

Divergência genética entre genótipos de quinoa quanto a crescimento morfológico e caracteres da panícula

GIOVANI ANDREAZZA DE OLIVEIRA¹; EDMAR SOARES DE VASCONCELOS^{2*};
DIANDRA ACHRE¹

¹Discente de Agronomia da Universidade Estadual do Oeste do Paraná - Unioeste, Rua Pernambuco 1770, Caixa Postal 91, CEP 85960-000, Marechal Cândido Rondon/PR. E-mail: giovaniandreaZZa@gmail.com

²Docente pela UNIOESTE, Rua Pernambuco 1770, Caixa Postal 91, CEP 85960-000, Marechal Cândido Rondon/PR. E-mail: edmar.vasconcelos@unioeste.br. *Autor para correspondência

RESUMO

Este trabalho objetivou identificar e selecionar genótipos de quinoa (*Chenopodium quinoa*) com maior distância genética entre si, para comporem os grupos de cruzamentos. Para tanto foram empregados genótipos de duas populações distintas de quinoa (Cherry Vanilla e Brilliant Rainbow), sendo avaliadas 15 características quantitativas para a determinação da distância genética e formação dos grupos com as plantas similares. O agrupamento foi feito pelo método do vizinho mais distante, a partir das distâncias euclidianas médias padronizadas, o que possibilitou a divisão de 44 genótipos em três grupos distintos. Os cruzamentos recomendados foram aqueles que envolveram genótipos de maior distância genética, exemplo genótipo 22 (grupo 1, pertencente a população Brilliant Rainbow) x genótipo 34 (grupo 3, pertencente a população Cherry Vanilla), genótipo 22 x genótipo 42 (grupo 2, pertencente a população Cherry Vanilla), genótipo 34 x genótipo 42, genótipo 1 (grupo 1, pertencente a população Brilliant Rainbow) x genótipo 34 e genótipo 1 x genótipo 42. Vale ressaltar a diferença genética existente entre os genótipos 34 e 42, uma vez que os mesmos pertencem a mesma população (Cherry Vanilla) e foram indicados como possível cruzamento para aumentar a variabilidade genética da população.

Palavras-chave: *Chenopodium quinoa*, Brilliant Rainbow, Cherry Vanilla, distância genética, melhoramento genético.

ABSTRACT

Genetic divergence among quinoa genotypes for morphological growth and panicle characters

This study aimed to identify and select genotypes of quinoa (*Chenopodium quinoa*) with greater genetic distance between them, to compose groups of crossing. For both genotypes were evaluated two distinct populations of *Chenopodium quinoa* (Cherry Vanilla and Brilliant Rainbow), 15 quantitative characteristics being evaluated to determine the genetic distance and formation of groups with similar plants. The grouping was done by the method of neighbor furthest from the standardized mean euclidean distances, which allowed the division of 44 genotypes into three distinct groups. The crossing were those recommended involving genetic distance greater genotypes, genotype example 22 (group 1, Brilliant population belonging to Rainbow) genotype 34 (third group, belonging to the population Cherry Vanilla), genotype 22 x genotype 42 (group 2, belonging Cherry Vanilla population), genotype 34 x genotype 42, genotype 1 (group 1, the population belonging Brilliant Rainbow) genotype 34 and genotype 1 x genotype 42. It is noteworthy genetic differences among genotypes 34 and 42, since they belong

the same population (Cherry Vanilla) and were denoted as intersection possible to increase the genetic diversity of the population.

Keywords: *Chenopodium quinoa*, Brilliant Rainbow, Cherry Vanilla, genetic distance, genetic improvement.

INTRODUÇÃO

Quinoa (*Chenopodium quinoa*) destaca-se como planta granífera, nativa e domesticada na região dos Andes, cultivada desde 5000 a.C. pelos incas e altamente apreciada devido a maior disponibilidade de proteínas e o rearranjo equilibrado de aminoácidos essenciais em relação aos cereais, assemelhando-se à caseína – proteína do leite (SPEHAR, 2006). O consumo de quinoa serviu para substituir parte da demanda de proteínas animais que em certas regiões de altitude elevada são escassas e, assim, tornou-se a base da alimentação de parte da população andina (TAPIA et al., 1997).

No Brasil, a quinoa foi introduzida recentemente, década de 1990, com intuito de diversificação do sistema produtivo no cerrado, sendo que as primeiras tentativas de adaptação ocorreram pela seleção de populações híbridas (SPEHAR & SOUZA, 1993). Em função da elevada quantidade de biomassa produzida, a quinoa apresenta-se como excelente alternativa para proteção do solo em sistema de plantio direto.

Segundo Santos et al. (2003), durante o processo de adaptação da quinoa no Brasil, tem-se buscado aspectos como tolerância à seca, acidez do solo, baixas temperaturas, e ainda elevado rendimento de grãos e biomassa. Apesar de a cultura apresentar crescimento inicial lento, após o período de trinta dias o crescimento acelera, com a planta podendo atingir até dois metros de altura (SPEHAR, 2006).

A quinoa é alotetraplóide ($2n = 4x = 36$), exibindo herança genética dissômica para a maioria das características qualitativas (WARD, 2000), condição que dificulta o ganho com a seleção em populações segregantes, tornando o processo seletivo cada vez mais complicado, devido a menor chance de ganho genético ao comparar com um organismo diplóide.

A eleição de genótipos com bom desempenho agrônômico e ampla base genética é um passo fundamental para um programa de melhoramento genético que envolva hibridação. Uma alternativa pouco viável para a eleição de genótipos parentais é a análise de seu desempenho individual e dos cruzamentos dialélicos, o que demanda muito tempo, sendo realizado através de cruzamentos manuais. Desta forma, para concentrar esforços nos cruzamentos mais promissores, os melhoristas, utilizam as medidas de divergência genética, diretamente relacionada com a heterose gerada na geração F1.

Este trabalho objetivou identificar e selecionar genótipos de quinoa (*Chenopodium quinoa*) com maior distância genética entre si, para comporem grupos de cruzamentos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Universidade Estadual do Oeste do Paraná, campus de Marechal Cândido Rondon, situada a 24° 33' S de latitude e 54° 02' O de longitude e altitude de 412 m. As atividades foram realizadas durante o período de 15 de setembro de 2010 com a semeadura até 10 de novembro de 2010, data em que foi realizada a última avaliação.

Foram avaliados 44 genótipos de quinoa, oriundos de duas populações distintas (Cherry Vanilla e Brilliant Rainbow). Os mesmos foram semeados em vasos contendo um terço de solo Latossolo Vermelho distroférrico (EMBRAPA, 2006), um terço de areia e um terço de esterco bovino. Em cada vaso foram dispostas duas plantas, tomando-se o cuidado para evitar a fecundação cruzada (as panículas foram protegidas no momento da fecundação das flores). As plantas foram nomeadas de genótipo 1 a genótipo 22 (população Brilliant Rainbow) e 23 a 44

(população Cherry Vanilla). Foi utilizado o método de irrigação localizada, onde a água é aplicada ao solo diretamente na região das raízes, molhando apenas parte do volume do solo, com baixa vazão e pressão, com intervalos de irrigação de dois dias, mantendo o solo úmido.

Foram avaliadas a altura da planta (distância do meristema apical à superfície do solo, em cm), diâmetro do colmo (a quatro cm de altura, em mm), e o número de folhas presentes na planta. As variáveis altura da planta, diâmetro do colmo e o número de folhas foram quantificadas aos 14, 28, 42 e 56 dias após a semeadura, (sendo que cada avaliação foi considerado uma variável na análise de dissimilaridade, já que o objetivo do trabalho era verificar a dissimilaridade e não o comportamento ao longo do tempo). Outra variável avaliada foi a estrutura da panícula, podendo se apresentar aberta ou fechada. A cor da panícula também foi determinada, empregando-se a análise visual posteriormente ao florescimento, diferenciando a panícula em verde ou roxa, também foi obtido o índice da velocidade de crescimento, conforme metodologia proposta por Silva et al. (2011).

Foram adotadas as medidas de distância euclidiana média padronizada como medida de dissimilaridade, e para agrupamento de genótipos empregou-se o método do vizinho mais distante. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O método do vizinho mais distante quando empregado na matriz de distância euclidiana média padronizada gerou os resultados apresentados na Figura 1. Vale ressaltar que se trata de procedimentos multivariados em que cada característica contribui em parte para a dissimilaridade final (CRUZ et al., 2012).

Visando melhor diferenciar os genótipos foi realizado um corte a aproximadamente 87% da variabilidade total encontrada nos dados do agrupamento, gerando com isso a formação de três grupos distintos. O corte em 70% muitas vezes é o melhor indicado (FERREIRA, 2006), porém, não existe uma teoria que diga em qual altura deve-se fazer o corte no gráfico, ficando a critério do pesquisador a decisão (VICINI, 2005).

O método de agrupamento do vizinho mais distante engloba um conjunto de técnicas e algoritmos, com objetivo de propor uma estrutura classificatória, de grupos, objetivando, mais especificamente, dividir o conjunto de observações em um número de grupos homogêneos, a partir das distâncias euclidianas médias padronizadas (REGAZZI, 2001). Mediante o emprego desta técnica foi possível obter o Grupo I (genótipos: 5, 11, 8, 17, 20, 39, 40, 6, 35, 25, 36, 10, 12, 7, 21, 9, 23, 30, 27, 29, 1, 22, 15, 18, 14, 33, 4, 37, 41, 32, 16, 19, 28 e 26), Grupo II (genótipos: 42, 43 e 44) e o Grupo III (2, 34, 13, 24, 3, 31 e 38).

Apenas o Grupo II possui genótipos de uma única população (Cherry Vanilla). No Grupo I existem 19 genótipos pertencentes a população Brilliant Rainbow e 15 genótipos da população Cherry Vanilla, enquanto que no Grupo III existem três genótipos da população Brilliant Rainbow e quatro genótipos da população Cherry Vanilla. O resultado deste agrupamento nos remete a condição de existência de variabilidade dentro das populações avaliadas, assim como a proximidade genética entre as populações Brilliant Rainbow e Cherry Vanilla.

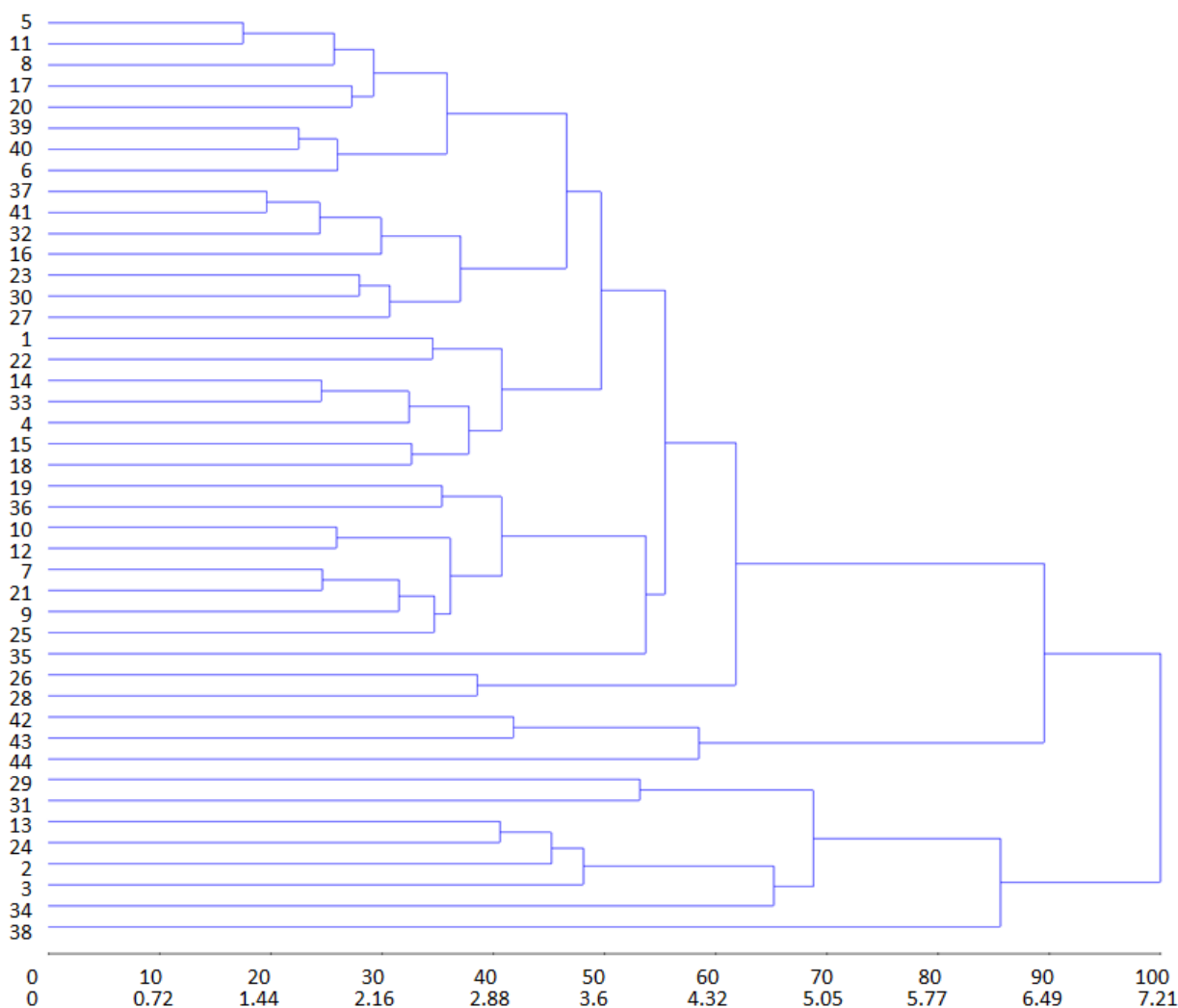


FIGURA 1 - Dendrograma obtido a partir de quinze caracteres, envolvendo crescimento morfológico e de características da panícula de quinoa, agrupados pelo método do vizinho mais distante, Marechal Cândido Rondon/PR, 2010.

Pelo fato do Grupo I ter maior número de indivíduos, neste foi selecionado dois indivíduos para compor o bloco de cruzamentos, enquanto que nos Grupos II e III foi selecionado apenas um genótipo de cada grupo.

Diversos autores recomendam a utilização de genótipos com maior divergência genética possível em cruzamentos, possibilitando aumentar a heterose manifestada nos híbridos. Tal fato aumenta a probabilidade da ocorrência de genótipos superiores nas gerações segregantes, ampliando assim, a base genética. Pela estatística multivariada foi esperado que em um grupo, os genótipos apresentem uma alta taxa de similaridade, por este motivo recomenda-se o cruzamento entre indivíduos de grupos distintos (DESTRO, 1991). Com base nestas premissas, para se estabelecer os cruzamentos procurou-se eleger os genótipos com maior distância genética.

Para se eleger quatro genótipos para cruzamento poderíamos escolher quaisquer dois genótipos no Grupo I, um genótipo no Grupo II e outro do Grupo III. Contudo, ainda foi levado em consideração a distância média padronizada na hora dessa escolha, sendo os genótipos 22 e 1, pertencentes ao Grupo I, selecionados por apresentarem maior distância para com os genótipos 42 e 34 que foram selecionados nos Grupos II e III, respectivamente.

Como os genótipos 1 e 22 são do mesmo grupo, então, não devem ser cruzados, de maneira que os cruzamentos recomendados são entre os genótipos 22 x 34, 22 x 42, 34 x 42, 1 x 34 e 1 x 42, os quais possuem distâncias genéticas apresentadas na Tabela 1.

TABELA 1. Medidas de dissimilaridades entre alguns genótipos de quinoa cultivados em casa de vegetação em Marechal Cândido Rondon/PR, ano de 2010.

Genótipos	22 e 34	22 e 42	34 e 42	1 e 34	1 e 42	22 e 1
Distâncias	3,2196	1,8090	3,1089	3,1452	1,7045	0,6445

Os resultados apresentados na Tabela1 evidenciam a dissimilaridade entre os genótipos de quinoa avaliados. Estes mostraram que ocorreu maior dissimilaridade entre os genótipos 23 e 34 (distância Euclidiana média de 3,2196) e a menor dissimilaridade entre os genótipos 22 e 1 (com valor estimado de 0,6445 de distância Euclidiana média) que foram agrupados no Grupo I.

Por intermédio das estimativas destas distâncias, foi possível identificar entre os genótipos avaliados, aqueles mais divergentes, sendo estes, os genótipos recomendados para programas de melhoramento (WARD, 2000), podendo-se obter resultados próximos ao esperado por Amorim et al. (2007), que ao estudar a divergência genética entre genótipos de girassol constatou que existia variabilidade genética entre os genótipos e que era possível identificar aqueles diferentes para uso em esquemas de hibridação e/ou seleção com o objetivo de incorporar as características favoráveis de cada parental em uma mesma população ou mesmo obter novas linhagens, e a partir desses genótipos, disponibilizar nova variabilidade ao programa de melhoramento genético da cultura para a formação de novas populações.

CONCLUSÕES

Os cruzamentos recomendados através da análise de agrupamento para diversidade genética são entre os genótipos 22 x 34, 22 x 42, 34 x 42, 1 x 34 e 1 x 42.

Foi verificada diferença genética dentro da população Cherry Vanilla, já que os genótipos 34 e 42, pertencentes a esta população foram indicados como possível cruzamento para evidenciar a variabilidade genética.

AGRADECIMENTOS

A Universidade Estadual do Oeste do Paraná e ao CNPq/Fundação Araucária pela possibilidade de realizar a iniciação científica.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMORIM, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIIH, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, n.6, p.1637-1644, 2007.

CRUZ, C.D. **Programa Genes** - Análise multivariada e simulação. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. v.1. 175p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. v.1. 514p.

DESTRO, D. **Capacidade de combinação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) apropriados para o consumo humano**. Piracicaba: ESALQ, 1991. 158p. Tese de Doutorado.
EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2ed. Brasília, Embrapa Produção de Informação, 2006. 306p.

FERREIRA, P.V. **Melhoramento de Plantas – Bases genéticas da seleção e da hibridação**, 2a. ed. Maceió: EDUFAL, 2006. 190p.

REGAZZI, A.J. **INF 766 - Análise multivariada**. Viçosa: UFV, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Informática, 2001. 166p. Apostila de disciplina.

SANTOS, R.L.B.; SPEHAR, C.R.; VIVALDI, L. Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) reaction to herbicide residue in a Brazilian Savannah soil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.6, p.771-776, 2003.

SILVA, R.M. da, AGUIAR, A.V.M de, CARDOSO, E.A., OLIVEIRA, L.A.A., LIMA, J. G.A. Germinação e crescimento inicial de mudas de cinco espécies de maracujá (*Passiflora* spp.) visando obtenção de porta-enxerto. **Revista Verde**, Mossoró, v.6, n.1, p.131–135, 2011.

SPEHAR, C.R.; SOUZA, P.I.M. Adaptação da quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) ao cultivo nos cerrados do Planalto Central: resultados preliminares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.5, p.635-639, 1993.

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

TAPIA, M.H.; GANDARILLAS, S.; ALANDIA, A.; CARDOZO, R.; MUJICA, R.; ORTIZ, J.; OTAZU, J.; REA, B.; SALAS, E; ZANABRIA, E. **Quinoa y kañiwa: Cultivos andinos**. CIID-IICA. Bogotá, Colombia, 1997.

VICINI, L.; SOUZA, A.M. **Análise multivariada da teoria à prática**. 1. ed. Santa Maria, CCNE, 2005. 215p.

WARD, S.M. Allotetraploid segregation for single-gene morphological characters in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd). **Euphytica**, v.116, p.11–16, 2000.