



Scientia Agropecuaria

Web page: <http://revistas.unitru.edu.pe/index.php/scientiaagrop>

Facultad de Ciencias
Agropecuarias

Universidad Nacional de
Trujillo

RESEARCH ARTICLE



Identification of stable and high-yielding camu camu genotypes using the multiple phenotypic trait stability index

Identificación de genotipos de camu camu estables y de alto rendimiento mediante el índice de estabilidad de rasgos fenotípicos múltiples

Angelo F. Samanamud^{1,3*} ; Sixto A. Imán^{1,2*} ; Gabriela Del Águila-Reategui¹ ; Badys Chuquizuta-Del Castillo¹ ; José F. Ramírez³ ; Ricardo M. Bardales-Lozano^{1,3}

¹ Direction of Genetic Resources and Biotechnology, San Roque Agricultural Experiment Station, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Iquitos 16001, Perú.

² Academic Department of Ecology and Conservation, Faculty of Forestry Sciences, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana (UNAP), Iquitos 16001, Perú.

³ Academic Department of Soils and Crops, Faculty of Agronomy, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana (UNAP), Iquitos 16001, Perú.

* Corresponding author: asamanamud@inia.gob.pe (A. F. Samanamud); siman@inia.gob.pe (S. A. Imán).

Received: 24 November 2025. Accepted: 5 June 2026. Published: 28 June 2026.

Abstract

Camu camu is an Amazonian fruit shrub from the Myrtaceae family, naturally growing in floodplains of the Amazon basin. Its significance lies in its fruit production, characterized by high vitamin C content and bioactive components. This study aimed to identify promising accessions within the camu camu germplasm collection in the Peruvian Amazon by evaluating multiple morphological traits and high phenotypic stability across different cropping seasons. A panel of 215 individuals from 43 accessions was evaluated over three growing seasons (2021/2022, 2022/2023, and 2023/2024) to identify stable accessions. Twenty-six quantitative descriptors were analyzed, including traits related to leaves, flowers, fruits, seeds, and fruit yield per plant. The Weighted Average of Absolute Scores Biplot (WAASB), based on the Best Linear Unbiased Predictions (BLUPs) of the genotype-environment interaction, was employed to assess the stability of accessions across three growing seasons. Factor analysis was also used to identify relationships among multiple variables. The genotype x environment interaction (GEI) effects were significant for all descriptors, except for °Brix, while environmental effects were significant for most descriptors. A cumulative variance of 74% was explained by eight principal components. The BLUP analysis and WAASB index effectively identified stable camu camu accessions with high agromorphological values, emphasizing their contribution to the genetic variability of the collection. Furthermore, the MET evaluation facilitated the selection of accessions with multiple traits adapted to diverse environments. Results highlight the efficiency of BLUP and WAASB in assessing genotypic stability, resource optimization, and sustainability in breeding programs for this species.

Keywords: Multi-traits; WAASB; promising accessions; *Myrciaria dubia*.

Resumen

El camu camu es un arbusto frutal amazónico de la familia Myrtaceae que crece de forma natural en zonas inundables de la cuenca del Amazonas. Su importancia radica en la producción de frutos con altos contenidos de vitamina C y sus componentes bioactivos. El objetivo de este estudio fue identificar genotipos estables y de alto rendimiento en la colección de germoplasma de camu camu en la Amazonía peruana, evaluando múltiples características morfológicas y alta estabilidad fenotípica en diferentes campañas. En este estudio, se evaluó un plantel de 215 individuos de 43 accesiones en tres campañas de cultivo de 2021/2022; 2022/2023 y 2023/2024, para identificar accesiones estables. Se consideraron 26 descriptores cuantitativos, que incluyeron características de hojas, flores, frutos y semillas, y rendimiento de frutos por planta. Se utilizaron el biplot de promedio ponderado de puntuaciones absolutas (WAASB), basado en las mejores predicciones lineales insesgadas (BLUPs) de la interacción genotipo-ambiente para determinar la estabilidad de las accesiones en las tres campañas productivas y el análisis factorial para identificar relaciones entre múltiples variables. Los efectos de la interacción genotipo x ambiente (GEI) fueron significativos para todos los descriptores, excepto para °Brix. Asimismo, el efecto del ambiente resultó significativo en la mayoría de los descriptores. La varianza acumulada fue de 74% explicada en ocho componentes principales. El análisis BLUP e índice WAASB permitió identificar accesiones estables de camu camu con altos valores agromorfológicos, resaltando su contribución a la variabilidad genética de la colección. Además, la evaluación METs (ensayos multiambientales) permitió seleccionar diez accesiones con múltiples características adaptadas a diferentes ambientes temporales. Los resultados destacan la eficacia de BLUP y WAASB en la evaluación de estabilidad genotípica, optimización de recursos y sostenibilidad de los programas de mejoramiento genético.

Palabras clave: Rasgos múltiples; WAASB; Accesiones promisorias, *Myrciaria dubia*.

DOI: <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2026.043>

Cite this article:

Samanamud, A. F., Imán, S. A., del Águila-Reategui, G., Chuquizuta-Del Castillo, B., Ramírez, J. F., & Bardales-Lozano, R. M. (2026). Identificación de genotipos de camu camu estables y de alto rendimiento mediante el índice de estabilidad de rasgos fenotípicos múltiples. *Scientia Agropecuaria*, 17(3), 619-632.

1. Introducción

El camu camu es un arbusto frutal amazónico de la familia Myrtaceae (Martin et al., 2014). Crece de forma natural en zonas inundables y pantanosas de la cuenca del Amazonas (Santos et al., 2022). El camu camu destaca por su alto contenido de ácido ascórbico (2700 mg / 100 g de pulpa fresca), característica ampliamente documentada en estudios previos y recientemente retomada en investigaciones orientadas a la evaluación rápida de calidad del fruto mediante herramientas digitales (Imán et al., 2011a; Gutiérrez et al., 2025). Revisiones recientes confirman que el perfil funcional del camu camu se asocia no solo con su elevado contenido de ácido ascórbico, sino también con la presencia de polifenoles, flavonoides, antocianinas y derivados del ácido elálgico, compuestos que explican parte de su interés como alimento funcional y materia prima para productos nutraceuticos (Maqsood et al., 2025). Adicionalmente, el camu camu ha sido asociado con propiedades antioxidantes, antiinflamatorias, antimicrobianas, antihiper glucémicas y antihipertensivas, atribuibles a sus compuestos bioactivos. Estos efectos sustentan su potencial como alimento funcional frente a alteraciones metabólicas como obesidad, diabetes y enfermedades cardiovasculares, aunque la evidencia disponible debe interpretarse principalmente como potencial biofuncional y no como efecto terapéutico concluyente (Fidelis et al., 2020; Londoño-Hernández et al., 2022). Consumido principalmente en forma de jugo, su pulpa también se utiliza en la elaboración de bebidas, cápsulas liofilizadas y para la extracción de compuestos con beneficios para la salud (Hernández et al., 2011; Guimarães et al., 2023). Se destaca entre las especies frutales amazónicas por su alto potencial económico y social.

Estudios recientes en la Amazonía peruana han confirmado la utilidad de los bancos ex situ de camu camu para la conservación y el mejoramiento genético. En una colección de 43 accesiones silvestres mantenidas durante 36 años, se evidenció variabilidad fenotípica moderada, con mayor variación en caracteres reproductivos, especialmente de fruto y semilla, lo que refuerza la importancia de estos rasgos para la selección de materiales promisorios (Imán et al., 2025). Más recientemente, los análisis moleculares en poblaciones silvestres de la Amazonía peruana han evidenciado una estructura genética asociada a cuencas hidrográficas, con diferenciación entre poblaciones y presencia de reservorios genéticos particulares, como el caso de Putumayo. Estos resultados sugieren que la selección de accesiones promisorias debe considerar no solo

el desempeño fenotípico, sino también la procedencia genética y la representatividad de las unidades de conservación (Mejía de Loayza et al., 2026). Sin embargo, la identificación de accesiones superiores mediante caracterización fenotípica o genética no garantiza por sí sola su valor agronómico estable, ya que el desempeño de los genotipos puede variar entre años, localidades o condiciones edafoclimáticas debido a la interacción genotipo $\times$ ambiente. Por ello, en especies con potencial de domesticación y mejoramiento, resulta necesario complementar la caracterización del germoplasma con análisis de estabilidad y adaptación en ensayos multiambientales (Yan & Kang, 2002; Olivoto et al., 2019b; Argaw et al., 2025; Pour-Aboughadareh et al., 2025a).

Cuando se evalúan varios genotipos en múltiples ambientes, además de los efectos aditivos del genotipo y el ambiente, surge un tercer componente: la interacción genotipo $\times$ ambiente (GEI). Este fenómeno refleja las discrepancias en la respuesta de un genotipo bajo diferentes condiciones ambientales (Olivoto et al., 2019b; Zhang et al., 2019). Por ejemplo, mientras algunos genotipos muestran respuestas variables según el ambiente, otros mantienen una respuesta constante (Zhang et al., 2016). La GEI también puede manifestarse de manera cuantitativa, mediante la expansión o contracción de la escala entre los distintos ambientes, sin modificar el orden relativo de clasificación de los genotipos (Megerssa et al., 2024; Olivoto et al., 2019b). En años recientes, el análisis de METs ha avanzado desde enfoques clásicos basados en análisis de varianza (ANOVA), modelos de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y Genotipo + Interacción Genotipo $\times$ Ambiente (GGE) hacia modelos mixtos lineales, modelos espaciales y estructuras factor-analíticas, especialmente útiles cuando los datos son desbalanceados, incompletos o proceden de redes experimentales complejas. Esta transición metodológica es relevante para especies perennes y colecciones de germoplasma, donde no siempre se dispone de datos perfectamente balanceados entre accesiones, campañas y ambientes (Argaw et al., 2025).

En este contexto, se considera que un genotipo es estable si su comportamiento en distintos ambientes es paralelo al promedio de respuesta de todos los genotipos evaluados (Yan & Kang, 2002). Sin embargo, la selección de genotipos altamente estables presenta desafíos significativos, especialmente cuando los fitomejoradores deben evaluar múltiples rasgos bajo condiciones de múltiples ambientes (Mu et al., 2024; Olivoto et al. 2019b). En este sentido, los índices multicaracterísticos de estabilidad (MTSI) y sus variantes integradas con parámetros de

estabilidad, han ganado relevancia porque permiten seleccionar genotipos superiores considerando simultáneamente desempeño medio, estabilidad y múltiples rasgos agronómicos, reduciendo el riesgo de elegir materiales sobresalientes en un solo carácter, pero deficientes en otros (Pour-Aboughadareh et al., 2025b). Este problema es particularmente crítico en especies perennes, donde los largos intervalos generacionales y la baja intensidad de selección incrementan la complejidad del proceso de mejora genética (Seyum et al., 2022). Este desafío requiere la implementación de modelos estadísticos robustos que permitan analizar la interacción genotipo $\times$ ambiente, estimar la estabilidad fenotípica y seleccionar materiales superiores considerando simultáneamente el desempeño medio y múltiples caracteres de interés (Abdelghany et al., 2021; Pour-Aboughadareh et al., 2025b). Frente a esta problemática, los ensayos multiambientales (METs), como los propuestos por Yan & Kang (2002), se destacan como una herramienta efectiva para identificar genotipos con mínima variabilidad temporal y una consistencia comprobada entre distintas ubicaciones. Estos ensayos permiten la evaluación integral de conjuntos de genotipos en diversos ambientes (ambientes temporales o campañas productivas), proporcionando información crítica para programas de mejoramiento genético (Abdelghany et al., 2021; Verma & Singh, 2021). La tendencia reciente no es depender de un único índice de estabilidad, sino combinar enfoques complementarios. Los modelos mixtos basados en BLUP permiten estimar efectos genotípicos con mayor precisión, mientras que índices como WAASB o MTSI integran estabilidad, desempeño medio y múltiples caracteres, aportando una base más robusta para la selección de genotipos promisorios (Rajaprakasam et al., 2025). Además, la interpretación de la GEI puede fortalecerse mediante la caracterización ambiental o "envirotyping", que permite describir con mayor precisión las condiciones que diferencian los ambientes de evaluación como por ejemplo múltiples campañas. En el caso del camu camu, esta aproximación podría ser especialmente útil debido a la influencia de la dinámica hídrica, el régimen de inundación, la fertilidad del suelo y las variaciones interanuales sobre la expresión de caracteres de fruto y rendimiento (Amin et al., 2025). De manera complementaria, los enfoques de predicción genómica que incorporan la interacción $G \times E$ representan una línea emergente para mejorar la selección en programas de mejoramiento, especialmente cuando se dispone de información

fenotípica, ambiental y molecular acumulada en redes de evaluación (Xavier et al., 2025).

Los METs son herramientas esenciales para programas de mejoramiento vegetal, al posibilitar la selección de genotipos superiores utilizando datos de múltiples rasgos y ambientes (multi-ambientes temporales). Por ello, el objetivo de este estudio fue identificar accesiones promisorias en la colección de germoplasma de camu camu en la Amazonía peruana, evaluando múltiples características morfológicas y alta estabilidad fenotípica en diferentes campañas, con miras a garantizar la sostenibilidad y productividad del programa de mejoramiento genético de esta especie.

2. Metodología

Sitio experimental

En el presente estudio, se evaluaron 43 accesiones de camu camu de la colección de germoplasma del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Campo Experimental "El Dorado", Loreto, Perú, ubicada a 3° 57' 1.2" N y 73° 24' 58.67" W. La información sobre la procedencia de las accesiones se describe en la **Tabla 1**. Las distribuciones medias de la precipitación, temperaturas máximas y mínimas a lo largo del periodo de la investigación, se detallan en la **Figura 1** (SENAMHI, 2025).

Material vegetal

El material vegetal utilizado en este estudio consistió en plantas adultas de camu camu (*Myrciaria dubia*) originalmente establecidas por semilla en la localidad de Muyuy en 1988. Cada accesión estuvo conformada por 10 plantas genéticamente diferentes entre sí, al tratarse de progenies sexuadas. Ante el riesgo de pérdida de esta colección por erosión fluvial, en 2005 se trasladó al campo experimental El Dorado, ubicado en suelos de altura, utilizando propagación vegetativa por acodos aéreos. De esta forma, se conservó una copia genética de cada planta de las accesiones originales (Imán & Samanamud, 2021). Actualmente, año 2026, la colección está compuesta por 430 plantas correspondientes a 43 accesiones de camu camu de hábito arbustivo.

La evaluación de las plantas se llevó a cabo en tres campañas productivas: C1 (agosto 2021 a abril 2022) C2 (agosto 2022 a abril 2023) y C3 (agosto 2023 a abril 2024). El diseño de instalación de la colección consideró una siembra sistemática, con distanciamientos de 3 m entre plantas y 3 m entre líneas, asegurando condiciones para el desarrollo y la evaluación de las características agro-morfológicas y productivas.

Tabla 1

Origen geográfico y codificación de 43 accesiones de camu camu del Banco de Germoplasma del INIA, Loreto, Perú

Código de accesión	Localidad	Cuenca	Latitud (S)	Longitud (O)	Altitud (m s.n.m.)
PER1000383	Lago Supay	Ucayali	-4.91150	-73.71809	122
PER1000384	Cocho Yarina	Ucayali	-5.20212	-73.89166	105
PER1000385	Cocho Uvos	Amazonas	-4.30883	-73.28069	95
PER1000386	Pisco	Nanay	-3.90494	-73.79197	111
PER1000387	Tramo Santa Maria - Pisco	Nanay	-3.90490	-73.74480	101
PER1000388	Santa Maria De Nanay	Nanay	-3.88642	-73.69771	100
PER1000389	Santa Maria De Nanay	Nanay	-3.88642	-73.69771	100
PER1000390	Santa Maria De Nanay	Nanay	-3.88642	-73.69771	100
PER1000391	Santa Maria De Nanay	Nanay	-3.88642	-73.69771	100
PER1000392	Boca Rio Pintuyacu	Nanay	-3.87770	-73.67220	98
PER1000393	Tramo Anguilla - Samito	Nanay	-3.87990	-73.64670	99
PER1000394	Tramo Samito - Yarina	Nanay	-3.85510	-73.58460	105
PER1000395	Tramo Yuto - Mishana	Nanay	-3.88970	-73.51810	106
PER1000396	Llanchama	Nanay	-3.85770	-73.51810	92
PER1000397	Nina Rumi	Nanay	-3.84521	-73.38702	92
PER1000398	San Antonio	Itaya	-3.79518	-73.30477	110
PER1000399	Cocho Tipishca Caserio Union	Itaya	-4.04940	-73.37030	106
PER1000400	Quebrada Tipishca Caserio Union	Itaya	-3.74927	-73.25946	104
PER1000401	Quebrada Manzanillo	Itaya	-3.78140	-73.25380	86
PER1000402	Caserio Estiron - Ampiyacu	Amazonas	-3.31890	-71.86400	95
PER1000403	Apayacu	Amazonas	-3.42940	-72.09980	95
PER1000404	Rio Oroza	Napo	-3.64540	-72.40270	95
PER1000405	Francisco De Orellana	Napo	-3.41926	-72.76512	85
PER1000406	Caño Boyador	Napo	-3.41926	-72.76512	85
PER1000407	Cocho Sahua	Ucayali	-4.91150	-73.71810	122
PER1000408	Cocho Sahua	Ucayali	-4.91150	-73.71810	122
PER1000409	Caserio Esperanza - Tahuayo	Amazonas	-4.21007	-73.20404	90
PER1000410	Quebrada Tamshiyacu	Amazonas	-4.00708	-73.15370	101
PER1000411	Cocho Tipishca	Itaya	-4.04940	-73.37030	106
PER1000412	Union Cocho-Rio Itaya	Itaya	-4.13310	-73.39780	99
PER1000413	Pelejo Cocho - Rio Itaya	Itaya	-4.10580	-73.39060	98
PER1000414	Nuñez Cocho	Napo	-3.36640	-72.83000	97
PER1000415	Lago Yurac Yacu	Napo	-3.36830	-72.99280	111
PER1000416	Cocho Tipishca - Rio Tigre	Tigre	-3.67140	-74.58000	138
PER1000417	Pava Cocho - Rio Tigre	Tigre	-3.70080	-74.57440	120
PER1000418	Huacamayo Cocho - Rio Tigre	Tigre	-3.84280	-74.37280	118
PER1000419	Tostado Cocho	Curaray	-2.30440	-74.22890	140
PER1000420	Urco Cocho	Curaray	-2.34640	-74.15280	148
PER1000421	Chavarrea Cocho	Curaray	-2.34110	-74.12360	156
PER1000422	Tipishca Cocho	Curaray	-2.36000	-74.12080	170
PER1000423	Cedro Cocho	Putumayo	-2.39780	-72.62720	169
PER1000424	Coto Lago	Putumayo	-2.46890	-72.52110	125
PER1000425	28 De Octubre	Napo	-3.38530	-72.97280	110

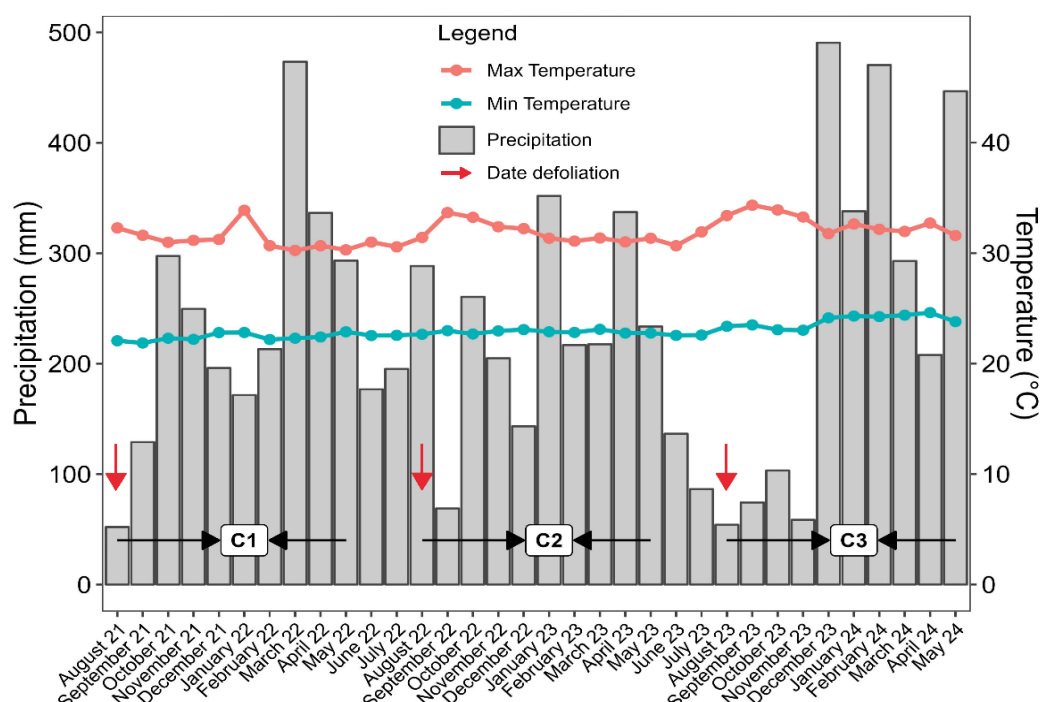


Figura 1. Distribución promedio de las temperaturas máximas, mínimas y de la precipitación durante las tres campañas de 8 meses de evaluación (C1, C2 y C3), Campo Experimental "El Dorado", EEA. San Roque- Loreto, INIA. Fuente: Estación meteorológica "Moralillo", SENAMHI, Loreto (SENAMHI, 2025).

Tratamientos del cultivo

La fertilización química aplicada por campaña constó de 120 g de N por planta, 90 g por planta de P_2O_5 y 90 g por planta de K_2O . Se aplicó la fertilización orgánica complementaria con estiércol de aves de corral a la dosis de 5 kg por planta al año. El deshierbo se realizó mensualmente. También se implementó un control fitosanitario mediante la aplicación de rotenona 10%, en dosis de 1‰, orientado al control de *Tuthillia cognata* (Homoptera), conocida como "piojo saltador"; *Conotrachelus dubiae* (Coleoptera), conocido como "picudo del fruto" y *Edessa* sp. (Hemiptera). Adicionalmente, se realizaron remociones de plantas parásitas como "suelta con suelta", de forma mensual como parte del mantenimiento fitosanitario de la especie.

Tratamientos de sincronización de la fenología reproductiva

El camu camu (*Myrciaria dubia*), frutal amazónico de alto valor agronómico, presenta una marcada asincronía fenológica, evidenciada por la coexistencia simultánea de botones florales, flores abiertas y frutos en distintos estados de desarrollo. Esta condición dificulta la planificación y el manejo productivo. Para regular su fenología reproductiva y promover una mayor uniformidad, se implementó una estrategia combinada de poda anual, mediante la eliminación de ramas terminales superiores a 3

metros, y defoliación inducida con cianamida hidrogenada (H_2CN_2), aplicada a una dosis de 30 ml/L de agua, según el protocolo descrito por **Imán & Samanamud (2021)**. Las evaluaciones de caracterización se llevaron a cabo desde el inicio de la floración hasta la cosecha. La aparición de los botones florales se produjo a los 105 días, la floración a los 120 días, el inicio de cosecha a los 210 días y fin de cosecha a los 240 días, en inicio de la cosecha se produjo en el mes de marzo, finalizando en los meses de abril de cada campaña.

Determinación de variables descriptores

Se evaluaron descriptores agromorfológicos según lo establecido por **Imán et al. (2022)**. El análisis consideró 26 descriptores cuantitativos, que incluyeron características de hojas, flores, frutos y semillas, y rendimiento de frutos por planta (**Tabla 2**).

Análisis de datos

Los datos fueron analizados utilizando paquetes avanzados del software R (**R Core Team, 2023**). Para la estimación de estabilidad fenotípica se basó en la mejor predicción lineal insesgada (BLUP) y la estabilidad basados en múltiples rasgos (WAASB) y el análisis factorial (FA); de esta manera se pudo calcular los siguientes parámetros: Prueba de razón de verosimilitud genotípica y de la interacción genotipo-ambiente, varianza genotípica, varianza de la interacción genotipo-ambiente, varianza

ambiental; para lo cual se empleó el paquete metan (Olivoto & Lucio, 2020), siguiendo la metodología descrita por Olivoto et al. (2019a); el análisis factorial se interpretó de acuerdo con criterios multivariados convencionales (Hair et al., 2019; Tabachnick & Fidell, 2013) y para garantizar la calidad visual de los gráficos, se utilizó el paquete ggplot2 (Wickham, 2016).

3. Resultados y discusión

La prueba de razón de verosimilitud (PRV) demostró la existencia de una amplia variabilidad genética entre genotipos para la mayoría de los descriptores foliares, florales, de fruto, semilla y rendimiento. Esta condición es esencial para el éxito de programas de selección y coincide con lo reportado en estudios de camu camu, donde la diversidad fenotípica y genética sustenta procesos de domesticación y mejoramiento genético (Pinedo-Panduro et al., 2014; Pinedo-Panduro, 2010, 2017).

En particular, el rendimiento por planta (Renplan) y la masa de fruto (Mafru) destacaron no solo por presentar efectos genotípicos significativos, sino también por exhibir una alta varianza genética (V_g) y una razón de verosimilitud altamente significativa (PRV_g) (Tabla 3). Estos rasgos, íntimamente ligados al potencial productivo y económico de la especie, constituyen criterios prioritarios en la selección de

accesiones. Estudios previos en camu camu demostraron que caracteres relacionados con el número y masa de frutos, así como la masa de pulpa, presentan repetibilidades y heredabilidades elevadas, permitiendo identificar genotipos superiores con alta precisión (Oliva & Resende, 2008; Pinedo-Panduro, 2017). Sin embargo, se observó también un efecto significativo de la interacción genotipo $\times$ ambiente ($G \times E$) en Renplan y Mafru, lo cual indica que el desempeño de los genotipos varía según las condiciones ambientales. En este contexto, la selección debe enfocarse no solo en el rendimiento medio, sino también en la estabilidad fenotípica a través de ambientes, empleando metodologías basadas en BLUP y análisis de estabilidad (WAASB) para identificar accesiones productivas y consistentes (Oliva & Resende, 2008; Pinedo-Panduro, 2017).

Por contraste, caracteres como el ancho de la base de la hoja (Anbase) o el pH del fruto mostraron efectos genotípicos no significativos y una elevada contribución de la varianza ambiental (V_e), lo cual evidencia su limitada utilidad como criterio de selección. Estos rasgos, al depender en gran medida de factores ambientales o de manejo, no garantizan un avance genético estable, situación ya reportada en estudios de variabilidad genética en especies perennes donde caracteres morfológicos secundarios mostraron baja heredabilidad y reducida importancia práctica (Costa et al., 2005).

Tabla 2

Características cuantitativas evaluadas y códigos

Órgano de la planta	Descriptor	Código
Hoja	Ancho de la base (cm)	Anbase
	Longitud de la hoja (cm)	Lonhoja
	Ancho de la hoja (cm)	Anchoja
	Longitud de peciolo (cm)	Lonpeci
Flor	Longitud de pedicelo (cm)	Lonpedi
	Ancho del receptáculo (cm)	Anchore
	Ancho de sépalo (cm)	Ansepa
	Longitud del sépalo (cm)	Lonsepa
	Longitud del pétalo (cm)	Lonpe
	Ancho del pétalo (cm)	Anpe
	Longitud de estambre (cm)	Lonesta
	Longitud de estilo (cm)	Lones
Fruto	Longitud del fruto (cm)	Lonfru
	Diámetro del fruto (cm)	Diafru
	Masa del fruto (g)	Mafru
	Masa de la cáscara (g)	Macas
	Masa de semillas/fruto (g)	Masefru
	Masa de la pulpa (g)	Mapul
	Número de semillas/fruto	Nuse
	Grados Brix de pulpa	Brix
	Potencial de hidrogeno de pulpa	Php
Semilla	Masa de semilla (g)	Masemi
	Longitud de la semilla (cm)	Lonse
	Ancho de la semilla (cm)	Anse
	Espesor de semilla (cm)	Espese
Rendimiento	Rendimiento de frutos por planta (kg)	Renplan

Tabla 3
Resultados del análisis BLUP de 26 descriptores agromorfológicos de *Myrciaria dubia* en tres campañas productivas de la colección de germoplasma del INIA

Descriptor	PRV _g	PRV _{ge}	V _g	V _{ge}	V _e	CMe	CMe/b	Campaña productiva			Promedio
								C1	C2	C3	
Lonhoja	7,40**	76,90***	0,109	0,228	0,444	1,36ns	0,92*	8,48	8,50	8,62	8,534 ± 0,885
Anchoja	11,50***	59,30***	0,024	0,035	0,082	1,18***	0,12ns	3,59	3,25	3,12	3,319 ± 0,424
Lonpeci	33,40***	5,90*	0,004	0,001	0,011	0,01ns	0,01ns	0,66	0,65	0,67	0,66 ± 0,124
Anbase	0,39ns	18,09***	0,004	0,029	0,155	1,76***	0,15ns	2,21	2,06	1,72	1,995 ± 0,477
Lonpedi	4,10*	92,10***	0,000	0,002	0,003	0,07***	0,02***	0,33	0,37	0,33	0,341 ± 0,072
Anchore	0,00ns	108,00***	0,000	0,003	0,005	0,07***	0,02***	0,58	0,63	0,57	0,593 ± 0,091
Ansepa	5,70*	63,90***	0,000	0,001	0,002	0,025***	0,01***	0,32	0,33	0,33	0,327 ± 0,051
Lonsepa	3,10ns	59,70***	0,000	0,001	0,002	0,001**	0,01***	0,22	0,20	0,23	0,215 ± 0,051
Lonpe	0,00ns	99,90***	0,000	0,001	0,002	0,05***	0,01*	0,36	0,40	0,34	0,366 ± 0,060
Anpe	0,40ns	104,90***	0,000	0,001	0,002	0,03***	0,01*	0,42	0,35	0,37	0,380 ± 0,060
Lonesta	0,70ns	183,00***	0,001	0,010	0,009	0,02ns	0,00ns	0,95	0,99	0,96	0,967 ± 0,142
Lones	0,10ns	205,90***	0,000	0,008	0,006	0,01ns	0,01**	1,14	1,16	1,12	1,137 ± 0,118
Lonfru	18,43***	7,94**	0,005	0,003	0,026	0,10ns	0,01ns	2,48	2,49	2,47	2,482 ± 0,182
Diafru	23,41***	5,31*	0,007	0,003	0,031	0,09ns	0,03ns	2,67	2,66	2,64	2,657 ± 0,202
Mafru	49,18***	15,95***	1,090	0,297	1,730	7,01*	1,12ns	10,18	11,21	10,58	10,65 ± 1,802
Macas	11,10***	8,71**	0,013	0,011	0,090	1,29***	0,08ns	1,41	1,78	1,76	1,648 ± 0,377
Masefru	1,55ns	12,51***	0,009	0,029	0,195	0,66*	0,31ns	1,75	1,88	1,68	1,772 ± 0,489
Mapul	29,25***	6,57*	0,683	0,227	2,260	9,51*	0,94ns	6,82	7,48	6,93	7,076 ± 1,790
Brix	8,77**	2,17ns	0,083	0,045	0,852	15,27***	0,55ns	6,51	6,34	5,44	6,097 ± 1,090
pH	2,50ns	10,65**	0,001	0,002	0,013	0,19***	0,02ns	2,86	2,80	2,92	2,859 ± 0,132
Masemi	13,15***	5,34*	0,004	0,003	0,029	0,02ns	0,02ns	0,73	0,70	0,70	0,709 ± 0,188
Nuse	5,10*	5,29*	0,022	0,026	0,287	0,72ns	0,32ns	2,75	2,97	2,74	2,821 ± 0,588
Lonse	5,23*	4,20*	0,002	0,002	0,020	0,07*	0,01ns	1,54	1,49	1,48	1,504 ± 0,153
Anse	12,71***	3,92*	0,002	0,001	0,012	0,04*	0,02ns	1,21	1,18	1,16	1,183 ± 0,123
Espese	3,90*	8,91**	0,000	0,000	0,002	0,03**	0,00ns	0,51	0,50	0,48	0,50 ± 0,049
Renplan	110,45***	112,37***	53,700	8,210	11,700	373,70***	4,90ns	7,24	13,38	14,61	11,74 ± 9,081

*. **, *** Significativo al 5, 1 y 0,1%; ns no significativo.
PRV_g = Prueba de razón de verosimilitud genotípica y PRV_{ge} = Prueba de razón de verosimilitud de la interacción; V_g = varianza genotípica; V_{ge} = varianza de la interacción ge; V_e = varianza ambiental; CMe y CMe/b = cuadrados medios residuales y la repetición dentro del entorno, respectivamente.

En el caso de descriptores de calidad, como los sólidos solubles ($^{\circ}\text{Brix}$), la ausencia de interacción $\text{G} \times \text{E}$ refuerza su utilidad como un criterio estable y confiable para selección. Este resultado concuerda con lo descrito por **Oliva & Resende (2008)**, quienes resaltaron que algunos caracteres de calidad en camu camu pueden ser seleccionados con relativa independencia del ambiente, lo que facilita su incorporación en programas de mejoramiento orientados al mercado.

En conjunto, los resultados sugieren que la estrategia de selección debe priorizar caracteres con alta varianza genética y significancia genotípica (Renplan, Mafru, Mapul, Nuse), complementados con indicadores de calidad estables ($^{\circ}\text{Brix}$), mientras que rasgos dominados por la varianza ambiental (Anbase, pH) deberían tener un peso secundario o descartarse como criterios de selección. La integración de metodologías de BLUP y análisis multiambientales permite optimizar la identificación de accesiones superiores, combinando alto rendimiento, calidad de fruto y estabilidad fenotípica, lo cual es fundamental para consolidar el mejoramiento genético sostenible del camu camu en la Amazonía.

El rendimiento por planta (Renplan) y la masa del fruto (Mafru) son descriptores clave en camu camu por su correlación positiva y relevancia económica (**Tabla 3**), al incidir directamente en la productividad y el aprovechamiento de la pulpa (**Imán et al., 2022; Pinedo-Panduro et al., 2014**). La selección de accesiones que combinen alto rendimiento y frutos de mayor tamaño constituye un criterio fundamental para identificar plantas promisorias con fines de mejoramiento genético y conservación. El promedio general de Renplan fue de $11,74 \pm 9,081$ kg/planta. Durante la tercera campaña productiva (C3) se obtuvo el mayor rendimiento, con un valor de 14,61 kg por planta, mientras que la campaña menos productiva fue la C1 (7,24 kg por planta), probablemente a la menor precipitación acumulada entre diciembre de 2021 y enero de 2022, periodo donde inicia la fructificación, generalmente entre los 120 y 150 días después de la defoliación (**Figura 1**), esta relación de la productividad y clima también se observa en otros frutales tropicales (**Garay-Peralta et al., 2024; Cárdenas-González et al., 2017 y Bustamente-González et al., 2015**). No obstante, el fenómeno de la alternancia en la productividad del camu camu se ha descrito por **Imán & Melchor (2007)**.

En cuanto al registro de Renplan en camu camu, no se han encontrado reportes científicos previos sobre la producción por planta en individuos adultos

mayor a 20 años. Este hallazgo representa un registro inédito para la especie en condiciones de conservación *ex situ*, lo que subraya su importancia para la preservación y el estudio de la biodiversidad de camu camu.

El promedio general del descriptor Mafru fue de $10,65 \pm 1,802$ g, siendo la C2 donde se reportó el mayor promedio general con 11,21 g y el menor promedio se reportó en la C1. Los resultados obtenidos en el presente estudio están en consonancia con los reportes de **Imán et al. (2011b)**, **Pinedo-Panduro (2010)**, **Chagas et al. (2015)** y **Aguirre-Neira et al. (2020)** quienes obtuvieron valores entre 8,55 y 10,86 g en promedio para el mismo descriptor, para muestras obtenidas en diferentes condiciones de Perú, Colombia y Brasil. Estas investigaciones corroboran patrones similares de comportamiento fenotípico, lo que refuerza la estabilidad de su comportamiento en distintas condiciones de evaluación.

Para todos los descriptores, la proporción de la varianza residual (σ_e^2), fue mayor que la varianza genotípica (σ_g^2) y de la interacción GEI (σ_{ge}^2), a excepción de los descriptores de la flor (Lones y Lonesta). Lo que indica que la varianza ambiental tiene una importante influencia sobre los caracteres agromorfológicos del camu camu (**Figura 2**).

Análisis factorial de descriptores

Se retuvieron ocho componentes principales, y la varianza acumulada en estos componentes fue de 74% (**Tabla 4**). Los 26 descriptores fueron agrupados en los factores (FA) de la siguiente manera: FA1: los descriptores relacionados con la producción Renplan, Macas, Mapul y Masemi con cargas positivas; Lonfru, Diafru, Mafru y Anse con cargas negativas. FA2: los descriptores Lonpedi, Lonpe, Lonesta, Lones, Mafru y Macas (con cargas negativas); Anpe y Diafru (cargas positivas). FA3: los descriptores relacionados con los órganos de la hoja y la flor como Anchoja, Anbase, Anchore, Lonpe y Lones (con carga positiva), Lonsepa, Anpe, Lonesta (con cargas negativas), sumados a los descriptores del fruto Diafru, Mafru, Macas, pH y de la semilla Masemi, también con cargas negativas. El FA4: los descriptores Anchoja, Lonpedi, Anpe, Lonesta y Mafru (con cargas positivas). FA5: los descriptores Lonhoja, Anchore, Ansepa, Anpe y Masemi (cargas positivas). F6: Lonhoja, Anchore, Ansepa y Masefru (cargas negativas). F7: los descriptores del fruto como Macas, Masefru, Mapul y Brix (cargas Las cargas resultantes de una rotación ortogonal varimax representan la relación entre cada descriptor y el factor retenido, y permiten interpretar la agrupación

ción de rasgos dentro de factores comunes; metodológicamente, estas cargas pueden interpretarse como correlaciones entre variables observadas y factores latentes cuando el análisis se basa en una matriz de correlación (Hair et al., 2019; Tabachnick & Fidell, 2013). El procedimiento de rotación varimax y agrupación de rasgos mediante cargas factoriales también ha sido aplicado en índices multicaracterísticos de estabilidad en ensayos multiambientales (Olivoto et al., 2019b).

En los estudios realizados por Chagas et al. (2015), la variabilidad explicada por los dos primeros componentes principales fue del 75%, utilizando 8 descriptores de frutos de 15 poblaciones naturales de camu camu. Este valor es comparable al alcanzado en el presente trabajo. Sin embargo, dichos autores evaluaron únicamente una campaña productiva, mientras que nuestros resultados destacan la robustez de las estimaciones de variabilidad, ya que se obtuvieron a partir de tres campañas productivas.

Desempeño medio predicho

La Figura 3 permitió identificar diferencias claras en el desempeño predicho de las accesiones para Renplan y Mafru. En Renplan, se identificaron 19 accesiones con valores BLUP superiores a la media general, destacando como las ocho de mayor valor predicho PER1000385, PER1000418, PER1000394,

PER1000383, PER1000399, PER1000384, PER1000400 y PER1000396. Estas accesiones representan materiales de interés cuando el objetivo de selección prioriza el rendimiento de fruto por planta.

Para Mafru, también se observaron 19 accesiones con valores predichos superiores a la media general. Entre ellas, las ocho accesiones con mayor masa de fruto predicha fueron PER1000416, PER1000418, PER1000394, PER1000423, PER1000405, PER1000411, PER1000404 y PER1000396. Estas accesiones son relevantes cuando el objetivo del programa prioriza frutos de mayor masa individual.

Al considerar simultáneamente ambos descriptores (Renplan y Mafru), PER1000418, PER1000394 y PER1000396 muestran un perfil productivo más integral, al ubicarse por encima de la media y dentro de las 8 accesiones superiores; no obstante, cabe señalar que las accesiones PER1000385, PER1000398, PER1000405 y PER1000404 también superan la media en ambos descriptores. En contraste, PER1000385 destaca claramente por Renplan, pero no de la misma manera en Mafru, aunque cabe mencionar que si supera la media; mientras que, PER1000416 sobresale por Mafru, pero no por Renplan. Esta diferenciación permite orientar la selección según el objetivo del programa: mayor producción total, mayor masa individual de fruto o una combinación de ambos.

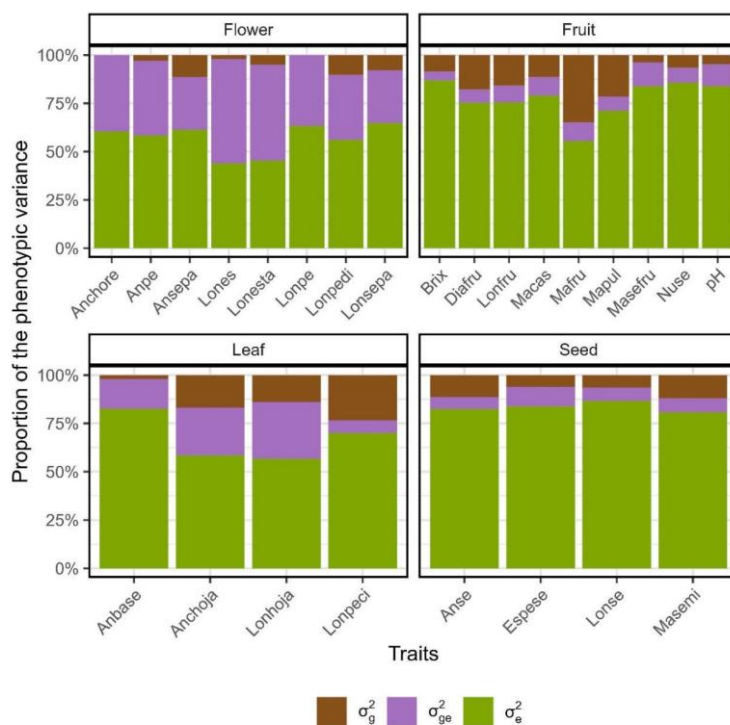


Figura 2. Proporción de la varianza genotípica, G (σ^2_g), ambiental, E (σ^2_e) y de la interacción de $G \times E$ (σ^2_{ge}) de 25 caracteres agromorfológicos de camu camu en tres campañas productivas.

Tabla 4
Valores propios, varianza explicada, cargas factoriales después de la rotación varimax y comunalidades obtenidas en el análisis factorial de 26 descriptores de camu camu

Descriptor	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8
Lonhoja	0,00	-0,07	-0,09	-0,01	0,25	-0,39	-0,32	-0,52
Anchoja	-0,01	0,46	0,36	0,28	0,03	-0,17	0,17	-0,17
Lonpeci	0,09	-0,03	0,11	0,10	0,08	0,09	-0,07	0,08
Anbase	-0,12	-0,04	0,22	0,01	-0,09	0,03	-0,12	0,26
Lonpedi	0,00	-0,37	0,01	0,41	-0,57	0,23	0,22	-0,33
Anchore	0,11	0,07	0,26	-0,28	0,26	-0,26	-0,23	0,57
Ansepa	0,14	0,05	0,15	-0,24	0,51	-0,20	0,27	-0,20
Lonsepa	0,13	0,32	-0,25	-0,01	-0,02	0,25	-0,10	0,42
Lonpe	-0,09	-0,28	0,55	-0,22	0,11	-0,22	-0,17	0,21
Anpe	-0,11	0,68	-0,17	0,31	0,26	0,17	-0,11	0,03
Lonesta	-0,01	-0,36	-0,41	0,74	0,00	-0,26	-0,38	0,15
Lones	-0,05	-0,21	0,45	-0,05	0,21	0,81	0,09	-0,38
Lonfru	-0,17	0,10	0,12	-0,16	-0,05	-0,06	0,24	-0,17
Diafru	-0,21	0,47	-0,16	0,15	-0,27	0,02	0,10	-0,05
Mafru	-0,37	-0,35	-0,21	0,38	0,56	-0,04	1,00	0,22
Macas	0,24	-0,39	-0,07	-0,36	0,09	0,06	-0,59	-0,17
Masefru	-0,01	0,05	0,22	0,02	-0,28	-0,34	-0,04	-0,30
Mapul	0,16	-0,19	-0,03	-0,09	0,15	0,16	-0,44	0,03
Brix	-0,07	-0,14	0,23	-0,01	-0,26	-0,04	-0,30	0,17
pH	-0,09	0,16	-0,22	-0,02	0,27	0,15	0,05	-0,13
Masemi	0,16	-0,02	-0,49	-0,15	0,25	0,52	0,11	0,38
Nuse	-0,05	-0,07	0,12	0,12	0,17	0,16	0,07	0,31
Lonse	0,02	0,02	0,10	-0,04	0,06	-0,14	-0,18	0,00
Anse	-0,22	0,01	0,18	0,43	-0,07	-0,24	0,22	-0,03
Espese	0,01	0,06	0,37	0,07	-0,05	-0,17	0,21	0,00
Renplan	1,05	0,08	0,06	0,10	-0,05	-0,02	0,05	0,08
Autovalores	10,43	3,72	2,95	2,12	1,73	1,67	1,37	1,29
Variancia (%)	30,43	10,86	8,60	6,18	5,05	4,87	3,99	3,78
Acumulada (%)	30,43	41,28	49,88	56,07	61,12	65,99	69,98	73,75

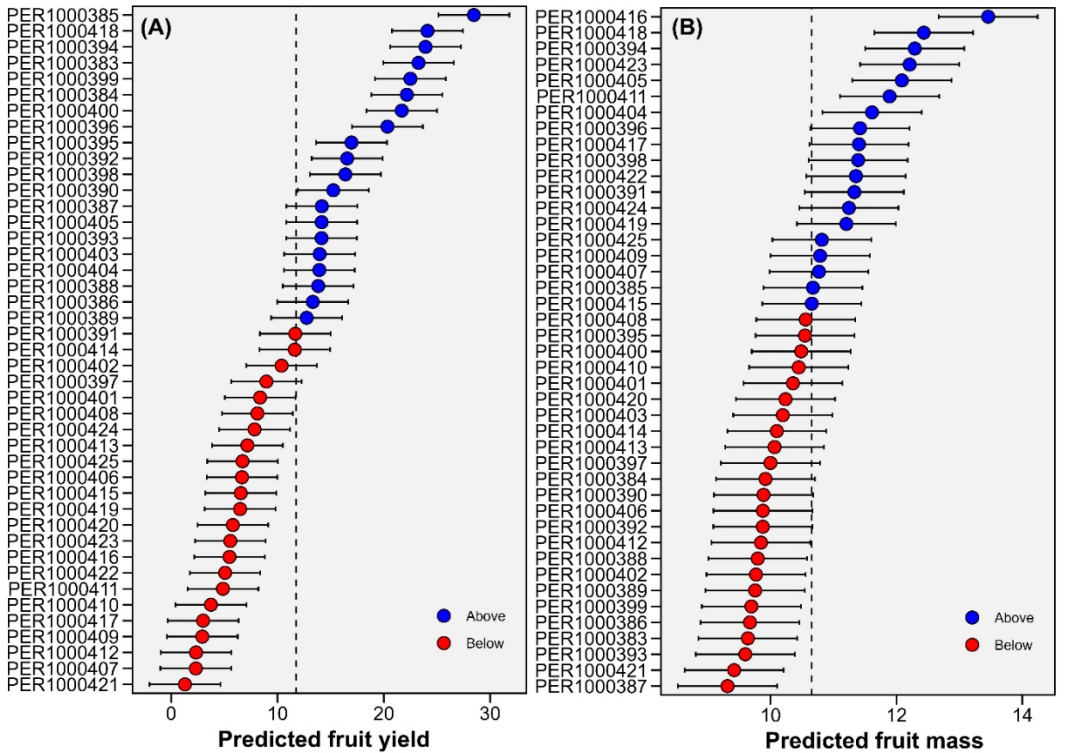


Figura 3. Rendimiento de fruto predicho (mejor predicción lineal no sesgada, BLUP) con intervalo de confianza al 95% para 43 accesiones de camu camu para Renplan y Mafru.

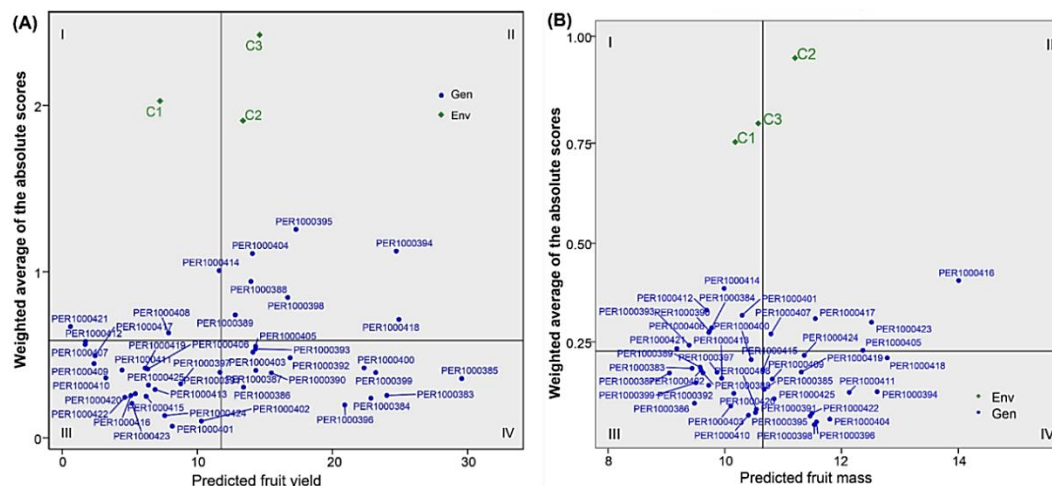


Figura 4. Biplot que muestra el rendimiento frente a la estabilidad de 43 accesiones de camu camu para el Rendimiento de fruto por planta (kg) y la masa promedio del fruto por planta (g).

Desempeño medio y estabilidad de las accesiones seleccionadas

La interpretación conjunta del desempeño medio y la estabilidad (MPS) en relación con Renplan y Mafru se presenta en la **Figura 4**. Las ordenadas (WAASB) permiten cuantificar la estabilidad al considerar todos los valores posibles de las puntuaciones del *i*-ésimo genotipo en el *k*-ésimo eje de componentes principales de interacción (Olivoto et al., 2019b). Se identificaron como menos favorables las accesiones ubicadas en el cuadrante I, debido a que combinan bajo desempeño promedio y altos valores de WAASB, lo que evidencia mayor inestabilidad entre ambientes. En cambio, las accesiones ubicadas en el cuadrante IV para los descriptores Renplan y Mafru se consideran sobresalientes, al presentar promedios superiores y bajos valores de WAASB, condición que refleja mayor estabilidad, adaptabilidad y rendimiento general (Basnet, 2024; Rajaprakasam et al., 2025). Para Renplan, destacan accesiones como PER1000385, PER1000383, PER1000399, PER1000384, PER1000396 y PER1000400.; mientras que para Mafru sobresalen PER1000394, PER1000418, PER1000411, PER1000404, PER1000396, PER1000398, PER1000385, PER1000422, PER1000425 y PER1000419. Este análisis introduce un enfoque innovador, cuya aplicación en cultivos nativos amazónicos, como el camu camu, no ha sido reportada previamente, lo que hace que estos resultados sean de carácter inédito.

Identificación de accesiones altamente productivos y ampliamente adaptados con WAASB

Es importante señalar que la **Figura 3** evidencia desempeño predicho, pero no estabilidad fenotípica; la confirmación de materiales promisorios se integra con los resultados de la **Figura 4**, donde los valores

de WAASB permiten diferenciar accesiones estables de aquellas con mayor sensibilidad ambiental. En consecuencia, las accesiones con BLUP superior en ambos descriptores y bajos valores de WAASB deben priorizarse para validación agronómica y eventual selección clonal, siguiendo el criterio de selección conjunta entre desempeño medio, estabilidad y múltiples caracteres en ensayos multiambientales (Olivoto et al., 2019a; Basnet, 2024; Kirouani et al., 2023; Ribeiro et al., 2024). En ese sentido las accesiones que mostraron mejor desempeño medio predicho (**Figura 3**) y que al mismo tiempo mostraron estabilidad (**Figura 4**) fueron las accesiones PER1000385, PER1000396 y PER1000405

4. Conclusiones

El presente estudio integró herramientas analíticas avanzadas como el modelo BLUP y el índice WAASB para evaluar simultáneamente en el rendimiento y la estabilidad de 43 accesiones de camu camu en ensayos multiambientales (METS). Esta Aproximación permitió identificar accesiones de camu camu con desempeño superior y mayor estabilidad fenotípica en tres campañas productivas, especialmente para rendimiento de fruto por planta y masa de fruto. Estos resultados confirman la utilidad de los modelos mixtos y de los índices de estabilidad para priorizar materiales promisorios dentro de colecciones de germoplasma conservadas ex situ.

Las accesiones seleccionadas PER1000385, PER1000396 y PER1000405, caracterizadas por rendimientos promedio superiores a 12 kg/planta y frutos con masa mayor a 10 g, constituyen materiales candidatos para programas de conservación, validación agronómica y mejoramiento genético. No

obstante, la continuidad de las evaluaciones en escenarios productivos contrastantes contribuiría a sustentar con mayor solidez su potencial agronómico y su estabilidad fenotípica.

Estudios futuros deben integrar mediciones fisiológicas, como fotosíntesis neta, conductancia estomática, eficiencia en el uso del agua, fluorescencia de clorofila, estado hídrico de la planta, dinámica de floración, cuajado de frutos y acumulación de ácido ascórbico, con análisis genómicos y transcriptómicos. Esta integración permitiría identificar genes, rutas metabólicas y mecanismos regulatorios asociados con rendimiento, masa de fruto, estabilidad fenotípica, tolerancia a variaciones ambientales y calidad funcional del fruto.

Contribución de autores

A. F. Samanamud: Conceptualización, Desarrollo o diseño de metodología, Análisis e interpretación de datos, Edición y revisión de texto. **S. A. Imán:** Conceptualización, Desarrollo o diseño de metodología, Análisis e interpretación de datos, Edición y revisión de texto. **R. M. Bardales-Lozano:** Conceptualización, Desarrollo o diseño de metodología, Análisis e interpretación de datos, Edición y revisión de texto. **B. Chuquizuta-Del Castillo:** Registro de datos, Edición y revisión de texto. **G. Del Águila-Reategui:** Registro de datos, Edición y revisión de texto. **J. F. Ramírez:** Análisis e interpretación de datos, Edición y revisión de texto.

Conflictos de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Agradecimientos

Al Instituto Nacional de Innovación Agraria, INIA. Área de Recursos Fitogenéticos Agrícolas y Forestales-SDRG-EEA.SR, por proporcionarnos el acceso a la colección de germoplasma de camu camu. Al Proyecto de Inversión con CUI 2480490, "Mejoramiento de los servicios de investigación en la caracterización de los recursos genéticos de la agrobiodiversidad en 17 departamentos del Perú - ProAgrobio" por el financiamiento de la investigación.

ORCID

A. F. Samanamud  <https://orcid.org/0000-0001-7526-9176>
S. A. Imán  <https://orcid.org/0000-0001-7711-6288>
J. F. Ramírez  <https://orcid.org/0000-0002-9952-1169>
G. Del Águila-Reategui  <https://orcid.org/0000-0001-7753-755X>
B. Chuquizuta-Del Castillo  <https://orcid.org/0000-0002-8624-5759>
R. M. Bardales-Lozano  <https://orcid.org/0000-0003-4442-3024>

Referencias bibliográficas

Abdelghany, A. M., Zhang, S., Azam, M., Shaibu, A. S., Feng, Y., Qi, J., Li, J., Li, Y., Tian, Y., Hong, H., Lamlo, S. F., Li, B., & Sun, J. (2021). Exploring the phenotypic stability of soybean seed compositions using multi-trait stability index approach. *Agronomy*, 11(11), 1–13. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112200>

Aguirre-Neira, J. C., dos Reis, M. S., Cardozo, M. A. R., Raz, L., & Clement, C. R. (2020). Physical and chemical variability of CAMU-CAMU fruits in cultivated and uncultivated areas of the Colombian Amazon. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 42(2), 1–9. <https://doi.org/10.1590/0100-29452020545>

Amin, A., Christopher, J., Cooper, M., Collins, B., Voss-Fels, K., Hickey, L., & Chenu, K. (2025). Envirotyping facilitates understanding of genotype × environment interactions and highlights the potential of stay-green traits in wheat. *Field Crops Research*, 331. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2025.109940>

Argaw, T., Fenta, B. A., Zegeye, H., Azmach, G., & Funga, A. (2025). Multi-environment trials data analysis: linear mixed model-based approaches using spatial and factor analytic models. *Frontiers in Research Metrics and Analytics*, 10. <https://doi.org/10.3389/frma.2025.1472282>

Basnet, B. (2024). Deciphering genetic variability and phenotype expression, assessing drought stress tolerance and multi-trait stability index of (*Vigna radiata*) genotypes in Chitwan, Nepal. *Cogent Food and Agriculture*, 10(1), 1–23. <https://doi.org/10.1080/23311932.2024.2417843>

Bustamante-González, C., Pérez Díaz, A., Rivera Espinosa, R., Martín Alonso, G. M., & Viñals Núñez, R. (2015). Influencia de las precipitaciones en el rendimiento de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner cultivado en suelos Pardos de la región oriental de Cuba. *Cultivos Tropicales*, 36(4), 21–27.

Cárdenas-González, J. H., Zapata-Henao, S., & Sánchez-Torres, J. D. (2017). Análisis productivo de plátano en alta densidad y su relación con la precipitación en Urabá. *Revista Politécnica*, 13(24), 27–35.

Chagas, E. A., Lozano, R. M. B., Chagas, P. C., Bacelar-Lima, C. G., Garcia, M. I. R., Oliveira, J. V., Souza, O. M., Morais, B. S., & Araújo, M. da C. da R. (2015). Variabilidade intraespecífica de frutos de camu-camu em populações nativas na amazônia setentrional. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 15(4), 265–271. <https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a44>

Costa, R. B. da, Resende, M. D. V. de, Contini, A. Z., Rego, F. L. H., Roa, R. A. R., & Martins, W. J. (2005). Avaliação genética de indivíduos de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. *Ciência Florestal*, 15(4), 371–376.

Fidelis, M., do Carmo, M. A. V., da Cruz, T. M., Azevedo, L., Myoda, T., Miranda Furtado, M., Boscacci Marques, M., Sant'Ana, A. S., Inês Genovese, M., Young Oh, W., Wen, M., Shahidi, F., Zhang, L., Franchin, M., de Alencar, S. M., Luiz Rosalen, P., & Granato, D. (2020). Camu-camu seed (*Myrciaria dubia*) – From side stream to an antioxidant, antihyperglycemic, antiproliferative, antimicrobial, antihemolytic, anti-inflammatory, and antihypertensive ingredient. *Food Chemistry*, 310, 125909. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.125909>

Garay-Peralta, I., Villarruel-Fuentes, M., Díaz-Peón, A. L., Chávez-Morales, R., & Herrera-Alarcón, J. (2024). Factores climáticos en el desarrollo y producción de cacao en Úrsulo Galván, Veracruz, México. *Agronomía Mesoamericana*, 35(1), 54337. <https://doi.org/10.15517/am.2024.54337>

Guimarães, P. V. P., Durigan, M. F. B., Chagas, E. A., Grigio, M. L., Silva, T. Í. N. da, Filho, A. A. de M., Marques, C. S., & Mattioni, J. A. M. (2023). Camu-Camu Flour Processed in Conventional Oven and Solar Dryer: Quality Product and Accessible Low Technology Products as an Opportunity to Family Agriculture. *Journal of Agricultural Science*, 15(6), 1. <https://doi.org/10.5539/jas.v15n6p1>

Gutiérrez Cáceres, J. C., Blancas Lopez, P. C. L., Gaviria Huanio, R. E., Ayra Apac, N. C., Panduro Padilla, E., & Agurto Cherre, C. A. (2025). Automated measurement of ascorbic acid levels in camu-camu using Vision Transformer. *Frontiers in Plant Science*, 16. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1540535>

Hair, J. F., Black, W. C., Babin, B. J., & Anderson, R. E. (2019). *Multivariate data analysis*. www.cengage.com/highered

Hernández, M. S., Carrillo, M., Barrera, J., & Fernández-Trujillo, J. P. (2011). Camu-camu (*Myrciaria dubia* Kunth McVaugh). In *Postharvest Biology and Technology of Tropical and Subtropical Fruits*. Woodhead Publishing Limited. <https://doi.org/10.1533/9780857092762.352>

Imán Correa, S., & Melchor Aldana, M. (2007). Tecnología para la producción del camu camu *Myrciaria dubia* (H.B.K.) Mc Vaugh. In INIA (Ed.), *Serie Manual. N° 01-07. INIA*. (Primera, Vol. 1, Number 7). Instituto Nacional de Innovación Agraria.

Imán, C. S., Bravo, Z. L., Sotero, S. V., & Oliva, C. C. (2011a). Vitamin C content in fruits of camu camu *Myrciaria dubia* (H.B.K.) Mc

- Vaugh, in four states of maturation, coming from the Collection of Germoplasma of the INIA Loreto, Peru. *Scientia Agropecuaria*, 2, 123–130. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2011.03.01>
- Imán, C. S., Pinedo, F. S., & Melchor, A. M. (2011b). Caracterización morfológica y evaluación de la colección nacional de germoplasma de camu camu *Myrciaria dubia* (H.B.K) Mc Vaugh del INIA Loreto-Perú. *Scientia Agropecuaria*, 2(4), 189–201.
- Imán, S., Chuquizuta, B., Samanamud, A., & Ochoa, M. (2022). *Descriptores para camu camu Myrciaria dubia* (Kunth) Mc Vaugh (INIA (ed.)).
- Imán, S., & Samanamud, A. (2021). *Guía técnica para el Cultivo de Camu Camu en la Amazonia Peruana*. Instituto Nacional de Innovación Agraria - INIA. Perú.
- Imán, S. A., Samanamud, A. F., Ramírez, J. F., Cobos, M., & Castro, J. C. (2025). Phenotypic characterization of wild *Myrciaria dubia* (Kunth) McVaugh ex situ germplasm bank for breeding, conservation, and sustainable development in the Peruvian Amazon. *Frontiers in Conservation Science*, 6. <https://doi.org/10.3389/fcsc.2025.1623515>
- Kirouani, A., Boukhalfoun, L., Ouldkiar, R., & Bouzerzour, H. (2023). Analysis of the effect of GE interaction on the grain yield and its related traits in rainfed Algerian durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum) grown in contrasting environments. *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín*, 76(2), 10297–10308. <https://doi.org/10.15446/rfnam.v76n2.102517>
- Londoño-Hernández, L., Montalvo Rodríguez, C., Arroyave Sierra, O. J., & García Gonzalez, E. (2022). Uso potencial del camu-camu (*Myrciaria dubia*) en el desarrollo de alimentos funcionales. *Revista Colombiana de Investigaciones Agroindustriales*, 9(2), 26–41. <https://doi.org/10.23850/24220582.4863>
- Martin, M. P., Peters, C. M., & Ashton, M. S. (2014). Revisiting Camu-camu (*Myrciaria dubia*): Twenty-seven Years of Fruit Collection and Flooding at an Oxbow Lake in Peruvian Amazonia. *Economic Botany*, 68(2), 169–176. <https://doi.org/10.1007/s12231-014-9269-4>
- Maqsood, S., Arshad, M. T., Ikram, A., & Gnedeka, K. T. (2025). Nutritional Composition, Pharmacological Properties, and Industrial Applications of *Myrciaria dubia*: An Undiscovered Superfruit. In *Food Science and Nutrition*, 13(6), e70331. <https://doi.org/10.1002/fsn3.70331>
- Megerssa, S. H., Ishetu, Y. S., Hailu, M., & Lemma, A. Z. (2024). Genotype by environment interaction and stability analyses of durum wheat elite lines evaluated in Ethiopia. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 24(1), 1–9. <https://doi.org/10.1590/1984-70332024v24n1a07>
- Mejía de Loayza, E., Estivals, G., Castro-Ruiz, D., Chota-Macuyama, W., Angulo-Chavez, C., Corazon-Guivin, M., Rodríguez del Castillo, Á., Alvarado Reategui, J., Angulo-Villacorta, C., Mejía, K., Del Castillo Torres, D., & García-Dávila, C. (2026). Genetic diversity and population structure of *Myrciaria dubia* from the Peruvian Amazon: implications for germplasm conservation and crop improvement. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 73(4). <https://doi.org/10.1007/s10722-026-02787-8>
- Mu, H., Liu, Y., Wang, F., Zhang, Z., Wang, J., & Yang, Y. (2024). Genetic Parameters and Selection of Clones and Families of *Pinus koraiensis* Using Principal Components and Multi-Trait Method. *Forests*, 15(12), 1–20. <https://doi.org/10.3390/f15122259>
- Oliva Cruz, C., & Resende, M. D. V. de. (2008). Mejoramiento genético y taza de autofecundación del camu camu arbustivo en la Amazonia Peruana. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30(2), 450–454. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452008000200031>
- Olivoto, T., & Lucio, A. D. (2020). Methods Ecol Evol - 2020 - Olivoto - metan An R package for multi-environment trial analysis.pdf. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6), 697–789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019a). Mean Performance and Stability in Multi-Environment Trials I: Combining Features of AMMI and BLUP Techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949–2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Sari, B. G., & Diel, M. I. (2019b). Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961–2969. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>
- Pinedo-Panduro, M., Paredes-Dávila, E., Abanto-Rodríguez, C., Bardaes-Lozano, R., & Alves-Chagas, E. (2014). Selección temprana de plantas de (*Myrciaria dubia* H.B.K Mc VAUGH) camu camu, en un ensayo de progenies de polinización abierta. *Folia Amazónica*, 23(1), 39. <https://doi.org/10.24841/fa.v23i1.6>
- Pinedo-Panduro, M. H. (2010). *Evaluación y Selección de Colecciones Básicas del Germoplasma de Camu-camu*. Instituto de Investigaciones de la Amazonia Peruana, Programa Manejo Integral del Bosque y Servicios Ambientales. 53 p.
- Pinedo-Panduro, M. H. (2017). Seleção de Genótipos superiores em coleções ex situ de Camu-Camu [*Myrciaria dubia* (Kunth) McVaugh] da Amazônia Peruana. [Thesis, Universidade Federal de Roraima].
- Pour-Aboughadareh, A., Jadidi, O., Jamshidi, B., Bocianowski, J., & Niemann, J. (2025a). Cross-talk between stability parameters and selection models: a new procedure for improving the identification of the superior genotypes in multi-environment trials. *BMC Research Notes*, 18, 306. <https://doi.org/10.1186/s13104-025-07366-1>
- Pour-Aboughadareh, A., Jamshidi, B., Jadidi, O., Bocianowski, J., & Niemann, J. (2025b). Multi-trait stability index in the selection of high-yielding and stable barley genotypes. *Journal Applied Genetics*, 67, 317–323. <https://doi.org/10.1007/s13353-025-00998-w>
- R Core Team. (2023). *R: A language and environment for statistical computing*. (4.2.2). R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>.
- Rajaprakasam, S., Jafarullakhan, S. S., Vijayakumar, V., Saravanan, N. A., Rathinavelu, S., Kannan, B., Chockalingam, V., Muthurajan, R., & Kanagarajan, S. (2025). Multi-model-based validation of multi-environment trial results in horse gram (*Macrotyloma uniflorum* Lam. Verdc.). *Scientific Reports*, 15(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-025-25093-2>
- Ribeiro, J. P. O., de Sousa, D. J. P., de Carvalho, C. G., Willmann, G. O., Dias, D. C. F. D. S., & Nardino, M. (2024). Wheat genotypes selection via multi-trait for abiotic stresses. *Ciencia Rural*, 54(11). <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20230280>
- Santos, I. L., Miranda, L. C. F., da Cruz Rodrigues, A. M., da Silva, L. H. M., & Amante, E. R. (2022). Camu-camu [*Myrciaria dubia* (HBK) McVaugh]: A review of properties and proposals of products for integral valorization of raw material. *Food Chemistry*, 372, 131290. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.131290>
- SENAMHI. (2025). *Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú* (Senamhi). <https://www.senamhi.gob.pe/main.php?dp=loreto&p=estaciones>
- Seyum, E. G., Bille, N. H., Abtey, W. G., Munyengwa, N., Bell, J. M., & Cros, D. (2022). Genomic selection in tropical perennial crops and plantation trees: a review. *Molecular Breeding*, 42(10). <https://doi.org/10.1007/s11032-022-01326-4>
- Tabachnick, B. G., & Fidell, L. S. (2013). *Using multivariate statistics*. (Pearson education (Ed); 8th ed.) Boston, 983
- Verma, A., & Singh, G. P. (2021). Stability, Adaptability Analysis of Wheat Genotypes by AMMI with BLUP for Restricted Irrigated Multi Location Trials in Peninsular Zone of India. *Agricultural Sciences*, 12(03), 198–212. <https://doi.org/10.4236/as.2021.123013>
- Wickham, H. (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*.

- (Springer-Verlag (ed.)). <https://ggplot2.tidyverse.org>.
- Xavier, A., Runcie, D., & Habier, D. (2025). Megavariate methods capture complex genotype-by-environment interactions. *Genetics*, 229(4). <https://doi.org/10.1093/genetics/iyae179>
- Yan, W., & Kang, M. S. (2002). *GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. (CRC PRESS, Ed.; 1st ed., Number 1).
- Zhang, P. P., Song, H., Ke, X. W., Jin, X. J., Yin, L. H., Liu, Y., Qu, Y., Su, W., Feng, N. J., Zheng, D. F., & Feng, B. L. (2016). GGE biplot analysis of yield stability and test location representativeness in proso millet (*Panicum miliaceum* L.) genotypes. *Journal of Integrative Agriculture*, 15(6), 1218–1227. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(15\)61157-1](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(15)61157-1)
- Zhang, S., Huang, G., Zhang, J., Huang, L., Cheng, M., Wang, Z., Zhang, Y., Wang, C., Zhu, P., Yu, X., Tao, K., Hu, J., Yang, F., Qi, H., Li, X., Liu, S., Yang, R., Long, Y., Harnpichitvitaya, D., Wade, L., Hu, F. (2019). Genotype by environment interactions for performance of perennial rice genotypes (*Oryza sativa* L. / *Oryza longistaminata*) relative to annual rice genotypes over regrowth cycles and locations in southern China. *Field Crops Research*, 241, 107556. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2019.107556>