

## RESUMEN

Autor **Allende Ciballero, M.J.**  
 Autor corporativo **Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima (Peru). Escuela de Posgrado, Maestría en Mejoramiento Genético de Plantas**  
 Título **Caracterización morfológica y molecular de accesiones de quinua (Chenopodium quinoa Willd.) para estimar variabilidad genética**  
 Impreso Lima : UNALM, 2017

Copias

Ubicación

Código

Estado

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	<b>F30. A44 - T</b>	EN PROCESO
Descripción	79 p. : 18 fig., 9 tablas 75 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Mag Sc)	
Bibliografía	Posgrado : Mejoramiento Genético de Plantas	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	<b>CHENOPODIUM QUINOA ANATOMIA DE LA PLANTA VARIACION GENETICA MARCADORES GENETICOS MICROSATELITES GENOTIPOS EXPERIMENTACION EN CAMPO EXPERIMENTACION EN LABORATORIO METODOS ESTADISTICOS PERU QUINUA ACCESIONES DE QUINUA VARIABILIDAD GENETICA</b>	
N° estándar	PE2017000586 B / M EUVZ F30; F50	

El objetivo del presente trabajo fue evaluar la variabilidad y la estructura genética de 180 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) del Perú a través de la caracterización morfológica y molecular. Para la descripción morfológica se utilizaron descriptores recomendados por Bioversity y para la descripción molecular se utilizaron 5 primers microsatélites. Los resultados morfológicos mostraron variación morfo-fenológica entre las accesiones provenientes del Altiplano y Valle Interandino. Se hizo un análisis de Componentes Principales (PCA), donde el primer componente (CP1) explicó la mayor parte de la variación (53.2 por ciento) y ordenó accesiones según un gradiente de tamaño de planta y rendimiento. El CP2 explicó 16.2 por ciento de la variación y separó accesiones precoces de tardías. Por un lado el análisis de conglomerados resultó en tres, consistente con la distribución de las

accesiones en los ejes 1 y 2 en el PCA, con diferente característica morfo-fenológica. Por otro lado, los resultados moleculares revelaron que todos los loci SSR analizados fueron altamente polimórficos detectando un total de 20 alelos entre todas las accesiones con un promedio de 2 alelos por locus. La variabilidad genética muestra un rango de heterocigosidad entre 0.64 a 0.94 para todos los loci y todas las accesiones fueron polimórficas. El análisis de Coordenadas Principales también mostró un patrón de agrupamiento consistente con la distribución de las accesiones en el PCA y agrupó accesiones de Valle Interandino y Altiplano. Los análisis de AMOVA de mostraron baja estructura genética entre las poblaciones ( $F_{st}=0.08$ ). El germoplasma caracterizado presentó leve estructura genética. A pesar de ello las accesiones se ordenaron en dos grupos Altiplano y Valle Interandino.

## **Abstract**

The objective of this research was to evaluate the variability and genetic structure of 180 accessions of Peruvian quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) from INIA gene banks, through morphological and molecular characterization. On one hand, a selection of quinoa descriptors from the Bioversity International list was applied and on the other hand, five molecular microsatellite primers were used for the molecular description. The data were analyzed using descriptive and multivariate techniques. The morphological results showed morpho-phenological variation among the accessions coming from Altiplano and Valley Interandino. A principal component analysis (PCA) was done, where the first component (CP1) explained (53.2 percent) of variation and ordered accessions according to a gradient of plant size and yield. The CP2 explained 16.2 percent of the variation and separated precocious and belated accessions. Moreover, a cluster analysis showed a grouping pattern (three groups), consistent with the distribution of accessions axes one and two in the PCA, with different morpho-phenological characteristics. The molecular results revealed that all SSR loci analyzed were highly polymorphic detecting a total of 20 alleles among all accessions with an average of two alleles per locus. Genetic variability showed a range of heterozygosity between 0.64 and 0.94 for all loci and all accessions were polymorphic. The Principal Coordinates analysis also showed a clustering pattern consistent with the distribution of accessions in the PCA and grouped accessions of Valley Interandino and Altiplano. The AMOVA analyzes showed low genetic structure among populations ( $F_{st}=0.08$ ). The characterized germplasm presented slight genetic structure. In spite of this, the accessions were ordered in two groups Altiplano and Valle Interandino.

