

**Diversidad fenotípica y genotípica de 50 nuevas accesiones de quinua
(*Chenopodium quinoa* Willd.), del Banco de Germoplasma de Granos
Altoandinos**

Abigail Kandy Huayta Choque¹, Nancy Huanca Alanoca², Félix Marza Mamani³, Silene
Veramendi Torrico⁴

¹ Nombre del investigador kandy_020292@hotmail.com Cel. 73717252

^{2,3,4} Asesores de la investigación.

UPEA - Universidad Pública de El Alto, Año de defensa: 2021

Resumen

La quinua uno de los cultivos más antiguos de la cultura antigua, con una amplia variabilidad genética, en los últimos años cobrando bastante interés en la seguridad y soberanía alimentaria. El objetivo del presente trabajo fue determinar la variabilidad fenotípica y genotípica de 50 nuevas accesiones de quinua a través de marcadores morfológicos y moleculares, con fines de conservación y uso. Para la descripción morfológica se utilizaron descriptores recomendados por Bioversity y para la descripción molecular tres microsatelites. Entre las descripciones morfológicas, mediante un análisis descriptivo se demostró la amplia variabilidad genética: al ciclo fenológico, altura de planta, diámetro de tallo y panoja, peso de 100 granos y rendimiento, las variables cualitativas se procedió un análisis de frecuencia absolutas, las accesiones predominaron un hábito de crecimiento simple, panojas maduras de color rosado, densidades compactas, de forma glomerulada y granos de color habano. Por otro lado la descripción molecular mediante el análisis de diversidad y un análisis conglomerado, revelaron que los tres microsátélites fueron altamente polimórficos e informativos y con el análisis de conglomerado en un dendograma presento la formación de seis grupos, en las cuales en el primer grupo se encontraron nueve accesiones posiblemente duplicadas.

Palabras clave: Variabilidad, accesiones, microsatelites, pares de bases.

Abstract

Quinoa is one of the oldest crops of ancient culture, with a wide genetic variability, in recent years gaining a lot of interest in food security and sovereignty. The objective of this work was to determine the phenotypic and genotypic variability of 50 new quinoa accessions through morphological and molecular markers, for conservation and use purposes. Descriptors recommended by Bioversity were used for the morphological

description and three microsatellites for the molecular description. Among the morphological descriptions, by means of a descriptive analysis the wide genetic variability was demonstrated: the phenological cycle, plant height, stem and panicle diameter, weight of 100 grains and yield, the qualitative variables, an absolute frequency analysis was carried out, the accessions A simple growth habit predominated, ripe pink tassels, compact densities, glomerulated in shape and tan-colored grains. On the other hand, the molecular description through diversity analysis and a conglomerate analysis revealed that the three microsatellites were highly polymorphic and informative and with the conglomerate analysis in a dendrogram presented the formation of six groups, in which the first group was found nine possibly duplicate accessions.

Key words: Variability, accessions, microsatellites, base pairs.

INTRODUCCIÓN

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.), es uno de los cultivos más antiguos de la cultura andina, posee una amplia variabilidad genética, encontrándose en diversas zonas agroecológicas (suelos, precipitación, temperatura, altitud, tolerancia a helada, sequia, salinidad) y ligada a diversos sistemas productivos. Este cultivo andino durante los últimos años ha cobrado bastante interés en la seguridad y soberanía alimentaria de las unidades familiares entre ellas su versatilidad para la elaboración de comidas, y valor nutricional para la agroindustria (Risi *et al.* 2015).

Bolivia es el principal productor de quinua, ocupa aproximadamente una superficie 100.000 ha en 2012 con una producción de 27.735 a 50.566 Tn (Rojas *et al.* 2015), por otra parte (INE y MDRyT 2018) indican que la quinua en la campaña agrícola 2016-2017 tiene registrado una producción del 66.792.1 qq en una superficie de 110.639,2 ha de las cuales el 65% es cultivado para el autoconsumo y el 35% es vendido en el mercado nacional e internacional.

La quinua está representada como uno de los cultivos de grano más importante de la cultura y economía del país, razón por lo cual el Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal (INIAF) tiene la responsabilidad de conservar 3104 accesiones de quinua en el Banco de Germoplasma de Granos Altoandinos. Esta colección de germoplasma tiene una amplia variabilidad genética procedente de diferentes regiones del Altiplano Sur, Centro y Norte, los valles interandinos de Bolivia y otros países (Norte Peruano, Argentina y Chile).

Durante años se utilizó descriptores morfológicos para cuantificar la variabilidad de la especie, obteniendo como limitación el ambiente que afecte la expresión fenotipo. En los últimos años los marcadores de ADN se han convertido una herramienta importante a estudios de diversidad y mejoramiento de plantas, mediante estas técnicas permite la evaluación de la variabilidad genética directamente con ADN por lo que el ambiente lo afecta su expresión (Allende 2017). El estudio realiza la complementación de información mediante la características agromorfológica y molecular de las 50 nuevas accesiones que ingresaron en instancias del Banco de Germoplasma Granos Altoandinos y pueda obtener un mejor aprovechamiento del germoplasma conservado.

MATERIALES Y MÉTODOS

Caracterización morfológica y agronómica

La investigación fue realizada en la campaña agrícola 2017-2018, desarrollada en los predios del Centro de Innovación Toralapa, ubicado en la Provincia de Tiraque del departamento de Cochabamba, geográficamente sitúa a los 17° 28' 35.22" Latitud Sur, 65° 39' 10.25" Longitud Oeste y una altitud de 3.536 msnm.

El material genético se constituyó de 50 nuevas accesiones de quinua del Banco de Germoplasma de Granos Altoandinos recolectadas del territorio Boliviano, las cuales 27 accesiones son pertenecientes al departamento de La Paz, 5 accesiones del departamento de Oruro, 3 accesiones del departamento de Potosí y 15 accesiones del departamento de Chuquisaca (Tabla 1).

Tabla 1. Detalle de las 50 accesiones de quinua en estudio

DEPARTAMENTO	PROVINCIA	MUNICIPIO	LOCALIDAD	CANTIDAD	
CHUQUISACA	Zudáñez	Zudáñez	Mayu Torcoco	1	
			Mandinga	1	
			Pirhua Mayu	1	
			Sundurwasi	1	
		Tarabuco		Puka puka	2
		Nor Cinti	Nor cinti	Labanda	3
	Carusla			1	
	Villa Charles			1	
	Muyuquiri			1	
	POTOSI	Chayanta	Ravelo	Sauce mayu	2
Charcas		Toro toro	Rode escalen	2	
	S/N		1		
ORURO	Avaroa	Avaroa	Challapata	1	
	Ladislao Cabrera	Ladislao Cabrera	Pococolia	3	
			Cerro grande	3	
			Calamarca	1	
LA PAZ	Aroma		Lahuachaca	1	
			Villa patarani	2	
			Panduro	2	
			Achachicala	5	
	Sica sica		Villa caiconi	1	
			Guaqui	3	
			Belén A	3	
	Ingavi		Jesús de machaca	6	
			Corpa	6	
			Andrés de machaca	1	
	Víacha	Arboleda de letanias	2		
Los Andes	Laja	Janco marca	2		
TOTAL				50	

Fuente: Elaboración propia

La condiciones agrometeorológicas se produjo una precipitación promedio de 59 mm con una máxima 152,4 mm y mínima de 2,2, mm, con temperatura máxima de 19,4 ° y mínima de -0.9 °C (Figura 1).

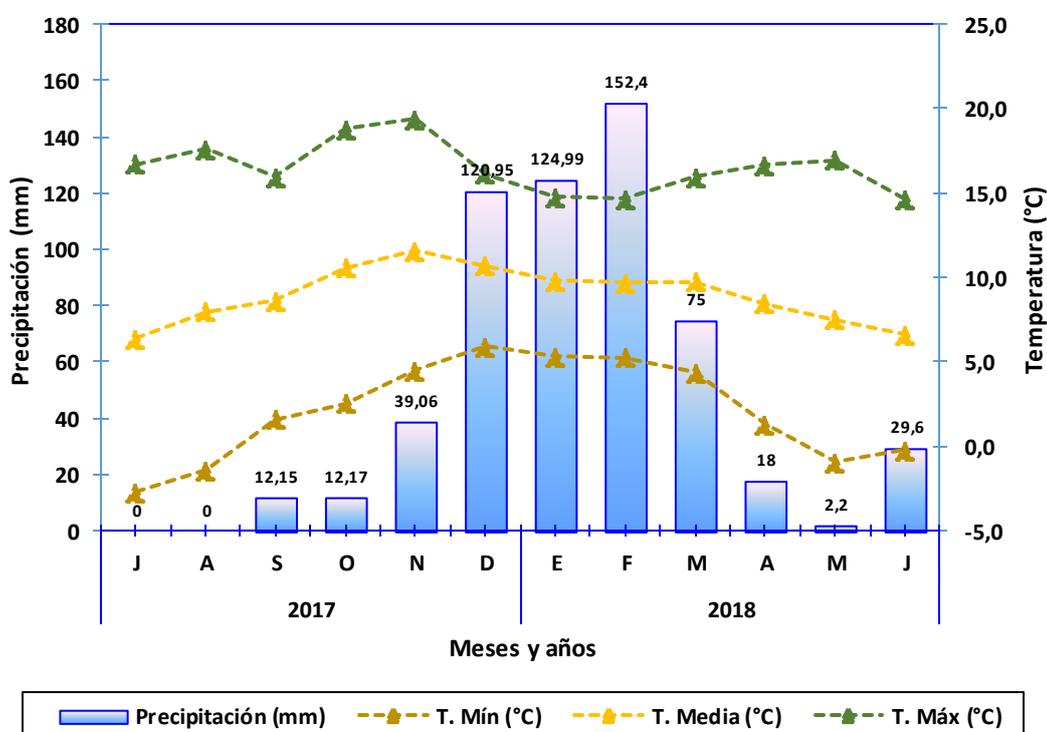


Figura 1. Climadiagrama del Centro de Innovación Toralapa de la campaña agrícola 2017-2018 (Estación Meteorológica Toralapa 2018)

El ensayo fue establecido en surcos 2 m de longitud y entre surcos 1.20 m, distribuyéndose la semilla de forma manual bajo la metodología chorro continuo a una densidad de 8 kg*ha⁻¹. Entre los labores culturales se realizó el raleo, purificación y el desmalezado de manera manual. La cosecha se efectuó de manera que las plantas alcanzaron en la madurez fisiológica y la post cosecha con trilla, venteado y limpieza física del grano. En la conducción se utilizó el descriptor de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y parientes silvestres (Bioversity International y FAO 2013), registrando las siguientes variables (Cualitativas y Cuantitativas) 11 variables cuantitativas: Variables fenológicas (Número de días hasta 50% de floración, grano lechoso, grano pastoso y madurez fisiológica), variables agronómicas (Altura de planta, longitud de panoja, diámetro del tallo principal, diámetro de panoja), variables del grano (Diámetro del grano, peso de 100 granos y rendimiento de semilla por planta) y nueve variables cualitativas: Habito de crecimiento, color de panoja en floración, color de panoja en la madurez fisiológica, forma de panoja, densidad de panoja, color de grano entre el pericarpio y episperma.

Caracterización molecular

La segunda fase fue realizada en el laboratorio de Biología molecular del INIAF, ubicado en la localidad de Montenegro provincia Quillacollo camino a Cochabamba-Oruro, situado a 17° 22` de latitud sud y 66° 19` de longitud oeste.

Para iniciar con la caracterización molecular se colectaron las hojas pequeñas que se encontraban en el ápice de la planta para depositarlo en bolsas plásticas identificadas, en una caja de tecnopor con paquetes de gel congelado, después de que llegó al laboratorio se conservó a una temperatura de -20°C, posteriormente las muestras de cada accesión fueron molidas con nitrógeno líquido a -196°C hasta obtener un polvo fino transferido en un par de tubos eppendorf pre enfriados hasta el proceso de la extracción, realizado mediante el protocolo CTAB (Hexadecil bromuro de trimetilamonio) Doyle and Doyle (1990) con ligeras modificaciones. Consistió en extraer solventes orgánicos para retener los ácidos nucleicos, añadiendo al final la enzima ARNasa para obtener solamente el ADN. Mediante este método se logró obtener concentraciones de 20 a 100 ng de ADN por cada 100 mg de tejido molido, posteriormente se procedió con la cuantificación de ADN mediante el método de electroforesis en gel de agarosa al 1% para la verificación de la calidad de ADN.

La amplificación se efectuó por PCR con tres microsatelites (*primes*), mediante un protocolo, con ligeras modificaciones de las que era necesario realizar la mezcla de algunos reactivos y se visualizó por electroforesis en un gel agarosa del 3% para observar la separación de los fragmentos de ADN. Al finalizar con el procedimiento de lectura mediante una medición que se constituyó en una matriz binaria con una asignación para la presencia (1) y ausencia (0) de los alelos.

Análisis estadístico del estudio

Para el análisis de caracteres morfológicos para los datos obtenidos en las variables cuantitativas se realizó un análisis descriptivo mediante el programa de SPSS, análisis de correlación para identificar el grado de asociación existente y un análisis de agrupamiento donde se generó un dendograma utilizando el programa R. En las variables cualitativas se realizó mediante un análisis de frecuencias con el programa SPSS.

En cambio para el análisis molecular después de generar la matriz de binaria mediante un programa de Excel se analizó la frecuencia alélica (A), número de alelos por locus, índice de polimorfismo (PIC) y Heterosigósida (H). Mediante el programa R, se formó

un dendograma usando el coeficiente de similitud entre las accesiones por el método de agrupamiento.

RESULTADOS

Análisis morfológico y agronómico

En la tabla 2. Muestra el análisis descriptivo para variables cuantitativas evaluadas de las 50 nuevas accesiones de quinua, se observa que tiene un promedio en la altura de planta de 121,7 cm y plantas pequeñas de 56 cm y en cambio plantas altas de 171,1 cm, valores similares Iquize y Alanoca (2013) mostró un rango de 66 cm en accesiones pequeñas y 156 cm en accesiones de plantas y Alanoca y Machaca (2015) registraron rangos de variación de 63 a 109,2 cm entre accesiones de plantas pequeñas y grandes. El rendimiento registró un promedio de $37,2 \pm 29$ g por planta con un coeficiente de variación muy alta del 78%, el rango de las accesiones fluctuó de 8,1 g por planta de rendimientos bajos y 175,8 g por planta de rendimientos altos. Según Franco e Hidalgo (2003) si el coeficiente de variación es mayor que el 50% nos indica que existe una amplia variabilidad entre las accesiones.

Tabla 2. Estadística descriptiva de características cuantitativas de 50 accesiones de quinua evaluadas en el Centro de Innovación Toralapa, durante la campaña agrícola 2017-2018

Variables	Código	Mínimo	Máximo	Promedio	D.E.	C.V.
Nº de días hasta 50% de floración (días)	F%L	67	143	102	21	21
Nº de días hasta grano lechoso (días)	FGL	95	179	132	22	16
Nº de días hasta grano pastoso (días)	FGM	123	201	159	21	13
Nº de días a la madurez fisiológica (días)	FMF	146	224	185	22	12
Altura de planta (cm)	AP	56,0	171,1	121,7	27,3	22
Diámetro de tallo principal (mm)	TDM	7,3	25,7	16,0	3,4	21
Longitud de panoja (cm)	ILO	14,4	43,5	33,5	5,8	17
Diámetro de panoja (cm)	IDI	3,7	13,5	7,0	1,8	26
Diámetro de grano (mm)	GDI	1,3	2,6	2,0	0,3	13
Peso de 100 granos (g)	GPE	0,1	0,6	0,3	0,1	34
Rendimiento (g/planta)	RGR	8,1	175,8	37,2	29,0	78

Contrariamente Iquize y Alanoca (2013) determinaron una variación de 2,66 a 207,60 g por planta entre rendimientos bajos y altos. Por otra parte Alanoca y Machaca (2015) registraron un rango de variación de 7,6 g por planta de rendimientos bajos y 22,1 g por planta en rendimientos altos, menor al resultado obtenido.

La correlación (Tabla 3) significativas, corresponde a la 50% floración con grano lechoso, pastoso y madurez fisiológica ($r=0,94$), ($r= 0,92$) y ($r=0,93$) respectivamente, destacan también las correlaciones del grano lechoso con grano pastoso ($r=0,94$) y madurez fisiológica ($r=0,92$); cabe destacar también la correlación del grano pastoso con madurez fisiológica ($r=0,94$). Las correlaciones son positivas por lo que nos indican que a medida que aumente o reduzca el periodo fenológico de una variable, se modificara el comportamiento de las otras variables fenológicas de forma directa.

Entre las características de arquitectura de la planta se observaron correlaciones significativas entre altura de planta con diámetro de tallo principal ($r=0,67$), diámetro de panoja ($r=0,57$), 50% de floración ($r=0,67$), grano lechoso ($r=0,64$), grano pastoso ($r=0,66$) y madurez fisiológica ($r=0,65$). Lo que indican que las accesiones presentaron mayor desarrollo en altura de planta, con buen desarrollo del diámetro de tallo, diámetro de panoja, en toda la fase fenológica.

Otra asociación fue formada por el diámetro del tallo con diámetro de panoja, 50% de floración, grano lechoso, granos pastoso, madurez fisiológica y rendimiento ($r=0,62$), ($r=0,49$), ($r=0,48$), ($r=0,50$) y ($r=0,77$) respectivamente, por lo tanto en la toda la fase fenológica se presenta con buenos diámetros de tallo y panoja obteniendo buenos rendimientos.

La correlación de manera positiva de la longitud de panoja con el rendimiento ($r=0,37$). Asimismo se asoció positivamente la diámetro de panojas con rendimiento ($r=0,63$), madurez fisiológica ($r=0,53$), grano pastoso ($r=0,47$), grano lechoso ($r=46$) y 50% de floración ($r=0,45$). En conclusión durante el ciclo fenológico panojas de buen rendimiento presentan un buenos rendimientos.

La correlación de manera positiva también se procede en el diámetro de grano con peso de 100 semillas ($r= 081$) por lo tanto si tenemos granos grandes los peso serán altos.

Tabla 3. Matriz de correlación simple entre las 11 variables cuantitativas Utilizadas en la evaluación del germoplasma de quinua

VAR	AP	TDTP	ILP	IDP	F%F	FGL	FGP	FMF	GDG	PCG	RDTO
AAP	1										
TDM	0,669**	1									
ILO	0,481**	0,361*	1								
IDI	0,573**	0,617**	0,289*	1							
F%F	0,652**	0,479**	0,036	0,409**	1						
FGL	0,621**	0,473**	0,039	0,420**	0,983**	1					
FGM	0,641**	0,488**	0,09	0,458**	0,967**	0,986**	1				
FMF	0,622**	0,481**	0,058	0,490**	0,934**	0,960**	0,979**	1			
GDI	-0,126	0,036	0,042	-0,163	-0,312*	-0,338*	0,344*	0,363**	1		
GPE	-0,277	-0,073	0,025	-0,183	0,481**	-0,462**	0,453**	0,460**	0,809**	1	
RGR	0,420**	0,766**	0,369**	0,631**	0,318*	0,326*	0,329*	0,326*	-0,049	-0,09	1

*, **: Significancia al 0.01 y 0,05 respectivamente

Con el análisis de agrupamiento se alcanzó determinar y diferenciar grupos en base a las variables. Permitiendo dividir el germoplasma en cinco grupos como se observa en la Figura 2. El grupo (G-I) conformado por 28 accesiones presentaron plantas de ciclo intermedio, de porte mediano y con peso de 100 semillas alto. El segundo grupo (G-II) está formado por 16 accesiones con un ciclo fenológico tardío, granos pequeños y el peso de 100 semillas bajo. En el grupo (G-III) se conformó por cuatro accesiones, con ciclo fenológico precoz, plantas pequeñas, tallos delgados y panojas delgadas y pequeñas obteniendo rendimientos bajos. El grupo (G-IV) formados por una accesión, con un ciclo fenológico tardía, la planta con buen desarrollo su diámetro de panoja grueso en cambio los granos son pequeñas. Por último el grupo (G-V) estaba conformado por una accesión, destacado por plantas medianas, panojas grandes, tallos gruesos, granos grandes y de buen rendimiento

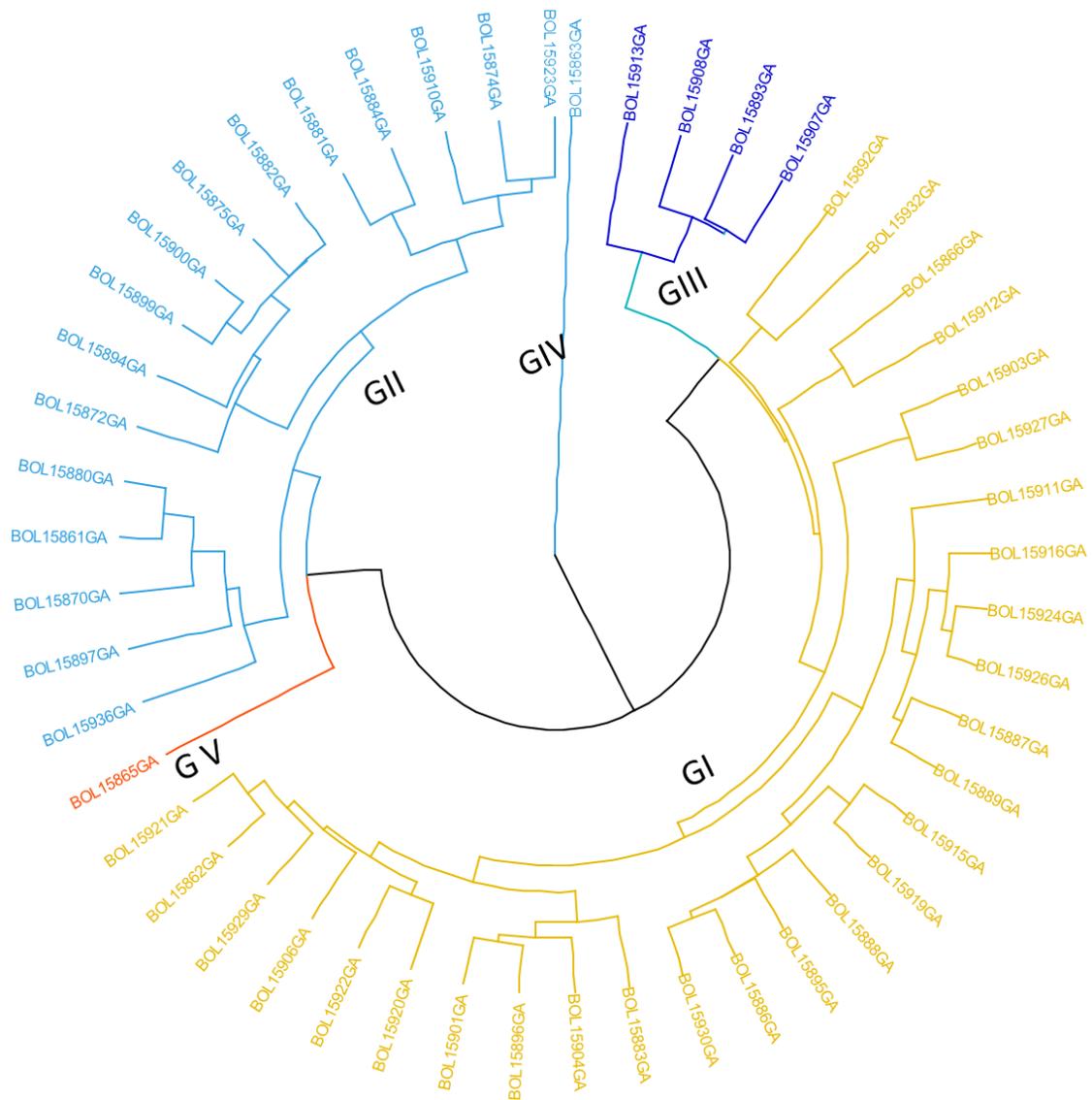


Figura 2. Dendrograma de agrupamiento jerárquico de 50 accesiones de quinua caracterizadas.

En el análisis estadístico en las variables cualitativas se realizó mediante frecuencias nominales de las 50 accesiones de quinua. Observando la Tabla 4 el hábito de crecimiento simple se presentó en 46% (23) accesiones, 18% (9) accesiones de ramificación hasta el tercio inferior, 34% (17) accesiones ramificado hasta el segundo tercio y 2% (1) accesión con ramificación de panoja principal no definida, con estudios similares Gabriel *et al.* (2013), en datos de frecuencia reportaron que la mayoría de las accesiones presentó un hábito de crecimiento simple. Para el color de panoja en la madurez fisiológica mostraron una amplia variabilidad en el estudio donde el 26% (13) accesiones presentaron panojas de color rosado, por lo contrario Iquize y Alanoca (2013) reportaron que la mayor cantidad de panojas se presentaron color blanco

Tabla 4. Frecuencia nominal de variables cualitativas de 50 accesiones de quinua.

Descriptor	Código	Estado	Frecuencia (f)	Porcentaje (%)
Hábito de crecimiento	AHC	Simple	23	46
		Ramificado hasta el tercio inferior	9	18
		Ramificado hasta el segundo tercio	17	34
		Ramificado con panoja principal no definida	1	2
Color de panoja en la floración	CIF	Verde	20	40
		Púrpura	27	54
		Rojo	3	6
Color de panoja en la madurez fisiológica	CPM	Blanco	6	12
		Rosado	13	26
		Amarillo	12	24
		Anaranjado	3	6
		Marrón	2	4
		Gris	1	2
		Negro	2	4
		Rojo y blanco	1	2
		Rojo y rosado	3	6
Rojo y amarillo	7	14		
Forma de panoja	IFO	Glomerulada	26	52
		Intermedia	14	28
		Amarantiforme	10	20
Densidad de panoja	IDE	Laxa	7	14
		Intermedia	17	34
		Compacta	26	52
Color de pericarpio	GCP	Café rojizo	3	6
		Rojo	1	2
		Rosado	5	10
		Amarillo claro	2	4
		Amarillo dorado	2	4
		Crema suave	6	12
		Habano	23	46
		Pajizo	6	12
Negro	2	4		
Color de episperma	GCE	Café rojizo	1	2
		Café	2	4
		Amarillo dorado	1	2
		Negro	1	2
		Transparente	45	90
Severidad de Mildiu	BSM	Ausente	2	4
		Muy baja	14	28
		Baja	5	10
		Intermedia	7	14
		Alta	21	42
		Muy Alta	1	2
Daños provocados por aves	BDA	Ausentes	23	46
		Muy baja	7	14
		Baja	5	10
		Intermedia	4	8
		Alta	10	20
		Muy alta	1	2

Análisis molecular

En la extracción de ADN se permite obtener buena calidad y concentración, por lo que se realizó mediante el método de electroforesis de gel agarosa al 1%, estimado por comparación de intensidad de bandas con el marcador de peso molecular, obteniendo una concentraciones de 10-80 ng/ μ l (Figura 3). Según Flores, (2009) es preciso obtener buena calidad y pureza. Para cual se debe tomar en cuenta el método de extracción que se va utilizar para obtener un ADN puro, no degradado, sin impurezas de ARN e inhibidores de la PCR.

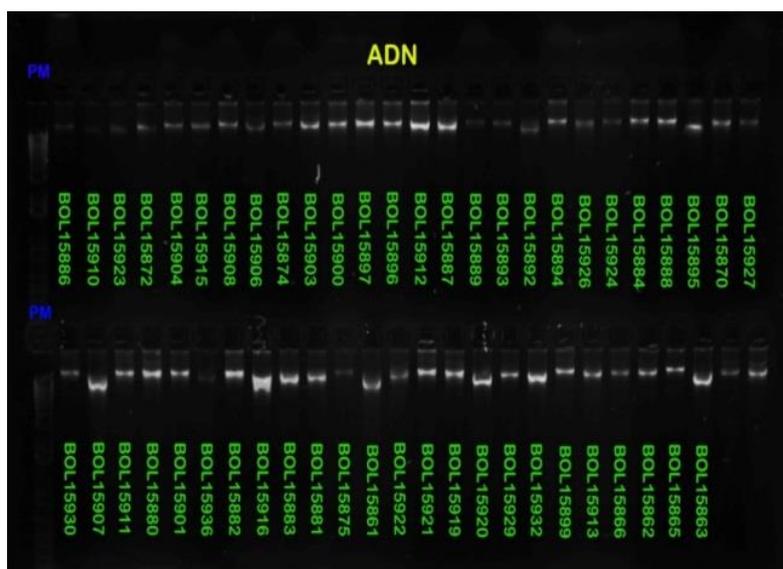


Figura 3. Visualización del ADN extraído de las 50 accesiones de quinua en gel de agarosa al 1%.

Los marcadores presentan alelos comunes y alelos poco comunes. En la Tabla 5 el microsatélite QAAT51 está representado por alelos en un rango de 164 pb y 216 pb conformado por 4 a 30 accesiones con una frecuencia alélica alta de 0,46.

Por otro lado el microsatélite QAAT76 presenta una frecuencia alta de 0,36. Un rango de 164 a 240 pb conformado por rangos de 5 a 27 accesiones. En el microsatélite QAAT74 presentaron rangos de 162 a 198 pares de bases y con un rango de número de alelos de 7 a 23 accesiones, con una frecuencia más alta de 0,34.

En el estudio de los tres marcadores moleculares mediante microsatélites, mostró un promedio total de 5 alelos y por cada locus se obtuvo de la misma manera 5 alelos (Tabla 6). Observándose valores más altos en número de alelos Rojas *et al.* (2011) analizaron 372 cultivares de quinua del Altiplano Sur de Bolivia con 24 microsatelites y determinaron 10 alelos por locus, en cambio Veramendi *et al.* (2009), analizaron 2515

accesiones de la colección de quinua de Bolivia utilizando 8 microsatélites detectaron un promedio de 16 alelos por locus con rangos de 111 a 239 pb.

Tabla 5. Frecuencia alélicas, número de alelos y tamaño en pares de bases de los microsatélites.

<i>Primer</i>	Frecuencias	Nº de Alelos repetidos	Tamaño en pb
QAAT51	0,07692308	5	164
	0,07692308	5	170
	0,46153846	30	190
	0,32307692	21	210
	0,06153846	4	216
QAAT76	0,36	27	164
	0,14666667	11	175
	0,22666667	17	194
	0,2	15	210
	0,06666667	5	240
QAAT74	0,10447761	7	162
	0,31343284	21	174
	0,34328358	23	186
	0,13432836	9	193
	0,10447761	7	198

El cálculo de heterocigosidad en el tabla 6, se observa que las accesiones obtuvieron un valor de diversidad en un promedio de 0.71, el *primer* QAAT051 mostro un valor inferior a 0.7, en cambio de los *primers* QAAT076 y QAAT074 presentaron valores superiores. Por lo tanto Ott 1992 citado por Romero *et al.* 2019 nos indica que un marcador molecular se considera polimórfico si H es ≥ 0.1 y altamente polimórfico si H es ≥ 0.7 ; Los valores altos de H en todos los loci indican una alta tasa de heterocigotos y una estimación del grado de variabilidad genética en la población. En estudios similares Rojas *et al.* (2011) presento una heterocigosidad de 0.81 considero un valor altamente polimórfico. En cambio Rojas *et al.* (2016) analizaron la colección de quinua de Bolivia con 8 microsatelites lo que determinaron una heterocigosidad de 0.95 altamente polimórfico con los microsatelites QAAT022 y QAAT076.

El Contenido de información polimórfica (PIC) para las 50 accesiones entre los tres microsatélites varió desde los 0.61 (QAAT051) a 0.71 (QAAT076) con un promedio de 0,67 obteniendo un estudio altamente informativo, por lo que indicaba (Botstein *et al.* 1980) $PIC > 0.5$ Altamente informativo, $0.5 > PIC > 0.25$ razonablemente informativo, $PIC < 0.25$ ligeramente informativo. De igual manera Veramendi *et al.* (2009) y Rojas *et al.* (2011) presentaron promedios de 0.84 y 0.79 respectivamente, obteniendo marcadores altamente informativos.

Tabla 6. Muestra de valores de Tamaño de alelos en pares de bases, Número de alelos repetidos, Heterocigosidad (H) y Índice de Contenido Polimórfico (PIC) de los tres microsateles.

Locus	N° alelos	Rango (pb)	PIC	H
QAAT051	5	164 a 216	0,61	0,67
QAAT076	5	164 a 240	0,71	0,75
QAAT074	5	162-198	0,70	0,70
PROMEDIO	5		0.67	0.71

El análisis de agrupamiento entre las accesiones de quinua se realizó utilizando coeficiente de similitud Simple Matching y el método agrupamiento de UPGMA. En la Figura 4, presenta la formación de seis diferentes grupos de las 50 accesiones de quinua. Se observa que el primer grupo existe accesiones posiblemente duplicadas, en una rama encontramos las accesiones (BOL15874GA, BOL15872GA, 15929GA); (BOL15883GA, BOL15882GA); (BOL15919GA, BOL15897GA) y (BOL15923GA, BOL15910GA) respectivamente. Por lo tanto se determina nueve accesiones de quinua posiblemente duplicadas.

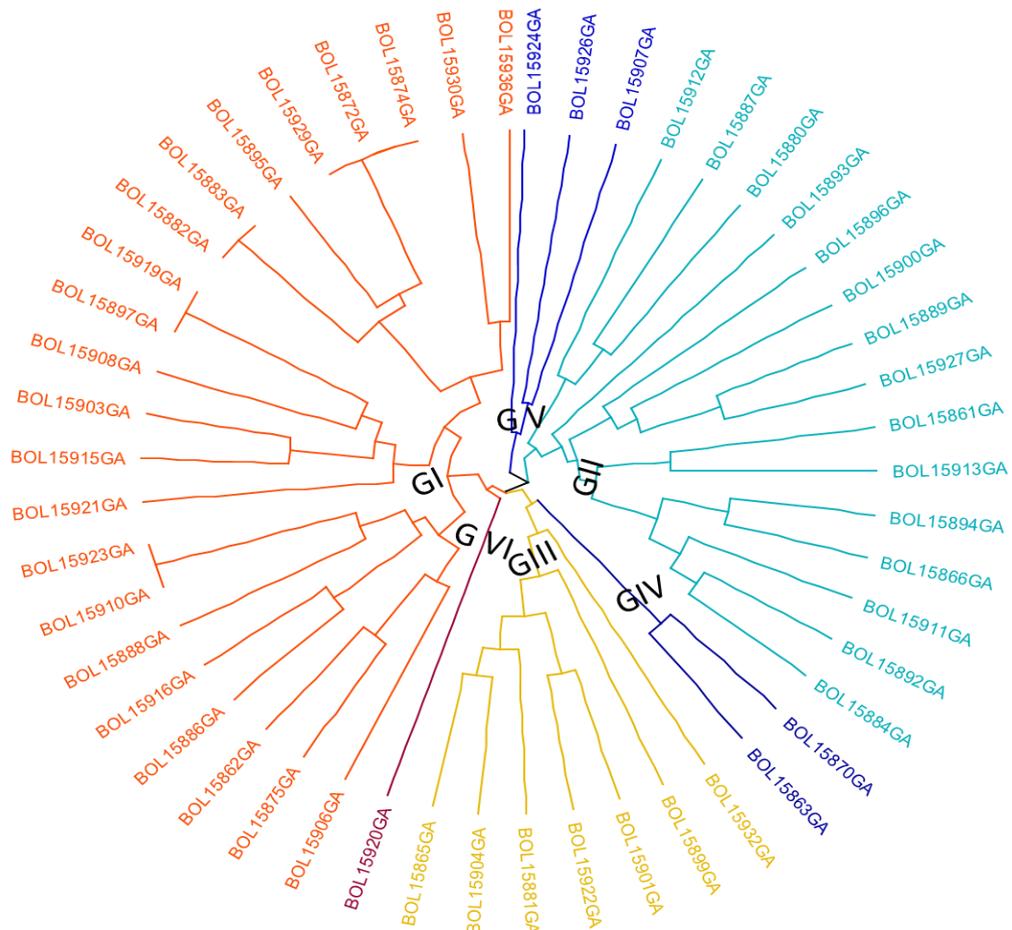


Figura 4. Dendrograma de 50 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.), utilizando el agrupamiento UPGMA.

CONCLUSIONES

- Las 50 nuevas accesiones de quinua mostraron amplio rango de variabilidad genética, en cuanto al ciclo fenológico, donde se pudo apreciar plantas precoces y tardías. En cuanto a sus características morfo agronómicas, altura de planta, diámetro de tallo principal, diámetro de panoja peso de 100 granos y rendimiento fueron los más discriminantes.
- El análisis de correlación simple permitió señalar que a medida que aumente o reduzca su tiempo fenológico se modificarán las otras variables fenológicas; por otro lado la arquitectura de planta nos indica que las accesiones que presentaron mayor desarrollo en la altura de planta, longitud de panoja con buen desarrollo de diámetro de tallo y panoja en toda la fase fenológica presentan buenos rendimientos. En la correlación del grano nos señala que peso de semilla y formación de grano no desarrollaron de manera óptima durante la fase fenológica.
- En el análisis de componentes principales, se aceptaron los tres primeros componentes que presento una varianza acumulada del 82%, El primer componente identificando accesiones de ciclo fenológico tardía con plantas de porte alto, tallos y panojas gruesas con buenas cantidad de semilla, pero a pesar de esas características los granos fueron pequeñas y de menor peso. El segundo componente se mostraron accesiones de tallos gruesos, granos grandes con una buena cantidad en panojas grandes y con diámetros intermedias. Y el tercer componente mostraron accesiones granos medianos en panoja pequeñas.
- El análisis de conglomerados se conformó cinco grupos, las que se distingue el grupo (G-V) conformado por una accesión, se destaca por plantas medianas, panojas grandes, tallos gruesos, granos grandes y de rendimiento alto. Por otro lado el grupo (G-III) conformado por 4 accesiones, con ciclo fenológico precoz, plantas pequeñas, tallos delgados y panojas pequeñas y delgadas, con rendimientos bajos presenta diferentes características al anterior grupo de manera negativa.
- En las 9 variables cualitativas mediante el análisis de frecuencia de las 50 accesiones de quinua, predominó el hábito de crecimiento simple, en floración panojas de color purpura, en la madurez fisiológica panojas rosadas, glomeruladas y de densidad compacta, en el grano prevaleció pericarpio de color habano, episperma transparente y una alta severidad al ataque de la enfermedad de Mildiu.

- La caracterización molecular de las 50 accesiones de quinua del banco de germoplasma de granos altoandinos de Bolivia mediante tres locis de microsatélites fueron altamente polimórficos detectando altos niveles de variabilidad genética. las poblaciones de estudio por los resultados presentan una alta diversidad genética por lo tanto con esta información puede ser de gran relevancia para un programa de mejoramiento genético.
- Los marcadores microsatélites utilizados obtuvieron un alto polimorfismo ya que el índice de polimorfismo presento valores de 0,61, 0,71 y 0,70 lo que evidencia la capacidad discriminatoria que posee estos. Por otro lado generaron un gran número de alelos, por cada locus se generó 5 alelos y con un rangos de tamaño de alelos en promedio 163-218 pb.
- Mediante los tres microsatélites QAAT051, QAAT076 y QAAT074 analizados permitieron asignar un perfil molecular a cada una de las 50 accesiones de quinua *Chenopodium quinoa* Willd.
- Con el dendograma se llegó a formar seis grupos. Identificando nueve accesiones posiblemente duplicadas distribuidas en un solo grupo (G-I).

BIBLIOGRAFIA

- Alanoca, C; Machaca, E. 2015. Caracterización agromorfológica de 10 accesiones y variedades de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en condiciones del Valle Alto de Cochabamba. Investigación agropecuaria y forestal gestión de recursos genéticos InfolNIAF. 1(5): 21-29.
- Bioversity International, FAO, PROINPA, INIAF y FIDA. 2013. Descriptores para quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. La Paz- Bolivia. Fondo Internacional de Desarrollo Agrícola, Roma, Italia. 52p.
- Botstein, D; White, R; Skolnick, M; Davis, R. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Pubmed. Am.J. Hum.Genet. 32. 314-331.
- Doyle, J y Doyle, J. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus. Protocolo de laboratorio de Biología Molecular. Tipificación genética. 12(1):13-15.

- Franco, T; Hidalgo, R. 2003. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Filogenéticos; Boletín Técnico N° 8. Cali-Colombia. 89p.
- Flores, A. 2009. Evaluación de la diversidad genética a través del tiempo de la especie de papa silvestre *Solanum leprophytes* conservada *ex situ* e *in situ* utilizando marcadores microsatelites. Tesis. Msc. en manejo y conservación de recursos fitogenéticos. UMSS. Cochabamba-Bolivia. 109p.
- Gabriel, J; Luna, N; Vargas, A; Magne, J; Angulo, A; La Torre, J; Bonifacio, A. 2013. Caracterización morfológica de 36 cultivares de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en el valle bajo de Cochabamba- Bolivia. Congreso científico de la quinua (Memoria). La Paz- Bolivia 3-16
- INE (Instituto Nacional de Estadístico) y MDRyT (Ministerio de Desarrollo Rural y Tierras). 2018. Cultivos ancestrales superan las 200 mil hectáreas cultivadas. La Paz- Bolivia.
- Iquize, E y Alanoca, C. 2013. Catálogo de 274 accesiones de germoplasma de quinua del Banco de Germoplasma de quinua de Bolivia. INIAF, VDRA y MDRyT. La Paz – Bolivia. 16-26.
- Risi, J; Rojas, W; Pacheco, M. 2015. Producción y Mercado de la Quinua en Bolivia. Ed. IICA. La Paz – Bolivia. 308 p.
- Rojas, J; Jellen, E; Rojas, E; Bottani, G; Maughan, J. 2011. Estudio Molecular de la Diversidad y Estructura Genética de las quinuas cultivadas del Altiplano Sur de Bolivia.
- Rojas, J; Bottani, G; Bonifacio, A; Rojas, E; Jellen, E; Maughan, J. 2016. Estudio de la diversidad genética de la colección boliviana de quinua a nivel molecular utilizando marcadores SSRs. Centro de Biotecnología y Nanotecnología Agropecuario y Forestal (CByNAF) – FCAPyF-UMSS. Fundación PROINPA. 26p.
- Romero, M; Mujica, A; Pineda, E; Ccamapaza, Y; Zavalla, N. 2019. Genetic identify based on simple sequence repeat (SSR) markers for Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). Ciencia e Investigación AGRARIA. 46(2). 166-178p.

Veramendi, S; Bonifacio, A; Cadima, X; Rojas, W. 2009. Caracterización de la Diversidad Genética de la colección Boliviana de Quinoa Utilizando microsatélites. PROINPA. s.veramendi@proinpa.org.