

UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA

LA MOLINA

FACULTAD DE AGRONOMIA



**“CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES F₃ PROVENIENTES DE
CRUZAMIENTOS ENTRE ESPECIES DEL GÉNERO *Chenopodium*
EN CONDICIONES DE LA MOLINA”**

Presentada por:

JUAN MANUEL TORRES VASQUEZ

**TESIS PARA OPTAR EL TITULO DE
INGENIERO AGRONOMO**

LIMA-PERU

2019

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

FACULTAD DE AGRONOMÍA

**“CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES F₃ PROVENIENTES DE
CRUZAMIENTOS ENTRE ESPECIES DEL GÉNERO *Chenopodium* EN
CONDICIONES DE LA MOLINA”**

Presentada por:

JUAN MANUEL TORRES VASQUEZ

**TESIS PARA OPTAR EL TÍTULO DE
INGENIERO AGRÓNOMO**

Sustentada y Aprobada ante el siguiente jurado:

Dr. Félix Camarena Mayta
PRESIDENTE

Dra. Luz Gómez Pando
ASESORA

Ing. Mg. Sc. Enrique Aguilar Castellanos
MIEMBRO

Ing. Mg. Sc. Elías Huanuqueño Coca
MIEMBRO

Lima – Perú
2019

DEDICATORIA

A mis padres y hermanos por su apoyo incondicional.

AGRADECIMIENTOS

A la Dra. Luz Gómez Pando por guiarme a lo largo del proyecto.

A la Sra. Ruth Paucar y la Ing. Patricia Deza por su constante ayuda.

Al personal del PIPS en Cereales y Granos Nativos por su disposición.

Al proyecto de investigación “Identificación de líneas con resistencia genética al Mildiu en poblaciones obtenidas por inducción de mutaciones, para una producción con enfoque orgánico y sostenible del cultivo de Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd).” (Contrato N°014 – 2015– INIA – PNIA/UPMSI/IE).

INDICE GENERAL

I . INTRODUCCIÓN	1
II . REVISIÓN DE LITERATURA	3
2.1 HISTORIA	3
2.2 VALOR NUTRICIONAL	3
2.3 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA	6
2.4 MORFOLOGÍA	7
2.4.1 Raíz.....	7
2.4.2 Tallo.....	7
2.4.3 Hojas.....	8
2.4.4 Inflorescencia.....	9
2.4.5 Flores	9
2.4.6 Fruto	10
2.5 PLAGAS Y ENFERMEDADES DE LA QUINUA	11
2.5.1 Mildiu (<i>Peronospora variabilis</i> Gaum).....	11
2.5.2 Mejoramiento de la Resistencia a Enfermedades en la Quinoa.....	18
2.5.3 Objetivos del mejoramiento genético	19
2.6 CARACTERIZACIÓN	19
2.6.1 Definición	19
2.6.2 Importancia.....	20
2.6.3 Relación con el mejoramiento genético de plantas	21
2.6.4 Descriptores de la quinua	21
2.7 ANÁLISIS MULTIVARIADO.....	21
2.7.1 Análisis de componentes principales (ACP)	22
III . MATERIALES Y MÉTODOS	23
3.1 MATERIAL GENÉTICO.....	23
3.1.1 Las cruzas F ₃ que se sembraron en campo fueron.....	23
3.1.2 Progenitores de las cruzas.....	23
3.2 MATERIALES DE CAMPO	24
3.3 EQUIPOS Y HERRAMIENTAS DE CAMPO	25

3.4 METODOLOGÍA.....	25
3.4.1 Ubicación.....	25
3.4.2 Manejo Agronómico.....	25
3.4.3 Diseño experimental.....	31
3.4.4 Evaluaciones de mildiu.....	32
3.4.5 Caracterización	33
3.4.6 Población y muestra	39
3.4.7 Instrumentos de colecta de datos	39
3.4.8 Procesamiento de datos	39
IV RESULTADOS Y DISCUSIONES.....	40
4.1 OBJETIVO 01: IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS CON RESISTENCIA A LA ENFERMEDAD DEL MILDIÚ EN UNA POBLACIÓN F ₃ DE QUINUA PROVENIENTE DE CRUZAS ENTRE ESPECIES DEL GENERO <i>Chenopodium</i>	40
4.2 OBJETIVO 02: CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y AGRONÓMICA DE PLANTAS SELECCIONADAS	47
4.2.1 CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA	47
4.2.2 CARACTERIZACIÓN AGRONÓMICA.....	56
4.3 OBJETIVO 3	60
4.3.1 DETERMINACIÓN DEL GRADO DE VARIABILIDAD DE LAS PLANTAS SELECCIONADAS EN LA POBLACIÓN F ₃ EVALUADA.....	60
V . CONCLUSIONES	86
1 OBJETIVO 1	86
2 OBJETIVO 2	86
3 OBJETIVO 3	87
VI . RECOMENDACIONES.....	88
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	89
VIII. ANEXOS.....	95
1 Análisis de suelo.....	95
2 Distribución de las variables originales de los genotipos sobre el primer y segundo componentes principales.....	96

INDICE DE FIGURAS

Figura 1 Índice de severidad del mildiú, expresado en función al porcentaje de la hoja afectada por el hongo.....	32
Figura 2 Registros de Temperatura media (°C) y Humedad Relativa media (%). Registrados por el observatorio Alexander Von Humboldt de la Universidad Nacional Agraria – La Molina, Lima-Perú.	41
Figura 3 Valores del área bajo la curva de progreso de la enfermedad (ABCPE), en inglés “area under disease progress curve” (AUDPC) de poblaciones F ₃ provenientes de cruzamientos entre especies del género <i>Chenopodium</i> . La Molina 2016-17.	42
Figura 4 Plantas afectadas por Mildiu pertenecientes al genotipo NLR.	42
Figura 5 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de RIR-7 (Real-1/BYU 937) provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	62
Figura 6 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de XREAL-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	65
Figura 7 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de C4R-2 provenientes de cruzamientos entre especies del genero <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.....	68
Figura 8 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de X0654 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.....	71
Figura 9 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de 06R-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.....	74
Figura 10 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de NLR-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	77
Figura 11 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de R1Y-5 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	80
Figura 12 Grupos de plantas similares identificados en la población F ₃ de X11-54 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	83

Figura 13 Individuos del genotipo X11-54 a 90 días después de la siembra.	85
Figura 14 Análisis de suelo del campo GUAYABO II, lugar donde se realizó el desarrollo del experimento.	95
Figura 15 Variables en el mapa ACP del genotipo RIR7.....	96
Figura 16 Variables en el mapa ACP del genotipo XREAL.....	97
Figura 17 Variables en el mapa ACP del genotipo C4R.....	98
Figura 18 Variables en el mapa ACP del genotipo X0654.....	99
Figura 19 Variables en el mapa ACP del genotipo 06R.....	100
Figura 20 Variables en el mapa ACP del genotipo NLR.....	101
Figura 21 Variables en el mapa ACP del genotipo RIY.....	102
Figura 22 Variables en el mapa ACP del genotipo X11.....	103

INDICE DE CUADROS

Cuadro 1 Contenido de aminoácidos en quinua, kañiwa, kiwicha, arroz y trigo.....	5
Cuadro 2 Clasificación taxonómica de <i>Chenopodium quinoa</i>	6
Cuadro 3 Fuentes y dosis de Fertilizantes empleados en el experimento “Caracterización de Poblaciones F ₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Genero <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17	26
Cuadro 4 Calendario de aplicaciones en campo <i>Guayabo</i>	27
Cuadro 5 Cantidad de surcos por bloque. (*) N° Aproximado y calculado en base al peso de 1000 granos.....	31
Cuadro 6 Fechas de evaluaciones de Mildiu.....	32
Cuadro 7 Descriptores de tallo.....	34
Cuadro 7 Descriptores de hoja.....	35
Cuadro 7 Descriptores de inflorescencia y semillas.....	35
Cuadro 8 Rango de severidad de mildiú (<i>Perenospora variabilis</i>) expresado en función al porcentaje del área foliar afectada por el hongo en Poblaciones F ₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Género <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17. Número aproximado y calculado en base al peso de 1000 granos	43
Cuadro 9 Número de plantas de quinua identificadas como resistentes a la enfermedad del mildiú (<i>Perenospora variabilis</i>) en Poblaciones F ₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Género <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17. (*) Número aproximado y calculado en base al peso de 1000 granos	45
Cuadro 10 Ciclo de vida (días) de las poblaciones F ₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Genero “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	57
Cuadro 11 Valores de rendimiento de granos (g/planta) de las poblaciones F ₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	59
Cuadro 12 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ RIR-7 (Cruza de Real-1/BYU 937) provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.....	61
Cuadro 13 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de RIR-7 (Cruza de Real-1/BYU 937) provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.....	63

Cuadro 14 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ XREAL-1 (Cruza de Real-1/BYU 937) provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	64
Cuadro 15 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de XREAL-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	66
Cuadro 16 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ C4R-2: Co407/BYU 937 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	67
Cuadro 17 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de C4R-2 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	69
Cuadro 18 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ X0654 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	70
Cuadro 19 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de X0654 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	72
Cuadro 20 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ 06R-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	73
Cuadro 21 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de 06R-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	75
Cuadro 22 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ NLR-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	76
Cuadro 23 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de NLR-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	78
Cuadro 24 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ R1Y-5 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	79

Cuadro 25 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de R1Y-5 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	81
Cuadro 26 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F ₃ X11-54 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	82
Cuadro 27 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F ₃ de X11-54 provenientes de cruzamientos entre especies del género “ <i>Chenopodium</i> ”. La Molina 2016-17.	84
Cuadro 28 Orden de grado de variabilidad del menos al más observado en las poblaciones F ₃ estudiadas.	85

RESUMEN

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un grano nativo de las regiones andinas de América del Sur, que recientemente ha ganado atención mundial por su valor nutricional y su capacidad para crecer en condiciones marginales de clima y suelo, lo que permitió el aumento de su cultivo en grandes áreas, evidenciando muchos factores bióticos que limitan el cultivo, entre los cuales se encuentra la enfermedad del mildiú (*Peronospora variabilis*). El uso de variedades resistentes es una buena alternativa para controlar esta enfermedad, manteniendo la producción orgánica en los sistemas agrícolas de los pequeños agricultores dedicados a su cultivo. En la presente investigación se utilizaron semillas F₃ obtenidas de cruces interespecíficos entre *Chenopodium quinoa*, *Chenopodium berlandieri* (BYU 937, BYU 1301, BYU 1314) y *C. hircinum* (BYU 1101), realizadas en la Universidad Brigham Young de los Estados Unidos, para identificar genotipos con resistencia a la enfermedad del mildiú en las condiciones de campo de La Molina y medir el grado de variabilidad en los ocho grupos evaluados en características morfológicas y agronómicas. Se identificaron genotipos con resistencia cuantitativa con un valor del 10% de porcentaje de hojas con síntomas de la enfermedad en los grupos de cruces Real-1 / BYU 937 (RIR7.1), Compuesto Real-1 / BYU 937, Real-1 / BYU 1301; Real-1 / BYU 1314; Real-1/1101 (XREAL.1), Co407 / BYU 937 (C4R), Compuesto de Real-1 (0654) / BYU 937, Real-1 (0654) / BYU 1301; Real-1 (0654) / BYU 1314; Real-1 (0654) / BYU 1102 (X0654.2), Cross 0654 / BYU 937 (X06R), Cross NL-6 / Unknown (NLR.1) y se observó una alta variación en los caracteres morfológicos y agronómicos entre los grupos evaluados con potencial para ser empleados en programas de mejoramiento genético .

Palabras claves: mildiú, resistencia cuantitativa, susceptibilidad, tolerancia.

ABSTRACT

Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is a native grain of Andean regions of the South America, which recently has gained worldwide attention for its nutritional value and its ability to grow under marginal conditions of climate and soil, which allowed the increase of its cultivation in large areas, evidencing many biotic factors limiting the crop, among which the downy mildew disease (*Peronospora variabilis*). The use of resistant varieties is a good alternative to control this disease, maintaining organic production in the agriculture systems of small-scale farmers dedicated to their cultivation. In the present investigation F₃ seeds obtained from interspecific crosses among *Chenopodium quinoa*, *Chenopodium berlandieri* (BYU 937, BYU 1301, BYU 1314) and *C. hircinum* (BYU 1101) made at Brigham Young University of the United States were used to identify genotypes with resistance to the disease of downy mildew at La Molina field conditions and to measure the degree of morphological and agronomic variability in the eight groups evaluated. Genotypes with quantitative resistance with a value of 10% severity or leaf percentage with symptoms of the disease were identified in the crosses groups Real-1 / BYU 937 (RIR7.1), Compound Real-1 / BYU 937, Real-1 / BYU 1301; Real-1 / BYU 1314; Real-1/1101 (XREAL.1), Co407 / BYU 937 (C4R), Compound of Real-1 (0654) / BYU 937, Real-1 (0654) / BYU 1301; Real-1 (0654) / BYU 1314; Real-1 (0654) / BYU 1102 (X0654.2), Cross 0654 / BYU 937 (X06R), Cross NL-6 / Unknown (NLR.1) and high variation in morphological and agronomic characters was observed among the evaluated groups with potential to be used in genetic improvement programs.

Keywords: quinoa, mildew, quantitative resistance, susceptibility, tolerance.

I. INTRODUCCIÓN

La quinua (*Chenopodium quinoa* willd.) es un grano nativo de las regiones Andinas de Sur América (Matiacevich et al. 2006). El cual recientemente ha ganado atención mundial por su valor nutritivo y su capacidad de crecer bajo distintas condiciones de estrés como suelo salino, suelo ácido, sequías, heladas, entre otros (Jacobsen et al. 2003, Jensen et al. 2000). Debido a estas características ya ha sido introducido y establecido satisfactoriamente en Europa y África (FAO 2018).

El valor nutricional de la quinua ha sido básicamente reconocido por su proteína de alta calidad, particularmente rica en aminoácidos esenciales y por su contenido de carbohidratos, produciendo bajos índices de glicemia y en general una mejor calidad nutricional y funcional respecto a granos de cereales tales como maíz, avena, trigo y arroz (FAO 2018).

A diferencia de muchos productos, tiene la ventaja de poder almacenarse en condiciones naturales por mucho tiempo, constituyendo una reserva que se consume a lo largo de muchos meses (Danielsen y Ames 2000).

La quinua es infectada por una variedad de patógenos, los cuales causan distintas enfermedades como mildiu, chupadera, mosaico, entre otros. Los virus también infectan la planta, pero no hay reportes de daños significativos (Kumar et al. 2006). La *Peronospora variabilis* ha sido reconocida como el mayor factor limitante del rendimiento de semilla en quinua, y es conocida por causar entre el 33 y 58% de la reducción del rendimiento, incluso en los cultivares más resistentes (Danielsen et al. 1999).

Para controlar *Peronospora variabilis*, el método de mejoramiento por hibridaciones es una buena alternativa y dentro de ellas las cruza entre especies cercanas, o parientes silvestres, que pueden transferir resistencia genética a la quinua cultivada. La resistencia genética ofrece la ventaja de ser un método de control menos costoso para el agricultor, nada nocivo para el medio ambiente y asegura una producción sostenible (Danielsen y Ames 2000).

De acuerdo a lo presentado anteriormente, el objetivo general de este trabajo fue:

Contribuir al mejoramiento de la producción orgánica mediante el desarrollo de variedades mejoradas con valor agronómico, calidad y con resistencia a mildiú (*Peronospora variabilis* GÄUM).

Para cumplir con dicho objetivo se trazan los objetivos específicos siguientes:

1. Identificar genotipos con resistencia a la enfermedad del mildiú en una población F₃ de quinua proveniente de cruzas entre especies del Género *Chenopodium*.
2. Caracterizar morfológicamente y agronómicamente plantas seleccionadas.
3. Determinar el grado de variabilidad de las plantas seleccionadas en la Población F₃ evaluada.

II . REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 HISTORIA

La región de los Andes, cuna de grandes civilizaciones como la Incaica y Tiahuanaco, es considerada centro de origen de numerosas especies nativas como la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd), la misma que durante miles de años fue el principal alimento de las culturas antiguas de los Andes y que está distribuida en diferentes zonas agroecológicas de la región (Bonifacio et al. 2001). La quinua ha sido cultivada por más de 7000 años en la región andina (Danielsen y Ames 2000).

Existen evidencias de que la quinua, junto con el maíz, la papa, otras tuberosas y raíces fueron los alimentos principales de los pobladores del Perú antes de la conquista española (Gómez Pando et al. 2011). Su marginación y reemplazo se inició con la conquista y con la introducción de cereales como la cebada y el trigo (Jacobsen y Stolen 1993). Al respecto, Risi et al. (2015) señalan que el cultivo nunca estuvo perdido entre los pobladores andinos, sino que pasó desapercibido entre los pobladores urbanos de la región por razones, sobre todo, económicas y sociales.

La quinua sigue siendo un alimento importante para los pueblos quechua y aymara de las zonas rurales de la región andina de América del Sur (Abugoch James 2009).

2.2 VALOR NUTRICIONAL

Las especies de *Chenopodium* spp. han sido cultivada durante miles de años como alimento, en algunas especies como hortaliza de hoja (*Chenopodium album*), así como también como granífera (*Chenopodium quinoa* y *C.album*) para alimento de humanos y animales debido a sus altos contenidos de proteína y a su balanceado espectro de aminoácidos con alto nivel de lisina (5.1-6.4%) y metionina (0.4-1.0%) (Ahamed et al. 1998).

Actualmente, La quinua está considerada como el alimento más completo para la nutrición humana basada en proteínas de la mejor calidad en el reino vegetal por el balance ideal de sus aminoácidos esenciales, ácidos grasos como omega 3, 6 y 9, en forma

equilibrada, vitaminas, y minerales como el calcio y el hierro (Mujica y Jacobsen 2006). Al respecto, la Bojanic (2011) indica que la proteína de la quinua varía entre 13,81 y 21,9% dependiendo de la variedad.

La composición nutricional de la quinua incluye una alta calidad de su proteína (aminoácidos ricos en azufre) que está en el rango de 14.8 a 15.7% (Wright et al. 2002), aceites con ácidos grasos esenciales (ácido linoleico y γ -linoleico en el rango de 55 a 66% de la fracción lipídica) (Koziol 1992) y antioxidantes naturales (α -tocoferon y γ -tocoferon) (Ruales y Nair 1992), además de un amplio rango de vitaminas y minerales.

La literatura en nutrición humana indica que sólo cuatro aminoácidos esenciales probablemente limiten la calidad de las dietas humanas mixtas. Estos aminoácidos son la lisina, la metionina, la treonina y el triptófano. Los cuales se encuentran contenidos en la quinua en mayor cantidad que en el trigo y el arroz como se aprecia en el Cuadro 1 (Repo-Carrasco et al. 2003).

Sin embargo, a pesar de su buen contenido de nutrientes, las investigaciones realizadas concluyen que los aminoácidos de la proteína en la harina cruda y sin lavar no están del todo disponibles, porque contienen sustancias que interfieren con la utilización biológica de los nutrientes. Estas sustancias son los glucósidos denominados saponinas (Bojanic 2011).

Por otro lado, existen algunos procesos, en algunas zonas de producción, donde los agricultores desamargan la quinua sometiendo el grano al calor y luego al lavado. Este proceso de tostado con calor seco es utilizado por algunas empresas para eliminar la cáscara que contiene saponinas (Tapia 1990). Después del tostado los granos de la quinua adquieren una coloración marrón que es producto de la presencia de azúcares reductores que producen una reacción de Maillard. La lisina en esta forma no es biológicamente útil (pierde su valor nutricional) (Bojanic 2011).

La quinua también posee un alto porcentaje de fibra dietética total (FDT), lo cual la convierte en un alimento ideal que actúa como un depurador del cuerpo, logrando eliminar toxinas y residuos que puedan dañar el organismo, produce sensación de saciedad y tiene la propiedad de absorber agua y permanecer más tiempo en el estómago (Bojanic 2011).

Estudios realizados, en el Perú, al determinar el contenido de ácidos grasos indicaron que el mayor porcentaje de ácido graso presente es el Omega 6 (ácido linoleico), siendo de 50,24% para quinua, valores muy similares a los encontrados en el aceite de germen de maíz, que tiene un rango de 45 a 65%. El Omega 9 (ácido oleico) se encuentra en segundo lugar, con un valor igual a 26,04% para aceite de quinua. Los valores encontrados para el Omega 3 (ácido linolénico) son de 4,77%, seguido del ácido palmítico con 9,59%. También se informa otros ácidos grasos en pequeñas proporciones, como el ácido esteárico y el eicosapentaenoico. La composición de estos ácidos grasos es muy similar al aceite de germen de maíz. La quinua ayudaría a reducir el colesterol LDL (o colesterol malo) del organismo y elevar el colesterol HDL (o colesterol bueno) gracias a su contenido en ácidos grasos omega 3 y omega 6 (Bojanic 2011).

Además los carbohidratos de las semillas de quinua contienen entre un 58 y 68% de almidón y un 5% de azúcares, lo que la convierte en una fuente óptima de energía que se libera en el organismo de forma lenta por su importante cantidad de fibra (Llorente 2008).

Cuadro 1 Contenido de aminoácidos en quinua, kañiwa, kiwicha, arroz y trigo.

Aminoácido	Quinua	Kañiwa	Kiwicha	Arroz	Trigo
Ácido aspártico	7.80	7.9	7.40	8.00	4.7
Treonina	3.40	3.3	3.30	3.20	2.9
Serina	3.90	3.9	5.00	4.50	4.6
Ácido glutámico	132.00	13.6	15.60	16.90	31.3
Prolina	3.40	3.2	3.40	4.00	10.4
Glicina	5.00	5.2	7.40	4.10	6.1
Alanina	43.00	4.1	3.60	5.20	35.0
Valina	4.20	4.2	3.80	5.10	4.6
Isoleudna	3.40	3.4	3.20	3.50	4.3
Leucina	6.10	6.1	5.40	73.00	6.7
Tirosina	2.50	2.3	2.70	2.60	3.7
Fenilalanina	3.70	3.7	3.70	4.80	4.9
Lisina	5.60	5.3	6.00	32.00	2.8
Histidina	2.70	2.7	2.40	2.20	2.0

Arginina	8.10	8.3	82.00	6.30	4.8
----------	------	-----	-------	------	-----

Continuación...

Metionina	3.10	3.0	3.80	3.60	1.3
Cistina	1.70	1.6	2.30	25.00	22.0
Triptófano	1.10	0.9	1.10	1.10	12.0
% N del grano	2.05	251.0	2.15	1.52	224.0
% Proteína	12.80	15.7	13.40	9.50	14.0

FUENTE: Repo-Carrasco et al. (2003)

2.3 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA

La quinua pertenece al género *Chenopodium*, familia *Amaranthaceae*, Sub Familia *Chenopodioideae*. El género *Chenopodium* es el principal dentro de esta Sub familia y tiene amplia distribución mundial, con cerca de 250 especies (FAO 2018).

Cuadro 2 Clasificación taxonómica de *Chenopodium quinoa*

CLASIFICACION	TAXONOMICA
Reino	<i>Plantae</i>
División	<i>Magnoliophyta</i>
Clase	<i>Magnoliopsida</i>
Orden	<i>Caryophyllales</i>
Familia	<i>Amaranthaceae</i>
Subfamilia	<i>Chenopodioideae</i>
Tribu	<i>Chenopodieae</i>
Género	<i>Chenopodium</i>
Especie	<i>Chenopodium quinoa</i>

FUENTE: Gómez y Aguilar (2016)

2.4 MORFOLOGÍA

2.4.1 Raíz

La raíz es pivotante vigorosa y de la cual emergen raíces secundarias, terciarias, etc., formando un sistema radicular bien ramificado. La longitud de la raíz aparentemente está relacionada con la altura de la planta, variando de 0.80 m., en plantas de 0.90 m. de altura, a 1.50 m., en plantas de 1.70m (Gómez Pando et al. 2011). Su desarrollo y crecimiento está determinado por el genotipo, tipo de suelos, nutrición y humedad entre otros factores (Gómez y Aguilar 2016).

Este buen desarrollo del sistema radicular explicaría, entre otros aspectos, su tolerancia a la sequía (Gómez Pando et al. 2011).

2.4.2 Tallo

Gómez Pando et al. (2011) indican que el tallo es cilíndrico en la base tornándose anguloso a partir de la zona donde emergen las hojas y ramas, en forma alternada. La textura de la medula del tallo en las plantas jóvenes es blanda, y cuando se acerca a la madurez es esponjosa y hueca, de color crema y sin fibras. La corteza es firme y compacta formada por tejidos fuertes.

El color del tallo puede ser verde, amarillo, rojo, púrpura, naranja o verde con estrías verticales de otra coloración. Las estrías pueden ser de color amarillo, rojo, rosado y púrpura, entre otros.

Las axilas de las hojas y ramas pueden ser del mismo color del tallo o presentar pigmentación de color diferente como el rojo, púrpura u otro.

El hábito de ramificación depende del genotipo, de la densidad de siembra y de la disponibilidad de nutrientes. Las ramas nacen de las axilas de las hojas y de otras ramas. Por el tipo de ramificación los tallos pueden ser clasificados como:

- a. Sencillo: un solo tallo donde destaca nítidamente la inflorescencia. Este tipo de tallo se encuentra generalmente en las quinuas procedentes del altiplano.
- b. Ramificado

- Tallo principal y ramas laterales tienen casi la misma longitud y terminan en otras panojas.
- Tallo principal tiene mayor longitud que los tallos secundarios dando a la planta una forma cónica con la base bastante amplia.

La altura varía de 0.3 a metros de 3 m., incluyendo la inflorescencia. Este carácter está influenciado por el genotipo y el medio ambiente (Gómez Pando et al. 2011). Por otro lado Gómez y Aguilar (2016) indican que la altura de la planta, desde la base del tallo al ápice de la inflorescencia, varía de 0.5m a más de 3m; y que esta característica depende de la variedad, de la densidad de siembra, de la nutrición y del medio ambiente. Generalmente las variedades de los ecotipos de valle son más altas que las del Altiplano.

2.4.3 Hojas

Gómez Pando et al. (2011) indicaron que las hojas son alternas y están formadas de peciolo y lámina. Los peciolos son acanalados y largos; la longitud del peciolo es mayor en las hojas que se originan del tallo principal y menor en las ramas. Las hojas tienen tres venas principales que se originan del peciolo.

Las hojas inferiores del tallo pueden medir hasta 15 cm. de largo por 12 cm. de ancho. Las hojas de la inflorescencia son más pequeñas y pueden medir 10 cm. de longitud y 2 cm de ancho. El color de las hojas puede ser verde, rojo o púrpura con diferentes tonalidades, las cuales se van intensificando o decolorando con los diferentes estados de desarrollo del cultivo.

Dientes de hojas.- El número de dientes varía de 3 a más o menos 20 dientes. Las hojas de forma lanceolada carecen de dientes. Las razas de quinua del sur del Perú presentan, generalmente, hojas con menor número de dientes y las razas del Centro - Norte del Perú mayor número de dientes.

Las láminas de las hojas, tallos e inflorescencias jóvenes, principalmente, están cubiertas de una pubescencia vesicular, rica en cristales de oxalato de calcio que pueden ser de color blanco, rojo o púrpura. Estos cristales absorben la humedad del ambiente, controlan la excesiva transpiración y reflejan los rayos luminosos, disminuyendo la radiación directa sobre las hojas. Esta característica de la planta se considera un mecanismo importante de tolerancia a la sequía (Gómez Pando et al. 2011). Estos cristales son

capaces de retener una película de agua, lo que aumenta la humedad relativa de la atmósfera que rodea a la hoja y, consecuentemente, disminuye la transpiración (Dizes y Bonifacio 1992, Rojas 2003, Tapia 1990).

2.4.4 Inflorescencia

Gómez Pando et al. (2011) indican que la inflorescencia es una panoja con una longitud que varía de 15 a 70 cm. Las panojas pueden ser claramente diferenciadas y terminales o no diferenciadas debido al tipo de ramificación del eje principal.

Los colores de la panoja son muy diversos: verdes, amarillas, naranjas, rosadas, rojas, granates, púrpuras, violetas, marrón, gris y negras. Todas ellas con diversas tonalidades del claro al oscuro.

Las inflorescencias han sido clasificadas por su forma en glomeruladas, amarantiformes e intermedias. Las intermedias son resultados de las cruces entre glomeruladas y amarantiformes.

- Las glomeruladas tienen un eje principal del cual nacen los ejes secundarios y de éstos los ejes glomerulares de donde emergen los glomérulos de forma esférica.
- Las amarantiformes tienen un eje principal de los que nacen los ejes secundarios y de éstos emergen los glomérulos de forma rectangular asemejando a dedos.

Las ramificaciones de la inflorescencia varían en longitud y de acuerdo a ello y a la longitud de los pedicelos que sostienen las flores; las panojas pueden ser laxas, intermedias o compactas.

2.4.5 Flores

La quinua es una planta ginomonoica. Es decir, tiene flores hermafroditas y pistiladas (femeninas) en la misma inflorescencia. Las flores están agrupadas en glomérulos. En el ápice del glomérulo se localizan las flores hermafroditas y alrededor de ellas las flores pistiladas o femeninas. El porcentaje de flores hermafroditas y pistiladas en la misma inflorescencia es variable. Las flores son incompletas carecen de pétalos. La flor hermafrodita está conformada por un perigonio sepaloide de 5 partes, un gineceo con un

ovario elipsoidal con dos o tres ramificaciones y 5 estambres. Su tamaño varía de 2 a 5 mm.

La flor pistilada está conformada del perigonio sepaloide de 5 partes, el gineceo con un ovario elipsoidal con dos o tres ramificaciones. Su tamaño varía de 1 a 3 mm (Gómez Pando et al. 2011).

2.4.6 Fruto

El fruto es un aquenio, un fruto seco. Está cubierto por el perigonio sepaloide que puede ser verde, rojo o púrpura durante el proceso de formación del grano.

Los frutos de la quinua han sido agrupados en: grandes, cuando tienen un diámetro mayor a 2.2 mm., medianos de 1.8 a 2.2 mm., y pequeños con un diámetro menor a 1.8 mm. Las partes del fruto son el pericarpio y las semillas. Las semillas tienen el episperma, el perisperma y el embrión.

Pericarpio es la capa externa del fruto que presenta alveolos. Sus colores son variados y pueden ser translúcidos, blancos, cremas, amarillos, anaranjados, rosados, rojos, púrpuras, marrones, grises y negros, entre otros. En algunos genotipos el pericarpio se desprende muy fácilmente durante el proceso de eliminación de saponina. En esta capa se encuentra la saponina.

Episperma es la capa de la semilla, está formado de cuatro capas y la más interna se desintegra por compresión a la madurez. Presenta colores muy parecidos a los del pericarpio. Al respecto, Gómez y Aguilar (2016) indican que el color del pericarpio o capa del fruto y el color del epispermo o capa de las semillas puede ser diferente en la misma semilla.

Embrión, está formado por los dos cotiledones y la radícula. Representa el 30% del peso del grano. Envuelve como un anillo al tejido de reserva. Perisperma es el tejido de reserva de los almidones y otros nutrientes del grano, está formado por divisiones mitóticas de la nucela (Gómez Pando et al. 2011).

2.5 PLAGAS Y ENFERMEDADES DE LA QUINUA

Los países andinos que reportan mayores daños y pérdidas a consecuencia del ataque de plagas y debido al rápido incremento de sus superficies de producción, son Bolivia y Perú. En los demás países andinos las superficies son menores y el problema de plagas no reviste importancia.

Plagas de importancia económica son las larvas de noctuideos, insectos polífagos que se alimentan de varias especies de plantas. Los noctuideos atacan a la quinua en las diferentes agroecologías, en Sudamérica son varias especies involucradas, entre ellas: *Helicoverpa quinoa*, *Copitarsia incommoda*, *Copitarsia decolora*, *Agrotis ipsilon*. La más importante en las zonas de mayor producción del altiplano es *Helicoverpa quinoa*. Las larvas minan las panojas en formación, defolian las plantas, horadan los tallos en la base de la panoja y consumen los granos, es decir, causan un daño múltiple. Un ataque intenso de estas larvas puede ocasionar la pérdida total de la producción. Se puede anticipar que las larvas de noctuideos serán plagas importantes donde se cultive quinua en el mundo (Gandarillas et al. 2015).

La enfermedad más importante y conocida a nivel global es el mildiu, aunque existen otras de menor importancia como: *damping off*, moho verde, mancha foliar, podredumbre marrón del tallo, mancha ojival, mancha bacteriana, ojo de gallo, nematodos y virosis. En general, estas enfermedades no son consideradas de importancia económica, pero debido a la rápida expansión del cultivo en la zona andina, junto a efectos del cambio climático, eventualmente estas enfermedades pueden tornarse prevalentes (Saravia et al. 2014).

2.5.1 Mildiu (*Peronospora variabilis* Gaum)

Peronospora variabilis, es un parásito obligado biotrófico del grupo de los Oomycetes, familia *Peronosporaceae* y orden *Peronosporales*. *Peronospora variabilis* posee los dos tipos de reproducción asexual y sexual (Choi et al. 2008, 2010).

La fase asexual se caracteriza por presentar esporas de forma ovoide cuya germinación es directa, las hifas son cenocíticas y el micelio es dicotómico. La reproducción sexual se caracteriza por la formación de la oospora (estructura sexual de sobrevivencia) en ausencia de hospedero (Choi et al. 2008). Cuando las condiciones son favorables esta oospora germina y da lugar a la formación de una espora. Las oosporas pueden ser

observadas mediante tinciones en el interior de las hojas y en la superficie de los granos (Gandarillas et al. 2015).

Ciclo de la enfermedad

Quispe et al. (2013) indican que la fuente de inóculo inicial son las oosporas que se encuentran en la semilla o en el rastrojo de campañas anteriores, las oosporas se activan cuando se presentan las condiciones favorables óptimas (humedad relativa >80%), que estimulan su germinación y la formación de esporas. Cuando las esporas llegan sobre la hoja forman el tubo germinativo, el haustorio y el apresorio que le permite ingresar dentro de la hoja, después de cinco días, la zona afectada muestra los primeros síntomas de la enfermedad, que consisten en una ligera clorosis como prueba de que las células afectadas se están debilitando y perdiendo su capacidad de síntesis, acompañado de la esporulación plena del patógeno. Durante el desarrollo del cultivo, el proceso de infección es continuo, se suceden varias generaciones del patógeno que corresponden a la reproducción asexual (sólo se producen esporas) y por esto se lo considera como un patógeno policíclico. Danielsen y Ames (2000) indican que durante este tiempo se establece entre hospedante y patógeno una suerte de equilibrio que se rompe cuando el tejido foliar parasitado comienza a deteriorarse y por lo tanto ya no puede proporcionar al patógeno los nutrientes que necesita para seguir desarrollándose vegetativamente.

Cuando las manchas comienzan a necrosarse, ocurre la reproducción sexual, aparecen los dos tipos de apareamiento y dan lugar a la formación de la oospora, estructura de conservación del patógeno por largos períodos en ausencia del hospedero.

Las oosporas sirven como fuente primaria de inóculo en la siguiente campaña agrícola. En presencia de un hospedante susceptible y suficiente humedad, las oosporas que han permanecido inactivas en estado latente, germinan e inician un nuevo ciclo de vida. Hay que tener presente que durante una campaña agrícola se pueden producir varios ciclos asexuales del patógeno pero sólo un ciclo sexual (Danielsen y Ames 2000).

Epidemiología

Cuando se habla de la epidemiología, se debe considerar los tres pilares de la enfermedad: patógeno (*P. variabilis*), hospedero (quinua) y condiciones medioambientales favorables. En el caso del mildiu el factor más importante son las condiciones ambientales, donde se

destacan la humedad (>80%) y las temperaturas frescas (Danielsen y Munk, 2004). Estas son condiciones básicas para la germinación de oosporas y esporas, multiplicación y la diseminación de la enfermedad. Si las condiciones ambientales favorables persisten por un período prolongado permiten la propagación policíclica. Las esporas se diseminan principalmente por el viento, la lluvia también ayuda en la diseminación mediante el lavado en una misma planta o por salpicadura. También el rocío de las mañanas facilita a que el patógeno colonice y se establezca perfectamente en el interior de las hojas (Gandarillas et al. 2015). La germinación de los esporangios depende fundamentalmente de la presencia de humedad relativa alta y persistente, tanto así que en años con poca precipitación, la enfermedad no se presenta o no causa mayor daño (Danielsen y Ames 2000).

La principal fuente de inóculo son las oosporas, que han quedado adheridas a los granos de semilla de quinua y las que quedan en los residuos de cosecha en la parcela. Una fuente de inóculo inicial en la región andina son las quinuas silvestres (llamadas ajaras en Bolivia, ayara en Perú, quinua malla en Ecuador y quingüilla en Chile) que en mayor o menor grado son susceptibles a la enfermedad. El hecho de que estas especies silvestres se encuentren en prácticamente todas las zonas agrícolas del mundo, se pueden constituir en una importante fuente de inóculo en las nuevas zonas de introducción del cultivo.

La época de siembra también puede ser determinante para la aparición de la enfermedad, en las zonas donde se espera las primeras lluvias para la siembra, estas estimulan la germinación de las quinuas silvestres al mismo tiempo que las quinuas cultivadas, lo cual favorece el desarrollo de la enfermedad en estadios muy tempranos del cultivo. La quinua puede ser afectada por mildiu en cualquier momento de su desarrollo, pero el mayor daño en cuanto a defoliación y pérdida de rendimiento se produce con la infección temprana (Danielsen y Ames 2000).

Variación genética de *Peronospora variabilis*

El conocimiento sobre la composición genética de poblaciones de un patógeno es importante para cualquier estrategia de control de una enfermedad. La variación genética en poblaciones de patógenos se debe a diferentes factores, siendo los más importantes la selección, recombinación sexual y parasexual, migración, mutación y fluctuación genética. La variación genética de *Peronospora variabilis* en quinua ha sido muy poco

estudiada, pero hay varias razones para suponer que existe una gran variabilidad dentro de las poblaciones de *Peronospora variabilis*:

- El hospedante tiene un alto nivel de diversidad y plasticidad genética, lo que causa un efecto de selección amplia sobre las poblaciones del patógeno.
- *P. variabilis* ha sido detectado en quinua en zonas geográficas climáticamente muy distintas, lo que muestra la capacidad de adaptación del patógeno.
- La presencia del estado sexual de *P. variabilis* en todas las zonas de mayor importancia para el cultivo de quinua, le permite al patógeno expandir constantemente su diversidad genética.

P. variabilis es heterotálico, y la distribución geográfica de los dos tipos de apareamiento indica la probabilidad de que se forme el estado sexual y, como consecuencia, nuevos patotipos por medio de recombinación. La presencia de patotipos (o razas), su distribución y frecuencia son características importantes para una población.

Varios programas de mejoramiento genético de quinua se basan únicamente en tamizados de campo para resistencia al mildiu. Si se desconoce la composición genética de la población en cuanto a la presencia de patotipos, se corre el riesgo de desarrollar variedades que son resistentes sólo en ciertas zonas y susceptibles en zonas donde prevalecen otros patotipos.

Los tipos de apareamiento y la virulencia son marcadores fenotípicos para la identificación de la variación genotípica dentro de una población. Otros marcadores fenotípicos son la resistencia a metalaxyl e isoenzimas. El uso de marcadores moleculares permite identificar diferencias genotípicas a nivel de ADN. Los métodos más comunes para detectar secuencias polimórficas de ADN son RAPD, RFLP y AFLP. En base al patrón de bandas ('fingerprint') es posible calcular la similaridad genotípica entre aislamientos. Para la identificación de genes específicos se usan mayormente métodos basados en PCR y secuenciamiento de ADN (Danielsen y Ames 2000).

Síntomas de la planta

El principal efecto de la enfermedad sobre la planta es la reducción del área foliar fotosintéticamente activa (aparición de manchas cloróticas o necróticas en las hojas) causando defoliación parcial o total (Saravia et al. 2014).

Se hace evidente inicialmente como ligeros puntos cloróticos visibles en la cara superior de las hojas. Los puntos cloróticos crecen y forman áreas cloróticas grandes e irregulares que inicialmente se observan como clorosis en la cara superior y luego como necrosis. Simultáneamente, la zona clorótica en la cara inferior de la hoja se recubre de un afelpamiento de color gris violeta constituido por las estructuras esporulativas del patógeno.

Generalmente al final de la época lluviosa sólo se encuentra hojas con manchas necróticas, pero no se observa la esporulación característica del patógeno en actividad. Los distintos cultivares de quinua reaccionan de manera diferente a la enfermedad. La reacción de la planta ante el ataque de *Peronospora*, o sea la expresión de los síntomas, es influenciada por el genotipo de la planta, por el genotipo del patógeno y por las condiciones del medio ambiente. Así, en los cultivares resistentes puede haber una reacción de hipersensibilidad en cuyo caso sólo se observan pequeñas manchas similares a las causadas por picadura de insectos. En los cultivares más susceptibles en cambio, la mancha se agranda sucesivamente tomando una coloración amarillenta, rojiza o marrón, dependiendo del pigmento que predomina en la planta.

En una misma hoja es posible encontrar varias manchas pequeñas, o pocas manchas grandes que comprometen íntegramente la lámina foliar. Un efecto conocido del mildiu es la defoliación que causa en la planta. Entre más temprana es la infección, mayor es el grado de defoliación. Sin embargo, no se sabe hasta qué punto la defoliación observada en el campo es causada por mildiu.

La planta de quinua se defolia por muchos factores, por ejemplo, estrés abiótico producido por sequía y heladas, y por senescencia natural. A nivel de campo es difícil distinguir entre los diferentes factores que causan defoliación, pero se ha podido comprobar que en algunos cultivares altamente susceptibles, el mildiu puede causar una defoliación de 100% y como consecuencia, maduración prematura. En otros cultivares la defoliación es menos pronunciada. En el cultivar La Molina 89, con resistencia mediana, la defoliación

parece ser un mecanismo de defensa de la planta. Se ha podido ver en el campo que la infección temprana en las primeras hojas verdaderas provoca la caída de las mismas, lo cual reduce la diseminación del patógeno a las hojas nuevas. En la semilla cosechada se observa a simple vista granos con una coloración ligeramente oscura. Estos granos generalmente contienen oosporas dentro de las células de la cubierta, aunque el oscurecimiento también puede ser causado por *Alternaria sp.*

En un campo afectado se observa a menudo la presencia de plantas con desarrollo limitado o completamente enanizadas, en algunos casos con las hojas distorsionadas y las inflorescencias pequeñas y retorcidas. Esto presumiblemente sea consecuencia de una infección sistémica que ocurre cuando la infección inicial se ha producido en estado de plántula por inóculo proveniente del suelo o de la semilla (Danielsen y Ames 2000).

Fuentes de resistencia en Quinua contra Mildiu

La resistencia genética ofrece la ventaja de ser un método de control menos costoso para el agricultor, nada nocivo para el medio ambiente y que asegura una producción sostenible. Dentro del germoplasma de quinua existe una amplia variabilidad con respecto a la resistencia al mildiu, pero hasta ahora no se conoce la base genética de esta resistencia, ni si es controlada por genes mayores (resistencia vertical) o por genes menores (resistencia horizontal). La resistencia vertical ofrece una protección completa hacia ciertas razas del patógeno, pero este tipo de resistencia tiende a romperse relativamente rápido debido a cambios en el patógeno (mutación, selección). La resistencia horizontal da una protección incompleta pero duradera y es efectiva contra todas las razas del patógeno (Danielsen y Ames 2000).

Se han observado diferencias de susceptibilidad al mildiu en algunos cultivares de quinua. En Perú, se describe 11 genotipos de quinua como resistentes o moderadamente resistentes a *Peronospora effusa* (= *Peronospora variabilis*) en las etapas de floración y fructificación (Otazú et al. 1976).

Dentro de las accesiones de quinua, las de más alto grado de resistencia al mildiu son las de Bolivia, Perú y Ecuador. Los cultivares de valle que crecen en regiones donde la humedad es alta y la enfermedad está muy extendida, a menudo muestran resistencia alta a moderada al mildiú; mientras que en el altiplano los cultivares muestran mayor susceptibilidad. (Alfano y Collmer 1997, Tapia 1979).

Según Ochoa y Danial (1999) en un estudio con 20 aislamientos de mildiu y 60 líneas de quinua provenientes del Ecuador se ha podido determinar la existencia de tres factores de resistencia a esta enfermedad.

Estudios muestran que las fuentes de resistencia están disponibles pero los mecanismos genéticos de resistencia (horizontal frente a vertical) aún no han sido investigados. Sin embargo, se considera que la susceptibilidad al mildiu está relacionada con la duración del ciclo de crecimiento ya que los cultivares precoces parecen ser más susceptibles (Bonifacio y Saravia 1999).

Sin embargo, Bonifacio et al. (2001) señala que la resistencia genética contra la enfermedad no ha sido investigada en su totalidad, por lo que no se tiene un conocimiento cabal de las formas de resistencia.

Danielsen y Ames (2000) indicaron que la resistencia genética tiene la ventaja de ser un método de control poco costoso, nada nocivo para el medio ambiente y que asegura una producción sostenible. Dentro del germoplasma de quinua existe una amplia variabilidad con respecto a la resistencia al mildiu, pero hasta ahora no se conoce la base genética de esta resistencia, ni si es controlada por genes mayores (resistencia vertical) o por genes menores (resistencia horizontal).

La resistencia vertical ofrece una protección completa hacia cierta raza específica del patógeno, pero este tipo de resistencia tiende a perderse relativamente rápido debido a cambios en el patógeno (mutación, selección). La resistencia horizontal da una protección incompleta pero duradera y es efectiva contra las razas del patógeno (Danielsen y Ames 2000).

Gabriel et al. (2012) indicó que la mejora genética de cultivares en función de su adaptación a nichos particulares tiene ventajas y oportunidades de adopción, que el desarrollo de un único cultivar para varios ambientes, por lo que la estrategia debe estar dirigida a generar cultivares para nichos particulares.

La resistencia genética al mildiu se encuentra no solo en la quinua cultivada, sino también en las especies silvestres que crecen más o menos asociadas a la cosecha cultivada.

2.5.2 Mejoramiento de la Resistencia a Enfermedades en la Quinua

Existen diferentes métodos de mejoramiento de la quinua reportados por Bonifacio et al. (2014) con el objetivo de desarrollar variedades de alto rendimiento, libres de saponina, precoces, semillas grandes con una alta resistencia a factores bióticos (plagas y enfermedades) y tolerantes a factores abióticos (sequia, heladas, salinidad), alto contenido de proteína, uniforme, de menor altura de planta con una panoja única terminal compacta; entre otros caracteres.

Entre los factores negativos cuyo daño debe disminuirse destaca la enfermedad del mildiú. Se pueden desarrollar variedades resistentes a los patógenos. Entre los principales métodos de mejoramiento destacan las hibridaciones, las cuales pueden ser realizadas empleando como progenitores a genotipos de la misma especie (intraespecífica) o entre genotipos de especies diferentes (interespecífica). Las hibridaciones son bastante difíciles de realizar en quinua por el tamaño de la flor y su distribución compacta en el glomérulo. Empleando este método se liberó la variedad Sajama, Huarnga, Chucapac y Kamiri (Bonifacio et al. 2014).

Peterson et al. (2015) describe un método bastante útil de cruzamiento de quinua empleando progenitores seleccionados por caracteres morfológicos empleados como marcadores para identificar las plantas producto de la cruce en la generación F1 como el color de la planta, de las semillas y de las axilas. Consiste en el aislamiento de glomérulos seleccionadas en la parte baja de la inflorescencia, en la cual manualmente se emascula las flores hermafroditas lográndose el progenitor femenino y luego se coloca una planta con un glomérulo en anthesis seleccionado como progenitor masculino. Los glomérulos de ambas plantas se aparean dentro de una bolsa de glassine para favorecer la polinización cruzada. Se ha empleado con éxito para desarrollar material genético en Washington State University, empleando el método de hibridación lográndose 10 poblaciones bi parentales. El material fue avanzado hasta la F4 en dos localidades con condiciones especiales favorables a diversos estreses y en las cuales fue posible seleccionar material con resistencia al mildiú (Murphy y Matanguihan 2015).

En las cruza interespecíficas existe la posibilidad de transferir genes de resistencia de especies afines.

Benlhabib et al. (2016) caracterizó 72 F2:6 líneas auto fecundadas- recombinantes y los padres de cruces realizadas entre dos grupos de germoplasma provenientes del altiplano y de la costa por 21 caracteres agro-morfo-fenológicos y evaluó el grado de la variabilidad genética recuperada mediante autofecundación. Detectó una gran variación en caracteres cuantitativos y cualitativos. Detectó segregación transgresiva para rendimiento de planta, mientras que observó alta heredabilidad para altura de planta y madurez igual a 73 y 89%; respectivamente. Otros caracteres evaluados incluyen el color y la reacción al mildiú. Por su respuesta al mildiú clasificó seis grupos con la mayor resistencia en el grupo 1 y los más susceptibles en el grupo 6. El progenitor NL-6 fue ligeramente susceptible al mildiú mientras que el progenitor 0654 era de los más resistentes. El 50% de las accesiones fueron clasificadas entre los dos padres indicando segregación transgresiva para resistencia en la Población 39.

2.5.3 Objetivos del mejoramiento genético

Los objetivos de los programas de mejoramiento genético de la quinua deben considerar los requerimientos del agricultor, de la industria y el consumidor; los cuales varían con el tiempo y la región o país.

En Perú, los objetivos del mejoramiento son altos rendimientos, granos de tamaño grande, color blanco y rojo, aunque últimamente la precocidad se constituye un factor de interés puesto que el retraso de las lluvias conduce a siembras tardías por lo que las variedades de ciclo largo tienen limitaciones en completar su ciclo de vida. Además de ello, cobra importancia el mejoramiento de la resistencia a plagas, la tolerancia al calor y las sales, la arquitectura de la planta para cosecha mecanizada y agricultura de alta tecnología; considerando que se está incrementando el área sembrada de quinua en la costa peruana (Bonifacio et al. 2014).

2.6 CARACTERIZACIÓN

2.6.1 Definición

La caracterización es el registro de aquellos caracteres que son altamente heredables, visibles al ojo y que se expresan en todos los ambientes (IBPGR, 1991). También se puede definir la caracterización como la descripción de la variación que existe en una colección de germoplasma, en términos de características morfológicas y fenológicas de

alta heredabilidad, es decir características cuya expresión es poco influenciada por el ambiente (van Hintum et al. 1997).

La caracterización debe permitir diferenciar a las accesiones de una especie. La evaluación comprende la descripción de la variación existente en una colección para atributos de importancia agronómica con alta influencia del ambiente tales como el rendimiento (PROCISUR y IICA 2010). El objetivo principal de la caracterización es la identificación de las accesiones, mientras que el de la evaluación es conocer el valor agronómico de los materiales (PROCISUR y IICA 2010). Para la caracterización y evaluación se utilizan descriptores, que son caracteres considerados importantes y/o útiles en la descripción de una muestra. Los estados de un descriptor son los diferentes valores que pueden asumir el descriptor, pudiendo ser un valor numérico, una escala, un código o un adjetivo calificativo (Bioversity International et al. 2013).

2.6.2 Importancia

A través de la caracterización se puede describir y dar a conocer el valor de un determinado germoplasma. También se logra la identificación taxonómica correcta para: diferenciar géneros y especies, descripción morfológica, evaluación de caracteres y del valor agronómico, estimaciones de la variabilidad fenotípica y las relaciones entre determinadas características (Sevilla y Holle 2004). El valor de las colecciones de recursos fitogenéticos reside en la utilización que se haga con ellas para producir nuevos cultivares, domesticar nuevas especies y desarrollar nuevos productos para el beneficio de las actividades productivas. Las colecciones deben proveer a los mejoradores de variantes genéticas, genes o genotipos que les permitan responder a los nuevos desafíos planteados por los sistemas productivos, siendo para ello imprescindible conocer las características del germoplasma conservado. La colecta y conservación de recursos fitogenéticos, sin que esté acompañada de la información sobre sus características, convierte a las colecciones en simples depósitos de materiales, sin mayor utilidad (PROCISUR y IICA 2010). En el Informe sobre el Estado de los Recursos Fitogenéticos en el mundo (FAO 2018), también se resalta que los recursos genéticos son de escasa utilidad a menos que vayan acompañados de información adecuada. En los informes de los países se cita este punto como uno de los obstáculos más importantes para utilizar los recursos fitogenéticos en los programas de mejoramiento.

2.6.3 Relación con el mejoramiento genético de plantas

La caracterización permite la discriminación relativamente fácil entre diversos fenotipos. Generalmente son caracteres altamente heredables que pueden ser fácilmente detectados a simple vista y se expresan igualmente en todos los ambientes (Bioversity International et al. 2013). Desde el punto de vista del mejoramiento genético, la información sobre caracteres morfológicos y agronómicos es insustituible, ya que incorpora variantes en estos caracteres en muchos casos el objetivo de los programas de mejoramiento (PROCISUR y IICA 2010).

2.6.4 Descriptores de la quinua

Un descriptor es una característica o atributo cuya expresión es fácil de medir, registrar o evaluar y que hace referencia a la forma, estructura o comportamiento de una accesión. Los descriptores son aplicados en la caracterización y en la evaluación de las accesiones debido a que ayudan a su diferenciación y a expresar el atributo de manera precisa y uniforme, lo que simplifica: la clasificación, el almacenamiento, la recuperación y el uso de los datos (Bioversity International et al. 2013).

Los descriptores para la caracterización deben (1) ser fácilmente observables, (2) tener una alta acción discriminante y (3) baja influencia ambiental, lo que permite en algunos casos registrar la información en los sitios de colecta. Usualmente se utilizan características morfológicas, fenológicas y de adaptación, aunque también pueden emplearse marcadores bioquímicos y moleculares (Abadie y Ceretta 1997).

Los descriptores empleados para caracterizar el cultivo de quinua fueron elaborados por Bioversity International (Inicialmente llamado IBPGR: International Board for Plant Genetic Resources, luego llamado IPGRI). Esta lista de descriptores tiene carácter internacional y por tanto proporciona un “lenguaje” universal para los recursos fitogenéticos. La adopción de este esquema proporciona un medio rápido, confiable y eficaz para almacenar, recuperar y comunicar información (IBPGR 1991).

2.7 ANÁLISIS MULTIVARIADO

En la caracterización de recursos fitogenéticos, el análisis multivariado incluye un conjunto de métodos de análisis de datos que consideran un gran número de mediciones en cada accesión del germoplasma. Franco y Hidalgo (2003) señalan además que permite

la descripción de las accesiones o líneas tomando en cuenta simultáneamente varias características sin dejar de considerar la relación existente entre ellas.

Las técnicas multivariadas son de dependencia y de interdependencia, siendo el análisis cluster una de las técnicas de interdependencia. Para esta última técnica al no poder identificarse las variables como dependientes o independientes, todas las variables son analizadas simultáneamente en un esfuerzo por encontrar una estructura subyacente para el conjunto total de variables o sujetos (Hair 2001).

2.7.1 Análisis de componentes principales (ACP)

El análisis de componentes principales permite transformar un conjunto de datos “X”, en el cual existen variables correlacionadas, en nuevas variables independientes “Y”, de modo que cada “Y” sea una combinación lineal de las variables “X” originales. Construyéndose un nuevo conjunto de variables (componentes principales), los cuales son ortogonales entre sí, por tanto, no están correlacionados y se interpretan independientemente uno del otro. La contribución individual de un carácter a un componente principal está expresada por el coeficiente de regresión del componente con respecto a ese carácter (Crisci y Lopez 2014).

Los componentes deben ser interpretados independientemente unos de otros, ya que contienen una parte de la varianza que no está expresada en otro componente principal (Franco y Hidalgo 2003).

El ACP es una herramienta útil para analizar los datos que se generan de la caracterización y evaluación preliminar del germoplasma, permitiendo conocer la relación existente entre las variables cuantitativas consideradas y la semejanza entre las accesiones (Franco y Hidalgo 2003).

Desde el punto analítico, este método se basa en la transformación de “un conjunto de variables cuantitativas originales” en “otro conjunto de variables independientes no correlacionadas”, llamadas “componentes principales”. Los componentes deben ser interpretados independientemente unos de otros, ya que contienen una parte de la varianza que no está expresada en otro componente principal (Pla 1986).

III . MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO

El material genético utilizado proviene de semillas F₃ resultado de cruzas realizadas en la Brigham Young University como parte de las actividades del convenio INIA/UNALM/BYU, que fueron introducidas de Estados Unidos y proporcionadas al PIPS de Cereales y Granos Nativos como semillas F₂. El material genético proveniente de las cruzas F₃ fueron a su vez divididas en grupos por color de semilla.

3.1.1 Las cruzas F₃ que se sembraron en campo fueron

1. R1R-7: Cruza de Real-1/BYU 937.
2. xReal-1: Compuesto proveniente de la mezcla de cruzas Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101
3. C4R-2: Co407/BYU 937.
4. x0654: Compuesto proveniente de la mezcla de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1101
5. 06R-1: Cruza de 0654/BYU 937.
6. NLR-1: cruza de NL-6/Unknown.
7. R1Y-5: Cruza de Real-1/BYU 1101.
8. x11-54: Compuesto de 11-54 / BYU 937, 11-54 / BYU 1301; 11-54 /BYU 1314.

3.1.2 Progenitores de las cruzas

Chenopodium quinoa

- Real 1
- Línea 0654
- Línea NL-6
- Línea 11-54
- Co407

Chenopodium sp

- BYU 937, (Accesión de *C. berlandieri* var. *boscianum* colectada en Galveston Bay, Texas)
- BYU 1301, (Accesión de *C. berlandieri* var. *boscianum*)
- BYU 1314 (Accesión de *C. berlandieri* var. *Zschackei*)
- BYU 1101 (accesión de *C. hircinum* colectada en Argentina)

3.2 MATERIALES DE CAMPO

Los materiales que se usaron durante la fase de campo de la presente investigación fueron.

- Libreta y registros de campo,
- Insumos: Compost, fertilizantes, pesticidas
- Macetas
- Lampas
- Azadón
- Rastrillo
- Hoces
- Cordeles
- Carteles
- Bandejas plásticas
- Wincha métrica
- Bolsa de papel Kraft
- Lápiz y marcadores
- Sacos o bolsas plásticas
- Regla de madera
- Carretilla
- Ventilador o venteadora
- Cinta de embalaje

3.3 EQUIPOS Y HERRAMIENTAS DE CAMPO

- Maquinaria agrícola con implementos
- Bomba de mochila
- Venteador
- Materiales de Laboratorio
- Cartilla de colores.
- Tamiz

3.4 METODOLOGÍA

3.4.1 Ubicación

El desarrollo de la fase de campo de la tesis se realizó en el campo experimental “Guayabo” del Programa de Investigación de Cereales y Granos Nativos de la Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM).

3.4.2 Manejo Agronómico

Se siguió el procedimiento descrito en el protocolo “Guía de Cultivo de la Quinua” (Gómez y Aguilar 2016).

Siembra

La fecha en la que se realizó la siembra fue el 12 de Julio del 2016. Se sembraron las semillas de quinua apenas se concluyó la preparación del suelo para evitar su competencia con malezas. Las semillas fueron sembradas de forma manual y a chorro continuo en la costilla del surco, aproximadamente a 10 cm del fondo de surco.

Fertilización

El abonamiento se realizó en el fondo de surco. Los fertilizantes que se utilizaron fueron los que se presentan en el Cuadro 3. La fertilización se fraccionó en dos partes, la primera fue aplicada en la siembra y la segunda en la etapa de aporque.

Cuadro 3 Fuentes y dosis de Fertilizantes empleados en el experimento “Caracterización de Poblaciones F₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Genero *Chenopodium*”. La Molina 2016-17

Producto	Cantidad.(kg/ha)	Elemento/Compuesto	Kg nutriente /	
			100 kg de producto	Dosis a aplicar
Fosfato di amónico	150	N	18	27
Fosfato di amónico	150	P ₂ O ₅	46	69
Clouro de potasio	50	K ₂ O	60	30
Urea	100	N	46	46

FUENTE: PIPS en cereales

Desahíje o raleo

No se realizó esta labor por las siguientes razones

- No eliminar material genético, debido a que todos los individuos (plantas) de esta investigación son diferentes entre sí.
- Incrementar la humedad para simular las óptimas condiciones de desarrollo de *Peronospora variabilis*.

Riego

Los riegos fueron hechos tomando en cuenta las características del suelo, las cuales indican una clase textural Franco – Arenosa, según el análisis de suelo realizado el 28/06/16 (Anexo 1). La fecha del primer riego luego de sembrada la quinua fue el 14/07/2016.

Los posteriores riegos fueron realizados en las siguientes fechas.

- Segundo riego: 04/08/2016
- Tercer Riego: 18/08/2016
- Cuarto riego: 15/09/2016

- Quinto riego: 29/09/2016
- Sexto riego: 20/10/2016
- Séptimo riego: 03/11/2016

Control de malezas

- Control cultural:* las malezas fueron extraídas de forma manual cuando las plantas de quinua tenían entre 15 a 20cm. Se extrajeron las malezas entre plantas y de fondo de surco.
- Control químico:* la fecha de aplicación del producto químico fue el 14/10/2016. Se aplicó Glifosato (2L/200L) a los fondos de surcos y calles.
- Control fitosanitario:* se realizó de acuerdo a la “Guía de Cultivo de la Quinua” (Gómez y Aguilar 2016). El control fitosanitario que se consideró tanto para plagas como para enfermedades son detalladas en el Cuadro 4. Cada aplicación es detallada con su fecha y dosis de aplicación. No fue aplicado ningún producto para el control del mildiú *Peronospora variabilis*.

Cuadro 4 Calendario de aplicaciones en campo *Guayabo*.

Fecha	Producto	Dosis
18/07/2016	Carbendazim	350 cc / 200 l
	Lignophos	500 cc / 200 l
	Solt Ph	200 cc / 200 l
25/07/2016	Carbendazim	350 cc / 200 l
	Lignophos (bioestimulante)	500 cc / 200 l
	Solt Ph	200 cc / 200 l
02/08/2016	Producto	Dosis
	Gramoxone(paraquat)	150 cc/200 l
	Lignophos	500 cc / 200 l
	Solt Ph	200 cc / 200 l

Continuación...

23/08/2016	Producto	Dosis
	Cipermex(cipermetrina)	250 cc/200 l
	Lignophos	500 cc / 200 l
	Solt Ph	200 cc / 200 l
09/09/2016	Producto	Dosis
	Cipermex (cipermetrina)	250 cc/200 l
	Vertimec (abamectina)	250 cc/200 l
	Solt Ph	200 cc / 200 l
23/09/2016	Producto	Dosis
	Cipermex(cipermetrina)	450 cc/200 l
	Lignophos	500 cc / 200 l
	Solt Ph	200 cc / 200 l
12/10/2016	Producto	Dosis
	Cipermex (cipermetrina)	450 cc/200 l
	Acid color	200 cc / 200 l
	Lannate	200 cc / 200 l
	Solt Ph	200 cc / 200 l

FUENTE: PIPS en cereales.

El control químico del mildiú

Se realizó en la fase final del cultivo para cosechar genotipos con valores agronómicos pero susceptibles al hongo del mildiú.

a. Carbendazim

Composición:

Ingrediente activo: Carbendazim (2-metoxicarbamoil-bencimidazol)

Es un fungicida sistémico de efecto preventivo y curativo que controla enfermedades como Botrytis, Phomosis, Rhizoctonia, Fusarium. También es indicado para el control de enfermedades en tratamientos post-cosechas. Se absorbe por los órganos verdes y las raíces de los vegetales siendo su persistencia de acción de 2 a 3 semanas.

b. Lignophos

Composición:

Macronutrientes principales: (p/p) Pentóxido de fósforo (P₂O₅), Óxido de potasio (K₂O) pH=5,4

Lignophos fortalece y estimula los mecanismos de autodefensa de las plantas contra ataques de hongos. El producto tiene una elevada concentración en fósforo y potasio, elementos que intervienen en los procesos vitales de las plantas, favoreciendo la floración, desarrollo de raíces, cualidades del fruto.

c. Solt pH

Composición:

Ácidos orgánicos.....	436 gr/l
Quelatantes orgánicos.....	18 gr/l
Dispersantes orgánicos.....	17 gr/l
Policarboxílicos orgánicos.....	110 gr/l
Indicador de pH	639 gr/l

Solt® pH es un producto regulador del pH, a base de compuestos orgánicos recomendado especialmente para mejorar la calidad del agua que se usan para la preparación de las soluciones de plaguicidas, así como de fertilizantes foliares y reguladores de crecimiento.

d. Gramoxome:

GRAMOXONE® SUPER es un herbicida post-emergente de contacto, no selectivo, especialmente indicado para el control de un amplio espectro de malezas gramíneas y de hoja ancha en frutales y cultivos bajos, en cualquier época del año. Controla malezas en condiciones de falta de humedad, baja temperatura y baja luminosidad, cuando los herbicidas sistémicos no tienen buena actividad o su acción se hace muy lenta. Se inactiva totalmente al entrar en contacto con el suelo y no se lixivia ni bioacumula.

e. Cipermax:

Composición:

Alfacipermetrina 100 g/L Es un insecticida que actúa por contacto e ingestión, por lo que se recomienda contra insectos masticadores, chupadores y picadores chupadores. Por su alta actividad, controla a dosis bajas estados larvales, ninfales y adulto. Ha demostrado también un efecto ovicida importante. Controla eficientemente varias especies plaga en cultivos industriales, alimenticios y hortícolas, debido a su amplio rango de actividad, excelente acción inmediata y adecuada persistencia.

f. Vertimec:

Es un formulado compuesto por abamectina, un ingrediente activo de origen natural, perteneciente al grupo de las avermectinas. Otorga acción residual, ya que se retiene en el interior de las hojas, conservando su acción protectora. Actúa principalmente por ingestión, teniendo también actividad por contacto directo. Controla ácaros e insectos en estados adultos e inmaduros. Los insectos afectados quedan inmediatamente paralizados, dejando de dañar las plantas.

3.4.3 Diseño experimental

El material genético se sembró y estudió bajo un sistema de parcelas de observación, sin repeticiones. Las parcelas experimentales tuvieron un tamaño de 4 metros de largo, la distancia entre surcos fue de 0.8 m y el número de surcos fue variable por progenie, debido a la cantidad de semillas que se disponían. Se dejó un surco libre entre parcelas. El número de surcos por parcela se detalla en el Cuadro 5:

Cuadro 5 Cantidad de surcos por bloque. (*) N° Aproximado y calculado en base al peso de 1000 granos

Parcela	Num. surcos	Num. plantas
R1R7.1	19	7600
R1R7.2	2	800
XREAL.1	10	4000
XREAL.2	6	2400
XREAL.3	3	1200
XREAL.4	2	800
C4R-2	23	9200
X0654.1	13	5200
X0654.2	4	1600
06R-1	9	3600
NLR.1	6	2400
NLR.2	5	2000
NLR.3	2	800
R1Y-5	8	3200
X11-54	14	5600
Silvestre	37	14800
Silvestre	24	9600

FUENTE: Elaboración propia.

3.4.4 Evaluaciones de mildiu

Las evaluaciones se realizaron siguiendo el procedimiento descrito como protocolo 10 en “El Mildiu de la Quinoa en la zona andina” (Danielsen y Ames 2000).

Se tomaron datos por cada surco de todas las parcelas. Se evaluó el porcentaje de área afectada de cada hoja usando la Figura 1.

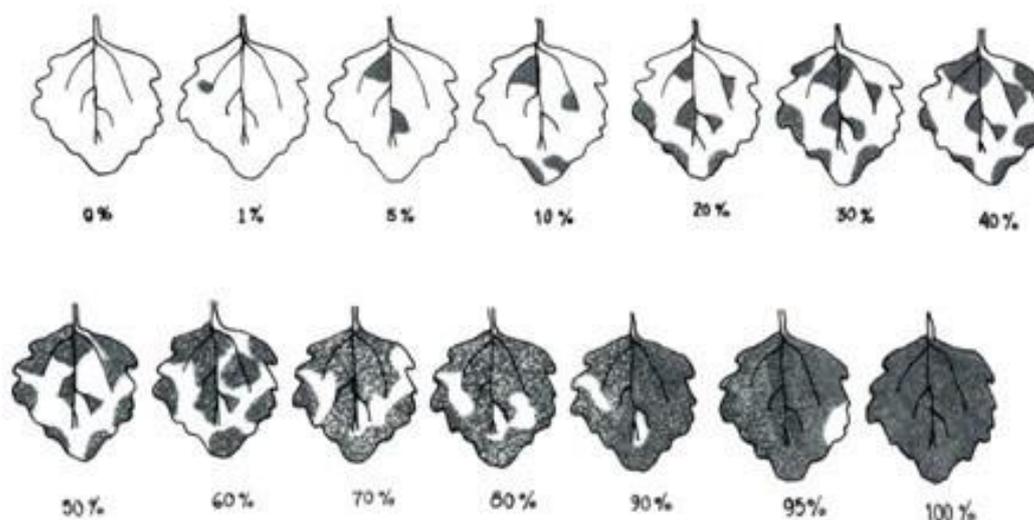


Figura 1 Índice de severidad del mildiú, expresado en función al porcentaje de la hoja afectada por el hongo.

Se realizaron tres evaluaciones como lo indica (Danielsen y Ames 2000):

Cuadro 6 Fechas de evaluaciones de Mildiu.

Fecha	Días después de la siembra
07/09/2016	56
21/09/2016	70
07/10/2016	87

FUENTE: Elaboración propia.

Los valores obtenidos en las evaluaciones fueron empleados para calcular el valor del área bajo la curva de progreso de la enfermedad (ABCPE), en inglés “*area under disease progress curve*” (AUDPC) que es un parámetro útil para comparar

resistencia/susceptibilidad entre diferentes genotipos de quinua y el comportamiento de los genotipos bajo diferentes ambientes climáticos.

La fórmula es:

$$AUDPC_{\{cal\}} = \sum_i^{n-1} \frac{(y_i + y_{i+1})(t_{i+1} - t_i)}{2}$$

Donde “n” es el número de evaluaciones, “y” es la severidad y “t” es el número de días después de la siembra en que se hace la evaluación. Se incluye (t, y) = (0, 0) como la primera evaluación.

3.4.5 Caracterización

Los descriptores que se emplearon se tomaron del Descriptor de Quinua (Bioversity International et al. 2013) y se listan a continuación:

Cuadro 7 Descriptores de tallo.

TALLO	Código Numérico	Descripción
Presencia Axilas Pigmentadas(PAP)	0	Ausente
	1	Presente
Presencia de Estrías (PE)	0	Ausente
	1	Presente
Color Base	1	amarillo
	2	verde
	3	gris
	4	rojo
	5	purpura
	6	otros
Color Estría	1	amarillo
	2	verde
	3	gris
	4	rojo
	5	purpura
	6	otros
Presencia de Ramificación (PR)	0	ausente
	1	presente

Cuadro 7 Descriptores de hoja.

HOJAS	Código Numérico	Descripción
Color Hoja	1	verde
	2	rojo
	3	purpura
	4	otros
Formas Hoja Inflorescencia	1	Lanceolada
	2	triangular
Forma hoja basal	1	Rómbica
	2	triangular
Dientes hojas basales	3	pocos dientes
	5	3 a 12 dientes
	7	más de 12 dientes

Cuadro 7 Descriptores de inflorescencia y semillas.

INFLORESCENCIA	Código Numérico	Descripción
Tipo o Forma	1	Glomerulata
	2	Amarantiforme
	3	Intermedia
Densidad	3	laxa
	5	intermedia
	7	compacta

Continuación...

Color	1	blanca
	2	roja
	3	púrpura
	4	amarilla
	5	anaranjada
	6	marrón
	7	gris
	8	negra
	9	roja y verde
	10	otros

Continuación...

FRUTOS Y SEMILLAS	Código Numérico	Descripción
Color Perigonio	1	Verde
	2	rojo
	2	Púrpura
	4	otros
Color del Pericarpio	1	transparente
	2	blanco
	3	blanco sucio
	4	blanco opaco
	5	amarillo claro
	6	amarillo intenso
	7	anaranjado
	8	rosado
	9	rojo bermellón
	10	guinda
	11	café
	12	gris

Continuación...

	13	Negro
	14	otros
Color del episperma	1	transparente
	2	blanco
	3	café
	4	café-oscuro
	5	negro-brillante
	6	negro-opaco
	7	otros
Forma del fruto	1	cónico
	2	Cilíndrico
	3	elipsoidal

FUENTE: Bioversity International et al. (2013).

Caracteres Agronómicos

- *Días a la floración:* número de días transcurridos desde la fecha de siembra con humedad adecuada hasta que el 50% de plantas de cada parcela presentarán presencia de flores abiertas con anteras visibles en antesis.
- *Días a la maduración:* número de días transcurridos desde la fecha de siembra con humedad adecuada hasta que el 50% de plantas de cada parcela presentarán el estado de grano pastoso rayable con la uña.

Caracterización de la calidad en plantas seleccionadas

- Color de granos

3.4.6 Población y muestra

- *Población:* Fue el total de plantas contenidas en el área experimental.
- *Muestra:* Fueron las plantas que se seleccionaron y que fueron cosechadas.

3.4.7 Instrumentos de colecta de datos

Los materiales y equipos que se utilizaron principalmente fueron:

- Datos meteorológicos.
- Tabla de código decimal para la evaluación fenológica.
- Computadora y programa Excel
- Equipos de laboratorio

3.4.8 Procesamiento de datos

La información de campo colectada de la caracterización morfológica, agronómica, respuesta a mildiú y de calidad de las plantas seleccionadas en las poblaciones segregantes, que fueron digitados en una base de datos Excel y se procedió al análisis multivariado y al de componentes principales en el software estadístico R (R Core Team 2018).

IV RESULTADOS Y DISCUSIONES

Los resultados se presentarán y discutirán considerando los objetivos de la presente investigación.

4.1 OBJETIVO 01: IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS CON RESISTENCIA A LA ENFERMEDAD DEL MILDIÚ EN UNA POBLACIÓN F₃ DE QUINUA PROVENIENTE DE CRUZAS ENTRE ESPECIES DEL GENERO *Chenopodium*.

En condiciones de una infección natural por el hongo causante de la enfermedad del mildiú se estudió la respuesta de los genotipos empleados en este experimento. El desarrollo del hongo fue favorecido por el medio ambiente, humedad y temperatura (Figura 2). Las condiciones favorables para el desarrollo del hongo es humedad relativa mayor al 80 por ciento y temperaturas entre 15 y 25°C (Danielsen y Ames 2000, Otazú et al. 1976).

Se realizaron tres evaluaciones de *Peronospora variabilis* en los días 56, 70 y 87 días después de la siembra. Las evaluaciones se hicieron por surco tomando plantas al azar, el método que se utilizó para evaluar fue el de Protocolo 10 de Danielsen y Ames (2000). Los valores de severidad fueron empleados para calcular el valor del área bajo la curva de progreso de la enfermedad (ABCPE), en inglés “area under disease progress curve” (AUDPC) (Figura 3), que es un parámetro útil para comparar resistencia/susceptibilidad entre diferentes genotipos de quinua y el comportamiento de los genotipos bajo diferentes ambientes climáticos.

Se observa en el gráfico comparativo una misma tendencia del progreso de la curva para la enfermedad de *Peronospora variabilis* en todas las poblaciones F₃ estudiadas, caracterizadas por una infección muy alta en las primeras fases de desarrollo de la planta, en los 50 días de establecido el cultivo, para ir disminuyendo al final del cultivo. La población más afectada fue RIR7-2. Por otro, lado el grupo F₃ con menor infección fue X11-54.

Kumar et al. (2006) señala que el valor más alto de ABCPE fue observado a los 65 días en un estudio realizado en la India con diferentes genotipos de quinua. Risco Mendoza (2014) encontraron incrementos de la enfermedad en los tratamientos estudiados entre los 55 y 60 días. Todos estos autores señalan la posterior disminución de la intensidad de la enfermedad expresada en un menor ABCPE; lo que también fue observado en la presente investigación.

Se observó una alta defoliación de las plantas, especialmente de hojas basales que estaban muy afectadas por la enfermedad. Esta eliminación de hojas, probablemente determinó valores menores de severidad en las lecturas posteriores por la presencia de hojas nuevas con menor infección. La defoliación como mecanismo de defensa también es sustentado por (Danielsen y Ames 2000).

Las plantas de los genotipos que fueron más afectados por la enfermedad presentaron enanismo y tuvieron madurez prematura (Figura 4). Estos efectos de defoliación y madurez prematura causada por la enfermedad también son reportadas por Gómez y Aguilar (2016).

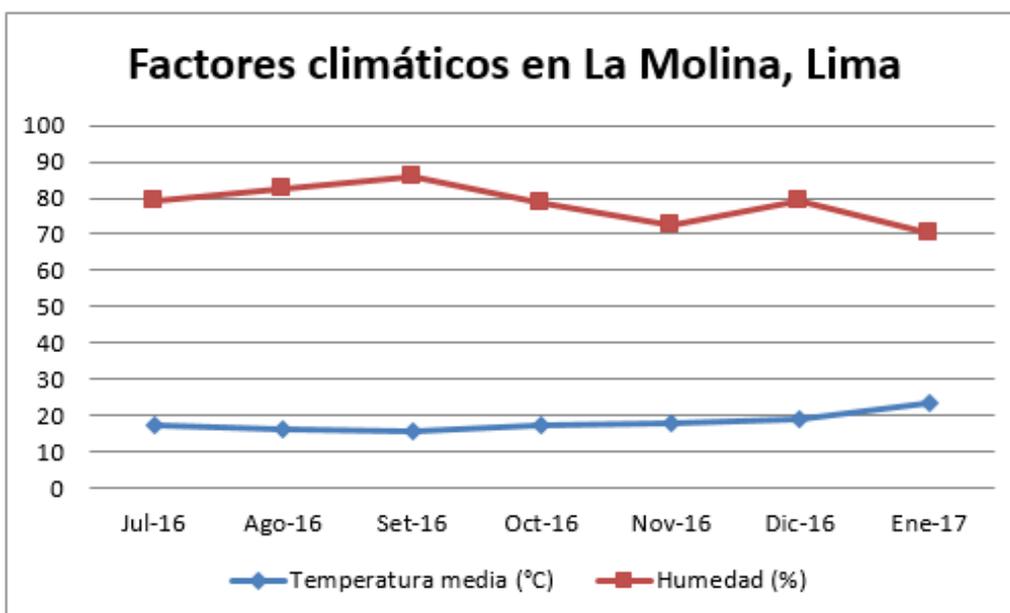


Figura 2 Registros de Temperatura media (°C) y Humedad Relativa media (%). Registrados por el observatorio Alexander Von Humboldt de la Universidad Nacional Agraria – La Molina, Lima-Perú.

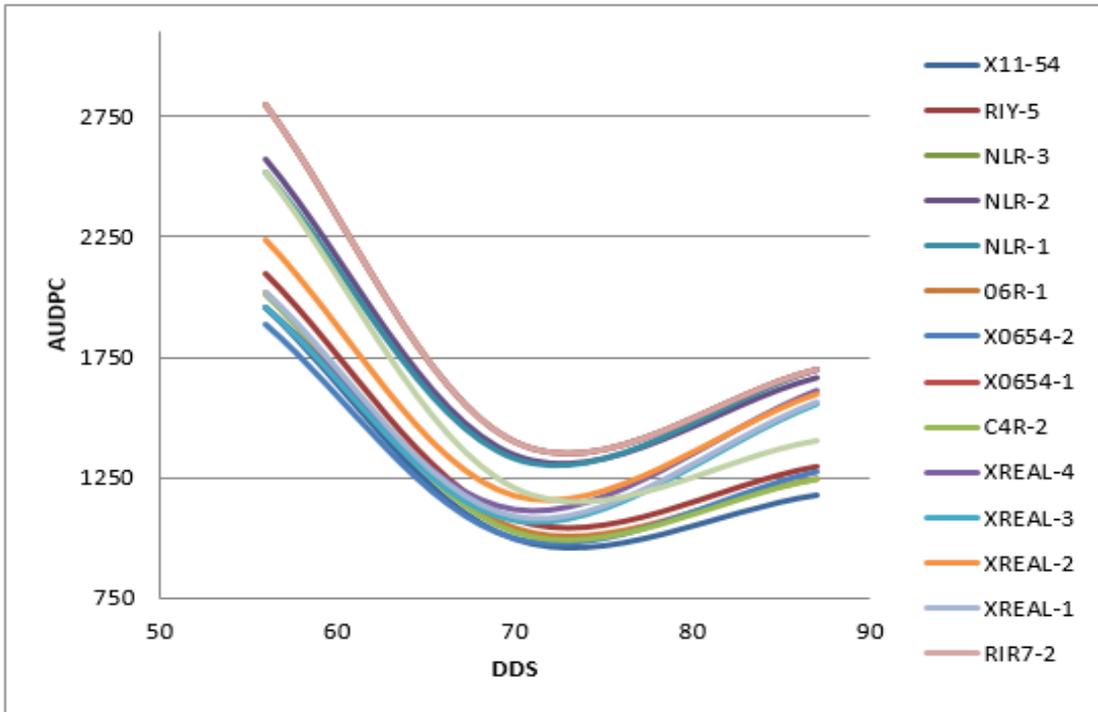


Figura 3 Valores del área bajo la curva de progreso de la enfermedad (ABCPE), en inglés “area under disease progress curve” (AUDPC) de poblaciones F₃ provenientes de cruzamientos entre especies del género *Chenopodium*. La Molina 2016-17.



Figura 4 Plantas afectadas por Mildiu pertenecientes al genotipo NLR.

En el Cuadro 8 se puede apreciar el rango de valores de severidad observados en las plantas evaluadas que varían de 0 a 100%. Casi todas las poblaciones F₃ mostraron susceptibilidad a la enfermedad con valores máximos igual al 100% de severidad.

Los grupos en los cuales se identificaron genotipos calificados con valor mínimos de 10% de severidad fueron Cruza de Real-1/BYU 937 (R1R7.1), Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101 (XREAL.1), Co407/BYU 937 (C4R), Compuesto de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1102 (X0654.2), Cruza 0654/BYU 937 (06R-1), Cruza NL-6/Unknown (NLR.1). Considerando las respuestas de severidad, la resistencia observada fue calificada como cuantitativa. Por otro lado se puede apreciar que el material silvestre empleado como testigo referencial no presentó síntomas de la enfermedad.

Cuadro 8 Rango de severidad de mildiú (*Perenospora variabilis*) expresado en función al porcentaje del área foliar afectada por el hongo en Poblaciones F₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Género *Chenopodium*". La Molina 2016-17. Número aproximado y calculado en base al peso de 1000 granos

Parcela	Material Genético	Material Genético	Num. plantas *	Severidad mínima (%)	Severidad máxima (%)
1A	R1R7.1	Cruza de Real-1/BYU 937	7600	10	100
1B	R1R7.2	Cruza de Real-1/BYU 938	800	40	100
2A	XREAL.1	Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/ BYU 1314; Real-1/ 1101	4000	10	100
2B	XREAL.2	Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/ BYU 1314; Real-1/ 1102	2400	50	100

		Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/			
2C	XREAL.3	BYU 1301; Real- 1/BYU 1314; Real-1/ 1103	1200	50	90
2D	XREAL.4	Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1104		800	60 100
3	C4R	Co407/BYU 937		9200	10 70
4A	X0654.1	Compuesto de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1101		5200	20 90
4B	X0654.2	Compuesto de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1102		1600	10 60
5	06R	Cruza 0654/BYU 937.		3600	10 70
6A	NLR.1	Cruza NL-6/Unknown		2400	10 100
6B	NLR.2	Cruza NL-6/Unknown		2000	20 100
6C	NLR.3	Cruza NL-6/Unknown		800	50 100
7	RIY	Cruza de Real-1/BYU 1101.		3200	30 70
8	X11-54	Compuesto 11-54 / BYU 937, 11- 54 / BYU 1301; 11-54 /BYU 1314		5600	40 80
9	Silvestre			14800	0 0
10	Silvestre			9600	0 0

FUENTE: Elaboración propia.

En el Cuadro 9 se presenta la relación de plantas seleccionadas en cada grupo de material segregante. Se tomaron plantas individuales con los valores mínimos de severidad encontrados en cada población. Se puede apreciar que la población F₃ con mayor número

de plantas seleccionadas fue Co407/BYU 937 (C4R) donde se identificaron 242 plantas de 9200 aproximadamente, las cuales representan el 2.6% de la población evaluada. Por otro lado la población F₃ con menor número de plantas seleccionadas provienen de Compuesto de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1102 (X0654.2). Se seleccionaron algunas plantas en poblaciones con severidad de 40, 50 y 60%; consideradas susceptibles, por su buen potencial de rendimiento que podría estar asociada a un mecanismo de tolerancia al mildiú.

Cuadro 9 Número de plantas de quinua identificadas como resistentes a la enfermedad del mildiú (*Perenospora variabilis*) en Poblaciones F₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Género *Chenopodium*". La Molina 2016-17. (*) Número aproximado y calculado en base al peso de 1000 granos

Material Genético	Material Genético	Num. plantas *	Severidad mínima (%)	Plantas con resistencia cuantitativa al mildiú	Plantas seleccionadas (%)
RIR7.1	Cruza de Real-1/BYU 937	7600	10	111	1.50
RIR7.2	Cruza de Real-1/BYU 938	800	40	15	1.90
XREAL.1	Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101	4000	10	32	0.80
XREAL.2	Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1102	2400	50	21	0.90
XREAL.3	Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1103	1200	50	10	8.00
XREAL.4	Compuesto Real-1/ BYU	800	60	7	0.90

	937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1104						
C4R	Co407/BYU 937	9200	10	242			2.60
X0654.1	Compuesto de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1101			5200	20	25	0.50
X0654.2	Compuesto de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1102			1600	10	1	0.06
06R	Cruza 0654/BYU 937.			3600	10	384	10.70
NLR.1	Cruza NL-6/Unknown			2400	10	27	1.10
NLR.2	Cruza NL-6/Unknown			2000	20	30	1.50
NLR.3	Cruza NL-6/Unknown			800	50	6	0.80
RIY	Cruza de Real-1/BYU 1101.			3200	30	203	6.30
X11-54	Compuesto 11-54 / BYU 937, 11-54 / BYU 1301; 11-54 /BYU 1314			5600	40	45	0.80

FUENTE: Elaboración propia.

Danielsen et al. (2002), informaron la reducción del rendimiento de quinua entre 33 a 58 por ciento en las variedades más resistentes, sugiriendo la existencia de resistencia horizontal en diferentes genotipos de quinua. Los resultados observados en la presente tesis relacionada a un potencial de rendimiento promisorio con plantas con severidad entre 10 a 60 por ciento, podrían indicar una posible resistencia horizontal y tolerancia a la enfermedad del mildiú.

Este tipo de resistencia puede ser útil en los programas de mejoramiento, ya que sería difícil para el mildiú superarla, pero también es difícil transferirla a otros genotipos (Kitz 2008).

Gabriel et al. (2012) encontró que las accesiones resistentes a mildiú fueron tardías, altas, con tallos gruesos y con menor peso de 100 semillas relacionadas a las accesiones de Valle y que las accesiones susceptibles serían aquellas precoces, con tallos delgados, menor altura de planta y mayor peso de 100 semillas, propias de las accesiones de Altiplano.

4.2 OBJETIVO 02: CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y AGRONÓMICA DE PLANTAS SELECCIONADAS

Además de la selección realizada por resistencia al mildiú se seleccionaron plantas por su alto valor agronómico, su precocidad y otras características. Las plantas seleccionadas se describen a continuación considerando los grupos de poblaciones F₃.

4.2.1 CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA

Población F₃ R1R-7: Real-1/BYU 937.

Se seleccionaron 126 plantas.

- Presencia de ramificación: fueron 4 plantas que presentaron ramificación, mientras que 122 no presentaron ramificación.
- Color de tallo: el color de tallo predominante fue el verde claro con 95 plantas, luego continúan el púrpura oscuro con 16 plantas, púrpura claro con 12 plantas y verde oscuro con 3 plantas.
- Color de estrías: la presencia de estrías estuvo ausente en 8 plantas. Fueron 97 plantas que tuvieron color de estrías amarillo, 10 plantas color verde claro, 10 plantas púrpura claro y 1 planta color verde oscuro.
- Color de axilas: la presencia de axilas estuvo ausente en 106 plantas, mientras que en 20 plantas sí estuvo presente. Color de axila púrpura oscuro en 12 plantas y púrpura claro en 8 plantas.
- Forma de hoja de tallo: todas las plantas evaluadas presentaron forma de hoja de tallo romboidal.
- Forma de hoja de panoja: todas las plantas evaluadas presentaron forma de hoja de panoja lanceolada.
- Borde de hoja: fueron 84 plantas que presentaron borde de hoja aserrado, 32 plantas dentado y 10 plantas tuvieron borde de hoja entero.
- Numero de dientes: fueron 85 plantas que tuvieron de 0 a 3 dientes, y 41 plantas tuvieron de 4 a 12 dientes.

- Color de peciolo: fueron 107 plantas que tuvieron color de peciolo verde claro y 19 purpura-verde.
- Color de lámina foliar: fueron 121 plantas que tuvieron color de lámina foliar verde oscuro, y 5 que tuvieron verde claro.
- Color que panoja en floración: el color de panoja en floración fue de 71 plantas verde claro, 41 verde oscuro, 2 purpura claro, 1 purpura oscuro, 3 purpura verde, 2 verde purpura, 2 amarillo verde, 1 verde amarillo y 3 anaranjado.
- Forma de panoja: la forma glomerulada la tuvieron 29 plantas, intermedia 94 y amarantiforme 3 plantas.
- Densidad de panoja: de las plantas evaluadas 55 tuvieron densidad laxa, 66 intermedia y 5 tuvieron una densidad compacta.

XReal-1: Compuesto (Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101)

Se evaluaron 70 plantas. Los resultados de los caracteres evaluados se presentan a continuación.

- Presencia de ramificación: todas las plantas caracterizadas en este genotipo no presentaron ramificación.
- Color de tallo: de las plantas caracterizadas en este genotipo 2 tuvieron color de tallo amarillo, 47 verde claro, 1 verde oscuro, 5 purpura claro y 15 purpura oscuro.
- Color de estrías: fueron 9 plantas que no presentaron estrías. De las que si presentaron 39 tuvieron color amarillo, 9 verde claro, 5 verde oscuro y 8 purpura claro.
- Color de axilas: fueron 64 plantas que presentaron ausencia en el color de axilas, mientras que 6 presentaron color de axila purpura claro.
- Forma de hoja de tallo: todas las plantas tuvieron forma de hoja de tallo romboidal.
- Forma de hoja de panoja: todas las plantas tuvieron forma de hoja de panoja lanceolada.

- Borde de hoja: de las plantas caracterizadas en este genotipo 37 tuvieron borde de hoja dentado y 33 aserrado.
- Numero de dientes: fueron 21 plantas que tuvieron número de dientes en el rango de (0-3) y 49 en el rango de (4-12).
- Color de peciolo: de las plantas caracterizadas en este genotipo 52 tuvieron color de peciolo verde claro, 1 verde oscuro, 3 purpura claro, 11 purpura oscuro, 2 purpura verde y 1 verde purpura.
- Color de lámina foliar: fueron 5 plantas que tuvieron color de lámina foliar verde claro, 62 verde oscuro y 3 purpura oscuro.
- Color de panoja en floración: de las plantas evaluadas en este grupo 1 tuvo color de panoja en floración amarillo, 23 verde claro, 1 verde oscuro, 13 purpura claro, 9 purpura oscuro, 6 purpura verde, 13 verde purpura, 1 amarillo verde y 3 verde amarillo.
- Forma de panoja: la forma de panoja glomerulada la tuvieron 16 plantas, intermedia 26 plantas y amarantiforme 28 plantas.
- Densidad de panoja: fueron 5 plantas que tuvieron una densidad de panoja laxa, 60 intermedia y 5 compacta.

C4R-2: Co407/BYU 937.

En este grupo se evaluaron 242 plantas. Los resultados de los caracteres evaluados se presentan a continuación.

- Presencia de ramificación: ninguna planta presentó ramificación.
- Color de tallo: de las plantas evaluadas 3 tuvieron color de tallo amarillo, 103 verde claro, 30 verde oscuro, 1 rojo, 69 purpura claro, 30 purpura oscuro, 5 purpura verde y 1 mostaza.
- Color de estrías: fueron 4 plantas que no presentaron estrías. De las que si presentaron 142 fueron amarillas, 70 verde claro, 11 verde oscuro, 8 purpura claro, 1 purpura oscuro, 3 amarillo verde, 2 verde amarillo y 1 blanco.

- Color de axilas: fueron 60 plantas que no presentaron variación en el color de axilas. De las plantas que sí tuvieron un color de axilas, 7 fueron verde claro, 66 purpura claro y 109 purpura oscuro.
- Forma de hoja de tallo: fueron 238 plantas que tuvieron forma de hoja de tallo romboidal y 4 triangular.
- Forma de hoja de panoja: fueron 239 plantas que tuvieron forma de hoja de panoja lanceolada y 3 plantas forma triangular.
- Borde de hoja: de las plantas caracterizadas 14 tuvieron borde de hoja entero, 89 dentado y 139 aserrado.
- Número de dientes: fueron 157 plantas que tuvieron un número de dientes en el rango de (0-3), 84 en el rango de (4-12) y 1 planta tuvo un número de dientes mayor a 12.
- Color de peciolo: de las plantas evaluadas 2 tuvieron color de peciolo amarillo, 205 verde claro, 4 verde oscuro, 6 purpura claro y 25 purpura verde.
- Color de lámina foliar: de las plantas evaluadas 3 tuvieron color de lámina foliar amarillo, 34 verde claro y 205 verde oscuro.
- Color de panoja en floración: de las plantas evaluadas 4 tuvieron color de panoja amarillo, 99 verde claro, 126 verde oscuro, 5 amarillo verde, 9 purpura oscuro, 5 verde amarillo y 3 mostaza.
- Forma de panoja: en la evaluación de este genotipo observamos que 192 plantas tuvieron forma de panoja glomerulada, 45 intermedia y 5 amarantiforme.
- Densidad de panoja: la densidad de panoja fue laxa en 101 plantas, intermedia en 139 y compacta en 2.

X0654: Compuesto proveniente de la mezcla de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1101

Se evaluaron 26 plantas. Los resultados de los caracteres evaluados se presentan a continuación.

- Presencia de ramificación: ninguna planta evaluada presentó ramificación.
- Color de tallo: fueron 20 plantas que presentaron color de tallo verde claro y 6 verde oscuro
- Color de estrías: fueron 24 plantas que tuvieron color de estría amarillo y 2 purpura claro.
- Color de axilas: fueron 18 plantas que no presentaron axila. De las que presentaron 1 fue de color verde claro y 7 verde oscuro.
- Forma de hoja de tallo: todas las plantas presentaron forma de hoja de tallo romboidal.
- Forma de hoja de panoja: todas las plantas presentaron forma de hoja de panoja lanceolada.
- Borde de hoja: fue 1 planta que tuvo borde de hoja entero, 2 dentado y 23 aserrado.
- Número de dientes: fueron 15 plantas que tuvieron un número de dientes en el rango de (0-3), y 11 en el rango de (4-12).
- Color de peciolo: fueron 24 plantas que tuvieron color de peciolo verde claro, 1 verde oscuro y 1 purpura verde.
- Color de lámina foliar: todas las plantas tuvieron color de lámina foliar verde oscuro.
- Color de panoja en floración: fueron 4 plantas que tuvieron color de panoja verde claro, 18 verde oscuro, 2 verde purpura y 2 verde amarillo.
- Densidad de panoja: fueron 14 plantas que tuvieron densidad de panoja laxa y 12 intermedia.

06R-1: Cruza de 0654/BYU 937.

Se evaluaron 384 plantas. Los resultados de los caracteres evaluados se presentan a continuación.

- Presencia de ramificación: fueron 383 plantas que no presentaron ramificación y solo 1 planta sí presentó.
- Color de tallo: de las plantas evaluadas 72 presentaron color de tallo verde claro, 4 verde oscuro, 110 purpura claro, 188 purpura oscuro, 7 purpura verde y 3 verde purpura verde.
- Color de estrías: el color de estrías fue ausente en 12 plantas. De las que sí presentaron fue amarillo en 80 plantas, verde claro en 99, verde oscuro en 175, purpura claro en 14, purpura oscuro en 2 y verde amarillo en 2.
- Color de axilas: el color de axilas fue ausente en 235 plantas. De las que sí presentaron fue amarillo en 1 planta, purpura claro en 44 y purpura oscuro en 104.
- Forma de hoja de tallo: fueron 383 plantas que tuvieron forma de hoja de tallo romboidal y 1 triangular.
- Forma de hoja de panoja: fueron 383 plantas que tuvieron forma de hoja de panoja lanceolada y 1 triangular.
- Borde de hoja: de las plantas evaluadas 13 tuvieron forma de hoja entero, 308 dentado y 63 aserrado.
- Número de dientes: fueron 250 plantas que tuvieron un número de dientes en el rango de (0-3), 130 en el rango de (4-12) y 4 plantas tuvieron más de 12 dientes.
- Color de peciolo: de las plantas evaluadas 174 tuvieron color de peciolo verde claro, 13 verde oscuro, 1 purpura claro, 1 purpura oscuro, 131 purpura verde y 64 verde púrpura.
- Color de lámina foliar: fueron 19 plantas que tuvieron color de lámina foliar verde claro y 365 verde oscuro.
- Color de panoja en floración: fueron 132 plantas que tuvieron color de panoja verde claro, 245 verde oscuro, 1 purpura verde y 6 verde purpura.

- Forma de panoja: fueron 256 plantas que tuvieron forma de panoja glomerulada, 91 intermedia y 37 amarantiforme.
- Densidad de panoja: fueron 224 plantas que tuvieron densidad de panoja laxa, 153 intermedia y 7 compacta.

NLR-1: cruza de NL-6/Unknown.

Se evaluaron 63 plantas. Los resultados de los caracteres evaluados se presentan a continuación.

- Presencia de ramificación: ninguna planta presentó ramificación.
- Color de tallo: fueron 3 plantas que presentaron color de tallo amarillo, 48 verde claro, 2 verde oscuro, 2 purpura claro y 8 purpura oscuro.
- Color de estrías: fueron 46 plantas que presentaron color de estrías amarillo, 8 verde claro, 5 verde oscuro y 4 purpura claro.
- Color de axilas: fueron 56 plantas que presentaron ausencia de color de axila. De las que, si presentaron, 5 fueron purpura oscuro y 2 purpura verde.
- Forma de hoja de tallo: todas las plantas presentaron forma de hoja de tallo romboidal.
- Forma de hoja de panoja: todas las plantas presentaron forma de hoja de panoja lanceolada.
- Borde de hoja: fueron 8 plantas que presentaron borde de hoja entero, 5 dentado y 50 aserrado.
- Número de dientes: fueron 47 plantas que tuvieron un número de dientes en el rango de (0-3) y 16 en el rango de (4-12).
- Color de peciolo: fueron 59 plantas que tuvieron color de peciolo verde claro, 2 purpura verde y 2 verde purpura.
- Color de lámina foliar: todas las plantas presentaron color de lámina foliar verde oscuro.

- Color de panoja en floración: de las plantas caracterizadas, 1 tuvo color de panoja purpura claro, 33 verde claro, 12 verde oscuro, 11 purpura verde y 6 verde purpura.
- Formas de panoja: la forma de panoja fue glomerulada para 24 plantas, intermedia para 31 plantas y amarantiforme para 8 plantas.
- Densidad de panoja: la densidad de panoja fue laxa para 5 plantas, intermedia para 55 y compacta para 3 plantas.

R1Y-5: Cruza de Real-1/BYU 1101.

Se evaluaron 203 plantas. Los resultados de los caracteres evaluados se presentan a continuación.

- Presencia de ramificación: fueron 6 plantas que presentaron ramificación y 197 no presentaron.
- Color de tallo: fueron 2 plantas que tuvieron color de tallo amarillo, 98 verde claro, 17 verde oscuro, 12 purpura claro y 74 purpura oscuro.
- Color de estrías: el color de estrías fue ausente en 7 plantas. De las que sí presentaron color de estrías 123 fueron amarillo, 39 verde claro, 22 verde oscuro, 8 purpura claro, 2 purpura oscuro y 2 blanco.
- Color de axilas: fueron 96 plantas que no presentaron color de axila. De las que sí presentaron 1 fue amarillo, 1 verde oscuro, 29 purpura claro y 76 purpura oscuro.
- Forma de hoja de tallo: fueron 197 plantas que tuvieron forma de hoja de tallo romboidal y 6 triangular.
- Forma de hoja de panoja: fueron 201 plantas que tuvieron forma de hoja de panoja lanceolada y 2 triangular.
- Borde de hoja: fueron 54 plantas que presentaron borde de hoja entero, 127 dentado y 22 aserrado.
- Número de dientes: fueron 162 plantas que tuvieron un número de dientes en el rango de (0-3), 33 en el rango de (4-12) y 8 plantas mayor a 12 dientes.

- Color de peciolo: fueron 157 plantas que tuvieron color de peciolo verde claro, 2 verde oscuro, 1 purpura claro, 2 purpura oscuro, 35 purpura verde y 6 verde purpura.
- Color de lámina foliar: fueron 6 plantas que tuvieron color de lámina foliar verde claro y 197 verde oscuro.
- Color de panoja en floración: fueron 92 plantas que tuvieron color panoja verde claro y 111 verde oscuro.
- Forma de panoja: la forma de panoja de panoja fue glomerulada en 103 plantas, intermedia en 89 plantas y amarantiforme en 11 plantas.
- Densidad de panoja: la densidad de panoja fue laxa en 89 plantas e intermedia en 114 plantas.

X11-54: Compuesto de 11-54 / BYU 937, 11-54 / BYU 1301; 11-54 /BYU 1314

Se evaluaron 45 plantas. Los resultados de los caracteres evaluados se presentan a continuación.

- Presencia de ramificación: ninguna planta presentó ramificación.
- Color de tallo: fueron 44 plantas que presentaron color de tallo purpura oscuro y 1 verde claro
- Color de estrías: fueron 44 plantas que presentaron ausencia de estrías, y una sola planta presentó estrías de color amarillo.
- Color de axilas: fueron 44 plantas que presentaron ausencia de color de axilas y una planta tuvo color de axila purpura oscuro.
- Forma de hoja de tallo: la forma de hoja de tallo fue romboidal en 44 plantas y triangular en 1 planta.
- Forma de hoja de panoja: todas las plantas presentaron forma de hoja de panoja lanceolada.
- Borde de hoja: fueron 18 plantas que presentaron borde de hoja entero, 25 dentado y 2 aserrado.

- Número de dientes: fueron 42 plantas que tuvieron un número de diente en el rango de (0-3) y 3 en el rango de (4-12).
- Color de lámina foliar: todas las plantas tuvieron un color de lámina foliar verde oscuro.
- Color de panoja en floración: todas las plantas tuvieron color de panoja verde oscuro.
- Forma de panoja: la forma de panoja fue glomerulada en 3 plantas, intermedia en 8 plantas y amarantiforme en 34 plantas.
- Densidad de panoja: la densidad de panoja fue laxa en 11 plantas, intermedia en 33 plantas y compacta en 1 planta.

Benlhabib et al. (2016) en 72 líneas (generación F_{2.6}, líneas recombinantes autofecundadas) estudiadas, encontraron que la población presentó segregación para color de grano con 46% exhibiendo color de grano blanco y 22% de granos rojos, 15% de color amarillo, 3% con granos blancos con matices rojos, 7% de color amarillo con matices rojos y 3% amarillo claro o naranja. Indicaron que 43% presentaron tallos de color rojo y hojas verdes oscuras y que el resto de las líneas (8%) fueron heterogéneas, presentando tallos verdes con estrías rojas, y hojas de color verde claro o tallos totalmente rojos con hojas verde claros. Con respecto a la variación de panoja encontró 35% con panojas de color amarillo, 25% fueron purpuras, 19% rojas, y 3% rosadas. Por tipo de panoja encontraron 60% de tipo amarantiforme, 39% tipo glomerulada. En referencia al hábito de ramificación señalaron que 69% no presentaron ramificación.

4.2.2 CARACTERIZACIÓN AGRONÓMICA

Las características agronómicas evaluadas fueron días a la floración, días a la maduración y rendimiento de planta. En el Cuadro 10 se puede apreciar que el rango de floración varió de 40 a 105 días y el de maduración varió de 70 a 150 días.

Considerando la precocidad a floración y maduración en los grupos RIR7-2, XREAL-1, XREAL-2, XREAL-3, XREAL-4, X0654-1, NLR-1, NLR-2, NLR-3 se identificaron genotipos precoces. Estos genotipos tuvieron en común que fueron afectados desde muy temprano y en un porcentaje elevado por la enfermedad *Peronospora variabilis*, las plantas se defoliaron y florearón entre los 40 y 45 días cuando aún tenían una altura de planta entre 40 y 60cm. De forma similar también maduraron entre los 70 y 80 días y los

granos que se obtuvieron en la cosecha fueron en su mayoría similares a la quinua cultivada.

Por otro lado, en los grupos RIR7-1, C4R-2, X0654-2, RIY-5, se identificaron genotipos tardíos. Una característica de estos genotipos fue que no todas las plantas llegaron a madurar, y se mantuvieron verdes hasta el último día de cosecha, estas plantas a su vez alcanzaron una altura de planta mayor al 1,80m. Algunos genotipos de este grupo fueron muy semejantes morfológicamente a las quinuas silvestres con granos marrones y negros.

Comparando los grupos evaluados el genotipo X11-54 fue el más homogéneo en floración y maduración y el grano similar al de la quinua cultivada en el total de muestras obtenidas.

Benlhabib et al. (2016), reportaron que se identificaron 5 grupos de precocidad con un promedio de madurez de 148 días. Cerca del 65% de las líneas requirieron 5 meses para madurar (> 150 días) y el 35% requirió > 150 días.

Cuadro 10 Ciclo de vida (días) de las poblaciones F₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Genero “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	Días a la floración	Días a la maduración
X11-54	66	115
RIY-5	105	150
NLR-3	70	100
NLR-2	70	105
NLR-1	74	112
06R-1	70	100
X0654-2	103	115
X0654-1	38	70
C4R-2	100	140
XREAL-4	40	70
XREAL-3	40	70
XREAL-2	45	72
XREAL-1	44	75
RIR7-2	40	70
RIR7-1	100	140

FUENTE: Elaboración propia.

En el Cuadro 11 se presentan los datos de rendimiento tomados a nivel de planta seleccionada en cada grupo F_3 . En el Grupo R1R-7 (Cruza de Real-1/BYU 937) compuesto por 144 plantas, se puede apreciar un rango de rendimiento de 0.01 a 16.3 g/planta y un valor promedio de 3.03 g/planta y con un coeficiente de variación de 91.8%. El grupo XREAL (Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101) con 69 plantas seleccionadas presenta un rango de rendimiento de 1.56 a 8.77 g/ planta, una media de 4.6 g/planta y un coeficiente de variación de 35.9%. En el grupo F_3 C4R (Co407/BYU 937) compuesto por 251 plantas, se puede apreciar un rango de rendimiento de 0.015 a 40.7 g/planta y un valor promedio de 4.6 g/planta y con un coeficiente de variación de 125.5%. El grupo X0654 (Compuesto Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU) con 25 plantas seleccionadas presenta un rango de rendimiento de 2.6 a 14.8 g/ planta, una media de 6.2 g/planta y un coeficiente de variación de 44.6%. En el grupo F_3 06R-1 (Cruza 0654/BYU 937) compuesto por 395 plantas, se puede apreciar un rango de rendimiento de 0.003 a 41.2 g/planta y un valor promedio de 2.6 g/planta y con un coeficiente de variación de 154.2%. El grupo NLR-1 (Cruza NL-6/Unknown) con 63 plantas seleccionadas presenta un rango de rendimiento de 1.39 a 8.12 g/ planta, una media de 2.97 g/planta y un coeficiente de variación de 47.8%. En el grupo F_3 RIY (Cruza de Real-1/BYU 1101.) compuesto por 206 plantas, se puede apreciar un rango de rendimiento de 0.02 a 50.4 g/planta y un valor promedio de 0.41 g/planta y con un coeficiente de variación de 136.8%. El grupo X11-54 (Compuesto 11-54 / BYU 937, 11-54 / BYU 1301; 11-54 /BYU 1314) con 42 plantas seleccionadas presenta un rango de rendimiento de 3.6 a 21.4 g/ planta, una media de 11.51 g/planta y un coeficiente de variación de 29.7%.

Cuadro 11 Valores de rendimiento de granos (g/planta) de las poblaciones F₃ Provenientes de Cruzamientos entre Especies del Género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Material Genético	Material Genético	N° Plantas	Media (g/planta)	Mínima (g/planta)	Máximo (g/planta)	Desv. Est.	CV (%)
RIR7	Cruza de Real-1/BYU 937	144	3.02	0.010	16.30	2.78	91.8
XREAL	Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101	69	4.60	1.560	8.77	1.64	35.9
C4R	Co407/BYU 937	251	4.60	0.015	40.70	5.80	125.5
X0654	Compuesto Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1101	25	6.20	2.600	14.80	2.77	44.6
06R	Cruza 0654/BYU 937.	395	2.60	0.003	41.20	3.96	154.2
NLR	Cruza NL-6/Unknown	63	2.97	1.390	8.12	1.41	47.8
RIY	Cruza de Real-1/BYU 1101.	206	0.41	0.020	50.40	5.93	136.8
X11-54	Compuesto 11-54 / BYU 937, 11-54 / BYU 1301; 11-54 /BYU 1314	42	11.51	3.600	21.40	3.41	29.7

FUENTE: Elaboración propia.

El rango de rendimiento de planta individual observado es notoriamente muy grande en algunos grupos F₃, lo que se refleja también en los coeficientes de variación muy altos.

Benlhabib et al. (2016) en la generación F_{2:6}, líneas recombinantes autofecundadas y progenitores, encontró cinco grupos de rendimiento con el 80% de las líneas dentro de los grupos de bajo rendimiento menor de 12 g/planta. El rendimiento vario de 0.13 a 22.42 g/planta, con un promedio general igual a 8.7 g/planta.

4.3 OBJETIVO 3

4.3.1 DETERMINACIÓN DEL GRADO DE VARIABILIDAD DE LAS PLANTAS SELECCIONADAS EN LA POBLACIÓN F₃ EVALUADA.

Cada grupo fue evaluado en forma individual empleando el Análisis de Componentes Principales, considerando como variables las características morfológicas estudiadas: presencia de ramificación (PR), color de tallo (CT), color de estrías (CE), color de peciolo (CP), color de axilas (Cax), color de lámina foliar (CLF), borde de hojas (BH), número de dientes en hojas (ND), forma de hojas tallo (FHT), forma de hojas panoja (FHP), forma de panoja (FP), densidad de panoja (DP), color de panojas en floración (CPF). Los días a la floración (DAF) y maduración (DAM) se consideran en el análisis.

Se resalta en el estudio de cada grupo o familia F₃, el número de componentes cuyo valor propio de varianza fue ≥ 1 , el cual es un criterio frecuentemente utilizado, y establecido por Cliff (1987). Sin embargo, los gráficos se explican en base a los dos componentes principales que contribuyen más a la Variación fenotípica.

RIR-7 (Cruza de Real-1/BYU 937)

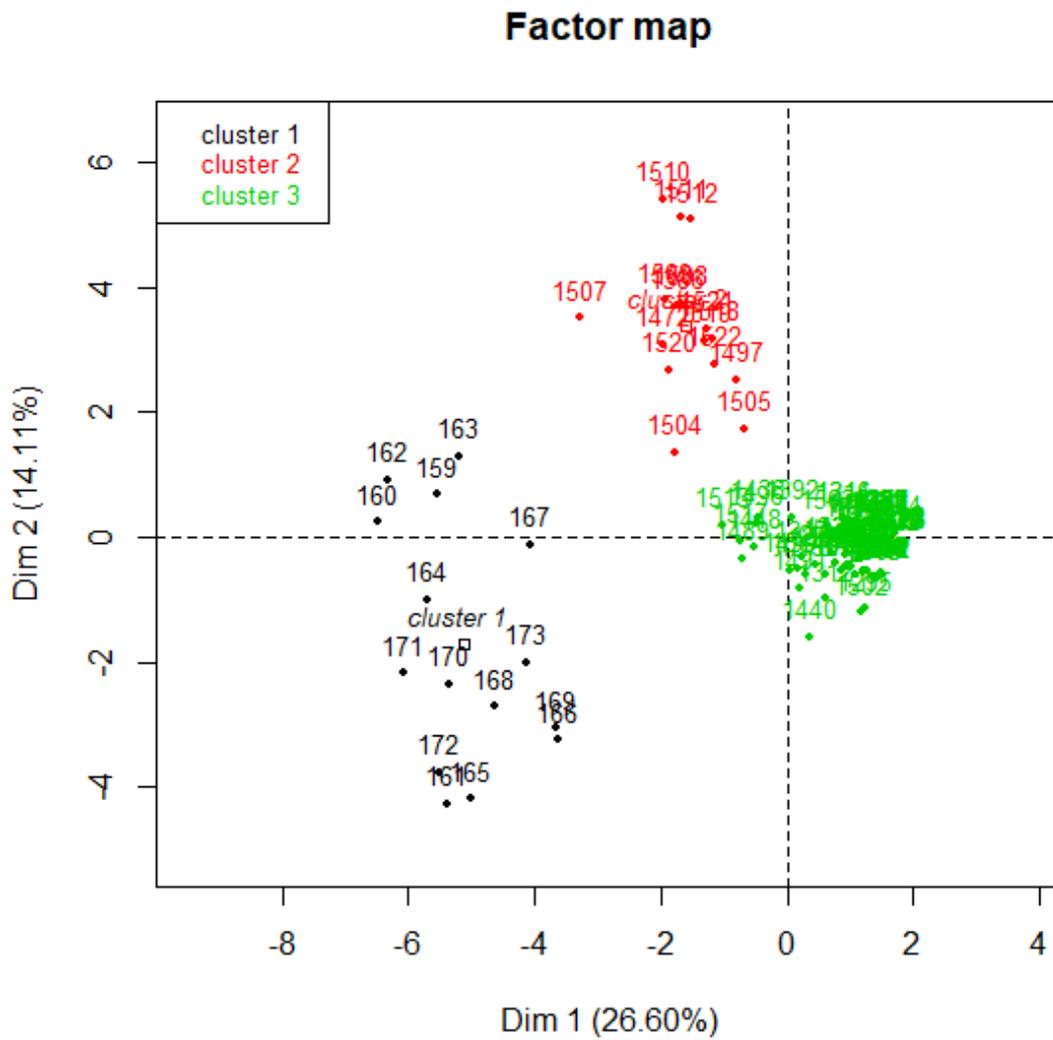
Se empleó la información de 144 plantas. Se identificaron 7 componentes con valores mayores a 1, que explican el 78.5% de la variación observada en el grupo (Cuadro 12).

Cuadro 12 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ RIR-7 (Cruza de Real-1/BYU 937) provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción varianza	Varianza acumulativa
1	4.788	26.602	26.60
2	2.539	14.107	40.71
3	2.000	11.111	51.82
4	1.506	8.367	60.19
5	1.251	6.952	67.14
6	1.048	5.822	72.96
7	1.005	5.581	78.54
8	0.828	4.602	83.14
9	0.636	3.536	86.68
10	0.603	3.351	90.03
11	0.557	3.097	93.13
12	0.418	2.324	95.45
13	0.380	2.108	97.56
14	0.174	0.965	98.53
15	0.138	0.767	99.29
16	0.127	0.708	100.00
17	0.000	0.000	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura 5 que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo RIR-7. En la Cuadro 13 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las evaluadas a excepción del rendimiento.



Cuadro 13 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de RIR-7 (Cruza de Real-1/BYU 937) provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	15	Color de panoja en floración: verde purpura. Forma de panoja: glomerulada, intermedia. Número de dientes: (0-3). Borde de hoja: entero, dentado. Días a la maduración: 80. Días a la Floración: 48.	161, 165, 172, 171, 170
2	15	Color de peciolo: verde. Color de tallo: purpura. Color de estrías: Purpura claro. Número de dientes: (0-12). Forma de panoja: glomerulada, intermedia. Densidad de panoja: laxa. Color de lámina foliar: verde claro y verde oscuro. Borde de hoja: dentado.	1511, 1512, 1510, 1507, 1509
3	95	Borde de hoja: aserrado. Días a la maduración: 92. Días a la floración: 60. Densidad de panoja: intermedia, laxa. Forma de panoja: intermedia. Color de panoja en floración: verde claro. Color de estrías: amarillo. Color de tallo: verde. Color de peciolo: verde claro	1495, 1494, 1502, 1274, 1295

FUENTE: Elaboración propia.

XReal-1: Compuesto (Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101)

Se empleó la información de 70 plantas. Se identificaron 7 componentes con valores mayores a 1, que explican el 72.649% de la variación observada en el grupo (Cuadro 14).

Cuadro 14 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ XREAL-1 (Cruza de Real-1/BYU 937) provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción de la variancia	Variancia acumulativa
1	2.674	15.728	15.73
2	2.174	12.788	28.52
3	2.000	11.765	40.28
4	1.733	10.197	50.48
5	1.516	8.919	59.40
6	1.139	6.699	66.10
7	1.114	6.553	72.65
8	0.943	5.549	78.20
9	0.804	4.732	82.93
10	0.670	3.940	86.87
11	0.603	3.545	90.42
12	0.454	2.672	93.09
13	0.403	2.371	95.46
14	0.365	2.150	97.61
15	0.224	1.319	98.93
16	0.183	1.073	100.00
17	0.000	0.000	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura 6 que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo XREAL-1. En el Cuadro 15 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las características evaluadas a excepción del rendimiento.

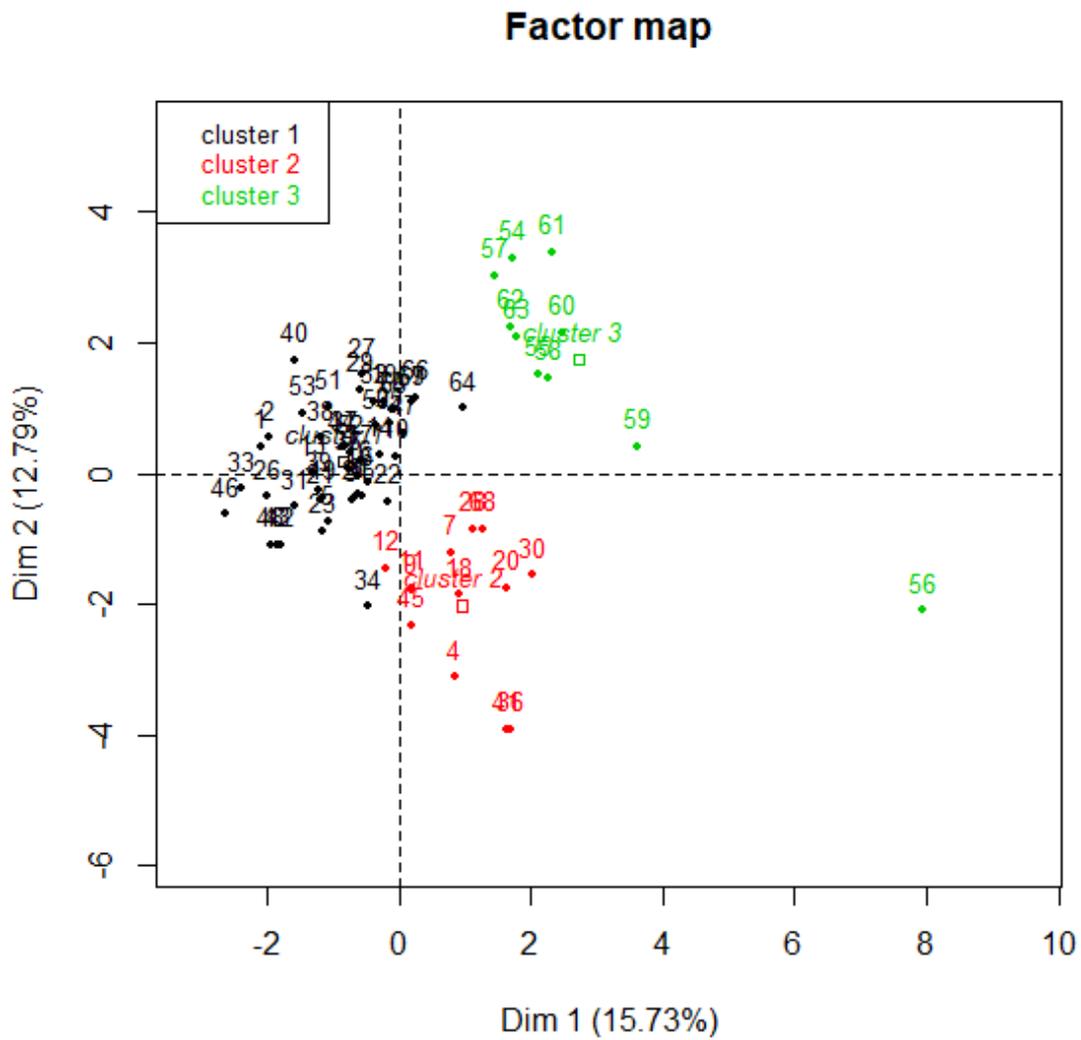


Figura 6 Grupos de plantas similares identificados en la población F₃ de XREAL-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Cuadro 15 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de XREAL-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	47	Densidad de panoja: intermedia. Color de lámina foliar: verde oscuro. Días a la maduración: 76. Días a la floración: 44. Color de peciolo: verde claro y verde oscuro. Color de tallo: Verde claro.	46, 70, 1, 2, 53
2	13	Color de tallo: Purpura oscuro. Forma de panoja: intermedia, amarantiforme. Color de lámina foliar: verde claro, verde oscuro.	41, 36, 4, 30, 18
3	10	Días antes de la floración: 49. Días a la maduración: 80. Borde de hoja: aserrado. Número de dientes: (3-12). Aspecto de grano: regular, malo.	56, 61, 54, 57, 60

FUENTE: Elaboración propia.

C4R-2: Co407/BYU 937

Se empleó la información de 242 plantas. Se identificaron 6 componentes con valores mayores a 1, que explican el 63.5% de la variación observada en el grupo (Cuadro 16).

Cuadro 16 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ C4R-2: Co407/BYU 937 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción de la variancia	Variancia acumulativa
1	2.931	17.243	17.24
2	2.092	12.305	29.55
3	2.000	11.765	41.31
4	1.437	8.450	49.76
5	1.278	7.520	57.28
6	1.057	6.217	63.50
7	0.969	5.701	69.20
8	0.881	5.182	74.38
9	0.794	4.669	79.05
10	0.784	4.613	83.67
11	0.695	4.087	87.75
12	0.631	3.714	91.47
13	0.516	3.035	94.50
14	0.444	2.611	97.11
15	0.378	2.226	99.34
16	0.112	0.662	100.00
17	0.000	0.000	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura 7 que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo C4R-2. En el Cuadro 17 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las características evaluadas a excepción del rendimiento.

Cuadro 17 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de C4R-2 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	132	Densidad de panoja: intermedia. Número de dientes: (0-12). Borde de hoja: aserrado. Forma de panoja: glomerulada, intermedia. Color de lámina foliar: verde claro. Forma de hoja de tallo: rombo. Color de panoja en floración: Verde orcuró. Color de estrías: amarillas. Color de peciolo: verde claro. Color de tallo: verde.	1236, 1192, 1239, 1055, 1234
2	107	Color de estrías: verde claro. Forma de panoja: glomerular. Borde de hoja: dentado. Número de dientes: (0-3). Densidad de panoja: laxa.	1242, 1233, 1002, 1051, 1044
3	3	Forma de hoja de panoja: triangular. Forma de hoja de tallo: triangular. Color de panoja en floración: verde-amarillo. Color de tallo: purpura verde. Color de lámina foliar: verde claro.	1016, 1011, 1012

FUENTE: Elaboración propia.

X0654: Compuesto proveniente de la mezcla de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1101

Se empleó la información de 26 plantas. Se identificaron 6 componentes con valores mayores a 1, que explican el 83.195% de la variación observada en el grupo (Cuadro 18).

Cuadro 18 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ X0654 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción de la variancia	Variancia acumulativa
1	4.761	28.005	28.00
2	3.000	17.647	45.65
3	2.115	12.440	58.09
4	1.732	10.190	68.28
5	1.455	8.560	76.84
6	1.080	6.353	83.19
7	0.814	4.789	87.98
8	0.636	3.741	91.72
9	0.524	3.084	94.81
10	0.453	2.663	97.47
11	0.244	1.436	98.91
12	0.185	1.087	100.00
13	0.001	0.004	100.00
14	0.000	0.001	100.00
15	0.000	0.000	100.00
16	0.000	0.000	100.00
17	0.000	0.000	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura 8 que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo X0654. El grupo

3 se diferencia claramente de los dos primeros grupos. En el Cuadro 19 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las características evaluadas a excepción del rendimiento.

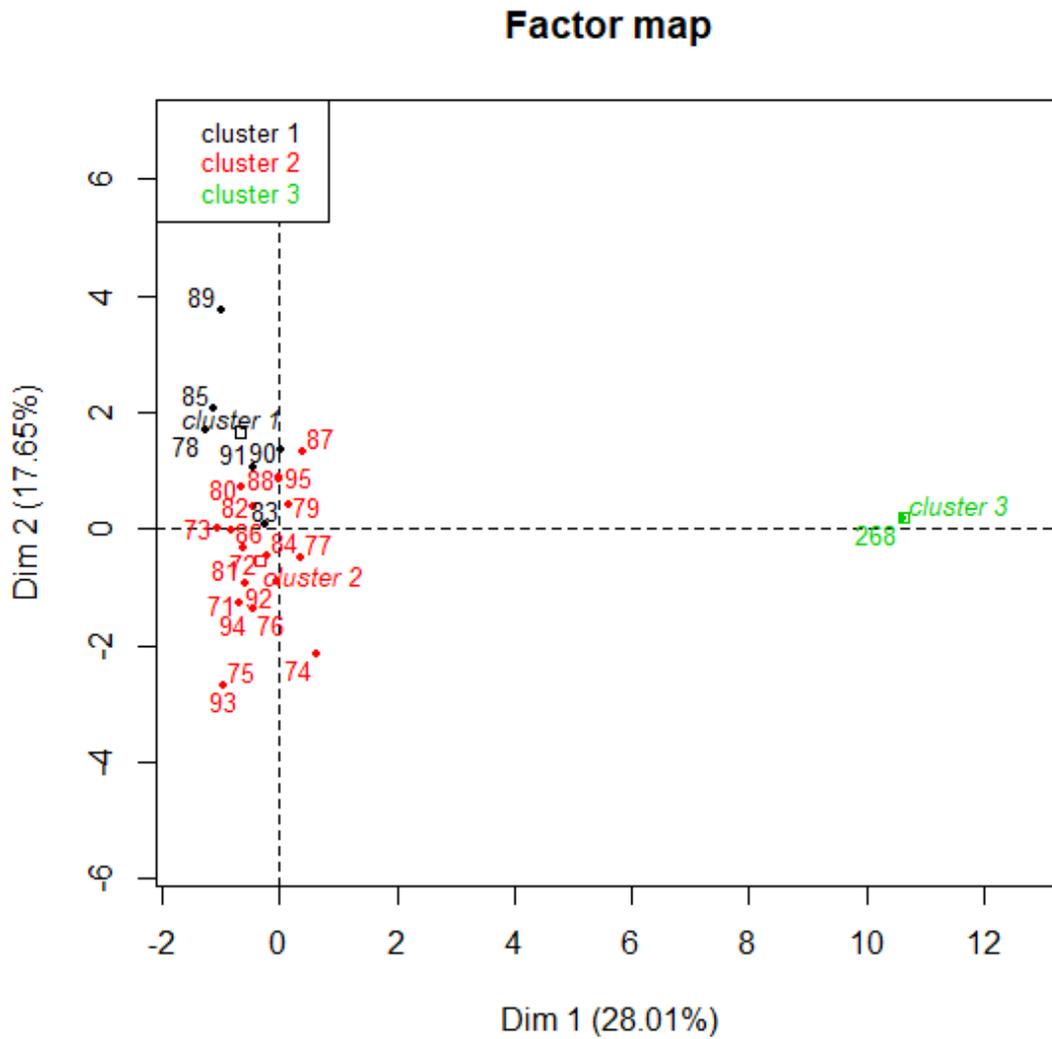


Figura 8 Grupos de plantas similares identificados en la población F₃ de X0654 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Cuadro 19 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de X0654 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	6	Color de tallo: Verde oscuro. Color de panoja en floración: Purpura verde. Color de estrías: amarillo y verde claro.	89, 78, 95, 90, 83
2	19	Color de estrías: amarillo. Color de panoja en floración: Verde oscuro. Color de tallo: verde claro.	72, 93, 74, 75, 87
3	1	Días a la maduración: 113. Días a la floración: 78. Color de peciolo: purpura verde. Forma de panoja: glomerular.	268

FUENTE: Elaboración propia.

06R-1: Cruza de 0654/BYU 937.

Se empleó la información de 384 plantas. Se identificaron 8 componentes con valores mayores a 1, que explican el 67.485% de la variación observada en el grupo (Cuadro 20).

Cuadro 20 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ 06R-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción de la variancia	Variancia acumulativa
1	2.266	13.330	13.33
2	1.999	11.759	25.09
3	1.765	10.381	35.47
4	1.345	7.911	43.38
5	1.092	6.421	49.80
6	1.005	5.913	55.72
7	1.001	5.888	61.60
8	1.000	5.882	67.48
9	0.945	5.561	73.05
10	0.881	5.181	78.23
11	0.794	4.671	82.90
12	0.751	4.418	87.32
13	0.671	3.948	91.26
14	0.571	3.356	94.62
15	0.464	2.729	97.35
16	0.450	2.651	100.00
17	0.000	0.000	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura 9 que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo 06R-1. El grupo 3 se diferencia claramente de los dos primeros grupos. En el Cuadro 21 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las características evaluadas a excepción del rendimiento.

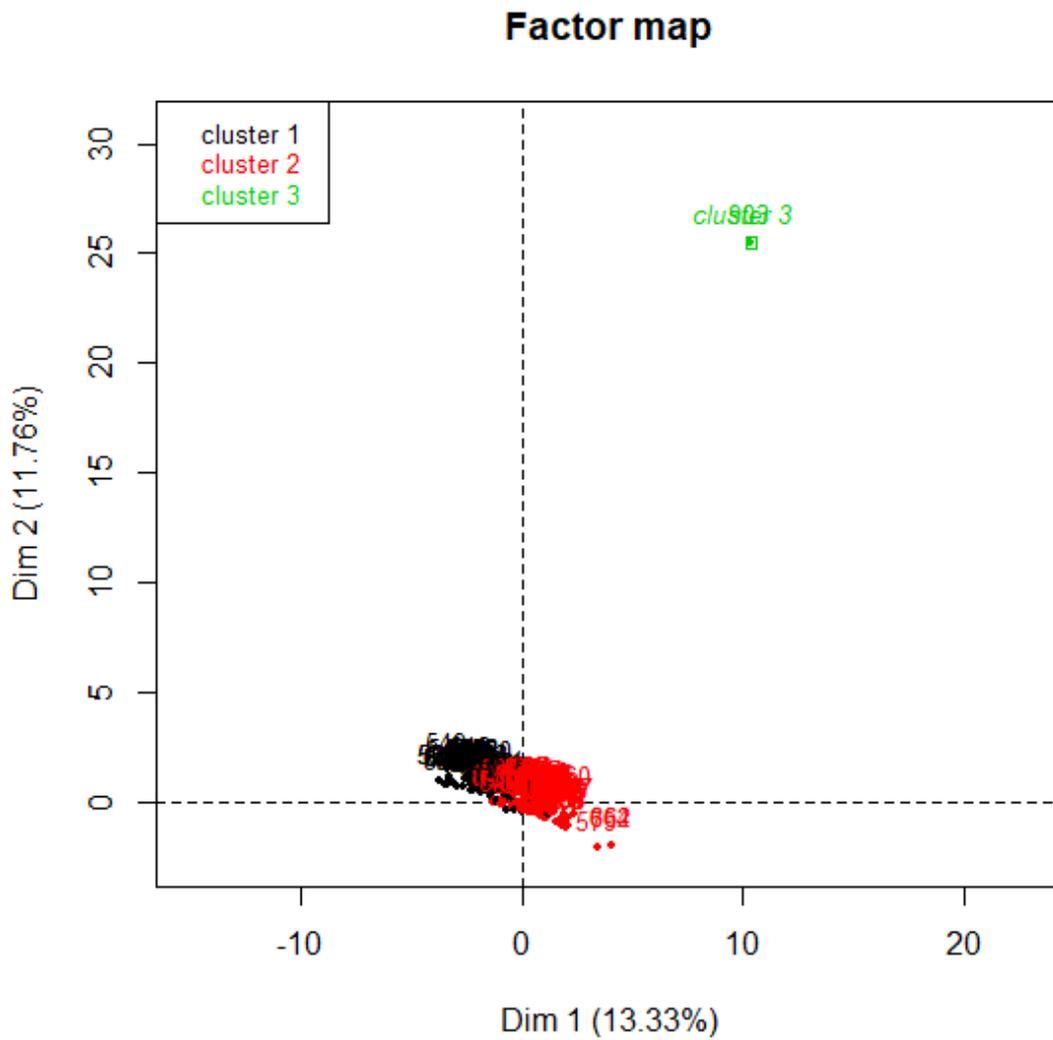


Figura 9 Grupos de plantas similares identificados en la población F₃ de 06R-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Cuadro 21 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de 06R-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	106	Color de axilas: purpura claro. Densidad de panoja: laxa, intermedia. Color de panoja en floración: Verde claro. Color de lámina foliar: verde oscuro. Color de estrías: amarillo. Color de peciolo: verde oscuro. Color de tallo: Verde oscuro.	538, 692, 549, 626, 528
2	277	Color de tallo: verde oscuro. Color de estrías: verde oscuro. Color de lámina foliar: verde oscuro. Color de panoja en floración: verde oscuro. Densidad de panoja: laxa, intermedia. Color de axila: amarillo.	579, 662, 664, 844, 537
3	1	Forma de hoja de panoja: rombo. Forma de hoja de tallo: triangular.	903

FUENTE: Elaboración propia.

NLR-1: cruza de NL-6/Unknown.

Se empleó la información de 63 plantas. Se identificaron 6 componentes con valores mayores a 1, que explican el 76.249% de la variación observada en el grupo (Cuadro 22).

Cuadro 22 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ NLR-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción de la variancia	Variancia acumulativa
1	3.335	19.619	19.62
2	3.000	17.647	37.27
3	2.733	16.078	53.34
4	1.667	9.805	63.15
5	1.215	7.145	70.29
6	1.012	5.955	76.25
7	0.847	4.980	81.23
8	0.688	4.045	85.27
9	0.617	3.631	88.91
10	0.455	2.678	91.58
11	0.448	2.633	94.22
12	0.382	2.245	96.46
13	0.343	2.020	98.48
14	0.258	1.519	100.00
15	0.000	0.000	100.00
16	0.000	0.000	100.00
17	0.000	0.000	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura 10 que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo NLR-1. En el Cuadro 23 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las características evaluadas a excepción del rendimiento.

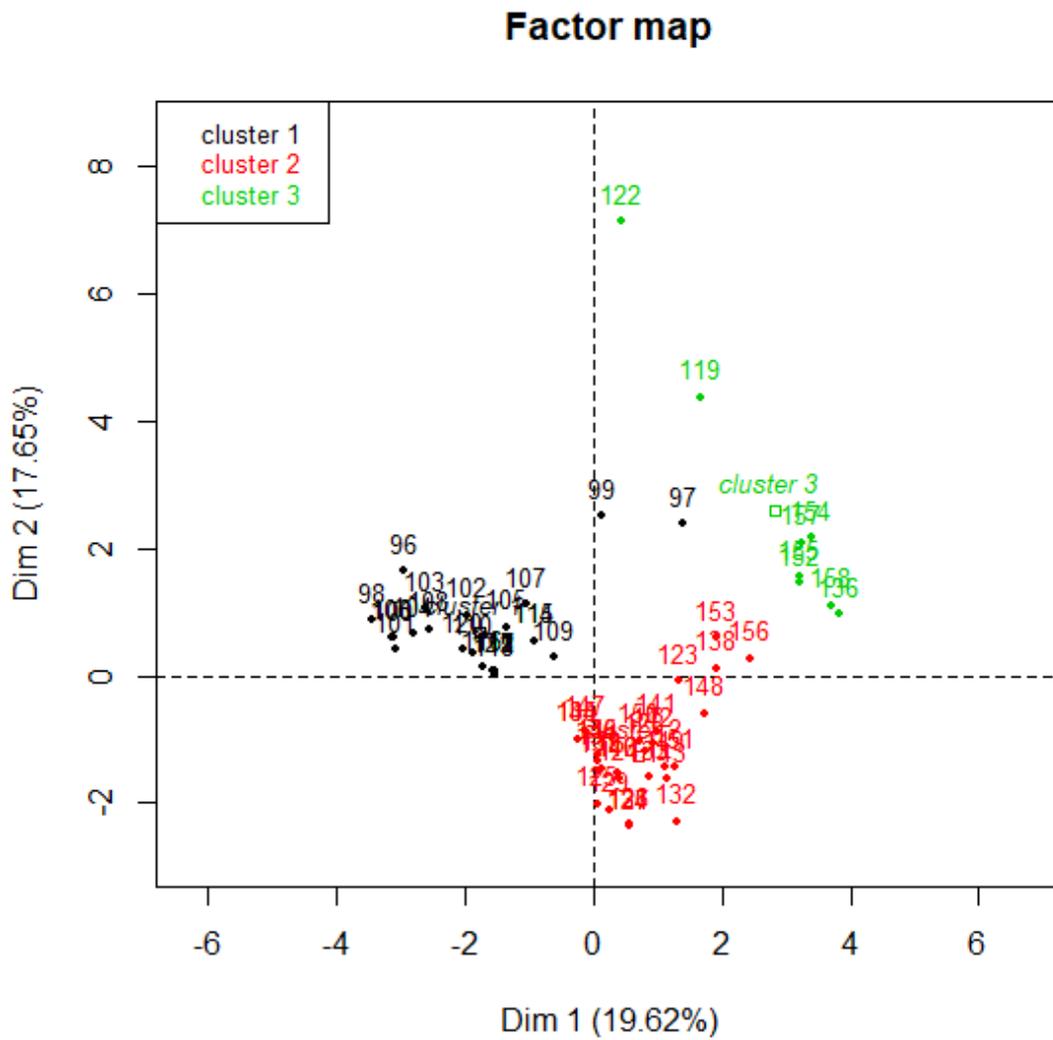


Figura 10 Grupos de plantas similares identificados en la población F₃ de NLR-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Cuadro 23 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de NLR-1 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	25	Forma de panoja: intermedia. Color de axila: ausente. Color de tallo: verde claro. Borde de hoja: dentado. Días a la maduración: 70. Días a la floración: 45.	99, 98, 96, 106, 100
2	30	Días a la maduración: 71. Días a la floración: 47. Borde de hoja: serrado. Número de dientes: (0-3). Forma de panoja: glomerulada, intermedia.	132, 127, 134, 126, 143
3	8	Color de tallo: verde. Color de axila: ausente, amarillo. Color de estrías: verde oscuro, purpura. Número de dientes: (0-12). Color de panoja en floración: verde rojo.	122, 136, 119, 154, 157

FUENTE: Elaboración propia.

R1Y-5: Cruza de Real-1/BYU 1101

Se empleó la información de 203 plantas. Se identificaron 8 componentes con valores mayores a 1, que explican el 68.556% de la variación observada en el grupo (Cuadro 24).

Cuadro 24 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ R1Y-5 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción de la variancia	Variancia acumulativa
1	2.531	14.063	14.06
2	2.000	11.111	25.17
3	1.707	9.482	34.66
4	1.528	8.490	43.15
5	1.308	7.268	50.41
6	1.165	6.473	56.89
7	1.088	6.044	62.93
8	1.013	5.625	68.56
9	0.906	5.035	73.59
10	0.790	4.387	77.98
11	0.708	3.933	81.91
12	0.678	3.767	85.68
13	0.646	3.591	89.27
14	0.615	3.414	92.68
15	0.515	2.861	95.54
16	0.452	2.513	98.06
17	0.350	1.943	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura ?? que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo R1Y-5. En el Cuadro 25 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las características evaluadas a excepción del rendimiento.

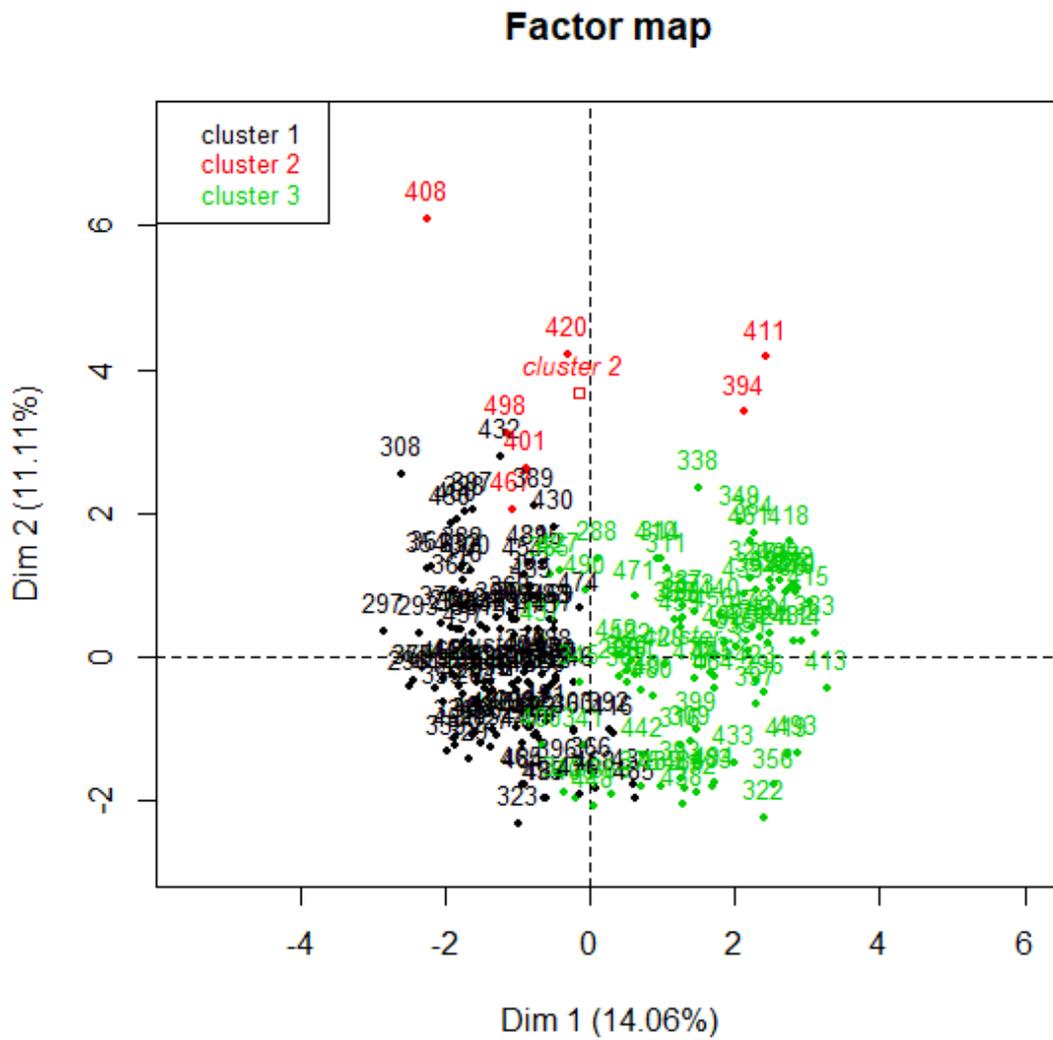


Figura 11 Grupos de plantas similares identificados en la población F₃ de R1Y-5 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Cuadro 25 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de R1Y-5 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	110	Color de axilas: purpura. Borde de hoja: dentado. Densidad de panoja: laxa, intermedia. Forma de hoja de tallo: rombo. Color de estrías: amarillo. Color de peciolo: verde claro. Color de panoja en floración: verde. Color de tallo: verde oscuro.	308, 359, 284, 381, 297
2	7	Forma de hoja de tallo: triangular. Forma de hoja de panoja: lanceolada. Número de dientes: (0-12). Forma de panoja: intermedia. Color de panoja en floración: verde oscuro. Color de estrías: verde oscuro. Densidad de	408, 498, 420, 411 394
3	86	panoja: laxa, intermedia. Forma de hoja de tallo: rombo. Borde de hoja: entero, dentado. Color de axila: amarillo.	341, 322, 415, 482, 413

FUENTE: Elaboración propia.

X11-54: Compuesto de 11-54 / BYU 937, 11-54 / BYU 1301; 11-54 /BYU 1314

Se empleó la información de 45 plantas. Se identificaron 5 componentes con valores mayores a 1, que explican el 77.852% de la variación observada en el grupo (Cuadro 26).

Cuadro 26 Valor propio y proporción de la variación fenotípica de los caracteres evaluados en el grupo F₃ X11-54 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Componente	Varianza	Proporción de la variancia	Variancia acumulativa
1	5.000	29.412	29.41
2	4.094	24.082	53.49
3	1.587	9.333	62.83
4	1.469	8.639	71.47
5	1.086	6.386	77.85
6	0.906	5.331	83.18
7	0.886	5.212	88.39
8	0.733	4.312	92.71
9	0.467	2.748	95.45
10	0.305	1.793	97.25
11	0.268	1.579	98.83
12	0.200	1.173	100.00
13	0.000	0.000	100.00
14	0.000	0.000	100.00
15	0.000	0.000	100.00
16	0.000	0.000	100.00
17	0.000	0.000	100.00
18	0.000	0.000	100.00

FUENTE: Elaboración propia.

Según el análisis de agrupamiento, en la Figura 12 que muestra tres grupos bien diferenciados en los genotipos que componen la población F₃ del grupo X11-54. En el

Cuadro 27 se presentan las características que definen cada grupo considerando todas las características evaluadas a excepción del rendimiento.

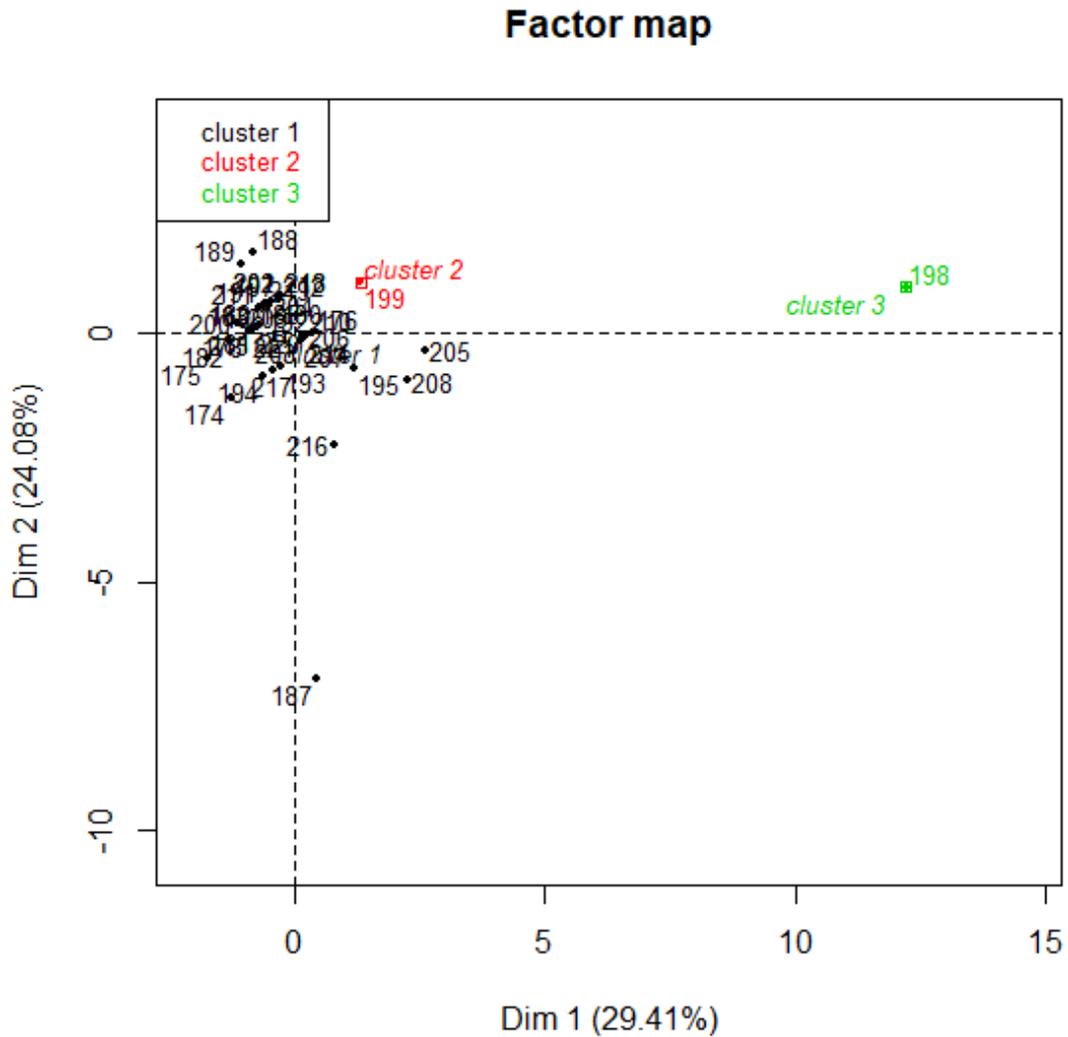


Figura 12 Grupos de plantas similares identificados en la población F₃ de X11-54 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Cuadro 27 Caracterización de los grupos similares identificados en la población F₃ de X11-54 provenientes de cruzamientos entre especies del género “*Chenopodium*”. La Molina 2016-17.

Grupo	N° plantas	Características	Representantes del grupo
1	43	Color de tallo: púrpura oscuro. Densidad de panoja: intermedia. Borde de hoja: dentado, entero. Número de dientes (0-3). Color de axila: ausente. Color de estrías: ausente.	187, 188, 200, 182, 189
2	1	Color de tallo: verde claro.	199
3	1	Color de axila: púrpura oscuro. Color de estrías: amarillo. Número de dientes: (3-12). Borde de hoja: aserrado. Color de peciolo: verde claro. Forma de panoja: glomerular	198

FUENTE: Elaboración propia.

Según Franco y Hidalgo (2003) es posible representar las variables sobre los dos primeros ejes de componentes principales, como se hizo en el presente trabajo, por tratarse de un análisis con datos estandarizados. Según Franco y Hidalgo (2003), la selección del número de componentes que se debe retomar para el análisis es aún tema de discusión entre especialistas, ya que no existen pruebas estadísticas inferenciales que permitan probar la significancia de dichos valores. Probablemente este criterio determinó que en todos los grupos de familias F₃ estudiadas en la presente tesis se encontraron tres grupos diferentes.

Benlhabib et al. (2016) estudió cruza similares a las evaluadas en la presente tesis en la generación F_{2:6}, líneas recombinantes autofecundadas y progenitores. Señala la existencia de una alta variación genética para los caracteres cualitativos (color de semillas, hojas, tallos e inflorescencia, tipo de panoja; entre otros) y cuantitativos evaluados (diámetro de semillas, altura de planta, longitud de panícula, madurez, rendimiento y otros) y probable segregación transgresiva para rendimiento (22.42 g/planta). El dendograma basado en UPGMA usando el programa PAST v.2.16 dividió al material en tres grupos definidos.

En base a los resultados se pudo apreciar diferentes grados de variabilidad en los ocho genotipos evaluados (Cuadro 28)

Cuadro 28 Orden de grado de variabilidad del menos al más observado en las poblaciones F₃ estudiadas.

Orden	Población
1	X11-54
2	X0654
3	NLR-1
4	R1R-7
5	XREAL1
6	06R-1
7	R1Y-5
8	C4R-2

FUENTE: Elaboración propia.

El genotipo X11-54 fue el grupo F₃ menos variable, Figura 13. Tres componentes explican el 62.82% de la varianza, lo cual también fue verificado en campo. Las plantas de éste genotipo tenían coloraciones purpuras en tallo y hojas, el tipo de la panoja era glomerulada y la densidad intermedia. Los granos que se obtuvieron en la cosecha eran blanco cremoso muy similares a los de la quinua cultivada.

El genotipo C4R-2 se mostró como el más variable de los grupos F₃ evaluados según el análisis de componentes principales, sin embargo, también fue conglomerado en tres grupos por el análisis de agrupamiento como el resto de genotipos.



Figura 13 Individuos del genotipo X11-54 a 90 días después de la siembra.

V . CONCLUSIONES

1 OBJETIVO 1

1. Todos los grupos F₃ evaluados mostraron síntomas de susceptibilidad al hongo del mildiú *Peronospora variabilis*. El sub grupo R1R7.2 del grupo F₃ R1R7-2 fue el más afectado y el grupo X11-54 fue el menos afectado por *Peronospora variabilis*.
2. Se identificaron genotipos calificados con valor mínimos de 10% de severidad fueron Cruza de Real-1/BYU 937 (R1R7.1), Compuesto Real-1/ BYU 937, Real-1/ BYU 1301; Real-1/BYU 1314; Real-1/ 1101 (XREAL.1), Co407/BYU 937 (C4R), Compuesto de Real-1 (0654)/ BYU 937, Real-1 (0654)/ BYU 1301; Real-1 (0654)/BYU 1314; Real-1 (0654)/ BYU 1102 (X0654.2), Cruza 0654/BYU 937 (X06R), Cruza NL-6/Unknown (NLR.1).

2 OBJETIVO 2

1. La caracterización morfológica permitió identificar diferentes tipos de caracteres dentro de las plantas de las Familias F₃. Se identificaron grupos de plantas con diferentes colores de tallo, colores de las estrías del tallo, color de hojas, inflorescencias y tipos de inflorescencia.
2. Se determinó que el rango de floración varió de 40 a 105 días y el de maduración de 70 a 150 días. Los subgrupos F₃ que presentaron mayor precocidad respecto a los demás fueron R1R-7.2, XREAL1.1, XREAL1.2, XREAL1.3, XREAL1.4, X0654-1.1, NLR-1.1, NLR-1.2, NLR-1.3. Por otro, lado en los subgrupos R1R7.1, C4R-2, X0654.2, RIY-5, se identificaron como tardíos.

El rendimiento medio de planta varió de 0.41 a 6.2 g/planta y el rendimiento más alto observado fue igual a 41.2 g/ planta. Los genotipos R1Y-5, 06R y C4R-2 tuvieron los individuos con rendimientos más altos en gramos por planta.

3 OBJETIVO 3

Se identificaron tres grupos diferentes de genotipos dentro de cada Familia F₃. Se identificó alta variación en caracteres morfológicos y agronómicos.

VI . RECOMENDACIONES

- Continuar con la evaluación empleando los individuos representantes de cada grupo resultante del clúster análisis de los genotipos.
- Realizar pruebas preliminares de rendimiento y hacer seguimiento al comportamiento de las plantas seleccionadas como resistentes a la enfermedad del mildiú.
- Revisar la investigación titulada “Elevated Genetic Diversity in an $F_{2.6}$ Population of Quinoa (*Chenopodium quinoa*) Developed through an Inter-ecotype Cross”, para conocer más acerca de los padres de las cruas F_3 .

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abadie, R; Ceretta, S. 1997. Exploring Crop Adaptation through the Study of Multi Environment Trials (METS). *In* South American Oats Congress, 3., 1997, La Estanzuela, Colonia, Uruguay, s.l., INIA.

Abugoch James, LE. 2009. Chapter 1 Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.): Composition, Chemistry, Nutritional, and Functional Properties. *In*. s.l., Academic Press, vol.58, (Advances in Food and Nutrition Research). pp. 1-31 DOI: [https://doi.org/10.1016/S1043-4526\(09\)58001-1](https://doi.org/10.1016/S1043-4526(09)58001-1).

Ahamed, NT; Singhal, RS; Kulkarni, PR; Pal, M. 1998. A Lesser-Known Grain, *Chenopodium Quinoa*: Review of the Chemical Composition of Its Edible Parts. *Food and Nutrition Bulletin* 19(1):61-70. DOI: <https://doi.org/10.1177/156482659801900110>.

Alfano, JR; Collmer, A. 1997. The Type III (Hrp) Secretion Pathway of Plant Pathogenic Bacteria: Trafficking Harpins, Avr Proteins, and Death. *Journal of bacteriology* 179(18):5655.

Benlhabib, O; Boujartani, N; Maughan, PJ; Jacobsen, SE; Jellen, EN. 2016. Elevated Genetic Diversity in an F2: 6 Population of Quinoa (*Chenopodium Quinoa*) Developed through an Inter-Ecotype Cross. *Frontiers in plant science* 7:1222.

Bioversity International; Food and Agriculture Organization of the United Nations; Fundación para la Promoción e Investigación de Productos Andinos; Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal; International Fund for Agricultural Development. 2013. Descriptores para quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. s.l., Bioversity International.

Bojanic, A. 2011. La Quinua: Cultivo Milenario Para Contribuir a La Seguridad Alimentaria Mundial. s.l., D-FAO.

Bonifacio, A; Gomez-Pando, L; Rojas, W. 2014. Mejoramiento Genético de La Quinua y El Desarrollo de Variedades Modernas. Capítulo 2:203-226.

Bonifacio, A; Saravia, R. 1999. Evaluación de La Resistencia Al Mildiu En Quinoa. Proceedings of the Tercer Taller de Produza en Resistencia Duradera en Cultivos Altos en la Zona Andina:27-29.

Bonifacio, A; Vargas, A; Alcón, M; Apaza, R. 2001. Resistencia de la Quinoa Frente a la Enfermedad Del Mildiu. s.l., s.e.

Choi, Y-J; Danielsen, S; Lübeck, M; Hong, S-B; Delhey, R; Shin, H-D. 2010. Morphological and Molecular Characterization of the Causal Agent of Downy Mildew on Quinoa (*Chenopodium Quinoa*). Mycopathologia 169(5):403-412. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11046-010-9272-y>.

Choi, Y-J; Denchev, CM; Shin, H-D. 2008. Morphological and Molecular Analyses Support the Existence of Host-Specific *Peronospora* Species Infecting *Chenopodium*. Mycopathologia 165(3):155-64. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11046-007-9087-7>.

Cliff, N. 1987. Analyzing Multivariate Data. San Diego, CA, US, Harcourt Brace Jovanovich, (Analyzing Multivariate Data).

Crisci, JV; Lopez, MF. 2014. Taxonomía Numérica Introducción a La Teoría y Práctica de La Taxonomía Numérica. (January 1983).

Danielsen, S; Ames, T. 2000. El Mildiu (*Peronospora Farinosa*) de La Quinoa (*Chenopodium Quinoa*) En La Zona Andina: Manual Práctico Para El Estudio de La Enfermedad y El Patogeno..

Danielsen, S; Jacobsen, SE; Echegaray, J; Ames, T. 1999. Impact of Downy Mildew on the Yield of Quinoa. CIP program report 2000:397-401.

Danielsen, S; Jacobsen, S-E; Hockenhull, J. 2002. First Report of Downy Mildew of Quinoa Caused by *Peronospora Farinosa* f. Sp. *Chenopodii* in Denmark. Plant Disease 86(10):1175-1175. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS.2002.86.10.1175B>.

Dizes, J; Bonifacio, A. 1992. Estudio En Microscopia Electrónica de La Morfología de Los Órganos de La Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd) y de La Cañihua (*Chenopodium Pallidicaule* Aellen) En Relación Con La Resistencia a La Sequia. In Actas Del VII Congreso Internacional de Cultivos Andinos. La Paz, Bolivia. s.l., s.e. pp. 69-74.

FAO. 2018. Organización de Las Naciones Unidas Para La Alimentación y La Agricultura: Alimento Nutritivo | Plataforma de Información de La Quinoa. s.l., <http://www.fao.org/in-action/quinoa-platform/quinoa/alimento-nutritivo/es/>.

Franco, TL; Hidalgo, R. 2003. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. s.l., s.e., (no. 8).

Gabriel, J; Luna, N; Vargas, A; Magne, J; Angulo, A; La Torre, J; Bonifacio, A. 2012. Quinoa de Valle (*Chenopodium Quinoa* Willd.): Fuente Valiosa de Resistencia Genética Al Mildiu (*Peronospora Farinosa* Willd.). Journal of the Selva Andina Research Society 3(2):27-44.

Gandarillas, A; Saravia, R; Plata, G; Quispe, R; Ortiz-Romero, R. 2015. Principle Quinoa Pests and Diseases. State of the art report on quinoa:192.

Gómez, L; Aguilar, E. 2016. Guía Del Cultivo de La Quinoa (en línea). s.l., s.e., vol.1. DOI: <https://doi.org/10.1017/CBO9781107415324.004>.

Gómez Pando, LR; Eguiluz de la Barra, L; Falconí Palomino, J; Ibañez Tremolada, M. 2011. Catálogo Del Banco de Germoplasma de Quinoa. s.l., Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima (Peru).

Hair, JF. 2001. Análisis Multivariante. s.l., Pearson.

IBPGR. 1991. Descriptors for Maize/Descriptores Para Maiz/Descripteurs Pour Le Maïs. Rome, (Italy), International Board for Plant Genetic Resources.

Jacobsen, S-E; Mujica, A; Jensen, CR. 2003. The Resistance of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) to Adverse Abiotic Factors. Food Reviews International 19(1-2):99-109. DOI: <https://doi.org/10.1081/FRI-120018872>.

Jacobsen, S-E; Stolen, O. 1993. Quinoa - Morphology, Phenology and Prospects for Its Production as a New Crop in Europe. European Journal of Agronomy 2(1):19-29. DOI: [https://doi.org/10.1016/S1161-0301\(14\)80148-2](https://doi.org/10.1016/S1161-0301(14)80148-2).

Jensen, CR; Jacobsen, S-E; Andersen, MN; Núñez Ez, N; Andersen, SD; Rasmussen, L; Mogensen, VO. 2000. Leaf Gas Exchange and Water Relation Characteristics of Field

Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) during Soil Drying. European Journal of Agronomy Europ. J. Agronomy 13(13):11-25.

Kitz, L. 2008. Evaluation of Downy Mildew (*Peronospora Farinosa* f.Sp. *Chenopodii*) Resistance among Quinoa Genotypes and Investigation of *P. Farinosa* Growth Using Scanning Electron Microscopy. All Theses and Dissertations.

Koziol, M. 1992. Chemical Composition and Nutritional Evaluation of Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.). Journal of Food Composition and Analysis 5(1):35-68. DOI: [https://doi.org/10.1016/0889-1575\(92\)90006-6](https://doi.org/10.1016/0889-1575(92)90006-6).

Kumar, A; Bhargava, A; Shukla, S; Singh, HB; Ohri, D. 2006. Screening of Exotic *Chenopodium Quinoa* Accessions for Downy Mildew Resistance under Mid-Eastern Conditions of India. Crop Protection 25(8):879-889. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2005.11.012>.

Llorente, JR. 2008. Quínoa: Un Auténtico Superalimento..

Matiacevich, SB; Castellión, ML; Maldonado, SB; Pilar Buera, M. 2006. Water-Dependent Thermal Transitions in Quinoa Embryos. Thermochimica Acta 448:117-122. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tca.2006.06.016>.

Mujica, A; Jacobsen, S-e. 2006. La Quinoa (*Chenopodium Quinoa* Willd.) y Sus Parientes Silvestres. Botánica Económica de los Andes Centrales:449-457.

Murphy, KS; Matanguihan, J. 2015. Quinoa: Improvement and Sustainable Production. s.l., John Wiley & Sons.

Ochoa, J; Danial, D. 1999. Manejo de Patógenos Especializados En El Mejoramiento Genético de Plantas Para Resistencia a Enfermedades. Curso sobre aspectos técnicos en el manejo de los patosistemas de cultivos altos:17-31.

Otazú, V; Aguilar, PC; Canahua, A. 1976. Resistance of *Chenopodium Quinoa* to Mildew (*Peronospora Effusa*). Fitopatología 11(2):47-49.

Peterson, A; Jacobsen, S-E; Bonifacio, A; Murphy, K. 2015. A Crossing Method for Quinoa. Sustainability 7(3):3230-3243. DOI: <https://doi.org/10.3390/su7033230>.

Pla, LE. 1986. Análisis Multivariado: Método de Componentes Principales. s.l., OEA, Washington, DC (EUA). Secretaría General. Programa Regional de Desarrollo Científico y Tecnológico, (no. 519.535 P696).

PROCISUR; IICA. 2010. Estrategia En Los Recursos Fitogenéticos Para Los Países Del Cono Sur. s.l., s.e., vol.14, (no. 38). DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-40142000000100005>.

Quispe, R; Saravia, R; Bonifacio, A. 2013. Cría de Insectos: Herramienta Para El Desarrollo de Componentes Del Manejo de Plagas Del Cultivo de La Quinoa. *In* Congreso Científico de La Quinoa. s.l., Ministerio de Desarrollo Rural y Tierras (Bolivia) Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal.

R Core Team. 2018. R: A Language and Environment for Statistical Computing (en línea). Vienna, Austria, R Foundation for Statistical Computing. Disponible en <https://www.R-project.org/>.

Repo-Carrasco, R; Espinoza, C; Jacobsen, SE. 2003. Nutritional Value and Use of the Andean Crops Quinoa (*Chenopodium Quinoa*) and Kañiwa (*Chenopodium Pallidicaule*). *Food Reviews International* 19(1-2):179-189. DOI: <https://doi.org/10.1081/FRI-120018884>.

Risco Mendoza, A. 2014. Severidad de *Peronospora variabilis* GÄUM. En *Chenopodium quinoa* Willd. Pasankalla como respuesta a aplicaciones de fungicidas sintéticos y bioestimulantes. Universidad Nacional Agraria La Molina.

Risi, J; Rojas, W; Pacheco, M. 2015. Producción Y Mercado de La Quinoa En Bolivia. s.l., s.e.

Rojas, W. 2003. Multivariate Analysis of Genetic Diversity of Bolivian Quinoa Germplasm. *Food Reviews International* 19(1-2):9-23. DOI: <https://doi.org/10.1081/FRI-120018864>.

Ruales, J; Nair, BM. 1992. Nutritional Quality of the Protein in Quinoa (*Chenopodium Quinoa*, Willd) Seeds. *Plant Foods for Human Nutrition* 42(1):1-11. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02196067>.

Saravia, R; Plata, G; Gandarillas, A. 2014. Plagas y Enefermedades Del Cultivo de Quinoa. Cochabamba, BO.: Fundacion PROINPA.

Sevilla, R; Holle, M. 2004. Recursos Genéticos Vegetales..

Tapia, M. 1979. La Quinoa y La Kañiwa: Cultivos Andinos. s.l., Bib. Orton IICA/CATIE, vol.40.

Tapia, ME. (1990). Cultivos Andinos Subexplotados y Su Aporte a La Alimentación. s.l., Organizacion de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentacion.

van Hintum, J; Brown, A; Spillane, C; Hodgkin, T. 1997. Core Collections of Plant Genetic Resources. s.l., s.e., vol.68, (no. 1-4). DOI: [https://doi.org/10.1016/S0304-4238\(96\)00927-2](https://doi.org/10.1016/S0304-4238(96)00927-2).

Wright, KH; Pike, OA; Fairbanks, DJ; Huber, CS. 2002. Composition of *Atriplex Hortensis*, Sweet and Bitter *Chenopodium Quinoa* Seeds. Journal of Food Science 67(4):1383-1385. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2621.2002.tb10294.x>.

VIII. ANEXOS

1 Análisis de suelo



Figura 14 Análisis de suelo del campo GUAYABO II, lugar donde se realizó el desarrollo del experimento.

- 2 Distribución de las variables originales de los genotipos sobre el primer y segundo componentes principales.

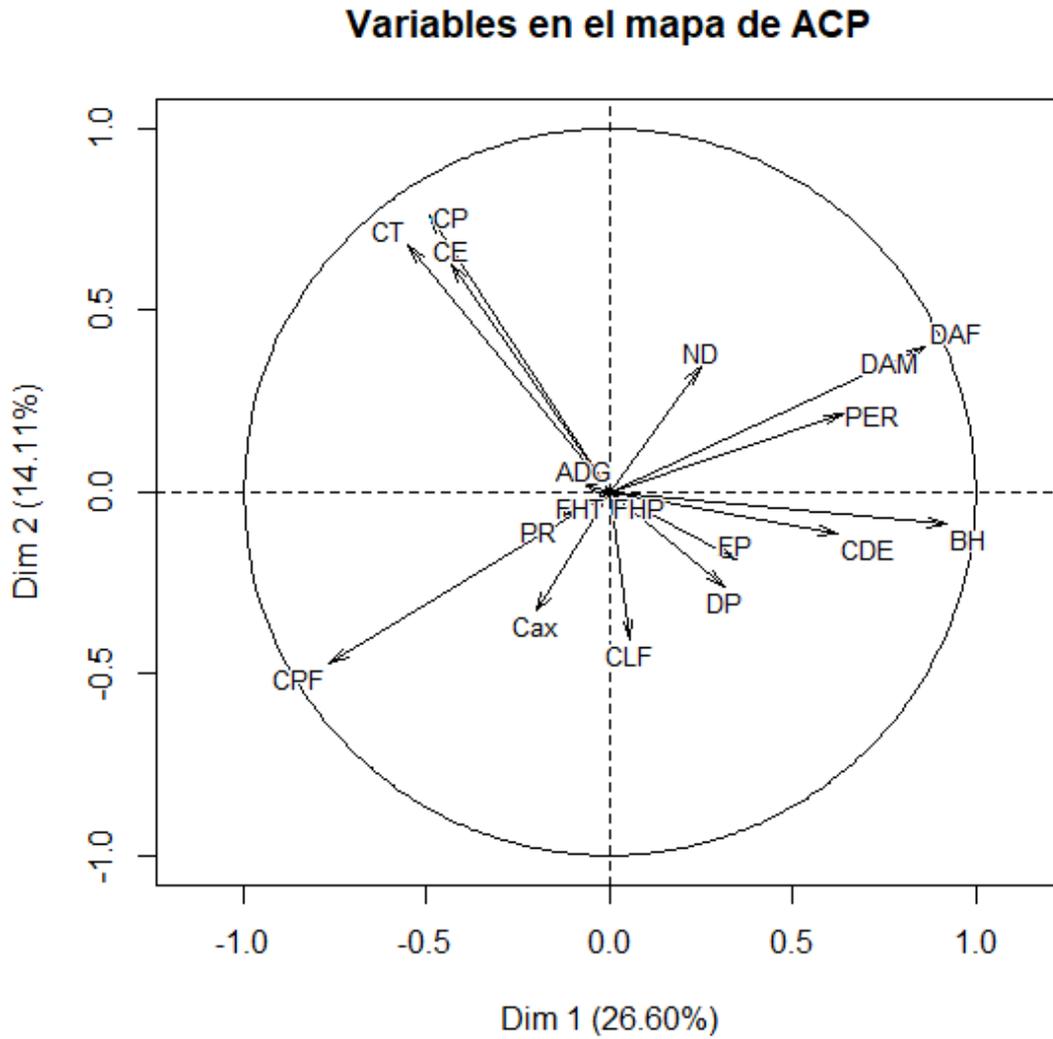


Figura 15 Variables en el mapa ACP del genotipo RIR7.

Variables en el mapa de ACP

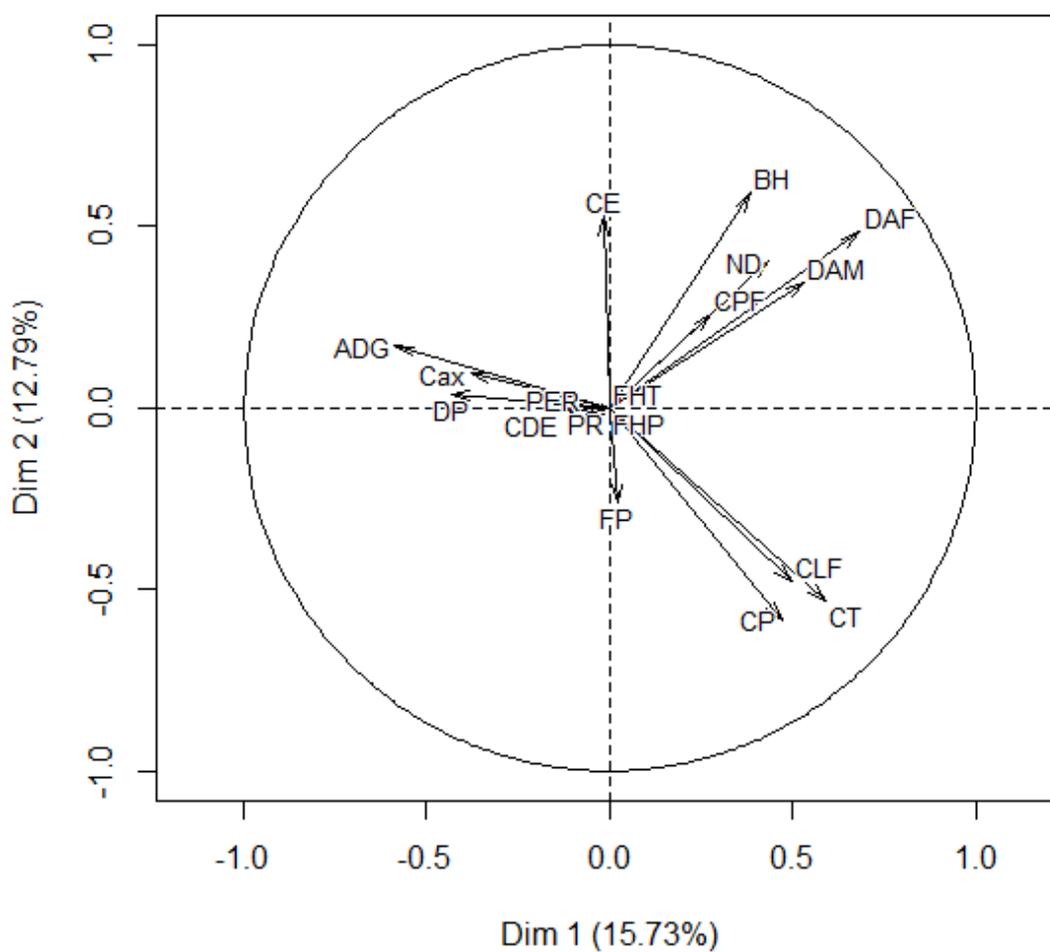


Figura 16 Variables en el mapa ACP del genotipo XREAL.

Variables en el mapa de ACP

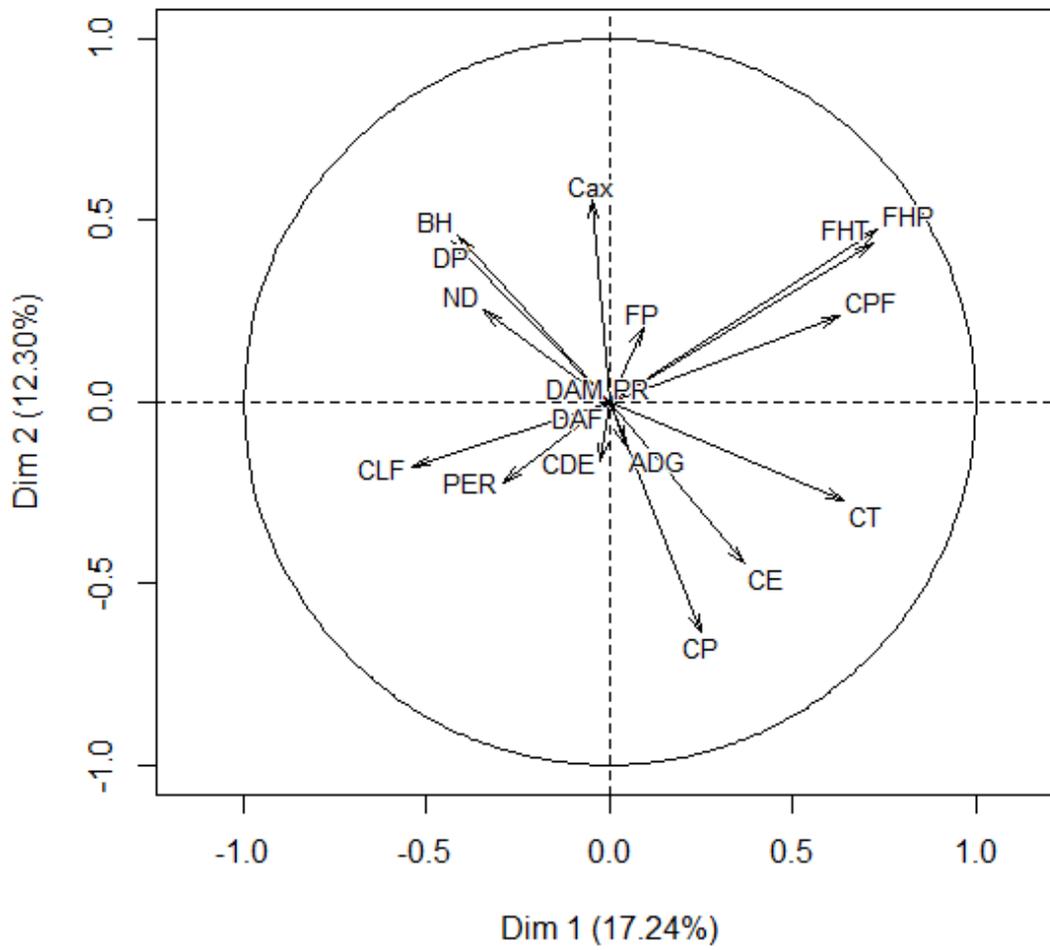


Figura 17 Variables en el mapa ACP del genotipo C4R.

Variables en el mapa de ACP

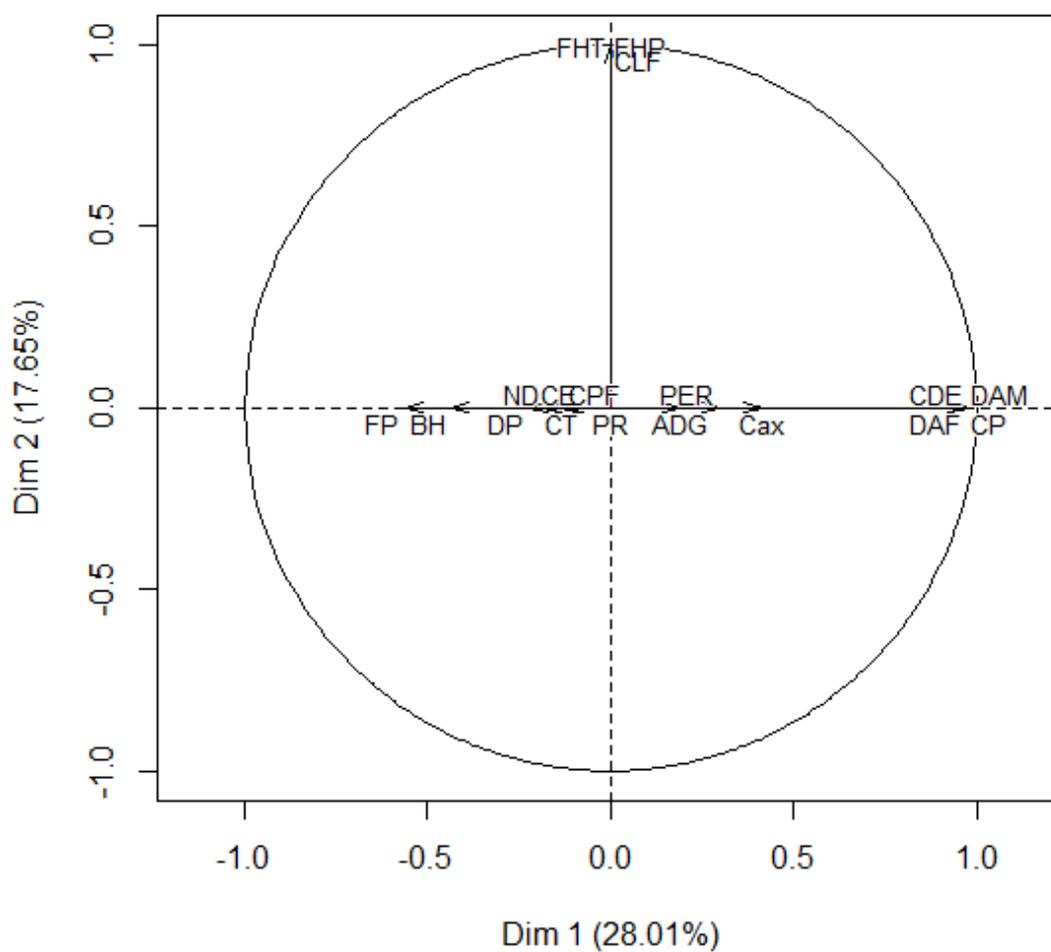


Figura 18 Variables en el mapa ACP del genotipo X0654.

Variables en el mapa de ACP

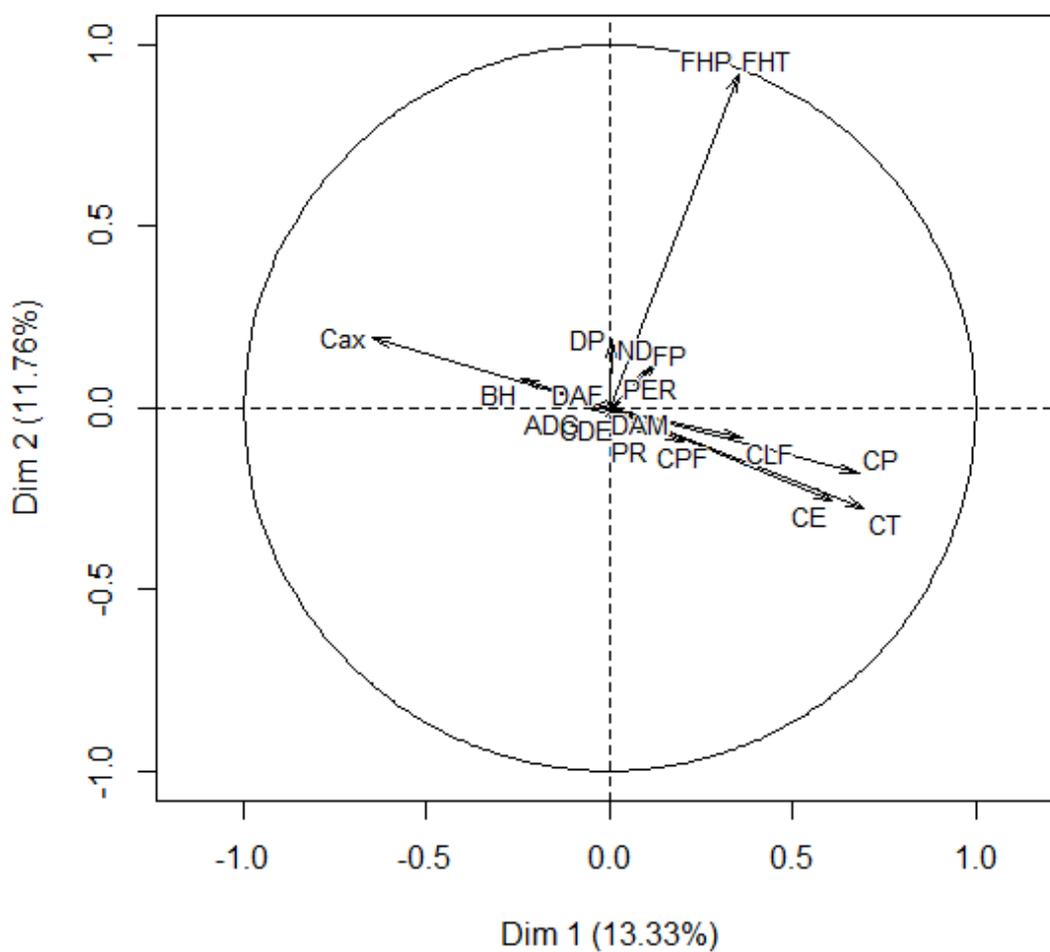


Figura 19 Variables en el mapa ACP del genotipo 06R

VARIABLES EN EL MAPA DE ACP

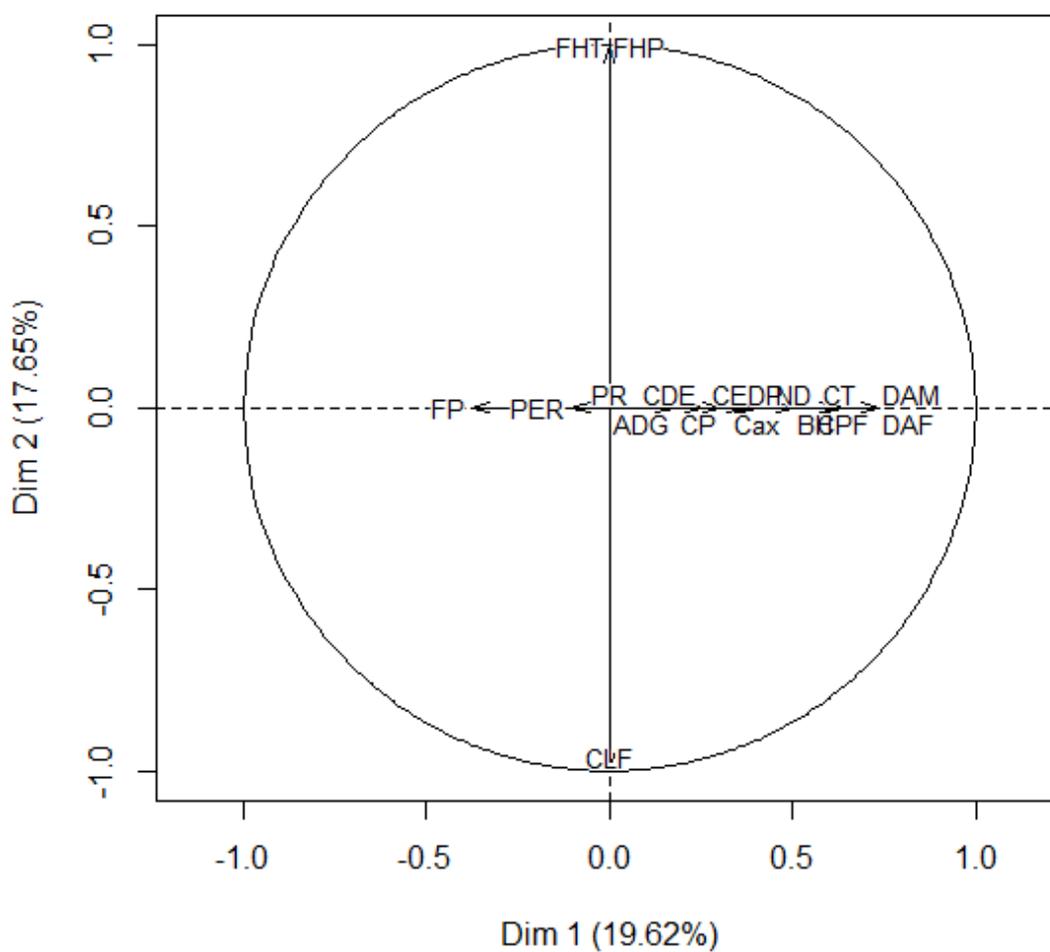


Figura 20 Variables en el mapa ACP del genotipo NLR.

VARIABLES EN EL MAPA DE ACP

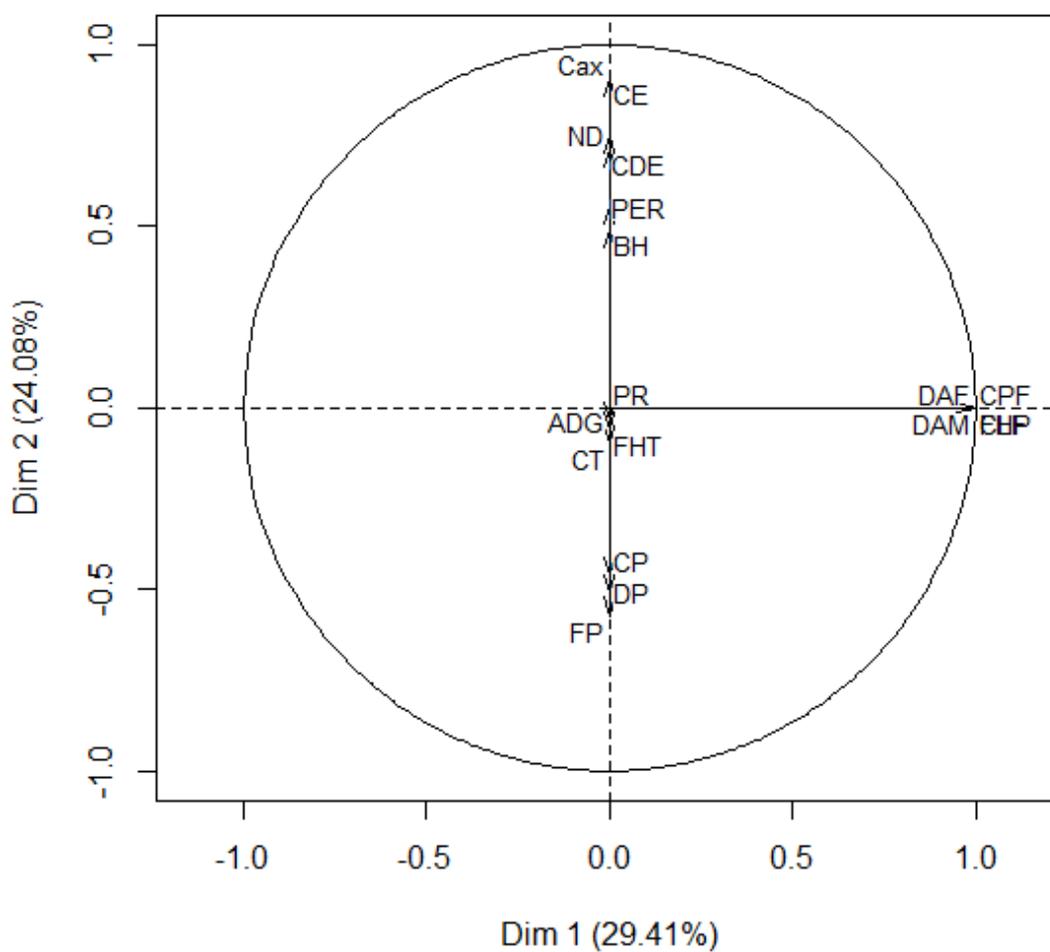


Figura 21 Variables en el mapa ACP del genotipo RIY.

Variables en el mapa de ACP

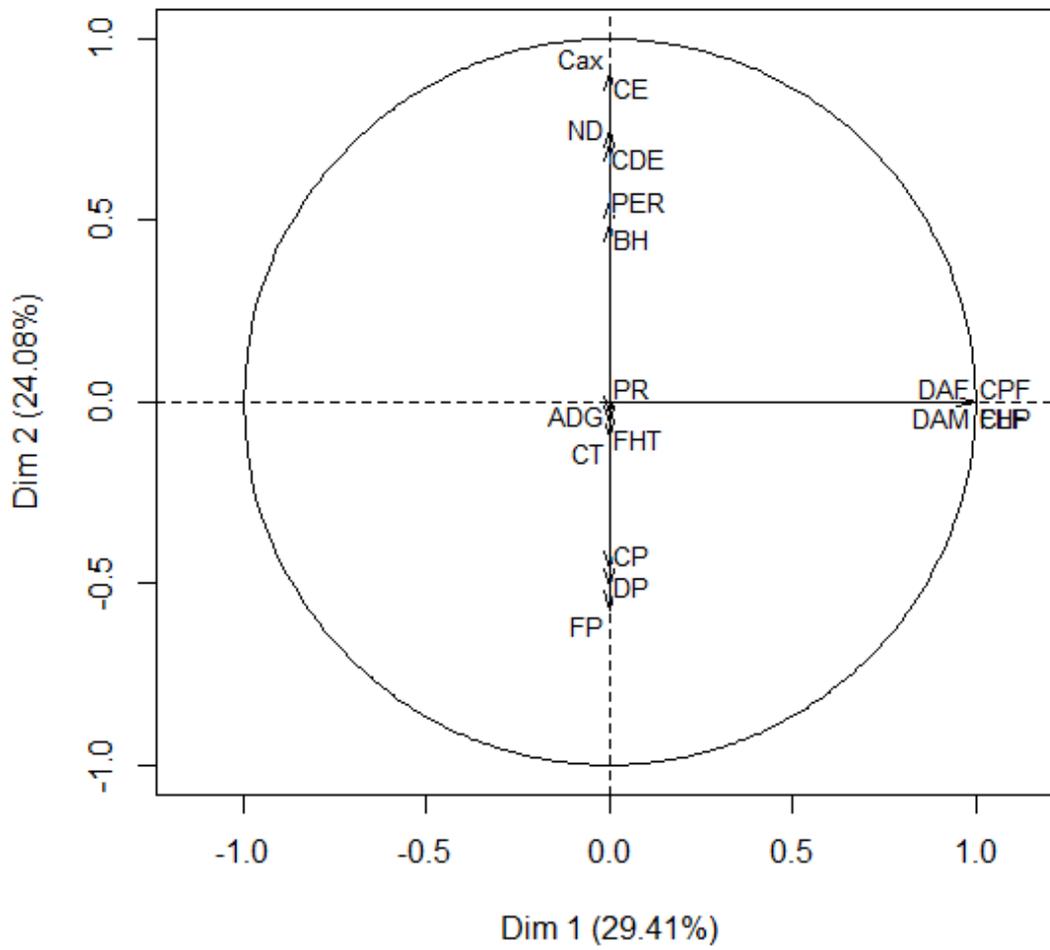


Figura 22 Variables en el mapa ACP del genotipo X11.