



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MORFOLÓGICA E FÍSICO-
QUÍMICA DE PROGÊNIES DE QUINOA COM POTENCIAL DE
ADAPTAÇÃO EM AMBIENTES TROPICAIS**

WILSON ANCHICO JOJOA

TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA

BRASÍLIA, DF MAIO/2022



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MORFOLÓGICA E FÍSICO-
QUÍMICA DE PROGÊNIES DE QUINOA COM POTENCIAL DE
ADAPTAÇÃO EM AMBIENTES TROPICAIS**

WILSON ANCHICO JOJOA

ORIENTADOR: JOSE RICARDO PEIXOTO
CO-ORIENTADOR: CARLOS ROBERTO SPEHAR

TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA

BRASÍLIA, DF MAIO/2022



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MORFOLÓGICA E FÍSICO-
QUÍMICA DE PROGÊNIES DE QUINOA COM POTENCIAL DE
ADAPTAÇÃO EM AMBIENTES TROPICAIS**

WILSON ANCHICO JOJOA

**TESE DE DOUTORADO SUBMETIDA AO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
AGRONOMIA, COMO PARTE DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO
DO GRAU DE DOUTOR EM AGRONOMIA.**

APROVADA POR:

JOSÉ RICARDO PEIXOTO, Dr. (ORIENTADOR)/Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária - Universidade de Brasília. E-mail: peixoto@unb.br

MICHELLE SOUZA VILELA, Dra. (EXAMINADORA INTERNA) Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária - Universidade de Brasília. E-mail: michellevilela@unb.br

RENATO FERNANDO AMABILE, Dr. (EXAMINADOR EXTERNO) Embrapa Cerrados. E-mail: renato.amabile@embrapa.br

ROSA MARIA DE DEUS DE SOUSA, Pós-doc. (EXAMINADORA EXTERNA) / UPIS - União Pioneira de Integração Social. E-mail: rosamdsf@yahoo.com.br

BRASÍLIA, DF MAIO /2022

FICHA CATALOGRÁFICA

Anchico-Jojoa Wilson

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MORFOLÓGICA E FÍSICO-QUÍMICA DE PROGÊNIES DE QUINOA COM POTENCIAL DE ADAPTAÇÃO EM AMBIENTES TROPICAIS.

Orientação: José Ricardo Peixoto - Brasília, 2022. 170 p.: il.

Tese de Doutorado (D) - Universidade de Brasília/Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2022

1. *Chenopodium quinoa*. 2. Vigor de sementes. 3. Fenologia. 4. Cruzamento Natural. 5. Interação genótipo por ambiente. 6. Variabilidade genética. 7. Melhoramento genético vegetal.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

Anchico-Jojoa Wilson. **Caracterização agronômica, morfológica e físico-química de progênies de quinoa com potencial de adaptação em ambientes tropicais**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2022, 172 p.: il. Tese de Doutorado.

CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: Wilson Anchico Jojoa

TÍTULO DA TESE: Caracterização agronômica, morfológica e físico-química de progênies de quinoa com potencial de adaptação em ambientes tropicais.

GRAU: Doutor ANO: 2022

É concedida à Universidade de Brasília de Brasília permissão para reproduzir cópias desta tese de doutorado para única e exclusivamente propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta tese de doutorado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor. Citações são estimuladas, desde que citada à fonte.

Wilson Anchico Jojoa

E-mail: anchico25@gmail.com

Dedico este trabalho. A meu filho Alejandro, minha mulher Alejandra, meus pais Guillermo e Rosalba, meus irmãos Ana, Carmen e Guillermo, por seu apoio, paciência, colaboração e amor incondicional.

AGRADECIMENTOS

- A Deus e ao nosso Senhor Jesus Cristo por estarem sempre do meu lado, me dando força e coragem para enfrentar os desafios durante essa caminhada. A Ele toda hora e toda glória.
- A nossa Senhora pela constante proteção.
- A meu filho Alejandro Anchico e minha mulher Alejandra Trullo. Obrigado por estar sempre do meu lado e por compreender a minha constante ausência. Essa conquista também é de vocês,
- Aos meus pais Guillermo Anchico e Rosalba Jojoa por serem exemplo de determinação, caráter e honestidade.
- A meus irmãos Ana, Carmen e Memo por seu apoio e colaboração em tudo este processo.
- A meus sogros Hamilton Trullo e Nilcia Medina e o meu cunhado Juan Diego por seu acompanhamento a minha família e seu apoio.
- A Universidade de Brasília (UnB), Programa de Pós-Graduação em Agronomia pelo apoio institucional e a oportunidades de cursar o doutorado, e à *Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior*, (CAPES) pela bolsa de estudo.
- Ao meu orientador José Ricardo Peixoto e co-orientador Carlos Roberto Spehar, pela orientação, pelo dinamismo e brilhantismo, pela motivação, pelos ensinamentos transmitidos, pelo amor à Agronomia, os meus sinceros agradecimentos.
- A professora Michelle Vilela por ter aceitado participar da banca, por toda ajuda na pesquisa em campo e o apoio nas análises estatísticas e pela paciência e carinho em transmitir seus conhecimentos.
- A professora Rosa Maria de Deus de Sousa, por ter aceitado participar da banca e pelas sugestões realizadas a este trabalho.
- Ao Dr. Renato Fernando Amabile, por ter aceitado participar da banca, pelos ensinamentos e sugestões realizadas a este trabalho, por todo conhecimento compartilhado.
- Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, FAV, UnB, por todos os conhecimentos transmitidos.
- A Universidade de Passo Fundo (UPF) – Centro de Pesquisas em Alimentação (CEPA) pela realização das análises de pós- colheita.
- A Universidade del Cauca, pelo apoio recebido para a realização da pesquisa.
- A Universidade de Santiago do Chile, pelo apoio nas análises.
- Aos colegas do Grupo de Estudos em Horticultura (GEHORTI), pelo apoio nas pesquisas.
- Às estagiárias, Andrea Mosquera e Dayana Zamboni, por sua colaboração em campo.

- Aos funcionários da Fazenda Água Limpa, em especial ao Israel, Joel, Cana Verde, Ricardo, Seu Zé e Rogério, por toda ajuda nos experimentos de campo. Foi um prazer trabalhar com vocês.
- A todos os amigos da Pós-Graduação, pela amizade.
- A meus amigos Andrés, Pedro, Carolina, Isabel, Fabian, Diego que me acompanharam no processo do doutorado.
- A todos que colaboraram direta ou indiretamente para realização deste trabalho, muito obrigado!

SUMÁRIO

SUMÁRIO	viii
RESUMO GERAL.....	xvii
ABSTRACT.....	xx
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Origem e importância da quinoa.....	3
2.2 Folhas.....	3
2.3 Inflorescência	3
2.4 Flores.....	4
2.5 Peso de mil sementes.....	4
2.6 Índice de colheita	5
2.7 Importância nutricional e aportes potenciais da quinoa à segurança e soberania alimentar.	5
2.8 Importância da quinoa no Brasil	6
2.9 Temperatura do ar de desenvolvimento da quinoa.....	7
2.10 Altitude de desenvolvimento da quinoa.....	8
2.11 Distribuição geográfica e ecológica	9
2.12 Variabilidade genética.....	10
2.13 Objetivos de melhoramento genético.....	11
2.14 Melhoramento genético de quinoa	11
2.15 Interação genótipo por ambiente.....	14
2.16 Análises multivariadas	15
2.17 Escala BBCH (Biologische Bundesanstalt Bundessortenamt und Chemische Industrie).....	16
2.18 Cálculo da somatória térmica.....	17
2.19 Características dos genótipos	18
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	20
CAPÍTULO 1	30
RESUMO	31
ABSTRACT.....	32
1. INTRODUCTION.....	33
2. MATERIALS AND METHODS	35
3. RESULTS AND DISCUSSION	37
4. CONCLUSIONS.....	43
5. BIBLIOGRAPHIC REFERENCES	44
CAPÍTULO 2	48
RESUMO	49

ABSTRACT.....	50
1. INTRODUCTION.....	51
2. MATERIALS AND METHODS	53
2.1 Physiographic characteristics of location and soil management	53
2.2 Quinoa genotypes and selected progenies.....	54
2.3 Phenological evaluation	54
2.4 Determination of thermal units	54
2.5 Experimental design and statistical analysis	55
3. RESULTS AND DISCUSSION	56
4. CONCLUSION.....	65
5. BIBLIOGRAPHIC REFERENCES	66
CAPÍTULO 3	70
RESUMO	71
ABSTRACT.....	72
1. INTRODUÇÃO	73
2. MATERIAL E MÉTODOS	75
2.1. Local de semeadura.....	75
2.2. Local das análises físico-químicas e capacidade antioxidante.....	75
2.3. Amostra.....	75
2.4. Avaliação físico-química.....	76
2.5. Avaliação da atividade antioxidante.....	78
2.6. Análises Estatísticas	78
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	79
4. CONCLUSÕES.....	85
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	86
CAPÍTULO 4	92
RESUMO	93
1. INTRODUÇÃO	95
2. MATERIAL E MÉTODOS	97
2.1 Experimento no Brasil.....	97
2.3 Desenho experimental.....	97
2.4 Análise estatística.....	98
2.5 Progênies avaliadas	98
2.6 Avaliações Agronômicas.....	99
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	101
4. CONCLUSÕES.....	108

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	109
CAPÍTULO 5	115
RESUMO	116
1. INTRODUÇÃO	118
2. MATERIAL E MÉTODOS	120
2.1 Local de desenvolvimento experimental no Brasil	120
2.2 Local de desenvolvimento experimental na Colômbia	120
2.3 Seleção dos progenitores	120
2.4 Características dos progenitores (progênies).....	120
2.5 Cultivo dos progenitores	121
2.8 Semeadura sementes geração F ₁	124
2.9 Seleção das plantas metodologia 1 e 2.	124
2.10 Semeadura da geração F ₂	125
2.11 Avaliações Agronômicas da geração F ₂	126
2.12 Análises estatísticas.....	127
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	129
4. CONCLUSÕES.....	138
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	139

ÍNDICE DE FIGURAS

Capítulo 1

Figure 1. Dendrogram for hierarchical cluster analysis and grouping based on germination rate, radicle and hypocotyl length and germination rate after accelerated ageing test of 18 quinoa genotypes. 41

Figure 2. Graphic representation of standard germination test (SGT), hypocotyl length (HL), radicle length (RL) and accelerated ageing germination test (AGT) for k-means. 42

Capítulo 2

Figure 1. Temperatures and rainfall two growing period in 2018 and 2019 (March/June, 2018) and (May/August, 2019). 53

Figure 2. Accumulated thermal units (ATU) for the two planting dates at BBCH-08 (hypocotyl with cotyledons growing towards soil surface), BBCH-10 (cotyledons fully emerged), BBCH-11 (first pair of leaves visible), BBCH-12 (second pair of leaves visible), BBCH-13 (third pair of leaves visible), BBCH-20 (visible lateral buds), BBCH-50 (inflorescence present but still enclosed by leaves), BBCH-51 (leaves surrounding inflorescence separated), BBCH-59 (inflorescence visible), BBCH-69 (complete anthesis), BBCH-81 (milky grain), BBCH-85 (thick grain), and BBCH-89 (ripe grain). 60

Figure 3. Dendrogram for hierarchical grouping of 12 quinoa progenies by using accumulated thermal units (ATU). 63

Capítulo 3

Figura 1. Dendrograma resultante da análise de agrupamento hierárquico pelo método de Ward com a formação de grupos com base nos dados de umidade (%), carboidratos (%), proteína (%), lipídios (%), fibra (%) e cinzas (%) para 11 genótipos de quinoa. 83

Capítulo 4

Figura 1. Temperatura e precipitação nos ciclos de desenvolvimento da quinoa, nos quatro locais. Local 1: S. Quilichao – Colômbia; Local 2: Popayán – Colômbia; Local 3: Brasília, 2018 – Brasil; Local 4: Brasília, 2019 - Brasil. 97

Figura 2. Biplot dos componentes principais (PC1 e PC2) de oito progênies de quinoa cultivadas em quatro locais para rendimento de grãos (RG), rendimento de massa seca (RMS), peso de mil grãos (PMG) e índice de colheita (IC). Progênies são representados por pontos e os ambientes correspondem aos vetores. 105

Capítulo 5

Figura 1. Identificação dos progenitores etapas iniciais a) plantas com pigmentação (doadores, dominantes); b) Plantas sem pigmentação (receptores, recessivos). 121

Figura 2. Identificação dos progenitores na floração a) plantas com pigmentação (doadores, dominantes); b) Plantas sem pigmentação (receptores, recessivos). 122

Figura 3. Desenho: semeadura em vasos (*metodologia 1*). 123

Figura 4. Desenho: semeadura em campo (*Metodologia 2*). 123

Figura 5. Identificação de híbridos F₁, pela presença de pigmentação do oxalato de cálcio nas folhas. 125

ÍNDICE DE TABELAS

Capítulo 1

Table 1. Analysis of variance for standard germination test (SGT), radicle length (RL), hypocotyl length (HL) and accelerated ageing germination test (AGT) for quinoa genotypes. 37

Table 2. Means for cultivar selected plant progenies seeds evaluated by standard germination test (G), hypocotyl length (HL), radicle length (RL) and Accelerated ageing germination test (AGT). UnB, Brasília-DF, Brazil, 2019. 38

Table 3. P-value for the characteristics of standard germination test, hypocotyl length, radicle length and accelerated ageing germination test for the *Clusters* based on k-means. 41

Capítulo 2

Table 1. Accumulated thermal units (ATU) of quinoa progenies for the two planting dates (March / June, 2018) and (May / August, 2019) at BBCH-08 (hypocotyl with cotyledons growing over soil surface), BBCH-10 (cotyledons fully emerged), BBCH-11 (first pair of leaves visible), BBCH-12 (second pair of leaves visible), BBCH-13 (third pair of leaves visible), BBCH-20 (visible lateral buds), BBCH-50 (inflorescence present but still enclosed by leaves), BBCH-51 (leaves surrounding inflorescence separated,), BBCH-59 (inflorescence visible), BBCH-69 (complete anthesis), BBCH-81 (milky grain), BBCH-85 (thick grain), and BBCH-89 (ripe grain). 57

Table 2. Accumulated thermal units (ATU) of 12 quinoa progenies in BBCH-08 (hypocotyl with cotyledons growing over soil surface), BBCH-10 (cotyledons fully emerged), BBCH-11 (first pair of leaves visible), BBCH-12 (second pair of leaves visible), BBCH-13 (third pair of leaves visible), BBCH-20 (visible lateral buds), BBCH-50 (inflorescence present but still enclosed by leaves), BBCH-51 (leaves surrounding inflorescence separated,), BBCH-59 (inflorescence visible), BBCH-69 (complete anthesis), BBCH-81 (milky grain), BBCH-85 (thick grain), and BBCH-89 (ripe grain). 62

Capítulo 3

Tabela 1. Composição de grãos de quinoa de 11 genótipos, semeados em condições do Cerrado (Savana Brasileira). 79

Tabela 2. Coeficientes de correlação de Pearson entre umidade, carboidratos (CHO), proteína, lipídios, fibra e cinzas de genótipos de quinoa. 82

Tabela 3. Atividade antioxidante das sementes de Aurora, BRS Syetetuba, Piartal e Tunkahuan. 84

Capítulo 4

Tabela 1: Resultado da análise do solo da área experimental em quatro locais de avaliação à profundidade de 0-20 cm. 98

Tabela 2. Análise de variância das características altura de planta (PH), comprimento de panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC), calculados em oito progênies em quatro locais. 101

Tabela 3. Teste de agrupamento de médias de quatro locais na avaliação das características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC). 102

Tabela 4. Teste de agrupamento de médias de oito genótipos de quinoa na avaliação das características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (CP), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC). 103

Tabela 5. Parâmetros genéticos das características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (CP), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG) e peso de 1000 grãos (PMG) avaliadas em oito progênies de quinoa, durante os anos 2018, 2019 e 2020 em quatro condições agroecológicas. 107

Tabela 6. Correlações simples das características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (CP), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG) e peso de 1000 grãos (PMG) avaliadas em 8 genótipos de quinoa, durante os anos 2018, 2019 e 2020 em quatro diferentes condições agroecológicas. 107

Capítulo 5

- Tabela 1:** Resultado da análise de solo da área experimental nos locais avaliados. Profundidade de 0-20 cm. 125
- Tabela 2.** Valores da polinização aberta. Metodologia 1 (Semeadura em vaso). Brasília, DF- Brasil. 129
- Tabela 3.** Valores de cruzamento natural. Metodologia 2 (Semeadura em campo). Brasília, DF- Brasil / Popayán- Colômbia. 130
- Tabela 4.** Estimativa do X^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F_2 do cruzamento P88 x BX8. 131
- Tabela 5.** Estimativa do X^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F_2 do cruzamento P88 x BX4. 131
- Tabela 6.** Estimativa do X^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F_2 do cruzamento A88 x BX8. 131
- Tabela 7.** Estimativa do X^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F_2 do cruzamento A88 x BX4. 132
- Tabela 8.** Teste de agrupamento de médias de quatro progenitores e quatro progênes F_2 de quinoa, na avaliação das características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento de panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC). 133
- Tabela 9.** Parâmetros genéticos para características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) de quatro parentais e quatro progênes F_2 de quinoa. 134
- Tabela 10.** Parâmetros genéticos de características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) dos progenitores de quinoa. 135

Tabela 11. Parâmetros genéticos de características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) da geração F₂. 136

Tabela 12. Estimativa de correlações Fenotípicas (rF) e Genotípicas (rG) entre: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) dos genitores. 137

Tabela 13. Estimativa de correlações Fenotípicas (rF) e Genotípicas (rG) entre: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) da geração F₂. 137

RESUMO GERAL

Na atualidade as pesquisas realizadas de espécies alternativas, são necessárias, devido às mudanças climáticas, à necessidade de alimentação mais nutritiva e aumento da diversidade dos sistemas produtivos. Nesse sentido, a quinoa (*Chenopodium quinoa*) é uma alternativa nos países que sofrem de insegurança alimentar, sendo reconhecida não só por suas propriedades nutritivas e dietéticas, mas também por sua capacidade de adaptação a diferentes condições agroambientais. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar e comparar as características morfológicas, agronômicas e físico-químicas de genótipos e híbridos de quinoa, selecionados das cultivares BRS Syetetuba (Brasil), Aurora e Blanca Dulce (Colômbia), Piartal e Tunkahuan (Equador), para a identificação de materiais genéticos superiores com potencial de adaptação em regiões tropicais em condições do Brasil e da Colômbia. Os experimentos foram conduzidos desde 2018 até 2022 na Universidade de Brasília no Brasil e na Fazenda Experimental Prosperidade na Colômbia, com o apoio da Universidade Passo Fundo (UPF), a Universidade del Cauca e a Universidad de Santiago de Chile. Foram realizados diversos estudos no transcurso da experimentação entre os quais estão: a) Avaliação da qualidade fisiológica de sementes de quinoa, selecionadas a partir de genótipos procedentes do Brasil, Colômbia e Equador; b) Cálculo das unidades térmicas para 13 códigos da escala BBCH de 12 genótipos de quinoa em condições de cultivo da Savana Brasileira c) Caracterização da composição físico-química e capacidade antioxidante de genótipos de quinoa produzidos no Cerrado (Savana Brasileira) d) Caracterização morfo agronômica de oito progênies de quinoa semeadas no Cerrado Brasileiro e na Colômbia e) Hibridação entre progênies e caracterização agronômica da geração F₂ em quinoa. No estudo da qualidade fisiológica da semente, foram efetuados testes de germinação, comprimento de hipocótilo, radícula e teste de envelhecimento acelerado. Os dados originais relativos ao desempenho da qualidade fisiológica de 18 genótipos selecionados de quinoa foram submetidos a análise de variância, pelo teste de F, ao nível de 5% de probabilidade. As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott. Além disso, a análise hierárquica de cluster foi realizada pelo método Ward e a análise de cluster por k-means. A média de germinação foi de 80,81%; as características de comprimento do hipocótilo e da radícula exibiram média de 9,11 e 11,27 mm, respectivamente. A média de germinação após o teste de envelhecimento acelerado foi de 75,52%, onde os genótipos Piartal e Aurora apresentaram os melhores resultados (80,75% e 85,25%) respectivamente. Os genótipos de quinoa exibiram variabilidade no vigor das sementes, permitindo determinar diferenças no potencial de germinação em condições de alto estresse de umidade e temperatura. No cálculo das unidades térmicas para 13 códigos da escala BBCH de 12 genótipos de quinoa, as diferenças estatísticas foram predominantes desde o início das fases reprodutivas BBCH-50, classificando os genótipos em precoces, intermédios e tardios. Os genótipos de maturidade precoce e seus respectivos ATU para BBCH-89 foram BRQ4 (1676,8), BRQ1 (1685) e AUR (1691), contrastando com BLA tardio (2239), BRQ3 (1929,1) e BRQ8 (1895 GDD). As unidades térmicas acumuladas de BBCH-89 variaram desde 1565,25 até 2381GDD, com diferença entre os genótipos mais tardios e mais precoces de 815,75 GDD. Genótipos selecionados de cultivares existentes são diferentes no acúmulo de unidades térmicas, resultando em eficiência na aquisição de cultivares para escalonar o cultivo de quinoa. As unidades térmicas acumuladas explicam, de certa forma, a variedade de ciclos de maturidade da planta na seleção. Além disso, o cálculo do ATU para os códigos da escala BBCH é uma ferramenta eficaz para prever o ciclo

fenológico da quinoa. Para a avaliação da composição físico-química foram determinados o teor de umidade, cinzas, proteínas, carboidratos, fibra bruta e lipídios. Os dados originais foram submetidos a análise de variância, pelo teste de F, ao nível de 5% de probabilidade, sendo as médias comparadas pelo teste de Tukey. Foi realizada também análise de correlação linear de Pearson ($p \leq 0,01$) e ($p \leq 0,05$), e análise de agrupamento hierárquico pelo método de Ward. Verificou-se que os genótipos apresentaram variabilidade nas características físico-químicas. O carboidrato (CHO) foi o composto maioritário presente nas sementes, exibindo uma média de 50,16 %, a meia da proteína foi de 15,27%, com destaque do genótipo P88 com 16,28%. A média de lipídios, fibra e cinzas foi de (3,24%, 14,13%, 6,0%) respectivamente. O CHO, revelou uma correlação positiva com o parâmetro de lipídios ($r = 0,858$) e uma correlação negativa significativa com a proteína. Para o cálculo da capacidade antioxidante foram analisados quatro cultivares (Aurora, BRS Sytetuba, Tunkahuan e Piartal), usando o método ABTS, os resultados foram expressos em gramas de Trolox por grama de produto. Os dados originais obtidos foram submetidos a análise de variância, pelo teste de F, ao nível de 5% de probabilidade, e a comparação de medias pelo teste de Tukey. Todos os genótipos evidenciaram diferenças estatísticas, sendo que Aurora e BRS Sytetuba mostraram os maiores valores com 1,96 e 1,93 mg. Trolox/g quinoa respectivamente. A quinoa é uma opção altamente nutritiva com boas características físico-químicas e capacidade antioxidante. Na caracterização das variáveis agrônomicas e morfológicas da quinoa as pesquisas foram desenvolvidas no Brasil e na Colômbia. Os tratamentos foram compostos por cinco genótipos selecionados procedentes do Brasil, um procedente da Colômbia e dois procedentes do Equador. Para as análises estatísticas foram realizadas análise de variância, pelo teste de F, e o agrupamento de medias pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, correlações fenotípicas e genotípicas ($p \leq 0,01$) e ($p \leq 0,05$), aplicação do modelo AMMI e cálculo dos parâmetros genéticos. As análises de variância mostraram diferenças significativas segundo o teste F a 1 e 5% de probabilidade para os ambientes, genótipos e a interação de G x E em todas as características avaliadas. Os genótipos com maior potencial de adaptação a diferentes ambientes foram (BRX2, BRX5, BRX6 e PRIX) com medias de rendimento superiores a 3151,95 kg ha⁻¹. Foram encontrados valores baixos de herdabilidade no sentido amplo para o comprimento da panícula (31,626%) e o rendimento de grão (50,59%), devido à alta influência gerada pela interação com o ambiente. A análise AMMI auxiliou na identificação de genótipos que exibiram consistência nos rendimentos superiores de grão e massa seca em todos os ambientes. Para a hibridação entre progênies e caracterização agrônômica da geração F₂ em quinoa, foram usados quatro progenitores, dois selecionados da cultivar BRS Sytetuba (BX4 e BX8), um da cultivar Aurora (A88) e uma da cultivar Piartal (P88). Empelaram-se duas metodologias para a obtenção de híbridos oriundos de materiais genéticos de polinização aberta, a primeira foi realizada por meio de semeadura em vasos e a segunda por médio da semeadura em campo. Foram usados marcadores morfológicos para a identificação dos híbridos. Posteriormente, os híbridos autofecundaram-se para a obtenção da geração F₂, a qual foi avaliada junto com os genitores sobre as características agrônomicas, parâmetros genéticos e a correlação fenotípica e genotípica. Verificou-se que a quinoa alcançou porcentagem de polinização aberta entre 3,81% e 19,88%. O caráter presença de pigmentação foi dominante sobre a ausência de pigmentação e apresentou herança monogênica. Entre os cruzamentos o mais sobressaliente foi o obtido entre P88 x BX4, com valores de rendimento de grão superior aos 3000 kg ha⁻¹. Para todas as características foi identificada uma alta herdabilidade e altos coeficientes de variação genética.

Palavras-chave: *Chenopodium quinoa*, Vigor de sementes, Fenologia, Cruzamento Natural, Interação genótipo por ambiente, Variabilidade genética, Melhoramento genético vegetal.

ABSTRACT

Currently, research on alternative species is necessary, due to climate change, the need for more nutritious food and an increase in the diversity of production systems. In this sense, quinoa (*Chenopodium quinoa*) is an alternative in countries that suffer from food insecurity, being recognized not only for its nutritional and dietary properties, but also for its ability to adapt to different agro-environmental conditions. In this context, the objective of this work was to evaluate and compare the morphological, agronomic and physicochemical characteristics of quinoa genotypes and hybrids, selected from the cultivars BRS Syetetuba (Brazil), Aurora and Blanca Dulce (Colombia), Piartal and Tunkahuan (Ecuador), for the identification of superior genetic materials with potential for adaptation in tropical regions under Brazilian and Colombian conditions. The experiments were conducted from 2018 to 2022 at the University of Brasília in Brazil and at Fazenda Experimental Prosperidade in Colombia, with support from the Passo Fundo University (UPF), the University of Cauca and the Universidad de Santiago de Chile. Were performed several studies in the course of the experimentation, among which are: a) Evaluation of the physiological quality of quinoa seeds, selected from genotypes from Brazil, Colombia and Ecuador; b) Calculation of thermal units for 13 BBCH scale codes of 12 quinoa genotypes under Brazilian Savannah cultivation conditions c) Characterization of the physicochemical composition and antioxidant capacity of quinoa genotypes produced in the Cerrado (Brazilian Savannah) d) Morphoagronomic characterization of eight quinoa progenies sown in the Brazilian Cerrado and Colombia e) Hybridization between progenies and agronomic characterization of the F2 generation in quinoa. In the study of the physiological quality of the seed, germination, hypocotyl length, radicle and accelerated aging tests were performed. The original data concerning the physiological quality performance of 18 selected quinoa genotypes were submitted to analysis of variance, using the F test, at the 5% probability level. Means were grouped using the Scott Knott test). In addition, the hierarchical cluster analysis was performed by the Ward method and the cluster analysis by k-means. The germination average was 80.81%; the hypocotyl and radicle length characteristics averaged 9.11 and 11.27 mm, respectively. The average germination after the accelerated aging test was 75.52%, where the genotypes Piartal and Aurora showed the best results (80.75% and 85.25%) respectively. Quinoa genotypes exposed variability in seed vigor, allowing to determine differences in germination potential under conditions of high humidity and temperature stress. In calculating the thermal units for 13 BBCH scale codes of 12 quinoa genotypes, statistical differences were predominant since the beginning of the BBCH-50 reproductive stages, classifying the genotypes as early, intermediate and late. The early maturity genotypes and their respective ATU for BBCH-89 were BRQ4 (1676.8), BRQ1 (1685) and AUR (1691), contrasting with late BLA (2239), BRQ3 (1929.1) and BRQ8 (1895 GDD). The accumulated thermal units of BBCH-89 ranged from 1565.25 to 2381GDD, with a difference between the later and earlier genotypes of 815.75 GDD. Selected genotypes of existing cultivars are different in the accumulation of thermal units, resulting in efficiency in acquiring cultivars to scale up quinoa cultivation. The accumulated thermal units explain, to a certain extent, the variety of plant maturity cycles in selection. Furthermore, the calculation of ATU for BBCH scale codes is an effective tool for predicting the phenological cycle of quinoa. For the

evaluation of the physicochemical composition, the moisture content, ash, proteins, carbohydrates, crude fiber and lipids were determined. The original data were submitted to analysis of variance, using the F test, at a 5% probability level, and the means were compared using the Tukey test. Linear correlation analysis (Fischer) ($p \leq 0.01$) and ($p \leq 0.05$) and hierarchical cluster analysis by Ward's method were also performed. It was found that the genotypes showed variability in physicochemical characteristics. CHO was the major compound present in the seeds, showing an average of 50,16%, the average of the protein was 10.038%, with emphasis on the P88 genotype with 16.28%. The average of lipids, fiber and ash was (3.24%, 14.13%, 6.0%) respectively. CHO revealed a positive correlation with the lipid parameter ($r = 0.858$) and a significant negative correlation with protein. To calculate the antioxidant activity, four cultivars were analyzed (Aurora, BRS Sytetuba, Tunkahuan and Piartal), using the ABTS method, the results were expressed in grams of Trolox per gram of product. The original data obtained were submitted to analysis of variance, using the F test, at the level of 5% of probability, and the comparison of means using the Tukey test. All genotypes showed statistical differences, with Aurora and BRS Sytetuba having the highest values with 1.96 and 1.93 mg. Trolox/g quinoa respectively. Quinoa is a highly nutritious option with good physicochemical characteristics and antioxidant capacity. In the characterization of agronomic and morphological variables of quinoa, research was carried out in Brazil and Colombia. The treatments were composed of five genotypes selected from Brazil, one from Colombia and two from Ecuador. For statistical analysis, analysis of variance was performed using the F test, and the grouping of means using the Scott-Knott test at 5% probability, correlations, application of the AMMI model and calculation of genetic parameters. Analysis of variance showed significant differences according to the F test at 1 and 5% probability for environments, genotypes and the interaction of G x E in all evaluated traits. The genotypes with the greatest potential for adaptation to different environments were (BRX2, BRX5, BRX6 and PRIX) with average yields above 3151.95 kg ha⁻¹. Low values of broad heritability were found for panicle length (31.626%) and grain yield (50.59%) due to the high influence generated by the interaction with the environment. AMMI analysis helped to identify genotypes that exhibited consistency in higher grain and dry mass yields in all environments. For the hybridization between progenies and agronomic characterization of the F2 generation in quinoa, four parents were used, two selected from the cultivar BRS Sytetuba (BX4 and BX8), one from the cultivar Aurora (A88) and one from the cultivar Piartal (P88). Two methodologies were used to obtain hybrids from open-pollinated genetic materials, the first was carried out by sowing in pots and the second by means of sowing in the field. Morphological markers were used to identify the hybrids. Subsequently, the hybrids were self-fertilized to obtain the F2 generation, which was evaluated together with the parents on agronomic characteristics, genetic parameters and correlation. It was found that quinoa reached percentage of open pollination between 3.81% and 19.88%. The character presence of pigmentation was dominant over the absence of pigmentation and presented monogenic inheritance. Among the crosses, the most outstanding was the one obtained between P88 x BX4, with grain yield values above 3000 kg ha⁻¹. For all traits, high heritability and high coefficients of genetic variation were identified.

Key words: *Chenopodium quinoa*, Seed vigor, Phenology, Natural Crossing, Genotype by environment interaction, Genetic variability, Plant genetic improvement.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A quinoa (*Chenopodium quinoa*) tem sido continuamente selecionada na região andina, caracterizando sua expansão gradual desde o provável centro de origem ao redor do lago Titicaca entre a Bolívia e Peru (MAUGHAN et al., 2004). Sua expansão ocorreu para o norte (Equador, Colômbia e Venezuela) e para o Sul (Chile e Argentina) desde o altiplano aos vales e regiões costeiras dos países andinos. No entanto, o processo teria sido lento devido à alta variabilidade dos ambientes de cultivo e condições climáticas irregulares na região andina (BERTERO et al., 2004). Atualmente, Peru e Bolívia são os principais produtores de quinoa, seguidos por Equador e Argentina (PEREZ-REA, 2018).

O potencial de resistência de muitas espécies subutilizadas como a quinoa e sua capacidade para fazer frente a condições adversas tem criado oportunidade de enfrentar mudanças climáticas globais (BHARGAVA; DEEPAK, 2016). Essa espécie tem despontado como umas das poucas a crescer em extremas condições de altitudes, desde nível do mar até os 4.000 m; baixa precipitação pluviométrica e aridez (100-300 mm anuais) e baixas temperaturas (BAZILE; BERTERO et al., 2014). Ademais, mudanças climáticas globais em curso devem afetar negativamente os agro-ecossistemas, reduzindo a disponibilidade de água, a qualidade da água, e a produtividade das culturas. Assim, a quinoa deve ter papel de destaque na diversificação dos sistemas agrícolas (COULIBALY; SANGARE et al., 2014).

Segundo o genótipo a quinoa proporciona tolerância para condições de alta salinidade, apresentando-se como uma opção para solos marginais e pode implementar-se com sucesso para processos de fitoestabilização de solos salinos contaminados com Arsênio (PARVEZ et al., 2020).

Em estudos realizados no México encontrou-se que a quinoa sobrevive a temperaturas de -7,8 °C nas fases iniciais a 2.245 m sobre o nível do mar; tolera solos de diferente textura e pH, inclusive crescendo em solos muito ácidos e fortemente alcalinos ensejando grande adaptação às variações climáticas, com eficiente uso de água, sendo agrupada junto com espécies resistentes à mudança climática como a fava, o milho, o amaranto, a cebola dentre outras (BOJANIC, 2011).

A quinoa pode ser alternativa para proteção do solo em plantio direto pela alta produção de biomassa (SPEHAR, 2007). Por apresentar vantagens de baixa necessidade de sementes no plantio e contribuir à diversidade do sistema produtivo, apresenta ampla possibilidade de utilização na alimentação humana e animal. Portanto, a produção de quinoa tem se tornado atrativa, atendendo à demanda de agricultores e consumidores. Seu uso se estende a sistemas de produção orgânica e em rotação com outras culturas como cevada, grão de bico e forragens, apresentando rendimentos economicamente atrativos em sistemas sustentáveis (WIEME et al., 2020). As partes não comestíveis da quinoa podem ser uma opção para produção de energia, segundo os perfis de combustão da sua biomassa (BERMEJO et al., 2020). Também é uma alternativa ecológica no controle de diferentes pragas devido aos seus conteúdos de saponinas que podem atuar como substâncias tóxicas para organismos como a *Pomacea maculata* na cultura de arroz (CASTILLO-RUIZ et al., 2018).

No Brasil as primeiras tentativas de se introduzir a quinoa em seu domínio como segundo cultivo começaram na década de 1990, por avaliação de progênies de híbridos entre cultivares do altiplano andino, sensíveis à duração do dia (SPEHAR 2007; SPEHAR et al., 2011). Em vista do potencial da quinoa, o germoplasma foi aumentado mediante a introdução de genótipos com variabilidade desde os países andinos e Estados Unidos, incluindo genótipos de vales com sementes grandes e livres de saponinas. Elevada taxa de polinização cruzada na savana brasileira permitiu recuperação de plantas híbridas, das quais se derivaram progênies avaliadas por agronomia e qualidade nutricional. Estes esforços resultaram em os cultivares BRS Piabiru e BRS Syetetuba, obtidos na década de 2000, despertando o interesse pela quinoa no Brasil (SPEHAR; ROCHA, et al., 2014).

Neste contexto, o objetivo desse trabalho foi avaliar e comparar as características morfológicas, agronômicas e físico-químicas de diferentes genótipos e híbridos de quinoa, selecionados dos cultivares BRS Syetetuba (Brasil), Aurora e Blanca Dulce (Colômbia), Piartal e Tunkahuan (Equador), para a identificação de materiais superiores com potencial de adaptação em ambientes tropicais em condições do Brasil e da Colômbia.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Origem e importância da quinoa

A quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd. $2n = 4x = 36$) é uma semente andina que pertence a um complexo de táxons alotetraplóides que inclui formas selvagens, invasivas e domesticadas de todas as Américas temperadas e subtropicais (JELLEN et al., 2015). A origem alotetraplóide da quinoa resulto da hibridação das espécies diploides ancestrais de dois grupos genômicos diferentes (KOLANO et al., 2016).

A quinoa pertence à família *Amaranthaceae*, sub-família *Chenopodioideae*, segundo a revisão filogenética (BREMER et al., 2009) a mesma do espinafre e da beterraba. É uma espécie granífera domesticada pelos povos habitantes da cordilheira dos Andes há milhares de anos (SPEHAR ; SANTOS, 2005). A mudança dos hábitos alimentícios e a preferência por alimentos nutritivos e orgânicos a nível global promoveram o reconhecimento e a revalorização da quinoa, dando lugar ao incremento de sua produção. Seu valor nutritivo baseia-se no balanço ideal dos aminoácidos de suas proteínas que o convertem num componente ideal nas dietas. Adicionalmente, seu conteúdo adequado dos carboidratos, gorduras, vitaminas e minerais que incrementam seu valor nutritivo (RODRÍGUEZ GÓMEZ et al., 2021)

2.2 Folhas

As folhas são polimórficas em uma mesma planta - as basais grandes, romboides ou triangulares, enquanto as superiores, próximo à panícula, são lanceoladas. Sua cor varia do verde ao vermelho passando ao amarelo e violeta, dependendo da natureza e importância dos pigmentos. As folhas são dentadas na extremidade podendo apresentar até 43 dentes. Contêm grânulos na sua superfície, com aparência arenosa, contendo células ricas em oxalato de cálcio, capazes de reter água e aumentando a umidade relativa da atmosfera ao redor da folha e reduzindo a transpiração (TAPIA, 1990).

2.3 Inflorescência

A inflorescência da quinoa é uma forma de panícula, uma vez que o eixo principal é terminado por uma flor e de forma semelhante para todos os eixos laterais das ordens secundária e terciária (ABDELBAR, 2018). A panícula é de comprimento variável entre 15 a 70 cm, localizada no ápice da planta e no ápice dos ramos. Apresenta um eixo principal, eixos secundários e eixo terciários. Considerando a forma e posição dos glomérulos (grupos de flores) classificam-se em amarantiformes, glomeruladas e intermediárias. No grupo amarantiforme os

glomérulos estão diretamente inseridos no eixo secundário, com forma quase retangular, muito semelhante aos dedos.

Na glomerulada os glomérulos estão localizados no eixo terciário que se origina do eixo secundário e tomam a aparência arredondada (CURTI et al., 2016). No tipo intermediário os glomérulos têm forma não definida (entre retangulares ou arredondados). A longitude dos eixos secundários e terciários determina-se a inflorescência pode ser alargada, intermediária ou compacta; esta última característica está associada ao tamanho dos grãos, sendo menores, os formados em panículas compactas (PANDO; CASTELLANOS, 2016).

2.4 Flores

As flores são incompletas, sésseis e desprovidas de pétalas, constituídas por corola formada por cinco peças florais tepaloides, sepaloides, podendo ser hermafroditas, pistiladas (femininas) e androestéreis. Por esta estrutura pode apresentar reprodução por autogamia ou alogamia. A percentagem de alogamia tem se mostrado variável com cerca de 10% de polinização cruzada, podendo variar entre 80% (Kancolla), e 17% (Piartal) (MUJICA; et al., 2001). As flores apresentam, em geral, perigônio sepalóide, rodeado de cristais de oxalato de cálcio, com cinco sépalas verdes; androceu com cinco estames curtos, curvos de cor amarela e filamentos curtos; o gineceu é bicarpelado com ovário unilocular com um único óvulo campilotrópico. A parte basal do ovário contém dois feixes carpelares dorsais, um pequeno no lado posterior e o outro grande no lado anterior. As flores hermafroditas, no glomérulo, são apicais e sobressaem às pistiladas (ABDELBAR, 2018; MUJICA; et al., 2001). A ocorrência das aberrações florais como protandria, amadurecimento precoce das estambres e protoginia, quando ocorre o contrário, favorecem polinização cruzada. Ademais flores ginomonóicas são encontradas em ramos das partes inferiores das inflorescências. Portanto, observam-se flores em diferentes fases de desenvolvimento no mesmo glomérulo. O tamanho das flores é muito pequeno, atingindo tamanho máximo de 3 mm para as hermafroditas, enquanto as pistiladas são menores, dificultando a realização de cruzamentos e emascações (MUJICA et al., 2001).

2.5 Peso de mil sementes

O peso de mil sementes varia de 1,9 a 4,3 g, em função do genótipo e condições ambientais (ALVAREZ et al 1990). No ano 2003, encontrou-se que o peso de sementes varia entre 1,2 e 6,0g inclusive para um mesmo ambiente (ROJAS, 2006). Em experimento em campo

no Brasil as cultivares BRS Piabiru e BRS Syetetuba possuem peso de 2,42 e 2,90 g 1000⁻¹, respectivamente (SPEHAR ; SANTOS 2005; SPEHAR et al., 2011) ;

Pesquisas desenvolvidas em altitudes de 1.100 e 1.800m na Colômbia mostraram pesos de 1000 grãos entre 2,16g e 2,68g (ANCHICO, 2018). Cultivares avaliadas também na Colômbia em altitudes superiores aos 2500m mostraram variabilidade de peso entre 2,52 e 3,45 g 1000⁻¹, (DELGADO et al 2009). Os componentes numéricos como número de grãos e peso são atributos que permitem interpretar as interseções de genótipo por ambiente (CURTI et al., 2014).

2.6 Índice de colheita

O índice de colheita, ou relação da massa de grãos sobre massa total da planta, mede a eficiência produtiva, refletindo a capacidade fotossintética e a efetiva translocação de foto-assimilados às sementes, sendo influenciada por genótipo, práticas culturais e o meio ambiente (BERTERO; RUIZ, 2010). Avaliações de genótipos de quinoa na Bolívia mostraram variações entre 0,06 e 0,87 de índice de colheita, com os menores valores para quinoa selecionada nos vales e, portanto, pouco adaptadas ao cultivo no altiplano, em contraste com as selecionadas nesse ambiente e com valores mais elevados (ROJAS, 2006).

O índice de colheita de quinoa de experimentos em vários ambientes, variou entre 30 e 50% dependendo da variedade e ambiente (FAO, 2012). Em pesquisa realizada no Brasil foram obtidos rendimentos de 2,3 t ha⁻¹ de grãos, com 7,5 t ha⁻¹ de biomassa total e índice de colheita (IC) médio de 31% com a cultivar BRS Syetetuba (SPEHAR et al., 2011).

Quando o interesse se centra nas interações do genótipo por ambiente para rendimento do grão, a pesquisa deve estar dirigida entre o rendimento e seus determinantes fisiológicos como a biomassa total acumulada, que permite calcular o índice de colheita. (BERTERO; DE LA VEGA et al., 2004; CURTI, DE LA VEGA et al., 2014). Por tanto, as características desejáveis em seleção relacionam-se a altos índices de colheita, baixa altura da planta, curta duração do ciclo de vida, e o máximo rendimento de semente (BERTERO, 2014).

2.7 Importância nutricional e aportes potenciais da quinoa à segurança e soberania alimentar.

A situação da produção e distribuição de alimentos no planeta apresenta desafios de ampla magnitude aos quatro pilares da segurança alimentar: disponibilidade, acesso, consumo e utilização biológica. Neste contexto, a quinoa constitui-se em cultivo estratégico à segurança

e soberania alimentar devido à qualidade nutritiva, ampla variabilidade genética, adaptabilidade e baixo custo de produção. Este cultivo pode contribuir à segurança alimentar de diversas regiões do planeta, especialmente de países onde a população não tem acesso a fontes de proteína ou onde as condições de produção são limitadas pela escassa umidade, a baixa disponibilidade de insumos e a aridez (BOJANIC, 2011).

A quinoa apresenta uma grande variação nas propriedades físico-químicas e funcionais entre farinhas e amidos isolados de diferentes variedades. Isso pode fornecer uma base para uma maior utilização das variedades de quinoa como ingrediente alimentar e também pode explicar a variação na qualidade dos produtos (STEFFOLANI et al, 2020). É uma boa fonte de proteína, sem glúten (MOTA et al., 2016), adequada para complementar a dieta de certos grupos de indivíduos com deficiência nutricional, como pacientes celíacos e diabéticos (UJIROGHENE et al., 2019; ALVAREZ-JUBETE, 2010). Além disso, a quinoa é uma boa fonte de ácidos graxos saudáveis tais como ácido oleico, linoleico (WANG ; ZHU, 2015), fibra alimentar (ABUGOCH, 2009), micronutrientes e compostos bioativos que podem ajudar a prevenir uma variedade de doenças (NOWAK et al., 2016). Adicionalmente, possui uma composição equilibrada de aminoácidos (AZIZ et al., 2018; WANG ; ZHU, 2015).

Tabela 1. Comparação dos valores nutricionais de grãos de quinoa (em 100g comestíveis).

Composto	Quinoa	Arroz	Cevada	Trigo	Milho	Centeio	Sorgo
Gordura (g)	6,07	0,55	1,3	2,47	4,74	1,63	3,46
Proteína (g)	14,12	6,81	9,91	13,68	9,42	10,34	10,62
Cinzas (g)	2,7	0,19	0,62	1,13	0,67	0,98	0,84
Fibra (g)	7,0	2,8	15,6	10,7	7,3	15,1	6,7
Carboidratos (g)	64,16	81,68	77,72	71,13	74,26	75,86	72,09
Energia (kcal)	368	370	352	339	365	338	329

Fonte: (NAVRUZ-VARLI AND SANLIER, 2016).

2.8 Importância da quinoa no Brasil

As primeiras tentativas de se introduzir a quinoa em seu domínio como segundo cultivo começaram na década de 1990, avaliando linhas de híbridos entre cultivares do altiplano andino, sensíveis à duração do dia. Estas progênes, com rendimentos maiores que no centro de origem, apresentavam sementes pequenas e altos conteúdos de saponina. Em vista do potencial

da quinoa, o germoplasma foi aumentado mediante a introdução de uma ampla faixa de variabilidade desde os países andinos e Estados Unidos, incluindo acessões dos vales com sementes grandes e livres de saponinas. Uma alta taxa de polinização cruzada na Savana permitiu uma recuperação híbrida na qual se derivaram progênies de plantas individuais, as que foram avaliadas por agronomia e qualidade nutricional. Estes esforços resultaram em os cultivares BRS Piabiru e BRS Syetetuba, obtidos na década de 2000, acordando o interesse pela quinoa no Brasil (SPEHAR, ROCHA, et al., 2013).

Têm-se hibridado genótipos agronomicamente superiores para estudar a herança genética do tipo de planta, tamanho das sementes, rendimento de semente e do conteúdo de componentes orgânicos e minerais, para poder melhorar a eficiência da seleção (ROCHA, 2008). O cultivo comercial da quinoa, pode ser praticado por agricultores mecanizados de tamanho médio a grande e familiares, com dois enfoques diferentes, o segundo sendo orientado à produção orgânica (SPEHAR, ROCHA, et al., 2014).

2.9 Temperatura do ar de desenvolvimento da quinoa

O processo de seleção natural e humana ocorrido ao longo de milhares de anos, paralelamente ao efeito de processos evolutivos naturais devido a mutações e hibridizações intra e interespecíficas, deu origem a populações complexas com alta diversidade genética, em uma região como a Andina, com inúmeros microclimas muito diversificados, com amplas faixas de umidade (muito seca a muito úmida), temperaturas (muito frias a muito quentes), altitudes (nível do mar até os 4.000 m), latitudes (aproximadamente 4° LN a 40° LS), diferentes tipos de solos e outras variantes relacionadas, determinaram o grande potencial de adaptabilidade da quinoa sobre as distintas condições agroambientais (JACOBSEN et al., 2005).

Ainda que não se tenham definido temperaturas ótimas para o desenvolvimento da quinoa, os valores médios desse situam entre 15 – 20 °C. Entretanto, em temperaturas médias do ar de 10 °C, as plantas mostraram desenvolvimento; o mesmo ocorrendo com temperaturas médias elevadas em até 25 °C. Os ecótipos originários dos vales apresentaram até 56% de perdas no rendimento devido a incidências de temperaturas do ar de -4 °C na anteses, enquanto em ecótipos do altiplano as perdas foram de 27% (JACOBSEN et al., 2005). A planta mostrou possuir mecanismos de escape e tolerâncias a baixas temperaturas do ar suportando -5 °C na fase de ramificação, dependendo do ecótipo e da duração da temperatura mínima do ar).

Sua resistência ontogénica ao frio e à seca é muito variável; existem ecótipos que resistem -8 °C, como na Bolívia, e sobrevivem 20 dias (temperatura mensal média) (TAPIA, 2000). Também tem-se demonstrado como os gradientes de variabilidade nas respostas ao desenvolvimento ao fotoperíodo e à temperatura explicam o ajuste agroecológico dos genótipos de quinoa no seu entorno de origem, e como esta resposta afeta a interação de genótipo por ambiente (G x E), para o grão em regiões altamente diversas (CURTI et al., 2016)

Em experimentos na França com 10 genótipos de quinoa de origem boliviana, a baixas temperaturas, observou-se diminuição da capacidade de germinação, mas sempre atingindo 100%, inclusive aos 2 °C. Houve repercussão na velocidade de germinação segundo os graus de temperatura utilizada, tendo como resultado germinação em 10 horas a 20 °C e 65 horas a 2 °C (BOIS et al., 2006).

As interações entre o fotoperíodo e a temperatura também podem ser importantes na limitação do rendimento da semente de quinoa, como demonstrado em experimentos de campo realizados em Buenos Aires, Argentina, onde as temperaturas no verão excedem os 30 °C durante o dia e o fotoperíodo excede 14h, tem demonstrado que cultivares procedentes dos vales apresentam baixo rendimento. Em contraste, tem-se observado que em temperaturas moderadas de verão o fotoperíodo não restringe o rendimento da semente. (BERTERO et al., 1999).

Tabela 2. Requerimentos de umidade e temperatura do ar dos ecótipos de quinoa segundo as regiões agroecológicas.

Ecótipo	Precipitação (mm)	Temperatura mínima do ar °C
Vales	700-1500	3
Altiplano	400-800	0
Áreas salinas	250-400	-1
Baixas altitudes	800-1500	5
Subtropicais	000-2000	11

Fonte: (TAPIA, 2000).

2.10 Altitude de desenvolvimento da quinoa

A quinoa tem se adaptado a ampla margem de altitude, desde acima de 4.000 m como na Bolívia ao nível do mar no Chile, nos últimos anos se tem estudado como nova cultura fora de suas áreas de origem (ALI et al., 2018; THIAM et al., 2021, CURTI et al., 2014).

A altitude ótima para as quinoas dos vales variou entre 2.000 e 3.400 m, as selecionadas no Altiplano mostraram adaptabilidade a altitudes entre 3.800 e 4.000 m (FRIES; TAPIA, 2007). Em geral, o melhor desenvolvimento do cultivo tem-se entre os 2.800 a 3.900 m para a região Andina (BIOVERSITY INTERNATIONAL et al., 2010). Em quinoa semeada ao nível do mar houve diminuição do período vegetativo, quando comparada com cultivo na região andina, atingindo rendimento de 6.000 kg ha⁻¹ (MUJICA; IZQUIERDO; MARATHEE, 2001).

No Brasil, a quinoa foi adaptada em condições do Cerrado sobre os 1.000 m de altitude, com rendimentos de 2 t ha⁻¹ (SPEHAR, 2007).

2.11 Distribuição geográfica e ecológica

No centro de domesticação e dispersão foram definidos cinco grandes grupos de quinoa (TAPIA, 1996; TAPIA, 2014):

Quinoa dos Vales: em altitudes variando de 2.000 a 3.600 m, têm sido cultivadas na região central e norte do Peru. A altura de plantas varia de 2 a 2,5 m de altura, com extremos de 3,5 m. Em geral são muito ramificadas com períodos vegetativos maiores de 220 dias, rendimentos não muito altos, panículas amarantiformes muito laxa e sementes pequenas. Neste grupo encontram-se fontes de resistência/tolerância ao míldio (*Peronospora farinosa*), destacando-se as variedades Blanca e Rosada de Junín, Amarilla de Maranganí, Dulce de Quitopampa (Colômbia), Dulce de Laso (Equador), Nariño, etc.

Quinoa do Altiplano: cultivadas às bordas do lago Titicaca, entre os 3.600 a 3.800 m, atingindo altitudes maiores, respondem por maior variabilidade morfo-agronômica, com grande número de variedades melhoradas. As plantas com altura entre 1,0 e 1,8 m, caule único, panícula terminal glomerulada densa, sementes menores que as quinoas dos vales, variáveis em sua tolerância ao míldio e ataque de insetos, sendo resistentes a geadas. Em geral, apresentam alto conteúdo de saponina, com ciclos entre precoces (130 - 140 dias) a tardios (210 dias). Entre as variedades mencionam-se: precoces (Illpa-INIA e Salcedo-INIA); semi-tardias: (Blanca de Juli) e tardias (Kancolla, Chewecca, Tahuaco, Amarilla de Marangani).

Áreas Salinas: plantas de 1 a 1,50 m com caule principal bem desenvolvido, alto conteúdo de saponina, frutos com as bordas afiadas, adaptadas a solos salinos e de pH elevado (7,5 a 8) precipitação de 300 mm. Os grãos, em geral, são amargos, com elevada percentagem

de proteínas, destacando-se a variedade comercial Sajama, com ausência de saponina e grãos grandes. Seu período vegetativo dura aproximadamente entre 154 e 170 dias.

Quinoas do Nível do Mar: cultivadas ao sul de Chile na área de Concepción e Valdivia, são plantas com até 2,0 m de altura, apresentando grãos de cor amarela a rosados e amargos, são adaptadas a ambientes de fotoperíodos mais longos com climas úmidos e temperaturas mais regulares e sobretudo a latitudes dos 40° LS. Destacam-se as variedades Quechuco de Cautin, Picharan de Maule, Baer e Litu.

Quinoas Tropicais e Subtropicais: adaptadas ao cultivo nos vales com altitude entre 1500 e 2000 m, estas plantas apresentam coloração verde escura na floração tornando-se de cor laranja na maturidade, com sementes pequenas da mesma cor, atingindo até de 2,20 m. Estão adaptadas a climas subtropicais e a níveis mais altos de precipitação.

Os trabalhos de pesquisa conduzidos no Brasil permitiram desenvolver um ecótipo, produto da seleção em ambiente de Cerrado (SPEHAR, 2007), com destaque para as variedades BRS Syetetuba e a BRS Piabiru.

2.12 Variabilidade genética

A variabilidade genética da quinoa é considerada uma característica muito importante para selecionar e cultivar em diferentes regiões e condições climáticas, influenciadas pelas mudanças ambientais (REZZOUK et al., 2020). A quinoa pode apresentar uma ampla variação genética inclusive em linhas que têm a mesma origem como mencionado por Bhargava et al., (2007), que na avaliação de distintos materiais encontrou variação no comportamento agrônomo de genótipos bolivianos coletados no mesmo local.

Em diversos experimentos pode-se evidenciar variabilidade genética em caracteres como rendimento de grão, rendimento de massa seca, tamanho de grão, peso de grão, tolerância ao estresse abiótico e resistência a doenças (SANTIS et al., 2016; ANCHICO et al., 2020; CURTI et al., 2014, BHARGAVA ; OHRI, 2016). Estudos realizados com 117 genótipos em dois locais, demonstraram maior variabilidade genética do que ambiental para características de rendimento de grão, ciclos e índice de colheita (HAFEEZ et al., 2022). Adicionalmente, pesquisas sobre o cálculo do tempo térmico para diferentes estádios fenológicos, demonstraram viabilidade genética nos ciclos de desenvolvimento da quinoa (ANCHICO-JOJOA et al., 2021). Essas variações permitem realizar a seleção e, por conseguinte, estabelecer processos de

melhoramento genético para diversas espécies e diversos caracteres. Entretanto, é necessário identificar se as variações dos caracteres são de origem genética ou ambiental (RAMALHO et al., 2012).

2.13 Objetivos de melhoramento genético

O melhoramento genético da quinoa pode ser alcançado usando vários métodos desde os convencionais, como a seleção massal, individual, hibridizações ou cruzamentos, até a indução de mutações; que pode ser combinado com ferramentas biotecnológicas modernas (BONIFACIO, 2014).

Os programas de melhoramento genético da quinoa tem se concentrado principalmente no desenvolvimento de variedades adaptadas ao meio ambiente (BAZILE et al., 2013). Embora, existem poucos programas ativos focados no melhoramento da quinoa (ZURITA-SILVA et al., 2014).

Segundo Spehar (2007), a quinoa para sua completa adaptação ao sistema produtivo, tem que apresentar características agrônômicas de precocidade, ausência de acamamento, insensibilidade ao fotoperíodo, baixa ramificação, indeiscência do peritônio e das sementes, maturação uniforme, elevado rendimento dos grãos e biomassa, sementes com qualidade e elevado peso de 1.000 sementes entre 2 e 3,5g/1000. Adicionalmente, é necessário desenvolver novas variedades adaptadas às exigências atuais com características de tolerância à seca, solos salinos, tormentas de granizo e a introgressão do fenótipo doce em variedades comerciais (MURPHY et al., 2018; BONIFACIO, 2014).

2.14 Melhoramento genético de quinoa

O principal objetivo dos produtores de quinoa é o desenvolvimento de cultivares adaptadas a diversas regiões com alto rendimento de sementes e boa qualidade dos componentes para uso alimentar e industrial. Essas cultivares desejáveis devem combinar valiosas características para os agricultores, indústria e consumidores (GOMEZ-PANDO, 2015).

Estudos citológicos estabeleceram que *C. quinoa* é um tetraplóide com número cromossômico $2n = 4x = 36$ (BHARGAVA ; OHRI, 2016). É o resultado do cruzamento entre duas espécies diplóides com uma subsequente duplicação de cromossomos levando ao desenvolvimento de um alotetraplóide fértil (MAUGHAN et al., 2006). A poliploidia na quinoa

também é um fator importante no melhoramento de plantas, pois pode influenciar a compatibilidade reprodutiva, fertilidade e características fenotípicas (GOMEZ-PANDO, 2015).

A quinoa é uma espécie predominantemente autógama, com taxas variadas de hibridização natural (0,5–17%) dependendo da distância de semeadura, sincronia na floração, tipos de flores na inflorescência, a proporção de flores hermafroditas em uma planta que pode variar de 2% a 99%, a presença de autoincompatibilidade e protoginia, o ambiente e presença de agentes polinizadores (GOMEZ-PANDO, 2015; MURPHY, et al., 2018; SILVESTRI, 2000; SPEHAR ; SANTOS 2005).

As metodologias de melhoramento aplicadas na quinoa são variadas. Algumas são baseadas em procedimentos clássicos como seleção em massa, individual ou pedigree. No entanto, o uso de metodologias baseadas em cruzamentos e retrocruzamentos também gerou importantes resultados nas últimas décadas. Mas, os procedimentos a serem utilizados dependerão dos objetivos a facilidade e custo de sua implementação (FUENTES, 2008). A hibridização em quinoa é incômoda dada a natureza das pequenas flores que impossibilitam a emasculação. Apesar dessas dificuldades, a seleção em massa e a hibridização têm sido praticadas em quinoa. A abordagem prática pode ser com o uso de marcadores morfológicos para distinguir híbrido dos parentais (ATUL BHARGAVA ; OHRI, 2016).

Alguns métodos de melhoramento genético usados em quinoa são descritos a seguir:

Seleção: na quinoa se estabeleceram metodologias para processo de seleção individual e massal, as quais tem originado a obtenção de novas cultivares com excelentes características agronômicas, nutricionais e agroindustriais.

Seleção massal: este método consiste na seleção de um grande número de plantas superiores com fenótipo semelhante. Suas sementes são colhidas e misturadas para constituir a nova variedade. A seleção em massa é aplicada várias vezes na mesma população para melhorar o desempenho da população base, pois as cultivares selecionadas em massa podem conter uma variação genética considerável. Cultivares desenvolvidos por seleção massal têm ampla adaptabilidade, ampla base genética e estabilidade de rendimento por um longo período de tempo (MURPHY et al., 2018). Caracteres como altura da planta, cor da planta e da semente, tamanho da semente, resistência a doenças, teor de saponina e ciclo de vida foram considerados no processo de seleção em massa (GOMEZ-PANDO, 2015; MURPHY et al., 2018). As cultivares mais importantes economicamente desenvolvidas por seleção massal são 'Real'

(Bolívia), 'Baer' (Chile), 'Dulce de Quitopamba' (Colômbia), 'Pasankalla', 'Chewecca', 'Blanca de Juli', 'Amarilla de Marangani', 'Blanca de Junín', 'Rosada de Huancayo' e 'Blanca de Hualhuas' (Peru) (GOMEZ-PANDO, 2015).

Seleção individual: consiste na seleção de plantas com características desejáveis e semear uma única inflorescência por linha. Os descendentes são avaliados e selecionados dentro e entre linhas para caracteres em consideração (GOMEZ-PANDO, 2015; MURPHY et al., 2018). Tem-se realizado algumas modificações para esse método denominado inflorescência-linha, segue o mesmo procedimento descrito anteriormente, mas com a diferença do controle da autofecundação da inflorescência em cada ciclo. Esse procedimento repetido por dois ou mais ciclos é suficiente para atingir a homogeneidade (BONIFÁCIO, 2014).

Hibridação: os processos de cruzamento de quinoa podem ser feitos no campo e na estufa, embora, é muito importante ter condições ambientais favoráveis para o crescimento e desenvolvimento das plantas (PETERSON et al., 2015). Técnicas de emasculação e polinização artificial são muitas vezes simples procedimentos em muitas culturas, mas são bastante trabalhosos na quinoa devido às suas características de inflorescência e tamanho de flor extremamente pequeno (MURPHY et al., 2018).

Para os processos de hibridação é muito importante a seleção dos genitores que dependerá dos objetivos do programa e da disponibilidade de genótipos para atender aos objetivos específicos. Cruzar dois genótipos com características complementares é uma prática comum. Características valiosas estão espalhadas entre germoplasma de diferentes origens, como ecótipos livres de saponina que possuem sementes de tamanho pequeno a médio e ecótipos amargos que possuem sementes grandes; tolerância/resistência ao míldio (*Peronospora variabilis*) que está presente nos ecótipos do Vale combinados com caules ramificados e um longo ciclo de vida; os ecótipos do altiplano são suscetíveis ao míldio, mas têm um único caule e amadurecem mais cedo. Todos esses caracteres podem ser combinados em um genótipo usando hibridização e seleção subsequente (GOMEZ-PANDO, 2015).

Existem alguns ensaios nos quais, realizaram cruzamentos utilizando a esterilidade masculina, onde a progenitor feminino selecionado foi colocado ao lado da planta masculina estéril. Esse método é simples e pode ser usado para um único ou alguns cruzamentos em estufas, onde a contaminação do pólen pode ser minimizada ou evitada inteiramente (WARD ; JOHNSON, 1992). Existem vários outros métodos que podem ser empregados, como a emasculação manual ou por imersão em água quente (PETERSON et al., 2015). Processo de

retrocruzamento também tem sido realizados para melhorar caracteres de quinoa, usando genótipos que apresentam características desejáveis, porém, tem deficiência de outras. Adicionalmente, esse método torna-se útil para limpar genes não desejados de progênies obtidas de cruzamentos entre genótipos cultivados e silvestres (BONIFACIO, 2006).

Mutagêneses: o uso de mutagênese para selecionar características pode ser mais rápida e com menor uso da terra e outros recursos. A vantagem de técnicas nucleares como mutagênese, em comparação com métodos convencionais como hibridização e seleção recorrente, é que um único ou poucos caracteres podem ser direcionados para melhoramento em cultivares locais ou nativas que são superiores em muitos caracteres (GOMEZ-PANDO, 2015).

O primeiro trabalho sobre mutagênese em quinoa foi relatado no Peru (MURPHY et al., 2018), apresentando resultados como retardo nos processos de germinação nas primeiras gerações, redução de altura de plântula, comprimento de raiz e desenvolvimento foliar, alterações nas folhas dos cotilédones, número de ramos, comprimento do pedicelo, duração do ciclo de vida, cor do caule e da folhagem, morfologia das folhas e inflorescência. Esses Mutantes identificados com ciclo de vida reduzido, podem ser benéficos considerando que algumas das cultivares atuais têm ciclo longo atingindo mais de 7 meses em campo com o florescimento e o tempo de maturação dos grãos sob condições climáticas adversas (seca e geada) que reduzem significativamente o desempenho. Adicionalmente, os mutantes identificados com redução na altura das plantas serão muito úteis, pois reduzirão a alta tendência ao acamamento e poderão melhorar o rendimento (GOMEZ-PANDO ; BARRA, 2013).

2.15 Interação genótipo por ambiente

A interação genótipo por ambiente (G x E) pode ser definida como o comportamento diferencial relativo que os genótipos apresentam quando submetidos a diferentes ambientes; ou expressa em outros termos, é a incapacidade de um genótipo responder de forma semelhante quando plantado em vários ambientes (VALLEJO, 2016). O qual relaciona-se com as condições climáticas e todos os fatores genéticos e fisiológicos que determinam o crescimento e desenvolvimento das plantas (WARD OFA et al., 2019). A G x E influencia significativamente os processos de melhoramento genético, porque uma alta interação pode reduzir ganhos de

seleção e impedem a identificação de cultivares superiores (CEBALLOS-AGUIRRE et al., 2021).

Pesquisas realizadas em diferentes locais e datas tem demonstrados que a quinoa apresenta uma forte interação do (G x E) para o rendimento de grão, rendimento de massa seca, índice de colheita, tamanho do grão, peso do grão e o ciclo fenológico (ALI et al., 2018; CURTI et al., 2014; BERTERO et al., 2004; THIAM et al., 2021). Assim Bertero et al (2004), avalio os efeitos da interação genótipo (G) e genótipo x ambiente (G x E) para o rendimento de grãos, seus determinantes fisiológicos e o tamanho de grão da quinoa, envolvendo um conjunto diversificado de 24 cultivares testadas em 14 locais sob irrigação, em três continentes. Os efeitos da interação G x E observados ao longo do ciclo da cultura, tiveram grande influência no desempenho médio das cultivares e na forma das interações (G x E) observadas para biomassa e rendimento de grão. Por outro lado, Curti et al., (2014), avaliou para 12 genótipos o rendimento de grão, seus determinantes e componentes fisiológicos e os dias de floração exibidos em seis ambientes da Argentina. Tendo como resultado que houve interação G x E para rendimento de grãos, índice de colheita e número de grãos.

Adicionalmente, Ali et al., (2018), realizou avaliações de cinco genótipos de quinoa em dez ambientes, incluindo condições irrigadas e de sequeiro no Egito. Tendo como resultado, que houve interação significativa para variáveis de rendimento de grão, altura de plantas, rendimento de massa seca, tamanho do grão e índice de colheita. Além disso, determinaram a estabilidade dos genótipos em cada local. Thiam et al., (2021), avaliou a adaptação de 14 variedades e linhagens de quinoa de quatro origens diferentes por meio de 14 caracteres agromorfológicos em cinco locais agroclimáticos contrastantes, na parte central de Marrocos. Encontrando, que houve interação significativa de G x E para o rendimento de grãos, índice de colheita, peso de 1000 grãos e tolerância ao míldio causado por *Peronospora farinosa*. As altas interações do G x E encontradas em diversos ambientes, tem influenciado os processos de avanço do melhoramento genético da quinoa (BERTERO et al., 2004). Quando são avaliados diferentes genótipos em diferentes ambientes, pode formar subconjuntos entre ambientes e genótipos para estabelecer processos de seleção a condições específicas (CURTI et al., 2014).

2.16 Análises multivariadas

Em um sentido amplo, a análise multivariada refere-se a qualquer método estatístico que analisa simultaneamente múltiplas características em cada um dos indivíduos ou amostras

sob investigação (CAYUELA, 2011). Essas Análises, vem sendo comumente empregadas para a discriminação de genótipos em processos de melhoramento genético (GRIGOLO et al., 2018). Entre as análises multivariadas existem os métodos de interdependência como os componentes principais (CP), os quais são uma ferramenta de análise de dados que tem como objetivo identificar a base mais significativa para expressar um conjunto de dados (KURITA, 2020). Assim, permitem simplificar a estrutura multivariada dos caracteres, dessa forma, pode-se encontrar a dispersão gráfica dos genótipos em dois ou três eixos, coordenados e, portanto, ajudam à visualização de grupos e genótipos mais ou menos divergentes (RESENDE, 2007).

Existem outras análises que agrupam os indivíduos chamadas análises de agrupamento ou clusters, os quais, devem apresentar uma máxima homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos (FARIA et al., 2012). Além disso, para o estudo da interação entre diferentes variáveis podem-se usar o modelo de método de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI), esse modelo é uma extensão da ANOVA, muito utilizada na interação de genótipo por ambiente (G x E). O qual, combina a ANOVA para efeitos principais do genótipo e ambiente com análise dos componentes principais (CP) das interações (G x E) (SHARIFI et al., 2017). Entre outros métodos dos modelos estatísticos multivariados tem-se a correlação que permite o cálculo de relações lineares entre dois grupos de características (VERGARA et al., 2021). Permitindo assim, determinar a correlação entre características para conseguir um maior entendimento da relação entre grupos de caracteres de interesse agrônômico (FILHO et al., 2012).

2.17 Escala BBCH (Biologische Bundesanstalt Bundessortenamt und Chemische Industrie)

Os princípios básicos da escala fornecem o mesmo código para os estádios fenológicos semelhantes de cada espécie vegetal. Esses estágios são claros e facilmente reconhecidos por características morfológicas externas. Características pós-colheita ou armazenamento e tratamentos de sementes antes do plantio, que são particularmente importantes para os agricultores, também são codificados pela escala BBCH (FERRER-BLANCO et al., 2022). Além disso, a escala BBCH é muito útil na agricultura para determinar o momento de aplicação de nutrientes e produtos químicos e, no melhoramento de plantas, permite definir a maturação da colheita e realizar polinizações controladas (SOUZA, 2017).

Sosa-Zuniga et al., (2017), fez a descrição da escala BBCH para a quinoa, definindo os seguintes códigos: estágio de crescimento principal: Germinação (BBCH 0 até BBCH 09);

desenvolvimento foliar (BBCH 10, até BBCH 19); formação de brotos laterais (BBCH 20, até BBCH 29); alongamento do caule (BBCH 30); desenvolvimento de partes vegetativas colhíveis (BBCH 40); emergência da inflorescência (BBCH 50,51,59); floração (BBCH 60,67,69); desenvolvimento do fruto (BBCH 70); amadurecimento (BBCH 81,85,89) e senescência (BBCH 91,93,95,97,99). A quinoa apresenta variação no tempo de desenvolvimento dos estádios fenológicos, segundo o genótipo e condições ambientais, apresentando sensibilidade à temperatura (ANCHICO-JOJOA et al., 2021).

2.18 Cálculo da somatória térmica

Cada fase do desenvolvimento requer um mínimo de temperatura acumulada para completar e passar à fase seguinte. Este total chama-se tempo térmico, soma térmica, ou graus/dia ($^{\circ}\text{Cd}$) (PARRA-CORONADO et al., 2015).

O conhecimento dos fatores ambientais que regulam a duração do desenvolvimento dos cultivos constitui elemento indispensável para prever seu comportamento agrônomico e o rendimento em regime climático conhecido. Ademais, os fatores ambientais relevantes na definição do ciclo dos cultivos são a temperatura e o fotoperíodo. Sua importância relativa depende da sensibilidade das plantas em cada fase. Adicionalmente a temperatura é o fator ambiental com maior impacto relativo sobre a duração do desenvolvimento da quinoa (BERTERO, 2014).

Unidades térmicas, também conhecidas como acumulação de graus-dia e unidades de calor, são uma maneira de incorporar temperatura e tempo em uma medida para quantificar a taxa de crescimento da planta em resposta à temperatura. O cálculo das unidades térmicas permite definir as unidades térmicas acumuladas (ATU) para cada fase de crescimento e desenvolvimento das plantas (RENATO et al., 2013). ATU tem sido empregado com sucesso na agricultura, principalmente em estudos fenológicos.

O emprego do cálculo de unidades térmicas pode ser útil na previsão das fases de crescimento e desenvolvimento das plantas, como emergência, crescimento inicial, iniciação floral, período reprodutivo e suas subdivisões (ANCHICO-JOJOA et al., 2021). As unidades térmicas podem ser uma ferramenta para determinar a época de semeadura e colheita de culturas afetadas pela mudança climática. O aumento da temperatura acelera as fases, portanto, usar apenas o número de dias não é suficiente para avaliar o crescimento e desenvolvimento das fases (SHARMA et al., 2021). Variações na temperatura do ar podem antecipar os estádios

fenológicos, tornando os eventos de crescimento das culturas menos imprevisíveis quando medida em número de dias (SOUZA et al., 2017). No cálculo das unidades térmicas, deve-se considerar a temperatura base (BT), que é específica para cada espécie de planta. Na quinoa, foi relatado que a BT parece variar de acordo com a fase fenológica (GARCÍA-PARRA et al., 2020).

2.19 Características dos genótipos

BRS Syetetuba: foi adaptada ao Brasil por seleção de progênies provenientes da população Q4, originária dos vales equatorianos. O genótipo foi uniformizado em suas características agrônômicas, recebendo o nome de BRS Syetetuba. Em experimentos de verão e entressafra, apresentou rendimentos de 2,3 t ha⁻¹ de grãos e 7,5 t ha⁻¹ de biomassa total, em 120 dias, da emergência à maturação. Estes resultados superaram aqueles alcançados pelas cultivares padrões BRS Piabiru e Kancolla. Os grãos são livres de saponina e têm peso médio de 2,9 g/1000 sementes (SPEHAR; ROCHA et al., 2011).

Tunkahuan: a variedade INIAP Tunkahuan, foi obtida por seleção em germoplasma coletado na província do Carchi (Equador) em 1985. Em 1986 identificou-se como linha promissora, integrando o banco de Germoplasma do Departamento Nacional de Recursos Filogenéticos do INIAP, com o código ECU 0621. Foi avaliada em diferentes ambientes da Serra equatoriana pelo Programa de Cultivos Andinos, demonstrando ampla adaptabilidade em áreas situadas entre 2.400 e 3.200 m de altitude, sendo recomendada ao cultivo em 1992.

Nas condições andinas, apresenta 144 cm de altura de planta, 20 a 60 cm de comprimento da panícula, com ciclo de 150 a 210 dias, planta púrpura e panícula amarelo alaranjada, glomerulada, grão branco, tamanho de grão de 1,7 a 2,1 mm, baixo conteúdo de saponina (0,06%) e 15,73% de proteína, tolerância ao míldio, ligeiramente susceptível à seca e geadas, tolerância ao excesso de umidade e a granizo, com rendimento médio de 2.200 kg ha⁻¹ (NIETO, 1992)

Blanca Dulce de Jericó: procedente de Boyacá (Colômbia), é de porte alto, semitardío, com ramificação aberta desde a base e panícula de cor branca e rosada (SAÑUDO, 2005).

Piartal: é originária da província do Carchi, norte de Equador. Planta de cor púrpura, pode chegar até os 240 cm de altura e apresenta susceptibilidade ao míldio. O grão é branco opaco, de aproximadamente 2 mm de diâmetro (ALVAREZ; RUTTE, 1990).

Aurora: cultivar selecionado pela Faculdade de Ciências Agrícolas, Universidad de Nariño, com adaptação entre os 2.300 e 3.000 m de altitude. A variedade Aurora é conceituada precoce, entre 85 e 140 dias. Seu porte é mais baixo que o da Tunkahuan, com um tamanho de 90 cm a 130 cm, sua produção está entre 1800 e 2400 kg ha⁻¹ (SAÑUDO, 2005).

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDELBAR, O. H. “Flower Vascularization and Fruit Developmental Anatomy of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd) Amaranthaceae.” *Annals of Agricultural Sciences* 63 (1): 67–75, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.aoas.2018.05.002>.
- ABUGOCH J. L. “Chapter 1 Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.): Composition, Chemistry, Nutritional, and Functional Properties.” *Advances in Food and Nutrition Research* 58 (January): 1–31, 2009. [https://doi.org/10.1016/S1043-4526\(09\)58001-1](https://doi.org/10.1016/S1043-4526(09)58001-1).
- ALI, M.; ASHRAF E.; EMAD, M. S. “Stability Parameters and AMMI Analysis of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Egypt. J. Agron* 40 (1): 59–74, 2018. <https://doi.org/10.21608/agro.2018.2916.1094>.
- ALVAREZ-JUBETE, L.; ARENDT, E. K.; GALLAGHER, E. “Nutritive Value of Pseudocereals and Their Increasing Use as Functional Gluten-Free Ingredients.” *Trends in Food Science & Technology* 21 (2): 106–13., 2010. <https://doi.org/10.1016/J.TIFS.2009.10.014>.
- ALVAREZ, M.; PAVÓN, J.; VON RÜTTE, S. Caracterización. In: CH, W. Quinoa: hacia su cultivo comercial. Quito: S.A, Latinreco. p. 5-30, 1990.
- ANCHICO-JOJOA, W.; PEIXOTO, J. R.; SPEHAR, C. R.; VILELA, M. S. “Calculation of the Thermal Units for 13 Codes of the BBCH Scale of 12 Progenies of Quinoa in the Growing Conditions of the Brazilian Savanna.” *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas* 15 (3): e13109–e13109, 2021. <https://doi.org/10.17584/RCCH.2021V15I3.13109>.
- ANCHICO, W. J. “Características Agronômicas de Genótipos de Quinoa Em Diferentes Altitudes e Densidades de Semeadura.” 2018. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/32781>.
- ANCHICO, W.; SPEHAR, C.R.; VILELA, M. S. “Adaptability of Quinoa Genotypes to Altitudes and Population Densities in Colombia.” *Bioscience Journal* 36 (December): 14–21, 2020. <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n0a2020-48243>.
- AZIZ, A.; AKRAM, N. A.; ASHRAF, M. “Influence of Natural and Synthetic Vitamin C (Ascorbic Acid) on Primary and Secondary Metabolites and Associated Metabolism in Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) Plants under Water Deficit Regimes.” *Plant Physiology and Biochemistry* 123 (February): 192–203, 2018. <https://doi.org/10.1016/J.PLAPHY.2017.12.004>.

BAZILE, D. La quínoa en Chile. In: BAZILE D. ET AL., (EDITORES) Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013. (Santiago de Chile) y CIRAD, (Montpellier, Francia): FAO, 2014. Cap. 5,4, p. 477-502.

BERMEJO, S. P.; PRADO-GUERRA, A.; PÉREZ, A. I. G.; PRIETO, L. F. C. Study of quinoa plant residues as a way to produce energy through thermogravimetric analysis and indexes estimation. *Renewable Energy*, 146, 2224-2233, 2020.

BERTERO, H. D. Control ambiental del desarrollo. In: (EDITORES), B. D. E. A. Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013. (Santiago de Chile) y CIRAD,(Montpellier, Francia): FAO, 2014. Cap. 2,1, p. 137-152.

BERTERO, H. D.; KING, R. W.; HALL, A. J. “Modelling Photoperiod and Temperature Responses of Flowering in Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Field Crops Research* 63 (1): 19–34, 1999. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(99\)00024-6](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(99)00024-6).

BERTERO, H. D.; A. J. DE LA VEGA; G. CORREA, S. E. JACOBSEN, A. MUJICA. “Genotype and Genotype-by-Environment Interaction Effects for Grain Yield and Grain Size of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) as Revealed by Pattern Analysis of International Multi-Environment Trials.” *Field Crops Research* 89 (2–3): 299–318, 2004. <https://doi.org/10.1016/J.FCR.2004.02.006>.

BERTERO, H D, RUIZ R. A.; “Reproductive Partitioning in Sea Level Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) Cultivars.” *Field Crops Research* 118: 94–101, 2010. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.04.009>.

BHARGAVA, A.; DEEPAK O. “Origin of Genetic Variability and Improvement of Quinoa (<Emphasis Type="Italic">*Chenopodium Quinoa*</Emphasis> Willd.)” 241–70, 2016. https://doi.org/10.1007/978-3-319-27096-8_8.

BHARGAVA, A.; SUDHIR S.; DEEPAK O. “Genetic Variability and Interrelationship among Various Morphological and Quality Traits in Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Field Crops Research* 101 (1): 104–16, 2007. <https://doi.org/10.1016/J.FCR.2006.10.001>.

BIOVERSITY I.; ROJAS, W.; SOTO, J.L.; PINTO, M.; JÄGER, M.; PADULOSI, S. (eds.) Granos andinos: avances, logros y experiencias desarrolladas en quinua, cañahua y amaranto en Bolivia. 178 p. 2010. ISBN: 978-92-9043-858-8

- BOIS, J. F.; WINKEL, T.; LHOMME, J. P.; RAFFAILLAC, J. P.; ROCHETEAU, A. “Response of Some Andean Cultivars of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) to Temperature: Effects on Germination, Phenology, Growth and Freezing.” *European Journal of Agronomy* 25 (4): 299–308, 2006. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2006.06.007>.
- BOJANIC, A. La Quinoa: Cultivo milenario para contribuir a la seguridad: Retrieved, v. 18, 2011.
- BONIFACIO, A. “*Chenopodium* Sp.: Genetic Resources, Ethnobotany, and Geographic Distribution.” *Http://Dx.Doi.Org/10.1081/FRI-120018863* 19 (1–2): 1–7, 2006. <https://doi.org/10.1081/FRI-120018863>.
- BONIFACIO, A.; GÓMEZ-PANDO, L.; ROJAS, W. Mejoramiento genético de quinua y el desarrollo de variedades modernas. *Bazile et al*, 203-226, 2014.
- BREMER, B.; BREMER K.; CHASE, M. W.; FAY, M. F.; REVEAL, J. L.; BAILEY, L. H.; SOLTIS, D. E. “An Update of the Angiosperm Phylogeny Group Classification for the Orders and Families of Flowering Plants: APG III.” *Botanical Journal of the Linnean Society* 161 (2): 105–21, 2009. <https://doi.org/10.1111/J.1095-8339.2009.00996.X>.
- CASTILLO-RUIZ, M.; CAÑON-JONES, H.; SCHLOTTERBECK, T.; LOPEZ, M. A.; TOMAS, Á.; SAN MARTÍN, R. Safety and efficacy of quinoa (*Chenopodium quinoa*) saponins derived molluscicide to control of *Pomacea maculata* in rice fields in the Ebro Delta, Spain. *Crop Protection*, 111, 42-49, 2018
- CAYUELA, L. Análisis multivariante. Tulipán: Área de Biodiversidad y Conservación, Universidad Rey Juan Carlos.3, 2011.
- CEBALLOS-AGUIRRE, N.; VALLEJO-CABRERA, F. A.; MORILLO-CORONADO, Y.; “Genotype-Environment Interaction for Production Characteristics in Cherry Tomato (*Solanum* Spp.)” *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas* 15 (2): e12608–e12608, 2021. <https://doi.org/10.17584/RCCH.2021V15I2.12608>.
- COULIBALY, A.; SANGARÉ, A.; KONATE, M.; TRAORÉ, S.; RUIZ, K.; MARTINEZ, E. A.; BAZILE, D. Evaluación de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y adaptación a las condiciones agroclimáticas de Mali, África Oeste: Un ejemplo de colaboración Sur-Norte-Sur. 2014.

- CURTI, R. N.; DE LA VEGA, A. J.; ANDRADE, A. J.; BRAMARDI, S. J.; BERTERO, H. D. “Multi-Environmental Evaluation for Grain Yield and Its Physiological Determinants of Quinoa Genotypes across Northwest Argentina.” *Field Crops Research* 166 (September): 46–57, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2014.06.011>.
- CURTI, R. N.; DE LA VEGA, A. J.; ANDRADE, A. J.; BRAMARDI, S. J.; BERTERO, H. D. “Adaptive Responses of Quinoa to Diverse Agro-Ecological Environments along an Altitudinal Gradient in North West Argentina.” *Field Crops Research* 189 (March): 10–18, 2016 <https://doi.org/10.1016/J.FCR.2016.01.014>.
- DELGADO, A.; PALACIOS, J.; BETANCURT, C. Evaluación de 16 genotipos de quinoa dulce (*Chenopodium quinoa* Willd.) en el municipio de Iles, Nariño (Colombia). *Agronomía Colombiana*. AGRONOMIA COLOMBIANA, Bogotá, v. 2, n. 27, p. 159-167, 2009.
- FAO, O. D. L. N. U. P. L. A. Y. L. A. IRRIGATION AND DRAINAGE. University of Cardaba and IAS - CSIC, KU Leuven University y University of Rome, p. 230 - 235. 2012.
- FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A.; FINGER, F.; SILVA, F.; CRUZ, C.; SÁVIO, F. “Métodos de Agrupamento Em Estudo de Divergência Genética de Pimentas.” *Horticultura Brasileira* 30 (3): 428–32, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>.
- FERNANDES S. F.; “Descrição de Estádios Fenológicos, Maturação, Qualidade Fisiológica de Sementes e Diversidade Genética Em Quinoa.” 2017. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/23982>.
- FERRER-BLANCO, C.; HORMAZA, J. I.; LORA, J.; “Phenological Growth Stages of ‘Pawpaw’ [*Asimina triloba* (L.) Dunal, Annonaceae] According to the BBCH Scale.” *Scientia Horticulturae* 295 (March): 110853, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2021.110853>.
- FILHO, F. J. N.; ATROCH, A.; CECON, P. - *Acta Amazonica*, and undefined “Canonical Correlations among Characteristics of Shoots and Roots System in Guarana Seedlings.” *SciELO Brasil* 42 (2): 241–44, 2012. <https://www.scielo.br/pdf/aa/v42n2/v42n2a09.pdf>.
- FRIES, A. M.; TAPIA, M. E. Guía de campo de los cultivos andinos. FAO, ANPE-PERÚ. 2007.
- FUENTES, F. Mejoramiento genético de la quinoa. *Agricultura del Desierto*, 4, 71-89, 2008.

GARCÍA-PARRA, M, ZURITA-SILVA, A... - “Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) and Its Relationship with Agroclimatic Characteristics: A Colombian Perspective.” *Scielo.Conicyt.Cl.* Accessed May 11, 2021. https://scielo.conicyt.cl/scielo.php?pid=S0718-58392020000200290&script=sci_arttext&tlng=p.

GOMEZ-PANDO, L. “Quinoa Breeding.” *Quinoa: Improvement and Sustainable Production*, July, 87–108, 2015. <https://doi.org/10.1002/9781118628041.CH6>.

GOMEZ-PANDO, RAYDA, L.; EGUILUZ-DE LA BARRA, A. “Developing Genetic Variability of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) with Gamma Radiation for Use in Breeding Programs.” *American Journal of Plant Sciences* 2013 (02): 349–55, 2013. <https://doi.org/10.4236/AJPS.2013.42046>.

GRIGOLO, S.; FIOREZE, A.; DENARDI, S.; VACARI, J. “Implicações Da Análise Univariada e Multivariada Na Dissimilaridade de Acessos de Feijão Comum.” *Revista de Ciências Agroveterinárias* 17 (3): 351–60, 2018. <https://doi.org/10.5965/223811711732018351>.

HAFEEZ, M. B.; IQBAL, S.; LI, Y.; SADDIQ, M. S.; BASRA, S.; ZHANG, N.; ZAHRA, M.; Z. AKRAM, BERTERO D.; CURTI, R.; “Assessment of Phenotypic Diversity in the USDA Collection of Quinoa Links Genotypic Adaptation to Germplasm Origin.” *Plants* 11 (6): 738, 2022. <https://doi.org/10.3390/PLANTS11060738/S1>.

JACOBSEN, S. E.; MONTEROS, C.; CHRISTIANSEN, J. L.; BRAVO, L. A.; CORCUERA, L. J.; MUJICA, A. “Plant Responses of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) to Frost at Various Phenological Stages.” *European Journal of Agronomy* 22 (2): 131–39, 2005. <https://doi.org/10.1016/J.EJA.2004.01.003>.

JELLEN, E. N.; MAUGHAN, P. J.; FUENTES, F.; KOLANO, B. A. Botany, phylogeny and evolution. STATE OF THE ART REPORT ON QUINOA, 12. 2015.

KOLANO, B.; MCCANN, J.; ORZECZOWSKA, M.; SIWINSKA, D.; TEMSCH, E.; WEISS-SCHNEEWEISS, H. “Molecular and Cytogenetic Evidence for an Allotetraploid Origin of *Chenopodium Quinoa* and *C. Berlandieri* (Amaranthaceae).” *Molecular Phylogenetics and Evolution* 100 (July): 109–23, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.YMPEV.2016.04.009>.

KURITA, T. “Principal Component Analysis (PCA).” *Computer Vision*, 1–4, 2020. https://doi.org/10.1007/978-3-030-03243-2_649-1.

MAUGHAN, P. J.; KOLANO, B. A.; MALUSZYNSKA, J.; COLES, N. D.; BONIFACIO, A.; ROJAS, J.; COLEMAN, C. E. “Molecular and Cytological Characterization of Ribosomal RNA Genes in *Chenopodium Quinoa* and *Chenopodium Berlandieri*.” <https://doi.org/10.1139/G06-033> 49 (7): 825–39, 2011. <https://doi.org/10.1139/G06-033>.

MAUGHAN, P. J.; BONIFACIO, A.; JELLEN, E. N.; STEVENS, M. R.; COLEMAN, C. E.; RICKS, M.; FAIRBANKS, D. J. A genetic linkage map of quinoa (*Chenopodium quinoa*) based on AFLP, RAPD, and SSR markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 109(6), 1188-1195, 2004.

MOTA, C.; SANTOS, M.; MAURO, R.; SAMMAN, N.; MATOS, A. F.; TORRES, D.; CASTANHEIRA, I. “Protein Content and Amino Acids Profile of Pseudocereals.” *Food Chemistry* 193 (February): 55–61, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2014.11.043>.

MUJICA, A.; IZQUIERDO, J.; MARATHEE, J. P. Origen y descripción de la quinua. *Quinoa (Chenopodium quinoa Willd.): Ancestral cultivo andino, alimento del presente y futuro*. FAO, UNA. Puno, CIP.Santiago de Chile, p. 9-29. 2001.

MURPHY, K. M.; BAZILE, D.; KELLOGG, J.; RAHMANIAN, M.; “Development of a Worldwide Consortium on Evolutionary Participatory Breeding in Quinoa.” *Frontiers in Plant Science* 7 (May): 608, 2016. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2016.00608/BIBTEX>.

MURPHY, K. M.; MATANGUIHAN, J.; FUENTES, F.; GÓMEZ-PANDO, L.; JELLEN, N.; MAUGHAN, P.; JARVIS, D. “Quinoa Breeding and Genomics.” *Plant Breeding Reviews*, December, 257–320, 2018. <https://doi.org/10.1002/9781119521358.CH7>.

NAVRUZ-VARLI, S.; SANLIER, N. “Nutritional and Health Benefits of Quinoa (*Chenopodium Quinoa Willd.*)” *Journal of Cereal Science* 69 (May): 371–76, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.JCS.2016.05.004>.

NIETO, C. . E. A. INIAP-Ingapirca e INIAP-Tunkahuan: dos variedades de quinua de baixo conteúdo de saponina. INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS. ECUADOR , p. 25. 1992. (228).

- NOWAK, V.; DU, J.; CHARRONDIÈRE R.U. “Assessment of the Nutritional Composition of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Food Chemistry* 193 (February): 47–54, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2015.02.111>.
- PANDO, L. G.; CASTELLANOS, E. A. Guía de cultivo de la quinua. Segunda edición. ed. Lima - Perú 2016: FAO e Universidade Nacional Agraria a Molina, 2016.
- PARRA-CORONADO, A, G FISCHER - “Tiempo Térmico Para Estados Fenológicos Reproductivos de La Feijoa (*Acca Sellowiana* (O. Berg) Burret).” *Revistas.Unal.Edu.Co*. 2015. Accessed May 11, 2021. <https://revistas.unal.edu.co/index.php/actabiol/article/view/43390>.
- PARVEZ, S.; ABBAS, G.; SHAHID, M.; AMJAD, M.; HUSSAIN, M.; ASAD, S. A.; NAEEM, M. A. Effect of salinity on physiological, biochemical and photostabilizing attributes of two genotypes of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) exposed to arsenic stress. *Ecotoxicology and environmental safety*, 187, 109814, 2020.
- PEREZ-REA, D.; ANTEZANA-GOMEZ, R. The functionality of pseudocereal starches. In *Starch in Food* (pp. 509-542). Woodhead Publishing, 2018.
- PETERSON, A; JACOBSEN, S. E.; BONIFACIO, A.; MURPHY, K. “A Crossing Method for Quinoa.” *Sustainability* 2015, Vol. 7, Pages 3230-3243 7 (3): 3230–43, 2015. <https://doi.org/10.3390/SU7033230>.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. D.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. D.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. D. (2012). Genética na agropecuária. rev. Lavras: Ufla.
- RENATO, N.S.; SILVA, J. B.; SEDIYAMA, G. S; PEREIRA, E. G. “Influência Dos Métodos Para Cálculo de Graus-Dia Em Condições de Aumento de Temperatura Para as Culturas de Milho e Feijão.” *Revista Brasileira de Meteorologia* 28 (4): 382–88, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0102-77862013000400004>.
- RESENDE V. M; DUARTE, JB. “PRECISÃO E CONTROLE DE QUALIDADE EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE CULTIVARES 1.” *Pesq Agropec Trop* 37 (3): 182–94, 2007. www.agro.ufg.br/pat.
- REZZOUK, F.Z.;, SHAHID, M. A.; ELOUAFI, I. A.; BANGWEI ZHOU; ARAUS, J.; SERRET, M. “Agronomic Performance of Irrigated Quinoa in Desert Areas: Comparing Different Approaches for Early Assessment of Salinity Stress.” *Agricultural Water Management* 240 (October): 2020. 106205. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2020.106205>.

- ROCHA, J. E. D. S. Seleção de genótipos de quinoa com características agronômicas e estabilidade de rendimento no Planalto Central. Dissertação de mestrado. Brasília: Universidade de Brasília, 2008.
- RODRÍGUEZ G. M. J.; PRIETO, J. M.; SOBRADO, V.C.; MAGRO, P.C. “Nutritional Characterization of Six Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd) Varieties Cultivated in Southern Europe.” *Journal of Food Composition and Analysis* 99 (June), 2021. <https://doi.org/10.1016/J.JFCA.2021.103876>.
- ROJAS, W. “Multivariate Analysis of Genetic Diversity of Bolivian Quinoa Germplasm.” *Http://Dx.Doi.Org/10.1081/FRI-120018864* 19 (1–2): 9–23, 2006. <https://doi.org/10.1081/FRI-120018864>.
- SANTIS, G.; D’AMBROSIO, T.; RINALDI, M.; RASCIO, A. “Heritabilities of Morphological and Quality Traits and Interrelationships with Yield in Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) Genotypes in the Mediterranean Environment.” *Journal of Cereal Science* 70 (July): 177–85, 2016. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2016.06.003>.
- SAÑUDO, B. . G. A. C. B. J. Z. Y. J. B. Perspectivas de la quinua dulce para la región andina de Nariño. Pasto: Unigraf, 2005.
- SHARIFI, P.; AMINPANAH, H.; ERFANI, R.; MOHADDESI, A.; ABBASIAN, A. “Evaluation of Genotype × Environment Interaction in Rice Based on AMMI Model in Iran.” *Rice Science* 24 (3): 173–80, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.RSCI.2017.02.001>.
- SHARMA, A. R. D.; SANKAR, S.; PRYOR, M.; STEWART, B.; JOHNSON, E.; ANANDHI, A. “Use of Growing Degree Indicator for Developing Adaptive Responses: A Case Study of Cotton in Florida.” *Ecological Indicators* 124 (May): 107383, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2021.107383>.
- SILVESTRI, V. “Alogamia En Quinoa.” *Revista de La Facultad de Ciencias Agrarias*, no. Vol. 32, 1 (October), 2000.
- SPEHAR, C. Quinoa: alternativa para a diversificação agrícola e alimentar. Planaltina,DF: Embrapa Cerrados, 2007.

SPEHAR, C.; ROCHA, J. D. S.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; SANTOS, R. D. B.; ASCHERI, J.; SOUZA, F. D. J. (2013). Avances y desafíos de la producción y utilización de la quinua en Brasil. Estado del arte de la quinua en el mundo en, 681-706.

SPEHAR, C. R.; SANTOS, R. L.; “Agronomic Performance of Quinoa Selected in the Brazilian Savannah.” *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 40 (6): 609–12, 2005. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2005000600012>.

SPEHAR, C. R.; ROCHA, J. E.; SANTOS, R. L. “Desempenho Agronômico e Recomendações Para Cultivo de Quinoa (Brs Syetetuba) No Cerrado.” *Pesquisa Agropecuária Tropical* 41 (1): 145–47, 2011. <https://doi.org/10.5216/PAT.V41I1.9395>.

STEFFOLANI, M. E.; REPO-CARRASCO-VALENCIA, R.; PÉREZ, G. T.; CONDEZO-HOYOS, L. Physicochemical and functional properties of isolated starch and their correlation with flour from the Andean Peruvian quinoa varieties. *International Journal of Biological Macromolecules*, 147, 997-1007, 2020.

TAPIA, M. E. (1990). Cultivos andinos subexplotados y su aporte a la alimentación (No. SB185. 7 T17). Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación.

TAPIA, M. E. Cultivos andinos subexplotados y su aporte a la alimentación. FAO. Segunda. segunda. ed. Santiago - Chile: FAO, 2000.

TAPIA, M. Eco desarrollo en los Andes. Lima Perú: Fundación Friedrich Ebert, 1996.

TAPIA, M. E. El largo camino de la quinua ¿quiénes escribieron su historia? In: (EDITORES), B. D. E. A. “Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013”. (Santiago de Chile) y CIRAD (Montpellier, Francia): 2014. p. 1-3.

THIAM, E, ALLAOUI, A.; BENLHABIB O. - PLANTS, AND UNDEFINED. “Quinoa Productivity and Stability Evaluation through Varietal and Environmental Interaction.” 2021. *Mdpi.Com*. <https://doi.org/10.3390/plants10040714>.

UJIROGHENE, O.; LIU, L.; ZHANG, S.; LU, J.; ZHANG, C.; LV, J.; PANG, X.; ZHANG, M. “Antioxidant Capacity of Germinated Quinoa-Based Yoghurt and Concomitant Effect of Sprouting on Its Functional Properties.” *LWT* 116 (December): 108592, 2019. <https://doi.org/10.1016/J.LWT.2019.108592>.

VALLEJO C. F. A. “Mejoramiento Genético de Plantas : Segunda Edición.”2016. Accessed April 17, 2022. https://books.google.com/books/about/Mejoramiento_genético_de_plantas.html?hl=es&id=uJjGDwAAQBAJ.

VERGARA, R.; RICARDO C. I.; GADOTTI, G. I.; SOARES, V. N.; SZARESKI, V. J.; PEDÓ, T.; AUMONDE, T. Z.; VILLELA, F. A. “CANONICAL CORRELATION AND AGRONOMIC PERFORMANCE OF QUINOA (CHENOPODIUM QUINOA WILLD).” *Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável* 11 (1): 252–58, 2021. <https://doi.org/10.21206/rbas.v11i1.12051>.

WANG, S.; ZHU F.. “Formulation and Quality Attributes of Quinoa Food Products.” *Food and Bioprocess Technology* 2015 9:1 9 (1): 49–68, 2015. <https://doi.org/10.1007/S11947-015-1584-Y>.

WARD, S. M.; JOHNSON, D. “Cytoplasmic Male Sterility in Quinoa.” *Euphytica* 1993 66:3 66 (3): 217–23, 1992. <https://doi.org/10.1007/BF00025306>.

WARDOFA, G. A.; MOHAMMED, H.; ASNAKE, D.; ALEMU, T. “Genotype X Environment Interaction and Yield Stability of Bread Wheat Genotypes in Central Ethiopia.” *Journal of Plant Breeding and Genetics* 7 (2): 87–94, 2019. <https://doi.org/10.33687/PBG.007.02.2847>.

WIEME, R. A.; REGANOLD, J. P.; CROWDER, D. W.; MURPHY, K. M.; CARPENTER-BOGGS, L. A. Productivity and soil quality of organic forage, quinoa, and grain cropping systems in the dryland Pacific Northwest, USA. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 293, 106838, 2020.

ZURITA-SILVA, A.; FUENTES, F.; ZAMORA, P.; JACOBSEN, S. E.; SCHWEMBER, A. “Breeding Quinoa (Chenopodium Quinoa Willd.): Potential and Perspectives.” *Molecular Breeding* 34 (1): 13–30, 2014. <https://doi.org/10.1007/S11032-014-0023-5>.

CAPÍTULO 1

EVALUATION OF THE PHYSIOLOGICAL QUALITY OF QUINOA SEEDS

Wilson Anchico Jojoa, José Ricardo Peixoto, Carlos Roberto Spehar, Michelle Souza Vilela, Marcelo Fagioli, Daiane da Silva Nobrega, José Cruz and Antônio Alves de Oliveira Júnior

Artigo publicado em African Journal of Agricultural Research

DOI: 10.5897/AJAR2020.15099

Received 27 July, 2020; Accepted 11 February, 2021

AVALIAÇÃO DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE QUINOA

RESUMO

As variações na qualidade das sementes e os escassos estudos de vigor têm sido fatores limitantes no estabelecimento da cultura em diferentes regiões de sua origem andina. O presente estudo teve como objetivo avaliar a qualidade fisiológica de sementes de quinoa, de genótipos do Brasil, Colômbia e Equador. A pesquisa foi realizada no Laboratório de Tecnologia de Sementes da Universidade de Brasília, Brasil, por meio dos testes de germinação, comprimento de hipocótilo, radícula e teste de envelhecimento acelerado. Dezoito genótipos selecionados de diferentes cultivares foram avaliados pelo Teste F e Scott-Knott. Além disso, a análise hierárquica de cluster foi realizada pelo método Ward e a análise de cluster por k-means. A média de germinação foi de 80,81%; as características de comprimento do hipocótilo e da radícula apresentaram média de 9,11 e 11,27 mm, respectivamente. A média de germinação após o teste de envelhecimento acelerado foi de 75,52%, com melhores resultados para os genótipos Piartal e Aurora. Os genótipos de quinoa apresentaram variabilidade no vigor das sementes, permitindo determinar diferenças no potencial de germinação em condições de alto estresse de umidade e temperatura. A aplicação de métodos desenvolvidos para análise de sementes de quinoa a 25 °C e 4 dias tem se mostrado eficaz na triagem de qualidade. Avaliações de qualidade de sementes de quinoa permitem definir limites de tolerância a condições adversas, facilitando a seleção em programas de melhoramento.

Palavras-chave: Teste de envelhecimento acelerado, *Chenopodium quinoa*, Germinação, Seleção, Vigor.

EVALUATION OF THE PHYSIOLOGICAL QUALITY OF QUINOA SEEDS

ABSTRACT

The variations in seed quality and scarcity vigor studies have been limiting factors in crop establishment at different regions of its Andes origin. The present study aimed to evaluate the physiological quality of quinoa seeds, from cultivars of Brazil, Colombia and Ecuador. The research was conducted in the Seeds Technology Laboratory of the University of Brasília, Brazil, through the tests of germination, hypocotyl and radicle length and accelerated aging test. Eighteen genotypes selected from different cultivars were evaluated using the F Test and Scott-Knott. In addition, hierarchical cluster analysis was performed using the Ward method and Cluster analysis by k-means. The germination average was 80.81%; the hypocotyl and radicle length characteristics showed an average of 9.11 and 11.27 mm, respectively. The average germination after the accelerated aging test was 75.52%, with better results for the genotypes Piartal and Aurora. Quinoa genotypes showed variability in seed vigor, allowing determining differences in germination potential at high stress conditions. The application of methods developed for the analysis of quinoa seeds at 25°C and 4 days has been effective in screening for quality. Seed quality assessments in quinoa allow defining limits of tolerance to adverse conditions, facilitating selection in breeding programs.

Key words: Accelerated aging test, *Chenopodium quinoa*, Germination, Selection, Vigor

1. INTRODUCTION

Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is a plant in the Amaranthaceae family, subfamily Chenopodioideae, as well as spinach and beets (Spehar et al., 2014). It has been cultivated for many centuries in the Andean countries, with greater predominance in Peru and Bolivia (Pereira et al., 2019). Due to its high content of vitamins (A, B2, E), minerals (Ca, Fe, Cu, Mg and Zn) and the stability of its amino acids, the cultivation of quinoa has expanded in different regions (Schabes and Sigstad, 2005). Currently, it is being cultivated in countries like Canada, China, England, Australia, India, Pakistan, United States, among others (Aziz et al., 2018).

The first attempts to introduce quinoa in Brazil, as a cultivated plant, began in the 1990s, evaluating hybrid lines between cultivars from the Andean altiplano, sensitive to the day length (Spehar et al., 2014). With the potential, quinoa germplasm was increased by introducing genotypes with higher genetic variability, coming from several countries, such as the Andes and the United States, including genotypes with large saponin-free seeds. The high rate of cross-pollination in the savanna allowed the recovery of hybrid vigor and the generation of progenies from individual plants, in which agronomic characteristics and nutritional quality were evaluated (Spehar et al., 2014).

These efforts resulted in the cultivars BRS Piabiru and BRS Syetetuba (Spehar et al., 2014). However, recently, these first cultivars showed seed quality problems (Souza et al., 2017a). Quinoa seeds are of the achene type, and have an external structure made of dead cells that surround the seeds (Burrieza et al., 2014), which can interfere with their germination (Souza et al., 2017a). Therefore, it is still necessary to assess seed germination and identification, to detect differences in the physiological potential, seeking to select high-performance materials for successful agricultural production (Marcos Filho, 2015). Climate change and population growth generate the need to use cultures and genotypes resistant to biotic and abiotic stress, with high yield and high nutritional properties (Ruiz et al., 2017). Thus, the cultivation of quinoa can be a solution to increase food for the population, since it has great resistance to adverse production conditions.

In laboratory conditions, at 20 and 30 °C, the germination of quinoa seeds is optimized using absorbent paper, with an initial counting at two days and a final at four days. These standards have been used aiming at genotype characterization and selection in the tropical savannas. They have been developed in conjunction with the accelerated ageing test, which

comprises various molecular processes, causing degradation of large seed molecules related to germination and vigor (Roach et al., 2018). In general, vigorous seeds have shown resistance to the stress factors, exhibiting longer longevity and higher field emergence (Marcos Filho, 2015).

The aim of this study was to evaluate the physiological quality of quinoa seeds of the valley-type cultivars originated in Brazil, Colombia and Ecuador, with the purpose of finding variability in vigor characteristics, allowing to determine differences in germination potential under high stress conditions.

2. MATERIALS AND MÉTHODS

The experiment was conducted in the Seed Technology Laboratory of the Faculty of Agronomy and Veterinary Medicine, University of Brasilia, Campus Darcy Ribeiro, Brasilia, DF, Brazil. Seeds of quinoa progenies selected in Brazil were grown in 2018, Departamento del Cauca, Comlombia Ecoaldea Fundamor, Santander de Quilichao, located at 1,100 m altitude, 3° 0' 30" NL and 76° 29' 2" WL and Hacienda Prosperidad, Popayán, 1,850 m altitude, at 2° 27' NL and 76° 37' 18" WL. The respective mean temperatures of the two locations were 21°C and 19°C.

Plants harvested manually when seeds matured, contained approximately 20 to 30% wet base (w.b.) moisture and let dry at environment conditions until reached 12% w.b., being threshed and cleaned before storage in cold chamber at 10°C. Before proceeding with tests, seeds were immersed in 2% sodium hypochlorite solution for 10 min and rinsed with distilled water to prevent infection by possible seed borne fungi. A brief description of genotypes used in experiment is as follows: (a) Aurora, cultivar selected by the Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño, Colombia, adapted to 2,300 to 3,000 m altitude, having short cycle (110 days to maturity) and average plant height of 1.15 m. Similar to BRS Syetetuba, the perigonium opens at maturity, exposing the white colored grains with diameter smaller than 2 mm (Sañudo et al., 2005). (b) Blanca de Jericó, selected in Boyacá, Colombia at 3,100 m altitude, average plant height of 1.70 m, yellow panicle at maturity, with white pericarp and low saponin content (Montes et al., 2018). (c) BRS Syetetuba, cultivar developed in Brazil at 1,100 m altitude, with an average plant height of 1.8 m and a yellow panicle at maturity, 3.0 g for the weight of 1,000 seeds, 18 g of protein per 100 g seeds, white pericarp and saponin absence; at maturity, the external structure of the perigonium that involves the fruits, opens and makes them visible at maturity (Spehar et al., 2014). (d) Piartal cultivar, selected in the Carchi province, Northern Ecuador, at 2,900 m altitude, with an average plant height of 2.0 m, purple panicle at maturity and white fruits with 2 mm in diameter, these being susceptible to downy mildew (*Peronospora farinosa* f.sp. *chenopodii*) (Alvarez et al., 1990).

Progenies of selected individual plants were obtained: BRS Syetetuba 8T1S, 8T2S, 8T1P, 8T2P, 4T1S, 4T2S, 4T1P, 4T2P and ST; Blanca de Jericó BLA; Piartal PT1S, PT2S, PT1P and PT2P; and Aurora AT2S, AT1P, and AT2P. All cultivars and progenies have typical quinoa shape, cylindrical and flat achene fruit which has been treated as seed.

Seeds of selected progenies were placed on blotter paper sheets, previously humidified with distilled water 2.5 times the paperdry weight in $11 \times 11 \times 3$ cm plastic box (Gerbox), moved to biochemical oxygen demand chamber (BOD), set at 25°C , on 75° inclination angle, being kept for 48 h (Nakagawa, 1999; Souza et al., 2017a).

For the accelerated ageing test, 250 seeds taken for each progeny and distributed in a single layer arranged stainless-steel screen inserted in plastic boxes (Gerbox) covered with a lid, containing 40 mL of distilled water in BOD, regulated to $41 \pm 1^{\circ}\text{C}$ for 24 h (Barbosa et al., 2011). Each treatment was tested individually to avoid possible interference that could be caused by position in chamber. At the end of exposure, a sample of 200 seeds was taken for each progeny and divided in four subsamples for germination test.

The experimental design consisted of a complete randomized block design with four repetitions of 50 seeds each. The following characteristics were evaluated 48 h after the beginning: first count germination (G1), germination rate (% G - primary root emission), radicle length (mm) and e hypocotyl length (mm).

The data were subject to analysis of variance and significance of treatments assessed by F test ($p \leq 0.05$ and $p \leq 0.01$), while means were compared by Scott-Knott ($p \leq 0.05$). The statistical analyses were conducted in SISVAR 5.3 program (Ferreira, 2011). Similarities among genotypes were assessed by hierarchical cluster (Ward, 1963) and clusters compared by k-means (Mac Queen, 1967).

3. RESULTS AND DISCUSSION

The progenies were significantly different for germination in both standard and accelerated ageing test, radicle length and hypocotyl length as shown by the F test from the analysis of variance (Table 1).

The low value coefficient of variation demonstrates experimental precision in controlled conditions. Germination rate mean for all progenies was 80.81%, although seeds of progenies BLA and 4T2S had considerably lower germination values (Table 2).

The comparatively lower germination rate of genotypes BLA and 4T2S may have been related to high moisture field conditions in Santander de Quilichao at their seed maturity. The field is located at 1,100 m altitude, with mean temperatures of 21°C. Therefore, under lower mean temperature, seed quality is expected to be high, confirmed by the accelerated ageing test.

Table 1. Analysis of variance for standard germination test (SGT), radicle length (RL), hypocotyl length (HL) and accelerated ageing germination test (AGT) for quinoa genotypes.

Variable	SGT (%)	RL (mm)	HL (mm)	AGT (%)
F	16.18**	12.43**	8.95**	12.79**
Overall mean	80.81	31.7	42.49	75.52
CV (%)	7.11	9.11	11.27	8.77

**Significant at $p \leq 0.01$; *Significant at $p \leq 0.05$.

Quinoa seeds are liable to variations in temperature and moisture, relating to rapid deterioration (Spehar et al., 2014).

Immediately after harvesting, drying, and cleaning, seeds had grain moisture lowered to 12%, before being stored in cold chamber at 10°C (Souza et al., 2017b). This procedure justifies the high germination rates higher than 70% for most progenies. Moreover, the lower germination rate for the seeds submitted to accelerate ageing test indicates that some progenies are more liable to lose germinability under moisture and temperature stress at maturity. This has been shown by statistical differences picked up by Scott-Knott test of means. Germination rate was an indication of germinability not always associated to seedling vigor, as measured by hypocotyl length and radicle length.

The progenies PT2P, PT1P, 4T1P, 8T1P and AT2P had the best germination rate, confirmed by the accelerated ageing test. The storage at 10°C assured their seeds kept the quality associated with cropping, harvesting, drying, and processing conditions (Souza et al., 2017b). In addition, progeny selections PT2P and PT1P from cultivar Piartal of Northern

Ecuador with germination rates of 97 and 96% and respectively 97 and 88% after being exposed to AGT. When seeds are mature under low moisture in the field, it has been found that they keep high germination and vigor (Spehar et al., 2014). This was confirmed by radicle length, whereas the hypocotyl length was relatively smaller than progenies derived from BRS Syetetuba and Aurora cultivars. This is an indication of their common origin as BRS Syetetuba was first selected progeny 4.5 from quinoa population of Northern Ecuadorian valleys (Spehar and Rocha, 2009). Similar results were obtained with five batches of BRS Syetetuba (Souza et al., 2017a). The Colombian Aurora had also high germination rates AT1P: 86.50% and AT2P: 89% (Table 2).

Table 2. Means for cultivar selected plant progenies seeds evaluated by standard germination test (G), hypocotyl length (HL), radicle length (RL) and Accelerated ageing germination test (AGT). UnB, Brasília-DF, Brazil, 2019.

Cultivar / Variety	Progeny	G	HL (mm)	RL (mm)	AGT (%)
BRS Syetetuba	4T1S	74 c	30 b	39 b	78 a
	4T2S	65 d	31 b	34 c	71 b
	4T1P	94 a	37 a	50 a	79 a
	4T2P	76 c	31 b	42 b	64 b
	8T1S	69 c	38 a	31 c	68 b
	8T2S	72 c	38 a	36 c	65 b
	8T1P	92 a	37 a	51 a	80 a
	8T2P	88 b	39 a	50 a	55 c
	ST	88 b	31 b	47 a	89 a
	Aurora	AT1S	77 c	30 b	36 c
AT2S		78 c	28 b	42 b	78 a
AT1P		87 b	34 a	47 a	76 a
AT2P		89 b	35 a	51 a	89 a
Piartal	PT1S	81 c	29 b	47 a	78 a
	PT2S	78 c	26 c	44 a	78 a
	PT1P	97 a	24 c	40 b	97 a
	PT2P	98 a	26 c	50 a	88 a
Blanca de Jerico	BLA	54 e	26 c	30 c	51 c

*Means followed by same letter in column are not statistically different by Scott-Knott test ($p = 0.05$).

This cultivar was selected in Nariño, on similar climatic conditions as neighboring Ecuador, and described as having high quality seed quality (Montes et al., 2018). Thus, hypocotyl length used to define seed quality in quinoa (Anzooman et al., 2018) does not hold true for the progenies of this experiment.

Evaluations on the fourth day of experiment, confirmed as the best for discriminating for seed quality (Souza et al., 2017a). Genotypes originated in high moisture stress environment have shown best results for standard germination test at the fourth day (Makinen et al., 2014). The high imbibition capacity of seeds leads to rapid radicle protrusion, between 6 and 12 h, after being exposed to moisture (Makinen et al., 2014; Souza et al., 2017b). Quinoa originated, evolved, and was domesticated in environment of low temperature and moisture. Therefore, its adaptation to high moisture and temperature depends on selection for seed quality under these conditions (Spehar et al., 2014).

The significant higher value for hypocotyl length in genotypes derived from BRS Syetetuba (Table 2), confirmed results in other study (Souza et al., 2017). This contrasts with results of native Argentinian native accessions, for which hypocotyl length varied between 13.93 and 22.15 mm, much lower than the ones of this experiment (Curti et al., 2010).

As for radicle length, there were statistical differences within and among progenies (Table 2). In all progenies, the radicle had ≥ 2 mm length, similar to the obtained in experiment using LED and fluorescent light (Sanoubar, 2018).

Progenies derived from BRS Syetetuba had higher radicle length as T1P 51.35 mm, 8T2P 50.15 mm and 4T1P 50.17 mm, followed by progenies of Colombian cultivar Aurora as AT2P 50.47 mm and Ecuadorian Piartal PT2P 49.62 mm. Their possible common genealogy would explain the similar behavior (Spehar and Rocha, 2009; Alvarez et al., 1990).

Differences in physiological seed quality have been detected by complimentary testing as accelerated ageing method (Marcos Filho, 2015). A lower mean value was expected as reported here (Table 2). This has been used to assess quinoa seed vigor (Soares and Broges, 2017). In these tests, some genotypes showed resilience, responding equally in standard germination test and accelerated ageing test, performing above the mean (75.52%). Significant differences among progenies of cultivars indicate the possibility to select quinoa to adverse field conditions, where seeds may gain and lose water before ripening (Sigstad and Garcia, 2001).

The hierarchical clustering allowed grouping the progenies for similarities considering the characteristics measured in the testing (Figure 1). The group division was related to Euclidean distance among detected differences (Freddi et al., 2008). The progenies were grouped in four clusters, following the Euclidean distance of 5 (Hair et al., 2005). Cluster I was formed by 5 progenies, 3 of BRS Syetetuba (4T1P, 8T1P and 8T2P) and two of Aurora (AT1P and AT2P). Their similarity confirmed results with germination and vigor tests. Cultivar BRS Syetetuba has shown seed quality in the Brazilian Savannah when plant senescence occurs in dry conditions, desirable for commercial production (Spehar et al., 2014).

In cluster II, there were three progenies, one of BRS Syetetuba (ST) and two of Piartal (PT1S and PT2S). These consisted of a cluster of progenies that had lower seed quality relative to the ones of cluster I.

The cluster III had 7 progenies, three of which derived from BRS Syetetuba (4T1S, 4T2S and 4T1P), two of Piartal (PT1S and PT2S) and two of Aurora (AT1S and AT2S). This cluster showed lower physiological seed quality than clusters I and II.

The cluster IV had the three remaining progenies, two of BRS Syetetuba (8T1S and 8T2S) and the Blanca de Jerico (BLA). These progenies represented the extreme of low seed quality of the progenies.

In the grouping by k-means, each measurement was weighed taking the means for standard germination test, hypocotyl length, radicle length and accelerated ageing germination test.

The lower the p-value the higher the capacity of differentiating the groups for a given set of variables (Coelho and Toledo, 2017). In this study, standard germination test, radicle length and accelerated ageing germination test were the key characters to segregate the clusters (Table 3). Accelerated ageing test has successfully been used to discriminate progenies of turnip in response to high temperature (Oliveira et al., 2014).

Genotypes of cluster I had mean germination value of 90%, 50 mm radicle length and 76% in accelerated ageing germination test (Figure 2).

Germinability must be considered in progeny selection for seed quality (Spehar et al., 2014). The apparent variability in the progenies of this study indicates they have a common genetic background based on parental genealogy (Spehar and Rocha, 2009; Alvarez et al.,

1990). Under growing conditions of the Brazilian Savannahs, seed quality is important trait in grain crops to turn them viable (Carvalho and Nakagawa, 2012; Oliveira et al., 2014).

Table 3. P-value for the characteristics of standard germination test, hypocotyl length, radicle length and accelerated ageing germination test for the *Clusters* based on k-means.

Variable	P-value
Standard germination test	0.000110
Hypocotyl length	0.261018
Radicle length	0.000312
Accelerated ageing germination test	0.002721

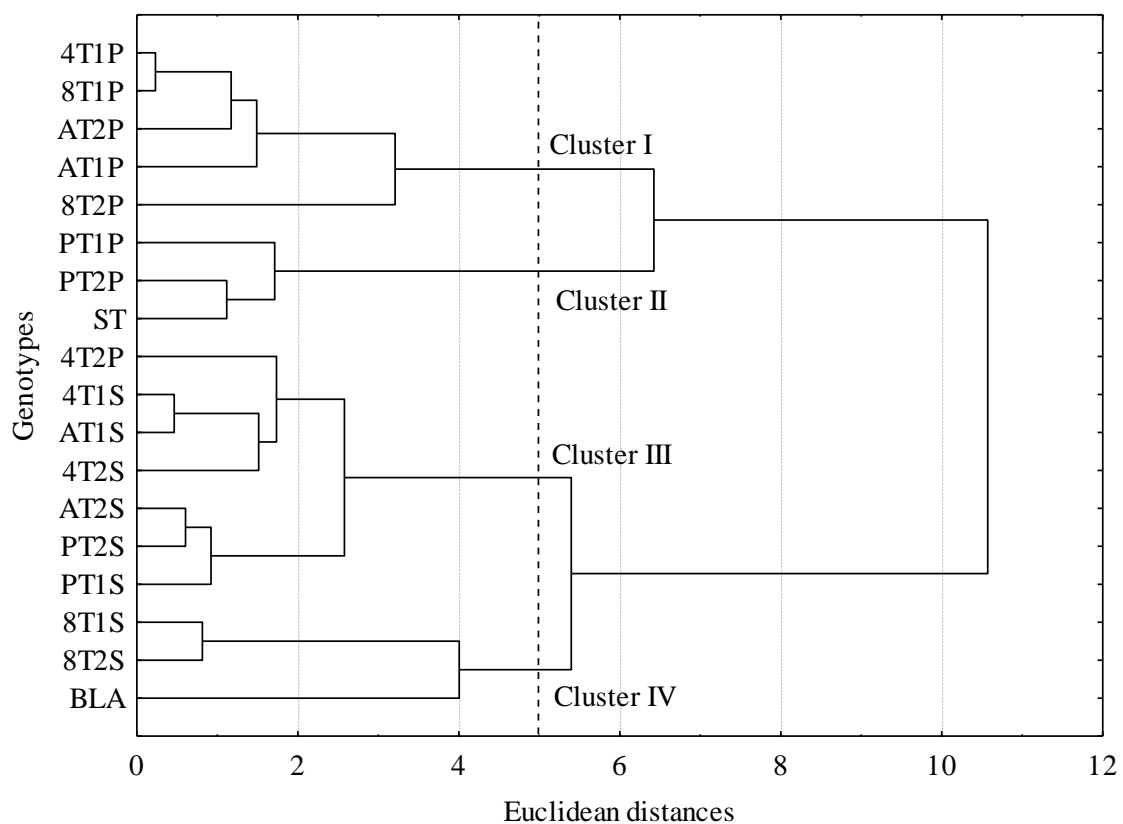


Figure 1. Dendrogram for hierarchical cluster analysis and grouping based on germination rate, radicle and hypocotyl length and germination rate after accelerated ageing test of 18 quinoa genotypes.

The distance between cluster points for each seed characteristic showed high germination rate was associated with physiological quality of seeds (Figure 2). The opposite was found for the low seed progenies cluster, with emphasis on germination and accelerated ageing. In fact, a quality seed is expected to possess germinability and vigor to generate homogenous plant population in the field (França Neto et al., 2010; Wendt et al., 2014). From the results presented here it is inferred that quinoa can be improved for seed quality by exploiting variability in genotypes originated from high moisture and temperature

environmental stresses. The differences could be picked up in progenies aiming to acquire improved genotypes for seed quality (Spehar et al., 2014).

It should be stated that quinoa crop has a relatively short story in the Brazilian Savannah commercial production. The scientific studies have been limited to genotype introduction and evaluation, with little investment on artificial hybridization and selection. The identification of genetic sources of seed quality shall ensure identification of progenies to compose of a breeding program. The seed characteristics common to Brazilian, Colombian, and Ecuadorian cultivars identified here offers opportunity to cooperative breeding to reach the purpose and adapt the crop to less-favorable climatic conditions.

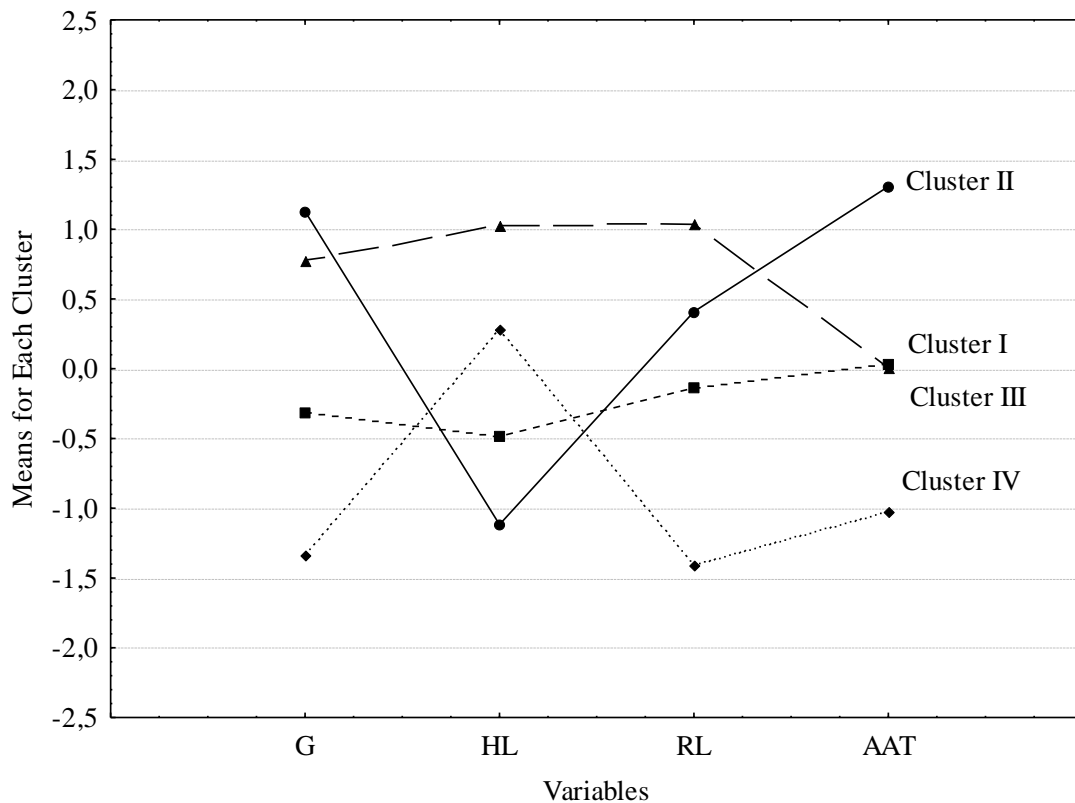


Figure 2. Graphic representation of standard germination test (SGT), hypocotyl length (HL), radicle length (RL) and accelerated ageing germination test (AGT) for k-means.

4. CONCLUSIONS

Progenies obtained from individual plants selected in quinoa cultivars adapted to environments of higher moisture and temperature show variability in seed germination and vigor and differences in quality.

The quality seed progenies have the potential to germinate and establish when submitted to high stress and to adapt in similar environments.

Seed quality evaluation in quinoa is useful to identify limits of tolerance to adverse climatic conditions and to select progenies for genetic improvement.

5. BIBLIOGRAPHIC REFERENCES

- Alvarez M, Pavón J, Von Rütte S (1990). Caracterización. In: WAHLI, C. Quinoa: hacia su cultivo comercial pp. 5-30.
- Anzooman M, Dang YP, Christopher J, Mumford M H, Menzies NW, Kopittke PM (2018). Greater emergence force and hypocotyl cross sectional area may improve wheat seedling emergence in sodic conditions. *Plant Science* 277:188-195.
- Aziz A, Akram N A, Ashraf M (2018). Influence of natural and synthetic vitamin C (ascorbic acid) on primary and secondary metabolites and associated metabolism in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) plants under water deficit regimes. *Plant Physiology and Biochemistry* 123:192–203.
- Barbosa RM, Costa DS, Sá ME (2011). Envelhecimento acelerado em sementes de alface. *Ciência Rural* 1:1899-1902.
- Burrieza HP, López FMP, Maldonado S (2014). Analogous reserve distribution and tissue characteristics in quinoa and grass seeds suggest convergent evolution. *Frontiers in Plant Science* 5:546.
- Carvalho NM, Nakagawa J (2012). Sementes: ciência, tecnologia e produção. 5.ed. Jaboticabal: FUNEP 590 p.
- Coelho RP, Toledo JC (2017). Programas para segurança na indústria de alimentos para animais: caracterização e benefícios percebidos com a implantação. *Gestão e Produção* 24:704-718.
- Curti RN, Bertero D, Andrade A, Belasquez B, Bramardi S (2010). Caracterización morfo-fenológica preliminar del germoplasma nativo de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) del noroeste argentino (NOA). Doi: <https://doi.org/10.13140/RG.2.1.3192.0804>.
- Ferreira DF (2011). Análises estatísticas por meio do Sisvar para Windows versão 4.0. In: 45a Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade internacional de Biometria 45(2000):235.
- França Neto JB, Krzyzanowski FC, Henning AA (2010). A importância do uso de sementes de soja de alta qualidade. *Informativo Abrates, Londrina* 20:37-38.

Freddi OS; Ferraudo AS, Centurion JF (2008). Análise multivariada na comparação de um latossolo vermelho cultivado com milho. *Revista Brasileira de Ciência do Solo* 32:953-961.

Hair JF, Anderson RE, Tatham RL, Black W (2005). *Análise Multivariada De Dados*. Porto Alegre, Bookman editora.

Mac Queen JB (1967). Some Methods for classification and analysis of multivariate observations. *Proceedings of 5th Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*. 1. University of California Press. pp. 281-297. MR 0214227. Zbl 0214.46201. Retrieved 2009-04-07.

Makinen OE, Hager AS, Arendt EK (2014). Localisation and development of proteolytic activities in quinoa (*Chenopodium quinoa*) seeds during germination and early seedling growth. *Journal of Cereal Science* 60(3):484-489.

Marcos FJ (2015). Seed vigor testing: an overview of the past, present and future perspective. *Scientia Agricola* 72(4):363-374.

Montes RC, Burbano CGA, Munoz CEF, Calderón Y (2018). Descripción del ciclo fenológico de cuatro ecotipos de (*Chenopodium quinoa* Willd.), en Puracé–Cauca, Colombia. *Biotecnología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial, Popayán- Colombia* 16(2):26- 37.

Nakagawa J (1999). Testes de vigor baseados no desempenho das plântulas. Vigor de sementes: conceitos e testes. Londrina: ABRATES 1:1-24.

Oliveira SSC, Martins CC, Cruz SJS, Silva CJ (2014). Seleção de progênies de nabo-forrageiro para germinação sob altas temperaturas. *Ciência Rural, Santa Maria* 44(2):217-222.

Pereira E, Encina ZC, Barros L, Gonzales BU, Cadavez V, Ferreira ICFR (2019). Chemical and nutritional characterization of *Chenopodium quinoa* Willd (quinoa) grains: A good alternative to nutritious food. *Food Chemistry* 280:110-114.

Roach T, Nagel M, Börner A, Eberle C, Kranner I (2018). Changes in tocochromanols and glutathione reveal differences in the mechanisms of seed ageing under seedbank conditions and controlled deterioration in barley. *Environmental and Experimental Botany* 156:8-15.

- Ruiz KB, Rapparini F, Bertazzab G, Silva H, Torrigiani T, Biondia S (2017). Comparing salt-induced responses at the transcript level in a salares and coastal-lowlands landrace of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Environmental and Experimental Botany* 139:127-142.
- Sanoubar R, Calone R, Noli E, Barbanti L (2018). Data on seed germination using LED versus fluorescent light under growth chamber conditions. *Data in Brief* 19:594-600.
- Sañudo B, Arteaga G, Betancourth C, Zambrano J, Burbano J (2005). *Perspectivas de la quinua dulce para la región andina de Nariño*. Pasto: Unigraf, Colombia.
- Schabes FI, Sigstad EE (2005). Calorimetric studies of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) seed germination under saline stress conditions. *Thermochimica Acta* 428:71-75
- Sigstad EE, Garcia CLA (2001). Microcalorimetric analysis of quinoa seeds with different initial water content during germination at 25 °C. *Thermochimica Acta* 366(2):149-155.
- Soares VN, Borges CT (2017). *Produção de Sementes de Quinoa no Sul do Rio Grande do Sul*. Embrapa Clima Temperado-Comunicado Técnico (INFOTECA-E).
<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1084511>. 2019.
- Souza FFJ, Souza JEA, Souza NOS, Spehar CR, Jesus TF (2017a). Standardizing germination tests for quinoa seeds. *African Journal of Agricultural Research* 12:155-160. Doi: <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11820>.
- Souza FFJ, Spehar CR, Souza NOS, Fagioli M, Souza RTG, Borges SRS (2017b). Accelerated ageing test for the evaluation of quinoa seed vigour. *Seed Science and Technology*. *Seed Science and Technology* 45(1):212-221. Doi: <https://doi.org/10.15258/sst>.
- Spehar CR, Rocha JES (2009). Effect of sowing density on plant growth and development of quinoa, genotype 4.5, in the Brazilian savannah highlands. *Bioscience Journal* 25(4):53-58.
- Spehar C, Rocha JES, Ribeiro JWQ, Santos RDB, Ascheri J, Souza FDJ (2014). Avances y desafíos de la producción y utilización de la quinua en Brasil. In: BAZILE, D., et al., *Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013*. FAO (Santiago de Chile) y CIRAD, (Montpellier, Francia) pp. 681-706.

Ward JH (1963), Hierarchical Grouping to Optimize an Objective Function. *Journal of the American Statistical Association* 58(301):236-244.

Wendt L, Gomes JFG, Zorato MF, Moreira GC (2014). Avaliação do potencial fisiológico de sementes de soja por meio de imagens. *Pesquisa Agropecuária* 44(3):280-286.

CAPÍTULO 2

CALCULATION OF THE THERMAL UNITS FOR 13 CODES OF THE BBCH SCALE OF 12 PROGENIES OF QUINOA IN THE GROWING CONDITIONS OF THE BRAZILIAN SAVANNA

Wilson Anchico Jojoa, José Ricardo Peixoto, Carlos Roberto Spehar and Michelle Souza
Vilela

Artigo publicado na Revista Colombiana de Ciências Hortícolas

Doi: <https://doi.org/10.17584/rcch.2021v15i3.13109>

Received: 13-07-2021 Accepted: 13-08-2021 Published: 26-10-2021

CÁLCULO DAS UNIDADES TÉRMICAS PARA 13 CÓDIGOS DA ESCALA BBCH DE 12 PROGÊNIES DE QUINOA NAS CONDIÇÕES DE CULTIVO DA SAVANA BRASILEIRA

RESUMO

A introdução da quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) na savana brasileira tem sido bem sucedida com base na seleção de progênies de tipos de vale. Dada a grande variação de ambientes, uma alternativa para definir o ciclo de maturação da planta tem sido a utilização de unidades térmicas acumuladas (ATU). Essa medida permite a previsão do ciclo da planta e auxilia na definição da duração da fenologia útil no manejo da cultura e no melhoramento da quinoa. Este trabalho teve como objetivo calcular o ATU para 13 códigos da escala BBCH de quinoa, avaliando 12 progênies selecionadas e cultivadas em duas épocas de semeadura, a 15° 56' S e 47° 55' W, altitude de 1.100 m, Brasília, DF, Brasil. As diferenças estatísticas foram predominantes desde o início das fases reprodutivas do BBCH-50, classificando as progênies em precoces, intermédias e tardias. As progênies de maturidade precoce e respectivos ATU para BBCH-89 são BRQ4 (1.676,8), BRQ1 (1.685) e AUR (1.691), contrastando com BLA tardio (2.239), BRQ3 (1.929,1 GDD) e BRQ8 (1.895). As unidades térmicas acumuladas para BBCH-89 variaram de 1565,25 a 2381, com diferença entre os genótipos mais tardios e mais precoces de 815,75 GDD. Progênies selecionadas de cultivares existentes são diferentes no acúmulo de unidades térmicas, resultando em eficiência na aquisição de cultivares para escalonar o cultivo de quinoa. As unidades térmicas acumuladas explicam a variedade de ciclos de maturidade da planta na seleção. Além disso, o cálculo do ATU para os códigos da escala BBCH é uma ferramenta eficaz para prever o ciclo fenológico da quinoa.

Palavras-chave: *Chenopodium quinoa*; fenologia; seleção; manejo de culturas; graus dia.

CALCULATION OF THE THERMAL UNITS FOR 13 CODES OF THE BBCH SCALE OF 12 PROGENIES OF QUINOA IN THE GROWING CONDITIONS OF THE BRAZILIAN SAVANNA

ABSTRACT

The introduction of quinoa (*Chenopodium quinoa*) in the Brazilian savanna has been successful based on the selection of progeny from valley types. Given the wide variation of environments, an alternative to define the maturation cycle of the plant has been the use of accumulated thermal units (ATU). This measure allows prediction of the plant cycle and supports the definition of phenology duration useful in crop management and quinoa breeding. This study aimed at calculating the ATU for the 13 codes of the BBCH scale of quinoa by evaluating 12 selected progenies grown in two sowing dates, at 15° 56' S and 47° 55' W, altitude of 1.100 m, Brasilia, DF, Brazil. Statistical differences were predominant from the beginning of the BBCH-50 reproductive phases, classifying the progenies as early, mid-cycle and late. Early maturity progenies and respective ATU for BBCH-89 are BRQ4 (1.676,8), BRQ1 (1,685), and AUR (1,691), contrasting with late BLA (2.239), BRQ3 (1,929.1 GDD), and BRQ8 (1,895). The accumulated thermal units for BBCH-89 ranged from 1565.25 to 2381, with a difference between the earliest and latest genotypes of 815.75. Progenies selected from existing cultivars are different in thermal unit accumulation, ensuing efficiency in cultivar acquisition to stagger quinoa cultivation. Accumulated thermal units explain the range of plant maturity cycles in selection. Additionally, the calculation of atu for BBCH scale codes is an effective tool for predicting the phenological cycle of quinoa.

key words: *Chenopodium quinoa.*; phenology; selection; crop management; degrees day.

1. INTRODUCTION

Quinoa (*Chenopodium quinoa*), a novel crop to the world, has been continuously selected in the Andes of South America, characterizing its gradual expansion from around Titicaca Lake, between Bolivia and Peru, the probable center of origin (Maughan et al., 2004). The expansion of quinoa growth occurred to the North (Ecuador, Colombia, and Venezuela) and to the South (Argentina and Chile), from the Andean Altiplano to the valleys and coastal regions. The expansion of quinoa cultivation occurred slowly, dispersing into environments of great climatic differences (Bertero et al., 2004).

Perú and Bolivia have been the major quinoa producers, followed by Ecuador and Argentina (Perez-Rea and Antezana-Gomez, 2018). In Brazil, the interest in quinoa cropping started in the 1990's, as an option for diversification of cropping systemsits excellent food source. In addition, with the no-till system evolution, it contributes biomass to protect the soil in the dry season and uses low quantities of seeds in sowing, a favorable factor to expand cultivation (Spehar et al., 2015a).

Thermal units, also known as growing degree days and heat units, are a way of incorporating both temperature and time into one measurement to quantify the rate of plant growth in response to temperature. Calculation of thermal units allows defining of the accumulated thermal units (ATU) for each phase of plant growth and development (Renato et al., 2013). ATU has been successfully employed in agriculture, particularly in phenological studies. The concept of thermal time, first introduced in 1730 by R. A. F. de Reaumur, to predict phenological events more affected by location and sowing date, as an alternative for the number of days, affected by the temperature of location (McMaster and Wilhelm, 1997).

Employing or calculation of thermal units can be useful in predicting the phases of plant growth and development, such as seedling emergence, early growth, flower initiation, reproductive period, and its subdivisions. Thermal units can be a tool to determine the sowing and harvest time of crops affected by climate change. The rise in temperature speeds up the phases; therefore, using the number of days alone has been no longer valid to assess growth and development phases (Sharma et al., 2021). Variations in air temperature can anticipate the phenological phases, turning the events of crop growth less unpredictable when measured in the number of days (Souza et al., 2017).

In the calculation of thermal units, one must consider the base temperature (BT), which is specific for every plant crop species. In quinoa it has been reported that BT seems to vary according to phenological phase (Garcia-Parra et al., 2020a). Quinoa has shown a high potential to adapt to different environments, being exposed to variable temperatures, affecting the length of plant phenology (Jojoa et al., 2021).

Clearly defined phenological stages are of great importance for phenotype reproducibility. Several studies have investigated and described the phenological stages of quinoa. These studies have provided valuable information on crop characterization (Stanschewski et al., 2021). Currently, the phenological stages of quinoa are described using the Biologische Bundesanstalt Bundessortenamt und Chemische Industrie (BBCH) scale, presenting as main phases germination (0), leaf development (1), formation of lateral buds (secondary stems) (2), inflorescence emergence (5), flowering (6), fruit development (7), ripening (8), senescence (9) (Sosa-Zuniga et al., 2017).

Secondary phases are adapted to the changing behavior of different cultivars, which are influenced by environmental effects and their generic character (Garcia-Parra et al., 2020b). Quinoa genotypes have shown variability in phenological phases as response to temperature (Anchico et al., 2020). Studies using (ATU) to describe quinoa growth and development are scarce and do not provide comprehensive information to predict the phenological phases of the crop. The information is essential to guide research on crop breeding and management for efficient production. In view of this, the study had the objective to calculate the thermal units for 13 codes of the BBCH scale of quinoa from the evaluation of 12 selected progenies grown in two sowing dates in the Brazilian Savannah.

2. MATERIALS AND METHODS

2.1 Physiographic characteristics of location and soil management

Two experiments (Season 1 - March / June 2018 and Season 2 -May / August 2019) were conducted in Água Limpa Farm, University of Brasilia (UnB), Federal District, Brazil, coordinates of 15° 56' S and 47° 55' W, at an altitude of 1,100 m. It is located in the core of the Cerrado Region (Brazilian Savannah physiognomy). The climate has been described according to Köppen, as Aw, characterized by rainy period, October to April, and dry period, May to September (Kottek et al., 2006). Mean temperature during the experiments was 19.0 and 19.45°C, with maximum mean temperature of 27.6 and 28,8°C, and minimum mean temperature of 12.5 and 11.5°C. Rainfall was 451.7 mm and 141.5 mm, respectively for the two sowing dates (Fig. 1).

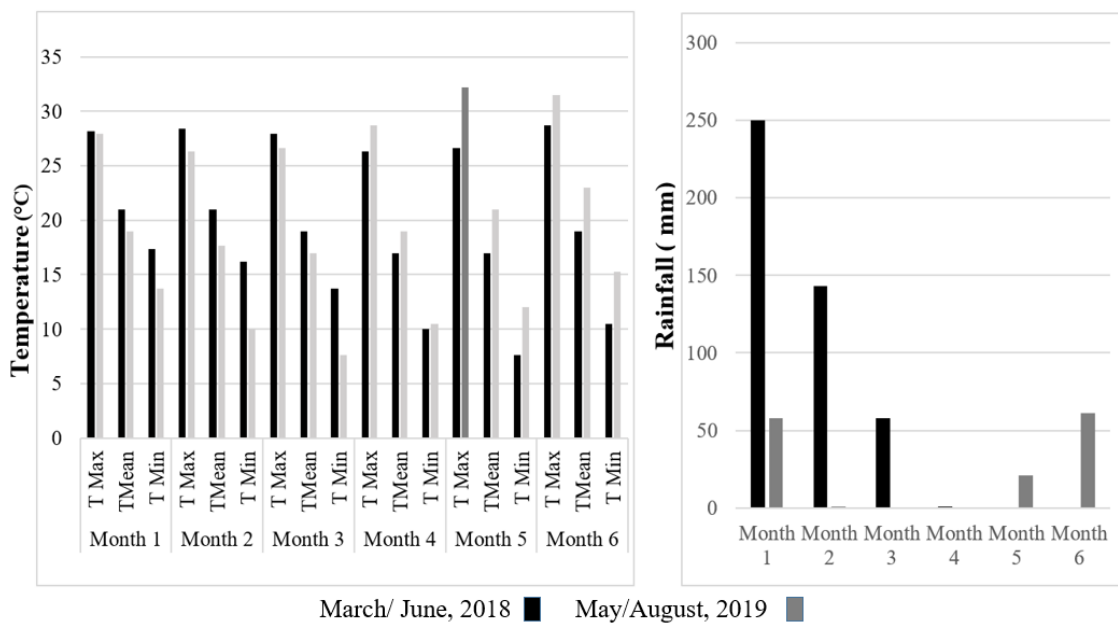


Figure 1. Temperatures and rainfall two growing period in 2018 and 2019 (March/June, 2018) and (May/August, 2019).

Prior to setting experiments, the area was fertilized according to the requirements of quinoa cropping with N, P₂O₅, and K₂O sources in the proportion of 12:90:48 kg ha⁻¹, harrowed, leveled off, and rows equally spaced by 0.5 m were opened (Spehar et al., 2015b). Thirty days after emergence, the plots received N in the dose of 40 kg ha⁻¹, band applied, and were kept weed-free by hand hoeing. The experiments were sprinkler irrigated when water tension reached 40 kPa based on tensiometers installed in the area. For the quinoa cycle, 350 mm of irrigation water was required.

2.2 Quinoa genotypes and selected progenies

Progenies were obtained in Brazil and in Colombia at altitudes of 1,100 e 1,800 m by individual plant selection in existing cultivars (Anchico et al., 2020): a) Progenies BRQ1, BRQ 2, BRQ 3, BRQ 4, BRQ 5, BRQ 6, BRQ 8, and BRQ 10, from cultivar BRS Syetetuba (Brazil), of plant maturity cycle between 95 to 121 d and yield in the range of 1,500 and 2,200 kg ha⁻¹; b) progeny from cultivar Aurora (AUR) (Colombia) of 97 d to maturity and 2,121 kg ha⁻¹ yield; c) progeny from cultivar Blanca Dulce de Jerico (BLA) (Colombia) 150 d to maturity and 1,500 kg ha⁻¹ yield; d) progeny of the cultivar Tunkahuan (TUN) originally from Ecuador and selected in Colombia, 118 d to maturity and 1,300 kg ha⁻¹ yield e) cultivar Piartal (PRI) originally from Ecuador and selected in Colombia, 109 d to maturity and 1,500 kg ha⁻¹ yield.

2.3 Phenological evaluation

The first evaluations were made between March and June 2018 and the second between May and August 2019. The phenological stages of quinoa in this research were classified according to the BBCH scale, which are described below: BBCH-08 (Hypocotyl with cotyledons growing towards soil surface, BBCH-10 (Cotyledons fully emerged), BBCH-11 (First pair of leaves visible) , BBCH-12 (Second pair of leaves visible), BBCH-13 (Third pair of leaves visible), BBCH-20 (Visible lateral buds or expanded leaves without lateral stems), BBCH-50 (Inflorescence present but still enclosed by leaves), BBCH-51 (Leaves surrounding inflorescence separated, inflorescence is visible from above), BBCH-59 (Inflorescence visible, but all the flowers are still closed), BBCH-69 (Complete anthesis: main inflorescence flowers with senesced anthers), BBCH-81 (Milky grain, easily crushed with fingernails, liquid content and green pericarp), BBCH-85 (Thick grain, easily crushed with fingernails, white pasty content, green, beige, red or black pericarp), BBCH-89 (Ripe grain, difficult to crush with fingernails, dry content, the grain has a beige, red or black colour on its outside. Ready to harvest) (Sosa-Zuniga et al., 2017).

2.4 Determination of thermal units

Thermal units were determined for the thirteen phenological phases of quinoa growth and development of 12 progenies, on the basis of maximum and minimum daily temperatures obtained in the meteorological station of Água Limpa Farm, UnB.

Calculation of accumulated thermal units (ATU) for quinoa considered the base temperature of 3.1°C according to (Bertero et al., 1999). This temperature is the minimum at which the quinoa plant paralyzes growth.

Accumulated thermal units (ATU) was estimated according to the method proposed by Arnold (1959). Two equations were used where, TU was thermal units, MT the maximum daily temperature, mt the minimum daily temperature and BT the base temperature.

$$TU = \frac{MT - mt}{2} - BT$$

The thermal summation or (ATU), was calculated by equation 2.

$$ATU = \sum_{ni=1} TU_i$$

where, n was number of days to reach each plant growth and development phase.

2.5 Experimental design and statistical analysis

The experiments were conducted based on the randomized complete block design. Each block was consisted of eight progenies of selected individual plants from cultivar BRS Syetetuba, recommended for cultivation in the Brazilian Savannah (Spehar et al., 2011), in the period 2016-2018 and four progenies, two from Colombian cultivars Blanca Dulce de Jerico (BLA) and Aurora; and two from Ecuadorian cultivars Tunkahuan and Piartal. The four progenies were selected in 2017-2018. Altogether, each block contained 12 plots corresponding to progenies on six repetitions. The plot had four rows 2 m long, equally spaced by 0.5 m, with a distance between plots of 1 m. The plant density on the row was 30 plants/m-1.

An analysis of variance of the values of (ATU) for phenological phases between genotypes and sowing dates was carried out and compared by Tukey's test using SPSS software. Additionally, a hierarchical analysis was performed to evaluate the relationship between progenies and (ATU) values for phenological phases and a dendogram was obtained, using the Euclidean distance, for similarity grouping (Ward, 1963).

3. RESULTS AND DISCUSSION

Quinoa progenies had statistically significant F test differences at $P \leq 0.01$ and $P \leq 0.05$ of (ATU) for BBCH-11 to BBCH-89. (Tab. 1). Comparisons were made by ATU, standardizing the values independently of the growing environment (Zapata et al., 2015). Therefore, it is expected in this experiment that the genotype grown on the two sowing dates present similar ATU values. This holds to other crops of different base temperatures as soybeans (Spehar et al., 2015a).

The progenies studied here had variable ATU, turning into a reference to compare adaptability to cropping systems in environments different from quinoa's Andean origin (Anchico et al., 2020). All progenies had seedling emergence (BBCH-08) in three days in 2018 and 2019, with 56,98 and 50,66 ATU (Tab. 1), expressing sensitivity to the temperature at this phase, as already described experimentally in Argentina (González et al., 2017). This early phase of quinoa has shown more sensitivity to temperature. For the remaining phases, there were different values of ATU as related to days, turning evident the effect of temperature in plant development (Salazar-Gutiérrez et al., 2013). In Cotyledons fully emerged (BBCH-10), there were no statistical differences among progenies, with ATU of 112.55 in 2018 and 100.11 in 2019. In the BBCH-11 (first pair of leaves visible), there were statistical differences in the 2018 experiment; progenies AUR and PRI had less accumulated thermal units, 191.95, than the other progenies of 232.53. In 2019 all progenies had 202.17 ATU at BBCH-11. When progenies for the two experiments were compared, three groups of ATU were formed (Tab. 1).

Table 1. Accumulated thermal units (ATU) of quinoa progenies for the two planting dates (March / June, 2018) and (May / August, 2019) at BBCH-08 (hypocotyl with cotyledons growing towards soil surface), BBCH-10 (cotyledons fully emerged), BBCH-11 (first pair of leaves visible), BBCH-12 (second pair of leaves visible), BBCH-13 (third pair of leaves visible), BBCH-20 (visible lateral buds), BBCH-50 (inflorescence present but still enclosed by leaves), BBCH-51 (leaves surrounding inflorescence separated,), BBCH-59 (inflorescence visible), BBCH-69 (complete anthesis), BBCH-81 (milky grain), BBCH-85 (thick grain), and BBCH-89 (ripe grain).

SEASON 1 - MARCH / JUNE 2018													
P/E.F.	BBCH-08	BBCH-10	BBCH-11	BBCH-12	BBCH-13	BBCH-20	BBCH-50	BBCH-51	BBCH-59	BBCH-69	BBCH-81	BBCH-85	BBCH-89
AUR	56.98 a	112.55 a	191.95 c	305.75 c	434.24 c	533.13 d	933.34 f	1057.30 h	968.14 j	1093.28 i	1382.28 h	1608.81 k	1817.32 h
PRI	56.98 a	112.55 a	191.95 c	394.83 a	454.37 b	572.26 b	1035.58 bcd	1185.72 d	1110.9 f	1220.81 f	1600.02 d	1819.83 e	1981.49 e
BRQ1	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	536.38 cd	910.24 g	1032.42 i	987.29 i	1051.11 j	1307.55 i	1605.88 k	1804.81 i
BRQ4	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	539.70 cd	968.14 e	1075.96 g	1016.56 h	1110.90 h	1376.13 h	1600.02 k	1788.43 j
BRQ5	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	533.13 d	1019.59 d	1204.04 c	1125.99 de	1237.52 d	1435.65 g	1638.50 j	1885.21 g
BRQ10	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	533.13 d	1047.84 abc	1204.04 c	1141.61 bc	1250.76 c	1466.01 f	1714.83 h	2008.15 d
TUN	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	533.14 d	1038.74 bcd	1185.72 kd	1135.31 bcd	1224.17 ef	1468.78 f	1684.84 i	1918.39 f
BRQ6	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	533.13 d	1032.42 cd	1244.20 a	1160.58 a	1292.09 a	1600.02 d	1770.44 f	1918.39 f
BRQ2	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	539.63 cd	1048.02 abc	1224.17 b	1160.58 a	1270.19 b	1617.6 c	1734.97 g	2008.15 d
BRQ8	56.98 a	112.55 a	232.53 b	354.07 b	434.24 c	533.13 d	1022.94 d	1129.01 f	1087.50 g	1179.45 g	1644.29 b	1908.39 b	2031.27 c
BRQ3	56.98 a	112.55 a	232.53 b	394.83 c	454.37 b	552.67 c	1063.52 a	1224.17 b	1147.91 ab	1270.19 b	1667.84 a	1983.83 a	2099.23 b
BLA	56.98 a	112.55 a	232.53 b	373.48 ab	434.24 c	533.33 d	1044.92 abc	1204.04 c	1132.16 cde	1234.18 de	1670.67 a	1898.96 c	2096.65 b

Continuation

SEASON 2 -MAY / AUGUST 2019													
P/E.F.	BBCH-08	BBCH-10	BBCH-11	BBCH-12	BBCH-13	BBCH-20	BBCH-50	BBCH-51	BBCH-59	BBCH-69	BBCH-81	BBCH-85	BBCH-89
AUR*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	613.97 l	689.54 n	661.34 o	761.65 q	1066.83	1346.81	1565.25
BRQ1*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	613.97 l	704.16 m	676.48 n	777.24 p	1066.83	1346.81	1565.25
BRQ4*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	704.16 k	777.24 l	747.11 m	841.35 o	1066.83	1346.81	1565.25
BRQ5*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	761.65 j	841.35 k	816.43 l	912.11 m	1234.21 j	1391.76	1612.88
BRQ10*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	761.65 j	841.35 k	816.43 l	912.11 m	1234.21 j	1565.25 l	1759.04
BRQ6*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	777.24 ij	841.35 k	816.43 l	912.11 m	1234.21 j	1377.30	1565.25
BRQ8*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	777.24 ij	841.35 k	816.43 l	912.11 m	1234.21 j	1565.25 l	1759.04
BRQ2*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	777.24 ij	841.35 k	829.61 k	897.63 n	1234.21 j	1461.42	1630.12 l
BRQ3*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	777.24 ij	841.35 k	829.61 k	912.11 m	1234.21 j	1565.25 l	1759.04
PRI*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	792.23 hi	868.14 j	841.35 k	943.14 l	1234.21 j	1565.25 l	1759.04
TUN*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	364.17 d	451.14 e	803.89 h	868.14 j	841.35 k	958.26 k	1234.21 j	1565.25 l	1759.04
BLA*	50.66 a	100.11 a	202.17 c	305.75 c	481.93 a	704.16 a	1052.98	1169.31	1121.17	1234.21	1565.25	1924.92	2381.00
C.V.%	5.89	5.87	7.45	9.65	9.83	12.09	16.67	18.58	17.45	16.40	14.30	11.64	11.10
MEDIA	53.83	106.33	213.97	335.20	405.79	505.81	890.78	1003.93	957.85	1058.78	1369.85	1624.64	1834.9

In each column means followed by same letters in column do not differ significantly based on the Tukey test (p≤0.05).

At BBCH-12 progenies, PRI and BLA had different accumulated thermal units (ATU) at first sowing date of 394.83 and 373.48, respectively. In the second experiment, all progenies had an ATU of 305.75 for the same phase (Tab. 1). At the BBCH-13, mean values were ATU 405, with a smaller mean value in the second year with a mean ATU of 364,17. Progeny with higher ATU was BLA with 481.93. At BBCH-20, the mean ATU was 505.81, while progenies in the second year had smaller ATU, although BLA had 481.93. These differences, although statistically significant, are still acceptable to compare accumulated thermal units (ATU) for progenies at each growth and development phase in quinoa. Other uncontrolled environmental factors such as rainfall, relative air moisture, evapotranspiration, solar radiation could have influence in the plant vegetative and early reproductive phases (Parra-Coronado et al., 2015).

The statistical differences were more predominant from BBCH-50, separating the progenies into early, mid-cycle and late maturity. In the first experiment, progenies with smaller ATU were AUR and BRQ 1, with 933,34 and 910.24 respectively, while the largest were BRQ 3 and BRQ 2 with 1063.52 and 1048.02 ATU (Tab 1). Differences are accentuated from the beginning of the reproductive phase. A similar finding was reported for *Cucurbita moschata* (Souza et al., 2017). At BBCH-51, progenies had an ATU larger mean value of 1,164.23; for the same phase mean value was 843.72 in the second experiment, AUR 613.97 was the least thermal unit accumulator progeny (Tab. 1). BBCH-50 and BBCH-51 showed a similar trend, with AUR (661.34), BRQ1 (676.48), and BRQ4 (747.11), early progenies having the least ATU, while BRQ2 and BRQ6 were late (1,160.58). At BBCH-69, significant differences were found among progenies of early, mid-cycle, and late maturity grouping. Early AUR (761.65) and BRQ 1 (777.24) contrasted with late BRQ 6 (1292.09) and BRQ 2 (1270.19G) (Tab. 1).

In the second experiment, the progenies reduced the number of days until the BBCH-59, which was reflected in the accumulated thermal units. Temperature fluctuations could have influenced these variations at flowering reflecting in the following phases (Reguera et al., 2018). The mean ATU between BBCH-69 and BBCH-81 was 304.5 with the least values for AUR*, BRQ1*, and BRQ4*, accumulating 1,066.83 heat units (Tab. 1). Progenies BRQ3 and BLA accumulated 1,667.84 and 1,670.67 heat units. AUR had the least ATU, confirming results obtained in Colombia (Anchico et al., 2020; Montes-Rojas et al., 2018). ATU at BBCH-85 showed the same trend for AUR, BRQ1, and BRQ4 accumulating 1.346.81 thermal units, while BRQ3

(1.983.83) and BLA (1.924.92) were the latest. At BBCH-89, there were statistical differences for progenies and sowing dates. The phenological plant cycle, in days, for late maturity progenies extended to 145 days, while early maturity AUR*, BRQ1* and BRQ4* with respective ATU of 2,096.65, 2,099.23, and 2,381.00. The mean ATU difference was 223.11, indicating a reduction in phenological phases (Fig. 2).

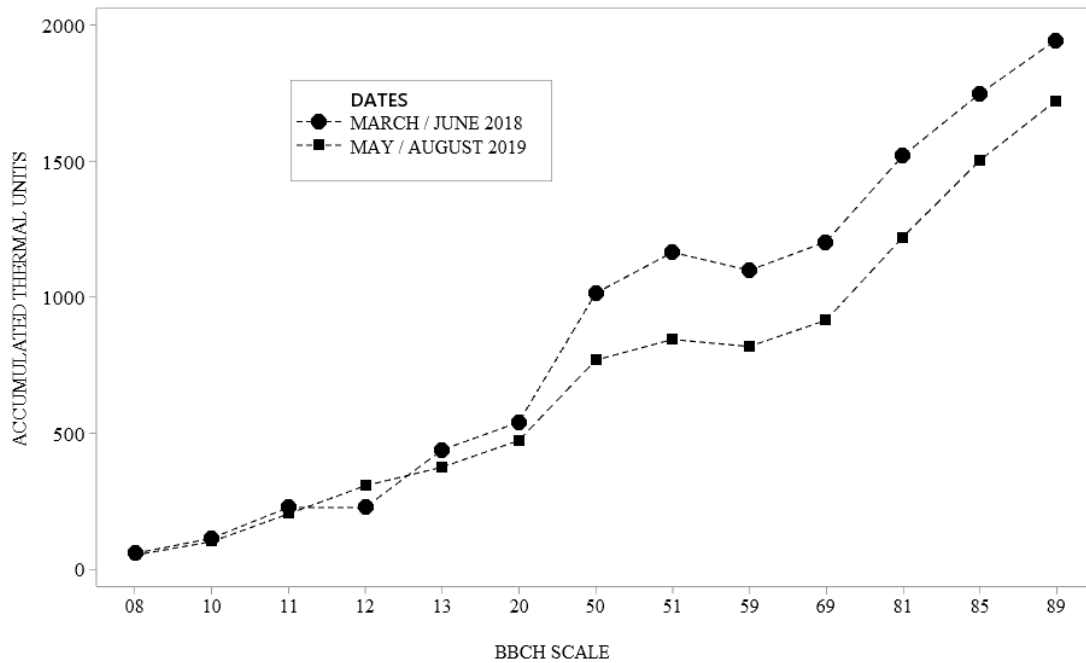


Figure 2. Accumulated thermal units (ATU) for the two planting dates at BBCH-08 (hypocotyl with cotyledons growing towards soil surface), BBCH-10 (cotyledons fully emerged), BBCH-11 (first pair of leaves visible), BBCH-12 (second pair of leaves visible), BBCH-13 (third pair of leaves visible), BBCH-20 (visible lateral buds), BBCH-50 (inflorescence present but still enclosed by leaves), BBCH-51 (leaves surrounding inflorescence separated), BBCH-59 (inflorescence visible), BBCH-69 (complete anthesis), BBCH-81 (milky grain), BBCH-85 (thick grain), and BBCH-89 (ripe grain).

Progenies selected from BRS Syetetuba had statistical differences for BBCH-89, demonstrating ample variability, attained by possible segregation for the lateness in the cultivar originated from natural crosses (Spehar et al., 2015b). The spread of progenies into early, mid-cycle and late maturity has kept the relationship among them when tested in Colombia at different altitudes and temperatures, althoughs kept the relationship when tested in Colombia at different altitudes and temperatures. However, the ATU at BBCH-89 were not statistically different (Anchico et al., 2020).

In this experiment, progenies were classified up to BBCH-89, expressing potential adaptability relating to the environment they were selected (Bois et al., 2006). Progeny BLA of cultivar Blanca Dulce de Jerico had the highest ATU (2.239) (Tab. 2), extending the plant maturity cycle to 180-214 d at environments above 2,000m and low temperature (Montes-Rojas et al., 2018). This would be predicted by the use of accumulated heat units in quinoa cultivation instead of the number of days to maturity.

The use of ATU helped to describe the duration of phenological phases of quinoa, which can be useful to manage the crop in all phases best, guiding the time for fertilization, plant protection, irrigation and in genotype selection to originate different maturity groupings (Anandhi, 2016). Moreover, predictability ATU of phenological phases can direct selection in quinoa to face climate changes (Sharma et al., 2021).

When the two sowing dates are considered, progenies accumulated less heat units in May/August 2019, although the number of days was higher. This could be explained by uncontrolled factors, as moisture availability. The experiment conducted in March/June 2018 received more water because, in addition to irrigation, there was considerable rainfall in the period, whereas in May/August experiment relied almost entirely on irrigation. Excess water in the first experiment and lower temperatures in the second could help explaining differences in ATU and in days to each phase (Tab. 1). Differences for ATU among the phases, although were statistically different, showed a similar pattern in the groupings (Tab.2). Higher temperatures in the second experiment could explain the anticipation of growth and development phases in quinoa (Asseng et al., 2011; Parra-Coronado et al., 2015).

In general, progenies accumulating lower thermal units were BRQ4 (1.676,8), BRQ1 (1,685), and AUR (1,691). The ones with higher ATU were BLA (2.239), BRQ3 (1,929.1 GDD), and BRQ8 (1,895) (Tab. 2). Late progenies were identified from BBCH-13 onwards, presenting higher ATU values, a characteristic that was maintained until BBCH-89 (Tab. 2).

Between the beginning of the reproductive phase BBCH-50 and the mature grain phase BBCH-89, an ATU of 944.66 (Tab.2) was presented, representing 51% of the total of the studied cycle.

Table 2. Accumulated thermal units (ATU) of 12 quinoa progenies in BBCH-08 (hypocotyl with cotyledons growing towards soil surface), BBCH-10 (cotyledons fully emerged), BBCH-11 (first pair of leaves visible), BBCH-12 (second pair of leaves visible), BBCH-13 (third pair of leaves visible), BBCH-20 (visible lateral buds), BBCH-50 (inflorescence present but still enclosed by leaves), BBCH-51 (leaves surrounding inflorescence separated,), BBCH-59 (inflorescence visible), BBCH-69 (complete anthesis), BBCH-81 (milky grain), BBCH-85 (thick grain), and BBCH-89 (ripe grain).

Progenies	BBCH-08	BBCH-10	BBCH-11	BBCH-12	BBCH-13	BBCH-20	BBCH-50	BBCH-51	BBCH-59	BBCH-69	BBCH-81	BBCH-85	BBCH-89
BRQ1	53.822a	106.33a	217.35a	329.91a	399.2b	493.8b	762.1b	868.3b	831.9b	914.2b	1187.2d	1476.3e	1685d
BRQ2	53.822a	106.33a	217.35a	329.91a	399.2b	495.4b	912.6ab	1032.8ab	995.1ab	1083.9ab	1425.9ab	1598.2bcde	1819.1bcd
BRQ3	53.822a	106.33a	217.35a	350.3a	409.3ab	501.9b	920.4ab	1032.8ab	988.8ab	1091.2ab	1451ab	1774.5ab	1929.1b
BRQ4	53.822a	106.33a	217.35a	329.91a	399.2b	495.4b	836.1b	926.6b	881.8b	976.1b	1221.5cd	1473.4e	1676.8d
BRQ5	53.822a	106.33a	217.35a	329.91a	399.2b	492.1b	890.6ab	1022.7ab	971.2ab	1074.8ab	1334.9bc	1515.1de	1749bcd
BRQ6	53.822a	106.33a	217.35a	329.91a	399.2b	492.1b	904.8ab	1042.8ab	988.5ab	1102.1ab	1417.1ab	1573.9cde	1741.8bcd
BRQ8	53.822a	106.33a	217.35a	329.91a	399.2b	492.1b	900.1ab	985.2ab	952ab	1045.8ab	1439.3ab	1736.8abc	1895.2b
BRQ10	53.822a	106.33a	217.35a	329.91a	399.2b	492.1b	904.7ab	1022.7ab	979ab	1081.4ab	1350.1bc	1640bcde	1883.6bc
AUR	53.822a	106.33a	197.06b	329.91a	399.2b	492.1b	773.7b	873.4b	814.7b	927.5b	1224.6cd	1477.8e	1691.3cd
PRI	53.822a	106.33a	197.06b	350.3a	409.3ab	511.7b	913.9ab	1026.9ab	976.1ab	1082ab	1417.1ab	1692.5bcd	1870.3bcd
TUN	53.822a	106.33a	214.82ab	342.9a	393.4b	485.3b	901.7ab	1000.5ab	964.4ab	1069.1ab	1332.2bc	1615.1bcde	1825.4bcd
BLA	53.296a	106.33a	217.35a	339.6a	458.09a	618.7a	1048.95a	1186.68a	1126.66a	1234.2a	1618a	1911.94a	2239a
CV (%)	0.28	0.28	3.66	2.48	4.25	7.19	8.36	8.49	8.63	8.11	8.82	8.39	8.45
MEDIA	53.78	106.24	213.76	335.20	405.31	505.23	889.14	1001.78	955.85	1056.86	1368.24	1623.795	1833.8

In each column means followed by same letters in column do not differ significantly based on the Tukey test ($P \leq 0.05$).

Temperatures, higher than in Andean Valleys and in Colombia, conditioned reduction in days to plant cycle, accelerating enzymatic activities in the plant and the phenological phases (Asseng et al., 2011; Souza et al., 2017).

Euclidean distance of 5 was used for the 12 progenies based on accumulated thermal units in the 13 codes of the BBCH scale, according to (Hair et al., 2005). Five hierarchical groups of similarity were defined (Fig. 3).

Group I was formed by three progenies, two selected from BRS Syetetuba (BRQ 1 and BRQ 4) and one Aurora (AUR). These progenies presented lower thermal units, therefore they were the most precocious.

Grupo II contained five progenies, all selected from BRS Syetetuba (BRQ2, BRQ6, BRQ5, BRQ8, BRQ10). These differed from the preceding groups, with higher ATU.

Group III had two progenies, one from BRS Syetetuba (BRQ3) one from Piartal (PRI), dissimilar to the group I.

Group IV is made up of one progeny of Tunkahuan (TUN), dissimilar to preceding groups I, with higher ATU.

Group V had one progeny of Blanca Dulce de Jerico (BLA), being the highest thermal unit accumulator and dissimilar to other groups.

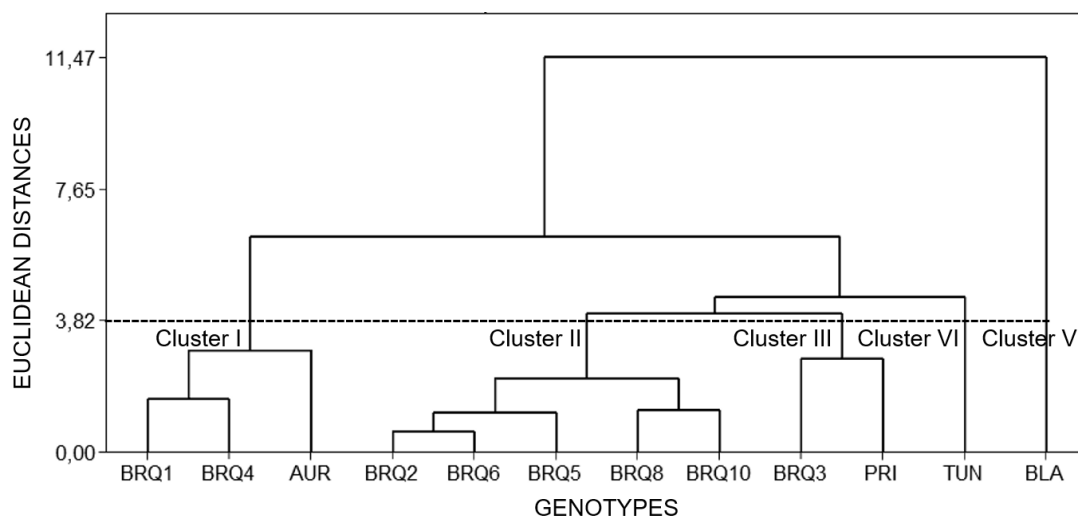


Figure 3. Dendrogram for hierarchical grouping of 12 quinoa progenies by using accumulated thermal units (ATU).

Hierarchical clustering allowed determining the similarity of genotypes in the accumulation of thermal units, showing a significant difference between genotypes in the first and fourth groups. This helped to identify early, medium and late genotypes. The grouping helped to visualize the relationship among progenies and relate the plant maturity cycle to the ATU. There were other factors differentiating the experiments as excess water in the first sowing date that could have caused a departure from expected results. Even though they were statistically different, there was a similar trend, turning the predictable definition of maturity groups based on ATU.

4. CONCLUSION

The use of accumulated thermal units allows the prediction of phenological events in quinoa of different maturity groups. The BRQ4, BRQ1 and AUR progenies were the earliest with the lowest Accumulated Thermal Units (ATU) values, averaging 1676, 1685 and 1691, respectively. However, the progenies BLA and BRQ 3 were the later with ATU values of 2239 and 1929, respectively. The accumulated thermal units for BBCH-89 ranged from 1565.25 to 2381, with a difference between the earliest and latest genotypes of 815.75.

Progenies selected from existing cultivars are different in thermal unit accumulation, ensuing efficiency in cultivar acquisition to stagger quinoa cultivation. Accumulated thermal units explain the range of plant maturity cycles in selection. The calculation of ATU for the BBCH scale codes is an efficient tool to predict the phenological cycle of quinoa.

5. BIBLIOGRAPHIC REFERENCES

- Anandhi, A. 2016. Growing degree days - Ecosystem indicator for changing diurnal temperatures and their impact on corn growth stages in Kansas. *Ecol. Indic.* 61, 149-158. Doi: 10.1016/j.ecolind.2015.08.023
- Anchico, W., C.R. Spehar, and M.S. Vilela. 2020. Adaptability of quinoa genotypes to altitudes and population densities in Colombia. *Bioscience Journal.* 36, 14-21. Doi: 10.14393/BJ-v36n0a2020-48243
- Arnold, C.Y. 1959. The determination and significance of the base temperature in a linear heat unit system. *Proc. Amer. Soc. Hort. Sci.* 74(1), 430-445.
- Asseng, S., I. Foster, and N.C. Turner. 2011. The impact of temperature variability on wheat yields. *Global Change Biol.* 17(2), 997-1012. Doi: 10.1111/j.1365-2486.2010.02262.x
- Bertero, H.D., R.W. King, and A.J. Hall. 1999. Modelling photoperiod and temperature responses of flowering in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Field Crops Res.* 63(1), 19-34. Doi: 10.1016/S0378-4290(99)00024-6
- Bertero, H.D., A.J. De la Vega, G. Correa, S.E. Jacobsen, and A. Mujica. 2004. Genotype and genotype-by-environment interaction effects for grain yield and grain size of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) as revealed by pattern analysis of international multi-environment trials. *Field Crops Res.* 89(2-3), 299-318. Doi: 10.1016/j.fcr.2004.02.006
- Bois, J.F., T. Winkel, J.P. Lhomme, J.P. Raffailac, and A. Rocheteau. 2006. Response of some Andean cultivars of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) to temperature: Effects on germination, phenology, growth and freezing. *Eur. J. Agron.* 25(4), 299-308. Doi: 10.1016/j.eja.2006.06.007
- Garcia-Parra, M., D.F. Roa, R. Stechauner, F. García-Molano, D. Bazile, and N.Z. Leguizamon Plazas. 2020b. Effect of temperature on the growth and development of quinoa plants (*Chenopodium quinoa* Willd.): A review on a global scale. *Sylwan* 164, 411-433.
- Garcia-Parra, M., A. Zurita-Silva, R. Stechauner-Rohringer, D. Roa-Acosta, and S. Jacobsen. 2020a. Quinoa (*Chenopodium quinoa* willd.) and its relationship with agroclimatic characteristics: A Colombian perspective. *Chil. J. Agric. Res.* 80(2), 290-302. Doi: 10.4067/S0718-58392020000200290

- González, J.A., S.E. Buedo, M. Bruno, and F.E. Prado. 2017. Quantifying cardinal temperatures in quinoa (*Chenopodium quinoa*) cultivars. *Lilloa* 54(2), 179-194. Doi: 10.30550/j.lil/2017.54.2/8
- Hair, J.F., R.E. Anderson, R.L. Tatham, and W. Black. 2005. *Análise multivariada de dados*. Bookman Editora, Porto Alegre, Brazil.
- Jojoa, W.A., J.R. Peixoto, C.R. Spehar, M.S. Vilela, M. Fagioli, D. Nobrega, J. Cruz, and A. Oliveira. 2021. Evaluation of the physiological quality of quinoa seeds. *Afr. J. Agric. Res.* 17(5), 802-808. Doi: 10.5897/AJAR2020.15099
- Kottek, M., J. Grieser, C. Beck, B. Rudolf, and F. Rubel. 2006. World map of the Köppen-Geiger climate classification updated. *Meteorol. Z.* 15, 259-263.
- Maughan, P.J., A. Bonifacio, E.N. Jellen, M.R. Stevens, C.E. Coleman, M. Ricks, S.L. Mason, D.E. Jarvis, B.W. Gardunia, and D.J. Fairbanks. 2004. A genetic linkage map of quinoa (*Chenopodium quinoa*) based on AFLP, RAPD, and SSR markers. *Theor. Appl. Genet.* 109(6), 1188-1195. Doi: 10.1007/s00122-004-1730-9
- McMaster, G.S. and W.W. Wilhelm. 1997. Growing degree-days: One equation, two interpretations. *Agric. For. Meteorol.* 87(4), 291-300. Doi: 10.1016/S0168-1923(97)00027-0
- Montes-Rojas, C., G.A. Burbano-Catuche, E.F. Muñoz-Certuche, and Y. Calderón-Yonda. 2018. Descripción del ciclo fenológico de cuatro ecotipos de (*Chenopodium quinoa* Willd.), en Purace - Cauca, Colombia. *Rev. Bio. Agro.* 16(2), 26-37. Doi: 10.18684/bsaa.v16n2.1163
- Parra-Coronado, A., G. Fischer, and B. Chaves-Cordoba. 2015. Tiempo térmico para estados fenológicos reproductivos de la feijoa (*Acca sellowiana* (O. Berg) Burret). *Acta Biol. Colomb.* 20(1), 163-173. Doi: 10.15446/abc.v20n1.43390
- Perez-Rea, D. and R. Antezana-Gomez. 2018. The functionality of pseudocereal starches. pp. 509-542. In: *Starch in food: Structure, function and applications*. 2nd ed. Woodhead Publishing. Doi: 10.1016/B978-0-08-100868-3.00012-3
- Reguera, M., C.M. Conesa, A. Gil-Gómez, C.M. Haros, M.Á. Pérez-Casas, V. Briones-Labarca, L. Bolaños, I. Bonilla, R. Álvarez, K. Pinto, Á. Mujica, and L. Bascuñán-Godoy. 2018. The impact of different agroecological conditions on the nutritional composition of quinoa seeds. *PeerJ*, 6, e4442. Doi: <https://doi.org/10.7717/peerj.4442>

- Renato, N.S., J.B.L. Silva, G.C. Sedyama, and E.G. Pereira. 2013. Influência dos métodos para cálculo de graus-dia em condições de aumento de temperatura para as culturas de milho e feijão. *Rev. Bras. Meteorol.* 28(4), 382-388. Doi: 10.1590/S0102-77862013000400004
- Salazar-Gutierrez, M.R., J. Johnson, B. Chaves-Cordoba, and G. Hoogenboom. 2013. Relationship of base temperature to development of winter wheat. *Int. J. Plant Prod.*, 7(4), 741-762.
- Sharma, A., R. Deepa, S. Sankar, M. Pryor, B. Stewart, E. Johnson, and A. Anandhi. 2021. Use of growing degree indicator for developing adaptive responses: A case study of cotton in Florida. *Ecol. Indic.* 124, 107383. Doi: 10.1016/j.ecolind.2021.107383
- Sosa-Zuniga, V., V. Brito, F. Fuentes, and U. Steinfort. 2017. Phenological growth stages of quinoa (*Chenopodium quinoa*) based on the BBCH scale. *Ann. Appl. Biol.* 171(1), 117-124. Doi: 10.1111/aab.12358
- Spehar, C.R., E.R. Francisco, and E.A. Pereira. 2015a. Yield stability of soybean cultivars in response to sowing date in the lower latitude Brazilian Savannah Highlands. *J. Agric. Sci.* 153(6), 1059-1068. Doi: 10.1017/S0021859614000781
- Spehar, C.R., J.E.D.S. Rocha, and R.L.D.B. Santos. 2011. Desempenho agrônômico e recomendaciones para cultivo de quinua (BRS Syetetuba) no cerrado. *Pesqui. Agropecu. Trop.* 41, 145-147. Doi: 10.5216/pat.v41i1.9395
- Spehar, C.R., J.E.S. Rocha, W.Q. Ribeiro, R.L.B. Santos, J.L.R. Ascheri, and F.F.J. Souza. 2015b. Advances and challenges for quinoa production and utilization in Brazil. pp. 562-582. In: *State of the art report on quinoa around the world in 2013*. FAO, Rome.
- Sosa-Zuniga, V., Brito, V., Fuentes, F., and Steinfort, U. (2017). Phenological growth stages of quinoa (*Chenopodium quinoa*) based on the BBCH scale. *An. Biol. Aple.* 171(1), 117-124. DOI: <https://doi.org/10.1111/aab.12358>
- Souza, A.P., A.C. Silva, M. Pizzatto, and M.E. Souza. 2017. Thermal requirements and productivity of squash (*Cucurbita moschata* Duch.) in the Cerrado-Amazon Transition. *Agrociencia* 21(2), 15-22.
- Stanschewski, C.S., F.G. Rey, G. Wellman, V.J. Melino, D.S.R. Patiranage, K.S.S.M. Johansen, D. Bertero, H. Oakey, C. Colque-Little, I. Afzal, S. Raubach, N. Miller, J. Streich, D. Amby, E. Buchvaldt, W. Nazgol, M. Mark, A.A. Magdi D. Wu, D. Jacobson, C. Andreasen,

C. Jung, K. Murphy, D. Bazile, and M. Tester. 2021. Quinoa phenotyping methodologies: An international consensus. *Plants* 10(09), 1759 Doi: 10.3390/plants10091759

Ward Jr., J.H. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *J. Am. Stat. Assoc.* 58, 236-244.

Zapata, D., M. Salazar, B. Chaves, M. Keller, and G. Hoogenboom. 2015. Estimation of the base temperature and growth phase duration in terms of thermal time for four grapevine cultivars. *I. J. Biometeorol.* 59(12), 1771-1781. Doi: 10.1007/s00484-015-0985-y

CAPÍTULO 3

CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA E CAPACIDADE ANTIOXIDANTE EM SEMENTES DE GENÓTIPOS DE QUINOA PRODUZIDOS NO CERRADO (SAVANA BRASILEIRA)

CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA E CAPACIDADE ANTIOXIDANTE DE GENÓTIPOS DE QUINOA PRODUZIDOS NO CERRADO (SAVANA BRASILEIRA)

RESUMO

Na agroindústria, a quinoa é considerada como um super grão e ingrediente funcional de alimentos por proporcionar benefícios tecnológicos e à saúde. Este grão possui carboidratos com baixo índice glicêmico, proteínas de alto valor biológico, vitaminas (tiaminas, riboflavina niacina e E) e compostos antioxidantes como saponinas e polifenóis. Entretanto, é necessário identificar genótipos que apresentem características físico-químicas e alta capacidade antioxidante para seleção em programas de melhoramento genético. Este trabalho teve como objetivo, avaliar a composição físico-química e capacidade antioxidante de genótipos de quinoa originários do Brasil, Colômbia e Equador semeados em ambiente de Cerrado (Savana Brasileira). A semeadura foi realizada na Fazenda Água Limpa, da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, UnB, localizada nas coordenadas 15°56' S e 47°55' W a uma altitude de 1.100m. A análise físico-química, foi em 2021 no Centro de Pesquisa em Alimentação da Universidade Passo Fundo, Rio Grande do Sul e a análise da capacidade antioxidante foi desenvolvida na Universidad de Santiago do Chile. Progênes, provenientes de BRS Syetetuba (Brasil, 8), Aurora (Colômbia, 1), Piartal e Tunkahuan (Equador, 2) foram avaliadas para características físico-química. Para a pesquisa foram determinados o teor de umidade, cinzas, proteínas, carboidratos (CHO), fibra bruta, lipídios e capacidade antioxidante. Os dados originais foram submetidos a análise de variância, pelo teste de F ($P \leq 0,05$), e as medias comparadas pelo teste de Tukey. Foram também realizadas análises de correlações lineares (Fischer) ($P \leq 0,01$) e ($P \leq 0,05$) e análise de agrupamento hierárquico pelo método de Ward. Verificou-se que os genótipos apresentaram variabilidade nas características físico-químicas e na atividade antioxidante. CHO foi o composto maioritário presente nas sementes, exibindo uma média de 50,16% , a meia da proteína foi de 15, 27% , com destaque do genótipo P88 com 16,28% . A média de lipídios, fibra e cinzas foi de (3,24%, 14,13%, 6,0%) respectivamente. O CHO, exibiu uma correlação positiva com o parâmetro de lipídios ($r = 0,858$) e uma correlação negativa significativa com a proteína ($r = -,785$). O genótipo Aurora expressou maior atividade antioxidante ($1,96 \pm 0,01$ mg Trolox/g mostra), seguido do genótipo BRS Syetetuba que mostrou atividade antioxidante de $1,93 \pm 0,01$ mg Trolox/g mostra. O genótipo P88, originário do Equador, exibiu maior percentual de proteína e fibra, sendo assim considerado um material com potencial para estabelecimento de programas de melhoramento genético. A progênie derivada da cultivar Aurora apresentou maior capacidade antioxidante pelo método ABTS.

Palavras chaves: Proteína, Carboidratos, Cinzas, Lipídios, *Chenopodium quinoa*.

PHYSICO-CHEMICAL CHARACTERIZATION AND ANTIOXIDANT CAPACITY OF QUINOA PROGENIES SOWED UNDER BRAZILIAN SAVANA CONDITIONS

ABSTRACT

In the agroindustry, quinoa is considered as a super grain and functional food ingredient of technological and health benefits. This grain has carbohydrates with a low glycemic index, proteins of high biological value, vitamins (thiamine, riboflavin, niacin and E), and the antioxidants saponins and polyphenols. Genotype selection is necessary to identify genotypes presenting desirable physicochemical characteristics and high antioxidant capacity. This study aimed to evaluate physicochemical composition and antioxidant capacity of quinoa progenies from Brazil, Colombia and Ecuador grown in the Brazilian Savanna. Sowing was carried out at Fazenda Água Limpa, Faculty of Agronomy and Veterinary Medicine, UnB, located at coordinates 15°56'S and 47°55'W at an altitude of 1,100m. The physical-chemical analysis was run in 2021 at the Food Research Center of the Passo Fundo University, Rio Grande do Sul and the analysis of the antioxidant capacity was carried out at the Universidad de Santiago de Chile. Eleven progenies were evaluated for the physicochemical characteristics: eight originating from the cultivar BRS Syetetuba (Brazil), from cultivar Aurora (Colombia), one from the Piartal variety (Ecuador) and one from the Tunkahuan variety (Ecuador). To evaluate the antioxidant capacity, progenies from cultivars Aurora, Piartal, BRS Syetetuba and Tunkahuan were used. Contents of moisture, ash, proteins, carbohydrates (CH), crude fiber, lipids and antioxidant were determined. The data were submitted to analysis of variance, using the F test, at the 5% probability, and the means compared by the Tukey test. Linear correlation analyzes (Fischer) ($P \leq 0.01$) e ($P \leq 0.05$) and hierarchical cluster analysis by Ward's method were performed. Genotypes showed variability in physicochemical characteristics and antioxidant activity. CH was the major compound present in the seeds, 50.16% , while protein was 14,13% , P88 genotype with 16,28% . Mean values of lipids, fiber and ash was 3.24, 14,13% and 6,0% respectively. CH showed positive correlation with the lipid ($r = 0.896$) and significant negative correlation with protein. Aurora progeny showed the highest antioxidant activity (1.96 ± 0.01 mg Trolox/g sample), followed by the BRS Syetetuba progeny with antioxidant activity of 1.93 ± 0.01 mg Trolox/g sample. The P88 progeny, of Piartal genotype (Ecuador), presented the highest percentage of protein and fiber, being considered a with potential for quinoa genetic improvement. Aurora progeny from Colombia showed higher antioxidant activity by the ABTS method.

Keywords: Protein, Carbohydrates, Ash, Lipids, *Chenopodium quinoa*.

1. INTRODUÇÃO

Nos últimos anos o interesse pelos pseudocereais tem aumentado para o desenvolvimento de produtos alimentícios funcionais e seu benefício com a saúde humana. Dentro destas plantas encontram-se o amaranto, trigo sarraceno e a quinoa (ROMANO ; FERRANTI, 2021). A quinoa (*Chenopodium quinoa*) pertence à família das *Amaranthaceae*, é considerada uma cultura originária da América do Sul que tem sido cultivada há aproximadamente 3000-4000 anos (AHMED et al., 2018).

Na agroindústria, a quinoa é considerada como um super grão e ingrediente funcional de alimentos por proporcionar benefícios tecnológicos e à saúde (SHARMA et al., 2022). Este grão possui carboidratos com baixo índice glicêmico, proteínas de alto valor biológico ao conter os 20 aminoácidos, incluindo os 10 essenciais. Compreende vitaminas como tiamina, riboflavina, niacina e vitamina E, e compostos antioxidantes como saponinas e polifenóis (LIU et al., 2022). A semente de quinoa madura apresenta um teor de proteína na faixa de 9 a 20% (STIKIC et al., 2012; FISCHER et al., 2017; NOWAK et al., 2016). Dentro das proteínas encontram-se as globulinas como a quenopodina e a albumina compreendendo valores próximos aos 37% e 35% da proteína total da semente, respectivamente. Além disso, a semente de quinoa contém baixa concentração de prolaminas (0,5-7% da proteína total), o que a torna um ingrediente adequado para pacientes com doença celíaca (DAKHILI et al., 2019). Adicionalmente, contém grandes quantidades de ácido glutâmico e ácido aspártico com níveis mais baixos de prolina e arginina do que outros cereais (BHARGAVA et al., 2006; ELSOHAIFY et al., 2015; DAKHILI et al., 2019). Essa espécie também pode exibir altas variações no teor dos demais componentes nutricionais como fibra e lipídios. Neste sentido, estudos tem demonstrado variações na faixa de 4 a 7,6% para lipídios e 8,8 a 14,1% para fibra. Por outra parte, minerais como cálcio, zinco, magnésio e potássio são encontrados na quinoa em formas biodisponíveis, considerando-se adequada para uma dieta equilibrada (VILCACUNDO ; HERNÁNDEZ-LEDESMA, 2017).

A utilidade e funcionalidade de qualquer grão como alimento humano depende da quantidade e qualidade desses constituintes químicos, os quais podem mudar sua quantidade segundo a variedade, irrigação e processamento. A quinoa possui diferentes formas de uso e aplicações. Devido aos altos conteúdos de proteína na palha (10,6% a 19,9%) é considerada uma espécie de duplo propósito para produção de grãos e alimentação animal, gerando diversos benefícios econômicos ao produtor (ASHER et al., 2020). Por outra parte, na dieta humana

existem estudos que demonstram que essa espécie pode ser usada como uma hortaliça, devido a que suas folhas podem ser consumidas durante os primeiros estádios de desenvolvimento, que segundo os genótipos pode apresentar variações no conteúdo de carboidratos, lipídios, proteínas, fibras alimentares, vitaminas e minerais (STOLERU et al., 2022). Sua composição nutricional tem gerado interesse, levando a sua propagação em diversas regiões do mundo, devido à capacidade da cultura de enfrentar muitas limitações como déficit hídrico, salinidade, geadas ou solos pobres (Bazile et al., 2022).

Dada a importância nutricional e funcional deste grão, esta pesquisa teve como objetivo, avaliar a composição físico-química e a capacidade antioxidante de 11 genótipos de quinoa originários do Brasil, Colômbia e Equador semeados em condições do cerrado do Brasil. A fim de determinar o efeito desses genótipos na composição físico-química dos grãos para estabelecer futuros programas de melhoramento genético.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local de semeadura.

A semeadura foi feita na Fazenda Água Limpa, da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, localizada nas coordenadas 15°56' S e 47°55' W a uma altitude de 1.100m. A região apresenta clima do tipo AW, segundo a classificação de Köppen, com um verão chuvoso, de outubro a abril, e inverno seco, de maio a setembro (KOTTEK et al., 2006).

2.2. Local das análises físico-químicas e capacidade antioxidante.

A análise físico-química, foi desenvolvida no Centro de Pesquisa em Alimentação da Universidade Passo Fundo (UPF) no Rio Grande do Sul (RS) e a análises da capacidade antioxidante no Laboratório de Envases, (LABÉN) da Faculdade Tecnológica da Universidad de Santiago de Chile.

2.3. Amostra.

A pesquisa foi desenvolvida com sementes obtidas da semeadura de 11 genótipos originários do Brasil, Colômbia e Equador. Para o preparo das sementes foi realizada uma debulha manual e limpeza das impurezas com ventilador. Posteriormente, as sementes foram armazenadas em câmara fria (-4 C) em sacolas de papel, com os seguintes genótipos avaliados.

2.3.1. BRS Syetetuba. Cultivar desenvolvida no Brasil. Apresenta ciclo entorno aos 120 dias, altura média de planta de 180 cm, grãos cilíndricos e achatados, com pericarpo branco envolvido pelo perigônio, que se abre durante a maturação. As sementes apresentam alta qualidade com tolerância a ambientes de alto estresse (ALENCAR et al., 2021), peso médio de 2,5 g e 3,3 g (peso de 1000 grãos) nos cultivos de verão e de inverno respectivamente, contendo até 18 g 100⁻¹ g de proteína, rendimento de grãos 2,3 t ha⁻¹ e massa seca 7,5 t ha⁻¹. Apresenta ausência de pigmentação (SPEHAR et al., 2011). Os genótipos usados a partir dessa cultivar foram: BX1, BX2, BX3, BX4, BX5, BX6, BX8, BX10.

2.3.2. Aurora. Variedade selecionada pela Faculdade de Ciências Agrícolas da Universidad de Nariño - Colômbia, com adaptação para altitudes entre 2300 e 3000 m. A variedade Aurora é classificada como precoce apresentando ciclo de aproximadamente 85 a 140 dias. Possui porte baixo com tamanho de 90 cm a 130 cm e produção de 1.8 a 2.4 t ha⁻¹. Os grãos ficam descobertos na maturação e tem menos tolerância ao desgrane. As sementes são brancas e pequenas, com diâmetro menor de 2 mm (SAÑUDO, 2005). A variedade Aurora

apresenta pigmentação. Os genótipos usados nesse experimento selecionados a partir dessa variedade foram: A88.

2.3.3. *Piartal*. Variedade originária da província do Carchi, norte de Equador. A planta possui cor púrpura, pode chegar até 240 cm de altura e apresenta susceptibilidade ao míldio. O grão é branco opaco, com aproximadamente 2 mm de diâmetro. Apresenta rendimento médio de 2.3 t ha⁻¹ (ALVAREZ et al., 1990). A variedade Piartal apresenta pigmentação. O genótipo usado nesse experimento selecionada a partir dessa variedade foi: P88.

2.3.4. *Tunkahuan*. Originaria do Equador. Apresenta alta adaptabilidade em locais situados entre 2400 e 3200 m de altitude. Nas condições andinas, apresenta 144 cm de altura de planta, com ciclo de 150 a 210 dias, planta púrpura e panícula amarela alaranjada, glomerulada, grão branco, tamanho de grão de 1,7 a 2,1 mm, baixo conteúdo de saponina 0,06% e 15,73% de proteína com rendimento médio de 2.200 kg ha⁻¹ (NIETO, 1992). O genótipo usado nesse experimento selecionado a partir dessa variedade foi: T88.

2.4. Avaliação físico-química

As amostras de grãos foram preparadas e analisadas de acordo com o seguinte procedimento por componente:

2.4.1. *Determinação do teor de umidade*. Foi determinado pelo método gravimétrico (AOAC 931.04). Primeiramente, em uma cápsula metálica vazia (m_0) previamente seca foram colocados 10 g da amostra que foi pesada em uma balança analítica de precisão, as cápsulas com as amostras foram pesadas novamente (m_1). Posteriormente, foram levados para estufa de secagem a temperatura controlada de 105±0,2°C por aproximadamente 24 horas até atingirem peso constante. Ao final desse período, a cápsula foi retirada e imediatamente coberta com a tampa para ser levada ao dessecador para resfriar a amostra. Finalmente, a cápsula com a tampa e a amostra seca (m_2) foram novamente pesadas. O teor de umidade (U) da amostra foi determinado de acordo com a seguinte fórmula e foi expresso em porcentagem de umidade:

$$\%U = \frac{(m_1 - m_2) \times 100}{m_1 - m_0}$$

2.4.2. *Determinação de cinzas*. O teor de cinza foi determinado de acordo com a AOAC 920 pelo método gravimétrico (920.153). Primeiramente, um cadinho previamente seco foi

pesado (PC). Em seguida, uma quantidade de 3 a 5 gramas de amostra bem homogeneizada (PO) foi pesada em uma balança de precisão. A amostra foi calcinada na mufla a aproximadamente 550°C até que as cinzas estiveram levemente cinzentas ou de peso constante. Continuamente, o cadinho foi resfriado em dessecador. Finalmente, a cápsula foi pesada (PF). O teor de cinzas (CN) da amostra foi determinado de acordo com a seguinte fórmula e foi expresso em porcentagem:

$$\%CN = \frac{PF - PC}{PO - PC} * 100$$

2.4.3. Determinação de Proteína: Foi realizado pelo método tradicional Kjeldahl, de acordo com o disposto na AOAC 981.10. Uma quantidade de aproximadamente 2 g da amostra homogeneizada foi pesada e quantitativamente transferida para o tubo de digestão. Em seguida, foi adicionado de ácido sulfúrico concentrado e peróxido de hidrogênio. Continuamente, o tubo de digestão foi colocado no bloco com rampa de temperatura até 420°C, até que a solução resultante fique límpida. O tubo de digestão foi resfriado a 50-60 °C e o processo de digestão e titulação foi realizado. O resultado foi expresso em % de proteína. A conversão para proteína bruta foi feita usando o fator 6, 25 (MUJICA-SANCHEZ et al., 2001)

2.4.4. Determinação de Fibra bruta: Foi feita pela digestão do material em solução de H₂SO₄ a 1,25% p/v por 30 minutos, seguida de NaOH 1,25% p/v por mais 30 minutos (AOAC, 1980). O resultado foi expresso em porcentagem.

2.4.5. Determinação de lipídios: Foi obtido pelo método de extração por solvente (n-hexano), a quente, em um extrator de Soxhlet. Primeiramente, um balão foi previamente seco a 103 °C, resfriado e pesado (PB). Em seguida, 5 g de amostra (PO) foram pesados e imediatamente submetidos à extração líquido-sólido. Para a extração, foi utilizado hexano como solvente em um extrator Soxhlet por 5 h a 60 °C. Concluída a extração do óleo, o solvente orgânico foi evaporado em rotaevaporador por 30 minutos a 100 °C. O frasco foi resfriado em dessecador e continuamente foi pesado (PF). O extrato etéreo foi determinado pela seguinte fórmula:

$$\%L = \frac{PF - PB}{PO} * 100$$

2.4.6. *Determinação de carboidratos (CHO)*: Os carboidratos foram calculados por diferença de acordo com a seguinte fórmula. O resultado foi expresso em porcentagem.

$$\%CHO = 100 - (\%umidade + \%cinzas + \%proteína + \%Fibra + \%lipídios)$$

2.5. Avaliação da atividade antioxidante

Inicialmente foi realizada a extração dos compostos bioativos nos grãos de quinoa realizando-se extração hidro alcóolica (etanol/água, 1:1) a 40 °C durante 3 horas. Em seguida, filtrou-se em papel. O extrato resultante foi utilizado para análises de atividade antioxidante pelo método de redução do radical ABTS [2,2'-azinobis (3-etilbenzotiazolina-6-ácido sulfônico)], preparado a partir da reação da solução aquosa de ABTS (7 mmol/L) com persulfato de potássio (140 mmol/L). A solução foi mantida ao abrigo da luz, em temperatura ambiente por 16 horas. Em seguida, foi diluída em etanol até obter absorvância de 0,70 nm, em comprimento de onda a 734 nm. As alíquotas dos extratos foram adicionadas da solução de ABTS⁺, e a absorvância medida a 734 nm após aproximadamente 6 min em espectrofotômetro. A capacidade antioxidante da amostra foi calculada em relação à atividade do antioxidante Trolox, nas mesmas condições, e os resultados expressos em equivalência (mg ET/g de amostra) (KUSKOSKI et al., 2004).

2.6. Análises Estatísticas

Todos os experimentos foram realizados em triplicata e os dados apresentados como média. Foi realizada análise de variância pelo teste de F e comparação de médias entre os genótipos pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de probabilidade. Adicionalmente foi realizada análise de correlação por meio do programa estatístico SPSS e dendrograma por análise de agrupamento hierárquico pelo método de Ward com a formação de grupos com base em umidade (%), carboidratos (%), proteína (%), lipídios (%), fibra (%) e cinzas (%) para as 11 progênes de quinoa.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância mostraram diferenças significativas segundo o teste F ($P \leq 0.01$) e ($P \leq 0.05$) em todas as variáveis analisadas (Tabela 1). Essas diferenças indicam variabilidade entre os genótipos em relação à os parâmetros físico-químicos avaliados. Os valores de $F > 2$, como os encontrados nessa pesquisa, indicam que houve uma precisão experimental alta e muito alta como descrito por Resende e Duarte (2007). Assim, os valores de F foram desde 8,49 para lipídios até 27,75 para umidade. Verificou-se diferenças significativas entre os genótipos pelo teste de Tukey. Nesse sentido, observou-se, de forma geral, que o teor de umidade apresentou uma média de 11,21% nos grãos. Essa porcentagem de umidade ajusta-se a valores inferiores de 12%, valor recomendado para processos de armazenamento de sementes que favorece o vigor e poder de germinação (FERNANDES et al., 2016). Ademais, o baixo nível de umidade presente nas sementes favorece a vida útil, reduzindo o desenvolvimento de microrganismos. Por outra parte, fatores como a umidade das sementes contribuem de forma significativa em todas as atividades biológicas e metabólicas, o que modula o comportamento das sementes em relação à longevidade ou deterioração durante o armazenamento (BAKHTAVAR ; AFZAL, 2020).

Tabela 1. Composição de grãos de quinoa de 11 genótipos, semeados em condições do Cerrado (Savana Brasileira).

Tratamento	Umidade%	CHO%	Proteína%	Lipídio%	Fibra%	Cinza%
P88	11,66 a	45,30 d	16,28 a	2,09 c	18,27 a	6,37 ab
T88	11,39 b	46,35 cd	15,59 ab	2,78 b	17,26 a	6,61 a
BX6	11,31 bc	51,68 ab	15,27 bc	3,45 ab	12,86 b	5,40 c
BX8	11,19 cd	50,65 ab	15,10 bcd	3,38 ab	13,74 b	5,92 bc
BX10	11,18 cd	51,13 ab	14,92 bcd	3,40 ab	13,51 b	5,84 bc
A88	11,17 cd	52,66 a	14,32 d	3,35 ab	13,11 b	5,37 c
BX1	11,16 cd	52,55 a	14,65 cd	3,45 ab	12,26 b	5,90 bc
BX2	11,12 d	51,09 ab	14,61 cd	3,30 ab	13,80 b	6,05 ab
BX4	11,07 de	51,06 ab	15,68 ab	3,53 a	12,76 b	5,87 bc
BX3	11,05 de	48,93 bc	15,80 ab	3,41 ab	14,38 b	6,41 ab
BX5	10,92 e	50,28 ab	15,67 ab	3,47 ab	13,45 b	6,19 ab
Média	11,21	50,16	15,27	3,24	14,13	6,0
F	27,75*	11,14*	9,88*	8,49*	13,63*	10,12*
CV%	1,76	4,75	3,93	13,24	13,45	6,5

¹Médias seguidas pelas mesmas letras, em cada coluna, não diferem entre si pelo Teste Tukey a 5% de probabilidade.

*significativo no teste F ($p \leq 0.01$) e ($p \leq 0.05$).

Os carboidratos (CHO) são os principais constituintes dos cereais e dos grãos, porém, vem sendo utilizados no desenvolvimento de novos produtos na indústria alimentícia e

farmacêutica como em revestimentos, cosméticos, usos sanitários, entre outros (ZHANG et al., 2021; CONTRERAS-JIMÉNEZ et al., 2019). Carboidratos (CHO) foram os compostos maioritários nas sementes, com média de 50,16% (Tabela 1). Estes resultados são inferiores aos teores de carboidratos (59,62-69,36%) encontrados por Velásquez-Barreto et al., (2021) em diferentes grãos de quinoa andina. Em função dos diferentes genótipos e tipos de grão, os teores de CHO podem evidenciar altas variações como demonstrado em pesquisas sobre caracterização físico-química de quinoa. Stikic et al., (2012), reportaram valores de 49,55% contrastando com Pereira et al., (2019) (75 e 77%) em diferentes variedades de quinoa procedentes da Espanha e Peru. Nesta pesquisa, os valores de CHO flutuaram na faixa de 45,30 e 52,66% (Tabela 1), valores inferiores do que outros grãos como trigo, arroz e milho (71,1, 81,7 e 74,3%, respectivamente). Os genótipos não diferem estatisticamente entre si, com relação ao conteúdo de CHO, com exceção do genótipo P88 originário do Equador, que teve menor conteúdo de carboidratos dentro de sua composição físico-química. Um menor teor de carboidratos nos grãos pode ser consequência do conteúdo de fibra presente, porém, um maior teor de fibra tende a diminuir o conteúdo de carboidratos e outros compostos, como o lipídio.

O teor de proteína dos genótipos avaliados mostrou diferenças significativas segundo o teste de Tukey ($p \leq 5\%$) com uma média de 15,27% (Tabela 1). Resultados inferiores foram encontrados por Velásquez-Barreto et al., (2021), que observaram valores de teor de proteína entre 9,66 e 12,19% nos grãos de quinoa de variedades branca, vermelha e preta. Entretanto, o teor de proteína pode variar na dependência de diversos fatores como o tipo de grão (branco, vermelho ou preto), variedade, origem, exposição a condições salinas entre outros (PEREIRA et al., 2019; STIKIC et al., 2012; MOHAMED et al., 2019). Fischer et al., (2017), reportaram que a disponibilidade de água e o processo de lavagem na semente pode afetar os conteúdos de proteína, sendo que as estruturas proteicas armazenam no endosperma e nos tecidos embrionários. Nessa perspectiva, todas as práticas mecânicas nos processos da adequação das sementes, devem ser feitas com muito cuidado, para evitar danos com a consequente perda de fenóis, proteínas e vitaminas (NINFALI et al., 2020). Além disto, a proteína pode diminuir pelo tempo e temperatura de armazenamento (KIBAR et al., 2021). As porcentagens de proteínas estiveram no intervalo de 14,32 – 16,28% (Tabela 1). Neste sentido, observou-se que o genótipo P88 apresentou o maior conteúdo de proteína. Enquanto, no genótipo A88 apresentou o menor conteúdo de proteína (14,32%) em comparação com os demais. Dados superiores do teor de proteína para as mesmas condições do presente estudo foram reportados por Spehar (2007) e Rocha (2011).

Com relação ao teor de lipídios foram encontrados valores médios de 3,24% nos grãos de quinoa. Resultados semelhantes foram observados por Rodrigues et al., (2021) que encontraram valores de aproximadamente 3,9% na variedade europeia (Pot_4). Entretanto, outras pesquisas reportaram teores superiores atingindo até 6,8%, dependendo do genótipo e tipo de grão (VELÁSQUEZ-BARRETO et al., 2021; PEREIRA et al., 2019; STIKIC et al., 2012). Nos resultados obtidos neste estudo, se observou que o genótipo P88 deferiu estatisticamente dos demais resultados exibindo o menor conteúdo de lipídio (2,09%). Os demais genótipos não difeririam estatisticamente entre si, mas apresentaram maior conteúdo de lipídio do que P88.

Quanto ao teor de fibra, observou-se variação entre 12,86 a 18,27% , com valor médio de 14,13%. Diversas pesquisas com quinoa, têm mostrado resultados inferiores aos encontrados neste trabalho (VELÁSQUEZ-BARRETO et al., 2021; STIKIC et al., 2012). Rodríguez et al., (2021), reportaram teores de fibra semelhantes, no intervalo de 12,55 a 22,71%. Foi observado, que os genótipos originários do Equador apresentaram os valores mais altos com relação ao conteúdo de fibra, com valores de 18,27 e 17,26% nos genótipos P88 e T88, respectivamente. Os demais genótipos expressaram menores valores, sem diferença estatística significativa entre eles. Evidenciou-se diferenças significativas para o teor de cinzas com valor médio de 6,0%. Resultados semelhantes foram encontrados em outras pesquisas relacionadas com o conteúdo de cinzas em quinoa (RODRÍGUEZ GÓMEZ et al., 2021; VELÁSQUEZ-BARRETO et al., 2021; PEREIRA et al., 2019). As porcentagens de cinzas da quinoa encontradas neste estudo supera os teores reportados em trabalhos de pesquisa com as culturas do trigo, milho e arroz (1,1, 0,7, 0, 2%, respectivamente) (USDA, 2015). Entretanto, o teor de cinzas pode variar segundo o genótipo, adubação, armazenamento, minerais e tipo de solos (NASIR ; NAWAZ, 2015). Com este estudo observou-se que a quinoa oferece características nutricionais desejáveis para a alimentação, apresentando maiores conteúdos de proteína, gordura total, fibra e cinzas do que cereais convencionais como trigo, milho e arroz (NISAR et al., 2017). Por sua composição físico-química o grão de quinoa mostra diversas aplicações tecnológicas como desenvolvimento de produtos alimentícios.

Para estabelecer e observar as relações entre as variáveis estudadas, foram efetuadas análises de correlações lineares ($p \leq 0.01$) e ($p \leq 0.05$) entre os seguintes parâmetros: umidade (%), proteína (%), carboidratos (CHO%), lipídios (%), fibra (%) e cinzas (%) (tabela 2). Observou-se que o parâmetro de umidade teve uma correlação negativa com o CHO ($r = -$

0,643) e lipídios ($r = -0,873$). Assim valores altos de umidade foram associados a valores baixos de carboidratos e lipídios. Enquanto, este parâmetro apresentou uma correlação positiva decrescente com fibra ($r = 0,756$), proteína ($r = 0,334$) e cinza ($r = 0,189$). Neste sentido, a porcentagem de umidade pode influenciar os conteúdos nutricionais da quinoa, exibindo correlação significativa com fibra e proteína (KIBAR et al., 2021).

O teor de carboidratos (CHO), expressou uma correlação positiva com lipídios ($r = 0,858$) e uma correlação negativa significativa com teor de proteína ($r = -0,785$), cinza ($r = -0,814$) e fibra ($r = -0,965$). Estes resultados confirmam a relação entre os carboidratos e os lipídios. Existe uma relação inversa entre conteúdo de carboidratos e a proteína, fibra e cinza (BONIFACIO et al., 2013). Dados semelhantes foram encontrados por Rocha (2011). De certa forma, a seleção pode ser feita por baixos conteúdos de CHO o que deve correlacionar com os teores mais elevados de proteína.

Tabela 2. Coeficientes de correlação de Pearson entre umidade, carboidratos (CHO), proteína, lipídios, fibra e cinzas de genótipos de quinoa.

Caractere	Umidade	CHO	Proteína	Lipídios	Fibra	Cinza
Umidade	1	-,643*	,334	-,873**	,756**	,189
CHO		1	-,785**	,858**	-,965**	-,814**
Proteína			1	-,525	,621*	,638*
Lipídios				1	-,937**	-,521
Fibra					1	,712*
Cinza						1

*Significativo a 0,05 (5% probabilidade)

** Significativo a 0,01 (1% probabilidade)

Com relação a proteína, evidenciou-se correlação positiva com o teor de fibra ($r = 0,756$) e negativa com o lipídio ($r = -0,873$). Enquanto, lipídio apresentou uma forte correlação negativa com teor de cinza ($r = -0,521$) e a fibra ($r = -0,937$). Esses resultados permitem selecionar genótipos com menor conteúdo de lipídios. Por conseguinte, teremos maior conteúdo de fibra, característica desejada na indústria alimentícia no desenvolvimento de produtos com processos de extrusão. (REPO-CARRASCO et al., 2011).

A análise hierárquica permitiu agrupar os genótipos por semelhanças, considerando as características medidas nos testes (Figura 1). A divisão do grupo foi relacionada à distância euclidiana entre as diferenças detectadas (FREDDI et al., 2008). Os genótipos foram agrupados em quatro grupos, seguindo a distância euclidiana de 5 (HAIR et al., 2005). O grupo I foi formado por um genótipo, selecionado a partir da variedade Tunkahuan (T88) e o grupo II foi composto por genótipo selecionado da variedade Piartal (P88) (figura 1), ambas originárias do Equador. Esses genótipos além de evidenciar similaridade para as características físico-

químicas, apresentam ainda características similares para outras variáveis agrônômicas como altura de plantas, rendimento de grão, tamanho de panículas, cor da inflorescência e acumulação térmica dos ciclos fenológicos (ANCHICO et al., 2020; ANCHICO-JOJOA et al., 2021). No grupo III, encontram-se 7 genótipos, sendo 6 selecionadas da cultivar BRS Syetetuba (BX2, BX3, BX4, BX5, BX8, BX10) e um genótipo selecionado a partir da cultivar colombiana Aurora (A88). Genótipos do Brasil estiveram associados em sua maioria no grupo 3. Nesse grupo, foi detectada associação entre a procedência e sua composição, uma vez que mostraram composição físico-química semelhante que pode ser atribuído a origem, por serem da mesma região e semeados nas condições ideais dada sua procedência. Observou-se, que o genótipo A88 originário da Colômbia esteve associado ao grupo III junto com os genótipos da região brasileira. Nesse sentido, o genótipo A88 pode ser considerado um genótipo com tolerância a ambientes de alto estresse característico do cerrado brasileira por ter apresentado uma composição físico-química semelhante à maioria dos genótipos BRS Syetetuba. Os genótipos do grupo III, exibiram diferenças com o grupo II e I (Figura 1), em características como umidade, CHO, lipídios, fibra (tabela 1). O grupo IV teve dois genótipos selecionados a partir de BRS Syetetuba (BX1 e BX6), apresentando coincidências para características como CHO, fibra e lipídios (Figura 1).

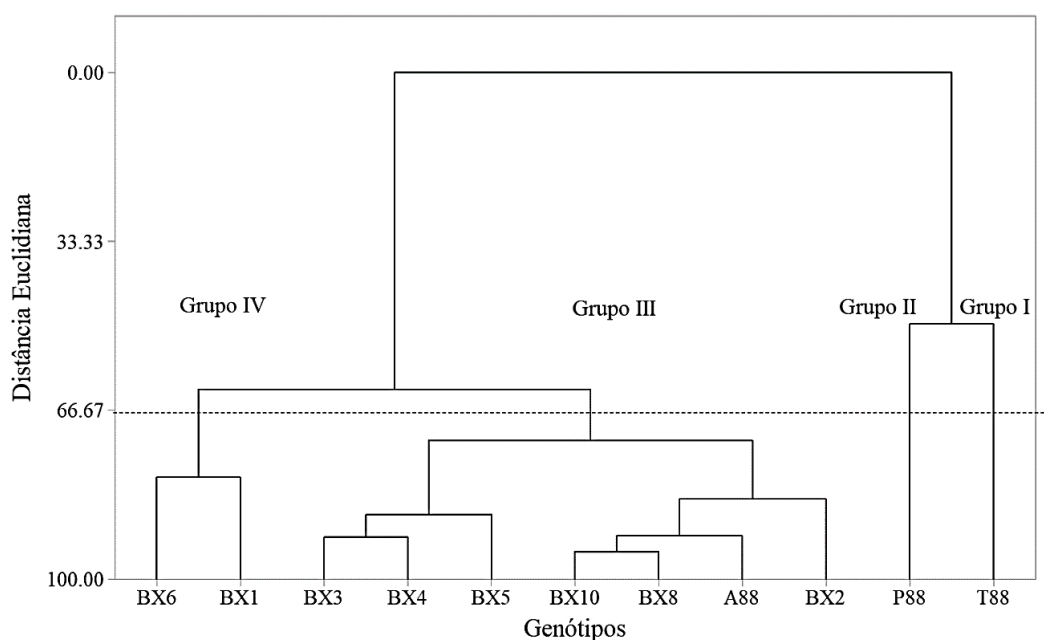


Figura 1. Dendrograma resultante da análise de agrupamento hierárquico pelo método de Ward com a formação de grupos com base nos dados de umidade (%), carboidratos (%), proteína (%), lipídios (%), fibra (%) e cinzas (%) para 11 genótipos de quinoa.

Substâncias antioxidantes são consideradas aquelas que, quando em baixas concentrações, conseguem atrasar, ou inibir a oxidação de substrato de maneira eficaz. Quando adicionados a alimentos, antioxidantes minimizam o ranço, atrasam a formação de produtos de oxidação tóxicos, mantêm a qualidade nutricional e aumentam o tempo de conservação (SIES; STAHL, 1995; MIRANDA et al., 2010). A atividade antioxidante está relacionada com a presença de compostos bioativos presentes nas diferentes matrizes alimentícias como fenóis, saponinas, antocianinas e vitaminas (SONG et al., 2016).

Com base nos resultados observados (Tabela 3), pode-se inferir que a amostra da cultivar Aurora, correspondente ao genótipo originário da Colômbia apresentou maior atividade antioxidante (1.96 ± 0.01 mg Trolox/g amostra) comparada com os demais. Seguido por BRS Syetetuba, com atividade antioxidante de 1.93 ± 0.01 mg Trolox/g amostra. Tunkahuan, originário do Equador, como o genótipo com menor atividade antioxidante. (1.30 ± 0.02 mg Trolox/g amostra). No desenvolvimento de alimentos funcionais a cultivar Aurora pode ser indicada, adicionando maior atividade antioxidante ao alimento, que pode ser gerada pela presença de pigmentação, com maior contribuição de antocianinas que podem atribuir à atividade antioxidante.

A quinoa apresenta atividade antioxidante, com variações dependendo cultivar e sua origem. Escribano et al., (2017) encontraram concentrações de atividade antioxidante pelo método ABTS de $0,3$ a 18 mmol Trolox/kg de extrato em 29 genótipos de quinoa, originários do Peru. Por outra parte, estudos realizados em diferentes variedades de quinoa procedentes de Brasil e da Bolívia, encontraram variação na atividade antioxidante pelo método ABTS ($69,47$ - $131,84$ e $56,88$ - $171,11$ μ mol Trolox/g, respectivamente), o qual pode ser atribuído a sua origem e ao genótipo (DE LIMA, 2017).

Tabela 3. Atividade antioxidante das sementes de Aurora, BRS Syetetuba, Piartal e Tunkahuan.

Genótipo	ABTS (mg. Trolox/ g amostra)
Aurora	1.96 ± 0.01 a
BRS Syetetuba	1.93 ± 0.01 b
Piartal	1.42 ± 0.01 c
Tunkahuan	1.30 ± 0.02 d
Media	1.65
C.V.%	0.5
F	6997.50*

¹Médias seguidas pelas mesmas letras, em cada coluna, não diferem entre si pelo Teste Tukey a 5% de probabilidade.

± Desvio Padrão.

*significativo.

4. CONCLUSÕES

O grão de quinoa pode ser considerado como fonte de proteína, pois apresentou aproximadamente 15% deste componente, elevando o valor nutricional de produtos alimentícios.

O genótipo P88, originário do Equador, apresentou elevado teor de proteína e fibra, podendo ser indicado para incorporação aos programas de melhoramento genético de quinoa.

As progênies de Aurora e BRS Syetetuba, demonstraram maior capacidade antioxidante.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AHMED, J.; THOMAS, L.; ARFAT, Y. A.; JOSEPH, A. Rheological, structural and functional properties of high-pressure treated quinoa starch in dispersions. *Carbohydrate Polymers*, 197, 649–657, 2018. doi: 10.1016/j.carbpol.2018.05.081
- ALENCAR, E. R.; ANCHICO W. J.; SILVA, N.; SOUZA, N. O. “Ozonation of Quinoa Seeds (*Chenopodium Quinoa* Willd.): Saturation and Decomposition Kinetics of Ozone and Physiological Quality of Seeds.” *Semina: Ciências Agrárias* 42 (3): 1019–32, 2021. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2021v42n3p1019>.
- ALVAREZ, M.; PAVÓN, J.; VON RÜTTE, S. Caracterización. In: WAHLI, C. Quinoa: Hacia su cultivo comercial. 5-30p. Quito: S.A, Latinreco. 206 p. 1990.
- ANCHICO - JOJOA, A.; PEIXOTO, J. R.; SPEHAR, C. R.; VILELA, M. S. Calculation of the thermal units for 13 codes of the BBCH scale of 12 progenies of quinoa in the growing conditions of the Brazilian savanna. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 15(3), e13109–e13109, 2021. <https://doi.org/10.17584/RCCH.2021V15I3.13109>
- ANCHICO, W.; SPEHAR, C. R.; VILELA, M. S. Adaptability of quinoa genotypes to altitudes and population densities in Colombia. *Bioscience Journal*, 36, 14–21, 2020. <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n0a2020-48243>
- ASHER, A.; GALILI, S.; WHITNEY, T.; RUBINOVICH, L. “The Potential of Quinoa (*Chenopodium Quinoa*) Cultivation in Israel as a Dual-Purpose Crop for Grain Production and Livestock Feed.” *Scientia Horticulturae* 272 (October): 109534, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2020.109534>.
- ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURAL CHEMISTS. Official methods of analysis. Estados Unidos: AOAC International, 1995.
- BAKHTAVAR, AMIR, M.; AFZAL, I. “Climate Smart Dry Chain Technology for Safe Storage of Quinoa Seeds.” *Scientific Reports* 2020 10:1 10 (1): 1–12, 2020. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69190-w>.
- BAZILE, D.; HAFEEZ, H. M.; IQBAL, S.; LI, Y.; SADDIQ, M. S.; BASRA, S.; ZHANG, et al., “Assessment of Phenotypic Diversity in the USDA Collection of Quinoa Links Genotypic Adaptation to Germplasm Origin.” *Plants* 2022, Vol. 11, Page 738 11 (6): 738, 2022. <https://doi.org/10.3390/PLANTS11060738>.

- BHARGAVA, A.; SHUKLA, S.; OHRI, D. “Chenopodium Quinoa—An Indian Perspective.” *Industrial Crops and Products* 23 (1): 73–87, 2006. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2005.04.002>.
- BONIFACIO, A.; GOMEZ-PANDO, L.; ROJAS, W. Quinoa breeding and modern variety development. In: Bazile, D., Bertero, H.D., Nieto, C. (Eds.), *State of the Art Report on Quinoa Around the World in 2013*. FAO ; CIRAD, Rome, pp. 172–191, 2013.
- CONTRERAS-JIMÉNEZ, B.; TORRES-VARGAS, O.; RODRÍGUEZ-GARCÍA, M. “Physicochemical Characterization of Quinoa (Chenopodium Quinoa) Flour and Isolated Starch.” *Food Chemistry* 298 (November), 2019. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2019.124982>.
- DAKHILI, S.; ABDOLALIZADEH, L.; HOSSEINI, S. M.; SHOJAEE-ALIABADI, S.; MIRMOGHHTADAIE, M. “Quinoa Protein: Composition, Structure and Functional Properties.” *Food Chemistry* 299 (November): 125161, 2019. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2019.125161>.
- DE LIMA, B.T. Avaliação do potencial nutricional e antioxidante de variedades de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). (Tesis de doctorado). Universidade Federal Da Paraíba. 2017.
- DEON, M.; RESENDE, V.; DUARTE, J. B. “PRECISÃO E CONTROLE DE QUALIDADE EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE CULTIVARES 1.” *Pesq Agropec Trop* 37 (3): 182–94, 2007. www.agro.ufg.br/pat.
- DONG, S.; YANG, X.; ZHAO, L.; ZHANG, F.; HOU, Z.; XUE, P. “Antibacterial Activity and Mechanism of Action Saponins from Chenopodium Quinoa Willd. Husks against Foodborne Pathogenic Bacteria.” *Industrial Crops and Products* 149 (July): 112350, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2020.112350>.
- ELSOHAIMY, S. A.; REFAAY, T. M.; ZAYTOUN, M. A. “Physicochemical and Functional Properties of Quinoa Protein Isolate.” *Annals of Agricultural Sciences* 60 (2): 297–305, 2015. <https://doi.org/10.1016/J.AOAS.2015.10.007>.
- ESCRIBANO, J.; CABANES, J.; JIMÉNEZ-ATIÉNZAR, M.; IBAÑEZ-TREMOLADA, M.; GÓMEZ-PANDO, L.R.; GARCÍA-CARMONA, F.; GANDÍA-HERRERO, F. Characterization of betalains, saponins and antioxidant power in differently colored quinoa (*Chenopodium quinoa*) varieties. *Food Chemistry*, 234(1),285-294, 2017

FERNANDES, F.; DEVILLA, A.; TADEU, R.; SOUZA, G.; TEIXEIRA, I. R.; SPEHAR, C. R. “Physiological Quality of Quinoa Seeds Submitted to Different Storage Conditions.” *African Journal of Agricultural Research* 11 (15): 1299–1308, 2016. <https://doi.org/10.5897/AJAR2016-10870>.

FISCHER, S.; WILCKENS, R.; JARA, J.; ARANDA, M.; VALDIVIA, W.; BUSTAMANTE, L.; GRAF, F.; OBAL, I. “Protein and Antioxidant Composition of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) Sprout from Seeds Submitted to Water Stress, Salinity and Light Conditions.” *Industrial Crops and Products* 107 (November): 558–64, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2017.04.035>.

FREDDI, O. S; FERRAUDO, A. S; CENTURION, J. F. Análise multivariada na comparação de um latossolo vermelho cultivado com milho. *Revista Brasileira de Ciência do Solo* 32:953-961, 2008.

HAIR JF, A.; TATHAM R. L.; BLACK, W. Análise Multivariada De Dados. Porto Alegre, Bookman editora, 2005.

KIBAR, H., SÖNMEZ, F.; TEMEL, F. “Effect of Storage Conditions on Nutritional Quality and Color Characteristics of Quinoa Varieties.” *Journal of Stored Products Research* 91 (March): 101761, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.JSPR.2020.101761>.

KOTTEK, M.; GRIESER, J.; BECK, C.; RUDOLF, B.; RUBEL, F. “World Map of the Köppen-Geiger Climate Classification Updated.” *Meteorologische Zeitschrift* 15 (3): 259–63. 2006. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2006/0130>.

KUSKOSKI, E.M.; ASUERO, A.G.; TRONCOSO, A.M.; GARCIA-PARILLA, M.C.; ROSEANE, F. Atividade antioxidante de pigmentos antocianicos. *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, 24 (4) ,691-693, 2004.

LIU, Y.; LIU, J.; KONG, Z.; HUAN, X.; LI, L.; ZHANG, P.; WANG, Q.; GUO, Y.; ZHU, W.; QIN, P. “Transcriptomics and Metabolomics Analyses of the Mechanism of Flavonoid Synthesis in Seeds of Differently Colored Quinoa Strains.” *Genomics* 114 (1): 138–48, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.YGENO.2021.11.030>.

MIRANDA, M.; VEGA-GÁLVEZ, A.; LÓPEZ, J.; PARADA, G.; SANDERS, M.; ARANDA, M.; DI, K. Impact of air-drying temperature on nutritional properties, total phenolic content and

antioxidant capacity of quinoa seeds (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Industrial Crops & Products*, 32(3), 258–263, 2010.

MOHAMED, M. A.; MUBARAK, M.H.; OKASHA, S. “Effect of Saline Irrigation on Agro-Physiological and Biochemical of Some Quinoa Cultivars Under Field Conditions.” *Journal of Agronomy Research* 1 (4): 1–9, 2019. <https://doi.org/10.14302/ISSN.2639-3166.JAR-19-2237>.

MUJICA-SANCHEZ, A. et al., Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): ancestral cultivo andino, Alimento del presente y del futuro. Santiago: FAO, 2001.

NASIR, M. A.; NAWAZ, H. “Biochemical Characterization of Quinoa with Special Reference to Its Protein Quality Rapid Detection of Meat Spoilage View Project Rapid Detection Methods for Toxins View Project.” *Article in Pakistan Journal of Agricultural Research*, 2015. <http://www.pakjas.com.pk>.

NIETO, C. E. A. INIAP-Ingapirca e INIAP-Tunkahuan: dos variedades de quinua de bajo contenido de saponina. INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS. ECUADOR , p. 25. 1992. (228).

NINFALI, P.; PANATO, A.; BORTOLOTTI, F.; VALENTINI, L.; GOBBI, P. “Morphological Analysis of the Seeds of Three Pseudocereals by Using Light Microscopy and ESEM-EDS.” *European Journal of Histochemistry* 64 (1), 2020. <https://doi.org/10.4081/EJH.2020.3075>.

NISAR, M.; ZUBAIR, S.; HASHMI, S. I. “Physico-Chemical and Nutritional Properties of Quinoa Seed: A Review.” ~ 2067 ~ *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry* 6 (5): 2067–69, 2017.

NOWAK, V.; DU, J.; CHARRONDIÈRE, R. “Assessment of the Nutritional Composition of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Food Chemistry* 193 (February): 47–54, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2015.02.111>.

PEREIRA, E.; ENCINA-ZELADA, C.; BARROS, L.; GONZALES-BARRON, U.; CADAVEZ, V.; FERREIRA, I. “Chemical and Nutritional Characterization of *Chenopodium Quinoa* Willd (Quinoa) Grains: A Good Alternative to Nutritious Food.” *Food Chemistry* 280 (May): 110–14, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.12.068>.

REPO-CARRASCO-V.; MARI, R. A.; SERNA, L. A. “Quinoa (*Chenopodium Quinoa*, Willd.) as a Source of Dietary Fiber and Other Functional Components.” *Food Science and Technology* 31 (1): 225–30, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0101-20612011000100035>.

- ROCHA, J. E. 2011. “Controle Genético de Caracteres Agronômicos Em Quinoa (Chenopodium Quinoa Willd),” June. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/9450>.
- RODRÍGUEZJ. G.; PRIETO, J. M.; SOBRADO, V. C.; MAGRO, P. C. “Nutritional Characterization of Six Quinoa (Chenopodium Quinoa Willd) Varieties Cultivated in Southern Europe.” *Journal of Food Composition and Analysis* 99 (June): 103876, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.JFCA.2021.103876>.
- ROMANO, A.; FERRANTI, P. “Pseudocereals: Quinoa (Chenopodium Quinoa Willd.)” *Reference Module in Food Science*, January, 2021. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-823960-5.00004-4>.
- SAÑUDO, B.; ARTEAGA, G.; BETANCOURTH, C.; ZAMBRANO J.; BURBANO, J. *Perspectivas de la quinua dulce para la región andina de Nariño*. Pasto: Unigraf, Colombia. 2005.
- SHARMA, S.; KATARIA, A.; SINGH, B. “Effect of Thermal Processing on the Bioactive Compounds, Antioxidative, Antinutritional and Functional Characteristics of Quinoa (Chenopodium Quinoa).” *LWT* 160 (April): 113256, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.LWT.2022.113256>.
- SIES, H.; STAHL, W. Vitamins E and C, b-carotene, and other carotenoids as antioxidants. *American Journal of Clinical Nutrition*, Bethesda, v. 62, n. 6, p. 13151321, 1995.
- SPEHAR, C. R.; SANTOS, R. L. “Agronomic Performance of Quinoa Selected in the Brazilian Savannah.” *SciELO Brasil*. 2005. Accessed November 16, 2021. https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2005000600012;script=sci_arttext.
- SPEHAR, C. R. *Quinoa: alternativa para a diversificação agrícola e alimentar*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007.
- SONG, H.; ZHENG, Z.; WU, J., LAI, J.; CHU, Q.; ZHENG, X. White pitaya (*Hylocereus undatus*) juice attenuates insulin resistance and hepatic steatosis in diet-induced obese mice. *PLoS One*, 11(2), e0149670, 2016.
- STIKIC, R.; GLAMOCLIIJA, D.; DEMIN, M.; VUCELIC-RADOVIC, B.; JOVANOVIC, Z.; MILOJKOVIC-OPSENICA, D.; JACOBSEN, S. E.; MILOVANOVIC, M. “Agronomical and Nutritional Evaluation of Quinoa Seeds (Chenopodium Quinoa Willd.) as an Ingredient in

Bread Formulations.” *Journal of Cereal Science* 55 (2): 132–38, 2012. <https://doi.org/10.1016/J.JCS.2011.10.010>.

STOLERU, V.; JACOBSEN, S. E.; VITANESCU, M.; JITAREANU, G.; BUTNARIU, M.; MUNTEANU, N.; STAN, T.; TELIBAN, G. C.; COJOCARU, A.; MIHALACHE, G. “Nutritional and Antinutritional Compounds in Leaves of Quinoa.” *Food Bioscience* 45 (February): 101494, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2021.101494>.

USDA. United States Department of Agriculture. National Nutrient Database for Standard Reference Release, p. 28 (Basic Reports). 2015.

VELÁSQUEZ-BARRETO, F.; MIÑANO, H. A.; ALVAREZ-RAMIREZ, J.; BELLO-PÉREZ, L. A. “Structural, Functional, and Chemical Properties of Small Starch Granules: Andean Quinoa and Kiwicha.” *Food Hydrocolloids* 120 (November), 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FOODHYD.2021.106883>.

VILCACUNDO, R.; HERNÁNDEZ-LEDESMA, B. “Nutritional and Biological Value of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.).” *Current Opinion in Food Science* 14 (April): 1–6, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.COFS.2016.11.007>.

YOUSIF, A. M.; SNOWBALL, R.; D’ANTUONO, M. F.; DHAMMU, H.; DARSHAN SHARMA, L. “Water Droplet Surface Tension Method – An Innovation in Quantifying Saponin Content in Quinoa Seed.” *Food Chemistry* 343 (May), 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2020.128483>.

ZHANG, L.; XIONG, T.; WANG, X.; CHEN, D. L.; HE, X. D.; ZHANG, D.; WU, C.; LI, Q.; DING, X.; QIAN, J. “Pickering Emulsifiers Based on Enzymatically Modified Quinoa Starches: Preparation, Microstructures, Hydrophilic Property and Emulsifying Property.” *International Journal of Biological Macromolecules* 190 (November): 130–40, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.IJBIOMAC.2021.08.212>.

CAPÍTULO 4

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE OITO PROGÊNIES DE QUINOA SEMEADAS NO CERRADO BRASILEIRO E NA COLÔMBIA

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE OITO PROGÊNIAS DE QUINOA SEMEADAS NO CERRADO BRASILEIRO E NA COLÔMBIA

RESUMO

A quinoa pode se adaptar a ambientes diversificados, por sua considerável variabilidade genética, que é considerada importante na obtenção de genótipos cultivados em diferentes condições de solo e clima. A identificação de variabilidade por diferenças morfoagronômicas e a interação genótipo x ambiente, é necessária na ampla adaptação do cultivo. Este trabalho teve como objetivo caracterizar oito progênies de quinoa, em condições de 1100/1800 m de altitude na Colômbia e 1100 m de altitude no Brasil. Dois experimentos foram conduzidos no Brasil na Fazenda Água Limpa, UnB a 1.100 m de altitude em duas épocas: março a julho de 2018 e maio a agosto de 2019. Na Colômbia foram conduzidos em Santander de Quilichao e Popayán a 1.100 m e 1.800 m de altitude, respectivamente. Os tratamentos foram compostos por cinco progênies selecionadas em BRS Syetetuba (Brasil), uma procedente da Colômbia (Aurora) e duas procedentes do Equador (Piartal e Tunkahuan). Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com oito progênies e quatro repetições. Os dados foram submetidos a análise de variância, pelo teste de F ($p \leq 0,01$) e ($p \leq 0,05$) e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott. Realizou-se análise AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction), combinando análise de variância e de componentes principais, para ajustar os efeitos de progênies (G) e ambiente (E) e os efeitos da interação G x E. As análises de variância apresentaram diferenças significativas entre os ambientes, progênies e a interação de G x E em todas as características avaliadas. As progênies com maior potencial de adaptação aos ambientes foram: BRX2, BRX5, BRX6 e PRIX com médias de rendimento superiores a 3151,95 kg ha⁻¹. AMMI identifica progênies consistentes em rendimentos superiores de grão e massa seca total em todos os ambientes. As características indicam influência do ambiente e da interação, medida por G x E, a seleção por características morfoagronômicas resultou em ganho genético.

Palavras Chave: *Chenopodium quinoa*, AMMI, Adaptação, Seleção, Rendimento de Grão, Rendimento Massa Seca, Índice de Colheita.

MORPHOAGRONOMIC CHARACTERIZATION OF EIGHT QUINOA PROGENIES GROWN IN THE BRAZILIAN SAVANNA AND IN COLOMBIA

ABSTRACT

Quinoa crop is adaptable to a range of environments, due to its considerable genetic variability, important trait to select and cultivation under different soil and climatic conditions. Identification of variability based on morpho agronomic differences and genotype x environment (G x E) interaction is needed for crop wide adaptation. This work aimed at characterizing eight quinoa progenies in Brazil and in Colombia. The experiments in Brazil were conducted in Brasília, in an irrigated area of the Água Limpa Farm, University of Brasília at 1100 m.a.s.l. on two dates, the first between March and July 2018 and the second from May to August 2019. In Colombia experiments were carried out in Santander de Quilichao and Popayán at 1100 and 1800 m.a.s.l. The treatments were composed of five progenies selected in Brazil, one from Colombia and two from Ecuador. The experiments had a complete randomized block design, with eight progenies and four replications. For the statistics, analysis of variance was performed, using the F test $p \leq 0,01$ and $p \leq 0,05$. Means were grouped by the Scott Knott test. AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) analysis was used, combining analysis of variance and analysis of principal components, to adjust the main effects of genotypes (G) and environments (E) and the G x E interaction. Significant differences were shown at $p \leq 0.01$ and $p \leq 0.05$ for environments, genotypes and the interaction of G x E. The progenies with wide adaptation to environments are BRX2, BRX5, BRX6 and PRIX with average yields above $3151,95 \text{ kg ha}^{-1}$. Genotype performance is consistent and superior to grain and mass yields. The characteristics indicate influence of environment and the G x E interaction. Selection based on morpho agronomic characters results in genetic gain.

Keywords: *Chenopodium quinoa*, AMMI, Adaptation, Selection, Grain Yield, Dry Mass Yield, Harvest Index.

1. INTRODUÇÃO

A quinoa (*Chenopodium quinoa*), tem sido domesticada há muitos anos na América do Sul. Na atualidade, graças às suas características nutricionais tem sido consumida em diferentes países, e tem recebido atenção de pesquisadores e novos produtores (LI AND ZHU, 2017; ZHOU et al., 2021). Quando comparada com outros grãos a quinoa apresenta alta qualidade de proteína, em aminoácidos essenciais, contendo ainda micronutrientes, vitaminas, minerais e compostos fenólicos (PEREIRA et al., 2019). Ademais, a quinoa apresenta potencial de adaptação a diferentes condições agroclimáticas (ANCHICO et al., 2020; ZURITA-SILVA et al., 2014). Ela pode se desenvolver em regiões de ampla variação ambiental, tolerando elevada salinidade, considerada uma planta halófito (ANGELI et al., 2020).

A quinoa, por sua grande variabilidade genética, pode apresentar diferentes características nutricionais e morfoagronômicas (GONZÁLEZ et al., 2015). Peru e Bolívia tem sido os principais produtores de quinoa, seguidos por Equador e Argentina (PEREZ-REA ; ANTEZANA-GOMEZ, 2018). No Brasil o interesse na cultura da quinoa surgiu pelas características como a porcentagem de proteína, a estabilidade dos aminoácidos, a grande produção de biomassa para proteção do solo em segunda safra, o baixo uso de sementes no plantio e o aumento da possibilidade de diversificar os sistemas de produção (SPEHAR et al., 2011). As cultivares utilizadas no Brasil são BRS Piabiru e BRS Syetetuba, apresentando baixo conteúdo de saponinas e rendimento de grãos superior a 2000 kg ha⁻¹ (SPEHAR et al., 2015). Na Colômbia a quinoa é uma opção viável para se cultivar em diferentes regiões (ANCHICO et al., 2020). Na atualidade tem sido usadas quatro cultivares comerciais: Aurora, Piartal, Blanca Dulce de Jerico e Tunkahuan, (GARCÍA-PARRA et al., 2020).

A interação genótipo por ambiente (G x E), de valor na seleção, descreve a resposta diferencial de genótipos quando avaliados em diferentes condições ambientais (TONK et al., 2011). A quinoa pode se adaptar a ambientes diversificados, por considerável plasticidade na fenologia, mostrando sensibilidade a variações de temperatura (ANCHICO-JOJOA et al., 2021). Quando testados em diferentes ambientes o tempo de floração e o rendimento do grão se apresentam como uma das variáveis mas importantes na interação (G x E). Ademais, diferentes genótipos podem apresentar um ajuste a condições agroecológicas específicas (CURTI et al., 2014).

A variabilidade genética da quinoa é considerada uma característica muito importante para selecionar e cultivar em diferentes regiões e condições climáticas, influenciadas pelas

mudanças climáticas (REZZOUK et al., 2020). O uso de diferentes genótipos permite quantificar a variabilidade intraespecífica para diferentes caracteres morfo agronômicos e suas interações. A variabilidade genética possibilita determinar limites de seleção para obter genótipos com qualidade desejável (SANTIS et al., 2016). No entanto, torna-se necessário realizar pesquisas detalhadas sobre a variabilidade da quinoa em relação a aspectos morfoagronômicos e qualitativos e a interação de genótipo por ambiente. Este trabalho teve como objetivo realizar a caracterização morfoagronômica de oito progênies de quinoa no Brasil e na Colômbia, para adaptabilidade e interação em condições de 1100/1800 m de altitude na Colômbia e 1100 m de altitude no Brasil.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Experimento no Brasil

Os experimentos foram conduzidos na Fazenda Água Limpa (FAL), Universidade de Brasília (UnB), Distrito Federal, a uma altitude de 1.100 m, localizado a 15 ° 56' S e 47°55' W. Segundo Köeppen, o clima é classificado como Aw, com uma estação chuvosa, de outubro a março e uma estação seca, de abril a setembro (KOTTEK et al., 2006). Foram avaliados dois ciclos da quinoa, o primeiro de março até julho de 2018 e o segundo de maio até agosto de 2019 com irrigação. A tensão de água no solo foi mantida a 30-40 kPa, monitorada por tensiômetros, colocados no solo à profundidade de 0-30 cm.

2.2 Experimentos na Colômbia

Na Colômbia foram conduzidos dois experimentos o primeiro foi no Município de Popayán, Cauca a 1.800 m de altitude, com uma latitude Norte de 2° 27' e 76 ° 37' 18" de longitude Oeste. Apresenta temperaturas medias de 19 °C (POPAYÁN, 2021). O segundo experimento foi conduzido no Município de Santander de Quilichao localizado a uma altitude de 1.100 m, com uma latitude Norte de 3° 0' 30" e 76° 29' 2" de longitude Oeste. Apresenta temperaturas medias de 26 °C (QUILICHAO, 2021).

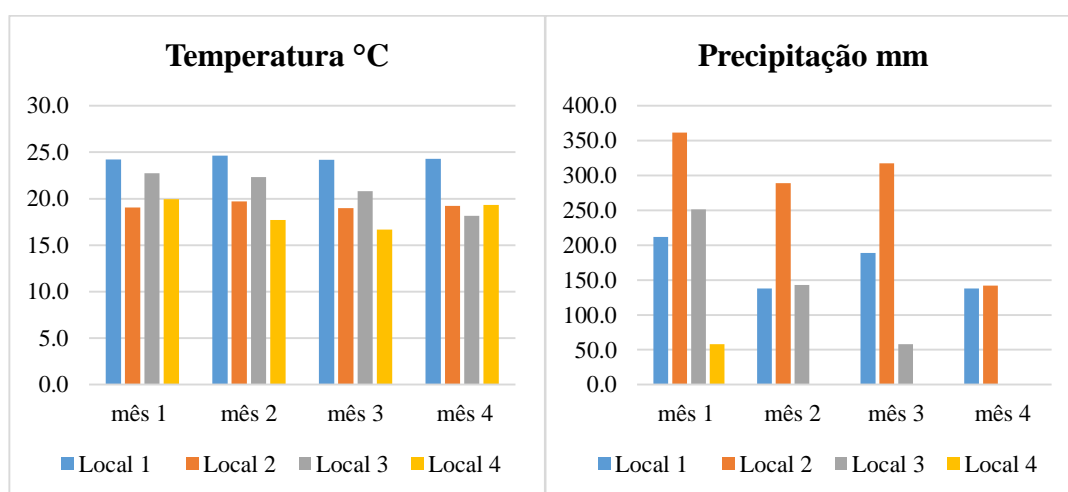


Figura 1. Temperatura e precipitação nos ciclos de desenvolvimento da quinoa, nos quatro locais. Local 1: S. Quilichao – Colômbia; Local 2: Popayán – Colômbia; Local 3: Brasília, 2018 – Brasil; Local 4: Brasília, 2019 - Brasil.

2.3 Desenho experimental

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com 8 genótipos e quatro repetições. Cada parcela contava com 30 plantas m^{-1} , a área útil foi de 1 m^2 .

O solo foi preparado 30 dias antes da semeadura com aplicação de fertilizante orgânico e calcário. As adubações de plantio e cobertura em cada local e ano de cultivo, foram realizadas de acordo com as análises do solo (Tabela 1) e seguindo as recomendações de Spehar (2007), 60 kg ha⁻¹ de N, 60 kg ha⁻¹ de P e 60 kg ha⁻¹ de K.

Tabela 1: Resultado da análise do solo da área experimental em quatro locais de avaliação à profundidade de 0-20 cm.

Local	pH	P	Al	Ca	Mg	K
		mg dm ⁻³		------(meq/100g) -----		
Brasil						
FAL, Março/Julho 2018	5,50	22,2	0,0	3,20	1,30	0,46
FAL, Maio/Agosto 2019 (Irrigação)	5,20	4	0,0	1,8	0,8	0,20
Colômbia						
S. Quilichao, 1100 m	4,87	2,2	2,20	1,95	0,85	0,25
Popayán, 1800 m	5,74	3,16	0,20	5,02	0,87	0,22

2.4 Análise estatística

Os dados originais foram submetidos a análise de variância, pelo teste de F, ao nível de 5% de probabilidade, e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, utilizando o software SISVAR®. Adicionalmente, foi usada a análise AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) que combina a análise de variância e a análise de componentes principais, para ajustar, respectivamente, os efeitos principais genótipos (G) e ambientes (E) e os efeitos da interação G x E. As análises, baseadas em gráficos biplot, representam graficamente uma matriz de dados. Os componentes principais foram utilizados na construção de gráfico (biplot) que expressa uma matriz de dados (GABRIEL 1971; SILVA ; BENIN, 2012). Ademais, Foram calculados os parâmetros genéticos como a herdabilidade no sentido amplo h_a^2 , que é a porção da variação fenotípica observada que ocorre em função dos efeitos genéticos (SCHMIDT et al., 2019), coeficiente de variação genética (CV_g) e coeficiente de variação fenotípica (CV_f), utilizando o Software Genes (CRUZ, 2013).

2.5 Progênies avaliadas

BRS Syetetuba - apresenta peso médio de 1000 grãos de 2,5 g e 3,3 g em cultivos de verão e de inverno respectivamente, contendo até 18 g 100⁻¹ g de proteína (SPEHAR et al., 2011). As progênies de quinoa usadas nesse experimento selecionados a partir dessa cultivar foram: BRX 1, BRX 2, BRX 5, BRX 6, BRX 4 (Testemunha)

Piartal - Apresenta adaptabilidade em locais situados entre 2400 e 3200 m de altitude. A planta possui cor púrpura, com 240 cm de altura e apresenta susceptibilidade ao míldio. O grão é branco opaco, com aproximadamente 2 mm de diâmetro (ALVAREZ et al., 1990). Neste experimento utilizou-se a progênie PRIX.

Aurora - A planta apresenta adaptação para altitudes entre 2.300 e 3.000 m, com altura de plantas de 90 cm a 130 cm e 1800 a 2400 kg ha⁻¹ de rendimento. As sementes são brancas e pequenas, com diâmetro menor de 2 mm (SAÑUDO, 2005). A progênie usada neste experimento foi a AURX.

Tunkahuan - Apresenta adaptabilidade em altitudes semelhantes às de Aurora. Nas colombianas, apresenta 144 cm de altura de planta, com ciclo de 150 a 210 dias, coloração púrpura e panícula amarela alaranjada, do tipo glomerulado, grão branco, tamanho de grão de 1,7 a 2,1 mm, baixo conteúdo de saponina 0,06% e 15,73% de proteína com rendimento médio de 2200 kg ha⁻¹ (NIETO, 1992).

2.6 Avaliações Agronômicas

Altura de plantas: medida do nível do solo até o ápice da inflorescência (cm), em 10 plantas amostradas ao acaso por parcela, antes da colheita. Nas demais plantas mediu-se por visada da altura com auxílio de uma trena colocada no centro da parcela;

Comprimento da panícula: utilizou-se 10 plantas para avaliação das panículas medidas do ápice da panícula principal até a base da inserção. Os resultados foram expressos em cm panícula⁻¹;

Peso de sementes: depois de secas em ambiente natural, sombreado e ventilado as panículas foram submetidas à debulha mecânica, limpando-se as sementes com auxílio de peneiras e ventilador, mantendo-as em sacos de papel. Antes da pesagem, determinou-se o teor de água, corrigindo-se a 13%. A massa dos grãos foi determinada com auxílio de balança de precisão a 0,001g e os resultados expressos em gramas planta⁻¹;

Rendimento de matéria seca: as plantas cortadas na sua base foram acondicionadas em sacos de polipropileno trançado, mantidos abertos e dependurados, até atingirem peso constante, avaliados por pesagens amostrais de toda a parte aérea, com valores expressos em t ha⁻¹

Índice de Colheita (IC): o índice de colheita foi determinado dividindo a produção de grãos planta⁻¹ pela produção de fitomassa planta⁻¹ (massa seca das plantas):

Equação 1:

$$IC = \frac{\text{produção de grãos}}{\text{produção de fitomassa}} 100$$

Peso de 1000 grãos e rendimento: utilizou-se metodologia definida para quinoa (Souza, 2017), avaliando-se oito repetições de 100 sementes. O peso de mil sementes pode variar, em função do teor de água. Assim, coletaram-se ao acaso 100 sementes com oito repetições. As sementes de cada repetição foram pesadas em balança de precisão 0,001g. Sobre as medições, calculou-se a variância, o desvio padrão e o coeficiente de variação dos valores obtidos:

Equação 2:

$$\text{Variância} = \frac{n(\sum x^2) - (\sum x)^2}{n(n-1)}$$

Onde: x = peso de cada repetição

n = número de repetições

Σ= somatória

Equação 3:

$$\text{Desvio Padrão (S)} = \sqrt{\text{Variância}}$$

$$\text{Coeficiente de Variação (CV)} = \frac{S}{\bar{x}} \times 100$$

Onde: \bar{x} = peso médio de 100 sementes.

Na determinação multiplicou-se por 10 o peso médio obtido para coeficiente de variação abaixo de 4%.

Rendimento de grãos: após da colheita da área útil (1 m²), realizou-se a debulha, ventilando-se para separar impurezas, pesando em gramas. Esta determinação foi realizada com a seguinte formula:

Equação 4:

$$kg \text{ h}\bar{a}^{-1} = \frac{\text{peso parcela útil} \times 10.000m^2}{\text{Área parcela útil } m^2}$$

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância demonstraram diferenças significativas pelo teste de F ($p \leq 0,05$) entre ambientes, genótipos e a interação de G x E, na avaliação das características agronômicas (Tabela 2). As progênies de quinoa apresentaram variabilidade em todos os locais demonstrando o seu potencial de se adaptar em diferentes ambientes (ANCHICO et al., 2020). A interação Genótipo (G) x Ambiente (E) quando comparada com Genótipo, apresentou uma relação da variância de 14:1 na avaliação de altura de plantas (PH), 1.5:1 no comprimento de panícula (PL), 2:1 no rendimento de grãos (RG), 3:1 no rendimento de massa seca (RMS), 3:1 no peso de 1000 grãos (PMG), 1:1,2 no índice de colheita (IC) (Tabela 2). Componentes de rendimento como rendimento médio de sementes (RMS) e índice de colheita (IC) apresentaram uma forte relação entre a interação G x E e o componente G (Tabela 2). Dados similares foram encontrados por (BERTERO et al., 2004), em estudos realizados com 24 genótipos em 14 ambientes. Na avaliação de rendimento de grão foi encontrada interação significativa entre genótipos x ambientes, sendo esses dados recorrentes em diferentes estudos de processos de adaptação de genótipos em diferentes ambientes (SANTIS et al., 2016). A constante presença de interações do G x E na quinoa, levam à necessidade de estruturar estratégias de melhoramento que permitam obter genótipos adaptados a regiões específicas (CURTI et al., 2014). De todas as características avaliadas só o índice de colheita (IC) apresentou a relação da variância menor, na interação do G x E, que o componente G (Tabela 2). Em estudos realizados no Nordeste da Argentina foram encontradas maiores relações da interação G x E sobre o G, na avaliação das características tais como rendimento de grãos, índice de colheita e número de grãos (CURTI et al., 2014).

Tabela 2. Análise de variância das características altura de planta (PH), comprimento de panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC), calculados em oito progênies em quatro locais.

Variável	Local	Genótipo	
		Genótipo x Ambiente	
F / P			
Altura (PH)	181,409 / 0,0000*	38,253 / 0,0000*	2,723 / 0,0006*
Comprimento de panícula (PL)	77,799 / 0,0000*	19,156 / 0,0000*	12,931 / 0,0000*
Rendimento de grão (RG)	69367,982 / 0,0000*	535,701 / 0,0000*	264,544 / 0,0000*
Rendimento de massa seca (RMS)	4157,095 / 0,0000*	413,434 / 0,0000*	133,055 / 0,0000*
Peso de mil grãos (PMG)	525,742 / 0,0000*	19,657 / 0,0000*	5,762 / 0,0000*
Índice de colheita (IC)	2763,644 / 0,0000*	131,295 / 0,0000*	163,270 / 0,0000*

*: Significativo Teste F 1% a 5%

O teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade, permitiu determinar que quando agrupadas as medias das variáveis nos diferentes locais, verificou-se diferenças significativas

(Tabela 3). Na característica altura de planta PH, a média foi de 137,70 cm, com destaque do local 2 com 161,46 cm. O comprimento de panícula (PL) apresentou valores médios de 31,49 cm, sendo o local 4 o mais sobressaliente com 34,24 cm. Nas características do rendimento de grãos (RG) e rendimento de massa seca (RMS), as médias foram 2956,29 kg⁻¹ e 9882,20 kg⁻¹, o local 2 mostrou os maiores valores com 5377,69 kg⁻¹ e 15468,62 kg⁻¹, respectivamente (Tabela 3). A média do PMG foi de 2,55g, sendo o local 3 o mais representativo para essa característica com 2,73 g. Entretanto, os menores valores foram no local 4, provavelmente pelas condições de alta temperatura, fator que influencia o tamanho do grão (MALIRO et al., 2017; BERTERO et al., 1999). O índice de colheita (IC), teve valores médios de 29,45%, com destaque do local 2 com 34,66% (Tabela 3). Segundo os dados da comparação de médias (Tabela 3), o local 2 (Fazenda Água Limpa, Maio/Agosto 2019/irrigação) apresentou os maiores valores na avaliação das seguintes características PH, RG, RMS e IC. Esses resultados podem ser explicados, em parte, pela irrigação realizada durante o ciclo do plantio, o qual pode ajudar a diminuir o estresse por calor e também o seu uso em estágios críticos do crescimento, como germinação, floração inicial e formação de sementes, o que ajudaria a garantir o rendimento máximo de sementes (WALTERS et al., 2016). Além disso, o suprimento de água por irrigação leva à estabilidade do rendimento de grãos da quinoa (GEERTS et al., 2008; MALIRO et al., 2017).

Tabela 3. Teste de agrupamento de medias de quatro locais na avaliação das características agrônômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC).

Id Local	Local	PH (cm)	PL (cm)	RG (kg ha ⁻¹)	RMS (kg)	PMG (g)	IC (%)
1	FAL1, Março/Julho 2018	112,63 c	31,70 b	2485,15 b	8752,11 c	2,54 c	28,65 c
2	FAL2, Maio/Agosto 2019 (Irrigação)	161,46 a	29,72 c	5377,69 a	15468,62 a	2,69 b	34,66 a
3	Popayán, 1800 m	140,23 b	30,29 c	1971,35 c	5983,33 d	2,73 a	32,73 b
4	S. Quilichao, 1100 m	136,47 b	34,24 a	1990,97 c	9324,76 b	2,24 d	21,75 d
Media Geral		137,7	31,49	2956,29	9882,2	2,55	29,45
C.V. (%)		6,1	4,11	1,19	3,55	2,14	2,09

¹Médias seguidas pelas mesmas letras, em cada coluna, não diferem entre si pelo Teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. C.V.: Coeficiente de variação.

Nos quatro locais as oito progênies apresentaram desempenho satisfatório na avaliação das características agrônômicas. Isto se deveu, possivelmente, à seleção aproveitando-se a variabilidade genética existente nos genótipos (JOJOA et al., 2021). Os genótipos tiveram valores de PH entre os 115,68 cm e 149,82 cm correspondentes a BRX 1 e PRIX, respectivamente (Tabela 4).

Tabela 4. Teste de agrupamento de medias de oito genótipos de quinoa na avaliação das características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (CP), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC).

GENÓTIPO	PH (cm)	CP (cm)	RG (kg ha ⁻¹)	RMS (kg ha ⁻¹)	PMG (g)	IC (%)
BRX 1	115,68 d	29,22 c	2794,40 d	8525,34 d	2,69 a	29,85 c
BRX 2	142,80 b	30,26 b	3465,13 a	10888,10 b	2,59 b	31,43 a
Testemunha (BRX4)	137,97 b	30,43 b	2738,17 e	9356,07 c	2,60 b	29,54 d
BRX 5	144,96 b	28,89 c	3151,95 c	11097,13 a	2,61 b	29,13 e
BRX 6	143,95 b	30,61 b	3480,70 a	11321,57 a	2,66 a	30,02 c
AURX	123,53 c	34,05 a	2248,70 g	7283,57 e	2,42 d	30,83 b
PRIX	149,82 a	34,98 a	3206,65 b	11147,04 a	2,37 d	28,78 e
TUNX	142,88 b	33,44 a	2564,60 f	9438,82 c	2,48 c	25,97 f
MEDIA GERAL	137,7	31,49	2956,29	9882,2	2,55	29,45
C.V. (%)	5,55	6,75	2,58	2,94	4,12	1,95

¹Médias seguidas pelas mesmas letras, em cada coluna, não diferem entre si pelo Teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. C.V.: Coeficiente de variação.

O genótipo PRIX apresentou os maiores valores de CP (34,98 cm) e o menor valor foi da BRX5 com 28,89 cm (Tabela 4). Todos os genótipos mostraram valores superiores às 2 toneladas ha⁻¹ de rendimento de grão, com destaque de BRX6 e BRX2 com 3480,70 kg ha⁻¹ e 3465,13 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela 4). Os genótipos apresentaram diferenças no mesmo local em períodos diferentes, expressando a necessidade de realizar a seleção para alguns períodos específicos (SOARES et al., 2019). Na característica RMS os mais sobressalientes foram BRX6 com 11321,57 kg ha⁻¹, PRIX com 11147,04 kg ha⁻¹ e BRX5 com 11097,13 kg ha⁻¹. As condições climáticas extremas, onde a quinoa evoluiu, presumivelmente contribuiu para os elevados níveis de adaptação a diferentes ambientes, gerada por sua característica de espécie alelotetraploide (ZURITA-SILVA et al., 2014).

Os maiores valores de PMG foram do genótipo BRX1 com 2,69g e BRX6 com 2,66 (Tabela 4). Os genótipos BRX2 e AURX mostraram as maiores porcentagens de IC, com 31,43% e 30,83% (Tabela 4). Os genótipos BRX6, BRX2, BRX5 do Brasil e PRIX do Equador, exibiram valores superiores na maioria das características avaliadas (Tabela 4), evidenciando o potencial de adaptabilidade. Por sua ampla adaptabilidade a quinoa pode ser cultivada em ambientes desfavoráveis (ALI et al., 2018). Entretanto, quando se realizam seleções de genótipos objetivando rendimento em condições favoráveis, não assegura que se conserve em outros ambientes (CRUZ ; CARNEIRO, 2006).

3.1 Análise da interação Genótipo (G) x Ambiente (E) pelo modelo AMMI

A interação G x E, medida por AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction Analysis) na avaliação do rendimento de grãos (RG), rendimento de massa seca (RMS), índice de colheita (IC) e peso de mil grãos (PMG) foi seguida de representação gráfica (Biplot).

Os componentes principais (PC1 e PC2), apresentaram valores superiores a 80% da variância da interação G x E em cada característica avaliada (Figura 2). Essas porcentagens dos dois primeiros componentes (PC1 e PC2) em cada uma das características são relevantes, por apresentar valores superiores a 75% (CROSSA, GAUCH, ; ZOBEL, 1990). Estudos em diversas culturas usando o modelo AMMI relataram valores superiores a 80% nos mesmos componentes (CEBALLOS-AGUIRRE et al., 2021).

O Biplot de rendimento de grãos, mostrou maior contribuição na interação no local FAL2 (Maio/Agosto 2019 + irrigação). Possivelmente, em razão da maior distância encontrada no final do vetor desde as coordenadas do seu ponto da origem. Além disso, esse local proporcionou o maior rendimento de grão (Tabela 3), evidenciando uma correlação positiva na avaliação dos componentes PC1 e PC2 (Figura 2a). Nesse sentido, ratificou-se que a variável RG exibiu uma forte dependência as condições ambientais como mencionado por (THIAM et al., 2021).

As progênies BRX2, BRX5, BRX6 e PRIX apresentaram valores de rendimento de grãos superiores à média, evidenciado pelos ângulos menores de 90° dos vetores formados entre os genótipos e os ambientes (Figura 2a). Nem sempre se encontram genótipos consistentemente superiores em todos os locais, quando a interação do G x E é significativa (WARDOFA et al., 2019). Mesmo assim, as progênies que mostraram ângulos dos vetores maiores aos 90° (BRX1, TUNX e AURX) apresentaram valores inferiores à média (Figura 2a) e (Tabela 4). Adicionalmente, identificaram-se associações dos genótipos nos ambientes, se localizando nos mesmos quadrantes dos ambientes e positivamente associados (SILVA ; BENIN, 2012). Assim, os genótipos BRX6 e PRIX evidenciaram associação positiva com FAL2 e Popayán. Enquanto, BRX2 e BRX5 apresentaram associação positiva com FAL1 e Santander (Figura 2a). Na representação gráfica genótipos com ângulos muito estreitos foram correlacionados entre si (YAN ; KANG, 2002). Nesse sentido, segundo o ângulo resultante dos vetores das progênies BRX2 e BRX5, evidenciou-se correlação significativa, exibindo menor dissimilaridade entre si.

Houve uma forte associação positiva do rendimento de massa seca (RMS) entre BRX6 e Popayán localizando-se no mesmo setor (Figura 2b), enquanto, BRX5 expressou associação positiva com os locais FAL1 e FAL2. As progêneses AURX, BRX1, Testemunha (BRX4) e TUNK, localizadas à esquerda do centro do biplot, apresentaram valores inferiores à média como explicado por Silva e Benin (2012) (Figura 2b). Considerando o ângulo resultante dos vetores das progêneses BRX6 e BRX5, verificou-se uma correlação significativa exibindo menor dissimilaridade entre eles nessa característica (Figura 2b). O rendimento de grãos e o de massa seca de AURX foi mais instável, confirmada pela maior distância do centro do biplot (Figura 2a e 2b).

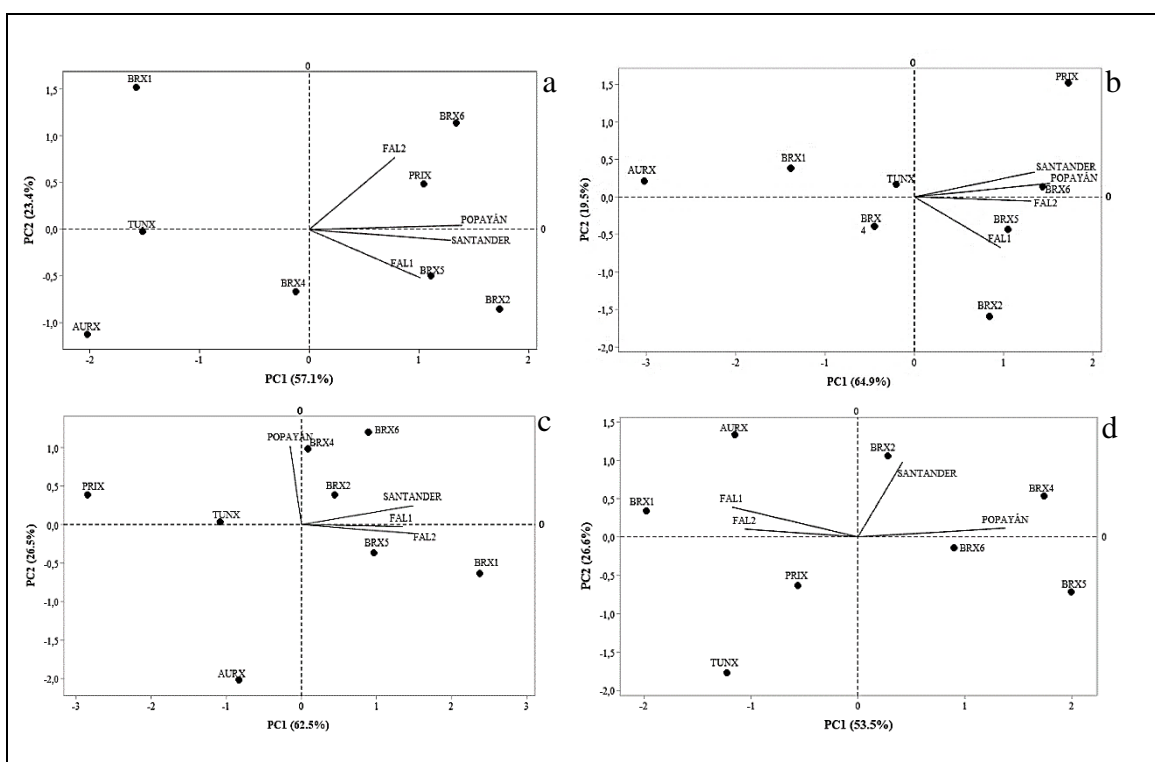


Figura 2. Biplot dos componentes principais (PC1 e PC2) de oito progêneses de quinoa cultivadas em quatro locais para rendimento de grãos (RG), rendimento de massa seca (RMS), peso de mil grãos (PMG) e índice de colheita (IC). Progêneses são representados por pontos e os ambientes correspondem aos vetores.

No biplot (Figura 2c), são descritas as interações da característica peso de mil grãos, aonde as progêneses BRX1 e BRX5 expressam uma forte interação com o local FAL2, tendo em conta o ângulo estreito gerado entre os vetores. Os locais Santander, FAL1 e FAL2 apresentaram uma forte correlação, demonstrada pelo ângulo formado entre os vetores (Figura 2c). A Testemunha (BRX4) foi a mais estável pela sua localização entre os dois eixos da interação PC1 e PC2. A ausência da associação entre ambientes ou genótipos foi detectada pelo ângulo reto entre os vetores e a associação negativa pelo ângulo obtuso (YAN, 2011; RAO et

al., 2011). Dessa forma, as progênies BRX1 e PR1X expressaram uma forte ausência de associação na característica PMG, o mesmo que BRX6 e AURX.

O índice de colheita apresentou variabilidade entre os locais e progênies, demonstrando sensibilidade a ciclo da planta e condições ambientais (BERTERO ; RUIZ, 2010). No IC o biplot confirmou baixa associação entre os locais do Brasil e da Colômbia, representados pelos vetores com ângulos maiores aos 90° (Figura 2d). As progênies AURX e BRX1 mostraram associação positiva nos locais FAL1 e FAL2. O genótipo BRX2 apresentou associação positiva com Santander, e BRX6 e Testemunha (BRX4) com Popayán. Os ângulos inferiores aos 90° formados pelos vetores dos genótipos BRX6 e BRX5, determinam a alta correlação entre eles (Figura 2d). A progênie TUNK teve maior instabilidade, com a maior distância da coordenada zero. Tendo em conta que a estabilidade medida por rendimento de grãos (RG) pode ser um critério importante de seleção (THIAM et al., 2021), considerou-se as progênies BRX6 e BRX5, como potenciais para inclusão em experimentos de diferentes ambientes.

Os parâmetros genéticos apresentaram-se eficientes por acurácia nos dados, indicando sucesso na seleção de genótipos superiores em características quantitativas (YADAV, 2021). A herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), é um componente essencial no melhoramento, para a obtenção de novos genótipos (THORAT et al., 2017). Os altos valores de h_a^2 obtidos nesse experimento (Tabela 5), permitiram identificar ganhos genéticos em ciclos de seleção e recombinação (AL-DAEJ, 2022). O comprimento da panícula (31,62%) e o rendimento de grão (50,59%) exibiram os menores valores de h_a^2 , por elevada influência ambiental (ROCHA, 2011; SPEHAR ; SANTOS, 2005). Entretanto, valores de h_a^2 , podem variar, dependendo da estabilidade dos genótipos e das condições experimentais (ANDETA ; GEGNAW, 2015). Na altura de planta, rendimento de grão e rendimento de massa seca o coeficiente de variação genética (CV_g) apresentou valores superiores aos encontrados para coeficiente de variação fenotípica (CV_f) e o coeficiente de variação ambiental (CV_e). Assim, a contribuição genotípica foi maior que o efeito ambiental sobre as progênies. O coeficiente de variação genética expressa a variabilidade genética dos genótipos avaliados em diferentes ambientes e tratamentos (VASCONCELOS et al., 2016). O comprimento da panícula mostrou elevada influência ambiental, evidenciado pelo baixo coeficiente de variação genética (4,15) e uma baixa porcentagem de herdabilidade (31,62%) (Tabela 5).

Tabela 5. Parâmetros genéticos das características agrônômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (CP), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG) e peso de 1000 grãos (PMG) avaliadas em oito progênies de quinoa, durante os anos 2018, 2019 e 2020 em quatro condições agroecológicas.

Parâmetro genético	HP	CP	RG	RMS	PMG
h_a^2 (%)	92,7556	31,626	50,5989	67,8311	71,3053
CV_g (%)	8,2634	4,1514	10,6166	12,2918	3,8528
CV_f (%)	5,707	6,9737	2,5794	2,936	3,7615
CV_e (%)	5,5748	6,4053	2,4489	3,0198	4,0265

Herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), Coeficiente de variação genética (CV_g), Coeficiente de variação fenotípica (CV_f), Coeficiente de variação ambiental (CV_e).

Para entender melhor as associações entre as características, foi realizada a análise de correlação simples (lineares) ($p \leq 0,01$) e ($p \leq 0,05$) (Tabela 6). O rendimento de grão mostrou uma correlação significativa com o rendimento de massa seca ($r = 0,914$), resultados similares foram encontrados por (ANCHICO, 2018; ROCHA, 2011). O peso do grão evidenciou correlação positiva com o rendimento do grão, sendo essa uma característica importante que determina a produtividade da quinoa (MANJARRES-HERNÁNDEZ et al., 2021). Além do que, pode ser útil para estabelecer uma seleção indireta, pois permite identificar materiais com maior peso de grão, que posteriormente vão apresentar melhores rendimentos. Características entre altura de plantas, rendimento de massa seca e rendimento de grão exibiram correlação positiva altamente significativa (Tabela 6). Dados semelhantes foram reportados por (BHARGAVA, 2007), permitindo inferir que na quinoa os processos de seleção podem ser indiretos para essas características. A seleção indireta relacionada com as estimativas de correlações, podem gerar resultados mais rápidos para algumas características que a seleção direta (CRUZ ; CARNEIRO, 2006).

Tabela 6. Correlações simples das características agrônômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (CP), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG) e peso de 1000 grãos (PMG) avaliadas em 8 genótipos de quinoa, durante os anos 2018, 2019 e 2020 em quatro diferentes condições agroecológicas.

CARÁTER	HP	CP	RG	RMS	PMS
HP	1	0,0104	0,5855**	0,595**	0,1084
CP		1	-0,2533**	-0,0686	-0,4776**
RG			1	0,9141**	0,3299**
RMS				1	0,0656
PMG					1

**Significativo ($p \leq 0,01$)

*Significativo ($p \leq 0,05$)

4. CONCLUSÕES

A altura de planta, o comprimento da panícula, o rendimento de massa seca, o rendimento de grãos, o peso de 1000 grãos e o índice de colheita foram características relevantes na seleção de progênies de quinoa adaptadas a sistemas agrícolas tropicais

A interação genótipo x ambiente permitiu determinar aumento da resposta por seleção.

O modelo AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction), permitiu identificar genótipos de quinoa com maior estabilidade em diferentes ambientes.

A altura de planta, o rendimento de massa seca e o peso de mil grãos, apresentaram elevada herdabilidade no sentido amplo contribuindo para à eficiência de seleção em quinoa.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVAREZ, M.; PAVÓN, J.; VON RÜTTE, S. Caracterización. In: CH, W. Quinoa: hacia su cultivo comercial. Quito: S.A, Latinreco, p. 5-30, 1990.
- AL-DAEJ, M. I. “Estimation of Heterosis, Heritability and Genetic Parameters for Some Agronomic Traits of Rice Using the Line × Tester Method.” *Journal of King Saud University - Science* 34 (4): 101906, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.JKSUS.2022.101906>.
- ALI, M.; ELSADEK, A.; SALEM, E. “Stability Parameters and AMMI Analysis of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Egyptian Journal of Agronomy* 40 (1): 59–74, 2018. <https://doi.org/10.21608/AGRO.2018.2916.1094>.
- ANCHICO-JOJOA, W, PEIXOTO, J. R.; SPEHAR, C.R.; VILELA, M. S. “Calculation of the Thermal Units for 13 Codes of the BBCH Scale of 12 Progenies of Quinoa in the Growing Conditions of the Brazilian Savanna.” *Revistas.Uptc.Edu.Co*, 2021. <https://doi.org/10.17584/rcch.2021v15i3.13109>.
- ANCHICO, W. A. Características Agronômicas de Genótipos de Quinoa Em Diferentes Altitudes e Densidades de Semeadura, 2018. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/32781>.
- ANCHICO, W.; SPEHAR, R. C.; VILELA, M. S. “Adaptability of Quinoa Genotypes to Altitudes and Population Densities in Colombia.” *Bioscience Journal* 36 (December): 14–21, 2020. <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n0a2020-48243>.
- ANDETA, A. F.; GEGNAW. S. T.; “Variability, Heritability and Genetic Advance for Some Yield and Yield Related Traits in Barley (*Hordeum Vulgare* L.) Landraces in Ethiopia Enset Project View Project.” *Article in International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 2015. <https://doi.org/10.3923/ijpbg.2015.68.76>.
- ANGELI, V.; SILVA, P. M.; MASSUELA, D. C.; KHAN, M. W.; HAMAR, A.; KHAJEHEI, F.; GRAEFF-HÖNNINGER, S.; PIATTI, C. “Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.): An Overview of the Potentials of the ‘Golden Grain’ and Socio-Economic and Environmental Aspects of Its Cultivation and Marketization.” *Foods* 9 (2), 2020. <https://doi.org/10.3390/foods9020216>.
- BERTERO, H. D.; KING, R. W.; HALL, A. J. “Photoperiod-Sensitive Development Phases in Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Field Crops Research* 60 (3): 231–43, 1999. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(98\)00128-2](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(98)00128-2).

BERTERO, H. D.; DE LA VEGA, A. J.; CORREA, G.; JACOBSEN, S. E.; MUJICA, A.; “Genotype and Genotype-by-Environment Interaction Effects for Grain Yield and Grain Size of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) as Revealed by Pattern Analysis of International Multi-Environment Trials.” *Field Crops Research* 89 (2–3): 299–318, 2004. <https://doi.org/10.1016/J.FCR.2004.02.006>.

BERTERO, H. D.; RUIZ, R. A. “Reproductive Partitioning in Sea Level Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) Cultivars.” *Field Crops Research* 118: 94–101, 2010. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.04.009>.

BHARGAVA, A.; SHUKLA, S.; OHRI, D.; “Genetic Variability and Interrelationship among Various Morphological and Quality Traits in Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Field Crops Research* 101 (1): 104–16, 2007. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.10.001>.

CEBALLOS-AGUIRRE, N.; VALLEJO-CABRERA, F. A.; MORILLO-CORONADO, Y. “Genotype-Environment Interaction for Production Characteristics in Cherry Tomato (*Solanum* Spp.)” *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas* 15 (2): e12608–e12608, 2021. <https://doi.org/10.17584/RCCH.2021V15I2.12608>.

CROSSA, J.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. “Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis of Two International Maize Cultivar Trials.” *Crop Science* 30 (3): 493–500, 1990. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI1990.0011183X003000030003X>.

CRUZ, C.D; CARNEIRO, S. P. C. “Modelos Biométricos Aplicados Ao Melhoramiento Genético.” 2006. <http://www.sidalc.net/cgi-bin/wxis.exe/?IsisScript=agroneo.xis;method=post;formato=2;cantidad=1;expresion=mfn=002174>.

CURTI, R. N.; DE LA VEGA, A. J.; ANDRADE, A. J.; BRAMARDI, S. J.; BERTERO, H. D. “Multi-Environmental Evaluation for Grain Yield and Its Physiological Determinants of Quinoa Genotypes across Northwest Argentina.” *Field Crops Research* 166 (September): 46–57, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2014.06.011>.

GABRIEL, K.R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*. 58 (3): 453–467. doi:10.1093/biomet/58.3.453.

GARCÍA-PARRA, M.; ZURITA-SILVA, A.; STECHAUNER-ROHRINGER, R.; ROA-ACOSTA, D.; JACOBSEN, S.E. “Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) and Its Relationship

with Agroclimatic Characteristics: A Colombian Perspective.” *Chilean Journal of Agricultural Research*. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, 2020. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392020000200290>.

GEERTS, S.; RAES, D.; GARCIA, M.; CONDORI, O.; MAMANI, J.; MIRANDA, R.; CUSICANQUI, J.; TABOADA, C.; YUCRA, E.; VACHER, J. “Could Deficit Irrigation Be a Sustainable Practice for Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) in the Southern Bolivian Altiplano?” *Agricultural Water Management* 95 (8): 909–17, 2008. <https://doi.org/10.1016/J.AGWAT.2008.02.012>.

GONZÁLEZ, J. A.; EISA, S.; HUSSIN, S. S.; PRADO, F. E. “Quinoa: An Incan Crop to Face Global Changes in Agriculture.” In *Quinoa: Improvement and Sustainable Production*, 1–18. Wiley, 2015. <https://doi.org/10.1002/9781118628041.ch1>.

JOJOA, W. A.; PEIXOTO, J. R.; SPEHAR, C. R.; VILELA, M. S.; FAGIOLI, M.; NOBREGA, D.; CRUZ, J.; OLIVEIRA, A. “Evaluation of the Physiological Quality of Quinoa Seeds.” *African Journal of Agricultural Research* 17 (5): 802–8, 2021. <https://doi.org/10.5897/AJAR2020.15099>.

KOTTEK, M.; GRIESER, J.; BECK, C.; RUDOLF, B.; RUBEL, F. “World Map of the Köppen-Geiger Climate Classification Updated.” *Meteorologische Zeitschrift* 15 (3): 259–63, 2006. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2006/0130>.

LI, G.; ZHU, F. “Amylopectin Molecular Structure in Relation to Physicochemical Properties of Quinoa Starch.” *Carbohydrate Polymers* 164 (May): 396–402, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.carbpol.2017.02.014>.

MALIRO, M. F. A.; GUWELA, V.; NYAIKA, J.; MURPHY, K. “Preliminary Studies of the Performance of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) Genotypes under Irrigated and Rainfed Conditions of Central Malawi.” *Frontiers in Plant Science* 0 (February): 227, 2017. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2017.00227>.

MANJARRES-HERNÁNDEZ, E. H.; MORILLO-CORONADO, A. C.; OJEDA-PÉREZ, Z. Z.; CÁRDENAS-CHAPARRO, A.; ARIAS-MORENO, D. M. “Characterization of the Yield Components and Selection of Materials for Breeding Programs of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.)” *Euphytica* 2021 217:6 217 (6): 1–14, 2021. <https://doi.org/10.1007/S10681-021-02837-5>.

NIETO, C. . E. A. INIAP-Ingapirca e INIAP-Tunkahuan: dos variedades de quinua de bajo contenido de saponina. INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS. ECUADOR , p. 25. 1992. (228).

PEREIRA, E.; ENCINA-ZELADA, C.; BARROS, L.; GONZALES-BARRON, U.; CADAVEZ, V.; FERREIRA, I. “Chemical and Nutritional Characterization of Chenopodium Quinoa Willd (Quinoa) Grains: A Good Alternative to Nutritious Food.” *Food Chemistry* 280 (May): 110–14, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.12.068>.

PEREZ-REA, D.; ANTEZANA-GOMEZ, R. “The Functionality of Pseudocereal Starches.” In *Starch in Food: Structure, Function and Applications: Second Edition*, 509–42, 2018. Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100868-3.00012-3>.

POPAYÁN, A. M. D. Alcaldia Municipal de Popayán, 2022. Disponível em:

<<http://popayan.gov.co/ciudadanos/popayan/nuestra-geografia>>. Acesso em: 3 de janeiro de 2022.

QUILICHAO, A. D. S. D. Información del Municipio, 2021. Disponível em: <<http://santanderdequilichao-cauca.gov.co/MiMunicipio/Paginas/Informacion-del-Municipio.aspx>>. Acesso em: 16 OUT 2021.

REZZOUK, F. Z.; SHAHID, M. A.; ELOUAFI, I. A.; ZHOU, B.; ARAUS, J.L.; SERRET, M. D. “Agronomic Performance of Irrigated Quinoa in Desert Areas: Comparing Different Approaches for Early Assessment of Salinity Stress.” *Agricultural Water Management* 240 (October): 106205, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2020.106205>.

ROCHA. J. E. “Controle Genético de Caracteres Agronômicos Em Quinoa (Chenopodium Quinoa Willd),” 2011. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/9450>.

ROSSI S. J.; RAPHAEL I. “Análises Biplot: Conceitos, Interpretações e Aplicações Biplot Analysis: Concepts, Interpretations and Uses” 42 (8): 2012.

SANTIS, G.; D’AMBROSIO, T.; RINALDI, M.; RASCIO, A. “Heritabilities of Morphological and Quality Traits and Interrelationships with Yield in Quinoa (Chenopodium Quinoa Willd.) Genotypes in the Mediterranean Environment.” *Journal of Cereal Science* 70 (July): 177–85, 2016. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2016.06.003>.

SAÑUDO, B. . G. A. C. B. J. Z. Y. J. B. Perspectivas de la quinua dulce para la región andina de Nariño. Pasto: Unigraf, 2005.

SCHMIDT, P., HARTUNG, J., BENNEWITZ, J., & PIEPHO, H. P. Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. *Genetics*, 212(4), 991-1008. 2019. <https://doi.org/10.1534/genetics.119.302134>

SOARES D. V.; ECHER, M. M.; KLIEMANN, M. A.; LANG, J. “Selection and Recommend of Quinoa (Chenopodium Quinoa) Genotypes Based on the Yield Genotypic.” *Rev. Ceres*, no. 2: 117–23, 2019. <https://doi.org/10.1590/0034-737X201966020006>.

SOUZA, F, J. “Descrição de Estádios Fenológicos, Maturação, Qualidade Fisiológica de Sementes e Diversidade Genética Em Quinoa.”2017. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/23982>.

SPEHAR, C. R.; SANTOS, R. L. “Agronomic Performance of Quinoa Selected in the Brazilian Savannah.” *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 40 (6): 609–12, 2005. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2005000600012>.

SPEHAR, C. R.; ROCHA, J. E.; SANTOS, R. L. “Desempenho Agronômico e Recomendações Para Cultivo de Quinoa (Brs Syetetuba) No Cerrado.” *Pesquisa Agropecuária Tropical* 41 (1): 145–47, 2011. <https://doi.org/10.5216/PAT.V41I1.9395>.

SPEHAR, C. . Quinoa: alternativa para a diversificação agrícola e alimentar. Planaltina,DF: Embrapa Cerrados, 2007.

SRINIVASA R.A.; REDDY, P. S.; RATHORE, A.; REDDY, B.; PANWAR, S.; BHAVAN, K. “Application GGE Biplot and AMMI Model to Evaluate Sweet Sorghum (Sorghum Bicolor) Hybrids for Genotype × Environment Interaction and Seasonal Adaptation.” *Indian Journal of Agricultural Sciences* 81 (5): 438–82, 2011.

THIAM, E.; ALLAOUI, A.; BENLHABIB, O. “Quinoa Productivity and Stability Evaluation through Varietal and Environmental Interaction.” *Mdpi.Com*, 2021. <https://doi.org/10.3390/plants10040714>.

THORAT, B. S.; KUNKERKAR R.; SAWANT B.; KRISHI, K.; APEETH, V.; CHAVAN I. “Heritability Study in Hybrid Rice (Oryza Sativa L.)” ~ 1450 ~ *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry* 6 (5): 1450–53, 2017.

- TONK, F. A.; ILKER, E.; TOSUN, M. “Evaluation of Genotype x Environment Interactions in Maize Hybrids Using GGE Biplot Analysis.” *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11 (1): 01–09, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332011000100001>.
- VASCONCELOS, E. S.; HOEPERS, L. M.; AMARAL, R. G.; EGEWARTH, V. A.; STRENSKE, A. “Genetic Parameters and Productivity of Quinoa in Western Paraná State, Brazil.” *Acta Scientiarum. Agronomy* 38 (2): 185–91, 2016. <https://doi.org/10.4025/ACTASCIAGRON.V38I2.27530>.
- WALTERS, H.; CARPENTER-BOGGS, L.; DESTA, K.; YAN, L.; MATANGUIHAN, J.; MURPHY, K. “Effect of Irrigation, Intercrop, and Cultivar on Agronomic and Nutritional Characteristics of Quinoa.” *Http://Dx.Doi.Org/10.1080/21683565.2016.1177805* 40 (8): 783–803, 2016. <https://doi.org/10.1080/21683565.2016.1177805>.
- WARDOFA, G. A.; MOHAMMED, H.; ASNAKE, D.; ALEMU, T. “Genotype X Environment Interaction and Yield Stability of Bread Wheat Genotypes in Central Ethiopia.” *Journal of Plant Breeding and Genetics* 7 (2): 87–94, 2019. <https://doi.org/10.33687/PBG.007.02.2847>.
- YADAV, R. K. “Genetic Parameters and Their Association with Grain Yield in Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd) under Late Sown Condition.” *International Journal of Farm Sciences* 11 (3): 37–39, 2021. <https://doi.org/10.5958/2250-0499.2021.00031.8>.
- YAN, W.; KANG, M. “GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists.” 2002. <https://doi.org/10.1201/9781420040371>
- ZHOU, Y. L.; CUI, L. H.; YOU, X. Y.; JIANG, Z. H.; QU, W. H.; LIU, P. D.; DONG Y. M.; CUI, Y. Y. “Effects of Repeated and Continuous Dry Heat Treatments on the Physicochemical and Structural Properties of Quinoa Starch.” *Food Hydrocolloids* 113 (April): 106532, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2020.106532>.
- ZURITA-SILVA, A.; FUENTES, F.; ZAMORA, P.; JACOBSEN, S. E.; SCHWEMBER, A. “Breeding Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.): Potential and Perspectives.” *Molecular Breeding* 34 (1): 13–30, 2014. <https://doi.org/10.1007/S11032-014-0023-5>.

CAPÍTULO 5

HIBRIDAÇÃO ENTRE PROGÊNIES E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DA GERAÇÃO F₂ EM QUINOA

HIBRIDAÇÃO ENTRE PROGÊNIOS E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DA GERAÇÃO F₂ EM QUINOA

RESUMO

A quinoa originária da América do Sul, tem grande potencial para a inovação e desenvolvimento de produtos alimentícios, devido ao seu conteúdo proteico e benefícios nutricionais. Processos de hibridação têm sido usados em programas de melhoramento genético para obter caracteres desejáveis em progênies recombinantes. Este trabalho teve como objetivo, obter híbridos por cruzamento natural a partir de cultivares comerciais do Brasil e da Colômbia. Avaliações em F₂ permitiram identificar progênies com características desejáveis para futuros programas de melhoramento genético. Arranjos de cruzamentos foram conduzidos em três locais: Estação Biológica e a Fazenda Água Limpa, Universidade de Brasília, Brasil e na Fazenda Experimental Prosperidade, Cauca-Colômbia. Foram utilizados quatro progenitores (progênies), dois selecionados na cultivar BRS Syetetuba (BX4 e BX8), um na cultivar Aurora (A88) e uma da cultivar Piartal (P88). Duas metodologias foram utilizadas à obtenção de híbridos: semeadura em vasos e semeadura em campo. Marcadores morfológicos foram utilizados na identificação dos híbridos. Estes se autofecundaram para a obtenção da geração F₂, a qual foi avaliada junto com os genitores para características agronômicas, parâmetros genéticos e correlação. As progênies de quinoa apresentaram porcentagem de polinização aberta entre 3,81% a 19,88%, a depender da distância entre as plantas e polinizadores. A pigmentação roxa, caráter qualitativo de herança monogênica, foi dominante sobre a ausência de pigmentação. Entre os híbridos se destacou P88 x BX4, apresentando valores de rendimento de grão superior aos 3000 kg ha⁻¹. Em todas as características avaliadas foi identificada elevada herdabilidade e altos coeficientes de variação genética, o que pode auxiliar na seleção mais eficiente de genótipos a partir da geração F₂.

Palavras chave: *Chenopodium quinoa*, Parâmetros Genéticos, Melhoramento Genético de Quinoa.

NATURAL HYBRIDIZATION BETWEEN QUINOA PROGENIES AND AGRONOMIC CHARACTERISTICS OF THE F₂ GENERATION IN QUINOA

ABSTRACT

Hybridization processes have been used in quinoa genetic improvement. This work aimed to obtain hybrids from natural crossing schemes between self-pollinated progenies of commercial cultivars from Brazil and Colombia. Hybrids were identified in purple leaf seedlings (dominant) over absence of pigment (recessive) and cross-pollination rate estimated. Purple leafed plants were grown into the F₂ generation, to evaluate potential of hybrids on quinoa breeding programs. Experiments were carried out in three locations: Estação Biológica and Fazenda Água Limpa at the University of Brasília- Brazil and at Fazenda Experimental Prosperidade in Colombia. Four selfed progenies from cultivars BRS Syetetuba (BX4 and BX8), one from the cultivar Aurora (A88) and one from the cultivar Piartal (P88). Two schemes were used to obtain hybrids by open pollination; the first by sowing in pots, placing recessive (BRS Syetetuba) in the middle; the second in the field, by sowing dominant and recessive in alternate rows, spaced by 50 cm. Purple leaf color marker was used to identify the hybrid seedling from BRS Syetetuba seeds. Hybrids were self-fertilized to obtain the F₂ seeds. These were grown in the field with the parental in rows equally spaced by 50 cm. Agronomic characteristics were measured, genetic parameters and correlation calculated. Under the experimental conditions quinoa presented a percentage of open pollination between 3.81% and 19.88%. Among the hybrids, the most outstanding was the one between P88 x BX4, presenting grain yield values higher than 3000 kg ha⁻¹. For all the traits, high heritability and high coefficients of genetic variation were identified, possibility of genotype selection from F₂ generation.

Keywords: *Chenopodium quinoa*, Genetic Parameters, Genetic Improvement of Quinoa.

1. INTRODUÇÃO

A Quinoa (*Chenopodium Quinoa*), é uma planta alotetraploide ($2n = 4x = 36$) com segregação diplóide (GIUSTI,1970). Originária da América do Sul, tem grande potencial para a inovação e desenvolvimento de produtos alimentícios, devido ao seu conteúdo proteico e benefícios nutricionais (AYUB et al., 2021). Apresenta conteúdo de proteína entre 15,6 -18,7% com amplo espectro de aminoácidos, ricos em arginina, lisina, e ácidos graxos insaturados (RODRÍGUEZ et al., 2021). A quinoa pode-se adaptar a diferentes condiciones agroecológicas, graças à alta variabilidade fenotípica, que pode-se reconhecer pela pigmentação da planta, inflorescências, sementes, ciclos precoces, intermédios e tardios, tamanho do grão, tipo de panícula, resistência a fatores abióticos como a seca, geladas, alta umidade, salinidade (ANCHICO et al., 2020; MANJARRES-HERNÁNDEZ et al., 2021). Adicionalmente, a quinoa é um produto pouco exigente é uma ótima alternativa para entornos marginais (FUENTES ;BHARGAVA, 2011). Pode se desenvolver em diferentes altitudes que vão desde os 0 até os 4000 m (GONZÁLEZ et al., 2011).

A variabilidade genética da quinoa tem permitido que os produtores realizem sementeiras em diferentes regiões agroecológicas. Dentre as características desejáveis no melhoramento genético destacam-se menores ciclos de planta, maior tamanho da semente e maiores rendimentos (BAZILE et al., 2014). Os programas de melhoramento têm se baseado em seleção massal, seleção por progênie, obtenção de linhagens por hibridações e por retrocruzamento (MURPHY et al., 2018). Há grande variedade de cores nas plantas e sementes, tipos de panícula e ramificações, diferenças em rendimento de grãos e massa seca, diferença nos ciclos, tolerância a estresses abióticos e resistência a doenças (FUENTES ; BHARGAVA, 2011). Por técnicas de cruzamento e estudos populacionais têm determinado mecanismos de herança da cor da planta, pigmentação do caule axilar, tipo de inflorescência, teor de saponina, cor do grão, precocidade, altura da planta e esterilidade masculina (MURPHY et al., 2018).

A Quinoa é uma espécie ginomonóica, contendo flores hermafroditas e femininas na mesma planta (RISI; GALWEY,1984). As flores hermafroditas contêm um único pistilo geralmente rodeado por cinco anteras, embora o número de anteras possa variar consideravelmente. As flores femininas são menores e não têm anteras (PETERSON et al., 2015). Os processos de cruzamento de quinoa podem ser feitos no campo e na estufa, embora, é muito importante ter condições ambientais favoráveis para o crescimento e desenvolvimento das plantas (PETERSON et al., 2015). Devido ao tamanho diminuto das flores, a emasculação

manual tem-se mostrado muito difícil para em hibridações artificiais (JACOBSEN ; STØLEN, 1993). Entretanto, é possível induzir cruzamento natural mesmo considerando que a quinoa é predominantemente autógama, com taxas variáveis de hibridação natural (MURPHY et al., 2016). Esta hibridação depende da coincidência na floração, distância entre plantio, vento e presença dos polinizadores (SILVESTRI ; GIL, 2000).

Diferentes estratégias tem sido propostas para hibridações e identificação de híbridos F₁, usando marcadores moleculares e morfológicos (qualitativos) de fácil detecção e herança dominante, como cor do caule, cor da inflorescência, teor de saponina, cor da semente, cor do hipocótilo e pigmentação da axila (EMRANI et al., 2020; PETERSON et al., 2015). Em quinoa, hibridação tem sido usada no melhoramento genético com objetivo de reunir caracteres desejados de diferentes acessos híbridos recombinantes (GOMEZ-PANDO, 2015). Este trabalho teve como objetivo, estimar a taxa de hibridação natural a partir de progênies de cultivares comerciais do Brasil e da Colômbia e avanço da geração F₂, para futuros programas de melhoramento genético de quinoa.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em dois locais no Brasil e um na Colômbia, de acordo com as descrições abaixo.

2.1 Local de desenvolvimento experimental no Brasil

O experimento foi conduzido na Estação Biológica Experimental da Universidade de Brasília e na Fazenda Água Limpa, da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, localizada nas coordenadas 15°56' S e 47°55' W a uma altitude de 1.100m. A região apresenta clima do tipo AW, segundo a classificação de Köppen, com um verão chuvoso, de outubro a abril, e inverno seco, de maio a setembro (KOTTEK et al., 2006).

2.2 Local de desenvolvimento experimental na Colômbia

O experimento foi desenvolvido na Fazenda Experimental Prosperidad, Município de Popayán, com altitude de 1.850 m, localizada nas coordenadas 2° 27' LN e 76° 37'18 "LW. Apresentando temperaturas medias de 19 °C (POPAYÁN, 2021).

2.3 Seleção dos progenitores

A seleção dos progenitores (progênes) foi realizada tendo em conta características de interesse agrônômico como precocidade, peso de grão, tamanho de planta, rendimento do grão, cor do grão e índice de colheita, usando característica morfológica de herança monogênica definida de identificação e diferenciação de híbridos (PETERSON et al., 2015). Assim, foram utilizados progenitores (progênes) com característica dominante de presença de pigmentação nas folhas, inflorescências e axilas e progênes com característica recessiva de ausência de pigmentação (EMRANI et al., 2020) (Figura 1).

2.4 Características dos progenitores (progênes)

BRS Syetetuba - cultivar desenvolvida no Brasil. Apresenta ciclo de 120 dias, altura média de planta de 180 cm, grãos com pericarpo branco envolvido pelo perigônio, que se abre durante a maturação. As sementes apresentam alta qualidade e tolerância a ambientes de alto estresse (DE ALENCAR et al., 2021), peso médio de 2,5 g e 3,3 g (peso de 1000 grãos) nos cultivos de verão e de inverno, respectivamente, contendo até 18 g 100⁻¹ g de proteína, rendimento de grãos 2,3 t ha⁻¹ e massa seca 7,5 t ha⁻¹. Apresenta ausência de pigmentação (Spehar et al., 2011). As progênes usadas a partir dessa cultivar foram: BX4 e BX8.

Aurora - cultivar obtida pela Faculdade de Ciências Agrícolas da Universidad de Nariño - Colômbia, com adaptação para altitudes entre 2300 e 3000 m. Apresenta precocidade com ciclo aproximado de 85 a 140 dias. Possui baixa estatura, com tamanho de 90 cm a 130 cm e rendimento de 1.8 a 2.4 t ha⁻¹. Os grãos ficam descobertos na maturação, apresentando menor tolerância à debulha. As sementes são brancas e pequenas, com diâmetro menor de 2 mm (SAÑUDO, 2005) e as plantas são pigmentadas (cor púrpura). De Aurora selecionou-se a progênie A88.

Piartal - cultivar que teve origem na província de Carchi, norte de Equador. A planta é igualmente pigmentada (cor púrpura), pode chegar até 240 cm de altura e apresenta susceptibilidade ao míldio. O grão é branco opaco, com aproximadamente 2 mm de diâmetro. Apresenta rendimento médio de 2.3 t ha⁻¹ (ALVAREZ et al., 1990). A progênie selecionada a partir de Piartal foi P88.

2.5 Cultivo dos progenitores

Progênies com características morfológicas das cultivares BRS Syetetuba procedente do Brasil, Aurora originária da Colômbia e Piartal procedente do Equador foram cultivadas no campo experimental da Universidade de Brasília (UnB). Progênies com presença de pigmentação na inflorescência e axilas (dominante) foram as originárias de Aurora (A88) e Piartal (P88), progenitores masculinos (Figuras 1a e 2a). Progênies com ausência de pigmentação (recessivo) foram os originários de BRS Syetetuba (BX4 e BX8), foram usadas como progenitores femininos (Figuras 1b e 2b).



Figura 1. Identificação dos progenitores etapas iniciais a) plantas com pigmentação (doadores, dominantes); b) Plantas sem pigmentação (receptores, recessivos). Fonte: Anchico-Joja (2022).



Figura 2. Identificação dos progenitores na floração a) plantas com pigmentação (doadores, dominantes); b) Plantas sem pigmentação (receptores, recessivos). Fonte: Anchico-Jojoa (2022).

A semeadura dos progenitores realizou-se utilizando duas metodologias:

2.6 Semeadura em vasos (Metodologia 1): foram colocados 5 vasos de 2 L, sendo semeada a metade dos vasos semanalmente para ampliar as possibilidades de coincidência na floração. Progênes de plantas pigmentadas de Aurora (A88) e Piartal (P88) circundaram progênes de BRS Syetetuba (BX4 e BX8). Os vasos dos progenitores masculinos (pigmentados), foram colocados nos extremos, e no centro foi colocado o genitor feminino como receptor (sem pigmentação) (Figura 3). As plantas foram mantidas sob proteção durante o seu período vegetativo até o início da formação da panícula e floração. Posteriormente, foram transferidas para ambiente aberto, ventilado, permitindo a visita de insetos polinizadores. O procedimento foi repetido 3 vezes, para garantir o êxito dos cruzamentos.



Figura 3. Desenho: semeadura em vasos. Fonte: Anchico-Joja (2022).

2.7. Semeadura no campo (Metodologia 2): foram plantados quatro experimentos no campo para determinar a porcentagem de cruzamento natural e a obtenção de híbridos. Dois experimentos foram plantados na Fazenda Água Limpa, Universidade de Brasília (UnB), Brasil e dois experimentos foram plantados na Fazenda Experimental Prosperidad Popayán, Cauca, Colômbia. Para estes cruzamentos se identificaram progenitores com presença ou ausência de pigmentação como característica contrastante. A cor verde foi apresentada pela progênie BX4 como receptora e recessiva. As progênies A88 e P88 da cultivar Aurora e Piartal, com pigmentação dominante, atuaram como doadoras. Nos dois locais foram semeadas alternadamente 10 linhas dos genótipos. Cada linha apresentava 5m de comprimento e um espaçamento de 0,5 m, mantendo-se 25 plantas m^{-1} .



Figura 4. Desenho: semeadura em campo (Metodologia 2). Fonte: Anchico-Joja (2022).

2.7 Colheita das sementes F₁

Nas duas metodologias realizou-se colheita de sementes das progênes receptoras (recessivas).

Colheita das plantas metodologia 1: para a colheita das sementes da F₁, foram selecionadas todas as panículas das plantas receptoras (sem pigmentação); BX4 e BX8 as quais são originárias da cultivar BRS Syetetuba.

Colheita das plantas metodologia 2: das 5 linhas semeadas do genótipo BX4 (receptor), foram selecionadas, ao acaso 10 plantas, em cada linha, sendo posteriormente debulhadas e contabilizadas 100 sementes de cada planta para a semeadura.

2.8 Semeadura sementes geração F₁

Semeadura metodologia 1: todas as sementes obtidas das plantas receptoras foram plantadas no campo na Fazenda Água Limpa da UnB. Trinta dias antes da semeadura, o solo foi preparado com adição de calcário e fertilizante orgânico, aplicado no sulco de plantio na quantidade de 2 toneladas por ha⁻¹, calculada segundo análise química de solo e recomendações ao cultivo. Semeou-se em sulcos de 5m de comprimento com espaçamento de 0,5 m.

Semeadura metodologia 2: foram semeados 50 sulcos de cada planta receptora. Realizando o mesmo manejo do solo da metodologia anterior. Os sulcos tiveram 5 m de comprimento, espaçamento de 0.5 m, com densidade de 20 sementes m⁻¹.

2.9 Seleção das plantas metodologia 1 e 2.

Para o cálculo da porcentagem de polinização aberta foi utilizada a metodologia descrita por Silvestri e Gil, (2000). Colheram-se todas as plantas que apresentaram pigmentação nas inflorescências, folhas, axilas e no caule determinando-se a proporção (equação 1).

Equação 1.

$$cnd = \frac{\text{Plantas Pigmentadas (Rr)}}{\text{Plantas Pigmentadas (Rr)} + \text{Plantas sem pigmentação(rr)}} \times 100$$

No início da antese as panículas foram cobertas com uma sacola de papel para evitar os cruzamentos naturais. Posteriormente, as sementes foram coletadas e armazenadas em câmara fria a 5°C.



Figura 5. Identificação de híbridos F₁, pela presença de pigmentação do oxalato de cálcio nas folhas. Fonte: Anchico-Jojoa (2022).

2.10 Semeadura da geração F₂

A semeadura foi realizada na Fazenda Experimental Prosperidad, Município de Popayán-Colômbia. Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições e oito tratamentos (genótipos): quatro progênies (A88, P88, BX8, BX4) e os híbridos obtidos entre A88 x BX8, A88 x BX4, P88 x BX8 e P88 x BX4. Cada parcela foi formada por 3 linhas de 2,5 m de comprimento, espaçadas por 0,5 m. Cada linha foi semeada com 30 plantas m⁻¹, sendo utilizada uma área útil de 1,5 m² para avaliação. O solo foi preparado, 30 dias antes da semeadura, com aplicação de fertilizante orgânico e calcário. As adubações de plantio e cobertura, foram realizadas de acordo com a análise química do solo (Tabela 1) e seguindo as recomendações de Spehar (2007), 60 kg ha⁻¹ de N, 60 kg ha⁻¹ de P e 60 kg ha⁻¹ de K.

Tabela 1: Resultado da análise química do solo da área experimental nos locais avaliados. Profundidade de 0-20 cm.

Local	pH	P (mg/dm ³)	Al	Ca	Mg	K
------(meq/100g) -----						
Brasil						
Fazenda Água Limpa, Universidade de Brasília - Brasil	5,50	22,2	0,0	3,20	1,30	0,46
Colômbia						
Fazenda Experimental Prosperidad - Colômbia	5,74	3,16	0,20	5,02	0,87	0,22

2.11 Avaliações Agronômicas da geração F₂

2.11.1 Altura de plantas: distância em centímetros, do nível do solo até o ápice da inflorescência de 10 plantas amostradas ao acaso por parcela, antes da colheita do experimento, enquanto nos demais foi feito por visada da altura média das plantas com auxílio de uma trena colocada no centro da parcela.

2.11.2 Comprimento da panícula: utilizaram-se 10 plantas para avaliação das panículas medidas do ápice da panícula principal até a base da inserção. Os resultados foram expressos em cm panícula⁻¹.

2.11.3 Peso de sementes: depois de secas em ambiente natural, sombreado e ventilado as panículas foram submetidas à debulha mecânica, limpando-se as sementes com auxílio de peneiras e ventilador, mantendo-as em sacos de papel. Antes da pesagem foi determinado o teor de água, corrigindo-se para 13%. A massa dos grãos pesada com auxílio de balança de precisão a 0,001g e os resultados expressos em gramas planta⁻¹;

2.11.4 Rendimento de matéria seca: as plantas cortadas na sua base foram acondicionadas em sacos de polipropileno trançado mantidos abertos e dependurados até atingirem peso constante, avaliados por pesagens amostrais de toda a parte aérea, com valores extrapolados para toneladas ha⁻¹;

2.11.5 Índice de Colheita (IC): o índice de colheita foi determinado dividindo a produção de grãos planta⁻¹ pela produção de fitomassa planta⁻¹ (massa seca das plantas) acima do solo: *Equação 2:*

$$IC = \frac{\text{produção de grãos}}{\text{produção de fitomassa}} 100$$

2.11.6 Peso de 1000 grãos e rendimento: para esta avaliação utilizou-se oito repetições de 100 sementes (SOUZA, 2017). Para evitar-se interferência de variações no teor de água, mediu-se a umidade, contando-se ao acaso 100 sementes com oito repetições. Em seguida as sementes de cada repetição foram pesadas numa balança de precisão 0,001g. sobre as oito repetições de 100 sementes, calculou-se a variância, o desvio padrão e o coeficiente de variação:

Equação 3:

$$\text{Variância} = \frac{n(\sum x^2) - (\sum x)^2}{n(n-1)}$$

Onde: x = peso de cada repetição

n = número de repetições

Σ = somatória

Equação 4:

Desvio Padrão (S) = $\sqrt{\text{Variância}}$

Coeficiente de Variação (CV) = $\frac{S}{\bar{x}} \times 100$

Onde: \bar{x} = peso médio de 100 sementes.

Multiplicou-se por 10 o peso médio obtido para coeficiente de variação abaixo de 4%.

2.11.7 Rendimento: após da colheita da área útil (0,9 m²), realizou-se a debulha, e o material foi submetido à ventilação para separar impurezas. Posteriormente os grãos foram pesados e os resultados expressos em gramas. Esta determinação foi realizada com a seguinte fórmula:

Equação 5:

$$\text{Kg h}\bar{a}^1 = \frac{\text{peso parcela útil} \times 10.000\text{m}^2}{\text{Área parcela útil m}^2}$$

2.12 Análises estatísticas

Para análise estatística utilizou-se o Software Genes (CRUZ, 2013). Foram realizadas análises de variância para todas as características, com teste de F ($p \leq 0,05$), e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott. Calculou-se os parâmetros genéticos e não genéticos, incluindo correlações entre as características. Adicionalmente, foram calculadas as frequências (fenotípicas e genotípicas), para plantas com e sem pigmentação, numa proporção fenotípica de 3:1. Para essa avaliação foi utilizado o teste qui-quadrado (X^2), para verificar se as frequências observadas ajustam-se às frequências esperadas (RAMALHO et al., 2012).

Equação 6:

$$X^2 = \frac{\Sigma (\text{Frequência Observada} - \text{Frequência Esperada})^2}{\text{Frequência Esperada}}$$

Estimaram-se os seguintes parâmetros genéticos:

Variância fenotípica entre médias: $\sigma^2f = (\text{QMT}/r)$

Onde:

σ^2f = variância fenotípica; r = repetições;

QM = quadrado médio dos tratamentos.

Variância genotípica entre médias: $\sigma^2g = (QMT/QMR)/r$

Onde:

σ^2g = variância genotípica;

QMT = quadrado médio dos tratamentos; QMR = quadrado médio do resíduo;

r = repetições;

Variância ambiental: $\sigma^2e = (QMR/r)$

Onde:

σ^2e = variância ambiental;

QMR = quadrado médio do resíduo; r = repetições.

Herdabilidade no sentido amplo: $h^2 = \sigma^2g / \sigma^2f$ Onde:

h_a^2 = herdabilidade

σ^2g = variância genotípica;

σ^2f = variância fenotípica.

Coefficiente de variação genética: $CVg = (100\sqrt{\sigma^2g})/m$

Onde:

CVg = coeficiente de variação genética;

σ^2g = variância genotípica;

m = corresponde a média geral do caráter.

Correlações fenotípicas: $r_f = PMP_{xy} / \sqrt{QMP_x \cdot QMPT_y}$

Onde:

r_f = correlação fenotípica;

PMP_{xy} = produto médio das progênes/tratamentos;

QMP_x = quadrado médio do caráter x das progênes/tratamentos; $QMPT_y$ = quadrado médio das progênes/tratamentos totais.

Correlações genéticas: $r_g = \sigma^2_{gxy} / \sqrt{\sigma^2_{gx} \sigma^2_{gy}}$

Onde:

r_g = correlação genotípica;

σ^2_{gxy} = estimador da covariância genética dos caracteres X e Y;

σ^2_{gx} e σ^2_{gy} = estimadores da variância genéticas dos caracteres X e Y respectivamente.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em todos os experimentos houve sincronia na floração dos progenitores com e sem pigmentação. Essa condição favoreceu a hibridação natural. As progênies de Aurora, Piartal e Sytetuba, apresentaram sementes com boa qualidade, medida pela alta porcentagem de germinação, como reportado por (JOJOA et al., 2021). Adicionalmente, mostraram ciclo (número de dias à floração e maturação) similar, permitindo sincronia nos estádios das plantas, incluindo a floração, como reportado em estudos de cálculo de acumulação térmica nesses genótipos (ANCHICO-JOJOA et al., 2021). Amostras de sementes da geração F₁, obtidas a partir da metodologia 1, foram semeadas para avaliar as porcentagens de cruzamento natural em um total de 2000 sementes F₁ por híbrido. Destas amostras, avaliou-se 1705, representando 85,27% de germinação (Tabela 2).

Tabela 2. Valores da polinização aberta. Metodologia 1 (Semeadura em vaso). Brasília, DF-Brasil.

Data de semeadura	Genitores	Sementes semeadas	Mudas avaliadas	Mudas não pigmentadas	Mudas pigmentadas	% de CN
15/08/2019	P88 x BX8	2000	1670	1338	332	19,88
27/08/2019	P88 x BX4	2000	1601	1401	200	12,49
15/08/2019	A88 x BX8	2000	1801	1743	58	3,22
27/08/2019	A88 x BX4	2000	1750	1510	240	13,71
Media Geral		2000	1705,5	1498	207,5	12,33

CN: Cruzamento natural.

Observou-se 207,5 plantas com presença de pigmentação e 1,498 plantas sem pigmentação visível. Portanto, a média de cruzamento natural (CN) foi de 12,33%, com destaque para o híbrido P88 x BX8 com 19,88%. Entretanto, no cruzamento A88 x BX8 a taxa foi de apenas 3,22% (Tabela 2). Estudos têm demonstrado que o cruzamento natural em quinoa depende de muitos fatores, tais como: vento, distância de semeadura e presença de insetos como tripses pulgões verdes, *Diptera spp.*, e abelhas (*Apis sp.*) (MURPHY et al., 2018).

Das sementes F₁ obtidas a partir da metodologia 2, 5000 foram usadas das plantas receptoras selecionadas (sem pigmentação). Dessas sementes, foram avaliadas 4112 plantas, que representaram (82,24%) de germinação (Tabela 3).

Verificou-se que 246,25 plantas (5,99% do total) apresentaram pigmentação nas axilas, hipocótilo e folhas, oriunda da herança monogênica dominante, com uma taxa de eficiência para identificação real de F₁ de 70,86%, na característica cor da axila e 88,89% na cor de hipocótilo (EMRANI et al., 2020). Maior porcentagem de cruzamento natural (CN) foi observada no ensaio experimental no Brasil, no híbrido P88 x BX4 com 8,63% de CN. Ao passo

que, no experimento realizado no ano 2020 na Fazenda Experimental Prosperidad, Colômbia, a porcentagem média de CN nas duas datas de semeadura foi de 5,76% (Tabela 3).

Tabela 3. Valores de cruzamento natural. Metodologia 2 (Semeadura em campo). Brasília, DF-Brasil / Popayán- Colômbia.

Data	Genitores	# Sementes Semeadas	# Mudanças Avaliadas	# Mudanças não Pigmentadas	# Mudanças Pigmentadas	% de CN
FAL, UNB (Brasil)						
23/08/2019	P88 x BX4	5000	4055	3705	350	8,63
20/05/2019	A88 x BX4	5000	3990	3838	152	3,81
Fazenda Experimental Prosperidad (Colômbia)						
17/07/2020	P88 x BX4	5000	4253	4059	194	4,56
1/03/2020	A88 x BX4	5000	4150	3861	289	6,96
Media Geral		5000	4112	3865,75	246,25	5,99

CN: Cruzamento natural.

O valor médio de cruzamento natural ocorrido com as duas metodologias de semeadura, foi de 9,16%, localizado entre 0,5 a 17%, (EMRANI et al., 2020; MURPHY et al., 2016; SILVESTRI, 2000). O híbrido P88 x BX8, apresentou porcentagem de hibridação superior a 17%, demonstrando que a eficiência da hibridação pode variar segundo os arranjos de cruzamentos e sincronia na floração (EMRANI et al., 2020). Os métodos para avaliar cruzamento natural usados nesse experimento mostraram-se eficientes na hibridação natural. Métodos de hibridação artificial podem ser empregados, como a emasculação manual ou por imersão em água quente (PETERSON et al., 2015).

A seleção foi continuada na geração F₂ identificando-se segregação que representa possíveis recombinantes (PETERSON et al., 2015; SILVESTRI, 2000). Além da segregação por coloração, identificou-se variações no conteúdo de saponina, tamanho do grão, tipo de inflorescência e qualidade da semente (ROCHA, 2011; MURPHY et al., 2018). Considerando que cor da planta é controlada por um par de alelos com dominância para presença de pigmentação, a segregação esperada em F₂ é de 3:1 (RAMALHO et al., 2012). Nesse sentido, constatou-se se os valores observados se ajustaram às proporções esperadas, baseados na probabilidade de ocorrência do evento por meio do teste Qui-quadrado (X^2) (Tabela 4, 5, 6 e 7).

Tabela 4. Estimativa do X^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F₂ do cruzamento P88 x BX8.

Fenótipo da Geração F ₂	Rf Esperada	Frequência		Desvios FO - FE	(FO-FE) ² / FE
		Observada	Esperada		
Presença de pigmentação	3	562	540	22	0,8962
Ausência de pigmentação	1	158	180	-22	2,6888
Total	4	720	720		X ² =3,5851

¹ GL⁻¹ = 1, Probabilidade = 5%

Tabela 5. Estimativa do X^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F₂ do cruzamento P88 x BX4.

Fenótipo Da Geração F ₂	Rf Esperada	Frequência		Desvios FO - FE	(FO-FE) ² / FE
		Observada	Esperada		
Presença de pigmentação	3	501	480	21	0,91875
Ausência de pigmentação	1	139	160	-21	2,7562
Total	4	640	640		X ² =3,675

¹ GL⁻¹ = 1, Probabilidade = 5%

Tabela 6. Estimativa do X^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F₂ do cruzamento A88 x BX8.

Fenótipo Da Geração F ₂	Rf Esperada	Frequência		Desvios FO - FE	(FO-FE) ² / FE
		Observada	Esperada		
Presença de pigmentação	3	608	585	23	0,9042
Ausência de pigmentação	1	172	195	-23	2,7128
Total	4	780	780		X ² =3,6170

¹ GL⁻¹ = 1, Probabilidade = 5%

Tabela 7. Estimativa do χ^2 (Qui - quadrado) para característica presença de pigmentação no caule, folhas, axilas e cor da inflorescência da F₂ do cruzamento A88 x BX4.

Fenótipo Da Geração F ₂	Rf Esperada	Frequência		Desvios FO - FE	(FO-FE) ² / FE
		Observada	Esperada		
Presença de pigmentação	3	417	435	-18	0,7448
Ausência de pigmentação	1	163	145	18	2,2344
Total	4	580	580		$\chi^2=2,9793$

¹ GL⁻¹ = 1, Probabilidade = 5%

Os valores encontrados do Qui-quadrado ($\chi^2= 3,5851$, $\chi^2= 3,675$, $\chi^2= 3,6170$, $\chi^2= 2,9793$) (Tabelas 4, 5, 6, 7) para todas as gerações foram menores que os tabelados ($\chi^2= 3,84$), a 5% de probabilidade (RAMALHO et al., 2012). Dessa forma, as frequências observadas se ajustaram em relação a proporção esperada, com desvios não significativos. Assim, a pigmentação em quinoa é determinada por herança monogênica dominante sobre ausência de pigmentação (ROCHA, 2011; EMRANI et al., 2020; PETERSON et al., 2015; SILVESTRI, 2000).

No campo experimental da Fazenda Prosperidad, foram semeados os progenitores e as progênies F₂, aonde todos os genótipos apresentaram diferenças estatísticas segundo o teste F, ($p \leq 0.01$) e ($p \leq 0.05$), na avaliação da altura de plantas (HP), comprimento de panícula (CP), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grãos (RG), peso de mil grãos (PMG) e índice de colheita (IC) (Tabela 8). O teste Scott-Knott de médias ($p \leq 0.05$) demonstrou a existência de diferenças significativas. Na característica HP a média foi de 139,87 cm, sendo P88 x BX4 e P88 x BX8, os híbridos de maior HP com 155,75 e 155 cm, respectivamente. Entretanto, o híbrido A88 x BX8 apresentou menor HP com 117,25 cm (Tabela 8). Na avaliação do comprimento de panícula (CP), a média foi de 35,18 cm, com destaque do híbrido P88 x BX8, com 45,50 cm, e o menor valor mostrado pela progênie A88 (progenitor), com 29,25 cm. No melhoramento genético da quinoa busca-se estabelecer metodologias para selecionar por maior tamanho da panícula a fim de aumentar os rendimentos e a qualidade do grão (ZURITA-SILVA et al., 2014). O rendimento de massa seca (RMS) foi de 8411,96 kg h⁻¹, predominando o híbrido P88 x BX8 e P88 (progenitor), com 11065 e 10853,25 kg h⁻¹. Os genótipos A88 e A88 x BX8, apresentaram os menores valores com 5912,50 e 5950 kg h⁻¹.

Tabela 8. Teste de agrupamento de médias de quatro progenitores e quatro progênes F₂ de quinoa, na avaliação das características agrônômicas: altura da planta (PH), comprimento de panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC).

TRATAMENTO (G)	HP (cm)	CP(cm)	RMS (Kg h ⁻¹)	RG (Kg h ⁻¹)	PMG g	IC%
P88 x BX4	155,75 a	39,75 b	9775,0 b	2595,00 c	2,74 b	26,55 b
P88 x BX8	155,00 a	45,50 a	11065,0 a	3100,25 a	2,78 b	28,01 a
BX4	145,75 b	34,00 d	8325,0 c	2485,00 c	2,87 a	30,07 a
BX8	145,50 b	34,00 d	8167,50 c	2285,25 d	2,52 c	27,98 a
P88	144,25 b	35,75 c	10853,2 a	2814,50 b	2,82 a	25,97 b
A88 x BX4	132,00 c	29,75 e	7247,50 d	2027,50 e	2,71 b	27,97 a
A88	123,50 d	29,25 e	5912,50 e	1542,50 f	2,47 c	26,12 b
A88 x BX8	117,25 e	33,50 d	5950,00 e	1305,00 g	2,40 d	21,98 c
MEDIA	139,875	35,18	8411,96	2269,37	2,66	26,83
CV (%)	1,28	3,01	5,11	3,69	2	5,58
Teste F	18,25**	7,55**	5,34**	7,92**	12,69**	10,03**

¹Médias seguidas pelas mesmas letras, em cada coluna, não diferem entre si pelo Teste Scott-Knott a 5% de probabilidade.

** : significativo teste F, (p<0,01).

Em quinoa o rendimento e tamanho do grão são decisivos entre os critérios de seleção, devendo ser abordados no melhoramento genético (BERTERO et al., 2004). A média de rendimento de grãos (RG) foi de 2269,3 kg h⁻¹ com destaque para o híbrido P88 x BX8, que apresentou valores superiores à média com 3100,25 kg ha⁻¹. Entretanto, o híbrido A88 x BX8, mostrou menores rendimentos de grãos, com 1305 kg ha⁻¹. O progenitor mais destacado foi P88 com 2814 Kg ha⁻¹. Dados similares foram encontrados nesse mesmo genótipo em condições de 1100 e 1800 m de latitude na Colômbia, sendo, dessa forma, promissor para o melhoramento genético em outras regiões (ANCHICO et al., 2020). De outro lado, o progenitor com menores resultados foi A88 com 1305 kg h⁻¹ (Tabela 8). Progênes superiores de quinoa têm sido obtidas também por seleção por pedigree (genealógico) ou genealógico modificado (SSD) (EMRANI et al., 2020).

O peso de mil grãos (PMG) apresentou média de 2,17g com maiores resultados dos progenitores BX4 com 2,87g e P88 com 2,82g. Em F₂ com maior PMG, estão os cruzamentos P88 x BX8 e P88 x BX4 com 2,78 e 2,74g, respectivamente. As progênes originárias da cultivar BRS Syetetuba (BX4 e BX8), apresentaram valores similares aos reportados em condição da Savana Brasileira (SPEHAR et al., 2011). O índice de colheita (IC) mostrou média de 26,83%, com destaque para o progenitor BX4, com 30,07%. Em todos os cruzamentos houve diferenças estatísticas, possivelmente em razão do resultado da segregação e as características genéticas de cada cruzamento (ROCHA, 2011).

A estimativa dos parâmetros genéticos foi realizada para altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grãos (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC), usando progenitores e progênes F₂ (Tabelas 8, 9 e 10). O cálculo dos parâmetros genéticos em quinoa têm auxiliado os programas de melhoramento genético no sentido de se obter mais sucesso na seleção de genótipos superiores, tendo em conta características quantitativas (YADAV, 2021). Além disso, as relações entre o coeficiente de variação genotípica (CV_g) o coeficiente de variação ambiental (CV_e) e a herdabilidade (h_a²) são parâmetros que medem a confiabilidade dos dados e o sucesso na seleção de genótipos superiores (VASCONCELOS et al., 2016). O coeficiente de variação genotípica é a proporcionalidade de ganho em ralação à media, nesse sentido, espera-se que seja maior que o coeficiente ambiental (AMABILE et al., 2015). Todas as variáveis apresentaram dados superiores de CV_g em relação ao CV_e (Tabela 9), evidenciando que a contribuição genética foi maior ao efeito ambiental tornando efetiva a seleção (ROCHA, 2011).

Tabela 9. Parâmetros genéticos para características agrônômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) de quatro parentais e quatro progênes F₂ de quinoa.

Parâmetro genético	HP	CP	RMS	RG	PMG	IC
σ^2_f	198,978	28,78	4085819,45	379192,749	0,031	5,627
σ^2_e	10,901	3,809	764982,466	47845,805	0,002	0,561
σ^2_g	188,077	24,971	3320836,98	331346,944	0,028	5,066
h _a ² (%)	94,522	86,764	81,277	87,382	92,12	90,03
CV _g (%)	9,8	14,202	21,664	25,356	6,306	8,388
CV _e (%)	4,719	11,095	20,795	19,271	3,688	5,583
CV _g /CV _e (%)	2,077	1,28	1,042	1,316	1,71	1,503

Variância fenotípica (σ^2_f), Variância genotípica (σ^2_g), Variância ambiental (σ^2_e), herdabilidade no sentido amplo (h_a²), coeficiente de variação genética (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e), razão entre coeficiente de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e).

Os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h_a²) apresentaram valores elevados nas variáveis analisadas, variando entre 81,27% até 94,52% (Tabela 9). Altos coeficientes de herdabilidade estão relacionados a uma maior variabilidade genética e maior precisão seletiva (FILHO et al., 2009), aumentando a probabilidade de sucesso na seleção de quinoa (VASCONCELOS et al., 2016). As estimativas da razão CV_g/CV_e, nas características avaliadas expressaram valores de 2,07 (HP), 1,28 (CP), 1,04 (RMS), 1,31 (RG), 1,71 (PMG), 1,5 (IC). Sendo que todas as variáveis mostraram valores superiores a 1,0. Essas progênes apresentam

índice de seleção favorável, medida pela relação CV_g/CV_e , com valores próximos ou superiores a 1,0 (VASCONCELOS et al., 2016).

A estimativa dos parâmetros genéticos evidenciou que a variância genotípica foi maior em todas as variáveis (Tabela 10). Os coeficientes de variação genotípica foram superiores no rendimento de grãos (23,54), em contraste com altura de planta (1,77). A herdabilidade foi alta em todas as variáveis, com valores de 84,17, na avaliação do índice de colheita e 99,3% no rendimento de grãos, demonstrando que em todas as características avaliadas houve maior variação genética, confirmando a eficiência na seleção dos progenitores.

Tabela 10. Parâmetros genéticos de características agrônômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) dos progenitores de quinoa.

Parâmetros genéticos	HP	CP	RMS	RG	PMG	IC
σ^2_f	117,792	7,792	4078858,27	290545,307	0,041	3,689
σ^2_e	1,542	0,167	75505,627	1937,891	0,001	0,584
σ^2_g	116,25	7,625	4003352,64	288607,417	0,04	3,105
h_a^2	98,691	97,861	98,149	99,333	96,808	84,175
CV_g (%)	7,715	8,305	24,064	23,544	7,49	6,399
CV_e (%)	1,777	2,456	6,61	3,858	2,72	5,549
CV_g/CV_e (%)	4,342	3,382	3,641	6,102	2,754	1,153

Variância fenotípica (σ^2_f), Variância genotípica (σ^2_g), Variância ambiental (σ^2_e), herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), coeficiente de variação genética (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e), razão entre coeficiente de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e).

A geração F_2 , também apresentou resultados similares em todas as variáveis analisadas, demonstrando valores da variância genética superiores à variância ambiental (Tabela 11). Assim, o coeficiente de variação genotípica foi maior na avaliação do rendimento de grão (27,3%) e no peso de mil sementes (6,5%). A herdabilidade foi alta em todas as características avaliadas, o que permite estabelecer processos de seleção mais precisos a partir da geração segregante em programas de melhoramento genético.

Tabela 11. Parâmetros genéticos de características agronômicas: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) da geração F₂.

Parâmetros genéticos	HP	CP	RMS	RG	PMG	IC
σ^2_f	351,542	48,188	5425251,56	594762,932	0,03	8,119
σ^2_e	0,264	0,521	6126,563	2581,655	0	0,397
σ^2_g	351,278	47,667	5419125	592181,278	0,03	7,721
h_a^2	99,925	98,919	99,887	99,566	99,384	95,108
CV _g (%)	13,387	18,597	27,357	34,096	6,509	10,634
CV _e (%)	0,734	3,888	1,84	4,503	1,025	4,824
CV _g /CV _e (%)	18,243	4,783	14,871	7,573	6,35	2,205

Variância fenotípica (σ^2_f), Variância genotípica (σ^2_g), Variância ambiental (σ^2_e), herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), coeficiente de variação genética (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e), razão entre coeficiente de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e).

A estimativa de correlação fenotípica e genética entre as características avaliadas (Tabelas 12 e 13), demonstram que, em valores absolutos, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas, (AMABILE et al., 2015). As correlações fenotípicas e genotípicas permitem elevar a probabilidade de ganho por seleção (FERREIRA, 2006). Características como altura de plantas, rendimento de massa seca e rendimento de grão apresentaram correlação positiva altamente significativa, tanto para a correlação fenotípica como para correlação genotípica (Tabela 12). Dados semelhantes foram observados por (BHARGAVA et al., 2007).

O rendimento de massa seca teve correlação significativa (genotípica e fenotípica) com o rendimento de grãos. Assim, como o peso de mil grãos com o índice de colheita (Tabela 12) (ANCHICO et al., 2018). O comprimento de panícula correlacionou-se positivamente com a altura de plantas, significativo na geração F₂ (Tabela 13). Genótipos com maior altura tendem a desenvolver panículas mais longas (BHARGAVA et al., 2007; ROJAS, 2006).

Tabela 12. Estimativa de correlações Fenotípicas (rF) e Genotípicas (rG) entre: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) dos genitores.

Caractere	r	HP	CP	RMS	RG	PMG	IC
HP	F	1	0,7888	,9662 *	,9559 *	0,8792	0,714
	G	1	0,7964	,9708 *	,9621 *	0,8911	0,7366
CP	F		1	0,8921	0,8144	0,498	0,3068
	G		1	0,9164	0,8312	0,5247	0,2972
RMS	F			1	,9852 *	0,8345	0,6845
	G			1	,9874 **	0,8372	0,7075
RG	F				1	0,9073	0,7972
	G				1	0,9125	0,8089
PMG	F					1	,9599 *
	G					1	,9937 **
IC	F						1
	G						1

**significativo ($p \leq 0,01$).

*significativo ($p \leq 0,05$).

Na geração F₂, observou-se uma correlação significativa entre os caracteres comprimento da panícula e o rendimento de grão ($r=0,9837$) (Tabela 13). O tamanho da panícula tem mostrado influenciar o rendimento de grãos (BHARGAVA ; OHRI, 2016). O peso do grão apresentou uma alta correlação com o rendimento do grão, sendo essa uma característica importante que determina a produtividade da quinoa (MANJARRES-HERNÁNDEZ et al., 2021). Assim, a seleção dessa característica deve proporcionar a obtenção de genótipos com maior potencial de rendimento (SPEHAR ; SANTOS, 2005).

Tabela 13. Estimativa de correlações Fenotípicas (rF) e Genotípicas (rG) entre: altura da planta (PH), comprimento da panícula (PL), rendimento de massa seca (RMS), rendimento de grão (RG), peso de 1000 grãos (PMG) e índice de colheita (IC) da geração F₂.

Caractere	r	HP	CP	RMS	RG	PMG	IC
HP	F	1	0,9196	0,7439	0,8859	0,6386	0,8389
	G	1	11,402	0,7448	11,336	0,7153	99
CP	F		1	0,9452	,9837 *	0,6985	0,7205
	G		1	1,049	18,781	11,932	99
RMS	F			1	,9573 *	0,7139	0,5751
	G			1	13,989	0,9118	99
RG	F				1	0,8115	0,7788
	G				1	0,8964	99
PMG	F					1	0,877
	G					1	99
IC	F						1
	G						1

**significativo ($p \leq 0,01$).

*significativo ($p \leq 0,05$).

4. CONCLUSÕES

O cruzamento natural variou entre 3,81% e 19,88%, dependendo do arranjo espacial, sincronia na floração, agentes polinizadores e distância entre plantas.

O uso de marcador fenotípico, monogênico, com dominância para pigmentação permitiu recuperar híbridos naturais em esquemas de hibridações.

Herdabilidade no sentido amplo e coeficientes de variação genética elevados aumentaram a eficiência de seleção, a partir da geração F₂;

Houve elevada correlação entre rendimento de massa seca, comprimento de panícula e rendimento de grão, características relevantes em melhoramento genético da quinoa.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVAREZ, M.; PAVÓN, J.; VON RÜTTE, S. Caracterización. In: CH, W. Quinoa: hacia su cultivo comercial. Quito: S.A, Latinreco, 1990 a. p. 5-30.
- AMABILE, R.; FALEIRO, G.; RICARDO, J. *Estimation of Genetic Parameters, Phenotypic, Genotypic and Environmental Correlations on Barley (Hordeum Vulgare L.) Grown Under Irrigation Conditions in the Brazilian Savannah Interciencia*. 40(4), 255–262, 2015. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33935906004>
- ANCHICO - JOJOA, A.; PEIXOTO, J. R.; SPEHAR, C. R.; VILELA, M. S. Calculation of the thermal units for 13 codes of the BBCH scale of 12 progenies of quinoa in the growing conditions of the Brazilian savanna. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 15(3), e13109–e13109, 2021. <https://doi.org/10.17584/RCCH.2021V15I3.13109>
- ANCHICO, W., (2018). Características agronômicas de genótipos de quinoa em diferentes altitudes e densidades de semeadura. Dissertação de mestrado, Universidade de Brasília. 2018. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/32781>
- ANCHICO, W.; SPEHAR, C. R.; VILELA, M. S. Adaptability of quinoa genotypes to altitudes and population densities in Colombia. *Bioscience Journal*, 36, 14–21, 2020. <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n0a2020-48243>
- AYUB, M.; CASTRO-ALBA, V.; LAZARTE, C. E. Development of an instant-mix probiotic beverage based on fermented quinoa with reduced phytate content. *Journal of Functional Foods*, 87, 104831, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.JFF.2021.104831>
- BAZILE, D.; BERTERO, D.; NIETO, C. Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013: FAO (Santiago de Chile) y CIRAD (Montpellier, Francia). *Perspectivas Nutraceuticas de la Quinoa: Propiedades Biológicas y aplicaciones funcionales*. FAO pp, 341-57, 2014.
- BERTERO, H. D.; DE LA VEGA, A. J.; CORREA, G.; JACOBSEN, S. E. MUJICA, A. Genotype and genotype-by-environment interaction effects for grain yield and grain size of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) as revealed by pattern analysis of international multi-environment trials. *Field Crops Research*, 89(2–3), 299–318, 2004. <https://doi.org/10.1016/J.FCR.2004.02.006>

- BHARGAVA, A.; OHRI, D. Origin of Genetic Variability and Improvement of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). 241–270, 2016. https://doi.org/10.1007/978-3-319-27096-8_8
- BHARGAVA, A.; SHUKLA, S.; OHRI, D. Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Field Crops Research*, 101(1), 104–116, 2007. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.10.001>
- CRUZ, C.; D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>
- DARWINIANA, L. G. El género *Chenopodium* en Argentina: I. Números de cromosomas. JSTOR, 1970. Retrieved November 16, 2021, from <https://www.jstor.org/stable/23213870>
- DE ALENCAR, E. R.; JOJOA, W. A.; SILVA, K. N.; SILVA, N. O. Ozonation of quinoa seeds (*Chenopodium quinoa* Willd.): Saturation and decomposition kinetics of ozone and physiological quality of seeds. *Semina: Ciências Agrárias*, 2021. 42(3), 1019–1032. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2021v42n3p1019>
- DE 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*, 38(2), 185–191, 2016. <https://doi.org/10.4025/ACTASCIAGRON.V38I2.27530>
- EMRANI, N.; HASLER, M.; PATIRANAGE, D. S. R.; NATHALY, M. T.; REY, E. JUNG, C. An efficient method to produce segregating populations in quinoa (*Chenopodium quinoa*). *Plant Breeding*, 139(6), 1190–1200, 2020. <https://doi.org/10.1111/PBR.12873>
- FERREIRA, P. V. Melhoramento de Plantas – Herança Quantitativa e Cruzamentos Dialélicos. Volume 4, EDUFAL, Maceió, p.281 – 355, 2006.
- FILHO, A. C.; STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(10), 1225–1231, 2009. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009001000003>
- FUENTES, F.; BHARGAVA, A. Morphological Analysis of Quinoa Germplasm Grown Under Lowland Desert Conditions. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 197(2), 124–134, 2011. <https://doi.org/10.1111/J.1439-037X.2010.00445.X>

- GOMEZ-PANDO, L. Quinoa Breeding. *Quinoa: Improvement and Sustainable Production*, 87–108, 2015. <https://doi.org/10.1002/9781118628041.CH6>
- GONZÁLEZ, J. A.; BRUNO, M.; VALOY, M.; PRADO, F. E. Genotypic Variation of Gas Exchange Parameters and Leaf Stable Carbon and Nitrogen Isotopes in Ten Quinoa Cultivars Grown under Drought. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 197(2), 81–93, 2011. <https://doi.org/10.1111/J.1439-037X.2010.00446.X>
- JACOBSEN, S.-E.; STØLEN, O. Quinoa - Morphology, phenology and prospects for its production as a new crop in Europe. *European Journal of Agronomy*, 2(1), 19–29, 1993. [https://doi.org/10.1016/S1161-0301\(14\)80148-2](https://doi.org/10.1016/S1161-0301(14)80148-2)
- JOJOA, W. A.; PEIXOTO, J. R.; SPEHAR, C. R.; VILELA, M. S.; FAGIOLI, M.; NOBREGA, D.; CRUZ, J.; OLIVEIRA, A. Evaluation of the physiological quality of quinoa seeds. *African Journal of Agricultural Research*, 17(5), 802–808, 2021. <https://doi.org/10.5897/AJAR2020.15099>
- KOTTEK, M.; GRIESER, J.; BECK, C.; RUDOLF, B.; RUBEL, F. World Map of the Köppen-Geiger climate classification updated. *Meteorologische Zeitschrift*, 15(3), 259–263, 2006. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2006/0130>
- MANJARRES-HERNÁNDEZ, E. H.; ARIAS-MORENO, D. M.; MORILLO-CORONADO, A. C.; ZARELY OJEDA-PÉREZ, Z.; CÁRDENAS-CHAPARRO, A.; ARIAS-MORENO, E. H. Phenotypic Characterization of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) for the Selection of Promising Materials for Breeding Programs. *Plants* Vol. 10, Page 1339, 10(7), 1339. 2021. <https://doi.org/10.3390/PLANTS10071339>
- MANJARRES-HERNÁNDEZ, E. H.; MORILLO-CORONADO, A. C.; OJEDA-PÉREZ, Z. Z.; CÁRDENAS-CHAPARRO, A.; ARIAS-MORENO, D. M. Characterization of the yield components and selection of materials for breeding programs of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Euphytica* 2021 217:6, 217(6), 1–14, 2021. <https://doi.org/10.1007/S10681-021-02837-5>
- MURPHY, K. M.; BAZILE, D.; KELLOGG, J.; RAHMANIAN, M. Development of a Worldwide Consortium on Evolutionary Participatory Breeding in Quinoa. *Frontiers in Plant Science*, 7, 608, 2016. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2016.00608/BIBTEX>

MURPHY, K. M.; MATANGUIHAN, J. B.; FUENTES, F. F.; GÓMEZ-PANDO, L. R.; JELLEN, E. N.; MAUGHAN, P. J.; JARVIS, D. E. Quinoa Breeding and Genomics. *Plant Breeding Reviews*, 257–320, 2018. <https://doi.org/10.1002/9781119521358.CH7>

PETERSON, A.; JACOBSEN, S. E.; BONIFACIO, A.; MURPHY, K. A Crossing Method for Quinoa. *Sustainability* 2015, Vol. 7, Pages 3230-3243, 7(3), 3230–3243, 2015. <https://doi.org/10.3390/SU7033230>

POPAYÁN, A. M. D. Alcaldía Municipal de Popayán, 2022. Disponível em:

<<http://popayan.gov.co/ciudadanos/popayan/nuestra-geografia>>. Acesso em: 3 de janeiro de 2022.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. D.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. D.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. D. Genética na agropecuária. *rev. Lavras: Ufla*, 2012. Retrieved February 1, 2022, from https://scholar.google.es/scholar?hl=es;as_sdt=0%2C5;q=GENÉTICA+NA+AGROPECUÁRIA++ramalho;btnG=

RISI, J.; GALWEY, N. W. The Chenopodium grains of the Andes: Inca crops for modern agriculture. In *Advances in Applied Biology*, vol. 10 (Ed. Coaker, T. H.), pp. 145–216, 1984. London.

ROCHA, J. E. Controle genético de caracteres agronômicos em Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd). Tese de Doutorado, Universidade de Brasília, 2011. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/9450>

RODRÍGUEZ GÓMEZ, M. J.; MATÍAS PRIETO, J.; CRUZ SOBRADO, V.; CALVO MAGRO, P. Nutritional characterization of six quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) varieties cultivated in Southern Europe. *Journal of Food Composition and Analysis*, 99, 103876, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.JFCA.2021.103876>

ROJAS, W. Multivariate Analysis of Genetic Diversity of Bolivian Quinoa Germplasm. [Http://Dx.Doi.Org/10.1081/FRI-120018864](http://Dx.Doi.Org/10.1081/FRI-120018864), 19(1–2), 9–23, 2006. <https://doi.org/10.1081/FRI-120018864>

SAÑUDO, B. *Perspectivas de la quinua dulce para la región andina de Nariño*. Pasto: Unigraf, 2005.

SILVESTRI, V.; GIL, F. Allogamy in quinoa. Rate in Mendoza (Argentina). *Revista de La Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo*, 32(1), 71–76, 2000.

SOUZA, F. J. Descrição de estádios fenológicos, maturação, qualidade fisiológica de sementes e diversidade genética em quinoa. Tese de Doutorado, Universidade de Brasília, 2017. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/23982>

SPEHAR, C. R.; SANTOS, R. Agronomic performance of quinoa selected in the Brazilian Savannah. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 40, 609-612, 2005. from https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2005000600012;script=sci_arttext

SPEHAR, C. Quinoa: alternativa para a diversificação agrícola e alimentar. Planaltina,DF: Embrapa Cerrados, 2007.

SPEHAR, C. R.; DE BARROS SANTOS, R. L. Agronomic performance of quinoa selected in the Brazilian Savannah. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 40(6), 609–612, 2005. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2005000600012>

YADAV, R. K. Genetic parameters and their association with grain yield in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) under late sown condition. *International Journal of Farm Sciences*, 11(3), 37–39, 2021. <https://doi.org/10.5958/2250-0499.2021.00031.8>

ZURITA-SILVA, A.; FUENTES, F.; ZAMORA, P.; JACOBSEN, S. E.; SCHWEMBER, A. R. Breeding quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): Potential and perspectives. *Molecular Breeding*, 34(1), 13–30, 2014. <https://doi.org/10.1007/S11032-014-0023-5>

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Na atualidade as pesquisas realizadas de espécies alternativas, são necessárias, devido as mudanças climáticas, a necessidade de alimentação mais nutritiva e aos altos custos de produção. As culturas alternativas se apresentam como opções de diversificação dos sistemas produtivos, sendo que algumas contem consideráveis características de interesse. Nesse sentido, é necessário estabelecer pesquisas, que permitam produzir informação em manejo agrônomo, pós-colheita e agroindústria a fim de oferecer opções de produção aos agricultores. É assim, como a quinoa apresenta-se como um opção sustentável, para o seu estabelecimento em lugares diferentes da sua origem, tendo em conta que essa cultura oferece características desejadas na atualidade. Entretanto, é importante que a Universidade de Brasília, continue com programas de pesquisa nessa cultura, afim de fortalecer os processos adiantados. Atualmente, os programas de melhoramento genético na cultura da quinoa são insuficientes, por tanto, é indispensável estabelecer programas de pesquisa, para obtenção de materiais superiores, tendo em conta características como, tamanho do grão, tamanho de plantas para colheita mecanizada, quinoas com teores altos de saponinas para o seu uso na farmacêutica e para a obtenção de bioprodutos, e quinoas com baixo conteúdo de saponinas para uso alimentar, grãos com alta qualidade nutricional, plantas com alta produção de massa seca para a alimentação animal que sejam precoces e com altos rendimentos. Dessa forma, essa tese, gerou informação do potencial de adaptação da quinoa em diferentes ambientes, a grande variabilidade que apresenta, e suas altas características nutricionais. Esses resultados, poderão ser utilizados em futuros programas de melhoramento genético a fim de obter materiais adaptados as condições da Savana Brasileira.

ANEXOS

ANEXO A.



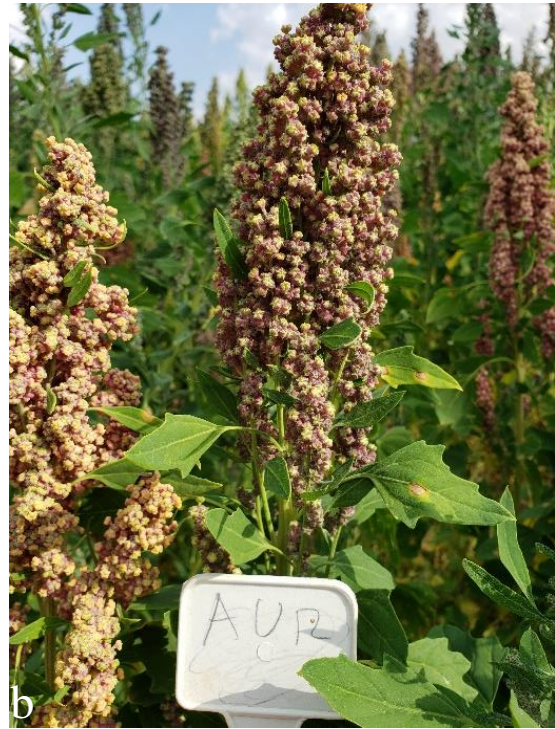
Figuras 1. a) Genótipo BRS Syetetuba (BX1); b) Genótipo BRS Syetetuba (BX4); c) Genótipo BRS Syetetuba (BX8); d) Genótipo BRS Syetetuba (BX2)

ANEXO B



Figuras 2. a) Genótipo BRS Syetetuba (BX6); b) Genótipo BRS Syetetuba (BX10); c) Genótipo BRS Syetetuba (BX5) d); Genótipo Piartal (P88).

ANEXO C



Figuras 3. a) Genótipo Tunkahuan (T88); b) Genótipo Aurora (A88); c) Genótipo Blanca Dulce (BLA).