

**DIVERSIDAD GENETICA Y RECURSOS GENETICOS PARA
EL MEJORAMIENTO DE LA QUINOA (*Chenopodium
quinoa* Willd).**

F. F. Fuentes *, P.J. Maughan ** y E. R. Jellen **

* Departamento de Agricultura del Desierto y Biotecnología, Universidad Arturo Prat, Casilla 121, Iquique, Chile, (franfue@unap.cl)

** Brigham Young University, Department of Plant & Animal Science, 275 WIDB, Provo, UT 84602, USA.

RESUMEN

El siguiente documento presenta una visión global de aspectos relacionados con diversidad genética y uso de una de las especies de mayor importancia en Los Andes de Sudamérica: *Chenopodium quinoa* Willd. y sus parientes silvestres del género *Chenopodium*. La exposición de estos antecedentes, revela grandes desafíos para científicos y mejoradores de la quinoa, relacionándose por una parte al fomento de iniciativas que tengan por objetivo ampliar y mantener colecciones de germoplasma *in situ* y *ex situ* de quinoa y parientes silvestres, como también aumentar la caracterización de estos recursos a fin de contribuir a nuevos programas de mejoramiento genético y a revelar el poder real de las actuales colecciones de germoplasma. Se plantea también la necesidad de completar la clasificación taxonómica incompleta del género *Chenopodium*; a fin de maximizar la capacidad de almacenamiento y uso de la diversidad genética en bancos de germoplasma y programas de mejoramiento.

Palabras clave: *Chenopodium quinoa*, diversidad genética, parientes silvestres, mejoramiento genético, bancos de germoplasma.

ABSTRACT

This document provides an overview of issues related to genetic diversity and utilization of one of the most important Andean crops: *Chenopodium quinoa* Willd. It also discusses the importance of its wild relatives of the genus *Chenopodium*. This introduction illustrates the tremendous challenges and opportunities facing quinoa scientists and breeders. One goal of this dialogue is to promote initiatives to increase and maintain *in situ* and *ex situ* germplasm collections of quinoa and its wild relatives, while also stimulating efforts to characterize these genetic resources. The ultimate objective is to contribute to new breeding and genetic improvement programs, while also initiating new germplasm collection programs. There is a vital need to characterize *Chenopodium* collections and improve the incomplete taxonomy of this genus; improvement of *Chenopodium* seed accession storage facilities and more widespread use of genetic diversity in quinoa breeding are also needed.

Key words: *Chenopodium quinoa*, genetic diversity, wild relatives, breeding program, germplasm bank.

INTRODUCCIÓN: GÉNERO *Chenopodium* y *C. quinoa* Willd.

El género *Chenopodium* L. (número de cromosomas $x=9$), consiste en un grupo de plantas relativamente poco estudiado pero con una amplia distribución mundial. El género está constituido en su mayoría por especies no cultivadas, aunque algunos miembros han sido cultivados en varias áreas geográficas: *C. album* L. en Europa; *C. giganteum* D. Don, o árbol de espinaca en Asia Central; *C. berlandieri* Moq. var. *Nuttalliae* en América Central; y *C. pallidicaule* Heller, y *C. quinoa* en América del Sur (Maughan *et al.*, 2006; Sederberg, 2008).

El género posee más de 120 especies en 16 secciones (Aellen y Just, 1929), siendo quínoa la especie más importante desde el punto de vista económico, teniendo varias características que la hacen un cultivo potencialmente ideal. La quínoa es uno de los cultivos más antiguos del área andina de Sudamérica, con aproximadamente 7.000 años de cultivo (Jacobsen, 2003), en cuya domesticación y conservación han sido partícipes grandes culturas como la Tiahuanacota y la Incaica (Bonifacio *et al.*, 2001), siendo su centro de diversidad genética la zona correspondiente a la cuenca del lago Titicaca (zona andina entre Perú y Bolivia) (Ruas *et al.*, 1999).

Con respecto a la clasificación intra-específica de esta especie, se consideran dos grupos principales: uno correspondiente a quínoas cultivadas, de semillas claras con una delgada y traslúcida testa y un segundo grupo de quínoas silvestres con semillas oscuras y testa densa. Esta clasificación es coincidente con aquella de tipo ancestral realizada por culturas de Los Andes, la cual incluye un tipo silvestre de quínoa denominada “ajara” o “ashpa quinoa”, que morfológicamente es similar a la quínoa tradicional. Dentro de la especie *C. quinoa* existe la variedad *melanospermum*, destacada por presentar semillas negras con márgenes semi-redondeados de amplia distribución en Los Andes. Dentro de la misma clasificación existe la subespecie *milleanum*, caracterizada por la presencia de semillas negras de diámetro fluctuante entre 1,5-1,8 mm, teniendo su distribución principal la zona andina de Ecuador (Heiser y Nelson, 1974). Debido a este reconocimiento de formas silvestres de quínoa por parte de agricultores y científicos, se ha sugerido incluirlas en una posición intermedia entre quínoa (*C. quinoa* Willd.) y algunos de sus posibles ancestros como *C. berlandieri* distribuida en Norte América (Wilson y Heiser, 1979) o *C. hircinum* en Los Andes y la pampa Argentina de Sudamérica (Heiser y Nelson, 1974; Fuentes *et al.*, 2009b).

Existen especies que posiblemente durante la evolución de *C. quinoa* hayan participado con aportes significativos a su genoma, explicando en cierta forma el comportamiento de la quínoa cultivada, como por ejemplo la tolerancia a la salinidad, característico de *C. carnosolum*, resistencia a sequía de *C. petiolare* y resistencia al frío de *C. pallidicaule*, siendo estas tres especies diploides ($2n=2x=18$) (Mujica y Jacobsen, 2006).

Un área de interés significativo es dilucidar el árbol filogenético del género *Chenopodium*. Varios parientes de la quínoa, cultivados y no cultivados, poseen características de interés potencial para propósitos de mejoramiento por cruzamiento. Dado que quínoa es alotetraploide (Ward, 2000), el descubrimiento de cuáles son las dos especies de *Chenopodium* diploides que se cruzaron para producir la quínoa podría ser especialmente valioso. Cuando la quínoa fue originalmente clasificada en 1797, se pensó que era una especie domesticada, exclusiva en una sección del género del nuevo mundo. No fue sino hasta 1917 que otros importantes *Chenopodium* tetraploides cultivados fueron descubiertos en América Central (Wilson y Heiser, 1979). Estas plantas fueron originalmente clasificadas por Safford como *C. nuttalliae*. Especie consistente de tres cultivares diferentes: *huazontle*, el cual es consumida en estado de inflorescencia inmadura; *chia roja*, del que se consume sus semillas; y *quelite*, del cual se consumen sus hojas.

Desde su clasificación original, estas plantas han sido reclasificadas varias veces, incluyendo un período en el cual fueron consideradas conoespecíficas con quínoa. Estas especies son parte del complejo de *C. berlandieri*, conocida comúnmente como *C. berlandieri* var. *nuttalliae* (Wilson y Heiser, 1979), e incluye dos subespecies extintas (por ejemplo, subsp. *joneseanum*) que se conocen por sus restos en varios sitios arqueológicos del Este de América del norte (Smith y Funk, 1985; Smith y Yarnell, 2009).

Es ampliamente aceptado que estas especies comparten un acervo genético común con quínoa; a través de varios estudios se ha señalado que es probable que ellas fueran cultivadas independientemente (Heiser y Nelson, 1979). Cuando la investigación genética en quínoa se inició sistemáticamente desde fines de la década de los setenta, se creyó ampliamente que quínoa se había originado en Sudamérica a partir de descendientes diploides de especies de *Chenopodium* del altiplano como *C. pallidicaule* (cañahua cultivada), *C. petiolare* Kunth, y *C. carnosolum* Moq., y malezas tetraploides sudamericanas como *C. hircinum* Schard., o *C. quinoa* var.

melanospermum (Mujica y Jacobsen, 2000). Una hipótesis alternativa, liderada originalmente por Wilson y Heiser (1979), es que quínoa descendió a partir de tetraploides de *C. berlandieri* en norte América. Poco tiempo después el complejo mexicano de *berlandieri* fue descrito, y fue considerado conoespecífico con quínoa. Investigaciones posteriores guiaron a taxonomistas a ubicarles en sus propias y actuales especies (Wilson y Heiser, 1979), aunque estas especies son morfológica y genéticamente muy similares. El paradigma prevalente es que si *C. quinoa* proviene a partir de tetraploides tempranos de *C. berlandieri*, más probablemente de *C. berlandieri* var *zschackei*, teniendo en consideración sin embargo que los tetraploides mexicanos domesticados son descendientes de *C. berlandieri* var *sinuatum*. Esta idea ha sido respaldada por varios estudios de tipo morfológico, cruzamientos experimentales, isoenzimas y análisis genéticos (Heiser y Nelson 1974; Wilson y Heiser 1979; Wilson 1980; Walters 1988; Maughan *et al.*, 2006). Si ésta hipótesis fuera correcta, esto podría indicar que el origen tetraploide de *C. quinoa* está en norte América, a partir de un ancestro similar a *C. berlandieri* var *zschackei*. Es probable que posteriormente se desplazara a la parte sur del continente, ayudada de la migración humana o por migraciones de aves como una maleza, probablemente *C. hircinum*, donde fue después domesticada como *C. quinoa*.

Basado en características morfológicas, quínoa es clasificada en la sección *Chenopodium*, subsección *Cellulata*, en conjunto con el complejo de *C. berlandieri*, las malezas tetraploides de Sudamérica *C. hircinum*, el diploide silvestre *C. philippianum* de Los Andes, y los diploides norteamericanos *C. neomexicanum* Standl. y *C. watsonii* A. Nels. (Aellen y Just 1929; Wilson 1980). Esta categorización, basada primariamente en la morfología de la cubierta alveolada de la semilla, indica que *C. neomexicanum* y *C. watsonii* son ancestros potenciales para los tetraploides domesticados. Wilson (1988a), demostró que cruza hechas entre especies límites de esta subsección producía pocos descendientes viables. No obstante se pudo notar que *C. neomexicanum* fue más compatible con el diploide *C. fremontii* S. Wats., de fruto liso de la subsección *Leiosperma*, más que con *C. watsonii*. En 1996 Mosyakin y Clemants, revisaron la clasificación del género, cambiando la subsección *Cellulata* a *Favosa*, subdividiendo la subsección *Leiosperma* en varias unidades.

Pese a que ha habido un aumento de estudios en *Chenopodium*, más información se requiere para construir con más precisión la filogenia correcta de este género, específicamente las relaciones de quínoa y sus parientes silvestres cercanos y

especies de *C. berlandieri* y los híbridos naturales entre *C. quinoa* y parientes silvestres bajo condiciones de cultivo.

DOMESTICACIÓN Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA QUÍNOA

El proceso ancestral de domesticación de la quínoa, ha utilizado en diferentes formas la diversidad genética de este recurso fitogenético, la que se encuentra asociada estrechamente a distintas zonas geográficas, determinando en su conjunto la capacidad de sobrevivencia de la quínoa, creando múltiples formas dentro una misma especie. Debido a la existencia de adaptaciones particulares de quínoa en diferentes zonas a lo largo de Los Andes, es que se reconocen cinco ecotipos asociados a sub-centros de diversidad. Estos corresponden a: *quínoa de los valles interandinos* (Colombia, Ecuador y Perú), *quínoa del altiplano* (Perú y Bolivia), *quínoa de las Yungas* (Bolivia), *quínoa de los salares* (Bolivia, Chile y Argentina) y *quínoa de la costa o de nivel del mar* (Chile) (Risi y Galwey, 1984).

La morfología variada que presenta esta especie en las principales áreas de cultivo, ha significado que los agricultores andinos hayan aprovechado sus formas para hacer uso de ella como alimento. Por ejemplo se puede observar en los campos de cultivo de quínoa, una amplia variedad de colores en plantas y semillas, o diferencias en los tipos de ramificación y/o arquitectura general de plantas, al mismo tiempo se puede observar una variada productividad de grano asociada a estas formas. En este sentido, el uso de este recurso genético ha implicado que los fitomejoradores estudien la variación de estas características morfológicas y otros parámetros genéticos para el entendimiento de cómo éstas variables se asocian con caracteres de interés, tales como la producción de grano, contenido de saponina en los granos, tolerancia al frío y/o resistencia a enfermedades.

En relación a la diversidad genética de la quínoa en Chile, esta es conservada principalmente por agricultores indígenas Aymaras por el norte y Mapuches por el sur en un fragmentado patrón genético. En este sentido esta diversidad es caracterizada por un amplio rango de variación morfológica (figura 1), resultado probablemente de la selección artificial, natural y deriva genética, así como también la introducción de arquetipos de quínoa en la zona centro sur de Chile mediante comercialización y migración de poblaciones indígenas. No obstante, esta

diversidad presente en Chile no es del todo utilizada con fines de mejoramiento, principalmente por la falta de estudios en germoplasma originario de las distintas zonas de cultivo en el país (Fuentes *et al.*, 2005).

La historia natural y política sugiere que la diversidad genética de la quinoa podría haber pasado al menos por tres eventos genéticos de *cuello de botella*, los cuales no han resultado en una gran pérdida de diversidad genética. El “*primero*”, y potencialmente el más severo de los cuellos de botella pudo haber ocurrido cuando los dos ancestros diploides de la quinoa tuvieron sus hibridaciones, asumiendo: 1) que las posteriores progenies resultaron a partir de especies alotetraploides aisladas con capacidad reproductiva (probablemente *C. Berlandieri*, Wilson 1980); y 2) que este evento ocurrió sólo una vez, significando que las especies del complejo tetraploides del nuevo mundo tuvieron un origen monofilético.

El “*segundo*” cuello de botella putativo, pudo haber ocurrido cuando la quinoa fue domesticada a partir de sus ancestros tetraploides silvestres; sin embargo, esta constricción genética pudo no ser del todo muy significativa, dada la capacidad de quinoa para tener cruzamientos con otras especies tetraploides (Wilson y Manhart, 1993), y de hecho este evento simpátrico posee múltiples formas tetraploides de *C. hircinum* y/o *C. quinoa* var. *melanospermum* (Wilson 1981b; Mujica y Jacobsen, 2006). La significancia de este segundo cuello de botella es directamente dependiente sobre el primero, del cual a partir de la monofilogenia del complejo tetraploide, implica la presencia de una diversidad genética relativamente pequeña para intercambiar en sus cruzas compatibles con parientes silvestres. Otra posibilidad, que recientemente se informa a través de estudios de diversidad genética usando marcadores de ADN, es que quinoa fue domesticada dos veces: una en las alturas de Los Andes y una segunda vez en tierras bajas de Chile (Christensen *et al.* 2007; Fuentes *et al.* 2009c).

El “*tercero*”, considerado un cuello de botella de tipo político, pasó hace más de 400 años atrás, desde el período de la conquista hasta la década de los ochenta, período durante el cual la quinoa fue marginada de los procesos productivos por razones culturales. Existe abundante evidencias de que la quinoa en tiempos de la conquista estaba relegada a tierras marginales (salinas y/o de secano) (Lescano 1994; Risi y Galwey 1984).

A la luz de estos antecedentes, se puede también agregar la hipótesis de colonización ancestral de la quinoa en la zona centro-sur de Chile, seguida de largos

períodos de deriva genética (Wilson, 1988b). Wilson (1988a), también ha planteado que poblaciones chilenas de quinoa tienen su origen en el área sur del altiplano (Bolivia). Esto último ha sido respaldado por datos encontrados por Christensen *et al.* (2007), los cuales muestran que poblaciones del sur de Chile son más similares a poblaciones bolivianas que otras quinoas provenientes del altiplano andino. Sin embargo Fuentes *et al.* (2009c), evaluando diversidad genética con marcadores de ADN; señala que el germoplasma Chileno de la costa se presenta mucho más diverso de lo creído y reportado. Esta observación se relaciona directamente con la pregunta realizada por Wilson (1988a), en relación a la hipótesis del origen de la quinoa de la costa. La gran diversidad observada a nivel molecular de este estudio podría alternativamente ser explicada por el sistema de polinización cruzada existente en quinoas de la costa en campos de cultivo en conjunto con poblaciones de malezas de *C. album* y/o *C. hircinum*. Esta última hipótesis explica en cierto sentido la dificultad experimentada por mejoradores de quinoa de la costa en la obtención de nuevos cultivares puros en la zona centro sur de Chile (I. y E. von Baer, comunicación personal).

Estudios realizado por Fuentes *et al.* (2009c), en poblaciones de quinoa del norte y sur de Chile reveló que el 21,3% de alelos de marcadores de microsatélites involucrados en el estudio estuvieron compartidos entre ambas poblaciones, estos datos coinciden con la hipótesis de Wilson (1988b), y datos reportados por Christensen *et al.* (2007), en relación a la mayor similitud genética entre quinoas del altiplano sur de Los Andes y quinoas del sur de Chile. Adicionalmente esta investigación reveló que quinoas del norte de Chile (altiplano) presentaron un 28,6% de alelos únicos y quinoas del sur (costa) un 50%. Esta última información más observaciones de segregantes entre quinoa y probablemente *C. hircinum* Schrad., en campos de cultivo en Temuco (I. y E. von Baer, comunicación personal), permiten plantear una nueva hipótesis con respecto a la diversidad genética de quinoas del sur: “quinoas del sur estarían en continua hibridación con parientes silvestres que coexisten en campos de cultivos”. Esta especie silvestre es considerada como una maleza abundante en cultivos de quinoa en la región de la Araucanía en Chile (Fuentes *et al.*, 2009c). De esta forma quinoas del sur de Chile presentarían un sistema mixto de polinización cruzada y de autopolinización, lo cual abre la posibilidad de un constante intercambio de información genética intra y/o inter-específica.

En este mismo sentido, información reportada por Fuentes *et al.* (2009b), muestra las relaciones genéticas existentes en una población de *C. quinoa* del sur de Chile bajo cultivo y parientes silvestres del género *Chenopodium* provenientes del

mismo cultivo y de diversas zonas del norte de Chile. A partir de los resultados obtenidos en este estudio se identificaron tres grupos de similitud genética, los cuales revelaron similitudes entre *C. quinoa* y *C. hircinum* a nivel de ADN nuclear y de cloroplasto, avalando la hipótesis de que quínos bajo condiciones de cultivo en el sur de Chile presentan un sistema de constante intercambio de información genética intra y/o ínter específica. De este modo se comprueba indicios naturales de hibridización de quínos de la zona sur de Chile con parientes silvestres (*C. hircinum*).

CONSERVACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y SU USO EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE QUÍNOA

La conservación de la diversidad genética de quínoa a través de estrategias de conservación *in situ* y *ex situ*, ha permitido implementar los actuales programas de mejoramiento genético en la región andina. Pese a ello es importante considerar el comportamiento en campo de esta diversidad, para posteriormente determinar aquellas líneas promisorias sobresaliente en atributos de interés como el rendimiento, índice de cosecha, calidad de grano, resistencia a enfermedades, tolerancia a sequía y/o a salinidad, entre otras características productivas relevantes. Asimismo resulta importante el conocimiento del sistema reproductivo de plantas de quínoa, los cuales facilitarán en mayor o menor medida los procesos de fecundación natural o artificial entre plantas, dada la amplia variación en inflorescencias y tipos florales presentes en quínoa (Bhargava *et al.*, 2007). Por otra parte, es de vital importancia considerar el uso de la biotecnología como una herramienta capaz de acelerar el alcance de objetivos en los programas de mejoramiento mediante el estudio de ADN y otras técnicas. Estudios que pueden ir desde la determinación del nivel de diversidad en un proceso de selección, hasta el estudio de genes específicos que controlan importantes características, tales como la resistencia a enfermedades, control genético de la producción de saponinas en el grano, o la comprensión de características más complejas como la tolerancia a la sequía o la salinidad (Stevens *et al.*, 2006; Turner, 2007; Sederberg, 2008; Soliai, 2009; Fuentes *et al.*, 2009b).

Las colecciones más completas de germoplasma *ex situ* para *Chenopodium* son mantenidas por el Royal Botanic Garden en Kew (Inglaterra), el USDA-ARS (Estados Unidos), el National Bureau of Plant Genetic Resources (India), la Fundación para la Promoción e Investigación de Productos Andinos (PROINPA, colección nacional de Bolivia), la Universidad Nacional del Altiplano (UNAP, Perú), y el IPK-

Gatersleben en Alemania. De estos bancos, sólo el de USDA-ARS y el Royal Botanic Garden en Kew mantiene una gran colección de *Chenopodium* silvestres del continente americano.

El primer banco de germoplasma caracterizado en Perú fue liderado por la Universidad Nacional del Altiplano (UNAP), la cual reportó una colección de 1.029 accesiones de quínos, las que a partir de ellas se definió la colección núcleo de 103 accesiones (Ortiz *et al.* 1998; Ortiz *et al.* 1999), sin considerar la presencia de especies silvestres. Otros grupos de investigación en el Perú también mantienen colecciones de germoplasma, por ejemplo la Universidad Nacional Agraria de la Molina (UNALM), posee una colección de aproximadamente 2.800 accesiones de quínoa y 140 de accesiones de cañahua a la fecha, incluyendo colecciones del centro y norte del Perú (L. Gómez, comunicación personal).

En Bolivia, la Fundación PROINPA fue adjudicada para la custodia de la Colección Nacional Boliviana a fines de la década de los noventa. Ellos a la fecha continúan con las colectas y mantienen su germoplasma bajo la modalidad de conservación *ex situ* en sus instalaciones en Quipaquipani, 4 km al sur de Viacha, Provincia de Ingavi, en la parte norte del altiplano. Trabajos de colecta de germoplasma siguen en curso, con aproximadamente 3.120 accesiones de quínoa (282 en la colección núcleo) y 770 accesiones de cañahua en custodia en el sitio. Adicionalmente también han colectado 67 accesiones de paico (*Dysphania ambrosioides*).

Con respecto a la conservación de germoplasma de quínoa *in situ*, incluyendo a mejoradores en jornadas participativas con agricultores, aparece un importante número de programas en la región Andina (Danielsen *et al.* 2000; Fuentes *et al.*, 2005; Mujica and Jacobsen 2006; McElhinny *et al.* 2007). Tapia (2000), señala un caso donde tres entidades trabajaron en conservación *in situ* en el Departamento de Cajamarca, Perú, la que involucró la participación del Centro Internacional de la Papa (CIP), la Asociación de Desarrollo Rural de Cajamarca (ASPADERUC), y el Consorcio para el Desarrollo Sustentable de la Ecoregión Andina (CONDESAN). Los seis pasos descritos de este modelo consideraron: 1) manejo de la conservación del suelo y el agua; 2) ferias comunitarias de semillas, promoviendo la biodiversidad, más que líneas mejoradas; 3) workshops participativos de agricultores; 4) asociaciones para la conservación, integradas por los mismos agricultores; 5) establecimiento de bancos de semillas en campo con la máxima conservación de diversidad; y 6) visitas

periódicas de instituciones supervisoras, con el objetivo de monitorear el progreso en la mantención de la biodiversidad. Proyectos similares han sido desarrollados en la zona centro de México desde el año 2004, para la promoción activa de la conservación *in situ* de razas nativas de *C. berlandieri* subsp. *nuttalliae*, muchas de las cuales están al borde de la extinción (Perez-Agís *et al.* 2005).

La situación en Chile difiere diametralmente a lo realizado en países como Perú, Bolivia o México, tanto en número como en el desarrollo de proyectos de conservación. No obstante, se reporta la existencia de colecciones de germoplasma a cargo de instituciones públicas y privadas, como al mismo tiempo escasos esfuerzos en mejoramiento y uso de la diversidad genética de la quinoa. Las principales colecciones se encuentran en: 1) Universidad Arturo Prat (Departamento de Agricultura del Desierto y Biotecnología, Iquique) con 64 accesiones de quinoa, con la reciente incorporación de 29 accesiones de quinoas (Perú-Bolivia) y 9 accesiones de parientes silvestres del género *Chenopodium*, 2) Banco Nacional de Germoplasma (INIA-INTIHUASI, Vicuña) con 76 accesiones de quinoa, más una reciente incorporación de semillas del norte, centro y sur que suman poco más de 200 accesiones; y 3) Colección de germoplasma de quinoa de la empresa de Semillas Baer (Temuco) con 85 accesiones de quinoa (Salazar *et al.*, 2006; 2009).

En relación a proyectos de conservación y uso de la biodiversidad en Chile se puede hacer referencias a algunos pocos trabajos desarrollados, tales como el de la empresa de Semillas Baer, cuyos inicios se remontan a la década de los setenta, con sus primeros trabajos de fitomejoramiento y producción de semillas de quinoa, utilizando germoplasma del ecotipo de la costa, el cual a la fecha ha significado la generación de la única variedad comercial de quinoa registrada en Chile: "Regalona". En la región de Tarapacá, la Universidad Arturo Prat a través de su Departamento de Agricultura del Desierto y Biotecnología, se han ejecutado programas de estudio, selección y uso diversificado de su grano para la alimentación humana. El objetivo de estos trabajos se ha dirigido a la generación de líneas promisorias (futuras variedades) con características homogéneas que permitan su alta productividad en el altiplano de la Región de Tarapacá. De este modo, se ha experimentado también la introducción del cultivo de la quinoa en la zona de Pampa del Tamarugal (zona de Desierto Extremo), para su uso como cultivo alternativo (Fuentes y Bhargava, 2009a, en prensa).

En la región de Coquimbo, el Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), ha desarrollado diversas investigaciones para determinar la adaptación productiva de distintas accesiones de quinoa con el objetivo de producción de grano y uso alternativo en la alimentación de ganado menor en la zona costera, de valle y pre cordillera de la región (Martínez *et al.*, 2009).

Los trabajos realizados en Chile se basan en el uso de los dos ecotipos de quinoa existentes, estos son: ecotipo de salares y ecotipo de costa. El ecotipo de salares, se encuentra distribuido en las regiones de Tarapacá y Antofagasta, estos materiales son tradicionalmente cultivados por comunidades indígenas en zonas ubicadas a alturas variables entre 2.500 a 4.000 msnm, suelos salinos y pluviometría fluctuante entre 100 – 200 mm/año entre los meses de diciembre a febrero.

Según estudios recientes, estos materiales se encuentran estrechamente emparentados con variedades de quinoa de Bolivia (ecotipo de salares) (Christensen *et al.*, 2007; Fuentes *et al.*, 2009c). No obstante existen evidencias de la introducción de algunos materiales desde la zona andina de Perú en la zona altiplánica de la región de Antofagasta. Pese a ello la morfología dominante en la mayor parte de los materiales estudiados, corresponde al de quinoa de salares (Fuentes *et al.*, 2009c). En la zona centro y sur de Chile se cultiva la quinoa correspondiente al ecotipo de la costa. Su cultivo es caracterizado por desarrollarse a altitudes variables entre 100 a 800 msnm, bajo condiciones de secano. Una notable diferencia existente en su cultivo, respecto a la condición de secano (lluvia en período estival) de la quinoa de salares en el norte de Chile, es que la concentración de las lluvias en la zona centro y sur del país se concentra durante el período invernal, el cual fluctúa de acuerdo la zona geográfica, comprendida entre la región del Libertador Bernardo O'Higgins y la región de Los Ríos, de 700 a 1.900 mm/año.

En relación a estos dos ecotipos, existe una reconocida y marcada diferencia en términos de adaptación a la altitud, tolerancia a la sequía, salinidad y sensibilidad a la longitud del día, lo cual podría implicar desde el punto de vista agronómico que ecotipos de la costa puedan adaptarse a altas altitudes y que puedan servir en el mejoramiento de características de calidad de ecotipos de salares y viceversa para lograr el cultivo de ecotipos de salares en zonas de baja altitud de la zona centro y sur de Chile, mediante cruzamientos dirigidos. Justamente, estas metodologías de cruzamiento y posterior estudio de poblaciones generadas por autofecundación, han podido determinar los mecanismos de herencia de algunos caracteres como color de

planta, pigmentación axilar de tallos, tipo de inflorescencia, contenido de saponinas, color de grano, precocidad, altura de planta y esterilidad masculina (Ward, 2000; Ward, 2001; Bonifacio *et al.*, 2007). Estos trabajos considerados pioneros en los estudios genéticos en quínoa, han sido desarrollados principalmente en Bolivia, los cuales a la fecha ha significado la generación de algunas variedades de quínoa, tales como Chucapaca, Sajama, Kamiri, Huaranga y Real.

EXPERIENCIAS EN SELECCIÓN Y MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA QUÍNOA EL NORTE DE CHILE

La mayor superficie sembrada de quinua en el país se encuentra en el altiplano de la Provincia de Iquique, específicamente en el vasto sector de la Comuna de Colchane, siendo la quínoa el principal componente de la cadena agroalimentaria de comunidades Aymaras.

En países como Bolivia y Perú, se constituye una alternativa comercial rentable en torno a la quínoa, dada la creciente demanda de países desarrollados como Alemania, Japón y Canadá. Esto ha implicado en varios de los casos transformar el manejo agronómico a sistemas de producción intensiva, al mismo tiempo los manejos de post cosecha se han dirigido hacia la transformación del grano en productos con mayor valor agregado. Pese a esta experiencia cercana, la quínoa en el altiplano de la región de Tarapacá, todavía sigue siendo un cultivo con escaso manejo agronómico y de bajo valor agregado, siendo dedicado principalmente al autoconsumo de familias productoras, siendo ocasional la transacción comercial del grano en el mercado local.

Dada la perspectiva emergente que presenta el mercado de la quínoa, las comunidades indígenas del sector han proyectado su potencial desarrollo a través de la promoción de inversiones tanto propias como de organismos gubernamentales y no gubernamentales; para aumentar la superficie cultivable e incorporar nuevas técnicas de cultivo y de post cosecha, a través de la adquisición de maquinarias para la siembra y procesamiento del grano de quínoa. No obstante, el desarrollo de estas iniciativas se encuentra aún frenado por la calidad heterogénea de sus granos, esto como consecuencia de la siembra de mezclas de germoplasma, lo que ha generado genotipos con mucha variabilidad (figura 2).

Estas mezclas provienen de arquetipos denominados rojos, rosados, amarillos y blancos. Para el agricultor, esta mezcla tiene una razón: cautelar la producción ante un ambiente altamente variable en precipitaciones y temperaturas. De esta forma el agricultor busca obtener rendimientos con algunos de los arquetipos sembrados, los que finalmente difieren a su vez en su capacidad productiva bajo condiciones de cultivo. Finalmente la cosecha resultante es una mezcla de semillas - no adecuada para el desamargado mecanizado- afectando la calidad final del producto.

El proyecto desarrollado en el altiplano de la región de Tarapacá, dentro de su estrategia de Innovación tecnológica para la creación de una unidad de negocios en base a la producción mejorada de quínoa en la comunidad de Ancovinto, llevó a cabo la validación de manejos culturales en el cultivo de la quínoa, tales como fertilización, riego, control fitosanitario y selección de germoplasma. Este último tuvo por finalidad seleccionar dentro de un campo comunitario de agricultores Aymaras, plantas representativas de características de interés definidas por los mismos agricultores, de manera de dar inicio a un proceso de evaluación y selección de individuos que permita la homogenización de estas características en cultivo y posteriormente proceder a la multiplicar estas líneas promisorias para su uso por parte de agricultores de la comunidad.

El trabajo se inició durante la temporada agrícola 2004-2005 en campos de cultivo de la comunidad Indígena de Ancovinto. Las características de interés en plantas de quínoa fueron: altura de planta media, forma de panoja compacta, color de panoja (rojo y amarillo) y mejoramiento de la calidad del grano (peso y tamaño). El trabajo de evaluación y selección fue realizado durante tres temporadas agrícolas consecutivas, considerando en cada ciclo la selección de plantas de panoja amarilla y roja. Las técnicas empleadas para efectuar la selección se basaron en la evaluación de trece descriptores morfológicos mediante análisis multivariado, describiendo arquitectura de plantas y características de grano. Adicionalmente se utilizaron marcadores de ADN, los cuales sirvieron de complemento al estudio morfológico, contribuyendo de esta forma a acelerar los resultados de homogenización de ambas categorías (figura 3).

Durante el proceso de selección y mejoramiento realizado durante las tres temporadas en altiplano de la región de Tarapacá, los resultados demostraron un

efectivo avance en la obtención de características morfológicas que significaron una uniformidad en la cantidad y calidad de la producción de grano obtenido en campo.

Los resultados del proceso demuestran que la altura promedio de plantas presentó un leve aumento, pasando de 79,8 a 95,1 cm para la línea amarilla y de 87,0 a 98,0 cm en la línea roja. Asimismo, el largo de panoja se vio incrementado de 30,3 a 70,3 cm en la línea amarilla y de 35,5 a 56,7 cm en la línea roja. Por otra parte el ancho de panoja mostró una disminución desde 68,3 a 33,8 cm como promedio para la línea amarilla y de 64,5 a 28,3 cm para la línea roja.

La evaluación de la ramificación de la panoja en ambas líneas mostró una disminución en número, significando en general un tipo de panoja compacta con baja proporción de glomérulos laterales. La disminución de ramificaciones en la línea amarilla varió desde el inicio del proceso de 29 a 14,6 ramificaciones en promedio al final del proceso, en tanto en la línea roja varió desde 31,1 a 14,4 ramificaciones en promedio. La variación en dimensión y arquitectura de la panoja, resultó en un importante avance en el mejoramiento del rendimiento de ambas líneas de quinoa, debido a que fue posible producir más grano por planta, con la característica adicional de homogenización del tiempo de madurez del grano en toda la panoja, evitando de esta forma el problema de desgrane al momento de la cosecha.

Con respecto a las características de grano, la variable de peso de 100 granos mostró una variación positiva a favor de la producción de granos de mayor peso, esta variación significó pasar de 0,48 a 0,51 gramos en la línea amarilla y desde 0,42 a 0,51 gramos en la línea roja. Estos resultados guardaron directa relación con la variable de diámetro de grano, la cual experimentó una variación desde el primer ciclo de selección al tercero, un cambió promedio de 2,31 a 2,45 mm en la línea amarilla y de 2,23 a 2,54 mm en la línea roja. El rendimiento de grano promedio individual en plantas presentó también un mejoramiento desde el inicio del proceso de selección, consistiendo en el aumento de 40,9 a 86,9 g de grano por planta en promedio en la línea amarilla (1.000 a 2.200 kg ha⁻¹), mientras que para la línea roja el aumento registrado fue desde 62,9 a 72, 2 g de grano por planta (1.500 a 1.800 kg ha⁻¹).

La variable de índice de cosecha experimentó un aumento para ambas líneas de quinoa, lo cual mediante la variación de la arquitectura de planta y el aumento de rendimiento promedio individual por planta, significó aproximadamente que el 50% del peso total de la planta estuviera representado por grano.

Los datos recogidos durante las tres temporadas de cultivo experimentaron un descenso en la amplitud de sus valores extremos, demostrando en este sentido la efectiva homogenización de las características morfológicas de ambas líneas promisorias de quinua (figura 4).

Dentro del conjunto de variables definidas en el estudio, destacaron de manera relevante para fines de selección y establecimiento de un nuevo proceso de selección, las características que describieron la forma de planta: altura de planta y largo de panoja, mientras que para características de grano fueron importantes las variables de peso de grano por planta y diámetro. Según la clasificación general de contenido de saponinas, medido a través de la metodología de determinación de la altura de espuma producida por agitación, se clasificó la línea promisoriosa de quinoa amarilla como semidulce, desde el inicio del proceso de selección hasta el tercer ciclo. Por su parte la línea promisoriosa de quinoa roja pasó de amarga a semidulce sólo en el tercer ciclo.

CONSIDERACIONES FINALES

En consideración a lo potencial del uso de recursos genéticos de quinoa y sus parientes silvestres, se sugiere en general propiciar iniciativas que tengan como objetivo la mantención de colecciones de germoplasma *in situ* y *ex situ*, es decir, la conservación en los propios campos de cultivo y a través de colecciones en bancos de germoplasma, respectivamente; para la contribución directa a programas de mejoramiento de la quinoa, a través de información relevante de caracterizaciones agronómicas, morfológicas, genéticas, químicas entre otras evaluaciones. Asimismo se plantea de manera urgente abordar dos grandes desafíos de significancia para el mejoramiento de la quinoa: 1) clarificar la clasificación taxonómica incompleta del género *Chenopodium*, y 2) aumentar la exigua cantidad de materiales silvestres disponibles en las colecciones de germoplasma (ambos puntos estrechamente relacionados).

Con el aumento de herramientas de recursos genómicos y moleculares, producto de la investigación en quinoa; el objetivo de clasificación taxonómica puede ser resuelto en un corto plazo, contribuyendo efectivamente a revelar el poder real de las colecciones de germoplasma de quinoa existentes, pudiendo dedicar los limitados

recursos a la conservación de una forma efectiva, maximizando la capacidad de almacenamiento y uso de la diversidad genética en las representaciones presentes en los bancos de germoplasma.

BIBLIOGRAFÍA

AELLEN P. and JUST T. 1929 Key and synopsis of the American species of the genus *Chenopodium* L. American Midland Naturalist 30:47-67.

BHARGAVA, A.; S. SHUKLA and O. DEEPAK. 2007. Gynomonoecey in *Chenopodium quinoa* (*Chenopodiaceae*): variation in inflorescence and floral types in some accessions. *Biologia*, 62(1): 19-23.

BENLHABIB O., ATIFI M., JELLEN E.N., JACOBSEN S.E. 2004. The introduction of a new Peruvian crop "quinoa" to a rural community in Morocco. *European Society of Agronomy Proceedings*, Copenhagen, Denmark, July 11-15.

BERTERO H.D., VEGA A.J., CORREA G. 2004. Genotype and genotype-by-environment interaction effects for grain yield and grain size of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) as revealed by pattern analysis of international multi-environmental trials. *Field Crops Research* 89:299-318.

BONIFACIO A., 2001. Recursos genéticos, etnobotánica y distribución geográfica. In: Mujica A., Jacobsen S.E., Izquierdo J. & Marathe J.P., eds. Primer taller internacional sobre quinoa. 2001. Cultivos Andinos. [CD-ROM]. Santiago: FAO, UNA-Puno, CIP.

BONIFACIO, A., VARGAS A. and ALCON M. 2007. Segregación natural en variedades y ecotipos de quinoa. In: Resúmenes 1er Congreso Internacional de Quinoa. Iquique, Chile. 2007.

CHRISTENSEN S.A., PRATT D.B., PRATT C., NELSON P.T., STEVENS M.R., JELLEN E.N., COLEMAN C.E., FAIRBANKS D.J., BONIFACIO A., MAUGHAN P.J. 2007. Assessment of genetic diversity in the USDA and CIP-FAO international nursery collections of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) using microsatellite markers. *Plant Genetic Resources* 5:82-95.

COLES N.D., COLEMAN C.E., CHRISTENSEN S.D., JELLEN E.N., STEVENS M.R., BONIFACIO A., ROJAS-BELTRAN J., FAIRBANKS D.J., MAUGHAN P.J. 2005. Development and use of an expressed sequenced tag library in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) for the discovery of single nucleotide polymorphisms. *Plant Science* 8:439-447.

DANIELSEN S., S. JACOBSEN, E. ECHEGARAY, T. AMES. 2000. Impact of downy mildew on the yield of quinoa. In: *Scientist and farmer. Partners in research for the 21st Century*. CIP Program Report 1999-2000, pp 397-401, International Potato Center (CIP), Lima.

FUENTES F., DELATORRE J., TELLO V., ARENAS J., RIQUELME A., OLIVA M., LANINO M., CAREVIC A. 2005. Diversidad genética intrapredial en germoplasma nativo de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) de la Comunidad de Ancovinto, Altiplano de la I Región de Chile. En *Anales del V SIRGEALC*: 121. Montevideo, Uruguay.

FUENTES F. and A. BHARGAVA. 2009a. Morphological analysis of quinoa germplasm grown under desert conditions. *Journal of Agronomy and Crop Science* (submitted).

FUENTES F. F., ESPINOZA P. A., VON BAER I., JELLEN E. N., MAUGHAN P. J. 2009b. Determinación de relaciones genéticas entre *Chenopodium quinoa* Willd del sur de Chile y parientes silvestres del género *Chenopodium*. En *Anales del XVII Congreso Nacional de Biología del Perú*: 45. Tacna, Perú.

FUENTES F.F., MARTINEZ E.A., HINRICHSEN P.V., JELLEN E.N., MAUGHAN P.J. 2009c. Assessment of genetic diversity patterns in Chilean quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) germplasm using multiplex fluorescent microsatellite markers. *Conservation Genetics*. Vol. 10. Nº 2: 369-377.

HEISER C.B., and NELSON C.D. 1974. On the origin of cultivated Chenopods (*Chenopodium*). *Genetics* 78:503-505.

JACOBSEN S.E. and STOLEN O. 1993. Quinoa. Morphology, phenology and prospects for its production as a new crop in Europe. *European Journal of Agronomy* 2:19-29.

JACOBSEN, S.E. 2003. The worldwide potential of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Rev. Int.* 19(1-2):167-177.

JARVIS D.E., KOPP O.R., JELLEN E.N., MALLORY M.A., PATTEE J., BONIFACIO A., COLEMAN C.E., STEVENS M.R., FAIRBANKS D.J., MAUGHAN P.J. 2008. Simple sequence repeat marker development and genetic mapping in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Journal of Genetics* 87:39-51.

LESCANO J.L. 1994. Mejoramiento y fisiología de cultivos andinos. Cultivos andinos en el Perú. CONCYTEC, Proyecto FEAS, p 231.

MARTÍNEZ E.A., E. VEAS, C. JORQUERA & R. SAN MARTÍN. 2009. Re- introduction of *Chenopodium quinoa* Willd. into arid Chile: Cultivation of two lowland races under extremely low irrigation. *Journal of Agronomy and Crop Science.* Vol 195(1):1-10.

MAUGHAN J., BONIFACIO A., JELLEN E., STEVENS M., COLEMAN C., RICKS M., MASON S., JARVIS D., GARDUNIA B., FAIRBANKS D. 2004. A genetic linkage map of quinoa (*Chenopodium quinoa*) based on AFLP, RAPD, and SSR markers. *Theor Appl Genet* 109:1188–1195.

MAUGHAN, P.J., KOLANO B.A., MALUSZYNSKA J., COLES N.D., BONIFACIO A., ROJAS J., COLEMAN C.E., STEVENS M.R., FAIRBANKS D.J., PERKINSON S.E., JELLEN E.N. 2006. Molecular and cytological characterization of ribosomal RNA genes in *Chenopodium quinoa* and *Chenopodium berlandieri*. *Genome* 49: 825-839.

McElhinny E., E. Peralta, N. Mazon, D.L. Danial, G. Thiele, P. Lindhout. 2007. Aspects of participatory plant breeding for quinoa improvement in marginal areas of Ecuador. *Euphytica* 153:373-384.

MOSYAKIN S.L. AND S.E. CLEMANTS. 1996. New infrageneric taxa and combinations in *Chenopodium* L. (*Chenopodiaceae*). *Novon* 6:398-403.

MUJICA, A., JACOBSEN S.E. 2000. Agrobiodiversidad de las aynokas de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y la seguridad alimentaria. Seminario Agrobiodiversidad en la Region Andina y Amazonica 151-156.

MUJICA, A. Y E. JACOBSEN. 2006. La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. *Botánica Económica de los Andes Centrales.* 449-457.

ORTIZ R., E.N. RUIZ-TAPIA, A. MUJICA-SANCHEZ. 1998. Sampling strategy for a core collection of Peruvian quinoa germplasm. *Theor Appl Genet* 96:475-483.

ORTIZ R., S. MADSEN, E.N. RUIZ-TAPIA, S-E JACOBSEN, A. MUJICA-SANCHEZ, J.L. CHRISTIANSEN, O. STOLEN. 1999. Validating a core collection of Peruvian quinoa germplasm. *Genet Res Crop Evol* 46:285-290.

PEREZ-AGIS E., E. DE LA CRUZ TORRES, C. MAPES, J.M. ANDRADE GARCIA. 2005. Las comunidades campesinas: un importante reservorio de recursos para la humanidad. *LEISA* 20:20-23.

RISI, J. and N. GALWEY. 1984. The *Chenopodium* grains of the Andes: Inca crops for modern agriculture. *Adv Appl Bot* 10:145-216.

ROJAS, W. 2003. Multivariate analysis of genetic diversity of Bolivian quinoa germplasm. *Food Reviews International.* Vol. 19 (1-2):9–23.

RUAS P., BONIFACIO A., RUAS C., FAIRBANKS D., ANDERSEN W. 1999. Genetic relationship among 19 accessions of six species *Chenopodium* L., by Random Amplified Polymorphic DNA fragments (RAPD). *Euphytica* 105:25–32.

SALAZAR E., P. LOBOS; M. ROSAS; C. MUÑOZ. 2006. Estado de la conservación *ex situ* de los recursos fitogenéticos cultivados y silvestres en Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Santiago. Chile. Boletín INIA N°156:180 pp.

SALAZAR E., D. BAZILE; E. MARTÍNEZ; P. LEÓN. 2009. Conservación *ex situ* de los recursos genéticos de maíz (*Zea mays*), quinua (*Chenopodium quinoa*) y algarrobo (*Prosopis chilensis*) en Chile. En Anales del VII Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe. Pucón, Chile.

SEDERBERG M. 2008. Physical mapping of ribosomal RNA genes in new world members of the genus *Chenopodium* using fluorescence *in situ* hybridization. M.S. Thesis, Brigham Young University.

SMITH B.G. and V.A. FUNK. 1985. A newly described subfossil cultivar of *Chenopodium* (*Chenopodiaceae*). *Phytologia* 57:445-448.

Smith B.D. and R.A. Yarnell. 2009. Initial formation of an indigenous crop complex in eastern North America at 3800 B.P. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 106:6561-6566.

SOLIAI M.M., MAUGHAN P.J., ESPINOZA P.A., FUENTES F.F., KING B., PETTY B.A., RANEY J., ADHIKARY D., ELZINGA D., LEGGETT A., COLEMAN C.E., STEVENS M.R, UDALL J.A., & JELLEN E.N. 2009. Genome Relationships in New World *Chenopodium* Species: II. Evidence from DNA Sequencing. *Plant & Animal Genomes XVII Conference Proceeding*, San Diego, USA, January 10-14.

STEVENS, M.R., C.E. COLEMAN, S.E. PARKINSON, P.J. MAUGHAN, H.-B. ZHANG, M.R. BALZOTTI, D. KOOYMAN, K. ARUMUGANATHAN, A. BONIFACIO, D.J. FAIRBANKS, E.N. JELLEN, and J.J. STEVENS. 2006. Construction of a quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) BAC library and its use in identifying genes encoding seed storage proteins. *Theoretical and Applied Genetics*. 112.8: 1593-1600.

TAPIA M.E. 2000. Mountain agrobiodiversity in Peru. Seed fairs, seed banks, and mountain-to-mountain exchange. *Mountain Res Dev* 20:220-225.

TURNER T. 2007. Cloning and characterization of the *Salt Overly Sensitive 1 (sos1)* gene in *Chenopodium quinoa* willd. M.S. Thesis, Brigham Young University.

WALTERS, T.W. 1988. Relationship between isozymic and morphologic variations in the diploids *Chenopodium fremontii*, *C. neomexicanum*, *C. palmeri*, and *C. watsonii*. *American Journal of Botany* 75:97-105. Wang C-JR, Harper L., Cande Z. 2006. High resolution single-copy gene fluorescence *in situ* hybridization and its use in the construction of a cytogenetic map of maize chromosome 9. *The Plant Cell* 18:529-544.

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

WARD, S. M. 2001. A recessive allele inhibiting saponin synthesis in two lines of Bolivian quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *J Heredity* 92: 83-86.

WILSON H.W., HEISER C.B. 1979. The origin and evolutionary relationships of 'huauzontle' (*Chenopodium nuttaliae* Safford), domesticated chenopod of Mexico. *American Journal of Botany* 66:198-206.

WILSON, H.D. 1980. Artificial hybridization among species of *Chenopodium* sect. *Chenopodium*. *Systematic Botany* 5:253-263.

WILSON HD. 1981. Genetic variation among South American populations of tetraploid *Chenopodium* sect. *Chenopodium* subsect. *Cellulata*. *Syst Bot* 6:380-398.

WILSON, H.D. 1988a. Allozyme variation and morphological relationships of *Chenopodium hircinum*. *Systematic Botany* 13:215-228.

WILSON H.D. 1988b. Quinoa biosystematics II: free living populations. *Econ Bot* 42:478-494.

WILSON H. and J. MANHART. 1993. Crop/weed gene flow: *Chenopodium quinoa* Willd. and *C. berlandieri* Moq. *Theor Appl Genet* 86:642-648.



Figura 1: Diversidad de fenotipos de quínoa en el altiplano de la Región de Tarapacá, Chile.



Figura 2: Diversidad genética intrapredial de quínoa en campo de cultivo de la Comunidad Indígena de Ancovinto. Altiplano Región de Tarapacá.



Figura 3: Resultado de campo para línea promisoría roja y amarilla en segundo ciclo de selección de germoplasma de quinoa en altiplano de la Región de Tarapacá.



Figura 4: Plantas de línea promisoría roja seleccionadas en tercer ciclo de selección (izquierda). Detalle de granos en inflorescencia de línea amarilla (derecha).