

## Caracterización molecular de *Chenopodium berlandieri* (Chenopodiaceae) silvestres y cultivados del centro de México

Juan Manuel García-Andrade<sup>1</sup>  
Eulogio De la Cruz-Torres<sup>1,§</sup>  
Martín Rubí-Arriaga<sup>2</sup>  
Antonio Laguna-Cerda<sup>2</sup>  
Dora Ma. Sangerman-Jarquín<sup>3</sup>

1 Departamento de Biología-Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Carretera México-Toluca s/n, La Marquesa, Ocoyoacac, México. CP. 52750. Tel. 55 53297200, ext. 12310. (jmanuel.garcia@inin.gov.mx).

2 Facultad de Ciencias Agrícolas-Campus El Cerrillo-Universidad Autónoma del Estado de México. El Cerrillo Piedras Blancas, Toluca, México. CP. 50200. Tel. 722 2965529. (mrubia@uaemex.mx; m-rubi65@yahoo.com.mx; alagunac@uaemex.mx).

3 Campo Experimental Valle de México-INIFAP. Carretera Los Reyes-Texcoco km 13.5, Coatlinchán, Texcoco, Estado de México, México. Tel. 55 8718700, ext. 85353. (sangerman.dora@inifap.com.mx).

Autor para correspondencia: eulogio.delacruz@inin.gov.mx.

### Resumen

Dentro del género *Chenopodium* se ubican dos especies de importancia en la alimentación de Mesoamérica y Sudamérica a saber *Chenopodium quinoa* Willd. (Quinoa) y *Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*, cuyos recursos genéticos; no obstante, su gran potencial alimenticio y de adaptabilidad, no han sido caracterizados. Con el objetivo de caracterizar molecularmente germoplasma de Chía roja, Huauzontle (*Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*) y quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) se estudiaron molecularmente un total 48 genotipos procedentes de los Bancos de Germoplasma, del Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares y del Plant Genetic Resources Laboratory of Brigham Young University. Para determinar la variabilidad genética se utilizaron 14 marcadores microsatélites (SSR), específicos para *Chenopodium*. La afinidad genética se evaluó usando el coeficiente de similitud de Jaccard y el análisis de resultados se realizó mediante el método UPGMA. Los resultados indican que, dentro de los genotipos estudiados de ambas especies se produjeron 175 alelos, que van de 8 (KGA16, QCA88) a 16 (QCA37, QAAT74, QCA57) siendo estos los que más alelos por locus obtuvieron. En el dendrograma se pudo apreciar que a un coeficiente de 0.9 se formaron cuatro grupos principales donde en los grupos 1 y 2 se unen líneas avanzadas de quinua con chía roja, mutantes de chía roja y huauzontle, en los grupos 3 y 4, chía y huauzontle y en el grupo cinco se incluye todo el germoplasma del Plant Genetic Resources Laboratory of BYU, integrado en su mayoría por subespecies de *Chenopodium zsachei*, *boscianum* y *zinatum*. Se concluyó que existe gran afinidad genética entre la quinua, el huauzontle y la chía roja lo que abre posibilidad de realizar cruza inter e intraespecíficas para el mejoramiento genético de ambas especies.

### Palabras clave:

*Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*, *Chenopodium quinoa*, marcadores moleculares, SSR.

## Introducción

En años recientes, ha crecido el interés en recuperar y valorar cultivos de alto contenido proteínico y valor nutricional, que tienen un prometedor potencial de explotación y que contribuyan a reducir la desnutrición, un ejemplo de éstos es la chía roja (*Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*), el huauzontle (*Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*) y la quinua, (*Chenopodium quinoa* Willd), pseudocereales de grano comestible (García, 2017).

Los pseudocereales tienen gran relevancia dado que se trata de un recurso biológico de alto valor nutritivo y gran rusticidad, ya que toleran climas fríos, sequía, salinidad y suelos pobres (Eisa *et al.*, 2012; Jacobsen *et al.*, 2012). Por estas características constituyen una alternativa de cultivo para las regiones marginales del país (De la Cruz *et al.*, 2010).

Dentro de este grupo se encuentran la quinua, la chía roja y el huauzontle y especies del género *Amaranthus* (Xingú-López, 2018). Estos cultivos tuvieron gran importancia alimenticia, económica y religiosa entre las civilizaciones prehispánicas, dado que constituían la base de la alimentación al igual que el maíz (*Zea mays* L.) y el frijol (*Phaseolus vulgaris* L.); sin embargo, a la llegada de los españoles su cultivo y consumo quedó rezagado e incluso prohibido, sobreviviendo en zonas muy apartadas (Ramírez *et al.*, 2011). La chía roja, el huauzontle, así como la quinua poseen cualidades nutricionales excepcionales (12.5 a 16.7% de proteína, 5% de lípidos y de 58 al 76.2% de carbohidratos) (Yasui *et al.*, 2016).

El estudio de la diversidad genética es muy importante para la conservación, evaluación y utilización de los recursos genéticos para el mejoramiento vegetal y para determinar la autenticidad de cultivares o variedades, facilitando las prácticas de una agricultura sustentable, que pueda llevar a una soberanía alimentaria (Xingú, 2010).

En la actualidad existen varias técnicas moleculares, que permiten conocer la variabilidad genética en las poblaciones naturales. Así, existen varios tipos de marcadores moleculares, que se utilizan en el mejoramiento genético para obtener estimaciones de las distancias genéticas entre poblaciones, variedades, líneas o híbridos, así como para el establecimiento de relaciones de parentesco entre líneas o variedades detectando polimorfismos en loci únicos o múltiples de tipo dominante o co-dominante (Xingú, 2010).

También se emplean marcadores moleculares, para la caracterización genética del germoplasma de *Chenopodium* ya que se han utilizado para diferenciar genotipos bajo condiciones ambientales, que confundieron sus fenotipos (Nolasco *et al.*, 2013). Las repeticiones simples de secuencia (SSR) son uno de los marcadores moleculares frecuentemente usados para genotipificación en cultivos (Jarvis *et al.*, 2008).

Los microsatélites simples sequence repeats (SSR) o también conocidos como secuencias cortas o simples, son repeticiones de mono-, di-, tri- y tetranucleótidos, constituidos de 2 a 10 pares de bases como unidad básica, se encuentran en todo el genoma de los organismos eucariontes ya sea en regiones codificantes y no codificantes. Su técnica que requiere poco ADN, sin tener una alta calidad de pureza, y brindan resultados altamente polimórficos, siendo su interpretación es relativamente sencilla (Allende, 2014).

Con el objetivo determinar la variabilidad genética en el germoplasma de chía roja, huauzontle (*Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*) y quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) colectado en zonas productoras del Estado de México y materiales silvestres de USA, se realizó la caracterización molecular de 48 materiales, que incluyen la colección del Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares de México y del Plant Genetic Resources Laboratory of Brigham Young University, USA, utilizando 14 iniciadores para microsatélites desarrollados específicamente para *Chenopodium* por Maughan *et al.* (2013).

Esta caracterización permitió determinar el grado de variabilidad dentro de especies, así como la afinidad dentro de quinua, huauzontle y chía, para diseñar estrategias de mejoramiento genético mediante hibridación, que permitan combinar caracteres deseables. Este estudio también corroboró trabajos evolutivos, dado que se considera que *Chenopodium quinoa* Willd. y

*Chenopodium berlandieri* que se domesticaron independientemente esta última en Mesoamérica y Norteamérica, mientras que la primera se domesticó en Sudamérica de (Maughan *et al.*, 2024).

## Materiales y métodos

Se evaluaron 48 genotipos entre variedades (grupo de plantas producto de un trabajo de mejoramiento) y colectas (muestras tomadas en campo de ejemplares cultivados y silvestres) del Banco de Germoplasma del Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares (ININ) y del Banco de Germoplasma del Plant Genetic Resources Laboratory of Brigham Young University.

Se utilizó semilla del género *Chenopodium*: tres colectas de *Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae* var. *huauzontle* (H3, H16 y H18 del Valle de Toluca), cinco colectas de *Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae* var. *chía roja* (J. Silva, D. Oros, R. Rguez, P. Bravo y Zumbaro de la rivera del Lago de Pátzcuaro, Michoacán), dos líneas avanzadas de *Chenopodium quinoa* donadas por el Banco Nacional de Germoplasma del Colegio de Postgraduados (640304 y 11L240), cuatro líneas de *Chenopodium quinoa* obtenidas por mutagénesis radioinducida (ININ136, ININ240, ININ311 y ININ333), una línea F<sub>1</sub> procedente de la cruce (42AdeM x Chía roja) y 33 colectas de *Chenopodium berlandieri* ssp. donadas del Banco de Germoplasma del Plant Genetic Resources Laboratory de BYU (Tabla 1 y 2).

Núm.	Genotipo	Especie	Variedad	Localidad	Ciudad	Estado	País
1	H-3	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Huauzontle	Atlacomulco	Toluca	Edo. Méx.	México
2	H-16	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Huauzontle	San Andrés, Cuexcontitlán	Toluca	Edo. Méx.	México
3	H-18	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Huauzontle	Valle de Toluca	Toluca	Edo. Méx.	México
4	J.Silva	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Chía roja	Opopeo	S. Escalante	Mich.	México
5	D.Oros	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Chía roja	Opopeo	S. Escalante	Mich.	México
6	R.Rguez	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Chía roja	Sta. Ma. Huiramangaro	Pátzcuaro	Mich.	México
7	P.Bravo	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Chía roja	Opopeo	S. Escalante	Mich.	México
8	Zumbaro	<i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Chía roja	Sta. Ma. Huiramangaro	Pátzcuaro	Mich.	México
9	640304	<i>C. quinoa</i>	Quinoa	CP	Texcoco	Edo. Méx.	México
10	11L240	<i>C. quinoa</i>	Quinoa	CP	Texcoco	Edo. Méx.	México
11	ININ136	<i>C. quinoa</i>	Quinoa mutante	ININ	La Marquesa	Edo. Méx.	México
12	ININ240	<i>C. quinoa</i>	Quinoa mutante	ININ	La Marquesa	Edo. Méx.	México
13	42AdeM x CR	<i>C. quinoa</i> x <i>C. berlandieri</i> subsp. <i>nuttalliae</i>	Cruza F1	ININ	La Marquesa	Edo. Méx.	México
14	ININ311	<i>C. quinoa</i>	Quinoa mutante	ININ	La Marquesa	Edo. Méx.	México

**Tabla 2. Material genético y procedencia de *Chenopodium* utilizados para la evaluación de diversidad genética, mediante repeticiones de secuencias simples (SSR) (parte 2).**

Núm.	Genotipo	Especie	Variiedad	Localidad	Ciudad	Estado	País
15	ININ333	<i>C. quinoa</i>	Quinoa mutante	ININ	La Marquesa	Edo. México	México
16	HBYUMEX	<i>C. berlandieri</i>	Huauzontle	Provo	BYU	UT	USA
17	BYU 14108	<i>C. berlandieri</i>	Sinuatum	AZ Hwy 181	Cochise	UT	USA
18	402	<i>C. berlandieri</i>	-	Torrey Pines	San Diego	CA	USA
19	423	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	-	LA	CA	USA
20	447	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Orem	Utah	UT	USA
21	457	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	-	Dúchense	UT	USA
22	505	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	-	Garfield	UT	USA
23	544	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	-	Yavapai	AZ	USA
24	629	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	S of Lusk	Niobrara	WY	USA
25	641	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Pine Creek Ranch	Sanpete	UT	USA
26	642	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	1 mi S of Ephraim	Sanpete	UT	USA
27	880	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Ramah	McKinley	NM	USA
28	881	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Provo	Utah	UT	USA
29	882	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Spanish Fork Cyn	Utah	UT	USA
30	902	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Laguna Mts	San Diego	CA	USA
31	922	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	BYU	Provo	UT	USA
32	937	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Galveston, Virginia Point	Brazoria	TX	USA
33	1007	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Kyle Cyn. Rd., Spring Mts	Clark	NV	USA
34	1301	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Eagle Point Marina, St. Leon	Galveston	TX	USA
35	1303	<i>C. berlandieri</i>	-	Kamas Valley	Summit	UT	USA
36	1306	<i>C. berlandieri</i>	-	N Armstrong Rd	Clark	NV	USA
37	1312	<i>C. berlandieri</i>	-	Cty Rd C	St. Charles	MO	USA
38	1316	<i>C. berlandieri</i>	-	N P. I-15 Frontage RD	Iron	UT	USA
39	1448	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Sherman Oaks	LA	CA	USA
40	1449	<i>C. berlandieri</i> + <i>C. boscianum</i>	-	Sherman Oaks	LA	CA	USA
41	1452	<i>C. berlandieri</i>	Zschackei	Big Tujunga Cyn.	LA	CA	USA
42	1454	<i>C. album</i>	-	Big Tujunga Cyn.	LA	CA	USA
43	1455	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Cypremort Point	St. Mary	LA	USA
44	1456	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Cypremort Point	St. Mary	LA	USA
45	1457	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Golden Meadow	Lafourche	LA	USA
46	1458	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Golden Meadow	Lafourche	LA	USA
47	1459	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Point Fourchon	Lafourche	LA	USA
48	1460	<i>C. berlandieri</i>	Boscianum	Grand Isle	Jefferson	LA	USA

## Caracterización molecular

Para la extracción de ADN, se utilizó el tejido foliar sano de 10 plantas individuales de 30 días después de la siembra (dds) establecidas bajo condiciones de invernadero. La muestra de tejido foliar (cuatro hojas) se introdujo en microtubos eppendorf para colocarlas en la una cámara de liofilización marca LABIST modelo FDL1R-1<sup>a</sup> con un secador de congelación a 0.7 atm de presión por 24 h.

El tejido filiar liofilizado fue molido en un molino Retsch-Mill 200. La extracción del ADN se realizó de acuerdo con los procedimientos descritos por Maughan *et al.* (2013). El ADN extraído se cuantificó con un espectrofotómetro Nanodrop marca GBC y se diluyó a 30 ng  $\mu\text{l}^{-1}$  en solución buffer TE (Tris 10 mM, EDTA 1 mM, pH 7.5).

Todas las plantas se cultivaron en el invernadero del Plant Genetic Resources Laboratory de Brigham Young University en Provo, Utah, USA., en macetas de 15 cm, a 25 °C bajo lámparas halógenas con un fotoperiodo de 12 h.

## Iniciadores SSR utilizados

Se utilizaron 14 iniciadores microsatélites (Tabla 3) desarrollados por Mason *et al.* (2005) específicos para *Chenopodium* para el estudio de diversidad genética de los 48 genotipos a saber: QCA37, KGA20, QAAT74, QAAT50, QAAT70, QGA02, QCA14, KGA16, QCA57, QCA88, QAAT76, QAAT78, QCA38 y QAAT24,

Tabla 3. Lista de cebadores y secuencias utilizados en el estudio.

Núm.	Primer	Secuencia adelante (5'-3')	Secuencia inversa (5'-3')	T (°C)
1	QCA37	gcttctccgttctccagaccaattc	tcatgagccacttcatacacg	66
2	KGA20	gcttcttcacctacctcgtaaaggaaa	ggagcagatgatgaacatgg	64
3	QAAT74	gcttctatggaacacctccgataa	atgcctatcctcatcctcca	66
4	QAAT50	ggcacgtgctactcata	gcttctatggcaatggttaatttgc	68
5	QAAT70	tgaacaggatgcatagtaa	gcttctcgctcatctgaccaat	64
6	QGA02	gcttctgaaccttaaataggtctaccaataa	aagaaatgcacaagcaagca	64
7	QCA14	gcttctccctgagctgattatcaaaggac	cctctgagatcttctgct	66
8	KGA16	ccctgcttaactcctcgtaa	gcttctccgaaccaagactcgaaca	65
9	QCA57	gcttcttcaaggaaacctctttgg	tgctcacagtcacacctaca	69
10	QCA88	gcttctctgctgcttcacctaata	cagtcgccgaatcgtaactc	66
11	QAAT76	gcttcatgtgtataaaatgccaat	gcttctctcgctcccactaatttt	63
12	QAAT78	agcgaaggaaatttgaact	gcttcttaacgatacgctccaaggaa	63
13	QCA38	gcttctcattccccaaactgcatgaat	atgtgtgtgctgtgagtg	67
14	QAAT24	gcttctaccataacagcaccacctt	agggatcaatctgttcatcca	62

## Amplificación de SSR mediante PCR

Las amplificaciones por PCR se realizaron en 12  $\mu\text{l}$  reacciones consistentes en 3  $\mu\text{l}$  (30 ng  $\mu\text{l}^{-1}$ ) de ADN, 0.5  $\mu\text{l}$  de cada 10  $\mu\text{m}$  de cebador con secuencia adelante y reversa, 6  $\mu\text{l}$  de MyTaq HS Red Master Mix (Bioline, Taunton, Massachusetts, EE. UU.) y 2  $\mu\text{l}$  de H<sub>2</sub>O. Se realizaron reacciones de PCR usando un termociclador C1000 o T100 (Bio-Rad, Applied Biosystems, Foster City, California, EE. UU.) con los siguientes parámetros 95 °C durante 60 s; 35 ciclos de 95 °C durante 15 s, 60 °C durante 15 s y 72 °C durante 10 s y un ciclo final de extensión de 72 °C durante 60 s.

## Electroforesis de productos amplificados

La electroforesis de los productos amplificados se realizó con gel de agarosa al 1.5% (250 ml de TBE, 7.5 g de agarosa y 12.5  $\mu$ l de midori green). Las muestras de ADN se corrieron en una cámara de electroforesis con fuente de poder Bio-Rad (Power-PAC 300, Berkely, Ca.) durante 30 min. Al término del tiempo, el gel se lavó con agua destilada y se colocó en un transiluminador de luz ultravioleta (UV) Bio-Rad modelo universal Hood II y por medio del programa Quantity one los geles se registraron y guardaron en una base de datos.

## Análisis estadístico

Para el análisis estadístico se generó una matriz binaria de ausencia (0) y presente (1). Las bandas difusas no se consideraron, la similitud genética entre individuos se evaluó utilizando el coeficiente de similitud de Jaccard. El análisis de conglomerados fue realizado por el método UPGMA. El dendrograma correspondiente, fue generado utilizando el paquete estadístico numerical sistema taxonomía para ordenador personal (NTSYS), versión PC 2.02. Para determinar las similitudes entre los genotipos en cuestión.

## Resultados y discusión

Los resultados indican que dentro de la población de 48 genotipos de los Bancos de Germoplasma del Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares y el Plant Genetic Resources Laboratory de BYU, produjeron 175 alelos en 14 loci SSR. Estos alelos varían de 8 (KGA16, QCA88) a 16 (QCA37, QAAT74, QCA57), siendo estos los loci con mayor cantidad de alelos observados.

El iniciador QAAT74, según el trabajo de Ormeño (2015), es uno de los que presentó mayor cantidad de alelos observados, mientras que el QCA88 presentó la menor cantidad de alelos y fue utilizado en el trabajo de Donaire (2018), donde también se registró un alto número de alelos. Esto indica que en cada trabajo donde son utilizados actúan de manera diferente.

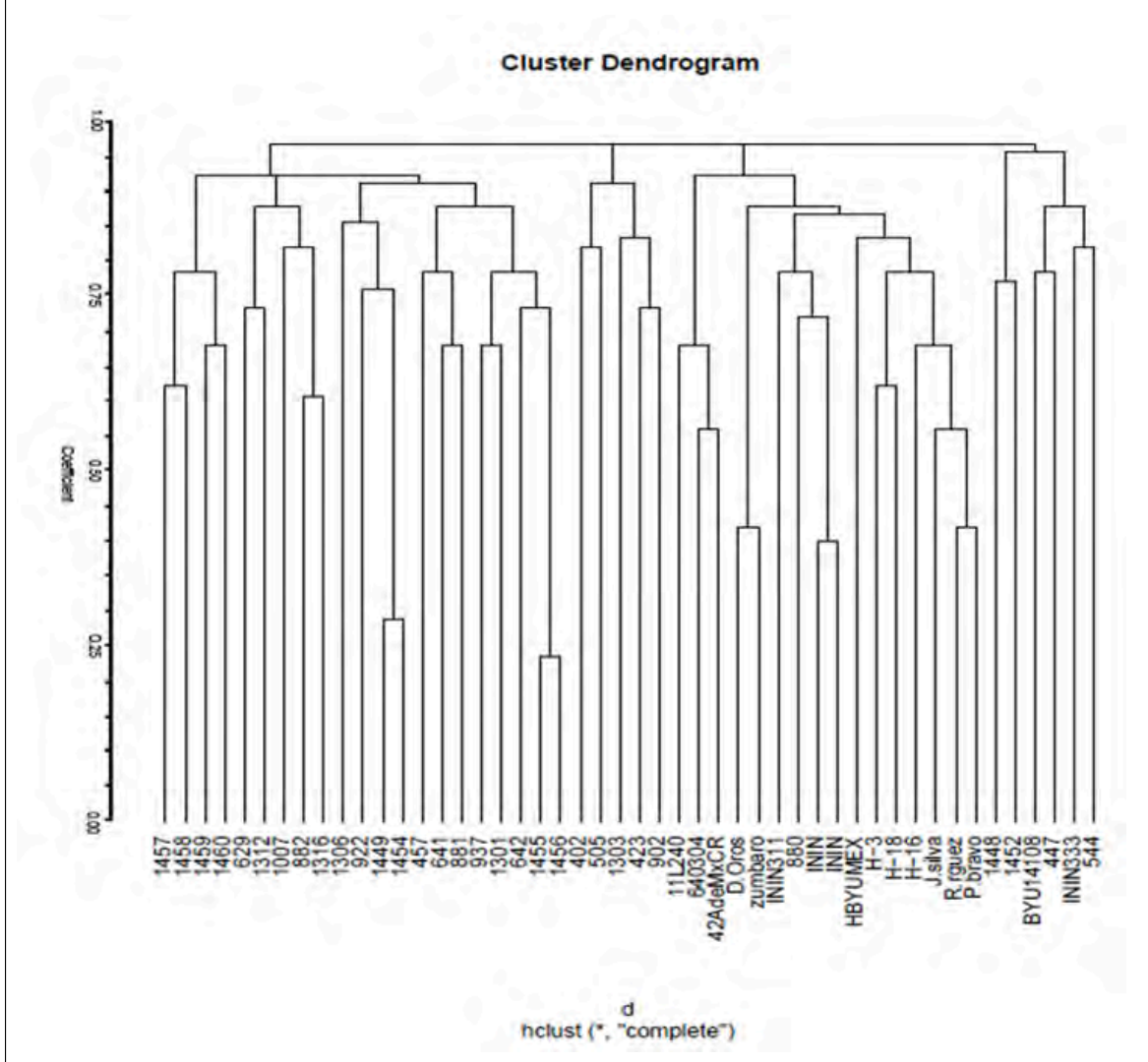
## Análisis de agrupamiento

El análisis se realizó utilizando los datos obtenidos de 14 locus registrados para 48 genotipos. De los resultados obtenidos se puede tener una idea aproximada acerca de la diversidad genética de las muestras analizadas contenida en la información de los microsatélites. El objetivo del análisis de conglomerados es formar grupos en donde los individuos en cada grupo sean lo más parecido entre sí que con los individuos de otro grupo (Allende, 2017). Para visualizar las relaciones entre poblaciones según su distancia se construyó un dendrograma jerárquico.

En el dendrograma de la Figura 1, se puede apreciar que a un coeficiente de similitud de 0.9 se formaron cinco grupos que a diferencia de Ormeño (2015) donde solo se evaluaron 16 genotipos, se formaron seis grupos y en Xingú-López (2018), donde evaluó 38 genotipos, 10 menos que en este estudio y se formaron seis grupos.



Figura 1. Dendrograma de 48 genotipos de *Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae* y *Chenopodium quinoa* a partir de datos moleculares de SSR basado en la distancia genética por el método UPGMA.



El grupo 1, constó de cuatro genotipos, dos líneas avanzadas (11L240 y 640304) de quinua, una F1 de cruce simple entre quinua y chíja roja (42AdeMXCR) y una chíja roja (D. Oros).

El grupo dos, se constituyó de siete genotipos, una chíja roja (Zumbaro), tres quinuas mutantes (ININ311, ININ136 y ININ240), dos genotipos de Huauzontle (H-3 y H-18) y una colecta de BYU de *Chenopodium berlandieri* (HBYUMEX) que, a diferencia de Allende (2014), hay una separación entre los huauzontles y las chíjas.

Los grupos 3, 4 y 5 solo tuvieron dos genotipos cada uno: El grupo 3 un huauzontle (H-16) y una chíja roja (J. Silva). El grupo 4, dos genotipos de chíja roja (R. rguez y P. Bravo). El grupo 5 se formó de una colecta de BYU de *C. berlandieri* (BYU14108) y una quinua mutante (ININ333).

## Conclusiones

De la presente investigación se derivaron las siguientes conclusiones: Se detectó gran afinidad genética entre las especies *C. quinoa* Willd. y *C. berlandieri*, dado que los iniciadores diseñados para quinua amplificaron adecuadamente para huauzontle. Se detectó gran afinidad genética entre los genotipos cultivados de *C. quinoa* y *C. berlandieri* subsp. *nuttalliae* razas locales chíja roja y huauzontle, las cuales se ubicaron sólo en los grupos 1, 2, 3 y 4.

La afinidad genética entre accesiones cultivadas permite prever resultados favorables en trabajos de mejoramiento genético por hibridación entre *C. quinoa* Willd y *C. berlandieri* subesp. *nuttalliae*. El dendrograma muestra dos grupos muy interesantes como el grupo 1 y 2 donde las líneas avanzadas de quinua se unen con chíja roja y quinuas mutantes con chíja roja y huauzontle y en los grupos 3 y 4 todo el germoplasma del Plant Genetic Resources Laboratory of BYU.

## Bibliografía

- 1 Allende, C. M. J. 2017. Caracterización morfológica y molecular de accesiones de Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) para estimar variabilidad genética. Tesis maestría en mejoramiento genético de plantas. Universidad Nacional Agraria La Molina Escuela de Posgrado. Lima, Perú. 1-90 pp.  
Allende C. M. J. 2017 Caracterización morfológica y molecular de accesiones de Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) para estimar variabilidad genética Tesis maestría en mejoramiento genético de plantas Universidad Nacional Agraria La Molina, Escuela de Posgrado Lima, Perú Lima, Perú 1 90
- 2 Allende, C. L. 2014. Estudio de radiosensibilidad de pseudocereales mediante marcadores moleculares y microscopía electrónica. Tesis Licenciatura, Facultad de ciencias. Universidad Autónoma del Estado de México (UAEM). 17-40 pp.  
Allende C. L. 2014 Estudio de radiosensibilidad de pseudocereales mediante marcadores moleculares y microscopía electrónica Tesis Licenciatura, Facultad de ciencias, Universidad Autónoma del Estado de México 17 40
- 3 De la Cruz, T. E.; Rubluo, I. A.; Palomino, G. H.; García, A. J. M. and Laguna, C. A. 2007. Characterization of *Chenopodium* germplasm selection of putative mutants and its cytogenetic study. In: Ochat, S.; Mohan, J. S. Ed. Breeding of neglected and underutilized crops species and herbs. Science Publishers. Enfield, NH, USA. 123-36 pp.  
De la Cruz T. E. Rubluo I. A. Palomino G. H. García A. J. M. Laguna C. A. 2007 Characterization of *Chenopodium* germplasm selection of putative mutants and its cytogenetic study Ochat S. Mohan J. S. Breeding of neglected and underutilized crops species and herbs Science Publishers. Enfield NH, USA. 123 136
- 4 Donaire, T. G. V. 2018. Caracterización molecular de 75 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) del departamento de puno mediante marcadores microsatélites. Tesis Facultad de ciencias. Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima, Perú. 122 p.  
Donaire T. G. V. 2018 Caracterización molecular de 75 accesiones de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) del departamento de puno mediante marcadores microsatélites Tesis Facultad de ciencias, Universidad Nacional Agraria La Molina Lima, Perú Lima, Perú 122 122
- 5 Eisa, S.; Hussin, S.; Geissler, N. and Koyro, H. W. 2012. Effect of NaCl salinity on water relations, photosynthesis and chemical composition of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) as a potential cash crop halophyte. Australian Journal of Crop Science. 6(2):357-368.  
Eisa S. Hussin S. Geissler N. Koyro H. W. 2012 Effect of NaCl salinity on water relations, photosynthesis and chemical composition of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) as a potential cash crop halophyte Australian Journal of Crop Science 6 2 357 368
- 6 García, A. J. M. 2017. Caracterización molecular de *Chenopodium* mediante SSR. Informe técnico Científico GB 209/2017. Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, México. 1-3 pp.  
García A. J. M. 2017 Caracterización molecular de *Chenopodium* mediante SSR. Informe técnico Científico GB 209/2017 Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares México 1 3



- 7 Jacobsen, S. E.; Jensen, C. R. and Liu, F. 2012. Improving crop production in the arid Mediterranean climate. *Field Crop Res.* 128:34-47. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2011.12.001>.  
Jacobsen S. E. Jensen C. R. Liu F. 2012 Improving crop production in the arid Mediterranean climate *Field Crop Res.* 128 34 47 <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2011.12.001>
- 8 Jarvis, D. E.; Kopp, O.; Jellen, E. N.; Marllory, M. C.; Pattee, J.; Bonifacio, F. A.; Coleman, C. E.; Stevens, M. R.; Fairbanks, D. J. and Maughan, P. J. 2008. Simple sequence repeats marker development and genetic mapping in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *J. Genet.* 87(1):39-51. <https://doi.org/10.1007/s12041-008-0006-6>.  
Jarvis D. E. Kopp O. Jellen E. N. Marllory M. C. Pattee J. Bonifacio F. A. Coleman C. E. Stevens M. R. Fairbanks D. J. Maughan P. J. 2008 Simple sequence repeats marker development and genetic mapping in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) *J. Genet.* 87 1 39 51 <https://doi.org/10.1007/s12041-008-0006-6>
- 9 Mason, S. L.; Stevens, M. R.; Jellen, E. N.; Bonifacio, F. A.; Fairbanks, D. J.; Coleman C. E.; McCarty, R. R.; Rasmussen, A. G. and Maughan, P. J. 2005. Development and use of microsatellite markers for germplasm characterization in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Crop Sci.* 45(4):1618-1630. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0295>.  
Mason S. L. Stevens M. R. Jellen E. N. Bonifacio F. A. Fairbanks D. J. Coleman C. E. McCarty R. R. Rasmussen A. G. Maughan P. J. 2005 Development and use of microsatellite markers for germplasm characterization in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) *Crop Sci.* 45 4 1618 1630 <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0295>
- 10 Maughan, P. J.; Jellen E. R.; Stevens, M. R.; Coleman, C.E.; Ricks, M.; Mason, S. L.; Jarvis, D. E. and Gardunia, B. and Fairbanks, D. J. 2013. Manual. DNA Microprep extraction. Plant genetic resources laboratory of Brigham young university (BYU). Provo, Utah, USA. 1-3 pp.  
Maughan P. J. Jellen E. R. Stevens M. R. Coleman C.E. Ricks M. Mason S. L. Jarvis D. E. Gardunia B. Fairbanks D. J. 2013 Manual. DNA Microprep extraction. Plant genetic resources laboratory of Brigham young university (BYU Provo Utah, USA 1 3
- 11 Maughan, P. J.; Jarvis, D. E.; Cruz-Torres, E.; Jaggi, K. E.; Warner, H. C.; Marcheschi, A. K.; Gomez-Pando, L.; Fuentes, F. ; Mayta-Anko, M. E.; Curti, R.; Rey, E.; Tester, M. and Jellen, E. N. 2024. North American pitseed goosefoot (*Chenopodium berlandieri*) is a genetic resource to improve Andean quinoa (*C. quinoa*). *Scientific reports.* 14:1-13. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-63106-8>.  
Maughan P. J. Jarvis D. E. Cruz-Torres E. Jaggi K. E. Warner H. C. Marcheschi A. K. Gomez-Pando L. Fuentes F. Mayta-Anko M. E. Curti R. Rey E. Tester M. Jellen E. N. 2024 North American pitseed goosefoot (*Chenopodium berlandieri*) is a genetic resource to improve Andean quinoa (*C. quinoa*) *Scientific reports* 14 1 13 <https://doi.org/10.1038/s41598-024-63106-8>
- 12 Nolasco, O. C.; Cruz, W.; Santa-Cruz, C. and Gutiérrez, A. 2013. Evaluation of the DNA polymorphism of six varieties of *Chenopodium quinoa* Willd, using AFLP. *The Biologist.* 11(2):277-286.  
Nolasco O. C. Cruz W. Santa-Cruz C. Gutiérrez A. 2013 Evaluation of the DNA polymorphism of six varieties of *Chenopodium quinoa* Willd, using AFLP *The Biologist.* 11 2 277 286.
- 13 Ramírez, V. M. L.; Espitia, R. E.; Carballo, C. A.; Zepeda, B. R.; Vaquera, H. H. and Córdova T. L. 2011. Fertilization and plant density in varieties of amaranth (*Amaranthus hypochondriacus* L.). *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas.* 2(6):855-866. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=263121473005>.  
Ramírez V. M. L. Espitia R. E. Carballo C. A. Zepeda B. R. Vaquera H. H. Córdova T. L. 2011 Fertilization and plant density in varieties of amaranth (*Amaranthus hypochondriacus* L.) *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 2 6 855 866 <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=263121473005>

- 14 Xingú, L. A. 2010. Caracterización del germoplasma de Huauzontle (*Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*) en el Estado de México mediante técnicas moleculares (SSR), Tesis de Maestría, Universidad Autónoma del Estado de México. 9-16 pp.
- Xingú L. A. 2010 Caracterización del germoplasma de Huauzontle (*Chenopodium berlandieri* subsp. *nuttalliae*) en el Estado de México mediante técnicas moleculares (SSR) Tesis de Maestría Universidad Autónoma del Estado de México 9 16
- 15 Xingú-López, A.; Balbuena-Melgarejo, A.; Laguna-Cerda, A. L. G.; Iglesias-Andréu, L. G.; Olivares-Cruz, V. y Cruz-Torres. E. 2018. Caracterización de huauzontle (*Chenopodium berlandieri* spp. *nuttalliae*) del Estado de México mediante microsatélites. Ciencia y Tecnol. Agrop. México. 2(6):9-16.
- Xingú-López A. Balbuena-Melgarejo A. Laguna-Cerda A. L. G. Iglesias-Andréu L. G. Olivares-Cruz V. Cruz-Torres. E. 2018 Caracterización de huauzontle (*Chenopodium berlandieri* spp. *nuttalliae*) del Estado de México mediante microsatélites Ciencia y Tecnol. Agrop. México 2 6 9 16
- 16 Yasui Y.; Hirakawa, H.; Oikawa, T.; Toyoshima, M.; Matsuzaki, C.; Ueno, M.; Mizuno, N.; Nagatoshi, Y.; Imamura, T.; Miyago, M.; Tanaka, K.; Mise, K.; Tanaka, T.; Mizukoshi, H.; Mori, M. and Fujita, Y. 2016. Draft genome sequence of an inbred line of *Chenopodium quinoa*, an allotetraploid crop with great environmental adaptability and outstanding nutritional properties. DNA Res. 23(6):535-546. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsw037>.
- Yasui Y. Hirakawa H. Oikawa T. Toyoshima M. Matsuzaki C. Ueno M. Mizuno N. Nagatoshi Y. Imamura T. Miyago M. Tanaka K. Mise K. Tanaka T. Mizukoshi H. Mori M. Fujita Y. 2016 Draft genome sequence of an inbred line of *Chenopodium quinoa*, an allotetraploid crop with great environmental adaptability and outstanding nutritional properties DNA Res. 23 6 535 546 <https://doi.org/10.1093/dnares/dsw037>



## Caracterización molecular de *Chenopodium berlandieri* (Chenopodiaceae) silvestres y cultivados del centro de México

Journal Information
Journal ID (publisher-id): remexca
Title: Revista mexicana de ciencias agrícolas
Abbreviated Title: Rev. Mex. Cienc. Agríc
ISSN (print): 2007-0934
Publisher: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Article/Issue Information
Date received: 01 June 2025
Date accepted: 01 August 2025
Publication date: 21 September 2025
Publication date: Aug-Sep 2025
Volume: 16
Issue: 6
Electronic Location Identifier: e3805
DOI: 10.29312/remexca.v16i6.3805

### Categories

Subject: Artículo

### Palabras clave:

#### Palabras clave:

*Chenopodium berlandieri* subsp. nuttalliae

*Chenopodium quinua*

marcadores moleculares

SSR

### Counts

Figures: 1

Tables: 3

Equations: 0

References: 16

Pages: 0