

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN CRISTÓBAL  
DE HUAMANGA**

**ESCUELA DE POSGRADO**

**UNIDAD DE POSGRADO DE LA FACULTAD DE  
CIENCIAS BIOLÓGICAS**



**TESIS:**

**Diversidad genética de *Chenopodium quinoa* Willd.  
“quinua” en la región Ayacucho 2024**

Para optar el grado académico de:  
**MAESTRA EN CIENCIAS, MENCIÓN  
GESTIÓN AMBIENTAL Y BIODIVERSIDAD**

PRESENTADO POR:  
**Bach. Rosana Luzia VENTURA CAVERO**

ASESOR:  
**Dr. Jesús DE LA CRUZ ARANGO**

COASESOR:  
**MSc. Reynán CÓNDOR ALARCÓN**

**AYACUCHO - PERÚ**

**2026**

Esta investigación va para ti... Mamá

## AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, a la Facultad de Ciencias Biológicas, a la Escuela de Posgrado y al Centro de Conservación de Plantas Nativas, por brindarme facilidades en la realización de esta investigación, además de ser un espacio de desarrollo académico, debate de ideas y generación de nuevas perspectivas.

A mis asesores Dr. Jesús de la Cruz Arango y MSc. Reynán Cóndor Alarcón por compartir sus conocimientos y brindarme el apoyo necesario en cada etapa de la realización de la presente investigación.

A cada una de las personas que se fueron sumando en esta gran aventura de la tesis, delimitar el problema de investigación, salidas al campo para la colecta de accesiones, identificación de accesiones, extracción de material genético, procesamiento y sobre todo el momento más crítico de este trabajo ... la redacción, gracias por las múltiples técnicas de avance, palabras de aliento y también llamadas de atención por el tiempo que se fue dilatando.

Mi eterna gratitud a la familia y amigos que me apoyaron durante el proceso, su paciencia y generosidad iluminaron el camino cuando parecía que no había más salida.

Agradecer a quienes formaron parte de esta aventura que tomó su tiempo en realizarse.

## ÍNDICE GENERAL

	Página
DEDICATORIA	ii
AGRADECIMIENTOS	iii
ÍNDICE GENERAL	iv
ÍNDICE DE TABLAS	v
ÍNDICE DE FIGURAS	vii
ÍNDICE DE ANEXOS	viii
RESUMEN	ix
ABSTRACT	x
I. INTRODUCCIÓN	11
II. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	12
III. MARCO TEÓRICO	13
3.1. Antecedentes de la investigación	13
3.2. Bases teóricas	15
3.2.1. Taxonomía	15
3.2.2. Origen	16
3.2.3. Descripción botánica y agronómica	17
3.2.4. Fenología y fisiología	18
3.2.5. Valor nutricional	18
3.2.6. Exigencias en clima y suelo	19
3.2.7. Conservación <i>ex situ</i>	20
3.2.8. Bancos de germoplasma	20
3.2.9. PCR	21
3.2.10. Marcadores moleculares	21
3.2.11. Taxonomía numérica	22
3.2.12. Plasticidad fenotípica	23
3.3. Marco conceptual	23
3.3.1. Genotipo	23
3.3.2. Fenotipo	23
3.3.3. Polimorfismo	23
3.3.4. Diversidad genética	24
3.3.5. Índices de diversidad genética	24
3.3.6. Accesión	25
3.3.7. Grano de quinua	26
3.3.8. Semilla de quinua	26
3.3.9. Episperma	26
3.3.10. Pericarpio	26

3.3.11.	Perigonio	26
IV.	METODOLOGÍA	27
V.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	34
VI.	CONCLUSIONES	50
VII.	RECOMENDACIONES	51
VIII.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52
IX.	ANEXOS	65

## ÍNDICE DE TABLAS

	Página
Tabla 1. Clasificación taxonómica de la quinua. (Willdenov, 1797)	15
Tabla 2. Iniciadores ISSR seleccionados para la amplificación de bandas nítidas y polimórficas de ADN de las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.	29
Tabla 3. Descriptores utilizados para la caracterización morfológica de granos de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	32
Tabla 4. Caracterización morfológica cuantitativa de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	34
Tabla 5. Calidad y cantidad de ADN extraído de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - UNSCH. Ayacucho 2025.	40
Tabla 6. Porcentaje de loci polimórficos detectados por marcadores ISSR en 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - UNSCH. Ayacucho 2025.	43
Tabla 7. Índice de diversidad de Shannon y coeficiente de heterocigosidad esperada de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH. Ayacucho 2025.	44
Tabla 8. Análisis Molecular de la varianza de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - UNSCH. Ayacucho 2025.	45

## ÍNDICE DE FIGURAS

	Pág.
Figura 1. Color de pericarpio evaluado en las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	36
Figura 2. Color de episperma evaluado en las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	37
Figura 3. Forma de grano evaluado en las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	38
Figura 4. Dendrograma basado en las características morfológicas de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	39
Figura 5. Bandas polimórficas y únicas observadas con cada marcador ISSR en 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - UNSCH. Ayacucho 2025.	41
Figura 6. Dendrograma de las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	46
Figura 7. Coordenadas principales obtenidas del análisis molecular de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025	48
Figura 8. Test de Mantel obtenido con los datos genéticos y geográficos de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	49

## ÍNDICE DE ANEXOS

	Pág.
Anexo 1. Matriz de consistencia	66
Anexo 2. Intención de siembra – Campaña 2025-2026	67
Anexo 3. Datos pasaporte de las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.	68
Anexo 4. Iniciadores ISSR preseleccionados para la amplificación de bandas nítidas y polimórficas de ADN de las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.	69
Anexo 5. Polimorfismo obtenido con los marcadores seleccionados para las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.	70
Anexo 6 Matriz binomial de polimorfismo encontrado en las 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.	76
Anexo 7 Caracterización morfológica de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.	81
Anexo 8 Análisis de varianza y comparación múltiple de la variable peso de grano de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.	82
Anexo 9 Análisis de varianza y comparación múltiple de variable ancho grano de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.	83
Anexo 10 Análisis de varianza y comparación múltiple de variable longitud de grano de 25 accesiones de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.	84

## RESUMEN

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un cultivo andino de alto valor nutricional y amplia adaptabilidad, cuya diversidad genética resulta esencial para su conservación y aprovechamiento sostenible. El objetivo de este estudio fue evaluar la variabilidad genética de 25 accesiones procedentes de los distritos de Chiara, Sarhua, Acocro, María Parado de Bellido, Tambillo y Concepción (Ayacucho, Perú), conservadas en el Centro de Conservación de Plantas Nativas de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga. La caracterización morfológica de los granos se realizó siguiendo los descriptores de la FAO, considerando variables cualitativas —como color y textura del pericarpio, y forma y aspecto del epispermo— y cuantitativas —incluyendo peso, longitud y ancho del grano—. Paralelamente se extrajo ADN genómico para su análisis mediante cinco marcadores Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) y se evaluó la relación entre distancias genéticas y geográficas mediante la prueba de Mantel. Los análisis morfológicos y moleculares generaron dendrogramas independientes que revelaron tres agrupamientos consistentes, en los que la accesión QU-023 (Chiara) conformó un clado exclusivo, evidenciando una divergencia significativa con respecto a las demás. Los estimadores de diversidad mostraron baja variabilidad genética, concordante con el análisis de varianza molecular (AMOVA), que atribuyó la mayor parte de la variación a diferencias intrapoblacionales. De igual modo, el coeficiente PhiPT reflejó escasa diferenciación genética y la prueba de Mantel no mostró correlación significativa entre distancia genética y geográfica. En conjunto, estos resultados indican que las poblaciones de quinua evaluadas presentan una estructura genética homogénea, con la variabilidad concentrada principalmente dentro de las poblaciones y resaltan el valor singular de la accesión QU-023.

**Palabras clave:** *Chenopodium quinoa* Willd. ISSR, caracterización, diversidad genética.

## ABSTRACT

Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is an Andean crop of high nutritional value and broad adaptability, whose genetic diversity is essential for its conservation and sustainable use. The objective of this study was to evaluate the genetic variability of 25 accessions originating from the districts of Chiara, Sarhua, Acocro, María Parado de Bellido, Tambillo, and Concepción (Ayacucho, Peru), conserved in the Germplasm Bank of the Center for the Conservation of Native Plants of the Faculty of Biological Sciences at the National University of San Cristóbal de Huamanga. Grain morphological characterization was carried out following FAO descriptors, considering qualitative variables—such as pericarp color and texture, and episperm shape and appearance—and quantitative variables, including grain weight, length, and width. In parallel, genomic DNA was extracted for analysis using five Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers, and the relationship between genetic and geographic distances was assessed with the Mantel test.

Morphological and molecular analyses generated independent dendrograms that revealed three consistent groupings, in which accession QU-023 (Chiara) formed an exclusive clade, showing significant divergence from the others. Diversity estimates indicated low genetic variability, consistent with the analysis of molecular variance (AMOVA), which attributed most of the variation to intrapopulation differences. Likewise, the PhiPT coefficient reflected low genetic differentiation, and the Mantel test showed no significant correlation between genetic and geographic distances.

Overall, these results indicate that the evaluated quinoa populations exhibit a homogeneous genetic structure, with variability concentrated mainly within populations, and highlight the unique value of accession QU-023.

**Keywords:** *Chenopodium quinoa* Willd., ISSR, characterization, genetic diversity.

## I. INTRODUCCIÓN

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es reconocida a nivel mundial por su alto valor nutricional y su contribución a una dieta equilibrada. Como cultivo andino, destaca por su amplia adaptabilidad, ya que puede desarrollarse desde el nivel del mar hasta altitudes cercanas a los 4 000 msnm. (Leiva Piedra *et al.*, 2015). Además de presentar tolerancia a condiciones ambientales adversas. Estas características han favorecido que, desde tiempos ancestrales, los agricultores de los Andes las cultiven, preservando así una notable diversidad genética.

No obstante, pese a la gran variabilidad, la producción actual se concentra en un número reducido de variedades orientadas principalmente a la comercialización y la exportación. Esta tendencia amenaza la conservación de variedades tradicionales de menor demanda, lo que incrementa el riesgo de erosión genética. En este contexto, se requiere información actualizada sobre la diversidad de *Chenopodium quinoa* Willd. Para ello, esta investigación utilizó descriptores morfológicos de la FAO y Bioversity International, junto con marcadores ISSR, con el fin de estimar el polimorfismo entre las accesiones conservadas.

Los objetivos planteados en la presente investigación fueron:

### **Objetivo general:**

Evaluar la diversidad genética de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” conservada en el Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH.

### **Objetivos específicos:**

1. Caracterizar morfológicamente los granos de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua”.
2. Determinar la variabilidad molecular de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua”.
3. Determinar la relación entre la variación molecular y geográfica de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua”.

## II. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

En los últimos años, el auge exportador de granos andinos ha impulsado en Ayacucho el sobrecultivo de quinua, priorizando variedades de alta demanda, como las quinuas blancas y rojas, para cumplir con las exigencias del mercado internacional. Esta tendencia, motivada por la necesidad de uniformidad en calidad y volumen, podría estar reduciendo la diversidad genética local, al privilegiar el uso de una sola variedad o de semillas mejoradas.

La diversidad genética de la quinua es esencial para su valor nutricional —con rangos de proteínas de 5,39 % a 18,39 %, grasas de 2,05 % a 10,88 % y variación en aminoácidos esenciales (Rojas *et al.*, 2016)—, así como para su tolerancia a condiciones adversas, lo que garantiza su sostenibilidad productiva (Böndel y Schmid, 2021; Alania-Choque *et al.*, 2024). A nivel global, se conservan 16 422 accesiones en 59 bancos de germoplasma (Rojas *et al.*, 2014) y la caracterización molecular mediante marcadores ISSR ha demostrado su utilidad para detectar variabilidad genética aprovechable en programas de mejoramiento (Morillo Coronado *et al.*, 2017).

Ante este panorama, se requiere evaluar el estado actual de la diversidad morfológica y genética de las accesiones cultivadas en la región, a fin de generar información que oriente estrategias de conservación y uso sostenible. Este estudio se delimita a 25 accesiones procedentes de distritos con mayor intención de siembra, ubicados en las provincias de Huamanga, Vilcashuamán y Cangallo, según el reporte de la Dirección Regional Agraria para la campaña 2025–2026.

### III. MARCO TEÓRICO

#### 3.1. Antecedentes de la Investigación

##### 3.1.1. Internacionales.

Torres *et al.* (2000) desarrollaron un estudio morfológico y agronómico de *Chenopodium quinoa* Willd. en el Centro Agropecuario “Marengo” de la Universidad Nacional de Colombia (Mosquera, Cundinamarca). Evaluaron 49 características morfológicas y agronómicas en 19 cultivares de la sabana de Bogotá, pertenecientes a la Prueba Americana y Europea de Quinoa. Los resultados mostraron la existencia de nueve grupos diferenciados, con clara separación entre materiales americanos y europeos. Los cultivares E-DK-4 y G-205-95 (procedentes de Dinamarca) destacaron por su precocidad, alto rendimiento en grano y biomasa, así como por su porte bajo.

Morillo-Coronado *et al.* (2017) caracterizaron molecularmente 82 materiales de quinua de la colección de la Gobernación de Boyacá (Colombia) utilizando siete marcadores ISSR. Obtuvieron un promedio de heterocigosidad de 0,38, considerado bajo en comparación con otros estudios del género *Chenopodium*.

Morillo-Coronado *et al.* (2023) evaluaron 60 accesiones de *Chenopodium quinoa* de Cundinamarca (Colombia) mediante nueve marcadores ISSR. El análisis reveló una diversidad genética moderada ( $He = 0,34$ ) y una diferenciación significativa entre grupos altitudinales, sugiriendo que las condiciones agroecológicas influyen en la estructura genética.

Delgado *et al.* (2024), en Ecuador, estudiaron la conservación *in situ* de variedades nativas de quinua y su variabilidad fenotípica. Mediante 12 descriptores morfológicos, identificaron diferencias significativas en color, forma y tamaño de grano, asociadas a prácticas culturales y microclimas locales, resaltando la importancia de preservar ecotipos tradicionales frente a la homogeneización genética.

Patiranage *et al.* (2022) realizaron un análisis genómico global de *Chenopodium quinoa* mediante secuenciación de nueva generación (NGS) y análisis de SNPs, encontrando una amplia variabilidad genética distribuida en función de su origen geográfico, lo que respalda su uso en programas de mejoramiento orientados a la resiliencia climática.

Sourilaki *et al.* (2023) evaluaron 50 genotipos de *Chenopodium quinoa* utilizando 40 parejas de marcadores microsatélite (SSR), con el objetivo de identificar accesiones superiores en términos de rendimiento de grano y componentes asociados a este. Mediante análisis de asociación: modelo lineal general y modelo lineal mixto, los autores detectaron relaciones significativas entre marcadores y rasgos clave como Madurez Fisiológica, Longitud de Panícula, Número de Panículas por planta y Peso de 1 000 granos, identificando tres genotipos (“1”, “32” y “49”) como superiores. El estudio también reveló dos subpoblaciones genéticas en la muestra ( $K = 2$ ), sustentadas por análisis estructural. En total, se establecieron 12 marcadores constantes como vinculados a dichos rasgos durante dos años consecutivos, destacando su aplicabilidad en programas de mejoramiento genético de quinua.

### **3.1.2. Nacionales.**

Tamayo (2010) caracterizó inter e intragenotípicamente 16 accesiones de quinua provenientes de Puno, Cusco, Cajamarca, Arequipa y Áncash utilizando marcadores ISSR. El análisis agrupó las accesiones en tres clústeres con un coeficiente de similitud de 0,79, evidenciando variabilidad genética relacionada con el origen geográfico.

Cárdenas (2017) evaluó la diversidad genética de 129 accesiones de quinua de Puno mediante 15 marcadores microsatélites usando PCR *multiplex* y electroforesis capilar. En el estudio se detectaron 179 alelos (7 a 19 por locus, promedio de 11,93) y una heterocigosidad promedio de 0,77; lo que indica alta diversidad genética sin estructura poblacional definida.

Donaire (2018) caracterizó molecularmente 75 accesiones de quinua de Puno usando microsatélites, calculando un  $F_{ST}$  de 0,066 y aplicando PCA y DPCA para analizar la distribución genética. Los resultados revelaron dos agrupamientos principales asociados a ecotipos de valles interandinos y altiplano, sin evidencia de estructuración genética en el altiplano.

### 3.1.3. Locales.

Menéndez (2016) genotipificó 88 accesiones locales de Ayacucho con 13 SSR, identificando dos genotipos mediante PCA y UPGMA, y mostrando que la distribución alélica no se correlaciona con la red vial o la provincia

García-Godos y Cueva-Castillo (2021) utilizaron la técnica molecular de AFLPs para determinar la variabilidad genética de 29 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Banco de Germoplasma del INIA - Ayacucho, encontrando una varianza genética promedio de  $0,306 \pm 0,011$ , con un índice de información de Shannon de  $0,463 \pm 0,015$ , mostrando así el alto grado de variabilidad genética de las 29 accesiones de quinua y que no existió ninguna accesión duplicada en dicho banco.

De la Cruz *et al.* (2025) evaluaron 34 accesiones de quinua de diferentes provincias de Ayacucho mediante microsatélites, obteniendo un valor de He de 0,29 y un FST de 0,042; lo que indica baja diferenciación genética entre localidades. El estudio resaltó la necesidad de estrategias de conservación que eviten la erosión genética por el cultivo intensivo de pocas variedades comerciales.

## 3.2. Bases teóricas

### 3.2.1. Taxonomía

*Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” se clasifica, según el sistema de Cronquist (1981), dentro de la familia *Chenopodiaceae*, un grupo predominantemente herbáceo con adaptación a ambientes áridos y salinos. La jerarquía taxonómica en este sistema se presenta a continuación.

**Tabla 1.** Clasificación taxonómica de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua”. Cronquist, A. (1981)

Categoría	Clasificación
División	Magnoliophyta
Clase	Magnoliopsida
Subclase	Caryophyllidae
Orden	Caryophyllales
Familia	Chenopodiaceae
Género	<i>Chenopodium</i>
Especie	<i>Chenopodium quinoa</i> Willd.
Nombre vulgar	Quinua

Fuente: Cronquist A. (1981)

En el sistema de clasificación de Cronquist, la familia *Chenopodiaceae* es reconocida como un grupo independiente. Sin embargo, los sistemas filogenéticos actuales, como el APG IV (2016), la han incorporado dentro de la familia *Amaranthaceae*, específicamente en la subfamilia *Chenopodioideae*, con base en evidencias obtenidas a partir de estudios moleculares. No obstante, en el presente trabajo se adopta la clasificación propuesta por Cronquist a fin de mantener la coherencia con los enfoques taxonómicos tradicionales ampliamente utilizados en la literatura botánica.

### **3.2.2. Origen**

La quinua *Chenopodium quinoa* Willd. ha constituido desde tiempos remotos un componente esencial en la alimentación de las culturas andinas (Biodiversity International *et al.*, 2013). La evidencia arqueológica indica que su domesticación se inició hace más de 7 000 años por civilizaciones preincas e incas, extendiéndose su cultivo desde el norte de Colombia hasta el sur de Chile y desde zonas costeras hasta altitudes cercanas a los 4 000 msnm (Mujica y Jacobsen, 2006). Este pseudocereal, de notable adaptabilidad a condiciones agroecológicas extremas, es naturalmente libre de gluten y posee ácidos grasos de alta calidad (Fuentes y Paredes, 2013). Asimismo, presenta un perfil nutricional sobresaliente, con alto contenido proteico que incluye todos los aminoácidos esenciales, elementos traza y cantidades significativas de vitaminas C, E (tocoferoles) y del complejo B (B1, B2 y B3). A ello se suma su aporte de minerales como calcio, potasio, hierro, magnesio, manganeso y fósforo, así como isoflavonas que refuerzan su capacidad antioxidante (Morillo-Coronado *et al.*, 2017).

Más allá de su indiscutible valor nutricional, la quinua ha conservado un papel vital en la identidad cultural y las prácticas agrícolas tradicionales de las comunidades altoandinas. Estos grupos han transmitido a lo largo de siglos saberes vinculados al cultivo, la cosecha y las ceremonias asociadas, contribuyendo así a mantener su formidable diversidad genética (Cocarico *et al.*, 2024). En las últimas décadas, su consagración mundial como “superalimento”, respaldada por instituciones como la FAO durante el Año Internacional de la Quinua (2013), ha catalizado tanto su expansión agroalimentaria como su revalorización simbólica como emblema de seguridad alimentaria y patrimonio cultural (APG IV, 2016).

### **3.2.3. Descripción botánica y agronómica**

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.,  $2n = 4x = 36$ ) es una especie dicotiledónea cuyo ciclo vegetativo puede oscilar entre 90 y 240 días. Se desarrolla en zonas

con precipitaciones anuales de 200 a 280 mm y tolera suelos con un rango de pH de 4,5 a 9 (Apaza, 2013). El sistema radical está compuesto por una raíz pivotante principal de la cual emergen numerosas raíces laterales ramificadas. La longitud de la raíz varía entre 0,8 y 1,5 m, en función del genotipo, las condiciones edáficas, la disponibilidad de nutrientes y factores climáticos (Gómez y Aguilar, 2016).

El tallo es de forma cilíndrica y adquiere un contorno anguloso a partir de sus ramificaciones. Su coloración varía del verde al rojo y presenta estrías, mientras que las axilas pueden exhibir pigmentación verde, rojiza o púrpura (Apaza *et al.*, 2013; Gómez y Aguilar, 2016; Tapia *et al.*, 2013).

Las hojas son alternas, con formas y tamaños variables incluso dentro de un mismo individuo. La lámina foliar se caracteriza por su polimorfismo (Tapia *et al.* 1979), y cuya expresión depende en gran medida del genotipo. Generalmente, presentan textura algo suculenta y contienen cristales de oxalato de calcio en ambas superficies, con tonalidades diversas. Estas estructuras desempeñan funciones fisiológicas importantes, como la captación de humedad y la reducción del impacto de la radiación solar directa (Tapia y Fries, 2007).

Presenta inflorescencias en forma de panoja, localizadas principalmente en la parte apical de la planta, aunque en algunos casos también se desarrollan en las ramificaciones laterales. Sus flores, muy pequeñas y carentes de pétalos, son típicas de la especie (Mujica y Jacobsen, 2006). El fruto es un aquenio de aproximadamente 2 mm de diámetro, que contiene una sola semilla. Estas semillas, generalmente de superficie lisa, exhiben una notable diversidad de colores que abarca desde tonalidades claras —blanco, rosado y anaranjado— hasta matices más intensos como rojo, marrón y negro. El embrión, que representa cerca del 60 % del peso total de la semilla, se dispone en forma de anillo alrededor del endospermo, estructura que le confiere una elevada concentración de nutrientes.

#### **3.2.4. Fenología y fisiología**

La quinua presenta una amplia variabilidad entre accesiones y poblaciones. Diversos estudios han señalado que la duración del ciclo de vida, desde la siembra hasta alcanzar la madurez fisiológica, oscila entre 95 y 120 días, dependiendo del material genético evaluado (Tenorio y Romero, 2020). Su desarrollo fenológico incluye etapas como la germinación, el crecimiento vegetativo, ramificación, formación de botones florales, diferenciación de inflorescencias, floración, anthesis y fructificación (Tenorio y Romero, 2020). A nivel morfoagronómico, la especie

muestra una diversidad considerable, evidenciada en variaciones de altura de planta, diámetro de tallo, longitud de panícula y características del grano (Manjarrez *et al.*, 2021; Onofre Quenta y Bonifacio, 2021; Veloza Ramírez *et al.*, 2016). La variabilidad genética y fenotípica se observa principalmente entre poblaciones y familias, mientras que los caracteres relacionados con la biomasa exhiben alta heterogeneidad entre individuos (Del Castillo Gutiérrez y Winkel, 2014). Esta diversidad representa un recurso valioso para programas de mejoramiento, especialmente para caracteres de interés como la precocidad y el crecimiento perenne (Onofre y Bonifacio, 2021).

Por otra parte, la quinua posee adaptaciones fisiológicas que le permiten resistir condiciones de sequía y radiación solar intensa. Entre estas se encuentran la reducción del área foliar bajo estrés y la presencia de vesículas y pubescencia granular que contienen cristales de oxalato de calcio. Dichos cristales, por su naturaleza higroscópica, participan en la regulación estomática y contribuyen a disminuir la transpiración, lo que incrementa la eficiencia en el uso del agua. La pubescencia granular, de colores que van desde el blanco al púrpura, también absorbe humedad del entorno y ayuda a mantener la turgencia celular, además de conferir a las hojas una apariencia cristalina característica que varía según el genotipo (Apaza *et al.*, 2013; Dizes y Bonifacio, 1992; Gómez Pando y Aguilar, 2016; Montes-Rojas *et al.*, 2018). Desde el punto de vista nutricional, las hojas contienen niveles más altos de proteínas, minerales y oxalatos que los granos, lo que resalta la importancia fisiológica y alimentaria de estos compuestos (Campos-Rodríguez, Acosta-Coral, y Paucar-Menacho, 2022).

### **3.2.5. Valor nutricional**

*Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” es reconocida a nivel mundial por su elevado valor nutricional, atribuible a la riqueza de sus componentes y nutrientes esenciales, los cuales ofrecen múltiples beneficios para la salud humana (Xi *et al.*, 2024). Una de sus ventajas principales es que carece de gluten, lo que la convierte en un alimento apto para personas con enfermedad celíaca. Tanto las hojas como los granos aportan proteínas de alto valor biológico, aminoácidos esenciales, minerales y ácidos grasos omega-3 (Pathan y Siddiqui, 2022). En términos digestivos, los racimos de quinua muestran una alta biodisponibilidad gracias a su contenido en proteínas, fibra, vitaminas y minerales; mientras que la semilla constituye una fuente sobresaliente de fibra dietética, minerales, vitaminas del complejo B y vitamina E (Isam, Fahad y Mehmet, 2021).

El perfil lipídico de la quinua resulta igualmente relevante. Aunque no es una oleaginosa, sus semillas contienen entre 4,4 % y 8,8 % de lípidos, con predominio de ácidos grasos insaturados como linoleico (omega-6), oleico y  $\alpha$ -linolénico (omega-3). Asimismo, aporta tocoferoles antioxidantes (vitamina E) y fosfolípidos con estabilidad frente a la oxidación (Repo-Carrasco *et al.*, 2006; Ruales *et al.*, 2009; Tang *et al.*, 2015). Cabe señalar que el ambiente influye en estos compuestos: bajo condiciones de estrés térmico, se han observado variaciones en los perfiles lipídicos y en la proporción omega-6/omega-3, lo que evidencia la plasticidad nutricional de la especie (Matías *et al.*, 2022).

Dentro de sus metabolitos secundarios, destacan las saponinas, principalmente derivadas del ácido oleanólico, el ácido fitolacagénico y la hederagenina (Yarlequé *et al.*, 2019). Estas moléculas se distribuyen en hojas, tallos, raíces y salvado, alcanzando su mayor concentración en la raíz (13,39 g/100 g), seguida por el salvado (Lim *et al.*, 2019). Su localización en la capa externa de la semilla es responsable del característico sabor amargo de la quinua, razón por la cual su eliminación constituye un paso fundamental en el procesamiento del grano destinado al consumo humano.

### **3.2.6. Exigencias en clima y suelo**

*Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” es un cultivo altamente adaptable, capaz de desarrollarse desde el nivel del mar hasta altitudes cercanas a los 4 000 msnm, soportando condiciones climáticas extremas como sequías prolongadas y suelos con elevada salinidad (Leiva *et al.*, 2015). Esta capacidad de adaptación convierte a la especie en un recurso estratégico para fortalecer la seguridad alimentaria en regiones áridas y vulnerables (Nuñez, 2019).

Entre los factores que contribuyen a dicha resiliencia se encuentra la presencia de saponinas, compuestos secundarios que actúan como barrera frente a estresores bióticos y abióticos. La concentración de estos metabolitos no es constante, sino que depende de la interacción entre la base genética de la planta y las condiciones edafoclimáticas, destacando el efecto del estrés hídrico y salino (García-Parra *et al.*, 2018).

No obstante, el cambio climático plantea un desafío considerable para la sostenibilidad de este cultivo. En regiones clave como el Altiplano boliviano, el incremento de episodios de sequía, sumado a prácticas agrícolas poco sostenibles, ha favorecido la erosión de suelos y elevado la susceptibilidad de la quinua a factores ambientales adversos (Liuhto *et al.*, 2016). Ante este panorama,

resulta imprescindible implementar estrategias de adaptación y una gestión eficiente de los recursos a nivel comunitario, que permitan garantizar la continuidad productiva y el aprovechamiento sostenible de la quinua en los próximos años.

#### **3.2.7. Conservación *ex situ***

La conservación *ex situ* hace referencia al resguardo de recursos genéticos en condiciones controladas fuera de su hábitat natural. Entre las principales modalidades se incluyen los bancos de semillas, las colecciones vivas, el cultivo *in vitro* y la criopreservación. Este enfoque es fundamental para proteger el material vegetal frente a amenazas como la pérdida de hábitats, los efectos del cambio climático o los conflictos de origen humano (Salgotra y Chauhan, 2023). Su importancia radica en la capacidad de almacenar grandes volúmenes de germoplasma en espacios reducidos, de forma económica y por períodos prolongados, además de constituir una estrategia de respaldo frente a la erosión genética observada en condiciones de campo (Cockel *et al.*, 2022).

#### **3.2.8. Bancos de germoplasma**

Los bancos de germoplasma son repositorios de material genético de alto valor científico que cumplen funciones de recolección, conservación, mantenimiento y evaluación de diversas especies. Estos bancos son esenciales para la conservación *ex situ* de la biodiversidad y pueden albergar recursos fitogenéticos, animales y microbianos (González *et al.*, 2020). Estos bancos desempeñan un papel crucial en la preservación de la diversidad genética y apoyan la investigación y el mejoramiento genético de cultivos y especies animales.

#### **3.2.9. PCR**

La Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) continúa consolidándose como una técnica indispensable en genética y biología molecular debido a su alta sensibilidad, reproducibilidad y eficiencia, lo que permite generar resultados confiables en tiempos breves y con análisis relativamente sencillos (Tamay de Dios *et al.*, 2013). En los últimos años, su utilidad se ha elevado gracias al uso de marcadores más precisos y tecnología avanzada: por ejemplo, la implementación de marcadores InDel y CAPS, derivados de PCR, ha mejorado significativamente la detección de polimorfismos genéticos en quinua, facilitando su integración en programas de mejoramiento (Emrani *et al.*, 2020). Asimismo, sistemas de PCR más sofisticados, como qPCR (PCR cuantitativa), han permitido detectar niveles de expresión génica relacionados con la calidad de la semilla, como el contenido proteico, identificando polimorfismos puntuales (SNPs) asociados a rasgos

agronómicos de alto interés (Grimberg *et al.*, 2022). Estas aplicaciones subrayan la versatilidad de la PCR como herramienta molecular para caracterizar, seleccionar y mejorar el germoplasma de quinua de manera eficiente.

### **3.2.10. Marcadores moleculares**

Los marcadores moleculares se han convertido en herramientas fundamentales para el estudio de la diversidad genética, la identificación de accesiones y el desarrollo de programas de mejoramiento en quinua. Estos marcadores permiten analizar regiones específicas del ADN, independientemente de factores ambientales o de la etapa de desarrollo de la planta, lo que los hace altamente confiables para estudios de genética y fitomejoramiento (Jarvis *et al.*, 2017).

Dentro de los marcadores moleculares se pueden encontrar:

- a. Los AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) combinan la digestión enzimática del ADN genómico con endonucleasas de restricción y la amplificación selectiva mediante PCR (Sorkheh *et al.*, 2007). Su fundamento es la detección de polimorfismos en sitios de restricción distribuidos en todo el genoma, generando un gran número de fragmentos que se visualizan en forma de patrones de bandas (Amiteye, 2021). Estos marcadores se han aplicado en estudios de diferenciación genética y han brindado información clave para la conservación de germoplasma (García-Godos y Cueva-Castillo, 2021).
- b. Los SSR (*Simple Sequence Repeats*), son marcadores moleculares codominantes basados en repeticiones en tándem de secuencias cortas de nucleótidos de 1–6 pares de bases (Koelling *et al.* 2012). Su fundamento radica en la amplificación por PCR de las regiones repetidas, lo que permite diferenciar alelos según el número de repeticiones. Este tipo de marcador es altamente polimórfico, reproducible y transferible entre especies cercanas, lo que lo convierte en una herramienta poderosa para estudios de diversidad genética, identificación varietal y programas de mejoramiento asistido por marcadores (Romero *et al.*, 2019).
- c. Los marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) se sustentan en la amplificación mediante PCR de regiones intercaladas entre repeticiones microsatélite, utilizando cebadores complementarios a secuencias de microsatélites. Esta técnica combina la simplicidad de los RAPD con la especificidad de los SSR, permitiendo generar marcadores multilocus altamente polimórficos (Pradeep Reddy *et al.*, 2002). Debido a que no requiere información

previa del genoma, presenta alta adaptabilidad y bajo costo para evaluar diversidad genética.

La aplicación de ISSR en estudios moleculares ha demostrado su eficacia en la discriminación de genotipos y en la evaluación tanto de variabilidad intra- como intergenotípica (Tamayo, 2010). Al compararlos con otros marcadores, se destacan por su especificidad y reproducibilidad, sin requerir grandes cantidades de ADN (Pradeep Reddy *et al.*, 2002).

#### **3.2.11. Taxonomía numérica**

La taxonomía numérica, propuesta originalmente por Sneath y Sokal (1973), fundamenta la clasificación biológica en la similitud cuantitativa mediante análisis estadísticos como el método de agrupamiento por pares no ponderado con media aritmética (UPGMA) y el análisis de componentes principales (PCA). Este enfoque tiene como objetivo la clasificación al operar sobre matrices de datos multicaracterísticas, en lugar de basarse en juicios subjetivos (Lugones *et al.*, 2024). Su aplicación moderna ha sido decisiva en diversos estudios sistemáticos: en Rosa del Kurdistán iraquí se logró delimitar tres agrupaciones fenéticas claras a partir de doce rasgos cuantitativos y cualitativos (Al-Mathidy *et al.*, 2023); en Egipto, el análisis numérico permitió distinguir once taxones del género *Ononis* (Fayed *et al.*, 2019). Estos casos ilustran cómo el enfoque fenético aporta objetividad y reproducibilidad a la taxonomía, facilitando tanto la delimitación de especies como la clasificación de diversidad genética, sin cuestionar las relaciones evolutivas de las que carece este método, pero aportando una herramienta práctica y cuantitativa para la sistemática actual.

#### **3.2.12. Plasticidad fenotípica**

Se denomina así a la capacidad de los organismos para modificar sus características en función del entorno, teoría que ha cobrado relevancia en estudios recientes por su posible papel en la aparición de nuevas formas biológicas (Sommer, 2021). Este fenómeno constituye un mecanismo esencial para enfrentar la variabilidad ambiental, al permitir que un mismo genotipo produzca distintos fenotipos según las condiciones a las que se expone (Kelly *et al.*, 2012). Investigaciones experimentales han demostrado que esta plasticidad puede mantenerse a lo largo de varias generaciones, como en el caso del poliqueto *Ophryotrocha labronica*, donde ciertos rasgos conservaron su respuesta adaptativa bajo escenarios de cambio climático, aunque otros, como el ritmo de desarrollo juvenil, mostraron alteraciones evolutivas en la expresión plástica

(Gibbin *et al.*, 2017). Estos resultados reflejan la interacción dinámica entre plasticidad, costos energéticos y adaptación evolutiva, consolidando su importancia en la biología evolutiva y en el estudio de la resiliencia de las poblaciones frente a ambientes cambiantes.

### **3.3. Marco Conceptual**

#### **3.3.1. Genotipo**

El genotipo se entiende como la constitución genética de un organismo, compuesta por el conjunto de genes transmitidos por sus progenitores, los cuales delimitan sus características biológicas y su potencial hereditario. De manera más específica, el concepto de genotipo también puede aplicarse a la combinación particular de alelos en un locus, lo que permite diferenciar individuos homocigotos de heterocigotos (Rodríguez-Murillo y Salem, 2020).

#### **3.3.2. Fenotipo**

El término fenotipo alude a los rasgos observables de un organismo, incluyendo tanto sus características físicas como fisiológicas y de comportamiento, resultado de la interacción entre el genotipo y el entorno (De Vienne, 2021).

#### **3.3.3. Polimorfismo**

El polimorfismo genético se define como la presencia simultánea de dos o más formas alélicas comunes en una población, donde la variante menos frecuente tiene una frecuencia superior al 1 %. Este fenómeno es esencial para generar variabilidad entre individuos y representa una base para la adaptación evolutiva (Kirch, 2008).

#### **3.3.4. Diversidad genética**

La diversidad genética se define como la magnitud de variabilidad genética presente dentro de una población o entre poblaciones, reflejando el conjunto de alelos, genes y combinaciones genéticas. Esta variación es esencial para permitir la adaptación, evolución y estabilidad de las especies frente a cambios ambientales (Nonić y Šijačić-Nikolić, 2020). En el contexto agrícola, dicha diversidad también representa una base indispensable para la mejora genética de cultivos y la adaptación a condiciones climáticas adversas (Chung *et al.*, 2023).

#### **3.3.5. Índices de diversidad genética**

Los índices de diversidad genética son herramientas estadísticas utilizadas para cuantificar la variabilidad dentro y entre poblaciones. Entre los más utilizados se encuentran la heterocigosidad esperada y el índice de Shannon, así como otros

indicadores que permiten evaluar la estructura genética poblacional y su potencial adaptativo (Chung *et al.*, 2023).

#### **a. Heterocigosidad**

La heterocigosidad se define como la proporción de individuos que presentan dos alelos distintos en un locus determinado, o bien como la probabilidad de heterocigosis en dicho locus. Este parámetro puede calcularse como heterocigosidad esperada ( $H_e$ ). Se trata de un indicador fundamental de la variabilidad genética a nivel intrapoblacional y locus-específico: valores elevados de heterocigosidad reflejan mayor diversidad genética en el locus analizado. Por ello, constituye un concepto básico y ampliamente aplicado en la genética de poblaciones (Chung *et al.*, 2023).

En términos de rango,  $H_e$  puede variar teóricamente entre 0 y 1, dependiendo del número de alelos y su frecuencia. En marcadores bialélicos, el máximo se sitúa en 0,5, mientras que en loci multialélicos puede acercarse a 1. De manera orientativa, valores entre 0,3 y 0,6 indican una diversidad genética moderada, y valores superiores a 0,6 reflejan una diversidad alta, mientras que por debajo de 0,3 se considera baja diversidad (Nei, 1978; Frankham *et al.*, 2010).

#### **b. Índice de Shannon**

El índice de Shannon ( $H'$ ), mide la diversidad genética considerando tanto la riqueza alélica como la distribución relativa de los alelos. Valores altos de  $H'$  reflejan una mayor equidad y diversidad, mientras que valores bajos indican dominancia de ciertos alelos y menor variabilidad. A diferencia de otros parámetros, integra en una sola medida abundancia y uniformidad, por lo que es ampliamente utilizado en genética y ecología para comparar poblaciones y evaluar cambios en la estructura genética. Su versatilidad lo ha convertido en una herramienta frecuente en programas de conservación y mejoramiento genético (Chung *et al.*, 2023; Sherwin *et al.*, 2017).

En cuanto a sus valores,  $H'$  puede oscilar teóricamente desde 0 (una sola categoría) hasta más de 4 en comunidades con alta diversidad. En estudios genéticos y ecológicos, rango de 1 a 3 son comunes en poblaciones naturales, considerándose que valores superiores a 3 reflejan una diversidad elevada, mientras que valores menores de 1 indican diversidad muy baja (Magurran, 2004; Sherwin *et al.*, 2017).

### **3.3.6. Accesoión**

Una accesoión corresponde a una muestra de material genético que puede ser semillas, plantas o tejidos que se mantiene en un banco de germoplasma y refleja una población, variedad o línea específica. Cada accesoión se gestiona como una unidad independiente y debidamente registrada, lo que permite su utilización en actividades de investigación, conservación y programas de mejoramiento genético (FAO, 2014).

### **3.3.7. Grano de quinua**

El término grano, refiere a la unidad que se cosecha y se comercializa para consumo humano o animal. Desde el punto de vista botánico, corresponde a un fruto seco indehiscente tipo utrículo, que conserva en su interior la verdadera semilla (Jacobsen, 2003). En la literatura agronómica y comercial, se emplea para describir las características físicas evaluadas en poscosecha—como peso de 1 000 granos, diámetro, espesor, color del epispermo y del pericarpio—por ser el material que efectivamente se procesa y se consume (FAO y Bioversity International, 2013).

### **3.3.8. Semilla de quinua**

La semilla, en sentido estrictamente botánico, es la estructura de reproducción sexual que contiene el embrión y el tejido de reserva, rodeada por el episperma. Es la unidad biológica capaz de germinar y originar una nueva planta (Bewley *et al.*, 2013).

### **3.3.9. Episperma**

El episperma corresponde a la capa externa de la semilla, derivada del tegumento ovular. Su función principal es proteger al embrión y al endospermo, regulando el intercambio de agua y gases, y participando en la resistencia mecánica de la semilla (Bewley *et al.*, 2013).

### **3.3.10. Pericarpio**

El pericarpio es el tejido que se forma a partir de la pared del ovario tras la fecundación que rodea y protege a la semilla. Puede dividirse en epicarpio, mesocarpio y endocarpio variando su estructura según el tipo de fruto (Esau, 2006).

### **3.3.11. Perigonio**

El perigonio es el conjunto de hojas florales que no están diferenciadas en cáliz y corola, compuesto por tépalos. Su función principal es proteger las estructuras reproductivas y, en algunos casos, atraer a los polinizadores (Simpson, 2019).

## **IV. METODOLOGÍA**

### **4.1. Lugar de estudio**

La investigación se llevó a cabo en el Centro de Conservación de Plantas Nativas de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga (UNSCH), donde se conserva el banco de germoplasma de quinua.

### **4.2. Material vegetal**

Se emplearon como material vegetal las semillas de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” procedentes del Centro de Conservación de Plantas Nativas – UNSCH. Dichas semillas cuentan con fichas pasaporte, en las que se registran datos relevantes como las coordenadas geográficas de colecta y la altitud de cultivo correspondiente a cada accesión.

### **4.3. Población y muestra**

#### **4.3.1. Población**

La población de estudio comprendió 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua”, conservadas en el Centro de Conservación de Plantas Nativas de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga (UNSCH).

#### **4.3.2. Muestra**

Se trabajó con la totalidad del material disponible, por lo que la muestra fue equivalente a la población.

#### **4.3.3. Unidad de muestreo**

Para la caracterización morfológica, fueron semillas tomadas al azar de cada accesión. En cuanto al análisis molecular, se utilizó hojas jóvenes colectadas de las plántulas germinadas a partir de las semillas de cada accesión.

### **4.4. Procedencia del material**

De acuerdo con la información consignada en las fichas pasaporte, las accesiones analizadas procedieron de distintas localidades de la región de Ayacucho, entre

ellas Chiara, Tambillo, Concepción, Acocro, María Parado de Bellido y Sarhua (Anexo 3).

#### **4.5. Caracterización morfológica de los granos de quinua**

Para la caracterización de los granos, se emplearon los descriptores establecidos para la quinua y sus parientes silvestres, publicados por Bioversity International y la FAO (2013). Se consideraron características como: diámetro, peso de 1 000 granos, espesor, aspecto y color del pericarpio, apariencia y color del episperma, así como la forma del grano.

#### **4.6. Siembra de quinua**

Se utilizaron semillas de quinua previamente seleccionadas y limpias para la obtención de plántulas. El sustrato consistió en una mezcla de tierra negra y arena, dispuesta en recipientes con un adecuado sistema de drenaje para evitar la acumulación excesiva de humedad. Antes de la siembra, el sustrato se desinfectó con agua recién hervida, procedimiento que además aportó la humedad inicial necesaria para la imbibición de las semillas.

En cada recipiente se colocaron cinco a seis semillas, distribuidas de manera uniforme sobre la superficie y cubiertas con una fina capa de tierra de 0,5 a 1 cm de grosor. Posteriormente, los recipientes se ubicaron en un invernadero, donde se monitoreó continuamente la humedad del sustrato mediante riegos ligeros diarios, procurando mantenerlo húmedo, pero sin llegar a la saturación. Tres días después de la siembra se registró la emergencia de las primeras hojas embrionarias.

#### **4.7. Obtención de tejido vegetal para la extracción de ADN**

Transcurrido un mes desde la emergencia de las plántulas, estas fueron trasladadas al laboratorio del Centro de Conservación de Plantas Nativas, donde se procedió a la colecta de 20 a 25 hojas por accesión. Para garantizar la asepsia durante el muestreo, se emplearon tijeras previamente desinfectadas con alcohol al 70 % en cada individuo.

#### **4.8. Extracción del ADN**

El proceso de extracción de ADN se realizó siguiendo el protocolo CTAB (bromuro de hexadeciltrimetilamonio), adaptado a partir de la metodología descrita por Doyle y Doyle (1990). Inicialmente, las hojas previamente desinfectadas y seleccionadas de cada accesión fueron trituradas en un mortero estéril hasta ser pulverizadas. Posteriormente, el material vegetal procesado se transfirió a microtubos estériles de 1,5 mL.

A cada muestra se le adicionaron 800 µL de buffer CTAB, seguido de una mezcla suave por inversión para garantizar una homogeneización adecuada. Las muestras fueron incubadas en baño maría a 60 °C durante 30 minutos, con agitaciones manuales cada 10 minutos para facilitar la lisis celular. Transcurrido este tiempo, se procedió a añadir 800 µL de una solución de cloroformo-álcool isoamílico (24:1), mezclando nuevamente por inversión antes de centrifugar a 14 000 r.p.m. durante 10 minutos.

El sobrenadante fue recuperado y transferido a un nuevo microtubo, al cual se incorporaron 50 µL de CTAB al 10% (preparado en NaCl 0,7 M). Después de una homogeneización cuidadosa, se repitió la adición de cloroformo-álcool isoamílico (24:1) y la centrifugación en las mismas condiciones. El sobrenadante resultante fue combinado con 800 µL de etanol al 96 % para inducir la precipitación del ADN, la cual se evidenció por la formación de un precipitado filamentososo.

El ADN precipitado fue lavado dos veces con etanol al 70 %, seguido de centrifugaciones a 10 000 r.p.m. durante 5 minutos para eliminar impurezas. Los pellets obtenidos se secaron a temperatura ambiente durante dos horas, manteniendo los microtubos invertidos y destapados para facilitar la evaporación de residuos. Finalmente, el ADN se resuspendió en 50 µL de tampón TE y se trató con 2 µL de ARNasa (10 mg/mL) para eliminar contaminantes de ARN, incubándose a 37 °C durante 1 hora.

#### **4.9. Calidad del ADN**

La integridad y concentración del ADN extraído se verificaron a través de electroforesis en gel de agarosa al 1 % y cuantificación espectrofotométrica a 260/280 nm.

#### **4.10. Análisis de Marcadores ISSR**

El procesamiento molecular de las muestras de ADN (Selección de iniciadores, PCR y Electroforesis) se llevó a cabo por el laboratorio del Instituto Agropecuario de Biotecnología y Estadística aplicada E.I. R.L.

#### 4.10.1 Selección de iniciadores ISSR

Con el propósito de identificar los iniciadores con mejor desempeño en la amplificación de bandas nítidas y polimórficas, el laboratorio del Instituto Agropecuario de Biotecnología y Estadística aplicada E.I. R.L. evaluó 10 iniciadores ISSR (Anexo 4). De ellos, cinco mostraron un mayor grado de polimorfismo al comparar los patrones de bandas, por lo que fueron seleccionados para el análisis molecular.

**Tabla 2.** Iniciadores ISSR seleccionados para la amplificación de bandas nítidas y polimórficas de ADN de las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.

Código	Secuencia	Primer UBC
<b>M1</b>	AGAGAGAGAGAGAGAGT	UBC807
<b>M5</b>	AGAGAGAGAGAGAGAGYC	UBC835
<b>M6</b>	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	UBC841
<b>M7</b>	GAGAGAGAGAGAGAGAYG	UBC842
<b>M8</b>	HBHAGAGAGAGAGAGAG	UBC884

#### 4.10.2. Condiciones PCR-ISSR

Las reacciones de amplificación mediante PCR se llevaron a cabo en el laboratorio del Instituto Agropecuario de Biotecnología y Estadística aplicada E.I. R.L.

Para la reacción, el ADN molde fue ajustado a una concentración de 25 ng/μl. Cada mezcla se preparó en un volumen final de 10 μl, conteniendo 3 μl de ADN, además de 0,4 μL dNTPs; 1,2 μL MgCl<sub>2</sub>; 0,4 primer; 2,5 μL Taq polimerasa; 0,5 μL de albúmina de bovino; 1 μL de buffer (10 mM TRIS-HCl, pH 8,3, 50 mM KCl); 1 μL de agua esterilizada.

Las amplificaciones se desarrollaron en un termociclador BioRad, bajo las siguientes condiciones: desnaturalización a 95 °C por un minuto, alineamiento a 50 °C por dos minutos y elongación a 72 °C por cinco minutos.

#### 4.10.3. Electroforesis en gel de poliacrilamida (PAGE)

La separación de los productos de PCR-ISSR electroforesis en gel de poliacrilamida, realizada por el laboratorio del Instituto Agropecuario de Biotecnología y Estadística aplicada E.I. R.L. mediante Electroforesis en Gel de Poliacrilamida (PAGE).

Preparación y Corrida Electroforética

El gel se preparó a una concentración del 6 % de poliacrilamida con una proporción acrilamida/bisacrilamida de 19:1, e incorporando 7 M de urea para garantizar la desnaturalización de las cadenas. La polimerización fue catalizada con la adición de 40 µl de TEMED y 400 µl de persulfato de amonio al 10 %. La cámara de electroforesis se cargó con 800 ml de tampón Tris-Borato-EDTA (TBE) 1X.

Antes de la corrida, las muestras amplificadas se desnaturalizaron a 94 °C durante 3 minutos y se mezclaron con 10 µl de buffer de carga (compuesto por 95 % formamida, 20 mM de EDTA, 0,05 µl de azul de bromofenol y 0,05 µl de xileno cianol). Las muestras se cargaron en los pocillos correspondientes junto con un marcador de peso molecular de 50 a 1 500 pb (Nippon Genetics), ubicado en el extremo derecho del gel. La electroforesis se ejecutó a 500 V durante 6 horas.

#### Tinción y visualización

La visualización de las bandas se realizó mediante tinción con nitrato de plata, siguiendo los pasos:

1. Fijación: El gel se incubó durante 20 minutos en una solución de fijación preparada con 100 mL de etanol y 5 mL de ácido acético por litro de agua.
2. Tinción: Posteriormente, el gel se sumergió durante 20 minutos en la misma solución de fijación, esta vez con la adición de 2 g de nitrato de plata por litro.
3. Revelado: El revelado se realizó con una solución que contenía 30 g de hidróxido de sodio y 2,1 mL de formaldehído por litro de agua ajustando el tiempo de incubación hasta la correcta aparición de las bandas.
4. Parada y secado: Para detener la reacción, el gel se incubó nuevamente en la solución de fijación por 5 minutos, se enjuagó con agua corriente durante 3 a 4 minutos y se dejó secar a temperatura ambiente.

Las imágenes digitales del gel (Anexo 5) se utilizaron para la construcción de la matriz binaria de datos.

#### 4.11. Procesamiento de datos

##### 4.11.1. Porcentaje de loci polimórfico

Se evaluó la frecuencia de alelos de cada locus de las accesiones de quinua y luego se procedió a calcular el porcentaje de los loci polimórficos. Utilizando la siguiente fórmula:

$$\text{Porcentaje de loci polimórficos} = \left( \frac{lcp}{Lp} \right) \times 100$$

Donde:

$lcp$  = Número de loci polimórficos

$Lp$  = Número total de loci analizados

##### 4.11.2. Índice de Shannon

El índice de Shannon permite estimar el grado de variabilidad dentro de un conjunto de genotipos. Este índice se utilizó para conocer la cantidad de variantes genéticas presentes, así como la distribución relativa dentro de las accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. Un valor elevado de este índice refleja mayor diversidad genética, su uso se ha reportado en estudios de caracterización de colecciones de quinua (García-Godos y Cueva-Castillo, 2021). Se utilizó la siguiente fórmula para obtener dicho índice:

$$H' = - \sum_{i=1}^k p_i \cdot \ln p_i$$

Donde:

$H'$  = Índice de diversidad de Shannon

$k$  = número total de bandas polimórficas del marcador molecular ISSR

$p_i$  = proporción de un alelo respecto al total de alelos en la población.

##### 4.11.3. Heterocigosidad esperada

La heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) se utilizó para evaluar el nivel de variabilidad genética dentro de las accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd., proporcionando una medida de diversidad alélica y de la estructura genética poblacional.

Utilizando la siguiente fórmula:

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2$$

Donde:

$H_e$  = Heterocigosidad esperada.

$k$  = número total de alelos en el locus o conjunto de loci analizados.

$p_i$  = frecuencia relativa del alelo  $i$  en la población.

#### 4.11.4. Datos morfológicos

Los datos morfológicos se obtuvieron a través de los descriptores de quinua y parientes silvestres publicados por la FAO en colaboración con Bioversity en el año 2013. Considerando los siguientes descriptores:

**Tabla 3.** Descriptores utilizados para la caracterización morfológica de granos de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

DESCRIPTOR	CARACTERÍSTICA
<b>Diámetro del grano (mm)</b>	Promedio de 20 granos sin considerar el perigonio
<b>Espesor del grano (mm)</b>	Promedio de 20 granos sin considerar el perigonio
<b>Peso de 1000 granos (g)</b>	Registro del peso sin considerar el perigonio
<b>Aspecto del pericarpio</b>	1 Cenizo 2 Sucroso (acaramelado)
<b>Color de pericarpio</b>	1 Crema 2 Amarillo 3 Amarillo dorado 4 Rosado 5 Rojo 6 Café claro 7 Café 8 Café oscuro 9 Café verdoso 10 Púrpura
<b>Apariencia del episperma</b>	1 Vítreo (translúcido hialino) 2 Opaco
<b>Color de episperma</b>	1 Transparente 2 Blanco 3 Crema 4 Café claro 5 Café 6 Café oscuro 7 Café rojizo 8 Negro
<b>Forma de grano</b>	1 Lenticular 2 Cilíndrico 3 Elipsoidal 4 Cónico

Fuente: Descriptores de quinua y parientes silvestres (2013)

#### 4.11.5. Análisis multivariado

Con el propósito de analizar la diversidad molecular de la colección evaluada, se aplicó un enfoque multivariado basado en un promedio de 19 loci y 25 accesiones de quinua, organizados en una matriz dicotómica donde las filas representaron los loci y las columnas las accesiones (Anexo 4). El procesamiento de datos se realizó con el software estadístico NTSYS v2.1p (Rohlf, 2000), a partir del cual se llevaron

a cabo tres procedimientos: agrupamiento mediante el método UPGMA, ordenación a través de Análisis de Coordenadas Principales (PcoA) y ordenación por Escalamiento Multidimensional no Métrico (nmMDS).

#### 4.11.6. Datos geográficos

Para poder conocer si existe relación entre la distancia genética y geográfica de las accesiones de quinua, se analizó el coeficiente de Mantel y el p-valor generados por el programa NTSys.

## V. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 5.1. Caracterización morfológica de las accesiones de quinua

**Tabla 4.** Caracterización morfológica cuantitativa de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

Variable	Media	Desv.Est.	CV	Mínimo	Máximo
Peso (g)	0,00365	0,000711	19,48	0,001533	0,004983
Espesor (mm)	1,2004	0,097	8,08	0,992	1,333
Diámetro (mm)	2,1187	0,155	7,32	1,7363	2,345
Peso 1000 semillas (g)	3,534	0,64	18,11	1,95	4,62

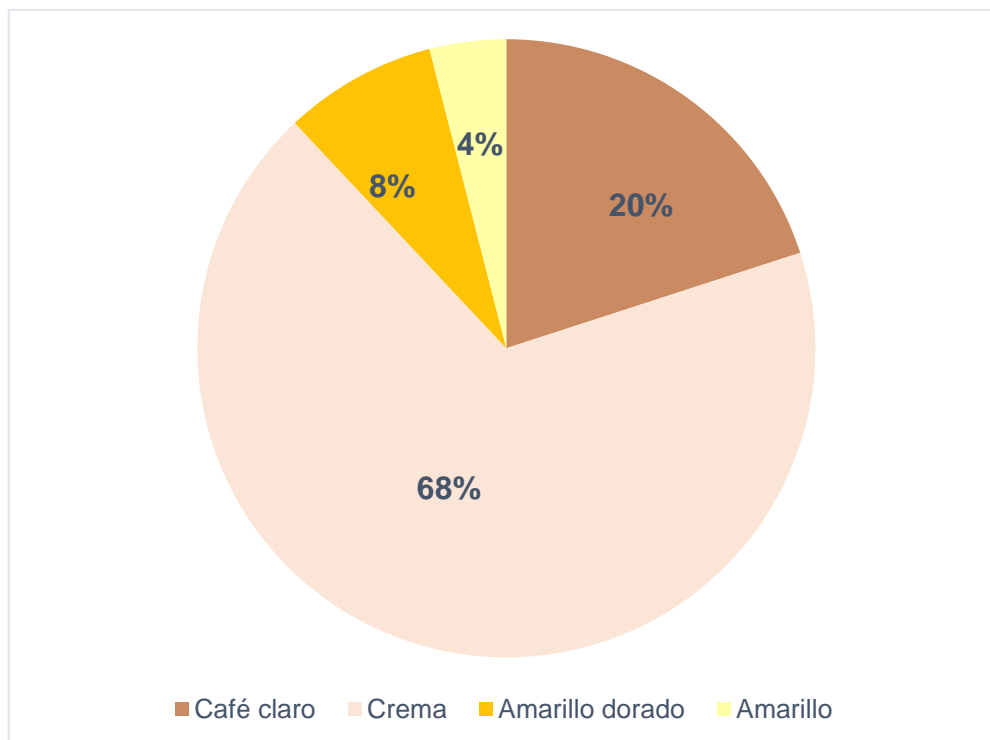
El análisis morfológico de los granos de quinua reveló una marcada variabilidad en peso y dimensiones, lo que concuerda con la amplitud de diversidad genética reportada en otras investigaciones. El peso de 1 000 granos alcanzó un promedio de 3,534 g, con un coeficiente de variación (CV) de 18,11 %. De manera semejante, Bhargava *et al.* (2007) encontraron en el estudio de 27 líneas de germoplasma de la India un rango de 0,78 a 4,09 g para 1 000 semillas y un CV de 31,97 %, lo que confirma la amplia diversidad genética existente en la especie. En ambientes tropicales de Brasil, Rodrigues *et al.* (2020) reportaron un peso de 1 000 semillas de 2,68 g para la variedad BRS Piabiru, mientras que en condiciones altoandinas de Boyacá (Colombia) se documentó un peso de 100 semillas entre 0,16 y 0,40 g, con un promedio de 0,26 g y un CV de aproximadamente 18 % (Manjarres-Hernández y De la Cruz, 2025). Laura (2022), trabajando con accesiones del altiplano peruano, registró valores intermedios, con un peso de 1 000 semillas promedio de 4,32 g y un rango de 2,67 a 6,21 g, evidenciando la influencia de factores genéticos y ambientales propios de la región. Aun considerando las diferencias de escala (100 frente a 1 000 semillas),

estos valores son consistentes y reflejan variación genética y ambiental en el contenido de materia de las semillas.

El análisis de varianza (ANOVA) confirmó diferencias significativas entre accesiones para los principales caracteres de grano. En cuanto al peso del grano, las accesiones QU-015, QU-011 y QU-021 presentaron valores significativamente superiores y se caracterizaron por un episperma de color café rojizo, mientras que la accesión QU-010, con el menor peso, presentó epispermo negro (Anexo 8). Para el ancho del grano, las accesiones QU-007, QU-014, QU-016, QU-021, QU-015, QU-012, QU-17, QU-008, QU-004 y QU-011 mostraron anchos significativamente mayores; todas ellas presentaron color de epispermo café rojizo, excepto QU-016 (blanco) y QU-004 (crema). Entre las de menor ancho, QU-028 y QU-029 mostraron epispermo crema, QU-025 blanco y QU-010 negro (Anexo 9). Respecto a la longitud del grano, las accesiones QU-011, QU-021, QU-012, QU-013, QU-007, QU-014, QU-015, QU-023, QU-009, QU-017 y QU-008 alcanzaron longitudes significativamente superiores, predominando tonalidades entre café y café rojizo, con excepción de QU-013, QU-023 y QU-009 que presentaron epispermo crema. Las accesiones con menor longitud fueron QU-024 (crema) y QU-010 (negra) (Anexo 10). Estas observaciones evidencian no solo diferencias significativas en tamaño, sino también posible asociación entre el color del epispermo y las características físicas del grano.

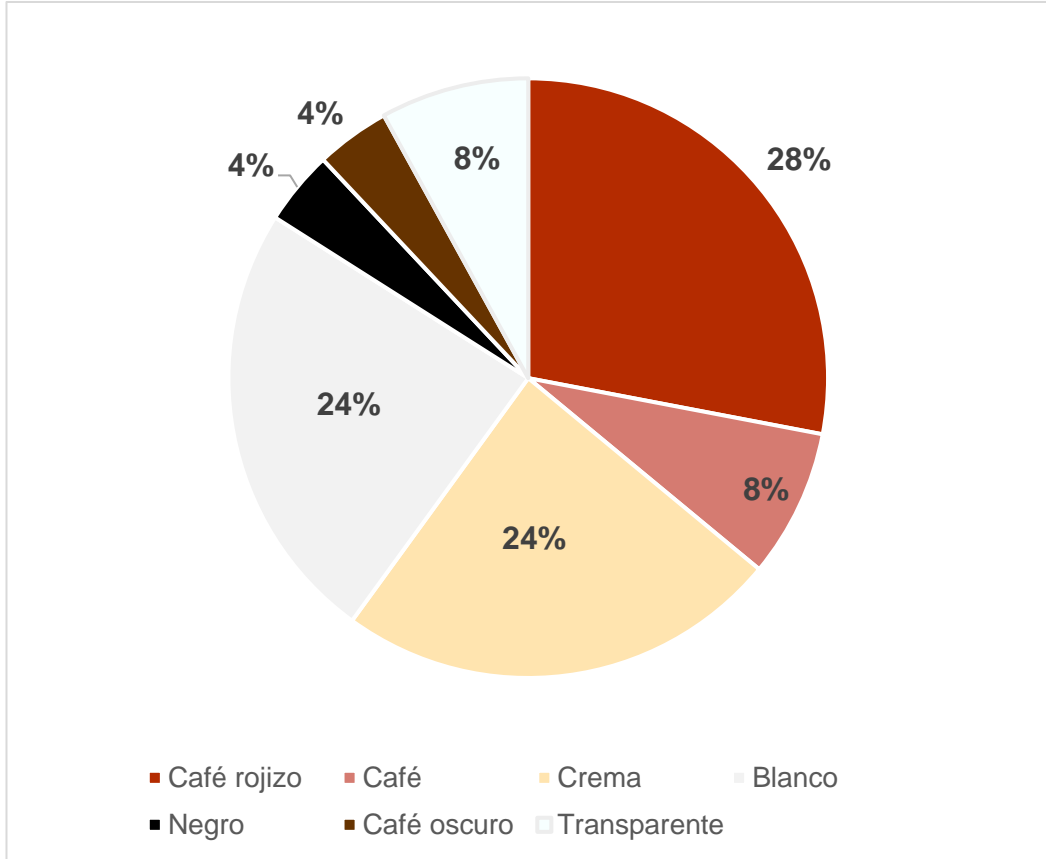
En cuanto a las dimensiones, se obtuvo un diámetro promedio de 2,11 mm (CV 7,32 %) y un espesor medio de 1,20 mm (CV 8,08 %), cifras que evidencian baja variabilidad y confirman la homogeneidad de las dimensiones del grano. Resultados semejantes se observaron en otras latitudes: en Colombia se reportó un diámetro de 1,75 a 2,63 mm (Manjarres-Hernández y De la Cruz, 2025) y en Brasil un diámetro promedio de 2,05 mm (Rodrigues *et al.*, 2020). Bhargava *et al.* (2007) hallaron en la India un tamaño de semilla entre 1,34 y 2,21 mm con un CV de 11,41 %, mientras que Laura (2022) documentó un rango de 1,08 a 2,83 mm con un promedio de 1,94 mm y una desviación estándar de 0,12 mm, valores que refuerzan la evidencia de una variabilidad moderada en el diámetro del grano.

Los resultados presentan una estabilidad entre los valores de ancho y longitud de grano, mientras que peso presenta una variabilidad mayor (19%).



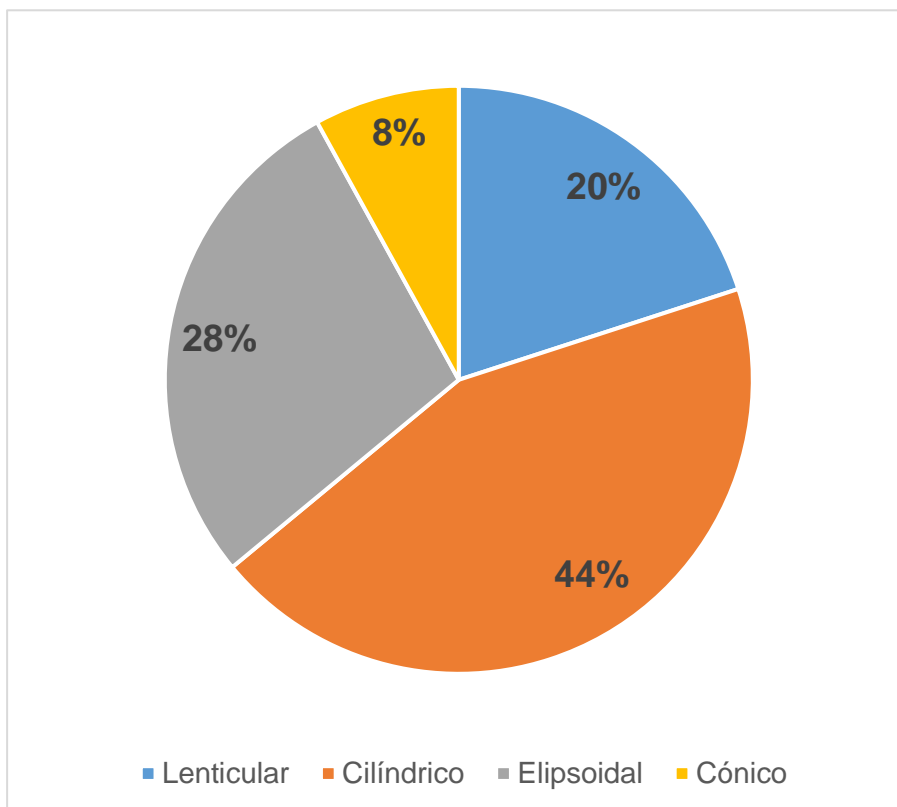
**Figura 1.** Color de pericarpio evaluado en las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

Respecto al color del pericarpio, se identificaron cinco colores entre las accesiones evaluadas. El color predominante fue crema, presente en el 68 % de las muestras, seguido por café claro con 20 %. En menor proporción se registraron los colores: amarillo dorado (8 %) y amarillo (4 %).



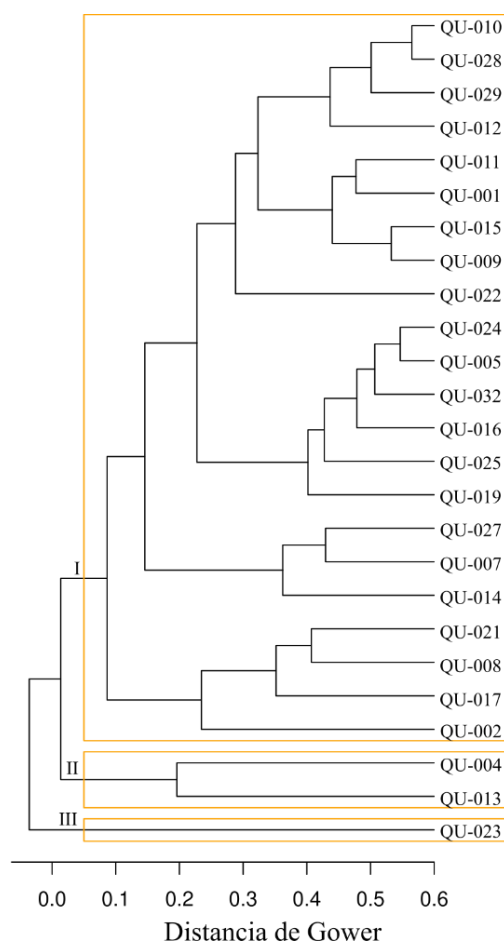
**Figura 2.** Color de episperma evaluado en las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

En cuanto al color del episperma, se identificó una notable diversidad cromática entre las accesiones analizadas. El 28 % de las muestras presentó un tono café rojizo, seguido por un 24 % con color crema y otro 24 % con blanco. Las categorías de menor porcentaje fueron café y transparente, con un 8 % cada una, mientras que los colores: café oscuro y negro se registraron en el 4 % de las accesiones respectivamente.



**Figura 3.** Forma de grano evaluada en las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del laboratorio del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

En relación con la forma del grano, se observó una distribución heterogénea entre las accesiones evaluadas: la forma cilíndrica fue la de mayor porcentaje (44 %), seguida por la elipsoidal (28 %), mientras que las formas lenticulares y cónicas representaron el 20 % y 8 % respectivamente. Esta variabilidad morfológica puede estar influenciada por la diversidad genética de las accesiones. De manera consistente, en Boyacá el 77 % de las semillas fueron cilíndricas, 13 % elipsoidales y 9,5 % lenticulares (Manjarres-Hernández y De la Cruz, 2025), mientras que en Brasil se describió una morfología redondeada-cilíndrica (Rodrigues *et al.*, 2020), y Laura (2022) también registró una diversidad de formas, destacando accesiones con epispermo de tonalidades crema, café y café rojizo, asociadas a distintos tamaños de grano. Estas observaciones coinciden con las de Bhargava *et al.* (2007), quienes identificaron una tendencia general a la forma redondeada en su germoplasma.



**Figura 4.** Dendrograma basado en las características morfológicas de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

El análisis de agrupamiento jerárquico realizado con base en las características morfológicas permitió identificar la formación de tres grupos principales entre las 25 accesiones de quinua evaluadas. Mostrando así una clara estructuración de las accesiones según sus similitudes fenotípicas. El Grupo I agrupa a las accesiones QU-010, QU-028, QU-029, QU-012, QU-011, QU-001, QU-015, QU-009, QU-022, QU-024, QU-005, QU-032, QU-016, QU-025, QU-019, QU-027, QU-007, QU-014, QU-021, QU-008, QU-017, QU-002, provenientes de Concepción, Sarhua, Chiara, Acocro, Maria Parado de Bellido y Tambillo, las cuales comparten rasgos morfológicos similares, lo que sugiere una cercanía fenotípica posiblemente asociada a un origen común o a condiciones agroecológicas similares de cultivo. El Grupo II comprende las accesiones QU-013 y QU-004, que muestran una diferenciación intermedia respecto al primer grupo, presentando

variación en atributos como la coloración del epispermo y el espesor del grano. Por último, el Grupo III agrupa a la accesión QU-023, la cual presenta mayor diversidad en sus características morfológicas y se distingue del resto por una mayor distancia en el análisis jerárquico. Esta clasificación fenotípica refleja la existencia de una amplia variabilidad morfológica entre las accesiones estudiadas, lo cual representa un potencial importante para programas de mejoramiento genético y conservación de la diversidad del cultivo de quinua.

## 5.2. Calidad del ADN

**Tabla 5.** Calidad y cantidad de ADN extraído de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH. Ayacucho 2025.

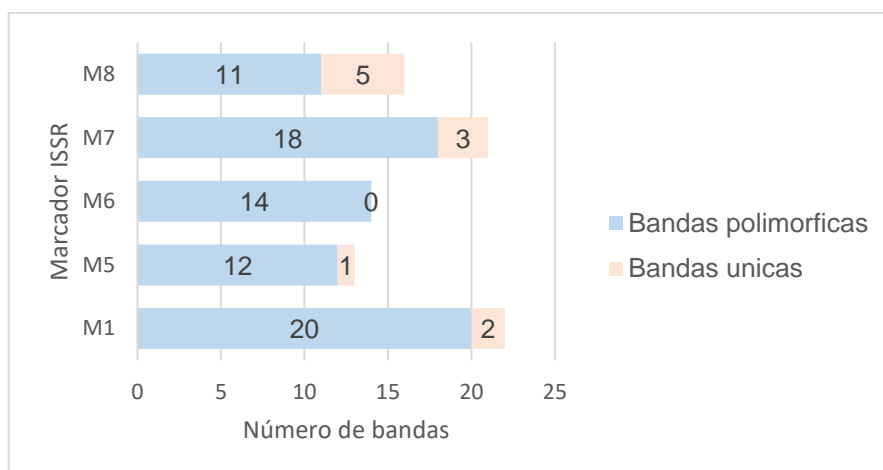
ACCESIÓN	Relación A260/A280	Concentración de ADN (ng/μl)
QU-001	1,927	143,30
QU-002	1,921	239,3
QU-004	1,926	151,3
QU-005	1,908	357,9
QU-007	1,927	188,5
QU-008	1,930	208,5
QU-009	1,905	306,10
QU-010	1,941	295,90
QU-011	1,930	361,60
QU-012	1,903	224,80
QU-013	1,921	200,3
QU-014	1,913	173,2
QU-015	1,947	231,7
QU-016	1,908	138,7
QU-017	1,914	284,90
QU-019	1,949	227,20
QU-021	1,903	225,60
QU-022	1,941	149,30
QU-023	1,924	145,7
QU-024	1,932	222,0
QU-025	1,905	206,0
QU-027	1,919	192,9
QU-028	1,928	188
QU-029	1,927	191,3
QU-032	1,907	319,1

En la Tabla 5 se presentan los valores de pureza y concentración del ADN extraído de las 25 accesiones de quinua analizadas. La relación de absorbancia A260/A280 se mantuvo alrededor de 1,9 en todas las muestras, lo cual indica una buena calidad de ADN. Este parámetro es fundamental para evaluar la pureza del ADN, ya que valores entre 1,8 y 2,0 se consideran óptimos para procedimientos moleculares. Una ratio menor a 1,8 suele estar asociada con contaminación por proteínas o fenoles, mientras que valores superiores a 2 pueden sugerir la presencia de ARN o sales residuales (Thermo Fisher Scientific, 2016).

La accesión con la relación A260/A280 más alta fue QU-011, con un valor de 361,60, mientras que las accesiones QU-001, QU-021 y QU-009 presentaron los valores más bajos, con 1,903, 1,903 y 1,905 respectivamente. A pesar de estas ligeras variaciones, todos los valores se encuentran dentro del rango aceptable para garantizar la integridad del ADN. Respecto a la concentración de ADN, la menor concentración se registró en QU-016, con 138,7 ng/μl, mientras que las concentraciones más elevadas correspondieron a las accesiones QU-005 y QU-011, con 357,9 ng/μl y 361,6 ng/μl, respectivamente.

En conjunto, los resultados indican que el ADN extraído presenta niveles adecuados de pureza y concentración, lo que lo hace apto para su utilización en técnicas posteriores como la amplificación mediante PCR y el análisis de bandas polimórficas, esenciales para estudios de diversidad genética.

### 5.3. Polimorfismo de los marcadores ISSR utilizados en el análisis molecular de las accesiones de quinua



**Figura 5.** Bandas polimórficas y únicas observadas con cada marcador ISSR en 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - UNSCH. Ayacucho 2025.

La caracterización molecular de las 25 accesiones de quinua mediante cinco marcadores ISSR permitió evaluar la diversidad genética a partir de un total de 93 bandas amplificadas, de las cuales 75 (80,65 %) fueron polimórficas y 11 (11,83 %) fueron únicas.

El marcador M6 presentó el mayor grado de polimorfismo, con 100 % de bandas polimórficas y ninguna banda única, lo que sugiere que este primer amplifica regiones altamente variables y compartidas entre las accesiones. Este comportamiento lo convierte en un marcador ideal para estudios de diversidad genética general, aunque puede ser menos útil para identificar accesiones específicas.

En contraste, M8, con un 57,89 % de bandas polimórficas, generó la mayor proporción de bandas únicas (26,32 %), lo que indica su potencial para la discriminación de genotipos individuales. Las bandas únicas representan fragmentos exclusivos de ciertas accesiones, posiblemente asociados a variaciones genómicas específicas, y son particularmente valiosas en estudios de identificación varietal, certificación de semillas, y conservación de recursos genéticos.

El marcador M7 también se destacó por presentar una combinación balanceada de 78,26 % de polimorfismo y 13,04 % de bandas únicas, lo cual lo posiciona como una herramienta útil tanto para estimar diversidad general como para la diferenciación de accesiones.

En términos generales, la combinación de marcadores con alta capacidad de detección de polimorfismos compartidos (como M6 y M1) junto con aquellos que generan una mayor proporción de bandas únicas (como M8 y M7), permite una caracterización molecular más completa, atendiendo tanto la variabilidad entre grupos como la individualización de accesiones.

Estos marcadores también fueron utilizados por Chia (2009) para la caracterización molecular mediante marcadores ISSR de una colección de 50 árboles clonales e híbridos de cacao (*Theobroma cacao* L.) de la UNAS-Tingo María.

#### 5.4. Análisis de diversidad genética

**Tabla 6.** Porcentaje de loci polimórficos detectados por marcadores ISSR en 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - UNSCH. Ayacucho 2025.

Población	%P
Chiara	86,02 %
Concepción	38,71 %
Acocro	38,71 %
María Parado de Bellido	31,18 %
Tambillo	54,84 %
Sarhua	43,01 %
Promedio	48,75 %
Error estándar	8,10 %

El análisis del porcentaje de loci polimórficos (%P) entre las poblaciones revela un rango amplio de diversidad genética, desde un 31,18 % (María Parado de Bellido) hasta 86,02 % (Chiara), con una media general de 48,75 % y un error estándar de 8,10 %. Este comportamiento sugiere que algunas poblaciones mantienen una elevada riqueza alélica, mientras que otras podrían estar experimentando pérdida de variabilidad genética, posiblemente debido a factores como deriva genética o aislamiento.

Estos resultados concuerdan con estudios recientes. Por ejemplo, De la Cruz *et al.* (2025), al evaluar variedades locales de quinua en Ayacucho mediante marcadores microsatélites, reportaron altos niveles de loci polimórficos en accesiones del sur del departamento, superando el 80 %, lo cual coincide con la alta diversidad observada en Chiara. Esta variabilidad puede atribuirse a la continua selección de agricultores y al intercambio de semillas entre comunidades vecinas.

**Tabla 7.** Índice de diversidad de Shannon y coeficiente de heterocigosidad esperada de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH. Ayacucho 2025.

Población	N	Índice de Shannon's	Heterocigosidad esperada
		(I) $\bar{X} \pm ES$	(He) $\bar{X} \pm ES$
Chiara	1	0,497 $\pm$ 0,025	0,342 $\pm$ 0,019
	2		
Concepción	3	0,237 $\pm$ 0,032	0,165 $\pm$ 0,022
Acocro	2	0,234 $\pm$ 0,031	0,160 $\pm$ 0,021
María Parado de Bellido	2	0,189 $\pm$ 0,029	0,129 $\pm$ 0,020
Tambillo	3	0,334 $\pm$ 0,032	0,231 $\pm$ 0,023
Sarhua	3	0,242 $\pm$ 0,030	0,163 $\pm$ 0,021

De acuerdo a los resultados presentados en la tabla 8, se tiene un Índice de Shannon promedio de 0,289 y que la población de mayor diversidad es de Chiara, registrando el Índice de Shannon 0,497  $\pm$  0,025 y el de heterocigosidad esperada 0,342  $\pm$  0,019 mientras que la población que presenta menor diversidad es la de María Parado de Bellido con índice de Shannon 0,189  $\pm$  0,029 y de heterocigosidad esperada de 0,129  $\pm$  0,020

Estos valores se encuentran por debajo de los reportados por García-Godos y Cueva-Castillo al determinar la variabilidad genética de 29 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Banco de Germoplasma del INIA – Ayacucho, en el cual reportó que el Índice de Shannon de 0,463  $\pm$  0,015 (García-Godos y Cueva-Castillo, 2021).

### 5.5. Análisis de estructura poblacional

**Tabla 8.** Análisis Molecular de la varianza de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH. Ayacucho 2025.

Fuente de variación	GL	SC	CM	Est. Var.	% de variación	$\Phi_{PT}$	p-valor
Entre poblaciones	5	2,727	0,545	0,023	5%	0,046	0,117
Dentro de poblaciones	19	8,833	0,465	0,465	95%		
Total	24	11,560		0,487	100%		

El análisis de varianza molecular (AMOVA) evidenció que la mayor proporción de la variabilidad genética se concentra dentro de las poblaciones (95 %), mientras que únicamente un 5 % corresponde a la variación entre poblaciones. El valor de  $\Phi_{PT}$  (0,046) reflejó una baja diferenciación genética entre las poblaciones evaluadas. Asimismo, el análisis arrojó un valor de  $p = 0,117$ , lo que confirma que las diferencias detectadas no resultan estadísticamente significativas.

Hallazgos similares se han reportado en investigaciones realizadas en Ayacucho utilizando marcadores de microsatélites, documentando que el 80 % de la variabilidad se encuentra internamente y que los valores de  $F_{st}$  oscilan entre 0,022 y 0,034, reflejando una baja diferenciación genética entre subgrupos. Asimismo, en Puno y Cusco, valores de  $F_{st}$  de 0,05–0,08 refuerzan esta tendencia, lo cual se atribuye al sistema reproductivo mixto de la quinua y a prácticas tradicionales de intercambio de semillas (De la Cruz *et al.*, 2025).

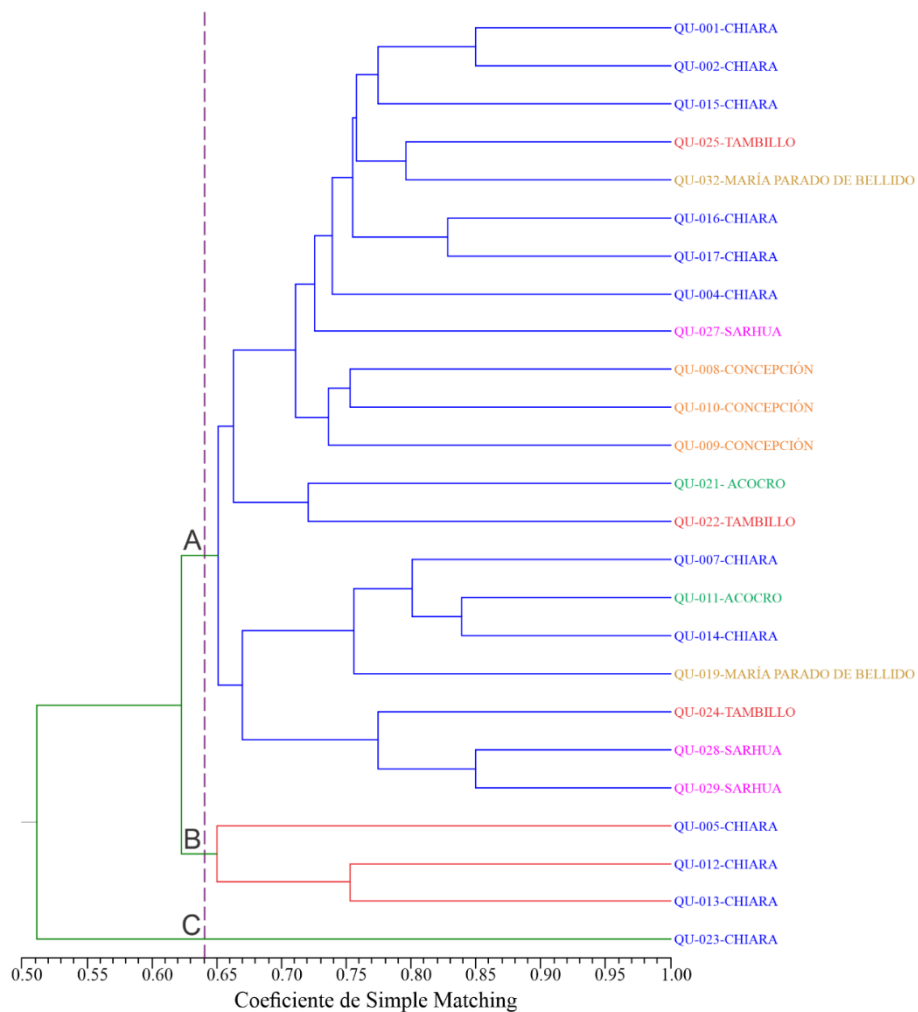
Estos patrones no son exclusivos del Perú. En Colombia, un análisis en Cundinamarca indicó que el 77 % de la variación genética estaba dentro de las poblaciones y solo 23 % entre ellas, con un  $F_{st}$  de 0,23. A escala global, estudios sobre germoplasma de quinua hallaron que el 69 % de la diversidad estaba dentro de los grupos y el 31 % entre ellos, lo que evidencia una estructura moderadamente diversificada, pero dominada por la variabilidad intrapoblacional. (Manjarrez-Hernández y Morillo-Coronado, 2022)

Estas evidencias se alinean con el patrón predominante en la quinua andina: mayor diversidad genética dentro de poblaciones y baja a moderada diferenciación entre ellas. Factores como el flujo de semillas entre comunidades y los sistemas reproductivos mixtos favorecen esta dinámica. La ausencia de

significancia estadística en PhiPT sugiere que las poblaciones no han consolidado una estructura diferenciada, posiblemente debido a su cultivo frecuente o al continuo intercambio de germoplasma.

### 5.6. Análisis multivariado

El análisis de agrupamiento jerárquico permitió clasificar las 25 accesiones de quinua en tres conglomerados claramente definidos, basándose en la similitud genética estimada mediante marcadores ISSR. Se utilizó el coeficiente de Simple Matching para construir el dendrograma.



**Figura 6.** Dendrograma de las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del laboratorio del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

El análisis de conglomerados permitió identificar tres grupos principales a partir de la similitud genética estimada por marcadores ISSR de accesiones de quinua provenientes de diferentes localidades. Estos conglomerados reflejan patrones de

similitud y divergencia entre las muestras, lo cual aporta evidencia sobre la variabilidad intraespecífica de este cultivo.

#### Conglomerado 1

El conglomerado más amplio agrupó 21 accesiones, provenientes de los distritos de Chiara, Tambillo, María Parado de Bellido, Sarhua, Concepción y Acocro; y con variación en el carácter color de episperma (Crema, blanco, café, café rojizo y negro). Esta diversidad sugiere que, a pesar de las diferencias aparentes en el color y la procedencia geográfica, estas accesiones comparten otras características moleculares que determinaron su similitud estructural. Este tipo de agrupamiento es común en especies domesticadas como la quinua, donde la selección humana ha conservado ciertas características adaptativas o de rendimiento, independientemente del lugar de cultivo (Bazile *et al.*, 2016).

#### Conglomerado 2

El segundo conglomerado incluyó tres accesiones que, pertenecen al distrito de Chiara y que tienen colores de grano blanco, crema y café oscuro, a pesar de la diferencia en cuanto al color del grano, estas accesiones muestran una homogeneidad que la diferencia del resto de accesiones. Dentro de este conglomerado, se destaca el subgrupo formado por las accesiones QU-012 y QU-013, las cuales tienen grano de color crema y café oscuro. Este tipo de agrupamiento puede indicar procesos de conservación local de variedades o intercambio de semillas en zonas geográficas cercanas.

#### Conglomerado 3

El tercer grupo se conformó únicamente por la accesión QU-023 procedente de Chiara, lo cual sugiere que posee características moleculares particulares que la diferencian del resto. Esta accesión, que en el dendrograma de la caracterización morfológica conformó un grupo separado y mostró la mayor diferenciación genética, podría haberse originado en una región más distante de las demás procedencias. Esta singularidad la convierte en un recurso de especial interés para el banco de germoplasma, pues amplía la variabilidad genética disponible para futuros programas de conservación y mejoramiento de *Chenopodium quinoa* Willd .

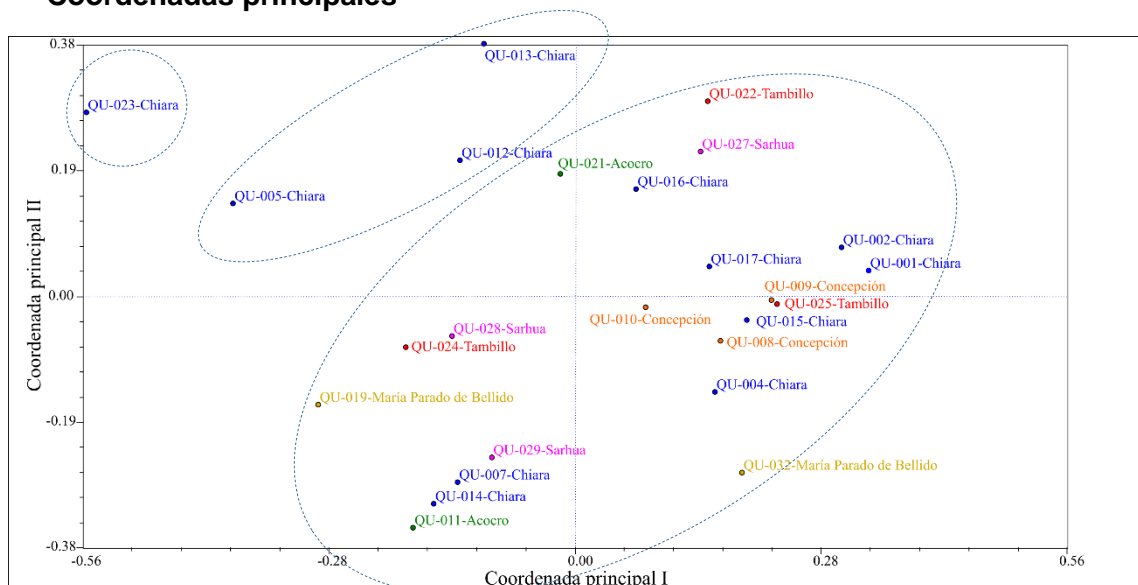
Los hallazgos obtenidos revelan que no se establece una relación directa entre la procedencia geográfica ni la coloración del grano con los agrupamientos determinados mediante análisis molecular. Esta situación refleja la complejidad inherente a la variabilidad fenotípica de la quinua, influenciada por factores como

la plasticidad del fenotipo, procesos de selección artificial realizados por los agricultores y el intercambio genético entre poblaciones.

Aunque la caracterización morfológica representa una herramienta útil en etapas iniciales, sus limitaciones se evidencian al intentar explicar con mayor profundidad la diversidad genética. Por ello, el uso de marcadores moleculares resulta fundamental como complemento, ya que permite una aproximación más completa y objetiva a la variabilidad presente.

Este enfoque complementario se aplicó al análisis de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. conservadas en el Centro de Conservación de Plantas Nativas. En dicho análisis, se identificaron diferencias en la agrupación de los grupos 1 y 2 entre los dendrogramas generados a partir de datos morfológicos y moleculares. No obstante, ambos métodos coincidieron en la diferenciación de la accesión QU-023, la cual mostró rasgos claramente distintivos tanto en su morfología como en su perfil genético.

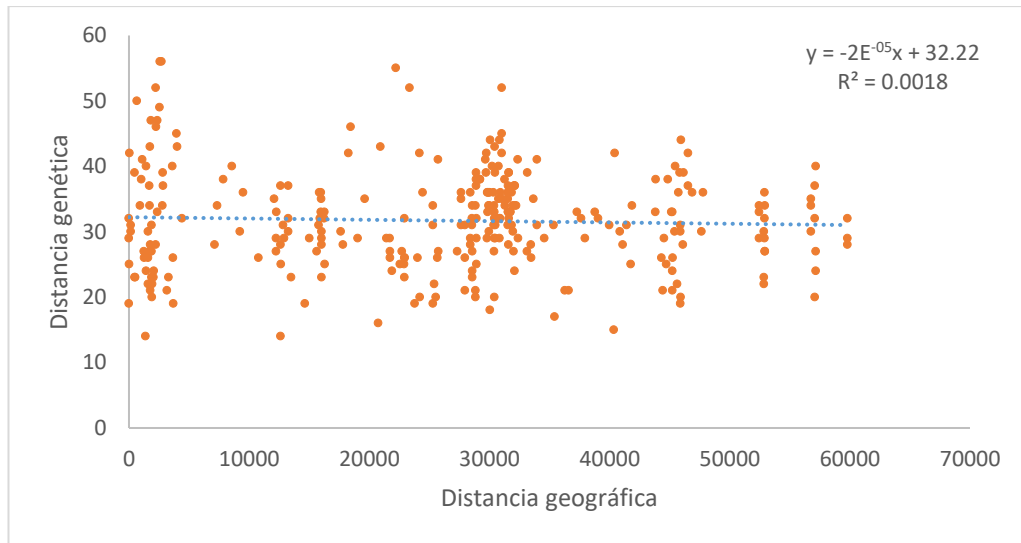
### Coordenadas principales



**Figura 7.** Coordenadas principales obtenidas del análisis molecular de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

De acuerdo con las coordenadas principales, se puede observar que los resultados coinciden con el dendrograma molecular en el cual también se tiene la formación de tres grupos diferenciados.

## 5.7. Correlación entre distancia genética y geográfica



**Figura 8.** Test de Mantel obtenido con los datos genéticos y geográficos de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

La prueba de Mantel muestra una correlación no significativa ( $r = -0,043$ ,  $p = 0,42$ ), lo cual evidencia que la relación entre distancia genética y distancia geográfica es prácticamente inexistente. Esto sugiere que la diferenciación genética entre las accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. no está explicada por la distancia geográfica, descartando un patrón claro de aislamiento por distancia. La débil asociación observada podría deberse a factores como el flujo génico propiciado por el intercambio de semillas, la selección artificial o el origen compartido de las accesiones, más que a la separación espacial entre ellas.

## **VI. CONCLUSIONES**

1. A nivel morfológico, se obtuvo mayor coeficiente de variación en la variable peso (19,48 %) además de que el 68 % de las semillas evaluadas presentaron el pericarpio crema, mientras que el 28 % de las epispermas fueron de color café rojizo, lo que refleja la existencia de diferencias entre las accesiones conservadas en el Centro de Conservación de Plantas Nativas.
2. El análisis molecular, mediante marcadores ISSR, reveló un índice de Shannon de 0,289 y una heterocigosidad promedio de 0,198, evidenciando un nivel moderado de diversidad genética en las accesiones evaluadas.
3. La prueba de Mantel mostró que la variación molecular no guarda una correlación significativa con la distribución geográfica de las accesiones ( $p = 0,42$ ), lo que sugiere que la diferenciación genética no está determinada por la procedencia espacial del material estudiado.

## VII. RECOMENDACIONES

1. Ampliar el estudio a nivel longitudinal, de modo que, se pueda tener los datos del flujo génico de *Chenopodium quinoa* Willd.
2. Incrementar las accesiones conservadas en el Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH a fin de generar nuevas investigaciones.
3. Socializar el estudio a nivel de gestión ambiental participativa, pues los datos obtenidos deben ser de conocimiento de los agricultores de quinua.

## VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alania-Choque, J., Vásquez Espinoza, L. G., Anculle-Arenas, A., Bustamante Muñoz, J. L., Jellen, E. N., Gutiérrez Rosales, R. O., & Mayta-Anco, M. E. (2024). Caracterización y evaluación agronómica de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* en el desierto costero peruano. *Agronomía*, 14(9), 1908. <https://doi.org/10.3390/agronomy14091908>
- Al-Mathidy, A., Al-Doskey, Z. A. S., & Shehab, M. O. M. (2023). Numerical taxonomy of the genus *Rosa* L. (Rosaceae) grown in the Kurdistan Region of Iraq. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 55(2), 442–452. <https://doi.org/10.54910/sabrao2023.55.2.16>
- Amiteye, S. (2021). Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *Heliyon*, 7(11), e08093. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e08093>
- Angiosperm Phylogeny Group (2016). An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 181(1), 1–20. <https://doi.org/10.1111/boj.12385>
- Apaza, V., Cáceres, G., Estrada, R. Y Pinedo, R. (2013). Catálogo de variedades comerciales de quinua en el Perú. . *Instituto Nacional de Innovación Agraria*.
- Apaza, M., Gamarra, F., Bonifacio, A., & León-Lobos, P. (2013). *Manual de quinua*. Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP).
- Bazile, D., Jacobsen, S.-E., & Verniau, A. (2016). The global expansion of quinoa: Trends and limits. *Frontiers in Plant Science*, 7, 622. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00622>

- Bewley, J. D., Bradford, K. J., Hilhorst, H. W. M., & Nonogaki, H. (2013). *Seeds: Physiology of development, germination and dormancy* (3rd ed.). Springer.
- Bhargava, A., Shukla, S., & Ohri, D. (2007). Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Field Crops Research*, 101(1), 104–116. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.10.001>
- Biodiversity International, FAO, PROINPA, INIAF, & FIDA. (2013). *Descriptores para quinua (Chenopodium quinoa Willd.) y sus parientes silvestres. Biodiversity International, Roma, Italia*. Fonte: ISBN: 978-92-9043-927-1
- Böndel, K. B., & Schmid, K. (2021). Quinoa diversity and Its Implications for Breeding. *Agricultural and Food Sciences*.
- Campos-Rodríguez, Y., Acosta-Coral, K., & Paucar-Menacho, L. M. (2022). Quinoa (*Chenopodium quinoa*): Composición nutricional y componentes bioactivos del grano y la hoja, e impacto del tratamiento térmico y de la germinación. *Scientia Agropecuaria*, 13(3), 209–220. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2022.020>
- Cárdenas Córdova, R. G. (2017). Caracterización molecular de 129 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) de la región Puno mediante marcadores microsatélites. *UNMSM*, 149.
- Chia Wong, J. (2009). Caracterización molecular mediante marcadores ISSR de una colección de 50 árboles clonales e híbridos de cacao (*Theobroma cacao* L.) de la UNAS-Tingo María.
- Chung, M. Y., Merilä, J., Li, J., Mao, K., López-Pujol, J., Tsumura, Y., & Chung, M. G. (2023). Neutral and adaptive genetic diversity in plants: An overview. *Ecology and Evolution*, 11, Article e1116814. <https://doi.org/10.3389/fevo.2023.1116814>

- Cocarico, S., Rivera, D., Beck, S., & Obón, C. (2024). Qarasiña culinary tradition: Conserving quinoa (*Chenopodium quinoa*) as an intangible cultural heritage in Jach'a Puni (Andean community), Bolivia. *Heritage*, 7(10), 5390–5412. <https://doi.org/10.3390/heritage7100254>
- Cockel, C. P., Guzzon, F., Gianella, M., & Müller, J. V. (2022). The importance of conserving crop wild relatives in preparing agriculture for climate change. *CABI Reviews*, 17, 031. <https://doi.org/10.1079/cabireviews202217031>
- Cronquist, A. (1981). *An integrated system of classification of flowering plants*. Columbia University Press.
- De la Cruz, G., Saldaña, C., Menéndez, F., Neyra, E., & Arbizu, C. (2025). Marcadores microsatélites determinan la estructura genética y diversidad de variedades locales de quinua de Ayacucho, Perú. *Agronomía*, 15(3), 611. <https://doi.org/10.3390/agronomy15030611>
- Del Castillo Gutiérrez, C., & Winkel, T. (2014). Variación fenotípica intra- e interpoblaciones en siete poblaciones de quinua del altiplano boliviano. *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, 58-64.
- Delgado, H., Tapia, C., Manjarres-Hernández, E. H., Borja, E., Naranjo, E., & Martín, J. P. (2024). Phenotypic diversity of quinoa landraces cultivated in the Ecuadorian Andean region: *In situ* conservation and detection of promising accessions for breeding programs. *Agriculture*, 14(3), 336. <https://doi.org/10.3390/agriculture14030336>
- De Vienne, D. (2021). What is a phenotype? History and new developments of the concept. *Genetica*, 150(3–4), 153–158. <https://doi.org/10.1007/s10709-021-00134-6>
- Dizes, J., & Bonifacio, A. (1992). Estudio en microscopía electrónica de la morfología de los órganos de la quinua (*Chenopodium quinoa* W.) y de la

cañahua (*Chenopodium pallidicaule* A.) en relación con la resistencia a la sequía. En D. Morales y J. Vacher (Eds.), *Actas del VII Congreso Internacional sobre Cultivos Andinos* (pp. 69–74). La Paz, Bolivia.

Donaire Tataje, G. V. (2018). *Caracterización molecular de 75 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) del departamento de Puno mediante marcadores microsatélites* [Tesis de licenciatura, Universidad Nacional Agraria La Molina].

Emrani, N., Hasler, M., Patiranage, D. S. R., Maldonado-Taípe, N., Rey, E., & Jung, C. (2020). An efficient method to produce segregating populations in quinoa (*Chenopodium quinoa*). *Plant Breeding*, 139(6), 1190–1200. <https://doi.org/10.1111/pbr.12873>

Esau, K. (2006). *Anatomy of seed plants* (2° ed.). Wiley.(2014). *Genebank standards for plant genetic resources for food and agriculture*. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Fayed, A. A., El-Hadidy, A. M., Faried, A. M., & Olwey, A. O. (2019). Taxonomic implications of multivariate analyses of Egyptian Ononis L. (Fabaceae) based on morphological traits. *Korean Journal of Plant Taxonomy*, 49(1), 13–27. <https://doi.org/10.11110/kjpt.2019.49.1.13>

Fuentes, F., & Paredes, X. (2013). Perspectivas nutracéuticas de la Quínoa: Propiedades biológicas y aplicaciones funcionales. *Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013*, 341-357.

Gallais, A., & Lefèvre, F. (2021). ANOVA for estimating Nei's diversity and related parameters in a fixed set of populations with an application in genetic resources conservation. *Euphytica*.

García-Godos, P., & Cueva-Castillo, J. M. (2021). Variabilidad genética de 29 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) peruana mediante

- marcadores AFLP y análisis multivariante. *Scientia Agropecuaria*, 12(1), 57-64.
- García-Parra, M., Plazas-Leguizamón, N., Carvajal Rodríguez, D., Ferreira Torrado, S., & Parra, J. (2018). Descripción de las saponinas en quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en relación con el suelo y el clima: Una revisión. *Informador Técnico*, 241-249.
- Gibbin, E. M., Massamba N'Siala, G., Chakravarti, L. J., Jarrold, M. D., & Calosi, P. (2017). The evolution of phenotypic plasticity under global change. *Scientific Reports*, 7, 17253. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17554-0>
- Gil, P. A. (Junio de 2010). La quinua: grano de alta calidad de gran demanda a nivel mundial. *Comercio Exterior*, 19(183), 19.
- Gómez Pando, L., & Aguilar Castellanos, E. (2016). *Guía de cultivo de la quinua* (2.ª ed.). FAO & Universidad Nacional Agraria La Molina. ISBN 978-92-5-309069-3
- González Almario, C., Jiménez Sabogal, H., Rugeles Barandica, L., Uribe Gutiérrez, L., & García Riaño, J. (2020). Historia de los Bancos de Germoplasma de Microorganismos AGROSAVIA (BGM-A). *AGROSAVIA: Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria*, 23–27.
- González Campos, J. (2019). Diversidad genética neutral y adaptativa, una simple explicación. *Ciencia & Investigación Forestal*, 81-98.
- Grimberg, Å., Saripella, G. V., Repo-Carrasco-Valencia, R. A.-M., Bengtsson, T., Alandia, G., & Carlsson, A. S. (2022). Transcriptional regulation of quinoa seed quality: Identification of novel candidate genetic markers for increased protein content. *Frontiers in Plant Science*, 13, 816425. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.816425>
- Isam A., M. A., Fahad, A. J., & Mehmet, M. Ö. (2021). Insights into the nutritional value and bioactive properties of quinoa (*Chenopodium quinoa*): past,

- present, and future perspectives. *International Journal of Food Science+Technology*, 56, 3726-3741. doi:10.1111/ijfs.15011
- 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., & et al. (2017). The genome of *Chenopodium quinoa*. *Nature*, 542, 307–312. <https://doi.org/10.1038/nature21370>
- Kelly, S. A., Panhuis, T. M., & Stoehr, A. M. (2012). Phenotypic plasticity: molecular mechanisms and adaptive significance. *Comprehensive Physiology*, 2(2), 1417–1439. <https://doi.org/10.1002/cphy.c110008>
- Kirch, W. (Ed.). (2008). Polymorphisms. In *Encyclopedia of Public Health*. Springer. [https://doi.org/10.1007/978-1-4020-5614-7\\_2679](https://doi.org/10.1007/978-1-4020-5614-7_2679)
- Koelling, J., Coles, M.C., Matthews, P.D. et al. Development of new microsatellite markers (SSRs) for *Humulus lupulus*. *Mol Breeding* 30, 479–484 (2012). <https://doi.org/10.1007/s11032-011-9637-z>
- Kosman, E. (2003). Nei's gene diversity and the index of average differences are identical measures of diversity within populations. *Plant Pathology*, 533-535.
- Laura Sucasaca, R. (2022). Caracterización agronómica y morfológica de las accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) obtenidas ancestralmente vía descriptor Bioversity International. Puno, Perú.
- Leiva Piedra, J. L., Sialer Guerrero, C. A., & Horna Inga, D. H. (2015). Evaluación del cultivo de *Chenopodium quinoa* "Quinoa" bajo condiciones edafoclimáticas del distrito de Puerto Etén - Lambayeque. *Rev. Ingeniería: Ciencia, Tecnología e Innovación*, ISSN: 2313-1926.
- Lim, J. G., Yoon, K. S., & Park, H. M. (2019). Analysis of saponin composition and comparison of antioxidant activity of various parts of the quinoa plant

- (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Science & Nutrition*, 8(1), 694–702.  
<https://doi.org/10.1002/fsn3.1358>
- Liuhto, M., Mercado, G., & Aruquipa, R. (2016). El cambio climático sobre la producción de quinua en el altiplano boliviano y la capacidad de adaptación de los agricultores. *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, (3), 166–178.
- Lugones, L., Robles, M. del R., Cochero, J., & García de Souza, J. R. (2024). Taxonomía numérica en el estudio de las especies. En F. Brusa, S. I. Montemayor Borsinger & M. G. del Río (Coords.), *Introducción a la taxonomía: fundamentos teóricos y ejercitaciones* (pp. 74–119). EDULP.  
<http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/177194>
- Manjarres-Hernández, E. H., & De la Cruz, R. (2025). Phenotyping of Colombian quinoa cultivars by seed morphobiometry. *Euphytica*, 221, 33.  
<https://doi.org/10.1007/s10681-025-03475-x>
- Manjarres-Hernández, E. H., Arias-Moreno, D. M., Morillo-Coronado, A. C., Ojeda-Pérez, Z. Z., & Cárdenas-Chaparro, A. (2021). Caracterización fenotípica de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) para la selección de materiales promisorios para programas de mejoramiento genético. *Plants*, 10(7), 1339. <https://doi.org/10.3390/plants10071339>
- Manjarres-Hernández, E. H., & Morillo-Coronado, A. C. (2022). Diversidad genética de la quinua colombiana (*Chenopodium quinoa*): implicaciones para programas de mejoramiento genético. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 69, 2447-2458.
- Matías, J., Rodríguez, M. J., et al. (2022). Changes in quinoa seed fatty acid profile under heat stress field conditions. *Frontiers in Nutrition*, 9, 820010.  
<https://doi.org/10.3389/fnut.2022.820010>

- Menéndez Burns, F. M. (2016). Estudio poblacional y diversidad genética de los cultivos primarios de *Chenopodium quinoa* en Ayacucho, Perú. Universidad Peruana Cayetano Heredia. <https://hdl.handle.net/20.500.12866/739>
- Montes-Rojas, C., Burbano-Catuche, G. A., Muñoz-Certuche, E. F., & Calderón-Yonda, Y. (2018). Descripción del ciclo fenológico de cuatro ecotipos de *Chenopodium quinoa* Willd. en Puracé – Cauca, Colombia. *Biotecnología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial*, 16(2), 36–49. <https://doi.org/10.18684/bsaa.v16n2.1163>
- Morillo-Coronado, A. C., Manjarres-Hernández, E. H., & Pedreros-Benavides, M. C. (2023). Genetic diversity of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) from Cundinamarca, Colombia. *Plant Genetic Resources*, (20), 223-229. <https://doi.org/10.1017/S1479262123000060>
- Morillo-Coronado, A.-C., Majarres, E. H., & Morillo Coronado, Y. (2017). Molecular characterization of *Chenopodium quinoa* Willd. using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 16(10), 483-489.
- Morillo-Coronado, A., Castro-Roberto, M. A., & Morillo-Coronado, Y. (2017). Caracterización de la diversidad genética de una colección de Quinoa. *Biotecnología en el sector agropecuario y Agroindustrial*, 15(2), 49-56. Fuente: ISSN - 1692-3561
- Mujica, Á., & Jacobsen, S.-E. (2006). La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. (M. Moraes R., B. Olgaard, L. P. Kvist, F. Borchsenius, & H. Balslev, Eds.) *Botánica económica de los Andes Centrales*, 449-457.

- Nonić, M., & Šijačić-Nikolić, M. (2020). Genetic diversity: Sources, threats, and conservation. In *Encyclopedia of the UN Sustainable Development Goals* (pp. 421–435). Springer. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-95981-8\\_53](https://doi.org/10.1007/978-3-319-95981-8_53)
- Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 70(12), 3321–3323. <https://doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321>
- Nuñez Torreblanca, N. (2019). La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) alternativa de seguridad alimentaria para zonas desérticas. *Revista Ciencia & Desarrollo*, 19-24.
- Onofre Quenta, X., & Bonifacio Flores, A. (2021). Evaluación de las características fenológicas y agronómicas de la quinua silvestre (*Chenopodium quinoa* spp.) del Altiplano boliviano. *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, 8(3), 7–20. <https://doi.org/10.53287/ocjv1418fh24q>
- Pathan, S., & Siddiqui, R. A. (2022). Composición nutricional y componentes bioactivos de las hojas de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.): Una revisión. *Nutrients*, 14(3), 558. <https://doi.org/10.3390/nu14030558>
- Patiranage, D. S., Rey, E., Emrani, N., et al. (2022). Genome-wide association study in quinoa reveals a selection pattern typical for crops with a short breeding history. *eLife*, 11, e66873. <https://doi.org/10.7554/eLife.66873>
- Pradeep Reddy, M. P., Sarla, N., & Siddiq, E. A. (2002). Inter-simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 128(1), 9–17. <https://doi.org/10.1023/A:1020691618797>
- Repo-Carrasco R., Espinoza C., Jacobsen S.-E. Valor nutricional y uso de los cultivos andinos quinua (*Chenopodium quinoa*) y kañiwa (*Chenopodium pallidicaule*). *Food Rev. Int.* 2003;19:179–189. doi: 10.1081/FRI-120018884.

- Rodrigues, D. B., Cavalcante, J. A., Almeida, A. S., Nunes, C. A., Serrão, A. F. A., Konzen, L. H., Suñé, A. S., & de Tunes, L. V. M. (2020). Seed morphobiometry, morphology of germination and emergence of quinoa seeds 'BRS Piabiru'. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 92(Suppl. 1), e20181313. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202020181313>
- Rodríguez-Murillo, L., & Salem, R. M. (2020). Genotype. In M. D. Gellman (Ed.), *Encyclopedia of Behavioral Medicine*. Springer. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-39903-0\\_698](https://doi.org/10.1007/978-3-030-39903-0_698)
- Rojas, W., Alanoca, C., Leon-Lobos, L., Alercia, A., Diulgheroff, S., Padulosi, S., & Bazile, D. (2014). Estado de la conservación *ex situ* de los recursos genéticos de quinua. *Biology*.
- Rojas, W., Mena, A., & Pinto Porcel, M. (2016). La diversidad genética de quinua: potenciales usos en el mejoramiento y agroindustria. *Agricultural and Food Sciences*.
- Romero, M., Mujica, Á., Pineda, E., Ccamapaza, Y., & Zavalla, N. (2019). Genetic identity based on simple sequence repeat (SSR) markers for quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Ciencia e Investigación Agraria*, 46(2), 166–180. <https://doi.org/10.7764/rcia.v45i2.2144>
- Ruales J., Grijalva Yd, Lopez-Jaramillo P., Nair BM. Calidad nutricional de un alimento infantil a base de quinua y su efecto en el nivel plasmático del factor de crecimiento insulínico tipo 1 (IGF-1) en niños desnutridos. *Int. J. Food Sci. Nutr.* 2002;53:143–154. doi: 10.1080/09637480220132157.
- Salgotra, R. K., & Chauhan, B. S. (2023). Genetic diversity, conservation, and utilization of plant genetic resources. *Genes*, 14(1), 174. <https://doi.org/10.3390/genes14010174>
- Sherwin, W. B., Chao, A., Jost, L., & Smouse, P. E. (2017). Information theory broadens the spectrum of molecular ecology and evolution. *Trends in*

Ecology & Evolution, 32(12), 948–963.  
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2017.09.012>

Simpson, M. G. (2019). *Plant systematics* (3rd ed.). Academic Press.

Sneath, P. H. y Sokal, R. R. (1973). *Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification*. (1st Edition). San Francisco: W. H. Freeman.

Sommer, R. J. (2021). Phenotypic plasticity: From theory and genetics to current and future challenges. *Genetics*, 217(1), iyab003.  
<https://doi.org/10.1093/genetics/iyab003>

Sorkheh, K., Shiran, B., Aranzana, M. J., Mohammadi, S. A., & Martínez-Gómez, P. (2007). Application of amplified fragment length polymorphism (AFLP) analysis to plant breeding and genetics: Procedures, applications and prospects. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 5(1), 197–204. WFL Publisher.

Sourilaki, E., Rabiei, B., Marashi, S. H., Jokarfard, V., & Börner, A. (2023). Identification of microsatellite markers associated with important agronomic traits in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Journal of Crop Production and Processing*, 13(1), 29–47. <http://jcopp.iut.ac.ir/article-1-3218-en.html>

Tamay de Dios, L., Ibarra, C., & Velasquillo, C. (2013). Fundamentos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. *Tecnología en Salud*, 2(2), 70–78.

Tamayo Contreras, H. L. (2010). Caracterización molecular inter e intra genotípica de 16 accesiones de *Chenopodium quinoa* (quinua) mediante la técnica de ISSR. *Universidad Nacional Agraria La Molina*.  
<https://hdl.handle.net/20.500.12996/1722>

Tang Y., Li X., Chen PX, Zhang B., Hernandez M., Zhang H., Marccone MF, Liu R., Tsao R. Caracterización de la composición de ácidos grasos, carotenoides,

- tocopheroles/tocotrienoles y actividades antioxidantes en semillas de tres genotipos de *Chenopodium quinoa* Willd. *Food Chem.* 2015;174:502–508. doi: 10.1016/j.foodchem.2014.11.040.
- Tapia, M., & Fries, A. (2007). *Guía de campo de los cultivos andinos*. Roma: FAO. <https://doi.org/ISBN9789253056828>
- Tapia, M. (1979). Historia y distribución geográfica de quinua y kañihua. *CIID-IICA*, 11–19.
- Tapia, M., Ignacio, S., Canahua, A., Quispe, M., Gavidia, J., & Mesco, J. (2013). *Razas de quinua en el Perú*. ANPE–CONCYTEC.
- Tenorio Bautista, S. M., & Romero Viacava, M. (2020). Fenología de tres accesiones de "Quinua silvestre" *Chenopodium* sp. Ayacucho - 2019. *Revista de investigación UNSCH*.
- Torres, M. I. J., Vargas, C. I. H., Corredor, S. G., & Reyes, C. L. M. (2000). Caracterización morfoagronómica de diecinueve cultivares de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en la Sabana de Bogotá. *Agronomía Colombiana*, 17(1), 60–68.
- Vega-Ramos, K. L., Gutierrez-Coronado, M. A., & Gomez-Leyva, J. F. (2022). Marcadores Moleculares ISSR para identificación de hijuelos de agaves. *Rev. Fitotec. Mex.*, 45(1), 75-81.
- Veloza Ramirez, C., Romero Guerrero, G., & Gómez Piedras, J. (2016). Respuesta morfoagronómica y calidad en proteína de tres accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en la sabana norte de Bogotá. *Revista U. D. C. A Actualidad & Divulgación Científica*, 325-332 <https://doi.org/10.31910/rudca.v19.n2.2016.86>.
- Wood SG, Lawson LD, Fairbanks DJ, Robison LR, Andersen WR. Contenido lipídico y composición de ácidos grasos de las semillas de tres cultivares

de quinua. *J. Food Compos. Anal.* 1993;6:41–44. doi: 10.1006/jfca..1993.1005.

Xi, X., Fan, G., Xue, H., Peng, S., Huang, W., & Zhan, J. (2024). Harnessing the potential of quinoa: Nutritional profiling, bioactive components, and implications for health promotion. *Antioxidants*, 13(7), 829. <https://doi.org/10.3390/antiox13070829>

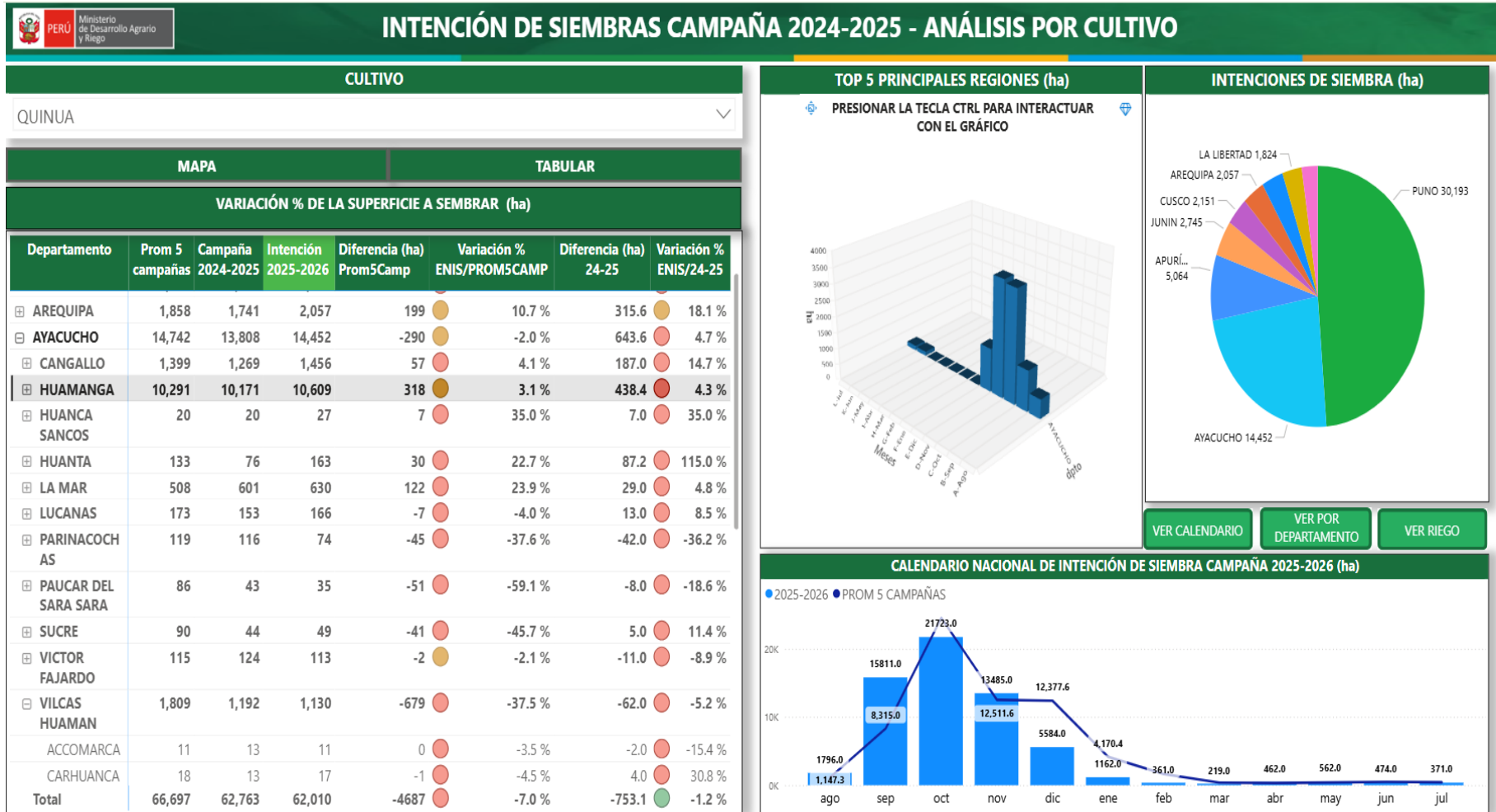
Yarlequé Mujica, J., Aronés Jara, M., Luna Molero, H., & Anaya González, B. (2019). Identificación y valoración de las saponinas de *Chenopodium quinoa* Willd., en variedad amarilla maranganí y negra collana, Ayacucho, 2018. *Rev. Inv. UNSCH*, 169 - 175.

## ANEXOS

### Anexo 1. Matriz de consistencia

TÍTULO	PROBLEMA	OBJETIVOS	MARCO TEÓRICO	VARIABLES E INDICADORES	METODOLOGÍA
Diversidad genética de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” en la región Ayacucho 2024	<b>General:</b> ¿Cuál es la variabilidad genética de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd? “quinua” conservada en el Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - - UNSCH?	<b>General:</b> Evaluar la variabilidad genética de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” conservada en el Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH. <b>Específicos:</b> - Caracterizar morfológicamente los granos de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd “quinua” - Determinar la variabilidad molecular de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua”. - Determinar la relación entre la variación molecular y geográfica de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua”	- Antecedentes de la investigación. - Marco conceptual: o <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. o Taxonomía y origen o Descripción botánica y agronómica o PCR o ISSR o Taxonomía numérica	<b>Variable de estudio:</b> <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. “quinua” de la región de Ayacucho.  Dimensión molecular Indicadores: - Contenido de información Polimórfica. - Heterocigosidad. - Índice de diversidad molecular de Shannon.  Dimensión morfológica: - Peso de 1000 semillas. - Diámetro de grano. - Espesor del grano. - Forma del grano - Color y aspecto del pericarpio. - Color y aspecto del Episperma.  Dimensión geográfica: - Test de Mantel.	Nivel de investigación: Básica – Descriptiva. Diseño: No experimental – transversal. Método: Cuantitativo. Procesamiento de datos: Análisis multivariado.

## Anexo 2. Intención de siembra – Campaña 2025-2026



**Anexo 3. Datos pasaporte de las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.**

N°	Accesión	Fecha	Zona	X	Y	Altitud	País	Región	Provincia	Distrito	Lugar
1	QU-1	14/03/2023	18L	591640	8510255	3531	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	C.P. Manallasacc
2	QU-2	14/03/2023	18L	592919	8509719	3505	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	C.P. Manallasacc
3	QU-4	14/03/2023	18L	593345	8509416	3489	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	C.P. Manallasacc
4	QU-5	14/03/2023	18L	593293	8509436	3492	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	C.P. Manallasacc
5	QU-7	14/03/2023	18L	593152	8507835	3465	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	C.P. Manallasacc
6	QU-8	1/04/2023	18L	623055	8505615	3365	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Concepción	Concepción
7	QU-9	1/04/2023	18L	623545	8505582	3378	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Concepción	Concepción
8	QU-10	1/04/2023	18L	623190	8506637	3192	Perú	Ayacucho	Vilcas Huamán	Concepción	Concepción
9	QU-011	2/05/2023	18L	599390	8534452	3471	Perú	Ayacucho	Huamanga	Acocro	C.P. Virgen Asunción de Seccelambras
10	QU-012	5/05/2023	18L	587078	8531515	3529	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Chiara
11	QU-013	5/05/2023	18L	589999	8510954	3482	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Pampas de Manallasacc
12	QU-014	5/05/2023	18L	593943	8511723	3480	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Acomayopata
13	QU-015	5/05/2023	18L	593700	8511106	3488	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Acomayopata
14	QU-016	5/05/2023	18L	591783	8510320	3522	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	San Antonio de Manallasacc
15	QU-017	5/05/2023	18L	591806	8510303	3525	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	San Antonio de Manallasacc
16	QU-019	5/05/2023	18L	584176	8496266	3446	Perú	Ayacucho	Cangallo	María Parado de Bellido	Pomabamba
17	QU-021	5/05/2023	18L	604337	8539597	3119	Perú	Ayacucho	Huamanga	Acocro	Acocro
18	QU-022	5/05/2023	18L	594918	8540930	2998	Perú	Ayacucho	Huamanga	Tambillo	Alatrística
19	QU-023	6/05/2023	18L	586032	8532501	3530	Perú	Ayacucho	Huamanga	Chiara	Chiara
20	QU-024	2/05/2023	18L	593775	8541804	2926	Perú	Ayacucho	Huamanga	Tambillo	C.P. Condoray
21	QU-025	2/05/2023	18L	595842	8540894	3055	Perú	Ayacucho	Huamanga	Tambillo	C.P. Nueva Esperanza de Alanya
22	QU-027	7/05/2023	18L	573515	8488345	3203	Perú	Ayacucho	Victor Fajardo	Sarhua	Sarhua
23	QU-028	7/05/2023	18L	573516	8488345	3201	Perú	Ayacucho	Victor Fajardo	Sarhua	Sarhua
24	QU-029	7/05/2023	18L	573516	8488345	3199	Perú	Ayacucho	Victor Fajardo	Sarhua	Sarhua
25	QU-032	7/05/2023	18L	582490	8497242	3591	Perú	Ayacucho	Cangallo	María Parado de Bellido	Pomabamba

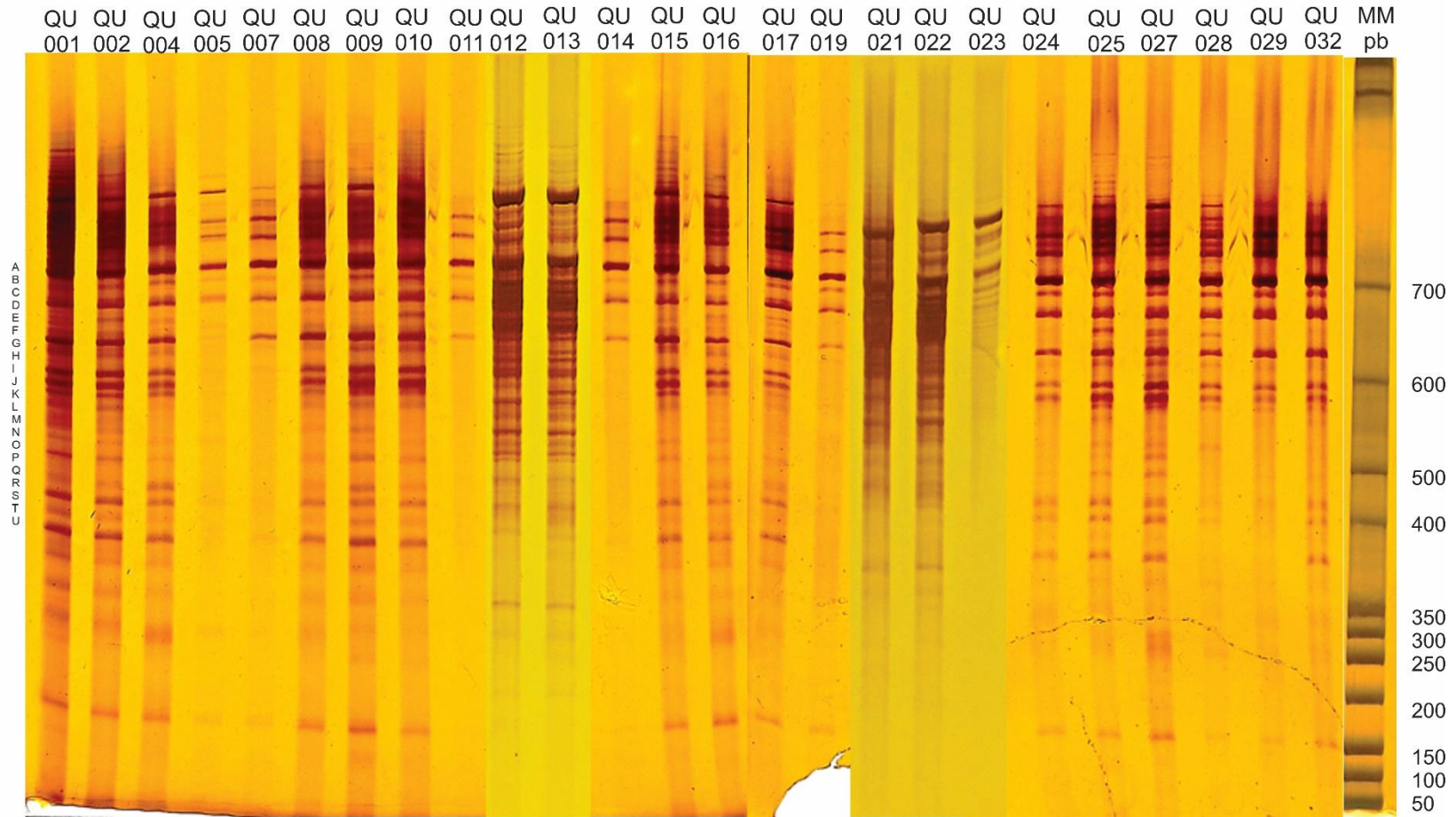
**Anexo 4.** Iniciadores ISSR seleccionados para la amplificación de bandas nítidas y polimórficas de ADN de las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.

<b>Código</b>	<b>Secuencia</b>	<b>Primer UBC</b>
<b>M1</b>	AGAGAGAGAGAGAGAGT	UBC807
<b>M2</b>	AGAGAGAGAGAGAGAGC	UBC808
<b>M3</b>	AGAGAGAGAGAGAGAGG	UBC810
<b>M4</b>	AGAGAGAGAGAGAGAGYT	UBC834
<b>M5</b>	AGAGAGAGAGAGAGAGYC	UBC835
<b>M6</b>	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	UBC841
<b>M7</b>	GAGAGAGAGAGAGAGAYG	UBC842
<b>M8</b>	HBHAGAGAGAGAGAGAG	UBC884
<b>M9</b>	DVDTCTCTCTCTCTC	UBC890
<b>M10</b>	BDBCACACACACACA	UBC891

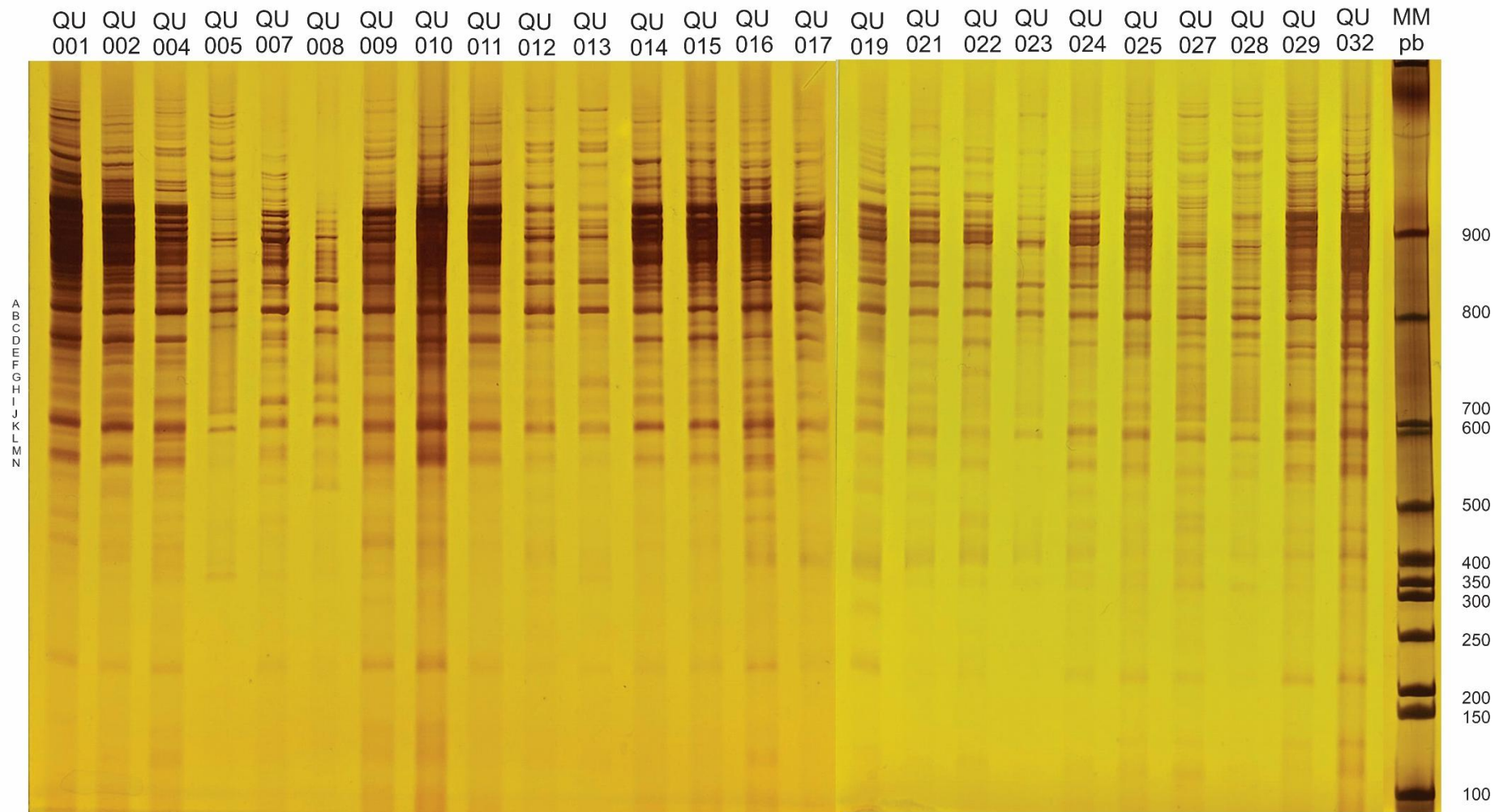
**Anexo 5.** Polimorfismo obtenido con los marcadores seleccionados para las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

Marcador	Bandas totales	Bandas polimórficas		Bandas únicas	
		Bandas	%	Bandas	%
<b>M1</b>	22	20	90,91	2	9,09
<b>M5</b>	15	12	80	1	6,67
<b>M6</b>	14	14	100	0	0
<b>M7</b>	23	18	78,26	3	13,04
<b>M8</b>	19	11	57,89	5	26,32

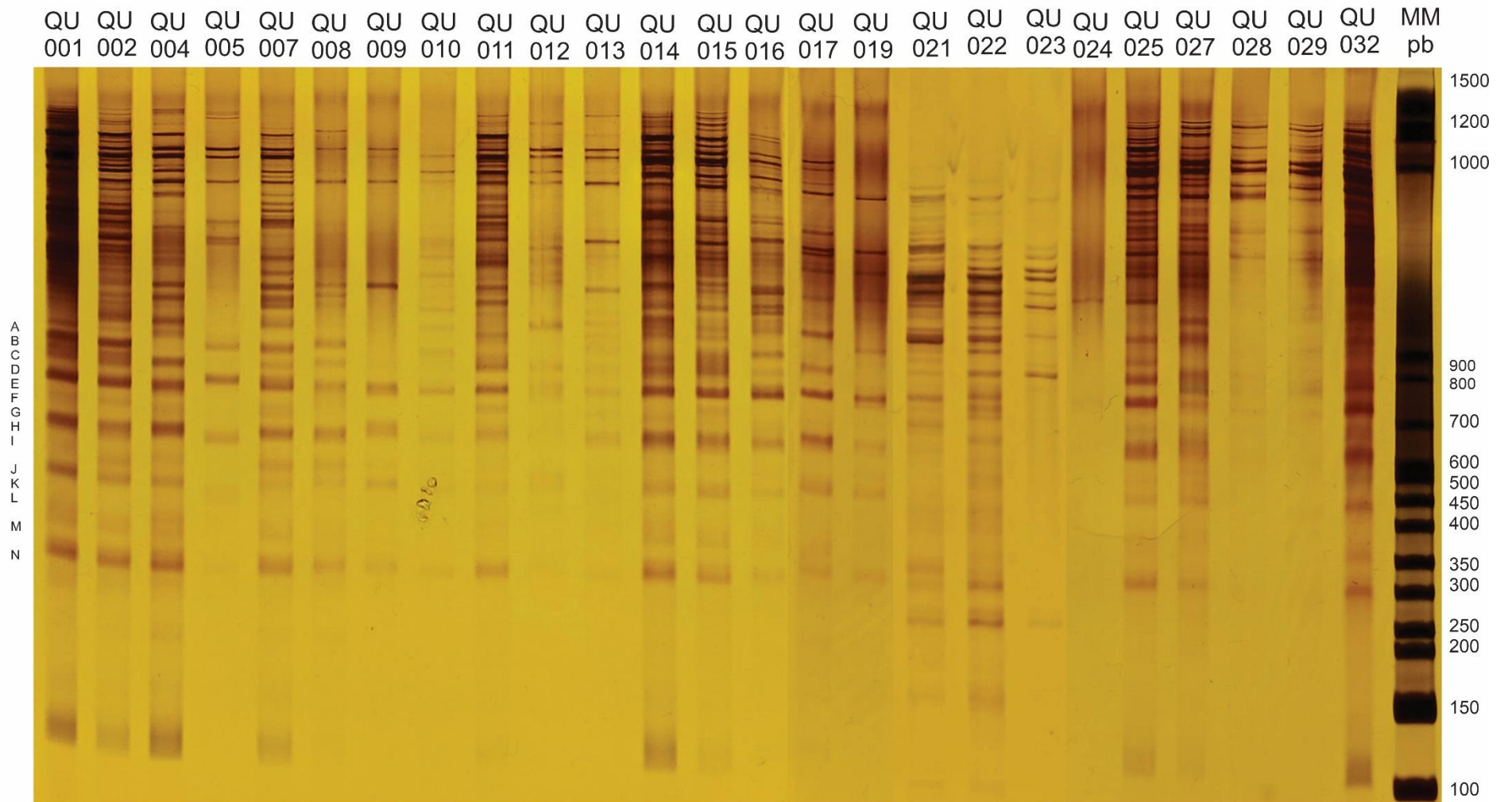
# M1: (AG)<sub>8</sub>T



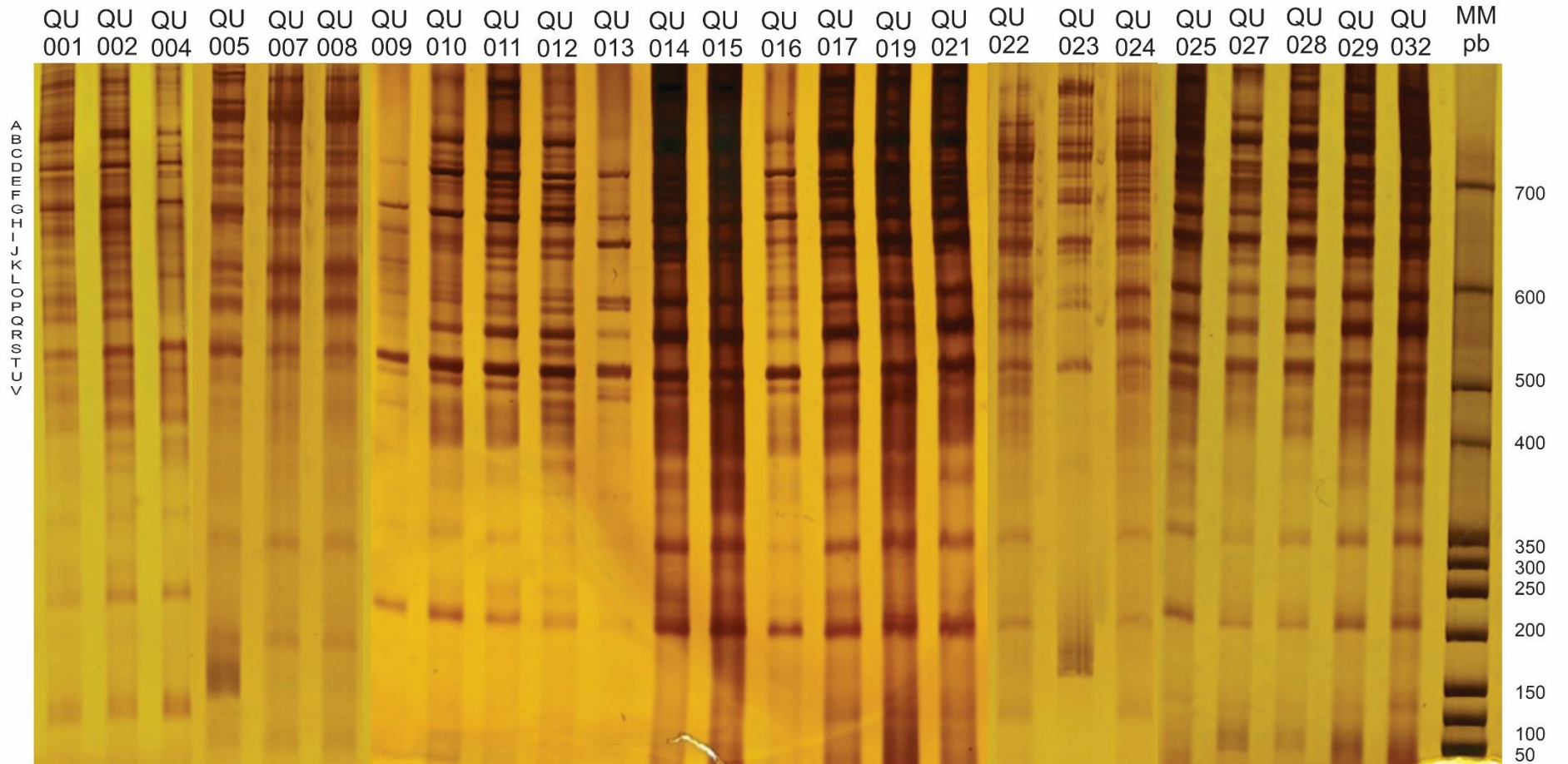
# M5: (AG)<sub>8</sub>YC



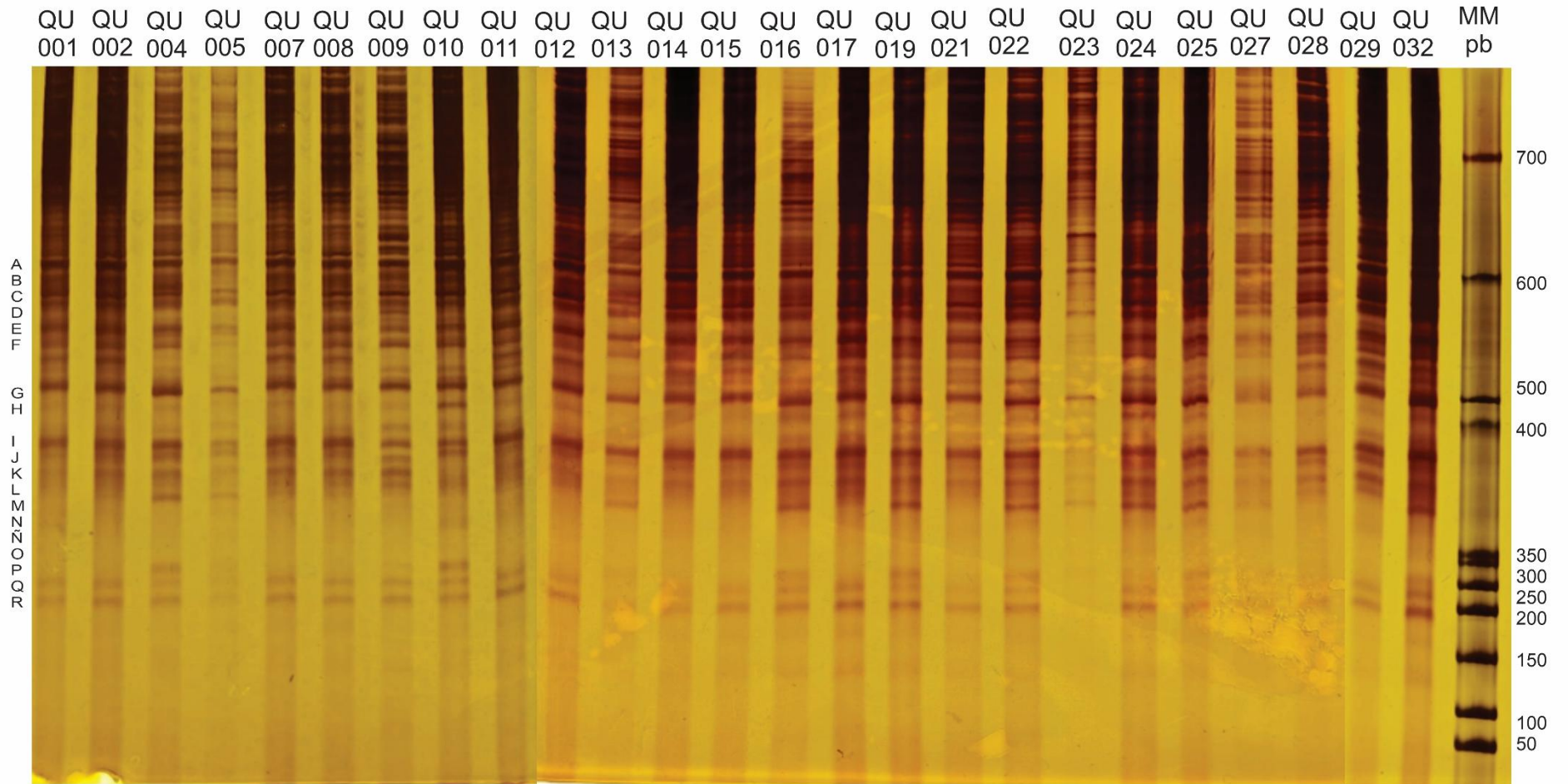
# M6: (GA)<sub>8</sub>YC



# M7: (GA)<sub>8</sub>YG



# M8: HBH(AG)<sub>7</sub>



**Anexo 6.** Matriz binomial de polimorfismo encontrado en las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH utilizadas para el estudio con marcadores ISSR. Ayacucho 2025.

Acce- sión	QU- 001	QU- 002	QU- 004	QU- 005	QU- 007	QU- 008	QU- 009	QU- 010	QU- 011	QU- 012	QU- 013	QU- 014	QU- 015	QU- 016	QU- 017	QU- 019	QU- 021	QU- 022	QU- 023	QU- 024	QU- 025	QU- 027	QU- 028	QU- 029	QU- 032
MYR-1-A	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-1-B	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-1-C	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
MYR-1-D	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1
MYR-1-E	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0
MYR-1-F	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0
MYR-1-G	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
MYR-1-H	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
MYR-1-I	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0
MYR-1-J	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0
MYR-1-K	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
MYR-1-L	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
MYR-1-M	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1
MYR-1-N	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1
MYR-1-Ñ	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
MYR-1-O	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0
MYR-1-P	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1
MYR-1-Q	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1
MYR-1-R	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
MYR-1-S	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1

MYR-1-T	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1
MYR-1-U	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
MYR-5-A	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-5-B	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1
MYR-5-C	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0
MYR-5-D	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-5-E	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1
MYR-5-F	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1
MYR-5-F2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
MYR-5-G	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1
MYR-5-H	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0
MYR-5-I	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
MYR-5-J	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MYR-5-K	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-5-L	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
MYR-5-M	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
MYR-5-N	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
MYR-6-A	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1
MYR-6-B	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1
MYR-6-C	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1
MYR-6-D	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1
MYR-6-E	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
MYR-6-F	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1

MYR-6-G	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
MYR-6-H	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1
MYR-6-I	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
MYR-6-J	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1
MYR-6-K	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
MYR-6-L	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
MYR-6-M	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1
MYR-6-N	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1
MYR-7-A	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-7-B	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
MYR-7-C	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0
MYR-7-D	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-7-E	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-7-F	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MYR-7-G	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1
MYR-7-H	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
MYR-7-I	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
MYR-7-J	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1
MYR-7-K	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1
MYR-7-L	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1
MYR-7-M	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
MYR-7-N	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
MYR-7-N	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1



<b>MYR-8-O</b>	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<b>MYR-8-P</b>	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1
<b>MYR-8-Q</b>	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1
<b>MYR-8-R</b>	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1

**Anexo 7.** Caracterización morfológica de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.

ACCESIÓN	Peso (g)	Longitud (mm)	Ancho (mm)	Peso 1000 semillas (g)	Pericarpio		Forma del grano	Episperma	
					Aspecto	Color		Apariencia	Color
QU-001	0,0041	2,14	1,23	3,63	1	6	1	2	7
QU-002	0,0035	2,16	1,21	3,73	1	1	2	2	5
QU-004	0,0034	2,09	1,26	3,56	1	1	2	2	3
QU-005	0,0030	1,99	1,21	2,98	1	1	2	2	2
QU-007	0,0038	2,25	1,33	4,2	1	1	2	1	5
QU-008	0,0042	2,21	1,28	4,12	1	1	2	2	7
QU-009	0,0039	2,22	1,17	3,57	2	3	3	2	3
QU-010	0,0015	1,74	1,02	1,95	1	6	1	2	8
QU-011	0,0049	2,35	1,24	4,62	1	6	1	1	7
QU-012	0,0037	2,28	1,28	3,94	1	6	3	1	6
QU-013	0,0038	2,26	1,11	3,86	1	1	2	2	3
QU-014	0,0031	2,25	1,33	4,06	1	1	3	2	7
QU-015	0,0050	2,25	1,28	4,08	1	6	4	2	7
QU-016	0,0040	2,17	1,30	3,91	2	1	2	2	2
QU-017	0,0040	2,22	1,28	4,25	1	1	1	2	7
QU-019	0,0034	2,07	1,23	3,3	2	1	2	2	2
QU-021	0,0044	2,31	1,30	4,16	1	1	3	2	7
QU-022	0,0037	1,96	1,13	2,84	2	1	3	2	3
QU-023	0,0041	2,24	1,18	3,86	1	1	2	2	3
QU-024	0,0026	1,87	1,12	2,7	2	2	3	2	3
QU-025	0,0037	2,06	1,05	3,35	2	1	2	2	2
QU-027	0,0029	1,96	1,21	2,95	2	1	2	2	2
QU-028	0,0036	2,04	1,06	3,04	1	1	1	1	1
QU-029	0,0037	1,90	0,99	2,53	2	3	4	1	1
QU-032	0,0033	2,02	1,22	3,17	2	1	3	2	2

**Anexo 8.** Análisis de varianza y comparación múltiple de la variable peso de grano de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.

## Análisis de Varianza

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	24	0.000364	0.000015	29.85	0.000
Error	725	0.000368	0.000001		
Total	749	0.000731			

Comparaciones en parejas de Tukey  
Agrupar información utilizando el método de Tukey y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación
QU-015	30	0.004983	A
QU-011	30	0.004920	A
QU-021	30	0.004370	A B
QU-008	30	0.004167	B C
QU-023	30	0.004077	B C
QU-001	30	0.004073	B C
QU-017	30	0.004030	B C D
QU-016	30	0.003977	B C D E
QU-009	30	0.003913	B C D E F
QU-013	30	0.003827	B C D E F
QU-007	30	0.003753	B C D E F G
QU-022	30	0.003740	B C D E F G
QU-025	30	0.003730	B C D E F G
QU-012	30	0.003710	B C D E F G
QU-029	30	0.003687	C D E F G
QU-028	30	0.003640	C D E F G
QU-002	30	0.003527	C D E F G H
QU-004	30	0.003380	D E F G H
QU-019	30	0.003357	E F G H
QU-032	30	0.003277	F G H I
QU-014	30	0.003103	G H I
QU-005	30	0.002967	H I
QU-027	30	0.002877	H I
QU-024	30	0.002630	I
QU-010	30	0.001533	J

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.

**Anexo 9.** Análisis de varianza y comparación múltiple de variable ancho grano de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. "quinua" del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.

## Análisis de Varianza

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	24	2.2582	0.094092	29.17	0.000

Error	225	0.7259	0.003226
Total	249	2.9841	

Comparaciones en parejas de Tukey  
Agrupar información utilizando el método de Tukey y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación
QU-007	10	1.3330	A
QU-014	10	1.3310	A
QU-016	10	1.3010	A B
QU-021	10	1.2970	A B
QU-015	10	1.2780	A B
QU-012	10	1.2780	A B
QU-017	10	1.2770	A B
QU-008	10	1.2770	A B
QU-004	10	1.2600	A B C
QU-011	10	1.2440	A B C
QU-001	10	1.2340	B C
QU-019	10	1.2250	B C
QU-032	10	1.2190	B C D
QU-002	10	1.2120	B C D E
QU-027	10	1.2120	B C D E
QU-005	10	1.2070	B C D E
QU-023	10	1.1800	C D E F
QU-009	10	1.1700	C D E F
QU-022	10	1.1270	D E F G
QU-024	10	1.1200	E F G
QU-013	10	1.1050	F G H
QU-028	10	1.0620	G H I
QU-025	10	1.0510	G H I
QU-010	10	1.0190	H I
QU-029	10	0.9920	I

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.

**Anexo 10.** Análisis de varianza y comparación múltiple de variable longitud de grano de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. "quinua" del Centro de Conservación de Plantas Nativas de la UNSCH.

#### Análisis de Varianza

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	24	17.30	0.72067	29.99	0.000
Error	724	17.40	0.02403		
Total	748	34.70			

Comparaciones en parejas de Tukey  
Agrupar información utilizando el método de Tukey y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación
QU-011	30	2.3450	A
QU-021	30	2.3107	A B
QU-012	30	2.2753	A B C
QU-013	30	2.2570	A B C
QU-007	30	2.2537	A B C
QU-014	30	2.2487	A B C
QU-015	30	2.2450	A B C
QU-023	30	2.2433	A B C
QU-009	30	2.2163	A B C D
QU-017	30	2.2157	A B C D
QU-008	29	2.2052	A B C D E
QU-016	30	2.1707	B C D E F
QU-002	30	2.1600	C D E F G
QU-001	30	2.1390	C D E F G
QU-004	30	2.0870	D E F G H
QU-019	30	2.0673	E F G H
QU-025	30	2.0603	E F G H
QU-028	30	2.0353	F G H I
QU-032	30	2.0187	G H I J
QU-005	30	1.9860	H I J
QU-027	30	1.9627	H I J
QU-022	30	1.9583	H I J
QU-029	30	1.8970	I J
QU-024	30	1.8733	J K
QU-010	30	1.7363	K

*Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.*

**Diversidad genética de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” en la región  
Ayacucho 2024.**

Genetic Diversity of *Chenopodium quinoa* Willd. (“Quinoa”) in the Ayacucho  
Region, 2024.

Rosana Luzía Ventura Cavero

Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de San Cristóbal de  
Huamanga

[rosana.ventura@unsch.edu.pe](mailto:rosana.ventura@unsch.edu.pe)

**Resumen**

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un cultivo andino clave por su valor nutricional y adaptabilidad. Este estudio evaluó la diversidad genética de 25 accesiones de seis distritos de Ayacucho, Perú (Chiara, Sarhua, Acocro, María Parado de Bellido, Tambillo y Concepción), conservadas en la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga. La caracterización integró dos enfoques:

**Morfológico:** Se emplearon descriptores de la FAO para analizar variables cualitativas (color, textura y forma del grano) y cuantitativas (peso y dimensiones).

**Molecular:** Se utilizó ADN genómico con cinco marcadores ISSR y la prueba de Mantel para correlacionar distancias genéticas y geográficas.

Los resultados revelaron tres agrupamientos consistentes en los dendrogramas. Destaca la accesión QU-023 (Chiara), que formó un clado exclusivo, mostrando una divergencia significativa. No obstante, los estimadores generales y el

AMOVA indicaron una baja variabilidad genética, con la mayor variación concentrada a nivel intrapoblacional. El coeficiente PhiPT confirmó una escasa diferenciación entre poblaciones y la prueba de Mantel no halló correlación geográfica. En conclusión, las poblaciones evaluadas presentan una estructura genética homogénea, subrayando el valor estratégico de la accesión QU-023 para futuros programas de conservación.

**Palabras clave:** *Chenopodium quinoa* Willd. ISSR, caracterización, diversidad genética.

### **Abstract**

Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is a vital Andean crop known for its nutritional value and adaptability. This study evaluated the genetic variability of 25 accessions from six districts in Ayacucho, Peru (Chiara, Sarhua, Acocro, María Parado de Bellido, Tambillo, and Concepción), preserved by the National University of San Cristóbal de Huamanga. The characterization integrated two approaches:

Morphological: FAO descriptors were used to analyze qualitative variables (color, texture, and grain shape) and quantitative variables (weight and dimensions).

Molecular: Genomic DNA was analyzed using five ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) markers, and the Mantel test was applied to correlate genetic and geographic distances.

Results revealed three consistent clusters in the dendrograms. Notably, accession QU-023 (Chiara) formed an exclusive clade, showing significant divergence. However, general diversity estimators and AMOVA indicated low genetic variability, with most variation concentrated at the intrapopulation level. The PhiPT coefficient confirmed low differentiation between populations, and the

Mantel test found no geographic correlation. In conclusion, the evaluated populations exhibit a homogeneous genetic structure, highlighting the unique value of accession QU-023 for future conservation programs.

**Keywords:** *Chenopodium quinoa* Willd., ISSR, characterization, genetic diversity.

## **I. Introducción**

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es reconocida a nivel mundial por su alto valor nutricional y su contribución a una dieta equilibrada. Como cultivo andino, destaca por su amplia adaptabilidad, ya que puede cultivarse desde el nivel del mar hasta altitudes cercanas a los 4 000 msnm. (Leiva Piedra et al., 2015). Además de presentar tolerancia a condiciones ambientales adversas. Estas características han favorecido que, desde tiempos ancestrales, los agricultores de los Andes la cultiven, preservando así una notable diversidad genética.

No obstante, pese a la gran variabilidad, la producción actual se concentra en un número reducido de variedades orientadas principalmente a la comercialización y la exportación. Esta tendencia amenaza la conservación de variedades tradicionales de menor demanda, lo que incrementa el riesgo de erosión genética. En este contexto, se requiere información actualizada sobre la diversidad de *Chenopodium quinoa* Willd. Para ello, esta investigación utilizó descriptores morfológicos de la FAO y Bioversity International, junto con marcadores ISSR, con el fin de estimar el polimorfismo entre las accesiones conservadas.

## **II. Metodología**

La investigación se llevó a cabo en el Centro de Conservación de Plantas Nativas de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional de San

Cristóbal de Huamanga (UNSCH). Empleándose semillas de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua”, procedentes de Chiara, Tambillo, Concepción, Acocro, María Parado de Bellido y Sarhua de la región Ayacucho.

### 2.1. Caracterización morfológica de los granos de quinua

Se emplearon los descriptores establecidos para la quinua y sus parientes silvestres, publicados por Bioversity International y la FAO (2013).

**Tabla 1.** Descriptores utilizados para la caracterización morfológica de granos de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

DESCRIPTOR	CARACTERÍSTICA
<b>Diámetro del grano (mm)</b>	Promedio de 20 granos sin considerar el perigonio
<b>Espesor del grano (mm)</b>	Promedio de 20 granos sin considerar el perigonio
<b>Peso de 1000 granos (g)</b>	Registro del peso sin considerar el perigonio
<b>Aspecto del pericarpio</b>	1 Cenizo 2 Sucroso (acaramelado)
<b>Color de pericarpio</b>	1 Crema 2 Amarillo 3 Amarillo dorado 4 Rosado 5 Rojo 6 Café claro 7 Café 8 Café oscuro 9 Café verdoso 10 Púrpura
<b>Apariencia del episperma</b>	1 Vítreo (translúcido hialino) 2 Opaco
<b>Color de episperma</b>	1 Transparente 2 Blanco 3 Crema 4 Café claro 5 Café 6 Café oscuro 7 Café rojizo 8 Negro
<b>Forma de grano</b>	1 Lenticular 2 Cilíndrico 3 Elipsoidal 4 Cónico

Fuente: Descriptores de quinua y parientes silvestres (2013)

### 2.2. Caracterización molecular de los granos de quinua

Para la caracterización molecular, se obtuvo el tejido vegetal para la extracción de ADN mediante la siembra de semillas elegidas al azar de cada accesión en un vivero. Luego de la emergencia de las plántulas, se recolectaron 20 a 25 hojas por accesión. Para la extracción de ADN se utilizó el protocolo CTAB, adaptado a partir de la metodología descrita por Doyle y Doyle (1990). La integridad y concentración del ADN extraído se verificaron a través de electroforesis en gel

de agarosa al 1 % y cuantificación espectrofotométrica a 260/280 nm. El procesamiento molecular de las muestras de ADN fue realizado por el laboratorio del Instituto Agropecuario de Biotecnología y Estadística Aplicada E.I.R.L. Utilizándose cinco marcadores ISSR y un termociclador BioRad para la amplificación por PCR bajo el programa térmico: desnaturalización a 95 °C (1 min), alineamiento a 50 °C (2 min) y elongación a 72 °C (5 min). Los productos de PCR se separaron mediante electroforesis en gel de poliacrilamida (PAGE) a 500 V durante 6 horas, empleando tinción con nitrato de plata para la visualización de las bandas.

### **2.3. Análisis de datos**

#### Porcentaje de loci polimórficos

Se evaluó la frecuencia de alelos de cada locus de las accesiones de quinua y luego se procedió a calcular el porcentaje de los loci polimórficos.

$$\text{Porcentaje de loci polimórficos} = \left( \frac{l_{cp}}{L_p} \right) * 100$$

Donde:

$l_{cp}$  = Número de loci polimórficos

$L_p$  = Número total de loci analizados

#### Índice de Shannon

Se utilizó para conocer la cantidad de variantes genéticas presentes, así como la distribución relativa dentro de las accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd.

$$H' = - \sum_{i=1}^k p_i \cdot \ln p_i$$

Donde:

$H'$  = Índice de diversidad de Shannon

$k$  = número total de bandas polimórficas del marcador molecular ISSR

$p_i$  = proporción de un alelo respecto al total de alelos en la población.

#### Heterocigosidad esperada

La heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) se utilizó para evaluar el nivel de variabilidad genética dentro de las accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd.,

proporcionando una medida de diversidad alélica y de la estructura genética poblacional.

$$He = 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2$$

Donde:

He= Heterocigosidad esperada.

k= número total de alelos en el locus o conjunto de loci analizados.

pi = frecuencia relativa del alelo i en la población.

### Análisis multivariado

Se organizó en promedio 19 loci y 25 accesiones de quinua en una matriz dicotómica para procesar los datos con el software estadístico NTSYS v2.1p (Rohlf, 2000), a partir del cual se llevaron a cabo tres procedimientos: agrupamiento mediante el método UPGMA, ordenación a través de Análisis de Coordenadas Principales (PCA) y ordenación por Escalamiento Multidimensional no Métrico (nmMDS).

### Datos geográficos

Para evaluar la relación entre la distancia genética y geográfica de las accesiones de quinua, se analizó el coeficiente de Mantel y el p-valor generados por el programa NTSys.

## III. Resultados y discusión

### Resultados

Tabla 2. Caracterización morfológica cuantitativa de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. "quinua" del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

Variable	Media	Desv.Est.	CV	Mínimo	Máximo
Peso (g)	0,00365	0,000711	19,48	0,001533	0,004983
Espesor (mm)	1,2004	0,097	8,08	0,992	1,333
Diámetro (mm)	2,1187	0,155	7,32	1,7363	2,345
Peso 1000 semillas (g)	3,534	0,64	18,11	1,95	4,62

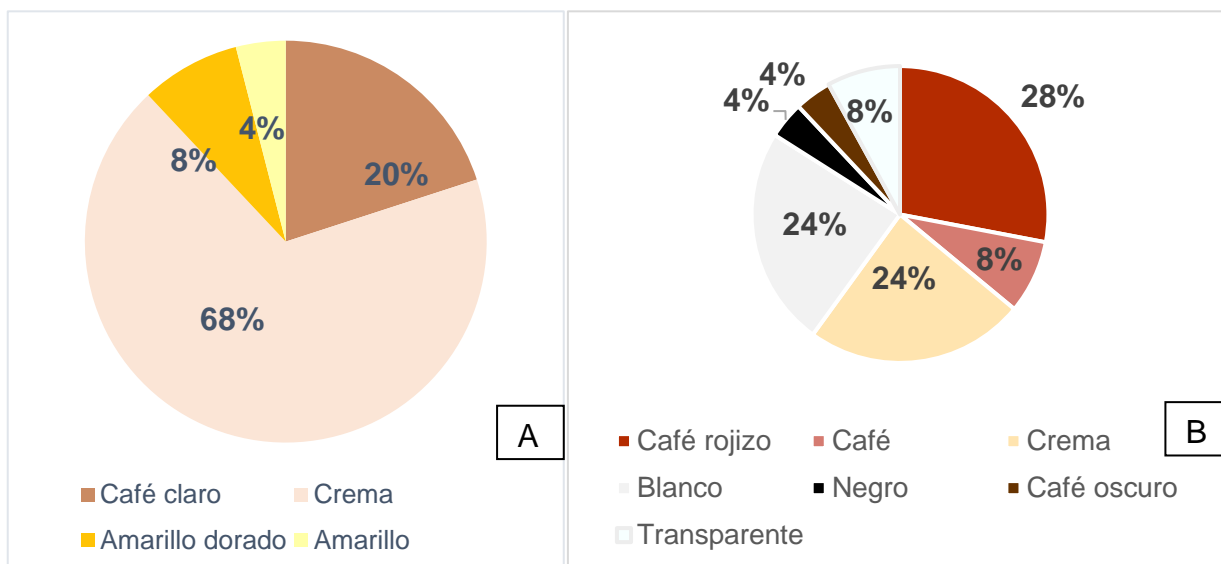


Figura 1. A. Color de pericarpio y B. Color de episperma evaluado en las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. "quinua" del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

Tabla 3. Porcentaje de loci polimórficos detectados por marcadores ISSR en 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. "quinua" del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología - UNSCH. Ayacucho 2025.

Población	%P
Chiara	86,02 %
Concepción	38,71 %
Acocro	38,71 %
Maria Parado de Bellido	31,18 %
Tambillo	54,84 %
Sarhua	43,01 %
Promedio	48,75 %
Error estándar	8,10 %

Tabla 4. Índice de diversidad de Shannon y coeficiente de heterocigosidad esperada de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas – Biología – UNSCH. Ayacucho 2025.

Población	N	Índice de Shannon's (I) $\bar{X} \pm ES$	Heterocigosidad esperada (He) $\bar{X} \pm ES$
Chiara	12	0,497 $\pm$ 0,025	0,342 $\pm$ 0,019
Concepción	3	0,237 $\pm$ 0,032	0,165 $\pm$ 0,022
Acocro	2	0,234 $\pm$ 0,031	0,160 $\pm$ 0,021
María Parado de Bellido	2	0,189 $\pm$ 0,029	0,129 $\pm$ 0,020
Tambillo	3	0,334 $\pm$ 0,032	0,231 $\pm$ 0,023
Sarhua	3	0,242 $\pm$ 0,030	0,163 $\pm$ 0,021

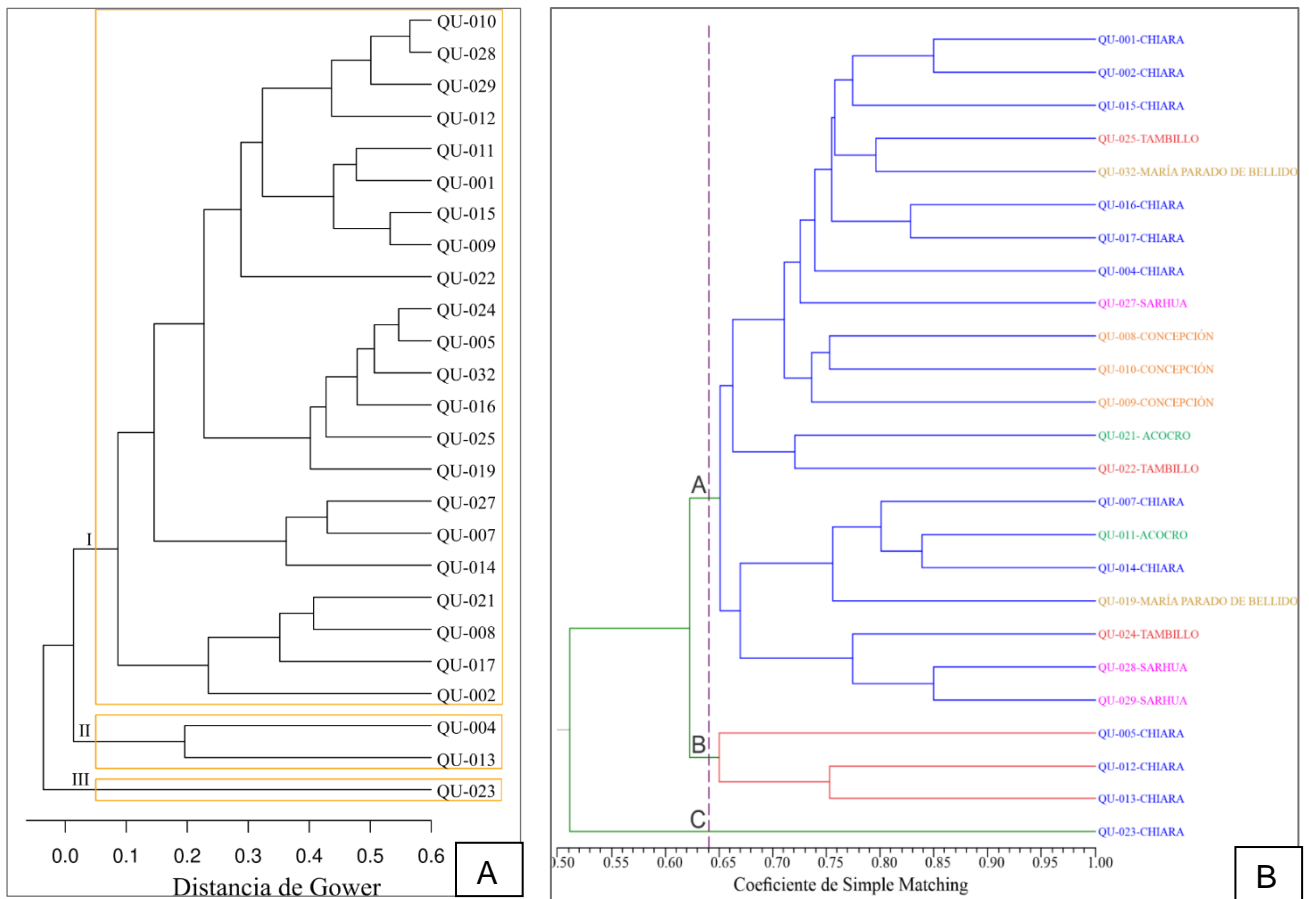
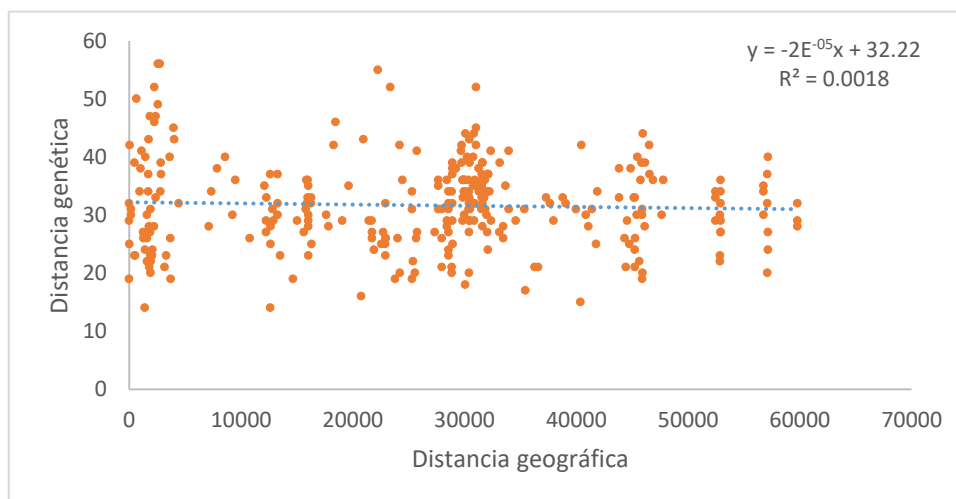


Figura 3. A. Dendrograma morfológico y B. Dendrograma molecular de las 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del laboratorio del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.



**Figura 4.** Test de Mantel obtenido con los datos genéticos y geográficos de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Centro de Conservación de Plantas Nativas. Ayacucho 2025.

## Discusión

En las variables cuantitativas de la caracterización morfológica de la Tabla 2, se observa una marcada variabilidad en peso y dimensiones de los granos de quinua, lo que concuerda con la amplitud de diversidad genética reportada en otras investigaciones. El peso de 1 000 granos alcanzó un promedio de 3,534 g, con un coeficiente de variación (CV) de 18,11 %. De manera semejante, Bhargava *et al.* (2007) encontraron un rango de 0,78 a 4,09 g para 1 000 semillas y un CV de 31,97 % en 27 líneas puras de India, lo que confirma la amplia diversidad genética existente en la especie. En ambientes tropicales de Brasil, Rodrigues *et al.* (2020) reportaron un peso de 1 000 semillas de 2,68 g para la variedad BRS Piabiru, mientras que en condiciones altoandinas de Boyacá (Colombia) se documentó un peso de 100 semillas entre 0,16 y 0,40 g, con un promedio de 0,26 g y un CV de aproximadamente 18 % (Manjarres-Hernández y De la Cruz, 2025). Laura (2022), trabajando con accesiones del altiplano peruano, registró valores intermedios, con un peso de 1 000 semillas promedio

de 4,32 g y un rango de 2,67 a 6,21 g, evidenciando la influencia de factores genéticos y ambientales propios de la región. Aun considerando las diferencias de escala (100 frente a 1 000 semillas), estos valores son consistentes y reflejan variación genética y ambiental en el contenido de materia de las semillas.

En cuanto a las dimensiones, se obtuvo un diámetro promedio de 2,11 mm (CV 7,32 %) y un espesor medio de 1,20 mm (CV 8,08 %), cifras que evidencian baja variabilidad y confirman la homogeneidad de las dimensiones del grano. Resultados semejantes se observaron en otras latitudes: en Colombia se reportó un diámetro de 1,75 a 2,63 mm (Manjarres-Hernández y De la Cruz, 2025) y en Brasil un diámetro promedio de 2,05 mm (Rodrigues et al., 2020). Bhargava et al. (2007) hallaron en la India un tamaño de semilla entre 1,34 y 2,21 mm con un CV de 11,41 %, mientras que Laura (2022) documentó un rango de 1,08 a 2,83 mm con un promedio de 1,94 mm y una desviación estándar de 0,12 mm, valores que refuerzan la evidencia de una variabilidad moderada en el diámetro del grano.

Los resultados presentan una estabilidad entre los valores de ancho y longitud de grano, mientras que peso presenta una variabilidad mayor (19%).

En cuanto a la caracterización molecular, el análisis del porcentaje de loci polimórficos (%P) entre las poblaciones de la Tabla 3 revela un rango amplio de diversidad genética, desde un 31,18 % (María Parado de Bellido) hasta 86,02 % (Chiara), con una media general de 48,75 % y un error estándar de 8,10 %. Este comportamiento sugiere que algunas poblaciones mantienen una elevada riqueza alélica, mientras que otras podrían estar experimentando pérdida de variabilidad genética, posiblemente debido a factores como deriva genética o aislamiento.

Estos resultados concuerdan con estudios recientes. Por ejemplo, De la Cruz et al. (2025), al evaluar variedades locales de quinua en Ayacucho mediante marcadores microsatélites, reportaron altos niveles de loci polimórficos en accesiones del sur del departamento, superando el 80 %, lo cual coincide con la alta diversidad observada en Chiara. Esta variabilidad puede atribuirse a la continua selección de agricultores y al intercambio de semillas entre comunidades vecinas.

De acuerdo a los resultados presentados en la tabla 4, se tiene un Índice de Shannon promedio de 0,289 y que la población de mayor diversidad es de Chiara, registrando el Índice de Shannon  $0,497 \pm 0,025$  y el de heterocigosidad esperada  $0,342 \pm 0,019$  mientras que la población que presenta menor diversidad es la de María Parado de Bellido con índice de Shannon  $0,189 \pm 0,029$  y de heterocigosidad esperada de  $0,129 \pm 0,020$ . Estos valores se encuentran por debajo de los reportados por García-Godos y Cueva-Castillo al determinar la variabilidad genética de 29 accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. “quinua” del Banco de Germoplasma del INIA – Ayacucho, en el cual reportó que el Índice de Shannon de  $0,463 \pm 0,015$  (García-Godos y Cueva-Castillo, 2021).

En la Figura 3, se presentan los dendrogramas morfológico (A) y molecular (B) los cuales agrupan las accesiones estudiadas en 3 conglomerados, siendo el primer conglomerado el de mayor tamaño, seguido por el segundo que agrupo entre dos y tres accesiones. Estos agrupamientos son indistintos a los lugares e origen de las accesiones, lo que sugiere una cercanía fenotípica posiblemente asociada a un origen común o a condiciones agroecológicas similares de cultivo. Por último, el tercer grupo se conformó únicamente por la accesión QU-023 procedente de Chiara, lo cual sugiere que posee características morfológicas y

moleculares que la diferencian del resto. Los hallazgos obtenidos revelan que no se establece una relación directa entre la procedencia geográfica ni la coloración del grano con los agrupamientos determinados mediante análisis molecular. Esta situación refleja la complejidad inherente a la variabilidad fenotípica de la quinua, influenciada por factores como la plasticidad del fenotipo, procesos de selección artificial realizados por los agricultores y el intercambio genético entre poblaciones.

De acuerdo a la Figura 4, el Test de Mantel evidencia que no existe relación entre la distancia genética y la geográfica; esto sugiere que la diferenciación genética entre las accesiones de *Chenopodium quinoa* Willd. no está explicada por la distancia geográfica, descartando un patrón claro de aislamiento por distancia.

### **Conclusiones**

1. A nivel morfológico, se obtuvo mayor coeficiente de variación en la variable peso (19,48 %) además de que el 68 % de las semillas evaluadas presentaron el pericarpio crema, mientras que el 28 % de las epispermas fueron de color café rojizo, lo que refleja la existencia de diferencias entre las accesiones conservadas en el Centro de Conservación de Plantas Nativas.
2. El análisis molecular, mediante marcadores ISSR, reveló un índice de Shannon de 0,289 y una heterocigosidad promedio de 0,198, evidenciando un nivel moderado de diversidad genética en las accesiones evaluadas.
3. La prueba de Mantel mostró que la variación molecular no guarda una correlación significativa con la distribución geográfica de las accesiones ( $p = 0,42$ ), lo que sugiere que la diferenciación genética no está determinada por la procedencia espacial del material estudiado.

## Referencias bibliográficas

- Alania-Choque, J., Vásquez Espinoza, L. G., Anculle-Arenas, A., Bustamante Muñoz, J. L., Jellen, E. N., Gutiérrez Rosales, R. O., & Mayta-Anco, M. E. (2024). Caracterización y evaluación agronómica de 25 accesiones de *Chenopodium quinoa* en el desierto costero peruano. *Agronomía*, 14(9), 1908. <https://doi.org/10.3390/agronomy14091908>
- Angiosperm Phylogeny Group (2016). An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 181(1), 1–20. <https://doi.org/10.1111/boj.12385>
- Apaza, V., Cáceres, G., Estrada, R. Y Pinedo, R. (2013). Catálogo de variedades comerciales de quinua en el Perú. . *Instituto Nacional de Innovación Agraria*.
- Bazile, D., Jacobsen, S.-E., & Verniau, A. (2016). The global expansion of quinoa: Trends and limits. *Frontiers in Plant Science*, 7, 622. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00622>
- Bhargava, A., Shukla, S., & Ohri, D. (2007). Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Field Crops Research*, 101(1), 104–116. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.10.001>
- Biodiversity International, FAO, PROINPA, INIAF, & FIDA. (2013). Descriptores para quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. *Biodiversity International, Roma, Italia*. Fonte: ISBN: 978-92-9043-927-1
- Böndel, K. B., & Schmid, K. (2021). Quinoa diversity and Its Implications for Breeding. *Agricultural and Food Sciences*.
- Cárdenas Córdova, R. G. (2017). Caracterización molecular de 129 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) de la región Puno mediante marcadores microsatélites. *UNMSM*, 149.
- Chung, M. Y., Merilä, J., Li, J., Mao, K., López-Pujol, J., Tsumura, Y., & Chung, M. G. (2023). Neutral and adaptive genetic diversity in plants: An overview. *Ecology and Evolution*, 11, Article e1116814. <https://doi.org/10.3389/fevo.2023.1116814>
- Cocarico, S., Rivera, D., Beck, S., & Obón, C. (2024). Qarasiña culinary tradition: Conserving quinoa (*Chenopodium quinoa*) as an intangible cultural heritage in Jach'a Puni (Andean community), Bolivia. *Heritage*, 7(10), 5390–5412. <https://doi.org/10.3390/heritage7100254>
- Cronquist, A. (1981). *An integrated system of classification of flowering plants*. Columbia University Press.
- De la Cruz, G., Saldaña, C., Menéndez, F., Neyra, E., & Arbizu, C. (2025). Marcadores microsatélites determinan la estructura genética y diversidad de variedades locales de quinua de Ayacucho, Perú. *Agronomía*, 15(3), 611. <https://doi.org/10.3390/agronomy15030611>
- Del Castillo Gutiérrez, C., & Winkel, T. (2014). Variación fenotípica intra- e interpoblaciones en siete poblaciones de quinua del altiplano boliviano. *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, 58-64.
- Delgado, H., Tapia, C., Manjarres-Hernández, E. H., Borja, E., Naranjo, E., & Martín, J. P. (2024). Phenotypic diversity of quinoa landraces cultivated in the Ecuadorian Andean region: *In situ* conservation and detection of promising accessions for

- breeding programs. *Agriculture*, 14(3), 336.  
<https://doi.org/10.3390/agriculture14030336>
- Donaire Tataje, G. V. (2018). *Caracterización molecular de 75 accesiones de quinua (Chenopodium quinoa Willd.) del departamento de Puno mediante marcadores microsatélites* [Tesis de licenciatura, Universidad Nacional Agraria La Molina].
- Fuentes, F., & Paredes, X. (2013). Perspectivas nutraceuticas de la Quínoa: Propiedades biológicas y aplicaciones funcionales. *Estado del arte de la quinua en el mundo en 2013*, 341-357.
- García-Godos, P., & Cueva-Castillo, J. M. (2021). Variabilidad genética de 29 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) peruana mediante marcadores AFLP y análisis multivariante. *Scientia Agropecuaria*, 12(1), 57-64.
- Gibbin, E. M., Massamba N'Siala, G., Chakravarti, L. J., Jarrold, M. D., & Calosi, P. (2017). The evolution of phenotypic plasticity under global change. *Scientific Reports*, 7, 17253. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17554-0>
- 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., & et al. (2017). The genome of *Chenopodium quinoa*. *Nature*, 542, 307–312.  
<https://doi.org/10.1038/nature21370>
- Laura Sucasaca, R. (2022). Caracterización agronómica y morfológica de las accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) obtenidas ancestralmente vía descriptor Bioversity International. Puno, Perú.
- Leiva Piedra, J. L., Sialer Guerrero, C. A., & Horna Inga, D. H. (2015). Evaluación del cultivo de *Chenopodium quinoa* "Quinoa" bajo condiciones edafoclimáticas del distrito de Puerto Etén - Lambayeque. *Rev. Ingeniería: Ciencia, Tecnología e Innovación*, ISSN: 2313-1926.
- Lugones, L., Robles, M. del R., Cochero, J., & García de Souza, J. R. (2024). Taxonomía numérica en el estudio de las especies. En F. Brusa, S. I. Montemayor Borsinger & M. G. del Río (Coords.), *Introducción a la taxonomía: fundamentos teóricos y ejercitaciones* (pp. 74–119). EDULP.  
<http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/177194>
- Manjarres-Hernández, E. H., & De la Cruz, R. (2025). Phenotyping of Colombian quinoa cultivars by seed morphobiometry. *Euphytica*, 221, 33.  
<https://doi.org/10.1007/s10681-025-03475-x>
- Manjarres-Hernández, E. H., Arias-Moreno, D. M., Morillo-Coronado, A. C., Ojeda-Pérez, Z. Z., & Cárdenas-Chaparro, A. (2021). Caracterización fenotípica de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) para la selección de materiales promisorios para programas de mejoramiento genético. *Plants*, 10(7), 1339.  
<https://doi.org/10.3390/plants10071339>
- Manjarres-Hernández, E. H., & Morillo-Coronado, A. C. (2022). Diversidad genética de la quinua colombiana (*Chenopodium quinoa*): implicaciones para programas de mejoramiento genético. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 69, 2447-2458.
- Menéndez Burns, F. M. (2016). *Estudio poblacional y diversidad genética de los cultivos primarios de Chenopodium quinoa en Ayacucho, Perú*. Universidad Peruana Cayetano Heredia. <https://hdl.handle.net/20.500.12866/739>
- Morillo-Coronado, A. C., Manjarres-Hernández, E. H., & Pedreros-Benavides, M. C. (2023). Genetic diversity of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) from Cundinamarca, Colombia. *Plant Genetic Resources*, (20), 223-229.  
<https://doi.org/10.1017/S1479262123000060>

- Morillo-Coronado, A.-C., Majarres, E. H., & Morillo Coronado, Y. (2017). Molecular characterization of *Chenopodium quinoa* Willd. using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 16(10), 483-489.
- Morillo-Coronado, A., Castro-Roberto, M. A., & Morillo-Coronado, Y. (2017). Caracterización de la diversidad genética de una colección de Quinoa. *Bioteconología en el sector agropecuario y Agroindustrial*, 15(2), 49-56. Fonte: ISSN - 1692-3561
- Mujica, Á., & Jacobsen, S.-E. (2006). La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) y sus parientes silvestres. (M. Moraes R., B. Olgaard, L. P. Kvist, F. Borchsenius, & H. Balslev, Eds.) *Botánica económica de los Andes Centrales*, 449-457.
- Pradeep Reddy, M. P., Sarla, N., & Siddiq, E. A. (2002). Inter-simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 128(1), 9–17. <https://doi.org/10.1023/A:1020691618797>
- Rojas, W., Mena, A., & Pinto Porcel, M. (2016). La diversidad genética de quinua: potenciales usos en el mejoramiento y agroindustria. *Agricultural and Food Sciences*.
- Salgotra, R. K., & Chauhan, B. S. (2023). Genetic diversity, conservation, and utilization of plant genetic resources. *Genes*, 14(1), 174. <https://doi.org/10.3390/genes14010174>
- Tamay de Dios, L., Ibarra, C., & Velasquillo, C. (2013). Fundamentos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. *Tecnología en Salud*, 2(2), 70–78.
- Tamayo Contreras, H. L. (2010). Caracterización molecular inter e intra genotípica de 16 accesiones de *Chenopodium quinoa* (quinua) mediante la técnica de ISSR. *Universidad Nacional Agraria La Molina*. <https://hdl.handle.net/20.500.12996/1722>
- Tapia, M., Ignacio, S., Canahua, A., Quispe, M., Gavidia, J., & Mesco, J. (2013). *Razas de quinua en el Perú*. ANPE–CONCYTEC.
- Tenorio Bautista, S. M., & Romero Viacava, M. (2020). Fenología de tres accesiones de "Quinoa silvestre" *Chenopodium* sp. Ayacucho - 2019. *Revista de investigación UNSCH*.
- Torres, M. I. J., Vargas, C. I. H., Corredor, S. G., & Reyes, C. L. M. (2000). Caracterización morfoagronómica de diecinueve cultivares de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en la Sabana de Bogotá. *Agronomía Colombiana*, 17(1), 60–68.



ESCUELA DE

**POSGRADO**UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN CRISTÓBAL  
DE HUAMANGA**CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD N°0008-2026-UNSCH-EPG/KBA**

El que suscribe; responsable verificador de originalidad de trabajo de tesis de Posgrado en segunda instancia para la **Escuela de Posgrado – UNSCH**; en cumplimiento a la Resolución Directoral N°002-2026-UNSCH-EPG/D, Reglamento de Originalidad de trabajos de Investigación de la UNSCH, otorga lo siguiente:

**CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD**

<b>AUTOR</b>	Bach. ROSANA LUZIA VENTURA CAVERO
<b>DENOMINACIÓN DEL PROGRAMA DE ESTUDIOS</b>	MAESTRÍA EN CIENCIAS
<b>GRADO ACADÉMICO QUE OTORGA</b>	MAESTRO
<b>DENOMINACIÓN DEL GRADO ACADÉMICO</b>	MAESTRO(A) EN CIENCIAS, MENCIÓN GESTIÓN AMBIENTAL Y BIODIVERSIDAD
<b>TÍTULO DE TESIS</b>	Diversidad genética de <i>Chenopodium quinoa</i> Willd. "quinua" en la región Ayacucho 2024
<b>EVALUACIÓN DE ORIGINALIDAD</b>	9% de similitud
<b>N° DE TRABAJO</b>	2892876094
<b>FECHA</b>	03 de marzo de 2026

Por tanto, según los artículos 12, 13 y 17 del Reglamento de Originalidad de Trabajos de Investigación, es procedente otorgar la constancia de originalidad con depósito.

Se expide la presente constancia a solicitud de la interesada para los fines que crea conveniente.

03 de marzo de 2026.

  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN CRISTÓBAL DE HUAMANGA  
ESCUELA DE POSGRADO  
M. Sc. Levis BERROCAL ARGUMEDO  
Sub-Director de Investigación

CC.  
Archivo  
KBA/rjcg

# Diversidad genética de Chenopodium quinoa Willd. “quinua” en la región Ayacucho 2024

*por* Rosana Luzia VENTURA CAVERO

---

**Fecha de entrega:** 03-mar-2026 11:03p. m. (UTC-0500)

**Identificador de la entrega:** 2892876094

**Nombre del archivo:** tesis\_maestria\_Rosana\_Luzia\_VENTURA\_CAVERO.docx (3.48M)

**Total de palabras:** 23017

**Total de caracteres:** 120939

# Diversidad genética de *Chenopodium quinoa* Willd. "quinua" en la región Ayacucho 2024

## INFORME DE ORIGINALIDAD

9%

INDICE DE SIMILITUD

9%

FUENTES DE INTERNET

6%

PUBLICACIONES

3%

TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

## FUENTES PRIMARIAS

1	<a href="https://repositorio.unsaac.edu.pe">repositorio.unsaac.edu.pe</a> Fuente de Internet	3%
2	<a href="https://hdl.handle.net">hdl.handle.net</a> Fuente de Internet	1%
3	<a href="https://cybertesis.unmsm.edu.pe">cybertesis.unmsm.edu.pe</a> Fuente de Internet	1%
4	<a href="https://purl.org">purl.org</a> Fuente de Internet	1%
5	Submitted to Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga Trabajo del estudiante	<1%
6	<a href="http://www.revistas.unitru.edu.pe">www.revistas.unitru.edu.pe</a> Fuente de Internet	<1%
7	<a href="https://repositorio.inia.gob.pe">repositorio.inia.gob.pe</a> Fuente de Internet	<1%
8	<a href="https://repositorio.lamolina.edu.pe">repositorio.lamolina.edu.pe</a> Fuente de Internet	<1%
9	<a href="https://worldwidescience.org">worldwidescience.org</a> Fuente de Internet	<1%
10	<a href="https://repositorio.unsch.edu.pe">repositorio.unsch.edu.pe</a> Fuente de Internet	<1%
11	<a href="https://idoc.pub">idoc.pub</a> Fuente de Internet	<1%

12 Submitted to Universidad Tecnica De Ambato-  
Direccion de Investigacion y Desarrollo , DIDE <1 %  
Trabajo del estudiante

---

13 [repositorio.untrm.edu.pe](http://repositorio.untrm.edu.pe) <1 %  
Fuente de Internet

---

14 Emily L. Rice. "PHYSICAL PROPERTIES OF  
YOUNG BROWN DWARFS AND VERY LOW  
MASS STARS INFERRED FROM HIGH-  
RESOLUTION MODEL SPECTRA", The  
Astrophysical Journal Supplement Series,  
01/01/2010 <1 %  
Publicación

---

15 [repository.unad.edu.co](http://repository.unad.edu.co) <1 %  
Fuente de Internet

---

16 [www.polibotanica.mx](http://www.polibotanica.mx) <1 %  
Fuente de Internet

---

17 Jose A. Ruiz-Chutan, Julio E. Berdúo-Sandoval,  
Sergio Melgar, Marie Kalousová et al.  
"Identificación molecular y diversidad  
genética de las especies de nematodos  
Globodera rostochiensis y G. pallida en  
regiones productoras de papa de  
Guatemala", Ciencia, Tecnología y Salud, 2022 <1 %  
Publicación

---

18 Basilio Carrasco, Maurice Garnier, Lafayette  
Eaton, Rafael Guevara, Margarita Carú. <1 %  
"Proximal causes of genetic variation between  
and within populations of rauli (Nothofagus  
nervosa)", Ciencia e investigación agraria,  
2009  
Publicación

---

---

Excluir citas      Activo

Excluir coincidencias      < 30 words

Excluir bibliografía      Activo

**ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OPTAR  
EL GRADO ACADÉMICO DE MAESTRO(A) EN CIENCIAS, MENCIÓN GESTIÓN AMBIENTAL Y  
BIODIVERSIDAD  
RESOLUCIÓN DIRECTORAL N°001115-2025-UNSCH-EPG/D.**

Siendo las 08:00 a.m. del 23 de diciembre de 2025 se reunieron en el auditorium de la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, el Jurado Examinador y Calificador de Tesis, presidido por el **Dr. OSCAR GUTIERREZ HUAMANI** Director (e) de la Escuela de Posgrado, el **Dr. WALTER WILFREDO OCHOA YUPANQUI** Director de la Unidad de Posgrado de la Facultad Ciencias Biológicas, e integrado por los siguientes miembros: **Mg. PAULA GARCIA GODOS ALCAZAR** y el **Mtro. PERCY COLOS GALINDO**; para la sustentación oral y pública de la tesis titulada: **DIVERSIDAD GENÉTICA DE CHENOPODIUM QUINOA WILLD. "QUINUA" EN LA REGIÓN AYACUCHO 2024**, presentado por la **Bach. ROSANA LUZIA VENTURA CAVERO**. Teniendo como asesor al **Dr. JESUS DE LA CRUZ ARANGO** y coasesor al **Mg. REYNAN CONDOR ALARCON**.

Acto seguido se procedió a la exposición de la tesis, con el fin de optar el Grado Académico de **MAESTRO(A) EN CIENCIAS, MENCIÓN GESTIÓN AMBIENTAL Y BIODIVERSIDAD**. Formuladas las preguntas, éstas fueron absueltas por la graduanda.

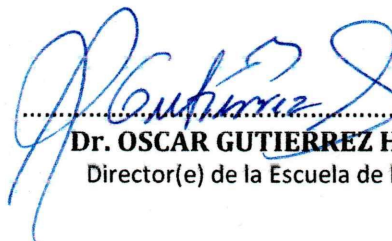
A continuación, el Jurado Examinador y Calificador de Tesis procedió a la votación, la que dio como resultado el siguiente calificativo: DIECIOCHO ( 18 ).

CALIFICACION (x)	
Aprobado(a) por Unanimidad.	X
Aprobado(a) por Mayoría.	—
Desaprobado(a) por Unanimidad.	—
Desaprobado(a) por Mayoría.	—

(x) Marcar con aspa.

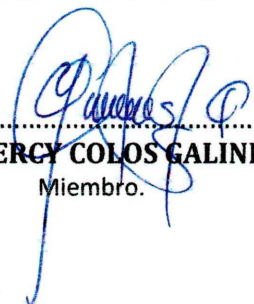
Luego, el presidente del Jurado recomienda que la Escuela de Posgrado proponga que se le otorgue a la **Bach. ROSANA LUZIA VENTURA CAVERO**, el Grado Académico de **MAESTRO(A) EN CIENCIAS, MENCIÓN GESTIÓN AMBIENTAL Y BIODIVERSIDAD**. Siendo las 9:50 hrs. se levanta la sesión.

Se extiende el acta en la ciudad de Ayacucho, a las 9:50 hrs. del 23 de diciembre de 2025.

  
.....  
**Dr. OSCAR GUTIERREZ HUAMANI**  
Director(e) de la Escuela de Posgrado.

  
.....  
**Dr. WALTER WILFREDO OCHOA YUPANQUI**  
Director de la UPG-FCB

  
.....  
**Mg. PAULA GARCIA GODOS ALCAZAR**  
Miembro.

  
.....  
**Mtro. PERCY COLOS GALINDO**  
Miembro.

  
.....  
**Dr. JOSÉ ALARCON GUERRERO**  
Secretario Docente.

**Observaciones:**

.....