

IMPORTANCIA DE LA CONSERVACIÓN
DE LOS GERMOPLOSMAS NATIVOS,
SU DIVERSIDAD E INTERÉS COMO
RECURSOS PARA ENFRENTAR
EL CAMBIO CLIMÁTICO

Rodomiro Ortiz R.

I NTRODUCCIÓN

La diversidad es la palabra clave para describir la agricultura en Sudamérica. El clima en constante cambio, la variada geografía natural y humana, el aumento de la urbanización y los nuevos patrones de consumo dan lugar a diferentes tipos de agricultura, que a menudo coexisten en los mismos territorios (Mateo y Ortiz, 2012). Si bien la agricultura en Bolivia, Chile y Perú enfrenta importantes desafíos, estos países de América del Sur están bien posicionados para alimentar a su población futura, y también para contribuir al resto del mundo con su producción excedente de alimentos. La asombrosa diversidad de sus entornos y ecosistemas apuntan a un futuro luminoso, siempre que el manejo sostenible de sus recursos naturales sea la norma y estén disponibles los financiamientos para desarrollar la infraestructura, los servicios y la investigación agrícola. La agricultura transfronteriza de estos países del Pacífico Sur involucra una compleja combinación de componentes productivos que incluyen cultivos básicos, hortalizas, ganado, árboles y peces que interactúan principalmente con pastizales, áreas cultivadas y cursos de agua. La gestión del riesgo y la mejora de la productividad mediante la diversificación y la intensificación sostenible es fundamental para garantizar y mejorar los medios de vida de sus poblaciones rurales. Las principales limitaciones biofísicas de esta agricultura transfronteriza son las limitaciones y la degradación de los recursos naturales, en particular del agua y la desertificación creciente. Los esfuerzos para abordar estas limitaciones centrándose en componentes individuales o no han tenido éxito o enfrentan ahora una tasa de impacto decreciente, lo que indica la necesidad de nuevos enfoques integrados y sistémicos de investigación para el desarrollo de los agroecosistemas en estas zonas áridas (Van Ginkel *et al.*, 2013). Se necesitan estos enfoques innovadores para reunir a todos los participantes en las cadenas de valor, (desde los productores primarios hasta los responsables de la formulación de políticas) para desarrollar tecnologías, estrategias de gestión de recursos y arreglos institucionales que mejoren la capacidad de las comunidades y los actores dentro de ellas, y fortalezcan los arreglos institucionales para construir la resiliencia de sus medios de vida.

1. CAMBIO CLIMÁTICO

Se esperan temperaturas extremas, escasez de agua e inundaciones como resultado del cambio climático global, debido principalmente a un aumento antropogénico de las emisiones de gases de efecto invernadero. Este cambio de clima afectará gravemente a la agricultura en todo el mundo. De acuerdo con la mayoría de los escenarios de calentamiento global, es bastante probable que el rendimiento de los cultivos disminuya debido al aumento de la temperatura y la disminución de las precipitaciones, lo que aumentará la inseguridad alimentaria. Otros cambios esperados son la reducción de la calidad de los cultivos, la intensificación de la lixiviación de nitrógeno y la erosión del suelo y la reducción de los recursos de tierra y agua para la agricultura. Los gobiernos y los agricultores, en particular los pequeños agricultores de todo el mundo deberán adaptar sus agroecosistemas a patrones climáticos variables e inestables porque el cambio climático afectará la disponibilidad, la estabilidad, la utilización y el acceso de los alimentos. Por tanto, los principales desafíos para la agricultura en este siglo XXI serán aumentar el suministro de alimentos, mejorar su distribución y acceso, y mejorar la resiliencia de todo el sistema alimentario, al tiempo que se reducen las emisiones de gases de efecto invernadero y se elimina gradualmente la contaminación del aire y el agua por la agricultura y el uso de la tierra, así como el evitar la pérdida de la biodiversidad y el hábitat, y eliminar gradualmente las extracciones de agua no sostenibles (Ortiz, 2013).

En los últimos 50 años se han observado cambios en las temperaturas extremas, que impactan en la agricultura del continente americano. La temperatura promedio aumentó 1 °C durante el siglo XX en Sudamérica, pero mostró una gran variabilidad espacial y estacional. Se produjo un aumento en la frecuencia de las noches cálidas durante el período 1960-2000 en América del Sur por debajo de los 10 °S. Igualmente, hubo una tendencia negativa en lluvias extremas en el sur de Perú y Chile. El número de días secos consecutivos también se notó en el sur de Perú y Bolivia. Los impactos del cambio climático dependerán de la interacción entre el clima, la topografía, los tipos de suelo, la disponibilidad de agua y el tipo de cultivos, ganado y árboles utilizados por los agricultores en sus agroecosistemas. La disminución de las precipitaciones, el aumento de las inundaciones o las temperaturas extremas (> 2 °C) afectarán a la agricultura y afectarán de manera negativa a la seguridad alimentaria en especial en las zonas semiáridas y áridas de Sudamérica. Cerca del 50% de las tierras agrícolas en el centro y sur de Chile y la costa peruana probablemente se verá afectada por la desertificación y la salinidad.

Los escenarios climáticos futuros sugieren un calentamiento continuo (4,5-5 °C) para los Andes tropicales para el 2100, cuyas temperaturas pueden aumentar en altitudes elevadas, mientras que las lluvias probablemente aumentarán en la estación húmeda y disminuirán durante la estación seca, lo que afectará su ciclo hidrológico, y reducirá el agua para riego, así como la duración del período de crecimiento de los cultivos. La productividad de la agricultura puede disminuir entre 12 y 50% debido al cambio climático. Por ejemplo, la papa será vulnerable al calor que afecta el crecimiento de la planta y la iniciación del tubérculo, reduciendo así el rendimiento. El aumento de las temperaturas también afectará negativamente el contenido de materia seca y la formación de almidón en los tubérculos de este cultivo tan importante y cuyo principal centro de diversidad son los Andes de América del Sur. El aumento de la temperatura y la humedad aumentará el tizón tardío, la enfermedad más dañina de la papa, que puede expandirse por encima de los 3.000 m (donde ha estado ausente hasta recientemente). Una disminución de la humedad relativa en las tierras altas (especialmente en la meseta) puede ser una amenaza para la vegetación nativa, incluidos los pastos naturales y las plantas medicinales. El rendimiento del trigo de secano disminuirá entre 5 y 10% en el norte y centro de Chile debido a las sequías previstas (Neueschwander y Zabaleta, 2010). Los rendimientos de frijol, maíz, papa y remolacha azucarera disminuirán desde el norte hasta el Biobío. La productividad de las pasturas anuales disminuirá en Atacama debido a la menor disponibilidad de agua en sus suelos. Los rendimientos de uva disminuirán en el norte de Chile debido a la precocidad de la cosecha resultante de las altas temperaturas durante el invierno. El impacto del cambio climático obliga a mejorar la tolerancia de los cultivos a la sequía y al calor. Pero al mismo tiempo, y particularmente por la incertidumbre del cambio climático, los agricultores dependen del buen rendimiento de sus cultivos en los años buenos, por lo que se necesitan cultivos que puedan funcionar en entornos difíciles, pero que también produzcan altos rendimientos cuando las condiciones sean más favorables (Alliance of CGIAR Centers, 2009). La biología molecular proporciona conocimiento y herramientas para el mejoramiento de cultivos y será cada vez más importante su uso en la identificación y selección de genes útiles. Aunque el fitomejoramiento debe basarse en los genes que la naturaleza y la evolución han proporcionado como materia prima, la agrobiodiversidad aún permanece amenazada. De las aproximadamente 50.000 especies de plantas comestibles, se utilizan no más de 50 en las dietas humanas, de estas, 15 suministran el 90% de los alimentos del mundo y solo tres (trigo, arroz y maíz) proporcionan el 60%. Si bien

los programas de fitomejoramiento han aumentado drásticamente el rendimiento de estos cultivos, han afectado su diversidad genética, haciéndolos vulnerables a las condiciones climáticas cambiantes. Los fitomejoradores deben enfrentar este reto asegurando que los nuevos cultivares tengan la diversidad genética necesaria para enfrentar a la incertidumbre climática y la resistencia a las cambiantes plagas y enfermedades. Los bancos de germoplasma contienen semillas u otros propágulos de plantas genéticamente diversas (cultivares mejorados y otros tradicionales de la selección de los agricultores, así como especies silvestres relacionadas con los cultivos) que están disponibles para los programas de fitomejoramiento. Este acervo genético es invaluable por adaptar los sistemas agrícolas a los climas futuros. Pero los campos de los agricultores también contienen una importante biodiversidad agrícola y, a diferencia de los bancos de germoplasma, se trata de un acervo genético cambiante y en evolución. Los programas de fitomejoramiento con un enfoque “evolutivo” deben aprovecharlo, desarrollando poblaciones diversas en varios sitios y dejarlas evolucionar. Los investigadores y los agricultores pueden seleccionar posteriormente en estas parcelas, pero la población principal continúa evolucionando, convirtiéndose de esta manera en una fuente única de material genético en continua adaptación.

2. AGROBIODIVERSIDAD

La agrobiodiversidad a nivel de genes, especies y agroecosistemas aumenta la resiliencia al clima cambiante. La promoción de la agrobiodiversidad sigue siendo, por tanto, crucial para la adaptación local y la resiliencia de los agroecosistemas. Las innovaciones en la gestión de la agrobiodiversidad que reducen la vulnerabilidad al cambio climático ayudan en gran medida a abordar este desafío y garantizarán un suministro suficiente de alimentos, piensos, fibras y biocombustibles en las próximas décadas. Aprender de la gestión actual de la agrobiodiversidad que protege los cultivos y los sistemas de cultivo contra las variaciones climáticas extremas anuales podría ayudar a mejorar su adaptación al clima futuro (Ortiz, 2011). Por ejemplo, el uso de herramientas de sistemas de información geográfica (SIG) y datos de pasaporte permite identificar accesiones de bancos de germoplasma para sitios propensos al estrés, mientras que la caracterización disponible (incluida la caracterización del ADN) y los datos de evaluación ayudan a seleccionar accesiones prometedoras para adaptación a un estrés específico. La Estrategia de Identificación Focalizada de

Germoplasma (FIGS) puede ayudar en este esfuerzo. FIGS utiliza coordenadas geográficas de los sitios de recolección (descriptores de pasaporte), datos ambientales (incluidos datos agroecológicos) y tecnología de SIG para seleccionar las accesiones de bancos de germoplasma de que podrían haber evolucionado bajo presiones de selección para las características de interés. Se ha utilizado en el descubrimiento de genes relacionados con la adaptación a la sequía en las habas (Khazaei *et al.*, 2013) o la resistencia de la planta hospedante al pulgón ruso del trigo (El Bouhssini *et al.*, 2013) y la roya del tallo en el trigo (Bari *et al.*, 2012 y Endresen *et al.*, 2012), entre otros.

La adaptación de la agricultura al cambio climático dependerá, de hecho, de hacer coincidir los cultivares con los climas futuros y el fitomejoramiento para hacer frente tanto a la variabilidad climática como a los extremos, pero también a promover la resiliencia y adaptabilidad de los agricultores. Por ejemplo, la información acerca de las ubicaciones de los ensayos de prueba en varios sitios y el rendimiento de los cultivos (o cualquier otra evaluación) proporciona medios para modelar los “impactos del estrés” en los cultivos en la población objetivo de los ambientes, así como para encontrar áreas donde los escenarios de cambio climático ya ocurren o pueden imitarse para establecer sitios de tamizado para seleccionar genotipos prometedores de poblaciones segregantes grandes (Ortiz, 2015a). Además, los datos fenotípicos confiables, las técnicas estadísticas apropiadas, y el manejo de la varianza asociada con las interacciones genotipo por medio ambiente permiten la partición en variables ambientales discretas en el tiempo, y se interpretan en términos de la respuesta única de un genotipo, en una etapa fenológica determinada, como es la variación de año a año en patrones meteorológicos. Igualmente, la genómica de poblaciones –que es un enfoque en el que se puntúan muchos marcadores moleculares en individuos de distintos sitios con el objetivo de encontrar marcadores de ADN con patrones de variación inusuales– ayuda a identificar genes subyacentes a características ecológicamente importantes (Ortiz, 2019).

Los parientes silvestres de cultivos (CWR) son los antepasados del cultivo y las especies relacionadas que proporcionan genes para la reproducción de plantas. Los CWR son fuentes útiles de diversidad que pueden mejorar el rendimiento de los cultivos para una mejor adaptación al estrés hídrico o temperaturas extremas, condiciones que se verán agravadas por el cambio climático (Ortiz, 2015b). Sin embargo, los CWR merecen una atención especial porque algunas de sus poblaciones *in situ* también pueden verse afectadas por el cambio climático, así como por factores como la sobreexplotación y la pérdida de hábitat debido a cambios

en el uso de la tierra. Por tanto, la preservación de los CWR ayudará a garantizar que la diversidad genética adecuada permanezca disponible para ampliar el acervo de cultivos y su uso posterior en el fitomejoramiento en un clima incierto. Independientemente de su bajo rendimiento y calidad para las dietas, la mayoría de los CWR tienen el potencial de proporcionar componentes básicos para mejorar genéticamente los cultivos modernos. Los CWR de bajo rendimiento esconden genes que pueden mejorar el rendimiento de cultivares para resistencia a patógenos y plagas, adaptación a ambientes abióticos estresantes y calidad del producto. Por ejemplo, las especies de tomates silvestres (*Solanum* spp.) de América del Sur (particularmente Bolivia, Chile y Perú) son fuentes importantes de genes que podrían mejorar la adaptación del tomate al calor, la sequía, las inundaciones y la salinidad, *Solanum chilense* puede crecer en el desierto debido a sus largas raíces primarias y extenso sistema de raíces secundarias, mientras que *S. pennellii* aumenta su eficiencia en el uso del agua en condiciones de sequía, y *S. cheesmanii* o *S. peruvianum* pueden crecer en áreas costeras saladas. Asimismo, *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* y *S. pimpinellifolium* poseen genes para aumentar el contenido del licopeno. Los frutos de *S. pimpinellifolium* también tienen un excelente equilibrio de sabor, 7-8 °Brix, un atractivo color rojo y un alto contenido de vitamina C, que son las características que determinan la calidad del tomate.

Encontrar la característica deseada en un banco de germoplasma se asemeja a veces a “encontrar una aguja en un pajar”. Por ejemplo, una sola accesión del arroz silvestre *Oriza nivara* proporcionó resistencia al virus del achaparramiento (*Rice grassy stunt virus*, RGSV). Pequeños subconjuntos de accesiones de bancos de germoplasma que utilizan un muestreo adecuado pueden capturar la variación para características específicas, haciendo así más racional y eficiente la búsqueda de variaciones útiles (Ortiz, 2017). Una colección núcleo incluye un conjunto limitado de accesiones de bancos de germoplasma que representan con una repetitividad mínima la diversidad genética disponible de una especie de cultivo y sus parientes silvestres. Un criterio basado en la distancia genética permite la evaluación simultánea de todas las características que describen las accesiones del banco de germoplasma, proporcionan criterios intuitivos e interpretables para la evaluación de una colección central y la relacionan con su diversidad genética. El criterio de calidad del muestreo de la colección central depende de los objetivos y el tipo de subconjunto y debe basarse en datos que no se utilicen para seleccionar sus accesiones de bancos de germoplasma, que provienen principalmente de los sitios donde evolucionaron con el

tiempo. Por tanto, tienen rasgos adaptativos moldeados por las presiones de selección en los sitios de recolección.

La genómica de poblaciones se utilizó para estudiar la estructura de la población de las accesiones de sorgo en todo el mundo; se caracterizó con un mapa de todo el genoma basado en polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y se identificaron patrones antiguos de difusión del cultivo a diversas regiones agroclimáticas de África y Asia (Morris *et al.*, 2013). Esta investigación demostró que las limitaciones agroclimáticas y el aislamiento geográfico dieron forma al proceso de difusión. El acoplamiento de la genómica de poblaciones y la genética cuantitativa proporcionó un enfoque poderoso para descubrir aún más los mecanismos subyacentes a la adaptación como se encontró en la longitud de las ramas, que parece ser una característica agroclimática en el sorgo porque las panículas densas conducen a altos rendimientos, mientras que las panículas abiertas reducen la pérdida bajo la humedad. Además, si la asociación entre los alelos SNP y el sitio del cultivar local refleja la adaptación, sería factible predecir la variación fenotípica de los rasgos adaptativos. Al respecto, se ha demostrado que el medio ambiente representa una variación significativa de SNP independientemente de la distancia geográfica, y que los SNP predicen interacciones genotipo \times medio ambiente en condiciones de sequía o toxicidad por aluminio (Lasky *et al.*, 2015). Estas firmas genómicas de adaptación facilitarán la mejora del germoplasma y la reproducción asistida por marcadores. También se han observado patrones de adaptación local y la coevolución entre la cebada y los hongos que causan la mancha en red (o helmintosporiosis reticular) en este cultivo (Rau *et al.*, 2015). Se obtuvieron resultados coevolutivos distintos en los mismos huéspedes incluso con una especialización de nicho y un estilo de vida muy similares de los patógenos. Esta investigación también pudo identificar clinas latitudinales de resistencia de la planta hospedante y presiones selectivas diferenciales en distintos sitios debido a sus respectivas condiciones ecológicas. Este conocimiento puede permitir desplegar eficazmente la resistencia de las plantas hospedantes mediante programas de fitomejoramiento. Estos hallazgos también respaldan un enfoque de mejoramiento evolutivo de plantas, en el que las poblaciones de cultivos con una gran diversidad genética se dejan a las fuerzas de la selección natural. De esta manera, las plantas favorecidas por el medio ambiente aportan más semilla a la próxima generación que las plantas que muestran baja aptitud, adaptando así su población resultante donde crecen; es decir, mejoramiento para la resiliencia al cambiante clima.

3. RECURSOS FITOGENÉTICOS DE BOLIVIA, CHILE Y PERÚ EN SUS BANCOS DE GERMOPLASMA

La cordillera de los Andes ocupa la parte occidental de América del Sur bordeando toda la costa del Océano Pacífico. En la zona central, los Andes se ensanchan dando lugar a las altiplanicies y la puna, compartidas por Argentina, Bolivia, Chile y Perú. Las precipitaciones en el altiplano disminuyen hacia el sur y la vegetación de matorral se vuelve escasa, dando paso finalmente a rocas estériles y arcilla roja seca (Paniagua-Zambrana *et al.*, 2020). Esta tierra contiene varios salares, que son los restos secos de antiguos lagos.

Los bancos de germoplasma en Bolivia incluyen 15.620 accesiones de varios cultivos: raíces y tubérculos (achira, ahípa, arracacha, camote, mashua, oca, olluco, papa, yuca), cereales y leguminosas (arveja, frijol, haba, lupino, maíz, maní, trigo), granos altoandinos (cañihua, kiwicha, lupino, quinua), y frutales (principalmente durazno, pera, maracuyá y uva) y hortalizas (especialmente ajíes y cucurbitáceas) (FAO, 2019). En Chile se conservan 67.313 accesiones de 598 especies en sus bancos de germoplasma. El 88% de estas accesiones son de 259 especies cultivadas o de importancia para la alimentación y la agricultura, y el 12% restante corresponde a especies silvestres, por ejemplo: 33.794 entradas de cereales, 9.610 de leguminosas, 5.093 de hortalizas y 3.952 de forrajeras. Estas accesiones son principalmente cultivares locales o tradicionales, comerciales obsoletos y modernos, y en menor proporción líneas avanzadas de fitomejoramiento. Perú es uno de los centros más importantes de biodiversidad y domesticación de especies en el mundo (182 especies de plantas nativas domésticas y centenares de variedades autóctonas). Sus recursos fitogenéticos de diversos cultivos tienen una larga historia agrícola y cultural asociada a su manejo y uso sostenible. Por ejemplo, existen 9 especies domésticas, 3.000 variedades autóctonas y 91 especies silvestres de papas, cuya diversidad se debe a agricultores que las cultivan en diferentes ambientes y altitudes. Los bancos de germoplasma de recursos fitogenéticos en Perú incluyen 53.922 accesiones de 255 especies de plantas alimenticias, frutales, medicinales, aromáticas, industriales, ornamentales, forrajeras y forestales. El Ministerio del Ambiente ha publicado líneas de base respecto de la diversidad nativa con fines de bioseguridad, o sea, se ha realizado una prospección del estado de los principales cultivos nativos con el fin de determinar los espacios de concentración de estas especies y así evitar cualquier riesgo que podría implicar la introducción de organismos vivos modificados (OVM) en su agricultura. Estas líneas de base proporcionan también información para la conservación y puesta en valor de la diversidad genética de cultivos como, *inter alia*, la calabaza y el zapallo

(MINAM, 2019), el maíz (MINAM, 2018), la papa (MINAM, 2019), o el tomate (MINAM, 2019), que deberían ser utilizadas en futuras políticas públicas relacionadas con este patrimonio genético.

Las operaciones de un banco de germoplasma moderno no se deben limitar a la recolección, caracterización, regeneración y documentación de las accesiones que conserva. Si los genes disponibles en estas accesiones se van a poner en una forma utilizable para el fitomejoramiento, es importante que la agenda de investigación a largo plazo de bancos de germoplasma incluya el desarrollo de poblaciones de premejora avanzadas (Ortiz, 2002). Los bancos de germoplasma deben también promover la conservación *in situ* para mantener la integridad genética de las poblaciones de plantas en sus sitios naturales. Asimismo, los bancos de germoplasma deben apoyar el manejo y la mejora de los recursos fitogenéticos en las fincas. Este enfoque de conservación evolutiva permite continuar la selección natural en diversos ambientes, tiene bajos costos directos, y aumenta el control de los agricultores en sus recursos genéticos. La conservación *in situ* ayuda a preservar la dinámica coevolutiva entre los cultivos y sus CWR, y las poblaciones de patógenos de cada especie (Frankel *et al.*, 1995). Existen interacciones genéticas dinámicas para cambios microevolutivos en todo este sistema huésped-enfermedad. Por ejemplo, la coevolución entre una planta huésped silvestre y su población patógena residente es paralela a los cambios evolutivos en la población de patógenos que infectan a los cultivos (estos cambios pueden ser una respuesta, por ejemplo, a la introducción de nuevos cultivares que contienen genes de resistencia introgresados de sus CWR). Asimismo, los biotipos de patógenos del hospedador alternativo silvestre pueden invadir los cultivos, provocando una reacción de respuesta de los genes de resistencia silvestre, ya incorporados en cultivares mejorados, a la nueva población de los patógenos de los cultivos.

En resumen, los bancos de germoplasma deben facilitar proactivamente el uso de sus recursos fitogenéticos para evitar ser un museo de accesiones de plantas o un herbario vivo. Conservar y mejorar la biodiversidad vegetal es una parte esencial del mejoramiento genético sostenible de los cultivos. Por tanto, al promover la amplia utilización de los recursos fitogenéticos, los bancos de germoplasma están cumpliendo su función de mejorar el bienestar humano.

3.1. Caso de estudio: quinua

Hay varios cultivos de la región andina que tienen un alto nivel de adaptación a la sequía, las heladas, la salinidad, las plagas y las enfermedades.

Estos granos, tubérculos, raíces, árboles frutales, aromáticos y plantas medicinales tienen un gran potencial para un mayor uso y para su transformación en una gama de productos procesados (Jacobsen *et al.*, 2003). El desafío para mejorar el uso de estos cultivos es producirlos y procesarlos de manera sustentable en armonía con la naturaleza. Los cultivos andinos muestran una gran diversidad genética para su variabilidad de formas, colores y tamaños, así como para su calidad y cantidad de constituyentes primarios (almidones, proteínas, azúcares, ácidos grasos, minerales, vitaminas, glucósidos) y metabolitos secundarios (saponinas, alcaloides, taninos, oxalatos, carotenos, antocianinas, betalainas). La investigación agroindustrial debe buscar genotipos para cada uso específico para que sean valorados apropiadamente por consumidores que no los conocen.

Los granos andinos con un alto valor nutricional, una excelente calidad proteica y la capacidad para transformarse en una amplia gama de productos incluyen la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.), la cañihua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen), el amaranto (*Amaranthus caudatus* L.) y el altramuz andino o tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet). La quinua ha sido seleccionada por la FAO como uno de los cultivos destinados a ofrecer seguridad alimentaria en este siglo (Jacobsen, 2003). La variabilidad genética de la quinua es enorme, y los cultivares de quinua se adaptan al crecimiento desde el nivel del mar hasta los 4.000 metros sobre el nivel del mar (msnm), desde la latitud 40° S hasta la 2° N, y desde el clima frío de las tierras altas hasta las condiciones subtropicales. Esto hace posible seleccionar, adaptar y criar cultivares para una amplia gama de condiciones ambientales. Asimismo, la quinua ha sido considerada como un cultivo para el Sistema de Soporte de Vida Ecológico Controlado (CELSS) por sus altos valores proteicos (Schlick y Bubenheim, 1993). Este cultivo –rico en proteínas y con proporciones deseables de aminoácidos importantes– puede proporcionar una mayor versatilidad para satisfacer las necesidades de los humanos en misiones espaciales a largo plazo. El cultivar “Amarilla de Marangani” no tiene ningún aminoácido limitante (Repo-Carrasco *et al.*, 2003). La composición de ácidos grasos de la quinua es similar a la del aceite de germen de maíz. El mayor porcentaje de ácidos grasos presentes en el aceite que se puede extraer de la quinua es el Omega 6 (ácido linoleico). Sus concentraciones de γ - y α -tocoferol son 797,2 y 721,4 ppm, respectivamente. Su alto contenido de fibra dietética tiene muchos efectos positivos para la salud, por ejemplo, puede reducir el nivel de colesterol en la sangre y mejorar la digestión.

20 Las especies del género *Chenopodium* son plantas herbáceas y tupidas que crecen en zonas áridas y semiáridas del mundo. Las principales

características de las quenopodiáceas constituyen su resistencia a las condiciones climáticas y edáficas adversas. Pueden sobrevivir en lugares donde ningún otro cultivo puede prosperar y desempeñar papeles diversos e importantes que incluyen cultivos para la producción de alimentos y piensos. La quinua es la especie más destacada de este género, ya que es un cultivo de usos múltiples, cuyas hojas e inflorescencias jóvenes se pueden consumir como verdura (fresca o cocida), además del grano, que es el producto principal. En el altiplano, la quinua silvestre o ajara es un recurso alimenticio para ovejas y llamas cuando la disponibilidad de forraje es escasa. Las especies de *Chenopodium* cultivadas y recolectadas han sido también importantes para las culturas Tiahuanaco e Inca. La quinua, en particular, ha cumplido diversos roles en estas culturas ancestrales de Sudamérica, además de su rol en la nutrición humana y animal, pues la quinua tenía una importancia sagrada.

La quinua se distribuye ampliamente en los Andes de Bolivia, Perú, Ecuador, Colombia y el norte de Argentina y Chile (Bonifacio, 2003). Sus CWR se encuentran ampliamente distribuidas en el altiplano central y norte, y en los valles interandinos, pero son pocas en el altiplano sur. Se pueden identificar ecotipos de quinua con características adaptativas específicas. Por ejemplo, los ecotipos de valle se caracterizan por tener ciclos de crecimiento prolongados, plantas altas, alto grado de resistencia al mildiú (*Peronospora farinosa*) y grano pequeño. Los ecotipos cerca del lago Titicaca tienen un menor contenido de saponinas, semillas más pequeñas, resistencia relativa al mildiú y ciclos de crecimiento intermedios. En el altiplano sur de Bolivia, los ecotipos tienen semillas grandes, sabor amargo, ciclos de crecimiento temprano a intermedio, alta susceptibilidad al mildiú y buena calidad culinaria y comercial. Los agricultores plantan quinua en las distintas zonas agroecológicas y fisiográficas del altiplano para evitar perder toda su cosecha en un año determinado en un área determinada. Por ello, el cultivo de la quinua tradicionalmente incluye la rotación con una mezcla de cultivares de quinua y otros cultivos como papa, cañihua, frijol, tarwi y cebada (Aguilar y Jacobsen, 2003). La selección de cultivares se determina según el clima, el suelo y la humedad del lugar.

El Sr. José Graziano da Silva, entonces Director General de la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y Agricultura (FAO), hizo alusión a la quinua como un gran aliado en la lucha contra el hambre en su discurso con motivo del lanzamiento del Año Internacional de la Quinua en 2013. El Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD) y la FAO publicaron en

2014 el libro *Estado del arte de la quinua en el mundo* (Bazile *et al.*, 2014) para reunir los avances recientes en el conocimiento de este cultivo mediante la investigación. Esta publicación está estructurada en seis partes (botánica, domesticación y circulación de los recursos genéticos; aspectos agronómicos y ecológicos, aspectos técnicos y nutricionales; aspectos sociales y económicos; contexto del cultivo en su área originaria; y experimentación y difusión actual) que contienen los conocimientos actuales del cultivo de quinua respecto de estos temas. Igualmente, Slow Food y FAO divulgaron en la publicación *Quinoa in the Kitchen* (Cauda *et al.*, 2013) el conocimiento acerca de la quinua y con el objetivo de promover su uso para la eliminación del hambre y la desnutrición. Sus autores consideran que

Un elemento central del proceso es la gastronomía en sí y la idea de que esta ciencia holística y multidisciplinaria, que abarca todo, desde la agricultura hasta la historia, desde la economía hasta la antropología, desde la botánica hasta el arte culinario, puede ser una fuerza liberadora para las comunidades más afectadas por la desnutrición. Las tradiciones ancestrales y la protección de la biodiversidad a través del trabajo en el campo y el uso en la cocina, como en el caso de la quinua, pueden contribuir a liberar a muchas personas en el mundo de condiciones de inseguridad alimentaria.

La quinua es producida principalmente por pequeños agricultores en Perú, que utilizan sistemas tradicionales de producción, procesamiento, almacenamiento y distribución (Mujica *et al.*, 2003). Estos sistemas generan rendimientos relativamente bajos, que varían según las diferentes ubicaciones y años. Por tanto, el objetivo debe ser aumentar la producción y la productividad de la quinua, al mismo tiempo que se mantiene la seguridad ambiental y se mejora la seguridad alimentaria, especialmente cuando la demanda por los granos de este cultivo ha aumentado considerablemente durante los últimos años. El consumo de quinua en Perú está relacionado con la facilidad de obtención de sus granos y está influenciado por el grupo socioeconómico, la ubicación regional de las familias y el costo (Ayala, 2003). En las familias rurales que viven en un nivel mínimo de subsistencia, las necesidades de energía alimentaria primaria se cubren con raíces y tubérculos (papa, oca, mashua y olluco) y granos andinos (quinua, cañihua, kiwicha y tarwi). En las regiones urbanas se consumen tubérculos,

del trigo procesado (pan, fideos y pastas), y granos andinos. La quinua tiene una historia antigua de cultivo y consumo en Bolivia. La principal localización del cultivo y producción de quinua se encuentra en las tierras del altiplano cercanas al lago Titicaca. En los últimos años, este cultivo ha pasado de ser para consumo nacional a convertirse en un cultivo de exportación. Aunque es un cultivo relativamente desconocido en la agricultura de Chile, la quinua se cultiva en la zona andina del norte del país y en las tierras costeras de secano de la zona centro sur (Delatorre-Herrera, 2003). La zona con mayor cultivo de quinua se encuentra en el altiplano de Iquique en la Región de Tarapacá.

3.2. Diversidad de la quinua: fenotípica y genómica

La caracterización es el registro de características de accesiones claramente identificables, que son altamente heredables y ambientalmente estables, mientras que la evaluación se refiere a la descripción agronómica del material en un banco de germoplasma, para rasgos cuya expresión puede verse afectada por el medio ambiente y que generalmente son importantes para los fitomejoradores e investigadores en el mejoramiento genético de los cultivos. Los principales objetivos de la caracterización son: describir las accesiones y establecer las características de diagnóstico de las accesiones, clasificar las accesiones en grupos utilizando medios adecuados, evaluar las interrelaciones entre accesiones o entre rasgos y entre grupos geográficos de accesiones, estimar el grado de variación en la colección del banco de germoplasma, e identificar duplicados en un banco de germoplasma.

La caracterización y evaluación de los bancos de germoplasma comienza con la adopción adecuada de una lista de descriptores, que es la recopilación de descriptores de plantas estandarizados para una especie o cultivo. La lista de descriptores de quinua incluye características fenotípicas identificadas después de la caracterización y evaluación de la amplia variabilidad genética almacenada dentro de la colección de germoplasma de quinua boliviana (Biodiversity International, 2013). Cada descriptor consta de un nombre, estado y una escala que explica cómo se debe medir y registrar el descriptor. La mayoría de los descriptores para la caracterización y evaluación son específicos de la especie. Las listas de descriptores representan una herramienta importante para un sistema de caracterización estandarizado, que proporciona un formato internacional y un “lenguaje” universalmente entendido para los datos de recursos fitogenéticos. La adopción de este esquema para la codificación de datos permite un

medio rápido, confiable y eficiente para el intercambio, almacenamiento, recuperación y comunicación de información, y ayuda a la utilización de germoplasma. Por ejemplo, se ha observado variación significativa entre las accesiones de quinua para todas las características continuas, así como que las dimensiones de la planta y la inflorescencia están significativamente correlacionadas, pero las asociaciones entre las duraciones de las fases de desarrollo de la planta son débiles (Risi y Galwey, 1989^a). Estos resultados sugieren que existe un gran margen para la manipulación del patrón de desarrollo por medio del fitomejoramiento.

El número de descriptores seleccionados depende del cultivo (el número de características estables identificables que se pueden utilizar como descriptores) y de la importancia de la descripción del cultivo. Las listas de descriptores incluyen la descripción básica de las características y las diferentes clases de su expresión (caracterización), o cómo medir el rango de su variación (evaluación). Los descriptores son cualitativos –típicamente morfológicos, fisiológicos y moleculares (bioquímicos y de ADN)– y cuantitativos que muestran variación continua, sujetos a factores ambientales (por ejemplo, rendimiento y componentes, resistencia de la planta hospedante y tolerancia al estrés), a menudo utilizados en la clasificación, incluso cuando el ambiente o la interacción genotipo por ambiente afecta significativamente su expresión fenotípica. Los descriptores de caracterización deben mostrar valores altos de repetibilidad (R_C) porque se ven afectados relativamente poco por el ambiente y por la interacción genotipo por ambiente.

Se necesita una caracterización adecuada de las accesiones de los bancos de germoplasma para facilitar la utilización del germoplasma por los usuarios finales. La evaluación de la diversidad genética de la variación entre las accesiones de los bancos de germoplasma es el objetivo principal de la caracterización del germoplasma; es decir, la capacidad de distinguir accesiones entre sí como un primer paso para identificar esas accesiones para una exploración adicional de características útiles. La descripción sistemática de cada accesión debe llevar a la clasificación en grupos pequeños y bien organizados de accesiones de bancos de germoplasma que facilitará su utilización en la mejora genética del germoplasma. En este sentido, una colección núcleo es un conjunto limitado de accesiones que representan, con un mínimo de repetitividad, la diversidad genética de una especie de cultivo y sus CWR. La colección núcleo de quinua de la Universidad Nacional del Altiplano (UNA, Puno, Perú) se definió en un procedimiento de muestreo no superpuesto estratificado geográficamente e incluye 103 ecotipos o cultivares locales que capturan la mayor parte de

la variabilidad genética disponible en este germoplasma peruano (Ortiz *et al.*, 1998). Las accesiones se agruparon por el color de tallo o tipo y color de inflorescencia. Dentro de cada uno de estos subgrupos las accesiones fueron clasificadas por su departamento de recolección, lo que indica que el método de muestreo fue apropiado para elegir las accesiones de la colección núcleo de quinua de la UNA (Ortiz *et al.*, 1999). La varianza del índice de diversidad fenotípica utilizando descriptores de evaluación entre departamentos (0,0022) fue más pequeña que la varianza dentro de departamentos (0,0144). El Φ_{FS} de Wright –que representa la correlación entre las accesiones genéticas aleatorias dentro de un grupo en relación con las accesiones aleatorias de la población en general– se calculó dividiendo el cuadrado medio entre conglomerados y el cuadrado medio total del análisis de varianza. El Φ_{FS} de Wright fue 0,1325, que confirmó que gran parte de la variación entre las accesiones se debió a diferencias dentro de los departamentos y no entre ellos. Esta colección núcleo es un punto de partida para un mayor uso de los recursos genéticos de quinua, como se demostró con su tamizado para la germinación de semillas en una solución 0,6 M de NaCl (Ortiz y Stolen, 1997). Las cinco accesiones más promisorias fueron de distintas localidades del departamento de Puno.

Las técnicas de análisis multivariante, como el análisis de componentes principales (PCA), son más apropiadas que los análisis univariados cuando se mide más de una variable en cada individuo para definir una colección núcleo. Si bien los análisis univariados consideran las características individualmente, el PCA puede revelar relaciones entre caracteres, como características vegetativas y de inflorescencia o determinar cómo varían los cultivares y accesiones de un cultivo como la quinua en términos de todas las variables consideradas en conjunto. Por ejemplo, se midieron o anotaron características discretas y continuas relacionadas con la morfología y pigmentación de las plantas y con la duración de las fases de desarrollo en una colección diversa de germoplasma de quinua. El PCA de las características continuas encontró que su primer componente distinguía aquellas accesiones que germinan rápidamente para producir plantas pequeñas con inflorescencias pequeñas, y el segundo componente aquellas que producían una inflorescencia grande con relativa rapidez, pero no había un corte claro entre variables o componentes importantes y no importantes (Risi y Galwey, 1989b). Asimismo, el análisis canónico de las características continuas proporcionó criterios para distinguir ecotipos de quinua, pero sugirió que estos eran artificiales con la excepción de un tipo subtropical de la región de los Yungas de Bolivia. Un análisis de conglomerados jerárquicos de todas

las características confirmó que el cultivar “Amarilla de Marangani” era inusual. Las accesiones cercanas al nivel del mar en Chile formaron un grupo particularmente homogéneo. También se utilizaron tres métodos multivariados para analizar la diversidad del germoplasma de quinua boliviano, que llevaron a describir y agrupar conjuntos de individuos según sus múltiples características y sus interrelaciones (Rojas, 2003). Aproximadamente el 92% de las accesiones se clasificaron fácilmente en los siete grupos identificados mediante el análisis de conglomerados, y las accesiones clasificadas incorrectamente fueron identificadas y asignadas a un grupo más apropiado.

La evaluación de la biodiversidad en los bancos de germoplasma se basa fundamentalmente en la variación genética. La base genética de los descriptores es el concepto subyacente para la caracterización y evaluación de los recursos genéticos; es decir, los rasgos descritos se heredan (o se transmiten de generación en generación dentro de una accesión o se espera que aparezcan en la descendencia de un cruzamiento). Idealmente, la caracterización y evaluación del germoplasma debería basarse en la descripción de las accesiones del banco de germoplasma en términos de genes y alelos en lugar de descriptores fenotípicos. Los marcadores de ADN son descriptores que normalmente ofrecen resultados altamente reproducibles debido a la ausencia total de influencia ambiental en su expresión. Además, existe potencialmente un número casi ilimitado de marcadores de ADN, a diferencia de una gama muy limitada de las características visibles que son útiles como descriptores. Los marcadores de ADN son herramientas importantes para evaluar la biodiversidad, identificar duplicados, sondear vías evolutivas y estimar relaciones genéticas entre accesiones de un banco de germoplasma. Los marcadores de ADN ayudan a determinar la variación genética dentro de una población y, por tanto, brindan una herramienta de manejo para identificar distintas accesiones con la máxima variación genética, donde ese sea el objetivo. Los materiales únicos se pueden perder o descartar debido a la incapacidad de evaluar adecuadamente la diversidad genética del cultivo en un banco de germoplasma. Además, la evaluación de esa diversidad puede revelar el impacto del fitomejoramiento en los acervos genéticos de los cultivos, lo que puede reducir o ampliar su base genética y cambiar sus antecedentes genéticos.

El tamaño del genoma en el género *Chenopodium* varía 2,65 veces: de 0,31 pg en *C. aristatum* ($2x$) a 0,82 pg en *C. album* “Chandigarh” ($4x$) (Atul *et al.*, 2007). La quinua es una especie anfiploide ($2n = 4x = 36$) con un genoma bastante pequeño. El tamaño del genoma entre las accesiones de quinua entre las poblaciones con el genoma más grande y pequeño varía

en 5,9% (valor 1C: 1,005–1,596 pg) (Kolano *et al.*, 2012). El genoma más grande se encontró en la población C4 de Chile (promedio 3,077 pg / 2C) y el más pequeño en la población peruana P2 (promedio 2,905 pg / 2C). La variación no se correlacionó con el sitio de recolección. La variación entre los cultivares de quinua y los de la especie de Mesoamérica *C. berlandieri* subsp. *nuttalliae* (“Huauzontle”, “Quelite” y “Chia roja”) fue también evidente en el tamaño de sus cromosomas y la posición de sus satélites, y la longitud de sus respectivos genomas (Palomino *et al.*, 2008).

El primer mapa de ligamiento de la quinua consistió en 38 grupos de ligamiento (LG) que cubrieron 913 cM con 275 marcadores, incluidos 200 microsátelites (SSR) (Jarvis *et al.*, 2008). Se observó distorsión de la segregación en la población de mapeo para varios *loci* marcadores, lo que indicó posibles regiones cromosómicas asociadas con la selección o letalidad gametofítica. Los valores de heterocigosidad (H) de estos SSR varían de 0,12 a 0,90, con un valor medio de 0,57. Se utilizaron SSR también para caracterizar y cuantificar la diversidad genética en 28 accesiones de quinua del altiplano y 31 de la costa chilena (Fuentes *et al.*, 2009). Se detectaron 150 alelos entre la accesión de quinua, con un rango de 2 a 20 alelos por *locus* y un promedio de 7,5 alelos por *locus*. Tanto los análisis de conglomerados (UPGMA) como los de componentes principales separaron las accesiones en dos grupos discretos. El primer grupo contiene accesiones de quinua del norte (tierras altas andinas) y el segundo grupo está formado por accesiones del sur (tierras bajas o costeras). Tres accesiones de Europa se clasificaron en el grupo de la quinua del sur. Este análisis de diversidad permitió, por tanto, establecer las relaciones dentro y entre las accesiones de quinua del norte y sur de Chile.

Maughan *et al.* (2012) identificaron 14.178 SNPs utilizando un protocolo de reducción genómica, así como desarrollaron 511 ensayos de SNP funcionales. Estos ensayos de SNP se basan en el sistema de genotipado KASPar (Competitive Allele Specific PCR) y se detectaron utilizando la plataforma Fluidigm. La frecuencia de alelos menores (MAF) de los SNPs varió entre 0,02 y 0,50, y con un MAF promedio de 0,28 en 113 accesiones de quinua. El análisis de la estructura de este panel de diversidad de la quinua definió dos subgrupos principales correspondientes a los ecotipos de quinua andina y costera. El mapeo de ligamiento de los SNP en dos poblaciones de líneas endogámicas recombinantes produjo un mapa integrado con 29 grupos de ligamiento, de estos, 20 fueron grandes, y que abarcan 1.404 cM con una densidad de 3,1 cM por SNP. Estas son importantes herramientas genómicas para el fitomejoramiento y el análisis genético de las características agronómicas de la quinua.

El ensamblaje de una secuencia del genoma de referencia a escala cromosómica de alta calidad para la quinua se obtuvo mediante la secuenciación en tiempo real de una sola molécula en combinación con mapas ópticos, de contacto cromosómico y genéticos (Jarvis *et al.*, 2017). Esta secuencia del genoma facilitó la identificación del factor de transcripción que probablemente controle la producción de saponinas triterpenoides antinutricionales que se encuentran en las semillas de quinua, incluida una mutación que parece causar un empalme alternativo y un codón de parada prematuro en las cepas de quinua dulce.

3.3. Mejoramiento genético de la quinua con énfasis en adaptación al estrés

Jacobsen *et al.* (2003) notaron que la quinua puede crecer con solo 200 mm de lluvia en arena pura y observaron que 14 líneas con tolerancia aún mayor a la sequía tenían varios mecanismos de adaptación a la sequía. Los experimentos con macetas de invernadero mostraron que el estrés salino indujo mejores tasas de crecimiento absoluto y relativo, y que la planta desarrolló mecanismos de adaptación a la sequía por medio de una alta eficiencia en el uso del agua y altas proporciones de brotes de raíces. La resistencia estomática y el potencial hídrico de las hojas aumentaron con un mayor nivel de estrés. La fluorescencia de clorofila variable a máxima y el análisis de extinción mostraron que las plantas deshidratadas están menos protegidas de la fotoinhibición (Bosque Sánchez *et al.*, 2003). La quinua también tiene un alto grado de tolerancia a las heladas, sobreviviendo a -8°C hasta por 4 horas, dependiendo de la fase fenológica y el cultivar. Los cultivares de quinua de América del Sur tienen una respuesta facultativa de días cortos de la emergencia a la floración. Sus fases de desarrollo (emergencia a iniciación floral, iniciación floral a primera *antesis* y primera *antesis* a madurez fisiológica) son sensibles al fotoperíodo, que también afecta con la temperatura su tasa de aparición de hojas (LAR) (Bertero, 2003). Los filocronos más cortos (tiempo térmico entre la aparición de dos hojas sucesivas en el tallo principal) asociados con cultivares de floración temprana se observaron en cultivares de climas secos o fríos, y los más largos se observaron en cultivares de climas más húmedos y cálidos. La inhibición del crecimiento de la semilla fue más fuerte cuando se experimentaron días largos en combinación con altas temperaturas.

Los cultivares comerciales tradicionales son compuestos o mezclas de genotipos seleccionados con uniformidad en algunos caracteres como

color de grano. La colecta y selección (masal e individual) dentro del germoplasma, hibridación, retrocruzas e inducción de mutaciones son los métodos de fitomejoramiento utilizados en la quinua. Los cruzamientos simples y dobles asistidos por marcadores para estimar distancias genéticas también se han usado en el mejoramiento genético de la quinua.

4. CONCLUSIÓN

La conservación de los recursos fitogenéticos asegura que la variación genética contenida dentro de las especies se mantenga y esté disponible para su uso. Su objetivo es por tanto preservar el rango disponible de diversidad genética para una especie porque los recursos genéticos son una rica fuente de variación de carácter útil para su utilización posterior en el fitomejoramiento. El muestreo de accesiones de un cultivo disponible en un banco de germoplasma puede basarse en un análisis de diversidad y variabilidad que se base en datos de caracterización o evaluación, marcadores de ADN o ambos. Los subconjuntos (por ejemplo, colección núcleo) deben definirse para el conjunto de cultivos de un banco de genes después de ensayos que aseguren que las diferencias entre ellos son verdaderamente genéticas. La evaluación precisa de diversas accesiones de bancos de germoplasma en ensayos bien diseñados es esencial para identificar los recursos genéticos más relevantes para su uso posterior. Esta información debe compartirse amplia y rápidamente con los usuarios para lograr un impacto máximo, ya que se debe saber el potencial de las accesiones de los bancos de germoplasma para aprovechar al máximo esos recursos fitogenéticos.

5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguilar, P.C., Jacobsen, S-E. 2003. Cultivation of quinoa in the Peruvian Altiplano. *Food Reviews International* 19:31-41.
- Alliance of CGIAR Centers. 2009. Climate, Agriculture and Food Security: A strategy for Change. Challenge Program on Climate Change, Agriculture and Food Security, Copenhagen, Dinamarca. 46 pp.
- Atul, B., Shukla, S., Ohri, D. 2007. Genome size variation in some cultivated and wild species of *Chenopodium* (Chenopodiaceae). *Caryologia* 60: 245-250
- Ayala Macedo, G. 2003. Consumption of quinoa in Peru. *Food Reviews International* 19:221-227.

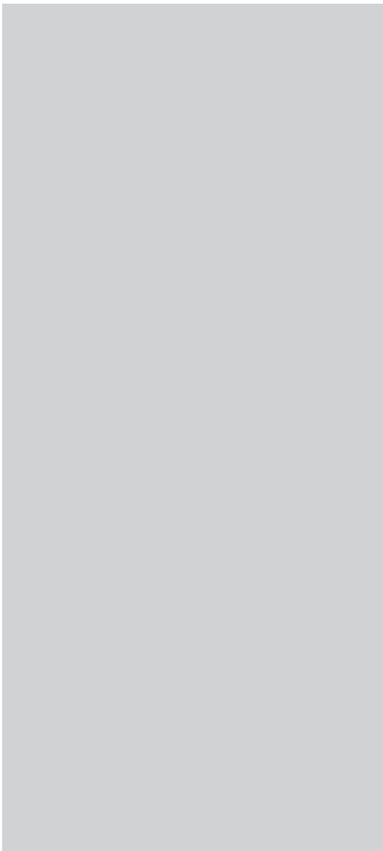
- Bari, A.; Street, K.; Mackay, M.; Endresen, D.T.F.; De Pauw, E., Amri, A. 2012. Focused identification of germplasm strategy (FIGS) detects wheat stem rust resistance linked to environmental variables. *Genetic Resources and Crop Evolution* 59:1465-1481.
- Bazile, D.; Bertero, D.; Nieto, C. (eds.). 2014. Estado del Arte de la Quinoa en el Mundo en 2013. FAO, Santiago de Chile, Chile-CIRAD, Montpellier, Francia. 724 pp.
- Bertero, H.D. 2003 Response of developmental processes to temperature and photoperiod in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Reviews International* 19:87-97.
- Biodiversity International, FAO, PROINPA, INIAF, IFAD. 2013. Descriptors for Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) and wild relatives. Biodiversity International, Roma, Italia – Fundación PROINPA, La Paz, Bolivia – Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal, La Paz, Bolivia – International Fund for Agricultural Development, Roma, Italia, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Roma, Italia. 48 pp.
- Bonifacio, A. 2003. *Chenopodium* sp.: genetic resources, ethnobotany, and geographic distribution. *Food Reviews International* 19:176-189.
- Bosque Sánchez, H.; Lemeur, R.; Van Damme, P.; Jacobsen, S-E. 2003. Ecophysiological analysis of drought and salinity stress of quinoa (*Chenopodium quinoa* willd.). *Food Reviews International* 19:111-119.
- Cauda, C.; Micheletti, C.; Minerdo, B.; Scaffidi, C.; Signoroni, E. 2013. Quinoa in the Kitchen. Slow Food Editore, Cuneo, Italia. 96 pp.
- Delatorre-Herrera, J. 2003. Current use of quinoa in Chile. *Food Reviews International* 19:155-165.
- El Bouhssini, M.; Street, K.; Amri, A.; Mackay, M.; Ogonnaya, F.C., Omran, A., Abdalla, O.; Baum, M.; Dabbous, A.; Rihawi, F. 2011. Sources of resistance in bread wheat to Russian wheat aphid (*Diuraphis noxia*) in Syria identified using the Focused Identification of Germplasm Strategy (FIGS). *Plant Breeding* 130:96-97.
- Endresen, D.T.F.; Street, K.; Mackay, M.; Bari, A.; Amri, A.; De Pauw, E.; Nazari, K.; Yahyaoui, A. 2012. Sources of resistance to stem rust (Ug99) in bread wheat and durum wheat identified using Focused Identification of Germplasm Strategy. *Crop Science* 52:764-773.
- FAO. 2009. The State of Plant Genetic Resources – Country Briefings. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y Alimentación, Roma, Italia <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/sow/sow2/country-reports/en/#americas>

- Frankel, O.; Brown, A.H.D.; Burdon, J.J. 1995. The Conservation of Plant Biodiversity. Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido. 299 pp.
- Fuentes, F.F.; Martínez, E.A.; Hinrichsen, P.V.; Jellen, E.N.; Maughan, P.J. 2009. Assessment of genetic diversity patterns in Chilean quinoa germplasm using multiplex fluorescent SSR. *Conservation Genetics* 10:369-377.
- Jacobsen, S-E. 2003. The worldwide potential for quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Reviews International* 19:167-177.
- Jacobsen, S-E.; Mujica, A.; Jensen, C.R. 2003. The resistance of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) to adverse abiotic factors. *Food Reviews International* 19:99-109.
- Jacobsen, S-E.; Mujica, A.; Ortiz, R. 2003. The global potential for quinoa and other Andean crops. *Food Reviews International* 19: 139-148.
- Jarvis DE Kopp, O.R.; Jellen, E.N.; Mallory, M.A.; Pattee, J.; Bonifacio, A.; Coleman, C.E.; Stevens, M.R.; Fairbanks, D.J.; Maughan, P.J. 2008. Simple sequence repeat marker development and genetic mapping in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Journal of Genetics* 87:39-51.
- Jarvis, D.E.; Ho, Y.S.; Lightfoot, D.J.; Schmöckel, S.M.; Li, B., Borm, T.J.A.; Ohyanagi, H.; Mineta, K., Michell, C.T.; Saber, N.; Kharbatia, N.M.; Rupper, R.R.; Sharp, A.R.; Dally, N., Boughton, B.A., Woo, Y.H., Gao, G., Schijlen, EGWM., Guo, X.; Momin, A.A.; Negrão, S.; Al-Babili, S.; Gehring, C.; Roessner, U.; Jung, C.; Murphy, K.; Arold, S.T.; Gojobori, T.; Van der Linden, C.G.; Van Loo, E.N.; Jellen, E.N.; Maughan, P.J.; Tester, M. 2017. The genome of *Chenopodium quinoa*. *Nature* 542:307-312.
- Khazaei, H.; Street, K., Bari, A.; Mackay, M.; Stoddard, F.L. 2013. The FIGS (Focused Identification of Germplasm Strategy) approach identifies traits related to drought adaptation in *Vicia faba* genetic resources. *PLoS ONE* 8: e63107. DOI:10.1371/journal.pone.0063107
- Kolano, B.; Siwinska, D.; Gómez Pando, L.; Szymanowska-Pulka, J.; Maluszynska, J. 2012. Genome size variation in *Chenopodium quinoa* (Chenopodiaceae). *Plant Systematics and Evolution* 298:251-255.
- Lasky, J.R.; Upadhyaya, H.D.; Ramu, P.; Deshpande, S.; Hash, C.T.; Bonnette, J.; Juenger, T.E.; Hyma, K.; Acharya, C.; Mitchell, S.E.; Buckler, E.S.; Brenton, Z.; Kresovich, S.; Morris, G.P. 2015. Genome-environment associations in sorghum landraces predict adaptive traits. *Science Advances* 1: e1400218. DOI: 10.1126/sciadv.1400218

- Mateo, N.; Ortiz, R. 2012. Agriculture, tropical (the Americas). En Beavis SG, Dougherty M, Gonzales T (eds.) *The Encyclopedia of Sustainability*. Vol. 8 The Americas and Oceania: Assessing Sustainability. Berkshire Publishing, Great Barrington, Massachusetts. pp. 2-5.
- Maughan, P.J.; Smith, S.M.; Rojas-Beltrán, J.A.; Elzinga, D.; Raney, J.A.; Jellen, E.N.; Bonifacio, A.; Udall, J.A.; Fairbanks, D.J. 2012. Single nucleotide polymorphism identification, characterization, and linkage mapping in quinoa. *The Plant Genome* 5:114-125.
- MINAM. 2018. Línea de Base de la Diversidad Genética del Maíz Peruano con Fines de Bioseguridad. Ministerio del Ambiente, Lima, Perú. 144 pp.
- MINAM. 2019. Servicio de Consultoría para la Elaboración de la Línea de Base de la Diversidad Genética de la Calabaza/Zapallo: Prospección de la Diversidad, Estudio Socioeconómico, Ecológico de Organismos y Microorganismos, Flujo de Genes y Sistematización. Ministerio del Ambiente, Lima, Perú. 327 pp.
- MINAM. 2019. Servicio de Consultoría para la Elaboración de la Línea de Base de la Diversidad Genética del Tomate Nativo: Prospección de la Diversidad, Estudio Socioeconómico, Ecológico de Organismos y Microorganismos, Flujo de Genes y Sistematización. Ministerio del Ambiente, Lima, Perú. 246 pp.
- MINAN. 2019. Línea de Base de la Diversidad Genética de la Papa Peruana con Fines de bioseguridad. Ministerio del Ambiente, Lima, Perú. 125 pp.
- Morris, G.P.; Ramu, P.; Deshpande, S.P; Hash, C.T; Shah, T.; Upadhyaya, H.D.; Riera-Lizarazu, O.; Brown, P.J.; Acharya, C.B.; Mitchell, S.E.; Harriman, J.; Glaubitz, J.C.; Buckler, E.S.; Kresovich, S. 2013. Population genomic and genome-wide association studies of agroclimatic traits in sorghum. *Proceedings National Academy of Sciences USA* 110:453-458.
- Mujica, A.; Marca, S.; Jacobsen, S-E. 2003. Current production and potential of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) in Peru. *Food Reviews International* 19:149-154.
- Neueschwander Alvarado, A.; Zabaleta Caicheo, J.F. 2010. El Cambio Climático en el Sector Silvoagropecuario de Chile. Fundación para la Innovación Agraria, Santiago, Chile. 123 pp.
- Ortiz, R. 2002. No just seed repositories: a more pro-active role for gene banks. *Gene Conserve* 1:21-24. <http://www.geneconserve.pro.br/site/pags/artigos-volumes.php?ano=2002>

- Ortiz, R. 2011. Agrobiodiversity management for climate change. En Lenné J, Wood D (eds.) Agrobiodiversity Management for Food Security: Critical Review. CAB International, Wallingford, Reino Unido. pp. 189-211.
- Ortiz, R. 2013. El cambio climático y la producción agrícola. Notas Técnicas. ESG-TN-383. Banco Interamericano de Desarrollo, Washington DC. 30 pp.
- Ortiz, R. 2015a. Plant Breeding in the Omics Era. Springer International Publishing, Nueva York. 249 pp.
- Ortiz, R. 2015b. The importance of crop wild relatives, greater diversity and genetic potential for stress tolerance. En: Redden, R.; Yadav, S.S.; Dulloo, E.; Maxted, N.; Guarino, L., Smith, P. (eds.) Crop Wild Relatives and Climate Change. Wiley-Blackwell, Nueva York. pp. 79-86.
- Ortiz, R. 2017. Leveraging agricultural biodiversity for crop improvement. En Hunter D, Guarino L, Spillane C, McKeown PC (eds.) Routledge Handbook of Agricultural Biodiversity. Routledge/Taylor & Francis Group, Oxford, Reino Unido. pp. 285-297.
- Ortiz, R. 2019. Role of plant breeding to sustain food security under climate change. En: Yadav, S.S.; Redden, R.; Hatfield, J.L.; Ebert, A.W.; Hunter, D. (eds.) Climate Change and Food Security in 21 Century. Wiley-Blackwell, Nueva York. pp. 145-158.
- Ortiz, R.; Madsen, S.; Ruiz-Tapia, E.N.; Mujica-Sánchez, A.; Christiansen JL, Stølen O (1999) Validating a core collection of Peruvian quinoa germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution* 46:285-290.
- Ortiz, R.; Ruiz-Tapia, E.N.; Mujica-Sánchez, A. 1998. Sampling strategy for a core collection of Peruvian quinoa germplasm. *Theoretical and Applied Genetics* 96:475-483.
- Ortiz, R.; Stølen, O. (eds.) .1997. Spelt and Quinoa. Proceedings of Working Group Meeting for Crop Development in Cool and Wet Region of Europe - Small grains and Pseudo-cereals. Centrum voor Plantenveredelings- en Reproductieonderzoek - Dienst Landbouwkundig Onderzoek, Wageningen, Países Bajos, 24-25 October 1997. The Royal Veterinary and Agricultural University, Frederiksberg, Dinamarca. 133 pp.
- Palomino, G.; Trejo Hernández L.Ö.; De la Cruz Torres, E. 2008. Nuclear genome size and chromosome analysis in *Chenopodium quinoa* and *C. berlandieri* subsp. *nuttalliae*. *Euphytica* 164:221-230.
- Paniagua-Zambrana, N.Y.; Bussmann, R.W.; Echeverría, J. 2020. Ethnobotany of Mountain Regions: Andes-Bolivia, Chile, Peru. En: Paniagua-Zambrana NY, Bussmann RW (eds.), Ethnobotany 33

- of the Andes, *Ethnobotany of Mountain Regions*. Springer Nature Switzerland AC, Suiza. pp. 3-81. DOI: 10.1007/978-3-030-28933-1_2
- Rau, D.; Rodríguez, M.; Murgia, M.L.; Balmas, V.; Bitocchi, E.; Bellucci, E.; Nanni, L.; Attene, G.; Papa, R. 2015. Co-evolution in a landrace meta-population: two closely related pathogens interacting with the same host can lead to different adaptive outcomes. *Scientific Reports* 5: 12834. DOI: 10.1038/srep12834
- Repo-Carrasco, R.; Espinoza, C.; Jacobsen, S-E. 2003. Nutritional value and use of the Andean crops quinoa (*Chenopodium quinoa*) and kañiwa (*Chenopodium pallidicaule*). *Food Reviews International* 19:1-7.
- Risi, C. J.; Galwey, N.W.1989b. The pattern of genetic diversity in the crop quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd). II. Multivariate methods. *Euphytica* 41:135-145.
- Risi, C.J.; Galwey, N.W. 1989a. The pattern of genetic diversity in the crop quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd). I. Associations between characteristics. *Euphytica* 41:147-162.
- Rojas, W. 2003. Multivariate analysis of genetic diversity of Bolivian quinoa Germplasm, *Food Reviews International* 19:9-23.
- Schlick, G.; Bubenheim, D.L. 1993. Quinoa: an emerging “new” with potential for CELSS. NASA Technical Paper 3422. National Aeronautics and Space Administration-Ames Research Center, Moffett Field, California.
- Van Ginkel, M.; Sayer, J., Sinclair, F.; Aw-Hassan, M.A.; Bossio, D.; Craufurd, P.; El Mourid, M.; Haddad, N.; Hoisington, D.; Johnson, N.; León, Velarde, C.; Mares, V.;Mude, A.; Nefzaoui, A.; Noble, A., Rao, KPC.; Serraj, R., Tarawali, S.; Vodouhe, R., Ortiz, R. 2013. An integrated agroecosystem and livelihoods approach for the poor and vulnerable in dry areas. *Food Security* 5:751-767.



LA KAÑIWA O KAÑAWA
(*CHENOPODIUM PALLIDICAULE*
AELLEN), EL PEQUEÑO GRANO
ANDINO

Mario E. Tapia N.

RECURSOS FITOGENÉTICOS DE INTERÉS AGRÍCOLA

ALGUNOS CASOS DE VALORIZACIÓN Y
DESARROLLO ACTUAL EN LA AGRICULTURA
TRANSFRONTERIZA DE PERÚ, BOLIVIA Y CHILE



Ediciones Universidad de Tarapacá
Publicación realizada con aportes del
Convenio de Desempeño CD UTA1799

RECURSOS FITOGENÉTICOS DE INTERÉS AGRÍCOLA

Algunos casos de valorización y desarrollo actual en la agricultura transfronteriza de
Perú, Bolivia y Chile.

Primera edición: diciembre, 2020.
Impreso en: Andros Impresores Ltda.
ISBN: 978-956-6028-16-1

Editores:

Elizabeth Bastías Marín, Dra. Fisiología Vegetal.
Yeny Ángel Rojas, Ingeniera Agrónoma.
Universidad de Tarapacá.
Departamento de Producción Agrícola.
Facultad de Ciencias Agronómicas.
Contacto: ebastias@uta.cl

Autores:

PhD. Rodomiro Ortiz Ríos. Swedish University of Agricultural Science.
PhD. Mario E. Tapia Núñez. Asesor Independiente, Perú.
Dra. Luz Gómez Pando. Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú.
PhD. Óscar Fernández Cutire. Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, Perú.
Ing. Agrónoma Betty Mamani-Huarcaya, Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann,
Perú.
PhD. Karina Ustariz Olivera. Universidad Mayor de San Simón, Bolivia.
Ing. Agrónomo Luis Pizarro Arce. Instituto de Desarrollo Agropecuario (INDAP),
Tarapacá, Chile.
Dra. Elizabeht Bastías Marín. Universidad de Tarapacá, Chile.