



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO
FACULTAD DE CIENCIA AGRARIAS
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERIA AGRONÓMICA



**CARACTERIZACIÓN AGROMORFOLÓGICA Y QUÍMICA DE
PROGENIES DE CRUZA SIMPLES GENÉTICAMENTE
DISTANTES Y CERCANAS DE QUINUA (*Chenopodium quinoa*
Willd.) CAMPAÑA AGRICOLA 2020-2021 EN EL C.E. CAMACANI,
PUNO, PERÚ.**

TESIS

PRESENTADA POR:

Bach. BARAHONA CÁRDENAS, EHIDY THANIA

PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE:

INGENIERO AGRÓNOMO

PUNO – PERÚ

2022



DEDICATORIA

A Dios todo poderoso, por haberme dado la vida, la capacidad, valentía y fortaleza para poder culminar una gran meta.

Con todo mi amor a mi padre Favio quien me enseñó que el mejor conocimiento que se puede tener es el que se aprende por sí mismo y que uno no debe ser conformista y aspirar a grande.

Con todo mi corazón a mi madre Rumaldina quien me enseñó que incluso la tarea más grande se puede lograr si se hace un paso a la vez y que sin importar las circunstancias Dios y ella están ahí demostrándome siempre su cariño y apoyo incondicional.

A mi hermano Steve por estar siempre presente acompañándome y por el apoyo moral que me brinda cada día.

A mi tío José Barahona quien siempre me apoyo e incentivo para ser profesional.

A mi familia por haber sido mi apoyo a lo largo de toda mi carrera universitaria y a lo largo de mi vida aportando a mi formación tanto profesional y como ser humano, por siempre impulsarme a ser mejor y lograr con éxito mi carrera, en especial a aquellos que me abrieron las puertas y compartieron sus conocimientos.

Ehidy Thania Barahona Cárdenas.



AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Nacional del Altiplano, Facultad de Ciencias Agrarias, en especial a la Escuela Profesional de Ingeniería Agronómica, a sus docentes y personal administrativo por haberme formado y brindado conocimientos que contribuyeron en mi formación profesional.

Al Dr.Sc. Ernesto Javier Chura Yupanqui por el asesoramiento y orientación en el proceso y culminación del trabajo de investigación.

Al Ing. Mamani Arana Nora Virginia por ser el apoyo emocional, por sus valiosos consejos y enseñanzas que dieron aporte a este trabajo de investigación.

Al Lic. Leon Marcial Vilchez Pacuri por ser un gran amigo por sus consejos y enseñanzas que me guiaron ética y profesionalmente.

Al Ing. Gonzales Diabuno Héctor Pablo por ser un amigo y apoyarme en mis destrezas como profesional.

Al Ing. Luis Amilcar Bueno Macedo por la guía e instrucción y consejos para poder llegar concluir esta fase de vida profesional.

Al Ing. Cari Choquehuanca Ángel por ser un gran amigo y sus enseñanzas.

Al Ing. M. Sc. Julio Mayta Quispe por la preocupación como amigo más que docente y por sus consejos.

Al Ing. Francis Miranda Choque por sus consejos como amigo y profesionalmente.

A mis compañeros y amigos que siempre formaran parte de mis mejores recuerdos.

Ehidy Thania Barahona Cárdenas.



ÍNDICE GENERAL

DEDICATORIA

AGRADECIMIENTOS

ÍNDICE GENERAL

ÍNDICE DE TABLAS

ÍNDICE DE FIGURAS

ÍNDICE DE ACRÓNIMOS

RESUMEN 18

ABSTRACT..... 19

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

1.1. OBJETIVO GENERAL..... 22

1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS 22

CAPÍTULO II

REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. ANTECEDENTES 23

2.2. MARCO TEÓRICO..... 28

2.2.1. Origen y distribución de la quinua 28

2.2.2. Importancia del cultivo 29

2.2.3. Taxonomía 29

2.2.4. Descripción botánica 30

2.2.5. Variedades 35

2.2.6. Fenología del cultivo 38

2.2.7. Requerimientos edafoclimaticos..... 41

2.2.8. Valor nutritivo 42

2.2.9. Mejoramiento genético 43



2.2.10. Métodos de mejoramiento para plantas autógamias.....	44
2.2.11. Genética y herencia	45
2.2.12. Caracterización morfológica	46
2.2.13. Caracterización agronómica	47
2.2.14. Caracterización química	48
2.2.15. Variabilidad genética.....	49
2.2.16. Expresión de la variabilidad	50
2.2.17. Caracterización de la variabilidad	50
2.2.18. Descriptores	51
2.2.19. Descriptores de caracterización	52
2.2.20. Descriptores de evaluación.....	52
2.2.21. Análisis multivariado.....	52
2.3. MARCO CONCEPTUAL	54
2.3.1. Autofecundación.....	54
2.3.2. Autogamia	54
2.3.3. Caracteres cualitativos.....	54
2.3.4. Caracteres cuantitativos.....	54
2.3.5. Característica cualitativa.....	55
2.3.6. Característica cuantitativa.....	55
2.3.7. Caracterización	55
2.3.8. Cruzamiento	56
2.3.9. Cruza simple	56
2.3.10. Distancia genética.....	56
2.3.11. Gene.....	56
2.3.12. Gen dominante.....	57
2.3.13. Gen recesivo	57
2.3.14. Genotipo	57



2.3.15. Germoplasma.....	57
2.3.16. Glomérulo.....	57
2.3.17. Heredabilidad.....	58
2.3.18. Hermafrodita.....	58
2.3.19. Hibridación	58
2.3.20. Híbrido.....	58
2.3.21. Líneas Puras.....	59
2.3.22. Perigonio.....	59
2.3.23. Varianza ambiental	59
2.3.24. Varianza fenotípica.....	59
2.3.25. Varianza genética	59

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. LUGAR DE ESTUDIO	60
3.2. PERIODO DE DURACIÓN DEL EXPERIMENTO	63
3.3. MATERIAL EXPERIMENTAL	63
3.3.1. Material genético	63
3.3.2. Material de Campo	64
3.3.3. Material de laboratorio	64
3.3.4. Material de gabinete	65
3.5. POBLACIÓN Y MUESTRA	67
3.6. TIPO Y NIVEL DE INVESTIGACIÓN	68
3.7. CONDUCCIÓN DEL EXPERIMENTO.....	68
3.8. CARACTERÍSTICAS AGROMORFOLÓGICAS EVALUADAS.....	70
3.8.1. Características Agronómicas Cuantitativas:.....	71
3.8.2. Características Morfológicas Cuantitativas:.....	72
3.8.3. Características Agronomicas Cualitativas:.....	72



3.8.4. Características Morfológicas Cualitativas:.....	72
3.8.5. Característica química de Contenido de proteína y saponina	73
3.9. MÉTODO ESTADÍSTICO	74
CAPÍTULO IV	
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	
4.1. CARACTERÍSTICAS AGRONOMICAS CUANTITATIVAS.	75
4.2. CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS CUANTITATIVAS	123
4.3. CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS CUALITATIVAS	133
4.4. VARIABLES MORFOLÓGICAS CUALITATIVAS	136
4.5. CARACTERÍSTICAS QUIMICAMENTE	147
4.5.1. Contenido de proteína.....	147
4.5.2. Contenido de saponina	149
V. CONCLUSIONES.....	151
VI. RECOMENDACIONES	153
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	154
ANEXOS.....	167

ÁREA: Manejo Agronómico de cultivos

TEMA: Ciencias Agrícolas

Fecha de sustentación: 11 de agosto del 2022



ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Datos metereologicos del Centro Poblado de Camacani (Campaña agrícola 2020-2021).	62
Tabla 2. Análisis de varianza (ANVA) para días de formación de botón floral de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	75
Tabla 3. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para días de formación de botón floral para 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	76
Tabla 4. Días hasta el 50% de floración para 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	78
Tabla 5. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para hasta el 50% de floración para 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	78
Tabla 6. Análisis de varianza (ANVA) para número de días hasta grano lechoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	81
Tabla 7. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para número de días hasta grano lechoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	81
Tabla 8. Análisis de varianza (ANVA) para número de días hasta grano pastoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	83



Tabla 9. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para número de días hasta grano pastoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	84
Tabla 10. Análisis de varianza (ANVA) para número de días hasta 50% de la madurez fisiológica de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	85
Tabla 11. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para número de días hasta 50% de la madurez fisiológica de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	86
Tabla 12. Análisis de varianza (ANVA) para altura de planta de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	89
Tabla 13. Análisis de varianza (ANVA) para diámetro de tallo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	92
Tabla 14. Análisis de varianza (ANVA) para longitud de panoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	95
Tabla 15. Análisis de varianza (ANVA) para diámetro de panoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	98



Tabla 16. Análisis de varianza (ANVA) para diámetro de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	101
Tabla 17. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para diámetro de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	102
Tabla 18. Análisis de varianza (ANVA) para peso de 1000 granos de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	104
Tabla 19. Peso de 1000 granos de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	104
Tabla 20. Análisis de varianza (ANVA) para peso hectolitrico de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	107
Tabla 21. Peso hectolitrico de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	108
Tabla 22. Análisis de varianza (ANVA) para rendimiento de semilla de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	109
Tabla 23. Análisis de varianza (ANVA) para índice de cosecha de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	112



Tabla 24. Análisis de varianza (ANVA) para espesor de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	114
Tabla 25. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para espesor de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	115
Tabla 26. Análisis de varianza (ANVA) para porcentaje de pureza de semilla de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	117
Tabla 27. Análisis de varianza (ANVA) para poder germinativo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	119
Tabla 28. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para poder germinativo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	120
Tabla 29. Análisis de varianza (ANVA) para contenido de saponina de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	121
Tabla 30. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para contenido de saponina de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	122
Tabla 31. Análisis de varianza (ANVA) para longitud de peciolo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.....	124



Tabla 32. Análisis de varianza (ANVA) para longitud máxima de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	126
Tabla 33. Análisis de varianza (ANVA) para ancho máximo de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	128
Tabla 34. Variables cualitativas agronómicas (SE y DPA)	136
Tabla 35. Contenido de proteína de las progenies en estudio.	148
Tabla 36. Contenido de Saponina de las progenies en estudio.	150
Tabla 37. LPE: Longitud del peciolo (cm)	168
Tabla 38. LMH: Longitud máxima de a hoja (cm)	168
Tabla 39. AMH: Ancho máximo de la hoja (cm)	169
Tabla 40. AP: Altura de planta (cm)	170
Tabla 41. DTP: Diámetro del tallo principal (mm).....	171
Tabla 42. PMG: Peso de 1000 granos (g)	172
Tabla 43. PH: Peso hectolitrico (g/cm^3)	172
Tabla 44. RS: Rendimiento de semilla por planta (g).....	173
Tabla 45. DFBF: Días formación del botón floral (d)	174
Tabla 46. DCF: Días hasta el 50% de floración (d).....	175
Tabla 47. NDGL: Nro. De días hasta grano lechoso (d).....	176
Tabla 48. NDGP: Nro. De días hasta grano pastoso (d)	176
Tabla 49. NDMF: Días 50% de la madurez fisiológica (d)	177
Tabla 50. IC: Índice de cosecha (%)	178
Tabla 51. LPA: Longitud de la panoja (cm)	179
Tabla 52. DP: Diámetro de la panoja (cm)	180



Tabla 53. DR: Diámetro del grano (mm).....	181
Tabla 54. EG: Espesor del grano (mm)	181
Tabla 55. Poder germinativo de 100 semillas en placa petri	182
Tabla 56. Contenido de saponina.....	183
Tabla 57. Variables cualitativas morfológicas (PAP, CE, CP, CLF, CPF, CPMF, FP y CDP).....	185
Tabla 58. Variables cualitativas morfológicas (ADP, CPE, CP, AE, CPF, CDE, FG, TC, HC, DP y FP)	187



ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Esquema general de un programa de mejoramiento genético para una especie autógama. Fuente: Matus, 2015.....	45
Figura 2. Dimensiones del área del experimento	66
Figura 3. Detalle de la unidad experimental	66
Figura 4. Tratamientos en estudio dentro del campo experimental	67
Figura 5. Altura de planta de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua. 90	
Figura 6. Diámetro de tallo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	93
Figura 7. Longitud de panoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	96
Figura 8. Diámetro de panoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	99
Figura 9. Rendimiento de semilla por planta de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	110
Figura 10. Índice de cosecha de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	113



Figura 11. Porcentaje de pureza de semilla de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	118
Figura 12. Longitud de peciolo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	125
Figura 13. Longitud máxima de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	127
Figura 14. Ancho máximo de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.	129
Figura 15. Proporción de explicación entre el componente 1 y 2.....	131
Figura 16. Distribución de las variables.....	132
Figura 17. Desahije de plántulas de quinua	189
Figura 18. Aporque del cultivo de quinua.....	189
Figura 19. Evaluación del hábito de crecimiento.....	190
Figura 20. Evaluación de la longitud del peciolo.....	190
Figura 21. Evaluación de la longitud máxima de la hoja.....	191
Figura 22. Evaluación del ancho máximo de la hoja	191
Figura 23. Evaluación de días formación del botón floral	192
Figura 24. Evaluación de días hasta el inicio de floración.....	192
Figura 25. Evaluación del diámetro de tallo con vernier (Izquierda) y Medición de la altura de planta (Derecha).....	193
Figura 26. Evaluación del diámetro de panoja.....	193



Figura 27. Evaluación del color de las estrías, color del peciolo y color de la lámina foliar (Izquierda) y Evaluación de la tolerancia al mildiu (Derecha)..... 194

Figura 28. Labor de cosecha de plantas de quinua (Izquierda) y Pesaje de plantas cosechadas (Derecha) 194



ÍNDICE DE ACRÓNIMOS

ANVA	: Análisis de varianza
ATP	: Altiplano
CE	: Centro Experimental
COL	: Negra Collana
CM	: Cuadrados medios
CV	: Coeficiente de variación
CHO	: Choclito
F	: F Calculada
FAO	: Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación
FIDA	: Fondo Internacional de Desarrollo Agrícola
FV	: Fuente de variación
GL	: Grados de libertad
HUA	: Huariponcho
INIAF	: Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal
KCA	: Kcancolla
PAN	: Pandela
PCA	: Análisis de Componentes Principales
PROINPA	: Promoción e Investigación de Productos Andinos
SAL	: Salcedo-INIA
SC	: Suma de cuadrados



RESUMEN

El trabajo de investigación se realizó en el Centro Experimental Camacani, ubicado en las coordenadas geográficas Longitud: 69°51'31" W y Latitud: 15°57'16" S, en la región y provincia de Puno, distrito de Platería, campaña agrícola 2020-2021. Los objetivos fueron: a) Caracterizar agrónomicamente las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente para determinar la mejor progenie. b) Caracterizar morfológicamente las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente para determinar la mejor progenie. c) Caracterizar químicamente las progenies procedentes de cruzas simples, distantes y cercanas genéticamente para determinar el contenido de proteína y saponina. El estudio fue conducido en bloques completamente al azar con 4 repeticiones y 18 tratamientos, bajo un área de 1 833.3 m². Se evaluaron variables agromorfológicas, contenido de proteína y saponina. Los resultados fueron: a) De la Caracterización agronomica las más resaltantes progenies fueron: SAL x PAN 171 con 38.36g rendimiento de semilla por planta; 179.5 días de 50% de la madurez fisiológica; IC de 31.30%, diámetro de panoja 24.75 cm, peso de 1000 semillas 3.31g y resistente al Mildiu; SAL x COL 37 CON 180 50% de la madurez fisiológica, IC 31.57%, rendimiento de semilla por planta 33.29 g, diámetro de panoja 27 cm, peso de 1000 semillas 3.49g, diámetro del grano 2.28mm; b) En la longitud de peciolo, la progenie SAL x COL 30 en con 5.89 cm; todas las progenies presentan axilas pigmentadas "ausentes"; color de estrías "verde" excepto SAL x COL 37 "amarillo"; c) HUA x KCA 174 tuvo 17.58% de proteína y HUAxKCA174 con 3.43g/100g semilla con alto contenido de saponina (amargas) y SALxCOL46 con 0.159 g/100g semilla siendo el menor contenido de saponina definida como dulce.

Palabras clave: Agromorfológica, *Chenopodium quinoa*, cruzas simples, progenies.



ABSTRACT

The research work was carried out at the Camacani Experimental Center, located at the geographic coordinates Longitude: 69°51'31" W and Latitude: 15°57'16" S, in the region and province of Puno, district of Platería, campaign agricultural 2020-2021. The objectives were: a) Agronomically characterize the progeny from genetically distant and close simple crosses to determine the best progeny. b) Characterize morphologically the offspring from distant and genetically close simple crosses to determine the best offspring. c) Chemically characterize the progenies from simple, distant and genetically close crosses to determine the protein and saponin content. The study was conducted in completely randomized blocks with 4 replications and 18 treatments, under an area of 1,833.3 m². Agromorphological variables, protein and saponin content were evaluated. The results were: a) From the agronomic characterization, the most outstanding progenies were: SAL x PAN 171 with 38.36g seed yield per plant; 179.5 days of 50% physiological maturity; CI of 31.30%, panicle diameter 24.75 cm, weight of 1000 seeds 3.31g and resistant to Mildew; SAL x COL 37 CON 180 50% of physiological maturity, CI 31.57%, seed yield per plant 33.29 g, panicle diameter 27 cm, weight of 1000 seeds 3.49g, grain diameter 2.28mm; b) In the length of the petiole, the progeny SAL x COL 30 in with 5.89 cm; all progenies have "absent" pigmented axils; streak color "green" except SAL x COL 37 "yellow"; c) HUA x KCA 174 had 17.58% protein and HUAxKCA174 with 3.43g/100g seed with high saponin content (bitter) and SALxCOL46 with 0.159 g/100g seed being the lowest saponin content defined as sweet.

Key words: Agromorphology, *Chenopodium quinoa*, single crosses, progenies.



CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

En los cultivos de grano, existen características cualitativas y cuantitativas que inciden en el rendimiento del grano, y hoy se necesitan nuevas variedades con mejores características agronómicas para un mejor manejo en la agricultura moderna, la agroindustria y la transformación, igualmente pueden contribuir al tipo ideológico de las plantas que puedan hacer frente al cambio climático que ya percibimos y es preocupante (Huillca, 2013). En los últimos años la producción nacional de quinua ha mostrado un crecimiento considerable, con una variación del 9,35% en el 2018 respecto al 2017, gracias a la proclamación del 2013 como Año Internacional de la Quinua (Agroideas, 2020); mientras que, en la región de Puno, también se ha expandido su cultivo, aunque en niveles moderados (MINAG, 2017). Por ello, es necesario desarrollar y poner a disposición de los agricultores variedades con mayor rendimiento y rentabilidad.

El cultivo de la quinua es principalmente para el autoconsumo, las variedades de quinua que se utilizan actualmente no son puras, la población local es de bajo rendimiento y el cultivo de pequeñas parcelas es principalmente para el autoconsumo. En este caso, la producción no es óptima por la falta de semillas comerciales de calidad, y también está en declive por la incorporación de alimentos alternativos de fácil consumo y sabor (Gonzales, 2015).

El cultivo de quinua su principal problemática es el bajo rendimiento, baja calidad, susceptibilidad a factores bióticos y abióticos, etc. (Zegarra, 2018). Para ello, es importante la caracterización molecular, agromorfológica y físico-química de progenies de cruza para que el agricultor necesita variedades de quinua que sean de alta producción,



alta calidad biológica, con resistencias a factores ambientales, plagas y enfermedades, de fácil manejo que pueda disminuir sus costos de producción y, por ende, de mejor calidad.

Es importante tener en cuenta las características morfológicas de la quinua como: diámetro, longitud y densidad de panoja, tamaño de grano, precocidad, diámetro de hoja, etc., el poder germinativo y el contenido de proteínas; con la finalidad de tener genotipos de quinua con características agronómicas y morfológicas deseados por los agricultores (Romero, 2021), en cuanto a rendimiento, industrias a pureza de la variedad, y consumidores al valor nutritivo. Es fundamental incrementar el rendimiento y calidad de la quinua mediante mejoramiento genético enfocado en la generación de nuevas variedades más eficientes que minimicen el efecto de factores limitantes de producción, actualmente los marcadores moleculares y distancias genéticas son herramientas importantes para facilitar el mejoramiento (Bazile *et al.*, 2014).

Los agricultores ahora requieren variedades de quinua con mejores características agronómicas y fenológicas que les permitan obtener mayores rendimientos, con resistencia a factores abióticos y bióticos adversos (plagas y enfermedades) de tal manera que las nuevas variedades a obtener mediante cruzas puedan tener dichas características; por ello, la caracterización en las líneas de cruzas simples de mayor y menor distancia genética, permitirá conocer desde las primeras generaciones las características a segregarse y escoger en las plantas a ser seleccionadas en lo posterior y así permitirán incrementar el rendimiento unitario de la quinua en la región y el país, beneficiando a los agricultores en sus ingresos económicos elevando su nivel socioeconómico y salir de la pobreza.



1.1. OBJETIVO GENERAL

- Caracterizar agromorfológica y química de las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente.

1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Caracterizar agronomicamente las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente para determinar la mejor progenie.
- Caracterizar morfológicamente las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente para determinar la mejor progenie.
- Caracterizar químicamente las progenies procedentes de cruzas simples, distantes y cercanas genéticamente para determinar el contenido de proteína y saponina.



CAPÍTULO II

REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. ANTECEDENTES

Gandarillas (1979), menciona que la quinua presenta flores con gineceo y androceo (flor perfecta), flores pistiladas (flor imperfecta) y flores androestériles. Por otro lado, Devos *et al.*, (1995), alude que la distancia genética es una medida de la diferencia del material genético entre distintas especies o individuos de la misma especie. Toda la vida actual está basada en la llamada molécula de la herencia, el ADN (ácido desoxirribonucleico).

Tapia (2000), menciona a la variedad Kcancolla que fue seleccionada a partir del ecotipo local de la zona de Cabanillas, Puno, planta de color verde, de tamaño mediano alcanzando 80 cm de altura, de ciclo vegetativo tardío, más de 170 días, grano blanco, tamaño mediano, con alto contenido de saponina, panoja generalmente amarantiforme, resistente al frío, granizo, su potencial de rendimiento es de 2 500 Kg 137 ha⁻¹, segrega a otros colores desde el verde hasta el púrpura, muy difundida en el altiplano peruano. El mismo autor menciona a la variedad Pandela Rosada Proviene del altiplano Sur de Bolivia, son precoces en ciclo vegetativo (140 días), grano grande y amargo. Una desventaja de este genotipo es su alta susceptibilidad al mildiu, no es tolerante a las sequías, el color de grano una vez alcanzado su madurez fisiológica es de color marfil y su potencial de rendimiento es de 2 500 Kg ha⁻¹.

Mujica *et al.* (2001), mencionan que la variedad Salcedo-INIA fue lograda por selección masal del cruce dialélico de siete x siete de las variedades Real Boliviana x



Sajama, en la estación experimental de Salcedo-INIA (Programa de Investigación de Cultivos Andinos-PICA), Planta de color verde, con inflorescencia glomerulada, con altura de planta de 1,80 m, de grano grande con diámetro de 1,8 a 2 mm, de color blanco, sin saponina, panoja glomerulada, periodo vegetativo 160 días (precoz), potencial de rendimiento 3 500 Kg ha⁻¹, resistente a heladas (-2 ° C), tolerante al mildiu. De gran adaptación a diferentes altitudes (3 800- 3 900 msnm).

Hidalgo (2003), manifiesta que la variabilidad genética en la población de individuos que conforman una especie vegetal está bajo una continua interacción dinámica de adaptación con los factores en los que crece esa población. Dichos factores son los bióticos (microorganismos, otras especies vegetales, animales inferiores y superiores) y los abióticos (clima y suelo), para ello, cada especie adapta la información contenida en el genoma de acuerdo con las necesidades de sobrevivir en su entorno.

Bioersity Internacional *et al.*, (2013), indican que permite la discriminación relativamente fácil entre fenotipos. Generalmente son caracteres altamente heredables que pueden ser fácilmente detectados a simple vista y se expresan igualmente en todos los ambientes. Además, pueden incluir un número limitado de caracteres adicionales considerando como deseables por consenso de los usuarios de un cultivo en particular, por ejemplo, colores y formas de tallos, hojas, semillas y frutos. Adicionalmente, en los últimos años se están incluyendo descriptores relacionados con los marcadores moleculares, gracias a los avances logrados en la biología molecular, especialmente en las técnicas de electroforesis. En el mismo año Chura, alude que los marcadores moleculares se pueden utilizar en los siguientes aspectos de la genética de las plantas



como la estimación de distancias genéticas entre poblaciones, variedades, líneas puras e híbridos.

Apaza (2014), observo las características morfológicas y características agronómicas de Huariponcho X Kcancolla: color de las estrías rojo, color de la lámina foliar verde, Color de panoja en la floración púrpura, color panoja madurez fisiológica rosado, forma de la panoja intermedia, color del pericarpio amarillo, color del episperma blanco, altura de planta 1,31 m, 50% de la madurez fisiológica 120 días, diámetro del grano 1,89 mm, rendimiento semilla por planta 52 g, efluencia de saponina: mucha susceptibilidad a plagas baja y susceptibilidad a enfermedades muy baja; Salcedo INIA X Huariponcho: color de las estrías rojo, color de la lámina foliar verde, color de la panoja en la floración verde, color panoja madurez fisiológica blanco, forma de la panoja glomerulada, color del pericarpio amarillo dorado, color del episperma blanco, altura de planta 1,74 m, 50% de la madurez fisiológica: 142 días, diámetro del grano 2,03 mm, rendimiento semilla por planta 57,94 g, efluencia de saponina regular, susceptibilidad a plagas intermedia, susceptibilidad a enfermedades baja; Salcedo INIA X Pandela Rosada, Color de las estrías rojo, color de la lámina foliar verde, color de panoja en la floración púrpura, color panoja madurez fisiológica rosado, forma de la panoja intermedia, color del pericarpio crema, color del episperma blanco, altura de planta 1,52 m, 50% de la madurez fisiológica 134 días, diámetro del grano 2,08 mm, rendimiento semilla por planta 47,86 g, efluencia de saponina poca, susceptibilidad a plagas intermedia, susceptibilidad a enfermedades baja; Negra Collana X Kcancolla: color de la lámina foliar verde, color de panoja en la floración púrpura, color de panoja madurez fisiológica gris, forma de la panoja intermedia, color del pericarpio café verdoso, color del episperma negro, altura de planta 1,30 m, 50% de la madurez fisiológica 128 días, diámetro del grano 2,04 mm,



rendimiento semilla por planta 43,81 g, efluencia de saponina poca, susceptibilidad a plagas baja, susceptibilidad a enfermedades muy baja; Salcedo INIA X Negra Collana: color de las estrías rojo, color de la lámina foliar verde, color de la panoja en la floración verde, color panoja madurez fisiológica blanco, forma de la panoja glomerulada, color del pericarpio crema, color del episperma blanco, altura de planta 1,22 m, 50% de la madurez fisiológica 124 días, diámetro del grano: 2,16 mm, rendimiento semilla por planta 43,33 g, efluencia de saponina poca, susceptibilidad a plagas intermedia, susceptibilidad a enfermedades baja.

Domínguez (2014), evaluó a las siguientes líneas con características de altura de planta (cm), diámetro de la panoja (cm), diámetro del grano (mm), rendimiento de semilla por planta (g), 50% de la madurez fisiológica (dds), efluencia de saponina, susceptibilidad de plagas y susceptibilidad de enfermedades respectivamente en las líneas HUA x KCA 133, 456, 881, 6745, 27110 regular muy baja, muy baja; SAL x HUA 144, 108, 581, 9455, 00125 mucha, muy baja, muy baja; PAS x KCA 148, 7011, 711, 7862, 20145, poca, baja, baja; SAL x PAN 156, 8110, 651, 8335, 80119, poca, baja, muy baja; COL x KCA 146, 258, 471, 6534, 80120, poca, baja, baja; SAL x COL 139, 478, 731, 9345, 40115, regular, baja, intermedia.

Flores (2017), evaluó a las líneas y sus genitores las características agronómicamente procedentes de cruza simple, genéticamente distantes y cercanas. La mayor altura de planta presentó la cruza Pasankalla X Kcancolla (PAS X KCA) con (93.39 cm), y Salcedo INIA X Pandela Rosada (SAL X PAN) con (88.88 cm) y la menor altura de planta se dio por la cruza negra Collana X Kcancolla (COL X KCA) (69.50 cm). El mayor diámetro de tallo presentó la cruza Pasankalla X Kcancolla (PAS X KCA)



(14.49 mm), seguido por la cruza Salcedo INIA X Pandela Rosada (SAL X PAN) con (13.49 mm) y la cruza Negra Collana X Kcancolla (COL X KCA). Presento el menor diámetro de tallo con (9.70 mm). La mayor longitud de panoja se presentó en la cruza Pasankalla X Kcancolla (PAS X KCA) con (28.45 cm) y Salcedo INIA X Pandela Rosada (SAL X PAN) con (27.49 cm) y la menor longitud de panoja la presento la cruza Salcedo INIA X Negra Collana (24 cm). EL mayor diámetro de panoja presentó la cruza Pasankalla X Kcancolla (PAS X KCA) con (8.73 cm), y Salcedo INIA X Pandela Rosada (SAL X PAN) con (7.73 cm) y el menor diámetro de panoja lo presento las cruza Negra Collana X Kcancolla (COL X KCA) y Salcedo INIA X Negra Colana (SAL X COL) con (5.75 cm) además de la cruza Huariponcho X Kcancolla (HUA X KCA) con (5.74 cm). La cruza más precoz fue Negra Collana X Kcancolla (COL X KCA) con (83.55 días) de floración, y (178.99 días) de madurez fisiológica además de Huariponcho X Kcancolla (HUAXKCA) con (83.57 días) de floración y (177.51 días) de madurez fisiológica, y la más tardía fue la cruza Pasankalla X Kcancolla (PAS X KCA) con (95.45 días) de floración y (192.98 días) de madurez fisiológica. El mejor rendimiento de grano/planta presentó Huariponcho X Kcancolla (HUA X KCA) con (17 g), y por lo tanto el mejor rendimiento en kg/ha con (5099.28 Kg), y la cruza Salcedo INIA X Huariponcho (SAL X HUA) con (16.88 gr.) y con un rendimiento de kg/ ha de (5064.71 kg), el menor rendimiento lo presento la cruza Negra Collana X Kcancolla (COL X KCA) con (9.46 g). Y por lo tanto también presento el menor rendimiento de kg/ha con (2836.55 kg). El mejor peso hectolitrico en kg/hl. Presentó la cruza Huariponcho X Kcancolla (HUA X KCA) con (67.99 kg/hl) y la cruza Salcedo INIA X Huariponcho (SAL X HUA) con (67.53 kg/hl) y el menor peso hectolitrico lo Presentó la cruza Negra Collana X Kcancolla (COL X KCA) con (37.82 kg/hl). El mejor peso de 1000 granos. Presentó la cruza Salcedo INIA X Negra Colana (SAL X COL) con (3.80 g).



Barrientos (2020), las progenies con mejores rendimientos que obtuvo fueron: Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171), Salcedo INIA x Negra Collana 30 (SALxCOL 30), Salcedo INIA x Negra Collana 37 (SALxCOL 37), Huariponcho x Kcancolla 53 (HUAxKCA 53) y Salcedo INIA x Negra Collana 46 (SALxCOL 46) con promedios de 10694.5 7888.9, 7861, 7569.5 y 7125 kg/ha respectivamente. Así mismo las progenies con mayor índice de cosecha fueron Huariponcho x Kcancolla 194 (HUAxKCA 194), Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171), Salcedo INIA x Negra Collana 30 (SALxCOL 30) y Salcedo INIA x Negra Collana 37 (SALxCOL 37) con 39.7, 39.2, 39.2 y 37.6%.

2.2. MARCO TEÓRICO

2.2.1. Origen y distribución de la quinua

La quinua tiene su centro de origen y domesticación en la cuenca del lago Titicaca y valles interandinos de los Andes de Sudamérica. Posiblemente fue domesticada a partir de sus parientes silvestres, hace aproximadamente 6 mil años A.C. por las culturas Tihahuanaco y Lupacas, en Perú (Mujica, 2015). Posteriormente, la especie fue distribuida y adaptada a diferentes condiciones agroclimáticas, edáficas y culturales, haciendo que el cultivo presente una amplia adaptación y diversos usos en las diferentes comunidades étnicas de acuerdo a sus necesidades alimentarias (Mujica *et al.*, 2001).

La quínoa se distribuye desde los 5° Latitud Norte al sur de Colombia, hasta los 43° Latitud Sur en Chile, Región de Los Lagos, y desde el nivel del mar en Chile hasta los 4.000 m.s.n.m. en el altiplano que comparten Perú, Bolivia y



Chile. Producto de la distribución geográfica que experimentó después de su domesticación y diseminación, en quínoa se distinguen cinco ecotipos: 1) de los valles interandinos en Colombia, Ecuador y Perú; 2) del altiplano norte en Perú y Bolivia; 3) de Yungas en Bolivia; 4) de los salares o altiplano sur en Bolivia, Chile y Argentina y 5) de la costa o del nivel del mar en el centro y sur de Chile (Mujica *et al.*, 2001, Fuentes *et al.*, 2012).

2.2.2. Importancia del cultivo

Las bondades peculiares del cultivo de la quinua están dadas por su alto valor nutricional. El contenido de proteína de la quinua varía entre 13.81 y 21.9% dependiendo de la variedad, convirtiéndola en excelente sustituto de la carne, lácteos y huevos e ideal para la alimentación de la población con bajos niveles nutricionales, población resistente al gluten, mujeres en gestación, madres lactantes, niños, y población de la tercera edad. Debido al elevado contenido de aminoácidos esenciales de su proteína, la quinua es considerada como el único alimento del reino vegetal que provee todos los aminoácidos esenciales, que se encuentran extremadamente cerca de los estándares de nutrición humana establecidos por la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, 2011).

2.2.3. Taxonomía

La quinua tiene la siguiente clasificación taxonómica (ITIS, 2020):

Reino : Plantae
Sub reino : Viridiplantae
Infrareino : Streptophyta
Superdivisión : Embryophyta



División	:	Tracheophyta
Subdivisión	:	Spermatophytina
Clase	:	Magnoliopsida
Superorden	:	Caryophyllanae
Orden	:	Caryophyllales
Familia	:	Amaranthaceae
Género	:	<i>Chenopodium</i> L.
Especie	:	<i>Chenopodium quinoa</i> Willd.

2.2.4. Descripción botánica

La quinua es una planta herbácea anual, dicotiledónea de amplia dispersión geográfica, con características peculiares en su morfología, coloración y comportamiento en diferentes zonas agroecológicas donde se cultiva. Presenta enorme variación y plasticidad para adaptarse a diferentes condiciones ambientales y se cultiva desde el nivel del mar hasta 4 000 msnm; muy tolerante a factores climáticos adversos como sequía, heladas, salinidad de suelos entre otros que afectan al cultivo. Su periodo vegetativo varía desde 90 hasta 240 días, crece con precipitaciones desde 200 a 280 ml anuales, se adapta a suelos ácidos de pH 4,5, hasta alcalinos con pH de 9,0. Asimismo prospera en suelos arenosos hasta los arcillosos, la coloración de la planta es también variable con los genotipos y etapas fenológicas, desde el verde hasta el rojo, pasando por el púrpura oscuro, amarillo, anaranjado granate y demás gamas que se puedan diferenciar (Apaza *et al.*, 2013).



a) Raíz

La raíz de quinua es del tipo pivotante, consta de una raíz principal de la cual salen un gran número de raíces laterales muy ramificadas. La longitud de las raíces es variable, de 0.8 a 1.5 m. Su desarrollo y crecimiento está determinado por el genotipo, tipo de suelos, nutrición y humedad entre otros factores (Gómez y Aguilar, 2016).

b) Tallo

El tallo es de sección cilíndrica desde parte más próxima al suelo para luego cambiar su sección a una forma angular desde donde brotan las hojas principales y las ramas, el tallo se va endureciendo según va madurando y pasa de un estado suave a duro con una medula esponjosa de color blanco perdiendo la coloración las líneas purpuras externas longitudinales al tallo. Las ramificaciones del tallo se producen en ciertas variedades, pero la mayoría de las variedades de quinua presentan ramificación en el tallo, la coloración puede ser verde con líneas longitudinales al tallo purpuras o rojas desde el cuello de la planta, el grosor o diámetro del tallo es diversa de acuerdo a las variedades, la densidad de siembra, disponibilidad de nutrientes del suelo y las condiciones ambientales del lugar. (Mujica y Jacobsen, 2001).

c) Hojas

Las hojas tienen dos partes diferenciadas: el peciolo y la lámina. El peciolo de las hojas es largo y acanalado, su longitud depende de su origen; son más largos los peciolos que se originan directamente del tallo y más cortos los que se originan en las ramas. El color del peciolo puede ser verde, rosado, rojo y púrpura. La



lámina de la hoja tiene tres venas principales que se originan del peciolo. Las láminas son más grandes en el follaje y más pequeñas en la inflorescencia. Las láminas son polimórficas en la misma planta. Las láminas de la planta o el follaje pueden ser triangulares o romboidales y las de la inflorescencia pueden ser triangulares o lanceoladas. Las hojas pueden tener márgenes enteros, dentados o aserrados. El número de dientes es variable, puede variar de 3 a 20. Las hojas y las partes tiernas de la planta están generalmente cubiertas con una pubescencia vesicular–granular blanca, rosada o púrpura. Esta pubescencia granular contiene oxalato de calcio capaz de absorber agua del medio ambiente e incrementar la humedad relativa de la atmósfera que rodea las hojas, influenciando el comportamiento de las células guarda de los estomas; por lo tanto, en la transpiración. El color de la lámina predominantemente es verde; en algunas variedades puede observarse hojas de color verde-púrpura. A la madurez las láminas se tornan amarillas, naranjas, rosadas, rojas o púrpuras (Gómez y Aguilar, 2016).

d) Inflorescencia

Es una panoja con una longitud variable de 15 – 70 cm. Generalmente se encuentra en el ápice de la planta y en el ápice de las ramas. Tiene un eje principal, ejes secundarios y eje terciarios. Considerando la forma y posición de los glomérulos (grupos de flores) se clasifican en amarantiformes, glomeruladas e intermedias. En el grupo amarantiforme los glomérulos están directamente insertados en el eje secundario y los glomérulos tienen una forma casi rectangular, muy semejantes a dedos. En el tipo glomerulada los glomérulos están ubicados en el eje terciario que se origina del eje secundario y toman la apariencia redondeada



como las cuentas de un rosario. En el tipo intermedio los glomérulos tienen una forma no definida (entre rectangulares o redondeados). La longitud de los ejes secundarios y terciarios determina si la inflorescencia puede ser laxa, intermedia o compacta; esta última característica está asociada al tamaño de los granos, siendo los más pequeños, los formados en panojas compactas (Gómez y Aguilar, 2016).

La panoja está compuesta por un eje medio o central, ejes secundarios y terciarios, los glomérulos están sostenidos por los pedicelos y estos a su vez al eje central, el crecimiento es de los glomérulos es mayor en el eje central que en los demás, esta panoja puede ser amarantiforme si estos glomérulos se encuentran directamente en segundo eje y de una forma alargada; también existe la panoja glomerulada cuando tiene una forma hinchada y finalmente existe la panoja intermedia que es la combinación de las dos anteriores. El largo de la panoja es diverso dependiendo de la variedad, el tipo de suelo y el clima, puede variar de 30 a 75 cm de longitud, la cantidad de glomérulos se encuentra en el intervalo de 85 a 125 por panoja y las semillas se encuentra entre 1000 a 3500 (Mujica y Jacobsen, 2001).

f) Fruto

Es un aquenio de forma lenticular, elipsoidal, cónico o esferoidal, cubierto por el perigonio sepaloide o las envolturas florales que rodean el fruto y se desprenden con facilidad a la madurez; sin embargo, en algunos casos puede permanecer adherido al grano incluso después de la trilla dificultando la cosecha y el procesamiento industrial de los granos. El fruto está constituido del pericarpio



(capa del fruto) y la semilla. El pericarpio está adherido a la capa de las semillas y el nivel de adherencia es variable, tiene alveolos en su superficie y la saponina que le da el sabor amargo al grano. El fruto puede alcanzar un diámetro de 1.5 a 3 mm (Gómez y Aguilar, 2016).

g) Semilla

Presenta tres partes bien definidas que son: epispermo, embrión y perisperma. El epispermo, es la capa que cubre la semilla y está adherida al pericarpio. El embrión, está formado por dos cotiledones y la radícula y constituye, aproximadamente, el 30% del volumen total de la semilla y envuelve al perispermo como un anillo, con una curvatura de 320 grados. La radícula, muestra una pigmentación de color castaño oscuro. El perispermo es el principal tejido de almacenamiento; reemplaza al endospermo y está constituido mayormente por granos de almidón, es de color blanquecino y representa prácticamente el 60% de la semilla. El color de los granos depende de la capa en observación. Si las variedades mantienen el perigonio sepaloide (tépalos de las flores) los colores son verdes, rojos y púrpura. Si se observa el pericarpio los colores pueden ser blanco, crema, amarillo, naranja, rojo, rosado, púrpura, marrón, gris y negro. Por otro lado, si el pericarpio se desprende durante el proceso de eliminación de la saponina, la capa observada es la envoltura de la semilla o epispermo y puede ser blanca, crema, roja, marrón, gris o negra. La intensidad del color puede disminuir o desaparecer en el proceso de secado de los granos en maduración en campo y la luminosidad del ambiente de almacenamiento del grano o puede ser eliminada en el agua durante el lavado de la quinua. El color del



pericarpio o capa del fruto y el color del epispermo o capa de las semillas puede ser diferente en la misma semilla (Gómez y Aguilar, 2016).

2.2.5. Variedades

a) Salcedo-INIA

Variedad lograda mediante la selección masal del cruce dialélico de siete x siete de las variedades Real Boliviana x Sajama, en la estación experimental de Salcedo-INIA (Programa de Investigación de Cultivos Andinos-PICA). La planta es de un color verde, inflorescencia glomerulada, altura de planta 1,80 m, grano grande diámetro de 1,8 a 2 mm, color blanco, sin saponina, panoja glomerulada, precoz de 160 días, rendimiento 3 500 kg ha⁻¹, resistente a heladas hasta -2 °C, tolerante al mildiu. Se adapta a diferentes altitudes entre 3 800 a 3900 m.s.n.m.; recomendable su cultivo para la zona circunlacustre de la región de Puno como Juli, Pomata, Ilave, Pilcuyo, en la costa y también valles interandinos (Mujica *et al.*, 2013).

b) Pandela

Es una variedad procedente de Bolivia presenta grano de forma cónica, de color fuego, con un tamaño de 2,2 a 2,8 mm, la altura de planta varia de 0,70 m a 1,20 m. Su rendimiento de grano fluctúa entre 1 500 a 3 360 kg ha⁻¹. (Arana, 2014 cita a UNA- CIP-DANIDA, 2000).



c) Negra Collana

La variedad 'Negra Collana', fue del resultado de las pruebas de identificación, adaptación y eficiencia desarrollados en el ámbito de la Estación Experimental Agraria Illpa del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), a través de evaluaciones participativas en campo, con agricultores de las comunidades campesinas, Collana, Collpa, Cieneguilla, Vizcachani, Kallachoco y Corcoroni de los distritos de Cabana, Ilave, Mañazo y Pilcuyo de la Región Puno. Su adaptación y su mejor desarrollo se logra en la zona agroecológica Suni del altiplano, entre los 3 815 y 3 900 msnm, con clima frío seco, precipitación de 400 a 550 mm y temperatura de 4°C a 15°C, con un potencial de rendimiento de 3 010 kg ha⁻¹. Posee tallo de color verde con presencia de estrías de color verde claro, de panoja glomerulada y de color gris en madurez fisiológica, su ciclo vegetativo en condiciones de invernadero es 118 días (Catacora y Canahua, 1991).

d) Huariponcho

Es de origen peruano, su altura no es mayor al metro de altura; de coloración de color anaranjado, tolerante a heladas con alto contenido de saponina. Pericarpio amarillo, epispermo blanco. Preferido para mazamorra con sal, pasteles (quispiño). Tiene la característica de ser resistente al ataque de aves y roedores, rendimiento alcanza hasta 4 288 kg ha⁻¹ (Mujica, 2000).

e) Kcancolla

Fue seleccionada a partir del ecotipo local de la zona de Cabanillas, Puno, planta de color verde, de tamaño mediano de 80 cm de altura, periodo vegetativo tardío, (170 días), grano blanco, tamaño mediano, alto contenido de saponina,



panoja generalmente amarantiforme, resistente al frío, granizo, rendimiento es de 2 500 kg ha⁻¹, segrega a otros colores desde el verde hasta el púrpura, muy difundida en el altiplano peruano. Su consumo se da en sopas y en elaboración de kispño (panecillo frito en grasa animal que tiene una duración de varios meses). Bajo condiciones de invernadero se pudo visualizar color de tallo verde con presencia de estrías purpuras, panoja glomerulada de color blanco en madurez fisiológica (Tapia, 2000).

f) Altiplano

Variedad que fue desarrollada en la estación experimental de Illpa, en la región Puno. Su cultivo se da desde el nivel del mar a 3700 m.s.n.m. Grano de color blanco, tamaño mediano, dulce y de periodo vegetativo precoz de 160 días. Su rendimiento es de 3,000 kg/ha (Soto *et al*, 2019).

g) Choclito

Es una variedad utilizada para el graneado, harina y sopa; fue descubierta en la comunidad de Ccapaya el distrito de Acora, caracterizado por tener una panoja extensa y uniformidad en los granos, lo que ayuda a tener una producción de hasta medio kilo por panoja (Flores, 2016). Originaria de Perú, grano pequeño de 1,2 mm de diámetro, de color blanco, contenido de saponina dulce, tipo de panoja glomerulada, tamaño de panoja 10 a 20 cm, rendimiento de 1 500 a 3 000 kg ha⁻¹, tolerante intermedio al mildiu. (Mujica, 2000).



2.2.6. Fenología del cultivo

Mujica *et al.*, (2010), señalan que la quinua presenta fases fenológicas bien marcadas y diferenciables, las cuales permiten identificar los cambios que ocurren durante el desarrollo de la planta, se han determinado doce fases fenológicas:

Emergencia: Es cuando la plántula sale del suelo y extiende las hojas cotiledonales, esto ocurre de los 7 a 10 días de la siembra, salen las dos hojas cotiledonales protegidas por el episperma y pareciera mostrar la semilla encima del talluelo facilitando el consumo de las aves, por la succulencia de los cotiledones.

Dos hojas verdaderas: Es cuando fuera de las hojas cotiledonales, que tienen forma lanceolada, aparecen dos hojas verdaderas extendidas que ya poseen forma romboidal y se encuentra en botón el siguiente par de hojas, ocurre de los 15 a 20 días después de la siembra y muestra un crecimiento rápido de las raíces.

Cuatro hojas verdaderas: Se observan dos pares de hojas verdaderas extendidas y aún están presentes las hojas cotiledonales de color verde, encontrándose en botón foliar las siguientes hojas del ápice en inicio de formación de botones en la axila del primer par de hojas; ocurre de los 25 a 30 días después de la siembra.

Seis hojas verdaderas: En esta fase se observan tres pares de hojas verdaderas extendidas y las hojas cotiledonales se tornan de color amarillento.



Esta fase ocurre de los 35 a 45 días de la siembra, en la cual se nota claramente una protección del ápice vegetativo por las hojas más adultas.

Ramificación: Se observa ocho hojas verdaderas extendidas con presencia de hojas axilares hasta el tercer nudo, las hojas cotiledonales se caen y dejan cicatrices en el tallo, también se nota presencia de inflorescencia protegida por las hojas sin dejar al descubierto la panoja, ocurre de los 45 a 50 días de la siembra. Durante esta fase se efectúa el aporque y fertilización complementaria para las quinuas de valle.

Inicio de panojamiento: La inflorescencia se nota que va emergiendo del ápice de la planta, observando alrededor aglomeración de hojas pequeñas, las cuales van cubriendo a la panoja en sus tres cuartas partes; ello ocurre de los 55 a 60 días de la siembra, así mismo se puede apreciar amarillamiento del primer par de hojas verdaderas y se produce una fuerte elongación del tallo, así como engrosamiento.

Panojamiento: La inflorescencia sobresale con claridad por encima de las hojas, notándose los glomérulos que la conforman; así mismo, se puede observar en los glomérulos de la base los botones florales individualizados, ello ocurre de los 65 a los 70 días después de la siembra y a partir de esta etapa hasta inicio de grano lechoso.

Inicio de floración: Es cuando la flor hermafrodita apical se abre mostrando los estambres separados, ocurre de los 75 a 80 días de la siembra; se



puede notar en los glomérulos las anteras protegidas por el perigonio de un color verde limón.

Floración o Antesis: La floración es cuando el 50% de las flores de la inflorescencia se encuentran abiertas, lo que ocurre de los 90 a 100 días después de la siembra.

Grano lechoso: El estado de grano lechoso es cuando los frutos que se encuentran en los glomérulos de la panoja, al ser presionados explotan y dejan salir un líquido lechoso, lo que ocurre de los 100 a 130 días de la siembra.

Grano pastoso: El estado de grano pastoso es cuando los frutos al ser presionados presentan una consistencia pastosa de color blanco, lo que ocurre de los 130 a 160 días de la siembra.

Madurez fisiológica: Es cuando el grano formado es presionado por las uñas, presenta resistencia a la penetración, Ocurre de los 160 a 180 días después de la siembra, el contenido de humedad del grano varía de 14 a 16%, el lapso comprendido de la floración a la madurez fisiológica viene a constituir el período de llenado del grano, así mismo en esta etapa ocurre un amarillamiento completo de la planta y una gran defoliación.



2.2.7. Requerimientos edafoclimaticos

a) Clima

La quinua es un cultivo que se adapta ampliamente a una variedad de climas, incluidos los secos, templados, lluviosos, fríos y cálidos, y responde bien a temperaturas bajas y altas durante el crecimiento y desarrollo de la mazorca. Los cambios extremos de temperatura causan problemas con la formación y el llenado de los granos. Este rango de temperatura recomendado es de 18 a 25 grados centígrados. (Gómez y Eguiluz, 2012). La Quinoa es eficaz en zonas con temperaturas entre 9 y 16 °C y puede soportar heladas a -5 °C. La presencia de largos veranos con altas temperaturas diurnas estimula la formación de mazorcas y la madurez, lo que conduce a bajos rendimientos. Los sectores de alta insolación son los más adecuados para este cultivo ya que contribuyen a una mayor actividad fotosintética (Suquilanda, 2011).

a) Agua

La quinua aprovecha bien el abastecimiento de agua porque su morfología y biofenología consisten en sistemas bioquímicos que le permiten superar condiciones de escasez de agua, pero para cubrir las necesidades hídricas requeridas, en algunas zonas hay precipitaciones suficientes. Además de las lluvias, es recomendable introducir un sistema de riego, especialmente en climas secos y cálidos. Esto se debe a que esta escasez de recursos hídricos puede conducir a importantes pérdidas de rendimiento. Es recomendable evitar el exceso de agua en el suelo, ya que puede provocar enfermedades perjudiciales para el crecimiento de la planta, como la formación y propagación de hongos (Pérez y Aguirre, 2006). Para el cultivo de quinua es óptima una precipitación anual de 600

a 2600 msnm. La precipitación mínima para un buen rendimiento es de 400 mm, que se distribuye a lo largo del ciclo del cultivo. En altitudes superiores a los 3.000 metros sobre el nivel del mar, la concentración de lluvias afecta este cultivo (Suquilanda, 2011).

c) Suelo

La quinua es una planta que crece muy bien en suelos francos con una textura permeable que permita un drenaje adecuado y un buen contenido de materia orgánica. Esta planta requiere grandes cantidades de nitrógeno, necesidades moderadas de fósforo y potasio, y un suelo de pH neutro permiten un crecimiento suficiente, especialmente en las primeras etapas. (Pérez y Aguirre, 2006). Se recomiendan suelos semiprofundos con alto contenido de materia orgánica y buen drenaje. El pH ideal del suelo de la quinua es casi neutral. Comercialmente, la quinua se cultiva en un rango de pH de 4,5 en los valles del norte entre los Andes a pH 8 en las tierras altas (Gómez y Aguilar, 2012).

2.2.8. Valor nutritivo

Los granos de quinua tienen un alto contenido proteico de 13.8-21.9%, lo que los hace nutritivos y superiores a los cereales y granos como el maíz, la avena, el trigo y el arroz (FAO, 2011). Su valor nutricional también viene dado por la composición de los aminoácidos, ya que contiene todos los aminoácidos esenciales para el ser humano y además es una excelente fuente de vitaminas como minerales (especialmente calcio, fósforo, hierro), B1, fibra y compuestos antioxidantes, ácido fólico y sus carbohidratos en comparación con otros granos (FAO, 2011 y Martínez, 2014).



Las proteínas de la quinua son principalmente del tipo albúmina y globulina. Tienen una composición equilibrada de aminoácidos esenciales similar a la composición de aminoácidos de la caseína de la proteína de la leche (FAO, 2011). Es el único alimento del reino vegetal que contiene todos los aminoácidos que necesita el cuerpo humano (leucina, isoleucina, lisina, metionina, fenilalanina, treonina, triptófano, valina). Los niveles de contenido de aminoácidos de proteínas de los granos de quinua cumplen con los requisitos de aminoácidos recomendados para niños en edad preescolar, escolares y adultos. 100 gramos de quinua contienen casi cinco veces la cantidad de lisina, más del doble de isoleucina, metionina, fenilalanina, treonina, valina y mucha más leucina que 100 gramos de trigo (Ayala et al., 2001, Repo-Carrasco *et al.*, 2003). Otro beneficio nutricional relacionado de los granos de quinua es que no contienen gluten. Esta propiedad es importante para las personas que padecen la enfermedad celíaca, una enfermedad autoinmune caracterizada por la intolerancia persistente al gluten que se encuentra en cereales como el trigo, el centeno y la cebada (Abugoch, 2009).

2.2.9. Mejoramiento genético

La mejora genética de las plantas comienza con la agricultura. Básicamente, los agricultores han seleccionado las mejores semillas cada año a través de un proceso de prueba y error que se ha visto recompensado a lo largo de la historia. Hoy en día, la base de alimentos del mundo está respaldada por plantas cultivadas que proporcionan la mayor parte de las necesidades humanas de energía y proteínas. Además, esta mejora está dirigida a lograr mayores rendimientos. Tolerancia al estrés no biológico (como la sequía) y al estrés biológico (como la



enfermedad) y reducción de insumos. Esto significa hacer más eficiente el sistema productivo y adaptarse constantemente al cambio climático (Mellado, 2014).

2.2.10. Métodos de mejoramiento para plantas autóгамas

Las plantas autopolinizantes son plantas que se reproducen sexualmente por autopolinización. La autopolinización completa no es común, pero las plantas con menos del 4% de apareamiento alogénico se consideran sustancialmente autopolinizantes desde una perspectiva de fitomejoramiento. Este fenómeno se debe a la cleistogamia en la que las anteras arrojan polen sobre el propio estigma receptivo cuando las flores están cerradas. Esto evita la invasión de polen extraño, como es el caso de algunos tipos de granos (Mellado, 2014).

De acuerdo a lo anteriormente expuesto existen varios métodos de selección que pueden utilizarse en el fitomejoramiento de la quínoa: selección por pedigrí, selección masal, descendencia de semilla única y retrocruzas. Básicamente, el proceso se inicia con el cruzamiento de dos progenitores que originan una población genéticamente uniforme, que es la F1. La autogamia sucesiva supone que toda la potencialidad de la variación genética contenida en la F1 se va a manifestar en las generaciones segregantes. En estas generaciones es donde deberán aparecer las líneas con el fenotipo óptimo buscado. En función de cuándo se seleccionan las plantas con las características deseadas se diferencian los distintos métodos planteados. Por ejemplo, con el método de pedigrí se aplica la selección desde la primera generación segregante (F2) y se realiza la selección de planta a parcela, con lo cual se puede conocer en cualquier momento la ascendencia de una planta (Figura 1).

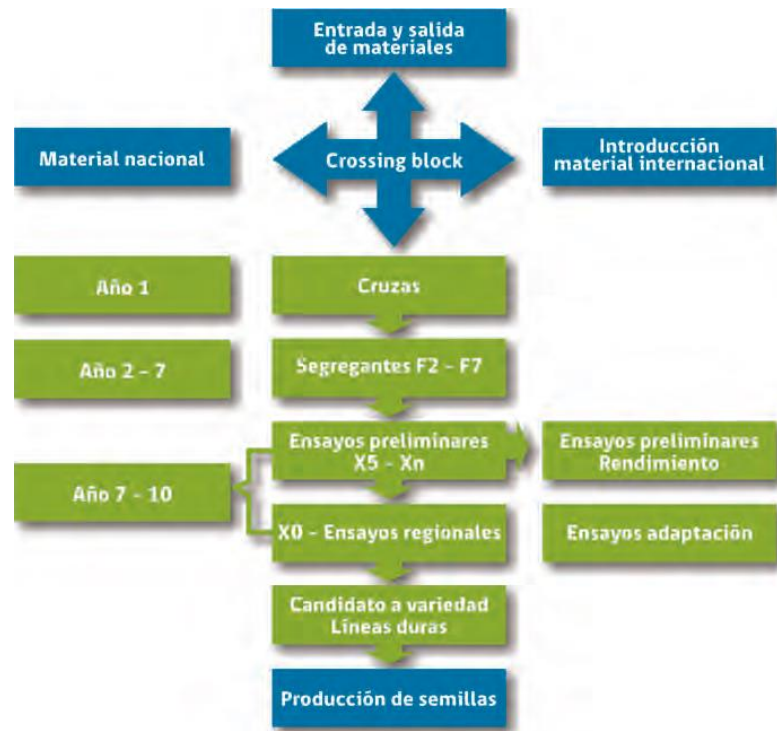


Figura 1. Esquema general de un programa de mejoramiento genético para una especie autógama. Fuente: Matus, 2015.

2.2.11. Genética y herencia

La dispersión es uno de los procesos más importantes, pero menos entendidos en ecología vegetal y biología evolutiva. La dispersión de semillas mantiene y establece la población, y la dispersión de polen y semillas está involucrada en el flujo de genes dentro y entre poblaciones. Además, hay dos tipos de reproducción vegetal. La reproducción asexual, que a menudo requiere la intervención humana, y la reproducción sexual, que ocurre principalmente en los ecosistemas. Uno no es modificado genéticamente y el otro es reproducción sexual. La reproducción de plantas produce semillas que dan a luz a nuevos individuos mediante la transferencia de material genético de las células germinales masculinas y femeninas, lo que permite que el hijo o descendiente tenga el rasgo o herede el rasgo de cualquiera de los padres. Este proceso comienza cuando los



granos de polen llegan a la flor, luego forma un tubo polínico, va al ovario, invade el ovario, fecunda y dos gametos, une a la descendencia a su respectivo material genético. Finalmente, produce una semilla con las características heredadas de cada padre. En la reproducción asexual ocurre lo contrario. Si no están compuestos por los mismos En el proceso mitótico, creando las mismas células a partir de células vegetales, son completamente diferentes porque no hay recombinación genética ni metástasis de las dos sustancias genéticas. De esta manera, solo transfiere el mismo material genético, dando como resultado un individuo haploide. En la quinua, se reproduce sexualmente y posee un número de cromosomas somáticos igual a $2n = 4x = 36$ (Jarvis *et al.*, 2017; Mujica *et al.*, 2000).

2.2.12. Caracterización morfológica

La caracterización morfológica son los determinantes más fuertes del valor agronómica y la clasificación taxonómica, además viene siendo muy usado en la actualidad, debido a que las evaluaciones morfológicas son directas, económicas, fáciles, y no requieren tecnologías costosas, para la identificación de especies, familias, géneros de plantas, líneas de germoplasma, líneas puras, variedades mejoradas, etc. Además, por medio de su manifestación fenotípica, el cual es ordenado por el genotipo en interacción con el medio ambiente, logran terminar su ciclo de vida. Sin embargo, muchas veces sufren limitaciones de la sensibilidad ambiental y la caracterización subjetiva, lamentablemente algunas variantes morfológicas no logran sobrevivir. Para una adecuada caracterización morfológica se toma en consideración diferentes conjuntos de caracteres para diferentes grupos de plantas de cultivo, para el grupo de cereales, las características más importantes a evaluar son color de la planta en floración,



longitud de panoja, color del grano en madurez fisiológica, diámetro de grano, forma del fruto (Bhandari *et al.*, 2017).

La caracterización morfológica es un método que nos permite cuantificar y conocer la variabilidad genética del genoma de una determinada población, mediante su manifestación fenotípica, diferenciándolos taxonómicamente a las plantas y seleccionando los descriptores morfológicos más adecuados, que puedan discriminar de manera correcta al grupo de cultivos que se pretende caracterizar, de esta manera, posteriormente evaluarlas y coleccionar su información (Villarreal y Elias, 2013).

2.2.13. Caracterización agronómica

La caracterización agronómica es fundamental en los bancos de germoplasma, programas de mejoramiento genético, comparativos y en evaluaciones del comportamiento de variedades, etc. Deben ser realizados a gran escala y bien documentados, ya que revela la variación genética de rasgos de importancia económica, estas características se encuentran en constante interacción genotipo x medio ambiente. Una adecuada caracterización agronómica parte de las características que tienen una importancia económica como la calidad del grano, rendimiento, tolerancia al estrés abiótico y biótico (Joshi *et al.*, 2021).

Además, que existen características agronómicas que están relacionadas con el rendimiento, en el caso de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.); las características más importantes son longitud de panoja, diámetro de panoja,



rendimiento de grano por planta, peso de 1000 semillas, diámetro de grano, forma de la densidad de panoja y rendimiento de grano por planta (Manjarres *et al.*, 2021). Adicionalmente, es imperante la mejora de características agronómicas de importancia económica, en la quinua, para expandir la producción de quinua a todo el mundo (Jarvis *et al.*, 2017).

2.2.14. Caracterización química

a) Contenido de Proteína

Todos los alimentos naturales contienen proteínas, la proteína cruda de los alimentos se calcula en base al nitrógeno total (Ramírez, 2012). Este análisis se debe realizar con la quinua desengrasada tamizada y también con el aislado proteico de ambas variedades. La metodología a emplear es el método Kjeldahl, El cual consiste en la destrucción orgánica por acción del ácido sulfúrico, obteniéndose como resultado sulfato de amonio, el cual después es destilado a amoníaco. Los cálculos se realizarán en base a un patrón (muestra en blanco) y se cuantificará la diferencia gastada de titulante en la muestra AOAC (2000), Cálculo y expresión de resultados:

$$\%N = N \times V \times 14 \times 100 \times \text{FACTOR } m \times 1000$$

Donde:

V=Volumen gastado del ácido sulfúrico

N=normalidad del ácido sulfúrico

m=peso de la muestra en gramos

factor: 6.25 para carne, pescado, huevo, leguminosas y proteína en general.

b) Contenido de Saponina

Las saponinas son consideradas como un factor antinutricional de las semillas de quinua, que están presentes fundamentalmente en la cáscara y son las responsables del sabor amargo; su presencia permite distinguir las variedades de quinua como dulces (< 0,11%) o amargas (> 0,11%) (Gómez-Caravaca et al., 2014).

Para determinar el Contenido de saponina se usará el de la medición de la espuma (afrosimétrico) en porcentaje de los distintos genotipos de quinua se empleará la siguiente ecuación

$$Ps = \frac{(0.646 \times h) - 0.104}{m + 10}$$

Siendo: Ps= porcentaje de saponina, h= altura de la espuma en cm, m= masa de la muestra, en gramos.

2.2.15. Variabilidad genética

La variabilidad es la capacidad de mutar, es decir, la capacidad de generar variación de especie o potencial evolutivo (Donoso *et al.*, 2004). Las poblaciones individuales que componen una especie vegetal se encuentran en constante interacción dinámica de adaptación con factores como los bióticos (microbios, otras especies vegetales, animales inferiores y superiores) y abióticos (clima y suelo), por lo que cada especie se adapta La información contenidos en el genoma de acuerdo con la necesidad de sobrevivir en su entorno. El resultado de esta interacción adaptativa se traduce en la acumulación de información genética, como variantes, cada especie es retenida entre los miembros de su población y transmitida a la descendencia a lo largo del tiempo. La suma de todos los individuos y sus respectivas variantes es la denominada variabilidad genética de



una especie, la cual le permite adaptarse a los cambios que puedan ocurrir en su medio (Hidalgo, 2003).

2.2.16. Expresión de la variabilidad

Toda la variación resultante se almacena en el genoma, es decir, entre los miembros de la población que componen la especie, y puede no expresarse en las características que permiten identificarla. Así, desde la perspectiva de su expresión, la variabilidad contenida en el genoma de una especie se puede dividir en dos amplias categorías: (1) variabilidad expresada en características visibles y que constituye el fenotipo, y (2) no representada en características visibles a los procesos o productos internos de una fábrica (Hidalgo, 2003).

2.2.17. Caracterización de la variabilidad

Para la caracterización de las poblaciones se utilizan "descriptores", es decir, aquellas características que se consideran importantes y/o útiles para describir una especie. Los descriptores pueden ser morfológicos o agronómicos (Sumba, 2008).

Al caracterizar la variabilidad de un conjunto, es necesario determinar cuál es el "nivel de variabilidad" a medir o describir para seleccionar herramientas o métodos estadísticos apropiados para analizar los datos generados por el estudio de caracterización (Hidalgo, 2003).

A la vez (Hidalgo, 2003), manifiesta lo siguiente:



- El primer nivel se ocupa de las características de la variación que son detectables a simple vista tales como: (1) las características responsables de la morfología y arquitectura de la planta; (2) características que son particularmente relevantes para aspectos de manejo agronómico y productivo de la especie; (3) las características valorativas se expresan únicamente en respuesta a estímulos ambientales que pueden ser bióticos como plagas o abióticos como sequía, deficiencia de minerales y cambios de temperatura, entre otros; y para una cuantificación precisa, muchas veces requiere concepciones separadas de morfológicos –características
- El segundo nivel se refiere a las características moleculares que no pueden ser detectadas por simple observación visual, ya que se trata de la determinación de los productos y/o funciones internas de la célula.

En el transcurso de caracterización puede establecer los siguientes objetivos cuando caracterice su colección: (1) Medir la diversidad genética del grupo de investigación. Uno, algunos o todos los niveles posibles de variabilidad, usando descriptores previamente definidos para fenotipos, calificaciones, numerador, todo. (2) Establecer una relación entre la representatividad de la colección y la volatilidad regional o general de las especies (Hidalgo, 2003).

2.2.18. Descriptores

Los descriptores son características o atributos cuyas representaciones se miden, registran o evalúan fácilmente y se relacionan con la forma, estructura o comportamiento de la accesión. Los descriptores se utilizan para caracterizar y evaluar las accesiones para ayudar a distinguir las accesiones, representar los



atributos de manera precisa y consistente, y simplificar la clasificación, el almacenamiento, la recuperación y el uso de datos Masu (Hidalgo, 2003).

2.2.19. Descriptores de caracterización

Permiten una fácil y rápida distinción entre fenotipos. Generalmente son rasgos altamente hereditarios que son fácilmente distinguibles a simple vista y se expresan por igual en todos los ambientes. Además, puede contener un número limitado de caracteres adicionales que se consideren deseables por consenso de los usuarios de un cultivo en particular (Bioversity International *et al.*, 2013).

2.2.20. Descriptores de evaluación

La representación de muchos descriptores en esta categoría depende del entorno y requiere métodos experimentales especiales para evaluarlos. La evaluación también incluye métodos complejos de caracterización molecular o bioquímica. Este tipo de descriptor incluye propiedades como rendimiento, productividad agrícola, sensibilidad al estrés, propiedades bioquímicas y citológicas. En general, estas son las propiedades más interesantes en la mejora de cultivos (Bioversity International *et al.*, 2013).

2.2.21. Análisis multivariado

Un estudio multivariante de datos involucra un conjunto de métodos para analizar simultáneamente una gran cantidad de variables cuando existen interdependencias entre las variables. Existen varios métodos de análisis multivariado, como el análisis de componentes principales, el análisis factorial, el



análisis discriminante, el análisis de conglomerados y la correlación canónica, etc. (Mancera *et al.*, 2003).

a) Análisis de componentes principales (ACP)

ACP es una herramienta útil para analizar los datos generados a partir de la caracterización y evaluación preliminar de los recursos genéticos, y puede revelar las relaciones existentes entre las variables cuantitativas consideradas y las similitudes entre las accesiones. Se caracteriza en sentido igual o contrario, luego similar y no tanto para ver cómo se distribuyen las accesiones. También se pueden seleccionar las variables cuantitativas más discriminatorias para limitar el número de medidas en caracterizaciones posteriores (Hidalgo, 2003).

b) Análisis de conglomerados

Esta es una técnica analítica que se puede aplicar para clasificar objetos o personas en grupos similares en función de las similitudes entre ellos. Por lo tanto, el propósito de este análisis es clasificar el conjunto de datos en segmentos en función de algún criterio estadístico o el juicio personal del investigador. También se conoce como método de agregación jerárquica debido a su función secuencial (Mohammad, 2005). El procedimiento comienza con la primera existencia de un conglomerado para cada entrada o variable. Estos conglomerados están conectados a otros conglomerados del grupo por aproximación continua hasta formar un solo conglomerado que los contiene a todos. Cuando se agrupan, los resultados se muestran en forma de dendrograma. Esto es bien conocido como dendrograma (López e Hidalgo, 1994).



2.3. MARCO CONCEPTUAL

2.3.1. Autofecundación

El fenómeno que ocurre en algunas plantas es que el propio polen provoca la fertilización sin la participación de factores biológicos o abióticos (Barioglio, 2006).

2.3.2. Autogamia

Cuando se habla de autopolinización de las plantas, consiste en la polinización de las flores por su propio polen (Barioglio, 2006).

2.3.3. Caracteres cualitativos

Son un conjunto de características de naturaleza absoluta, es decir, de manera general, sólo pueden manifestarse con dos modalidades contrapuestas sin que existan tipos o grados intermedios entre ellas, el color de la flor (roja o blanca) en *Pisum sativum* L. A veces las modalidades distintas son más de dos, pero en todo caso el número de manifestaciones del carácter es limitado y estas manifestaciones están bien definidas. Por ejemplo, la flor de *Antirrhinum majus*, en la F2 sólo habrá tres fenotipos: el de flores rojas (homocigota), el de flores blancas (homocigota) y el de flores rosas (heterocigota) (Arzate *et al.*, 2019).

2.3.4. Caracteres cuantitativos

Es la intensidad de expresión del carácter puede ser considerada como una variable continua, capaz de adquirir cualquier valor dentro de ciertos límites extremos, tales como la altura de una planta, la longitud de una espiga, la



producción de una planta en peso de grano, la intensidad de color de un fruto, etc. Asimismo, un carácter cuantitativo está determinado por más de un par de factores y en su mayoría la variación fenotípica de estos factores es afectado por factores ecológicos (Arzate *et al.*, 2019).

2.3.5. Característica cualitativa

Característica en que la variación mostrada es discontinua. La utilización de la flor amarilla contra la flor roja para separar dos especies es un ejemplo de variación discontinua. De gran valor en taxonomía y generalmente controlada por oligogenes (IICA, 2002).

2.3.6. Característica cuantitativa

Característica en que la variación presentada es continua. En la variación continua es común encontrar un gradiente, es decir la característica se presenta en varios estados, desde débil hasta estar fuertemente presente. Generalmente, la expresión de estas características es controlada por poligenes (IICA, 2002).

2.3.7. Caracterización

Descripción o registro de las características morfológicas, citogenéticas, bioquímicas o moleculares de un individuo, las que son poco influenciadas por el medio ambiente en su expresión. Se aplica a los descriptores de las accesiones componentes de una colección de germoplasma o de aquellos de un banco de genes. La caracterización de datos de pasaporte es componente vital del germoplasma con perspectivas de utilización en programas nacionales de investigación, y son de requisición internacional (IICA, 2002).



2.3.8. Cruzamiento

Este es un término general que significa la combinación de dos individuos del sexo opuesto con el propósito de reproducirse (Barioglio, 2006).

2.3.9. Cruza simple

Es la que se obtiene al cruzar dos líneas puras para formar un híbrido doble. La crusa simple también se puede realizar entre dos variedades, dos especies, dos razas; y en general, la crusa entre dos progenitores.

2.3.10. Distancia genética

Es la medida de la diferencia en las frecuencias alélicas entre genotipos, poblaciones o especies. Con frecuencia se usa como una medida del tiempo de divergencia de las poblaciones comparadas a partir de una población ancestral, suponiendo que la tasa de substitucion génica es constante. El grado de distancia genética podría estar o no asociada a las diferencias fenotípicas (Loo, 2012).

2.3.11. Gene

Unidad funcional de la herencia; determinante hereditario que funciona como unidad, ocupando una región contigua (algunas veces) de un cromosoma y que puede mutar a una forma alélica diferente. El gene se puede referir de manera específica a la región de ADN que codifica para un polipéptido; en este caso el término es sinónimo de cistrón o gene estructural. Los genes no sólo codifican las secuencias de aminoácidos o polipéptidos, sino también las secuencias de aminoácidos del ARN estructural como el ARN ribosomal (Loo, 2012).



2.3.12. Gen dominante

Un gen que, si está presente, exhibe expresión fenotípica tanto en formas homocigotas como heterocigotas. Ejemplo AA ó Aa (Barioglio, 2006).

2.3.13. Gen recesivo

Se han descrito genes que se expresan genotípicamente solo en homocigotos. Ejemplo aa (Barioglio, 2006).

2.3.14. Genotipo

La constitución genética de los organismos. Con frecuencia, el genotipo se refiere a la similitud entre organismos; por ejemplo, se dice que dos individuos tienen el mismo genotipo si ellos poseen información genética que es más similar entre ellos en comparación con individuos de un genotipo diferente (Loo, 2012).

2.3.15. Germoplasma

Parte de un organismo vivo capaz de transmitir caracteres hereditarios, como semilla, tejido, tubérculo, yema, célula, polen, etc. (Matus, 2015).

2.3.16. Glomérulo

Son los órganos se agrupan al final del eje, y la inflorescencia es una flor de tallo corto y una cima que se aglomera sobre el eje corto. Como ejemplo se puede citar a las ortigas (Barioglio, 2006).



2.3.17. Heredabilidad

Es una propiedad importante de los caracteres métricos; su función principal es el papel predictivo de la respuesta a la selección, y expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos medios de los genes, es decir, expresa la confiabilidad del valor fenotípico como indicador del valor genotípico (Falconer y Mackay, 2006; Abbott y Pistorale, 2010).

2.3.18. Hermafrodita

En las plantas es la flor que reúne los aparatos masculinos (androceo) y femenino (gineceo) en la misma pieza, como por ejemplo se puede citar a la guayaba. En animales es el individuo que reúne los dos sexos en el mismo genotipo (Henríquez, 2002).

2.3.19. Hibridación

Acto de producir híbridos a través del cruzamiento de individuos con genotipos diferentes. La expresión diferente de ciertas características es atribuida a la acción de la recombinación genética (Henríquez, 2002).

2.3.20. Híbrido

Es un individuo producido por dos progenitores genéticamente diferentes. El término se reserva usualmente por los fitomejoradores para casos en que los progenitores difieren en varios aspectos importantes. Los híbridos son frecuentemente más vigorosos que sus progenitores (Henríquez, 2002).



2.3.21. Líneas Puras

Poblaciones homogéneas y homocigotas, con coeficiente de parentesco igual o superior a 0.87. La uniformidad es esencial, sin embargo, se pueden presentar mutaciones, mezclas mecánicas, polinizaciones cruzadas (Camarena *et al.*, 2014).

2.3.22. Perigonio

Es el nombre de un conjunto de envolturas de flores sin distinción entre sépalos y pétalos, perianto homoclamideo (Barioglio, 2006).

2.3.23. Varianza ambiental

Parte de la varianza fenotípica debida a efectos del medio ambiente al cual están expuestas los individuos de una población (IICA, 2002).

2.3.24. Varianza fenotípica

Varianza total que encierra la varianza genética y la varianza ambiental, exteriorizada por individuos de una población, para un determinado carácter (IICA, 2002).

2.3.25. Varianza genética

Parte de la varianza fenotípica debida a las diferencias en la constitución genética de los individuos de una población. Puede ser descompuesta en aditiva (sin integración alélica), dominante (interacción entre genes alelos), y epistática (interacción entre genes no alelos) (IICA, 2002).

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. LUGAR DE ESTUDIO

El Proyecto de investigación se realizó en la región, provincia de Puno, distrito de Platería, en el Centro Experimental (CE) Camacani que está ubicado en las coordenadas geográficas:

- Longitud: $69^{\circ}51'31''$ W.
- Latitud: $15^{\circ}57'16''$ S.



Figura. 1. Localización del campo experimental en el Centro Experimental (CE.) Camacani. (Campaña agrícola 2020-2021).

Por el Norte limita con la Comunidad de Camata y la Comunidad de Potojani Chico, por el sur limita con la Comunidad de La Rinconada, por el Este limita con el Centro Poblado de Ccota y por el Oeste con la comunidad de Qimsapujoy y el Centro Poblado de Patillani.



3.3.1. CARACTERÍSTICAS EDÁFICAS

Para la caracterización físico-química de los suelos donde se llevó a cabo el experimento, se realizó muestreos en zigzag a una profundidad de 30 cm. que fueron cuarteados para que se obtengan muestras representativas de 1 kg. Las muestras de suelo fueron analizadas en el laboratorio de análisis de suelo, plantas, aguas y fertilizantes del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) de Puno el cual tuvo los siguientes resultados:

El suelo presenta una textura franca arcillo arenoso, con un pH ligeramente ácido; muy ligeramente salino en conductividad eléctrica; con un contenido de materia orgánica medio y nitrógeno calificado como bajo; con una concentración media de fósforo disponible, contenido de potasio disponible alto. De acuerdo a los resultados del análisis de suelo es recomendable adicionar Nitrógeno.

3.3.1. CARACTERÍSTICAS METEOROLÓGICAS

El clima en el Centro Poblado de Camacani es cálido por lo general, no hace mucho frío. Mayormente se define por meses. Las épocas de lluvia se dan en los meses de enero, febrero y parte de marzo. Las épocas de frío empiezan a mediados de marzo, abril, mayo y junio, con un clima templado. A partir de Julio y agosto es época de helada, muchas veces con vientos, lo que ayuda pues al no haber lluvias es favorable para empezar la siembra. En los meses de septiembre, octubre, noviembre y diciembre el frío empieza a bajar gradualmente, existiendo lluvias ocasionales las cuales ayudan al crecimiento de los cultivos (Mamami *et al.*, 2018).

Para conocer las características ambientales (Campaña agrícola de octubre del 2020 a mayo del 2021), los datos meteorológicos de temperatura, precipitación, y humedad relativa se obtuvieron mediante el Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología (SENAMHI) Puno-Perú.

Tabla 1. Datos metereologicos del Centro Poblado de Camacani (Campaña agrícola 2020-2021).

VARIABLES	AÑO 2020			AÑO 2021			
	OCT	NOV	DIC	ENE	FEB	MAR	ABR
EVAPORACION TOTAL MENSUAL (MM)	105.1	122.7	114.4	100.3	95.6	93.7	-999*
HUMEDAD RELATIVA MEDIA MENSUAL (%)	-999	-999	84.02	88.07	87.16	90.5	-999*
PRECIPITACIÓN TOTAL MENSUAL (MM)	91.8	18.1	207.7	210.4	104	163.9	-999*
TEMPERATURA MEDIA MENSUAL (°C)	-999	-999	10.77	9.99	10.16	9	-999*
TEMPERATURA MAXIMA MENSUAL (° C)	16.06	18.21	16.85	15.23	15.51	14.57	-999*



TEMPERATURA							
MINIMA MENSUAL							
(°C)	2.96	3.17	4.61	3.78	4.66	4.23	-999*
VELOCIDAD MEDIA							
DE VIENTO MEDIA							
MENSUAL (M/S)	2	2.1	2.5	2.6	1.8	2.2	-999*

*código que significa mantenimiento, no medible etc. Indican que si hubo dato pero que no se pudo registrar debidamente.

Fuente: SENAMHI 2020-2021.

3.2. PERIODO DE DURACIÓN DEL EXPERIMENTO

Campaña agrícola 2020 -2021, que inició en el mes de octubre del 2020 al mes de mayo del 2021.

3.3. MATERIAL EXPERIMENTAL

3.3.1. Material genético

5 Progenies de alto rendimiento:

- SAL x PAN 171 generación S11 campaña 2019-2020
- SAL x COL 46 generación S11 campaña 2019-2020
- HUA X KCA 53 generación S11 campaña 2019-2020
- SAL X PAN 165 generación S11 campaña 2019-2020
- SAL x COL 37 generación S11 campaña 2019-2020

6 Progenies resistentes a bajas temperaturas y sequia:

- HUA x KCA 174 generación S11 campaña 2019-2020
- HUA X KCA 194 generación S11 campaña 2019-2020



- SAL X COL 30 generación S11 campaña 2019-2020
- SAL X HUA 33 generación S11 campaña 2018-2019
- SAL x HUA 195 generación S11 campaña 2018-2019
- SAL x HUA 6 generación S11 campaña 2018-2019

Genitores:

- SAL Salcedo-INIA
- PAN Pandela
- COL Negra Collana
- HUA Huariponcho
- KCA Kcancolla

3.3.2. Material de Campo

- Tractor con implementos agrícolas
- Letreros de identificación
- Planillas de evaluación
- Descriptores para Quinoa
- Wincha
- Vernier
- Papel glassine
- Sobres de manila

3.3.3. Material de laboratorio

- Semilla obtenida de la cosecha
- Balanza analítica
- Vernier electrónico



- Tubos de ensayo
- Microscopio y Estereoscópico
- Estufas
- Placas petri

3.3.4. Material de gabinete

- Libreta de apuntes
- Cámara fotográfica
- Material Bibliográfico

3.4. CARACTERÍSTICAS DEL CAMPO EXPERIMENTAL

Área del terreno

Está conformado por 4 repeticiones (Bloques), para realizar un trabajo adecuado se dividió en dos partes y cada uno cuenta con un área de 189 m². Con un distanciamiento entre unidad experimental 0.60 m, entre bloque de 1 m y entre repetición 1.5 m. El área total de terreno a trabajar es de 37.8 m de ancho por 48.5 m de largo siendo así de 1 833.3 m².

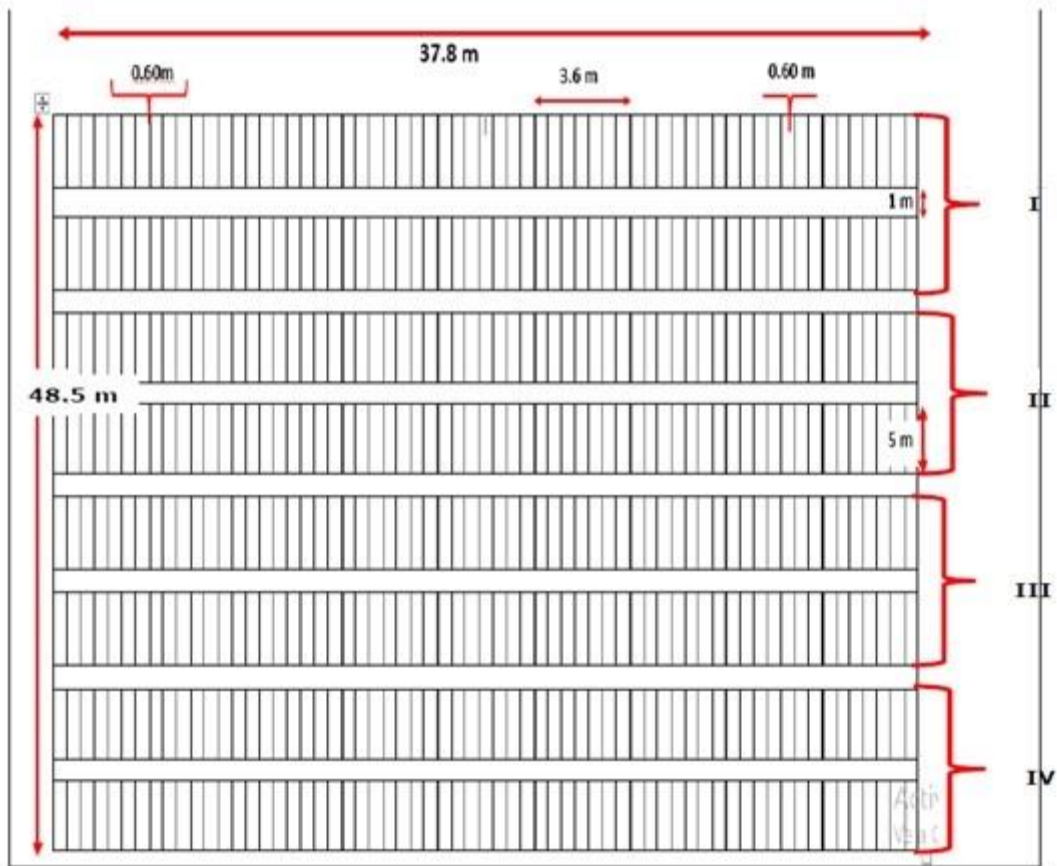


Figura 2. Dimensiones del área del experimento

Unidad experimental

Está conformada de 6 surcos con una distancia de 0.60 m entre cada uno, con un total de 3.60 m de ancho y con 5 m de largo; teniendo un área de 18 m².

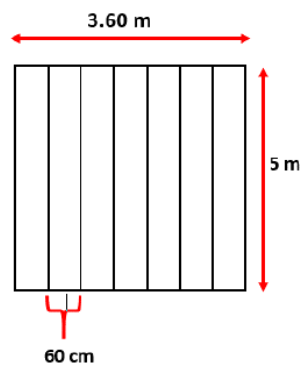


Figura 3. Detalle de la unidad experimental

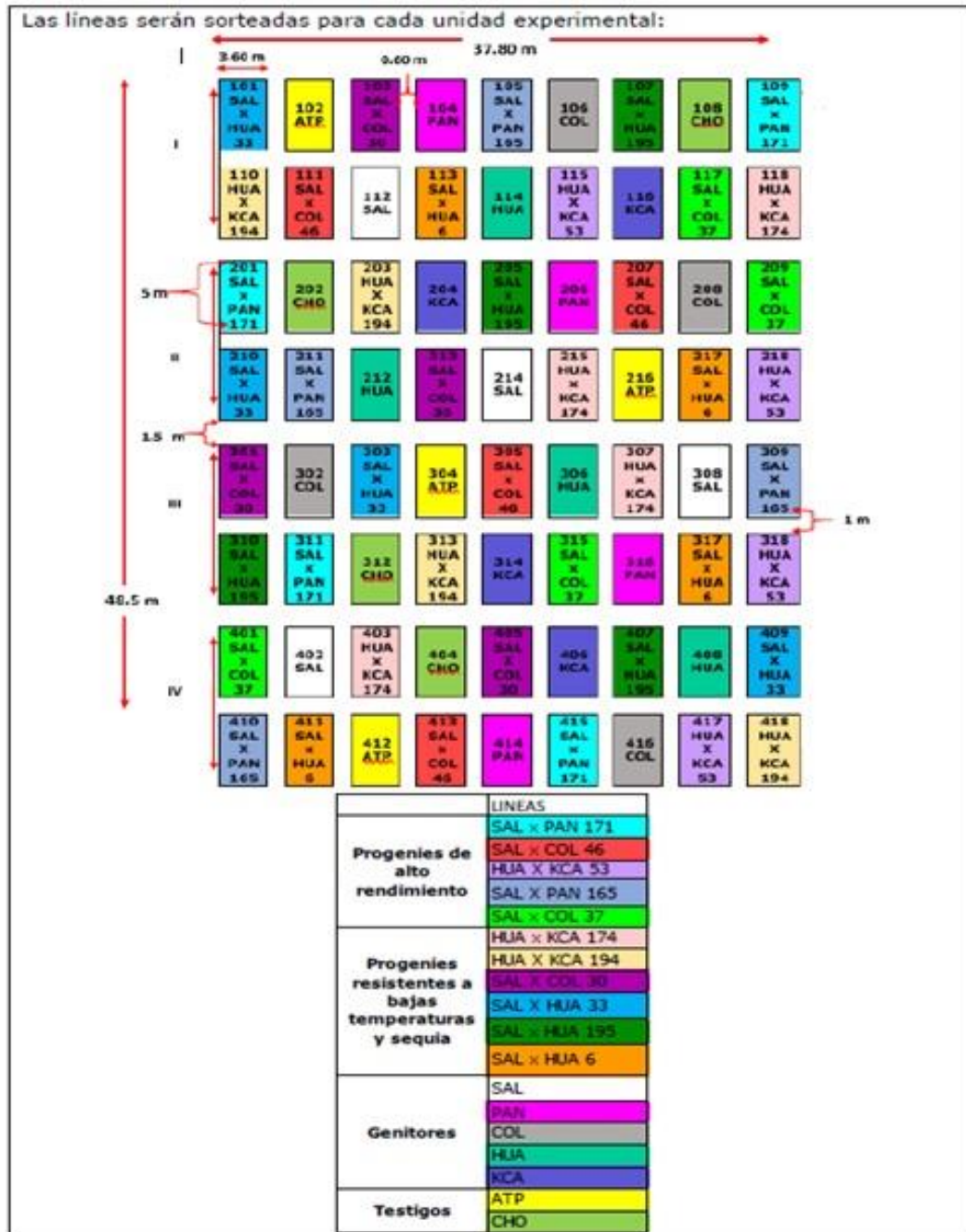


Figura 4. Tratamientos en estudio dentro del campo experimental

3.5. POBLACIÓN Y MUESTRA

La población constituyó 72 unidades experimentales, donde se consideró como muestra 10 plantas por unidad experimental mediante el método de descriptores de caracterización y evaluación de 5 Progenies de alto rendimiento, 6 Progenies resistentes



a bajas temperaturas y sequía, 5 genitores. Validado por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013).

3.6. TIPO Y NIVEL DE INVESTIGACIÓN

El presente trabajo de investigación tiene las características y condiciones de una investigación de tipo experimental, ya que se realiza evaluaciones de variables dependientes en función a las independientes, a nivel de campo, que permitió obtener líneas con buenas características agromorfológicas y selección del ideotipo.

3.7. CONDUCCIÓN DEL EXPERIMENTO

a) Preparación del terreno

Esta labor se llevó a cabo previos días a la siembra, en el mes de octubre, se realizó la roturación del terreno, a continuación, se efectuó la rastra en discos, en forma de cruz, con el objetivo de desterronar y mullir mejor el suelo, finalmente se realizó el surcado de 60 cm de ancho y por último se demarcó el terreno según el croquis realizado.

b) Siembra

Se realizó la siembra el 20 de octubre del 2020 a una densidad de 10-15 plantas por metro lineal (distancia entre plantas de 0,08 – 0,10 m y una densidad de 500 000 plantas Ha); empleándose una densidad de 10 kg de semilla por ha. El distanciamiento entre surco fue de 0.60 m y 5 m de largo en cada línea. El tapado de las semillas se hizo no más de 2 cm de profundidad.



c) Desahíje

Esta labor se realizó manualmente para generar un equilibrio en la densidad de la quinua y además para poder eliminar aquellas plantas débiles y pequeñas, solo se dejó aquellas de óptimas condiciones para la producción. El momento que se realizó esta labor fue en la ramificación o cuando las plantas tenían entre 20-60 cm de altura. Se realizó tres deshierbes, en las cuales se encontró las siguientes malezas: Kikuyo (*Pennisetum clandestinum* Hochs), trébol blanco (*Trifolium repens*).

d) Aporque.

El aporque se realizó manualmente con la ayuda de un pico con la finalidad de fortalecer el mayor anclaje de las plantas al suelo y un mejor desarrollo de las mismas además de contribuir una excelente medida de control de malezas el cual se realizó cuando el cultivo tenía 2 meses de edad conjunto con la actividad de fertilización.

e) Fertilización.

La quinua, es muy exigente en nutrientes y materia orgánica, según las referencias encontradas sobre cultivos andinos (Quinua), publicado por FAO - 2001, indican que el requerimiento de fertilización en promedio es de 80 – 40 - 00 de NPK para la sierra. Las fuentes usadas fueron urea y fosfato di amónico. En el primer deshierbo se aplicó el fosfato di amónico, en cuanto a la urea, se fraccionó a 50% que se aplicó en el primer deshierbo y el otro 50% al momento del aporque.

f) Aplicación fitosanitaria

Esta actividad se realizó cuando el cultivo presentaba manchas foliares causadas por la enfermedad del Mildiu (causado por *Peronospora variabilis*) producida por los hongos Oomycetes los cuales se producen por una humedad elevada y temperaturas entre



10 y 20°C. y para prevenir la propagación de dicha enfermedad se aplicó con una mochila foliar un fungicida de materia activa Metalaxyl + Mancozeb con nombre de producto RIDOMIL GOLD MZ 68 WP con dosis de 2-3 kg/Ha el cual se usó 0.366 kg para el área de 1833.3 m².

Ademas se reportó la presencia de algunas larvas de (*Eurysacca quinoa*e Povolny) en la etapa del llenado de grano con incidencias mínimas y no se aplicó ningún tipo de control.

g) Cosecha y Trillado de la quinua

Esta labor se realizó cuando el cultivo alcanzó la fase fenológica de madurez fisiológica (desde el mes de abril al mes de mayo del 2021) de forma escalonada a medida que las progenies, genitores cuando los granos estuvieron duros e impedían la penetración de la uña, y además la planta comenzó a secarse.

Se cosecharon 20 plantas representativas de los tres surcos centrales teniendo en cuenta el efecto borde de cada unidad experimental para luego proceder con la trilla por panoja. Finalmente se procedió a separar los granos de la broza con el viento y sarandeo para obtener semilla limpia y se almacenó dentro de los sobres manila, previamente pesados y etiquetados.

Luego se prosiguió a cortar a todas las plantas a una altura de 20 cm a partir del cuello de la planta, en este caso se utilizó la hoz y mantas para el traslado de la planta del mismo modo se trillo y venteo para luego ser guardado en el almacen del CE Camacani.

3.8. CARACTERÍSTICAS AGROMORFOLÓGICAS EVALUADAS

Para la caracterización de las progenies se emplearon descriptores de caracterización y evaluación, validados por el Bioersivity Internacional (2013) de la FAO



para el Género *Chenopodium*. Para la recolección de la información se tomó 10 plantas al azar evitando efecto de borde en cada progenie que se evaluarán desde el inicio desde el 20 de octubre del 2020 hasta el final del experimento mes abril- mayo del 2021.

3.8.1. Características Agronómicas Cuantitativas:

En la Planta:

DFBF : Nro de Días formación del botón floral (d)

DCF : Nro de Días hasta el 50% de floración (d)

NDGL : Nro. De días hasta grano lechoso (d)

NDGP : Nro. De días hasta grano pastoso (d)

NDMF : Días 50% de la madurez fisiológica (d)

AP : Altura de planta (cm)

DTP : Diámetro del tallo (mm)

LPA : Longitud de la panoja (cm)

DP : Diámetro de la panoja (cm)

En la Semilla:

DR : Diámetro del grano (mm)

EG : Espesor del grano (mm)

PMG : Peso de 1000 granos (g)

PH : Peso hectolitrico ($g/20cm^3$)

RS : Rendimiento de semilla por planta (g)



IC : Índice de cosecha (%)

CPR : Contenido de proteína (%)

3.8.2. Características Morfológicas Cuantitativas:

LPE : Longitud del peciolo (cm)

LMH : Longitud máxima de hoja (cm)

AMH : Ancho máximo de la hoja (cm)

3.8.3. Características Agronomicas Cualitativas:

SE: Susceptibilidad a enfermedades

DPA: Daños provocados por aves

3.8.4. Características Morfológicas Cualitativas:

HC : Habito de crecimiento

PAP : Presencia de axilas pigmentadas

CE : Color de las estrías

CP : Color del peciolo

CLF : Color de la lámina foliar

CPF : Color de la panoja en la floración

CPMF : Color de panoja en la madurez fisiológica

FP : Forma de la panoja

CDP : Color del perigonio



ADP	: Aspectos del pericarpio
CPE	: Color del pericarpio
AE	: Apariencia del episperma
CDE	: Color del episperma
FG	: Forma del grano
TC	: Tipo de crecimiento
DP	: Densidad de la panoja
FP	: Forma de la hoja

3.8.5. Característica químicamente de Contenido de proteína y saponina

- Para determinar el porcentaje de proteína se obtuvo mediante el método de Kjeldahl (método directo).
- Para determinar el Contenido de saponina se usó el de la medición de la espuma (afrosimétrico) en porcentaje de los distintos genotipos de quinua se empleará la siguiente ecuación:

$$P_s = \frac{(0.646 \times h) - 0.104}{m * 10}$$

Siendo:

Ps= porcentaje de saponina, h= altura de la espuma en cm, m= masa de la muestra, en gramos.



3.9. MÉTODO ESTADÍSTICO

El análisis estadístico fue realizado utilizando el software estadístico Infostat versión estudiantil y RStudio. Los datos evaluados fueron analizados mediante análisis de varianza posteriormente la prueba de comparación de Tukey al 5% de error; y para el análisis multivariado, se usó la técnica de Análisis de Componentes Principales (PCA).

CAPÍTULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS CUANTITATIVAS.

a) Número de Días de formación del botón floral

En la Tabla 2, se observa el análisis de varianza para días de formación de botón floral, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en para días de formación de botón floral entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que se tiene diferentes días de formación de botón floral de los tratamientos, es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 4.54%.

Tabla 2. Análisis de varianza (ANVA) para días de formación de botón floral de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	27.15	9.05	0.86	0.4669	n.s.
Tratamientos	17	934.57	54.97	5.23	<0.0001	**
Error	51	535.60	10.50			
Total	71	1497.32				
CV=4.54%			$\bar{X}=71.00$			

En la Tabla 3, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre días de formación de botón floral, en donde se visualiza que los tratamientos



HUAxKCA 194, SALxHUA 195, con 78.50, 76.50 días respectivamente como cruza tardías; SAL chk, SALxHUA 6 y SALxHUA 3 con 75.25, 75.25 y 74.00 días respectivamente como cruza intermedias; la menor cantidad de días de formación de botón floral se tuvo en PAN chk, con 63.00 días siendo precoz.

Tabla 3. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para días de formación de botón floral para 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de días de formación de botón floral	Sig. ≤ 0.05
1	HUAxKCA 194	78.50	a
2	SALxHUA 195	76.50	a b
3	SAL chk	75.25	a b c
4	SALxHUA 6	75.25	a b c
5	SALxHUA 33	74.00	a b c
6	ATP chk	73.25	a b c
7	SALxCOL 37	73.25	a b c
8	SALxPAN 171	71.50	a b c
9	SALxPAN 165	71.25	a b c
10	HUAxKCA 174	70.50	b c
11	SALxCOL 30	69.75	b c d
12	COL chk	69.75	b c d
13	SALxCOL 46	69.00	b c d
14	KCA chk	69.00	b c d
15	HUA chk	68.75	b c d
16	CHO chk	68.75	b c d

17	HUAxKCA 53	68.00	c d
18	PAN chk	63.00	d

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

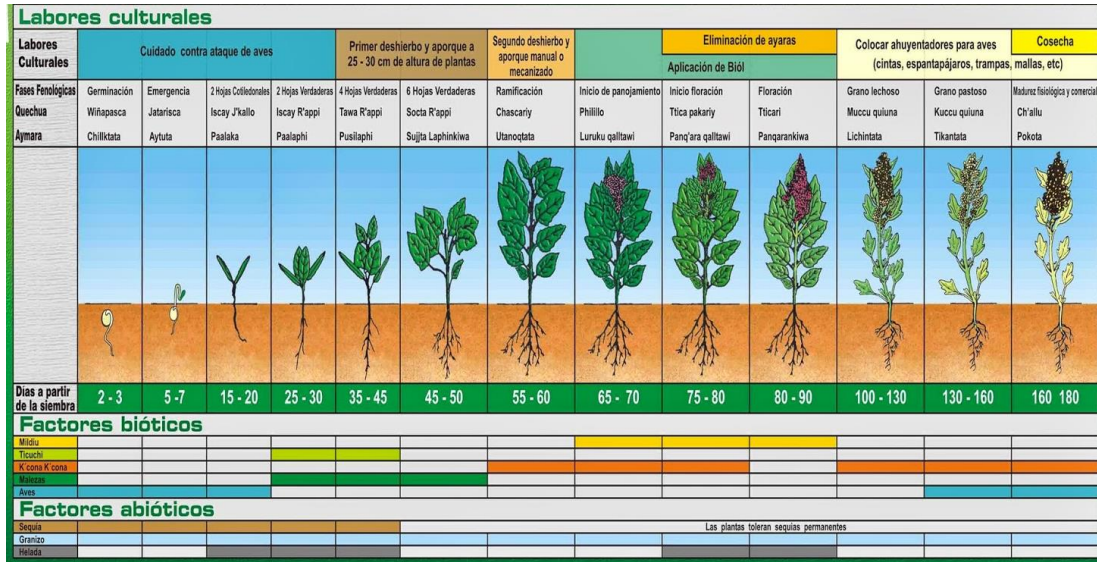


Figure 1. Fases fenológicas del cultivo de Quinoa.

b) Numero de Días hasta el 50% de floración

En la Tabla 4, se observa el análisis de varianza para días hasta el 50% de floración, en donde se ve que existen diferencias significativas entre bloques; indicando heterogeneidad para días hasta el 50% de floración entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que se tiene diferentes días hasta el 50% de floración de los tratamientos, es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 5.58%.

Tabla 4. Días hasta el 50% de floración para 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	666.94	222.31	7.90	0.0002	n.s.
Tratamientos	17	1222.50	71.91	2.55	0.0051	**
Error	51	1436.06	28.16			
Total	71	3325.50				
CV=5.58%		$\bar{X}=111.28$				

En la Tabla 5, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos hasta el 50% de floración, en donde se visualiza que los tratamientos HUAxKCA 194, SALxHUA 33, SALxHUA 6, ATP chk y SAL chk estadísticamente son similares con 100.50, 99.50, 99.25, 99.25 y 98.00 días respectivamente (tardías), siendo estadísticamente similares; menor cantidad de días hasta el 50% de floración se tuvo en PAN chk, con 82.00 días de formación de botón floral siendo como la mas precoz.

Tabla 5. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para hasta el 50% de floración para 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de días de formación de botón floral	Sig. ≤ 0.05
1	HUAxKCA 53	100.50	a
2	SALxHUA 33	99.50	a
3	SALxHUA 6	99.25	a
4	ATP chk	99.25	a
5	SAL chk	98.00	a
6	SALxPAN 171	96.50	a



7	SALxPAN 165	96.25	a
8	COL chk	95.75	a
9	SALxCOL 37	95.50	a
10	SALxCOL 30	95.50	a
11	HUAxKCA 194	95.50	a
12	SALxCOL 46	94.00	a
13	HUA chk	94.00	a
14	HUAxKCA 174	94.00	a
15	CHO chk	93.00	a
16	SALxHUA 195	93.00	a
17	KCA chk	90.00	a
18	PAN chk	82.00	b

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Los resultados que se presentan son superiores al reporte de Flores (2017), quien da a conocer que la craza más precoz fue COL X KCA con 83.55 días seguido por HUA X KCA con 83.57 días, COL con 85.38 días, SAL X COL con 85.59 días, HUA con 85.78 días, KCA con 86.40 días, SAL X HUA con 90.49 días, SAL X PAN con 91.01 días, SAL con 92.64 días y el genitore PAN con 98.05 días.

Romero (2021), obtuvo que, el parental PAN con 87.5 días, siendo con menor número de días a la floración, siguiendo la línea HUAxKCA 194 con 90.5 días y la línea SALxPAN 171 con 95.2 días respectivamente. Asimismo, el testigo CHO, el parental SAL y ATP fueron los que tardaron más días en florecer con 103.8, 104.0 y 108.0 días. Barrientos (2020), en su investigación obtuvo que, el genitor PAN y las progenies COLxKCA 14, COLxKCA 114 registraron menor número días al 50 % de floración con 80 y 85.3 días respectivamente.



Al respecto Mujica et al. (2000), aclaran que la apertura de flores ocurre entre los 75 a 80 días y la floración en su totalidad entre los 90 a 100 días.

c) Número de días hasta grano lechoso

En la Tabla 6, se observa el análisis de varianza para número de días hasta grano lechoso, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en número de días hasta grano lechoso entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para número de días hasta grano lechoso de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 4.42%.

Tabla 6. Análisis de varianza (ANVA) para número de días hasta grano lechoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	42.11	14.04	1.93	0.1360	n.s.
Tratamientos	17	2653.94	156.11	21.50	<0.0015	**
Error	51	370.39	7.26			
Total	71	3066.44				
CV=4.42%		$\bar{X}=111.28$				

En la Tabla 7, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre número de días hasta grano lechoso, en donde se visualiza que los tratamientos ATP chk con 120.75 como tardía, SALxHUA 33, SAL chk, SALxPAN 165, SALxHUA 6 y SALxPAN 171 con 119.25, 119.00, 116.00, 116.00 y 115.25 días hasta grano lechoso respectivamente (intermedias); menor número de días hasta grano lechoso se tuvo en PAN chk, con 94.75 días como la más precoz.

Tabla 7. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para número de días hasta grano lechoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de días hasta grano lechoso	Sig. ≤ 0.05
1	ATP chk	120.75	a
2	SALxHUA 33	119.25	a
3	SAL chk	119.00	a
4	SALxPAN 165	116.00	a b



5	SALxHUA 6	116.00	a b c
6	SALxPAN 171	115.25	a b c d
7	CHO chk	112.75	b c d e
8	SALxHUA 195	112.50	b c d e
9	HUAxKCA 53	111.25	b c d e f
10	HUAxKCA 174	110.25	c d e f
11	SALxCOL 46	110.00	c d e f
12	SALxCOL 30	109.75	d e f
13	SALxCOL 37	109.50	d e f
14	COL chk	108.75	e f g
15	HUAxKCA 194	107.75	e f g
16	HUA chk	105.50	f g
17	KCA chk	104.00	g
18	PAN chk	94.75	h

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

d) Numero de días hasta grano pastoso

En la Tabla 8, se observa el análisis de varianza para número de días hasta grano pastoso, en donde se ve que existen diferencias estadísticas significativas entre bloques; indicando heterogeneidad en número de días hasta grano pastoso entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para número de días hasta grano pastoso de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 1.73%.

Tabla 8. Análisis de varianza (ANVA) para número de días hasta grano pastoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	63.67	21.22	3.81	0.0153	n.s.
Tratamientos	17	3637.61	213.98	38.45	<0.0001	**
Error	51	283.83	5.57			
Total	71	3985.11				

CV=1.73% \bar{X} =136.11

En la Tabla 9, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$), en donde se visualiza que el tratamiento ATP chk tuvo mayor número de días con 149.25 días como línea tardía, seguido de los tratamientos SALxHUA 33, SALxHUA 195, SALxHUA 6, y COL chk con 143.00, 142.75, 140.50 y 140.00 días hasta grano pastoso respectivamente como líneas tardías; menor número de días hasta grano pastoso se tuvo en PAN chk, con 115.00 días como línea más precoz.



Tabla 9. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para número de días hasta grano pastoso de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de días hasta grano pastoso	Sig. ≤ 0.05
1	ATP chk	149.25	a
2	SALxHUA 33	143.00	b
3	SALxHUA 195	142.75	b
4	SALxHUA 6	140.50	b c
5	COL chk	140.00	b c d
6	SALxPAN 171	139.75	b c d e
7	SAL chk	139.25	b c d e
8	SALxCOL 30	138.25	b c d e
9	SALxCOL 46	137.50	c d e
10	SALxPAN 165	136.75	c d e f
11	HUAxKCA 53	136.25	c d e f
12	CHO chk	135.00	d e f g
13	SALxCOL 37	134.50	e f g
14	HUAxKCA 174	132.50	f g h
15	KCA chk	131.25	g h
16	HUAxKCA 194	129.75	h
17	HUA chk	128.75	h
18	PAN chk	115.00	i

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Las diferencias en los resultados obtenidos probablemente se deban a las características genéticas de las progenies, a la vez la influencia de los factores climáticos, y la fertilidad del suelo.

e) Numero de Días 50% de la madurez fisiológica

En la Tabla 10, se observa el análisis de varianza para número de días hasta 50% de la madurez fisiológica, en donde se ve que no existen diferencias estadísticas significativas entre bloques; indicando homogeneidad en número de días hasta 50% de la madurez fisiológica entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para número de días hasta 50% de la madurez fisiológica de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 1.50%.

Tabla 10. Análisis de varianza (ANVA) para número de días hasta 50% de la madurez fisiológica de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	19.11	6.37	0.83	0.4506	n.s.
Tratamientos	17	9568.61	562.86	78.99	<0.0001	**
Error	51	363.39	7.13			
Total	71	9951.11				
CV=1.50%			$\bar{X}=176.03$			

En la Tabla 11, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre número de días hasta 50% de la madurez fisiológica, en donde se visualiza que los tratamientos SAL chk y SALxHUA 33 tuvieron 196.75 y 195.50

días respectivamente líneas más tardías, los cuales estadísticamente son similares y superiores a los demás tratamientos, seguido de los tratamientos SALxHUA 6, ATP chk, SALxHUA 195 y COL chk con 189.00, 188.25, 186.00 y 185.75 días respectivamente líneas tardías; el menor número de días hasta 50% de la madurez fisiológica se tuvo en PAN chk) con 147.50 días como la cruza simple precoz.

Tabla 11. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para número de días hasta 50% de la madurez fisiológica de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio para número de días hasta 50% de la madurez fisiológica	Sig. ≤ 0.05
1	SAL chk	196.75	a
2	SALxHUA 33	195.50	a
3	SALxHUA 6	189.00	b
4	ATP chk	188.25	b c
5	SALxHUA 195	186.00	b c d
6	COL chk	185.75	b c d
7	SALxCOL 46	183.25	c d e
8	SALxCOL 30	181.50	d e f
9	SALxCOL 37	180.00	e f g
10	SALxPAN 171	179.50	e f g
11	SALxPAN 165	177.00	f g
12	HUAxKCA 174	175.75	g
13	CHO chk	169.50	h
14	HUAxKCA 53	169.50	h



15	KCA chk	169.50	h
16	HUAxKCA 194	169.50	h
17	HUA chk	167.25	h
18	PAN chk	147.50	i

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Los resultados que se presentan son inferiores al reporte de Flores (2017), donde se indica que la cruza HUA X KCA con 177.51 días, COL con 182.13 días, SAL X COL con 180.59 días, HUA con 182 días, KCA con 181.89 días, SAL X HUA con 187.52 días, SAL X PAN con 188.58 días y la cruza PAN con 197.55 días de madurez fisiológica.

Romero (2021), encontró que, el parental PAN con 144.5 días, obtuvo menor número de días hasta madurez fisiológica, siguiendo la línea HUAxKCA 174 con 163.2 días igual que la línea HUAxKCA 194. Por otro lado, los testigos ATP, CHO y el parental SAL, tuvieron los mayores días a la madurez fisiológica con 188.0, 192.8 y 193.8 días. Barrientos (2020), en su investigación reporta que, el genitor Salcedo INIA registró el mayor número de días a la madurez fisiológica con 196.3 días, siendo la más tardía, mientras que el genitor PAN y las progenies COLxKCA 29, COLxKCA 14 registraron menor número de días a la madurez fisiológica con 147.8, 167.8 y 168 días respectivamente.

Mujica et al. (2000), indican que la madurez fisiológica en la quinua se manifiesta en un promedio de 160 a 180 días después de la siembra, diferenciando con este estudio se encontró líneas con menores días a la madurez fisiológica. Apaza (2017), quien selecciono líneas a partir de autofecundaciones S5 del mismo material



genético, encontrando un promedio entre 182 a 197 días en la localidad de Illpa y similar con Flores (2017), que utilizó el mismo material genético, encontrando un promedio de 177 a 197 días hasta la madurez fisiológica. Manjarres et al. (2021), uno de los caracteres más importantes para la selección, son los días a la maduración fisiológica, ya que determina la precocidad del genotipo y la temprana cosecha. Domínguez (2014), quien realizó la caracterización agromorfológicas en cruces simples de quinua en la localidad de Arequipa, reportó promedios entre 110 a 145 días, este resultado puede deberse a las condiciones edafoclimáticas de lugar.

f) Altura de planta

En la Tabla 12, se observa el análisis de varianza para altura de planta, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en altura de planta entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias significativas entre los tratamientos, indicando que para altura de planta entre las plantas de los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 16.91%.

Tabla 12. Análisis de varianza (ANVA) para altura de planta de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	1899.34	633.11	1.33	0.2760	n.s.
Tratamientos	17	7552.14	444.24	0.93	0.5448	n.s.
Error	51	24344.59	477.34			
Total	71	33796.08				

CV=16.91% \bar{X} =129.17

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 5), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde el tratamiento ATP chk tuvo, mayor altura de planta con 156.75 cm, seguido de SALxCOL 30, SALxPAN 165, SALxCOL 46, SALxHUA 6 con 141.88, 140.25, 135.13 y 134.63 cm de altura de planta respectivamente; la menor altura de planta se tuvo en SALxPAN 171 con 112.25 cm.

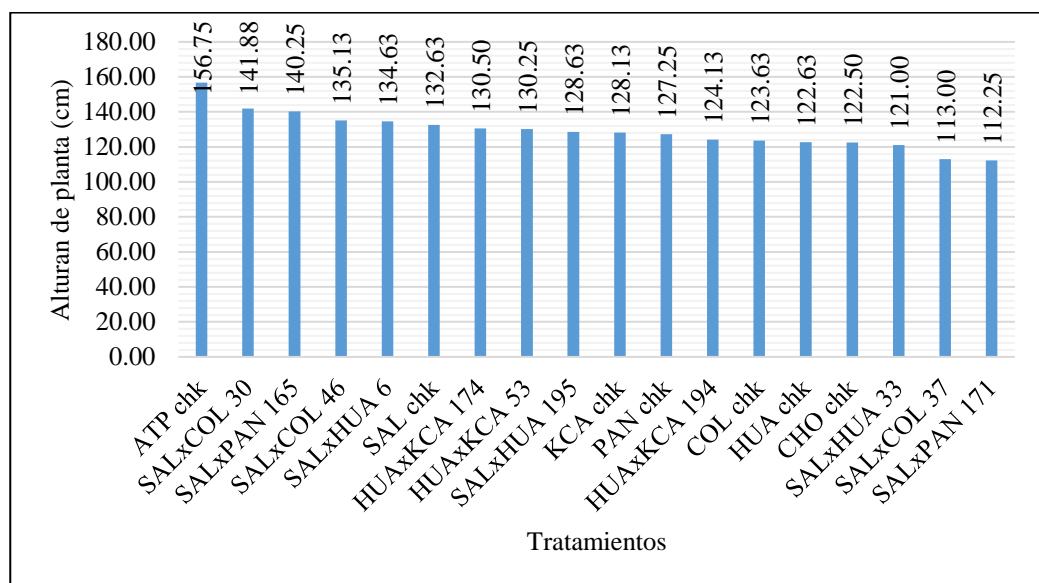


Figura 5. Altura de planta de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Los resultados obtenidos en la evaluación de altura de planta son superiores al reporte de Flores (2017), el cual indica que, la mayor altura de planta presentó la cruza PAS X KCA con 93.39cm, seguido por PAS con 89.89cm, SAL X PAN con 88.88cm, PAN con 85.67cm, SAL X HUA 77.45cm, SAL 73.06cm, HUA X KCA con 71.44cm, SAL X COL con 70.41cm, COL X KCA con 69.50cm, KCA con 69.46m, HUA con 68.98cm y finalmente COL con 62.92cm.

Romero (2021), en su estudio halló al ATP con mayor altura de planta con 121.7cm, seguidamente el parental SAL con 125.3 cm, y la línea HUAxKCA 174 con 108.0 cm. En adición, SALxCOL 30, SALxCOL 46 y el parental PAN mostraron menores alturas de planta con 87.6, 85.7 y 79.9 cm.

Barrientos (2020), reporta en su estudio, el testigo ATP registró el promedio mayor de altura con 190.78 cm, mostrando superioridad numérica y estadística sobre progenies y genitores, seguido de la progenie SALxHUA 33 y del genitor SAL con 174.93 y 173.33 cm respectivamente, siendo la progenie COLxKCA 14 y el genitor PAN las que registraron las menores alturas con 133.28 y 117.95 cm respectivamente.

Así mismo Tapia (2000), afirma que la altura de planta varía de acuerdo a la variedad, pues el cultivo de la quinua alcanza diferentes alturas; Mujica et al., (2013), indica que dentro del mejoramiento genético es la mejora de la planta referente a la



eficiencia productiva con panojas grandes y anchas, tallos gruesos y plantas de alturas medianas.

De esta manera, para el caso de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) nuevos estudios, ratifican que la altura de planta viene a ser un carácter significativo dentro del programa de mejoramiento genético y caracterización agromorfológica, consecuentemente, es preciso preferir plantas de quinua con altura mediana a baja, por su relación con el rendimiento (López et al., 2020; Manjarres et al., 2021).

Sañudo et al. (2005), aseveran que se puede mostrar variaciones en tamaño, influenciados por la época de siembra, fertilidad del suelo y condiciones climáticas; entonces, la altura por ser una característica propia de cada genotipo, su respuesta está condicionada por el medio que le rodea. Por ello, en la investigación hubo esa variabilidad en altura de planta por cada progenie, ya que posee características morfológicas particulares, comportamiento diferente, a pesar que están en el mismo medio; a la vez por la influencia de las condiciones del medio ambiente, y la cantidad de nutrientes disponibles en el suelo.

Finalmente, el estudio ha presentado variabilidad en la variable altura de planta en función a las progenies, genitores y testigos evaluadas, este resultado alcanza por la interacción genotipo x medio ambiente = fenotipo y también a la conducción como cultivo que se le proveyó, de esta forma se encontró líneas con una altura de planta mediana (Snowdon et al., 2021).

g) Diámetro de tallo principal

En la Tabla 13, se observa el análisis de varianza para diámetro de tallo, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en diámetro de tallo entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias significativas entre los tratamientos, indicando que para diámetro de tallo entre las plantas de los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 19.32%.

Tabla 13. Análisis de varianza (ANVA) para diámetro de tallo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	25.73	8.58	0.92	0.4393	n.s.
Tratamientos	17	86.45	5.09	0.54	0.9160	n.s.
Error	51	476.94	9.35			
Total	71	589.12				

CV=16.32% $\bar{X}=15.50$

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 6), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde el tratamiento SALxCOL 30 tuvo diámetro de tallo con 17.66 mm, seguido de PAN chk, CHO chk, SALxPAN 165, HUA chk, con 17.13, 17.00, 16.87, y 16.75 mm de diámetro de tallo respectivamente; el menor diámetro de tallo se tuvo en SALxPAN 171 con 13.25 mm.

Los resultados hallados en la investigación son superiores al reporte de Flores (2017), donde da a conocer que el mayor diámetro de tallo presentó la cruce PAS X KCA con 14.49 mm, además PAN con 14.49 mm seguido por SAL X PAN con 13.49 mm, Salcedo INIA con 12.53 mm, SAL X HUA con 12.50mm, SAL X COL con 10.75 mm, KCA con 10.57 mm, HUA X KCA con 10.50 mm, HUA con 10.43 mm, COL con 9.74 mm y finalmente COL X KCA con 9.70 mm.

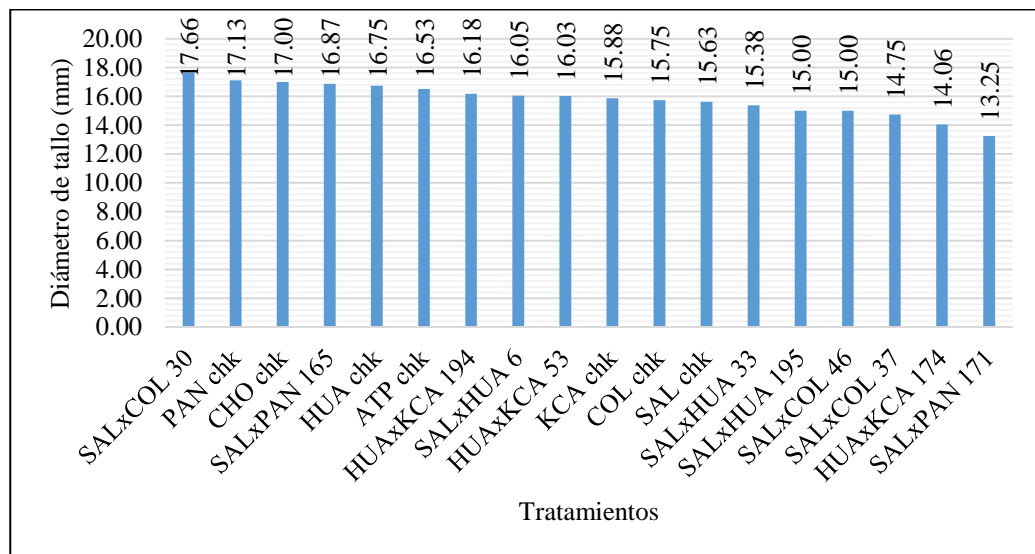


Figura 6. Diámetro de tallo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Sin embargo, los resultados obtenidos son similares hasta cierto punto con la investigación de Romero (2021), menciona que, la línea SALxPAN 171 registro mayor diámetro de tallo principal con 17.9 mm, siendo el mayor diámetro de tallo en comparación con el resto de líneas, parentales y testigos, seguidamente el parental SAL con 14.1 mm, el parental COL con 13.8 mm y el parental ATP con 12.9 mm.



Barrientos (2020), obtuvo en su investigación que, la progenie SALxHUA 33 registró el promedio mayor de diámetro con 23.20 mm, mostrando superioridad numérica sobre el resto de progenies, genitores y testigo, seguido del genitor SAL, testigo ATP y del genitor HUA con 22.39, 22.01 y 21.26 mm respectivamente, siendo la progenie COLxKCA 14 y el genitor PAN las que registraron menores diámetros con 17.10 y 16.64 mm respectivamente. Por otro lado, Mujica *et al.*, (2013), manifiestan que, el crecimiento y desarrollo de la quinua está condicionado por la genética de la planta, por la influencia de las condiciones ambientales, los factores bióticos (plagas, enfermedades y plantas extrañas dentro del cultivo). Dentro de los factores ambientales se tiene a la radiación solar, la temperatura y la humedad del suelo.

h) Longitud de la panoja

En la Tabla 14, se observa el análisis de varianza para longitud de panoja, en donde se ve que existen diferencias significativas entre bloques; indicando heterogeneidad en longitud de panoja entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos, indicando que para longitud de panoja en los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 16.62%.

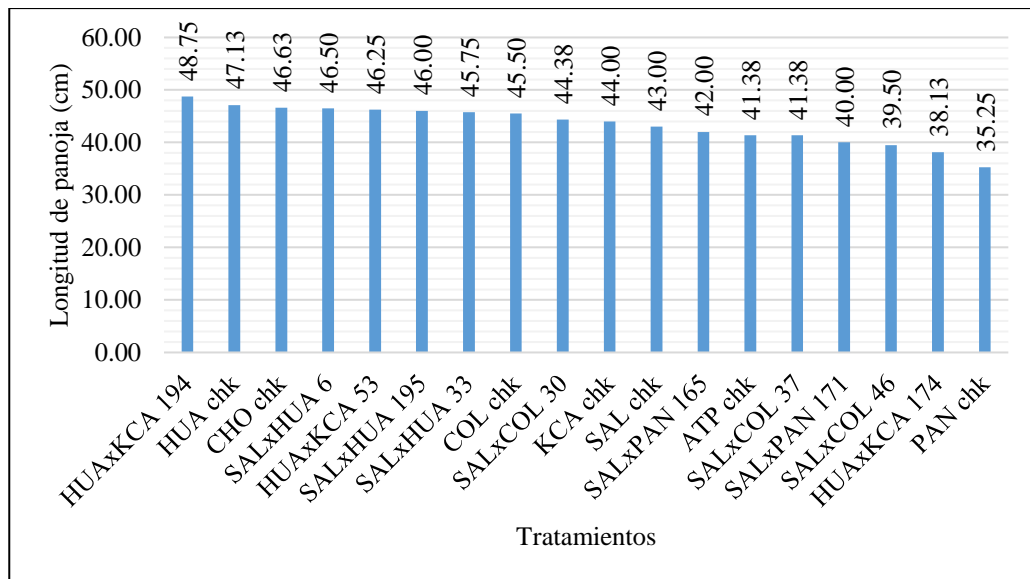


Figura 7. Longitud de panoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Por su parte Romero (2021), encontró que la línea HUAxKCA 53 registro la mayor longitud de panoja con 56.1 cm, seguido de HUAxKCA 174 con 53.4 cm y SALxPAN 58 con 51.8 cm. Sin embargo, la línea SALxCOL 46, el testigo ATP y el parental PAN mostraron menores longitudes de panoja con 44.7, 42.0 y 39.2 cm.

Barrientos (2020), reporta que, la progenie HUAxKCA 53 registró el promedio mayor de longitud con 57.50 cm, mostrando superioridad numérica sobre el resto de progenies, genitores y testigo, seguido de las progenies SALxHUA 33, HUAxKCA 194 y del genitor HUA con 55.48, 52.68 y 52.33 cm respectivamente, siendo el genitor PAN la que registró menor longitud con 36.83 cm.



Según Delgado y Benavides (2000), dan a conocer que la longitud de panoja varía entre 22 y 40 cm, y relacionan este componente con la altura de las plantas: a mayor altura de planta, mayor longitud de panoja. García *et al.* (2019), indican que el carácter de longitud de panoja depende del crecimiento y los procesos de diferenciación que ocurren en el meristema apical. Guerrero *et al.* (2008) el carácter longitud de panoja está correlacionado con el diámetro de panoja y el rendimiento. Finalmente, Manjarres *et al.* (2021), mencionan que los genotipos con longitudes medias - cortas de panoja estarían correlacionados con un alto rendimiento, esto debido a que en su evaluación encontraron genotipos con alto rendimientos, pero con panojas con longitudes medianas – cortas.

i) Diámetro de la panoja

En la Tabla 15, se observa el análisis de varianza para diámetro de panoja, en donde se ve que existen diferencias significativas entre bloques; indicando heterogeneidad en longitud de panoja entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos, indicando que para longitud de panoja en los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 17.17%.

Tabla 15. Análisis de varianza (ANVA) para diámetro de panoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	108.45	36.15	2.02	0.1227	n.s.
Tratamientos	17	380.43	22.38	1.25	0.2623	n.s.
Error	51	912.61	17.89			
Total	71	1401.50				

CV=17.17% \bar{X} =24.63

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 8), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde se visualiza que el tratamiento SALxHUA 6, SAL chk, SALxCOL 30, SALxCOL 46, SALxCOL 37 y ATP chk con 28.13, 27.50, 27.13, 27.00 y 25.50 mm respectivamente; el menor diámetro se tuvo en HUA chk, con 20.00 mm.

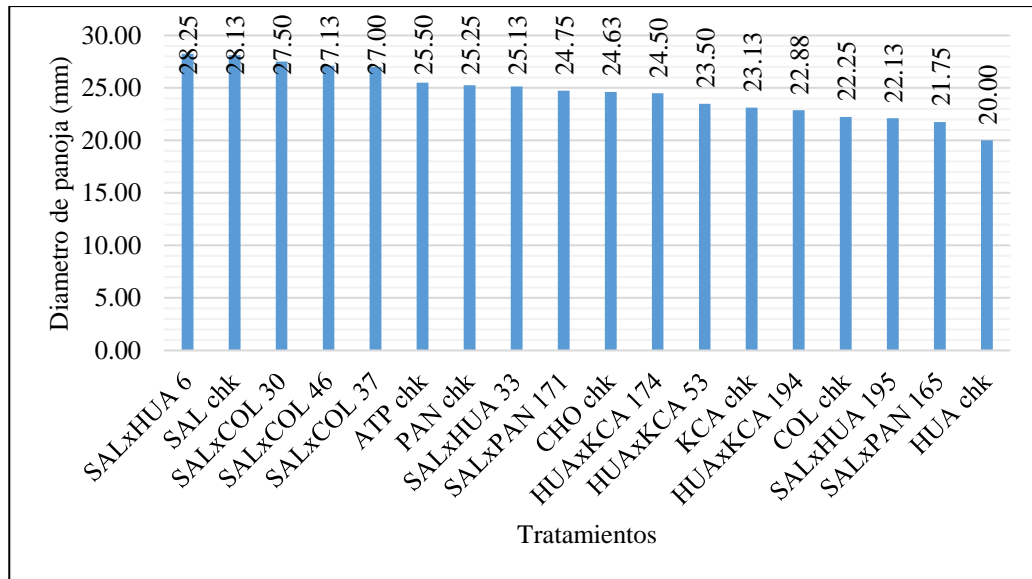


Figura 8. Diámetro de panaja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Los resultados encontrados en la investigación son superiores al reporte de Flores (2017), quien obtuvo el mayor diámetro de panaja en la cruzada PAS X KCA con 8.73 cm seguido por PAN con 8.55 cm, SAL X PAN con 7.73 cm, SAL X HUA con 6.76 cm, SAL con 6.45 cm, COL X KCA con 5.75 cm, SAL X COL con 5.75 cm, HUA X KCA con 5.74 cm, COL con 5.53 cm, HUA con 5.48 cm y finalmente KCA con 5.43 cm.

Barrientos (2020), reporta en su investigación que, el testigo ATP registró el promedio mayor de diámetro con 108.62 mm, mostrando superioridad numérica sobre progenies y genitores, seguido del genitor SAL y la progenie SALxHUA 33 con 105.73 y 100.12 mm respectivamente, siendo el genitor PAN y la progenie COLxKCA 14 las que registraron menores diámetros con 57.76 y 56.70 mm respectivamente.

Romero (2021), indica que, el parental SAL obtuvo el mayor diámetro de panoja con 72.5 mm en función a las líneas, parentales y testigos, siguiéndole el testigo CHO con 68.5 mm y la línea SALxPAN 165 con 67.4 mm. Asimismo la línea HUAxKCA 53 con 55.7 mm, seguido del parental COL con 54.4 mm y el parental PAN con 47.3 mm, obtuvieron los menores diámetros de panoja. La diferencia en los resultados, referido a este carácter puede deberse a las condiciones medio ambientales o al manejo agronómico realizado en cada experimento tal como indica Snowdon *et al.* (2021).

Coronado *et al.* (2021), efectuaron una caracterización agromorfológica en la quinua, donde reportaron un diámetro de panoja entre 75 a 385 mm. Hernández (2013), señala que el carácter diámetro de panoja, es un fenotipo que puede variar mucho según el genotipo y que no muchas veces puede incluirse en una selección agromorfológica. Sin embargo, López *et al.* (2020), revelan que no todos los caracteres agromorfológicos están correlacionados con el rendimiento. Mujica *et al.* (2013), da a conocer que dentro del mejoramiento genético en la quinua debe estar la premisa de mejorar la constitución de la planta con alta eficiencia productiva (panojas grandes y anchas, mayores diámetros de tallo y plantas de alturas mediana).

j) Diámetro del grano

En la Tabla 16, se observa el análisis de varianza para diámetro de grano, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en diámetro de grano entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos,

indicando que para diámetro de grano de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 6.35%.

Tabla 16. Análisis de varianza (ANVA) para diámetro de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	0.04	0.01	0.81	0.4922	n.s.
Tratamientos	17	2.19	0.13	7.39	<0.0015	**
Error	51	0.89	0.02			
Total	71	3.13				

CV=6.35% $\bar{X}=2.08$

En la Tabla 17, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre el diámetro de grano, en donde se visualiza que los tratamientos PAN chk tuvo mayor diámetro de grano, seguido de los tratamientos SALxCOL 37, SALxCOL 46, SAL chk, SALxCOL 30, y HUAxKCA 174 con 2.28, 2.27, 2.23, 2.20 y 2.17 mm respectivamente; el menor diámetro de grano se tuvo en COL chk con 1.76 mm.

Tabla 17. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para diámetro de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de diámetro de grano (mm)	Sig. ≤ 0.05
1	PAN chk	2.51	a
2	SALxCOL 37	2.28	a b
3	SALxCOL 46	2.27	a b
4	SAL chk	2.23	a b c
5	SALxCOL 30	2.20	a b c
6	HUAxKCA 174	2.17	a b c d
7	SALxHUA 6	2.16	b c d
8	ATP chk	2.13	b c d
9	SALxPAN 165	2.07	b c d e
10	HUAxKCA 53	2.04	b c d e
11	SALxHUA 195	2.00	b c d e
12	HUAxKCA 194	2.00	b c d e
13	SALxPAN 171	1.98	b c d e
14	KCA chk	1.98	b c d e
15	CHO chk	1.97	b c d e
16	HUA chk	1.89	c d e
17	SALxHUA 33	1.85	d e
18	COL chk	1.76	e

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Barrientos (2020), reporta que, el genitor PAN tuvo mayor de diámetro con 2.54 mm, mostrando superioridad sobre el resto de genitores, progenies y



testigo, seguido de las progenies SALxCOL 30 y SALxCOL 46 con 2.50 y 2.47 mm respectivamente, siendo el genitor COL y la progenie COLxKCA 29 las que registraron menores diámetros con 1.91 y 1.81 mm respectivamente.

López *et al.* (2020), manifiesta que, el ideotipo de la quinua cuenta con caracteres importantes a tomar en cuenta en la selección, como el diámetro de grano, porque constituye un material de calidad nutricional y genética. Domínguez (2014), quien evaluó agro morfológicamente el mismo material genético encontró un promedio entre 1.64 a 1.94 mm. Por otro lado, Manjarres *et al.* (2021), indican que el diámetro de grano esta correlacionado con el rendimiento, reportando un promedio entre 0.5 a 2.63 mm. Coincidiendo con Chura *et al.* (2019), quienes indican que el peso de las semillas y el diámetro de grano están estrechamente relacionadas.

k) Peso de 1000 semillas

En la Tabla 18, se observa el análisis de varianza para peso de 1000 semillas, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en peso de 1000 semillas entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para pesos de 1000 semillas de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 9.11%.

Tabla 18. Análisis de varianza (ANVA) para peso de 1000 granos de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	0.11	0.04	0.39	0.7614	n.s.
Tratamientos	17	16.94	1.00	10.51	<0.0001	**
Error	51	4.84	0.09			
Total	71	21.88				
CV=16.32%			$\bar{X}=15.50$			

En la Tabla 19, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre el peso de 1000 granos, en donde se visualiza que los tratamientos PAN chk, SALxCOL 30, SAL chk, SALxCOL 46, SALxHUA 33, con 4.18, 4.16, 4.11, 3.96, y 3.68 g de peso de 1000 semillas respectivamente; el menor peso de 1000 semillas se tuvo en COL chk, con 2.56 g.

Tabla 19. Peso de 1000 semillas de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de peso de 1000 granos	Sig. ≤ 0.05
1	PAN chk	4.18	a
2	SALxCOL 30	4.16	a
3	SAL chk	4.11	a
4	SALxCOL 46	3.96	a b
5	SALxHUA 33	3.68	a b c
6	SALxHUA 6	3.53	b c d



7	SALxCOL 37	3.49	b c d
8	HUAxKCA 53	3.42	b c d e
9	CHO chk	3.36	b c d e
10	SALxPAN 171	3.31	b c d e
11	ATP chk	3.30	b c d e
12	SALxPAN 165	3.30	b c d e
13	SALxHUA 195	3.13	c d e f
14	HUAxKCA 174	2.97	c d e f
15	KCA chk	2.92	d e f
16	HUA chk	2.76	e f
17	HUAxKCA 194	2.70	e f
18	COL chk	2.56	f

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Los resultados descubiertos en la investigación son superiores en más del 50% de progenies evaluadas respecto al peso de 1000 semillas, a lo encontrado por Flores (2017), quien indica que COL tuvo un peso de 1000 semillas de (2.95 gr), (SAL) con peso de 1000 semillas de (2.86 gr), (PAN) y (PAS) con peso de 1000 semillas (2.52 gr), (SAL X HUA) con peso de 1000 semillas (2.48 gr), (PAS X KCA) con peso de 1000 semillas (2.47 gr), (SAL X PAN) con peso de 1000 semillas de (2.38 gr), (HUA) con peso de 1000 semillas (2.37 gr), (HUA X KCA) con peso de 1000 semillas de (2.32 gr), (KCA) con peso de 1000 semillas (2.28 gr) y diámetro de semillas de (1.69 mm) finalmente la cruza (COL X KCA) con peso de 1000 semillas de (2.09 gr).

Romero (2021), manifiesta que las líneas (SALxCOL 30), (SALxCOL 46) y (SALxCOL 37) mostraron superioridad con respecto al peso de 1000 granos en las otras líneas, parentales y testigos con 5.4, 5.0 y 4.8 g. Asimismo, los parentales



(HUA), (KCA) y (COL) mostraron los menores pesos de 1000 granos con 2.7, 2.6 y 2.5 g. Corroborando que estas 3 líneas lograron superar a sus parentales, existiendo ganancia genética. López *et al.*, (2020), proponen que para el ideotipo de la quinua, el peso de 1000 granos debiera incluir pesos mayores entre 2.5 a 3.5 g. Barrientos (2020), en su investigación obtuvo que, el genitor (PAN) registró el promedio mayor de peso con 4.29 g, mostrando superioridad sobre el resto de genitores, progenies y testigo, seguido de las progenies (SALxCOL 30) y (SALxCOL 46) con 4.09 y 4.05 g respectivamente, siendo la progenie (COLxKCA 29) y el genitor (COL) las que registraron menores pesos con 2.64 y 2.62 g respectivamente.

1) Peso hectolitrito

En la Tabla 20, se observa el análisis de varianza para peso hectolitrico, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en peso hectolitrico entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para peso hectolitrico de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 3.26%.



Tabla 20. Análisis de varianza (ANVA) para peso hectolitrico de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	25.12	8.37	1.65	0.1899	n.s.
Tratamientos	17	254.94	15.00	2.95	<0.0015	**
Error	51	259.22	5.08			
Total	71	539.28				

CV=3.26% $\bar{X}=69.26$

En la Tabla 21, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre el peso de 1000 granos, en donde se visualiza que los tratamientos (COL chk), (SALxPAN 171), (HUAxKCA 194), (KCA chk), y (ATP chk) con 73.00, 72.02, 71.17, 71.13 y 70.97 g/cm³ respectivamente; el menor peso hectolitrico se tuvo en (PAN chk), con 65.47 g/cm³.

Tabla 21. Peso hectolitrico de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de peso hectolitrico	Sig. ≤ 0.05
1	COL chk	73.00	a
2	SALxPAN 171	72.02	a b
3	HUAxKCA 194	71.17	a b c
4	KCA chk	71.13	a b c
5	ATP chk	70.97	a b c
6	SAL chk	69.92	a b c
7	SALxCOL 46	69.81	a b c
8	SALxCOL 37	69.77	a b c
9	SALxHUA 195	69.52	a b c
10	HUA chk	69.13	a b c
11	HUAxKCA 53	68.84	a b c
12	SALxHUA 6	68.22	a b c
13	SALxPAN 165	68.09	a b c
14	CHO chk	67.69	a b c
15	SALxHUA 33	67.57	a b c
16	SALxCOL 30	67.54	a b c
17	HUAxKCA 174	66.88	b c
18	PAN chk	65.47	c

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Los resultados obtenidos en la investigación son ligeramente superior a Flores (2017), quien presentó la cruza (HUA X KCA) con (67.99 kg/hl) seguido por la cruza (SAL X HUA) con (67.53 kg/hl), (PAS X KCA) con (60.19 kg/hl), (SAL X PAN) con (60 kg/hl), (HUA) con (53.28 kg/hl), (PAS) y (PAN) con (52.81 kg/hl), (SAL) con (49.01 Kg/hl), (SAL X COL) con (47.97 kg/hl), (KCA) con (47.14 kg/hl), y el menor peso hectolitrico lo Presentó presento la cruza (COL X KCA) con (37.82 kg/hl) y el genitor femenino (COL) con (36.16 kg/hl).

m) Rendimiento de semilla por planta

En la Tabla 22, se observa el análisis de varianza para rendimiento de semilla por planta, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en rendimiento de semilla por planta entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos, indicando que el rendimiento de semilla por planta entre los tratamientos es homogéneo; además se tiene un coeficiente de variación de 35.62%.

Tabla 22. Análisis de varianza (ANVA) para rendimiento de semilla de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	96.15	32.05	0.26	0.8567	n.s.
Tratamientos	17	2447.34	143.96	1.15	0.3374	n.s.
Error	51	6385.84	125.21			
Total	71	8929.33				

CV=35.62%

\bar{X} =31.42

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 9), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde se visualiza que el tratamiento (SALxHUA 33) tuvo mayor rendimiento de semilla con 43.50 g, seguido de los tratamientos (SALxPAN 165), (SALxPAN 171), (SALxHUA 195) y (HUAxKCA 194), con 38.60, 38.36, 35.41 y 34.55 g respectivamente; el menor rendimiento de semilla por planta se tuvo en (COL chk), con 20.10 g.

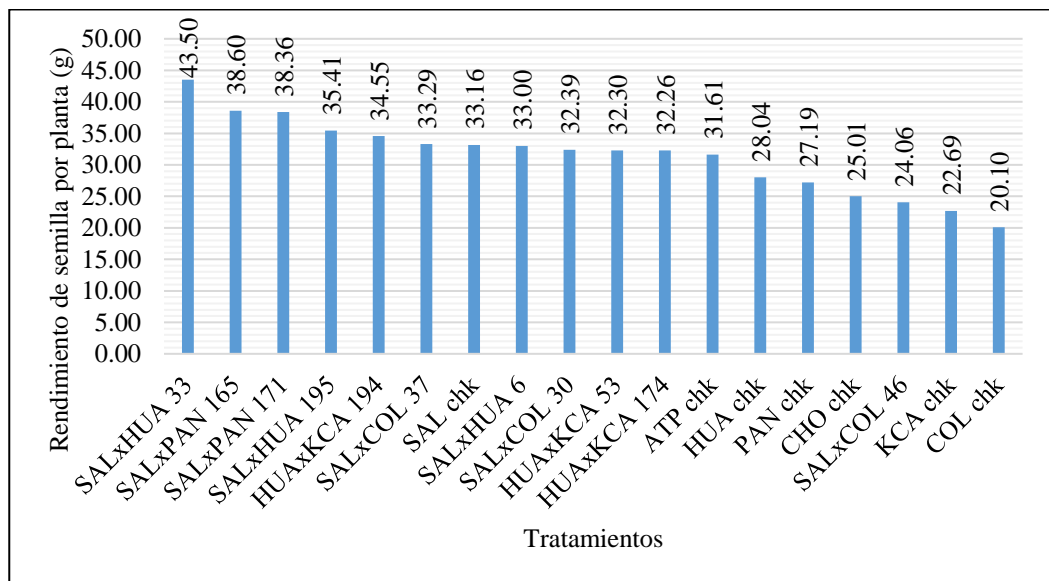


Figura 9. Rendimiento de semilla por planta de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Los resultados de la investigación son superiores al reporte de Flores (2017), quien ha documentado que el mejor rendimiento de Grano/planta presentó la crusa Huariponcho X Kancolla (HUA X KCA) con (17 gr) seguido por Salcedo INIA X Huariponcho (SAL X HUA) con (16.88 gr), Pasankalla X Kancolla (PAS X KCA) con (15.05 gr), Salcedo INIA X Pandella Rosada (SAL X PAN) con (15 gr), Huariponcho (HUA) con (13.32 gr), Pasankalla (PAS) y



Pandela Rosada (PAN) con (13.21 gr), Salcedo INIA con (12.25 gr), Salcedo INIA X Negra Collana (SAL X COL) con (11.79 gr), Kcancolla (KCA) con (11.79 gr), el menor rendimiento lo presento la cruza Negra Collana X Kcancolla (COL X KCA) con (9.46 gr) y su genitor femenino Negra Collana (COL) con (9.04 gr).

Romero (2021), dio a conocer que, la línea Salcedo INIA x Negra Collana 46 (SALxCOL 46) con 39.8 g, seguido de otra línea Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) con 38.2 g y el parental Salcedo INIA (SAL) con 35.5 g, fueron las que obtuvieron los mayores rendimientos por planta. Por otra parte, los parentales Kcancolla (KCA), Negra Collana (COL) y Pandela Rosada (PAN) obtuvieron los menores rendimientos por planta con 23.5, 19.7 y 17.7 g respectivamente. Hernández *et al.* (2021), quienes realizaron una caracterización agronómica en Colombia, reportaron un promedio entre 0 a 87.53 g por planta.

Estos resultados son respaldados por Bonifacio (2013), quien indica que el rendimiento es el resultado de las componentes de tipo genético, ambiental y la interacción genético-ambiental, donde la parte genética, que es heredable, es importante desde el punto de vista del mejoramiento.

n) Índice de cosecha

En la Tabla 23, se observa el análisis de varianza para índice de cosecha, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en índice de cosecha entre bloques; también, se muestra que no existe diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos, indicando que para índice de cosecha de los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 21.57%.

Tabla 23. Análisis de varianza (ANVA) para índice de cosecha de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	270.90	90.30	2.63	0.0602	n.s.
Tratamientos	17	546.55	32.15	0.94	0.5397	n.s.
Error	51	1752.68	34.37			
Total	71	2570.13				

CV=21.57% \bar{X} =26.97

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 11), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde se visualiza que los tratamientos (SALxCOL 37) tuvo mayor índice de cosecha con 31.58%; seguido de los tratamientos (SALxPAN 171), (HUAxKCA 194), (HUAxKCA 174), (HUA chk), y (SALxPAN 165) con 31.30, 30.74, 29.33, 28.65, y 28.30% de índice de cosecha; el menor índice de cosecha se tuvo en (SALxCOL 46), con 20.73%.

Estos resultados son inferiores al reporte de Romero (2021), donde la línea Huariponcho x Kcancolla 194 (HUAxKCA 194) tuvo 46.2%, presento superioridad con respectos a las otras líneas, parentales y testigos, seguido de la línea Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) con 45.8% y el testigo altiplano (ATP) con 45.1%. Asimismo, los parentales Pandela Rosada (PAN), Salcedo INIA (SAL) y Negra Collana (COL) presentaron menores porcentajes de índice de cosecha con 37.9, 37.7 y 35.3% respectivamente.

Al respecto, Pinargote & Mestanza (2018), en su evaluación de la determinación de índice de cosecha en genotipos de quinua en Ecuador, indica que el índice de cosecha este asociado con el rendimiento y la distancia entre los surcos, reportando un promedio entre 0.27 a 0.43%. Por otro lado, Vilca *et al.* (2015), en su investigación en la costa peruana, determinan el % de índice de cosecha de los genotipos Salcedo INIA (SAL), Kcancolla (KCA), Negra Collana (COL) y Choclito (CHO), donde reportaron los valores de 36, 37, 34 y 40%. En conclusión, Hussain *et al.* (2020), quienes trabajaron unos genotipos de quinua, indican que el índice de cosecha puede ser afectado por la interacción genotipo-ambiente, además mencionan que la salinidad puede intervenir seriamente en el % de índice de cosecha.

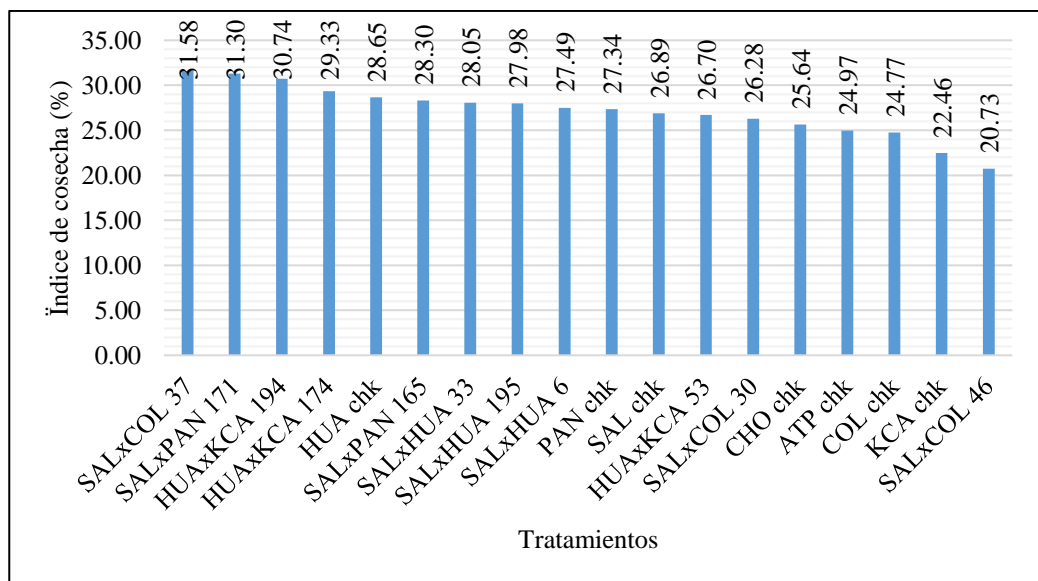


Figura 10. Índice de cosecha de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Barrientos (2020), reporta de su investigación, indicando que, la progenie Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) registró el promedio mayor con 41.2 % mostrando superioridad numérica sobre el resto de progenies, genitores y testigo, seguido de las progenies Huariponcho x Kcancolla 194 (HUAxKCA 194) y Salcedo INIA x Negra Collana 37 (SALxCOL 37) con 39.9 y 37.8 % respectivamente, siendo la progenie Pasankalla x Kcancolla 42 (PASxKCA 42) y el genitor Pasankalla (PAS) las que registraron menores promedios con 28.1 y 25.5 % respectivamente.

o) Espesor del grano

En la Tabla 24, se observa el análisis de varianza para espesor de grano, en donde se ve que existen diferencias significativas entre bloques; indicando heterogeneidad en espesor de grano entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para espesor de grano de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 8.56%.

Tabla 24. Análisis de varianza (ANVA) para espesor de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	0.09	0.03	3.00	0.0390	*
Tratamientos	17	0.41	0.02	2.49	0.0061	**
Error	51	0.49	0.01			
Total	71	0.99				

CV=8.56%

$\bar{X}=1.15$

En la Tabla 25, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre el espesor de grano, en donde se visualiza que los tratamientos (SALxCOL 46) tuvo mayor espesor de grano, seguido de los tratamientos a (PAN chk), (SAL chk), (SALxHUA 6), (KCA chk), (HUAxKCA 53), (SALxCOL 46) y (SALxPAN 165) con 1.29, 1.25, 1.21, 1.16, 1.16, 1.15 y 1.15 mm respectivamente; el menor diámetro de grano se tuvo en (HUA chk) con 1.02 mm.

Tabla 25. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para espesor de grano de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de espesor de grano (mm)	Sig. ≤ 0.05
1	SALxCOL 46	1.31	a
2	PAN chk	1.29	a
3	SAL chk	1.25	a b
4	SALxHUA 6	1.21	a b
5	KCA chk	1.16	a b
6	HUAxKCA 53	1.16	a b
7	SALxCOL 30	1.15	a b
8	SALxPAN 165	1.15	a b
9	HUAxKCA 194	1.15	a b
10	ATP chk	1.14	a b
11	SALxCOL 37	1.12	a b
12	HUAxKCA 174	1.12	a b
13	SALxHUA 33	1.11	a b



14	COL chk	1.09	a b
15	CHO chk	1.09	a b
16	SALxPAN 171	1.07	a b
17	SALxHUA 195	1.06	a b
18	HUA chk	1.02	b

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Los resultados obtenidos son diferentes al reporte de Flores (2017), quien manifiesta que la cruza Salcedo INIA X Negra Colana (SAL X COL) con diámetro de grano de (2.20 mm) seguido por Negra Collana (COL) con (1.96 mm), Salcedo INIA (SAL) con (1.94 mm), Pandela Rosada (PAN) y Pasankalla (PAS) con (1.80 mm), Salcedo INIA X Huariponcho (SAL X HUA) con (1.78 mm), Pasankalla X Kcancolla (PAS X KCA) con (1.82 mm), Salcedo INIA X Pandela Rosada (SAL X PAN) con (1.78 mm), Huariponcho (HUA) con (1.72 mm), Huariponcho X Kcancolla (HUA X KCA) con (1.67 mm), Kcancolla (KCA) con (1.69 mm) finalmente la cruza Negra Collana X Kcancolla (COL X KCA) con (1.64 mm).

De igual forma, Pantoja (2007) y Benavides y Rodríguez (2007), quienes evaluaron accesiones de quinua en Córdoba y Pasto a una altura de 2.800 msnm y 2.710 msnm, respectivamente. Barrientos (2020), de su investigación, resalta que, la progenie Salcedo INIA x Negra Collana 30 (SALxCOL 30) registró el promedio mayor de espesor con 1.38 mm, mostrando superioridad numérica sobre el resto de progenies, genitores y testigo, seguido de las progenies Salcedo INIA x Negra Collana 37 (SALxCOL 37), Salcedo INIA x Negra Collana 46 (SALxCOL 46) que registraron promedios de 1.37 y 1.36 mm respectivamente, siendo el testigo Altiplano (ATP) el que registró un promedio menor con 1.07 mm

p) Porcentaje de pureza de semilla

En la Tabla 26, se observa el análisis de varianza para porcentaje de pureza de semilla, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en porcentaje de pureza de semilla entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos, indicando que para porcentaje de pureza de semilla en los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 3.74%.

Tabla 26. Análisis de varianza (ANVA) para porcentaje de pureza de semilla de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	58.74	19.58	1.50	0.2248	n.s.
Tratamientos	17	264.23	15.54	1.19	0.3021	n.s.
Error	51	664.23	13.02			
Total	71	987.20				

CV=3.74% $\bar{X}=96.6$

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 11), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde se visualiza que el tratamiento (SALxCOL 37) y (SALxHUA 6) tuvieron mayor porcentaje de pureza de semilla con 98.93% respectivamente; seguido de los tratamientos, (SALxPAN 171), (PAN chk), (SAL chk), (SALxCOL 46) y (ATP chk) con 98.39, 98.00, 97.86, 97.86 y 97.50 % respectivamente; el menor porcentaje de pureza de semilla se tuvo en (HUAXKcancolla 53), con 91.79%.

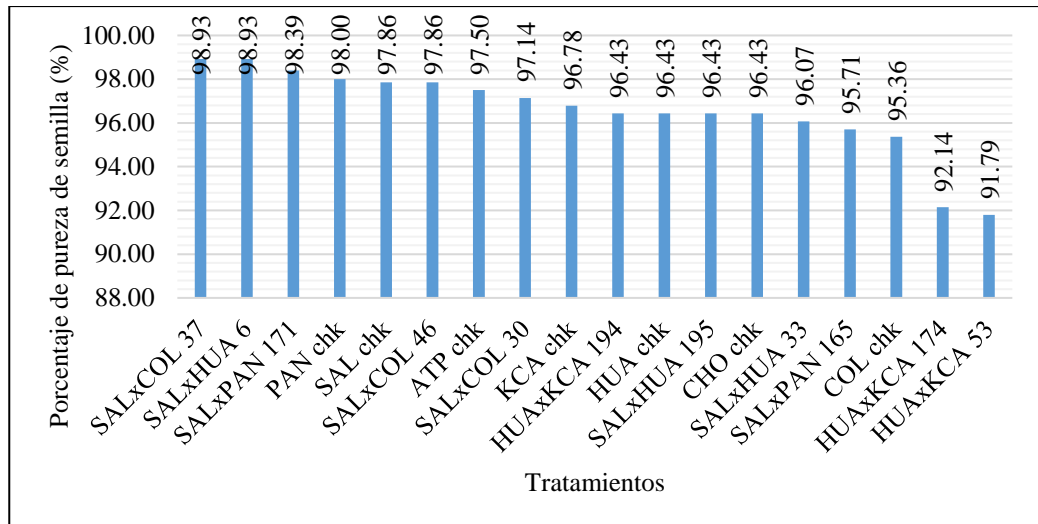


Figura 11. Porcentaje de pureza de semilla de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

q) Poder germinativo

En la Tabla 27, se observa el análisis de varianza para poder germinativo, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en poder germinativo entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para poder germinativo de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 1.26%.

Tabla 27. Análisis de varianza (ANVA) para poder germinativo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	0.71	0.24	0.15	0.9289	n.s.
Tratamientos	17	83.90	4.94	3.14	0.0008	**
Error	51	80.04	1.57			
Total	71	164.65				

CV=1.26% $\bar{X}=99.10$

En la Tabla 28, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre el poder germinativo, en donde se visualiza que los tratamientos (HUAxKCA 194), (SALxPAN 165), (SALxHUA 195), (HUA chk), A (ALT chk), y (CHO chk) tuvieron 100% de poder germinativo respectivamente; el menor poder germinativo se tuvo en (SALxCOL 46) con 96.75%.

Las diferencias en los resultados se deban probablemente a las características genéticas de las progenies, genitores y testigos, la influencia de la humedad del suelo, así como la temperatura y humedad relativa.



Tabla 28. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para poder germinativo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Promedio de poder germinativo (%)	Sig. ≤ 0.05
1	HUAxKCA 194	100.00	a
2	SALxPAN 165	100.00	a
3	SALxHUA 195	100.00	a b
4	HUA chk	100.00	a b
5	ATP chk	100.00	a b
6	CHO chk	100.00	a b
7	SALxHUA 33	99.75	a b
8	KCA chk	99.75	a b
9	SALxCOL 37	99.50	a b
10	SALxCOL 30	99.50	a b
11	SAL chk	99.50	a b
12	HUAxKCA 174	99.00	a b
13	SALxPAN 171	98.75	a b
14	PAN chk	98.50	a b
15	COL chk	97.75	a b
16	HUAxKCA 53	97.50	a b
17	SALxHUA 6	97.00	a b
18	SALxCOL 46	96.75	b

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

r) Contenido de saponina

En la Tabla 29, se observa el análisis de varianza para contenido de saponina, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en contenido de saponina entre bloques; también, se muestra que, existe diferencias estadísticas altamente significativas entre los tratamientos, indicando que para contenido de saponina de los tratamientos es heterogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 25.61%.

Tabla 29. Análisis de varianza (ANVA) para contenido de saponina de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	5.28	1.76	1.14	0.3408	*
Tratamientos	17	510.16	30.01	19.47	0.0001	**
Error	51	78.63	1.54			
Total	71	594.07				

CV=25.61% $\bar{X}=4.8$

En la Tabla 30, se observa la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para los 18 tratamientos sobre contenido de saponina, en donde se visualiza que el tratamiento (SALxHUA 195) tuvo mayor contenido de saponina; seguido de los tratamientos (SALxPAN 171), (HUA chk), (HUAxKCA 194), (HUAxKCA 53), y (HUAxKCA 174) con 7.43, 7.21, 7.15, 7.10 y 6.75 respectivamente; el menor contenido de saponina se tuvo en (CHO chk) y (COL chk) con 0.17 respectivamente.

Tabla 30. Prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) para contenido de saponina de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Orden de mérito	Tratamientos	Contenido de saponina	Sig. ≤ 0.05
1	SALxHUA 195	8.05	a
2	SALxPAN 171	7.43	a b
3	HUA chk	7.21	a b
4	HUAxKCA 194	7.15	a b
5	HUAxKCA 53	7.10	a b
6	HUAxKCA 174	6.75	a b
7	PAN chk	6.69	a b
8	SAL chk	6.46	a b
9	SALxHUA 33	6.09	a b c
10	ATP chk	5.52	a b c
11	SALxHUA 6	5.05	a b c
12	SALxPAN 165	4.81	b c
13	SALxCOL 37	4.44	b c
14	KCA chk	2.87	c d
15	SALxCOL 46	0.93	d
16	SALxCOL 30	0.40	d
17	CHO chk	0.17	d
18	COL chk	0.17	d

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Los resultados obtenidos son diferentes al reporte de Romero (2021), quien indica que, Salcedo INIA x Negra Collana 30 (SALxCOL 30) con 0.0%, Salcedo INIA x Negra Collana 46 (SALxCOL 46) con 0.0%, Salcedo INIA x Pandela



Rosada 58 (SALxPAN 58) con 0.0% y Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) con 0.001%, de esta manera estas cuatro líneas manifiestan un rasgo deseado por el mercado. Sin embargo, también hay líneas con un alto contenido de saponina los cuales son, Huariponcho x Kancolla 194 (HUAxKCA 194) con 0.068%, Huariponcho x Kancolla 53 (HUAxKCA 53) con 0.042% concediendo con Huariponcho x Kancolla 174 (HUAxKCA 174) con 0.042%.

A respecto Rojas *et al.* (2011), indica que, la cantidad de glucósidos triterpenicos (saponina) puede variar en cada genotipo y debería ser incluida como un carácter fundamental en todo programa de selección, ya que es un carácter deseado por el mercado a nivel mundial. Mastebroek *et al.* (2000), aluden que la cantidad de glucósidos triterpenicos son responsables del sabor amargo de cada genotipo, donde el sabor dulce se expresa en cantidades de 0.02% a 0.04% y muy amargas a cantidades 0.47 a 1.13%.

4.2. CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS CUANTITATIVAS

a) Longitud de peciolo

En la Tabla 31, se observa el análisis de varianza para longitud de peciolo, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en longitud de peciolo entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias significativas entre los tratamientos, indicando que para longitud de peciolo entre las plantas de los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 20.56%.

Tabla 31. Análisis de varianza (ANVA) para longitud de peciolo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	8.30	2.77	2.55	0.0657	n.s.
Tratamientos	17	22.05	1.30	1.20	0.3002	n.s.
Error	51	55.26	1.08			
Total	71	85.61				

CV=20.56% \bar{X} =5.06

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 12), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde el tratamiento (PAN chk) tuvo, mayor longitud de peciolo con 6.26 cm, seguido de (KCA chk), (SALxCOL 30), (SALxCOL 46), (CHO chk) con 5.99, 5.89, 5.56 y 5.54 cm de longitud de peciolo respectivamente; la menor longitud de peciolo se tuvo en (HUAXKCA 194) con 4.10 cm.

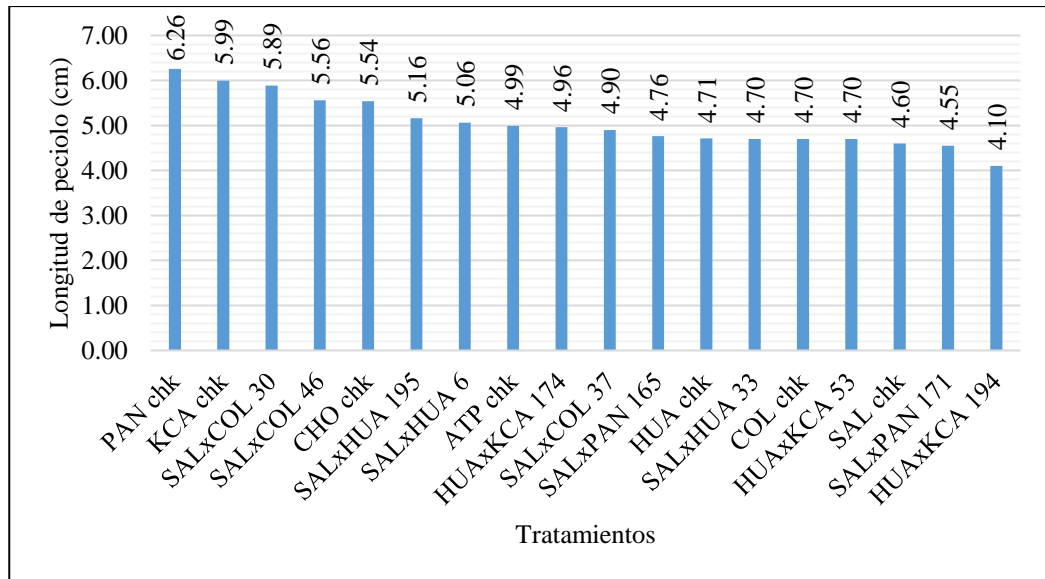


Figura 12. Longitud de peciolo de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Los resultados obtenidos en la investigación se asemejan a los resultados hallados en sus distintas progenies, reportados por Barrientos (2020), quien indica que, la progenie Pasankalla x Kcancolla 1 (PASxKCA 1) registró el promedio mayor de longitud del peciolo con 7.68 cm, mostrando superioridad numérica sobre el resto de progenies, genitores y testigo, así mismo los genitores Pasankalla (PAS) y Kcancolla (KCA) registraron promedios de 7.63 y 7.48 cm respectivamente, siendo la progenie Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) y el genitor Pandela Rosada (PAN) las que registraron las menores longitudes con 6.23 y 5.93 cm respectivamente.

b) Longitud máxima de la hoja

En la Tabla 32, se observa el análisis de varianza para longitud máxima de la hoja, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques;

indicando homogeneidad en longitud máxima de la hoja entre bloques; también, se muestra que, no existe diferencias significativas entre los tratamientos, indicando que para longitud máxima de la hoja entre las plantas de los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 15.00%.

Tabla 32. Análisis de varianza (ANVA) para longitud máxima de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	0.60	0.20	0.15	0.9322	n.s.
Tratamientos	17	30.35	1.79	1.29	0.2351	n.s.
Error	51	70.44	1.38			
Total	71	101.40				

CV=15.00% $\bar{X}=7.83$

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 13), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde el tratamiento (PAN chk) tuvo, mayor longitud máxima de la hoja con 9.40 cm, seguido de (SALxCOL 30), (KCA chk), (SALxHUA 195), (SALxHUA 33) con 8.74, 8.74, 8.11 y 8.10 cm de longitud máxima de la hoja respectivamente; la menor longitud máxima de la hoja se tuvo en (HUAxKCA 53) con 6.93 cm.

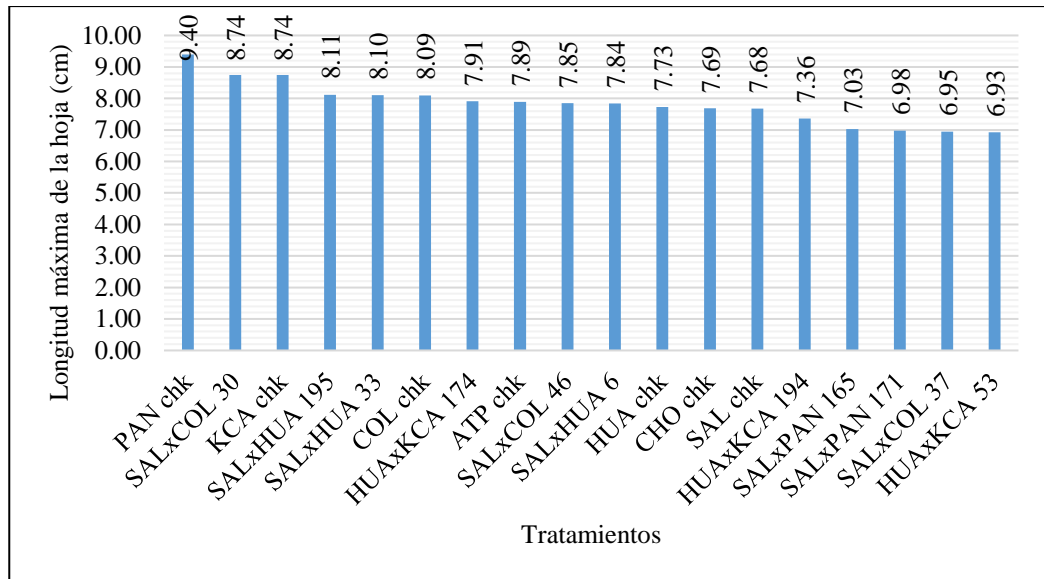


Figura 13. Longitud máxima de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Los resultados obtenidos en la investigación son menores al reporte de Barrientos (2020), quien obtuvo que la progenie Salcedo INIA x Pandela Rosada 165 (SALxPAN 165) registró el promedio mayor de longitud con 12.85 cm, mostrando superioridad numérica sobre el resto de progenies, genitores y testigo, seguido del testigo Altiplano (ATP) y del genitor Salcedo INIA (SAL) con 12.48 y 12.15 cm respectivamente, siendo las progenies Salcedo INIA x Negra Collana 46 (SALxCOL 46) y Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) las que registraron las menores longitudes con 9.35 y 9.30 cm respectivamente.

c) Ancho máximo de la hoja

En la Tabla 33, se observa el análisis de varianza para ancho máximo de la hoja, en donde se ve que no existen diferencias significativas entre bloques; indicando homogeneidad en ancho máximo de la hoja entre bloques; también, se

muestra que, no existe diferencias significativas entre los tratamientos, indicando que para ancho máximo de la hoja entre las plantas de los tratamientos es homogénea; además se tiene un coeficiente de variación de 17.84%.

Tabla 33. Análisis de varianza (ANVA) para ancho máximo de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

F.V.	G.L.	SC	CM	F	p-valor	Sig.
Bloques	3	4.81	1.60	0.87	0.4614	n.s.
Tratamientos	17	27.22	1.60	0.87	0.6073	n.s.
Error	51	93.62	1.84			
Total	71	125.64				

CV=17.84% $\bar{X}=7.60$

Como no hubo diferencia estadística significativa entre tratamientos en estudio, se presenta un gráfico (Figura 14), para visualizar las diferencias matemáticas; en donde el tratamiento (PAN chk) tuvo, mayor ancho máximo de la hoja con 8.60 cm, seguido de (SALxHUA 195), (KCA chk), (CHO chk), (SALxCOL 46), con 8.59, 8.38, 8.16 y 8.04 cm de ancho máximo de la hoja respectivamente; el menor ancho máximo de la hoja se tuvo en (HUAxKCA 53) con 6.09 cm.

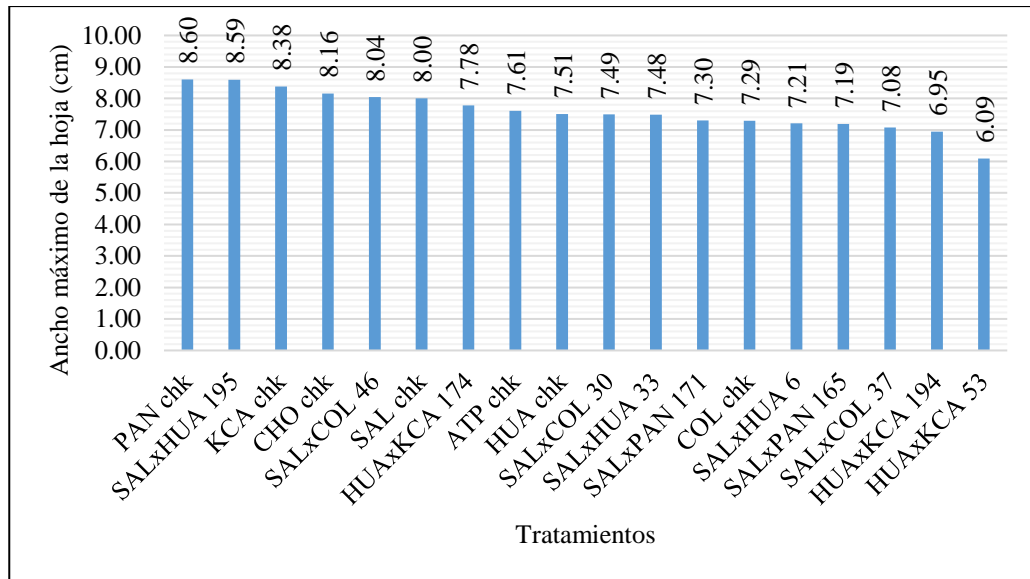


Figura 14. Ancho máximo de la hoja de 18 tratamientos (5 progenies de alto rendimiento, 6 progenies resistentes a bajas temperaturas y sequía, 6 genitores y 2 testigos) de quinua.

Los resultados hallados en la investigación varían respecto al reporte de Barrientos (2020), quien indica que, el genitor Salcedo INIA (SAL) registró el promedio mayor de 12.1 cm, mostrando superioridad numérica sobre el resto de genitores, progenies y testigo, seguido del testigo Altiplano (ATP) y del genitor Negra Collana (COL) con 11.1 y 10 cm respectivamente, siendo las progenies Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) y Salcedo INIA x Negra Collana 46 (SALxCOL 46) las que registraron promedios menores con 8.6 y 8.5 cm; estas diferencias se deben a las características genéticas que poseen cada progenie, influencia de factores climáticos y la fertilidad el suelo.



Análisis Multivariado

Análisis de componentes principales

Las variables seleccionadas para el análisis de componentes principales, fueron utilizadas en muchas investigaciones a nivel mundial, las cuales proponían un ideotipo de quinua utilizando diferentes caracteres (Campos *et al.*, 2020; Coronado *et al.*, 2021; EL-Harty *et al.*, 2021; Jarvis *et al.*, 2017; López-Marqués *et al.*, 2020; Manjarres-Hernández *et al.*, 2021; Manjarres-Hernández *et al.*, 2021; Yu *et al.*, 2021). Por lo tanto, se trabajó con las siguientes variables: Longitud del peciolo (LPH), Longitud máxima de a hoja (LMH), Ancho máximo de la hoja (AMH), Altura de planta (AP), Diámetro del tallo principal (DTP), Peso de 1000 granos (PMG), Peso hectolitrico (PH), Rendimiento de semilla por planta (RS), Días formación del botón floral (DFBF), Días hasta el 50% de floración (DCF), Nro. De días hasta grano lechoso (NDGL), Nro. De días hasta grano pastoso (NDGP), Días 50% de la madurez fisiológica (NDMF), Índice de cosecha (IC), Longitud de la panoja (LPA), Diámetro de la panoja (DP), Diámetro del grano (DR), y Espesor del grano (EG, las cuales fueron sometidas al análisis de PCA, donde el componente número uno contiene 48% y el componente numero dos contiene 21.5% de información de los datos originales, esto explicaría que entre el componente uno y dos se encuentra un total de 69.5% de los datos originales.

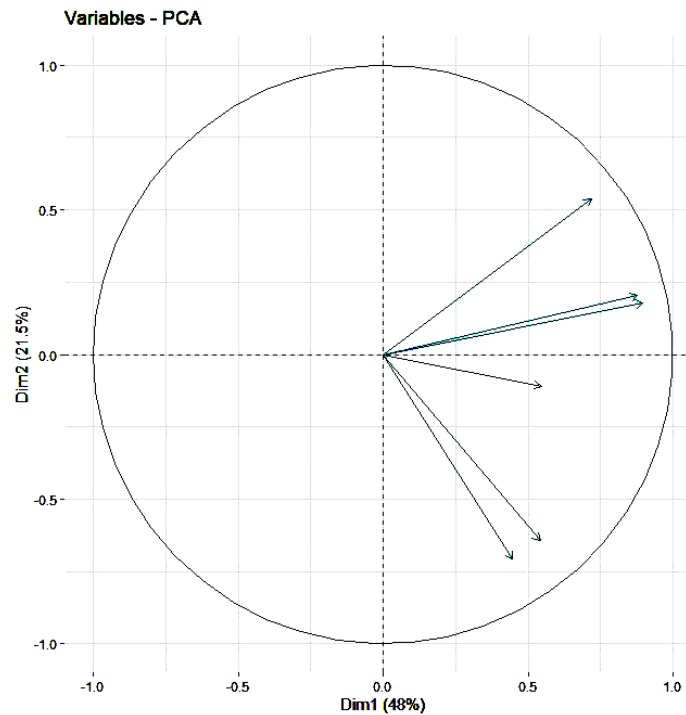


Figura 15. Proporción de explicación entre el componente 1 y 2

En la Figura 15, se observa las variables que están más vinculadas con el eje positivo de la dimensión 1 son: Ancho máximo de la hoja (AMH), Longitud máxima de a hoja (LMH), Longitud del peciolo (LPH), Peso de 1000 granos (PMG), Altura de planta (AP), y Diámetro del tallo principal (DTP). Además se puede visualizar el análisis de correlación de las variables mediante la explicación de la variación de las mismas, donde se evidencia que existe una correlación positiva moderada entre las variables Longitud máxima de a hoja (LMH) y Longitud del peciolo (LPH); las variables Ancho máximo de la hoja (AMH) y Peso de 1000 granos (PMG) tuvieron una correlación positiva baja, y las variables Altura de planta (AP), y Diámetro del tallo principal (DTP) tuvieron un correlación positiva muy baja.

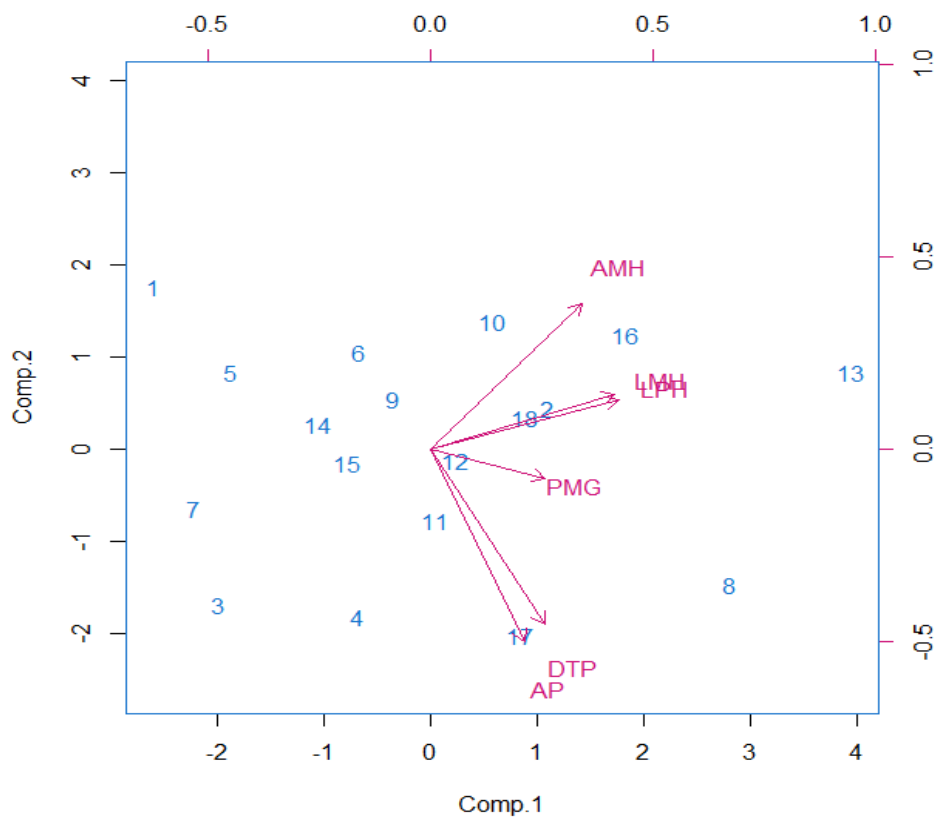


Figura 16. Distribución de las variables

Al respecto de los resultados Flores (2017), reporta que las variables que están más vinculadas con el eje positivo de la dimensión 1 son: longitud de panoja (LP) rendimiento por planta (RT), rendimiento por hectárea (RT/Ha), peso hectolitrico (PHI). Altura de planta (AP), diámetro de tallo (DT), diámetro de panoja (DP), floración (FL) y madurez fisiológica (MF) Las variables más vinculadas con el eje positivo de la dimensión 2 peso de 1000 granos (P1000) y diámetro de grano (DMG).

Barrientos (2020), reporta dentro del plano principal dos componentes (dimensiones) donde la componente uno contiene el 36.86 % de información de la tabla de datos original y la componente dos contiene el 27.25 % de información de la tabla de datos original, esto explica que entre el eje uno y dos, se está



trabajando con el 64.11 % de los datos originales. Además, evidencia que obtuvo una correlación de similitud entre las variables rendimiento, peso de 1000 granos y diámetro de grano, diferenciándose de las demás variables; la variable diámetro de panoja se correlaciona positivamente con el rendimiento que están ubicados en el cuadrante 1, así mismo se puede apreciar que los vectores están bien representados positivamente. Las variables número de días hasta la madurez fisiológica, diámetro de tallo principal y altura de planta existen dependencias fuertes y están representadas positivamente en el círculo de correlaciones.

4.3. CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS CUALITATIVAS

a) Susceptibilidad a enfermedades

En la Tabla 34, con respecto a la variable cualitativa agronómica SE (Susceptibilidad a enfermedades) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde las progenies SAL x COL 37 y HUA x KCA 174 tuvieron una susceptibilidad a enfermedades de “alta”. Las progenies SAL X COL 30, SAL X HUA 33 y SAL x HUA 6, además el genitor COL Negra Collana tuvo una susceptibilidad de “baja”. Las progenies SAL X PAN y SAL x HUA 195 tuvieron una susceptibilidad de “muy baja”. Mientras que las demás progenies, genitores y testigos tuvieron una susceptibilidad de “Intermedia”.

Los resultados difieren al reporte de Romero (2021), quien obtuvo que los testigos Altiplano (ATP) y Choclito (CHO) presentaron una susceptibilidad alta, asimismo respecto a los parentales presentaron leves variaciones en la manifestación de este hongo, en Negra Collana (COL), Huariponcho (HUA) y



Salcedo INIA (SAL), presento una susceptibilidad alta, mientras que Pandela Rosada (PAN) y Kcancolla (KCA) manifestaron una susceptibilidad baja. También en las líneas se manifestó una pequeña variación, donde las líneas Huariponcho x Kcancolla 174 y 53, Salcedo INIA x Negra Collana 30 y 37, 91 Salcedo INIA x Pandela Rosada 171, presentaron una susceptibilidad alta, por otro lado, las demás líneas presentaron una susceptibilidad intermedia.

Estos resultados son respaldados por López-Marqués *et al.* (2020), quienes afirman que la propuesta del ideotipo de la quinua, indican que el carácter de resistencia al mildiu, es muy importante a considerar en programas de mejoramiento genético, por otra parte, señala que los genotipos de quinua amargas tienen más resistencia al mildiu que las quinuas dulces, que son más susceptibles, indicando que esto puede deberse al contenido de saponina. Nagaraja *et al.* (2021), aclaran que la manifestación del mildiu depende directamente de las condiciones ambientales, como la humedad y la temperatura.

b) Daños provocados por aves

En la Tabla 34, con respecto a la variable cualitativa agronómica SE (Susceptibilidad a enfermedades) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde todas las progenies, genitores y testigos se caracterizaron por tener un daño provocados por aves de “muy bajo”.

Los resultados obtenidos difieren al reporte Romero (2021), quien obtuvo que los testigos Altiplano (ATP) y Choclito (CHO) presentaron un bajo daño, por



otra parte, los parentales mostraron diferencias, con respecto a los parentales Negra Collana (COL) y Huariponcho (HUA) que presentaron un daño alto, por otra parte, los parentales Salcedo INIA (SAL), Pandela Rosada (PAN) manifestaron un daño muy bajo y Kcancolla (KCA) presento un daño bajo. Por otro parte, las líneas Huariponcho x Kcancolla 174, 194 y 53 presentaron un daño muy bajo, mientras que las líneas Salcedo INIA x Pandela Rosada 165, 171 y 58 92 presentaron un daño bajo, y finalmente las líneas Salcedo INIA x Negra Collana 30, 37 y 46 presentaron un daño alto.

Los resultados obtenidos difieren a lo manifestado por Nagaraja *et al.* (2021), quienes indican que el daño de aves afecta directamente el rendimiento de la quinua; por otro lado, señala que el daño por aves depende del clima, sistema de cultivo, manejo agronómico y genoma del cultivo, ya que cada cultivo tiene diferentes capacidades de adaptación. Barrientos (2020), dio a conocer que el daño por aves en las líneas, fue desde muy bajo, bajo, alta y muy alta. Estos resultados difieren con el presente estudio, donde se obtuvo en gran mayoría de las líneas un daño de muy bajo, este hecho podría justificarse en gran medida al contenido de saponina de cada línea, pero no podemos aseverarlo. También, el daño por aves, estaría correlacionada con el contenido de saponina de cada línea, ya que las aves son atraídas por las líneas dulces o con menor contenido de saponina.

Tabla 34. Variables cualitativas agronómicas (SE y DPA)

	SE (Susceptibilidad a enfermedades)	DPA (Daños provocados por aves)
SAL x PAN 171	Intermedia	Muy bajo
SAL x COL 46	Intermedia	Muy bajo
HUA X KCA 53	Intermedia	Muy bajo
SAL X PAN 165	Muy baja	Muy bajo
SAL x COL 37	Alta	Muy bajo
HUA x KCA 174	Alta	Muy bajo
HUA X KCA 194	Intermedia	Muy bajo
SAL X COL 30	Baja	Muy bajo
SAL X HUA 33	Baja	Muy bajo
SAL x HUA 195	Muy baja	Muy bajo
SAL x HUA 6 re	Baja	Muy bajo
SAL Salcedo-INIA	Intermedia	Muy bajo
PAN	Muy baja	Muy bajo
COL	Baja	Muy bajo
HUA	Intermedia	Muy bajo
KCA	Intermedia	Muy bajo
ATP	Intermedia	Muy bajo
CHO	Intermedia	Muy bajo

4.4. VARIABLES MORFOLÓGICAS CUALITATIVAS

a) Hábito de crecimiento

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico HC (Hábito de crecimiento) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA,



(2013), en donde todas las progenies, genitores y testigos tuvieron un hábito de crecimiento “simple”.

b) Presencia de axilas pigmentadas

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico PAP (Presencia de axilas pigmentadas) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), el cual consiste en categorías de ausencia y presencia; donde los genitores PAN Pandela resultado de la campaña 2019-2020 y KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020, además el testigo CHO Choclito resultado de la campaña 2019-2020, se categorizaron por presentar axilas pigmentadas. Mientras de las demás progenies, genitores y testigos se caracterizaron por no presentar axilas pigmentadas.

c) Color de las estrías

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CE (Color de las estrías) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), donde la progenie SAL x COL 37 resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizó por presentar un color de estrías amarillo; mientras que el genitor KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020 tuvo un color púrpura. Mientras de las demás progenies, genitores y testigos se caracterizaron por presentar un color de estrías verde.



d) Color del peciolo

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CP (Color de peciolo) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioersivity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), donde los genitores PAN Pandela resultado de la campaña 2019-2020 y KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizaron por presentar un color de peciolo verde-rojo. Mientras de las demás progenies, genitores y testigos se caracterizaron por presentar un color de peciolo verde.

e) Color de la lámina foliar

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CLF (Color de la lámina foliar) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioersivity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), donde todas las progenies, genitores y testigos se caracterizaron por presentar un color de la lámina foliar verde.

f) Color de la panoja en la floración

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CPF (Color de la panoja en la floración) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioersivity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), donde las progenies SAL x PAN 171 resultado de la campaña 2019-2020, HUA X KCA 53 resultado de la campaña 2019-2020, SAL X PAN 165 resultado de la campaña 2019-2020, HUA x KCA 174 resultado de la campaña 2019-2020, HUA X KCA 194 resultado de la campaña 2019-2020, SAL



X HUA 33 resultado de la campaña 2018-2019, SAL x HUA 195 resultado de la campaña 2018-2019 y PAN Pandela resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizaron por presentar un color de la panoja en la floración de mixtura. Los genitores HUA Huariponcho resultado de la campaña 2019-2020 y KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizaron por presentar un color de la panoja en la floración de purpura. Mientras de las demás progenies, genitores y testigos se caracterizaron por presentar un color de panoja en floración verde.

Los resultados obtenidos por Romero (2021), corroboran las diferencias en el color de panoja al tener diferentes cruzas, indicando que, en categoría de verde, purpura, rojo y mixtura (purpura y rojo), donde los testigos Altiplano (ATP) y Choclito (CHO) presentaron coloración verde, asimismo todos los parentales presentaron el mismo color, a excepción de Kcancolla (KCA) que presente un color Purpura. Por otro lado, las líneas como Huariponcho x Kcancolla 174, 194 y 53 presentaron una coloración purpura, lo mismo para las líneas Salcedo INIA x Pandela Rosada 165, 171 y 58. Sin embargo las líneas Salcedo INIA x Negra Collana 30, 37 y 46 manifestaron una coloración verde en floración.

Barrientos (2020), reporto que la mayoría de las líneas caracterizadas mostraron una coloración Purpura a excepción de unos pocos que manifestaron el color verde de panoja en floración. EL-Harty *et al.* (2021), indica que en la floración los genotipos manifestaron una coloración verde, con excepción de unos pocos que presentaron colores rojos y purpuras, indicando que el carácter de color en la floración está determinado en el genotipo. También Manjarres-Hernández *et*



al. (2021), dio a conocer los colores de verde, amarillo y violeta en la floración, indicando que este carácter está determinado por cada genotipo. Por otro lado, Baturaygil *et al.* (2021), al investigar en amaranto, manifiesta que la heterogeneidad residual puede detectarse por el carácter de color en la floración. Emrani *et al.* (2020), manifiesta que en una población se puede tener una mayor respuesta de un carácter morfológico o cualitativo, el cual es una respuesta de la dominancia de un gen, el cual se expresa en la mayoría de la población evaluada.

Estos resultados al comparar con lo obtenido en la investigación son diferentes en cierta medida ya que se presentó una coloración de mixtura (varios colores), Purpura y verde, afirmándose que el genotipo influye en su coloración.

g) Color de panoja en la madurez fisiológica

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CPMF (Color de la panoja en la madurez fisiológica) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioersivity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde las progenies HUA X KCA 53 resultado de la campaña 2019-2020, HUA x KCA 174 resultado de la campaña 2019-2020, HUA X KCA 194 resultado de la campaña 2019-2020, SAL X HUA 33 resultado de la campaña 2018-2019, SAL x HUA 195 resultado de la campaña 2018-2019, además del genitor HUA Huariponcho resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizaron por presentar un color de panoja en la madurez fisiológica de naranja. Las progenies SAL x PAN 171 resultado de la campaña 2019-2020, SAL X PAN 165 resultado de la campaña 2019-2020, y los genitores PAN Pandela resultado de la campaña 2019-2020 y KCA Kcancolla resultado de la campaña



2019-2020 se caracterizaron por poseer una coloración de panoja en la madurez fisiológica de rosado. El genitor COL Negra Collana resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizó por poseer una coloración gris de panoja. Mientras que las demás progenies genitores y testigos tuvieron una coloración de panoja blanco.

Los resultados hallados en la investigación son diferentes al reporte de Romero (2021), quien obtuvo diferente coloración, indicando que los testigos Altiplano (ATP) y Choclito (CHO) presentaron coloración blanca, de igual manera los parentales Salcedo INIA (SAL) y Kcancolla (KCA) presentaron el color blanco, mientras que los parentales Negra Collana (COL) manifestó un color gris, Huariponcho (HUA) presentó un color café y finalmente Pandela Rosada (PAN) con un color purpura. Por otro lado, las líneas Huariponcho x Kcancolla 174, 194 y 53 presentaron una coloración café, mientras que las líneas Salcedo INIA x Negra Collana 30, 37 y 46 manifestaron una coloración blanca y finalmente las líneas Salcedo INIA x Pandela Rosada 165, 171 y 58 manifestaron una coloración purpura en la madurez fisiológica.

De igual forma Barrientos (2020), dio a conocer que en las líneas que el color de la panoja en madurez fisiológica, manifestaron diferencias como anaranjado, blanco, rosado y gris. Por otro lado, EL-Harty et al. (2021), obtuvo que los genotipos de quinua un color naranja, amarillo y rojo. Manjarres-Hernández *et al.* (2021), en una caracterización agromorfológica de 30 genotipos de quinua en Colombia, indica que tuvo colores de café a amarillo. Emrani *et al.* (2020), expresan que esta característica se da por la expresión de un carácter en la mayoría, está determinada por la dominancia de un gen.



h) Forma de la panoja

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico FP (Forma de panoja) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde las progenies SAL x COL 46 resultado de la campaña 2019-2020, SAL x COL 37 resultado de la campaña 2019-2020, SAL X COL 30 resultado de la campaña 2019-2020, SAL X HUA 33 resultado de la campaña 2018-2019, SAL x HUA 195 resultado de la campaña 2018-2019, SAL Salcedo-INIA resultado de la campaña 2019-2020, COL Negra Collana resultado de la campaña 2019-2020 y ATP Altiplano resultado de la campaña 2019-2020 tuvieron una forma de la panoja Glomerulada. Los genitores PAN Pandela resultado de la campaña 2019-2020 y KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020 tuvieron una forma de panoja amarantiforme. Mientras que las demás progenies genitores y testigos tuvieron una forma de panoja intermedia.

Los resultados son diferentes al reporte de Romero (2021), quien obtuvo en los testigos Altiplano (ATP) y Choclito (CHO) variantes en formas de panoja, como intermedio y amarantiforme respectivamente; los parentales presentaron panojas de forma intermedias a excepción de Salcedo INIA (SAL) que fue glomerulada, el cual es un rasgo genético, sin embargo, las demás líneas manifestaron la forma intermedia.

Por otro lado, Barrientos (2020), obtuvo en la forma de la panoja en las líneas, formas intermedias y amarantiformes. Por otra parte, EL-Harty *et al.* (2021), reportaron formas de panojas amarantiformes, asimismo mencionaron que



este carácter está determinado por el genotipo. Manjarres-Hernández *et al.* (2021), quienes estudiaron una caracterización agromorfológica de 30 genotipos de quinua en Colombia, dieron a conocer una forma glomerulada e intermedia de panoja, en la gran mayoría de sus genotipos, aclarando que el carácter glomerulado sería relacionado con el rendimiento. Estas diferencias y/o similitudes en los resultados, se debe sobre todo el genotipo de cada individuo y el actuar de algún gen dominante, además una forma de panoja intermedia en las líneas, esto podría deberse a la homocigosis entre las líneas (Emrani *et al.*, 2020).

i) Color del perigonio

De acuerdo a la Tabla 57 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CDP (Color del perigonio) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde la progenie SAL x PAN 171 resultado de la campaña 2019-2020 y el genitor PAN Pandela resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizaron por poseer un color de perigonio rosado. El genitor HUA Huariponcho resultado de la campaña 2019-2020 tuvo un color de perigonio amarillo. Mientras que las demás progenies genitores y testigos tuvieron un color de perigonio crema.

j) Aspectos del pericarpio

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico ADP (Aspectos del pericarpio) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde todos las progenies, genitores y testigos tuvieron un aspecto del pericarpio “sucroso”.



k) Color del pericarpio

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CPE (Color del pericarpio) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde las progenies HUA X KCA 53 resultado de la campaña 2019-2020, HUA x KCA 174 resultado de la campaña 2019-2020, HUA X KCA 194 resultado de la campaña 2019-2020 y SAL x HUA 195 resultado de la campaña 2018-2019, además del genitor HUA Huariponcho resultado de la campaña 2019-2020 tuvieron un color del pericarpio “amarillo”. La progenie SAL X HUA 33 resultado de la campaña 2018-2019 tuvo un color de pericarpio “amarillo dorado”. Todos las demás progenies, genitores y testigos tuvieron un color del pericarpio “crema”.

l) Apariencia del episperma

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico AE (Apariencia del episperma) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde todos las progenies, genitores y testigos tuvieron una apariencia del episperma “opaco”.

m) Color del episperma

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico CDE (Color del episperma) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde el genitor COL Negra Collana resultado de la campaña 2019-



2020 se caracterizó por poseer un color del episperma “negro”. Mientras que, todas las progenies, genitores y testigos tuvieron un color del episperma “blanco”.

n) Forma del grano

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico FG (Forma del grano) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde todas las progenies, genitores y testigos tuvieron una forma del grano “cilíndrico”.

o) Tipo de crecimiento

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico TC (Tipo de crecimiento) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde todas las progenies, genitores y testigos tuvieron un tipo de crecimiento “herbáceo”.

p) Densidad de la panoja

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico DP (Densidad de la panoja) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde las progenies HUA X KCA 53 resultado de la campaña 2019-2020, SAL X PAN 165 resultado de la campaña 2019-2020, HUA x KCA 174 resultado de la campaña 2019-2020, HUA X KCA 194 resultado de la campaña 2019-2020 y SAL x HUA 6 resultado de la campaña 2018-2019, además de los genitores COL Negra Collana resultado de la campaña 2019-2020, HUA



Huariponcho resultado de la campaña 2019-2020 y KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020, los testigos ATP Altiplano resultado de la campaña 2019-2020 y CHO Choclito resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizaron por poseer una densidad de panoja “intermedia”. Mientras que las demás progenies y genitores tuvieron una densidad de panoja “compacta”.

Los resultados obtenidos en cierta forma son corroborados por Romero (2021) quien obtuvo en los testigos Altiplano (ATP) y Choclito (CHO) una densidad de panoja intermedia; en los parentales se presentó pequeñas variaciones, como Negra Collana (COL), Huariponcho (HUA) y Pandela Rosada (PAN), que manifestaron una densidad de panoja laxa, mientras que Kcancolla (KCA) una densidad intermedia y Salcedo INIA (SAL) una densidad Compacta. Por otro lado, las líneas como Huariponcho x Kcancolla 174, 194 y 53 presentaron una densidad intermedia, laxa e intermedia, en cambio las otras líneas presentaron una densidad intermedia en su panoja.

Al respecto, Barrientos (2020), obtuvo en las líneas, variaciones entre intermedias, compactas y laxas. Manjarres-Hernández *et al.* (2021), el carácter densidad de panoja contribuye significativamente a la selección o discriminación de líneas, dentro de un programa de mejoramiento genético, debido a que permite seleccionar líneas potencialmente rendidoras, sobre todo las formas compactas e intermedias, asimismo reportó que sus genotipos manifestaron una densidad laxa e intermedia en condiciones de Colombia. EL-Harty *et al.* (2021), indican densidades laxas a intermedias, indicando que las líneas o genotipos con densidades intermedias son potencialmente variedades con alto rendimiento.



Emrani *et al.* (2020), concluyen que la expresión de un carácter en la mayoría de la población, determina la dominancia de un gen.

q) Forma de la hoja

De acuerdo a la Tabla 58 (Anexo 2), con respecto a la variable cualitativa morfológico FH (Forma de la hoja) para lo cual, se utilizó una categoría propuesta por el Bioversity International, FAO, PROINPA, & INIAF, FIDA, (2013), en donde las progenies SAL x COL 46 resultado de la campaña 2019-2020, SAL X PAN 165 resultado de la campaña 2019-2020, SAL x COL 37 resultado de la campaña 2019-2020, HUA x KCA 174 resultado de la campaña 2019-2020, HUA X KCA 194 resultado de la campaña 2019-2020, el genitor SAL Salcedo-INIA resultado de la campaña 2019-2020 y los testigos ATP Altiplano resultado de la campaña 2019-2020 y CHO Choclito resultado de la campaña 2019-2020 se caracterizaron por tener una forma de hoja “triangular”. Mientras que las demás progenies y genitores tuvieron una forma de hoja “romboidal”.

4.5. CARACTERISTICAS QUIMICAMENTE

4.5.1. Contenido de proteína

En la Tabla 35, se observa el contenido de proteína de las progenies en estudio, donde el mayor contenido de proteína se obtuvo en las progenies HUAXKCA174, HUAXKCA194 y HUAXKCA53 con 17.58, 17.42 y 17.36% respectivamente. Varias accesiones fluctuaron su contenido de proteína desde 16.84% (SALxCOL 37) a 16.64% (SALxPAN 165). Mientras que las progenies SALxCOL 30 y SALxPAN 171 tuvieron menor contenido de proteína con 16.56 y 16.47%.

Tabla 35. Contenido de proteína de las progenies en estudio.

Orden	Progenie	Proteína (g/100gramos de semilla. BS.)				Observaciones
		I	II	III	Promedio	
1	HUAxKCA 174	17.59	17.67	17.48	17.58	Distante
2	HUAxKCA 194	17.36	17.57	17.33	17.42	Distante
3	HUAxKCA 53	17.34	17.44	17.30	17.36	Distante
4	SALxCOL 37	16.86	16.98	16.68	16.84	Distante
5	SALxCOL 46	16.66	16.99	16.42	16.69	Distante
6	SALxPAN 58	16.58	16.96	16.47	16.67	Cercana
7	SALxPAN 165	16.54	17.04	16.34	16.64	Cercana
8	SALxCOL 30	16.58	16.72	16.38	16.56	Distante
9	SALxPAN 171	16.38	16.54	16.49	16.47	Cercana

Fuente: Laboratorio de Química Vegetal. Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos- ICTA, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (FCEFyN), Universidad Nacional de Córdoba, Argentina (2022).

Romero (2021), da a conocer diferentes resultados en proteína indicando que Salcedo INIA x Negra Collana 37 (SALxCOL 37) con 12.00% y Salcedo INIA x Negra Collana 30 (SALxCOL 30) con 12.39 % y la línea Salcedo INIA x Negra Collana 46



(SALxCOL 46) con 11.96%, también se obtuvo menor cantidad de proteína en Salcedo INIA x Pandela Rosada 165 (SALxPAN 165) con 10.63%, del mismo modo Salcedo INIA x Pandela Rosada 171 (SALxPAN 171) con 10.77% de proteína.

Los resultados son respaldados por Galindo *et al.* (2021), quienes, al estudiar el contenido de proteína en diferentes genotipos, revelan que no existe mucha variación en el contenido de proteína, y que esta variable estaría correlacionada con las condiciones edafoclimáticas. Barrientos (2020), por su parte dio a conocer cantidades altas de proteína entre 12.72 a 17.81%. Por otro lado, Catucuamba (2021), señala que la calidad nutricional de la quinua dependería significativamente del estado nutricional del suelo. Estas afirmaciones indicarían el motivo del porque el contenido de proteína es variable entre genotipos de quinua, aclarándose que existen otros factores que influyen en ello.

4.5.2. Contenido de saponina

En la Tabla 36, se observa el contenido de saponina de las progenies en estudio, donde el menor contenido de saponina se obtuvo en la progenie SALxCOL46 con 0.159, SALxCOL30, SALxCOL37, con 0.167 g/100g de semilla definiéndola como dulces. Las accesiones de contenido de saponina intermedia o mediana fueron SALxPAN165, SALxPAN 171, SALxPAN 58. Mientras que las HUAxKCA174, HUAxKCA194, HUAxKCA53 tuvieron mayor contenido de saponina con 3.43, 2.19, 2.11 g/100g de semilla definidas como amargas.

Tabla 36. Contenido de Saponina de las progenies en estudio.

Orden	Progenie	Contenido saponina (g/100g semilla)				Cruza	Observaciones
		I	II	III	Promedio		
1	SALxCOL30	0.154	0.176	0.171	0.167	Distante	Dulce
2	SALxCOL37	0.151	0.174	0.176	0.167	Distante	Dulce
3	SALxCOL46	0.156	0.164	0.157	0.159	Distante	Dulce
4	SALxPAN165	1.045	1.055	1.035	1.045	Cercana	Mediana
5	SALxPAN 171	1.30	1.36	1.30	1.32	Cercana	Mediana
6	SALxPAN 58	1.42	1.49	1.44	1.45	Cercana	Mediana
7	HUAxKCA174	3.40	3.67	3.22	3.43	Distante	Amarga
8	HUAxKCA194	2.14	2.35	2.08	2.19	Distante	Amarga
9	HUAxKCA53	2.07	2.04	2.22	2.11	Distante	Amarga

Fuente: Laboratorio de Química Vegetal. Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos- ICTA, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (FCEFYN), Universidad Nacional de Córdoba, Argentina (2022).



V. CONCLUSIONES

- a) De la Caracterización agronómica cuantitativas las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente las más resaltantes progenies fueron: la crusa de SAL x PAN 171 con rendimiento de semilla por planta 38.36g; 179.5 días de 50% de la madurez fisiológica; IC de 31.30%, diámetro de panoja 24.75 cm, peso de 1000 semillas 3.31g; SAL x COL 37 CON 180 50% de la madurez fisiológica, IC 31.57%, rendimiento de semilla por planta 33.29 g, diámetro de panoja 27 cm, peso de 1000 semillas 3.49g, diámetro del grano 2.28mm. y SAL x COL 46 con 24.04g rendimiento de semilla por planta, 183.25 días en 50% de la madurez fisiológica; IC 20.72%; peso de 1000 semillas 3.97 g; diámetro del grano 2.27mm.

La Caracterización agronómica cualitativas de las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente las más resistentes al Mildiu son SALxPAN 171, SALxCOL 46, HUAxKCA 53, SALxPAN 165, SALxCOL 37, HUAxKCA 174, HUAxKCA 194 y en cuanto a ataque por aves las más susceptible es el genitor PAN chk; SALxCOL 30 es moderadamente susceptible, SALxPAN 171 intermedia y HUAxKCA174 las más resistente.

- b) La Caracterización morfológica cuantitativas de las progenies procedentes de cruzas simples distantes y cercanas genéticamente fueron: en la longitud de peciolo, la progenie Salcedo INIA x Negra collana 30 en con 5.89 cm y Salcedo INIA x Negra collana 46 con 5.56 cm; en longitud máxima de hoja, la progenie Salcedo INIA x Negra collana 30 con 8.74 cm y Salcedo INIA x Huariponcho 33



con 8.10 cm; en ancho máximo de hoja, Salcedo INIA x Huariponcho 195 con 8.59 cm y Salcedo INIA x Negra collana 46 con 8.04 cm

De la Caracterización morfológica cualitativa las progenies procedentes de cruces simples distantes y cercanas genéticamente todas las progenies presentan axilas pigmentadas “ausentes”; color de estrías “verde” excepto SAL x COL 37 “amarillo”; color de peciolo y de la lámina foliar “verde”; la mayoría de progenies color panoja en floración “mixtura” y en madurez fisiológica “naranja”; forma de panoja “intermedia” y “glomerulada”; tipo de crecimiento “herbáceo”, hábito de crecimiento “simple”; prevalece la densidad de panoja “intermedia”; hojas tipo “triangular” y “romboidal”.

- c) La Caracterización química del contenido de proteína de las cruces simples, distantes y cercanas genéticamente fueron: HUA x KCA 174 tuvo 17.58%, HUA x KCA 194 con 17.42% siendo las más altas y la cruce SAL x PAN 171 con 16.47% siendo la más baja.

La Caracterización química del contenido de saponina de las cruces simples, distantes y cercanas genéticamente fueron: HUAxKCA174, HUAxKCA194, HUAxKCA53 con 3.43, 2.19, 2.11 g/100g semilla respectivamente definidas con alto contenido de saponina (amargas) y SALxCOL46 con 0.159 g/100g semilla siendo el menor contenido de saponina definida como dulce.



VI. RECOMENDACIONES

Se recomienda continuar con las etapas del programa de mejoramiento genético en quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) con las mejores cruzas simples SAL x PAN 171, SAL x COL 37 que tuvieron mejor comportamiento agronómico en diferentes condiciones edafoclimáticas en función al rendimiento, precocidad, plagas y enfermedades.

Elaborar trabajos de investigación con las progenies intermedias como: HUAxKCA 53, SALxPAN 165, SALxCOL 37, HUAxKCA 174, HUAxKCA 194, SALxCOL 30, SALxHUA 33, SALxHUA 195 y SALxHUA 6 con niveles de fertilización, resistencia a plagas y enfermedades y en otras condiciones climáticas.

Se recomienda tomar en cuenta las variables morfológicas para una futura caracterización de aquellas que resulten ser las mejores ya que servirán como apoyo para la descripción y caracterización de las futuras y posibles variedades.



VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abbott, L. y Pistorale, S. (2010). Determinación de componentes de la varianza y heredabilidad en cebadilla criolla (*Bromus catharticus* Vahl.). Agroscientia. Córdoba.
- Abugoch, L. (2009). Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): Composition, chemistry, nutritional and functional properties. *Advances in Food and Nutrition Research* 58: 1-31.
- AGROIDEAS (2020). Modelo de plan de negocio de quinua (Incentivo Adopción de Tecnologías) – AGROIDEAS. Programa de compensaciones para la competitividad. Lima, Perú. 105 p.
- AOAC (2005) Official method of Analysis. 18th Edition, Association of Officiating Analytical Chemists, Washington DC, Method 935.14 and 992.24.
- AOAC (2000) Official Methods of Analysis. 17th Edition, The Association of Official Analytical Chemists, Gaithersburg, MD, USA. Methods 925.10, 65.17, 974.24, 992.16.
- Apaza, V.; Cáceres, G.; Estrada, R.; Pinedo, R. (2013). Catálogo de variedades comerciales de quinua en el Perú. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. 1ra ed. Lima, Perú. 80 p.
- Apaza, J. (2014). Caracterización y variabilidad de progenies s3 autofecundadas, procedentes de cruza simples genéticamente distantes y cercanas, en seis cultivares de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd). Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa, 133p.
- Arana, J. (2014). Comparativo de rendimiento de 10 variedades de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en siembra de primavera, en el Centro Experimental Agrícola III



- Los pichones – Tacna. Tesis de grado. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann-Tacna. Tacna, Perú. 121 p.
http://repositorio.unjbg.edu.pe/bitstream/handle/UNJBG/1754/573_2015_arana_bedia_j_p_fcag_agronomia.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Arzate, A.; Piña, J.; Norman, T.; y Arroyo, H. (2019), Apuntes de genética vegetal, México, Universidad Autónoma del Estado de México. 162 p.
<https://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/104554/Apuntes%20de%20genética%20vegetal.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Ayala, G.; Ortega, L. and Moron, C. (2001). Valor Nutritivo y Usos de la Quinoa. Capítulo VIII: En: Mujica, A.; Jacobsen, J.; Izquierdo & Marathee, J. (eds.) Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): Ancestral Cultivo Andino, Alimento del Presente y Futuro. FAO, UNA, Puno, CIP. Santiago de Chile.
http://www.condesan.org/publicacion/Libro03/cap8_1.htm#top.
- Barioglio, C. (2006). Diccionario de las ciencias agropecuarias – 1ra ed.- Córdoba: Encuentro grupo editor. Córdoba, Argentina. 496 p.
- Barrientos, E. (2020). Rendimiento y evaluación agromorfológica de 18 progenies de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) procedentes de cruza simples distantes y cercanas en el CIP. Camacani e Illpa. Universidad Nacional del Altiplano. 214 p.
<http://repositorio.unap.edu.pe/handle/UNAP/15782>
- Baturaygil, A.; Stetter, M. & Schmid, K. (2021). Breeding *Amaranth* for Biomass: Evaluating Dry Matter Content and Biomass Potential in Early and Late Maturing Genotypes. *Agronomy*, 11(5), 16p. <https://doi.org/10.3390/agronomy11050970>
- Bioversity International, FAO, PROINPA, INIAF y FIDA. 2013. Descriptores para quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. Bioversity International, Roma, Italia; Organización de las Naciones Unidas para la



- Agricultura y la Alimentación, Roma, Italia; Fundación PROINPA, La Paz, Bolivia; Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal, La Paz, Bolivia; Fondo Internacional de Desarrollo Agrícola, Roma, Italia. 52 p.
- Bazile, D.; Bertero, D. y Nieto, C. (2014). Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013: FAO (Santiago de Chile) y CIRAD, (Montpellier, Francia), 724 p.
https://agritrop.cirad.fr/574145/1/document_574145.pdf
- Bhandari, H.; Nishant, A.; Srivastava, K.; Singh, M.; & Hemantaranjan, A. (2017). Assessment of genetic diversity in crop plants—An overview. *Advances in Plants & Agriculture Research*, Volume 7(Issue 3), 8p.
<https://doi.org/10.15406/apar.2017.07.00255>
- Bonifacio, A. (2013). Mejoramiento Genético de la Quinua en los Andes. IV Congreso Mundial de la Quinua y I Simposio Internacional de Granos Andinos. (Ibarra, 8-12 de Jul 2013) Memorias. Ibarra, EC. p. 17-18
- Camarena, F.; Chura, J. y Blas, R.H. 2014). Mejoramiento genético y biotecnológico de plantas. UNALM/AGROBANCO. Lima, Perú. 286 p.
- Catacora, P. y Canahua, A. (1991). Selección de genotipos de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) resistentes a heladas y perspectivas de producción en camellones. En: Actas del VII Congreso Internacional sobre Cultivos Andinos. La Paz, 4-8 febrero. IBTA, ORSTOM, CIID- Canadá. La Paz, Bolivia. pp. 53-56.
- Catucuamba, T. (2021). Estudio de la sustitución parcial de harina de trigo (*Triticum aestivum*) por harina de quinua (*Chenopodium quinoa* Willdenow) en la elaboración de cupcake relleno de chocolate. Tesis para optar el grado de Ingeniero de Alimentos en la Universidad Estatal de Carchi. 87p.
<http://www.repositorio.upec.edu.ec/handle/123456789/947>



- Coronado, A.; Hernández, E.; & Coronado, Y. (2021). Phenotypic diversity of agromorphological characteristics of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) germplasm in Colombia. *Scientia Agricola*, 79p.
<https://doi.org/10.1590/1678-992X-2021-0017>
- Chura, E.; Mujica, A.; Haussmann, B.; Smith, K.; Flores, S.; & Flores, A. (2019). Agronomic characterization of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) progeny from close and distant self-fertilized s5 simple crosses. *Ciencia e Investigación Agraria*, pp.154-165. <https://doi.org/DOI 10.7764/rcia.v46i2.2142>
- Donoso, C.; Premoli, A.; Gallo, L.; Ipinza, R. (2004). Variación intraespecífica en las especies arbóreas de los bosques templados de Chile y Argentina. Editorial Universitaria, S.A. Primera Edición. Santiago – Chile. 420 p.
- Domínguez, J. (2014). Caracterización agromorfológica de progenies autofecundadas S4, procedentes de cruza simples, genéticamente distantes y cercanas en quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.), en condiciones de campiña de Arequipa. Tesis de grado. UNAS. Arequipa – Perú. 105 p.
- EL-Harty, E.; Ghazy, A.; Alateeq, T.; Al-Faifi, S.; Khan, M.; Afzal, M.; Alghamdi, S.; & Migdadi, H. (2021). Morphological and Molecular Characterization of Quinoa Genotypes. *Agriculture*, 11(4), 286p.
<https://doi.org/10.3390/agriculture11040286>
- Falconer, D.; y Mackay, T. (2006). *Genética cuantitativa*. España: Editorial Acribia.
- Emrani, N.; Hasler, M.; Patiranage, D.; Nathaly, M.; Rey, E.; & Jung, C. (2020). An efficient method to produce segregating populations in quinoa (*Chenopodium quinoa*). *Plant Breeding*, 139(6), 1190-1200pp. <https://doi.org/10.1111/pbr.12873>



- FAO. (2011). La Quinoa: Cultivo milenario para contribuir a la seguridad alimentaria mundial. Organización para la Alimentación y la Agricultura, Roma, Italia.
http://www.fao.org/fileadmin/templates/aiq2013/res/es/cultivo_quinoa_es.pdf.
- Fuentes, F.; Bazile, D.; Bhargava, A.; y Martinez, E. (2012). Implications of farmers' seed exchanges for on-farm conservation of quinoa, as revealed by its genetic diversity in Chile. *Journal of Agricultural Science* 150: 702-716.
- Flores, S. (2017). Caracterización agronómica y variabilidad genética de progenies de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) procedentes de autofecundaciones s5 de cruza simples cercanas y distantes genéticamente. Tesis de Pregrado. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional del Altiplano. Puno, Perú. 129 p.
- Flores, R. (2016). Comportamiento agronómico de nueve variedades de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) bajo condiciones de zona áridas en la irrigación Majes. Tesis de grado. Facultad de agronomía, Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa. Arequipa, Perú. 104 p.
<http://repositorio.unsa.edu.pe/bitstream/handle/UNSA/2350/AGfldurl.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Galindo, R.; Pont, L.; Minic, Z.; Berezovski, M.; Sanz, V.; & Benavente, F. (2021). Characterization and differentiation of quinoa seed proteomes by label-free mass spectrometry-based shotgun proteomics. *Food Chemistry*, 363, 13p.
<https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.130250>
- Gandarillas, H. (1979). Botánica de la quinoa y cañihua. En: quinoa y Cañihua. Cultivos Andinos. Serie de Libros y materiales educativos No. 49. CIID-IICA. Bogotá, Colombia. pp. 20-33.
- García, M.; García, J.; & Deaquiz, Y. (2019). Physiological performance of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) under agricultural climatic conditions in Boyaca,



Colombia. Agronomía Colombiana, 37(2), pp.144-152.

<https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v37n2.76219>

Gómez, L. y Aguilar, E. (2016). Guía de cultivo de la quinua. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura, Universidad Nacional Agraria La Molina. 2da ed. Lima, Perú. 130 p.

Gómez, L. y Aguilar, E. (2012). Catálogo del Banco de Germoplasma de Quinua (*Chenopodium quinoa* willd.). UNALM. Lima, Perú. (p.18, 22, 24, 25, 27-28, 30, 32, 38-39).

Gonzales, D. (2015). Desarrollo local de las comunidades de Huacanapi y Alto Yaraque con enfoque de OECOM. Tesis de grado. Facultad de Ciencias Económicas y Financieras, Carrera Economía, Universidad Mayor de San Andrés. La Paz, Bolivia. 158 p.

Guerrero, J.; Vallejo, M.; & Betancourth, C. (2008). Evaluación de 16 selecciones de quinua dulce (*Chenopodium quinoa* Willd) en el municipio de Guaitarilla, Nariño. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 25(1 y 2), pp. 130-149.

Henríquez, P. (2002). Glosario de términos útiles para el manejo de los recursos filogenéticos. 1ra ed. San Salvador, El Salvador: REMERFI. 92 p.
<http://repiica.iica.int/docs/B1154e/B1154e.pdf>

Hernández, A. (2013). Caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. *Revista Bio Ciencias*, 2(3), Article 3p. <https://doi.org/10.15741/revbio.02.03.05>

Hidalgo, R. (2003). Variabilidad genética y caracterización de especies Vegetales En: Boletín Técnico N° 8 Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos Filogenéticos. Instituto Internacional de Recursos Fito genéticos (IPGRI). Cali, Colombia. 89 p.



- Hussain, M.; Muscolo, A.; Ahmed, M.; Asghar, M.; & Al-Dakheel, A. (2020). Agro-Morphological, Yield and Quality Traits and Interrelationship with Yield Stability in Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Genotypes under Saline Marginal Environment. *Plants* (Basel, Switzerland), 9(12), 16p.
<https://doi.org/10.3390/plants9121763>
- Huillca, J. (2013). Comparativo de rendimiento de cinco compuestos y dos variedades de kiwicha (*Amaranthus caudatus* L.) en condiciones de k'ayra. Tesis de grado. Carrera profesional de Agronomía, Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. K'ayra- Cusco- Perú. 190 p.
- IICA (2002). Glosario de términos útiles para el manejo de los recursos filogenéticos. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura. Red Mesoamericana de Recursos Filogenéticos-REMERFI. San Salvador, El Salvador. 92 p.
- ITIS. (2020). Integrated Taxonomic Information System. Disponible en: https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSN.
- Jarvis, D.; Ho, Y.; Lightfoot, D.; Schmöckel, S.; Li, B.; Borm, T.; Ohyanagi, H.; Mineta, K.; Michell, C.; Saber, N.; Kharbatia, N.; Rupper, R.; Sharp, A.; Dally, N.; Boughton, B.; Woo, Y.; Gao, G.; Schijlen, E.; Guo, X.; Tester, M. (2017). The genome of *Chenopodium quinoa*. *Nature*, 542(7641), pp. 307-312.
<https://doi.org/10.1038/nature21370>
- Joshi, D.; Meena, R.; & Chandora, R. (2021). Chapter 3 - Genetic resources: Collection, characterization, conservation, and documentation. En M. Singh & S. Sood (Eds.), *Millets and Pseudo Cereals*. Woodhead Publishing pp. 19-31.
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-820089-6.00003-3>



- Karp, A. y Edward, K. (1998). DNA markers: a global overview. In: G. Caetano- Anollés, P.M. eds. DNA markers: protocols, aplicaciones and overviews. Gresshoff. New York. p. 1-13.
- Loo, J. (2012). Principios aplicados de genética para la conservación de la diversidad biológica. Manual de genética de la conservación. 1ra ed. México. 196 p.
- López J. e Hidalgo, M. (1994). Análisis de componentes principales y análisis factorial en: Ato, M. y López, J. J. (eds.). Fundamentos de estadística con Systat. Addison Wesley Iberoamericana. pp. 457-503.
- López, R.; Nørrevang, A.; Ache, P.; Moog, M.; Visintainer, D.; Wendt, T.; Østerberg, J.; Dockter, C.; Jørgensen, M.; Salvador, A.; Hedrich, R.; Gao, C.; Jacobsen, S.; Shabala, S., & Palmgren, M. (2020). Prospects for the accelerated improvement of the resilient crop quinoa. *Journal of Experimental Botany*, 71(18), 16p. <https://doi.org/10.1093/jxb/eraa285>
- Mamani, K.; Ramos, M.; Soncco, N.; Velásquez, H. (2018). Dimensión socioeconómica del centro poblado de Camacani. Monografía. Escuela Profesional de Administración, Facultad de Ciencias Contables y Administrativas, Universidad Nacional del Altiplano. Puno, Perú. 52 p.
- Manjarres, E.; Arias, D., Morillo, A.; Ojeda, Z. & Cárdenas, A. (2021). Phenotypic Characterization of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) for the Selection of Promising Materials for Breeding Programs. *Plants*, 10(7), 16p. <https://doi.org/10.3390/plants10071339>
- Manjarres, E.; Morillo, A.; Ojeda, Z.; Cárdenas, A. & Arias, D. (2021). Characterization of the yield components and selection of materials for breeding programs of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Euphytica*, 217(6), 101p. <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02837-5>



- Marqu ez, K.; Vega, L.; Alvarez, L. (2021). Glosario de t erminos agron omicos. 1ra ed. Lima, Per . 129 p.
- Mastebroek, H.; Limburg, H.; Gilles, T. & Marvin, H. (2000). Occurrence of sapogenins in leaves and seeds of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd). Journal of the Science of Food and Agriculture, 80(1), pp.152-156. [https://doi.org/10.1002/\(SICI\)1097-0010\(20000101\)80:1<152::AID-JSFA503>3.0.CO;2-P](https://doi.org/10.1002/(SICI)1097-0010(20000101)80:1<152::AID-JSFA503>3.0.CO;2-P)
- Mart nez, E. (2014). Quinoa: Aspectos nutricionales del Arroz de los Incas. p. 331-340. En Bazile D. et al. (Editores). Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013. FAO (Santiago de Chile) y CIRAD, (Montpellier, Francia).
- Mancera, J.; Pena, E.; Giraldo, R.; Santos, A. (2003). Introducci n a la Modelaci n Ecol gica. Principios y aplicaciones. Primera edici n. Santa Fe de Bogot . 109 p.
- MINAG (2017). La quinua: Producci n y Comercio del Per . Bolet n-Perfil t cnico N 2. Direcci n General de Pol ticas Agrarias, Direcci n de Estudios Econ micos e Informaci n Agraria. Lima, Per . 08p.
- Mohammad, N. (2005). Metodolog a de la investigaci n. (2da ed.). LIMUSA. 528p.
- Matus, I. (2015). El cultivo de la quinua en Chile. Bolet n N 362. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigaci n Rayent . Rengo. Chile. 103 p.
- Moreno, G. (1999). Marcadores moleculares en el mejoramiento gen tico de plantas. Centro de Investigaci n Agraria. Paper nro 10. Coru a, Espa a.
- Mujica, A.; Suquilanda, M.; Chura, E.; Ruiz, E.; Le n, A.; Cutipa, S. y Ponce, C. (2013). Producci n org nica de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd). Universidad Nacional del Altiplano, FINCAGRO. Puno, Per . 118 p.
- Mujica, A.; Jacobsen, S. (2000). Agro diversidad de las aynocas de quinua y la seguridad alimentaria. En agrodiversidad en la regi n andina y amaz nica. Lima-Per .



- Mujica, A.; Izquierdo, J.; Pierre, J.; & Jacobsen, S. (2000). Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Ancestral cultivo andino, alimento del presente y futuro. 261p.
- Mujica, A. (2015). Origen de la quinoa e historia de su domesticación (*Chenopodium quinoa* Willd.). Tierra Adentro N°108: 14-17.
- Mujica, A.; Izquierdo, J. and Marathee, J. (2001). Origen y descripción de la quinoa. pp. 9-29 En: Mujica, A., S. E. Jacobsen, J. Izquierdo & J. P. Marathee (eds.) Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): Ancestral Cultivo Andino, Alimento del Presente y Ruturo. FAO, UNA, Puno, CIP. Santiago de Chile.
<http://www.condesan.org/publicacion/Libro03/cap1.htm>.
- Mujica, A.; Canahua, A. y Saravia, R. (2010). Libro Quinoa Ancestral del cultivo de Los Andes. Capitulo II. Agronomía del cultivo de la quinoa. Publicado por Miranda, M. <http://es.scribd.com/doc/29879087/Libro-Quinoa-Ancestral-Cultivo-de-Los-Andes-R-Miranda#scribd>.
- Nagaraja, A.; Chethana, B. & Jain, A. (2021). Chapter 7—Biotic stresses and their management. En M. Singh & S. Sood (Eds.), Millets and Pseudo Cereals. Woodhead Publishing. pp. 119-142. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-820089-6.00007-0>
- Pérez, A. y Aguirre, C. (2006). Manejo y adaptabilidad del cultivo de Quinoa en la Sierra Central del Perú. INIEA. Manual N° 02 – 06. Huancayo, Perú.
- Pinargote, J. & Mestanza, C. (2018). "Producción de biomasa y determinación den índice de cosecha en genotipos de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd), en la finca experimental la María. 99p.



- Ramírez, M. (2012). Evaluación de las propiedades físicas y químicas en dos variedades de quinua expandida (*Chenopodium quinoa* Willd). Tesis de Posgrado. Escuela de Postgrado. Universidad Nacional del Altiplano. Puno, Perú. 112 p.
<http://repositorio.unap.edu.pe/bitstream/handle/UNAP/383/EPG740-00740-01.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Rentaría, M. 2007. Breve Revisión de los Marcadores Moleculares. En: Eguiarte, L.; Souza, V.; Aguirre, X., compiladores. Ecología Molecular. 1ª edición. México: Instituto Nacional de Ecología, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. p. 541-562.
- Repo-Carrasco, R.; Espinoza, C.; and Jacobsen, S. (2003). Nutritional value and use of the Andean crops quinoa (*Chenopodium quinoa*) and kañiwa (*Chenopodium pallidicaule*). Food Reviews International 19: 179-189.
- Rojas, W.; Alandia, G.; Irigoyen, J.; Blajos, J.; & Santivañes, T. (2011). Quinoa an ancient crop to contribute to world food security. Regional Office for Latin America and the Caribbean. 63p.
- Romero, E. (2021). Caracterización agromorfológica de líneas autofecundadas S10 de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) procedentes de cruces simples cercanas y distantes genéticamente en Potojani Puno – Perú. Tesis de Pregrado. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional del Altiplano. Puno, Perú. 129 p.
- Staub, J; Félix S. (1996). Genetic markers, map construction and their application in plant breeding. Revista Hort Science Vol. 31 paper N° 5 University of Wisconsin-Madison.



- Sañudo, B.; Arteaga, G.; Betancourth, C.; Zambrano, J. y Burbano, E. (2005).
Perspectivas de la quinua dulce para la región andina de Nariño. Pasto: Unigraf,
74 p.
- Soto, M.; Allende, R.; Romero, V. (2019). Estudio comparativo en rendimiento y calidad
de 12 variedades de quinua orgánica en la comunidad campesina de San Antonio
de Manallasac, Ayacucho. Campus | V. XXV | No. 29. ISSN (impreso): 1812-
6049 | ISSN (en línea): 2523-1820.
<https://www.usmp.edu.pe/campus/pdf/revista29/articulo4.pdf>
- Snowdon, R.; Wittkop, B.; Chen, T. & Stahl, A. (2021). Crop adaptation to climate
change as a consequence of long-term breeding. Theoretical and Applied
Genetics, 134(6), pp. 1613-1623. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03729-3>
- Suquilanda, M. (2011). Producción orgánica de cultivos andinos. Manual técnico. FAO,
UNOCANC, Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuicultura y Pesca. 199 p.
[https://www.fao.org/fileadmin/user_upload/mountain_partnership/docs/1_produccion_o
rganica_de_cultivos_andinos.pdf](https://www.fao.org/fileadmin/user_upload/mountain_partnership/docs/1_produccion_organica_de_cultivos_andinos.pdf)
- Tapia, M. (2000). Cultivos andinos subexplotados y su aporte a la alimentación.
Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y Alimentación. FAO.
Santiago de Chile. pp. 56-67.
- Valadez, E. y Kahl, G. (2000). Huellas de AND en genomas de plantas (Teoría y
protocolos de laboratorio) Ed. Mundo prensa. México. 147p.
- Villarreal, H. & Elias, A. (2013). Caracterización morfológica de recursos filogenéticos.
Revista Bio Ciencias. 6 p. <https://doi.org/10.15741/revbio.02.03.05>
- Zegarra, J. (2018). La Rentabilidad del cultivo de quinua en diferentes periodos de
siembra en la Irrigación Majes, durante la campaña 2016- 2017. Tesis de grado.



Escuela de Posgrado, Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa.

Arequipa, Perú. 82 p.



ANEXOS



Anexo 1. Características de variables cuantitativas morfológicas

Tabla 37. LPE: Longitud del peciolo (cm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	5.3	4.0	4.1	4.8	4.55
SALxCOL	46	5.2	4.9	5.8	6.4	5.56
HUAxKCA	53	4.7	5.4	3.6	5.1	4.70
SALxPAN	165	5.8	5.7	4.1	3.5	4.76
SALxCOL	37	5.9	3.8	5.1	4.8	4.90
HUAxKCA	174	6.1	3.8	4.7	5.4	4.96
HUAxKCA	194	4.6	4.9	4.5	2.4	4.10
SALxCOL	30	5.8	6.8	4.7	6.3	5.89
SALxHUA	33	7.5	4.9	5.2	1.2	4.70
SALxHUA	195	5.0	5.3	4.5	5.9	5.16
SALxHUA	6	6.3	4.3	4.3	5.4	5.06
SAL	chk	4.7	5.3	4.4	4.0	4.60
PAN	chk	5.5	6.1	5.5	8.0	6.26
COL	chk	6.0	5.6	3.8	3.4	4.70
HUA	chk	5.3	5.6	4.9	3.1	4.71
KCA	chk	6.0	7.0	5.1	5.9	5.99
ATP	chk	5.6	5.2	4.1	5.1	4.99
CHO	chk	5.3	4.4	6.0	6.5	5.54

Tabla 38. LMH: Longitud máxima de a hoja (cm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	8.2	6.0	7.3	6.4	6.98
SALxCOL	46	8.2	7.0	7.2	9.0	7.85
HUAxKCA	53	6.5	7.9	6.6	6.7	6.93



SALxPAN	165	9.3	7.5	6.7	4.6	7.03
SALxCOL	37	7.9	7.3	6.4	6.2	6.95
HUAxKCA	174	9.2	6.5	7.6	8.4	7.91
HUAxKCA	194	7.3	7.4	8.0	6.8	7.36
SALxCOL	30	8.1	10.2	7.9	8.8	8.74
SALxHUA	33	8.9	8.1	9.9	5.5	8.10
SALxHUA	195	7.7	7.1	8.5	9.2	8.11
SALxHUA	6	7.8	7.4	6.9	9.3	7.84
SAL	chk	7.6	8.5	7.8	6.9	7.68
PAN	chk	7.5	8.5	9.3	12.3	9.40
COL	chk	8.4	8.7	7.8	7.5	8.09
HUA	chk	8.1	8.4	7.4	7.0	7.73
KCA	chk	8.6	9.8	8.0	8.7	8.74
ATP	chk	7.9	7.5	7.1	9.1	7.89
CHO	chk	6.6	6.3	8.8	9.1	7.69

Tabla 39. AMH: Ancho máximo de la hoja (cm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	8.3	6.2	7.7	7.0	7.30
SALxCOL	46	8.1	7.2	8.6	8.3	8.04
HUAxKCA	53	6.9	5.6	6.2	5.7	6.09
SALxPAN	165	9.6	8.0	5.8	5.4	7.19
SALxCOL	37	9.5	6.8	6.1	5.9	7.08
HUAxKCA	174	7.7	7.0	7.4	9.1	7.78
HUAxKCA	194	6.9	8.3	7.9	4.7	6.95
SALxCOL	30	7.5	7.2	6.9	8.4	7.49
SALxHUA	33	8.9	7.6	9.3	4.1	7.48



SALxHUA	195	8.1	8.0	8.1	10.2	8.59
SALxHUA	6	7.3	6.6	6.5	8.5	7.21
SAL	chk	8.1	9.8	7.8	6.4	8.00
PAN	chk	7.4	8.9	6.6	11.5	8.60
COL	chk	8.4	8.6	6.7	5.5	7.29
HUA	chk	8.9	8.5	7.2	5.5	7.51
KCA	chk	7.6	9.1	8.4	8.5	8.38
ATP	chk	8.1	7.2	7.4	7.8	7.61
CHO	chk	7.1	7.1	8.9	9.6	8.16

Anexo 2. Características de variables cuantitativas agronómicas

Tabla 40. AP: Altura de planta (cm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	93.5	122.0	121.5	112.0	112.25
SALxCOL	46	136.0	137.0	144.0	123.5	135.13
HUAxKCA	53	131.0	168.5	83.5	138.0	130.25
SALxPAN	165	139.0	129.5	146.0	146.5	140.25
SALxCOL	37	133.0	57.5	135.0	126.5	113.00
HUAxKCA	174	115.0	145.5	133.5	128.0	130.50
HUAxKCA	194	134.0	140.0	141.0	81.5	124.13
SALxCOL	30	120.0	168.5	137.5	141.5	141.88
SALxHUA	33	128.0	146.5	143.0	66.5	121.00
SALxHUA	195	121.5	146.0	119.5	127.5	128.63
SALxHUA	6	166.0	122.5	123.5	126.5	134.63
SAL	chk	134.5	142.0	119.0	135.0	132.63
PAN	chk	120.0	137.0	114.5	137.5	127.25



COL	chk	140.5	114.0	120.5	119.5	123.63
HUA	chk	141.0	150.5	104.5	94.5	122.63
KCA	chk	122.0	146.0	137.0	107.5	128.13
ATP	chk	197.0	124.5	167.5	138.0	156.75
CHO	chk	118.0	120.5	122.0	129.5	122.50

Tabla 41. DTP: Diámetro del tallo principal (mm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	12.0	14.5	14.0	12.5	13.25
SALxCOL	46	15.5	15.5	14.0	15.0	15.00
HUAxKCA	53	16.5	21.1	9.5	17.0	16.03
SALxPAN	165	13.5	13.0	22.8	18.2	16.87
SALxCOL	37	15.5	14.0	15.0	14.5	14.75
HUAxKCA	174	11.0	15.1	15.0	15.2	14.06
HUAxKCA	194	19.5	16.0	16.0	13.2	16.18
SALxCOL	30	17.0	17.7	18.5	17.5	17.66
SALxHUA	33	16.0	18.5	18.0	9.0	15.38
SALxHUA	195	12.5	16.5	14.0	17.0	15.00
SALxHUA	6	20.5	14.5	12.5	16.7	16.05
SAL	chk	15.0	18.5	14.5	14.5	15.63
PAN	chk	17.5	17.0	14.0	20.0	17.13
COL	chk	16.5	15.0	15.0	16.5	15.75
HUA	chk	22.0	21.0	13.5	10.5	16.75
KCA	chk	16.0	18.5	16.0	13.0	15.88
ATP	chk	23.8	12.5	15.5	14.4	10.59
CHO	chk	17.0	15.0	17.5	18.5	17.00



Tabla 42. PMG: Peso de 1000 granos (g)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	3.391	3.136	2.843	3.874	3.31
SALxCOL	46	4.073	3.984	4.152	3.652	3.97
HUAxKCA	53	3.241	2.994	3.440	3.990	3.42
SALxPAN	165	3.412	3.425	3.386	2.947	3.29
SALxCOL	37	3.747	3.758	3.782	2.657	3.49
HUAxKCA	174	3.116	3.227	2.864	2.656	2.97
HUAxKCA	194	2.739	2.712	2.475	2.874	2.70
SALxCOL	30	4.276	4.147	4.031	4.173	4.16
SALxHUA	33	4.157	3.991	3.396	3.171	3.68
SALxHUA	195	2.912	2.809	3.213	3.567	3.13
SALxHUA	6	3.362	3.359	3.625	3.754	3.53
SAL	chk	4.048	3.946	4.103	4.345	4.11
PAN	chk	4.279	3.876	4.358	4.213	4.18
COL	chk	2.587	2.198	2.792	2.653	2.56
HUA	chk	2.859	2.732	2.673	2.791	2.76
KCA	chk	2.794	2.824	2.914	3.163	2.92
ATP	chk	3.561	3.441	2.659	3.542	3.30
CHO	chk	3.215	3.593	3.423	3.189	3.36

Tabla 43. PH: Peso hectolitrico (g/cm³)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	77.77	71.60	68.99	69.70	72.02
SALxCOL	46	69.24	71.04	69.30	69.64	69.81
HUAxKCA	53	70.49	64.63	69.56	70.68	68.84



SALxPAN	165	69.20	68.08	66.83	68.23	68.09
SALxCOL	37	71.77	67.93	69.64	69.75	69.77
HUAxKCA	174	65.38	68.03	67.21	66.88	66.88
HUAxKCA	194	71.11	70.57	71.48	71.52	71.17
SALxCOL	30	70.04	70.03	61.91	68.16	67.54
SALxHUA	33	67.60	66.02	68.21	68.43	67.57
SALxHUA	195	70.95	70.56	66.83	69.75	69.52
SALxHUA	6	68.69	68.91	67.33	67.95	68.22
SAL	chk	64.49	72.34	71.34	71.52	69.92
PAN	chk	72.28	62.40	65.60	61.60	65.47
COL	chk	75.12	72.82	71.54	72.52	73.00
HUA	chk	69.22	70.32	68.90	68.08	69.13
KCA	chk	71.63	72.26	70.84	69.79	71.13
ATP	chk	70.13	73.39	69.88	70.46	70.97
CHO	chk	67.73	66.21	67.81	68.99	67.69

Tabla 44. RS: Rendimiento de semilla por planta (g)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	41.70	38.40	43.55	29.80	38.36
SALxCOL	46	22.25	18.50	28.65	26.85	24.06
HUAxKCA	53	35.95	59.65	13.10	20.50	32.30
SALxPAN	165	24.80	49.30	34.80	45.50	38.60
SALxCOL	37	22.55	49.75	29.25	31.60	33.29
HUAxKCA	174	47.50	27.40	28.95	25.20	32.26
HUAxKCA	194	43.90	41.75	35.25	17.30	34.55
SALxCOL	30	10.05	34.60	48.60	36.30	32.39
SALxHUA	33	51.85	25.30	33.15	63.70	43.50



SALxHUA	195	36.00	35.85	32.55	37.25	35.41
SALxHUA	6	53.25	19.85	23.95	34.95	33.00
SAL	chk	26.00	45.60	28.95	32.10	33.16
PAN	chk	30.90	10.10	43.20	24.55	27.19
COL	chk	24.80	13.55	24.75	17.30	20.10
HUA	chk	31.80	37.15	21.10	22.10	28.04
KCA	chk	22.50	25.95	23.00	19.30	22.69
ATP	chk	35.55	27.80	31.75	31.35	31.61
CHO	chk	26.05	23.65	27.25	23.10	25.01

Tabla 45. DFBF: Días formación del botón floral (d)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	76	70	70	70	72
SALxCOL	46	69	69	69	69	69
HUAxKCA	53	68	68	68	68	68
SALxPAN	165	68	69	72	76	71
SALxCOL	37	70	73	70	80	73
HUAxKCA	174	75	69	70	68	71
HUAxKCA	194	80	78	76	80	79
SALxCOL	30	70	69	70	70	70
SALxHUA	33	76	80	60	80	74
SALxHUA	195	76	75	80	75	77
SALxHUA	6	71	75	75	80	75
SAL	chk	73	74	80	74	75
PAN	chk	63	63	62	64	63
COL	chk	69	70	71	69	70
HUA	chk	67	70	70	68	69



KCA	chk	69	69	69	69	69
ATP	chk	75	74	70	74	73
CHO	chk	70	68	69	68	69

Tabla 46. DCF: Días hasta el 50% de floración (d)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	95	95	96	100	96.50
SALxCOL	46	90	90	100	96	94.00
HUAxKCA	53	90	106	106	100	100.50
SALxPAN	165	90	90	100	105	96.25
SALxCOL	37	90	96	96	100	95.50
HUAxKCA	174	106	90	90	90	94.00
HUAxKCA	194	90	90	96	106	95.50
SALxCOL	30	90	96	100	96	95.50
SALxHUA	33	90	106	96	106	99.50
SALxHUA	195	90	90	96	96	93.00
SALxHUA	6	90	95	106	106	99.25
SAL	chk	90	90	106	106	98.00
PAN	chk	88	80	80	80	82.00
COL	chk	90	97	96	100	95.75
HUA	chk	90	90	90	106	94.00
KCA	chk	90	90	90	90	90.00
ATP	chk	89	106	96	106	99.25
CHO	chk	90	90	96	96	93.00



Tabla 47. NDGL: Nro. De días hasta grano lechoso (d)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	123	112	113	113	115.25
SALxCOL	46	110	109	111	110	110.00
HUAxKCA	53	103	112	115	115	111.25
SALxPAN	165	111	115	118	120	116.00
SALxCOL	37	108	110	108	112	109.50
HUAxKCA	174	115	108	110	108	110.25
HUAxKCA	194	110	105	104	112	107.75
SALxCOL	30	109	109	110	111	109.75
SALxHUA	33	119	120	118	120	119.25
SALxHUA	195	112	112	114	112	112.50
SALxHUA	6	115	116	117	116	116.00
SAL	chk	118	118	120	120	119.00
PAN	chk	95	94	95	95	94.75
COL	chk	108	109	108	110	108.75
HUA	chk	103	104	103	112	105.50
KCA	chk	105	104	103	104	104.00
ATP	chk	118	120	121	124	120.75
CHO	chk	112	114	113	112	112.75

Tabla 48. NDGP: Nro. De días hasta grano pastoso (d)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	139	140	140	140	139.75
SALxCOL	46	137	138	137	138	137.50
HUAxKCA	53	130	140	140	135	136.25
SALxPAN	165	132	135	140	140	136.75



SALxCOL	37	130	134	135	139	134.50
HUAxKCA	174	136	132	130	132	132.50
HUAxKCA	194	132	128	129	130	129.75
SALxCOL	30	139	135	140	139	138.25
SALxHUA	33	139	140	144	149	143.00
SALxHUA	195	142	144	140	145	142.75
SALxHUA	6	142	139	140	141	140.50
SAL	chk	139	140	138	140	139.25
PAN	chk	115	114	115	116	115.00
COL	chk	137	138	143	142	140.00
HUA	chk	128	129	128	130	128.75
KCA	chk	132	131	132	130	131.25
ATP	chk	148	150	149	150	149.25
CHO	chk	132	135	134	139	135.00

Tabla 49. NDMF: Días 50% de la madurez fisiológica (d)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	178	176	185	179	179.50
SALxCOL	46	182	183	184	184	183.25
HUAxKCA	53	168	165	170	175	169.50
SALxPAN	165	169	179	180	180	177.00
SALxCOL	37	183	179	178	180	180.00
HUAxKCA	174	179	170	175	179	175.75
HUAxKCA	194	170	169	169	170	127.00
SALxCOL	30	182	179	185	180	181.50
SALxHUA	33	195	195	194	198	195.50



SALxHUA	195	185	186	188	185	186.00
SALxHUA	6	187	192	192	185	189.00
SAL	chk	198	196	195	198	196.75
PAN	chk	147	148	147	148	147.50
COL	chk	184	189	186	184	185.75
HUA	chk	166	168	166	169	167.25
KCA	chk	171	169	169	169	169.50
ATP	chk	190	188	190	185	188.25
CHO	chk	169	170	170	169	169.50

Tabla 50. IC: Índice de cosecha (%)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i> %
SALxPAN	171	31.35	29.77	31.05	33.02	31.30
SALxCOL	46	21.14	16.16	19.97	25.63	20.72
HUAxKCA	53	24.79	24.15	24.26	33.61	26.70
SALxPAN	165	17.53	20.00	34.25	41.40	28.29
SALxCOL	37	18.79	40.58	31.97	34.96	31.57
HUAxKCA	174	35.98	23.32	30.16	27.85	29.33
HUAxKCA	194	29.91	32.49	31.47	29.08	30.74
SALxCOL	30	35.20	18.23	28.21	23.46	26.28
SALxHUA	33	26.25	22.14	23.94	39.87	28.05
SALxHUA	195	27.02	22.27	28.12	34.49	27.97
SALxHUA	6	30.47	21.58	27.53	30.39	27.49
SAL	chk	22.13	26.94	29.69	28.79	26.89
PAN	chk	19.94	33.40	41.54	14.48	23.72
COL	chk	17.34	23.36	32.57	25.82	24.77



HUA	chk	25.44	28.63	30.47	30.07	28.65
KCA	chk	18.00	20.16	26.44	25.23	22.46
ATP	chk	25.81	27.52	23.22	23.31	24.96
CHO	chk	24.46	26.50	26.08	25.52	25.64

Tabla 51. LPA: Longitud de la panoja (cm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	30.50	42.50	46.00	41.00	40.00
SALxCOL	46	45.00	42.50	32.00	38.50	39.50
HUAxKCA	53	50.00	60.00	33.50	41.50	46.25
SALxPAN	165	32.50	43.00	43.50	49.00	42.00
SALxCOL	37	44.50	42.50	42.50	36.00	41.38
HUAxKCA	174	36.50	35.00	40.00	41.00	38.13
HUAxKCA	194	52.50	54.00	53.00	35.50	48.75
SALxCOL	30	42.00	59.50	40.00	36.00	44.38
SALxHUA	33	41.50	56.00	49.00	36.50	45.75
SALxHUA	195	40.50	54.50	44.00	45.00	46.00
SALxHUA	6	56.50	41.00	40.50	48.00	46.50
SAL	chk	43.50	52.00	34.00	42.50	43.00
PAN	chk	51.00	26.00	36.00	28.00	35.25
COL	chk	45.00	41.00	50.50	45.50	45.50
HUA	chk	53.00	62.50	38.50	34.50	47.13
KCA	chk	41.00	50.00	46.50	38.50	44.00
ATP	chk	48.50	38.00	38.50	40.50	41.38
CHO	chk	45.00	47.50	47.50	46.50	46.63



Tabla 52. DP: Diámetro de la panoja (cm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	21.5	30.0	28.0	19.5	24.75
SALxCOL	46	31.0	27.0	28.5	22.0	27.13
HUAxKCA	53	26.5	19.5	20.5	27.5	23.50
SALxPAN	165	25.5	25.0	22.0	14.5	21.75
SALxCOL	37	30.5	28.5	26.5	22.5	27.00
HUAxKCA	174	23.0	23.0	25.0	27.0	24.50
HUAxKCA	194	27.0	22.5	23.0	19.0	22.88
SALxCOL	30	30.0	29.0	24.0	27.0	27.50
SALxHUA	33	24.0	31.0	27.5	18.0	25.13
SALxHUA	195	15.0	24.5	22.5	26.5	22.13
SALxHUA	6	34.5	20.0	28.5	30.0	28.25
SAL	chk	29.5	29.0	30.5	23.5	28.13
PAN	chk	35.0	17.5	30.0	18.5	25.25
COL	chk	19.5	19.5	25.5	24.5	22.25
HUA	chk	22.0	24.5	17.5	16.0	20.00
KCA	chk	21.5	27.0	23.0	21.0	23.13
ATP	chk	24.0	22.5	30.5	25.0	25.50
CHO	chk	23.5	23.0	26.5	25.5	24.63



Tabla 53. DR: Diámetro del grano (mm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	1.82	2.11	1.91	2.09	1.98
SALxCOL	46	2.25	2.14	2.35	2.32	2.27
HUAxKCA	53	2.04	2.09	2.13	1.88	2.04
SALxPAN	165	2.17	1.82	2.27	2.02	2.07
SALxCOL	37	2.39	2.23	2.32	2.17	2.28
HUAxKCA	174	2.14	2.17	2.28	2.07	2.17
HUAxKCA	194	2.11	1.96	2.01	1.91	2.00
SALxCOL	30	2.20	2.01	2.34	2.23	2.20
SALxHUA	33	1.73	1.93	1.82	1.92	1.85
SALxHUA	195	2.10	1.93	1.92	2.04	2.00
SALxHUA	6	2.04	2.03	2.29	2.29	2.16
SAL	chk	2.47	2.10	2.04	2.29	2.23
PAN	chk	2.35	2.54	2.52	2.62	2.51
COL	chk	1.85	1.65	1.74	1.78	1.76
HUA	chk	1.91	1.91	1.80	1.95	1.89
KCA	chk	2.09	1.99	1.79	2.05	1.98
ATP	chk	1.74	2.24	2.32	2.22	2.13
CHO	chk	2.00	1.91	1.97	1.99	1.97

Tabla 54. EG: Espesor del grano (mm)

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	0.89	1.12	1.11	1.15	1.07
SALxCOL	46	1.26	1.34	1.27	1.36	1.31
HUAxKCA	53	1.12	1.32	1.12	1.07	1.16



SALxPAN	165	1.04	1.22	1.22	1.11	1.15
SALxCOL	37	0.97	1.14	1.20	1.18	1.12
HUAxKCA	174	1.15	1.21	1.08	1.03	1.12
HUAxKCA	194	1.09	1.15	1.16	1.19	1.15
SALxCOL	30	1.23	1.06	1.01	1.31	1.15
SALxHUA	33	1.18	1.20	1.05	1.00	1.11
SALxHUA	195	1.06	1.08	1.01	1.07	1.06
SALxHUA	6	1.09	1.18	1.16	1.40	1.21
SAL	chk	1.30	1.31	1.01	1.36	1.25
PAN	chk	1.29	1.37	1.25	1.26	1.29
COL	chk	1.14	0.99	1.11	1.13	1.09
HUA	chk	0.72	1.15	1.07	1.12	1.02
KCA	chk	1.05	1.22	1.12	1.26	1.16
ATP	chk	1.15	1.12	1.12	1.16	1.14
CHO	chk	1.18	1.02	1.03	1.13	1.09

Tabla 55. Poder germinativo de 100 semillas en placa petri

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	100	97	100	98	98.8
SALxCOL	46	96	97	98	96	96.8
HUAxKCA	53	100	94	97	99	97.5
SALxPAN	165	100	100	100	100	100.0
SALxCOL	37	99	99	100	100	99.5
HUAxKCA	174	99	99	100	98	99.0
HUAxKCA	194	100	100	100	100	100.0
SALxCOL	30	98	100	100	100	99.5



SALxHUA	33	100	100	99	100	99.8
SALxHUA	195	100	100	100	100	100.0
SALxHUA	6	96	100	95	97	97.0
SAL	chk	100	100	100	98	99.5
PAN	chk	100	100	95	99	98.5
COL	chk	97	96	98	100	97.8
HUA	chk	100	100	100	100	100.0
KCA	chk	100	99	100	100	99.8
ATP	chk	100	100	100	100	100.0
CHO	chk	100	100	100	100	100.0

Tabla 56. Contenido de saponina

<i>CRUZAS</i>	<i>LINEA</i>	<i>Bloque I</i>	<i>Bloque II</i>	<i>Bloque III</i>	<i>Bloque IV</i>	<i>Promedio</i>
SALxPAN	171	9.00	6.53	6.97	7.23	7.4
SALxCOL	46	1.15	2.03	0.27	0.27	0.9
HUAxKCA	53	7.41	9.70	6.09	5.21	7.1
SALxPAN	165	2.56	6.71	6.26	3.71	4.8
SALxCOL	37	4.94	6.09	1.24	5.47	4.4
HUAxKCA	174	5.38	7.41	6.97	7.23	6.7
HUAxKCA	194	8.03	8.47	4.59	7.50	7.1
SALxCOL	30	0.71	0.18	0.44	0.27	0.4
SALxHUA	33	5.38	4.94	7.50	6.53	6.1
SALxHUA	195	8.65	7.76	7.85	7.94	8.1
SALxHUA	6	6.09	3.44	5.65	5.03	5.1
SAL	chk	6.62	6.97	6.97	5.29	6.5
PAN	chk	7.23	6.26	7.16	6.09	6.7
COL	chk	0.18	0.13	0.18	0.18	0.2



HUA	chk	8.29	7.94	7.15	5.47	7.2
KCA	chk	4.68	1.15	1.68	3.97	2.9
ATP	chk	5.38	6.53	6.09	4.06	5.5
CHO	chk	0.18	0.13	0.18	0.18	0.2

Anexo 2. Promedio de datos evaluados

Tabla 57. Variables cualitativas morfológicas (PAP, CE, CP, CLF, CPF, CPMF, FP y CDP)

Tratamientos	PAP (Presencia de axilas pigmentadas)	CE (Color de las estrías)	CP (Color del peciolo)	CLF (Color de la lámina foliar)	CPF (Color de la panoja en la floración)	CPMF (Color de panoja en la madurez fisiológica)	FP (Forma de la panoja)	CDP (Color del perigonio)
SAL x PAN 171 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	mixtura	rosado	Intermedia	rosado
SAL x COL 46 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	verde	amarillo	Glomerulada	crema
HUA X KCA 53 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	mixtura	anaranjado	Intermedia	crema
SAL X PAN 165 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	mixtura	rosado	Intermedia	crema
SAL x COL 37 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	amarillo	verde	verde	verde	amarillo	Glomerulada	crema
HUA x KCA 174 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	mixtura	anaranjado	intermedia	crema
HUA X KCA 194 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	mixtura	anaranjado	Intermedia	crema
SAL X COL 30 resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	verde	blanco	Glomerulada	crema
SAL X HUA 33 resultado de la campaña 2018-2019	Ausente	verde	verde	verde	mixtura	anaranjado	Glomerulada	crema
SAL x HUA 195 resultado de la campaña 2018-2019	Ausente	verde	verde	verde	mixtura	anaranjado	Glomerulada	crema
SAL x HUA 6 resultado de la campaña 2018-2019	Ausente	verde	verde	verde	verde	blanco	Intermedia	crema



SAL Salcedo-INIA resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	verde	verde	blanco	Glomerulada	crema
PAN Pande la resultado de la campaña 2019-2020	Presente	rojas	verde-rojo	verde	mixtura	rosado	rosado	amarantiforme	rosado
COL Negra Collana resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	verde	gris	gris	Glomerulada	crema
HUA Huariponcho resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	purpura	anaranjado	anaranjado	Intermedia	amarillo
KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020	Presente	purpura	vede-rojo	verde	purpura	rosado	rosado	amarantiforme	crema
ATP Altiplano resultado de la campaña 2019-2020	Ausente	verde	verde	verde	verde	blanco	blanco	Glomerulada	crema
CHO Choclito resultado de la campaña 2019-2020	Presente	verde	verde	verde	verde	blanco	blanco	Intermedia	crema

Tabla 58. Variables cualitativas morfológicas (ADP, CPE, CP, AE, CPF, CDE, FG, TC, HC, DP y FP)

	ADP (Aspectos del pericarpio)	CPE (Color del pericarpio)	AE (Apariencia del episperma)	CDE (Color del episperma)	FG (Forma del grano)	TC (Tipo de crecimiento)	HC (Habito de crecimiento)	DP (Densidad de la panoja)	FP (Forma de la hoja)
SAL x PAN 171 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	Compacta	romboidal
SAL x COL 46 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	Compacta	triangular
HUA X KCA 53 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	amarillo	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	intermedia	romboidal
SAL X PAN 165 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	intermedia	triangular
SAL x COL 37 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	Compacta	triangular
HUA x KCA 174 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	amarillo	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	intermedia	triangular
HUA X KCA 194 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	amarillo	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	intermedia	triangular
SAL X COL 30 resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	Compacta	romboidal
SAL X HUA 33 resultado de la campaña 2018-2019	sucroso	amarillo dorado	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	Compacta	romboidal
SAL x HUA 195 resultado de la campaña 2018-2019	sucroso	amarillo	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	Compacta	romboidal
SAL x HUA 6 resultado de la campaña 2018-2019	sucroso	crema	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	intermedia	romboidal
SAL Salcedo-INIA resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilíndrico	herbáceo	simple	Compacta	triangular



PAN Pandela resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilindrico	herbaceo	simple	Compacta	romboidal
COL Negra Collana resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	negro	cilindrico	herbaceo	simple	intermedia	romboidal
HUA Huariponcho resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	amarillo	opaco	blanco	cilindrico	herbaceo	simple	intermedia	romboidal
KCA Kcancolla resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilindrico	herbaceo	simple	intermedia	romboidal
ATP Altiplano resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilindrico	herbaceo	simple	intermedia	triangular
CHO Chocrito resultado de la campaña 2019-2020	sucroso	crema	opaco	blanco	cilindrico	herbaceo	simple	intermedia	triangular

Anexo 2. Panel fotográfico



Figura 17. Desahije de plántulas de quinua



Figura 18. Aporque del cultivo de quinua



Figura 19. Evaluación del hábito de crecimiento



Figura 20. Evaluación de la longitud del peciolo



Figura 21. Evaluación de la longitud máxima de la hoja



Figura 22. Evaluación del ancho máximo de la hoja



Figura 23. Evaluación de días formación del botón floral



Figura 24. Evaluación de días hasta el inicio de floración



Figura 25. Evaluación del diámetro de tallo con vernier (Izquierda) y Medición de la altura de planta (Derecha)



Figura 26. Evaluación del diámetro de panoja



Figura 27. Evaluación del color de las estrías, color del peciolo y color de la lámina foliar (Izquierda) y Evaluación de la tolerancia al mildiu (Derecha).



Figura 28. Labor de cosecha de plantas de quinua (Izquierda) y Pesaje de plantas cosechadas (Derecha)