

# RESPUESTA A LA SELECCIÓN DE SEIS ACCESIONES MEJORADAS DE QUINUA (*Chenopodium quinoa* Willd.): CIP CAMACANI

## RESPONSE TO SELECTION OF SIX IMPROVED ACCESSIONS OF QUINOA (*Chenopodium quinoa* Willd.): CIP CAMACANI

R. Velásquez-Huallpa<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional del Altiplano, Puno, Perú.

---

### RESUMEN

En la presente investigación, se evaluó la respuesta a la selección directa bajo condiciones de campo de seis accesiones mejoradas de quinua, sobre la producción de grano. El desarrollo final del estudio fue conducido en dos campañas agrícolas (2009-10 y 2011-12), utilizando el diseño de bloque completamente al azar con 12 tratamientos (6 accesiones con y sin selección) y 4 repeticiones, sembrados en 4 surcos por parcela distanciados a 30 cm. La toma de datos en ambos experimentos anuales, se realizó mediante el muestreo simple al azar sobre las plantas en competencia abierta completa. La estimación de parámetros genéticos se realizó a base de valores esperados, de los cuadrados medios y con la técnica propuesta por Falconer (1983). Los resultados muestran diferencias significativas entre efectos genotípicos ( $P < 0.01$ ), y para las interacciones genotipo-selección. El promedio de producción de grano en la población selecta (16.16 y 13.7 g/panoja respectivamente por cada campaña) fue estadísticamente superior ( $P < 0.01$ ) a la población base (14.7 y 9.89 g/panoja respectivamente). El promedio de avance genético logrado en la quinta generación (1.31 g/panoja), fue mayor que en la séptima generación (0.55 g/panoja), debido a la homogenización gradual de genes para producción de grano.

**Palabras clave:** Quinua, accesión, genotipo, producción, quinua, respuesta, selección.

### ABSTRACT

The present study, evaluated the response to the direct selection of six improved accessions of quinoa on grain production. The final stage of the study included two agricultural campaigns (2009-10 and 2011-12) using the randomized block design with 12 treatments (6 accessions with and without selection) and 4 repetitions, sown in 4 furrows per plot distanced at 30 cm. The data collection in both yearly experiments, was by simple random sampling of plants exposed to fully competitive situations. The estimation of genetic parameters was carried out based on expected values, of mean squares and the technique proposed by Falconer (1983). The results show significant differences between genotypic effects ( $P < 0.01$ ), and for the interactions genotype-selection. The average production of grain in the selected population (16.16 and 13.7 g/panicle respectively by each campaign) was statistically higher ( $P < 0.01$ ) to the base population (14.7 and 9.89 g/panicle respectively). The average genetic progress in the fifth generation (1.31 g/panicle), was higher than in the seventh generation (0.55 g/panicle), due to the gradual homogenization of genes for grain yield.

**Key words:** Quinoa, accession, genotype, production, response, selection.

---

1 Dr. Rafael Velásquez Huallpa, Docente Principal a D.E. del Departamento de Agronomía y Zootecnia, Facultad de Ciencias Agrarias, Escuela Profesional de Ingeniería Agronómica, Universidad Nacional del Altiplano, Av. Sesquicentenario N° 1150, Tel. (051) 599430, Puno-Perú. E-mail: vrafael1987@hotmail.com

## 1. INTRODUCCIÓN

Muchos trabajos de investigación conducidos para mejorar la producción y productividad de grano en el cultivo de quinua han enfocado sobre el manejo agronómico, para crear condiciones favorables como: el deshierbo, abonamiento, riego, etc.; no obstante esta importancia, los avances genéticos logrados en este cultivo, son relativamente reducidos.

Dentro de un programa de mejoramiento genético de plantas mediante la técnica de selección, es necesario el conocimiento adecuado sobre el avance genético del material objeto de selección en cada generación, de tal manera que los indicadores utilizados permitan evaluar la permanencia de los caracteres y el logro final de una variedad mejorada.

La expresión de los caracteres de una planta, que son posibles de visualizar o medir (peso, color, rendimiento, precocidad, resistencia), son el fenotipo, la expresión atribuible al resultado de las influencias interactivas del genotipo (total de los genes) y del ambiente (Bhargava *et al.* 2007). Los valores fenotípicos de la mayor parte de los caracteres de importancia económica (rendimiento de grano), muestran una distribución normal, por estar gobernados por poligenes, cuyos efectos pueden solamente ser estimados estadísticamente (Stanfield, 1973; Falconer, 1983).

Es obvio que la selección de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) está íntimamente asociada a la domesticación, la amplia adaptación y la tremenda variación genética de los cultivares. En el pasado, el sistema de selección directa, como método de mejoramiento en quinua, nunca llegó a tener la popularidad alcanzada por el método por hibridación. Los métodos de selección aparentemente mostraron su ineficacia para modificar favorablemente el rendimiento promedio de los ecotipos de quinua. Según Gandarillas (1979), se tiene suficiente evidencia indirecta en favor de tal método de selección, como el responsable de haber contribuido a aumentar la productividad promedio de las variedades de quinua.

Por otra parte Allard (1978), y más tarde Rea y De Sausa (2003), demostraron la importancia de estimar los parámetros genéticos de la población, ya que de sus valores básicamente dependen de los métodos de selección a usar en el mejoramiento de la población. Según Falconer (1983), los parámetros genéticos más utilizados para el mejorador de plantas son las varianzas genéticas aditivas y de dominancia, el grado promedio de dominancia, la interacción genotipo por ambiente y las correlaciones genéticas entre caracteres cuantitativos, a los que se agrega la heredabilidad de los caracteres de interés. La varianza genética ha sido descompuesta en sus componentes aditivos, de dominancia y epistática (Cubero, 2003).

El objetivo del presente trabajo de investigación fue estimar avance genético por generación de selección sobre la producción de grano.

## 2. MATERIALES Y MÉTODOS

El presente trabajo de investigación se desarrolló en la Estación Experimental del CIP Camacani de la U.N.A.-Puno, ubicados: a) Políticamente en: La región Puno, Provincia de Puno, Distrito Platería, a 20 Km al sur de la ciudad de Puno, b) Geográficamente a: 72°28'30" de Longitud Oeste, 15°14'36" de Latitud Sur y a una altura de 3850 m.s.n.m.

El material genético para el presente trabajo de investigación se obtuvo del Banco de Germoplasma de Recursos Fitogenéticos de la U.N.A., con sede en el CIP Camacani – Puno, en la campaña agrícola de 2005-2006, eligiendo **10 accesiones de quinua** (*Chenopodium quinoa* Willd.), en proporción de una panoja por cada accesión.

En las campañas siguientes, se sembró el material en surco-panoja, y para la cosecha se seleccionaron cinco panojas por accesión; el proceso de selección continuó en las siguientes campañas agrícolas, empleando la técnica de mejoramiento por selección individual de Líneas Puras.

**Tabla 1.** Accesiones seleccionadas y procedencia de la quinua bajo estudio.

N <sup>o</sup>	Identificador de Accesiones	PROCEDENCIA					
		Provincia	Distrito	Localidad	Alt.	Lat.	Lon.
1	PEChQ07023	Canas	Langui	Langui	3800	14°25'47"	71°16'18"
2	PEChQ05091	Huamanga	Tambillo	Tambillo	3300	13°11'28"	74°06'30"
3	PEChQ07119	Canchis	Checacespe	Alcobamba	3900	-	-
4	PEChQ07072	Acomayo	Acomayo	Yanampampa	-	-	-
5	PEChQ07130	Canchis	Checacope	Alcobamba	3900	-	-
6	PEChQ07168	Canchis	Maranganí	Quirapampa	-	-	-

Fuente: Banco de Recursos Genéticos de la UNA-Puno.

**Tabla 2.** Parámetros genéticos por generación de selección.

Fuentes de variación	Parámetros (g/panoja)
Media de la población base	$\mu_0$
Media de progenitores selectos	$\mu_5$
Media de población seleccionada	$\mu_1$
Diferencial de selección	$S = \mu_5 - \mu_0$
Respuesta a la selección	$R = \mu_1 - \mu_0$
Heredabilidad	$h^2 = R/S$
Desviación típica de la población base	$\sigma_0$
Respuesta a la selección estandarizada	$R/\sigma_0$
Intensidad de selección "i" para $R/\sigma_0$	Se busca en la tabla Falconer
Avance genético absoluto hasta la "n" generación	$\Delta R = ih^2\sigma_0$
Avance genético relativo	$\% \Delta R = ihcv$ donde $cv = \sigma_0/\mu_0$

Fuente: Falconer (1983).

En la generación  $S_4$  (cosecha de la campaña agrícola 2009), se seleccionaron seis accesiones morfológicamente homogéneas, cuya procedencia se describe en la Tabla 1.

El material utilizado es considerado apropiado para los objetivos del presente trabajo de investigación, puesto que en el estudio de respuesta para la selección de seis accesiones, se consideraron materiales genéticos sin seleccionar ( $S_0$ ) y con selección ( $S_i$ , donde  $i=6$  y  $7$ ) por cada accesión.

Las condiciones climáticas durante el experimento se consideraron dentro de los rangos normales para la región altiplánica.

El diseño experimental empleado fue el de bloque al azar con 12 tratamientos y 4 bloques por tratamiento, arreglados en el diseño de tratamiento factorial  $6 \times 2$ ; para efecto del análisis se consideró únicamente los datos generados por las plantas competitivas del surco central. (30 cm de ancho) de la parcela de (3x4).

El registro de datos en los dos experimentos conducidos en la campaña agrícola del 2009-2010 y 2011-2012, se realizó mediante el muestreo simple al azar, sobre plantas competitivas del surco central, al momento de su madurez fisiológica. El procedimiento seguido fue: a) cosechar granos por planta individual (4 plantas/parcela), registrando separadamente los pesos, tanto para la población base sin selección ( $S_0$ ), como para la población selecta ( $S_i$ ); b) obtener el promedio de producción por parcela y por accesión.

El análisis de varianza corresponde al diseño utilizado. Para descomponer parámetros genéticos se utilizó el modelo propuesto por Falconer (1983), que considera los parámetros genéticos, para determinar los avances genéticos por generación de selección incluidos en la Tabla 2.

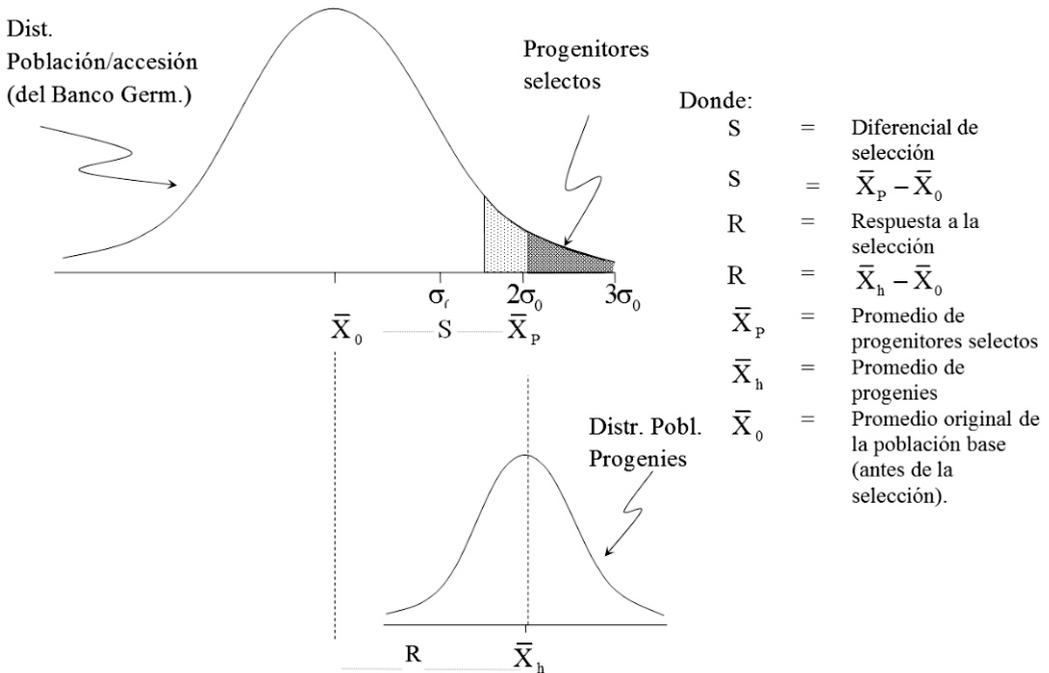
Para procesar los datos por cada accesión en términos de diferencial de selección (S) y respuesta a la selección (R), se procedió como sigue:

- i. Una vez tomados los datos de producción de grano por panocha y por parcela en la población base ( $S_0$ ), se seleccionan 2 datos con mayor valor (con más producción) y se obtiene el promedio para cada parcela, luego se obtiene promedio de las 4 parcelas ( $\hat{Y}_P$ )
- ii. De los valores (promedios) de la población  $S_0$  y  $S_i$ , se obtienen los promedios respectivos ( $\hat{Y}_o$  e  $\hat{Y}_h$ )
- iii. Se obtiene el valor de la diferencial de selección (S) y respuesta a la selección (R), para estimar la heredabilidad ( $h^2$ ) en sentido estricto, conforme a la Figura 1 y Tabla 3.

Avance genético absoluto hasta la “n” generación es  $\Delta R = ih^2 \sigma_0$ , donde: i= intensidad de selección.

$h^2$  = Heredabilidad

$\sigma_0$  = Desviación estándar de la población base.



- Donde:
- S = Diferencial de selección
  - S =  $\bar{X}_p - \bar{X}_0$
  - R = Respuesta a la selección
  - R =  $\bar{X}_h - \bar{X}_0$
  - $\bar{X}_p$  = Promedio de progenitores selectos
  - $\bar{X}_h$  = Promedio de progenies
  - $\bar{X}_0$  = Promedio original de la población base (antes de la selección).

Figura 1. Distribución de poblaciones genotípica de quinua.

n	Población base ( $S_0$ )	Población $S_i$ Gener. de selección	Promedio de Progenitores selectos
1	$\bar{Y}_{01}$	$\bar{Y}_{h1}$	$\bar{Y}_{p1}$
2	$\bar{Y}_{02}$	$\bar{Y}_{h2}$	$\bar{Y}_{p2}$
⋮	⋮	⋮	⋮
4	$\bar{Y}_{0.}$	$\bar{Y}_{h4}$	$\bar{Y}_{p4}$
Prom.	$\bar{Y}_{0.}$	$\bar{Y}_{h.}$	$\bar{Y}_{p.}$

Siendo:

$$\hat{Y}_{0.} = \frac{\sum_{i=1}^{16} \hat{Y}_{0i}}{4}; \quad \hat{Y}_{5.} = \frac{\sum_{i=1}^{16} \hat{Y}_{5i}}{4}$$

$$\hat{Y}_{p.} = \frac{\sum_{i=1}^5 \hat{Y}_{0i}}{4}$$

$$S = \hat{Y}_{p.} - \hat{Y}_{0.}; \quad R = \hat{Y}_{5.} - \hat{Y}_{0.}$$

$h^2 = R/S$

Donde:

$$\bar{Y}_0 \sim \mu_0; \bar{Y}_h \cong \mu_1; \bar{Y}_p \cong \mu_5$$

**Tabla 4.** Cuadrados medios de ANVA para Producción de Grano de Quinua (g/pj), según Campaña Agrícola en el CIP – Camacani de la U.N.A. – Puno

Fuentes de Variabilidad		GL	2009-2010 CM	2010-2012 CM
Repeticiones	(R)	3	4.3863 <sup>ns</sup>	67.70379 <sup>**</sup>
Entre Genotipos	(G)	5	47.9564 <sup>**</sup>	17.38675 <sup>**</sup>
Entre Selección	(S)	1	25.1807 <sup>**</sup>	175.1088 <sup>**</sup>
Interacción	(GS)	5	0.6214 <sup>ns</sup>	17.2538 <sup>**</sup>
Error Exper.	(E)	33	3.2634	2.700

ns = no significancia a nivel 0.05; \*\* = significancia a nivel 0.01

(g/pj)=gramos por panoja

$$CV_A = 11.70\%$$

$$\bar{x}_0 = 14.71 \text{ g/pj}$$

$$\bar{x}_1 = 16.16 \text{ g/pj}$$

$$\sigma_f^2 = 9.84 \text{ g/pj}$$

$$\sigma_g^2 = 5.92 \text{ g/pj}$$

$$CV_A = 13.93\%$$

$$\bar{x}_0 = 9.89 \text{ g/pj}$$

$$\bar{x}_1 = 13.71 \text{ g/pj}$$

$$\sigma_f^2 = 6.35 \text{ g/pj}$$

$$\sigma_g^2 = 0.018 \text{ g/pj}$$

### 3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los datos obtenidos fueron analizados de acuerdo al modelo matemático planteado, mostrándose los cuadrados medios correspondientes al análisis de varianza (ANVA) en la Tabla 4.

Los coeficientes de variabilidad calculados fueron 11.70 y 13.93 % respectivamente para los resultados obtenidos en las dos campañas agrícolas indicadas, siendo aceptable comparados con coeficientes convencionales de esta naturaleza, por otro lado, la variación atribuible al efecto de genotipos, en la campaña agrícola 2009-2010 han alcanzado significación estadística a nivel de 1%, nivel de diferencia que se repite en la campaña agrícola del 2011-2012, atribuibles al efecto genético de las accesiones en estudio.

Para evidenciar la superioridad entre promedios se realizó pruebas de comparación de Tukey a nivel 0.05 (Tabla 5), donde el genotipo G<sub>6</sub> resulta estadísticamente superior y similar a los genotipos G<sub>4</sub>, G<sub>2</sub> y G<sub>1</sub> con promedios 17.61, 17.52, 16.37 y 16.30 g/pj respectivamente y siendo el menos productivo el genotipo G<sub>5</sub> con un promedio de 11.69

g/pj. En cuanto se refiere a efectos de selección, en ambas campañas agrícolas fue estadísticamente diferentes a nivel 1%, siendo, promedio de población selecta (1x) superiores con 16.16 y 13.71 g/pj comparado con la población sin selección (0x), con promedios 14.71 y 9.89 g/pj respectivamente, tal como se aprecia en la tabla N° 5.

**Tabla 5.** Prueba de Comparación de Medias de Genotipo (g/pj) según Tukey.

Genotipo	Clave	Prom. (g/pj)	Sig. 0.05
PEChQ07168	G <sub>6</sub>	17.61	a
PEChQ07072	G <sub>4</sub>	17.52	a
PEChQ05091	G <sub>2</sub>	16.37	a b
PEChQ07023	G <sub>1</sub>	16.30	a b
PEChQ07119	G <sub>3</sub>	13.13	b
PEChQ07130	G <sub>5</sub>	11.69	c

La interacción genotipo-selección (GxS), no mostró diferencia estadística significativa en la campaña agrícola 2009-2010, no obstante en la campaña agrícola 2011-2012 los resultados sí muestran diferencia estadística a nivel de 1%, con los niveles de producción promedio de granos/panoja que se incluyen en la prueba de comparación de medias de la interacción (GxS), según Tukey, que se aprecia en la Tabla 6.

**Tabla 6.** Prueba de Comparación de Medias de Interacción Genotipo-Selección según Tukey

Genotipo	Clave	Prom. (g/pj)	Sig. 0.05
PEChQ07130	G <sub>5</sub> S <sub>1</sub>	17.38	a
PEChQ07023	G <sub>1</sub> S <sub>1</sub>	16.16	a b
PEChQ05091	G <sub>2</sub> S <sub>1</sub>	14.33	a b c
PEChQ07168	G <sub>6</sub> S <sub>1</sub>	12.81	b c d
PEChQ07119	G <sub>3</sub> S <sub>1</sub>	11.58	c d
PEChQ07168	G <sub>6</sub> S <sub>0</sub>	11.08	c d
PEChQ07023	G <sub>1</sub> S <sub>0</sub>	10.44	c d
PEChQ07119	G <sub>3</sub> S <sub>0</sub>	10.26	c d
PEChQ07072	G <sub>4</sub> S <sub>1</sub>	9.98	d
PEChQ07130	G <sub>5</sub> S <sub>0</sub>	9.74	d
PEChQ07072	G <sub>4</sub> S <sub>0</sub>	9.34	d
PEChQ07091	G <sub>2</sub> S <sub>0</sub>	8.45	e

Según la Tabla 6, el promedio de interacción G<sub>5</sub>S<sub>1</sub> (17.38 g/pj) fue superior y similar a los promedios de interacción G<sub>1</sub>S<sub>1</sub>, G<sub>2</sub>S<sub>1</sub> (16.16 y 14.33 g/pj) respectivamente, registrando el promedio más bajo, la interacción G<sub>2</sub>S<sub>0</sub> con promedio de solo 8.45 g/pj.

Según modelo propuesto por Falconer (1983), en la Tabla 7a se evidencia que el avance genético absoluto más alto corresponde al genotipo g<sub>1</sub> con 2.66 g/pj, seguido por el genotipo g<sub>2</sub> con 1.625g/pj, muestran menor avance los genotipos g<sub>5</sub> con 0.32 g/pj

y g<sub>6</sub> con 0.75 g/pj, esto se debe a que los genes para la producción de grano son más homogéneos, por tanto, la selección es poco eficiente (Falconer, 1983). Según los resultados de la misma tabla 7a, los genotipos con mayor avance relativo son g<sub>1</sub> con 17.36%, seguido por los genotipos g<sub>3</sub> con 13.35% y el genotipo g<sub>2</sub> con 10.53% de avance, y el menor avance genotípico es para genotipos g<sub>5</sub> y g<sub>6</sub> con 2.82 y 4.34%, respectivamente.

La Tabla 7.b) evidencia los parámetros genéticos en la séptima generación de selección, donde el genotipo base g<sub>6</sub> tiene la más alta producción por panoja (11.081 g/pj), seguido por el genotipo g<sub>1</sub> con 10.44 g/pj, y de los genotipos de menor producción fueron g<sub>2</sub> con 8.45 g/pj y g<sub>4</sub> con 9.34 g/pj, siendo promedio general de 9.77 g/pj, además el promedio de producción de grano, en la población base, se encuentra entre 9.57 a 9.96 g/pj para una probabilidad de 95%, de igual forma, los genotipos en la séptima generación de selección, con alta producción se demostró el genotipo g<sub>5</sub> con 17.37 g/pj, seguidos por el genotipo g<sub>1</sub> con 16.16 g/pj, resultando como promedio general de producción 13.71 g/pj.

**Tabla 7.** Parámetros Genéticos de Producción de Granos (g/pj) Quinua, sentido estricto.  
a) En 5ta. Generación de selección de Quinua (2009 – 2010, CIP Camacani).

Parámetro	Peso de Grano / accesión						Prom. $\bar{X}$ (g/pj)
	G <sub>1</sub>	G <sub>2</sub>	G <sub>3</sub>	G <sub>4</sub>	G <sub>5</sub>	G <sub>6</sub>	
Media de población base ( $\mu_0$ )	15.33	15.42	12.13	16.93	11.26	17.21	14.70
Media de progenitores selectos ( $\mu_5$ )	18.07	17.72	15.31	19.81	14.23	19.83	17.49
Media de 5 <sup>ta</sup> . Generación de selec. ( $\mu_1$ )	17.273	17.31	14.13	18.11	12.13	18.01	16.21
Diferencial de Selección ( $S=\mu_5-\mu_0$ )	2.74	2.296	3.173	2.88	2.96	2.63	2.78
Respuesta a la selección ( $R=\mu_1-\mu_0$ )	1.94	1.892	1.997	1.19	0.871	0.81	1.45
Heredabilidad ( $h^2=R/S$ )(%)	70.8	82.4	62.94	41.14	29.38	30.64	52.88
Desviación típica de la población ( $\sigma_0$ )	2.74	2.080	2.388	1.64	1.02	1.35	1.87
Respuesta a la selección estand.( $R/\sigma_0$ )	0.71	0.910	0.84	0.72	0.85	0.54	0.76
Intensidad de selección (i) para ( $R/\sigma_0$ )	1.372	0.948	1.078	1.35	1.058	1.804	1.27
Avance genético absoluto hasta 5ta. Gener. de Selecc. ( $\Delta R=ih^2\sigma_0$ ) (g/pj)	2.66	1.625	1.680	0.91	0.32	0.75	1.31
Avance genético relativo ( $\Delta R\% = ih^2CV$ ) y $CV=\sigma_0/\mu_0$ (%)	17.36	10.53	13.35	5.37	2.82	4.34	8.96

$$IC_{0.95} = \{14.2 \leq \mu_0 \leq 15.196\}; IC_{0.95} = \{15.71 \leq \mu_1 \leq 16.71\}; IC_{0.95} = \{1.438 \leq \mu_1 - \mu_0 \leq 1.582\}$$

El promedio verdadero de la población selecta en 7<sup>ma</sup> generación de selección se encuentra entre 13.15 y 14.26 g/pj para un intervalo de confianza de 95%, además, el intervalo de la diferencia entre dos medias (población base vs. Selecta) está entre 3.88 y 4.0 para una probabilidad de 95%.

Los promedios de producción de grano por panoja (en las seis accesiones) en la quinta generación de selección, son superiores con respecto a la séptima generación de selección, incluso en sus respectivas poblaciones base (sin selección), esto se debe a los fenómenos climáticos que influyen en el momento de establecimiento y desarrollo del cultivo en diferentes años.

Por otro lado, en la 7<sup>ma</sup> generación de selección, la heredabilidad en el sentido estricto ( $h^2$ ), de forma específica alta, se presenta el genotipo  $g_5$  con 100%, seguido por el genotipo  $g_2$  (96.02%),  $g_1$  (83.63%), siendo los genotipos con baja heredabilidad  $g_6$  (18.09%) y  $g_4$  (17.56%). La respuesta a la selección estandarizada, indica que a cada unidad de desviación estándar de la población base, corresponde una respuesta a la performance de selección, en este sentido, en el genotipo  $g_1$ , el porcentaje 197.2% indica que la media

de la población selecta, se encuentra a dos desviaciones estándar ( $2\sigma_0$ ) a la derecha de la población base, de igual manera para los genotipos  $g_2$  y  $g_5$ , los porcentajes 257.6 y 267% respectivamente, indica que la media de la población selecta se encuentra a más de tres desviación estándares ( $3\sigma_0$ ) a la derecha de la población base ( a más de 99% de la población base), por tanto, a las accesiones  $g_1$ ,  $g_2$  y  $g_5$  deben ser consideradas como variedades, puesto que ya no habrá un avance genético real por selección, en tanto, para los genotipos  $g_3$ ,  $g_4$  y  $g_6$  el avance genético mostrado es muy bajo, variando entre 0.37 a 0.81 g/pj, cuyo avance genético relativo varía de 3.95 a 7.87%, indican la presencia de variación genotípica baja debido a la homogeneización de genotipos por efecto de selección (Falconer, 1983).

#### 4. CONCLUSIONES

Las varianzas genotípicas (5.929 g/pj) y fenotípica (9.84 g/pj) encontradas en la campaña agrícola 2009-2010 fueron mayores a las varianzas genotípicas (0.018 g/pj) y fenotípicas (6.35 g/pj) calculadas para la campaña agrícola 2011-2012, debido a la homogeneización de genes para producción de grano.

**Tabla 7 b)** En 7ma. Generación de selección en Quinua (2011-2012 CIP Camacani).

Parámetro	Peso de Grano / accesión						$\bar{X}$ (g/pj)
	G <sub>1</sub>	G <sub>2</sub>	G <sub>3</sub>	G <sub>4</sub>	G <sub>5</sub>	G <sub>6</sub>	
Media de población base ( $\mu_0$ )	10.44	8.45	10.26	9.34	9.74	11.08	9.77
Media de progenitores selectos ( $\mu_5$ )	17.28	14.57	13.62	12.97	17.37	15.47	15.22
Media de 7 <sup>ma</sup> . Generación de selec. ( $\mu_1$ )	16.16	14.33	11.58	9.98	17.37	12.80	13.71
Diferencial de Selección ( $S=\mu_5-\mu_0$ )	6.84	6.12	3.37	3.63	7.63	4.39	5.33
Respuesta a la selección ( $R=\mu_1-\mu_0$ )	5.718	5.88	1.32	0.64	7.63	1.72	3.82
Heredabilidad ( $h^2=R/S$ ) (%)	83.63	96.02	39.33	17.56	100	18.09	59.10
Desviación típica de la población ( $\sigma_0$ )	2.90	2.29	2.57	1.92	2.86	2.62	2.53
Respuesta a la selección estandar.( $R/\sigma_0$ )(%)	197.2*	257.6**	51.5	33.14	267.0	37.25	65.82
Intensidad de selección (i) para ( $R/\sigma_0$ )	-	-	0.79	1.09	-	1.02	0.97
Avance genético absoluto hasta 7ma. Gener. de Selecc. ( $\Delta R=i h^2 \sigma_0$ ) ( g/pj)	-	-	0.81	0.37]	-	0.48	0.55
Avance genético relativo(En %) ( $\Delta R\% = i h^2 CV$ ) y $CV=\sigma_0/\mu_0$ )	-	-	7.87	3.95	-	4.08	5.3

$$IC_{0.95} = \{9.57 \leq \mu_0 \leq 9.96\}; IC_{0.95} = \{13.15 \leq \mu_1 \leq 14.26\}; IC_{0.95} = \{3.88 \leq \mu_1 - \mu_0 \leq 4.00\}$$

Los mejores avances por selección fueron mostrados por los genotipos  $g_1$  (PEChQ07023),  $g_2$  (PEChQ05091) y  $g_5$  (PEChQ07130) de tal manera que en la 7<sup>ma</sup> Generación de selección pueden ser declaradas como variedades; diferente a los genotipos  $g_3$  (PEChQ07119),  $g_4$  (PEChQ07072) y  $g_6$  (PEChQ07168) que muestran respectivamente 7.87, 3.95 y 4.08 por ciento de avances en la última generación de selección, implicando que las variaciones genotípicas son reducidas. Mostraron mayor porcentaje de heredabilidad en sentido estricto hasta 7<sup>ma</sup> generación de selección el genotipo  $g_5$  (PEChQ07130) con 100% de heredabilidad, genotipo  $g_2$  (PEChQ05091) con 96.02% de heredabilidad, y genotipo  $g_1$  (PEChQ07023) con 83.63% de heredabilidad.

## 5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allard, R.W. (1978). *Principios de la mejora genética de las plantas*. Edit. Ediciones Omega, S.A. Barcelona, España.
- Bhargava, A.; Shukla, S. & Ohri, D. (2007). *Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (Chenopodium quinoa Willd.)*. 101 (1),104-116. Field Crops Research.
- Cubero, J.I. (2003). *Introducción a la mejora genética vegetal*. Pp. 118-123. Ed. Ediciones Mundi – Prensa. Madrid - España.
- Falconer, D.S. (1983). *Introducción a la genética cuantitativa*. Ed. Editorial C.E.C.S.A. México.
- Gandarillas, H. (1979). *Observaciones sobre la biología reproductiva de la quinua*. Seyaña. Boletín 5(2) Bolivia. pp. 26-29.
- IICA. (2005). *Manual de producción de quinua de calidad*. Boletín EIUAGRO 24: Ecuador.
- Rea, R. & De Sausa, O. (2003). *Interacción genotipo x ambiente y análisis de estabilidad en ensayos regionales de caña de azúcar en Venezuela*. pp.12-20. Ed. INIA Yaracuy – San Felipe – Venezuela.
- Stanfield, W.D. (1973). *Teoría y problemas de genética*. Ed. Talleres Gráficos Carvajal & Cía de Cali-Colombia.