

Seleção simultânea para adaptabilidade, estabilidade e produtividade de caracteres agroindustriais de guaraná

Simultaneous selection for adaptability, stability and yield of agroindustrial character of guarana

Natasha Veruska dos Santos Nina^{1*}  ; Adamir da Rocha Nina Júnior²  ; Flávia Camila Schimpl³  ; Firmino José do Nascimento Filho⁴  ; André Luiz Troch⁵ 

^{1,2}Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Amazonas. AM, Brasil. ³Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Amazonas. Manaus, AM, Brasil. ^{4,5}Embrapa Amazonia Ocidental. Manaus, AM, Brasil.
*corresponding author: nina.natashavs@gmail.com

Recebido 22/11/2023

Aceito 14/06/2024

Publicado: 08/09/2024

Resumo:

O pó de sementes guaraná da Amazônia é um produto com efeitos terapêuticos, energéticos e antioxidantes atribuídos às metilxantinas e catequinas. O comportamento dos genótipos de guaraná em diferentes ambientes visa apoiar o programa de melhoramento genético. O objetivo deste estudo é selecionar genótipos de guaraná por seleção simultânea, com ampla adaptabilidade, estabilidade e produtividade para caracteres agroindustriais, para o estado do Amazonas, Brasil. As avaliações foram realizadas em oito genótipos, nove caracteres e quatro repetições, em seis ambientes, com combinação de local (Manaus, Maués e Rio Preto da Eva) e anos (2015 e 2016). Teobromina, teofilina, cafeína, catequina e epicatequina foram quantificadas por Cromatografia Líquida de Alta Eficiência. A produtividade dos metabólitos foi calculada através da produtividade. Foram avaliados a produtividade, adaptabilidade, estabilidade, interação GxE, parâmetros genéticos, correlações genética e genotípica, e índice de seleção dos genótipos. A BRS Maués apresentou alta adaptabilidade, estabilidade e produtividade, e altos conteúdos de catequina e epicatequina. Os clones CIR815, CIR904 e CMU874 apresentaram alta adaptabilidade, estabilidade e produtividade, e foram selecionados com melhores desempenhos individuais, e tem potenciais para serem futuros cultivares por apresentaram alta produtividade de sementes secas, cafeína, catequinas e produtividade de cafeína.

Palavras-chave: Cafeína, catequina, epicatequina, ganhos de seleção, REML/BLUP.

Abstract:

The Guarana seed powder from the Amazon is a product with therapeutic effects, energetic and antioxidant effects attributed to methylxanthines and catechins. The behavior of guarana genotypes in different environments aims to support the breeding program. The objective of this study is to select genotypes of guarana by simultaneous selection, with wide adaptability, stability and productivity for agro-industrial characters, for the state of Amazonas, Brazil. The evaluations were performed in eight genotypes, nine characters and four replications, in six environments, with combination of locations (Manaus, Maués and Rio Preto da Eva) and years (2015 and 2016). Theobromine, theophylline, caffeine, catechin and epicatechin were quantified by High Performance Liquid Chromatography. The yield of metabolites was calculated through yield. Yield, adaptability, stability, GxE interaction, genetic parameters, genetic and genotypic correlations, and selection index of the genotypes. BRS Maués presented high adaptability, stability and yield, and high contents of catechin and epicatechin. The genotypes CIR815, CIR904 and CMU874 showed high adaptability, stability and yield, and were selected with and has potential to be future cultivars by showed high yield of dry seeds, caffeine, catechins and caffeine yield.

Keywords: Caffeine, catechin, epicatechin, selection gains, REML/BLUP.

1. Introdução

O guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart.) Ducke), família Sapindaceae, é uma trepadeira lenhosa nativa da Amazônia. O pó de sementes de guaraná é um produto exclusivamente brasileiro e muito valorizado no mercado pelas propriedades antioxidante, energética e terapêuticas. Esses benefícios são atribuídos às catequinas e metilxantinas, encontradas em altas concentrações em guaraná, em quantificação por HPLC (*High Performance Liquid Chromatography*) e RMN (*Nuclear Magnetic Resonance*) (Gondim *et al.*, 2024; Nina *et al.*, 2020). Em particular, a cafeína, que é altamente concentrada no guaraná (Nina *et al.*, 2020) e muito utilizada nas indústrias de refrigerantes, de energéticos e de medicamentos (Silva *et al.*, 2019). O guaraná é cultivado em diferentes condições ambientais, na capoeira por pequenos agricultores e em plantios comerciais sob pleno sol. Como consequência, os genótipos expressam desempenhos variados pela interação com estes ambientes. Esta interação genótipo ambiente vem sendo estudada no guaraná para seleção de genótipos com alta produtividade de sementes secas e lançamento de novas cultivares (Pinto *et al.*, 2018; Atroch *et al.*, 2020). Estes estudos fazem parte do programa de melhoramento genético do guaranazeiro da Embrapa Amazônia Ocidental, que visa obter cultivares de guaraná que combinem alta produtividade de sementes secas, estabilidade e adaptabilidade de produção (Atroch; Nascimento Filho, 2018).

Várias metodologias vêm sendo utilizadas no programa de melhoramento genético do guaranazeiro desde 2000, e já favoreceu o lançamento de 20 cultivares (Atroch; Nascimento Filho, 2018). Vários estudos vêm sendo realizados para avaliação de adaptabilidade e estabilidade como para algodão (Silva *et al.*, 2020), arroz (Semeskandi *et al.*, 2023), feijão (Cardona-Ayala *et al.*, 2021), milho (Rosa *et al.*, 2022) e soja (Finoto *et al.*, 2021). Um dos métodos muito utilizado é o REML/BLUP: REML (*Restricted Maximum Likelihood*) que estima os componentes de variância e o método BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) que prediz os valores genotípicos otimiza a análise genética dos candidatos à seleção. O software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016) é excelente para avaliação genotípica pois, considera diversos delineamentos experimentais, opera muito bem com estruturas de dados complexas, dados desequilibrados, diferentes anos, qualquer número de ambientes, erros correlacionados dentro de locais e com heterogeneidade de variâncias. Como resultado, ajusta efeitos ambientais, realiza previsões de parâmetros genéticos e estimativas mais

precisas, prediz valores genéticos considerando efeitos genotípicos como aleatórios, estima componentes de variância, interação genótipo x ambiente e ganho genético com seleção.

A seleção de genótipos através da metodologia do modelo linear misto REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Predictor*) tem sido cada vez mais utilizada em programas de melhoramento genético de diversas culturas como arroz (Streck *et al.*, 2019), café (Senra *et al.*, 2023), cupuaçu (Alves *et al.*, 2020), feijão-caupi (Sousa *et al.*, 2019), goiaba (Ambrosio *et al.*, 2023), laranja doce (Capistrano *et al.*, 2021), lentilha (Bhattacharya *et al.*, 2022), e guaraná (Pinto *et al.*, 2018). Outro método, baseado no contexto dos modelos mistos, o método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos Preditos), proposto por Resende (2016), é baseado em valores genotípicos preditos e permite avaliar simultaneamente a produtividade, adaptabilidade e estabilidade. A seleção para produtividade e estabilidade é realizada pelos maiores valores genotípicos da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG). A seleção para adaptabilidade e produtividade simultaneamente refere-se ao desempenho relativo dos valores genotípicos (PRVG) através dos ambientes, sendo os valores genotípicos expressos como proporção da média geral de cada ambiente e o valor médio dessa proporção através dos ambientes. A seleção para produtividade, adaptabilidade e estabilidade simultaneamente (MHPRVG) é realizada pela média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos preditos (Resende, 2016).

O entendimento do comportamento de genótipos de guaraná em diferentes ambientes irá auxiliar o programa de melhoramento genético na seleção de genótipos. O objetivo deste estudo é selecionar genótipos de guaraná por seleção simultânea, com ampla adaptabilidade, boa estabilidade e alta produtividade para caracteres agroindustriais, para o estado do Amazonas, Brasil.

2. Material e Métodos

Os experimentos foram conduzidos em três locais (Campos Experimentais da Embrapa Amazônia Ocidental: Rio Preto da Eva (Distrito Agropecuário Suframa - DAS), Manaus e Maués, e dois (2) anos 2015 e 2016 (Tabela 1). Os solos foram classificados, em todos os locais, como Latossolo Amarelo, profundos, altos teores de alumínio trocável, argilosos de textura muito argilosa, ácidos, com variação de pH (3,5 a 4,7), baixos teores de cálcio, potássio e fósforo e alta saturação de alumínio no solo. O clima é tropical tipo Afi chuvoso na classificação de Köppen. As plantações foram realizadas de dezembro de 2006 a março de 2007. Os fertilizantes e o manejo cultural foram os habituais para a cultura, no espaçamento de 5m x 5m.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e variáveis climáticas dos campos experimentais da Embrapa Amazônia Ocidental.
Table 1. Geographical coordinates and climatic variables of experimental fields of Embrapa Western Amazon.

Coordenadas geográficas	Locais					
	Manaus		Maués		Rio Preto da Eva	
Latitude (S)	02°53'25"		03°23'56"		2°25'54"	
Longitude (W)	59°38'06"		53°40'24"		59°33'49"	
Altitude (m)	102		35		59	
Variáveis climáticas	Anos		Anos		Anos	
	2015	2016	2015	2016	2015	2016
Temperatura mínima (°C)	22,2	22	24,6	24,5	24,5	24,9
Temperatura máxima (°C)	37	34,3	28,8	28,9	28,9	28,2
Amplitude térmica (°C)	14,8	12,3	4,2	4,4	4,4	3,3
Temperatura média anual (°C)	27,2	26,9	26,2	26,5	26,3	26,4
Precipitação mensal média (mm)	178,3	234,7	158,2	114,4	164,6	191,8
Precipitação anual (mm)	2139,2	2815,8	1918	1365	1974,8	2301

Fonte: Dados meteorológicos das Estações Agrometeorológicas da Embrapa Amazônia Ocidental Rio Preto da Eva Manaus e Maués, Estado do Amazonas, Brasil.

Foram pré-selecionados oito (8) genótipos: as cultivares BRS-CG372 e BRS Maués, e os clones CMA498, CMA831, CIR815, CIR904, CMU874 e CMU952, fazem parte do Banco de Germoplasma Ativo da Embrapa. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com oito (8) genótipos, quatro (4) repetições, uma (1) planta por parcela, em seis ambientes: três (3) locais e dois (2) anos 2015 e 2016. A Produtividade de Sementes Secas foi expressa em g/planta. Foram colhidos 1000 g de frutos maduros de cada planta de guaraná, e as sementes secas em estufa a 45 °C, sendo utilizada a circulação de ar forçado até peso constante, no laboratório de solo da Embrapa Amazônia Ocidental. As amostras de sementes secas (200g) foram moídas em moedor de café, até um pó fino e posteriormente armazenadas no Laboratório de Ciências e Ervas Daninhas - LCPD da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA-Ufam).

As metilxantinas e catequinas foram extraídas e quantificadas com base na metodologia de Nina *et al.* (2020), adaptada de Schimpl *et al.* (2014) e Machado *et al.* (2018). A extração foi realizada no Laboratório de Ciências e Ervas Daninhas - LCPD da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA-UFAM) e a quantificação foi realizada no Laboratório de Purificação de Biomoléculas do Centro de Apoio Interdisciplinar (CAM-UFAM). Foi utilizado o HPLC cromatógrafo com detector de diodo (Shimadzu Inc., Kyoto, Japão) operando em 272nm. Foram utilizadas soluções com padrões comerciais das metilxantinas e catequinas metilxantinas (Sigma-Aldrich®) para as quantificações, e construídas curvas para cafeína, teobromina, teofilina, catequina e epicatequina, com quantidades conhecidas, e gerada cada equação linear para os cálculos das concentrações. Foram calculados os rendimentos de cada metabólito, de amostras de cada planta em função da produtividade de sementes secas de cada planta, e expressa em g/planta: rendimento de teobromina, rendimento de cafeína, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina. A análise de variância foi realizada para avaliar a Interação Genótipo x Ambiente para as fontes de variação Ano (A), Local (L), Genótipo (G) e Ano x Local (AxL), Ano x Genótipo (AxG), Genótipo Local x (LxG) e Ano x Local x Genótipo (AxLxG) e estimada a variabilidade genética ANOVA e o teste de média de *Tukey* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade ($0,01 \leq p < 0,05$ e $p < 0,01$) pelo programa *Statistical Analysis System* - SAS, versão 9.2.

O procedimento BLUP sob médias harmônicas, no contexto dos modelos mistos, foi utilizado para a seleção simultânea de produtividade e estabilidade de valores genéticos, pelo método da Média Harmônica dos Valores Genotípicos (MHVG), para a adaptabilidade genotípica pelo método da Performance Relativa dos Valores Genotípicos Preditos (PRVG) através dos ambientes, para a capitalização da adaptabilidade pelo método da Performance Relativa dos Valores Genotípicos Preditos Relativa Média PRVG*MG, e para a medida simultânea da produtividade, estabilidade e adaptabilidade pelo método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos) (Resende, 2016).

A seleção simultânea de genótipos foi realizada para todos os locais, através do BLUP Individual, no contexto de modelos mistos, software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016). Durante a análise foram considerados os efeitos genotípicos como aleatórios, e o efeito da parcela foi desconsiderado por ser constituída de apenas uma planta. Modelo estatístico: $y = X_f + Z_g + Q_{gl} + T_{gm} + W_{glm} + S_p + e$, em que: y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-medição (assumidos como fixos) somados à média geral, g : é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), gl : é vetor dos efeitos da interação de genótipos com locais (aleatórios), gm é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições, glm é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x medições (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos permanentes de parcela dentro de locais (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. As letras minúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetição x medição. Os efeitos ambientais de blocos dentro de locais (b), medições (m), locais (l) e as interações bloco x medição dentro de locais e locais x medições são considerados como efeitos fixos em um único vetor de efeitos fixos (f) dado pela combinação bloco-medição-local. Foram

estimados os componentes de variância: V_g : variância genotípica. V_{gm} : variância da interação genótipos x medições. V_{gl} : variância da interação Genótipos x locais. V_{glm} : variância da interação genótipos x locais x medições. V_{perm} : variância dos efeitos permanentes de parcela. V_e : variância residual. V_f : variância fenotípica individual. Foram estimadas a herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais ($h^2_g=h^2$), herdabilidade no sentido amplo da média de genótipos (h^2_{mg}), acurácia da seleção de genótipos (Ac_{gen}), repetibilidade individual (r). A variância fenotípica foi dada pela soma dos componentes de variância (Resende, 2006): $V_f=V_g+V_e+V_{gm}+V_{gl}+V_{glm}+V_{perm}$

As correlações fenotípicas de *Pearson*, entre os caracteres, foram feitas com $p \leq 0.01$ e $p \leq 0.05$ de probabilidade pelo teste F e Mantel baseado em 5000 simulações, e a correlação genética, ambas obtidas com o auxílio da Aplicação Computacional em Genética e Estatística - GENES/versão 2017.3.31 (Cruz, 2016). Os coeficientes de correlação foram classificados de acordo com (Carvalho *et al.*, 2004). Os genótipos de maior produtividade e caracteres agroindustriais, simultaneamente, foram selecionados utilizando o índice de seleção de Mulamba e Mock (Mulamba & Mock, 1978), e as análises realizadas pelo Software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016). O índice de rank médio foi usado para a seleção em que os valores genotípicos preditos foram classificados para cada caráter e a média dos rankings de cada genótipo para todos os caracteres. A ordem de classificação dos valores genéticos para as variáveis fenotípicas: “maior” para cafeína, catequina, epicatequina, produtividade de sementes secas, rendimento de cafeína, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina e “menor” para teobromina e rendimento de teobromina.

3. Resultados e Discussão

Foram avaliados oito genótipos de guaraná para seleção simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade de nove caracteres. Na análise de variância as fontes de variação genótipos (G) e locais (L) foram significativas para todos os caracteres, mostrando a existência de variabilidade para as características estudadas (Tabela 2). A teofilina não foi encontrada em nenhuma amostra. Este resultado é confirmado por Nina *et al.* (2020) que ao testarem métodos de secagem e torrefação de sementes de guaraná observaram que na secagem em estufa não foi detectada a teofilina. E por Schimpl *et al.* (2014) que encontraram teores baixíssimos de teofilina. A teobromina teve maior amplitude de variação (0 a 0,060) e apareceu em apenas 60,12% das amostras, com grande dispersão dos dados em torno da média 0,008% (Tabela 2). O desvio padrão é maior que as médias dos valores que foram muito próximos à zero, se reflete no coeficiente de variação muito alto (106,81%). A fonte de variação ano (A) foi significativa pelo teste F ($p \leq 0.01$) para os caracteres catequina e rendimento de catequina, e ($p \leq 0.05$) para produtividade de sementes secas, evidenciando a sensibilidade destes caracteres às mudanças ambientais.

A teobromina teve influências altamente significativas ($p < 0,01$) para genótipos e para as interações GxA, LxA e GxLxA, e significativa ($p < 0,05$) para a interação GxL. Por outro lado, a influência do local foi de maior magnitude do que a do genótipo para os metabólitos cafeína, catequina e epicatequina, sendo as maiores influências para as catequinas. A catequina teve as interações GxL e GxLxA com magnitudes semelhantes. A influência do genótipo foi considerável para cafeína e epicatequina. No entanto, observamos que foram significativas as interações LxA e GxL para cafeína, catequina e epicatequina, e para a produtividade foram significativas as fontes de variação A, L e G e a interação GxL. Isso revela alta influência do ambiente, com interação GxE no guaraná para os caracteres quantitativos.

Tabela 2. Análise de variância e interação genótipo x ambiente para nove caracteres agroindustriais, em oito genótipos de guaraná, em seis ambientes, anos (2015 e 2016) e locais (Manaus, Maués e Rio Preto da Eva), Amazonas/Brazil.

Table 2. Analysis of variance and genotype x environment interaction for nine agro-industrial characters in eight guarana genotypes in six environments, years (2015 and 2016) and locations (Manaus, Maués and Rio Preto da Eva), Amazonas/Brazil.

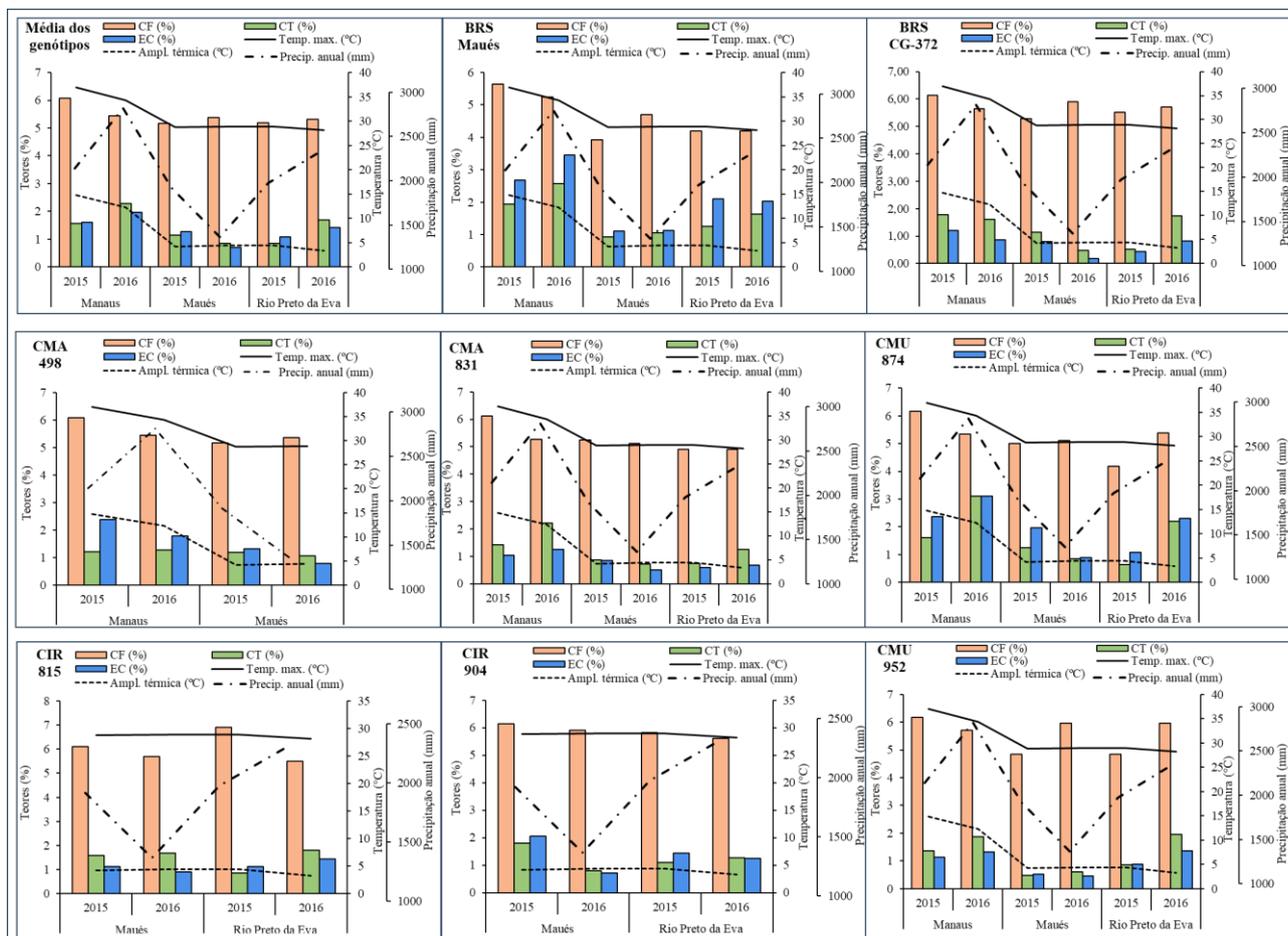
FV	GL	Quadrados Médios					GL	Quadrados Médios				
		TB	CF	CT	EC	(%)		RTB	RCF	RCT	REC	(g/planta)
A	1	7x10 ⁻⁶	0,9	6,5**	10 ⁻³	1	5,5*	3x10 ⁻³	10151	4397**	701	
L	2	4x10 ⁻⁴	8,2**	12,3**	10**	2	3,7*	2x10 ⁻²	24145**	6535**	6463**	
G	7	3,9x10 ^{-3**}	5,2**	0,8**	6,3**	7	5,6**	10 ^{-1**}	23048**	1689**	3359**	
LxA	2	1,8x10 ^{-3**}	4,2**	5,7**	3,6**	2	2,3	2x10 ^{-1**}	9234	3387**	2275**	
GxA	7	1,5x10 ^{-3**}	1,2**	0,6**	0,4	7	7,9	6x10 ^{-2**}	1658	473	289	
GxL	11	1,5x10 ^{-3*}	0,5*	0,4**	0,8**	11	2,8**	5x10 ^{-2**}	8740**	785*	1121**	
GxLxA	11	3x10 ^{-3**}	0,4	0,4**	0,4*	11	6,8	3x10 ⁻²	1927	518	311	
Erro	126	7x10 ⁻⁶	0,3	0,2	0,2	124	1,1	10 ⁻¹	3467	375,6	447	
CV (%)		106,8	9,8	27,8	35,8		65,4	125	66,6	82,7	92,7	
MG		8x10 ⁻³	5,4	1,4	1,3		1,6	10 ⁻¹	88,4	23,5	22,8	
Mín.		0	3,3	0,2	0,1		48,3	0	2,5	0,5	0,3	
Máx.		6x10 ⁻²	7,4	3,6	4,2		5,1	1	270	138,7	135	

TB=Teobromina; CF=Cafeína; CT=Catequina; EC=Epicatequina; PSS=Produtividade de Sementes Secas; RTB=Rendimento de Teobromina; RCF=Rendimento de Cafeína; RCT=Rendimento de Catequina; REC=Rendimento de Epicatequina; FV=Fonte de variação; A=Ano; L=Local; G=Genótipo; MG=Média Geral. *Significativo ($0,01 \leq p < 0,05$) pelo teste F. **Significativo ($p < 0,01$) pelo teste F. ($p \geq 0,05$).

A influência do ano, nos teores de metabólitos, está relacionada às condições climáticas observadas em função da temperatura e precipitação (Figura 1). O teor de cafeína foi influenciado pela temperatura máxima e amplitude térmica. A maioria dos genótipos respondeu ao aumento da temperatura com o aumento do teor de cafeína, exceto a cultivar BRS-CG372 e o clone CMU952, nos anos de 2016 em todos os locais, que mesmo com temperaturas levemente mais baixas, mantiveram os teores próximos aos encontrados no ano anterior. Isso mostra certa estabilidade para o teor de cafeína nestes genótipos. Observou-se que em todos os genótipos os teores de catequinas sofreram influência da precipitação anual. Os clones CIR815 e CIR904 são mais estáveis aos fatores ambientais. Isto confere estabilidade de produção e um ótimo desempenho produtivo. Os genótipos BRS Maués e CMU874 responderam bem a amplitude térmica associada à alta precipitação anual, podendo esta resposta ser relacionada aos mecanismos de defesa às doenças. O aumento do teor de cafeína nos genótipos de guaraná foi detectado nos anos com maiores temperaturas médias anuais.

Figura 1. Interação Local x Ano para caracteres agroindustriais de oito genótipos de guaraná em função da temperatura máxima (°C), amplitude térmica (°C) e precipitação anual (mm), em seis ambientes, anos (2015 e 2016) e locais (Manaus, Maués e Rio Preto da Eva), Amazonas/Brasil.

Figure 1. Local x Year interaction for agro-industrial characters of eight guarana genotypes as a function of maximum temperature (°C), thermal amplitude (°C) and annual precipitation (mm) in six environments, years (2015 and 2016) and locations (Manaus, Maués and Rio Preto da Eva), Amazonas/Brazil.



CF=Cafeína; CT=Catequina; EC=Epicatequina.

Os genótipos promissores com características superiores foram selecionados pelo método BLUP individual (Tabela 3). Os genótipos que se destacam pelos valores genotípicos preditos em todos os locais foram: os clones CIR815 e CIR904, para cafeína, catequina e epicatequina, produtividade de sementes secas, rendimento de cafeína, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina. Os genótipos BRS-CG372 e CMA498, para cafeína, produtividade de sementes secas e rendimento de cafeína; A cultivar BRS Maués para produtividade de sementes secas, catequina e epicatequina, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina; O clone CMU874 para catequina, epicatequina, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina.

Tabela 3. Estimativas de valores genotípicos de componentes médios (BLUP individual) para seleção de genótipos para nove caracteres agroindustriais em oito genótipos de guaraná, em seis ambientes, anos (2015 e 2016) e locais (Manaus, Maués e Rio Preto da Eva), Amazonas/Brasil.

Table 3. Estimates of genotypic values of mean components (individual BLUP) for genotype selection for nine agro-industrial characters in eight guarana genotypes in six environments, years (2015 and 2016) and locations (Manaus, Maués and Rio Preto da Eva), Amazonas/Brazil.

Genótipos	G		$\mu+g$	G (%)		$\mu+g+gem$
	Ordem			Teobromina (%)		
BRS-CG372	1	0,0004	0,0130	0,0004	0,0130	0,0131
BRS Maués	8	-0,0004	0,0122	0,0000	0,0126	0,0121
CIR815	7	-0,0002	0,0124	0,0001	0,0127	0,0124
CIR904	6	-0,0001	0,0125	0,0001	0,0127	0,0125
CMA498	4	0,0000	0,0126	0,0002	0,0128	0,0126
CMA831	3	0,0002	0,0128	0,0003	0,0129	0,0128
CMU874	5	-0,0001	0,0126	0,0001	0,0127	0,0125
CMU952	2	0,0002	0,0128	0,0003	0,0129	0,0129
Cafeína (%)						
BRS-CG372	3	0,15	5,65	0,39	5,88	5,65
BRS Maués	8	-0,64	4,86	0,00	5,50	4,84
CIR815	1	0,57	6,06	0,57	6,06	6,08
CIR904	2	0,44	5,94	0,50	6,00	5,95
CMA498	4	-0,01	5,49	0,29	5,79	5,49
CMA831	6	-0,18	5,31	0,14	5,64	5,31
CMU874	7	-0,23	5,27	0,09	5,59	5,26
CMU952	5	-0,10	5,40	0,21	5,71	5,39
Catequina (%)						
BRS-CG372	7	-0,04	1,37	0,01	1,41	1,36
BRS Maués	3	0,03	1,43	0,03	1,44	1,43
CIR815	2	0,03	1,44	0,03	1,44	1,44
CIR904	4	0,02	1,42	0,03	1,43	1,42
CMA498	5	-0,01	1,41	0,02	1,43	1,40
CMA831	6	-0,03	1,37	0,01	1,42	1,37
CMU874	1	0,04	1,44	0,04	1,44	1,45
CMU952	8	-0,04	1,37	0,00	1,41	1,36
Epicatequina (%)						
BRS-CG372	8	-0,56	0,80	0,00	1,36	0,76
BRS Maués	1	0,63	1,99	0,63	1,99	2,03
CIR815	4	0,15	1,50	0,38	1,73	1,51
CIR904	3	0,21	1,57	0,46	1,81	1,58
CMA498	5	-0,11	1,25	0,28	1,64	1,24
CMA831	7	-0,49	0,86	0,08	1,43	0,83
CMU874	2	0,52	1,88	0,58	1,93	1,91
CMU952	6	-0,36	1,00	0,17	1,53	0,97
Produtividade de sementes secas (g/planta)						
BRS-CG372	3	89	1731	220	1862	1790
BRS Maués	5	7	1649	140	1782	1653
CIR815	1	419	2061	419	2061	2337
CIR904	2	153	1795	286	1928	1895
CMA498	4	31	1672	173	1815	1693
CMA831	8	-317	1325	0	1642	1116
CMU874	6	-126	1517	95	1738	1434
CMU952	7	-255	1387	45	1688	1220
Rendimento de teobromina (g/planta)						
BRS-CG372	1	0,0047	0,175	0,0047	0,175	0,20
BRS Maués	8	-0,0023	0,168	0	0,171	0,16
CIR815	3	0,0003	0,171	0,0019	0,172	0,17
CIR904	4	0,0001	0,170	0,0014	0,172	0,17
CMA498	5	-0,0003	0,170	0,0011	0,171	0,17
CMA831	6	-0,0014	0,169	0,0007	0,171	0,16
CMU874	7	-0,0018	0,168	0,0003	0,171	0,16
CMU952	2	0,0007	0,171	0,0027	0,173	0,17

(conclusão)

Genótipos	G		$\mu+g$	G (%)	Nova média	$\mu +g+gem$
Rendimento de cafeína (g/planta)						
BRS-CG372	3	7,83	100,28	21,11	113,56	103,00
BRS Maués	5	-9,79	82,65	11,00	103,44	79,25
CIR815	1	39,06	131,51	39,06	131,51	145,08
CIR904	2	16,44	108,88	27,75	120,20	114,59
CMA498	4	1,45	93,90	16,20	108,64	94,40
CMA831	8	-25,50	66,95	0,00	92,45	58,09
CMU874	6	-11,22	81,23	7,30	99,74	77,33
CMU952	7	-18,27	74,17	3,64	96,09	67,82
Rendimento de catequina (g/planta)						
BRS-CG372	6	-1	24,0	2,1	27,1	23,7
BRS Maués	4	1,6	26,6	3,3	28,3	27,2
CIR815	1	7,4	32,4	7,4	32,4	34,7
CIR904	2	2,6	27,6	5	30	28,5
CMA498	5	0,4	25,4	2,8	27,8	25,6
CMA831	8	-6,9	18,1	0	25	15,9
CMU874	3	1,7	26,7	3,9	28,9	27,2
CMU952	7	-5,9	19,2	1	26	17,3
Rendimento de epicatequina (g/planta)						
BRS-CG372	6	-0,99	24,02	2,13	27,13	23,71
BRS Maués	4	1,63	26,63	3,33	28,33	27,14
CIR815	1	7,40	32,40	7,40	32,40	34,70
CIR904	2	2,64	27,64	5,02	30,02	28,47
CMA498	5	0,44	25,44	2,75	27,75	25,58
CMA831	8	-6,92	18,08	0,00	25,00	15,93
CMU874	3	1,65	26,65	3,90	28,90	27,16
CMU952	7	-5,85	19,15	0,99	25,99	17,33

G (%)=Ganho (%); $\mu+g$ =valores genéticos de desempenho médio dos genótipos preditos livres de interação ambiental; $\mu +g+gem$ =valores genotípicos médios capitalizados da integração com os ambientes.

Os clones CIR815 e CIR904, que apresentaram os maiores teores de cafeína e produtividade, e produtividade de cafeína, com altos valores genotípicos preditos em todos os locais. Por outro lado, a cultivar BRS Maués apresentou os teores mais baixos de cafeína, e por isso o valor genotípico para este metabólito não se destacou em todos os locais. Os genótipos mais promissores para os teores de catequina e epicatequina, associados à produtividade são a cultivares BRS-CG372 e BRS Maués, e clones CMU874, CIR815 e CIR904. De acordo com a classificação de Nina *et al.* (2020), estes genótipos são classificados como: BRS-CG372 (Classe 5 e quimiotipo energético), BRS Maués e CMU874 (Classe 2 e quimiotipo antioxidante), CIR815 e CIR904 (Classe 3 e quimiotipo antioxidante e energético). Cavalcanti *et al.* (2020) consideram o guaraná como uma rica fonte de catequinas biodisponíveis. O método BLUP individual discriminou muito bem os valores genéticos individuais das plantas de guaraná.

A produtividade de sementes secas é o parâmetro utilizado pelo programa de melhoramento de guaraná para a seleção de materiais mais produtivos, que considera valores superiores a 1500 g/planta (Atroch & Nascimento Filho, 2018). Os genótipos com produtividade de sementes secas superiores a este parâmetro estão enquadrados nas classes 4 e 5, de acordo com a classificação de Nina *et al.* (2020). Ao considerar que a variabilidade da produtividade para todos os locais foi de 1116 a 2337 g/planta, os genótipos selecionados para todos os locais foram: as cultivares BRS-CG372 e BRS Maués, e os clones CIR815, CIR904, CMA498 e CMU874.

Na avaliação de oito genótipos em três locais e dois anos. Foram observadas variabilidades para todos os locais nos teores de cafeína de 4,84 a 6,8%, catequina de 1,36 a 1,45%, epicatequina de 0,76% a 2,03%. Desta forma, é possível considerar como parâmetros de seleção os teores de metilxantinas e catequinas para a seleção de genótipos. Os valores para catequina foram muito semelhantes na maioria dos genótipos, sendo os destaques em superioridade CMU874, CIR815,

CIR904 e CMU874, e a cultivar BRS Maués. Para epicatequina, os valores foram superiores para a cultivar BRS Maués e o clone CMU874. Foram observadas variabilidades para produtividades de metabólitos: rendimento de teobromina de 0,160 a 1,198 g/planta, rendimento de cafeína de 58,09 a 145,08 g/planta, rendimento de epicatequina de 1,36 a 1,45 g/planta, rendimento de catequina de 0,76 a 2,03 g/planta. E por isso, foi possível a identificação e seleção de genótipos promissores em todos os locais. Os rendimentos de cafeína, catequina e epicatequina também são indicados para serem utilizadas na seleção de genótipos de guaraná.

Os genótipos com maior MHVG (Tabela 4) para cafeína e rendimento de cafeína foram os clones CIR815, CIR904 e CMA498, e a cultivar BRS-CG372, com ranking coincidindo 100%. Os melhores genótipos com ampla adaptabilidade, estabilidade e produtividade simultaneamente para cafeína e rendimento de cafeína e produtividade de sementes secas são os clones CIR815, CIR904 e a cultivar BRS-CG372. A ordenação dos genótipos para produtividade de sementes secas coincidiu com 88,89% com inversão da ordem dos genótipos BRS-CG372 e CMA498, mas com valores muito próximos no critério MHVG. A cultivar BRS Maués e os clones CMU874, CIR815 e CIR904 foram os melhores genótipos com maior adaptabilidade, estabilidade e produtividade para catequina e epicatequina, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina. Os clones CIR815, CIR904 e CMA498 apresentaram melhor desempenho mostrando a superioridade, principalmente os clones CIR815 e CIR904, que por vezes assumiram os maiores ganhos, adaptabilidade, estabilidade e produtividade nos caracteres avaliados. A superioridade dos clones CIR815 e CIR904 mesmo com menos amostras não foi penalizada e não teve redução em seus valores pelo efeito *Shrinkage*, onde as predições de efeitos aleatórios são forçadas para a média geral na média BLUP.

Os genótipos mais capitalizados para responsividade ao melhoramento ambiental foram os clones CIR815 e CIR904 para cafeína, produtividade de sementes secas e rendimento de cafeína. E seguido pela cultivar BRS Maués, e os clones CIR815, CMU874 e CIR904 para catequina, epicatequina, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina. A coincidência de ordenação genotípica foi de 88,89% para catequina e 93,33% para rendimento de catequina. Os clones CIR815, CMU874, CIR904, e CMA498, e a cultivar BRS Maués apresentaram maior produtividade, maior estabilidade e adaptabilidade em ambientes para os teores de catequina e rendimento de catequina. A cultivar BRS Maués, e os clones CMU874, CIR904 e CIR815 foram os melhores para epicatequina e rendimento de epicatequina, com coincidência na ordenação para epicatequina em 100% e com inversão da ordenação de CIR815 com BRS Maués para rendimento de epicatequina, penalizando a estabilidade e o critério MHVG. Os clones CIR904 e CMU874 foram penalizados pela instabilidade para rendimento de catequina em MHVG e capitalizando a responsividade do clone CMU874 em PRVG. O clone CMU874 foi beneficiado pela penalização da instabilidade dos demais genótipos, no critério MHVG para catequina. O método MHPRVG traz facilidade para interpretação simultânea dos valores genéticos de produtividade, estabilidade e adaptabilidade com os resultados na mesma escala de medição do caráter (Resende, 2016).

O REML/BLUP pode ser usado para selecionar genótipos de guaraná para apoiar o programa de melhoramento genético do guaraná e recomendar novas cultivares (Pinto *et al.*, 2018). É importante selecionar genótipos com características superiores para vários locais do que por local para recomendação de cultivo em diferentes ambientes. Os clones CIR815 e CIR904 apresentaram os maiores valores de produtividade de sementes secas, teor de cafeína e rendimento de cafeína, e a cultivar BRS Maués e o clone CMU874 apresentaram maiores teores de catequina e epicatequina.

Tabela 4. Seleção de genótipos pelo método MHPRVG para nove caracteres agroindustriais em oito genótipos de guaraná, em seis ambientes, anos (2015 e 2016) e locais (Manaus, Maués e Rio Preto da Eva), Amazonas/Brasil.

Table 4. Genotype selection by MHPRVG method for nine agro-industrial characters in eight guarana genotypes, in six environments, years (2015 and 2016) and locations (Manaus, Maués and Rio Preto da Eva), Amazonas/Brazil.

Genótipos	Rp		Rpgv *mg	Hm		Mhpr		Rp		Rpgv *mg	Hm		Mhpr		Mhpr vg.mg	
	gv			Gv	vg	gv	vg	gv	vg		gv	vg				
	O		O	O	O	O	O	O	O	O	O	O	O	O		
Teobromina (%)																
BRS-CG372	1	1,04	10 ⁻²	1	10 ⁻²	1	1,0	10 ⁻²	3	1,0	5,7	3	5,6	3	1,0	5,6
BRS Maués	8	0,96	10 ⁻²	8	10 ⁻²	8	1,0	10 ⁻²	8	0,9	4,8	8	4,8	8	0,9	4,8
CIR815	7	0,98	10 ⁻²	7	10 ⁻²	7	1,0	10 ⁻²	1	1,1	6,1	1	5,9	1	1,1	6,1
CIR904	6	0,99	10 ⁻²	6	10 ⁻²	6	1,0	10 ⁻²	2	1,1	6,0	2	5,7	2	1,1	6,0
CMA498	4	1,00	10 ⁻²	4	10 ⁻²	4	1,0	10 ⁻²	4	1,0	5,5	4	5,6	4	1,0	5,5
CMA831	3	1,01	10 ⁻²	3	10 ⁻²	3	1,0	10 ⁻²	6	1,0	5,3	6	5,3	6	1,0	5,3
CMU874	5	0,99	10 ⁻²	5	10 ⁻²	5	1,0	10 ⁻²	7	1,0	5,3	7	5,2	7	1,0	5,3
CMU952	2	1,02	10 ⁻²	2	10 ⁻²	2	1,0	10 ⁻²	5	1,0	5,4	5	5,4	5	1,0	5,4
Caféina (%)																
Catequina																
BRS-CG372	7	0,97	1,36	5	1,3	7	1,0	1,4	7	0,5	0,7	7	0,7	7	0,5	0,7
BRS Maués	3	1,02	1,44	2	1,3	3	1,0	1,4	3	1,5	2,0	3	1,9	3	1,5	2,0
CIR815	1	1,03	1,45	7	1,2	1	1,0	1,5	1	1,2	1,6	1	1,3	1	1,2	1,6
CIR904	4	1,02	1,43	8	1,1	4	1,0	1,4	4	1,2	1,7	4	1,4	4	1,2	1,6
CMA498	5	1,00	1,41	3	1,3	5	1,0	1,4	5	0,9	1,3	5	1,2	5	0,9	1,3
CMA831	6	0,97	1,37	4	1,3	6	1,0	1,4	6	0,6	0,8	6	0,7	6	0,6	0,8
CMU874	2	1,03	1,45	1	1,4	2	1,0	1,5	2	1,4	1,9	2	1,8	2	1,4	1,9
CMU952	8	0,97	1,36	6	1,3	8	1,0	1,4	8	0,7	1,0	8	0,9	8	0,7	0,9
Epicatequina (%)																
Rendimento de teobromina (g/planta)																
BRS-CG372	1	1,16	0,20	1	0,2	1	1,1	0,2	3	1,2	106	3	100	3	1,0	99
BRS Maués	7	0,92	0,16	8	0,2	7	0,9	0,2	5	0,9	80	5	76	5	0,8	78
CIR815	3	1,01	0,17	2	0,2	2	1,0	0,2	1	1,7	160	1	140	1	1,7	160
CIR904	4	1,01	0,17	3	0,2	3	1,0	0,2	2	1,3	120	2	105	2	1,3	120
CMA498	5	0,99	0,17	5	0,2	5	1,0	0,2	4	1,0	94	4	98	4	1,0	93
CMA831	6	0,95	0,16	6	0,2	6	1,0	0,2	8	0,6	58	8	56	8	0,6	57
CMU874	8	0,91	0,16	7	0,2	8	0,9	0,2	6	0,8	74	6	64	6	0,7	69
CMU952	2	1,02	0,17	4	0,2	4	1,0	0,2	7	0,7	65	7	57	7	0,7	61
Rendimento de cafeína (g/planta)																
Rendimento de catequina (g/planta)																
BRS-CG372	6	1,0	25	4	23	6	1,0	25	6	0,7	16	6	15	6	0,7	16
BRS Maués	3	1,1	27	3	23	3	1,1	27	2	1,5	36	1	30	2	1,4	35
CIR815	1	1,6	40	1	30	1	1,6	40	1	1,6	40	2	29	1	1,6	40
CIR904	2	1,2	30	5	23	2	1,2	30	3	1,4	35	3	25	3	1,4	34
CMA498	5	1,0	26	2	24	4	1,0	25	5	1,0	23	5	22	5	1,0	23
CMA831	8	0,6	15	8	13	8	0,6	15	8	0,4	9	8	7	8	0	9
CMU874	4	1,0	26	6	22	5	1,0	25	4	1,3	30	4	25	4	1,1	29
CMU952	7	0,7	16	7	13	7	0,6	16	7	0,5	12	7	9	7	0,4	11
Rendimento de epicatequina (g/planta)																
Produtividade de sementes secas (g/planta)																
BRS-CG372	3		11		1817	4		1713	3		10					1704
BRS Maués	5		10		1672	5		1607	5		10					1611
CIR815	1		15		2536	1		2341	1		15					2533
CIR904	2		12		1965	2		1812	2		12					1962
CMA498	4		10		1688	3		1750	4		10					1676
CMA831	8		6		1117	7		1092	7		7					1103
CMU874	6		8		1397	6		1275	6		8					1316
CMU952	7		7		1188	8		1084	8		7					1123

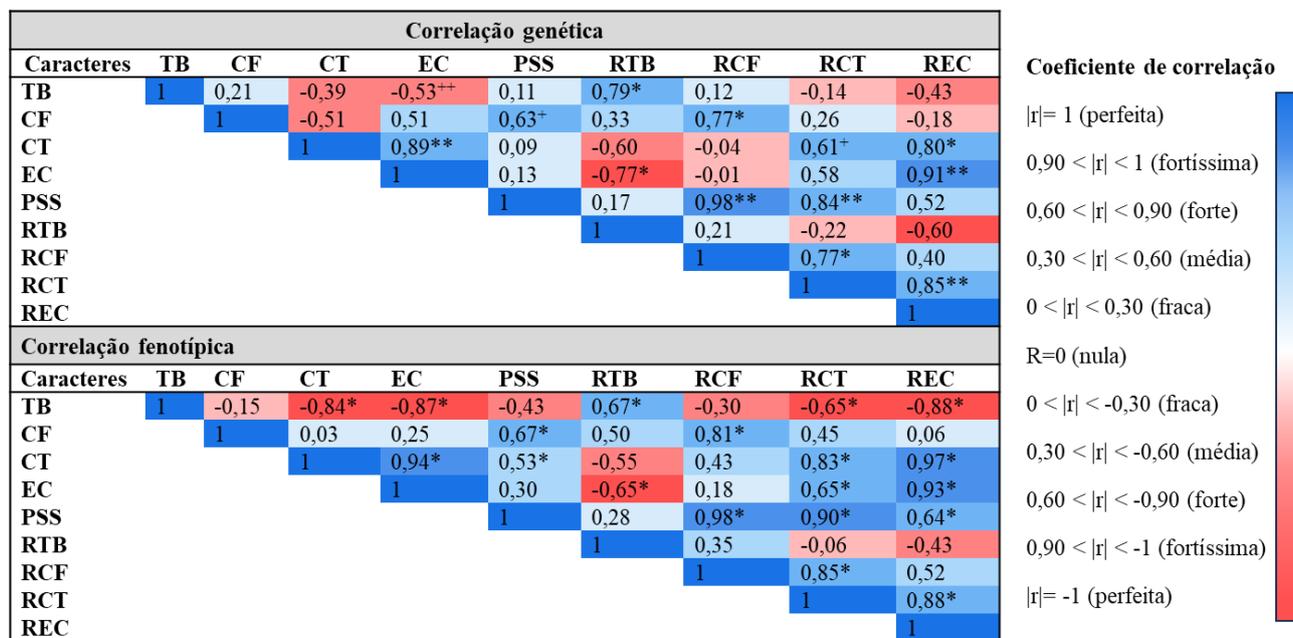
O=Ordem; Mhprvg =Média Harmônica do Desempenho Relativo dos Valores Genéticos Preditos; Mhvg=Média Harmônica dos Valores Genotípicos; Prvg=Desempenho Relativo dos Valores Genotípicos.

Os coeficientes de correlações fenotípicas (Figura 2) mostraram-se superiores que a correlação genética para vinte e cinco (25) correlações. As correlações genética e fenotípica foram

idênticas e fortes para cafeína e rendimento de cafeína. A correlação genética entre produtividade de sementes secas e rendimento de cafeína foi a maior encontrada sendo considerada fortíssima (0,98). As correlações entre cafeína e rendimento de cafeína foram classificadas como forte, sendo a correlação genética ($r=0,63$) e correlação fenotípica ($r=0,67$). A produtividade de sementes secas é uma característica quantitativa poligênica, e por isso é bastante influenciada pelo ambiente.

Figura 2. Correlações genética e fenotípica entre nove caracteres agroindustriais de oito genótipos de guaraná, em seis ambientes, anos (2015 e 2016) e locais (Manaus, Maués e Rio Preto da Eva), Amazonas/Brasil – Anos 2015 e 2016.

Figure 2. Genetic and phenotypic correlations between for nine agro-industrial characters of eight guarana genotypes, in six environments, Years (2015 and 2016) and locvations (Manaus, Maués and Rio Preto da Eva), Amazonas/Brazil.



TB=Teobromina; CF=Cafeína; CT=Catequina; EC=Epicatequina; PSS=Produtividade de Sementes Secas; RTB=Rendimento de Teobromina; RCF=Rendimento de Cafeína; RCT=Rendimento de Catequina; REC=Rendimento de Epicatequina. **Significativo ($p < 0,01$) pelo teste t; * significativo ($0,01 \leq p < 0,05$) pelo teste t; ++Significativo ($p < 0,01$) pelo teste de Mantel baseado em 5000 simulações; + significativo ($0,01 \leq p < 0,05$) pelo teste de Mantel baseado em 5000 simulações. Fonte da classificação: (Carvalho *et al.*, 2004).

Em relação às correlações fenotípicas, foram observadas 45 correlações (Figura 2) que foram classificadas de acordo com Carvalho *et al.* (2004), sendo nove (9) perfeitas, cinco (5) fortíssimas, treze (13) fortes, onze (11) médias e sete (7) fracas. A teobromina possui correlação forte com o rendimento de teobromina. Existe correlação fenotípica negativa forte de teobromina com catequina e epicatequina. Apesar de serem compostos do metabolismo secundário, as vias de biossíntese dos compostos fenólicos (catequina e epicatequina) e de alcaloides derivam de compostos diferentes, não havendo uma regulação direta entre a produção de um com a degradação do outro. Este fato pode estar relacionado com a maturação dos frutos, que possuem teores menores de teobromina em frutos maduros (Schimpl *et al.*, 2014). A correlação entre teobromina e cafeína foi considerada fraca. Assim como, Cardozo Junior *et al.* (2010a), com correlação negativa entre cafeína e teobromina (-0.84) em progênies de erva-mate. Esta diferença entre as correlações fenotípicas de teobromina e cafeína entre as espécies de guaraná e erva-mate são mais uma evidência de diferenças no metabolismo de metilxantinas entre essas espécies. Ao obter a cafeína sintase recombinante (PcCS) do guaraná, Schimpl *et al.* (2014) mostraram que o guaranazeiro apresenta características peculiares no controle da biossíntese da cafeína. Os genótipos mais produtivos CIR815, CIR904 e BRS-CG372 apresentaram altos teores de cafeína, devido à correlação fenotípica forte entre cafeína e produtividade de sementes secas. No guaraná, a catequina e epicatequina tem fortíssima correlação fenotípica, e forte correlação negativa com a teobromina.

Foram observadas 45 correlações genéticas (Figura 2) que foram classificadas de acordo com Carvalho *et al.* (2004), sendo nove (9) perfeitas, duas (2) fortíssimas, onze (11) fortes, dez (10) médias e treze (13) fracas. Os coeficientes de correlação fenotípica foram significativos ($p < 0,05$) para correlações superiores à $r=0,64$. A teobromina possui correlação genética forte com rendimento de teobromina, e negativa para catequina e epicatequina, produtividade de sementes secas, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina. O coeficiente de correlação entre produtividade de sementes secas e rendimento de catequina foi considerado forte e entre produtividade de sementes secas e rendimento de epicatequina, médio. Para catequina e epicatequina, a correlação genética foi forte (0,89) e a fenotípica fortíssima (0,94). Isso se deve provavelmente à pleiotropia, e assim a planta com alto teor de catequina provavelmente terá alto teor de epicatequina, como a cultivar BRS Maués e o clone CMU874. E o inverso também, como a cultivar BRS-CG372 e o clone CMU952 que tiveram os menores valores de catequina e epicatequina. Provavelmente os mesmos genes são responsáveis por regulação enzimática nas rotas metabólicas de catequina e epicatequina. Isso explicaria a forte correlação genética. Ao utilizar caracteres com forte correlação genética com a produtividade, como a cafeína, obtém-se ganhos genéticos rapidamente para serem usadas como parâmetro de pré-seleção de genótipos ainda em campo. Desta forma, genótipos com maior produtividade, tendem a ter maior teor de cafeína, como os clones CIR815, CIR904 e a cultivar BRS-CG372. No entanto, a cultivar BRS Maués e o clone CMU874 apresentaram alta produtividade e altos teores de catequina e epicatequina. Os metabólitos secundários, como metilxantinas e catequinas, favorecem de alguma forma na produtividade do guaraná, ou pela proteção contra doenças ou no metabolismo. É interessante que sejam realizados estudos para avaliar como estes compostos agem nas plantas de guaraná.

Para os componentes de variância (Tabela 5) observamos que V_f (variância fenotípica individual) foi superior ao valor de V_e (variância residual) para os caracteres avaliados. A epicatequina teve maior valor para V_g (variância genotípica). A cafeína e os rendimentos rendimento de cafeína, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina também tiveram valores altos de V_g . A variância da interação genótipos x locais (V_{gl}) também contribuiu bastante para os valores de V_f para produtividade de sementes secas, rendimento de teobromina, rendimento de cafeína, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina.

Tabela 5. Estimativa dos componentes de variância (REML individual) para caracteres agroindustriais de oito genótipos de guaraná, em seis ambientes, anos (2015 e 2016) e locais (Manaus, Maués e Rio Preto da Eva), Amazonas/Brasil.

Table 5. Estimation of variance components (individual REML) for agro-industrial characters in eight guarana genotypes, in six environments (three sites and two years) - Manaus, Maués and Rio Preto da Eva, Amazonas/Brazil - 2015 and 2016.

CV	TB	CF	CT	EC	PSS	RTB	RCF	RCT	REC
	(%)	(%)	(%)	(%)		(g/planta)			
V_g	10^{-6}	0,2	0,006	0,24	124004	2×10^{-4}	724,4	42,46	105,56
V_{gm}	0	0,08	0,03	0,002	1778	$4,6 \times 10^{-3}$	4,88	2,14	0,77
V_{gl}	10^{-6}	0,02	0,002	0,05	244744	$2,7 \times 10^{-3}$	755,13	39,62	83,93
V_{glm}	$1,5 \times 10^{-5}$	0,01	0,03	0,03	5299	2×10^{-4}	14,36	14,26	2,231
V_{perm}	$1,5 \times 10^{-5}$	0,01	0,03	0,03	5299	2×10^{-4}	14,36	14,26	2,231
V_e	$8,4 \times 10^{-5}$	0,28	0,14	0,2	1046100	$2,6 \times 10^{-2}$	3258,57	376,33	427,2
V_f	$1,2 \times 10^{-4}$	0,62	0,23	0,6	1427224	$3,4 \times 10^{-2}$	4771,7	489,07	621,94
h^2_g	0,01	0,33	0,03±0,1	0,4	0,1±0,1	0,005	0,15±0,1	0,1±0,1	0,17±0,1
h^2_{mg}	0,13	0,76	0,2	0,9	0,52	0,04	0,68	0,59	0,72
Acgen	0,36	0,87	0,44	0,9	0,72	0,21	0,82	0,77	0,85
R	0,14±0,1	0,38	0,15±0,1	0,56	0,26±0,1	0,09±0,1	0,31±0,1	0,20±0,1	0,31±0,1
MG	0,013	5,5	1,41	1,36	1601	0,17	92,45	25	24,37

TB=Teobromina; CF=Cafeína; CT=Catequina; EC=Epicatequina; PSS=Produtividade de Sementes Secas; RTB=Rendimento de Teobromina; RCF=Rendimento de Cafeína; RCT=Rendimento de Catequina; REC=Rendimento de Epicatequina. CV=Componentes de variância; V_g =Variância genotípica, V_{gm} =Variância da interação genótipos x medições, V_{gl} =Variância da interação genótipos x locais, V_{glm} =Variância da interação genótipos x locais x medições, V_{perm} =Variância dos efeitos permanentes de parcela, V_e =Variância residual, V_f =Variância fenotípica individual, h^2_g = h^2 =Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, h^2_{mg} =Herdabilidade no sentido amplo da média de genótipos. Acgen=Acurácia da seleção de genótipos, r=Repetibilidade individual, MG=Média Geral.

Outro componente importante para a variância fenotípica foi a variância da interação genótipos x locais (V_{gl}) para os caracteres produtividade de sementes secas, rendimento de teobromina, rendimento de cafeína, rendimento de catequina e rendimento de epicatequina mostrando que existe interação GxE. Portanto, a influência ambiental para a maioria dos parâmetros é maior que a influência genética. E evidencia que a expressão do fenótipo é muito influenciada pelo ambiente. Para a cafeína, a V_{gm} (variância da interação genótipos x medições) demonstra a importância no maior número de repetições para que se tenham valores mais precisos para os teores de cafeína. A variância dos efeitos permanentes de parcela (V_{perm}) apresentou valor baixo para todos os caracteres avaliados.

A herdabilidade no sentido amplo da média de genótipos (h^2_{mg}) foi superior à herdabilidade (h^2_g) para todos os caracteres. Os valores de herdabilidade (h^2_g) variaram entre 0,01 para teobromina e 0,43 para epicatequina. Apenas a cafeína e epicatequina tiveram herdabilidade superiores à $h^2_g=0,33$. A produtividade de sementes secas apresentou herdabilidade de $h^2_g=0,09$. A produtividade de sementes secas apresentou herdabilidade ($h^2_{mg}=0,52$). Entre os rendimentos de metabólitos, o rendimento de cafeína e rendimento de epicatequina tiveram os maiores valores. Entre os metabólitos, aos maiores valores foram para epicatequina e cafeína, respectivamente. Ainda assim, a proporção herdável da variabilidade total é alterada pelo efeito do ambiente nos genótipos de guaranazeiro. É normal que as herdabilidades de caracteres quantitativos sejam baixas e isso demanda métodos de seleção mais elaborados. Propomos que seja feita a seleção de genótipos por local com o conhecimento da influência ambiental e recomendação de genótipo para caracteres específicos, ou selecionar genótipos com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade em todos os ambientes.

Os caracteres que tiveram os maiores valores para a acurácia da seleção de genótipos (Ac_{gen}) foram epicatequina, cafeína, rendimento de epicatequina e rendimento de cafeína superiores à 0,85, e para rendimento de catequina ($Ac_{gen}=0,77$). A produtividade de sementes secas apresentou $Ac_{gen}=0,72$. A Ac_{gen} está associada à precisão da seleção para maximizar o ganho genético. Isto mostra a confiabilidade destas características sendo as mais indicadas para a seleção de genótipos de guaranazeiro. Os valores de repetibilidade individual (r) para os caracteres quantitativos avaliados foram baixos com valores entre 0,09 e 0,38, e apenas a epicatequina apresentou repetibilidade maior que 0,50 (0,56). Estes valores de repetibilidade foram baixos. Para ter resultados mais precisos é interessante que sejam utilizados mais anos. Não se conhecia até o momento os parâmetros genéticos referentes à metilxantinas e catequinas no guaranazeiro.

O índice de seleção Mulamba e Mock é amplamente utilizado para selecionar genótipos para rendimento agroindustrial (Tabela 6). Este índice foi efetivo para a seleção de genótipos de guaraná para nove parâmetros simultaneamente O clone CIR815 apresentou o maior ganho com valor superior a 100%, com ganho previsto de 30,16% superior ao clone CIR904. A diferença entre os genótipos CIR904 e BRS Maués foi de 12,47%, e entre BRS Maués para CMU874 foi de 13,92%. Pinto *et al.* (2018) encontraram resultados de superioridade para a cultivar BRS Maués (clone 871), ao avaliar a adaptabilidade e estabilidade em 32 clones de guaranazeiro, em três locais e três anos.

Tabela 6. Classificação média do índice Mulamba-Mock para nove caracteres agroindustriais em oito genótipos de guaraná, em seis ambientes (três locais e dois anos) – Manaus, Maués e Rio Preto da Eva, Amazonas/Brasil – Anos 2015 e 2016.

Table 6. Average rating of the Mulamba-Mock index for nine agro-industrial characters in eight guarana genotypes, in six environments (three locations and two years) - Manaus, Maués and Rio Preto da Eva, Amazonas/Brazil - Years 2015 and 2016.

Ordem	Genótipos	Rank-médio	Ganho	Ganho (%)
1	CIR815	2,22	2,22	102,50
2	CIR904	3,00	2,61	72,34
3	BRS Maués	3,22	2,81	59,87
4	CMU874	3,88	3,08	45,95
5	CMA498	4,44	3,36	34,11
6	BRS-CG372	5,78	3,76	19,71
7	CMA831	6,67	4,18	7,79
8	CMU952	6,78	4,50	0,00

O clone CMA498 teve um valor de ganho previsto considerado, mas com diferença de 68,39% para o 1º na ordem de classificação. Este resultado mostra a superioridade no desempenho dos clones CIR815, CIR904, e a cultivar BRS Maués com ganhos superiores à 50%. Pessoa *et al.* (2023) também utilizaram o índice de Mulamba-Mock para feijão-caupi e selecionaram genótipos com superioridade simultânea para várias características. Este índice possibilitou a obtenção ganhos de seleção simultânea para nove caracteres em guaraná.

4. Conclusão

A cultivar BRS Maués e os clones CIR815, CIR904, e CMU874 agregam simultaneamente alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade com melhores desempenhos individuais. Os clones CIR815, CIR904 e CMU874 são potenciais cultivares futuras e podem ser recomendados e incorporados com maior probabilidade de sucesso em todos os ambientes. Os clones CIR815 e CIR904 são indicados quando o objetivo for produtividade de sementes secas associada a altos teores de cafeína, e a cultivar BRS Maués e o clone CMU874 são indicados quando objetivo for produtividade de sementes secas associada a altos teores de catequina e epicatequina. Existe forte correlação entre o teor de cafeína e a produtividade de sementes secas.

Referências

ALVES, R.M.; SILVA CHAVES, S.F.; NETO, J.L.P.; SANTOS, T.G. Selection of triple-cross *Theobroma grandiflorum* genotypes, aiming at fruit production and resistance to *Moniliophthora perniciosa*. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.15, n.4, e8058, 2020. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v15i4a8058>

AMBROSIO, M.; VIANA, A.P.; CAVALCANTE, N.R.; PREISIGKE, S.D.C.; SANTANA, J.G.S.; CREVELARI, J.A. Coefficient of repeatability, stability, and adaptability estimates for *Psidium guajava* S1 progenies via mixed models. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.45, e-502, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1590/0100-29452023502>

ATROCH, A.L.; NASCIMENTO FILHO, J.F. DO; SANTOS, J.A. DOS; ATROCH, E.M.A.C.; OLIVEIRA, I.J. DE. Avaliação de guaranzeiro em ensaios multi-ambientes pelo modelo GGE BILOT. **Biodiversidade**, v.19, n.4, p.44-56, 2020.

ATROCH, A. L.; DO NASCIMENTO FILHO, F.J. Guarana—*Paullinia cupana* Kunth var. *sorbilis* (Mart.) Ducke. In: **Exotic Fruits**. Academic Press, 2018. p. 225-236. DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-803138-4.00029-0>

BHATTACHARYA, S.; DAS, A.; BANERJEE, J.; MANDAL, S.N.; KUMAR, S.; GUPTA, S. Elucidating genetic variability and genotype x environment interactions for grain iron and zinc content among diverse genotypes of lentils (*Lens culinaris*). **Plant Breeding**, v.141, p.786–800, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbr.13053>

CAPISTRANO, M.D.C.; NETO, R.D.C.A.; SANTOS, V.B. DOS; LESSA, L.S.; RESENDE, M.D.V.; MESQUITA, A.G.G.; GURGEL, F.D.L. Use of the REML/BLUP methodology for the selection of sweet orange genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.56, e02032, p.1–11, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02032>

CARDONA-AYALA, C. E.; ARAMENDIZ-TATIS, H.; CAMACHO, M. M. E. Adaptability and stability for iron and zinc in cowpea by ammi analysis. **Revista Caatinga**, v. 34, n.3, p. 590–598, 1 jul. 2021. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252021v34n310rc>

CARDOZO JUNIOR, E.L., C.M. DONADUZZI, O. FERRARESE-FILHO, J.C. FRIEDRICH, A. GONELA, A. STURION, J. A. Quantitative genetic analysis of methylxanthines and phenolic compounds in mate progenies. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 45, n. 2, 2010, p. 171–177. DOI: 10.1590/S0100-204X2010000200008.

CARVALHO, F.I.F; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 2004. 142p. ISBN 8571922187

CAVALCANTI, V.; MARQUES, M.; NASCIMENTO, W.M. DO; ROCHA, A.W.O.; FERREIRA, I. DE J.; LEÃO, D.P.; FÉLIX, P.H.C.; OLIVEIRA, C.M.C. Effects of guarana (*Paulinia cupana*) properties on antioxidant activity in the body. *European Academic Research*, v.8, n.7, p.4356-4370, 2020.

CRUZ, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum Agronomy*, v.38, p.547-552, 2016. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>

FINOTO, E.L.; SOARES, M.B.B.; CORREIA, A.N.; ALBUQUERQUE, J.A.A.; SILVA, E.S. Sowing times in adaptation, stability, productivity, and oil and protein contents of soybean genotypes1. **Revista Caatinga**, v.34, n.4, p.799-812, 27 set. 2021. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252021v34n407rc>

GONDIM, T. DE A.; GUEDES, J.A.C.; ALVES FILHO, E. DE G.; SILVA, G.S. DA; NINA, N.V. DOS S.; NASCIMENTO FILHO, F.J. DO; ATROCH, A.L.; SILVA, G.F.; LOPES, G.S. DA; ZOCOLO, G.J. Metabolomic approaches to explore chemodiversity in seeds of guaraná (*Paullinia cupana*) using UPLC-QTOF-MS^E and NMR analysis. **Analytical Methods**, v.16, p.1158-1174, 2024. DOI: 10.1039/D3AY01737K.

MACHADO, K.N.; FREITAS, A.A. DE; CUNHA, L.H.; FARACO, A.A.G.; PÁDUA, R.M. DE; BRAGA, F.C.; VIANNA-SOARES, C.D.; CASTILHO, R.O. A rapid simultaneous determination of methylxanthines and proanthocyanidins in Brazilian guaraná (*Paullinia cupana* Kunth.). **Food Chemistry**, v.239, p.180-188, 2018. DOI: 10.1016/j.foodchem.2017.06.089.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the eto blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

NINA, N.V. DOS S.; SCHIMPL, F.C.; NASCIMENTO FILHO, F.J. DO; ATROCH, A.L. Phytochemistry divergence among guarana genotypes as a function of agro-industrial characters. **Crop Science**, v.61, p.443-455, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20331>

PESSOA, A.M.S.; BERTINI, C.H.C.M.; CASTRO, E.B.L.; FREITAS, L.M.; ARAÚJO, L.B.R. Genetic parameters and selection indices of cowpea genotypes for green grain production. **Revista Caatinga**, v.36, n.2, p.310-319, 2023. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252023v36n208rc>

PINTO, C.E.D.L.; ATROCH, A.L.; FAJARDO, J.D.V.; NASCIMENTO FILHO, F.J. Seleção de clones de guaranzeiro para adaptabilidade e estabilidade no estado do Amazonas. **Revista de Ciências Agrárias**, v.61, p.1-7, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.22491/rca.2018.2558>

RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.330-339, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>

ROSA, J.C.; SCAPIM, C.A.; FARIAS, M.V.; UHDRE, R.S.; ZALUSKI, W.L.; SAGAE, V.S. Maize topcrosses for yield performance by additive main effects and multiplicative interaction analysis. **Ciência Rural**, v.52, n.9, p.1-10, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20210286>

SCHIMPL, F.C.; KIYOTA, E.; MAYER, J.L.; GONÇALVES, J.F.C.; SILVA, J.F.; MAZZAFERA, P. Molecular and biochemical characterization of caffeine synthase and purine alkaloid concentration in guarana fruit. **Phytochemistry**, v.105, p.25-36, 2014. DOI: 10.1016/j.phytochem.2014.04.018.

SEMESKANDI, M.N.; MAZLOOM, P.; ARABZADEH, B.; MOGHADAM, M.N.; AHMADI, T. Application of correlation coefficients and principal components analysis in stability of quantitative and qualitative traits on rice improvement cultivation. **Brazilian journal of biology**, v.84, p. e268981, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1590/1519-6984.268981>

SENRA, J.F.B.; SILVA, J.A.; JOSIMAR; ESPOSTI, M.D.D.; DAN, M.L.; ZACARIAS, A.J.; CONCEIÇÃO, A.O.; MILHEIROS, I.S.; SILVA, U.R. Promising conilon coffee trees clones for agroforestry and intercropping systems. **Research Square**, v.1, n.16 p.1-11, 2023. DOI: 10.21203/rs.3.rs-2484897/v1.

SILVA, C.P.; SOARES-FREITAS, R.A.M.; SAMPAIO, G.R.; CAMARGO, A.C. DE; TORRES, E.A.F.S. Guarana as a source of bioactive compounds. **Journal of Food Bioactives**, v.6, 2019. DOI: <https://doi.org/10.31665/JFB.2019.6182>

SILVA, RUAN S.; FARIAS, F.J.; TEODORO, P.E.; CAVALCANTI, J.J.V.; CARVALHO, L.P.; QUEIROZ, D.R. Phenotypic adaptability and stability of herbaceous cotton genotypes in the semiarid region of the northeast of Brazil. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.24, n.12, p.800-805, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v24n12p800-805>

SOUSA, T.J.F.; MOURA ROCHA, M.; DAMASCENO-SILVA, K.J.; MAGALHÃES BERTINI, C.H.C.; SILVEIRA, L.M.; SOUSA, R.R.; SOUSA, J.L.M. Simultaneous selection for yield, adaptability, and genotypic stability in immature cowpea using REML/BLUP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.54, e01234, 2019. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2019.v54.01234>

STRECK, E.A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A.M.; AGUIAR, G.A.; FACCHINELLO, P.H.K.; FAGUNDES, AND P.R.R. Genotypic performance, adaptability and stability in special types of irrigated rice using mixed models. **Revista Ciencia Agronomica**, v.50, n.1, p.66-75, 2019. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20190008>

Author contribution:

Natasha Veruska dos Santos Nina: Análise formal, Investigação, Validação, Escrita – Primeira Redação; Adimir da Rocha Nina Júnior: Análise formal e Investigação; Flávia Camila Schimpl: Curadoria de dados, Metodologia, Recursos, Software, Validação, Escrita – Revisão e Edição; Firmino José do Nascimento Filho: Obtenção de Financiamento, Metodologia, Recursos, Supervisão, Escrita – Revisão e Edição; André Luiz Atroch: Curadoria de dados, Obtenção de Financiamento, Metodologia, Administração do Projeto, Software, Supervisão, Escrita – Revisão e Edição.

Acknowledgment

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, pela infraestrutura, logística e por disponibilizar sua equipe de pesquisadores para orientação da aluna. Ao Laboratório de Ciência de Plantas Daninhas-LCPD/UFAM, ao Dr. José Ferreira da Silva. E ao Laboratório de Purificação de Biomoléculas do Centro de Apoio Interdisciplinar-CAM, e ao Mestre Júlio Nino de Souza Neto.

Financing Sources

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pelo fornecimento de bolsa de doutorado para Natasha Veruska dos Santos Nina. À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), pelo financiamento do custeio e investimento do projeto de pesquisa “Melhoramento genético do guaranazeiro”.

Conflict of Interest

Os autores declaram não haver conflito de interesse.

Associate Editor

Luciana da Silva Borges

ORIGINAL ARTICLE

