

## Colecciones núcleo de quinua (*Chenopodium quinoa Willd.*) del Banco de Germoplasma del INIAP, Ecuador

César Tapia B.<sup>1</sup>  
Eduardo Peralta I.<sup>2</sup>  
Nelson Mazón O.<sup>3</sup>

Autor para correspondencia: denareg@yahoo.com

<sup>1</sup>Coordinador científico del Departamento de Recursos Genéticos, Estación Experimental Santa Catalina, INIAP, Ecuador

<sup>2</sup>Coordinador científico de Leguminosas y Granos Andinos, INIAP

<sup>3</sup>Investigador del Programa Nacional de Leguminosas y Granos Andinos, INIAP

Manuscrito recibido el 15 de enero de 2015  
Aprobado tras revisión el 10 de febrero de 2015

### RESUMEN

La quinua es un grano originario de Los Andes y su valor radica en sus contenidos nutritivos, principalmente en el contenido de aminoácidos esenciales para la alimentación humana. La colección de quinua del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), contiene más de 600 muestras, que representa la alta diversidad de este cultivo en la Sierra de Ecuador. El Plan de Acción Mundial para la Conservación y Utilización Sostenible de los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura recomienda el establecimiento de colecciones núcleo como condición necesaria para mejorar el uso de los recursos fitogenéticos, es así que este tipo de investigación contribuye a la identificación de germoplasma de interés para los programas de mejora genética. El objetivo de este trabajo fue realizar agrupamientos para definir una colección núcleo de germoplasma de quinua. El agrupamiento se realizó con el algoritmo multivariado del análisis de agrupamiento jerárquico de Ward; utilizando la distancia de Gower, se estimó la similitud taxonómica entre cada par de muestras para caracteres continuos. Para la identificación de caracteres cualitativos discriminantes, se utilizó la prueba de  $\chi^2$  y para caracteres cuantitativos, el estadístico de Engels. Se definieron cuatro grupos jerárquicos: los caracteres cualitativos más discriminantes fueron incidencia de mildiu, reacción a mildiu, tipo de reacción a mildiu y color del grano; los caracteres cuantitativos más discriminantes fueron días hasta la primera panoja madura, días hasta la maduración total, rendimiento por parcela y severidad de mildiu. Existe una relación inversa entre el atributo precocidad y rendimiento ya que las muestras más precoces (grupo 2) son las que presentan los rendimientos más bajos. Este trabajo permitió al INIAP identificar padres donantes de genes de caracteres favorables e iniciar un plan de cruzamientos dirigidos para mejoramiento genético por hibridación.

**Palabras claves:** Quinua, germoplasma, Ecuador, colección núcleo, INIAP.

### ABSTRACT

Quinoa is a grain native of Andean region with high nutritional value, mainly on the content of essential amino acids for human consumption. The quinoa collection of the National Agricultural Research Institute (INIAP), contains over 600 samples, which represents the high diversity of this crop in the Sierra of Ecuador. The Global Plan of Action for the Conservation and Sustainable Utilization of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture recommends the establishment of core collections as a necessary condition for improving the use of plant genetic resources, so that this type of research

contributes to the identification gene of interest for breeding programs. The aim was to identify groups that allow to define a core collection of quinoa germplasm. For clustering analysis of Ward hierarchical clustering was used; Gower distance using the taxonomic similarity between each pair of contiguous characters accessions was estimated. For qualitative identification of discriminating characters  $X^2$  test was used. For quantitative characters Engels statistic was used. Identified four hierarchical groups. The most discriminating qualitative characteristics were: incidence of downy mildew, powdery mildew reaction type reaction to mildew and grain color. The most discriminating quantitative traits were: days to first mature panicle, days to full maturity, yield per plot and severity of mildew. There is an inverse relationship between the attribute earliness and yield, because the earliest accessions (Group 2) are those with the lowest yields. This study found parental gene donors with favorable characters and initiate a plan of breeding by hybridization.

**Key words:** Quinoa, germplasm, Ecuador, core collection, INIAP.

## INTRODUCCIÓN

Los granos andinos, originarios de Los Andes, han sido utilizados en la alimentación de las poblaciones andinas desde tiempos prehistóricos. En la dieta de los pueblos antiguos de América, la quinua fue el reemplazo de las proteínas animales. Este cultivo no es un alimento excepcionalmente alto en proteínas (14-20%), el verdadero valor de la quinua está en la combinación de una mayor proporción de aminoácidos esenciales para la alimentación humana, que le otorgan un alto valor biológico (Peralta, Villacrés y Mazón, 2013).

El INIAP ha colectado aproximadamente unas 600 muestras de germoplasma de quinua que han sido caracterizadas y evaluadas, a partir de los cuales se inició el programa de mejoramiento genético (Mazón, Rivera, Peralta, Estrella y Tapia, 2002). Debido al número considerable de muestras de la quinua se planteó la conformación de una *core collection* o colección núcleo cuyo objetivo general es reunir la mayor variabilidad genética en el menor número de muestras.

Los bancos de germoplasma como el del INIAP custodian y conservan importantes muestras de recursos fitogenéticos de especies cultivadas y silvestres del país y la región. Uno de los principales objetivos de los bancos de germoplasma es el de facilitar el acceso a la información y a las muestras de germoplasma a los programas de fitomejoramiento, así como a otros investigadores y usuarios de la agrobiodiversidad. Las colecciones del INIAP han crecido significativamente en número en los últimos años, haciendo difícil su manejo, uso y conservación, por lo que los expertos del mundo propusieron elaborar las colecciones "núcleo" (Frankel, 1984). La Comisión de Recursos Genéticos de la FAO y su Plan de Acción Mundial para la Conservación y Utilización Sostenible de los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (FAO, 1996) recomienda el establecimiento de colecciones núcleo de gran utilidad para los programas de fitomejoramiento. Cuando la colección de germoplasma es muy grande, el tamaño porcentual puede ser menor al 5%. Por ejemplo, la Colección Núcleo Internacional de Cebada (1.600 muestras) tiene menos del 0,3% de las colecciones conservadas en el mundo y la colección núcleo de 600 muestras de sorgo del International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT) se formó de una colección de 40.000 (van Hintum, Brown, Spillane y Hodgkin, 2003).

El uso de la colección de quinua del INIAP se ve limitada por el desconocimiento de la forma en que está distribuida la diversidad genética, así como la variación total. Así mismo, no se conoce con certeza si hay vacíos en la colección para decidir si se debe agregar más material a la colección. La resolución de estas limitaciones podría beneficiar a los programas de mejora genética y a otros programas de investigación,

como el agroindustrial, agilizando la obtención de nuevas y mejores variedades que se ponen al servicio de la sociedad para su producción, consumo, agroindustria y exportación.

Además, la colección núcleo se establece para facilitar el manejo y fomentar la utilización del germoplasma de acuerdo a ciertos atributos (rendimiento, precocidad, tolerancia a plagas y enfermedades, calidad del grano, etc.) de importancia para los programas de mejoramiento genético.

Los objetivos que se plantearon en esta investigación fueron: analizar la base de datos de caracterización morfológica y evaluación agronómica de la colección de quinua del banco de germoplasma del INIAP; determinar mediante análisis multivariado los diferentes agrupamientos dentro de la colección de quinua; identificar atributos deseados por los programas de mejoramiento (colecciones núcleo) mediante análisis multivariado.

### METODOLOGÍA

El agrupamiento de las 469 entradas analizadas se realizó con el algoritmo multivariado del análisis de agrupamiento jerárquico de Ward (1963). Para la elección del número de grupos de muestras se utilizaron los criterios de pseudo F y pseudo T<sup>2</sup>, los cuales son indicadores útiles del número de grupos. Utilizando la distancia de Gower (1967) del paquete estadístico SAS, se estimó la similitud taxonómica entre cada par de muestras para caracteres continuos, donde el valor uno (1) indica que son diferentes, en tanto que el valor cero (0) indica que son similares. Para la identificación de caracteres cualitativos discriminantes se utilizó la prueba de X<sup>2</sup>, Cochran (1954) y para caracteres cuantitativos, el estadístico de Engels (1983), que menciona que un carácter para el cual los grupos tengan valores marcadamente distintos, tendrá un valor “D” máximo de 1, por cuanto las comparaciones posibles serán todas significativas. Finalmente se identificaron muestras en cada grupo que tuvieron características útiles para los programas de mejora genética, lo que generó colecciones núcleo por carácter de importancia.

### RESULTADOS

El resultado del agrupamiento de las 469 muestras identificó cuatro grupos, siendo los grupos 1 y 3 los que tuvieron el mayor número de muestras, con un 32,8 y 35%, respectivamente (ver Tabla 1).

Tabla 1. Grupos morfológicamente diferentes indicando el número de muestras y porcentaje acumulado

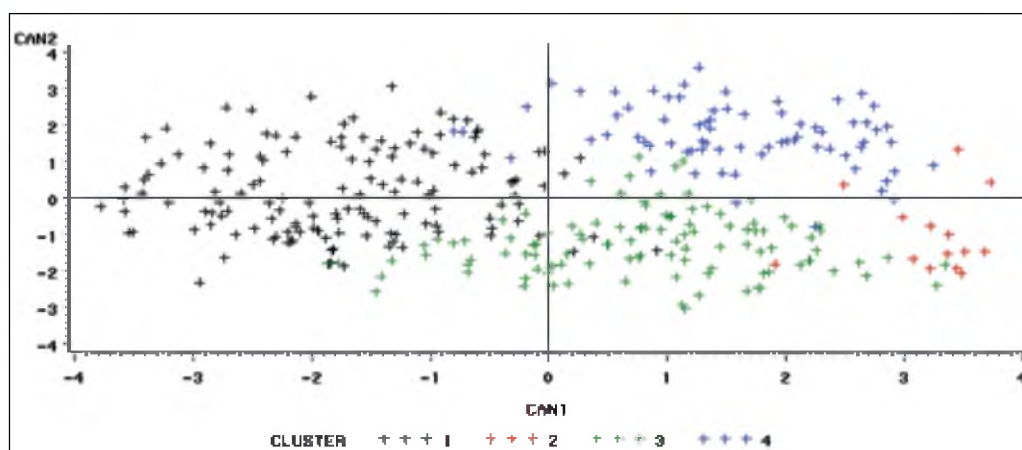
Grupo	Frecuencia	%	Frecuencia acumulada	% acumulado
1	154	32,8	154	32,8
2	70	14,9	224	47,8
3	164	35,0	388	82,7
4	81	17,3	469	100,0

Fuente: César Tapia (2013)

De los 16 caracteres cualitativos analizados, se detectó alta discriminancia (1%) en cuatro caracteres: incidencia de mildiu *Peronospora variabilis* Gaüm, reacción a mildiu, tipo de reacción a mildiu y el color del grano. Estos caracteres pueden utilizarse para establecer diferencias entre grupos genéticos y son de importancia para futuros

trabajos de mejoramiento. De los caracteres cuantitativos, cinco caracteres tienen mayor valor discriminante (días hasta la primera panoja madura, días hasta la maduración total, rendimiento por parcela y severidad a mildiu).

En la estructura taxonómica se observa que las mayores distancias a nivel morfológico se presentaron entre los grupos 1 y 4. Por el contrario, los grupos más relacionados fueron los grupos 2 y 3, y 2 con 4 (Figura 1).



**Figura 1.** Distribución de las muestras en función de las variables canónicas, procedentes del análisis de resultados del coeficiente de Gower.

**Fuente:** César Tapia (2013)

Para los fines prácticos de fitomejoramiento, se definieron colecciones núcleo en función de la precocidad, el rendimiento y la respuesta a mildiu.

Para precocidad (días hasta la primera panoja madura; días hasta la maduración total), el grupo 2 presentó el menor valor para días hasta la primera panoja madura, con un promedio de 149 días; sin embargo, existen muestras del banco de germoplasma con valores más bajos: ECU1-12249, ECU-12250, ECU-12251, ECU-12206, ECU-12230, ECU-12240, ECU-12242, ECU-12248.

En el caso del rendimiento (rendimiento por planta (g); peso de 100 semillas (g)), el grupo 1, conformado por 149 muestras, y el grupo 4, con 76 muestras, tienen los rendimientos promedio por planta más altos (27,3 g y 25,4 g, respectivamente). Para el descriptor peso de 100 semillas no se ven diferencias significativas entre los grupos, presentando el grupo 1, grupo 3 y grupo 4 promedios de 0,498, 0,489 y 0,501 g, respectivamente. Las muestras ECU-269, con 0,69 g, y ECU-643, con 0,66 g, tuvieron un peso superior, mientras que la ECU-643 presenta buenos valores, tanto para peso de 100 semillas como para rendimiento por planta.

Con relación a la respuesta a mildiu, en términos de porcentaje, la severidad de mildiu indica que el *Grupo 1* (154 muestras) es el más resistente, con un porcentaje promedio de 28,9%, observándose las entradas ECU-238, ECU-270, ECU-271, ECU-281, ECU-290, ECU-313, ECU-381 con porcentajes muy bajos (5%). La severidad a mildiu indica que el mismo *Grupo 1* es el más resistente, con un porcentaje promedio de 17,6%, siendo las entradas ECU-238, ECU-270, ECU-289, ECU-307, ECU-313, ECU-343, ECU-354, ECU-355, ECU-379, ECU-381, ECU-456, ECU-470, ECU-573, ECU-593 y ECU-12273 las más resistentes, con 5%. Al relacionar los diferentes descriptores evaluados se detectaron a las muestras ECU-281, ECU-313, ECU-354, ECU-355 y ECU-381, que presentaron la mayor resistencia a mildiu.

## CONCLUSIONES

En función de los caracteres cualitativos (incidencia a mildiu, reacción a mildiu, tipo de reacción a mildiu y color del grano) y cuantitativos (días hasta la primera panoja madura, días hasta la maduración total, rendimiento por parcela y severidad a mildiu) más

1 Código de identificación de las muestras del banco de germoplasma del INIAP

discriminantes y el análisis con la distancias de Gower y el agrupamiento de Ward, se formaron cuatro grupos jerárquicos de la colección de germoplasma de quinua.

Se observa que existe una relación inversa entre el atributo precocidad y rendimiento, ya que las muestras más precoces (grupo 2) son las que tienen los rendimientos más bajos. El grupo 3 presentó los porcentajes menores de saponina con un promedio de 3,10%, encontrándose las muestras ECU-223, ECU-225, ECU-268, ECU-459 y ECU-589 con valores de 0,10%.

Los resultados de este trabajo permitieron al Programa Nacional de Leguminosas y Granos Andinos del INIAP seleccionar líneas de quinua donantes de genes e iniciar un programa de mejoramiento por hibridación para desarrollar variedades con mejores características agronómicas. Por ejemplo, los descriptores relacionados a resistencia o susceptibilidad a mildiu detectaron a las muestras ECU-281, ECU-313, ECU-354, ECU-355 y ECU-381 con la mayor resistencia a la mencionada enfermedad. La muestra ECU-281 perteneciente al grupo 1 tiene alto rendimiento por planta, color de grano blanco y resistencia a mildiu, por lo que es un fenotipo apto para su utilización en fitomejoramiento.

Con el fin de optimizar el uso del banco de germoplasma de la quinua, se recomienda complementar su caracterización en lo relacionado al valor nutricional y aplicaciones agroindustriales, pues esta información y las muestras de germoplasma que se identifiquen son muy importantes para desarrollar nuevas variedades que respondan a las exigencias actuales de los mercados nacionales e internacionales (valor nutracéutico, valor agregado, uso específico, etc.).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Cochran, W. (1954). *Some methods for strengthening the common  $X^2$  tests*. *Biometrics* 10, 417-451.
- Engels, J.M.M. (1983). *A systematic description of cacao clones*. In: The discriminative value of quantitative characteristics. *Euphytica* 32, 377-385.
- Frankel, O.H. (1984). *Genetic perspectives of germplasm conservation*. p. 161-170 en: *Genetic manipulation: Impact on man and society* (W. Arber, K. Llimensee, W.J. Peacock y P. Starlinger, Eds.). Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO. (1996). *Global plan of action for the conservation and sustainable utilization of plant genetic resources for food and agriculture*. Roma.
- Gower, J. (1967). *A comparison of some methods of cluster analysis*. *Biometrics* 23:623-637.
- Mazón, N., Rivera. M., Peralta, E., Estrella, J., y Tapia, C. (2002). Catálogo del banco de germoplasma de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) de INIAP, Ecuador. Programa Nacional de Leguminosas y Granos Andinos y Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos y Biotecnología. Estación Experimental Santa Catalina, INIAP. Quito, Ecuador.
- Peralta, E., Villacrés, E., y Mazón, N. (2013). *Granos andinos: quinua, chocho, amaranto y ataco. Valor nutricional y funcional*. Boletín divulgativo No. 410. INIAP. Quito, Ecuador.
- Van Hintum, Th. J. L., Brown, A. H. D., Spillane, C., y Hodgkin, T. (2003). *Colecciones núcleo de recursos fitogenéticos*. Boletín Técnico No. 3 del IPGRI. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, Roma, Italia.
- Ward, Jr. J.H. (1963). *Hierarchical grouping to optimize an objective function*. *Journal of the American Statistical Association (USA)* 58:236-244.