ , aliados ao  $F_{IS}$  negativo, sugerem um excesso de heterozigotos, padrão consistente com eventos de exogamia. Tais resultados corroboram estudos prévios: Zaidan et al. (2023) relataram  $H_o = 0,36$  e  $H_e = 0,24$ , enquanto Depecker et al. (2023) identificaram  $H_o = 0,41$  e  $H_e = 0,32$  em genótipos de *C. canephora*

da República Democrática do Congo. Além disso, o perfil genômico do *cluster* 4 observado no *heatmap* revelou diferenças marcantes, principalmente na heteroziguidade, o que destaca sua distinção frente aos demais *clusters*. Este *cluster* engloba três clones comerciais distintos e quatro das cinco amostras de A1, pertencentes à cultivar Tributum, reconhecida por sua produtividade superior à do café Conilon no Brasil (PARTELLI et al., 2020). Particularmente, os genótipos derivados de matrizes de lavouras antigas deste *cluster* exibiram afinidade genética com o clone A1, combinando similaridade genética com alta diversidade intrínseca. Coletivamente, esses resultados sugerem que tais genótipos podem atuar como recursos valiosos para ampliar a base genética.

O estudo revelou que, de maneira geral, todos os agrupamentos apresentaram parte dos *clusters* com valores positivos de  $F_{IS}$ , indicando excesso de homozigotos. Estudos prévios corroboram esses achados, como o de Ngugi e Aluka (2019), que encontraram valores de  $F_{IS}$  positivos variando entre 0,01 e 0,68 para genótipos cultivados e 0,03 a 0,33 para genótipos da coleção de germoplasma de *C. canephora*. Valores positivos de  $F_{IS}$  foram observados previamente por Zaidan et al. (2023). Por outro lado, no presente estudo também foram observados valores negativos de  $F_{IS}$  em todos os agrupamentos, corroborando os resultados de Souza et al. (2021), que encontraram valores negativos variando entre  $F_{IS} = -0,05$  e  $F_{IS} = -0,57$  considerando um conjunto de genótipos parentais e  $F_{IS} = -0,13$  a  $F_{IS} = -0,47$  considerando um conjunto de genótipos descendentes. Valores negativos são esperados em espécies alógamas e são frequentes quando  $H_o$  é maior que  $H_e$ , indicando um excesso de heterozigotos na população (WRIGHT, 1965). Esses resultados sugerem que mecanismos como a autoincompatibilidade gametofítica, presente em *C. canephora* (LASHERMES et al., 1996), podem estar atuando para manter a diversidade genética e evitar a endogamia.

Por meio da AMOVA, realizada com o conjunto total de genótipos, verificou-se que a maior parte da variação genética está concentrada entre os diferentes *clusters*. Este resultado foi divergente do encontrado previamente por Zaidan et al. (2023), em que verificaram que 84,13% da variação foi entre genótipos e 17,76% foi entre *clusters*, e por Musoli et al. (2009) estudando genótipos de Uganda, na África, em que o maior percentual de variação, de 51,3%, ocorreu entre genótipos. O valor do percentual de variação detectado entre *clusters* e os elevados valores de  $F_{ST}$  observados podem ser conjuntamente considerados. Valores elevados de  $F_{ST}$  são indicativos de uma maior diferenciação genética entre os *clusters* (WRIGHT, 1978). Essa diferenciação pode ser explorada no melhoramento genético, com o objetivo de ampliar a base genética. Os valores de  $F_{ST}$  encontrados no

presente trabalho foram superiores aos detectados por Musoli et al. (2009), que variaram entre 0,05 e 0,32, por Anagbogu et al. (2019), que ficaram entre 0,13 e 0,50, e previamente por Zaidan et al. (2023), que foram entre 0,02 e 0,59.

As análises de estrutura populacional revelaram padrões distintos entre os *clusters*, com alguns exibindo maior homogeneidade genética (predomínio de um único grupo ancestral) e outros apresentando composição mista, marcada pela coexistência de múltiplos componentes genéticos. Essa variação ressalta a complexidade na organização populacional de *C. canephora*, que pode ser influenciada não apenas pela diversidade intrínseca da espécie, mas também pela composição e escala das amostras analisadas. A sensibilidade da estrutura populacional a esses fatores foi corroborada pelos valores de  $K$  variáveis e pelos diferentes perfis de ancestralidade identificados, padrão consistente com estudos prévios. Por exemplo, Abeele et al. (2021), ao analisar 195 indivíduos com 18 marcadores SSR, identificaram quatro *pools* gênicos em plantas selvagens e cultivadas do Congo. Em contraste, Verleysen et al. (2024) detectaram seis grupos ancestrais utilizando 8.131 SNPs em 471 indivíduos de ambientes naturais e cultivados, incluindo a mesma coleção de café. Já Vi et al. (2023), empregando um número maior de marcadores (~1,2 milhão de SNPs), revelaram cinco *clusters* em genótipos africanos e vietnamitas do grupo Robusta. Essas discrepâncias refletem não apenas diferenças metodológicas – como o tipo e a densidade de marcadores –, mas também, no geral, a possível influência de contextos ecológicos, históricos e geográficos das amostras analisadas.

As análises realizadas, envolvendo 523 genótipos do *cluster* mais numeroso na análise dos 649 genótipos, revelaram uma diversidade genética expressiva. Essa diversidade foi evidenciada na divisão em 26 *clusters* e seis grupos ancestrais, e nos resultados dos parâmetros de diversidade. Os resultados não apenas identificaram genótipos divergentes em conjuntos antes considerados pouco variados, mas também destacaram alguns *clusters* específicos. Esses *clusters* são compostos exclusivamente por genótipos de propagação seminal oriundos de matrizes de lavouras antigas do sul do Espírito Santo, diferenciando-se claramente de clones comerciais e genótipos não comerciais. A singularidade genética desses genótipos antigos foi reforçada na análise dos 447 genótipos Conilon, que originaram nove *clusters* e seis grupos ancestrais, evidenciando sua heterogeneidade intrínseca. Coletivamente, os dados confirmam que os genótipos de propagação seminal de matrizes de lavouras antigas do Espírito Santo representam uma fonte valiosa de variabilidade genética de Conilon. Essa variabilidade, ainda pouco explorada, é essencial para ampliar a base

genética de *C. canephora* no Espírito Santo, considerando a gradativa redução da mesma pela substituição de genótipos antigos por cultivares clonais. Sua incorporação a bancos de germoplasma é relevante, pois além de preservar características adaptativas, garantirá recursos genéticos estratégicos para enfrentar desafios futuros, como mudanças climáticas e surgimento de patógenos. A conservação desses genótipos sustentará a resiliência da cafeicultura, assegurando benefícios ambientais, sociais e econômicos.

## 5 CONCLUSÃO

Identificou-se seis *clusters* pela análise de agrupamento e três grupos ancestrais pela análise de estrutura populacional, por meio de SNPs. A análise detalhada do maior *cluster* identificado resultou na formação de 26 *clusters* e na identificação de seis grupos ancestrais. Alguns genótipos, provenientes de matrizes de lavouras antigas, se agruparam ao clone A1, apresentando uma heterozigosidade observada superior à esperada. Isso resultou em um índice de fixação intrapopulacional negativo e um perfil genômico distinto, indicando um potencial promissor para cruzamentos de interesse. Observou-se a discriminação entre os genótipos dos grupos botânicos Conilon e Robusta. Os genótipos de Conilon de propagação seminal de matrizes antigas cultivadas no sul do Espírito Santo constituem uma valiosa fonte de variabilidade genética. Essa variabilidade pode ser incorporada aos bancos de germoplasma de *C. canephora*. Recomenda-se, portanto, a preservação dos genótipos remanescentes da região. Essa medida visa ampliar a base genética, que foi reduzida pela substituição de cultivares clonais. Essa ação é fundamental para garantir a sustentabilidade da atividade cafeeira.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDOULAYE, A. K. et al. DArTseq-based genome-wide SNP markers reveal limited genetic diversity and highly structured population in assembled West African cowpea germplasm. **Scientific African**, p. e02065, 2024.

ABEELE, S. V. et al. Genetic diversity of wild and cultivated *Coffea canephora* in northeastern DR Congo and the implications for conservation. **American Journal of Botany**, v. 108, n. 12, p. 2425-2434, 2021.

AKPERTEY, A. et al. Effectiveness of single nucleotide polymorphism markers in genotyping germplasm collections of *Coffea canephora* using KASP assay. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 612593, 2021.

ALKIMIM, E. R. et al. Designing the best breeding strategy for *Coffea canephora*: Genetic evaluation of pure and hybrid individuals aiming to select for productivity and disease resistance traits. **PLoS One**, v. 16, n. 12, p. e0260997, 2021.

ANAGBOGU, C. F. et al. Genetic diversity and re-classification of coffee (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner) from South Western Nigeria through genotyping-by-sequencing-single nucleotide polymorphism analysis. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 66, p. 685-696, 2019.

BERTHAUD, J. Les ressources génétiques pour l'amélioration des caféiers africains diploïdes: évaluation de la richesse génétique des populations sylvestres et de ses mécanismes organisateurs. Conséquences pour l'application. 1986. 379 f. Tese (Doutorado) – Université de Paris, Orsay, 1986. (Collection Travaux et Documents, 188).

BRAGANÇA, S. M. et al. "EMCAPA 8111", "EMCAPA 8121", "EMCAPA 8131": primeiras variedades clonais de café conilon lançadas para o Espírito Santo. EMCAPA, Vitória - ES, Brazil, 1993.

CAMPUZANO-DUQUE, L. F.; BLAIR, M. W. Strategies for Robusta Coffee (*Coffea canephora*) improvement as a new crop in Colombia. **Agriculture**, v. 12, n. 10, p. 1576, 2022.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de café – v.11, n.3 (2024) – Brasília: Conab, 2024. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 18 nov. 2024.

CUBRY, P. et al. Diversity in coffee assessed with SSR markers: structure of the genus *Coffea* and perspectives for breeding. **Genome**, v. 51, n. 1, p. 50-63, 2008.

DAVIS, A. P. A new combination in *Psilanthus* (Rubiaceae) for Australasia, and nomenclatural notes on Paracoffea. **Novon**, p. 182-184, 2003.

DAVIS, A. P. et al. Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data; implications for the size, morphology, distribution and

evolutionary history of *Coffea*. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 167, n. 4, p. 357-377, 2011.

DAVIS, A. P.; RAKOTONASOLO, F. Six new species of coffee (*Coffea*) from northern Madagascar. **Kew Bulletin**, v. 76, n. 3, p. 497-511, 2021.

DENOEUDE, F. et al. The coffee genome provides insight into the convergent evolution of caffeine biosynthesis. **Science**, v. 345, n. 6201, p. 1181-1184, 2014.

DEPECKER, J. et al. Genetic diversity and structure in wild Robusta coffee (*Coffea canephora* A. Froehner) populations in Yangambi (DR Congo) and their relation to forest disturbance. **Heredity**, v. 130, n. 3, p. 145-153, 2023.

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

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P. E.; QUATTRO, J. M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, v. 131, n. 2, p. 479-491, 1992.

FERRÃO, M. A. G. et al. Origem, dispersão geográfica, taxonomia e diversidade genética de *Coffea canephora*. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G.; MUNER, L. H. Café conilon. 2 ed. Vitória, ES: Incaper, 2017. 784p.

FERRÃO, M. A. G. et al. Variabilidade de *Coffea canephora* do Banco Ativo de Germoplasma do Incaper: Caracterização dos acessos com base em descritores mínimos. **Circular Técnica**, v. 08-1, p. 1-74, 2022.

FONSECA, A. F. A. da. Propagação assexuada de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: PAIVA, R. Workshop sobre avanços na propagação de plantas lenhosas. Univ. Federal de Lavras-UFLA, LAVRAS-MG, 1996, p. 31-34.

FRICHOT, E.; FRANÇOIS, O. LEA: An R package for landscape and ecological association studies. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 6, n. 8, p. 925-929, 2015.

GARAVITO, A. et al. Identification by the DArTseq method of the genetic origin of the *Coffea canephora* cultivated in Vietnam and Mexico. **BMC Plant Biology**, v. 16, p. 1-12, 2016.

GELAW, Y. M. et al. High-density DArTSeq SNP markers revealed wide genetic diversity and structured population in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm in Ethiopia. **Molecular Biology Reports**, v. 50, n. 8, p. 6739-6751, 2023.

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.

GOUDET, J.. Hierfstat, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics. **Molecular ecology notes**, v. 5, n. 1, p. 184-186, 2005.

GOPIKRISHNA, G. Application of molecular markers in aquaculture. In: **Frontiers in Aquaculture Biotechnology**. Academic Press, 2023. p. 47-53.

HAMON, P. et al. Genotyping-by-sequencing provides the first well-resolved phylogeny for coffee (*Coffea*) and insights into the evolution of caffeine content in its species: GBS coffee phylogeny and the evolution of caffeine content. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 109, p. 351-361, 2017.

ICO - International Coffee Organization. Coffee report and outlook - December 2023. Disponível em: <https://icocoffee.org/>. Acesso em: 06 dez. 2024.

KAMVAR, Z. N. et al. Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. **PeerJ**, v. 2, p. e281, 2014.

KAMVAR, Z. N. et al. Novel R tools for analysis of genome-wide population genetic data with emphasis on clonality. **Frontiers in Genetics**, v. 6, p. 208, 2015.

KILIAN, A. et al. Diversity arrays technology: a generic genome profiling technology on open platforms. In: Autores???? **Data Production and Analysis in Population Genomics: Methods and Protocols**, p. 67-89, 2012.

KIMWEMWE, P. K. et al. Population structure and genetic diversity of Rice (*Oryza sativa* L.) germplasm from the Democratic Republic of Congo (DRC) using DArTseq-Derived single nucleotide polymorphism (SNP). **Agronomy**, v. 13, n. 7, p. 1906, 2023.

KIWUKA, C. et al. Genetic diversity of native and cultivated Ugandan Robusta coffee (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner): Climate influences, breeding potential and diversity conservation. **PLoS One**, v. 16, n. 2, p. e0245965, 2021.

KOLDE, R. pheatmap: Pretty Heatmaps. **R package**, v. 1.0.12, 2019.

LASHERMES, P. et al. Inheritance and genetic mapping of self-incompatibility in *Coffea canephora* Pierre. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, p. 458-462, 1996.

LILIN-YIN. CMplot: Circle Manhattan Plot. R package version 4.5.1, 2024. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=CMplot>. Acesso em 18 dez. 2024.

MERLO, P. M. da S. Conilon capixaba: 100 anos de desafios, crescimento e evolução. Vitória, ES: Bumerangue Produção de Comunicação, 2012.

MIJANGOS, J. L. et al. dartR v2: An accessible genetic analysis platform for conservation, ecology and agriculture. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 13, n. 10, p. 2150-2158, 2022.

MISHRA, A. et al. Analysis of SSR and SNP Markers. In: SINGH, D. B.; PATHAK, R. K. **Bioinformatics**. Academic Press, 2022. p. 131-144.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MONTAGNON, C. et al. Amélioration variétale de *Coffea canephora*. I. Critères et méthodes de sélection. **Plantations, Recherche, Développement**, 5: 18-28, 1998.

MONTAGNON, C. et al. Amélioration génétique du caféier *Coffea canephora* Pierre: connaissances acquises, stratégies et perspectives. **Cahiers Agricultures**, v. 21, n. 2-3, p. 143-153 (1), 2012.

MUSOLI, P. et al. Genetic differentiation of wild and cultivated populations: diversity of *Coffea canephora* Pierre in Uganda. **Genome**, v. 52, n. 7, p. 634-646, 2009.

NGUGI, K.; ALUKA, P. Genetic and phenotypic diversity of robusta coffee (*Coffea canephora* L.). In: GRUMEZESCU, A. M.; HOLBAN, A. M. **Caffeinated and cocoa based beverages**. Woodhead Publishing, 2019. p. 89-130.

OLIVEIRA, L. N. L. de et al. Selection of *Coffea canephora* parents from the botanical varieties Conilon and Robusta for the production of intervarietal hybrids. **Ciência Rural**, v. 48, p. e20170444, 2018.

OKSANEN, J. et al. Package ‘vegan’. **Community Ecology Package**, v. 2, n. 9, p. 1-295, 2013.

PARTELLI, F. L. História do café, com foco no Conilon. In: PARTELLI, F. L. História de Vila Valério: Colonização, desenvolvimento e café conilon, 1ª ed. Vila Valério, Espírito Santo, Brasil, pp 129–140, 2016.

PARTELLI, F. L. et al. Tributun: a coffee cultivar developed in partnership with farmers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 2, p. e30002025, 2020.

PEDEAG 4: Plano Estratégico de Desenvolvimento da Agricultura Capixaba 2023/2032. Governo do Estado do Espírito Santo, 2023. Disponível em: <https://seag.es.gov.br/>. Acesso em: 06 dez. 2024.

POWO - Plants of the World Online. *Coffea* L. Facilitado pelo Royal Botanic Gardens, Kew, 2025. Publicado na Internet; <http://www.plantsoftheworldonline.org/>. Acesso em: 29 jan. 2025.

R CORE TEAM. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 29 jan. 2025.

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.

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. BioMed Central**, 2011.

SANTOS, A. V. et al. Reaction of *Coffea canephora* clones to the root knot nematode, *Meloidogyne incognita*. **African Journal of Agricultural Research**, v. 12, n. 11, p. 916-922, 2017.

SILVA, A. E. S. et al. Importância econômica e social do café Conilon no Estado do Espírito Santo. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F.A.; FERRÃO, M. A. G.; MUNER, L. H. Café Conilon. 2 ed. Vitória, ES: Incaper, 2017. 784p.

SILVA, L. de F. et al. Fingerprinting Amazonian coffees: assessing diversity through molecular markers. **Euphytica**, v. 220, n. 2, p. 28, 2024.

SOUZA, F. de F. et al. Molecular diversity in *Coffea canephora* germplasm conserved and cultivated in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 221-227, 2013.

SOUZA, L. C. de et al. Molecular characterization of parents and hybrid progenies of conilon coffee. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 93, n. suppl 3, p. e20201649, 2021.

SPINOSO-CASTILLO, J. L. et al. Genetic diversity of coffee (*Coffea* spp.) in Mexico evaluated by using DArTseq and SNP markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 67, p. 1795-1806, 2020.

STOFFELEN, P. et al. A new coffee species from South-West Cameroon, the principal hotspot of diversity for *Coffea* L. (Coffeeae, Ixoroideae, Rubiaceae) in Africa. **Adansonia**, v. 43, n. 26, p. 277-285, 2021.

THANT, A. A. et al. Genetic diversity and population structure of Myanmar rice (*Oryza sativa* L.) varieties using DArTseq-based SNP and silicoDArT markers. **Plants**, v. 10, n. 12, p. 2564, 2021.

TOURNEBIZE, R. et al. Ecological and genomic vulnerability to climate change across native populations of Robusta coffee (*Coffea canephora*). **Global Change Biology**, v. 28, n. 13, p. 4124-4142, 2022.

VERLEYSEN, L. et al. Crop-to-wild gene flow in wild coffee species: the case of *Coffea canephora* in the Democratic Republic of the Congo. **Annals of Botany**, v. 133, n. 7, p. 917-930, 2024.

VERLEYSEN, L. et al. Crop-to-wild gene flow in wild coffee species: the case of *Coffea canephora* in the Democratic Republic of the Congo. **Annals of Botany**, v. 133, n. 7, p. 917-930, 2024.

VI, T. et al. Genome-wide admixture mapping identifies wild ancestry-of-origin segments in cultivated Robusta coffee. **Genome Biology and Evolution**, v. 15, n. 5, p. evad065, 2023.

WICKHAM, H. ggplot2. **Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics**, v. 3, n. 2, p. 180-185, 2011.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. **Evolution**, p. 395-420, 1965.

WRIGHT, S. **Evolution and the genetics of populations**. Chicago: University of Chicago, 1978.

YU, G. et al. ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 8, n. 1, p. 28-36, 2017.

ZAIDAN, I. 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, n. 19, 2023.

ZAIDAN, I. R. et al. Germplasm characterization of half-sib families from seminal matrices of *Coffea canephora*. **Agronomy Journal**, v. 115, n. 1, p. 108-122, 2022.

## 7 MATERIAL SUPLEMENTAR

**Tabela Suplementar 1.** Informações sobre a origem de 649 genótipos de *C. canephora*, incluindo a idade da lavoura, a localização geográfica das plantas matrizes das quais foram coletadas sementes para a produção das mudas, além das informações dos genótipos cedidos pelo Incaper e pela Ufes.

Genótipo*	Grupo botânico	Origem**	Idade da lavoura (anos)	Comercial/Não comercial	Latitude	Longitude	Altitude (metros)	Nome da cultivar***	Número de registro***	Ano de registro***	IAC/Epamig****
176.5.3	Conilon	Alegre	40	Não comercial	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117	-	-	-	-
201.2.5	Conilon	Alegre	35	Não comercial	S 20° 43' 47.1"	W 41° 27' 12.7"	364	-	-	-	-
201.6.5	Conilon	Alegre	35	Não comercial	S 20° 43' 47.1"	W 41° 27' 12.7"	364	-	-	-	-
176.6.2	Conilon	Alegre	40	Não comercial	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117	-	-	-	-
203.2.2	Conilon	Alegre	25	Não comercial	S 20° 43' 33.9"	W 41° 26' 32.2"	243	-	-	-	-
176.4.3	Conilon	Alegre	40	Não comercial	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117	-	-	-	-
176.2.3	Conilon	Alegre	40	Não comercial	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117	-	-	-	-
195.2	Conilon	Alegre	80	Não comercial	S 20° 42' 07.0"	W 41° 20' 32.2"	105	-	-	-	-
201.2.1	Conilon	Alegre	35	Não comercial	S 20° 43' 47.1"	W 41° 27' 12.7"	364	-	-	-	-
176.4.1	Conilon	Alegre	40	Não comercial	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117	-	-	-	-
186.2.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
136.33.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
136.34.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
189.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133	-	-	-	-
186.3.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
136.5.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	153	-	-	-	-
183.4.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 33.9"	W 41° 20' 59.6"	120	-	-	-	-
189.4.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133	-	-	-	-
132.2.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 51'.3"	W 41° 19' 39.8"	157	-	-	-	-
136.32.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
134.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.8"	W 41° 19' 39.2"	152	-	-	-	-
136.18.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
192.4.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137	-	-	-	-
136.3.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	153	-	-	-	-
192.3.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137	-	-	-	-
186.5.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
189.2.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133	-	-	-	-
187.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.4"	W 41° 20' 59.7"	130	-	-	-	-
126.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	40	Não comercial	S 20° 48' 26.8"	W 41° 18' 43.3"	143	-	-	-	-
186.41.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
192.24.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	139	-	-	-	-
136.26.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
192.2.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137	-	-	-	-
136.19.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
125.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	40	Não comercial	S 20° 48' 27.0"	W 41° 18' 43.1"	143	-	-	-	-
136.18.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
192.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137	-	-	-	-
136.27.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
192.2.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137	-	-	-	-
189.2.4	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133	-	-	-	-
190.2.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.5"	W 41° 20' 58.6"	136	-	-	-	-
136.19.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
136.26.6	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
132.2.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 51'.3"	W 41° 19' 39.8"	157	-	-	-	-
190.2.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.5"	W 41° 20' 58.6"	136	-	-	-	-
189.4.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133	-	-	-	-
136.23.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
136.23.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
186.5.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
186.5.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
136.32.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
125.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	40	Não comercial	S 20° 48' 27.0"	W 41° 18' 43.1"	143	-	-	-	-
136.26.5	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151	-	-	-	-
186.4.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
125.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	40	Não comercial	S 20° 48' 27.0"	W 41° 18' 43.1"	143	-	-	-	-
136.36.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	146	-	-	-	-
186.4.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129	-	-	-	-
192.5.1	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137	-	-	-	-
136.36.3	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	32	Não comercial	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	146	-	-	-	-
192.2	Conilon	Cachoeiro de Itapemirim	20	Não comercial	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137	-	-	-	-



161.10.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254	-	-	-	-
163.2.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.1"	W 41° 21' 33.0"	262	-	-	-	-
162.10.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256	-	-	-	-
168.3.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	204	-	-	-	-
151.9.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	> 25	Não comercial	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111	-	-	-	-
161.14.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254	-	-	-	-
161.10.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254	-	-	-	-
168.2.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205	-	-	-	-
161.5.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252	-	-	-	-
182.9.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	32	Não comercial	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115	-	-	-	-
181.10.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	46	Não comercial	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115	-	-	-	-
161.2.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252	-	-	-	-
179.6.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	40	Não comercial	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131	-	-	-	-
151.8.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	> 25	Não comercial	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111	-	-	-	-
169.8.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207	-	-	-	-
173.9.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 26.7"	199	-	-	-	-
171.9.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194	-	-	-	-
179.6.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	40	Não comercial	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131	-	-	-	-
164.6.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 23.3"	W 41° 21' 35.1"	267	-	-	-	-
173.2.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
168.3.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	204	-	-	-	-
182.8.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	32	Não comercial	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115	-	-	-	-
151.6.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	> 25	Não comercial	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111	-	-	-	-
169.4.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207	-	-	-	-
168.5.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205	-	-	-	-
162.9.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256	-	-	-	-
151.8.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	> 25	Não comercial	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111	-	-	-	-
169.6.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207	-	-	-	-
182.2.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	46	Não comercial	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115	-	-	-	-
162.9.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256	-	-	-	-
181.4.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	46	Não comercial	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115	-	-	-	-
168.6.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205	-	-	-	-
172.7.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192	-	-	-	-
161.5.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252	-	-	-	-
161.10.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254	-	-	-	-
162.4.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256	-	-	-	-
143.3.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	40	Não comercial	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	142	-	-	-	-
172.5.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192	-	-	-	-
173.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
161.12.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254	-	-	-	-
161.10.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254	-	-	-	-
173.7.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
179.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	40	Não comercial	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131	-	-	-	-
161.5.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252	-	-	-	-
173.6.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
162.5.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256	-	-	-	-
162.4.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256	-	-	-	-
165.2.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	32	Não comercial	S 20° 49' 20.7"	W 41° 21' 37.8"	265	-	-	-	-
172.3.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192	-	-	-	-
169.6.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	27	Não comercial	S 20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207	-	-	-	-
173.8.5	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 26.7"	199	-	-	-	-
144.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	40	Não comercial	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	142	-	-	-	-
173.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
165.3.1	Conilon	Jerônimo Monteiro	32	Não comercial	S 20° 49' 20.7"	W 41° 21' 37.8"	265	-	-	-	-
170.9.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 19.0"	W 41° 21' 26.3"	194	-	-	-	-
162.2.2	Conilon	Jerônimo Monteiro	25	Não comercial	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256	-	-	-	-
173.3.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
182.2.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	46	Não comercial	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115	-	-	-	-
161.14.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	30	Não comercial	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254	-	-	-	-
173.2.4	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
173.6.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
173.3.3	Conilon	Jerônimo Monteiro	35	Não comercial	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280	-	-	-	-
95.1.2	Conilon	São José do Calçado	30	Não comercial	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312	-	-	-	-
91.3	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 57.2"	W 41° 40' 05.9"	308	-	-	-	-
95.2	Conilon	São José do Calçado	30	Não comercial	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312	-	-	-	-
111.1	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 51.8"	W 41° 38' 13.7"	410	-	-	-	-
97.5	Conilon	São José do Calçado	> 25	Não comercial	S 21° 00' 29.3"	W 41° 38' 51.0"	341	-	-	-	-
83.2	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 58.6"	W 41° 40' 05.6"	304	-	-	-	-
98.2	Conilon	São José do Calçado	> 25	Não comercial	S 21° 00' 29.3"	W 41° 38' 51.1"	342	-	-	-	-
100.2	Conilon	São José do Calçado	> 25	Não comercial	S 21° 00' 30.9"	W 41° 38' 50.3"	344	-	-	-	-
114.4	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 52.8"	W 41° 38' 12.2"	399	-	-	-	-
86.1	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 59.3"	W 41° 40' 05.4"	302	-	-	-	-
85.2	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 59.2"	W 41° 40' 05.6"	302	-	-	-	-
112.2	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 52.4"	W 41° 38' 13.3"	405	-	-	-	-
113.4	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 52.6"	W 41° 38' 13.3"	408	-	-	-	-

95.1.5	Conilon	São José do Calçado	30	Não comercial	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312	-	-	-	-
103.2	Conilon	São José do Calçado	20	Não comercial	S 20° 58' 06.4"	W 41° 38' 05.5"	359	-	-	-	-
112.1	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 52.4"	W 41° 38' 13.3"	405	-	-	-	-
94.4	Conilon	São José do Calçado	30	Não comercial	S 21° 02' 55.0"	W 41° 39' 17.7"	307	-	-	-	-
91.1	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 57.2"	W 41° 40' 05.9"	308	-	-	-	-
105.3	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 48.5"	W 41° 38' 12.5"	390	-	-	-	-
111.2	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 51.8"	W 41° 38' 13.7"	410	-	-	-	-
112.5	Conilon	São José do Calçado	18	Não comercial	S 20° 57' 52.4"	W 41° 38' 13.3"	405	-	-	-	-
85.1	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 59.2"	W 41° 40' 05.6"	302	-	-	-	-
83.5	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 58.6"	W 41° 40' 05.6"	304	-	-	-	-
85.4	Conilon	São José do Calçado	35	Não comercial	S 21° 03' 59.2"	W 41° 40' 05.6"	302	-	-	-	-
G1.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
22.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G77.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G151.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G99.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G19.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G69.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G57.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G27.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G10.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G79.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G46.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G127.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G92.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G93.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G23.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
281.6.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G62.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
300.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G26.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G67.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G17.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
62.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
32.4.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G80.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G12.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G63.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G60.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G91.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G75.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
64.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G41.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G14.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G25.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G8.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G16.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
131.3.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G32.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G59.4_(R1)	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
24.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G7.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G34.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G104.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
53.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G37.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
32.8.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
281.8.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
39.2.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
60.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G68.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G98.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G52.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G118.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G43.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
75.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G109.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G146.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
59.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G154.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G95.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
54.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
290.4.6	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G2.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G15.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-

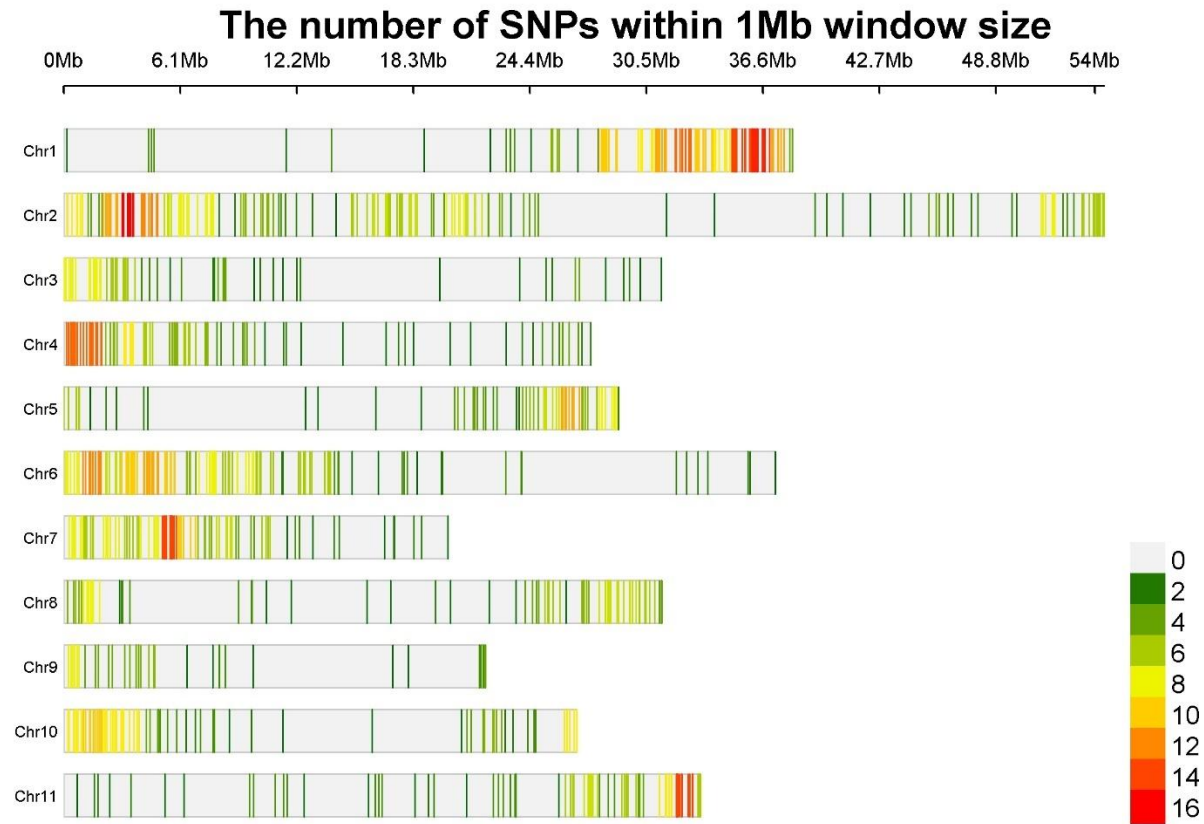




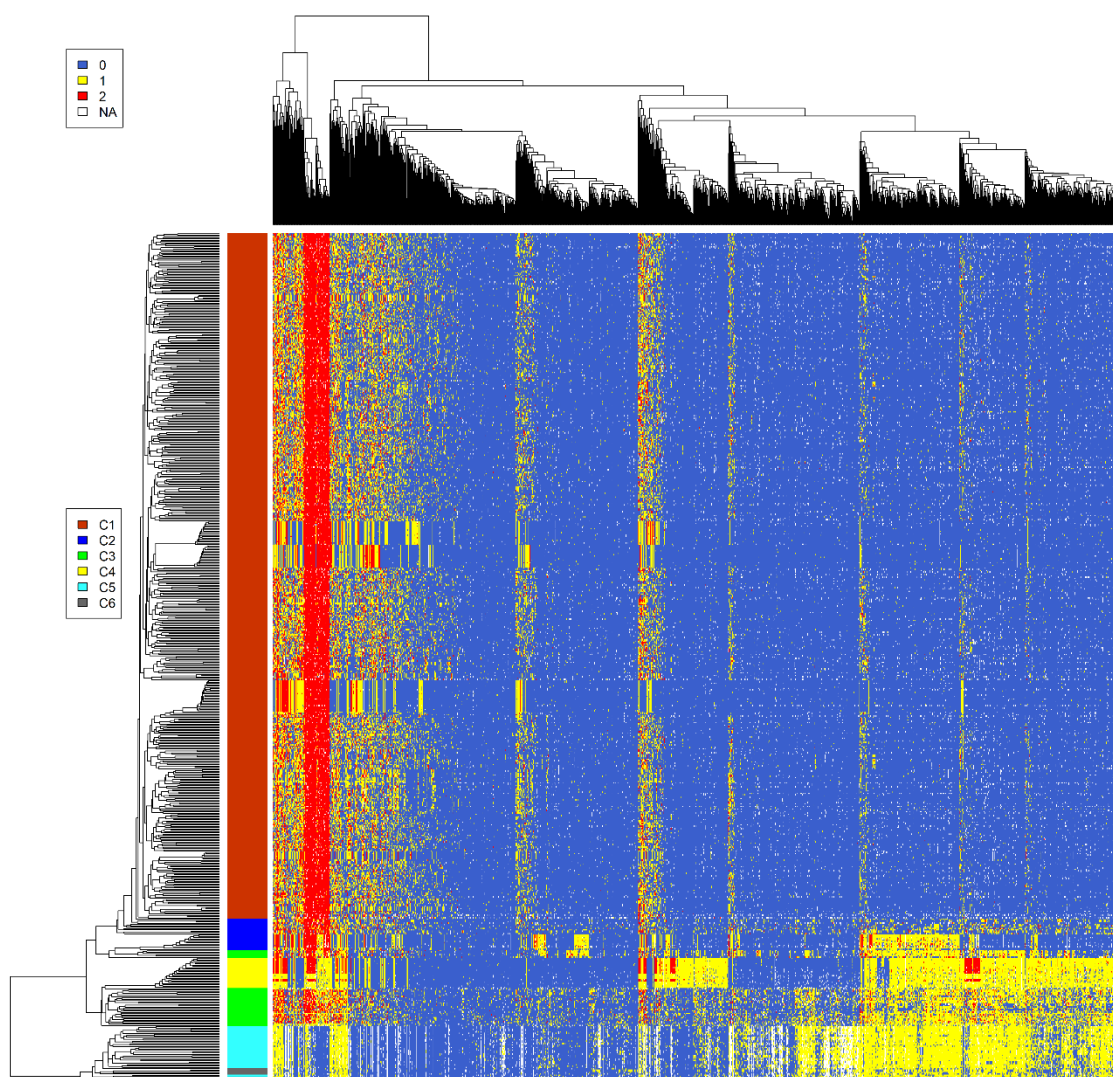
G123.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G117.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G97.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
281.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G73.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
21.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
281.2	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G128.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G128.4	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G102.5	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G129.3	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
G40.1	Conilon	Sul*	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
Robustao_P2	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
Vitoria_P3	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Vitória Incaper 8142	20471	2006	-
Jequitiba_P6	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Jequitibá ES8122	31003	2013	-
Robustao_P4	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
Centenario_P1	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária	31001	2013	-
Robustao_P3	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	ES8132	31001	2013	-
Vitoria_P4	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
Centenario_P2	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Vitória Incaper 8142	20471	2006	-
Robustao_P5	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária	31001	2013	-
Vitoria_P5	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	ES8132	31001	2013	-
Centenario_P3	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
Diamante_P4	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Vitória Incaper 8142	20471	2006	-
Jequitiba_P1	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária	31001	2013	-
Centenario_P4	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	ES8132	31001	2013	-
Marilandia_P11	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Diamante ES8112	31002	2013	-
Diamante_P8	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Jequitibá ES8122	31003	2013	-
Jequitiba_P2	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária	31001	2013	-
Centenario_P7	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	ES8132	31001	2013	-
Marilandia_P7	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	ES8132	31001	2013	-
Vitoria_P1	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Marilândia ES8143	37678	2017	-
Jequitiba_P3	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Diamante ES8112	31002	2013	-
Robustao_P1	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Jequitibá ES8122	31003	2013	-
Vitoria_P2	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária	31001	2013	-
Jequitiba_P4	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	ES8132	31001	2013	-
207	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
R2	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Vitória Incaper 8142	20471	2006	-
R3	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Jequitibá ES8122	31003	2013	-
R4	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
R5	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
R10	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
101	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Diamante ES8112	31002	2013	-
405	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Marilândia ES8143	37678	2017	-
406	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Marilândia ES8143	37678	2017	-
127	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Marilândia ES8143	37678	2017	-
407	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	EMCAPA 8141 Robustão Capixaba	5385	1999	-
A1_(R4)	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Marilândia ES8143	37678	2017	-
301	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Não enquadrado	-	-	-
306	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária ES8132	31001	2013	-
308	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária ES8132	31001	2013	-
286	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Centenária ES8132	31001	2013	-
309	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Comercial	-	-	-	Vitória Incaper 8142	20471	2006	-
IAC27.426	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	Centenária ES8132	31001	2013	-
EP23.497	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
BAG35	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	Epamig
BAG129	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG267	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG341	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG98	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG255	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
IAC01.400	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
IAC32.431	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
4B.211	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG57	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG138	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG273	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG347	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG111	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG312	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-

IAC05.404	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
IAC38.437	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
3B.212	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG58	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
33.BAHIA.149	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG279	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG354	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG134	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
203.372	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
IAC09.408	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
IAC55.454	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
5B.213	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG59	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
30.BAHIA.153	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG291	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG359	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
25.BAHIA.166	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG367	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
IAC10.409	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
IAC72.471	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
2B.214	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG93	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
10.BAHIA.163	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG319	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG14	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
208.176	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG370	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
IAC11.410	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
IAC73.472	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
1B.215	Não classificado	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG110	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
13.BAHIA.70	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG320	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG42	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG205	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG380	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
IAC21.420	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
IAC74.473	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
BAG119	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
01.BAHIA.172	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG327	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG61	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG238	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG384	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
IAC22.421	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
EP20.494	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	Epamig
BAG33	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG127	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG202	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG328	Conilon	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG88	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG254	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG385	Intermediário	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
IAC23.422	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
416	Robusta	Incaper (Cachoeiro de Itapemirim)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
A1_(R2)	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V08.151	Conilon	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
Apoata	Apoatã	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
A1_(R3)	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V04.59	Não classificado	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V07.160	Conilon	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V01.60	Conilon	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V03.66	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V02.74	Conilon	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V13.31	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V06.130	Conilon	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
02.12V	Não classificado	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V11.147	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V05.80	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
V10.148	Conilon	Incaper (Marilândia)	-	Comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG38	Conilon	Incaper (Marilândia)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
BAG242	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-
EP57.531	Intermediário	Incaper (Marilândia)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	Epamig
IAC56.455	Robusta	Incaper (Marilândia)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	IAC
BAG558	Robusta	Incaper (Marilândia)	-	Não comercial	-	-	-	-	-	-	-

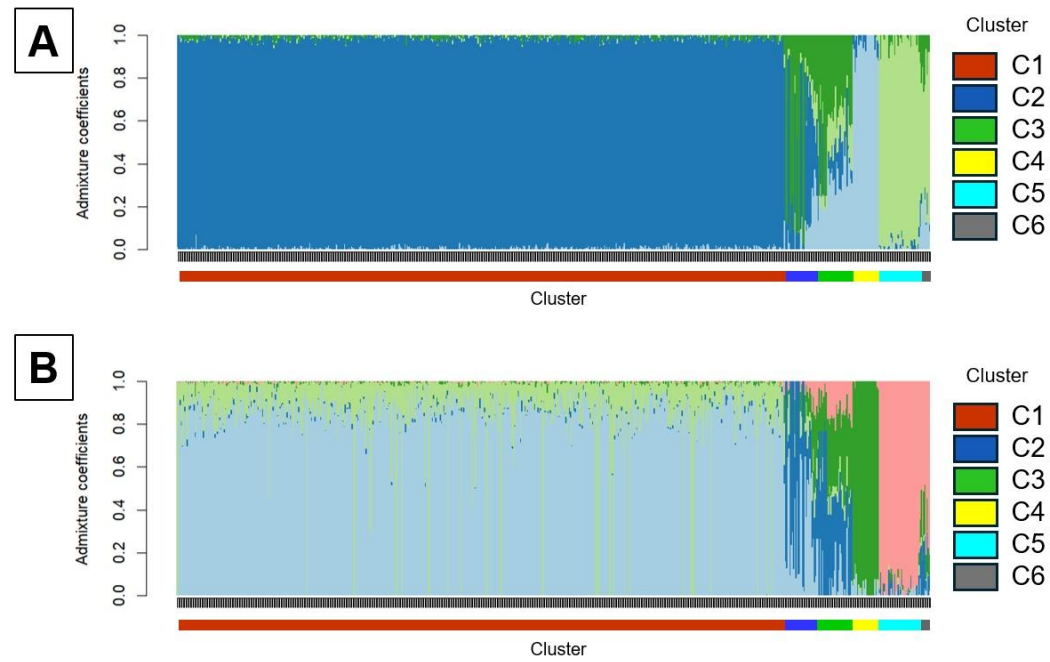




**Figura Suplementar 1.** Distribuição de 1.029 marcadores SNPs ao longo dos 11 cromossomos de *C. canephora* após filtragem por *call rate* (0,90), reprodutibilidade (0,98) e MAF (0,01), a partir da genotipagem de 649 genótipos via DArTseq<sup>TM</sup>. O eixo x representa a extensão do cromossomo em Mb. As representações coloridas de acordo com a legenda indicam a densidade dos marcadores ao longo do cromossomo.



**Figura Suplementar 2.** Perfil genômico dos 649 genótipos de *C. canephora*. A primeira coluna à esquerda indica os seis *clusters* formados pelo agrupamento Ward.D2 (C1 a C6). As cores têm os seguintes significados: azul para homocigoto para o alelo de referência, vermelho para homocigoto para o alelo alternativo, amarelo para heterocigoto e branco para ausência de dados.



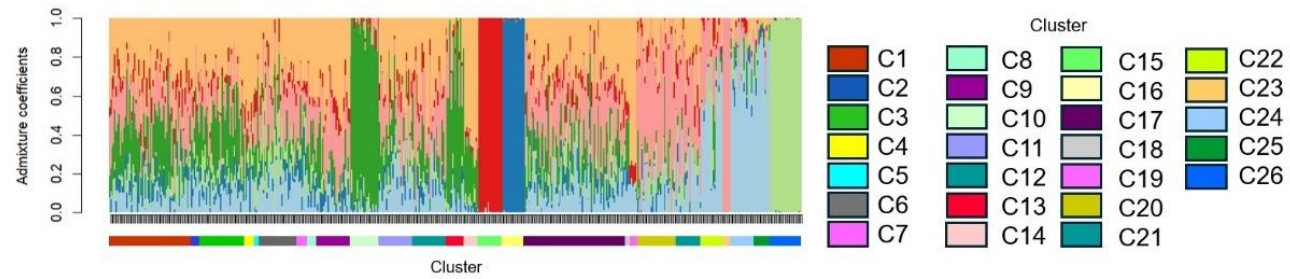
**Figura Suplementar 3. (A-B) Admixture barplot** considerando  $K = 4$  (item **A**) e  $K = 5$  (item **B**) com base em 1.654 SNPs de 649 genótipos de *C. canephora*. Os genótipos foram ordenados de acordo com seis *clusters* (C1 a C6) formados pelo método Ward.D2.

**Tabela Suplementar 2.** Análise de variância molecular (AMOVA) com base em 649 genótipos de *Coffea canephora* genotipados com 1.654 SNPs, distribuídos em seis *clusters* pelo agrupamento utilizando o método de Ward.D2.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Soma de quadrados	Quadrado médio dos desvios	Percentual da variação (%)	<i>p</i> -valor
Entre <i>clusters</i>	5	120765,3	24153,0619	57,911191	0,000999001
Entre genótipos dentro do <i>cluster</i>	643	129416,4	201,2697	1,126728	0,017982018
Entre genótipos	649	123812,7	190,7746	40,962081	0,000999001
Total	1.297	373994,4	288,3534	100,00000	-

**Tabela Suplementar 3.** Valores de  $F_{ST}$  obtidos a partir de seis *clusters* (C1 a C6) definidos no dendrograma pelo método Ward.D2, com base em 649 genótipos de *C. canephora* analisados através de 1.654 SNPs.

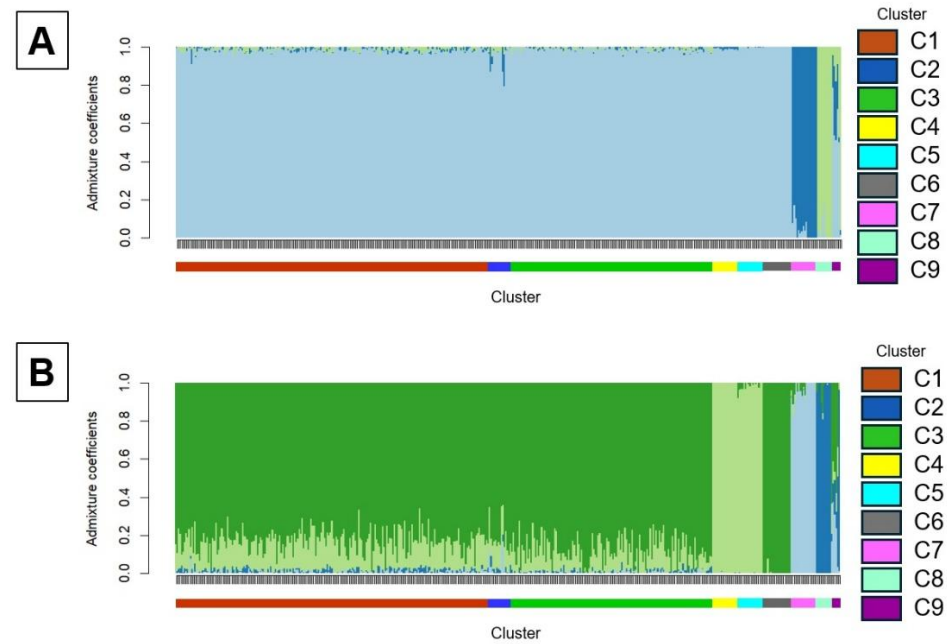
	C1	C2	C3	C4	C5	C6
C1	0	-	-	-	-	-
C2	0,207663	0	-	-	-	-
C3	0,379096	0,102937	0	-	-	-
C4	0,591165	0,337496	0,178557	0	-	-
C5	0,804547	0,596272	0,399754	0,502086	0	-
C6	0,717208	0,420177	0,186628	0,330054	0,14977	0



**Figura Suplementar 4.** *Admixture barplot* considerando  $K = 7$ , com base em 721 SNPs de 523 genótipos de *C. canephora*. Os genótipos foram ordenados de acordo com 26 *clusters* (C1 a C26) formados pelo método Ward.D2.

**Tabela Suplementar 4.** Valores de  $F_{ST}$  obtidos a partir de 26 *clusters* (C1 a C26) definidos no dendrograma pelo método Ward.D2, com base em 523 genótipos de *C. canephora* analisados através de 721 SNPs.

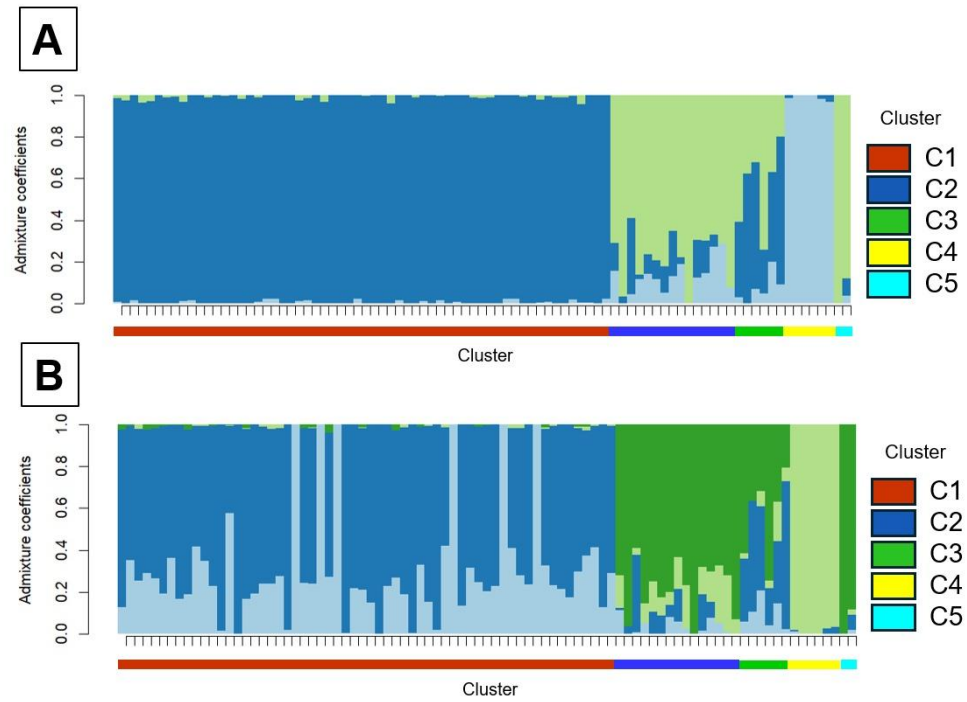
	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15	C16	C17	C18	C19	C20	C21	C22	C23	C24	C25	C26
C1	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C2	0,057753	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C3	0,013477	0,062279	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C4	0,060834	0,13135	0,064886	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C5	0,177318	0,270949	0,154625	0,244828	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C6	0,025922	0,076379	0,028323	0,075961	0,180566	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C7	0,074554	0,149867	0,081566	0,146053	0,292489	0,089177	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C8	0,080941	0,184381	0,082819	0,158307	0,321031	0,101112	0,165336	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C9	0,039469	0,093587	0,046289	0,08035	0,223651	0,049918	0,10078	0,117225	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C10	0,082077	0,146846	0,078122	0,166897	0,281687	0,105081	0,169128	0,184932	0,128425	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C11	0,016603	0,051672	0,01729	0,061291	0,150653	0,013161	0,076936	0,085223	0,040908	0,093192	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C12	0,018354	0,055006	0,03088	0,075401	0,18758	0,028176	0,076662	0,095611	0,027947	0,109379	0,023904	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C13	0,078034	0,127748	0,072215	0,13972	0,242707	0,087446	0,154256	0,175646	0,113764	0,09767	0,070457	0,090027	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C14	0,137795	0,227723	0,120205	0,198118	0,352505	0,166221	0,217959	0,216948	0,172406	0,210515	0,144932	0,146173	0,201219	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C15	0,232727	0,393282	0,265609	0,390546	0,529987	0,26749	0,388334	0,428634	0,299948	0,367836	0,260697	0,273643	0,36656	0,457519	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C16	0,232182	0,3747	0,243941	0,368699	0,574427	0,268786	0,368225	0,40243	0,27865	0,379292	0,248093	0,262456	0,359028	0,460113	0,530977	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C17	0,009852	0,065715	0,013801	0,064796	0,18215	0,014324	0,064948	0,084385	0,03036	0,086408	0,013087	0,016768	0,082382	0,1368	0,239625	0,235394	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C18	0,148187	0,236746	0,148276	0,243	0,537417	0,171515	0,24703	0,302634	0,173166	0,247022	0,137525	0,135641	0,198505	0,312129	0,5253	0,522138	0,154824	0	-	-	-	-	-	-	-	-
C19	0,178399	0,287824	0,197816	0,276064	0,497986	0,201387	0,28198	0,349408	0,218223	0,269981	0,172663	0,182518	0,271532	0,354906	0,530454	0,558472	0,187442	0,489137	0	-	-	-	-	-	-	-
C20	0,045968	0,104024	0,052982	0,128155	0,236404	0,045286	0,116511	0,136719	0,070003	0,138619	0,045334	0,039927	0,117391	0,195428	0,306515	0,311082	0,027732	0,20993	0,247553	0	-	-	-	-	-	-
C21	0,046388	0,092355	0,057612	0,119612	0,227829	0,040647	0,12165	0,128969	0,068787	0,146439	0,037837	0,036636	0,122087	0,203842	0,310876	0,312848	0,03102	0,214947	0,231734	0,039612	0	-	-	-	-	-
C22	0,056017	0,109112	0,064833	0,128046	0,270348	0,057426	0,127651	0,150557	0,094895	0,147608	0,053662	0,058997	0,127197	0,220748	0,338312	0,32673	0,045384	0,237664	0,26469	0,049429	0,053429	0	-	-	-	-
C23	0,215086	0,348446	0,219383	0,35609	0,560214	0,215519	0,33287	0,381358	0,253956	0,322532	0,201091	0,214632	0,30011	0,403344	0,57929	0,582445	0,203515	0,561111	0,527617	0,238696	0,243714	0,276529	0	-	-	-
C24	0,091495	0,149256	0,095937	0,147779	0,278278	0,08561	0,16164	0,183169	0,134342	0,174846	0,072859	0,098935	0,149153	0,243211	0,377167	0,345929	0,08533	0,245371	0,276168	0,117732	0,110252	0,041727	0,297129	0	-	-
C25	0,100698	0,166584	0,103511	0,15738	0,32621	0,10576	0,177776	0,195826	0,121941	0,191473	0,094494	0,10919	0,173275	0,256638	0,410858	0,382433	0,090701	0,275293	0,323245	0,13568	0,129431	0,070195	0,35963	0,057404	0	-
C26	0,239222	0,39564	0,248151	0,399499	0,543512	0,196271	0,399915	0,417486	0,307433	0,346376	0,239008	0,273421	0,353251	0,461057	0,526767	0,57105	0,211716	0,549963	0,549541	0,272741	0,289933	0,286817	0,550608	0,332594	0,387146	0



**Figura Suplementar 5. (A-B)** *Admixture barplot* considerando  $K = 3$  (item **A**) e  $K = 4$  (item **B**), com base em 1.306 SNPs de 447 genótipos de *C. canephora*. Os genótipos foram ordenados de acordo com nove *clusters* (C1 a C9) formados pelo método Ward.D2.

**Tabela Suplementar 5.** Valores de  $F_{ST}$  obtidos a partir de nove *clusters* (C1 a C9) definidos no dendrograma pelo método Ward.D2, com base em 447 genótipos de *C. canephora* analisados através de 1.306 SNPs.

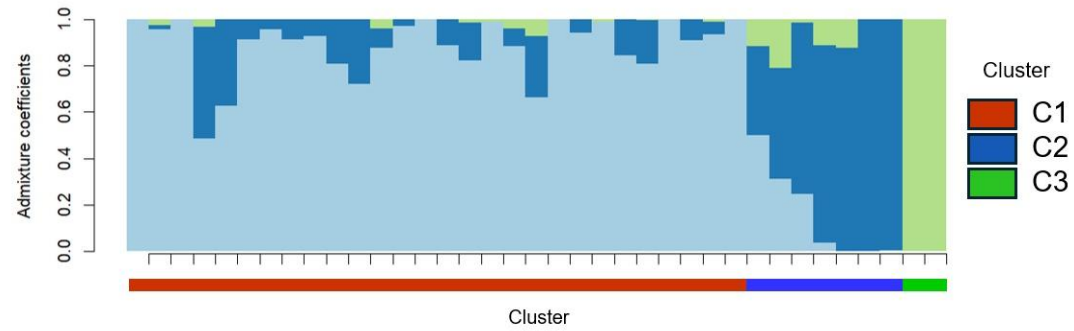
	<b>C1</b>	<b>C2</b>	<b>C3</b>	<b>C4</b>	<b>C5</b>	<b>C6</b>	<b>C7</b>	<b>C8</b>	<b>C9</b>
<b>C1</b>	0	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>C2</b>	0,075531	0	-	-	-	-	-	-	-
<b>C3</b>	0,018643	0,105581	0	-	-	-	-	-	-
<b>C4</b>	0,215541	0,35353	0,238402	0	-	-	-	-	-
<b>C5</b>	0,209313	0,34995	0,233304	0,507552	0	-	-	-	-
<b>C6</b>	0,191222	0,341492	0,17553	0,497736	0,539022	0	-	-	-
<b>C7</b>	0,572479	0,451534	0,580111	0,555908	0,562373	0,570804	0	-	-
<b>C8</b>	0,450755	0,421679	0,468257	0,584669	0,60326	0,595509	0,443234	0	-
<b>C9</b>	0,184138	0,144299	0,193977	0,354925	0,365775	0,352975	0,295141	0,210896	0



**Figura Suplementar 6. (A-B)** *Admixture barplot* considerando  $K = 3$  (item **A**) e  $K = 4$  (item **B**), com base em 1.628 SNPs de 89 genótipos comerciais de *C. canephora*. Os genótipos foram ordenados de acordo com cinco *clusters* (C1 a C5) formados pelo método Ward.D2.

**Tabela Suplementar 6.** Valores de  $F_{ST}$  obtidos a partir de cinco *clusters* (C1 a C5) definidos no dendrograma pelo método Ward.D2, com base em 81 genótipos de *C. canephora* analisados através de 1.628 SNPs.

	<b>C1</b>	<b>C2</b>	<b>C3</b>	<b>C4</b>	<b>C5</b>
<b>C1</b>	0	-	-	-	-
<b>C2</b>	0,340375	0	-	-	-
<b>C3</b>	0,200096	0,042126	0	-	-
<b>C4</b>	0,565265	0,15548	0,253024	0	-
<b>C5</b>	0,749128	0,219526	0,374583	0,421199	0



**Figura Suplementar 7.** *Admixture barplot* considerando  $K = 3$ , com base em 1.657 SNPs de 37 genótipos do grupo Robusta de *C. canephora*. Os genótipos foram ordenados de acordo com três *clusters* (C1 a C3) formados pelo método Ward.D2.

**Tabela Suplementar 7.** Valores de  $F_{ST}$  obtidos a partir de três *clusters* (C1 a C3) definidos no dendrograma pelo método Ward.D2, com base em 37 genótipos de *C. canephora* analisados através de 2.573 SNPs.

	<b>C1</b>	<b>C2</b>	<b>C3</b>
<b>C1</b>	0	-	-
<b>C2</b>	0,109235	0	-
<b>C3</b>	0,615205	0,418636	0

### **CAPÍTULO III: ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA CARACTERÍSTICAS DA QUALIDADE DA BEBIDA DE *Coffea canephora***

#### **RESUMO**

O estudo de associação genômica ampla (GWAS) investiga a relação entre marcadores moleculares e características fenotípicas. Neste trabalho, buscou-se identificar marcadores de nucleotídeo único (SNPs) que se associem significativamente à Pontuação final e atributos sensoriais da qualidade da bebida em genótipos de *C. canephora*. A qualidade da bebida foi avaliada em 370 genótipos durante os anos de 2022 e 2023. Após filtragem, foram utilizados 2.031 SNPs de um total de 11.939, e os dados fenotípicos foram corrigidos com modelos mistos. Identificou-se 246 SNPs com associações significativas: 68 para pontuação final, 40 para fragrância/aroma, 34 para sabor, 19 para sabor residual, 21 para acidez/salinidade, 11 para sensação na boca, 22 para balanço, 15 para amargor/doçura e 16 para geral. Dos 246 SNPs, 148 SNPs estão localizados nos cromossomos 1 a 11, com 83 situados em sequências de genes. As funções putativas dos genes candidatos foram identificadas e alguns marcadores estão associados a mais de uma característica. Esses resultados são relevantes para programas de melhoramento genético *C. canephora*. As regiões cromossômicas identificadas podem ser utilizadas na seleção assistida por marcadores moleculares, facilitando a escolha de genótipos desejáveis para características de qualidade da bebida.

**Palavras-chave:** GWAS; Melhoramento genético; Café conilon; SNPs.

## 1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do café é processo desafiador e dispendioso que pode levar de 25 a 30 anos para desenvolver uma nova cultivar, em razão da natureza perene da planta (MONCADA et al., 2016; ALMEIDA et al., 2021). Os programas de melhoramento têm como foco a seleção de plantas com alta produtividade, resistência a estresses bióticos e abióticos, e qualidade superior (MAIA et al., 2017). Nesse contexto, a seleção assistida por marcadores moleculares surge como uma ferramenta poderosa e eficiente para acelerar a seleção de genótipos superiores e o desenvolvimento de novas cultivares. Essa abordagem potencializa a eficácia dos programas de melhoramento (ALKIMIM et al., 2017; SOUSA et al., 2019).

Os marcadores moleculares apresentam diversas vantagens. Eles não são afetados por condições ambientais e podem ser utilizados em qualquer estágio do desenvolvimento da planta (ALMEIDA et al., 2021). É importante considerar que o desenvolvimento de novas cultivares de espécies perenes exige um tempo considerável. Além disso, a disponibilidade de ferramentas moleculares para *C. canephora*, uma importante espécie no estado do Espírito Santo, é limitada em comparação a outras culturas de relevância econômica. A qualidade da bebida de *C. canephora* é uma variável quantitativa, influenciada por fatores genéticos, condições ambientais, manejo, colheita e pós-colheita (AHMED et al., 2021; MORAIS et al., 2021; TORREZ et al., 2023). Investigações de marcadores moleculares relacionados a qualidade são especialmente relevantes, uma vez que essa característica desempenha um papel fundamental na valorização do setor cafeeiro (SOUZA et al., 2018). Com o aumento da demanda por cafés especiais, impulsionada por lojas especializadas e consumidores exigentes em busca de produtos de alta qualidade (BOAVENTURA et al., 2018), torna-se essencial explorar a qualidade do café em *C. canephora* do ponto de vista molecular. Essa abordagem pode viabilizar a seleção precoce de genótipos superiores, otimizando o melhoramento genético dessa cultura perene e complementando os métodos tradicionais de fenotipagem.

Nesse cenário, os estudos de associação genômica ampla (*Genome-Wide Association Studies*, GWAS) despontam como uma abordagem promissora. O objetivo dos GWAS é investigar a relação entre fenótipo e genótipo, identificando regiões do genoma que exercem maior influência sobre características específicas. Essa metodologia permite a identificação

de marcadores que apresentam associações significativas com sequências de genes ou regiões adjacentes. Quando isso ocorre, esses genes são considerados potencialmente envolvidos no fenótipo em análise (GONZÁLEZ et al., 2017; VISSCHER et al., 2017; MONTEIRO et al., 2021; MIR et al., 2023). Isso pode servir de base para a compreensão da influência do genótipo sobre o fenótipo (YANG et al., 2013). As informações obtidas por meio dessa abordagem podem ser usadas de forma estratégica para acelerar a seleção de genótipos superiores e o desenvolvimento de novas cultivares de café. A seleção assistida por marcadores moleculares é uma ferramenta essencial nesse processo, pois pode aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético (ALKIMIM et al., 2017; SOUSA et al., 2019; ASHWATH et al., 2023; MIR et al., 2023). É importante ressaltar que os marcadores moleculares não são afetados por condições ambientais e podem ser aplicados em qualquer estágio do desenvolvimento da planta (ALMEIDA et al., 2021).

A aplicação da abordagem GWAS em *C. canephora* ainda é relativamente pouco explorada, embora represente uma estratégia promissora. Alguns estudos recentes possibilitaram a identificação de marcadores significativos relacionados a características como altura das plantas, diâmetro da copa, vigor vegetativo e incidência de doenças, como ferrugem e cercosporiose (SILVA et al., 2022). Adicionalmente, um estudo que incluiu diferentes espécies de *Coffea* (incluindo *C. canephora*) identificou SNPs com associações significativas relacionadas aos metabólitos cafeína e trigonelina, compostos que influenciam na qualidade da bebida do café (SPINOSO-CASTILLO et al., 2022).

O GWAS é geralmente conduzido utilizando com marcadores de polimorfismos de nucleotídeo único (*Single Nucleotide Polymorphism*, SNPs). Os SNPs são marcadores moleculares amplamente distribuídos pelo genoma e são fundamentais nos estudos de GWAS (ALEKSANDROV et al., 2021). Esses marcadores representam o tipo de polimorfismo mais abundante no genoma, sendo geralmente bialélicos e codominantes (RESENDE et al., 2008). Eles podem estar associados a genes que controlam características de interesse agrônomo (HEFFNER et al., 2009; SOUSA et al., 2017). Uma metodologia para a detecção de SNPs é a DArTseq™, que combina a abordagem DArT, baseada na redução da complexidade do genoma por meio de enzimas de restrição, com o sequenciamento de próxima geração (SANSALONI et al., 2011).

O melhoramento genético de *C. canephora*, com ênfase no uso de marcadores moleculares, especialmente os SNPs, ainda são escassas no contexto do germoplasma

proveniente do Espírito Santo. Esse estado é de grande relevância para *C. canephora*, o que torna ainda mais evidente a necessidade de aprofundar os estudos moleculares em genótipos dessa espécie. Existem lacunas importantes relacionadas à aplicação de marcadores SNPs e à abordagem de GWAS, que é no geral, pouco explorada para essa espécie. Elucidar essas lacunas é fundamental e serve como base para o presente estudo.

Objetiva-se neste estudo a identificação de SNPs que apresentem associações significativas a pontuação final e atributos sensoriais da qualidade de bebida por meio da abordagem de GWAS em genótipos de *C. canephora*. Busca-se ainda identificar marcadores localizados em genes candidatos ao controle das características. Esses dados serão relevantes para aprofundar o entendimento sobre a influência genética na qualidade do café e poderão auxiliar no desenvolvimento de estratégias de melhoramento genético.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 MATERIAL VEGETAL**

Foram analisados 370 genótipos de *C. canephora*. Desses, 365 foram selecionados de um total de 1.940, com base no vigor vegetativo e no potencial produtivo. Esses genótipos estão distribuídos entre 388 famílias de meios-irmãos originadas de matrizes selecionadas em lavouras antigas do sul do Espírito Santo, que variam entre 18 e 80 anos de idade. Os municípios onde essas lavouras se encontram são Alegre, Cachoeiro de Itapemirim, Jerônimo Monteiro e São José do Calçado. A escolha da região sul do estado para a coleta deve-se ao fato de ter sido a primeira a receber os genótipos de Conilon (grupo botânico de *C. canephora*) introduzidos no Brasil (MERLO, 2012; PARTELLI, 2016). As famílias de meios-irmãos estão mantidas em um experimento estabelecido em abril de 2018, com um delineamento de blocos aumentados de Federer, localizado em Mimoso do Sul, na região sul do Espírito Santo (21° 03' 01" S, 41° 30' 44" W, 190 m). No experimento, cinco clones comerciais (A1, P2, RBS, RO e Verdin) foram utilizados como controle. A relação dos 370 genótipos, incluindo informações sobre sua origem, pode ser encontrada na Tabela Suplementar 1.

## 2.2 AVALIAÇÃO DA QUALIDADE DA BEBIDA

A colheita manual dos frutos ocorreu quando aproximadamente 80% dos frutos da planta estavam maduros, em dois anos de produção, 2022 e 2023. Após a colheita, os frutos maduros foram separados manualmente, mantendo apenas os frutos cereja. Em seguida, os frutos foram lavados para remover impurezas e separar os frutos bóia. Essa separação foi importante para descartar frutos chochos, mal granados, brocados, secos, malformados e imaturos, que impactam negativamente a qualidade do café. Os frutos selecionados foram submetidos à secagem natural em um terreiro suspenso, coberto com plástico, até atingirem uma umidade de  $12 \pm 1$  %. Essa umidade foi estimada com um medidor de umidade de grãos modelo G610i (Gehaka). Após o beneficiamento, foram removidos manualmente os grãos verdes, pretos, ardidos, brocados, quebrados, cascas e outras impurezas, que foram descartados.

As amostras foram avaliadas no Centro de Cafés Especiais do Espírito Santo (CECAFES), vinculado ao Incaper em Venda Nova do Imigrante – ES. Em cada ano de avaliação, foram analisadas três amostras de 100 gramas de cada genótipo, totalizando três repetições. Cada amostra foi submetida à torra em um torrador de amostras Probat TP2-Leogap, utilizando discos Agrtron-SCAA, com o ponto de torra entre as cores indicadas pelo disco #50 para cafés especiais (HETZEL, 2011). Durante a torra, os fatores de temperatura e tempo foram monitorados com termômetros e cronômetros. A torra foi realizada em um intervalo de 8 a 12 minutos. Após a torra e o resfriamento a 20 °C, os grãos foram armazenados em recipientes metálicos por 24 horas antes da moagem. O moinho de prova (Carmomaq) foi ajustado para que o tamanho das partículas moídas passasse por uma peneira com furos de 20 meshes.

Cada amostra foi degustada por quatro avaliadores *Q Robusta Graders* em cinco xícaras. A quantidade ideal foi de 8,75 g de café moído em 150 mL de água. A água foi aquecida a 93 °C. A avaliação começou quando a temperatura dos copos atingiu 55 °C, respeitando o tempo de quatro minutos para degustação após a infusão. O protocolo utilizado foi o proposto pelo *Coffee Quality Institute/Ugandan Coffee Development Authority* (CQI/UCDA) (HETZEL, 2011). Os atributos sensoriais avaliados incluíram: fragrância/aroma, sabor, sabor residual, acidez/salinidade, sensação na boca, balanço, uniformidade, xícara limpa, amargor/doçura e geral. Cada atributo recebeu uma pontuação

máxima de 10 pontos, que foram somadas e ajustadas com base em eventuais defeitos leves ou graves encontrados na amostra, resultando na pontuação final.

A distribuição de frequência da pontuação final e dos atributos sensoriais foi apresentada por histogramas para cada característica, considerando os 370 genótipos avaliados na análise de associação genômica ampla. Os histogramas foram construídos utilizando o pacote *ggplot2* (WICKHAM, 2011) no software R versão 4.2.3 (R CORE TEAM, 2025).

### 2.3 EXTRAÇÃO DO DNA GENÔMICO E GENOTIPAGEM

Dos 370 genótipos analisados, 189 já haviam sido genotipados Zaidan et al. (2023). Folhas jovens dos 181 genótipos restantes foram coletadas e armazenadas a -80 °C. A extração do DNA seguiu o protocolo CTAB (DOYLE; DOYLE, 1990), com modificações do IAC para otimização específica para o café, conforme feito por Zaidan et al. (2023). A concentração e a integridade do DNA foram avaliadas com o espectrofotômetro NanoDrop™ 2000 (Thermo Scientific). A qualidade do DNA foi testada em um gel de agarose a 0,8%. As amostras adequadas para genotipagem foram enviadas ao Serviço de Análise Genética para Agricultura (SAGA) no México, onde a genotipagem foi realizada por sequenciamento via metodologia DArTseq™. Este método permite a identificação de milhares de SNPs ao longo do genoma, com foco nas regiões gênicas.

A representação do genoma de cada genótipo foi alcançada pela redução da complexidade do DNA, utilizando duas enzimas de restrição: *HpaII* (corte frequente) e *PstI* (corte raro). Os fragmentos resultantes foram ligados a adaptadores de código de barras e de amostra para identificação. Em seguida, os fragmentos foram submetidos a uma reação em cadeia da polimerase, conforme descrito por Kilian et al. (2012). Após a amplificação, quantidades equimolares dos produtos de cada amostra foram agrupadas em uma placa de microtitulação de 96 poços. Esses produtos foram purificados e quantificados para sequenciamento no sistema Illumina NovaSeq 6000. As sequências de código de barras foram identificadas e utilizadas para a chamada de rótulos. Sequências de baixa qualidade foram filtradas e as sequências idênticas foram agrupadas em arquivos *fastqcall*. Esses arquivos foram processados pelos pipelines de chamada de SNPs do DArT PL (DArTsoft-

seq14), conforme descrito por Sansaloni et al. (2020). Como resultado, foram obtidos SNPs informativos e de alta qualidade de 370 genótipos, que foram utilizados neste trabalho.

As sequências foram alinhadas ao genoma de referência de Denoeud et al. (2014) (Strain: DH200=9; Genome assembly: AUK\_PRJEB4211\_v1; GenBank assembly accession: GCA\_900059795.1), disponível no banco de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Este alinhamento permitiu identificar o cromossomo em que cada sequência estava inserida, bem como a posição do SNP no cromossomo.

Os marcadores SNP foram filtrados pelos parâmetros *call rate* de 0,70, reprodutibilidade de 0,985 e frequência de alelo menor (MAF) de 0,01. A análise de componentes principais (PCA) foi realizada para avaliar a estrutura populacional, utilizando o pacote *dartR* (GRUBER et al., 2018; MIJANGOS et al., 2022). Essas análises foram conduzidas no software R versão 4.2.3 (R CORE TEAM, 2025).

#### 2.4 CORREÇÃO DOS DADOS DA QUALIDADE DA BEBIDA

Os dados obtidos na análise da qualidade da bebida foram corrigidos para o delineamento experimental (blocos de Federer aumentados) utilizando a metodologia de modelos mistos lineares (MLM) através do software R versão 4.2.3 (R CORE TEAM, 2025), com o pacote *sommer* (COVARRUBIAS-PAZARAN, 2016). Foram calculados os valores de BLUP (melhor predição linear não enviesada) e as médias residuais. Neste modelo, considerou-se a matriz de parentesco H para o método de Munoz (AMADEU et al., 2016). Nesta etapa, obteve-se o valor do fenótipo corrigido para efeito ambiental, somando-se o valor genético estimado (BLUP) ao resíduo.

Para os blocos aumentados de Federer, onde não há repetição dos genótipos avaliados, utilizou-se um conjunto de dados que contém informações fenotípicas para as características avaliadas. Este modelo possibilitou a obtenção dos valores de BLUP para genótipos não replicados em campo. A presença de genótipos de controle (clones comerciais) permitiu o ajuste dos genótipos não replicados. A equação utilizada nesta etapa foi a seguinte:

$$y = Xf + Zg + Sb + e$$

Onde:  $y$ : vetor de dados dos fenótipos;  $f$ : vetor do efeito médio (considerado fixo);  $g$ : vetor dos efeitos genotípicos dos genótipos (considerados aleatórios) em que  $g \sim N(0, H\sigma_g^2)$ , sendo  $H$  uma matriz de parentesco que inclui indivíduos genotipados e não genotipados, conforme Legarra (2009) e Munoz et al. (2014), e  $\sigma_g^2$  é a variância genética aditiva;  $b$ : vetor dos efeitos ambientais dos blocos (considerados aleatórios), onde  $b \sim N(0, I\sigma_b^2)$  em que  $\sigma_b^2$  é a variância associada aos blocos;  $e$ : vetor de efeitos residuais (aleatórios), onde  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$  em que  $\sigma_e^2$  é a variância residual. As letras maiúsculas  $X$ ,  $Z$  e  $S$  representam as matrizes de incidência desses efeitos.

O fenótipo corrigido para o delineamento foi obtido por meio da seguinte fórmula:

$$y^* = y - Xf - Sb.$$

## 2.5 ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS)

A estrutura genética da população estudada foi avaliada por meio da análise de componentes principais. Uma vez determinados os principais componentes, eles foram incluídos como covariáveis no modelo GWAS para detectar SNPs significativamente associados às características avaliadas.

Na análise GWAS, apenas os valores corrigidos dos indivíduos genotipados foram usados. Os valores BLUP e residuais foram então analisados usando o pacote *sommer* (COVARRUBIAS-PAZARAN, 2016) para calcular valores de  $p$  ( $p < 0,05$ ), identificando quais marcadores SNP estavam significativamente associados a cada característica. Gráficos de Manhattan foram gerados a partir desses valores de  $p$  usando o pacote *qqman* (TURNER, 2018). Além disso, gráficos quantil-quantil (QQ) foram criados para avaliar o ajuste do modelo GWAS. As análises foram conduzidas no software R versão 4.2.3 (R CORE TEAM, 2025).

O modelo adotado para o estudo é dado pela seguinte equação:

$$y^* = X\beta + M_i m_i + e$$

Onde:  $y^*$ : vetor de fenótipos ajustados;  $\beta$ : vetor da média geral e dos dois primeiros componentes principais da matriz de parentesco genômico (efeitos fixos) com matriz de incidência  $X$ ;  $m_i$ : efeito fixo do  $i$ -ésimo marcador;  $M_i$ : matriz de incidência do  $i$ -ésimo marcador;  $e$ : vetor de efeitos residuais (aleatórios), onde  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ , sendo  $\sigma_e^2$  a variância residual.

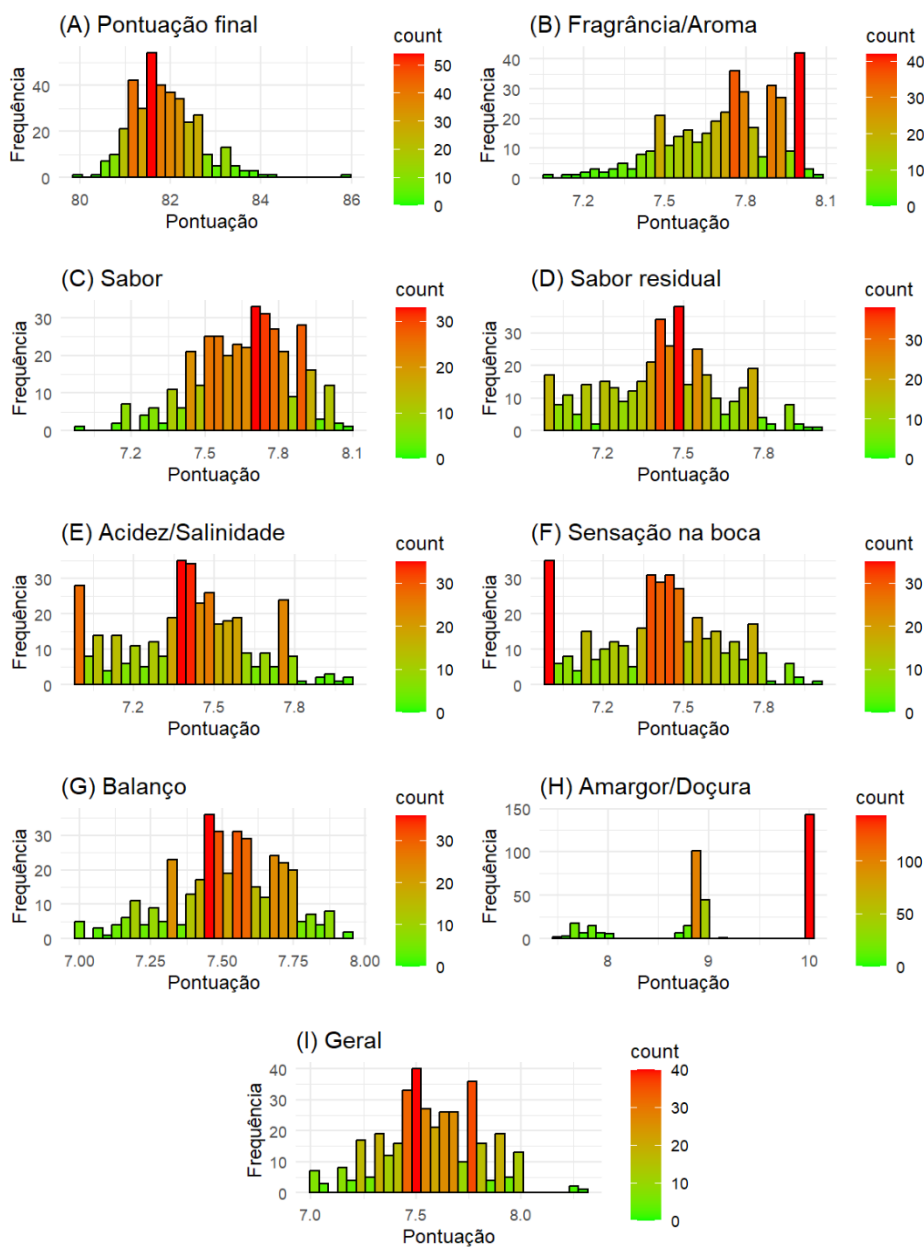
## 2.6 GENES CANDIDATOS

Com base nas informações sobre os marcadores significativos obtidos na análise de GWAS, foi feita a plotagem da distribuição desses marcadores ao longo dos cromossomos utilizando o mapa online Gene2Chrom web v2 ([http://mg2c.iask.in/mg2c\\_v2.0/](http://mg2c.iask.in/mg2c_v2.0/)) (CHAO et al., 2015). Foram consideradas as informações referentes ao número do cromossomo e à posição do SNP, fornecidas pelo alinhamento no genoma de referência. A localização dos SNPs foi verificada no *Coffee Genome Hub* ([https://coffee-genome-hub.southgreen.fr/coffea\\_canephora](https://coffee-genome-hub.southgreen.fr/coffea_canephora)) para determinar se estavam presentes em sequências de genes ou em regiões intergênicas. As distâncias *downstream* e *upstream* foram levadas em conta na busca por genes candidatos, priorizando a menor distância do gene flancador mais próximo ao SNP com associação significativa. A função putativa desses genes, disponível no *Coffee Genome Hub*, foi identificada.

## 3 RESULTADOS

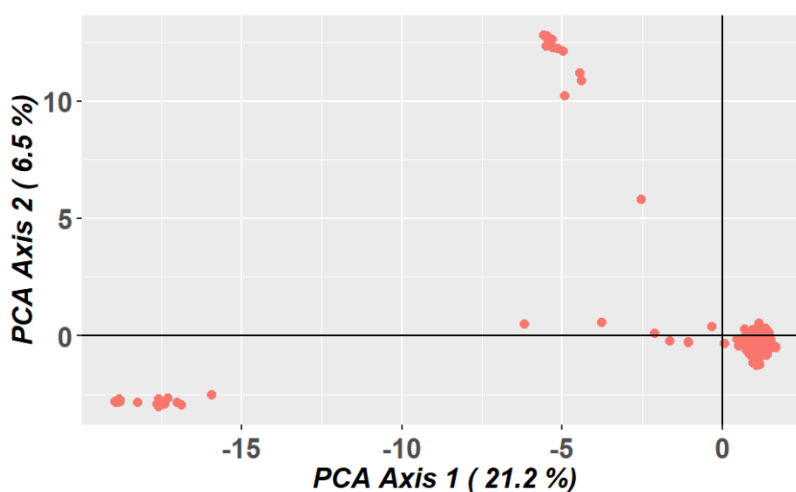
A distribuição das características relacionadas à qualidade da bebida, incluindo a pontuação final e os atributos sensoriais, está representada nos histogramas na Figura 1 (A a D). As características uniformidade e xícara limpa, por apresentarem a mesma pontuação para todos os genótipos e, portanto, não apresentarem variação, foram excluídas das análises. De maneira geral, boa parte das características demonstram uma distribuição normal típica de variáveis quantitativas, indicando que a maioria das pontuações se concentra em torno de um valor médio, com desvios progressivos para os extremos. A pontuação final (Figura 1A) e os atributos sabor (Figura 1C) e geral (Figura 1I) apresentaram uma distribuição

homogênea. Por outro lado, a característica amargor/doçura apresentou um padrão distinto. Ela apresenta picos em três diferentes localizações ao longo do eixo x no gráfico de histograma (Figura 1H).



**Figura 1.** Histogramas das distribuições dos valores médios (fenotípicos) da pontuação final e de oito atributos sensoriais da qualidade da bebida avaliados em dois anos de produção em 370 genótipos *C. canephora*. Desses, 365 são de propagação seminal, provenientes de matrizes selecionadas em lavouras antigas do Sul do Espírito Santo, Brasil, e cinco são clones comerciais.

Após a filtragem dos marcadores, foram obtidos um total de 2.031 marcadores SNPs. Este número é do total de 11.939 SNPs identificados. Na análise de componentes principais (PCA) baseada nos dados dos SNPs, os autovalores mostraram que o primeiro componente explicou a maior parte da variação na população, contribuindo com mais de 21,20% da variação total (Figura 2). O segundo componente principal foi responsável por 6,50% da variação total. Observou-se a formação de um grande grupo contendo a maioria dos genótipos. Além disso, havia dois grupos menores com poucos genótipos. Uma pequena parte dos genótipos ficou dispersa, fora desses grupos (Figura 2).



**Figura 2.** Análise de componentes principais (PCA) baseada em 2.031 marcadores SNPs identificados em 370 genótipos de *C. canephora*. Dentre esses genótipos, 365 são provenientes de propagação seminal, oriundos de matrizes selecionadas em lavouras antigas no Sul do Espírito Santo, Brasil. Os cinco restantes correspondem a clones comerciais. Os dois componentes principais explicam 27,70% da variabilidade total observada.

Na análise de GWAS, 167 dos 2.031 SNPs apresentaram associações significativas com as características avaliadas. No total, foram identificadas 246 associações significativas, considerando um  $p\text{-value} < 0,05$  (Tabela 1). Esse número incluiu todas as associações de forma acumulada, uma vez que um mesmo SNP pode estar associado a mais de uma característica.

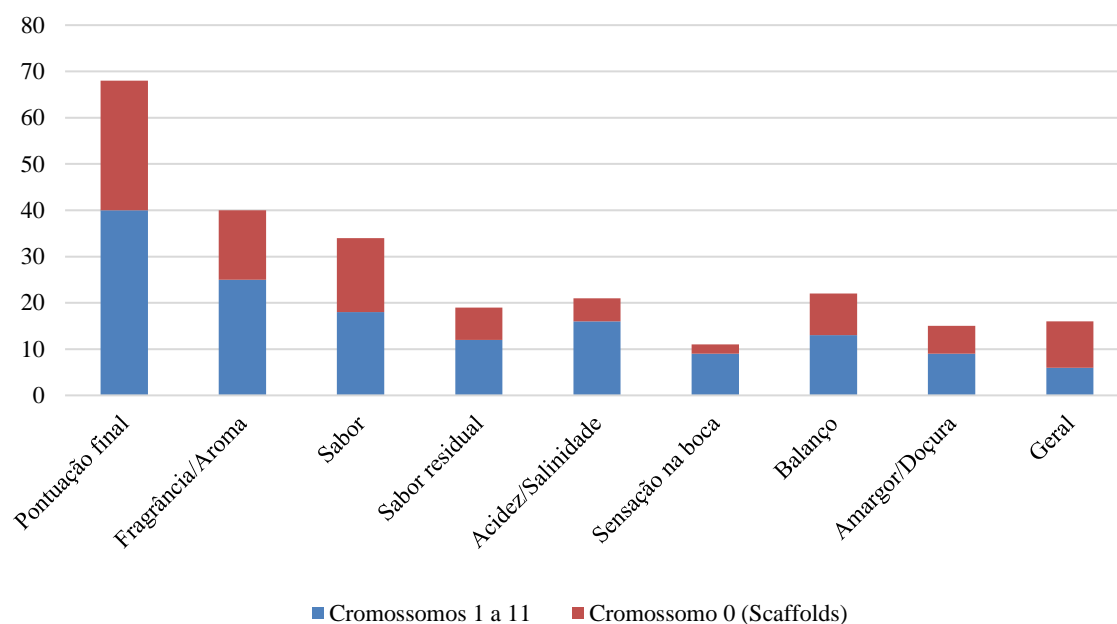
A espécie *C. canephora* possui um número básico de 11 cromossomos. Além dos SNPs localizados nesses cromossomos, alguns também são identificados no denominado "cromossomo 0". Este "cromossomo 0" não representa um verdadeiro cromossomo, mas sim

um conjunto de *scaffolds* de sequência (SOUSA et al., 2017; SANT'ANA et al., 2018; MEROT-L'ANTHENE et al., 2018; GIMASE et al., 2020). Das 246 associações identificadas, 148 correspondem a SNPs localizados nos cromossomos de 1 a 11, enquanto 98 estão presentes nos *scaffolds* (cromossomo 0). Foram detectados 68 SNPs relacionados à pontuação final, 40 à fragrância/aroma, 34 ao sabor, 19 ao sabor residual, 21 à acidez/salinidade, 11 à sensação na boca, 22 ao balanço, 15 ao amargor/doçura e 16 à característica geral (Tabela 1; Figura 3).

**Tabela 1.** Número de associações significativas para a Pontuação final e atributos sensoriais da qualidade da bebida avaliadas em 370 genótipos de *C. canephora*, considerando *p-value* < 0,05.

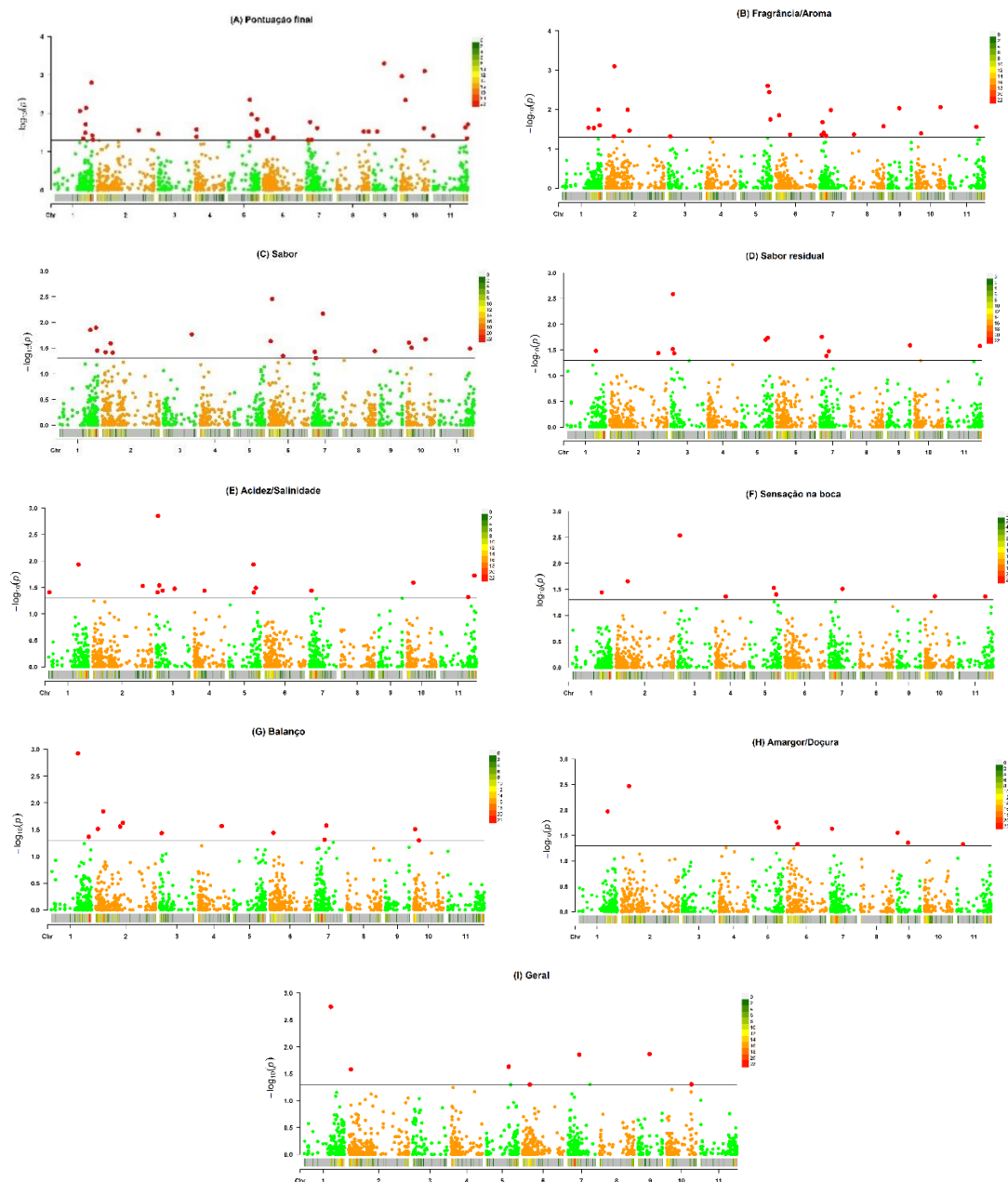
<b>Característica</b>	<b>Cromossomos 1 a 11</b>	<b>Cromossomo 0 (<i>Scaffolds</i>)</b>	<b>Total</b>
Pontuação final	40	28	68
Fragrância/aroma	25	15	40
Sabor	18	16	34
Sabor residual	12	7	19
Acidez/salinidade	16	5	21
Sensação na boca	9	2	11
Balanço	13	9	22
Amargor/doçura	9	6	15
Geral	6	10	16
<b>Total</b>	<b>148</b>	<b>98</b>	<b>246</b>

### Número de associações significativas



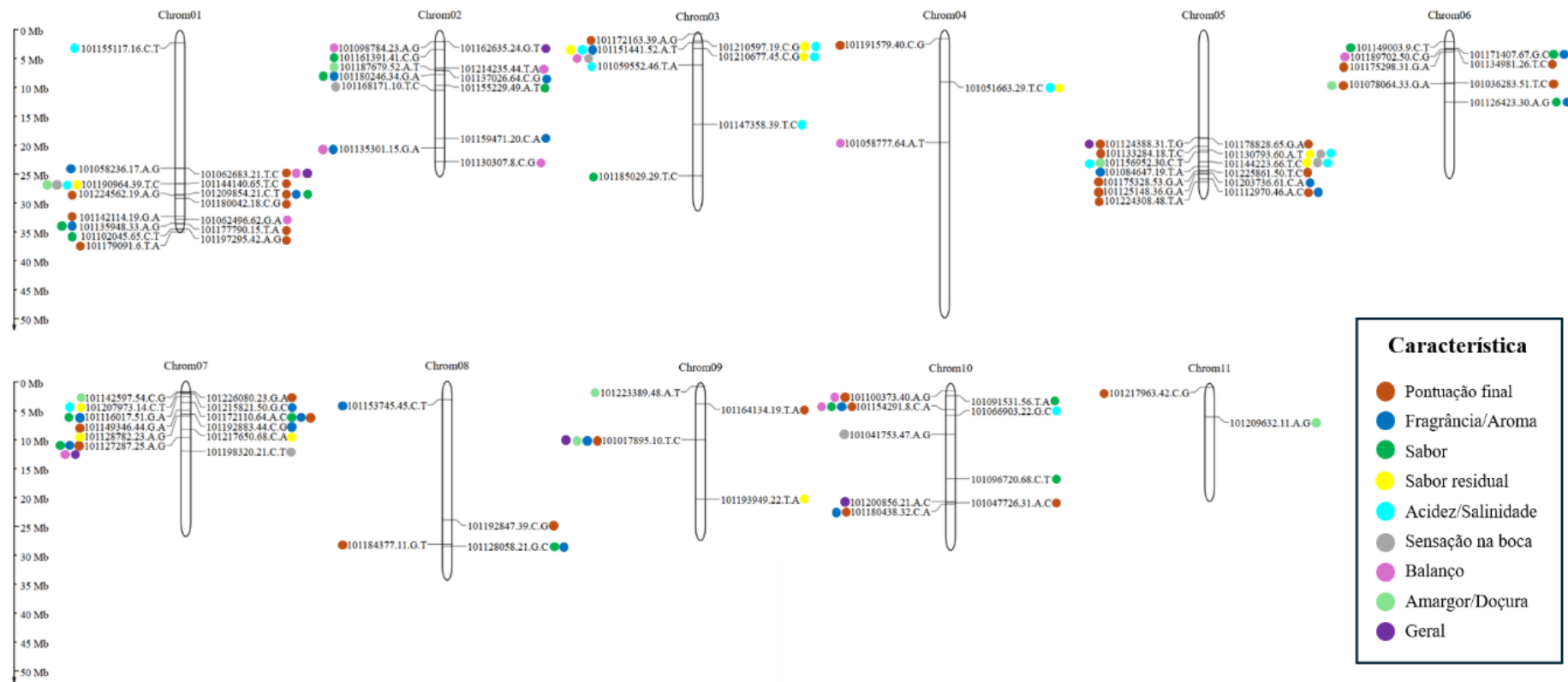
**Figura 3.** Número de associações significativas para a Pontuação final e atributos sensoriais da qualidade da bebida avaliadas em 370 genótipos de *C. canephora*, considerando  $p$ -value < 0,05.

Com base na análise de GWAS, foram gerados gráficos de Manhattan para cada uma das características analisadas, abrangendo os cromossomos de 1 a 11 de *C. canephora* (Figura 4, A - I). Esses gráficos permitem visualizar a distribuição dos SNPs entre os cromossomos, destacando aqueles que apresentaram associações significativas ( $p$ -value < 0,05), localizados acima da linha que indica o nível de significância. A pontuação final mostrou uma quantidade expressiva de SNPs significativos, distribuídos por todos os 11 cromossomos (Figura 4A). Para as demais características também apresentaram SNPs significativos, essa distribuição não ocorreu em todos os cromossomos. Por exemplo, o atributo geral revelou SNPs significativos em seis dos 11 cromossomos (Figura 4I). Gráficos quantil-quantil (QQ) foram elaborados para avaliar a adequação do modelo utilizado no estudo de GWAS, conforme ilustrado na Figura Suplementar 5 (A - I).



**Figura 4.** Gráficos de Manhattan resultantes da análise de associação genômica ampla (GWAS) para nove características relacionadas à qualidade da bebida de 370 genótipos de *C. canephora*. A linha tracejada representa o limite de  $-\log_{10}(p)$  de 0,05, utilizado para selecionar SNPs e identificar genes candidatos. Os SNPs significativos estão marcados por pontos vermelhos acima dessa linha limite. A distribuição de SNPs nos cromossomos de 1 a 11 é indicada pelas barras abaixo de cada cromossomo: as cores vermelhas representam maiores quantidades de SNPs, as amarelas indicam quantidades médias, e as verdes refletem menores quantidades de SNPs.

A distribuição dos marcadores nos 11 cromossomos de *C. canephora* foi obtida (Figura 5). Essa representação considerou apenas os marcadores com associações significativas para as características avaliadas. Na figura, os pontos indicam a característica associada a cada SNP específico. Os marcadores que demonstraram significância para mais de uma característica são identificados por dois ou mais pontos coloridos. Esses pontos correspondem às características associadas, localizando-se próximos à identificação do marcador. Houve distribuição de SNPs significativos entre todos os cromossomos, considerando conjuntamente todas as nove características. O cromossomo 1 apresentou o maior número de marcadores significativos, totalizando 15. Além disso, teve a maior quantidade total de significâncias, com 23. Isso ocorre pois um mesmo SNP pode estar ligado a mais de uma característica. Em contrapartida, os cromossomos 4 e 11 mostraram uma menor quantidade de marcadores e SNPs significativos. O marcador 101151441.52.A.T, localizado no cromossomo 3, destacou-se com significância para cinco características: fragrância/aroma, acidez/salinidade, sabor residual, balanço e sensação na boca. Além disso, o marcador 101127287.25.A.G, situado no cromossomo 7, também se destacou com significância para cinco características: pontuação final, fragrância/aroma, sabor, balanço e geral (Figura 5).



**Figura 5.** Marcadores SNPs com associação significativa para características relacionadas à qualidade da bebida, distribuídos ao longo dos 11 cromossomos de *C. canephora*. Cada ponto colorido representa uma característica específica, conforme indicado na caixa de texto no canto inferior direito da figura. Na porção esquerda da figura está representada a extensão dos cromossomos em Mb.

Os SNPs localizados nos cromossomos de 1 a 11 estão listados na Tabela 2. Essa tabela inclui a identificação do marcador, o cromossomo, a posição do marcador no cromossomo, e o *p-value*. Também estão indicados os genes candidatos associados a cada SNP, bem como a distância (em pares de bases) do gene mais próximo, caso aplicável, e a função putativa do gene candidato.

Das 148 associações significativas encontradas nos cromossomos de 1 a 11, 83 SNPs estão localizados dentro de genes (Tabela 2). Essas associações foram contabilizadas independentemente, mesmo quando um marcador está associado a mais de uma característica. Os outros 65 marcadores estão situados em regiões intergênicas. Alguns deles estão próximos a genes, como o marcador 101100373.40.A.G, que apresentou associações significativas com pontuação final (0,0011) e balanço (0,0310), estando a 54 pares de bases do gene GSCOCT00024688001 (Tabela 2).

A característica pontuação final apresentou 21 SNPs significativos dentro de genes e 19 em regiões intergênicas (Tabela 2). Para fragrância/aroma, foram identificados 16 SNPs dentro de genes e nove em regiões intergênicas. O sabor apresentou 10 SNPs dentro de genes e oito em regiões intergênicas. O sabor residual teve cinco SNPs intergênicos e sete dentro de genes. Para acidez/salinidade, foram encontrados 10 SNPs gênicos e seis intergênicos. Para o atributo sensação na boca foram seis SNPs dentro de genes e três em regiões intergênicas. No caso do balanço, foram quatro SNPs gênicos e nove intergênicos. O atributo amargor/doçura contou com dois SNPs intergênicos e sete gênicos. Por fim, a característica geral teve dois SNPs gênicos e quatro intergênicos (Tabela 2).

Os SNPs localizados em genes apresentam diversas funções putativas (Tabela 2). Entre eles, alguns estão relacionados a proteínas de função indefinida, como o gene GSCOCT00038720001 (*Eukaryotic protein of unknown function*; proteína eucariótica de função desconhecida), no qual o marcador 101112970.46.A.C está inserido. Este marcador apresentou associações significativas com pontuação final (0,0369) e fragrância/aroma (0,0179). Outro exemplo é o gene GSCOCT00039561001 (*conserved hypothetical protein*; proteína hipotética conservada), que contém o marcador 101112970.46.A.C e apresentou associação significativa com fragrância/aroma (0,0441) (Tabela 2).

Os 98 SNPs localizados em *scaffolds* estão apresentados na Tabela Suplementar 2. Essa tabela inclui a identificação do marcador e o *p-value*, organizados por características. Assim como os marcadores em regiões gênicas, os SNPs presentes em *scaffolds* também

apresentaram significância para mais de uma característica. O marcador 101181021.26.C.A mostrou significância para seis características: sabor residual (0,0243), acidez/salinidade (0,0204), sensação na boca (0,0213), balanço (0,0061), amargor/doçura (0,0157) e geral (0,0162). O marcador 101143255.16.C.T teve associações significativas com quatro características: pontuação final (0,0002), sabor residual (0,0165), acidez/salinidade (0,0251) e balanço (0,0061) (Tabela Suplementar 2).

**Tabela 2.** Posições dos marcadores SNPs nos cromossomos 1 a 11 de *C. canephora*, incluindo o *p-value*, o gene candidato associado ao SNP, e a distância (em pares de base - pb) até o gene mais próximo. Os dados referem-se à análise de associação genômica ampla para nove características relacionadas à qualidade da bebida.

Característica	Marcador	Cromossomo	Posição no cromossomo (pb)	<i>p-value</i>	Gene candidato	Localização do SNP*	Função putativa
Pontuação final	101177790.15.T.A	1	36595230	0.0016	GSCOC00016002001	Dentro	BSD domain-containing protein
Pontuação final	101180042.18.C.G	1	31599843	0.0073	GSCOC00028280001	- 2.962 pb	Cyclin-dependent protein kinase inhibitor SMR4
Pontuação final	101062683.21.T.C	1	25943867	0.0087	GSCOC00015459001	- 6.465 pb	putative AT5G22040.1
Pontuação final	101224562.19.A.G	1	31145378	0.0194	GSCOC00028199001	+ 977 pb	PTH30509//PTHR30509:SF7 - P-HYDROXYBENZOIC ACID EFFLUX PUMP SUBUNIT-RELATED // SUBFAMILY NOT NAMED
Pontuação final	101209854.21.C.T	1	30990322	0.0319	GSCOC00028162001	Dentro	Terpene cyclase/mutase family member
Pontuação final	101197295.42.A.G	1	37558588	0.0378	GSCOC00005008001	- 704 pb	Hexosyltransferase
Pontuação final	101144140.65.T.C	1	28908232	0.0455	GSCOC00024105001	Dentro	Rieske domain-containing protein
Pontuação final	101179091.6.T.A	1	37947231	0.0491	GSCOC00004950001	Dentro	Polyketide_cyc domain-containing protein
Pontuação final	101218393.66.A.G	2	39777730	0.0274	GSCOC00027580001	Dentro	Cell division cycle protein 27
Pontuação final	101172163.39.A.G	3	392628	0.0347	GSCOC00025632001	- 1.447 pb	Beta-glucosidase-like SFR2, chloroplastic
Pontuação final	101191579.53.A.G	4	1676433	0.0266	GSCOC00021883001	Dentro	Dof-type domain-containing protein
Pontuação final	101191579.40.C.G	4	1676433	0.0410	GSCOC00021883001	Dentro	Dof-type domain-containing protein
Pontuação final	101124388.31.T.G	5	20385518	0.0044	GSCOC00035149001	+ 12.503 pb	conserved hypothetical protein
Pontuação final	101133284.18.T.C	5	21977342	0.0108	GSCOC00042246001	- 2.268 pb	conserved hypothetical protein
Pontuação final	101125148.36.G.A	5	27309130	0.0141	GSCOC00021005001	Dentro	Hexosyltransferase
Pontuação final	101175328.53.G.A	5	26680839	0.0299	GSCOC00021121001	- 2.106 pb	Gluconokinase
Pontuação final	101112970.46.C.A	5	28188296	0.0369	GSCOC00038720001	Dentro	Eukaryotic protein of unknown function (DUF872)
Pontuação final	101224308.48.T.A	5	28812729	0.0378	GSCOC00038602001	Dentro	PORR domain-containing protein
Pontuação final	101225861.50.T.C	5	26635006	0.0379	GSCOC00021126001	Dentro	BHLH domain-containing protein
Pontuação final	101178828.65.G.A	5	20629542	0.0456	GSCOC00035184001	Dentro	Uncharacterized GPI-anchored protein At4g28100
Pontuação final	101184981.26.T.C	6	3851951	0.0269	GSCOC00043015001	- 520 pb	Lipase_GDSL domain-containing protein
Pontuação final	101175298.31.G.A	6	4197908	0.0299	GSCOC00043075001	+ 169 pb	Plant protein of unknown function (DUF868)
Pontuação final	101078064.33.G.A	6	10144294	0.0438	GSCOC00041529001	+ 1.389 pb	Beta-galactosidase
Pontuação final	101036283.51.T.C	6	10082540	0.0463	GSCOC00041531001	Dentro	Pectin lyase-like superfamily protein
Pontuação final	101172110.64.A.C	7	4036129	0.0170	GSCOC00039854001	Dentro	LOB domain-containing protein
Pontuação final	101127287.25.A.G	7	10581273	0.0242	GSCOC00036677001	- 57 pb	UDP-glycosyltransferase 91D1
Pontuação final	101149346.44.G.A	7	5375258	0.0491	GSCOC00040077001	- 2.485 pb	Phytosulfokines 3
Pontuação final	101226080.23.G.A	7	2088640	0.0497	GSCOC00039678001	Dentro	Protein kinase domain-containing protein
Pontuação final	101184377.11.G.T	8	30660083	0.0299	GSCOC00035550001	Dentro	Leucine-rich repeat (LRR) family protein
Pontuação final	101192847.39.C.G	8	25969767	0.0299	GSCOC00027115001	Dentro	Protein kinase domain-containing protein
Pontuação final	101164134.19.T.A	9	3952222	0.0299	GSCOC00017413001	Dentro	TAF128 domain-containing protein
Pontuação final	101017895.10.T.C	9	10653123	0.0005	GSCOC00003803001	- 2.850 pb	KxDL domain-containing protein
Pontuação final	101180438.32.C.A	10	22929907	0.0008	GSCOC00035332001	Dentro	putative Transcription factor MYB52
Pontuação final	101100373.40.A.G	10	1452976	0.0011	GSCOC00024688001	- 54 pb	DUF4005 domain-containing protein
Pontuação final	101154291.8.C.A	10	4925853	0.0045	GSCOC00034723001	+ 417 pb	RING-type domain-containing protein
Pontuação final	101047726.31.A.C	10	22486338	0.0244	GSCOC00032010001	Dentro	Pentatricopeptide repeat-containing protein
Pontuação final	101124359.43.G.A	11	33351474	0.0197	GSCOC00038302001	- 330 pb	conserved hypothetical protein
Pontuação final	101143544.17.T.C	11	31173823	0.0238	GSCOC00032042001	Dentro	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase
Pontuação final	101217963.42.C.G	11	787498	0.0392	GSCOC00019470001	+ 1.202 pb	Enhancer of rudimentary
Pontuação final	101084598.17.A.G	11	32623047	0.0449	GSCOC00038189001	- 141 pb	ABC transporter C family member 3
Fragrância/Aroma	101142114.19.G.A	1	35185172	0.0101	GSCOC00016253001	+ 2.921 pb	TPR_REGION domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101135948.33.A.G	1	36328889	0.0253	GSCOC00016049001	+ 5.072 pb	putative protein FANTASTIC FOUR 1
Fragrância/Aroma	101058236.17.A.G	1	26053825	0.0293	GSCOC00015469001	Dentro	Succinate dehydrogenase subunit 6, mitochondrial
Fragrância/Aroma	101209854.21.C.T	1	30990322	0.0296	GSCOC00028162001	Dentro	Terpene cyclase/mutase family member
Fragrância/Aroma	101159471.20.C.A	2	20340390	0.0102	GSCOC00014994001	Dentro	Protein DMP3
Fragrância/Aroma	101135301.15.G.A	2	22247263	0.0345	GSCOC00028826001	Dentro	Homeobox domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101137026.64.C.G	2	7709153	0.0482	GSCOC00029647001	Dentro	Pentatricopeptide repeat-containing protein, chloroplastic OS=Capsicum baccatum OX=33114 GN=CQW23
Fragrância/Aroma	101180246.34.G.A	2	8322770	0.0008	GSCOC00029546001	Dentro	Glyco_trans_2-like domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101151441.52.A.T	3	1911044	0.0479	GSCOC00025898001	Dentro	RING-CH-type domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101203736.61.C.A	5	27138171	0.0036	GSCOC00021044001	+ 262 pb	MFS domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101112970.46.C.A	5	28188296	0.0179	GSCOC00038720001	Dentro	Eukaryotic protein of unknown function (DUF872)
Fragrância/Aroma	101084647.19.T.A	5	25781550	0.0025	GSCOC00021274001	Dentro	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein
Fragrância/Aroma	101171407.67.C.C	6	3525625	0.0140	GSCOC00042954001	Dentro	putative Serine/threonine protein phosphatase 2A 57 kDa regulatory subunit B' beta isoform
Fragrância/Aroma	101126423.30.A.G	6	13695431	0.0438	GSCOC00030784001	+ 9.857 pb	Thioredoxin domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101127287.25.A.G	7	10581273	0.0104	GSCOC00036677001	- 57 pb	UDP-glycosyltransferase 91D1
Fragrância/Aroma	101116017.51.G.A	7	2955906	0.0212	GSCOC00039678001	Dentro	Protein kinase domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101172110.64.A.C	7	4036129	0.0393	GSCOC00039854001	Dentro	LOB domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101215821.50.G.C	7	2306473	0.0441	GSCOC00039561001	Dentro	conserved hypothetical protein

Fragrância/Aroma	101192883.44.C.G	7	6128325	0.0465	GSCCOCT0004209001	Dentro	PF14009 - Domain of unknown function (DUF4228) (DUF4228) (1 of 28)
Fragrância/Aroma	101128058.21.G.C	8	30955251	0.0267	GSCCOCT00035605001	Dentro	Beta-amylase
Fragrância/Aroma	101153745.45.C.T	8	3478679	0.0432	GSCCOCT00037785001	- 2.117 pb	Glycine-rich cell wall structural protein 1.8
Fragrância/Aroma	101017895.10.T.C	9	10653123	0.0093	GSCCOCT00003803001	- 2.850 pb	KxL domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101180438.32.C.A	10	22929907	0.0087	GSCCOCT00035323001	Dentro	putative Transcription factor MYB52
Fragrância/Aroma	101154291.8.C.A	10	4925853	0.0404	GSCCOCT00034723001	+ 417 pb	RING-type domain-containing protein
Fragrância/Aroma	101110578.20.T.G	11	25635522	0.0276	GSCCOCT00032897001	+ 6.464 pb	GRAS domain-containing protein
Sabor	101135948.33.A.G	1	36328889	0.0127	GSCCOCT00016049001	+ 5.072 pb	putative protein FANTASTIC FOUR 1
Sabor	101209854.21.C.T	1	30990322	0.0140	GSCCOCT00028162001	Dentro	Terpene cyclase/mutase family member
Sabor	101102045.65.C.T	1	37418320	0.0353	GSCCOCT00005030001	+ 4.501 pb	AB hydrolase-1 domain-containing protein
Sabor	101180246.34.G.A	2	8322770	0.0256	GSCCOCT00029546001	Dentro	Glyco_trans_2_like domain-containing protein
Sabor	101161391.41.C.G	2	3606851	0.0381	GSCCOCT00020371001	Dentro	MFS domain-containing protein
Sabor	101155229.49.A.T	2	10314363	0.0390	GSCCOCT00029308001	- 2.478 pb	Equilibrative nucleotide transporter 3
Sabor	101185029.29.T.C	3	26993353	0.0171	GSCCOCT00031732001	Dentro	NB-ARC domain-containing protein
Sabor	101149003.9.C.T	6	2219690	0.0232	GSCCOCT00023541001	Dentro	conserved hypothetical protein
Sabor	101126423.30.A.G	6	13695431	0.0448	GSCCOCT00030784001	+ 9.857 pb	Thioredoxin domain-containing protein
Sabor	101171407.67.G.C	6	3525625	0.0035	GSCCOCT00042954001	Dentro	putative Serine/threonine protein phosphatase 2A 57 kDa regulatory subunit B' beta isoform
Sabor	101127287.25.A.G	7	10581273	0.0068	GSCCOCT00036677001	- 57 pb	UDP-glycosyltransferase 91D1
Sabor	101116017.51.G.A	7	2955906	0.0374	GSCCOCT00039678001	Dentro	Protein kinase domain-containing protein
Sabor	101172110.64.A.C	7	4036129	0.0495	GSCCOCT00039854001	Dentro	LOB domain-containing protein
Sabor	101128058.21.G.C	8	30955251	0.0363	GSCCOCT00035605001	Dentro	Beta-amylase
Sabor	101096720.68.C.T	10	17994308	0.0213	GSCCOCT00018488001	+ 86.799 pb	Protein TIC 40, chloroplastic
Sabor	101091531.56.T.A	10	2349276	0.0248	GSCCOCT00024855001	Dentro	Cytochrome P450
Sabor	101154291.8.C.A	10	4925853	0.0312	GSCCOCT00034723001	+ 417 pb	RING-type domain-containing protein
Sabor	101157314.9.G.C	11	29453118	0.0324	GSCCOCT00032320001	+ 1800 pb	ADP-dependent glucokinase
Sabor residual	101190964.39.T.C	1	28980006	0.0330	GSCCOCT00024119001	Dentro	BHLH domain-containing protein
Sabor residual	101012050.33.A.G	2	46006269	0.0364	GSCCOCT00015381001	Dentro	putative ovule protein
Sabor residual	101151441.52.A.T	3	1911044	0.0026	GSCCOCT00025898001	Dentro	RING-CH-type domain-containing protein
Sabor residual	101210597.19.C.G	3	1574210	0.0305	GSCCOCT00025839001	+ 1.734 pb	Fe2OG dioxygenase domain-containing protein
Sabor residual	101210677.45.C.G	3	3064335	0.0369	GSCCOCT00026114001	Dentro	IPPC domain-containing protein
Sabor residual	101144223.66.T.C	5	24912364	0.0184	GSCCOCT00021424001	Dentro	Mitogen-activated protein kinase
Sabor residual	101130793.60.A.T	5	22769400	0.0201	GSCCOCT00016816001	- 3.876 pb	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g58590
Sabor residual	101207973.14.C.T	7	2236131	0.0176	GSCCOCT00039548001	- 609 pb	ABC transporter B family member 19
Sabor residual	101217650.68.C.A	7	9028502	0.0334	GSCCOCT00036907001	Dentro	3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase
Sabor residual	101128782.23.A.G	7	6615349	0.0413	GSCCOCT00040298001	Dentro	Allene oxide cyclase 4, chloroplastic
Sabor residual	101193949.22.T.A	9	21956251	0.0258	GSCCOCT00041031001	- 136 pb	NAC domain-containing protein
Sabor residual	101130226.59.G.A	11	31517598	0.0264	GSCCOCT00001046001	+ 1.829 pb	AP2/ERF domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101190964.39.T.C	1	28980006	0.0117	GSCCOCT00024119001	Dentro	BHLH domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101155117.16.C.T	1	2383280	0.0390	GSCCOCT00037895001	Dentro	FBD domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101012050.33.A.G	2	46006269	0.0297	GSCCOCT00015381001	Dentro	putative ovule protein
Acidez/Salinidade	101210677.45.C.G	3	3064335	0.0291	GSCCOCT00026114001	Dentro	IPPC domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101147358.39.T.C	3	17297365	0.0334	GSCCOCT00043206001	+ 213 pb	putative disease resistance protein RGA3
Acidez/Salinidade	101059552.46.T.C	3	6179452	0.0363	GSCCOCT00026542001	Dentro	Serine-domain containing serine and sphingolipid biosynthesis protein
Acidez/Salinidade	101210597.19.C.G	3	1574210	0.0392	GSCCOCT00025839001	+ 1.734 pb	Fe2OG dioxygenase domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101151441.52.A.T	3	1911044	0.0014	GSCCOCT00025898001	Dentro	RING-CH-type domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101051663.29.T.C	4	9746397	0.0364	GSCCOCT00042601001	Dentro	putative B3 domain-containing protein-like OS=Prunus yedoensis var. nudiflora OX=2094558 GN=Pyn
Acidez/Salinidade	101130793.60.A.T	5	22769400	0.0117	GSCCOCT00016816001	- 3.876 pb	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g58590
Acidez/Salinidade	101144223.66.T.C	5	24912364	0.0324	GSCCOCT00021424001	Dentro	Mitogen-activated protein kinase
Acidez/Salinidade	101156952.30.C.T	5	23028226	0.0393	GSCCOCT00016860001	Dentro	F-box_5 domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101207973.14.C.T	7	2236131	0.0363	GSCCOCT00039548001	- 609 pb	ABC transporter B family member 19
Acidez/Salinidade	101066903.22.G.C	10	6091555	0.0256	GSCCOCT00034557001	- 900 pb	Transcription factor MYB93
Acidez/Salinidade	101130226.59.G.A	11	31517598	0.0189	GSCCOCT00001046001	+ 1.829 pb	AP2/ERF domain-containing protein
Acidez/Salinidade	101176222.35.A.G	11	25921554	0.0482	GSCCOCT00032859001	Dentro	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
Sensação na boca	101190964.39.T.C	1	28980006	0.0363	GSCCOCT00024119001	Dentro	BHLH domain-containing protein
Sensação na boca	101168171.10.T.C	2	11370558	0.0221	GSCCOCT00029188001	Dentro	AT4G21720.1
Sensação na boca	101151441.52.A.T	3	1911044	0.0029	GSCCOCT00025898001	Dentro	RING-CH-type domain-containing protein
Sensação na boca	101051663.29.T.C	4	9746397	0.0433	GSCCOCT00042601001	Dentro	putative B3 domain-containing protein-like OS=Prunus yedoensis var. nudiflora OX=2094558 GN=Pyn
Sensação na boca	101130793.60.A.T	5	22769400	0.0297	GSCCOCT00016816001	- 3.876 pb	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g58590
Sensação na boca	101144223.66.T.C	5	24912364	0.0395	GSCCOCT00021424001	Dentro	Mitogen-activated protein kinase
Sensação na boca	101198320.21.C.T	7	13051391	0.0309	GSCCOCT00037606001	+ 2.016 pb	stress enhanced protein 2, chloroplastic
Sensação na boca	101041753.47.A.G	10	9690734	0.0430	GSCCOCT00031540001	+ 75 pb	AB hydrolase-1 domain-containing protein
Sensação na boca	101176222.35.A.G	11	25921554	0.0431	GSCCOCT00032859001	Dentro	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
Balanço	101062683.21.T.C	1	25943867	0.0012	GSCCOCT00015459001	- 6.465 pb	putative AT5G22040.1
Balanço	101062496.62.G.A	1	35698161	0.0429	GSCCOCT00016170001	- 1.775 pb	Pentatricopeptide repeat-containing protein, mitochondrial OS=Nicotiana attenuata OX=49451 GN=A4A49
Balanço	101214235.44.A.T	2	7015758	0.0145	GSCCOCT00029765001	- 440 pb	putative Serine-rich adhesin for platelets like
Balanço	101130307.8.C.G	2	24776782	0.0236	GSCCOCT00025028001	- 4.462 pb	Bromo domain-containing protein
Balanço	101135301.15.G.A	2	22247263	0.0277	GSCCOCT00028826001	Dentro	Homeobox domain-containing protein
Balanço	101098784.23.A.G	2	2207668	0.0307	GSCCOCT00020140001	Dentro	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
Balanço	101151441.52.A.T	3	1911044	0.0367	GSCCOCT00025898001	Dentro	RING-CH-type domain-containing protein
Balanço	101058777.64.A.T	4	21317347	0.0272	GSCCOCT00004336001	+ 658 pb	Formin-like protein
Balanço	101189702.50.C.G	6	3599735	0.0362	GSCCOCT00042967001	+ 1.745 pb	Ras-related protein RABC2a
Balanço	101127287.25.A.G	7	10581273	0.0264	GSCCOCT00036677001	- 57 pb	UDP-glycosyltransferase 91D1
Balanço	101217650.68.C.A	7	9028502	0.0486	GSCCOCT00036907001	Dentro	3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase

Balanço	101100373.40.A.G	10	1452976	0.0310	GSCOCT00024688001	- 54 pb	DUF4005 domain-containing protein
Balanço	101154291.8.C.A	10	4925853	0.0499	GSCOCT00034723001	+ 417 pb	RING-type domain-containing protein
Amargor/Doçura	101190964.39.T.C	1	28980006	0.0107	GSCOCT00024119001	Dentro	BHLH domain-containing protein
Amargor/Doçura	101187679.52.A.T	2	7444002	0.0034	GSCOCT00029696001	Dentro	Lipase_GDSL domain-containing protein
Amargor/Doçura	101156952.30.C.T	5	23028226	0.0173	GSCOCT00016860001	Dentro	F-box_5 domain-containing protein
Amargor/Doçura	101144223.66.T.C	5	24912364	0.0221	GSCOCT00021424001	Dentro	Mitogen-activated protein kinase
Amargor/Doçura	101078064.33.G.A	6	10144294	0.0468	GSCOCT00041529001	+ 1.389 pb	Beta-galactosidase
Amargor/Doçura	101142597.54.C.G	7	2088277	0.0234	GSCOCT00039522001	Dentro	Integrase-type DNA-binding superfamily protein
Amargor/Doçura	101223389.48.A.T	9	768884	0.0279	GSCOCT00017865001	Dentro	AvrRpt-cleavage domain-containing protein
Amargor/Doçura	101017895.10.T.C	9	10653123	0.0441	GSCOCT0003803001	- 2.850 pb	KxDL domain-containing protein
Amargor/Doçura	101209632.11.A.G	11	6294865	0.0473	GSCOCT00033032001	Dentro	putative disease resistance protein At1g50180
Geral	101062683.21.T.C	1	25943867	0.0018	GSCOCT00015459001	- 6.465 pb	putative AT5G22040.1
Geral	101162635.24.G.T	2	2211372	0.0262	GSCOCT00020140001	Dentro	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
Geral	101124388.31.T.G	5	20385518	0.0233	GSCOCT00035149001	+ 12.503 pb	conserved hypothetical protein
Geral	101127287.25.A.G	7	10581273	0.0140	GSCOCT00036677001	- 57 pb	UDP-glycosyltransferase 91D1
Geral	101017895.10.T.C	9	10653123	0.0136	GSCOCT0003803001	- 2.850 pb	KxDL domain-containing protein
Geral	101200856.21.A.C	10	22471184	0.0497	GSCOCT00032009001	Dentro	HUN domain-containing protein

\*“Dentro” = SNP localizado dentro da sequência do gene candidato; “+” = a jusante; “-”, a montante; valor numérico após “+” ou “-” = distância em pares de base do SNP até o gene mais próximo.

## 4 DISCUSSÃO

Neste estudo, foi realizada uma análise de GWAS em relação à pontuação final e os atributos sensoriais da qualidade da bebida de um importante conjunto de genótipos. Embora a abordagem genômica utilizada seja promissora, ela ainda é pouco aplicada a *C. canephora*, especialmente em estudos com o germoplasma dessa espécie no Espírito Santo, que é uma cultura de grande relevância econômica para o estado. Os achados deste estudo incluem: (i) a identificação de 246 SNPs significativos distribuídos entre todas as características avaliadas, que abrangem a pontuação final da qualidade da bebida e oito atributos sensoriais; (ii) a distribuição de SNPs localizados em todos os 11 cromossomos de *C. canephora*; (iii) ocorrência de SNPs associados a mais de uma característica; e (iv) a localização de SNPs tanto dentro das sequências de genes candidatos, como em regiões intergênicas.

O número de estudos de GWAS em *C. canephora* disponíveis na literatura são relativamente baixos. Comparativamente, o número de SNPs significativos encontrados neste estudo foi relativamente compatível com alguns já reportados, no entanto em estudos com outras características. Foram encontrados por Zaidan et al. (2025) 115 SNPs com associações significativas a características importantes do desenvolvimento inicial, como altura da planta, diâmetro do caule, taxa de crescimento em altura, taxa de crescimento em diâmetro, além da incidência de ferrugem, bicho-mineiro e cochonilha. Dentre os 115 SNPs identificados, 62 foram inseridos em genes candidatos. Esses SNPs estavam localizados em todos os cromossomos, considerando conjuntamente as características estudadas. Nesse contexto, Silva et al. (2022) identificaram 404 SNPs com associações significativas para cinco características: altura da planta, diâmetro da copa, vigor vegetativo, incidência de ferrugem e mancha-de-olho-castanha. O estudo envolveu 165 genótipos de *C. canephora*, incluindo variedades Conilon, Robusta e híbridos. Dos 404 SNPs, 217 foram alocados em genes. A distribuição física dos SNPs, assim como no presente estudo, foi bastante uniforme, abrangendo todos os 11 cromossomos da espécie. O quantitativo de marcadores e a abrangência de SNPs em todos os cromossomos se assemelham aos achados no presente estudo, evidenciando uma importante cobertura genômica na análise.

O conteúdo de metabólitos (cafeína, trigonelina e ácido 5-cafeoilquínico (5-CQA)), que estão relacionados à qualidade do café, foram quantificados em tecidos foliares de uma população de 80 genótipos de *Coffea* spp. (SPINOSO-CASTILLO et al., 2022). Desses genótipos, 76 foram de *C. arabica*, 3 de *C. canephora* e 1 de *C. liberica*, de diversas origens

geográficas. O estudo de GWAS resultou na identificação de três SNPs significativos entre dez investigados. Um SNP no cromossomo 8 foi associado de forma significativa à cafeína, enquanto os SNPs nos cromossomos 4 e 5 mostraram associação com a trigonelina. Seis SNPs, localizados nos cromossomos 1, 5 e 10, foram associados ao 5-CQA, mas não apresentaram significância estatística. Já Sant’Ana et al. (2018) realizaram um estudo de GWAS em 107 acessos de *C. arabica*, incluindo genótipos selvagens da coleção histórica da FAO da Etiópia. Esse estudo focou no conteúdo total de lipídios e nas concentrações de cafestol e kahweol, além da razão cafestol/kahweol. Identificou-se 5 SNPs associados ao conteúdo lipídico, 4 ao cafestol, 3 ao kahweol e 9 à razão cafestol/kahweol. A maioria desses SNPs está localizada próxima a genes candidatos relacionados às vias metabólicas dos compostos químicos estudados. Esses resultados são promissores e estão alinhados com os objetivos deste estudo, que visa compreender as associações genéticas relacionadas às características de qualidade em *Coffea*. Embora o número de SNPs detectados nesses trabalhos seja relativamente menor do que o encontrado neste estudo, ambos representam importantes avanços para a elucidação da influência das variantes genéticas na qualidade do *Coffea*.

O marcador 101151441.52.A.T, localizado no cromossomo 3, destacou-se com significância para cinco atributos sensoriais: fragrância/aroma, acidez/salinidade, sabor residual, balanço e sensação na boca. O SNP em questão está posicionado dentro do gene candidato identificado como GSCOCT00025898001, que possui função putativa como proteína contendo domínio do tipo RING-CH (RING-CH-type domain-containing protein). Este gene pode estar envolvido em processos cruciais de regulação da atividade celular, incluindo a ubiquitinação e poliubiquitinação de proteínas, que são processos fundamentais para a modulação da função proteica. Aponta-se que proteínas com domínio RING-CH estão frequentemente relacionadas a membranas celulares (CAI et al., 2022). Neste sentido, evidencia-se que a atividade da ubiquitina-proteína transferase, associada a esse gene, pode desempenhar um papel celular importante, influenciando as características investigadas no presente estudo.

Localizado no cromossomo 7, o marcador 101127287.25.A.G demonstrou uma significativa associação com cinco características sensoriais: pontuação final, fragrância/aroma, sabor, balanço e geral. Este marcador encontra-se a uma distância de 57 pares de base do gene candidato, que possui uma função putativa como UDP-glicosiltransferase 91D1 (UDP-glycosyltransferase 91D1). As UDP-glicosiltransferases

(UGTs) pertencem a uma superfamília de enzimas essenciais, responsáveis pela adição covalente de açúcares oriundos de nucleotídeos UDP a grupos funcionais — frequentemente hidroxilas, carboxilas ou aminas — em uma ampla gama de compostos lipofílicos (MEECH et al., 2019). A glicosilação, um processo no qual os terpenoides frequentemente se acumulam na forma de glicosídeos nas células vegetais, é catalisada precisamente pelas UGTs (IDA et al., 2024). Assim, a identificação do marcador 101127287.25.A.G e sua proximidade física com o gene UDP-glicosiltransferase 91D1 ressaltam a importância das UGTs que podem estar influenciando as características de qualidades do café. Além disso, o marcador 101209854.21.C.T, localizado dentro do gene GSCOCT00028162001, com uma função putativa de membro da família de ciclases/mutases de terpenos, está associado à pontuação final (0,0319) e à fragrância/aroma (0,0296). As reações catalisadas pelas terpeno ciclases são amplamente responsáveis pela quimiodiversidade dos produtos naturais terpenoides (HE et al., 2020).

Os resultados deste estudo indicam que um único SNP pode estar associado a múltiplas características, sugerindo um possível efeito pleiotrópico (MACKAY; ANHOLT, 2024). Nesse contexto, Zaidan et al. (2025) identificou que os SNPs 100064936.13.T.C, 100074576.62.T.C, 100064019.44.G.T e 100064293.27.T.C estão associados a mais de uma característica. Esse fenômeno pode fornecer evidências sobre a influência de um mesmo SNP em múltiplas características, o que pode ser de relevância para programas de melhoramento genético. Outro aspecto importante a ser considerado é o número de SNPs associados a uma mesma característica, o que indica a influência de múltiplos *loci*, cada um com um efeito individual pequeno. Tal situação deve ser cautelosamente observada, uma vez que muitos SNPs com pequenos efeitos pode elevar a variabilidade fenotípica, o que pode influenciar no processo de seleção (SHASTRY, 2009).

A abordagem de GWAS, tem trazido avanços importantes na compreensão da influência da composição genética nas características fenotípicas em organismos vegetais (KORTE; FARLOW, 2013; GUPTA; KULWAL; JAISWAL, 2019; TIBBS CORTES; ZHANG; YU, 2021). Nesse contexto, tem sido possível identificar marcadores genéticos associados a características relevantes para o melhoramento, como a qualidade da bebida em *C. canephora* avaliada no presente estudo. Os resultados deste estudo confirmam a eficácia do GWAS como uma abordagem promissora. Além disso, fornece evidências para auxiliar na compreensão da base genética de características complexas, revelando quais genes ou regiões do genoma estão envolvidos em processos específicos. O reduzido número de

estudos de GWAS em *C. canephora*, juntamente com os importantes achados deste estudo, demonstra coletivamente a relevância da pesquisa realizada. Isso pode incentivar a ampliação de estudos sobre as características avaliadas, visando aprofundar e consolidar os resultados encontrados. Além disso, pode estimular a aplicação dessa abordagem de GWAS em outras investigações sobre características relevantes em *C. canephora*.

## 5 CONCLUSÃO

A abordagem de GWAS resultou na identificação de 246 marcadores SNPs que apresentaram associações significativas para a qualidade da bebida, abrangendo a pontuação final e atributos sensoriais, com distribuição ao longo dos 11 cromossomos de *C. canephora*. Marcadores SNPs associados a múltiplas características e a presença de SNPs em genes candidatos foram encontrados. Esses resultados são relevantes para programas de melhoramento genético do café, pois as regiões cromossômicas identificadas podem ser utilizadas para a seleção assistida por marcadores moleculares.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AHMED, S. et al. Climate change and coffee quality: systematic review on the effects of environmental and management variation on secondary metabolites and sensory attributes of *Coffea arabica* and *Coffea canephora*. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 708013, 2021.

ALEKSANDROV, V. et al. Genetic diversity, linkage disequilibrium and population structure of Bulgarian bread wheat assessed by genome-wide distributed SNP markers: From old germplasm to semi-dwarf cultivars. **Plants**, v. 10, n. 6, p. 1116, 2021.

ALKIMIM, E. R. et al. Marker-assisted selection provides arabica coffee with genes from other *Coffea* species targeting on multiple resistance to rust and coffee berry disease. **Molecular Breeding**, v. 37, p. 1-10, 2017.

ALMEIDA, D. P. et al. Marker-assisted pyramiding of multiple disease resistance genes in coffee genotypes (*Coffea arabica*). **Agronomy**, v. 11, n. 9, p. 1763, 2021.

AMADEU, R. R. et al. AGHmatrix: R package to construct relationship matrices for autotetraploid and diploid species: a blueberry example. **The Plant Genome**, v. 9, n. 3, p. plantgenome2016.01.0009, 2016.

ASHWATH, M. N. et al. Genome-wide association studies: an intuitive solution for SNP identification and gene mapping in trees. **Functional & Integrative Genomics**, v. 23, n. 4, p. 297, 2023.

BOAVENTURA, P. S. M. et al. Value co-creation in the specialty coffee value chain: The third-wave coffee movement. **Revista de Administração de Empresas**, v. 58, p. 254-266, 2018.

CAI, C. et al. The RING finger protein family in health and disease. **Signal transduction and Targeted Therapy**, v. 7, n. 1, p. 300, 2022.

CHAO, J-T. et al. MapGene2Chrom, a tool to draw gene physical map based on Perl and SVG languages. **Yi chuan= Hereditas**, v. 37, n. 1, p. 91-97, 2015.

COVARRUBIAS-PAZARAN, G. Genome-assisted prediction of quantitative traits using the R package sommer. **PloS One**, v. 11, n. 6, p. e0156744, 2016.

DENOEUDE, F. et al. The coffee genome provides insight into the convergent evolution of caffeine biosynthesis. **Science**, v. 345, n. 6201, p. 1181-1184, 2014.

GIMASE, J. M. et al. Genome-wide association study identify the genetic loci conferring resistance to coffee berry disease (*Colletotrichum kahawae*) in *Coffea arabica* var. Rume Sudan. **Euphytica**, v. 216, n. 6, p. 86, 2020.

GONZÁLEZ, A. M. et al. Dissection of resistance genes to *Pseudomonas syringae* pv.

- phaseolicola in UI3 common bean cultivar. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 18, n. 12, p. 2503, 2017.
- 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.
- GUPTA, P. K. et al. Association mapping in plants in the post-GWAS genomics era. **Advances in Genetics**, v. 104, p. 75-154, 2019.
- HE, H. et al. Discovery of the cryptic function of terpene cyclases as aromatic prenyltransferases. **Nature Communications**, v. 11, n. 1, p. 3958, 2020.
- HEFFNER, E. L. et al. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 1-12, 2009.
- HETZEL, A. Fine Robusta standards and protocols. **Coffee Quality Institute: Uganda Coffee Development Authority**, p. 28-32, 2011.
- IDA, M. et al. Gene isolation and enzymatic characterization of UDP-glycosyltransferases of terpene glucoside biosynthesis involved in linalyl-glycoside accumulation in *Coffea arabica*. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v. 733, p. 150694, 2024.
- KILIAN, A. et al. Diversity arrays technology: a generic genome profiling technology on open platforms. **Data Production and Analysis in Population Genomics: Methods and Protocols**, p. 67-89, 2012.
- KORTE, A.; FARLOW, A. The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: a review. **Plant Methods**, v. 9, p. 1-9, 2013.
- LEGARRA, A. et al. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4656-4663, 2009.
- MAIA, T. et al. Variation in aggressiveness components in the *Hemileia vastatrix* population in Brazil. **Journal of Phytopathology**, v. 165, n. 3, p. 174-188, 2017.
- MACKAY, T. F. C.; ANHOLT, R. R. H. Pleiotropy, epistasis and the genetic architecture of quantitative traits. **Nature Reviews Genetics**, v. 25, n. 9, p. 639-657, 2024.
- MEECH, R. et al. The UDP-glycosyltransferase (UGT) superfamily: new members, new functions, and novel paradigms. **Physiological Reviews**, v. 99, n. 2, p. 1153-1222, 2019.
- MERLO, P. M. da S. **Conilon capixaba: 100 anos de desafios, crescimento e evolução**. Vitória, ES: Bumerangue Produção de Comunicação, 2012.
- MEROT-L'ANTHOENE, V. et al. Development and evaluation of a genome-wide Coffee 8.5 K SNP array and its application for high-density genetic mapping and for investigating the origin of *Coffea arabica* L. **Plant Biotechnology Journal**, v. 17, n. 7, p. 1418-1430, 2018.

- MIJANGOS, J. L. et al. dartR v2: An accessible genetic analysis platform for conservation, ecology and agriculture. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 13, n. 10, p. 2150-2158, 2022.
- MIR, Z. A. et al. Recent advances on genome-wide association studies (GWAS) and genomic selection (GS); prospects for *Fusarium* head blight research in Durum wheat. **Molecular Biology Reports**, v. 50, n. 4, p. 3885- 3901, 2023.
- MONCADA, M D. P. et al. A genetic linkage map of coffee (*Coffea arabica* L.) and QTL for yield, plant height, and bean size. **Tree Genetics & Genomes**, v. 12, p. 1-17, 2016.
- MONTEIRO, A. L. R. et al. Genome-wide association study (GWAS) of *Phaseolus vulgaris* resistance to *Xanthomonas citri* pv. fuscans. **Plant Pathology**, v. 70, n. 7, p. 1733-1744, 2021.
- MORAIS, J. A. de et al. Beverage quality of *Coffea canephora* genotypes in the western Amazon, Brazil. **Acta Scientiarum: Agronomy**, v. 43, 2021.
- MUNOZ, Patricio R. et al. Genomic relationship matrix for correcting pedigree errors in breeding populations: impact on genetic parameters and genomic selection accuracy. **Crop Science**, v. 54, n. 3, p. 1115-1123, 2014.
- PARTELLI, F. L.. História do café, com foco no Conilon. In: PARTELLI, Fábio Luiz. História de Vila Valério: Colonização, Desenvolvimento e Café Conilon, 1ª ed. Vila Valério, Espírito Santo, Brasil, pp 129–140, 2016.
- R CORE TEAM. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 29 jan. 2025.
- RESENDE, M. D. V. de et al. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 56, p. 63-63, 2008.
- 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.
- 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. BioMed Central**, 2011.
- SANT'ANA, G. C. et al. Genome-wide association study reveals candidate genes influencing lipids and diterpenes contents in *Coffea arabica* L. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 465, 2018.
- SHASTRY, B. S. SNPs: impact on gene function and phenotype. **Single Nucleotide Polymorphisms: Methods and Protocols**, p. 3-22, 2009.

SILVA, L. de F. et al. Genome-wide association study of plant architecture and diseases resistance in *Coffea canephora*. **Euphytica**, v. 218, n. 7, p. 92, 2022.

SOUSA, T. V. et al. Early selection enabled by the implementation of genomic selection in *Coffea arabica* breeding. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1934, 2019.

SOUSA, T. V. et al. Molecular markers useful to discriminate *Coffea arabica* cultivars with high genetic similarity. **Euphytica**, v. 213, p. 1-15, 2017.

SPINOSO-CASTILLO, J. L. et al. SNP markers identification by genome wide association study for chemical quality traits of coffee (*Coffea* spp.) Germplasm. **Molecular Biology Reports**, v. 49, n. 6, p. 4849-4859, 2022.

TIBBS CORTES, L. et al. Status and prospects of genome-wide association studies in plants. **The Plant Genome**, v. 14, n. 1, p. e20077, 2021.

TORREZ, V. et al. Ecological quality as a coffee quality enhancer. A review. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 43, n. 1, p. 19, 2023.

TURNER, S. D. qqman: an R package for visualizing GWAS results using Q-Q and manhattan plots. *Journal of Open Source Software*, v. 3, n. 25, p. 731, 2018.

VISSCHER, P. M. et al. 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation. **The American Journal of Human Genetics**, v. 101, n. 1, p. 5-22, 2017.

WICKHAM, H. ggplot2. **Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics**, v. 3, n. 2, p. 180-185, 2011.

YANG, J. et al. Genome-wide complex trait analysis (GCTA): methods, data analyses, and interpretations. **Genome-wide Association Studies and Genomic Prediction**, p. 215-236, 2013.

ZAIDAN, I. R. et al. Genome-wide association analysis of traits related to development, abiotic and biotic stress resistance in *Coffea canephora*. **Scientia Horticulturae**, v. 341, p. 114004, 2025.

ZAIDAN, I. 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, n. 19, 2023.

## 7 MATERIAL SUPLEMENTAR

**Tabela Suplementar 1.** Informações sobre a origem de 370 genótipos de *C. canephora*, incluindo a localização geográfica das plantas matrizes das quais foram coletadas sementes para a produção das mudas de 365 genótipos, além da origem de cinco clones comerciais.

Genótipo*	Origem**	Idade da lavoura (anos)	Latitude	Longitude	Altitude (metros)
176.5.3	Alegre	40	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117
176.4.1	Alegre	40	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117
176.2.3	Alegre	40	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117
201.2.5	Alegre	35	S 20° 43' 47.1"	W 41° 27' 12.7"	364
201.6.5	Alegre	35	S 20° 43' 47.1"	W 41° 27' 12.7"	364
201.2.1	Alegre	35	S 20° 43' 47.1"	W 41° 27' 12.7"	364
176.6.2	Alegre	40	S 20° 45' 08.9"	W 41° 25' 49.4"	117
203.2.2	Alegre	25	S 20° 43' 33.9"	W 41° 26' 32.2"	243
195.2	Alegre	80	S 20° 42' 07.0"	W 41° 20' 32.2"	105
136.3.4	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	153
189.4.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133
134.1	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.8"	W 41° 19' 39.2"	152
189.2.3	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133
187.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.4"	W 41° 20' 59.7"	130
189.4.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133
190.2.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.5"	W 41° 20' 58.6"	136
189.2.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.6"	W 41° 20' 59.6"	133
190.2.5	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.5"	W 41° 20' 58.6"	136
132.2.1	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 51' . 3"	W 41° 19' 39. 8"	157
126.4	Cachoeiro de Itapemirim	40	S 20° 48' 26.8"	W 41° 18' 43.3"	143
125.4	Cachoeiro de Itapemirim	40	S 20° 48' 27.0"	W 41° 18' 43.1"	143
125.2	Cachoeiro de Itapemirim	40	S 20° 48' 27.0"	W 41° 18' 43.1"	143
183.4.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 33.9"	W 41° 20' 59.6"	120
136.26.4	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
192.4.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
136.32.1	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
136.19.5	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
136.34.3	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
186.3.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.41.3	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
192.24.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	139
186.2.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
192.5	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
186.5.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
192.2.4	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
136.33.4	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
136.18.1	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
136.18.3	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
136.23.1	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
136.32.3	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
192.5.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
136.23.5	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
186.2.5	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
136.19.3	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40.3"	151
192.2.3	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 36.3"	W 41° 21' 00.1"	137
186.41.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.3.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129

136.36.2	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40'.3"	146
183.4.1	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 33.9"	W 41° 20' 59.6"	120
136.36.3	Cachoeiro de Itapemirim	32	S 20° 49' 50.1"	W 41° 19' 40'.3"	146
186.5.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.5.3	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.4.2	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
186.4.3	Cachoeiro de Itapemirim	20	S 20° 43' 35.3"	W 41° 20' 59.9"	129
169.2	Jerônimo Monteiro	27	S20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
173.8.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2""	W 41° 21' 26.7"	199
168.3.1	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	204
161.7.4	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252
168.5.5	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205
168.9.1	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205
168.6.3	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205
171.9.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
171.6.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
168.6.1	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205
168.3.2	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	204
161.5.5	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252
161.5.1	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252
161.2.2	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252
171.6.4	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
173.8.5	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2""	W 41° 21' 26.7"	199
173.9.4	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2""	W 41° 21' 26.7"	199
182.2.1	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 18.8""	W 41° 23' 17.4"	115
182.2.3	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 18.8""	W 41° 23' 17.4"	115
161.5.4	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	252
168.3.4	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	204
181.3.1	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115
164.10.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 23.3"	W 41° 21' 35.1"	267
164.4.6	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 23.3"	W 41° 21' 35.1"	267
172.3.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
173.3.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
169.5.2	Jerônimo Monteiro	27	S20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
172.6.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
151.8.4	Jerônimo Monteiro	> 25	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111
173.6.5	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
151.9.5	Jerônimo Monteiro	> 25	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111
162.3	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	254
172.8.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
181.4.3	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115
162.10.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
181.4.4	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115
181.10.5	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 19.0"	W 41° 23' 17.5"	115
151.8.2	Jerônimo Monteiro	> 25	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111
162.9.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
173.2.4	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
173.3.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
169.8.2	Jerônimo Monteiro	27	S20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
173.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
161.12.3	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
162.10.1	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
172.7.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
172.3.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
169.4.1	Jerônimo Monteiro	27	S20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
173.6.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
161.10.4	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
169.10.2	Jerônimo Monteiro	27	S20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	208

169.6.5	Jerônimo Monteiro	27	S20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
162.9.3	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
172.5.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 18.4"	W 41° 21' 23.8"	192
161.14.5	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
151.6.2	Jerônimo Monteiro	> 25	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111
164.6.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 23.3"	W 41° 21' 35.1"	267
173.7.5	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
161.10.3	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
165.3.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 20.7"	W 41° 21' 37.8"	265
161.14.4	Jerônimo Monteiro	30	S 20° 49' 25.7"	W 41° 21' 32.6"	254
173.6.3	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
165.2.4	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 20.7"	W 41° 21' 37.8"	265
173.5	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
173.2.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 17.2"	W 41° 21' 36.7"	280
162.9.1	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
169.6.3	Jerônimo Monteiro	27	S20° 49' 32.7"	W 41° 21' 30.8"	207
151.8.5	Jerônimo Monteiro	> 25	S 20° 45' 25.3"	W 41° 21' 42.6"	111
179.3.3	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
144.2.4	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	142
179.5.5	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
144.5	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	142
179.3	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
165.4.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 20.7"	W 41° 21' 37.8"	265
179.4.5	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
166.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 18.6"	W 41° 21' 37.8"	265
180.7.2	Jerônimo Monteiro	46	S 20° 46' 18.3"	W 41° 23' 17.4"	115
166.2.3	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 18.6"	W 41° 21' 37.8"	265
179.2.4	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
179.2.1	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
166.2.2	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 49' 18.6"	W 41° 21' 37.8"	265
149.1	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	141
168.2.4	Jerônimo Monteiro	27	S 20° 49' 32.4"	W 41° 21' 30.1"	205
179.6.3	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
179.6.2	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
143.3.5	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	142
144.1	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 45' 36.6"	W 41° 21' 17.0"	142
179.1	Jerônimo Monteiro	40	S 20° 51' 02.9"	W 41° 22' 04.9"	131
182.10.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
171.2.1	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
182.8.3	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
170.6.5	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.0"	W 41° 21' 26.3"	194
162.2.3	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
162.7.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
171.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.4"	W 41° 21' 25.7"	194
182.9.5	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
182.3.5	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
162.6.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
182.8.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
162.4.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
170.9.2	Jerônimo Monteiro	35	S 20° 49' 19.0"	W 41° 21' 26.3"	194
162.2.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
162.5.4	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
162.4.2	Jerônimo Monteiro	25	S 20° 49' 24.4"	W 41° 21' 32.5"	256
182.9.1	Jerônimo Monteiro	32	S 20° 46' 18.8"	W 41° 23' 17.4"	115
95.2	São José do Calçado	30	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312
97.5	São José do Calçado	> 25	S 21° 00' 29.3"	W 41° 38' 51.0"	341
91.3	São José do Calçado	35	S 21° 03' 57.2"	W 41° 40' 05.9"	308
103.2	São José do Calçado	20	S 20° 58' 06.4"	W 41° 38' 05.5"	359

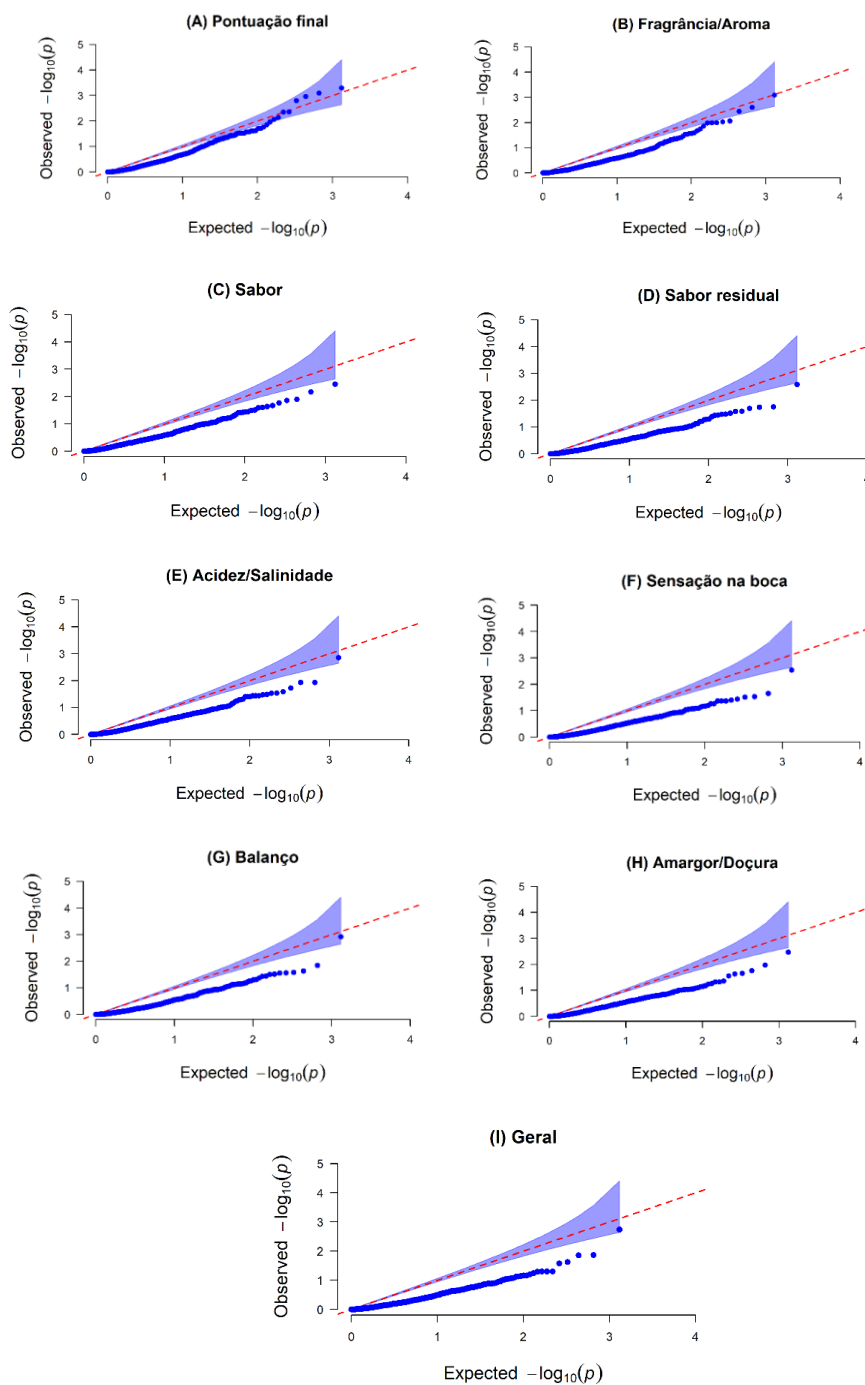
100.2	São José do Calçado	> 25	S 21° 00' 30.9"	W 41° 38' 50.3"	344
98.2	São José do Calçado	> 25	S 21° 00' 29.3"	W 41° 38' 51.1"	342
95.1.2	São José do Calçado	30	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312
95.1.5	São José do Calçado	30	S 21° 02' 55.8"	W 41° 39' 17.4"	312
91.1	São José do Calçado	35	S 21° 03' 57.2"	W 41° 40' 05.9"	308
94.4	São José do Calçado	30	S 21° 02' 55.0"	W 41° 39' 17.7"	307
105.3	São José do Calçado	18	S 20° 57' 48.5"	W 41° 38' 12.5"	390
85.2	São José do Calçado	35	S 21° 03' 59.2"	W 41° 40' 05.6"	302
83.2	São José do Calçado	35	S 21° 03' 58.6"	W 41° 40' 05.6"	304
86.1	São José do Calçado	35	S 21° 03' 59.3"	W 41° 40' 05.4"	302
111.1	São José do Calçado	18	S 20° 57' 51.8"	W 41° 38' 13.7"	410
114.4	São José do Calçado	18	S 20° 57' 52.8"	W 41° 38' 12.2"	399
112.1	São José do Calçado	18	S 20° 57' 52.4"	W 41° 38' 13.3"	405
85.4	São José do Calçado	35	S 21° 03' 59.2"	W 41° 40' 05.6"	302
85.1	São José do Calçado	35	S 21° 03' 59.2"	W 41° 40' 05.6"	302
112.5	São José do Calçado	18	S 20° 57' 52.4"	W 41° 38' 13.3"	405
83.5	São José do Calçado	35	S 21° 03' 58.6"	W 41° 40' 05.6"	304
111.2	São José do Calçado	18	S 20° 57' 51.8"	W 41° 38' 13.7"	410
G20.3	Sul	-	-	-	-
G9.1	Sul	-	-	-	-
58.4	Sul	-	-	-	-
G8.5	Sul	-	-	-	-
G3.1	Sul	-	-	-	-
G27.5	Sul	-	-	-	-
G25.4	Sul	-	-	-	-
G32.5	Sul	-	-	-	-
G10.1	Sul	-	-	-	-
32.8.5	Sul	-	-	-	-
G17.4	Sul	-	-	-	-
G11.2	Sul	-	-	-	-
G23.5	Sul	-	-	-	-
G15.5	Sul	-	-	-	-
G34.1	Sul	-	-	-	-
G16.3	Sul	-	-	-	-
32.10.1	Sul	-	-	-	-
60.3	Sul	-	-	-	-
32.4.2	Sul	-	-	-	-
G14.2	Sul	-	-	-	-
60.4	Sul	-	-	-	-
32.4.1	Sul	-	-	-	-
58.2	Sul	-	-	-	-
G1.3	Sul	-	-	-	-
G17.5	Sul	-	-	-	-
G33.2	Sul	-	-	-	-
G6.3	Sul	-	-	-	-
45053	Sul	-	-	-	-
G32.4	Sul	-	-	-	-
57.4	Sul	-	-	-	-
G33.1	Sul	-	-	-	-
59.5	Sul	-	-	-	-
G32.1	Sul	-	-	-	-
57.3	Sul	-	-	-	-
G22.1	Sul	-	-	-	-
G25.1	Sul	-	-	-	-
G5.4	Sul	-	-	-	-
G41.3	Sul	-	-	-	-
G55.1	Sul	-	-	-	-
G57.2	Sul	-	-	-	-

G37.5	Sul	-	-	-	-
G38.2	Sul	-	-	-	-
G43.5	Sul	-	-	-	-
G46.4	Sul	-	-	-	-
G50.3	Sul	-	-	-	-
G37.4	Sul	-	-	-	-
G36.5	Sul	-	-	-	-
G50.4	Sul	-	-	-	-
G56.1	Sul	-	-	-	-
G42.2	Sul	-	-	-	-
G38.4	Sul	-	-	-	-
G39.4	Sul	-	-	-	-
G42.1	Sul	-	-	-	-
G51.4	Sul	-	-	-	-
G40.2	Sul	-	-	-	-
G40.3	Sul	-	-	-	-
G35.3	Sul	-	-	-	-
G40.4	Sul	-	-	-	-
G64.5	Sul	-	-	-	-
G62.3	Sul	-	-	-	-
G59.4	Sul	-	-	-	-
G62.2	Sul	-	-	-	-
G65.4	Sul	-	-	-	-
G65.2	Sul	-	-	-	-
G129.5	Sul	-	-	-	-
53.4	Sul	-	-	-	-
G130.1	Sul	-	-	-	-
34.2.3	Sul	-	-	-	-
G98.3	Sul	-	-	-	-
G137.1	Sul	-	-	-	-
G102.4	Sul	-	-	-	-
G72.1	Sul	-	-	-	-
G151.4	Sul	-	-	-	-
G118.2	Sul	-	-	-	-
G147.4	Sul	-	-	-	-
281.2.2	Sul	-	-	-	-
G143.1	Sul	-	-	-	-
G128.5	Sul	-	-	-	-
54.1	Sul	-	-	-	-
G144.3	Sul	-	-	-	-
G91.5	Sul	-	-	-	-
G117.5	Sul	-	-	-	-
31.4.2	Sul	-	-	-	-
G69.3	Sul	-	-	-	-
G93.3	Sul	-	-	-	-
G75.2	Sul	-	-	-	-
45077	Sul	-	-	-	-
G80.3	Sul	-	-	-	-
G131.2	Sul	-	-	-	-
46.3	Sul	-	-	-	-
29.2.3	Sul	-	-	-	-
G145.5	Sul	-	-	-	-
45037	Sul	-	-	-	-
G140.5	Sul	-	-	-	-
75.4	Sul	-	-	-	-
G115.4	Sul	-	-	-	-
G77.1	Sul	-	-	-	-
300.3	Sul	-	-	-	-

G79.2	Sul	-	-	-	-
G99.5	Sul	-	-	-	-
G95.5	Sul	-	-	-	-
290.4.6	Sul	-	-	-	-
G111.5	Sul	-	-	-	-
281.8.2	Sul	-	-	-	-
G146.4	Sul	-	-	-	-
G154.1	Sul	-	-	-	-
G74.2	Sul	-	-	-	-
45009	Sul	-	-	-	-
44979	Sul	-	-	-	-
G67.1	Sul	-	-	-	-
G73.1	Sul	-	-	-	-
G133.1	Sul	-	-	-	-
31.2.3	Sul	-	-	-	-
G155.5	Sul	-	-	-	-
G153.5	Sul	-	-	-	-
G138.1	Sul	-	-	-	-
G132.5	Sul	-	-	-	-
G136.2	Sul	-	-	-	-
281.6.5	Sul	-	-	-	-
40.2	Sul	-	-	-	-
G110.4	Sul	-	-	-	-
G97.1	Sul	-	-	-	-
G127.5	Sul	-	-	-	-
G127.6	Sul	-	-	-	-
G92.4	Sul	-	-	-	-
G137.3	Sul	-	-	-	-
53.3	Sul	-	-	-	-
G130.5	Sul	-	-	-	-
G155.1	Sul	-	-	-	-
G137.2	Sul	-	-	-	-
53.2	Sul	-	-	-	-
G128.3	Sul	-	-	-	-
G136.3	Sul	-	-	-	-
G128.1	Sul	-	-	-	-
G153.1	Sul	-	-	-	-
G151.5	Sul	-	-	-	-
G129.3	Sul	-	-	-	-
45070	Sul	-	-	-	-
G130.3	Sul	-	-	-	-
G128.2	Sul	-	-	-	-
G104.2	Sul	-	-	-	-
76.4	Sul	-	-	-	-
G133.2	Sul	-	-	-	-
G114.1	Sul	-	-	-	-
G117.1	Sul	-	-	-	-
G133.3	Sul	-	-	-	-
G154.2	Sul	-	-	-	-
G97.3	Sul	-	-	-	-
G123.3	Sul	-	-	-	-
G154.5	Sul	-	-	-	-
28.2.1	Sul	-	-	-	-
G114.2	Sul	-	-	-	-
G114.5	Sul	-	-	-	-
G114.4	Sul	-	-	-	-
G131.3	Sul	-	-	-	-
G73.4	Sul	-	-	-	-

45040	Sul	-	-	-	-
39.2	Sul	-	-	-	-
G123.5	Sul	-	-	-	-
G154.4	Sul	-	-	-	-
281.2.1	Sul	-	-	-	-
G154.3	Sul	-	-	-	-
G153.2	Sul	-	-	-	-
G151.2	Sul	-	-	-	-
G155.4	Sul	-	-	-	-
G73.2	Sul	-	-	-	-
G73.3	Sul	-	-	-	-
29.2.1	Sul	-	-	-	-
G102.5	Sul	-	-	-	-
31.6.1	Sul	-	-	-	-
G136.1	Sul	-	-	-	-
G151.3	Sul	-	-	-	-
G137.5	Sul	-	-	-	-
G97.4	Sul	-	-	-	-
G128.4	Sul	-	-	-	-
G146.5	Sul	-	-	-	-
36.2.4	Sul	-	-	-	-
281.1	Sul	-	-	-	-
G137.4	Sul	-	-	-	-
G114.3	Sul	-	-	-	-
281.2	Sul	-	-	-	-
281.5	Sul	-	-	-	-
281.4	Sul	-	-	-	-
59.4	Sul	-	-	-	-
<b>A1</b>	Cultivar "Tributun"	-	-	-	-
<b>P2</b>	Desconhecido	-	-	-	-
<b>RBS</b>	Desconhecido	-	-	-	-
<b>Verdin</b>	Desconhecido	-	-	-	-
<b>RO</b>	Desconhecido	-	-	-	-

\*Os clones comerciais estão destacados em vermelho. \*\*Alegre, Cachoeiro de Itapemirim, Jerônimo Monteiro e São José do Calçado são municípios situados no sul do Espírito Santo, Brasil. O termo “Sul” indica que a planta matriz que originou o genótipo está instalada em um dos quatro municípios mencionados, mas sem informações específicas sobre qual deles. A Cultivar "Tributun" é registrada pela Universidade Federal do Espírito Santo no Ministério da Agricultura e Pecuária (Mapa) sob o número 37808. O termo “Desconhecido” indica que não há informações anteriores sobre a origem do clone comercial.



**Figura Suplementar 1.** Gráficos quantil-quantil (QQ) para nove características relacionadas à qualidade da bebida de *C. canephora* (itens A a I), ilustrando graficamente o ajuste do modelo.

**Tabela Suplementar 2.** *P-values* < 0,05 para nove características que apresentaram SNPs com associação significativa para 370 genótipos de *C. canephora* localizados em *scaffolds* ("cromossomo 0").

<b>Característica</b>	<b>Marcador</b>	<b><i>p-value</i></b>
Pontuação final	101143255.16.C.T	0,0002
Pontuação final	100936490.22.G.C	0,0012
Pontuação final	101201524.40.C.T	0,0020
Pontuação final	101106128.20.A.C	0,0042
Pontuação final	101165727.17.T.C	0,0121
Pontuação final	101061361.5.G.C	0,0122
Pontuação final	101140928.23.T.C	0,0192
Pontuação final	101044710.50.C.G	0,0240
Pontuação final	101108963.30.C.G	0,0272
Pontuação final	101076867.15.G.T	0,0291
Pontuação final	101087257.21.A.C	0,0294
Pontuação final	101155965.40.C.G	0,0299
Pontuação final	101194257.35.A.T	0,0299
Pontuação final	101200034.30.T.C	0,0299
Pontuação final	101087159.11.C.T	0,0301
Pontuação final	101120224.34.G.C	0,0301
Pontuação final	101091153.15.G.A	0,0304
Pontuação final	101040646.23.T.C	0,0331
Pontuação final	100850515.11.G.A	0,0359
Pontuação final	101054695.32.G.C	0,0376
Pontuação final	101128765.27.A.C	0,0378
Pontuação final	101012985.43.A.G	0,0397
Pontuação final	101005172.15.C.A	0,0397
Pontuação final	101061156.23.T.C	0,0402
Pontuação final	101217743.65.T.G	0,0444
Pontuação final	101106079.30.C.T	0,0444
Pontuação final	101137624.7.G.C	0,0460
Pontuação final	101055099.24.G.C	0,0482
Fragrância/Aroma	101091182.28.A.T	0,0048
Fragrância/Aroma	101179682.13.T.G	0,0062
Fragrância/Aroma	101148798.36.A.C	0,0090
Fragrância/Aroma	101126180.32.T.G	0,0105
Fragrância/Aroma	101223177.15.A.G	0,0136
Fragrância/Aroma	101087221.25.T.A	0,0157
Fragrância/Aroma	101087159.11.C.T	0,0189
Fragrância/Aroma	101137643.5.T.C	0,0214
Fragrância/Aroma	101117898.9.G.A	0,0291
Fragrância/Aroma	101151552.14.T.C	0,0347
Fragrância/Aroma	101138866.20.G.T	0,0374
Fragrância/Aroma	101090632.5.C.T	0,0453

Fragrância/Aroma	101151311.44.C.T	0,0464
Fragrância/Aroma	101223504.44.A.T	0,0470
Fragrância/Aroma	101065412.10.C.T	0,0490
Sabor	101087221.25.T.A	0,0029
Sabor	101030587.13.A.T	0,0097
Sabor	101137643.5.T.C	0,0114
Sabor	101091182.28.A.T	0,0186
Sabor	101080273.30.G.T	0,0253
Sabor	101199673.18.G.A	0,0272
Sabor	101065412.10.C.T	0,0273
Sabor	101096177.55.T.C	0,0294
Sabor	101106172.42.C.G	0,0313
Sabor	101106039.21.A.T	0,0313
Sabor	101148798.36.A.C	0,0334
Sabor	101106091.28.G.A	0,0341
Sabor	101179682.13.T.G	0,0350
Sabor	101223177.15.A.G	0,0408
Sabor	101201524.40.C.T	0,0480
Sabor	101165727.17.T.C	0,0492
Sabor residual	101172895.14.G.A	0,0141
Sabor residual	101143255.16.C.T	0,0165
Sabor residual	101181021.26.C.A	0,0243
Sabor residual	101049636.8.T.A	0,0334
Sabor residual	101145690.29.G.T	0,0334
Sabor residual	101111850.19.A.C	0,0423
Sabor residual	101128743.28.A.G	0,0429
Acidez/Salinidade	101181021.26.C.A	0,0204
Acidez/Salinidade	101068658.27.A.G	0,0225
Acidez/Salinidade	101143255.16.C.T	0,0251
Acidez/Salinidade	101068816.17.T.C	0,0414
Acidez/Salinidade	101120293.21.G.C	0,0452
Sensação na boca	101181021.26.C.A	0,0213
Sensação na boca	101068658.27.A.G	0,0468
Balanço	101181021.26.C.A	0,0061
Balanço	101044710.50.C.G	0,0117
Balanço	101161129.5.T.C	0,0185
Balanço	101143255.16.C.T	0,0201
Balanço	101186136.34.T.A	0,0301
Balanço	101140928.63.T.C	0,0347
Balanço	101049636.8.T.A	0,0486
Balanço	101145690.29.G.T	0,0486
Balanço	101053123.29.G.A	0,0493
Amargor/Doçura	101172895.14.G.A	0,0107
Amargor/Doçura	101181021.26.C.A	0,0157
Amargor/Doçura	101137643.5.T.C	0,0251
Amargor/Doçura	101199612.9.C.T	0,0262
Amargor/Doçura	101076985.16.A.G	0,0318

Amargor/Doçura	101111975.50.A.G	0,0491
Geral	101061156.23.T.C	0,0040
Geral	101044710.50.C.G	0,0042
Geral	101148798.36.A.C	0,0085
Geral	100908334.23.G.C	0,0092
Geral	101181021.26.C.A	0,0162
Geral	101140928.23.T.C	0,0173
Geral	101140928.63.T.C	0,0200
Geral	100850515.11.G.A	0,0220
Geral	101165627.14.C.A	0,0267
Geral	100981224.9.T.G	0,0364

---

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esta pesquisa contribui para a ampliação das informações da qualidade da bebida e da diversidade de *Coffea canephora*, provenientes de matrizes selecionadas de lavouras antigas no sul do Espírito Santo. Os resultados mostram que os genótipos de propagação seminal da região têm grande potencial para a produção de cafés de qualidade superior, além de contribuir para o melhoramento genético e a conservação da espécie.

Em relação à qualidade da bebida, os genótipos avaliados obtiveram pontuações que os classificam como cafés “Finos”. A análise sensorial revelou uma ampla diversidade de perfis, o que abre oportunidades para a seleção de genótipos com características distintas. Isso atende à crescente demanda por cafés de maior qualidade e demonstra o potencial para o melhoramento genético, visando cafés de qualidade superior.

Sobre a diversidade genética e a estrutura populacional, a pesquisa revelou informações importantes. Os genótipos das lavouras antigas apresentam características favoráveis para programas de conservação e melhoramento genético. Eles constituem uma fonte valiosa de variabilidade genética, que deve ser preservada para garantir a continuidade da produção cafeeira na região e em outras áreas do Brasil.

A análise de GWAS levou à identificação de marcadores SNP que demonstraram associações significativas com a qualidade da bebida, englobando a pontuação final e atributos sensoriais, distribuídos ao longo dos 11 cromossomos de *C. canephora*. Foram encontrados marcadores SNP relacionados a várias características, assim como SNPs localizados em genes candidatos. Esses achados são importantes para programas de melhoramento genético do café, já que as regiões cromossômicas identificadas podem ser empregadas na seleção assistida por marcadores moleculares. Essas informações serão valiosas para aprofundar a compreensão da influência genética na qualidade do café e poderão ajudar na formulação de estratégias de melhoramento genético mais eficazes. A validação dos SNPs candidatos e explorar sua relação funcional com metabólitos da bebida podem ser conduzidos.

Recomenda-se a preservação dos genótipos remanescentes, a fim de ampliar a base genética do café, que foi reduzida pela substituição de cultivares clonais. Incorporar essa variabilidade aos bancos de germoplasma de *C. canephora* pode fortalecer a base genética da espécie e promover a sustentabilidade do cultivo. O estabelecimento de parcerias com produtores locais para conservação *on-farm* pode conjuntamente ser considerada.

Em síntese, a pesquisa fornece dados valiosos sobre a qualidade sensorial e informações genômicas associadas à mesma, a diversidade genética e estrutura populacional de um importante conjunto de genótipos do Espírito Santo. Esses resultados abrem novas perspectivas para a valorização desses genótipos, promovendo a sustentabilidade e competitividade da produção de café no cenário global.