



Quinoa

Tecnologías para la conservación de los recursos genéticos

Flavio Lozano Isla
Plant breeder
Ing. Agr. MSc.



flozano@lamolina.edu.pe

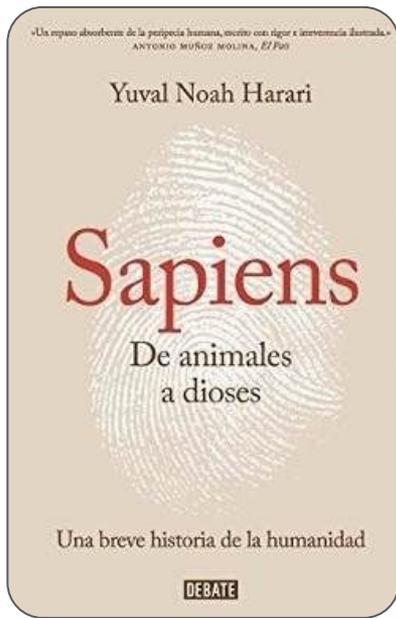


lectures



lozanoisla.com

La domesticación:



¿Quién domesticó primero?

¿El hombre a los cultivos?

o

¿Los cultivos al hombre?



¿Por qué el trigo fue uno de los primeros cultivos domesticados?

Visual Ananda (2016)

¿Qué es lo que sabemos de nuestros recursos?



Antonio Raimondi: "El Perú es un mendigo sentado en un banco de oro".

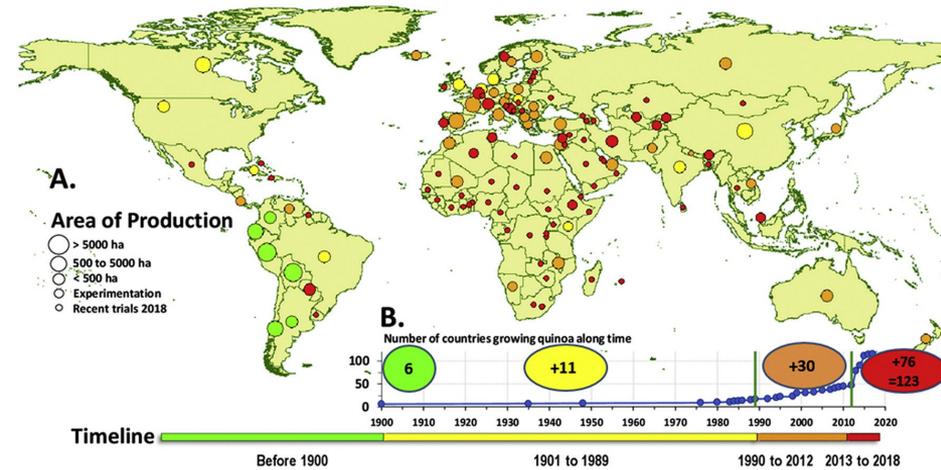
Diario Gestión (2011)

Contenido:

1. Por qué quinua
2. Quinua y RRGG
3. La importancia de los RRGG
4. Programa de Mej. Genético
5. Posibilidades y futuro

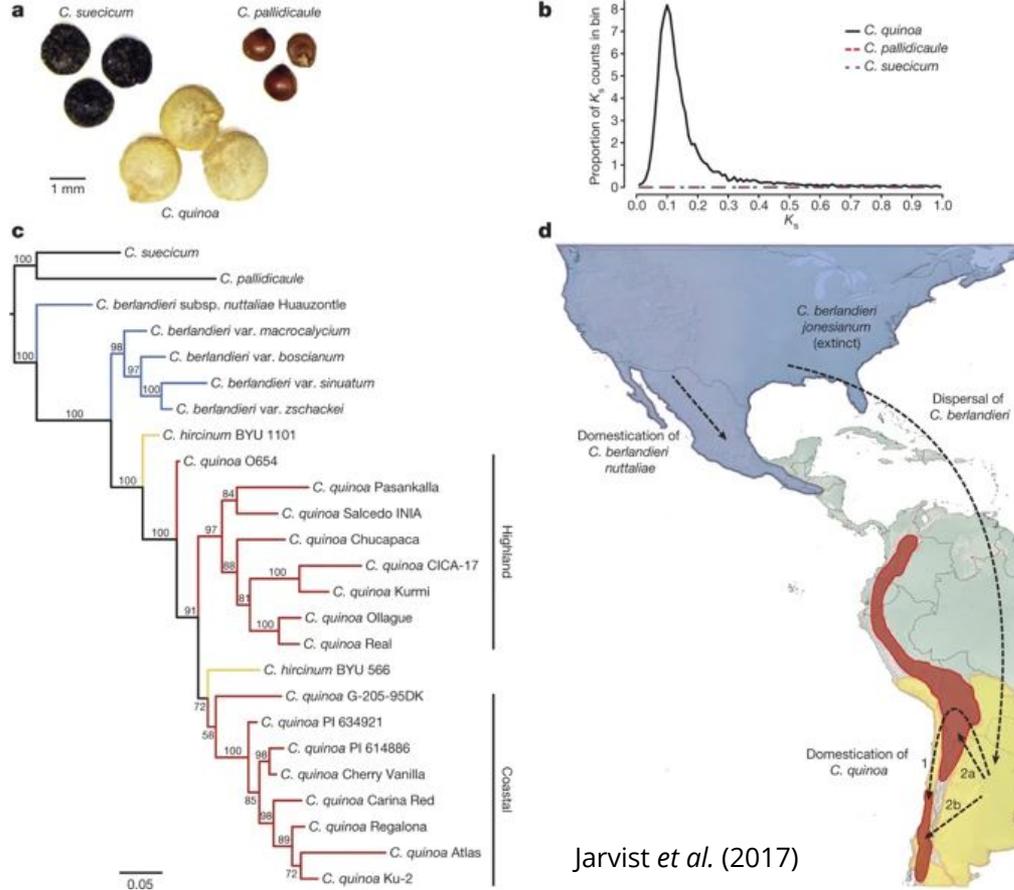
¿Por qué la quinua?

- Excelente equilibrio de aminoácidos esenciales, fibra, lípidos, carbohidratos, vitaminas y minerales (Vega-Gálvez et al. 2020)
- Los granos son libres de gluten, tienen un bajo índice glucémico (Gordillo-Bastidas et al. 2010)
- La quinua es tolerante a una amplia gama de estreses abióticos (Rao & Shahid, 2012)



Expansión global de la quinua (Alandia et. al 2020)

Quinoa (*Chenopodium quinoa*)



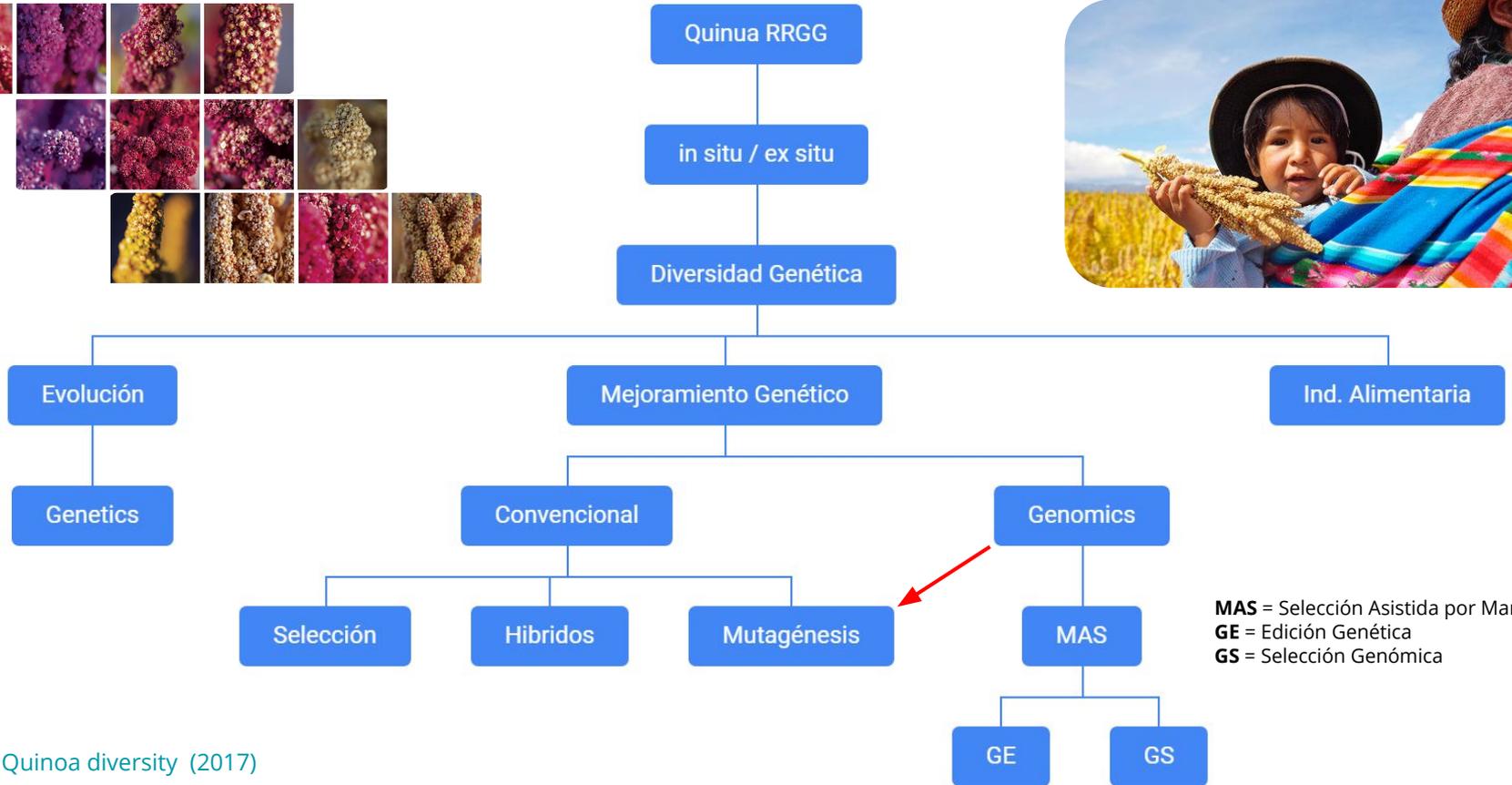
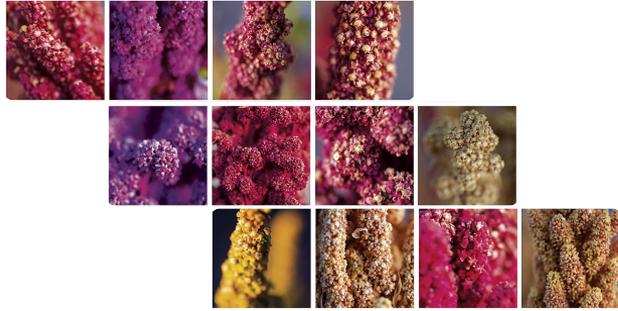
- Quinoa fue domesticado 7000 años atrás alrededor del Lago Titicaca (Kolata, 2003).
- Calidad alimenticia y adaptado a diversos ambientes (Bazile et al. 2013).
- En el 2013 fue proclamado el año internacional de la quinua (FAO, 2013).
- El genoma de *Chenopodium quinoa* (Jarvist et al. 2017).

Distribución de los miembros del GCN-Quinua



- + 150 investigadores de 60 países
- Brecha en conocimientos del cultivo
- Crear un espacio colaborativo
- Evitar la erosión genética
- El germoplasma está concentrado en LatAm
- Minor → Major (Cultivo)

Como se usan los RRGG en Quinua?



Picture: Quinoa diversity (2017)

Estudio de los recursos genéticos peruanos.

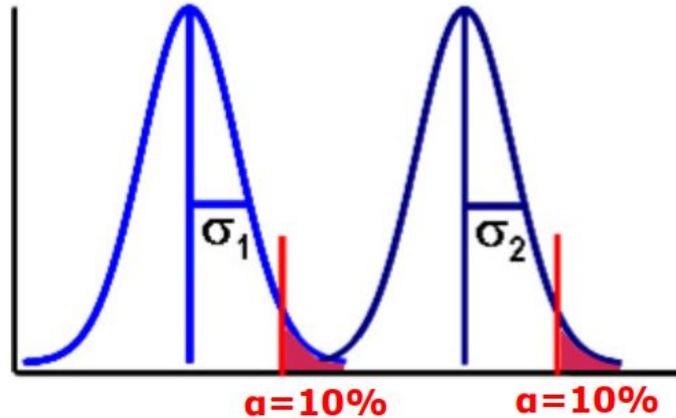
1. Ganancia genética en 6 poblaciones de quinua proveniente de cruzas simples.
2. Estudio de asociación del genoma completo (GWAs) en poblaciones de quinua.
3. Predicción genómica en el cultivo de quinua.



Manuscript

(1)

Expected gains in six populations from quinoa simple crosses



Locations



Location 1
Jauja, Junin
3322 m.a.s.l

Location 2
Illpa, Puno
3815 m.a.s.l

Location 3
Camacani, Puno
3842 m.a.s.l

Programa de mejoramiento

F(♀)xM(♂)	Sal	Hua	Kan	Pan	Pas	Nco
Sal		SalxHua		SalxPan		SalxNco
Hua			HuaxKan			
Kan						
Pan						
Pas			PasxKan			
Nco			NcoxKan			

Genetic relation

Distant	
Close	

- Poblaciones .: 6
- Padres .: 6
- Checks .: 5



Materiales & Métodos

Multi-environment trials

- Localidades: 4
- Años: 3
- Ambientes: 8

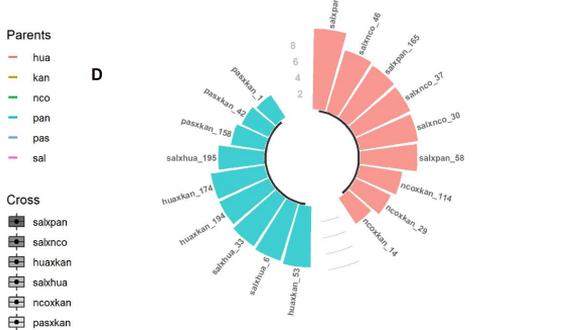
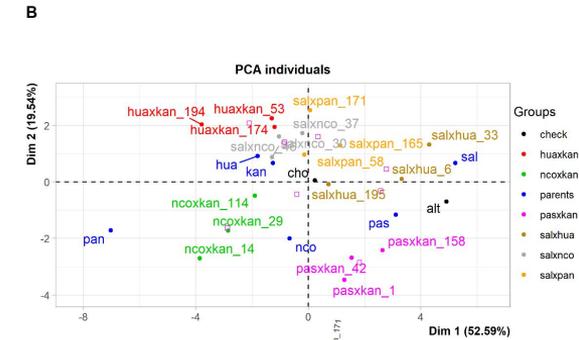
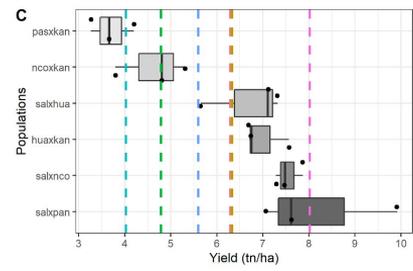
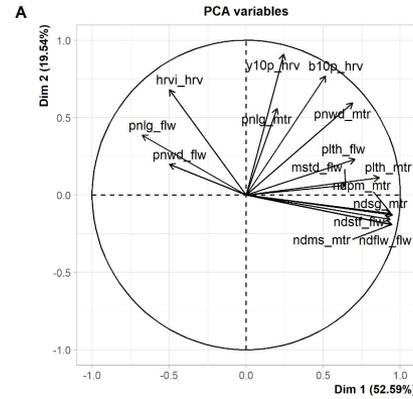
Experimentos de campo

- Diseño: Lattice
- Registro de variedades
- Altiplano peruano > 3500 m.s.n.m.

Season	Activity	Total N° entries
2017-18	Evaluation of progenies derived from close and distant single and double crosses in replicated field trials at 3 locations (<i>Camacani, Illpa, Jauja</i>)	90 lines/cross (Lattice 10x10, r=2) 90 lines + 6 parents + 4 checks
2018-19	Evaluation of experimental varieties selected from 2017-18 trials at two locations (<i>Camacani, Illpa</i>)	3 lines/cross (Lattice 5x5, r = 4) 18 lines + 6 parents + 1 check
2019-20	Evaluation of experimental varieties at three locations (<i>Camacani, Illpa, Potojani</i>): collection of required data for variety registration	9 lines (Lattice 4x4, r = 4) 9 lines + 6 parents + 1 check

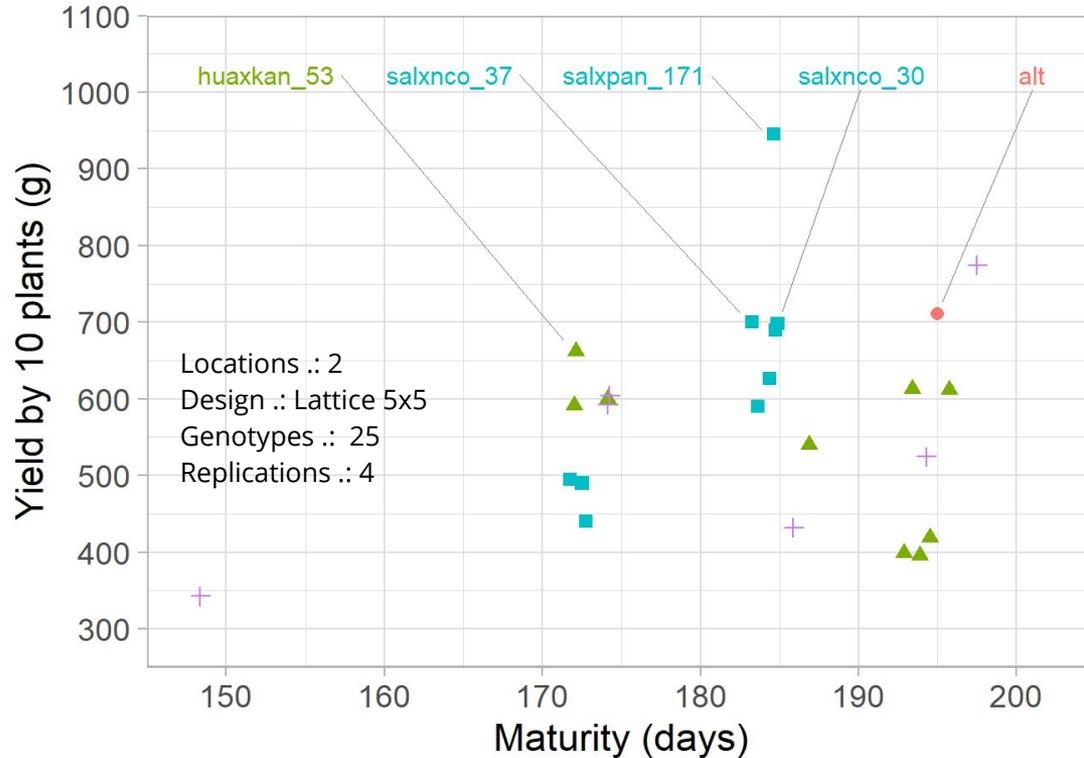
Variables y Líneas

- Correlación del rendimiento
 - Biomás
 - Longitud de la panícula
 - Diámetro de la panícula
- Las evaluaciones fueron mejor a la madurez fisiológica
- Selección de genotipos
 - Precocidad
 - Rendimiento



Selección: Rendimiento vs. Precocidad

Type ● check ▲ close ■ distant + parent



- SalxPan_171, SalxNco_37 and SalxNco_30 con buen rendimiento.
- HuaxKcan_53 con tolerancia al frío y las enfermedades.
- SalxPan_171 mejoró en 33% en relación al testigo.





INIA ALTIPLANO (CHECK)

Medianamente Susceptible al Mildiu



PANDELA ROSADA (PARENTAL)

Altamente Susceptible al Mildiu

ILLPA 2018-2019



Fenotipado por reconocimiento de imágenes

Region Shape

Project

Name: via_project_30Oct2020_221

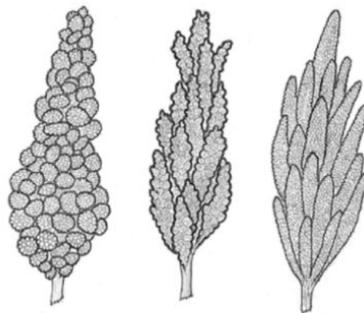
All files regular expression

- [1] http...img1.jpg
- [2] http...img2.jpg
- [3] http...img3.jpg
- [4] http...img4.jpg
- [5] http...img5.jpg
- [6] http...img6.jpg
- [7] http...img7.jpg
- [8] http...img8.jpg
- [9] http...img9.jpg
- [10] http...img10.jpg
- [11] http...img11.jpg

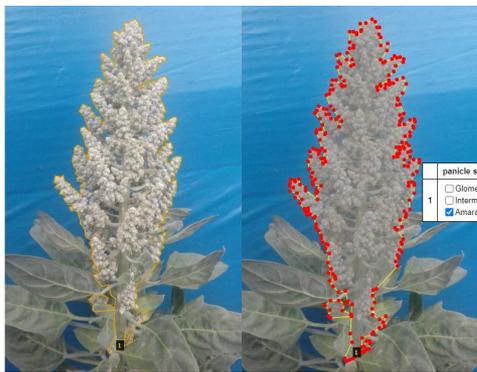
Add Files Add URL Remove

Attributes

Keyboard Shortcuts



1 Glomerulate 2 Intermediate 3 Amarantiform



Avances:

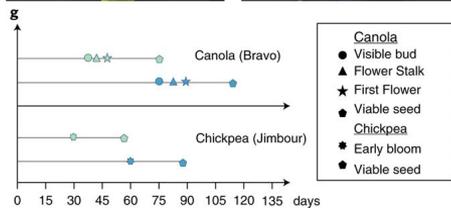
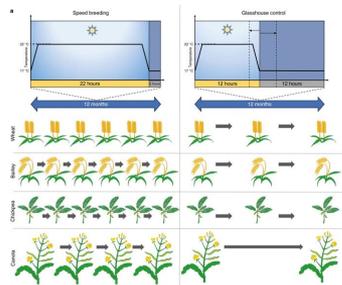
Letter | Published: 01 January 2018

Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding

Amy Watson, Sreya Ghosh, [...] Lee T. Hickey

Nature Plants 4, 23–29(2018) | [Cite this article](#)

10k Accesses | 165 Citations | 817 Altmetric | [Metrics](#)



OPEN ACCESS PEER-REVIEWED

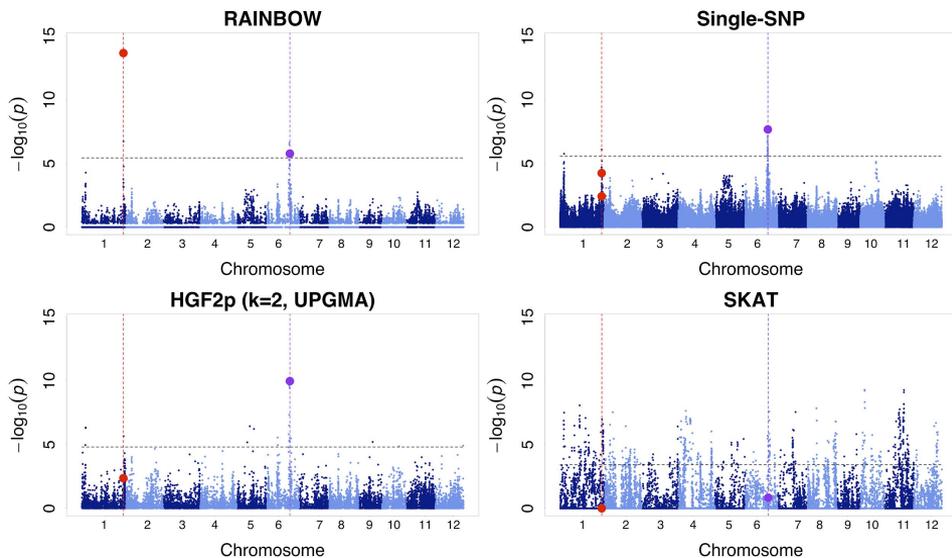
RESEARCH ARTICLE

RAINBOW: Haplotype-based genome-wide association study using a novel SNP-set method

Kosuke Hamazaki, Hiroyoshi Iwata

Version 2 Published: February 14, 2020 • <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007663>
• >> See the preprint

Iteration 48



Avances:

The Plant Genome

OPEN ACCESS

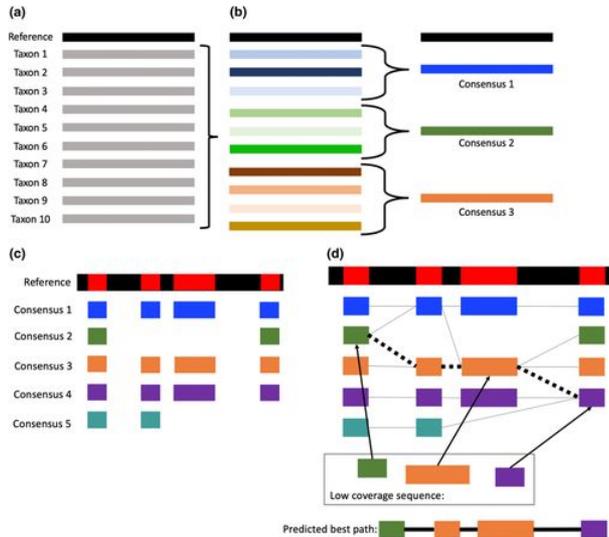


ORIGINAL RESEARCH | Open Access |

A sorghum practical haplotype graph facilitates genome-wide imputation and cost-effective genomic prediction

Sarah E. Jensen , Jean Rigaud Charles, Kebede Muleta, Peter J. Bradbury, Terry Casstevens, Santosh P. Deshpande, Michael A. Gore, Rajeev Gupta, Daniel C. Ilut, Lynn Johnson ... [See all authors](#)

First published: 25 March 2020 | <https://doi.org/10.1002/tpg2.20009>



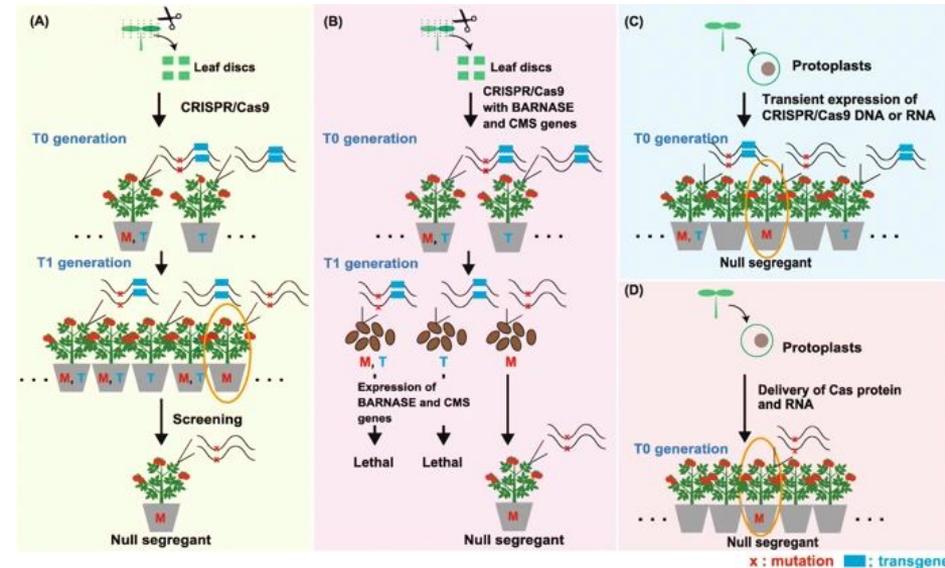
Review | [Open Access](#) | Published: 25 May 2020

Precision genome editing in plants: state-of-the-art in CRISPR/Cas9-based genome engineering

[Naoki Wada](#), [Risa Ueta](#), [Yuriko Osakabe](#) & [Keishi Osakabe](#)

BMC Plant Biology **20**, Article number: 234 (2020) | [Cite this article](#)

1053 Accesses | 8 Altmetric | [Metrics](#)



About BGI Genomics

BGI Genomics is the world's leading provider of genomic sequencing services and proteomic services, now serving customers in more than 66 countries. We provide academic institutions, pharmaceutical companies, health care providers and other organizations with integrated genomic sequencing and proteomic services and solutions across a broad range of applications spanning:

- Basic research covering human, plant, animal and microbial species
- Clinical research in human health
- Genetic testing and screening
- Drug discovery and development
- Agriculture and Biodiversity preservation and sustainability

Project Workflow

We care for your samples from the start through to the result reporting. Highly experienced laboratory professionals follow strict quality procedures to ensure the integrity of your results.



Biotechnology / DNA testing

China's BGI says it can sequence a genome for just \$100

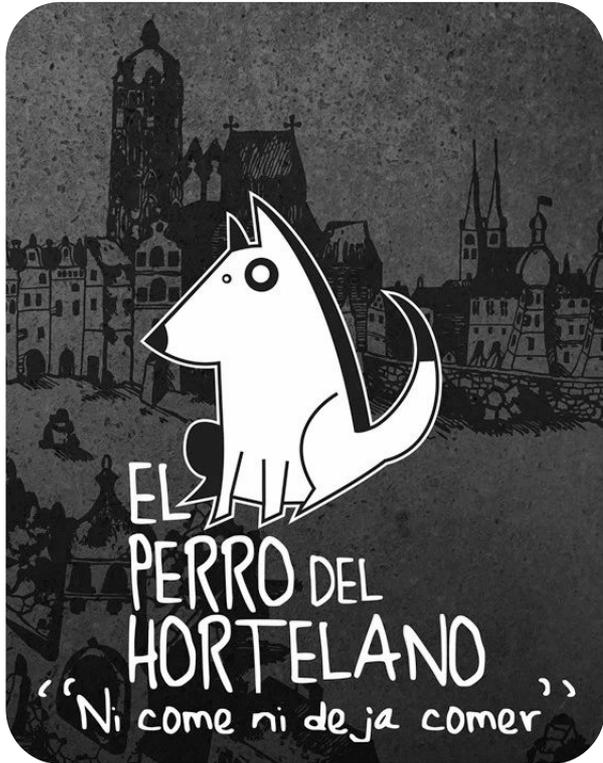
Super-cheap DNA sequencing could boost cancer screening, prenatal tests, and research into population genetics.

by **Antonio Regalado**

February 26, 2020

Using technology originally acquired in the US, the Chinese gene giant BGI Group says it will make genome sequencing cheaper than ever, breaking the \$100 barrier for the first time.

Posibilidades y Retos



<< Lope de Vega >>

- El problema no es el “qué” sino, el “cómo”
- Promover el uso racional de los recursos genéticos
 - Actitud proactiva con nuestros recursos y la nuevas tecnologías
 - Invertir en preparación de recursos humanos para nuestro país
- Incentivar a las nuevas generaciones
 - Aprender idiomas

Agradecimientos



- Agricultores que hacen posible este trabajo.
- Los estudiantes que ayudan en los experimentos.
- Ing. José David Apaza Calcina
- Ing. Edwin Barrientos Arpasi
- Dr. Raúl Blas Sevillano
- Dr. Luz Gómez Pando
- Ing. Aquilino Alvarez Cáceres
- Dr. Angel Mujica Sánchez
- Dr. Jesús Arcos
- Dr. Bettina Haussmann
- Dr. Karl Schmid

