

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO OESTE DO PARANÁ
CAMPUS DE MARECHAL CÂNDIDO RONDON**

RENATO ALEXANDRE MALFATO

**PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E
DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE QUINOA**

**MARECHAL CÂNDIDO RONDON - PARANÁ
2021**

RENATO ALEXANDRE MALFATO

**PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E
DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE QUINOA**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Oeste do Paraná, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, para obtenção do título de Magister Scientiae.

Orientador: Dr. Edmar Soares de Vasconcelos

Coorientador: Dr. Cláudio Yuji Tsutsumi

MARECHAL CÂNDIDO RONDON - PARANÁ

2021

Ficha de identificação da obra elaborada através do Formulário de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da Unioeste

Mp Malfato, Renato Alexandre
PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS
AGRONÔMICAS E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE
QUINOA / Renato Alexandre Malfato; orientador
Edmar Soares de Vasconcelos; coorientador Cláudio
Yuji Tsutsumi. -- Marechal Cândido Rondon, 2021.
51 p.

Dissertação (Mestrado Acadêmico Campus de
Marechal Cândido Rondon) -- Universidade Estadual do
Oeste do Paraná, Centro de Ciências Agrárias,
Programa de Pós-Graduação em Agronomia, 2021.

1. Chenopodium quinoa. 2. Herdabilidade. 3.
Dissimilaridade. I. Vasconcelos, Edmar Soares de ,
orient. II. Tsutsumi, Cláudio Yuji, coorient. III.
Título.



unioeste

Universidade Estadual do Oeste do Paraná

Campus de Marechal Cândido Rondon - CNPJ 78680337/0003-46

Rua Pernambuco, 1777 - Centro - Cx. P. 91 - <http://www.unioeste.br>

Fone: (45) 3284-7878 - Fax: (45) 3284-7879 - CEP 85960-000

Marechal Cândido Rondon - PR.



RENATO ALEXANDRE MALFATO

Parâmetros genéticos de características agronômicas e diversidade fenotípica de genótipos de quinoa

Dissertação apresentada à distância, de forma síncrona e por videoconferência, conforme Resolução nº 052/2020 – CEPE, ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia em cumprimento parcial aos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia, área de concentração Produção Vegetal, linha de pesquisa Manejo de Culturas, APROVADO pela seguinte banca examinadora:

Orientador - Edmar Soares de Vasconcelos

Universidade Estadual do Oeste do Paraná - Campus de Marechal Cândido Rondon (UNIOESTE)

Tatiane Ohland

Universidade Estadual do Oeste do Paraná - Campus de Marechal Cândido Rondon (UNIOESTE)

Arlindo Fabrício Corrêia

Pontifícia Universidade Católica do Paraná - Toledo (PUC-Toledo)

Neumárcio Vilanova da Costa
Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Agronomia

Marechal Cândido Rondon, 30 de junho de 2021

“Pelo carinho, afeto, dedicação e cuidado que meus pais tiveram comigo durante toda a minha existência, dedico esta monografia a eles. Com muita gratidão.”

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus, pelo dom da vida e por me fortalecer nos momentos difíceis.

À Universidade Estadual do Oeste do Paraná e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pela oportunidade de realização do mestrado.

Ao meu orientador Professor Dr. Edmar Soares de Vasconcelos, por todos os ensinamentos, paciência e dedicação.

Ao meu coorientador Professor Dr. Cláudio Yuji Tsutsumi, pelas contribuições fornecidas.

Aos membros componentes da banca examinadora, por avaliadora pela avaliação do trabalho, e sugestões e contribuições.

A todos os professores do PPGA pelos conhecimentos transmitidos.

À Leila do PPGA pela prestatividade, comprometimento, atenção e auxílio.

Ao grupo de estudos em melhoramento de plantas pela contribuição e ajuda na condução dos experimentos.

Aos meus pais Alvira Pozzebon Malfato e Zeonildo Malfato Filho, por todo amor, carinho, apoio, incentivo e ajuda durante toda minha vida e caminhada acadêmica.

À minha esposa Mahyara, por sempre me apoiar, pelo companheirismo, pela paciência, e por tornar meus dias melhores.

À minha irmã Rosimeire Malfato, por sempre me incentivar e inspirar a ser uma pessoa melhor.

Aos meus compadres Marcos e Jaqueline Miolo por estarem sempre presentes durante essa jornada.

Aos meus sogros Nelci e Joselir e minha cunhada Gabrielli, pelo apoio e incentivo.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de auxílio ao estudo.

E a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

A todos, meu muito obrigado...

*“Por vezes sentimos que aquilo que fazemos
Não é senão uma gota de água no mar.
Mas o mar seria menor
Se lhe faltasse uma gota”.*

(Madre Teresa de Calcutá)

RESUMO

MALFATO, Renato Alexandre, Magister Scientiae, Universidade Estadual do Oeste do Paraná, junho – 2021. **Parâmetros genéticos de características agrônômicas e diversidade fenotípica de genótipos de quinoa.** Orientador: Dr. Edmar Soares de Vasconcelos. Coorientador: Dr. Cláudio Yuji Tsutsumi

Este trabalho teve por objetivo determinar parâmetros genéticos e avaliar genótipos de quinoa sobre a possibilidade de ganho com seleção, além de determinar a diversidade genética em experimentos realizados em 2014, 2015, 2016 e 2019. As sementes colhidas em cada experimento, foram utilizadas para a instalação do experimento subsequente, desse modo, os genótipos passaram pelo processo de seleção natural. Os experimentos foram compostos por 16 genótipos, no delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, e parcelas constituídas por 15 m² de área útil, contendo 7 linhas de 5 m espaçadas em 0,5 m. Os dados coletados foram dias para florescimento, altura de planta na colheita (cm), altura de inserção da inflorescência (cm), população de plantas na colheita (plantas ha⁻¹), ciclo (dias) e produtividade (Kg ha⁻¹), os quais passaram por análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos, também foi realizado o agrupamento dos genótipos através do método UPGMA para avaliar a diversidade genética. Os resultados obtidos por meio das estimativas dos parâmetros genéticos indicam a possibilidade de ganho genético com a seleção em genótipos de quinoa, também se obteve valores satisfatórios de ganho de seleção quando a mesma foi realizada em anos individuais. Os resultados demonstraram que existe diversidade genética entre os genótipos estudados. Os genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301 pertenceram ao mesmo grupo em todos os ciclos de melhoramento, a mesma condição foi observada para os genótipos Q1317 e Q1320, e também para os genótipos Q1223 e Q1318. O genótipo Q1321 sempre se apresentou divergente aos genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301. O genótipo Q1303 apresentou resultados inferiores a outros genótipos em todas as variáveis analisadas.

Palavras-chave: *Chenopodium quinoa*. Herdabilidade. Dissimilaridade. Mahalanobis.

ABSTRACT

MALFATO, Renato Alexandre, Magister Scientiae, Universidade Estadual do Oeste do Paraná, June – 2021. **Genetic parameters of agronomic characteristics and phenotypic diversity of quinoa genotypes.** Advisor: Dr. Edmar Soares de Vasconcelos. Co-Advisors: Dr. Cláudio Yuji Tsutsumi.

This study aimed to determine genetic parameters and evaluate quinoa genotypes on the possibility of gain with selection, in addition to determining genetic diversity in experiments carried out in 2014, 2015, 2016 and 2019. The seeds collected in each experiment were used for the installation of the subsequent experiment, thus, the genotypes went through the process of natural selection. The experiments consisted of 16 genotypes, in a randomized block design, with three replications, and plots consisting of 15 m² of useful area, containing 7 rows of 5 m spaced 0.5 m apart. Data collected were days to flowering, plant height at harvest (cm), inflorescence insertion height (cm), plant population at harvest (plants ha⁻¹), cycle (days) and yield (Kg ha⁻¹), which underwent analysis of variance and estimation of genetic parameters, genotype grouping was also performed using the UPGMA method to assess genetic diversity. The results obtained through the estimates of genetic parameters indicate the possibility of genetic gain with selection in quinoa genotypes, and satisfactory values of selection gain were also obtained when performed in individual years. The results showed that there is genetic diversity among the studied genotypes. Genotypes Q1302, Q1304, Q1324 and Q1301 belonged to the same group in all breeding cycles, the same condition was observed for genotypes Q1317 and Q1320, and also for genotypes Q1223 and Q1318. The Q1321 genotype has always been divergent from the Q1302, Q1304, Q1324 and Q1301 genotypes. The Q1303 genotype showed lower results than other genotypes in all analyzed variables.

Keywords: *Chenopodium quinoa*. Heritability. Dissimilarity. Mahalanobis

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	1
1.1	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	2
1.1.1	A cultura da quinoa.....	2
1.1.2	Classificação Botânica e Desenvolvimento	4
1.1.3	Melhoramento genético da quinoa	6
1.1.4	Parâmetros genéticos.....	7
1.1.5	Diversidade genética	8
1.2	REFERÊNCIAS	10
2	PARÂMETROS GENÉTICOS AVALIADOS EM GENÓTIPOS DE QUINOA... 12	
2.1	INTRODUÇÃO	13
2.2	MATERIAL E MÉTODOS	14
2.3	RESULTADOS E DISCUSSÕES	18
2.4	CONCLUSÕES	26
2.5	REFERÊNCIAS	26
3	DIVERSIDADE GENÉTICA AVALIADA EM GENÓTIPOS DE QUINOA..... 28	
3.1	INTRODUÇÃO	30
3.2	MATERIAL E MÉTODOS	31
3.3	RESULTADOS E DISCUSSÕES	34
3.4	CONCLUSÕES	39
3.5	REFERÊNCIAS	39
4	CONCLUSÕES GERAIS	41

1 INTRODUÇÃO

Por ser uma espécie com grande variabilidade genética e relativa tolerância a estresses como, por exemplo, déficit hídrico, baixas temperaturas, acidez e salinidade do solo, a quinoa se despontou como uma boa opção para diversificar a agricultura brasileira (SPEHAR et al., 2011). Embora esta cultura apresente boa adaptabilidade, para que se tenha sucesso no cultivo em solo nacional, torna-se necessário e de fundamental importância a continuidade da aplicação de técnicas de melhoramento genético (BRITO, 2016).

O primeiro método de melhoramento genético da quinoa, e o mais utilizado, foi a introdução de novas populações e seleção de progênies. Entretanto, para que a quinoa tenha uma participação no cenário agrícola brasileiro, é necessário que as variedades apresentem características agrônomicas desejáveis, dentre elas, que possibilite o manejo mecanizado com alto rendimento de grãos (ROCHA, 2011).

Com o objetivo de otimizar o processo de melhoramento genético, as estimativas dos parâmetros genéticos são essenciais para elucidar a estrutura genética dos genótipos que compõem os programas de melhoramento (DOMICIANO et al., 2015). Além disso, contribuem com informações importantes e úteis para tomada de decisão do melhorista, como exemplo, cita-se a herdabilidade que permite prever a possibilidade de ganhos com seleção por refletir a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada (RODRIGUES et al., 2011).

Outro estudo de grande importância em um programa de melhoramento genético é a diversidade genética, sendo o processo pelo qual a variação entre indivíduos ou grupos de indivíduos é analisada, tanto através de um método específico, quanto por combinações de métodos. Os dados para essa análise geralmente são medidas numéricas, e em muitos casos combinam diferentes variáveis, além disso, são aplicadas técnicas multivariadas que analisam várias medidas de um indivíduo de forma simultânea (MONTEIRO et al., 2010).

Desse modo, estimar os parâmetros genéticos dos genótipos de quinoa pertencentes a Universidade Estadual do Oeste do Paraná, permitirá inferir sobre a possibilidade de ganho com seleção, e o conhecimento da variabilidade genética permitirá organizar os genótipos em grupos de modo que possuam homogeneidade dentro e heterogeneidade entre.

Diante do exposto, este trabalho teve por objetivo determinar os parâmetros genéticos para 16 genótipos de quinoa avaliados em quatro anos de melhoramento, possibilitando inferir sobre a possibilidade de ganho com seleção, e avaliar a divergência genética entre genótipos de quinoa conduzidos em quatro anos agrícolas, tendo seleção natural dentro dos genótipos em avaliação. Os genótipos em avaliação são pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Quinoa da Universidade Estadual do Oeste do Paraná.

1.1 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1.1 A cultura da quinoa

Originária da reigião andina e cultivada na América do Sul desde os tempos pré-colombianos, a quinoa, produz um grão comestível, rico em proteínas, vitaminas e minerais. Por muitos anos os povos indígenas usaram esse grão em sua alimentação, entretanto, após a invasão espanhola, houve uma modificação do modo de vida social dos povos que já viviam na região dos Andes, entre estas, os hábitos alimentares, que foram substituídos pelos dos espanhóis, por exemplo, a substituição da quinoa por grãos consumidos na Europa. Sendo assim, o cultivo e consumo deste alimento foi reduzido, porém, agricultores andinos conservaram algumas sementes da quinoa e continuaram o seu cultivo em pequenas parcelas de terra (BRITO, 2016).

De acordo com Bazile et al. (2014), existem cinco ecótipos reconhecidos e associados aos subcentros de diversidade, distribuídos na América do Sul (Figura 1), sendo eles (A) a quinoa dos vales inter-andina, localizado na Colômbia, Peru e Equador, (B) quinoa das terras altas, localizada no Perú e Bolívia, (C) quinoa do Yungas, localizada na Bolívia, (D) quinoa das salinas, localizada na Bolívia, Chile e Argentina, e (E) quinoa costeira ou conhecida também como quinoa nivelada do mar, localizada no Chile e Argentina.



Figura 1. Distribuição de ecótipos de quinoa nos subcentros de diversidade: (A) Vales Inter-Andinos, (B) Altiplano, (C) Yungas, (D) Salares e (E) Costa. Fonte: Elaborado por Francisco Fuentes Carmona, citado por Bazile et al. (2014).

Devido à alta diversidade genética e adaptação às condições adversas nas terras altas dos Andes, a quinoa pode ser cultivada em solos de baixa fertilidade e é tolerante à geada, seca, salinidade, e grandes variações de temperatura entre o dia e a noite (JOJOA, 2018).

Outro motivo que desperta interesse nesse cultivo é a mudança nos hábitos alimentares em direção a alimentos mais saudáveis. São muitas as suas qualidades nutricionais, como um alto teor de proteínas e um excelente equilíbrio de aminoácidos essenciais. Dessa maneira, a quinoa tem sido objeto de numerosos estudos que validam seu valor alimentício (WINKEL, 2018).

Os grãos de quinoa apresentam alto conteúdo protéico, com elevada qualidade por sua proteína ser rica em lisina, histidina, metionina e aminoácidos sulfurados, que geralmente são deficientes em alguns cereais. Além da quantidade de aminoácidos essenciais, outro fator que surpreende é a digestibilidade que fica próximo dos 80% (GOUVEIA et al., 2012).

No Brasil, o grão pode ser encontrado proveniente de importações, principalmente da Bolívia, porém, o cerrado brasileiro se provou próprio para o desenvolvimento da cultura desde 1990 (SPEHAR; SANTOS, 2002), e tem

confirmado o potencial de cultivo, e como consequência, a produção brasileira pode suplementar o mercado (SPEHAR et al., 2011).

1.1.2 Classificação Botânica e Desenvolvimento

A quinoa é planta angiosperma dicotiledônea e desde 2009, uma nova classificação chamada filogenética (APG III) classifica essa espécie como pertencente a família Amaranthaceae. As primeiras classificações da quinoa levaram em consideração a cor da planta e fruta, às vezes até a forma do fruto ou o sabor dos grãos. Uma das primeiras classificações conhecidas foi feita a partir de amostras coletadas no altiplano boliviano em 1917 (TAPIA et al., 1979).

O sistema de raiz pivotante, vigorosa, profunda, bem ramificada e fibrosa, confere a quinoa resistência à seca e boa estabilidade ambiental. Verifica-se também que a quinoa apresenta flores hermafroditas dispostas em inflorescências tipo cachos, consideradas espigas falsas (panículas). Na fase reprodutiva da quinoa, a inflorescência é terminal e de comprimento variável. Em geral, a quinoa é uma espécie autopolinizada, com cerca de 10% de polinização cruzada (REA, 1969).

A quinoa apresenta grande variabilidade morfológica, tanto nas folhas como nas panículas e sementes (TAPIA et al., 1979). Os caracteres morfológicos de hábito da planta (ramificação), formato da inflorescência (amarantiforme ou glomeriforme), folha e grão são os mais constantes para sua classificação taxonômica. A altura da planta, assim como sua cor e a do grão, são características muito mais variáveis e, portanto, podem levar a erros na classificação das variedades (TAPIA et al., 1979).

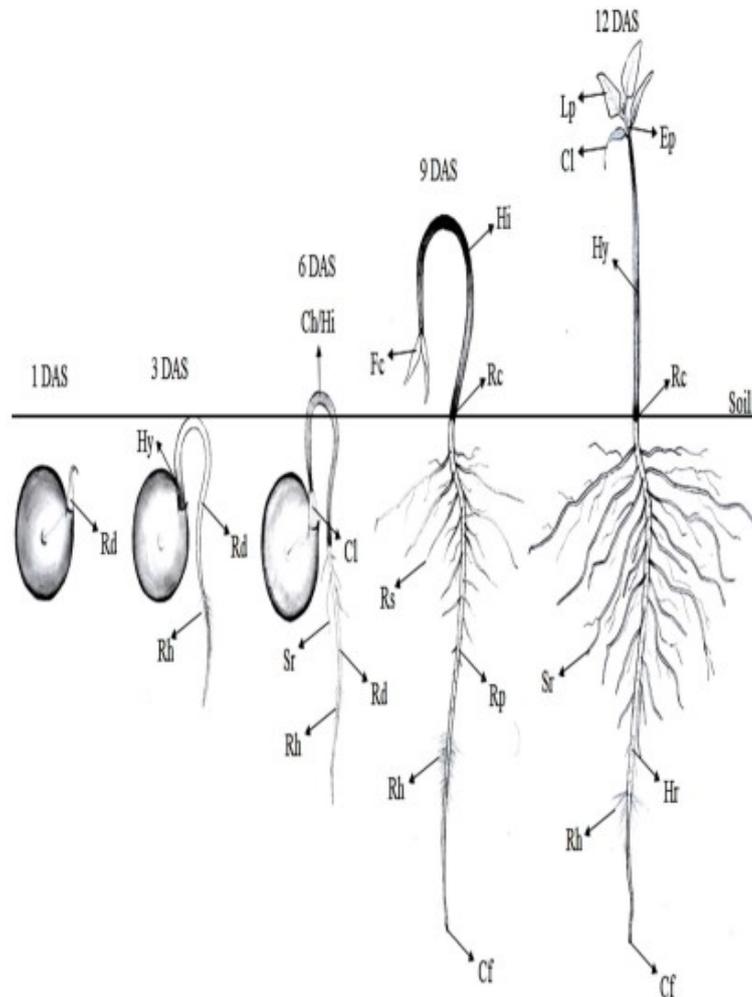


Figura 2. - Desenvolvimento inicial da quinoa. Rd: Radícula, Rh: pelos absorventes, Sr: Raiz secundária, Hy: Hipocótilo, Fc: Folha cotiledonar, Lp; Folha primária, Cf: coifa, Rc: Colo da raiz, Ep: Epicótilo. Fonte: Rodrigues et al. (2020).

Durante o desenvolvimento inicial (Figura 2), em cultivo no solo, Rodrigues et al. (2020) observou que logo no primeiro dia após a sementeira, já inicia-se o desenvolvimento da radícula, ao terceiro dia ocorre a formação do hipocótilo e início da emissão dos pelos absorventes, a ruptura do solo foi observada ao sexto dia após a sementeira, com a emergência do hipocótilo, além do início da formação das raízes secundárias, ao nono dia foi observado o aparecimento das folhas cotiledonares, e aos doze dias foi observado as folhas primárias, desse modo a planta já havia desenvolvido todas as partes necessárias para realizar fotossíntese e absorver nutrientes do solo, deixando de depender de nutrientes reserva, passando da fase de muda.

1.1.3 Melhoramento genético da quinoa

A Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) desenvolveu um programa de melhoramento de quinoa com o intuito de torná-la mais adaptável às condições climáticas do Brasil, visando aumentar a produtividade, características alimentares diferenciadas, e que sejam adaptadas para diferentes épocas de plantio, tanto voltado para grandes como também para pequenos e médios produtores, que inclusive trabalham com produtos orgânicos (SPEHAR, 2006).

Para produção de quinoa comercial, é desejável que as variedades apresentem algumas características de interesse, como por exemplo, rapidez de crescimento, ausência de acamamento, insensibilidade ao fotoperíodo, baixa ramificação, indeiscência do perigônio e das sementes, ciclos precoces e maturação uniforme. Diante da grande variabilidade existente, é necessário a aplicação de métodos de melhoramento, e a seleção de materiais com maior adaptação à variação ambiental (EGEWARTH et. al., 2017).

De acordo com Jojoa (2018), a seleção genética é um fator importante que influencia a variabilidade genética de maneira direcionada e é necessária para o desenvolvimento de variedades. Para um maior progresso no melhoramento de plantas, é importante garantir uma variabilidade genética suficiente, isso também requer medidas para preservá-los.

De acordo com Winkel (2018), a variabilidade genética é um pré-requisito crucial para o melhoramento de plantas. Baseia-se em mutações genéticas, mutações cromossômicas, introgressões, autoploidia, elementos transponíveis de DNA e a combinação.

Em um programa de melhoramento genético, alguns fatores se fazem importante, como se conhecer a ploidia, o modo e reprodução, as características e utilizações das plantas, com isso, pode-se desenvolver ou aplicar métodos para extrair o potencial máximo da planta, podendo ser aplicado vários métodos de seleção na cultura da quinoa, como o genealógico, massal, genealógico-massal, recorrente e retrocruzamentos, podendo ser utilizado também hibridações para combinação de caracteres (ROCHA, 2011).

Segundo Jojoa (2018) a hibridação é um recurso que auxilia a introduzir, no genoma, alguma característica já presente em uma planta da mesma espécie ou de outra diferente, sendo que o sucesso nesse tipo de cruzamento depende da boa capacidade de cruzamento dos genes, onde as características que desejam se

incrementar ou reter possam se desenvolver de forma positiva, porém, no caso da quinoa esse método encontra limitações pelo fato da emasculação e polinização da planta.

A quantificação dos cromossomos de vários cultivares de *Chenopodium quinoa* da Bolívia, Peru e Chile dá um número de 36 cromossomos somáticos, consistindo de dois lotes diplóides de $2x = 4n$, com $n = 9$ cromossomos, tornando a quinoa uma espécie alotetraplóide (TAPIA et al., 1979).

Por fim, Jojoa (2018) ressalta que os recursos genéticos de espécies de *Chenopodium* relacionadas à quinoa oferecem uma série de características potencialmente úteis para o melhoramento de culturas. A diversidade das quinoas bolivianas forma um vasto acervo de genes nos quais podem buscar as características adequadas para desenvolver novas sementes de qualidade, bem como para garantir o processo de coevolução das espécies em seu contexto socioambiental específico.

1.1.4 Parâmetros genéticos

Estimar os parâmetros genéticos possibilita aos melhoristas, conhecer a estrutura genética de uma determinada população, inferir sobre a variabilidade genética presente em uma população, e proporcionam subsídios para predição de ganhos com seleção, além disso, são importantes na definição dos métodos de melhoramento a serem utilizados (FERRÃO et al., 2008).

As estimativas de parâmetros genéticos como a variância fenotípica, variância genotípica, coeficiente de variação genético, herdabilidade e índice de variação, auxiliam na escolha do método de melhoramento mais adequado. (AZEVEDO et al., 2015).

De acordo com Vencovski (1969), variância fenotípica pode ser ramificada em variância genética, ambiental, residual e da interação genótipos x ambientes, e de acordo com Luz (2009), quando os valores de variância genética são de magnitude superior em relação aos demais componentes da variância, existe uma boa chance de obter-se uma seleção satisfatória dos caracteres analisados.

O índice de variação e o coeficiente de herdabilidade, são parâmetros que mensuram a confiabilidade dos dados e permitem inferir sobre o sucesso na seleção de genótipos superiores, sendo que, estimativas de valores altos de herdabilidade estão associados a uma maior variabilidade genética, maior precisão seletiva e

maior probabilidade de sucesso na seleção de genótipos, pois reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdado (VASCONCELOS et al., 2016).

Luz (2009) ressalta que na estimativa dos parâmetros genéticos, os valores de herdabilidade e ganho de seleção são os que mais interessam aos melhoristas, pois grande parte das características de interesse são de natureza quantitativa, ou seja, controladas por múltiplos genes. Exemplos de características quantitativas, a produtividade, hábitos de crescimento, o teor de óleo e proteína, entre outros..

1.1.5 Diversidade genética

De acordo com Blind (2018), a diversidade em recursos genéticos vegetais oferece oportunidade para os melhoristas de plantas desenvolverem cultivares novos e melhorados com características desejáveis (resistência a pragas e doenças e fotossensibilidade, produtividade, entre outras). Desde o início da agricultura, a variabilidade genética natural foi explorada dentro das espécies agrícolas para atender às necessidades de alimentos de subsistência e agora está sendo focada em alimentos excedentes para populações em crescimento.

De acordo com Cruz et al. (2011) a avaliação da diversidade genética dentro e entre as populações de plantas é realizada utilizando várias técnicas, tais como morfológica, caracterização / avaliação bioquímica (alozima), na era pré-genômica, e análise de marcador de DNA (ou molecular) especialmente polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) na era pós-genômica.

Ainda, de acordo com Blind (2018), é possível identificar a variação genética da variação fenotípica tanto por características quantitativas (características que variam continuamente e são governadas por muitos genes, por exemplo, altura da planta) ou características discretas que caem em categorias discretas e são governadas por um ou alguns genes principais (por exemplo, branco, rosa, ou pétalas vermelhas em certas flores), que são referidas como características qualitativas.

Estudos da divergência genética entre progênies ou populações, baseados em caracteres quantitativos, são importantes para o direcionamento da estratégia de melhoramento a ser adotada, e com base no desempenho do material genético, pode-se explorar recombinações. A análise de distância genética também permite identificar materiais genéticos que servem como um ponto de equilíbrio entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis, e sua estimativa

pode trazer informações sobre a organização do germoplasma, aumentar a eficiência na amostragem de genótipos, contribuir para a definição de hibridações artificiais, incorporar genes de germoplasma exótico e ainda pode ser útil na recomendação de um cultivar para uma determinada região (SILVA et al., 2012).

1.2 REFERÊNCIAS

- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Desempenho agrônomo e parâmetros genéticos em genótipos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 1, jan.-mar., 2015.
- BAZILE, D.; BERTERO, D; NIETO, C. “**Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013**”. Santiago: FAO e Montpellier: CIRAD ,2014, 724 p.
- BLIND, A. D.; VALENTE, M. S. F.; LOPES, M. T. G.; RESENDE, M. D. V. Estimativa de parâmetros genéticos, análise de trilha e seleção em bucha vegetal para caracteres agrônomo. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 13, n. 2, e. 5522, 2018.
- BRITO, V. S. Quinoa da gênese ao século XXI: 500 anos de dormência para uma nova perspectiva na alimentação. **Contextos da Alimentação - Revista de comportamento, Cultura e Sociedade**, São Paulo, SP, v. 5, n. 1, p. 81-98, dez. 2016.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, Luiz Alberto. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, v. 620, 2011.
- DOMICIANO, G. P.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; CONCEIÇÃO, L. H. C. S. Parâmetros genéticos e diversidade em progênies de Macaúba com base em características morfológicas e fisiológicas. **Ciência Rural**, v. 45, n. 9, p. 1599-1605, set. 2015.
- EGEWARTH, V. A. et. al. Características agrônomo de genótipos de quinoa no oeste do paraná. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 16, n. 3, p. 401-407, Jul./Set. 2017.
- FERRÃO, R. G.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, A.; CECON, P. R.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, M. F. Parâmetros genéticos em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.1, p. 61-69, jan., 2008.
- GOUVEIA, L. A. G.; FRANGELLA, V. S.; ASSIS, M. O. Quinoa: propriedades nutricionais e aplicações. **Nutrição Brasil**, v.11, n.1, p. 56-61, Jan./Fev., 2012.
- JOJOA, W. A.; **Características agrônomo de genótipos de quinoa em diferentes altitudes e densidades de semeadura**. 2018. 88 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) -Universidade de Brasília, Brasília, 2018.
- LUZ, L. N. **Estimativas de parâmetros genéticos em populações segregantes de amendoim**. 2009. 85 p.Tese de Doutorado (Agronomia). Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2009.
- MONTEIRO, E. R.; BASTOS, E. M.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; NUNES, J. A. R. Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. **Ciência Rural**, v. 40, n. 2, p. 288-293, fev. 2010

REA, J. Morfología de la quinua. In: Observaciones sobre la biología floral y estudios de saponinas en *Chenopodium quinoa* Willd. **Ministerio de Agricultura. Departamento de Experimentación**. n. 3, p. 15-17. 1969.

ROCHA, J. E. da S. **Controle genético de caracteres agronômicos em quinos (*Chenopodium quinoa* Willd.)**. 2011. 144 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade de Brasília, Brasília, 2011.

RODRIGUES, D. B.; CAVALCANTE, J. A.; ALMEIDA, A. S.; NUNES, C. A.; SERRÃO, A. F. A.; KONZEN, L. H.; SUNE, A. S.; TUNES, L. V. M. Seed morphobiometry, morphology of germination and emergence of quinoa seeds 'BRS Piabiru'. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 92, supl. 1, e20181313, 2020.

RODRIGUES, F.; PINHO, R. G. V.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; PINHO, E. V. R. V. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho verde. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, mar./abr. 2011.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênies de pinus caribaea var. caribaea com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v.32, n. 69, p. 69-77, jan./mar., 2012.

SPEHAR, C. R. Adaptação da quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) para incrementar a diversidade agrícola e alimentar no Brasil. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 23, n. 1, p. 41-62, jan./abr. 2006.

SPEHAR, C. R.; SANTOS, R. L. de B. Quinoa BRS Piabiru: alternativa para diversificar os sistemas de produção de grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 6, p. 889-893, jun. 2002.

SPEHAR, C. R.; ROCHA, J. E. S.; SANTOS, R. L. B. Desempenho agrônômico e recomendações para cultivo de quinua (BRS Syetetuba) no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, GO, V.41, n. 1, p. 145-147, jan./mar. 2011.

TAPIA M.E.; GANDARILLAS H.; ALANDIA S.; CARDOZO A.; MUJICA A.; ORTIZ R.; OTAZU, V.; REA, J.; SALAS, B.; ZANABRIA, E. **La quinua y la kañiwa: cultivos andinos**. Bogotá, Colombia, Centro Internacional de Investigaciones para el Desarrollo (CIID), Instituto Interamericano de Ciencias Agrícolas (IICA), 228 p. 1979.

VASCONCELOS, E.S.; HOEPERS, L.M.L.; AMARAL, R.G.; EGEWARTH, V.A.; STRENSKE, A. Genetic parameters and productivity of quinoa in western Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.38, n.2, p.185-191, 2016.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. (Coord.). **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramentos, 1969, p. 17-37.

WINKEL, T.; AGUIRRE, M. G.; ARIZIO, C. M.; ASCHERO, C. A.; BABOT, M. P.; BENOIT, L.; BURGARELLA, C.; COSTA-TÁRTARA, S.; DUBOIS, M. P.; GAY, L.; HOCSMAN, S.; JULIEN, M.; LÓPEZ-CAMPENY, S. M. L.; JOFFRE, R. Discontinuities in quinoa biodiversity in the dry Andes: An 18-century perspective based on allelic genotyping. **Plos One**, v. 12, n. 13, e. 0207519, 2018.

2 PARÂMETROS GENÉTICOS AVALIADOS EM GENÓTIPOS DE QUINOA

Resumo: Este estudo teve por objetivo determinar os parâmetros genéticos em genótipos de quinoa e inferir sobre a possibilidade de ganho com seleção. Foram cultivados genótipos de quinoa em quatro anos (2014, 2015, 2016 e 2019), passando por seleção natural. Os experimentos foram compostos por 16 genótipos, com delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, as parcelas eram constituídas por 15 m² de área útil, sendo 7 linhas de 5 m espaçadas em 0,5 m. Os dados coletados foram: dias para florescimento, altura de planta na colheita, altura de inserção da inflorescência, população de plantas na colheita, ciclo e produtividade, os quais passaram por análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos. Os resultados obtidos por meio das estimativas dos parâmetros genéticos indicam a possibilidade de ganho genético com a seleção, também conclui-se que valores satisfatórios de ganho de seleção podem ser obtidos quando realizada a seleção utilizando as estimativas individuais de cada ano, o genótipo Q1303 apresentou resultados inferiores a outros genótipos em todas as variáveis analisadas.

Palavras-chave: *Chenopodium quinoa*, melhoramento genético, herdabilidade

Abstract: This study aimed to determine the genetic parameters in quinoa genotypes and infer about the possibility of gain with selection. Quinoa genotypes were cultivated in four years (2014, 2015, 2016 and 2019), undergoing natural selection. The experiments were composed of 16 genotypes, with a randomized block design, with three replications, the plots were constituted by 15m² of useful area, being 7 rows of 5m spaced at 0.5m. The data collected were days to flowering, plant height at harvest, inflorescence insertion height, plant population at harvest, cycle and yield, which underwent analysis of variance and estimation of genetic parameters. The results obtained through the estimates of genetic parameters indicate that there is a possibility of genetic gain with selection, it is also concluded that satisfactory values of selection gain can be obtained when selection is performed using the individual estimates of each year, the Q1303 genotype showed lower results than other genotypes in all analyzed variables.

Keywords: *Chenopodium quinoa*, breeding plants, heritability

2.1 INTRODUÇÃO

A quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) é originária da região Andina, possuindo grande variabilidade genética, além de relativa tolerância a estresses abióticos, como por exemplo, baixas temperaturas, déficit hídrico, salinidade e acidez de solo (BRITO, 2016). Introduzida no Brasil na década de 90, esse cultivo vem confirmando seu potencial produtivo, sendo cultivada em algumas regiões em escala comercial (SPEHAR et al., 2011).

Devido ao predomínio do sistema de semeadura direta, torna-se comum o surgimento de problemas com pragas e doenças que permanecem nos restos culturais e plantas voluntárias pós colheita. Sendo assim, é de grande importância aumentar as opções para rotação de cultura, e por ser uma cultura botanicamente diferente das principais espécies cultivadas, a quinoa se apresenta como boa opção para minimizar esses problemas, além de, embora ser um mercado ainda restrito, possibilitar variabilidade de renda na propriedade (VASCONCELOS et al., 2013).

Entretanto, para que essa cultura tenha aceitação, é necessário que atenda algumas características desejáveis, crescimento rápido, resistência ao acamamento, insensibilidade ao fotoperíodo, baixa ramificação, indeiscência do perigônio e sementes, precocidade e uniformidade na maturação. Desse modo, é necessário selecionar genótipos com maior adaptação, visando disponibilizar aos agricultores cultivares com potencial produtivo (EGEWARTH et al., 2017).

Embora seja um grão de qualidade comprovada, existem poucos estudos na área de melhoramento genético, sendo assim, estudos de coleta, conservação e caracterização são de grande importância para definir as estratégias de melhoramento a serem aplicadas nessa espécie. Além disso, são reportados aproximadamente 16 mil acessos em todo o mundo, sendo assim, a utilização de técnicas de seleção é fundamental para identificar genótipos de melhor adaptação a um determinado ambiente (MORILLO-CORONADO et al., 2017).

Sendo uma espécie alotetraplóide ($2n=4x=36$), e exibir herança genética dissômica para grande parte das características qualitativas, o ganho com seleção em populações segregantes se torna mais difícil e o processo de seleção mais complexo em relação a um organismo diploide (OLIVEIRA et al., 2013).

Diante disso, as estimativas dos parâmetros genéticos são fundamentais principalmente nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, uma vez que otimizam a escolha de métodos e caracteres utilizados, permitindo o estudo de mecanismos, valores genéticos e variabilidade de uma determinada característica (VASCONCELOS et al., 2016).

Contudo, torna-se necessário a realização de estudos que corroborem com a investigação das características genéticas desta cultura, bem como indiquem quais técnicas de melhoramento sejam mais indicadas para esse cultivo.

Nesse contexto, o presente estudo objetivou determinar os parâmetros genéticos para 16 genótipos de quinoa avaliados em quatro anos de melhoramento, e inferir sobre a possibilidade de ganho com seleção.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 16 genótipos de quinoa, através de dados coletados em quatro anos de seleção natural conforme descrito na Tabela 1. As localidades de instalação dos experimentos foram a Estação Experimental Dr. Antônio Carlos dos Santos Pessoa, e a Estação Experimental Professor Alcebíades Luiz Orlando, ambas pertencentes à UNIOESTE - Universidade Estadual do Oeste do Paraná, sendo a primeira localizada no município de Marechal Cândido Rondon e a segunda em Entre Rios do Oeste, no estado do Paraná, Brasil.

Os experimentos conduzidos em Marechal Cândido Rondon se localizavam nas coordenadas aproximadas 24°31'S e 54°01'W, com altitude aproximada de 380 m. O clima de acordo com Alvares et al. (2014), é do tipo Cfa segundo a classificação proposta por Köppen, clima subtropical com temperatura média do mês mais frio inferior a 18°C e do mês mais quente superior a 22°C. O solo de acordo com a EMBRAPA (2018) é classificado como LATOSSOLO VERMELHO Eutroférico (LVef), de textura argilosa.

Já os experimentos conduzidos no município de Entre Rios do Oeste, se localizavam nas coordenadas geográficas aproximadas 34°14'S e 54°14'W, com altitude de 260 m e classificação climática segundo Köppen, como Cfa, subtropical mesotérmico, com as temperaturas médias anuais variando entre 17 a 19°C (CAVIGLIONE et al., 2000). O solo classificado como LATOSSOLO VERMELHO Eutroférico (LVef) com textura argilosa e boa drenagem (EMBRAPA, 2018).

Os genótipos utilizados foram 2014, Q1223, Q1301, Q1302, Q1303, Q1304, Q1306, Q1307, Q1310, Q1317, Q1318, Q1320, Q1321, Q1324, Q1331 e Seleção 1, oriundos do programa de melhoramento genético de quinoa da UNIOESTE, as informações de datas de semadura, adubação e localidade de instalação de cada ensaio estão descritas individualmente na tabela abaixo.

Tabela 1. Resumo detalhado das datas de semeadura, locais e adubação realizada para cada experimento implantado.

Ano	Experimento/Local	Semeadura	Adubação
1	1 - Entre Rios do Oeste	23/09/2014	125 kg ha ⁻¹ NPK10-15-15
	2 - Entre Rios do Oeste	28/10/2014	125 kg ha ⁻¹ NPK10-15-15
2	3 - Marechal C. Rondon	23/09/2015	250 kg ha ⁻¹ NPK02-20-20
	4 - Entre Rios do Oeste	07/10/2015	250 kg ha ⁻¹ NPK02-20-20
3	5 - Marechal C. Rondon	24/10/2016	300 kg ha ⁻¹ NPK10-15-15
4	6 - Marechal C. Rondon	11/10/2019	180 kg ha ⁻¹ NPK 8-20-20

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições, as dimensões das parcelas para todos os experimentos foram de 3,5 m de largura e 7 m de comprimento, sendo constituídas por 7 linhas com 0,5 m de espaçamento, para avaliação foram desconsideradas as linhas laterais e 0,5 m de cada extremidade das parcelas, restando uma área útil de 15 m².

O procedimento de semeadura foi executado em duas etapas, sendo a adubação e a sulcagem realizada através de uma semeadora de plantio direto, sendo aplicado a dose e formulação indicado na Tabela 1, e a distribuição das sementes realizada com uma semeadora manual de parcelas, regulada para distribuição de 35 sementes por metro.

Durante o desenvolvimento da cultura foram realizados o controle das plantas daninhas quando necessário para evitar competição entre plantas, sendo realizado de forma manual, e não houve necessidade de controle de doenças e pragas. As condições climáticas nas áreas experimentais em ambos experimentos foram normais com precipitações bem distribuídas, temperaturas dentro da média anual e não houve ocorrência de intempérie climática, salvo para o experimento conduzido em Marechal Cândido Rondon, no ano de 2015, que passou por um veranico que afetou o ciclo dos genótipos, provocando a maturação precoce não sendo possível avaliar essa variável para esse ano e local em questão.

Como foi trabalhado com genótipos distintos, houve variabilidade na data de maturação fisiológica, dessa maneira a colheita foi realizada em escala, conforme avaliado o estágio de desenvolvimento das plantas em cada parcela.

A colheita foi realizada coletando as plantas manualmente e realizando a debulha em uma trilhadora estacionária acoplada em trator. Entre cada debulha de de genótipos foi realizado a limpeza do equipamento para evitar misturas. Após a debulha os grãos foram acondicionados em sacas identificadas e encaminhadas ao laboratório para secagem, limpeza de impurezas e pesagem. A secagem foi realizada em temperatura ambiente, com o material colhido espalhado sobre uma lona em barracão coberto, sendo homogeneizado diariamente para evitar fermentação e assegurar uma secagem uniforme. A limpeza foi realizada com a utilização de uma classificadora de sementes, e a pesagem foi utilizada balança de mesa verificada. Os valores obtidos na pesagem foram utilizados para o cálculo da estimativa da produtividade por hectare.

Os dados coletados nesse experimento foram: APF - altura de planta no florescimento (medida do nível do solo até a ápice da planta, em cm), APC - altura de planta na colheita (idem altura no florescimento), AII - altura de inserção da inflorescência (medida do nível do solo até a inserção da primeira inflorescência, em cm); para a determinação das alturas foi utilizado uma trena e mensurou-se dez plantas escolhidas aleatoriamente dentro da área útil das parcelas, medindo a partir do solo, e calculado a média amostral; PPC - população de plantas na colheita (para determinação da população foi escolhido uma linha aleatoriamente dentro da área útil da parcela, medido 2 metros e realizado a contagem de plantas, e posteriormente, calculado a média, sendo o dado em plantas por metro), ciclo (em dias contados a partir da data de semeadura até a data de colheita), e PROD - produtividade (kg ha^{-1} , conforme descrito nos procedimentos de coheita).

O modelo matemático utilizado para a análise de variância quando se tinha mais que um experimento por ano agrícola de cultivo foi:

$$Y_{ijk} = m + G_i + B_k + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} = Característica observada

m = Média dos experimentos

G_i = Efeito do genótipo

B_k = Efeito de bloco

A_j = Efeito do ambiente

GA_{ij} = Efeito da interação genótipo x ambiente

E_{ijk} = Erro

O modelo matemático utilizado para a análise de variância quando se conduziu apenas um experimento por ano de cultivo foi:

$$Y_{ij} = m + G_i + B_j + E_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} = Característica observada

m = Média dos experimentos

G_i = Efeito do genótipo

B_j = Efeito de bloco

E_{ij} = Erro

As estimativas dos parâmetros genéticos foram dados por:

Variância genotípica (σ_g^2), obtida por meio da equação:

$$\sigma_g^2 = \frac{QMG - QMR}{b}$$

Onde:

QMG = Quadrado médio do genótipo

QMR = Quadrado médio residual

b = Número de blocos

Herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), por meio da equação:

$$h_r^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{2MS_g}{b}}$$

Onde:

σ_g^2 = Variância genotípica

MS_g = Quadrado médio do genótipo

CV_g = Coeficiente de variação genético foi obtido por:

$$CV_g = \frac{100 * \sqrt{\sigma_g^2}}{\lambda m}$$

Onde:

m = Média dos experimentos

σ_g^2 = Variância genotípica

CV_e = Coeficiente de variação ambiental foi dado por:

$$CV_e = \frac{100 * \sqrt{MS_e}}{m}$$

Onde:

m = média dos experimentos

MS_e = Quadrado médio do resíduo

E a razão entre o coeficiente de variação genético e ambiental foi obtido por:

$$CV_g CV_e^{-1}$$

Onde:

CV_g = Coeficiente de variação genética

CV_e = Coeficiente de Variação ambiental

As análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013).

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Na análise de variância para cada experimento (Tabela 2), pode-se observar que a variável dias para florescimento apresentou diferença significativa entre os genótipos em quatro dos seis experimentos, o mesmo ocorreu para a variável produtividade. As variáveis população de plantas na colheita e ciclo apresentou diferença significativa em todos os experimentos avaliados (exceto a variável ciclo, no experimento 3 conduzido no ano de 2015 em Marechal Cândido Rondon, onde houve um período de estiagem que resultou na maturação precoce de todos os genótipos, não sendo possível avaliar). Já as variáveis altura de planta na colheita e altura de inserção da inflorescência apresentaram diferença significativa em apenas dois experimentos.

As diferenças significativas observadas, indicam que em determinados ambientes os genótipos apresentam variabilidade, podendo assim ser obtido as estimativas de parâmetros genéticos utilizadas para tomadas de decisão na seleção, em um programa de melhoramento.

Tabela 2. Resumo da análise de variância de cada experimento dos dados de dias para florescimento (DF), altura de plantas na colheita (APC), altura de inserção da inflorescência (All), população de plantas na colheita (PPC), ciclo e produtividade (PROD), em função de 16 genótipos cultivados em 6 experimentos localizados nos municípios de Marechal Cândido Rondon e Entre Rios do Oeste, no estado do Paraná, entre os anos de 2014 e 2019.

Experimento	FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS					
			DF (dias)	APC (cm)	All (cm)	PPC (plantas m ⁻¹)	CICLO (dias)	PROD (kg ha ⁻¹)
1	Bloco	2	3,77	42,52	784,75	42,33	0,65	109084
	Genótipo	15	7,67*	160,69 ^{ns}	178,97 ^{ns}	279,97*	7,79*	462618*
	Resíduo	30	3,22	114,78	115,37	80,91	0,56	114619
	Média		56,35	137,98	82,13	15,39	77,98	1564
	CV%		3,18	7,76	13,08	58,42	0,95	21,63
2	Bloco	2	7,52	150,69	188,03	20,77	7,58	1046630
	Genótipo	15	4,35 ^{ns}	408,99*	1249,38*	164,85*	40,66*	221243 ^{ns}
	Resíduo	30	2,52	112,75	133,01	71,97	4,82	186875
	Média		49,71	138,22	60,86	29,40	81,54	2042
	CV%		3,19	7,68	18,95	28,86	2,69	21,16
3	Bloco	2	0,27	246,13	71,75	70,40	-	21115
	Genótipo	15	5,99*	512,05 ^{ns}	84,05 ^{ns}	457,95*	-	72200*
	Resíduo	30	0,58	269,34	47,47	143,40	-	31368
	Média		48,52	132,03	47,28	29,69	-	607
	CV%		1,57	12,43	14,57	39,97	-	29,14
4	Bloco	2	0,27	106,86	5,42	11,08	0,15	145911
	Genótipo	15	9,07*	320,09 ^{ns}	98,12 ^{ns}	106,79*	16,51*	208059*
	Resíduo	30	0,34	201,27	59,83	2,86	0,65	23764
	Média		50,17	116,11	47,99	17,20	83,58	1235
	CV%		1,16	12,29	16,12	9,83	0,97	12,48
5	Bloco	2	1,75	11,00	22,98	8,58	2,89	61832
	Genótipo	15	89,79*	677,69*	263,52*	308,25*	50,57*	95108 ^{ns}
	Resíduo	30	0,46	33,38	19,88	7,65	1,92	99515
	Média		43,31	152,15	48,15	10,77	79,54	1417
	CV%		1,57	3,80	9,26	25,68	1,74	22,25
6	Bloco	2	0,77	144,19	329,33	25,62	0,15	39605
	Genótipo	15	0,22 ^{ns}	72,01 ^{ns}	155,33 ^{ns}	35,74*	0,42*	271807*
	Resíduo	30	0,24	98,61	148,24	10,57	0,15	44615
	Média		52,52	149,94	58,85	9,32	95,35	1254
	CV%		0,93	6,62	20,69	34,89	0,40	16,84

*significativo a 5% de probabilidade de erro, ^{ns} não significativo, pelo teste F.

Quando observado o coeficiente de variação (CV%) para as variáveis altura de planta no florescimento, dias para florescimento, altura de plantas na colheita, altura de inserção da inflorescência e ciclo, observa-se o valor máximo de 20,69%, demonstrando que essas variáveis apresentam precisão experimental aceitável. De acordo com Pimentel-Gomes (2009), os coeficientes de variação são considerados baixos quando apresentam valores abaixo de 10%, médio entre 10 e 20%, alto entre 20 e 30%, e muito alto para valores acima de 30%.

Valores de CV% acima de 30% foram observados para as variáveis população final de plantas e produtividade, essa condição pode ser explicada por uma particularidade do cultivo da quinoa, onde alguns genótipos possuem uma característica em que algumas plantas morrem poucos dias após a emergência, resultando assim em uma variação da população entre as repetições. Essa condição da população por sua vez reflete no CV% da produtividade.

A Tabela 3 apresenta o resumo da análise de variância para cada ano em que os experimentos foram cultivados, ou seja, em cada ciclo de seleção, e destaca-se médias de produtividade ultrapassando 1.800 Kg ha⁻¹ no 1º ano de melhoramento, evidenciando o potencial produtivo desse cultivo na região oeste do Paraná. Superando a produtividade de 846 Kg ha⁻¹ obtida por Vasconcelos et al. (2012), em experimento realizado no município de Campo Mourão, também no estado do Paraná.

Ao analisar o CV%, verifica-se a mesma condição mencionada para as análises individuais, onde as variáveis apresentaram boa precisão experimental, exceto a população de plantas na colheita. Outro item a se destacar são os graus de liberdade, de acordo com Pimentel-Gomes (2009), para que uma análise possa ser realizada de forma conjunta (no caso dos dados do primeiro e segundo ano de melhoramento, onde foram conduzidos dois experimentos), a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo não pode ser superior a 7, dessa forma o software utilizado para as análises realizou o ajuste dos graus de liberdade para a variável ciclo nas análises do primeiro ano de melhoramento e para as variáveis população de planta na colheita e ciclo nas análises do segundo ano de melhoramento.

Tabela 3. Resumo da análise de variância por anos de melhoramento para altura de planta no florescimento (APF), dias para florescimento (DF), altura de plantas na colheita (APC), altura de inserção da inflorescência (AII), população de plantas na colheita (PPC), ciclo e produtividade (PROD), em função de 16 genótipos cultivados em 6 experimentos localizados nos municípios de Marechal Cândido Rondon e Entre Rios do Oeste, no estado do Paraná, entre os anos de 2014 e 2019.

Ano	FV	(GL) QUADRADOS MÉDIOS					
		DF	APC	AII	PPC	CICLO	PROD
1º Ano	Bloco	(2) 3,13	(2) 40,93	(2) 139,96	(2) 13,89	(2) 6,32	(2) 497494
	Genótipo	(15) 7,18 ^{ns}	(15) 177,86 ^{ns}	(15) 791,02 ^{ns}	(15) 213,24 ^{ns}	(15) 34,82*	(15) 376774 ^{ns}
	Ambiente	(1) 1060,01*	(1) 1,43 ^{ns}	(1) 10854,51*	(1) 4704,00*	(1) 304,59*	(1) 5468808*
	Gen X Amb	(15) 4,83 ^{ns}	(15) 391,82*	(15) 637,33*	(15) 231,58*	(15) 13,64*	(15) 307087*
	Resíduo	(62) 3,04	(62) 115,01	(62) 147,05	(62) 75,56	(37) 4,47	(62) 167117
	Média Geral	53,03	138,10	71,49	22,40	79,76	1803
	CV%	3,29	7,77	16,96	38,81	2,65	22,67
2º Ano	Bloco	(2) 0,41	(2) 47,43	(2) 26,18	(2) 14,89	(2) 0,07	(2) 135936
	Genótipo	(15) 9,65 ^{ns}	(15) 304,36 ^{ns}	(15) 95,02 ^{ns}	(15) 342,31 ^{ns}	(15) 8,25 ^{ns}	(15) 135154 ^{ns}
	Ambiente	(1) 65,01*	(1) 6081,76*	(1) 12,18*	(1) 3901,50*	(1) 704,17*	(1) 9449522*
	Gen X Amb	(15) 5,41*	(15) 527,56*	(15) 85,15*	(15) 222,43 ^{ns}	(15) 8,26*	(15) 145105*
	Resíduo	(62) 0,45	(62) 237,57	(62) 53,57	(31) 145,84	(30) 0,66	(62) 276680
	Média Geral	49,34	124,07	47,64	23,58	86,29	921
	CV%	1,36	12,42	15,36	51,21	0,94	18,06
3º Ano	Bloco	(2) 1,75	(2) 11,00	(2) 22,98	(2) 8,58	(2) 2,89	(2) 61832
	Genótipo	(15) 89,79*	(15) 677,69*	(15) 263,52*	(15) 308,25*	(15) 50,57*	(15) 95108 ^{ns}
	Resíduo	(30) 0,46	(30) 33,38	(30) 19,88	(30) 7,65	(30) 1,92	(30) 99515
	Média Geral	43,31	152,15	48,15	10,77	79,54	1417
	CV%	1,57	3,80	9,26	25,68	1,74	22,25
4º Ano	Bloco	(2) 0,77	(2) 144,19	(2) 329,33	(2) 25,62	(2) 0,15	(2) 39605
	Genótipo	(15) 0,22 ^{ns}	(15) 72,01 ^{ns}	(15) 155,33 ^{ns}	(15) 35,74*	(15) 0,42*	(15) 271807*
	Resíduo	(30) 0,24	(30) 98,61	(30) 148,24	(30) 10,57	(30) 0,15	(30) 44615
	Média Geral	52,52	149,94	58,85	9,32	95,35	1254
	CV%	0,93	6,62	20,69	34,89	0,40	16,84

*significativo a 5% de probabilidade de erro, ^{ns} não significativo, pelo teste F.

Os resultados do teste F para a análise conjunta mostra que não houve variação significativa entre os genótipos nos dois primeiros anos de melhoramento, exceto para a variável ciclo no primeiro ano. Em contra partida no terceiro ano de melhoramento os genótipos diferiram entre si significativamente para todas as variáveis com exceção da produtividade, e ao analisar o quarto ano, verifica-se diferença significativa entre os genótipos para as variáveis população de planta na colheita, ciclo e produtividade.

Ao comparar os valores médios de todos os experimentos (Tabela 4), verifica-se que o genótipo Q1303 apresentou o florescimento mais tardio, enquanto o genótipo Q1223 apresentou precocidade de floração quando comparado com os genótipos 2014, Q1301, Q1302, Q303, Q1306, Q1307, Q1321, Q1324, Q1331 e seleção 1, podendo ser utilizado dentro do programa de melhoramento para seleções de populações com florescimento mais precoce.

Tabela 4. Valores médios das variáveis dias para florescimento (DF), altura de plantas na colheita (APC), altura de inserção da inflorescência (AII), população de plantas na colheita (PPC), ciclo e produtividade (PROD), em função de 16 genótipos cultivados nos municípios de Marechal Cândido Rondon e Entre Rios do Oeste, no estado do Paraná, entre os anos de 2014 e 2019

Genótipo	DF	APC	AII	PPC	CICLO	PROD
2014	51,5 b	133 abc	54 cde	26 ab	84,72 cd	1504 ab
Q1223	48,5 f	144 a	51 de	17 cdef	83,61 defg	1405 abc
Q1301	50,0 cde	139 ab	54 cde	24 abc	84,11 cdefg	1384 abc
Q1302	49,9 cde	140 ab	59 abcde	19 abcde	83,39 efg	1207 abc
Q1303	52,8 a	143 a	69 a	17 cdef	87,28 a	1111 c
Q1304	49,6 def	144 a	62 abcd	10 f	86,56 a	1335 abc
Q1306	50,1 cd	126 c	57 bcde	27 a	82,83 g	1479 ab
Q1307	51,1 bc	135 abc	60 abcde	17 cdef	84,94 bc	1157 bc
Q1310	49,7 def	139 ab	64 abc	19 bcde	84,67 cde	1441 abc
Q1317	49,1 def	135 abc	58 bcde	21 abcd	83,11 fg	1354 abc
Q1318	49,2 def	136 abc	53 de	16 cdef	84,22 cdef	1398 abc
Q1320	48,7 ef	135 abc	50 e	18 bcde	82,89 g	1497 ab
Q1321	50,1 cd	127 bc	56 bcde	23 abc	82,89 g	1378 abc
Q1324	51,1 bc	143 a	57 bcde	20 abcd	86,22 ab	1507 a
Q1331	50,1 cd	145 a	67 ab	14 def	86,44 a	1253 abc
SELEÇÃO1	49,9 cde	140 ab	49 e	11 ef	84,11 cdefg	1243 abc

Em relação a variável altura de planta na colheita, o genótipo Q1306 apresentou resultados mais satisfatórios quando comparado com nove dos genótipos avaliados, uma vez que pensando em cultivo mecanizado, plantas de porte mais baixos tendem a facilitar as operações de campo.

Inseções de inflorescência muito baixas podem comprometer a qualidade dos grãos por estarem mais próximas do solo, em contra partida, inserções muito altas podem contribuir para o acamamento de plantas, dessa forma um valor intermediário seria o mais sensato na escolha de um indivíduo para seleção, sendo assim, genótipos como Q1303 (inserção alta) e Q1320 e seleção 1 (inserção baixa) não seriam os mais indicados para selecionar para essa característica.

A população de plantas na colheita é uma das variáveis mais importantes para o melhoramento, uma vez que um genótipo que consiga estabelecer e manter seu stand de plantas até o momento da colheita indica que está mais adaptado ao ambiente em que está inserido, desse modo os genótipos 2014, Q1301, Q1302, Q1306, Q1317, Q1321 e Q1324 foram superiores aos demais.

Quando analisado a variável ciclo, deve-se levar em conta que a precocidade é uma das características mais visadas pelos produtores, uma vez que genótipos mais precoces apresentam um menor tempo de exposição ao risco de intempéries ambiental, além de impactar menos no planejamento de instalação de um próximo cultivo, sendo assim, os genótipos Q1306, Q1320 e Q1321 foram superiores aos genótipos 2014, Q1303, Q1304, Q1307, Q1310, Q1318, Q1324 e Q1331.

Analisando a produtividade, os genótipos 2014, Q1306, Q1320 e Q1324, apresentaram resultados maiores que o genótipo Q1303, portanto em uma seleção para aumento de produtividade, esses genótipos tendem a originar populações com produtividades melhores.

Na Tabela 5, observa-se os parâmetros genéticos estimados para cada ano de melhoramento. Os valores que se encontram “nulos” na tabela, são devido a obtenção de valores estimados negativos, essa condição ocorre quando a variação ambiental é superior a variação genotípica, inviabilizando assim a estimativa dos parâmetros genéticos para as variáveis dias para florescimento nas análises do quarto ano de melhoramento. Para a variável altura de planta na colheita apenas as análises do terceiro ano evidenciaram que teve a influência da variabilidade genética nos resultados, para os demais anos a variação ambiental foi superior à genética.

Também apresentaram variância ambiental maior que a genética, as análises das variáveis população de plantas na colheita para as análises do primeiro ano de melhoramento, ciclo para o segundo ano de melhoramento, e produtividade para o segundo e terceiro ano de melhoramento.

Tabela 5. Parâmetros genéticos estimados por anos de seleção com os dados das variáveis dias para florescimento (DF), altura de plantas na colheita (APC), altura de inserção da inflorescência (All), população de plantas na colheita (PPC), ciclo e produtividade (PROD), em função de 16 genótipos cultivados nos municípios de Marechal Cândido Rondon e Entre Rios do Oeste, no estado do Paraná, entre os anos de 2014 e 2019.

VARIÁVEL	CONDIÇÃO	σ_g^2	h_r^2	CV _g	CV _g CV _e ⁻¹
Dias para florescimento	1° Ano	0,39	32,72	1,18	0,36
	2° Ano	0,71	43,96	1,70	1,25
	3° Ano	29,78	99,49	12,60	8,04
	4° Ano	-	-	-	-
Altura de planta na colheita (cm)	1° Ano	-	-	-	-
	2° Ano	-	-	-	-
	3° Ano	214,77	95,08	9,63	2,54
	4° Ano	-	-	-	-
Altura de inserção da inflorescência (cm)	1° Ano	25,61	19,43	7,08	0,42
	2° Ano	1,31	8,28	2,40	0,15
	3° Ano	81,21	92,45	18,72	2,02
	4° Ano	2,36	4,56	2,61	0,13
População de plantas na colheita (Plantas m ⁻¹)	1° Ano	-	-	-	-
	2° Ano	19,97	35,02	18,95	0,37
	3° Ano	100,20	97,52	92,93	3,62
	4° Ano	8,39	70,43	31,09	0,89
Ciclo (dias)	1° Ano	3,53	60,83	2,36	0,89
	2° Ano	-	-	-	-
	3° Ano	16,22	96,21	5,06	2,91
	4° Ano	0,09	65,35	0,32	0,79
Produtividade (kg ha ⁻¹)	1° Ano	11614	18,50	5,98	0,26
	2° Ano	-	-	-	-
	3° Ano	-	-	-	-
	4° Ano	75730	83,59	21,94	1,30

σ_g^2 : Variância genotípica; h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito; CV_g: coeficiente de variação genético; CV_g CV_e⁻¹: razão entre coeficiente de variação genético e coeficiente de variação ambiental; (-) Valores negativos ou variável sem variabilidade genética.

A Tabela 5 apresenta os valores de herdabilidade que inferem na possibilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores, desse modo, a estimativa de valores altos de herdabilidade estão associados a maior variabilidade =genética, e conseqüentemente, podem resultar em uma maior precisão seletiva, e, essa estimativa é de grande utilidade para os melhoristas, pois permite prever a

possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção herdável da variação fenotípica (VASCONCELOS et al., 2016).

Ao se analisar os valores de herdabilidade pode-se inferir que a estimativa de herdabilidade tem comportamento inconstante com o avanço dos anos de melhoramento, sendo que para todas as variáveis analisadas, obteve-se em alguns anos valores altos de herdabilidade, em contrapartida outros apresentaram valores baixos ou até mesmo negativo. Deste modo, deve-se evitar a seleção para variáveis com elevado efeito ambiental no início do programa de melhoramento.

Este comportamento da herdabilidade indica que é possível obter ganho por seleção, porém o melhorista deve utilizar de muita cautela na seleção, bem como selecionar a cada ano conforme os resultados obtidos para cada experimento, não sendo indicado utilizar análises conjuntas para tomada de decisão.

Outro parâmetro que contribui para tomada de decisão é a razão $CV_g CV_e^{-1}$, que pode ser utilizada como indicativo para o grau de facilidade em selecionar progênies em cada característica avaliada, e considerando que os valores altos de herdabilidade indicam grande potencial de seleção (LEITE et al., 2015), os valores próximos ou acima de 1 para $CV_g CV_e^{-1}$, indicam condição favorável para a seleção de genótipos superiores (VASCONCELOS et al., 2016). Dessa maneira quando utilizadas as estimativas de herdabilidade e a razão entre o coeficiente de variação genético e ambiental, a seleção torna-se mais eficiente e confiável.

A exemplo da herdabilidade, a estimativa para $CV_g CV_e^{-1}$ também apresentou estimativas inconstantes com o avanço dos ciclos de seleção indicando que a seleção ambiental que ocorreu ao longo dos ciclos não exerceu influência sobre o comportamento genético dos materiais avaliados.

Quando observam-se os valores de herdabilidade e $CV_g CV_e^{-1}$ simultaneamente, as estimativas indicam que o 3º ano de melhoramento apresentou estimativas favoráveis a seleção para todas as variáveis, exceto produtividade. Em contrapartida para o 1º e 2º ano de seleção os valores estimados para todas as variáveis foram baixos, sendo que o valor mais alto estimado de herdabilidade foi de 60,83% e para $CV_g CV_e^{-1}$ apenas a variável dias para florescimento no 2º ano ficou acima de 1, diante disso, os dois primeiros anos de melhoramento seriam menos indicados para realizar seleção visando ganho genético. O 4º ano de seleção apresentou estimativas favoráveis à seleção para ganhos em produtividade, uma vez que foi obtido valores de 83,59% de herdabilidade e 1,30 para $CV_g CV_e^{-1}$.

Em estudo realizado por Vasconcelos et al. (2016) foram avaliados genótipos de quinoa em dois ambientes, e as estimativas de parâmetros genéticos obtidas para os anos de cultivos em estudo, demonstraram que é possível obter ganhos genéticos, tanto selecionando genótipos com as estimativas de cada ano, como também utilizando as estimativas de análise conjunta.

De modo geral, as estimativas dos parâmetros genéticos indicam que quando realizada em cada ambiente a seleção pode contribuir com ganhos para a obtenção de genótipos superiores, entretanto se realizada a estimativa em todos os ambientes através de uma análise conjunta a probabilidade de obter sucesso na seleção reduz consideravelmente, tornando-se até nula para algumas variáveis.

2.4 CONCLUSÕES

Houve variação entre as estimativas dos parâmetros genéticos ao longo dos anos de experimentação para a cultura da quinoa.

Os valores obtidos nas estimativas dos parâmetros genéticos indicam a possibilidade de ganho genético com seleção, principalmente no quarto ano de experimentação, com a cultura da quinoa.

O genótipo Q1303 apresentou valores inferiores a outros genótipos em todas as variáveis analisadas.

2.5 REFERÊNCIAS

ALVARES, C.A.; STAPEN, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, Stuttgart, v.22, n.6, p.711-728, jan. 2014.

BRITO, V.S. Quinoa da gênese ao século XXI: 500 anos de dormência para uma nova perspectiva na alimentação. **Contextos da alimentação**, v.5, n.1, p.81-98, 2016.

CAVIGLIONE, J.H.; KIIHL, L.R.B.; CARAMOR, P.H.; OLIVEIRA, D. **Cartas climáticas do Paraná**, Londrina: IAPAR, 2000.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n.3, p.271-276, 2013.

EGEWARTH, V.A.; VASCONCELOS, E.S.; STRENSKE, A.; EGEWARTH, J.F.; FRANCISCON, H.; ECHER, M.M. Características agronômicas de genótipos de

quinoa no oeste do Paraná. **Scientia Agraria Paranaensis**, v.16, n.3, p.401-407, 2017.

EMBRAPA, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5. ed. rev. e ampl., 355p., 2018.

LEITE, W.S.; PAVAN, B.E.; MATOS FILHO, C.H.A.; FEITOSA, F.S.; OLIVEIRA, C.B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa, Sinop**. v.03, n.04, p. 241-245, 2015.

MORILLO-CORONADO, A.C.; CASTRO-ROBERTO, M.A.; MORILLO-CORONADO, Y. Caracterización de la diversidad genética de una colección de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd). **Biotecnología en el sector agropecuario y agroindustrial**, v.15, n.2, p.49-56, 2017.

OLIVEIRA, G.A.; VASCONCELOS, E.S.; ACHRE, D. Divergência genética entre genótipos de quinoa quanto a crescimento morfológico e caracteres da panícula. **Scientia Agraria Paranaensis**, v.12, suplemento, p.434-439, 2013.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed., Piracicaba: Fealq, 2009, 451 p.

SPEHAR, C.R; ROCHA, J.E.S, SANTOS, R.L.B. Desempenho agrônômico e recomendações para cultivo de Quinoa (BRS SYETETUBA) no cerrado. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.41, n.1, p.145-147, 2011.

VASCONCELOS, E. S.; EGEWARTH, J. F.; OLIVEIRA, G.A.; PIANO, J.T. Características agrônômicas de genótipos de quinoa. **Scientia Agraria Paranaensis**, v.12, suplemento, p.371-376, 2013.

VASCONCELOS, E.S.; HOEPERS, L.M.L.; AMARAL, R.G.; EGEWARTH, V.A.; STRENSKE, A. Genetic parameters and productivity of quinoa in western Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.38, n.2, p.185-191, 2016.

VASCONCELOS, F.S.; VASCONCELOS, E.S.; BALAN, M.G.; SILVÉRIO, L. Desenvolvimento e produtividade de quinoa semeada em diferentes datas no período safrinha. **Revista Ciência Agronômica**, v.43, n.3, p. 510-515, 2012.

3 DIVERSIDADE GENÉTICA AVALIADA EM GENÓTIPOS DE QUINOA

Resumo: Este estudo teve por objetivo avaliar a divergência genética entre genótipos de quinoa conduzidos em quatro anos agrícolas, tendo seleção natural dentro dos genótipos em avaliação. Para realização desse experimento foram cultivados 16 genótipos de quinoa em quatro anos de experimentos (2014, 2015, 2016 e 2019), passando por seleção natural dentro de cada genótipo. Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos ao acaso, composto por três repetições e as parcelas constituídas por 7 linhas de 5 m espaçadas em 0,5 m, sendo desconsiderado as bordaduras obtendo em uma parcela útil de 15 m². Os dados coletados foram: dias para florescimento, altura de planta na colheita, altura de inserção da primeira inflorescência, população de plantas na colheita, ciclo de cultivo e produtividade. Com os dados coletados foram realizadas as análises de variância e a partir dos dados gerados obteve-se a matriz das distâncias de Mahalanobis com o coeficiente de dissimilaridade entre os genótipos, e com essa matriz foi realizado o agrupamento por meio do método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*), sendo gerado um dendrograma para cada ciclo de melhoramento (ano de cultivo). Os resultados demonstraram que existe diversidade genética entre os genótipos estudados. Os genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301 pertenceram ao mesmo grupo em todos os ciclos de melhoramento, a mesma condição foi observada para os genótipos Q1317 e Q1320, e também para os genótipos Q1223 e Q1318. O genótipo Q1321 sempre se apresentou divergente aos genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301.

Palavras-chave: *Chenopodium quinoa*, UPGMA, Dissimilaridade, Mahalanobis

Abstract: This study aimed to evaluate the genetic divergence between quinoa genotypes conducted in four agricultural years, having natural selection within the genotypes under evaluation. To carry out this experiment, 16 quinoa genotypes were cultivated in four years of experiments (2014, 2015, 2016 and 2019), undergoing natural selection within each genotype. The experiments were installed in a randomized block design, consisting of three replications and the plots constituted by 7 lines of 5 m spaced 0.5 m apart, without considering the borders, obtaining a useful plot of 15 m². The data collected were: days to flowering, plant height at harvest, height of insertion of the first inflorescence, plant population at harvest, cultivation cycle and yield. Analyzes of variance were performed with the data collected and the matrix of Mahalanobis distances with the coefficient of dissimilarity between the genotypes was obtained from the generated data, and with this matrix the grouping was performed using the UPGMA (Unweighted Pair) method. Group Method With Arithhimetic Mean), being generated a dendrogram for each breeding cycle (year of cultivation). The results showed that there is genetic diversity among the studied genotypes. Genotypes Q1302, Q1304, Q1324 and Q1301 belonged to the same group in all breeding cycles, the same condition was observed for genotypes Q1317 and Q1320, and also for genotypes Q1223 and Q1318. The Q1321 genotype has always been divergent from the Q1302, Q1304, Q1324 and Q1301 genotypes.

Keywords: *Chenopodium quinoa*, UPGMA, Dissimilarity, heritability

3.1 INTRODUÇÃO

A atual demanda por alimentos com qualidade nutricional superior e funcionais com alta qualidade protéica, entre outras características, como ausência de glúten e que atenda as necessidades de aminoácidos essenciais, torna a quinoa um cultivo alternativo para atender tal demanda (OLIVEIRA FILHO et al., 2018).

Sabendo-se da qualidade nutricional deste grão, a demanda mundial vem aumentando nos últimos anos, sendo que a maior produção ocorre na Bolívia, seguido de Perú, Equador e Chile, e é exportada para vários países (CÂMARA et al., 2020). No Brasil, a introdução e cultivo da quinoa é recente, porém, já existe algumas cultivares disponibilizadas ao cultivo, como a BRS Syetetuba e a Piabiru, que foram obtidas por meio de uma parceria firmada entre a Universidade de Brasília e a Embrapa (MOSCON et al., 2017).

Para potencializar a aceitação desse cultivo no cenário agrícola brasileiro é necessário que seja disponibilizado aos produtores, cultivares com características desejáveis como: ciclo precoce, insensibilidade ao fotoperíodo, uniformidade na maturação, resistência ao acamamento, indeiscência do perigônio e sementes, além de ser produtivo (EGEWARTH et al., 2017).

A quinoa é uma planta alotetraplóide ($2n = 4x = 36$), com herança genética dissômica para grande parte das características, essa condição, por sua vez, dificulta o ganho com seleção em populações segregantes, tornando o processo seletivo mais complicado quando comparado a um cultivo diploide. Tendo em vista que a eleição de genótipos com melhores desempenhos agrônômicos e ampla base genética é um passo fundamental para um programa de melhoramento genético. Utiliza-se várias técnicas para eleição de genótipos parentais a serem utilizados nos programas de melhoramento, tais como análise individual e cruzamentos dialélicos, entretanto, esses métodos demandam muito tempo. Diante disso, uma alternativa aos melhoristas é utilizar medidas de divergência genética (OLIVEIRA et al., 2013).

A análise da diversidade genética permite avaliar simultaneamente várias características, sendo recomendado o uso de medidas de dissimilaridade, sendo que uma forma prática de obtenção dessas medidas é por meio de agrupamentos, que visam agrupar os indivíduos de forma que exista máxima homogeneidade dentro do grupo e máxima heterogeneidade entre eles (FARIA et al., 2012).

Diante disto, este estudo teve por objetivo avaliar a divergência genética entre genótipos de quinoa conduzidos em quatro anos agrícolas, tendo seleção natural dentro dos genótipos em avaliação. Os genótipos em avaliação são pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Quinoa da Universidade Estadual do Oeste do Paraná.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Para realização deste estudo foram utilizados 16 genótipos de quinoa (2014, Q1223, Q1301, Q1302, Q1303, Q1304, Q1306, Q1307, Q1310, Q1317, Q1318, Q1320, Q1321, Q1324, Q1331 e Seleção 1), pertencentes ao Programa de Melhoramento de Plantas de Quinoa da Universidade Estadual do Oeste do Paraná - UNIOESTE, os quais foram coletadas informações em quatro ciclos de melhoramento, utilizando seleção ambiental dentro dos genótipos, conforme descrito na Tabela 1. As localidades de instalação dos experimentos foram a Estação Experimental Dr. Antônio Carlos dos Santos Pessoa, e a Estação Experimental Professor Alcebíades Luiz Orlando, ambas pertencente à UNIOESTE, sendo a primeira localizada em Marechal Cândido Rondon e a segunda em Entre Rios do Oeste, no oeste do estado do Paraná, Brasil.

Os experimentos conduzidos em Marechal Cândido Rondon estavam localizados nas coordenadas aproximadas de 24°31'S e 54°01'W, à uma altitude aproximada de 380m. O clima de acordo com Alvares et al. (2014), é do tipo Cfa segundo a classificação proposta por Köppen, clima subtropical com temperatura média do mês mais frio inferior a 18°C e do mês mais quente superior a 22°C. O solo de acordo com a Embrapa (2018) é de textura argilosa, classificado como LATOSSOLO VERMELHO Eutroférico (Lvef).

No município de Entre Rios do Oeste, os experimentos se localizavam nas coordenadas geográficas aproximadas de 34°14'S e 54°14'W, a uma altitude aproximada de 260 m, com classificação climática segundo Köppen, como Cfa, subtropical mesotérmico, com as temperaturas médias anuais variando entre 17 a 19°C (CAVIGLIONE et al., 2000). O solo é classificado como LATOSSOLO VERMELHO Eutroférico (LVef) com textura argilosa (EMBRAPA, 2018).

As informações de datas de semadura, adubação e localidade de instalação de cada ensaio estão descritas individualmente na Tabela 1.

Tabela 1. Resumo detalhado das datas de semeadura, locais e adubação realizada para cada experimento implantado.

Ano	Experimento/Local	Semeadura	Adubação
1	1 - Entre Rios do Oeste	23/09/2014	125 kg ha ⁻¹ NPK10-15-15
	2 - Entre Rios do Oeste	28/10/2014	125 kg ha ⁻¹ NPK10-15-15
2	3 - Marechal C. Rondon	23/09/2015	250 kg ha ⁻¹ NPK02-20-20
	4 - Entre Rios do Oeste	07/10/2015	250 kg ha ⁻¹ NPK02-20-20
3	5 - Marechal C. Rondon	24/10/2016	300 kg ha ⁻¹ NPK10-15-15
4	6 - Marechal C. Rondon	11/10/2019	180 kg ha ⁻¹ NPK 8-20-20

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições, com parcelas de 3,5 m de largura e 7 m de comprimento, sendo compostas por 7 linhas espaçadas à 0,5 m, para avaliação foram desconsideradas as linhas laterais e 0,5 m de cada extremidade das parcelas, resultando em uma área útil de 15 m².

O procedimento de semeadura foi executado através de adubação e sulcagem realizada com uma semeadora de plantio direto, sendo aplicado a dosagem e formulação indicado na Tabela 1, seguida da distribuição das sementes realizada com uma semeadora manual de parcelas, distribuindo 35 sementes por metro linear.

Durante o desenvolvimento da cultura foram realizados o controle das plantas daninhas quando necessário para evitar competição entre plantas, sendo realizado de forma manual, e não houve necessidade de controle de doenças e pragas. As condições climáticas nas áreas experimentais em ambos experimentos foram normais com precipitações bem distribuídas, temperaturas dentro da média anual e não houve ocorrência de intempérie climática, salvo para o experimento conduzido em Marechal Cândido Rondon, no ano de 2015, que passou por um veranico que afetou o ciclo dos genótipos, provocando a maturação precoce não sendo possível avaliar essa variável para esse ano e local em questão.

A colheita foi realizada conforme os genótipos alcançavam a coloração característica de maturidade, reduzindo assim as chances de perdas com precipitação na colheita. As plantas foram colhidas de forma manual e a debulha realizada com a utilização de uma trilhadora estacionária acoplada em trator, sendo que o equipamento foi limpo após a trilha de cada parcela, para evitar misturas. Após a debulha, os grãos foram acondicionados em sacas identificadas e

encaminhadas para laboratório, onde passarem pelo processo de limpeza de impurezas, secagem e pesagem. Com os dados dos pesos dos grãos colhidos da parcela foram realizadas as estimativas da produtividade por hectare.

Foram coletados dados de altura de planta na colheita (medida do nível do solo até a ápice da planta, em cm), altura de inserção da inflorescência (medida do nível do solo até a inserção da primeira inflorescência, em cm); para a determinação das alturas foi utilizado uma trena e mensurando-se dez plantas escolhidas aleatoriamente dentro da área útil das parcelas e calculado a média amostral. Também foram avaliadas as variáveis população de plantas na colheita (para determinação da população foi escolhido uma linha aleatoriamente dentro da área útil da parcela, medido 2 metros e realizado a contagem de plantas, e posteriormente calculado a média, sendo o dado em plantas por metro), ciclo (em dias contados a partir da data de semeadura até a data de colheita), e produtividade (kg ha^{-1} , conforme descrito nos procedimentos de colheita).

O modelo estatístico utilizado para a análise de variância do 1º e 2º ciclo de melhoramento foi:

$$Y_{ijk} = m + G_i + B_k + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} = característica observada

m = Média dos experimentos

G_i = Efeito do genótipo

B_i = Efeito de bloco

A_j = Efeito do ambiente

GA_{ij} = Efeito da interação genótipo x ambiente

E_{ijk} = Erro

O modelo estatístico utilizado para a análise de variância dos anos 3 e 4 de melhoramento foi:

$$Y_{ijk} = m + G_i + B_k + E_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} = característica observada

m = Média dos experimentos

G_i = Efeito do genótipo

B_i = Efeito de Bloco

E_{ijk} = Erro

Com os dados resultantes das análises de variância, obteve-se a matriz das distâncias de Mahalanobis com o coeficiente de dissimilaridade entre os genótipos, e com essa matriz foi realizado o agrupamento através do método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*), sendo gerado um dendrograma para cada ciclo de melhoramento. As análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013).

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Cada experimento foi analisado individualmente para verificar a homogeneidade e a normalidade, após a validação dos dados, os mesmos foram analisados de forma agrupada por ano de melhoramento (4 ciclos), conforme apresentado na Tabela 2.

Tabela 2. Resumo da análise de variância por anos de melhoramento para altura de planta no florescimento (APF), dias para florescimento (DF), altura de plantas na colheita (APC), altura de inserção da inflorescência (AII), população de plantas na colheita (PPC), ciclo e produtividade (PROD), de 16 genótipos cultivados em experimentos instalados nos municípios de Marechal Cândido Rondon e Entre Rios do Oeste, no estado do Paraná, entre os anos de 2014 e 2019

Ano	FV	(GL) QUADRADOS MÉDIOS					
		DF	APC	AII	PPC	CICLO	PROD
1º Ano	Bloco	(2) 3,13	(2) 40,93	(2) 139,96	(2) 13,89	(2) 6,32	(2) 497494
	Genótipo	(15) 7,18 ^{ns}	(15) 177,86 ^{ns}	(15) 791,02 ^{ns}	(15) 213,24 ^{ns}	(15) 34,82*	(15) 376774 ^{ns}
	Ambiente	(1) 1060,01*	(1) 1,43 ^{ns}	(1) 10854,51*	(1) 4704,00*	(1) 304,59*	(1) 5468808*
	Gen X Amb	(15) 4,83 ^{ns}	(15) 391,82*	(15) 637,33*	(15) 231,58*	(15) 13,64*	(15) 307087*
	Resíduo	(62) 3,04	(62) 115,01 ^{ns}	(62) 147,05	(62) 75,56	(37) 4,47	(62) 167117
	Média Geral	53,03	138,10	71,49	22,40	79,76	1803
	CV%	3,29	7,77	16,96	38,81	2,65	22,67
2º Ano	Bloco	(2) 0,41	(2) 47,43	(2) 26,18	(2) 14,89	(2) 0,07	(2) 135936
	Genótipo	(15) 9,65 ^{ns}	(15) 304,36 ^{ns}	(15) 95,02 ^{ns}	(15) 342,31 ^{ns}	(15) 8,25 ^{ns}	(15) 135154 ^{ns}
	Ambiente	(1) 65,01*	(1) 6081,76*	(1) 12,18*	(1) 3901,50*	(1) 704,17*	(1) 9449522*
	Gen X Amb	(15) 5,41*	(15) 527,56*	(15) 85,15*	(15) 222,43 ^{ns}	(15) 8,26*	(15) 145105*
	Resíduo	(62) 0,45	(62) 237,57	(62) 53,57	(31) 145,84	(30) 0,66	(62) 276680
	Média Geral	49,34	124,07	47,64	23,58	86,29	921
	CV%	1,36	12,42	15,36	51,21	0,94	18,06
3º Ano	Bloco	(2) 1,75	(2) 11,00	(2) 22,98	(2) 8,58	(2) 2,89	(2) 61832
	Genótipo	(15) 89,79*	(15) 677,69*	(15) 263,52*	(15) 308,25*	(15) 50,57*	(15) 95108 ^{ns}

	Resíduo	(30) 0,46	(30) 33,38	(30) 19,88	(30) 7,65	(30) 1,92	(30) 99515
	Média Geral	43,31	152,15	48,15	10,77	79,54	1417
	CV%	1,57	3,80	9,26	25,68	1,74	22,25
4° Ano	Bloco	(2) 0,77	(2) 144,19	(2) 329,33	(2) 25,62	(2) 0,15	(2) 39605
	Genótipo	(15) 0,22 ^{ns}	(15) 72,01 ^{ns}	(15) 155,33 ^{ns}	(15) 35,74*	(15) 0,42*	(15) 271807*
	Resíduo	(30) 0,24	(30) 98,61	(30) 148,24	(30) 10,57	(30) 0,15	(30) 44615
	Média Geral	52,52	149,94	58,85	9,32	95,35	1254
	CV%	0,93	6,62	20,69	34,89	0,40	16,84

*significativo a 5% de probabilidade de erro, ^{ns} não significativo, pelo teste F.

Observa-se nos resultados da análise de variância que os valores de CV ficaram abaixo de 10% para as variáveis dias de floração e ciclo sendo considerado baixo de acordo com Pimentel-Gomes (2009), percebe-se ainda que com exceção da população de plantas na colheita, todas as outras variáveis ficaram abaixo de 30%, o que indica uma boa precisão experimental, de acordo com o mesmo autor. Os valores elevados obtidos para a variável população de plantas na colheita é explicado por uma comportamento que durante o desenvolvimento inicial, por questões de adaptação ao ambiente várias plantas morrem, de forma aleatória entre os genótipos.

Observa-se ainda que os graus de liberdade do resíduo da variável ciclo para os dois primeiros anos de melhoramento e da variável população de planta na colheita do segundo ano, diferiram dos demais, essa condução é explicada por Pimentel-Gomes (2009), o qual diz que para uma análise poder ser realizada de forma conjunta, a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo não pode ser superior a 7, dessa forma o software utilizado realizou o ajuste dos graus de liberdade para as variáveis em questão.

Os resultados do teste F para a análise conjunta mostra que não houve variação significativa entre os genótipos nos dois primeiros anos de melhoramento, exceto para a variável ciclo no primeiro ano. Entretanto quando se observa a interação entre genótipo e ambiente, observa-se significância para todas as variáveis, exceto dias para florescimento no primeiro ano e população de plantas na colheita no segundo ano. Tal condição indica que houve comportamento diferencial entre as cultivares nos ambientes, e sugere que agrupamentos realizados com dados de um experimento podem ser equivocados, uma vez que não consideram a variabilidade ambiental, dessa forma quanto maior o número de ambientes testados por ciclo de melhoramento, maior será a precisão do agrupamento.

No terceiro ano de melhoramento os genótipos diferiram entre si para todas as variáveis com exceção da produtividade, e ao analisar o quarto ano, verifica-se diferença significativa entre os genótipos para as variáveis população de planta na colheita, ciclo e produtividade.

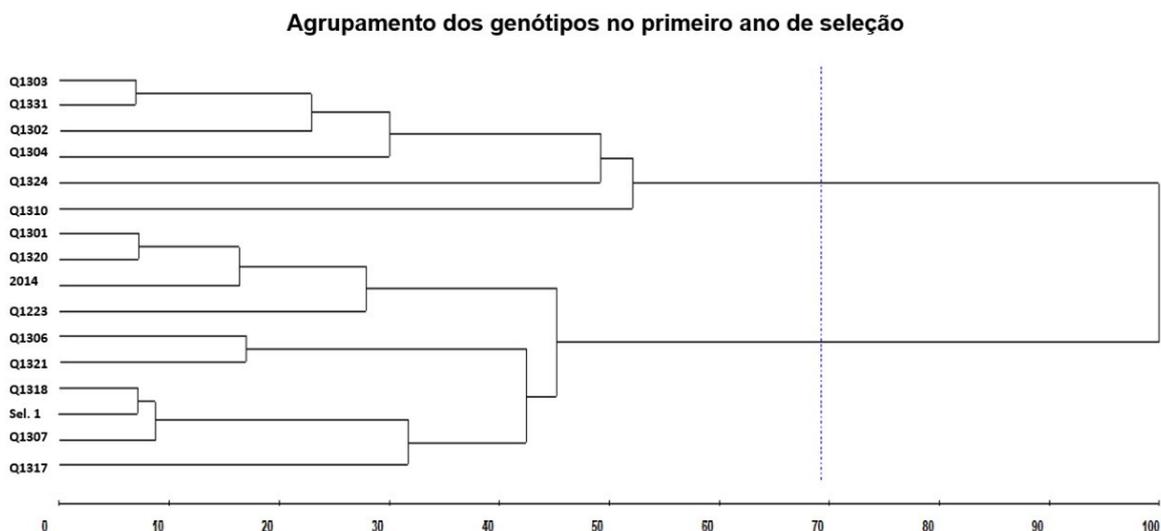


Imagem 1. Dendrograma obtido a partir de seis características agronômicas avaliadas em 16 genótipos de quinoa agrupados pelo método UPGMA, com os dados do primeiro ano de melhoramento genético.

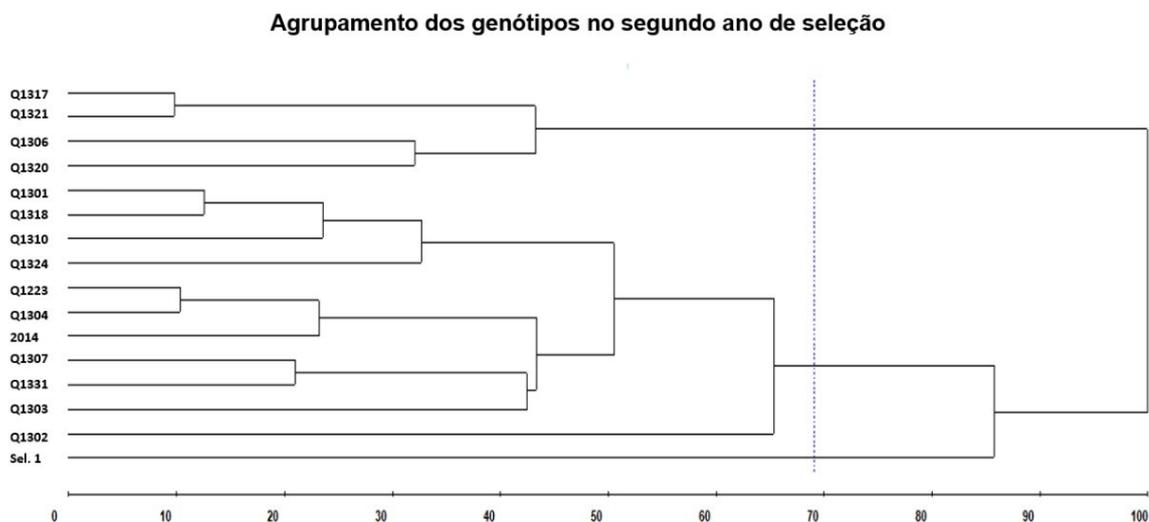


Imagem 2. Dendrograma obtido a partir de seis características agronômicas avaliadas em 16 genótipos de quinoa agrupados pelo método UPGMA, com os dados do segundo ano de melhoramento genético.

Agrupamento dos genótipos no terceiro ano de seleção

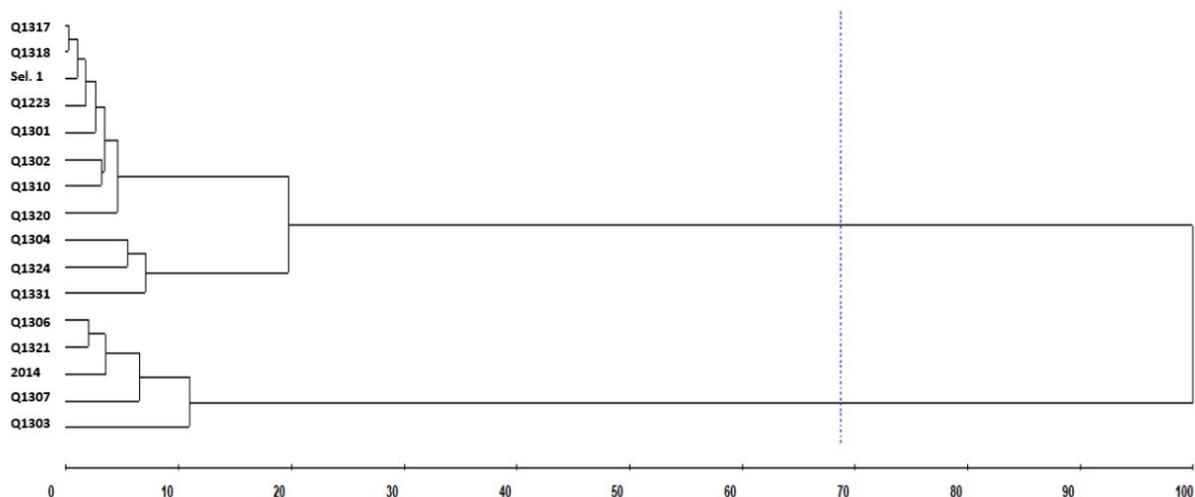


Imagem 3. Dendrograma obtido a partir de seis características agronômicas avaliadas em 16 genótipos de quinoa agrupados pelo método UPGMA, com os dados do terceiro ano de melhoramento genético.

Agrupamento dos genótipos no quarto ano de seleção

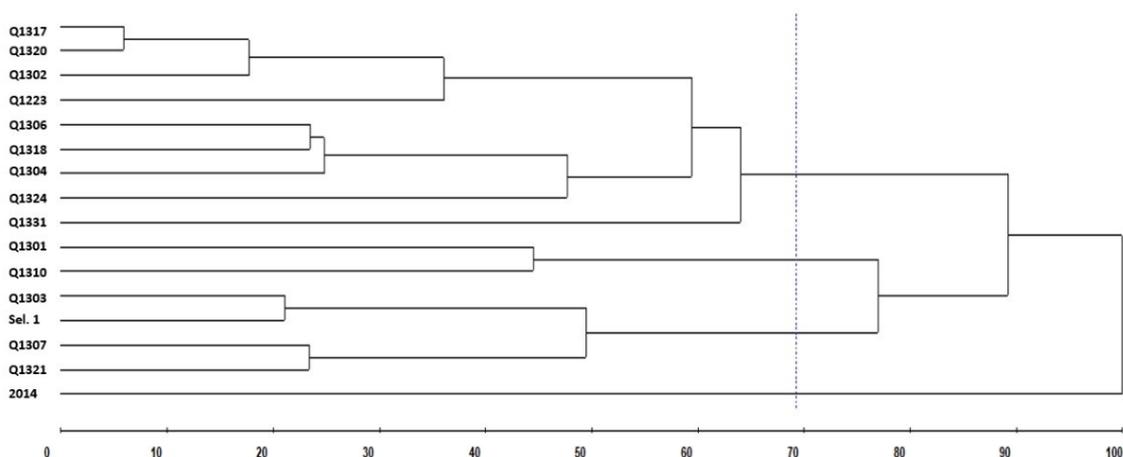


Imagem 4. Dendrograma obtido a partir de seis características agronômicas avaliadas em 16 genótipos de quinoa agrupados pelo método UPGMA, com os dados do quarto ano de melhoramento genético.

As imagens 1, 2, 3 e 4 contém os dendrogramas obtidos por meio do agrupamento utilizando o método UPGMA, Segundo Mingoti (2005), o pesquisador pode escolher o ponto de corte na escala de distância cortando os ramos do dendrograma, dessa forma a linha tracejada que indica o ponto de corte foi definida em 70%, definido assim o agrupamento dos genótipos em dois grupos no primeiro e terceiro ano de melhoramento, três grupos no segundo ano e quatro grupos no quarto ano de cultivo.

Para o primeiro ano de melhoramento, obtiveram-se dois grupos com diferença significativa sendo que, o grupo I foi formado pelos genótipos Q1302, Q1303, Q1304, Q1310, Q1324 e Q1331, e o grupo II formado pelos genótipos 2014, Q1223, Q1301, Q1306, Q1307, Q1317, Q1318, Q1320, Q1321, Seleção 1.

Para o segundo ano obteve-se três grupos, sendo eles, grupo I composto pelos genótipos Q1306, Q1317, Q1320, Q1321, e o grupo II pelos genótipos 2014, Q1223, Q1301, Q1302, Q1303, Q1304, Q1307, Q1310, Q1318, Q1324, Q1331, e o grupo III foi formado pelo genótipo Seleção 1.

No terceiro ano, foram formados dois grupos, sendo o grupo I composto pelos genótipos Q1223, Q1301, Q1302, Q1304, Q1310, Q1317, Q1318, Q1320, Q1324, Q1331 e Seleção 1, e o grupo II formado pelos genótipos 2014, Q1303, Q1306, Q1307 e Q1321.

Para o quarto ano, formou-se quatro grupos, sendo o grupo I composto pelos genótipos Q1223, Q1302, Q1304, Q1306, Q1317, Q1318, Q1320, Q1324, Q1331, grupo II Q1301 e Q1310, grupo III Q1303, Q1307, Q1321 e Seleção 1, e o genótipo 2014 diferiu dos demais genótipos, formando o grupo IV.

Observando a composição dos grupos, verifica-se que ao longo do processo de melhoramento, com a seleção ambiental, houve uma reorganização dos grupos, onde genótipos que eram discrepantes no primeiro ano de estudo passaram a fazer parte do mesmo grupo. Entretanto vale ressaltar que de acordo com Cargnelutti Filho et al. (2008), a interação significativa entre genótipo e ambiente, pode ter influenciado no agrupamento, uma vez que os dois primeiros anos foram conduzidos em dois ambientes e os dois subsequentes em apenas um local, dessa forma, a tomada de decisão por parte do melhorista deve ser de forma cautelosa.

Em contrapartida, os genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301 em todos os ciclos de cultivos, ficaram no mesmo grupo, indicando haver homogeneidade genética entre eles, a mesma condição ocorreu para os genótipos Q1317 e Q1320, e também para os genótipos Q1223 e Q1318. Desse modo, ao escolher genótipos visando gerar variabilidade ou combinações em hibridação, o melhorista deve evitar utilizar genótipos que pertenceram ao mesmo grupo durante todo o ciclo de melhoramento.

Outra condição observada é que o genótipo Q1321, em todos os anos de melhoramento ficou em grupo diferente dos genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301, indicando ser contrastante geneticamente, sendo assim, poderia ser

utilizado em hibridações para aumentar o leque de variabilidade do programa de melhoramento genético.

Também observa-se que no quarto ano de melhoramento formou-se quatro grupos, indicando que durante o processo de seleção natural houve um aumento na variabilidade entre os genótipos, contudo por se tratar de um único experimento, torna-se necessário novos estudos para corroborar ou contradizer essa indicativa.

De modo geral, verificou-se nos resultados que existe variabilidade entre os genótipos, sendo indicado ao melhorista a realização de coleta de dados em mais de um local, sendo que quanto maior o número de locais testados, maior será a precisão do agrupamento.

3.4 CONCLUSÕES

Os genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301 pertenceram sempre ao mesmo grupo em todos os anos de avaliação, indicando a similaridade entre os mesmos. A mesma condição foi observada para os genótipos Q1317 e Q1320, e também para os genótipos Q1223 e Q1318.

O genótipo Q1321 apresenta diferença genética com genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301.

Com o passar do tempo de seleção natural dentro dos genótipos, observou-se um aumento no número de grupos originados com a análise de divergência genética.

3.5 REFERÊNCIAS

ALVARES, C.A.; STAPEN, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, Stuttgart, vol.22, n.6, p.711-728, jan. 2014.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação entre métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.8, p.2138-2145, nov. 2008.

CÂMARA, A.; MARQUES, B. L. M.; LIRA, K. H. D. S.; SOUSA JÚNIOR, F. C.; PASSOS, T. S.; ASSIS, C. F. Estudo da composição química da semente da quinoa *Chenopodium quinoa*. **Brazilian Journal of Development**. v. 6, n. 6, p. 34209-34226, jun. 2020.

CAVIGLIONE, J.H.; KIIHL, L.R.B.; CARAMOR, P.H.; OLIVEIRA, D. **Cartas climáticas do Paraná**, Londrina: IAPAR, 2000.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n.3, p.271-276, 2013.

EGEWARTH, V.A.; VASCONCELOS, E.S.; STRENSKE, A.; EGEWARTH, J.F.; FRANCISCON, H.; ECHER, M.M. Características agronômicas de genótipos de quinoa no oeste do Paraná. **Scientia Agraria Paranaensis**, v.16, n.3, p.401-407, 2017.

EMBRAPA, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5ª edição revisada e ampliada, 355p., 2018.

FARIA P. N.; CECON P. R.; SILVA A. R.; FINGER F. L.; SILVA F. F.; CRUZ C.D.; SÁVIO F.L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, v.30, n. 3, p. 428-432, jul/set. 2012.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte, UFMG, 2005, 295 p.

MOSCON, E. S.; MARTIN, S.; SPEHAR, C. R.; DEVILLA, I. A.; RODOLFO JUNIOR, F. Cinética de secagem de grãos de quinoa (*Chenopodium quinoa w.*). **Engenharia na Agricultura**, v.25, n.4, p. 318-325, 2017.

OLIVEIRA FILHO, A. F.; SILVA, M. N. C.; INNECCO, R.; BEZERRA, F. T. C.; ABREU, W. E. Efeito do arranjo de plantio da quinoa em baixa altitude. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 41, n. 2, p. 367-375, 2018.

OLIVEIRA, G. A.; VASCONCELOS, E. S.; ACHRE, D. Divergência genética entre genótipos de quinoa quanto a crescimento morfológico e caracteres de panícula. **Scientia Agraria Paranaensis**, v.12, suplemento, p. 434-439, dez. 2013.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed., Piracicaba: Fealq, 2009, 451 p.

4 CONCLUSÕES GERAIS

O cultivo da quinoa ainda é pouco difundido no Brasil, entretanto se apresenta como uma alternativa para a diversificação do sistema produtivo nacional, tanto pensando em diversificar as propriedades rurais possibilitando um aumento da renda dos agricultores, como também pode ser utilizada como cultivo de rotação de culturas.

No entanto, para obtenção de cultivares adaptados ao sistema de cultivo brasileiro, e com características de interesse, como alto potencial produtivo, precocidade, qualidade de grãos, ausência de saponina, entre outros, é necessário investir esforços em aplicar técnicas de melhoramento genético, para obter genótipos superiores.

Para contribuir com a tomada de decisão em um programa de melhoramento, pode-se utilizar as estimativas dos parâmetros genéticos que para esse estudo mostraram que existe uma variação entre as estimativas dos parâmetros genéticos ao longo dos anos de experimentação para a cultura da quinoa. E que os valores obtidos nas estimativas dos parâmetros genéticos indicam que existe a possibilidade de ganho genético com seleção, principalmente no quarto ano de experimentação, com a cultura da quinoa.

Outra informação importante que contribui para a tomada de decisão por parte do melhorista é a análise da diversidade genética, e ao estudar os 16 genótipos pertencentes a UNIOESTE, conclui-se que os genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301 pertenceram sempre ao mesmo grupo em todos os anos de avaliação, indicando a similaridade entre os mesmos a mesma condição foi observada entre os genótipos Q1317 e Q1320, e também entre os genótipos Q1223 e Q1318. O genótipo Q1321 apresentou-se sempre em grupos diferentes dos genótipos Q1302, Q1304, Q1324 e Q1301, evidenciando diferença genética entre eles. Com o passar do tempo de seleção natural dentro dos genótipos, observou um aumento no número de grupos originados com a análise de divergência genética.