

VI CONGRESO MUNDIAL
Quinua
III SIMPOSIO INTERNACIONAL DE GRANOS ANDINOS
Perú 2017

Resúmenes de exposiciones del

VI Congreso Mundial de la Quinua y
III Simposio Internacional de
Granos Andinos, Perú 2017



**VI CONGRESO MUNDIAL DE LA QUINUA Y
III SIMPOSIO INTERNACIONAL DE GRANOS
ANDINOS, PERÚ 2017**

RESUMENES

**EDITADO POR:
MINAGRI (INIA, DGA), FAO, UNALM.**

Presidente de la Republica:

PEDRO PABLO KUCZYNSKI GODARD

Ministro de Agricultura:

JOSE MANUEL HERNANDEZ CALDERON

Vice Ministro de Políticas Agrarias:

Benjamin Quijandria Salmón

Vice Ministra de Desarrollo e Infraestructura Agraria y Riego

Eufrosina Santamaría Rubio

Director General Agrario:

Angel Manero Campos

Director Agrario:

Edson Seopa Ruiz

Equipo técnico responsable de la publicación

MINAGRI:

José Luis Rabines Alarcón.

Berta Llano Osorio

Jimmy Cárdenas Bellido.

Héctor Cahuas Miller

FAO

Loretta Favarato

Fiorella Puga Izquierdo

UNALM

Luz Gomez Pando

Martha Ibañez Tremolada

Primera edición

Diseño, diagramación e impresión

MINAGRI, FAO, UNALM

Imprenta

O & M PRODUCTOS GENERALES S.R.L.

Jirón Lanceros De La Unión 242

omproductosgenerales@hotmail.com

Lima - Perú

Tiraje: 1500 ejemplares

El contenido y redacción de los resúmenes es exclusiva responsabilidad de los autores.



PERÚ

Ministerio
de Agricultura y Riego



Organización de las Naciones Unidas
para la alimentación y la Agricultura



Universidad Nacional Agraria

LA MOLINA

CARACTERIZACIÓN MORFO - FENOLÓGICA DE CINCO VARIEDADES MEJORADAS DE QUINUA (*CHENOPodium QUINOA* WILLD.)

QUISPE A. I.¹ APAZA M. V.¹

¹Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), EEA. ILLPA Puno, Perú

E-mail: i_van21_12@hotmail.com

PALABRAS CLAVE: Morfológica, fenológica, quinoa, cultivo, variedades.

El INIA mediante el Programa de Investigación Agraria Quinoa y Granos Andinos, de la E.E.A. Illpa, para aumentar la producción y la productividad de quinoa, mediante desarrollo de tecnologías de manejo, desarrollo de variedades con buen potencial de rendimiento, resistencia a factores adversos y grano de calidad comercial, ha logrado poner a disposición de los agricultores productores de quinoa las variedades: Illpa INIA, Salcedo INIA, INIA 415 - Pasankalla, INIA 420 - Negra Collana e INIA 431 - Altiplano. La información generada en el presente trabajo recoge los resultados de una investigación que tuvo en cuenta las nuevas tendencias de comercialización y producción agrícola que se rigen bajo los términos de productividad, calidad y competitividad; y conocer la existencia de variedades comerciales de quinoa que ofrecen al agricultor características ideales de cultivo (adaptación al medio y buen rendimiento); la selectividad genética producto de la participación de factores ambientales y la intervención del hombre, que de alguna manera ha orientado su evolución hacia las variables más convenientes para su utilización agrícola. Teniendo en cuenta los antecedentes descritos, se realizó el presente trabajo con el objeto de caracterizar fenotípicamente cinco variedades mejoradas de quinoa "*Chenopodium quinoa willd.*" mediante técnicas agroecológicas de producción, en la zona circunlacustre de Puno, en la localidad de Salcedo, Distrito, Provincia y Región de Puno, en donde se evaluó y comparó su comportamiento, desarrollo y rendimiento. Para instalar el presente trabajo se procedió a preparar la semilla genética, del almacén de semilla ubicada en el anexo Salcedo. La siembra de las cinco variedades se realizó el día 22 de octubre del 2015. La cosecha se realizó cuando las plantas alcanzaron la madurez fisiológica adecuada para la cosecha que fue entre el 18 al 22 de abril del 2016.

EVALUANDO EL USO POTENCIAL DEL GEN YCF1 COMO CÓDIGO DE BARRAS EN AMARANTHUS SPP.

CHÁVEZ-GALARZA J1, HENRIQUES D2,3, PINTO MA2, ZORRILLA C1

¹Instituto Nacional de Innovación Agraria - INIA, Av. La Molina 1981, La Molina, Lima, Perú

²Centro de Investigação de Montanha - CIMO, Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, 5300-253 Bragança, Portugal

³Centro de Biologia Molecular e Ambiental - CBMA, Universidade do Minho, Campus de Gualtar, 4710-057 Braga, Portugal

E-mail: sdrq@inia.gob.pe

PALABRAS CLAVE: Sitios polimórficos, gen *ycf1*, código de barras de ADN / PRESENTACIÓN ORAL

Durante la última década, varias regiones del genoma de cloroplasto tales como *atpF-H*, *matK*, *psbK-I*, *rbcL*, *ropC1*, *rpoB*, *trnH-psbA* y *trnL-F* que son frecuentemente usados en sistemática molecular de plantas han sido extensamente evaluados, y los genes *rbcL* y *matK* fueron seleccionados como códigos de barra de ADN para plantas por el Grupo de trabajo de plantas del Consorcio del Código de Barras de la Vida (CBOL). Desafortunadamente, estos dos genes no han podido completamente resolver la identificación de las especies en determinados grupos taxonómicos de plantas. Recientemente, el gen del cloroplasto *ycf1* presenta dos regiones muy variables en plantas con flores, habiendo sido propuesto como un gen promisorio para ser usado como código de barras genético. En el Perú, 12 especies de *Amaranthus* ("kiwicha") han sido reportadas, las cuales podrían producir híbridos interespecíficos haciendo la identificación inequívoca difícil en trabajos de colección, conservación y manejo de germoplasma, siendo el método de código de barras de ADN una solución ante esta dificultad. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es predecir y analizar las secuencias del gen *ycf1* dentro de los genomas de cloroplastos disponibles en especies de *Amaranthus* para ser usado como código de barras de ADN. Para lograr este fin, las secuencias del gen *ycf1* fueran predichas usando como referencia el gen *ycf1* de *Nicotina tabacum* en los genomas del cloroplasto disponibles para *Amaranthus caudatus*, *A. hypochondriacus* y *A. cruentus*. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con secuencias de especies depositadas en el GENBANK para 10 familias de plantas. Las secuencias de los genes *matK* y *rbcL*, disponibles y recomendados por el CBOL, también fueron incluidos en este estudio. Topologías basadas en *neighbor-joining* (NJ) fueron llevadas a cabo para la representación gráfica de los patrones de divergencia de las secuencias de los genes entre especies. El modelo genético de distancia Kimura – dos parámetros fue usado para estimar la divergencia nucleotídica. Todas las topologías NJ fueran soportadas con 1000 *bootstraps*. Los resultados indican que cuatro sitios polimórficos de la región considerada como códigos de barra del gen *ycf1* permiten distinguir las especies dentro del género *Amaranthus* usados en este estudio, y como previos estudios esta región genómica tiene mayor nivel de discriminación que otros genes comúnmente utilizados y recomendados por el CBOL.



Los granos andinos (Quinoa, tarwi o chocho, cañihua y kiwicha o amaranto), representan para el gobierno peruano una valiosa alternativa para mejorar las condiciones de vida de las familias rurales, así como la seguridad alimentaria y nutricional de nuestra población y un importante aporte del Perú al mundo”

VI CONGRESO MUNDIAL
Quinoa
III SIMPOSIO INTERNACIONAL DE GRANOS ANDINOS
Perú 2017