



PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATOLICA DE CHILE
FACULTAD DE AGRONOMIA E INGENIERIA FORESTAL
DIRECCION DE INVESTIGACION Y POSTGRADO
MAGISTER EN FISIOLÓGIA Y PRODUCCIÓN VEGETAL

INTERACCIÓN GENOTIPO X AMBIENTE EN LA CALIDAD DE SEMILLAS EN
QUINOA (*Chenopodium quinoa* WILLD)

Tesis presentada como requisito para optar al grado de

Magister en Fisiología y Producción Vegetal

por:

Valentina Rivas Manzo

Comité de Tesis

Profesor Guía: Samuel Contreras

Profesor Informante: Francisco Fuentes

Mayo 2022
Santiago-Chile

Agradecimientos

En primer lugar, quiero agradecer al profesor Dr. Samuel Contreras por su gran disposición y preocupación, junto con su valioso aporte al aprendizaje y formación de sus alumnos. Por otro lado, agradezco a QuinoaLab, especialmente al profesor Dr. Francisco Fuentes y Claudia Rojas por su aporte a la ciencia y su pasión por la quinoa.

En segundo lugar, agradezco a mi familia por el apoyo que me demostraron a lo largo de mi formación profesional. Especialmente quiero agradecer a mi madre, que siempre priorizó mi educación y se esforzó día a día en darme lo mejor. Agradezco también a Javier por ser un pilar fundamental en esta investigación, junto con entregarme su apoyo, su alegría y amor incondicional diariamente. A las personas que conocí en este proceso, especialmente a mis amigos Carla, Adolfo y Agustina, por ser las mejores personas que existen y hacer mi vida más alegre.

A mi madre.

Índice

Índice	4
Abstract	6
Introducción	7
Materiales y métodos	9
Material vegetal	9
Condiciones agroclimáticas	9
Diseño experimental	9
Peso de mil semillas (TSW)	10
Germinación estándar (GE)	10
Germinación fisiológica (GF)	10
Índice de germinación (IG)	11
Tiempo para llegar al 50 % de germinación (T50 GF)	11
Envejecimiento acelerado (EA)	11
Tiempo en reducir el 50% de germinación inicial (T50 EA)	11
Análisis estadístico	12
Análisis de interacción G x E	12
Resultados	13
Condiciones ambientales	13
Peso de mil semillas	14
Germinación estándar	15
Germinación fisiológica	16
Envejecimiento acelerado	20
Correlaciones entre variables	23

Interacción Genotipo x Ambiente	24
Discusión	30
Conclusiones	35
Resumen	36
Referencias	37
Anexos	41

GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION ON QUINOA (*Chenopodium quinoa* WILLD) SEED QUALITY

Valentina Rivas Manzo

Laboratorio de Semillas. Departamento de ciencias Vegetales, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal. Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile.

Abstract

Valentina Rivas. Genotype x Environment interaction on quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) seed quality. Tesis, *Magister* en Fisiología y Producción Vegetal, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile. 41 pp. Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) is native to the Andean region of South America. A strong variability has been observed in the response of cultivars to environmental variations. A determining factor in crop production is seed quality, which has been studied mainly for germination parameters. The objective of this work was to determine differences in seed quality associated with genotype and environment production. For this purpose, different seed quality attributes of seven quinoa genotypes were evaluated in four different locations. Results were analyzed by ANOVA and comparison of means. In addition, a simple linear regression model was used to study the stability of genotypes in different environments. No interaction effect was found for seed weight, germination index, and time to reach 50% germination in accelerated aging curve; however, it was found in germination percentage. Temperature and rainfall at grain filling can be crucial in determining seed weight. Seed weight are negatively correlated with longevity. One genotype showed remarkable dormancy, which could be due to both physical and physiological aspects and a possible G x E interaction effect. Seed longevity is not associated with the interaction; however, the genotypic factor is determinant. A relationship between dormancy and longevity is proposed. Specific selections are needed in quinoa, along with knowledge of the interaction effect.

Key words: Seed quality, Germination, Longevity, Dormancy.

Introducción

La quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) es un pseudo-cereal perteneciente a la familia Amaranthaceae originario de la región Andina de América del Sur (Fuentes et al., 2009). Su domesticación aún no está clara, pero se sabe que inició hace 7.000 años sin un centro de domesticación específico, dado principalmente por su amplia diversidad genética presente (Bazile et al., 2016; Fuentes et al., 2009, 2012).

Se han identificado y descrito cinco ecotipos de quinoa en la zona: quinoas del altiplano norte, quinoas de los valles interandinos, quinoas de los Yungas, quinoas de los salares y quinoas costeras; en donde, cada ecotipo presenta subcentro de diversidad (Fuentes et al., 2009). En Chile, los principales ecotipos cultivados corresponden a las quinoas de los salares y las quinoas costeras, encontrando tres zonas de biodiversidad en el país: el norte con ecotipos de los salares, el centro y sur con ecotipos costeros (Fuentes et al., 2009, 2012).

Desde mediados del siglo XX, la importancia mundial de la quinoa como una fuente alimentaria alternativa ha ido en aumento (Jacobsen, 2003). Esto dado principalmente por su alto contenido de proteína, su destacable diversidad genética y su alta capacidad de subsistir en condiciones ambientales diversas y/o adversas (Bazile et al., 2016; Bois et al., 2006; Jacobsen, 2003). Pese a esto, los estudios para comprender el comportamiento de las variedades locales o *landraces* a nuevos ambientes han sido reducidos, limitando el potencial del cultivo.

Los factores que determinan el éxito de la introducción de un cultivo a una nueva región son: el material genético a utilizar que debiese contar con las características deseadas (“genotipos superiores”), el ambiente en que el cultivo se producirá, el cual debe ser óptimo para que el material genético exprese su potencialidad, y los manejos agronómicos aplicados en campo (Bertero et al., 2004; Matus, 2015).

Se ha visto que la quinoa posee una fuerte variabilidad en la respuesta de los cultivares a variaciones ambientales (Bertero et al., 2004), lo que es determinante en la búsqueda de genotipos superiores para ambientes específicos (Matus-Cádiz et al., 2003). Estudios previos han demostrado el efecto de la interacción genotipo por ambiente (G x E) para el rendimiento, tamaño de grano y otros caracteres de relevancia comercial (Bertero et al., 2004; Garrido et al., 2013; Tan & Temel, 2018).

El éxito de un cultivo se puede estimar mediante el análisis de los rendimientos y la calidad del grano obtenidos (Bazile et al., 2016; Bertero et al., 2004; Vega-Gálvez et al., 2010). Un manejo importante para obtener un buen rendimiento y calidad es el oportuno establecimiento del cultivo lo que, en quinoa, por ser un cultivo de siembra directa, se relaciona directamente con la calidad de las semillas (Ceccato et al., 2014) (Matus, 2015).

Los conceptos de viabilidad, germinación y vigor son parte de la calidad de semillas (Ceccato et al., 2014). Una semilla viable es aquella que se encuentra viva y cuenta con todos los recursos necesarios para la germinación y el crecimiento (Romero et al., 2018). La capacidad de mantenerse viable por un periodo de tiempo bajo ciertas condiciones explica la longevidad de las semillas (Bewley et al., 2012). Por otro lado, la germinación puede comprenderse de dos formas: como germinación estándar, la cual es capacidad de generar plántulas normales bajo condiciones óptimas; y como germinación fisiológica, referida a la capacidad de emerger una radícula igual o superior a 2 mm de longitud (ISTA, 2020). La capacidad de germinar cuando están todas las condiciones óptimas puede verse afectada por la presencia de dormancia, proceso que se ha sido descrito previamente en quinoa (Ayala et al., 2020). El vigor en cambio se define como aquellas propiedades de las semillas que determinan la rapidez, uniformidad, potencial de emergencia y el desarrollo de plántulas normales bajo un amplio rango de condiciones de campo (ISTA, 2020).

La calidad de semilla en quinoa se ha estudiado para parámetros de germinación, encontrando efectos ambientales en la capacidad germinativa de diferentes genotipos, lo que podría inferir cierto efecto de la interacción G x E (Ayala et al., 2020; Bois et al., 2006; Ceccato et al., 2014; Manjarres et al., 2020). Basados en esto, el objetivo de este trabajo fue determinar diferencias de calidad de semilla asociadas al genotipo y el ambiente de producción. Para esto, se evaluaron distintos atributos de calidad de semilla de siete genotipos de quinoa, pertenecientes al ecotipo de la costa, en cuatro localidades diferentes.

Materiales y métodos

Material vegetal

El presente estudio evaluó siete genotipos de quinoa: dos genotipos provenientes de la zona sur (QLUC-RCH y QLUC-NCH), un cultivar comercial (REGALONA), un genotipo resistente a Mildiú (QLUC-RM) y otros tres genotipos provenientes de selecciones (QLUC-02, QLUC-03 y QLUC-05). Los genotipos fueron cultivados en las temporadas 20/21 en 4 localidades diferentes (**Tabla 1**): Pullally (Región de Valparaíso), Cáhuil (Región de O'Higgins), Coihueco (Región de Bio-Bio) y Cañete (Región de Ñuble).

Tabla 1. Latitud, fechas de siembra y cosecha para el cultivo de siete genotipos de quinoa evaluados en cuatro localidades.

Ambiente	Latitud	Siembra	Cosecha	Días de siembra a cosecha
Pullally	32 ° S	23-09-2020	27-02-2021	157
Cáhuil	34 ° S	13-10-2020	15-01-2021	94
Coihueco	37 ° S	22-10-2020	10-03-2021	139
Cañete	38 ° S	05-11-2020	30-03-2021	145

Condiciones agroclimáticas

En todas las localidades, las fertilizaciones fueron aplicadas de acuerdo con las necesidades del cultivo. Los datos de temperatura (T°) y precipitaciones (PP) desde la siembra hasta la cosecha de los genotipos, se obtuvieron desde estaciones meteorológicas cercanas a cada localidad. Para las temperaturas se tomaron en cuenta las temperaturas promedias semanales. En el caso de las precipitaciones se utilizaron los datos acumulados semanales de cada localidad.

Diseño experimental

El diseño experimental utilizado en campo correspondió a bloque completo al azar (BCA) con 3 repeticiones, en donde cada localidad contenía los 7 genotipos. En laboratorio, los análisis se realizaron según el diseño en campo, es decir, para cada localidad y genotipo, se utilizaron las tres repeticiones respectivamente.

Peso de mil semillas (TSW)

Se estimó el TSW de acuerdo con el protocolo de International Rules for Seed Testing (ISTA, 2020) con modificaciones *a priori* del diseño experimental. Se pesaron 3 submuestras de 100 semillas por cada repetición de los genotipos pertenecientes a cada localidad. Los datos obtenidos se utilizaron en la ecuación (Eq. 1):

$$TSW = \mu * 10 \quad (\text{Eq. 1})$$

Donde μ corresponde al peso promedio de las 3 submuestras.

Germinación estándar (GE)

La germinación estándar se evaluó sembrando 25 semillas por repetición sobre papeles filtro saturadas con 5 mL de agua destilada en una placa de Petri (90 mm de diámetro). Las semillas se expusieron a una temperatura constante de 20°C y un fotoperiodo de 8 horas luz blanca y 16 horas oscuridad. Se consideró el porcentaje de plántulas normales y anormales al 4° y 7° día después de siembra (González & Ananciaga, 2021). Además, se tomó en cuenta las semillas muertas (presencia de hongos y/o turgencia al presionar) y semillas frescas no germinadas presentes (turgentes, sin presencia de hongos ni radícula).

Germinación fisiológica (GF)

Debido a la rápida imbibición que poseen las semillas de quínoa, se propuso utilizar el polímero PEG (8000) para reducir el potencial osmótico de medio y ralentizar el proceso de germinación. Para esto, se utilizó la relación propuesta por (Michel, 1983) entre el contenido de PEG en una solución y un potencial osmótico (ψ_o) determinado.

La germinación fisiológica se evaluó utilizando las 3 repeticiones de todos los genotipos pertenecientes a cada localidad, de las cuales se sembraron 50 semillas sobre papeles filtro saturadas con 5 mL de solución PEG a un $\psi_o = -0,8 \text{ MPa}$ en una placa de Petri (90 mm de diámetro) a una temperatura constante de 20°C. Como indicador de germinación fisiológica, se definió tamaño de radícula igual o mayor a 2 mm, realizando conteos hasta el día 10 después de siembra.

Índice de germinación (IG)

Se calculó el índice de germinación (IG) (ISTA, 2009) utilizando los datos obtenidos de la germinación fisiológica evaluada por 10 días, en donde se consideró la proporción de semillas germinadas por día de acuerdo con la ecuación (Eq. 2):

$$IG = \frac{G_1}{N_1} + \frac{G_2}{N_2} + \dots + \frac{G_n}{N_n} \quad (\text{Eq. 2})$$

En donde, G_1, G_2 y G_n corresponden a la proporción de semillas germinadas en el día 1, 2, y n; N_1, N_2 y N_n corresponden al número del día de conteo respectivo.

Tiempo para llegar al 50 % de germinación (T50 GF)

El tiempo para llegar al 50% de germinación fue determinado para las curvas de germinación fisiológica (T50 GF). Este parámetro se utilizó como una medida de vigor (ISTA, 2009) y se determinó obteniendo una ecuación de la recta entre dos puntos medidos que contuvieran el 50%.

Envejecimiento acelerado (EA)

La prueba se realizó para las 3 repeticiones de todos los genotipos pertenecientes a cada localidad en contenedores herméticos plásticos de 330 mL. En ellos, se depositaron 1,5 g de semillas sobre potes de aluminio que se encontraban sostenidos por una rejilla, la cual permitía separar las semillas de los 80 mL de solución salina NaCl. Los contenedores, con una humedad relativa (HR) de 75% en su interior (Winston & Bates, 1960), fueron depositados dentro de la cámara de envejecimiento acelerado a 41,5 °C por 0, 4, 8, 12, 16 y 24 días.

Posterior al periodo de envejecimiento, se realizó una germinación fisiológica en agua. Se sembraron 50 semillas de cada repetición en placas Petri sobre papeles filtros saturados con 5 mL de agua destilada. Los conteos fueron periódicos hasta el día 10 después de siembra.

Tiempo en reducir el 50% de germinación inicial (T50 EA)

El tiempo en reducir el 50% de germinación inicial fue determinado para las curvas de envejecimiento acelerado (T50 EA). Este parámetro se utilizó como una medida de longevidad y se determinó obteniendo una ecuación de la recta entre dos puntos medidos que contuvieran el 50%.

Análisis estadístico

Las variables de germinación fueron analizadas mediante un modelo lineal generalizado con función de enlace logit bajo una distribución binomial. Los resultados obtenidos se evaluaron mediante ANOVA y comparación de medias por prueba de Tukey $p < 0,05$ utilizando el programa R (v.4.1.1) a través de Rstudio. Se hizo una matriz de correlaciones para las variables más relevantes del estudio, utilizando el coeficiente de correlación lineal de Pearson.

Análisis de interacción G x E

Para analizar los efectos ambientales y genotípicos en la estabilidad de los cultivares, se utilizó un modelo de regresión simple lineal (Eberhart & Russell, 1966). Este modelo, permite que cada ambiente pueda representarse por un valor, denominado "Índice ambiental" (**I**), el cual se obtiene por la diferencia entre el comportamiento promedio de los cultivares en dicho ambiente y el comportamiento promedio de los cultivares en todos los ambientes.

La regresión lineal de cada genotipo se obtiene sobre el índice ambiental de cada ambiente, y esta nos puede aportar información acerca de su estabilidad. Mediante el coeficiente de regresión o pendiente de la línea de regresión (*b*) podemos identificar la sensibilidad de los genotipos frente a los diferentes ambientes y el cuadrado medio del error (CME) permite conocer la estabilidad fenotípica o predictibilidad de comportamiento de los genotipos (Contreras & Krarup, 2000; Eberhart & Russell, 1966).

Resultados

Condiciones ambientales

Las temperaturas promedio semanales fueron variables en cada localidad, al igual que las precipitaciones acumuladas semanales (**Figura 1**). Coihueco fue quien presentó las mayores temperaturas promedio en la temporada 20/21 con una media de 18,1 °C. A su vez, correspondió a la localidad que presentó la mayor tasa de precipitaciones, logrando un acumulado de 155 mm en la temporada, con un fuerte evento en la semana 15 que aportó 112 mm de agua.

Cañete, presentó una temperatura promedio de 13,9 °C y una precipitación acumulada de 61 mm a lo largo del cultivo. Por otra parte, Cáhuil fue la localidad con las menores temperaturas promedio (13,1 °C), siendo muy estables a lo largo del crecimiento del cultivo. Para el caso de las precipitaciones, sólo contó con un aporte total de 2 mm, muy por lo bajo de lo logrado en Coihueco y Cañete.

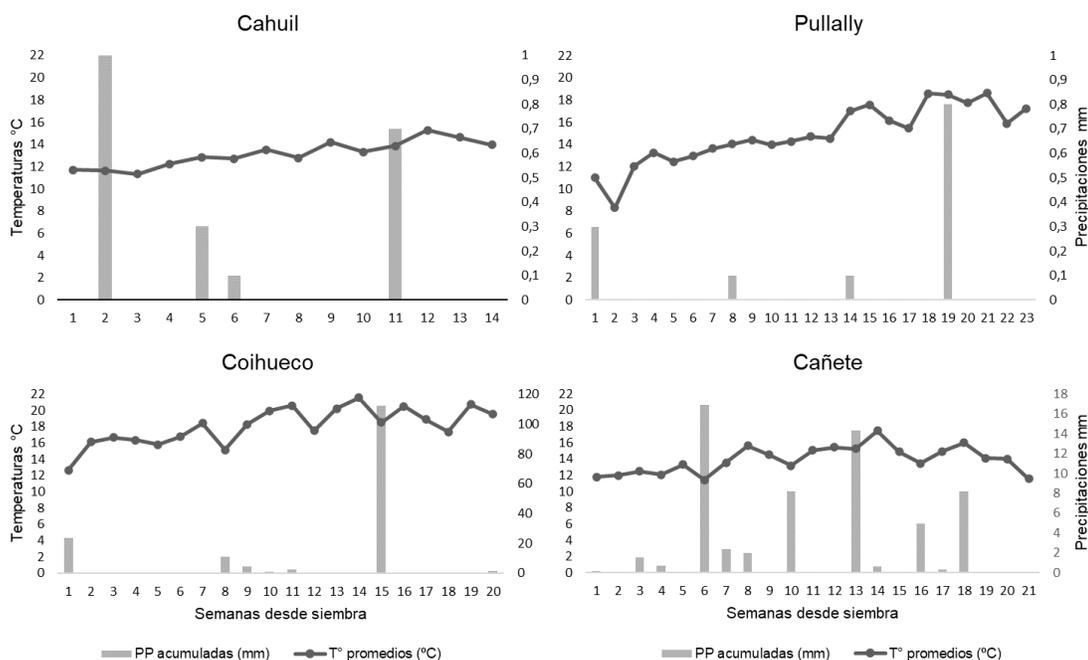


Figura 1. Temperaturas promedio y precipitaciones acumuladas para cada semana después de siembra en la temporada 2020/2021 para las localidades evaluadas: Cáhuil (siembra:13-10-2020), Pullally (23-09-2020), Coihueco (22-10-2020) y Cañete (05-11-2020).

Pullally, presentó una tendencia al aumento de sus temperaturas promedio semanales en la temporada, siendo la segunda localidad con las mayores temperaturas con una media de 14,8°C. Cabe destacar su limitado aporte y eventos de precipitaciones en la temporada que generó un acumulado de sólo 1 mm, siendo la localidad con la menor tasa de precipitaciones. Este suceso generó la necesidad de aplicar riegos esporádicos previos a floración.

Peso de mil semillas

En la **Tabla 2** se muestran los pesos de mil semillas (TSW) promedios obtenidos para los genotipos en cuatro localidades. Se evidenciaron diferencias tanto por genotipos como por ambientes, sin embargo, no se encontraron efectos significativos de la interacción G x E (**Tabla 3**).

Tabla 2. Peso de mil semillas (TSW) en gramos para siete genotipos de quínoa producidos en cuatro localidades.

Genotipos	Localidad				
	Cáhuil	Cañete	Coihueco	Pullally	Promedio
QLUC-02	3,67 ± 0,11	3,54 ± 0,15	2,80 ± 0,07	2,43 ± 0,57	3,11 ± 0,40 cd
QLUC-03	3,63 ± 0,11	3,26 ± 0,03	2,90 ± 0,16	2,54 ± 0,31	3,08 ± 0,29 cd
QLUC-05	3,70 ± 0,23	3,44 ± 0,19	3,03 ± 0,18	2,20 ± 0,55	3,10 ± 0,44 cd
QLUC-NCH	2,94 ± 0,22	2,09 ± 0,15	1,76 ± 0,07	2,25 ± 0,06	2,26 ± 0,29 a
QLUC-RCH	3,03 ± 0,33	2,69 ± 0,05	2,16 ± 0,18	2,44 ± 0,22	2,58 ± 0,27 ab
QLUC-RM	4,16 ± 0,18	3,87 ± 0,11	3,42 ± 0,07	2,75 ± 0,47	3,55 ± 0,39 d
REGALONA	3,19 ± 0,07	3,29 ± 0,09	2,63 ± 0,06	2,20 ± 0,33	2,83 ± 0,31 bc
Promedio	3,48 ± 0,29 C	3,17 ± 0,34 B	2,67 ± 0,32 A	2,40 ± 0,35 A	

Para valores promedios de cada ambiente y genotipo letras distintas (mayúsculas y minúsculas respectivamente) representan diferencias estadísticamente significativas según el análisis Tukey ($p < 0,05$). Valores expresados como promedios ± error estándar.

QLUC-RM logró los mayores TSW con un promedio de 3,55 g, sin embargo, no se presentaron diferencias significativas de este con los genotipos QLUC-02, QLUC-03 y

QLUC-05, quienes obtuvieron TSW promedios sobre los 3 g. QLUC-NCH y QLUC-RCH son los genotipos con los menores TSW de semillas (2,26 y 2,58 g respectivamente) sin existir diferencias significativas entre ellos. Luego, sigue REGALONA con un TSW promedio de 2,83 g, la cual fue significativamente diferente de QLUC-NCH y QLUC-RM.

Respecto al comportamiento en las localidades, Pullally presentó una alta dispersión de datos y es donde se obtuvieron los menores TSW para la mayoría de los genotipos con una media de 2,4 g, sin ser estadísticamente diferente a Coihueco. QLUC-NCH y QLUC-RCH, genotipos chilotos, fueron los únicos genotipos que presentaron un mayor TSW en Pullally respecto a Coihueco.

Cáhuil por otro lado, obtuvo los mayores TSW promedio en la mayoría de los genotipos, seguido de Cañete (3,48 y 3,17 g respectivamente), siendo ambas localidades estadísticamente diferentes entre sí y el resto. El único genotipo que presentó un mayor TSW en Cañete respecto a Cáhuil fue REGALONA.

Tabla 3. Valores p para las variables analizadas respecto al efecto ambiental, efecto genotípico y su interacción G x E.

Variable	E	G	G x E
% GE (normales)	< 0,0001	0,0030	0,8656
TSW	< 0,0001	< 0,0001	0,1527
IG	< 0,0001	< 0,0001	0,5258
GF (%)	< 0,0001	0,0060	0,0005
T50 GF	0,0428	< 0,0001	0,9830
T50 EA	0,0003	0,0004	0,5922

Valores en negrita representan diferencias estadísticamente significativas de acuerdo con el análisis Tukey ($p < 0,05$).

Germinación estándar

Los resultados de germinación estándar para los genotipos en cada localidad se presentan en la **Tabla 4**. Se encontraron efectos ambientales y efectos genotípicos en la respuesta, sin embargo, no existen efectos de interacción G x E (**Tabla 3**).

Tabla 4. Germinación estándar (GE) expresada en porcentaje de plántulas normales para siete genotipos evaluados en cuatro localidades.

Genotipos	Localidad				
	Cáhuil	Cañete	Coihueco	Pullally	Promedio
QLUC-02	77,33 ± 1,33	76,00 ± 6,11	78,67 ± 9,33	64,00 ± 16,65	74,00 ± 9,26 ab
QLUC-03	88,00 ± 4,62	69,33 ± 20,95	73,33 ± 5,81	49,33 ± 14,11	70,00 ± 13,98 a
QLUC-05	92,00 ± 0,00	72,00 ± 22,27	85,33 ± 4,81	73,33 ± 9,33	80,67 ± 11,64 ab
QLUC-NCH	92,00 ± 4,62	96,00 ± 4,00	85,33 ± 5,81	72,00 ± 8,33	86,33 ± 7,46 ab
QLUC-RCH	93,33 ± 4,81	97,33 ± 2,67	88,00 ± 6,93	72,00 ± 8,00	87,67 ± 7,72 b
QLUC-RM	86,67 ± 5,33	90,67 ± 3,53	81,33 ± 4,81	58,67 ± 11,39	79,33 ± 9,54 ab
REGALONA	93,33 ± 3,53	92,00 ± 0,00	88,00 ± 4,00	81,33 ± 7,42	88,67 ± 4,81 b
Promedio	88,95 ± 4,56 A	84,76 ± 11,97 A	82,86 ± 5,94 A	67,24 ± 11,07 B	

Para variables ambiente y genotipo letras distintas (mayúsculas y minúsculas respectivamente) representan diferencias estadísticamente significativas según el análisis Tukey ($p < 0,05$). Valores expresados como promedios \pm error estándar.

El genotipo que presentó los mayores porcentajes de plántulas normales en todas las localidades correspondió a REGALONA con un 88,7%, seguido de QLUC-RCH con un 87,7% sin ser estadísticamente diferentes entre ellas ni con los otros genotipos a excepción de QLUC-03, quien presentó los menores porcentajes de germinación en tres de las cuatro localidades con una media de 70%.

A nivel de ambiente, Cáhuil, Cañete y Coihueco, en general, presentaron porcentajes de plántulas normales sobre el 82,9% y no se vieron diferencias significativas entre sí. A diferencia de lo anterior, Pullally fue la localidad con los menores porcentajes de germinación con una media de 67,2%.

Germinación fisiológica

Los genotipos presentaron similitudes de comportamiento en la curva de germinación fisiológica en las cuatro localidades estudiadas, exceptuando el genotipo QLUC-NCH (**Figura 2**) quien presentó un comportamiento estadísticamente diferente al grupo. De

igual forma, REGALONA mostró diferencias significativas con el grupo comportandose similar a QLUC-RCH.

La mayoría de los genotipos (exceptuando QLUC-NCH), en las localidades de Cahuil, Cañete, Coihueco, lograron el 50% de germinación fisiológica (T50 GF) entre los días 1,3 y 2,4 con porcentajes finales por sobre el 86% (**Tabla 5**). Pullally generó germinaciones un poco más lenta en los genotipos, los cuales obtuvieron el T50 entre el día 1,75 y 2,5 con porcentajes de germinación fisiológica (GF (%)) que no superaron el 86% pero, no fue diferente estadísticamente con otras localidades.

A diferencia de las otras variables analizadas en este estudio, el GF (%) presentó diferencias significativas para el efecto ambiental, el efecto genotípico y la interacción G x E ($p < 0,0005$) como se muestra en la **Tabla 3**.

Tabla 5. Tiempo en lograr el 50% de germinación en curva de germinación fisiológica (T50 GF) para siete genotipos evaluados en cuatro localidades.

Genotipos	Localidad				Promedio
	Cáhuil	Cañete	Coihueco	Pullally	
QLUC-02	1,31 ± 0,19	1,47 ± 0,08	1,30 ± 0,20	1,78 ± 0,28	1,47 ± 0,21 a
QLUC-03	1,52 ± 0,04	1,33 ± 0,13	1,53 ± 0,04	1,93 ± 0,28	1,58 ± 0,19 a
QLUC-05	1,45 ± 0,08	1,49 ± 0,17	1,46 ± 0,07	1,61 ± 0,09	1,50 ± 0,10 a
QLUC-NCH	3,02 ± 1,10	3,85 ± 0,60	3,45 ± 0,84	3,37 ± 0,69	3,42 ± 0,73 b
QLUC-RCH	1,63 ± 0,14	2,03 ± 0,23	1,75 ± 0,08	2,06 ± 0,38	1,87 ± 0,23 a
QLUC-RM	1,31 ± 0,24	1,49 ± 0,16	1,30 ± 0,21	1,75 ± 0,27	1,46 ± 0,22 a
REGALONA	1,75 ± 0,12	2,36 ± 0,08	1,64 ± 0,07	2,48 ± 0,20	2,06 ± 0,25 a
Promedio	1,71 ± 0,49 A	2,00 ± 0,54 A	1,78 ± 0,50 A	2,14 ± 0,45 A	

Para variables ambiente y genotipo letras distintas (mayúsculas y minúsculas respectivamente) representan diferencias estadísticamente significativas según el análisis Tukey ($p < 0,05$). Valores expresados como promedios ± error estándar.

QLUC-NCH fue el único genotipo que presentó diferencias significativas con otros genotipos y su comportamiento se igualó o se diferenció de los otros según la localidad en que se encontraba. En Coihueco, presentó una clara diferencia de comportamiento respecto al grupo, donde sólo pudo lograr un GF (%) del 64%, llegando al T50 GF en el día 3,45. En la localidad Cañete, se vió también esta diferencia, pero, el T50 GF se

obtuvo cercano al día 3,85 y se logró una GF mayor de 79,3%. A diferencia de los otros genotipos, QLUC-NCH en Pullally obtuvo un mejor T50 GF en comparación a Coihueco y Cañete, demorandose alrededor de 3,37 días.

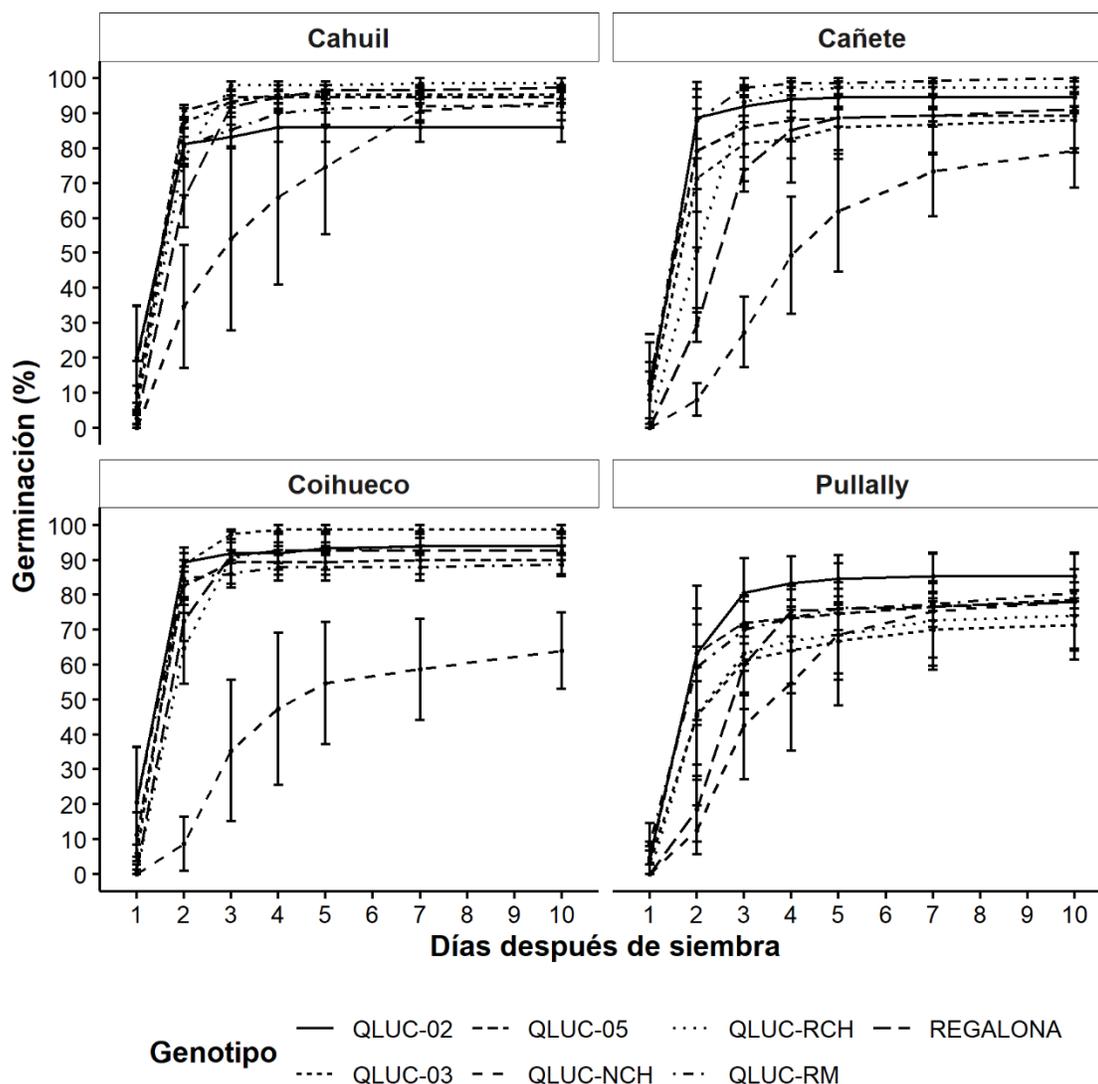


Figura 2. Curvas de germinación fisiológica (%) de diferentes genotipos en cuatro localidades con su respectivo error estándar.

En Cañete, Pullally y Cahuil, REGALONA presenta una leve dificultad en la capacidad de lograr su GF máxima respecto a otros genotipos, efecto que se demuestra en el T50 GF, siendo el segundo genotipos con los valores más alto con 2,4, 2,5 y 1,8

respectivamente. En Coihueco en cambio, el segundo genotipo más lento, luego de QLUC-NCH fue QLUC-RCH con 1,8 días.

Tanto en Cahuil como en Pullaly, QLUC-NCH asimiló más rápido su comportamiento al resto de los genotipos, con GF (%) de 93,3 y 78% respectivamente. Referente a Pullaly, esta fue la localidad que generó las menores diferencias entre el comportamiento de QLUC-NCH y los otros genotipos, demostrando una menor influencia del ambiente en su respuesta.

De acuerdo con IG (**Tabla 6**), Pullaly generó que los genotipos obtuvieran las menores velocidades de germinación, siendo el comportamiento promedio estadísticamente diferente a lo obtenido en Cáhuil, Cañete y Coihueco. Por otro lado, Coihueco y Cáhuil fueron las localidades que permitieron las velocidades de germinación más rápidas para los genotipos respectivamente.

Tabla 6. Índice de germinación (IG) para siete genotipos evaluados en cuatro localidades.

Genotipos	Localidad				
	Cáhuil	Cañete	Coihueco	Pullaly	Promedio
QLUC-02	0,52 ± 0,10	0,51 ± 0,07	0,56 ± 0,08	0,41 ± 0,08	0,50 ± 0,08 d
QLUC-03	0,49 ± 0,02	0,44 ± 0,10	0,51 ± 0,02	0,31 ± 0,07	0,44 ± 0,07 bcd
QLUC-05	0,52 ± 0,05	0,49 ± 0,12	0,49 ± 0,04	0,38 ± 0,05	0,47 ± 0,07 cd
QLUC-NCH	0,31 ± 0,08	0,21 ± 0,05	0,19 ± 0,07	0,23 ± 0,06	0,23 ± 0,06 a
QLUC-RCH	0,49 ± 0,04	0,41 ± 0,04	0,42 ± 0,03	0,31 ± 0,07	0,41 ± 0,06 bc
QLUC-RM	0,53 ± 0,06	0,54 ± 0,07	0,54 ± 0,09	0,39 ± 0,08	0,50 ± 0,08 d
REGALONA	0,44 ± 0,02	0,33 ± 0,01	0,44 ± 0,01	0,27 ± 0,02	0,37 ± 0,05 b
Promedio	0,47 ± 0,06 B	0,42 ± 0,09 B	0,45 ± 0,09 B	0,33 ± 0,07 A	

Para variables ambiente y genotipo letras distintas (mayúsculas y minúsculas respectivamente) representan diferencias estadísticamente significativas según el análisis Tukey ($p < 0,05$). Valores expresados como promedios ± error estándar.

QLUC-NCH fue considerablemente diferente a los otros genotipos, teniendo una velocidad cerca del doble más lenta que los otros genotipos y, al igual que lo sucedido para T50, Coihueco fue la peor localidad para la respuesta del genotipo y Cáhuil la

mejor. Los genotipos con las mejores velocidades fueron QLUC-RM y QLUC-02, ambos con la misma velocidad promedio, en donde para ambos, Coihueco permitió mejores respuestas. Sin embargo, estos genotipos no se diferenciaron estadísticamente de QLUC-05 y QLUC-03. Por otra parte, REGALONA, fue el segundo genotipo con peor comportamiento en los cuatro ambientes, seguido de QLUC-RCH.

En la **Tabla 7** se muestran los porcentajes de germinación fisiológica obtenidas en agua y germinaciones obtenidas cuando semillas se exponen a PEG con un $\psi_o = -0,8 MPa$. Como se puede evidenciar, las germinaciones se ven reducidas en la mayoría de los casos cuando las semillas se encuentran en un medio con potenciales osmótico-negativos. Para el caso de QLUC-NCH se ve un fuerte efecto del medio con PEG en la reducción de las germinaciones en las cuatro localidades. Por el contrario, para QLUC-03, las germinaciones con PEG fueron mejores que las obtenidas con agua en Cañete, Coihueco y Pullally.

Tabla 7. Porcentajes de germinación fisiológica en agua y PEG ($\psi_o = -0,8 MPa$) de siete genotipos de quinoa evaluados en cuatro localidades.

Genotipos	Cáhuil		Cañete		Coihueco		Pullally	
	Agua	PEG	Agua	PEG	Agua	PEG	Agua	PEG
QLUC-02	91,34	86,00	92,66	94,66	92,66	94,00	88,00	85,34
QLUC-03	98,00	95,34	80,66	88,00	94,00	98,66	64,66	71,34
QLUC-05	94,66	94,66	92,00	89,34	90,66	90,00	80,66	78,66
QLUC-NCH	96,00	93,34	97,34	79,34	96,00	64,00	84,00	78,00
QLUC-RCH	99,34	98,66	99,34	97,34	94,00	94,00	84,00	74,00
QLUC-RM	96,00	92,00	99,34	100,00	89,34	88,66	80,00	80,66
REGALONA	98,66	97,34	97,34	91,34	94,66	92,66	87,34	78,00

Envejecimiento acelerado

Todos los genotipos estudiados en las cuatro localidades mostraron una reducción del porcentaje de germinación fisiológica durante el envejecimiento acelerado, logrando diferentes tasas de pérdida de calidad, entendiéndolo esto, como diferentes capacidades de mantenerse longevas en periodos de tiempos determinados (**Figura 3**).

En las cuatro localidades, todos los genotipos obtuvieron porcentajes de germinación por sobre el 80% cuando las semillas no eran expuestas a envejecimiento, sin embargo, cuando las semillas se expusieron a diferentes periodos de envejecimiento, mostraron diferentes tasas de deterioro.

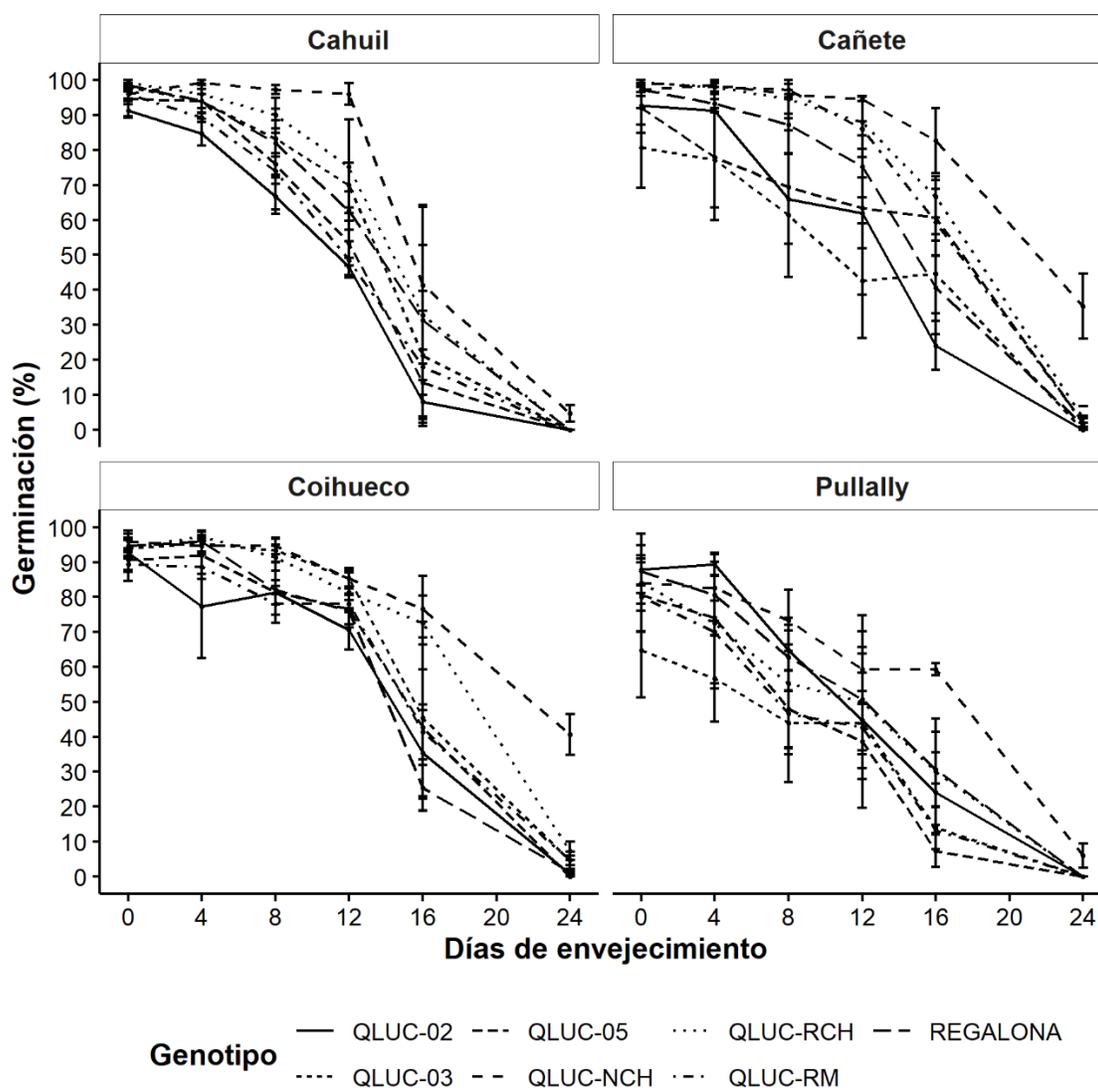


Figura 3. Curvas de envejecimiento acelerado representadas en germinación fisiológica (%) de diferentes genotipos en cuatro localidades con su respectivo error estándar después de diferentes periodos de envejecimiento (días) a 75% HR y 41,5 °C.

Todos los genotipos, exceptuando QLUC-NCH, no obtuvieron diferencias estadísticas frente a su capacidad de mantenerse longevas durante un envejecimiento acelerado.

QLUC-NCH destacó notoriamente del resto de los genotipos al igual que QLUC-RCH, ambos sin diferencias estadísticas entre ellos con promedios de 18,5 y 15,7 respectivamente. Por el contrario, QLUC-05 y QLUC-02 fueron los genotipos menos longevos en la mayoría de los ambientes.

En Cáhuil, los genotipos presentaron un deterioro similar, pero QLUC-NCH logró mantener los porcentajes de germinación más altos (aproximadamente del 10%) a los 24 días de envejecimiento, a diferencia del resto que estuvo cercano al 0% de germinación para el mismo periodo. Referente al T50 EA (**Tabla 8**), Cáhuil no presentó diferencias estadísticas con Cañete, siendo la segunda localidad que afectó más fuerte la longevidad de los genotipos luego de Pullally, con un promedio de 14,4 días, siendo QLUC-02 en genotipo más afectado (12,7 días).

Tabla 8. Tiempo en reducir al 50% la germinación inicial cuando semillas son expuestas a envejecimiento acelerado (T50 EA) para siete genotipos de quinoa evaluados en cuatro localidades.

Genotipos	Localidad				
	Cáhuil	Cañete	Coihueco	Pullally	Promedio
QLUC-02	12,74 ± 0,30	14,19 ± 0,82	15,71 ± 0,77	13,38 ± 1,71	14,01 ± 1,11 a
QLUC-03	15,25 ± 1,89	13,23 ± 2,60	16,34 ± 1,11	13,88 ± 0,24	14,67 ± 1,63 a
QLUC-05	13,25 ± 0,63	13,12 ± 4,31	16,07 ± 1,08	12,27 ± 1,02	13,68 ± 2,14 a
QLUC-RM	13,80 ± 1,20	17,11 ± 0,29	16,63 ± 0,76	10,08 ± 3,08	14,40 ± 2,23 a
QLUC-RCH	14,61 ± 1,71	17,80 ± 0,39	17,72 ± 0,65	12,71 ± 4,02	15,71 ± 2,30 ab
QLUC-NCH	16,06 ± 1,08	20,62 ± 1,04	19,93 ± 0,73	17,57 ± 0,50	18,54 ± 1,33 b
REGALONA	15,09 ± 1,21	15,63 ± 1,09	15,38 ± 0,83	14,30 ± 2,11	15,10 ± 1,23 a
Promedio	14,40 ± 1,24 AB	15,96 ± 2,26 BC	16,83 ± 1,12 C	13,46 ± 2,23 A	

Para variables ambiente y genotipo letras distintas (mayúsculas y minúsculas respectivamente) representan diferencias estadísticamente significativas según el análisis Tukey ($p < 0,05$). Valores expresados como promedios ± error estándar.

En Coihueco, los genotipos presentaron un lento deterioro de las semillas, destacando los altos porcentajes de germinación al día 16 de envejecimiento, cercano a 78%, de los genotipos QLUC-RCH y QLUC-NCH. El T50 EA en Coihueco no presentó diferencias con Cañete y obtuvo un promedio de 16,8 días, siendo el promedio más

alto entre las cuatro localidades. QLUC-RCH y QLUC-NCH destacan por su buena longevidad con 17,7 y 19,9 días respectivamente en dicha localidad.

En Pullally, la localidad que afecta más la longevidad de los genotipos, QLUC-RM obtuvo los menores T50 EA, siendo a su vez, el que mostró el peor comportamiento de todos los genotipos en todos los ambientes con un valor de 10,1 días

Correlaciones entre variables

En la **Figura 4** se muestran correlaciones de algunas variables estudiadas, pudiendo encontrar fuertes y leves correlaciones tanto positivas como negativas.

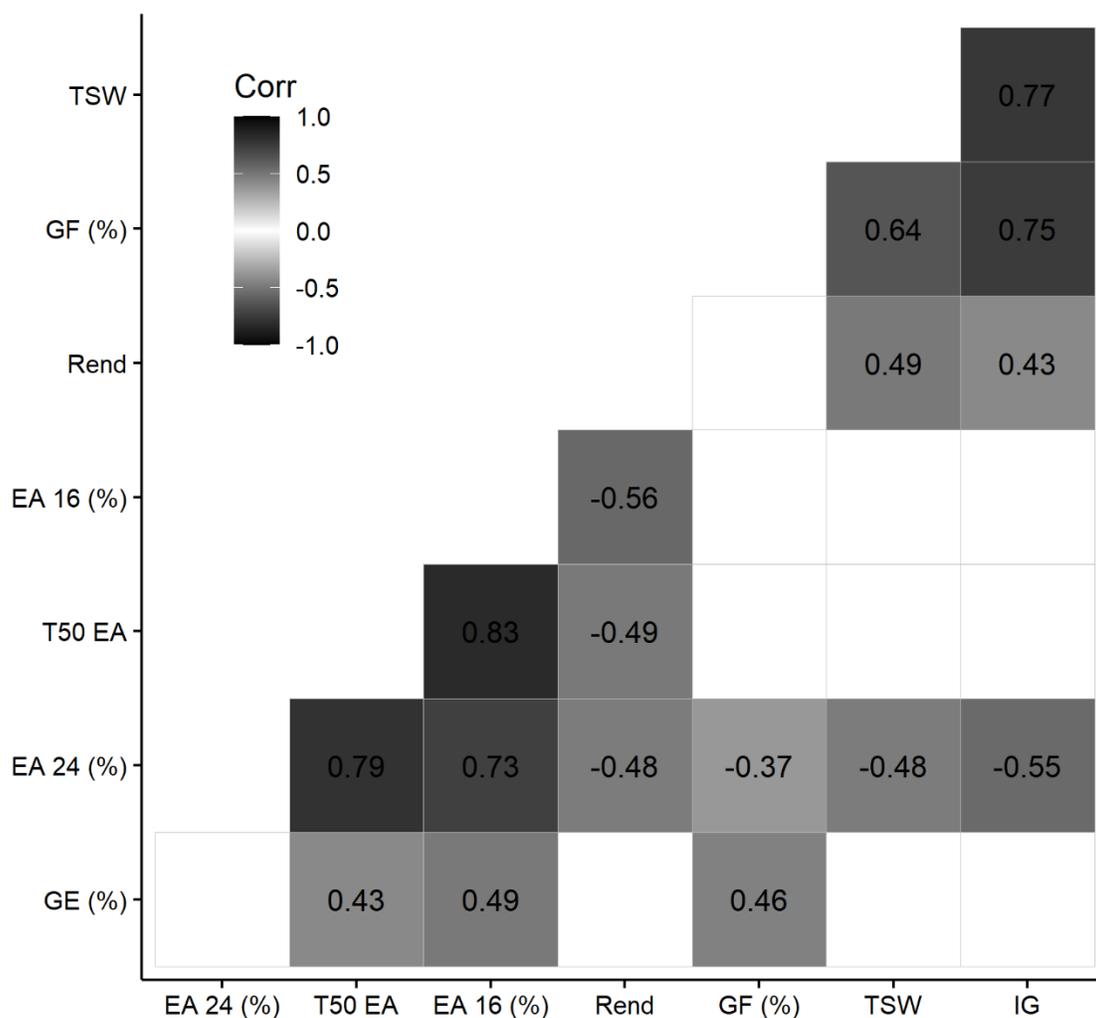


Figura 4. Correlaciones entre porcentaje de Germinación Fisiológica (GF (%)), índice de Germinación (IG), Germinación estándar (GE), tiempo en reducir el 50% de germinación cuando semillas son expuestas a envejecimiento (T50 EA), Peso de mil semillas (TSW), Rendimiento (Rend), Germinación al pasar 16 (EA 16 (%)) y 24 (EA 24 (%)) días de envejecimiento. Análisis realizado con el promedio de las tres repeticiones.

De acuerdo con la **Figura 4**, el índice de germinación (IG) y GF (%) presentan una fuerte correlación positiva entre ellas, de la misma forma que existe con el TSW. Cabe señalar también, la correlación positiva que hay entre GF (%) y el TSW.

Debido a la relevancia de los rendimientos en los programas de mejoramiento genético y su relación con ciertos parámetros de calidad descritos previamente, se consideraron los rendimientos logrados por los siete genotipos en las cuatro localidades estudiadas (**Anexo 1**). El rendimiento obtuvo correlaciones positivas de mediana intensidad con el TSW y el IG. Por otro lado, presentó correlaciones negativas un poco más fuertes con EA 16 (%), T50 EA y con EA 24 (%).

Para el caso de la GE, esta logra una correlación positiva con el T50 EA y con el EA 16 (%). Además, una menor correlación fue descrita para GE y GF (%).

El EA 24 (%) obtuvo correlaciones para todas las variables estudiadas, encontrando principalmente correlaciones negativas. Las correlaciones negativas existentes entre EA 24 (%), GF (%), TSW e IG variaron de leves a una intensidad media.

Interacción Genotipo x Ambiente

Si bien para las variables TSW, IG y T50 EA no se evidenció efectos de interacción G x E (**Tabla 3**), estos componentes fueron estudiados mediante un modelo de Índice ambiental para comprender el peso del componente genotipo (G) y ambiental (E) en su respuesta. En las **Figuras 5, 6, 7 y 8** se representan gráficamente las regresiones lineales de cada genotipo y los índices ambientales para las cuatro localidades.

Para el TSW (**Figura 5**), todos los genotipos presentaron la misma tendencia en las cuatro localidades estudiadas, logrando diferentes pesos de semillas en cada una de las localidades.

QLUC-NCH y QLUC-RCH fueron quienes obtuvieron los menores valores de pendiente (*b*), por lo que presentan una leve estabilidad de comportamiento en las diferentes

localidades, sin embargo, son los que presentan los menores pesos de semillas del grupo.

Por otro lado, QLUC-RM es el genotipo que más destaca del grupo debido a los considerables pesos que puede lograr en las cuatro localidades, pero su gran pendiente hace que, en malos ambientes, su potencial disminuya drásticamente. QLUC-02, QLUC-03 y QLUC-05 también lograron tamaños por sobre el promedio obtenido grupalmente, destacando QLUC-03 ya que además de lograr buenos pesos, tiene una pendiente cercana a uno y un CME bajo.

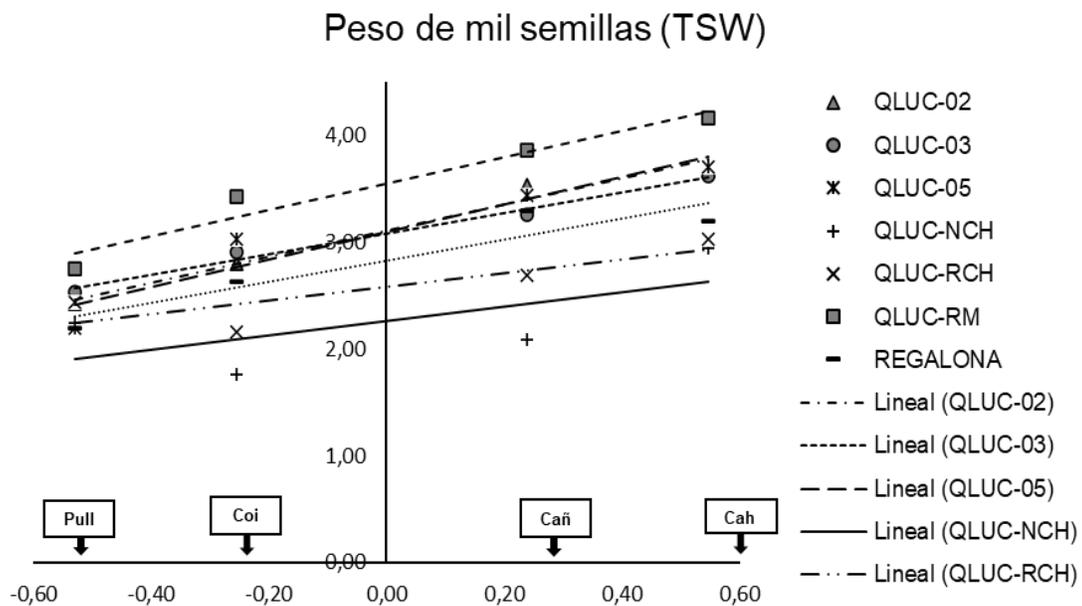


Figura 5. Líneas de regresión y valores promedios por ambiente para siete genotipos de quinoa para variable **Peso de mil semillas (TSW)**. Cada ambiente es representado por un índice ambiental (Pullally = -0,530; Coihueco = -0,256; Cañete = 0,239; Cáhuil = 0,546). Porcentajes de germinación se analizaron luego de ser transformados mediante función probit.

Respecto a GF (%), QLUC-NCH presenta los porcentajes más bajos (**Tabla 9**) obteniendo una capacidad cerca del 50% inferior respecto al promedio del grupo. Sin embargo, como se puede ver en la **Figura 6**, este genotipo presenta una pendiente cercana a cero, mostrando una alta estabilidad de comportamiento en los diferentes ambientes, lo que provoca que en el caso de Pullally, el peor ambiente, supere la

capacidad germinativa de algunos genotipos. Esto, sumado a su bajo valor de CME, demostraría una alta estabilidad y capacidad predictiva de comportamiento cuando es expuesto a diversos ambientes.

QLUC-02 y REGALONA respectivamente, al igual que QLUC-NCH presentaron valores bajos de b y CME, sin embargo, poseen la capacidad de lograr GF (%) cercanos al promedio grupal. Por otro lado, QLUC-RCH, fue quien más superó el porcentaje promedio grupal, destacando en los ambientes Coihueco, Cáhuil y Cañete, pero a diferencia de QLUC-NCH, su alto valor de pendiente genera que en el ambiente Pullally, sólo obtenga mejores porcentajes que QLUC-05 y QLUC-RM, genotipos que se ven altamente afectados en dicho ambiente.

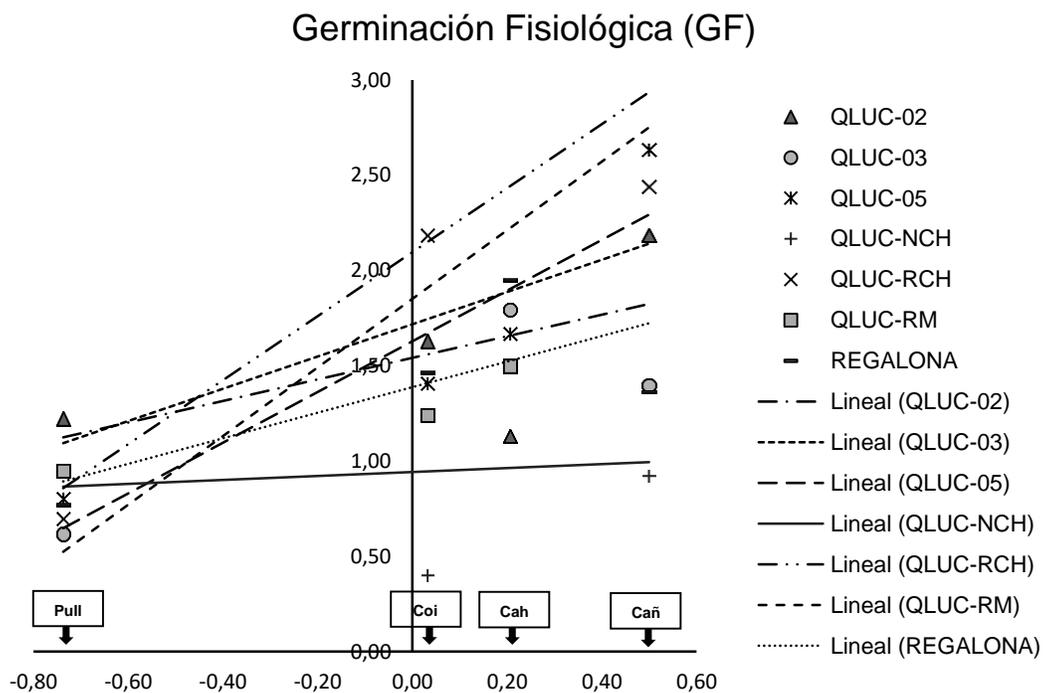


Figura 6. Líneas de regresión y valores promedios por ambiente para siete genotipos de quinoa para variable **Germinación Fisiológica (GF)**. Cada ambiente es representado por un índice ambiental (Pullally = -0,737; Coihueco = 0,031; Cáhuil = 0,207; Cañete = 0,499). Porcentajes de germinación se analizaron luego de ser transformados mediante función probit.

De acuerdo con lo obtenido para IG (**Figura 7 y Tabla 9**), QLUC-NCH posee los menores valores, lo que la describiría como un genotipo lento en germinar, pudiendo demorarse cerca del doble a lo que se demora el promedio de los genotipos. Esto, sumado con su baja pendiente, expresaría que, en ambientes desfavorables, su rapidez en germinar se vería menos afectada que en los genotipos que presentan un b cercano a 1.

Debido a que QLUC-02, QLUC-03, QLUC-05 y QLUC-RM presentan pendientes cercanas a uno y valores de IG sobre el promedio del grupo, estos genotipos podrían describirse como genotipos de buena rapidez germinativa que se comportan de mejor forma cuando los ambientes son favorables para ellos (por ejemplo, en el ambiente Cáhuil).

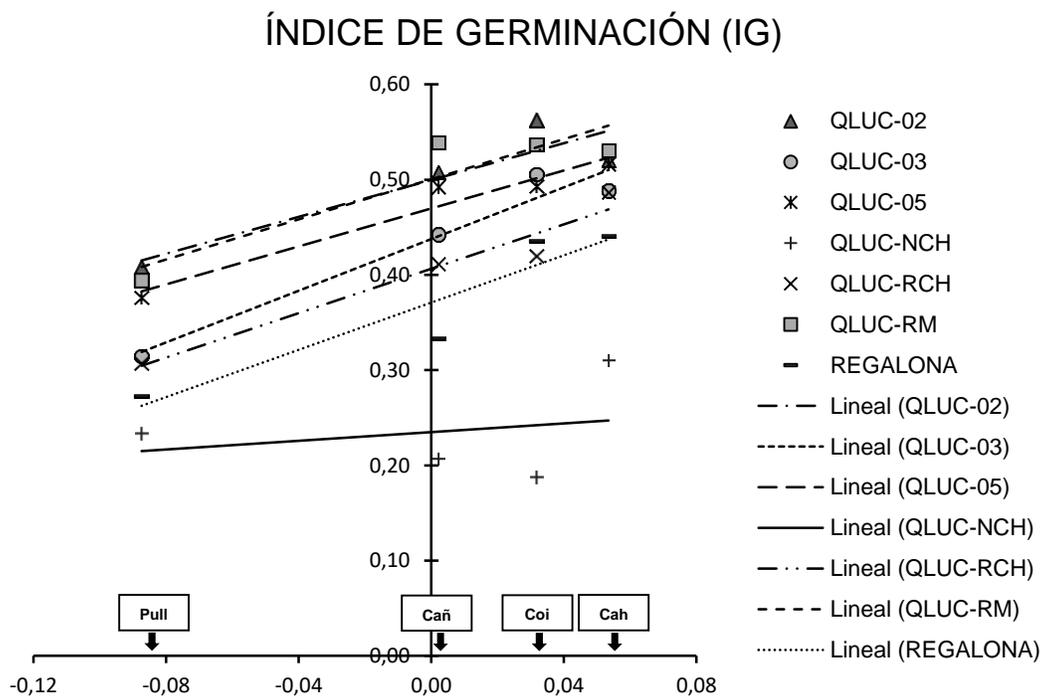


Figura 7. Líneas de regresión y valores promedios por ambiente para siete genotipos de quinoa para variable **Índice de germinación (IG)**. Cada ambiente es representado por un índice ambiental (Pullally = -0,087; Cañete = 0,002; Coihueco = 0,032; Cáhuil = 0,053).

En el caso del T50 EA (**Figura 8 y Tabla 9**), las semillas de QLUC-NCH y QLUC-RCH fueron las que presentaron tiempos sobre el promedio del grupo, lo que define a estos genotipos como las semillas más longevas. REGALONA presentó las líneas de regresión con menor pendiente, uno de ellos menores CME y valores de T50 EA cercanos al promedio del grupo., eso hace que describa como estables frente a diversos ambientes con una alta capacidad de predecir sus comportamientos en estos ambientes.

Las semillas de QLUC-NCH destaca por ser la que más demora en reducir su capacidad germinativa frente a un proceso de envejecimiento acelerado, siendo el genotipo más longevo del grupo. Pero, debido a su alto valor en pendiente, la longevidad de la semilla varía según el ambiente en que se produce.

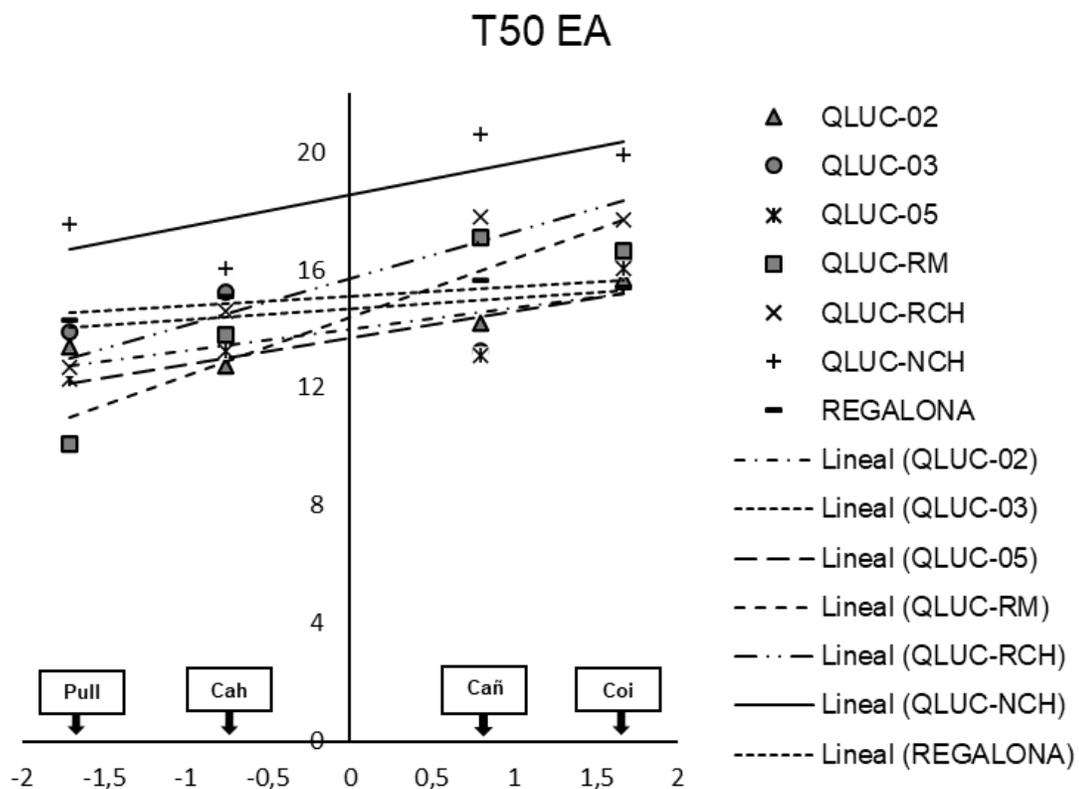


Figura 8. Líneas de regresión y valores promedio por ambiente para siete genotipos de quinoa para variable Tiempo al 50% de germinación en curva de **Envejecimiento Acelerado (T50 EA)**. Cada ambiente es representado por un índice ambiental (Pullally = -1,704; Cáhuil = -0,760; Cañete = 0,797; Coihueco = 1,667).

Tabla 9. Valores porcentuales obtenidos respecto al promedio del grupo (%), coeficiente medio de regresión (*b*) y cuadrado medio del error de la regresión (CME) de modelo de regresión simple lineal, para las variables Índice de germinación, tiempo en reducir el 50% de germinación en curva de envejecimiento acelerado y germinación fisiológica para siete genotipos de quinoa cultivados en cuatro localidades.

Genotipos	TSW %			GF (%)			IG			T50 EA		
	TSW %	<i>b</i>	CME	GF %	<i>b</i>	CME	IG %	<i>b</i>	CME	T50 EA %	<i>b</i>	CME
QLUC-02	106,1	1,21	0,21	96,6	0,57	0,46	119,7	0,97	0,0017	92,4	0,73	1,67
QLUC-03	105,2	0,96	0,07	107,7	0,85	1,29	104,9	1,36	0,004	96,8	0,37	5,39
QLUC-05	105,7	1,29	0,14	102,1	1,33	0,67	112,6	1	0,0036	95	0,7	13,57
QLUC-NCH	77,1	0,67	0,2	59,1	0,1	0,33	56,4	0,23	0,0038	122,3	1,09	3,76
QLUC-RCH	88,1	0,65	0,14	131,4	1,68	0,48	97,4	1,17	0,002	103,6	1,59	9,41
QLUC-RM	121,2	1,24	0,21	116	1,8	0,91	120	1,06	0,0024	95	1,99	8,72
REGALONA	96,5	0,99	0,09	87	0,67	0,14	89	1,25	0,0013	99,6	0,33	5,32

b Corresponde a la pendiente de la regresión, la cual permite predecir la sensibilidad del cultivo, pudiendo entenderse como la estabilidad del genotipo frente a diferentes ambientes.

CME es calculado sobre la base de los valores estimados según el análisis de regresión y expresa la consistencia o repetibilidad del comportamiento, en otras palabras, la estabilidad fenotípica de los genotipos.

GF se analizó transformando los valores obtenidos en porcentajes mediante función Probit.

Discusión

El rendimiento y el tamaño de las semillas han sido foco importante en los programas de mejoramiento de quinoa (Bertero et al., 2004; Granado-Rodríguez et al., 2021a; Naneli et al., 2017) , por lo que sus relaciones con los parámetros de calidad de semilla se han vuelto relevantes de analizar. La correlación positiva entre el TSW y el rendimiento encontrado en este trabajo no fue significativa en los trabajos de Bertero et al. (2004); Bhargava et al. (2007); Granado-Rodríguez et al. (2021a). Sin embargo, este último trabajo menciona una posible influencia del tamaño de las semillas en los rendimientos obtenibles por los genotipos, pudiendo el ambiente, ser crucial en esta relación.

Cáhuil fue la localidad que logró los mayores tamaños de semillas para todos los genotipos (**Tabla 2**), lo que podría estar dado por presentar temperaturas medias relativamente bajas respecto a las otras localidades y eventos de precipitaciones suficientes para que no presentara un severo estrés hídrico (**Figura 1**). Estudios previos ha evidenciado que combinaciones de bajas temperaturas, específicamente en los últimos periodos del cultivo, sumados a suficientes precipitaciones, permiten obtener pesos y áreas de semillas mayores (Granado-Rodríguez et al., 2021a), a diferencia de lo que genera la combinación de altas temperaturas y sequías, lo que concuerda con caso de Pullally, en donde se dieron altas temperaturas y reducidos eventos de precipitaciones. Sin embargo, los genotipos Chilotes, demostraron un comportamiento relativamente diferente al grupo, ya que los TSW más bajo lo obtuvieron en la localidad Coihueco, el ambiente más lluvioso y con la mayor amplitud térmica, y los mejores TSW los obtuvieron en Cáhuil, con bajas temperaturas y limitadas precipitaciones. Esto podría corroborar la mayor relevancia de las temperaturas en la etapa del llenado de grano sobre el peso que pueden llegar a lograr las semillas.

Naneli et al. (2017) encontró que los granos de coloraciones oscuras y rojizas presentaron menores pesos que granos. Algo similar ocurrió en este caso, ya que para todas las localidades QLUC-RCH y QLUC-NCH (roja y negra chilota), obtuvieron los menores pesos respectivamente. Granado-Rodríguez et al. (2021a) encontró correlaciones tanto positivas como negativas entre ciertos componentes del color con el área de semillas y el peso. Esto podría sugerir que el color del grano puede estar

relacionado con la capacidad de llenar los granos y obtener mayores pesos, sin embargo, se requiriere de mayor evidencia para esta afirmación.

Por otro lado, no se encontró un efecto interacción G x E para TSW, pero sí se encontró un fuerte peso del ambiente y del genotipo por sí solos en la respuesta obtenida. Bertero et al. (2004) describió un efecto de componente G sobre la interacción G x E en una relación 1:1 para el tamaño de semillas en quinoa. De la misma forma se ha descrito la relevancia del año y la interacción año x genotipo (G x Y) en la respuesta de la quinoa frente al peso de mil semillas (Granado-Rodríguez et al., 2021a).

Dentro de las variables ambientales a las cuales la planta madre ha sido expuesta y pueden afectar la respuesta de los genotipos para el peso de mil semillas, tamaño de grano o área de grano, junto con componentes de la calidad de semillas, se han descrito, por ejemplo, la fecha de siembra, temperatura, precipitaciones, fotoperiodos e interacciones entre variables (Bertero et al., 2004; Bertero et al., 1999; Granado-Rodríguez et al., 2021a; Granado-Rodríguez et al., 2021b; Naneli et al., 2017). La salinidad, por otro lado, se ha visto que sólo puede afectar a niveles altos de NaCl el peso de las semillas, ya que la semilla podría ser capaz de compensar físicamente este estrés aumentando el contenido de agua y cenizas en las semillas (Werner & Said, 2008).

El TSW correlacionó negativamente con EA 24 (%), lo que puede entenderse como que entre menor sea el tamaño de las semillas, las semillas lograrán tener mejores capacidades de mantenerse longevas en un periodo de tiempo determinado. Esta relación entre tamaño de semilla y longevidad de semillas ha sido descrita previamente por Ayala et al. (2020).

Una correlación positiva se encontró entre TSW y germinación fisiológica con ψ_o negativos, esta puede entenderse como que semillas más pesadas logran mayores porcentajes de germinación. Esto también, puede entenderse como que los genotipos con semillas más grandes del estudio, presentaron menores requerimientos para romper alguna dormancia existente, por lo que en condiciones desfavorables (como potenciales osmóticos negativos), las semillas mantienen su capacidad de germinar, sin embargo, semillas más pequeñas, como las chilotas, requieren de mayores condiciones para romper su dormancia, lo que se corrobora en la **Tabla 7**, donde

genotipos como QLUC-03 mejoraron su germinación con PEG y QLUC-NCH reducía considerablemente su germinación.

Se ha visto que para germinación fisiológica el efecto interacción del genotipo, año y su interacción han sido significativos en quinoa (Granado-rodríguez *et al.*, 2021a). En este estudio se vio un efecto del genotipo, del ambiente y de la interacción G x E en los porcentajes de germinación obtenidos. Para este caso, el peso de ambiente en los porcentajes de germinación finales, seguido de la interacción G x E, fueron mayores al que aportaba el factor genotipo (**Tabla 3**), en cambio, los parámetros de velocidad de germinación estudiados (como IG y T50 GF), presentaron una mayor influencia del genotipo, sin una interacción G x E. Esto, podría indicar que la velocidad de germinación es propia de cada genotipo en estudio, sin embargo, factores externos, junto con su interacción con cada genotipo son los determinantes en el potencial germinativo de las semillas.

Granado-Rodríguez *et al.* (2021a) ha postulado la influencia de minerales como el K, P, Mg y Mn presentes en el ambiente en la capacidad de germinación de la quinoa lo que de igual forma se ha descrito para *Chenopodium álbum* (Granado rodríguez, *et al.*, 2021b). Sin embargo, esto no ha sido considerado para el estudio, pero puede ser algo relevante a considerar en el futuro.

La correlación positiva entre germinación fisiológica y GE no se ha reportado previamente para quinoa. Por otro lado, las correlaciones positivas entre EA 16 (%) y EA 24 (%) con GE podrían indicar que semillas con la capacidad de ser más longevas, también presentarían una mayor capacidad de generar plántulas normales. Sin embargo, al ser todos estos parámetros de calidad de semilla, es esperable que se correlacionen positivamente. De igual forma, estos resultados respaldan el posible uso de la prueba de envejecimiento acelerado como pruebas de vigor de semillas para quinoa.

La presencia de dormancia fisiológica en semillas de algunos cultivares de quinoa ha sido descrita previamente (Ayala *et al.*, 2020; Ceccato *et al.*, 2011, 2015). Dentro de los estudios realizados, se ha visto que diferentes grupos de semillas pueden presentar diferentes niveles de dormancia y su capacidad de mantenerla en diferentes condiciones. Dentro de dichas condiciones se ha descrito las fechas de siembra (en referencia al fotoperiodo) las temperaturas en las cuales la semilla se desarrolló en la planta madre, las temperaturas de germinación y condiciones de almacenamiento

(Ceccato et al., 2011, 2015). Por otro lado, también se ha visto que la dormancia, luego de un periodo, puede desaparecer, lo que favorece la germinación en la siguiente temporada (Ceccato et al., 2011).

Debido a una cierta tendencia de los genotipos que presentan dormancia, nació la duda de que puedan existir ciertos factores físicos que generan las diferencias de los genotipos frente a la dormancia de las semillas, es por esto, que Ceccato et al. (2015) estudió la influencia de la cubierta de la semilla en la dormancia. En este estudio se propuso que la dormancia podía estar impuesta por la cubierta de las semillas, relacionadas con la capacidad de lixiviación de ABA junto con una posible dormancia embrionaria, las cuales se condicionan por condiciones de temperatura y fotoperiodos específicos. En este estudio, QLUC-NCH presentó un comportamiento más dormante en Coihueco, y un comportamiento menos dormante en Cáhuil. La localidad Coihueco, en la etapa de llenado de granos, presentó temperaturas promedias un poco más altas frente a las otras localidades. Por otra parte, en Cáhuil, las temperaturas en el llenado de los granos fueron un poco más bajas. Esto va a favor con lo expresado por Ceccato et al. (2011), respecto a las temperaturas en llenado de grano, sin embargo, no coinciden con los requisitos de fechas de siembra (fotoperiodo).

Cuando se analizó la germinación fisiológica bajo el modelo de regresión simple lineal, se pudo ver un claro efecto de la interacción G x E en el comportamiento de QLUC-NCH bajo este parámetro, lo que podría ser un posible indicador de que la dormancia podría estar relacionada con la interacción G x E.

Una posible relación entre la dormancia y la longevidad podría indicar el comportamiento de QLUC-NCH, ya que este genotipo presentó la dormancia más profunda en el grupo, pero también, fue quien logró mantenerse más longeva en un periodo de tiempo, resultados, que previamente se han descrito en Ayala et al. (2020); Ceccato et al. (2011), en donde se evaluaron semillas con un origen geográfico en común con QLUC-NCH.

Para el tiempo en que demoran los genotipos en reducir su germinación al 50% cuando se exponen a un envejecimiento acelerado, no se encontraron efectos de interacción G x E, pero sí efectos del genotipo y del ambiente por si solos, con un peso similar entre ellos. A diferencia de los otros parámetros, todos los genotipos, e incluso QLUC-NCH, no mostraron en el modelo de regresión lineal simple un efecto interacción G x E expresado por la pendiente (b) de la regresión. Esto indicaría que la longevidad de las

semillas es controlada por el factor genotipo, pero puede variar según las condiciones ambientales en la que se encuentre. De todas formas, la destacable longevidad presentada en las semillas de QLUC-NCH respecto a otros genotipos, la hacen un buen candidato para programas de mejoramiento de este atributo de calidad de semillas.

Se han encontrado relaciones entre la estabilidad de las proteínas con la longevidad de las semillas (referente a la capacidad de revertir la insolubilidad de las proteínas en las primeras etapas de germinación), junto con la acumulación de productos finales de la glicación o "AGEs" que iría en contradicción con la longevidad (Castellón et al., 2010). Pero, estos estudios han sido limitados hasta la fecha, porque no se conoce bien en comportamiento de las quinoas frente a su longevidad.

Las semillas más rápidas de germinar fueron también las más pesadas y las capaces de lograr mejores rendimientos respecto al resto, junto con lograr los mayores porcentajes de germinación, sin embargo, pareciesen tener menor capacidad de mantenerse longevas. Esta relación se ve claramente por ejemplo en el comportamiento de QLUC-NCH en Coihueco, la localidad que generó los menores tamaños para este genotipo y los menores porcentajes de germinación. Sin embargo, fue en este ambiente donde se vio una mayor capacidad de mantenerse longevas.

Conclusiones

Debido a la amplia respuesta encontrada entre los diferentes genotipos estudiados previamente frente a los diferentes aspectos de la quinoa, y específicamente en los parámetros de calidad de semillas, nace la necesidad de estudiar los genotipos bajo objetivos específicos, siendo una buena discriminante, el origen geográfico de estos. Esto produce que, frente a cualquier objetivo de mejoramiento genético de quinoa, es necesario realizar selecciones específicas para ambientes determinados.

De la mano con lo anterior, conocer el peso del genotipo, de ambiente y de su interacción permite de cierta forma predecir los comportamientos de los genotipos y de la estabilidad de comportamiento de estos frente a ambientes cambiantes. El modelo de regresión simple lineal es un indicador simple y adecuado para estudiar las interacciones dadas, permitiendo discriminar entre genotipos. Gracias a lo anterior, se pudo encontrar un efecto interacción en el porcentaje de germinación, resultados que previamente no se han descrito para quinoa.

La dormancia encontrada en QLUC-NCH corrobora resultados previamente descritos en los genotipos con un origen geográfico similar, presentando evidencia sobre el posible peso que juega el genotipo en primer lugar en esta respuesta y la presencia de efectos interacción G x E en ella para algunos genotipos. Por otro lado, en la línea de lo observado por otros autores, los resultados respaldan la existencia de una posible relación entre dormancia y longevidad de las semillas.

QLUC-NCH destaca del resto de los genotipos estudiados por su presencia de dormancia y mayor longevidad de sus semillas, independiente de la localidad de producción. Esto, lo convierte en un genotipo idóneo para estudios de dormancia y longevidad, junto con ser posible de incorporar en programas de mejoramiento genético de quinoas relacionados con la mejora de brotaciones prematuras. Además de lo anterior, debido a su larga longevidad en las diferentes localidades, puede ser un genotipo candidato en programas de mejoramientos genéticos relacionados a dicha área.

Resumen

La quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) es originaria de la región Andina de América del Sur. Se ha visto una fuerte variabilidad en la respuesta de cultivares a variaciones ambientales. Un factor determinante en la producción de cultivos es la calidad de semillas, la cual se ha estudiado principalmente para parámetros de germinación. El objetivo de este trabajo fue determinar diferencias de calidad de semilla asociadas al genotipo y el ambiente de producción. Para esto, se evaluaron distintos atributos de calidad de semilla de siete genotipos de quinoa en cuatro localidades diferentes. Resultados se analizaron mediante ANOVA y comparación de medias. Además, se utilizó un modelo de regresión simple lineal para estudiar la estabilidad de los genotipos en diferentes ambientes. No se encontró un efecto interacción para el peso de semillas, índice de germinación, y tiempo a alcanzar 50% de germinación en curva de envejecimiento acelerado, sin embargo, se encontró en el porcentaje de germinación. La temperatura y las precipitaciones en llenado de granos pueden ser cruciales en determinar el peso de las semillas, TSW correlaciona negativamente con la longevidad. Un genotipo chilote demostró una dormancia destacable, lo que podría estar dado por aspectos tanto físicos como fisiológicos y un posible efecto interacción G x E. La longevidad de las semillas no se asocia con la interacción, sin embargo, el factor genotípico es determinante. Una relación entre dormancia y longevidad es propuesta. Selecciones específicas son necesarias en quinoa, junto con conocer el efecto interacción.

Palabras claves: Calidad de semillas, Germinación, Longevidad, Dormancia.

Referencias

- Ayala, C., Fuentes, F., & Contreras, S. (2020). Dormancy and cardinal temperatures for germination in seed from nine quinoa genotypes cultivated in Chile. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation*, 1–6.
<https://doi.org/10.1017/S1479262120000209>
- Bazile, D., Jacobsen, S., & Verniau, A. (2016). The Global Expansion of Quinoa: Trends and Limits. *Frontiers in Plant Science*, 7(622), 1–6.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00622>
- Bertero, D., de La Vega, A., Correa, G., Jacobsen, S., & Mujica, A. (2004). Genotype and genotype-by-environment interaction effects for grain yield and grain size of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) as revealed by pattern analysis of international multi-environment trials. *Field Crops Research*, 89(2–3), 299–318.
<https://doi.org/10.1016/j.fcr.2004.02.006>
- Bertero, H., King, R., & Hall, A. (1999). Photoperiod-sensitive development phases in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Field Crops Research*, 60(3), 231–243.
[https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(98\)00128-2](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(98)00128-2)
- Bewley, J., Bradford, K., Hilhorst, H., & Nonogaki, H. (2012). Longevity, Storage, and Deterioration Abstract. In *Seeds: Physiology of Development, Germination and Dormancy, 3rd Edition* (3rd ed., pp. 341–376). <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-4693-4>
- 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>
- Bois, J., Winkel, T., Lhomme, J., Raffailac, J., & Rocheteau, A. (2006). Response of some Andean cultivars of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) to temperature: Effects on germination, phenology, growth and freezing. *European Journal of Agronomy*, 25(4), 299–308. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2006.06.007>
- Castellión, M., Matiacevich, S., Buera, P., & Maldonado, S. (2010). Protein deterioration and longevity of quinoa seeds during long-term storage. *Food Chemistry*, 121(4), 952–958. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2010.01.025>

- Ceccato, D., Bertero, D., & Batlla, D. (2011). Environmental control of dormancy in quinoa (*Chenopodium quinoa*) seeds: Two potential genetic resources for pre-harvest sprouting tolerance. *Seed Science Research*, 21(2), 133–141. <https://doi.org/10.1017/S096025851100002X>
- Ceccato, D., Bertero, D., Batlla, D., & Galati, B. (2015). Structural aspects of dormancy in quinoa (*Chenopodium quinoa*): Importance and possible action mechanisms of the seed coat. *Seed Science Research*, 25(3), 267–275. <https://doi.org/10.1017/S096025851500015X>
- Ceccato, D., Delatorre-Herrera, J., Burrieza, H., Bertero, D., Martínez, E., Delfino, I., Moncada, S., Bazile, D., & Castellion, M. (2014). Fisiología de las semillas y respuesta a las condiciones de germinación. In B. D. y N. C. Bazile, D. (Ed.), *Estado de arte de la quinua en el mundo en 2013* (pp. 153–166). <https://doi.org/10.13140/2.1.2236.0644>
- Contreras, S., & Krarup, C. (2000). INTERACCION GENOTIPO AMBIENTE EN CINCO CULTIVARES DE ESPARRAGO (*Asparagus officinalis* L.). *Ciencia e Investigacion Agraria*, 27(3), 133–139.
- Eberhart, S., & Russell, W. (1966). Stability Parameters for Comparing Varieties 1. *Crop Science*, 6(1), 36–40. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183x000600010011x>
- Fuentes, F., Bazile, D., Bhargava, A., & Martínez, E. A. (2012). Implications of farmers' seed exchanges for on-farm conservation of quinoa, as revealed by its genetic diversity in Chile. *Journal of Agricultural Science*, 150(6), 702–716. <https://doi.org/10.1017/S0021859612000056>
- Fuentes, F., Martinez, E., Hinrichsen, P., Jellen, E., & Maughan, P. (2009). Assessment of genetic diversity patterns in Chilean quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) germplasm using multiplex fluorescent microsatellite markers. *Conservation Genetics*, 10(2), 369–377. <https://doi.org/10.1007/s10592-008-9604-3>
- Garrido, M., Silva, P., Silva, H., Muñoz, R., Baginsky, C., & Acevedo, E. (2013). Evaluación del rendimiento de nueve genotipos de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) bajo diferentes disponibilidades hídricas en ambiente mediterráneo. *Idesia (Chile)*, 31(2), 69–76. <https://doi.org/10.4067/s0718-34292013000200010>
- González, L., & Ananciaga, I. (2021). Validation Study for Germination Test of *Chenopodium quinoa*. *International Seed Testing Association (ISTA)*, 161, 27–29.

- Granado-Rodríguez, S., Aparicio, N., Matías, J., Pérez-Romero, L., Maestro, I., Gracés, I., Pedroche, J., Haros, C., Fernandez-Garcia, N., Navarro del Hierro, J., Martin, D., Bolaños, L., & Reguera, M. (2021). Studying the Impact of Different Field Environmental Conditions on Seed Quality of Quinoa: The Case of Three Different Years Changing Seed Nutritional Traits in Southern Europe. *Frontiers in Plant Science*, *12*(649132), 1–21. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.649132>
- Granado-Rodríguez, S., Vilariño-Rodríguez, S., Maestro-Gaitán, I., Matías, J., Rodríguez, M., Calvo, P., Cruz, V., Bolaños, L., & Reguera, M. (2021). Genotype-dependent variation of nutritional quality-related traits in quinoa seeds. *Plants*, *10*(2128), 1–22. <https://doi.org/10.3390/plants10102128>
- ISTA. (2009). *Seed Vigor Testing Handbook. Third Edition*. 341 pp.
- ISTA. (2020). *International rules for seed testing*. The International Seed Testing Association (ISTA) Bassersdorf, Switzerland.
- Jacobsen, S. (2003). The worldwide potential for quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Reviews International*, *19*(1–2), 167–177. <https://doi.org/10.1081/FRI-120018883>
- Manjarres, E., Morillo, A., & Reyes, W. (2020). Seed quality of 22 quinoa materials (*Chenopodium quinoa* Willd.) from the department of Boyaca. *Revista Ceres*, *67*(4), 306–314. <https://doi.org/10.1590/0034-737X202067040008>
- Matus, I. (2015). El cultivo de la quínoa en Chile. *Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación Rayentué, N° 362*, 103 p.
- Matus-Cádiz, M., Hucl, P., Perron, C., & Tyler, R. (2003). Genotype X environment interaction for grain color in hard white spring wheat. *Crop Science*, *43*(1), 219–226. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.2190>
- Michel, B. (1983). Evaluation of the Water Potentials of Solutions of Polyethylene Glycol 8000 Both in the Absence and Presence of Other Solutes. *Plant Physiology*, *72*(1), 66–70. <https://doi.org/10.1104/pp.72.1.66>
- Naneli, I., Tanrikulu, A., & Dokuyucu, T. (2017). Response of the Quinoa Genotypes to Different Locations by Grain Yield and Yield Components. *International Journal of Agriculture Innovations and Research*, *6*(3), 447–451.
- Romero, G., Heredia, A., & Chaparro Zambrano, H. (2018). Germinative potential in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) seeds stored under cool conditions. *Revista*

- U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*, 21(2), 341–350.
<https://doi.org/10.31910/rudca.v21.n2.2018.1076>
- Tan, M., & Temel, S. (2018). PERFORMANCE OF SOME QUINOA (*Chenopodium quinoa* Willd.) GENOTYPES GROWN IN DIFFERENT CLIMATE CONDITIONS. *Turkish Journal Of Field Crops*, 23(2), 180–186.
<https://doi.org/10.17557/tjfc.485617>
- Vega-Gálvez, A., Miranda, M., Vergara, J., Uribe, E., Puente, L., & Martínez, E. (2010). Nutrition facts and functional potential of quinoa (*Chenopodium quinoa* willd.), an ancient Andean grain: A review. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 90(15), 2541–2547. <https://doi.org/10.1002/jsfa.4158>
- Winston, P., & Bates, D. (1960). Saturated Solutions For the Control of Humidity. *Ecology*, 41(1), 232–237.

Anexos

Genotipos	Cáhuil	Cañete	Coihueco	Pullally	Promedio
QLUC-02	4425	3644	2572	3989	3658
QLUC-03	4731	5080	3906	5067	4696
QLUC-05	5750	2954	3707	2911	3831
QLUC-NCH	3037	1890	2700	3167	2699
QLUC-RCH	4601	2439	2956	4067	3516
QLUC-RM	4433	3529	3594	3339	3724
REGALONA	3407	1913	2733	2567	2655
Promedio	4341	3064	3167	3587	

Anexo 1. Rendimientos en Kg de siete genotipos de quinoa en cuatro localidades.

Valores obtenidos de sumatoria de Kg obtenida en los tres bloques.

