

RESUMEN

Autor [Torres Vasquez, J.M.](#)

Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Facultad de Agronomía](#)

Título **Caracterización de poblaciones F3 provenientes de cruzamientos entre especies del género *Chenopodium* en condiciones de La Molina**

Impreso Lima : UNALM, 2019

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	F30. T673 - T	USO EN SALA
Descripción	105 p. : 22 fig., 28 cuadros, 54 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Ing Agr)	
Bibliografía	Facultad : Agronomía	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	CHENOPODIUM QUINOA GENOTIPOS PERONOSPORA MILDIU RESISTENCIA A LA ENFERMEDAD HIBERNACION CARACTERISTICAS AGRONOMICAS METODOS EVALUACION PERU QUINUA LA MOLINA (DPTO)	
Nº estándar	PE2019000244 B / M EUVZ F30; H20	

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un grano nativo de las regiones andinas de América del Sur, que recientemente ha ganado atención mundial por su valor nutricional y su capacidad para crecer en condiciones marginales de clima y suelo, lo que permitió el aumento de su cultivo en grandes áreas, evidenciando muchos factores bióticos que limitan el cultivo, entre los cuales se encuentra la enfermedad del mildiú (*Peronospora variabilis*). El uso de variedades resistentes es una buena alternativa para controlar esta enfermedad,

manteniendo la producción orgánica en los sistemas agrícolas de los pequeños agricultores dedicados a su cultivo. En la presente investigación se utilizaron semillas F3 obtenidas de cruces interespecíficos entre *Chenopodium quinoa*, *Chenopodium berlandieri* (BYU 937, BYU 1301, BYU 1314) y *C. hircinum* (BYU 1101), realizadas en la Universidad Brigham Young de los Estados Unidos, para identificar genotipos con resistencia a la enfermedad del mildiu en las condiciones de campo de La Molina y medir el grado de variabilidad en los ocho grupos evaluados en características morfológicas y agronómicas. Se identificaron genotipos con resistencia cuantitativa con un valor del 10% de porcentaje de hojas con síntomas de la enfermedad en los grupos de cruces Real-1 / BYU 937 (RIR7.1), Compuesto Real-1 / BYU 937, Real-1 / BYU 1301; Real-1 / BYU 1314; Real-1/1101 (XREAL.1), Co407 / BYU 937 (C4R), Compuesto de Real-1 (0654) / BYU 937, Real-1 (0654) / BYU 1301; Real-1 (0654) / BYU 1314; Real-1 (0654) / BYU 1102 (X0654.2), Cross 0654 / BYU 937 (X06R), Cross NL-6 / Unknown (NLR.1) y se observó una alta variación en los caracteres morfológicos y agronómicos entre los grupos evaluados con potencial para ser empleados en programas de mejoramiento genético .

ABSTRACT

Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is a native grain of Andean regions of the South America, which recently has gained worldwide attention for its nutritional value and its ability to grow under marginal conditions of climate and soil, which allowed the increase of its cultivation in large areas, evidencing many biotic factors limiting the crop, among which the downy mildew disease (*Peronospora variabilis*). The use of resistant varieties is a good alternative to control this disease, maintaining organic production in the agriculture systems of small-scale farmers dedicated to their cultivation. In the present investigation F3 seeds obtained from interspecific crosses among *Chenopodium quinoa*, *Chenopodium berlandieri* (BYU 937, BYU 1301, BYU 1314) and *C. hircinum* (BYU 1101) made at Brigham Young University of the United States were used to identify genotypes with resistance to the disease of downy mildew at La Molina field conditions and to measure the degree of morphological and agronomic variability in the eight groups evaluated. Genotypes with quantitative resistance with a value of 10% severity or leaf percentage with symptoms of the disease were identified in the crosses groups Real-1 / BYU 937 (RIR7.1), Compound Real-1 / BYU 937, Real-1 / BYU 1301; Real-1 / BYU 1314; Real-1/1101 (XREAL.1), Co407 / BYU 937 (C4R), Compound of Real-1 (0654) / BYU 937, Real-1 (0654) / BYU 1301; Real-1 (0654) / BYU 1314; Real-1 (0654) / BYU 1102 (X0654.2), Cross 0654 / BYU 937 (X06R), Cross NL-6 / Unknown (NLR.1) and high variation in morphological and agronomic characters was observed among the evaluated groups with potential to be used in genetic improvement programs.