

Poster Session

Tuesday, August 18th, 2020

9:00 AM - 9:50 AM PDT

Researchers from around the world have submitted posters on their unique quinoa projects. Projects range from the re-imagination of classic rice pudding using quinoa to the characterization of quinoa stems for feed and biofuel uses. Topics include genetics, agronomy, plant physiology, food

science, nutritional science, nutrient composition, microbiology, plant pathology, and entomology.

Join these researchers during this poster session to listen to 3-minute Lightning Talks by 15 of the researchers and to ask questions of all the participating poster session researchers. Similar to an in-person poster session, all posters are available for viewing by symposium participants for the duration of the event. All recorded presentations will be available indefinitely on the Sustainable Seed Systems Lab YouTube channel.

//

Investigadores de todo el mundo han presentado pósters sobre sus proyectos con quinua. Los proyectos van desde la reinvención del clásico arroz con leche, con quinua, hasta la caracterización de tallos de quinua para la alimentación de los animales y posible uso en biocombustibles. Los temas incluyen genética, agronomía, fitofisiología, ciencias de la nutrición y los alimentos, composición de nutrientes, microbiología, fitopatología y entomología. Durante esta sesión, 15 de los investigadores presentarán sus proyectos en 3 minutos o menos y los participantes tendrán la oportunidad de realizar preguntas. Al igual que en una sesión de pósters normal, los pósters estarán disponibles para que los participantes puedan verlos durante todo el simposio. Todas las presentaciones grabadas estarán disponibles indefinidamente en el canal de YouTube del laboratorio Sustainable Seed Systems.

Search the poster entries by presenter name using your keyboard's search function:

Busque las entradas de póster por nombre del presentador utilizando la función de búsqueda de su teclado:

Babot, Pilar	Lezama Parada, Luz Mariana	Quispe, Roberto Carlos
Berner, Jacques	Lint, Renée	Reguera, María
Burrieza, Hernán Pablo	Maldonado-Taipe, Nathaly	Rey, Elodie
Calvo Magro, Patricia	Manjarres Hernández, Elsa	Rizzo, Axel J.
Colque-Little, Carla	Helena	Rodríguez Gómez, M. José
Craine, Evan	Matías Prieto, Javier	Rodriguez, Juan Pablo
Davis, Thomas	Nolen, Haley	Rojas-Bertini, Claudia
Eisner, Olivia	Olguín, Pablo	Stanschewski, Clara
Fernandez Olivares, Karla	Ordano, Mariano	Vazquez-Luna, Alma
Paola	Pandya, Archis	Weeks, William J.
Fiene, Gabriele	Patirange, Dilan	Wellman, Gordon
Fondevilla, Sara	Pimentel-Cortés, Vanessa	Zelada, Alicia
González, Juan Antonio	Quispe Jacobo, Fredy E.	
Grupo Semilleros de Investigación "Akaru Anchita Jicchha"		

Or by searching the following tagged topics:

○ buscando los siguientes temas etiquetados:

#genetics #agronomy #plantphysiology #foodscience #nutritionalscience #nutrientcomposition
#microbiology #plantpathology #entomology

#genética #agronomía #fitofisiología #cienciasdeosalimentos #cienciasdelanutrición
#composicióndenutrientes #microbiología #fitopatología #entomología



Title: Ancient Quinoa Cultivation, Harvesting and Post-harvesting in the Puna of Argentina, South-Central Andes (1600-1100 years BP)

Título: Cultivo, Cosecha y Post-cosecha de Quínoa en la Puna de Argentina, Andes Centro-Sur (1600-1100 años AP)

Presenter: Babot, Pilar

Authors/Affiliations: Babot, P. [1]*, Estrada, O. [2], Cattáneo, R. [3], and S. Hocsman [1]

[1] Instituto de Arqueología y Museo, Universidad Nacional de Tucumán (IAM, UNT)
– Instituto Superior de Estudios Sociales, Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas (ISES-CONICET), Tucumán, Argentina; [2] Australian Centre for
Ancient DNA, University of Adelaide, Adelide, Australia - Laboratoire
d'Anthropologie Moléculaire et d'Imagerie de Synthèse, CNRS UMR 5288, Université
de Toulouse, Université Paul Sabatier, Toulouse, France; [3] Museo de Antropología,
Universidad Nacional de Córdoba (MA, UNC)-Instituto de Antropología de
Córdoba, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IdACor,

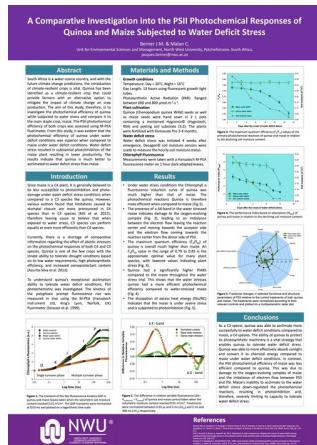
CONICET), Córdoba, Argentina; *pilarbabot@csnat.unt.edu.ar

Abstract: In the last two decades, several archaeological studies have documented the presence and use of *Chenopodium* spp. in Antofagasta de la Sierra (ANS), Southern Puna of Argentina, in the high-altitude deserts of the South-Central Andes (about 3,500 meters above sea level) since 4,700 years ago. One of the main topics of interest is to establish whether the presence of archaeological remains of quinoa in the area is the result of local cultivation or of the regional system of trade and exchange of goods. In this study, we report a techno-typological and functional (microwear and use-residue) analysis of large lithic knives (ca. 1600-1100 years BP) with traces of agricultural use, and a comparative genomic study of ancient samples of *Chenopodium quinoa* from Alero 1 at the Punta de la Peña 9 archaeological site (1364 ± 20 years BP). The results obtained contribute to documenting the cultivation, harvesting, and initial stages of the post-harvesting of quinoa in ANS by identifying the predominance of micro-indicators of cutting plant stems and panicles in the lithic knives, and by establishing a genomic correspondence between archaeological seeds and stems.

Resumen: Las prácticas antiguas relacionadas a *Chenopodium* spp. en Antofagasta de la Sierra (ANS), Puna Meridional Argentina, en los desiertos de altura de los Andes Centro-Sur (sobre los 3500 msnm), entre ca. 4700 años AP y la actualidad, tienen dos décadas de estudios desde perspectivas arqueológicas. Entre los principales temas de interés se encuentra establecer si la quínoa estaba en uso en esta área como resultado de un cultivo local, o bien del sistema regional de tráfico e intercambio de bienes. En relación con esta hipótesis, en este trabajo se reporta el estudio tecno-tipológico y funcional (de huellas de uso y de residuos de uso) de grandes cuchillos líticos, instrumentos especializados en labores agrícolas (ca. 1600-1100 años AP), y el estudio genómico comparativo de muestras antiguas de *Chenopodium quinoa* del Alero 1 en el sitio Punta de la Peña 9 (1364 ± 20 años AP).

Los resultados obtenidos contribuyen a documentar el cultivo, la cosecha y las etapas iniciales de la post-cosecha de quínoa en ANS al identificarse en los cuchillos la predominancia de micro-indicadores del corte de los tallos y panojas, y al establecerse una correspondencia genómica entre las semillas y tallos arqueológicos.

#genetics #genética



Title: A Comparative Investigation into the PSII Photochemical Responses of Quinoa and Maize Subjected to Water Deficit Stress

Título: Una Investigación Comparativa sobre las Respuestas Fotoquímicas de la PSII de la Quinua y el Maíz Sometidas a Estrés por Déficit Hídrico

Presenters: Berner, Jacques

Authors/Affiliations: Berner, J.

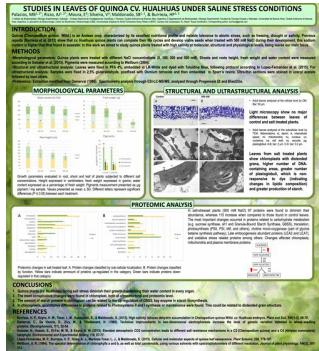
Unit for Environmental Sciences and Management, North-West University,
Potchefstroom, South Africa

Abstract: South Africa is a water-scarce country, and with the future climate change predictions, the introduction of climate-resilient crops is vital. Quinoa has been identified as a climate-resilient crop that could provide farmers with an alternative option to mitigate the impact of climate change on crop production. The aim of this study, therefore, is to investigate the photochemical efficiency of quinoa while

subjected to water stress and compare it to the main staple crop, maize. The PSII photochemical efficiency of both crops was assessed using M-PEA fluorimeter. From this study, it was evident that the photochemical efficiency of quinoa under water deficit conditions was superior when compared to maize under water deficit conditions. Water deficit stress resulted in substantial photoinhibition of the maize plant resulting in lower productivity. The results indicate that quinoa is much better to acclimated to water deficit stress than maize.

Resumen: Sudáfrica es un país con escasez de agua, y con las predicciones futuras del cambio climático, la introducción de cultivos resistentes al clima es vital. La quinua ha sido identificada como un cultivo resistente al clima que podría proporcionar a los agricultores una opción alternativa para mitigar el impacto del cambio climático en la producción de cultivos. El objetivo de este estudio, por lo tanto, es investigar la eficiencia fotoquímica de la quinua sometida a estrés hídrico y compararla con el principal cultivo básico, el maíz. La eficiencia fotoquímica de PSII de ambos cultivos se evaluó utilizando fluorímetro M-PEA. De este estudio, fue evidente que la eficiencia fotoquímica de la quinua en condiciones de déficit hídrico fue superior en comparación con el maíz en condiciones de déficit hídrico. El estrés por déficit hídrico resultó en una fotooinhibición sustancial de la planta de maíz que resultó en una menor productividad. Los resultados indican que la quinua es mucho mejor aclimatada al estrés hídrico que el maíz.

#agronomy #plantphysiology #agronomía #fitofisiología



Title: Studies in Leaves of Quinoa cv. Hualhuas Under Saline Stress Conditions

Título: Estudio en Hojas de Quinoa cv. Hualhuas Bajo Condiciones de Estrés Salino

Presenter: Burrieza, Hernán Pablo

Authors/Affiliations: Palacios, M. B. [1,2]*, Rizzo, A.J. [1,2]*, Vale, E.M. [3], Silveira, V. [3], Maldonado, S.B. [1,2], and H. P. Burrieza [1,2]*

[1] Institute of Biodiversity and Experimental and Applied Biology - National Council for Scientific and Technical Research (CONICET), Autonomous City of Buenos Aires, Argentina; [2] Department of Biodiversity and Experimental Biology, Faculty of Exact and Natural Sciences, University of Buenos Aires, Autonomous City of Buenos Aires, Argentina; [3] Laboratory of Biotechnology, Center for Biosciences and Biotechnology (CBB), State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil; *Equal contribution

Abstract: Plants have various adaptation mechanisms to high salinity conditions, among them: the regulation of the expression of genes involved in various metabolic pathways, the synthesis of proteins with protective function (oxidative stress enzymes, LEAs, chaperones, etc.), osmolytic synthesis, antioxidant synthesis and structural changes. Quinoa is a species well adapted to extreme environmental conditions such as altitude, drought, salinity, and freezing temperatures. The crop is typical of the Andean region, and extends throughout South America. Some genotypes are able to grow in soils with saline concentrations close to those of seawater, while others do not tolerate such conditions. These differences make saline stress tolerant varieties an attractive crop for those regions where salinity and water deficiency are considered

tolerance to salt stress, this study analyzed the proteomic profile of the Hualhuas variety that comes from the ecoregion of the Inter-Andean Valleys, with low-salinity soils. The interpretation of the proteomic analysis was based for the most part on the morphological (histological, cellular and subcellular changes), physiological (different growth parameters such as fresh weight, height, water content, among others) and biochemical (pigment content) that were simultaneously performed.

Resumen: Las plantas tienen diversos mecanismos de adaptación a condiciones de alta salinidad, entre ellas: la regulación de la expresión de genes involucrados en diversas vías metabólicas, la síntesis de proteínas con función protectora (enzimas de estrés oxidativo, LEA, chaperonas, etc.), síntesis de osmolitos, síntesis de antioxidante y cambios estructurales. La quinua es una especie bien adaptada a condiciones ambientales extremas como altitud, sequía, salinidad y temperaturas de congelación. El cultivo es típico de la región andina, y se extiende por toda América del Sur. Algunos genotipos pueden crecer en suelos con concentraciones salinas cercanas a las del agua de mar, mientras que otros no toleran tales condiciones. Estas diferencias hacen que las variedades tolerantes al estrés salino sean cultivos atractivos para aquellas regiones donde la salinidad y la deficiencia de agua se consideran los principales problemas. Para investigar los mecanismos que apoyan las diferencias en la tolerancia al estrés salino, este estudio analizó el perfil proteómico del cultivar Hualhuas que proviene de la ecorregión de los valles interandinos, con suelos de baja salinidad. La interpretación del análisis proteómico se basó en su mayor parte en los cambios morfológicos (histológicos, celulares y subcelulares), fisiológicos (diferentes parámetros de crecimiento como peso fresco, altura, contenido de agua, entre otros) y bioquímicos (contenido de pigmentos) que fueron realizado simultáneamente.

#plantphysiology #fitofisiología



Title: Nutritional Composition of Six Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Varieties Cultivated in Southern Europe

Título: Composición Nutricional de Seis Variedades de Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) Cultivadas en el Sur de Europa

Presenter: Calvo Magro, Patricia

Authors/Affiliations: Calvo Magro, P. [1], Matías Prieto, J. [2], Cruz Sobrado, V. [2], Largo Pulido, J.B. [1], and M.J. Rodríguez Gómez [1]

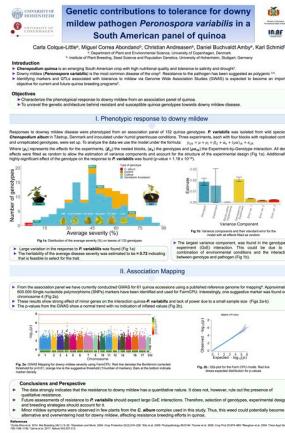
[1] Instituto Tecnológico Agroalimentario de Extremadura. Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura. Avenida Adolfo Suárez, s/n, 06007, Badajoz, Spain; [2] Centro de Investigación Finca La Orden-Valdesequera, Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura. Autovía Madrid-Lisboa s/n, 06187, Badajoz, Spain

Abstract: In recent years, quinoa has gained interest throughout the world as an alternative crop to cereals. The Food and Agriculture Organization (FAO) identified quinoa as one of the promising plants for humanity by emphasizing high nutrient value and genetic diversity of quinoa may contribute to food safety in the 21st century. In Europe, there is significant research on new quinoa varieties adapted to European agronomic conditions. The objective of this study was to provide a detailed evaluation of the nutritional composition of six quinoa varieties adapted to environmental conditions of Southern Europe. To accomplish this, the proximate composition (moisture, fat, protein, ash, total dietary fibre, carbohydrate and energy), minerals

(phosphorus, potassium, sodium, calcium, magnesium and iron) and sugars (glucose, fructose and sucrose) were assessed. In general, the values obtained were higher than those found in other cereals such as rice, barley, corn, rye and wheat according to the literature. Thus, all results indicated that the six quinoa varieties constitute a rich source of nutrients, and the crop is adapted to Southern Europe's environmental conditions as an alternative crop to other cereals.

Resumen: En los últimos años, la quinoa se está adquiriendo un gran interés en todo el mundo como un cultivo alternativo a los cereales. La Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO) identificó a la quinoa como una de las plantas prometedoras para la humanidad debido a su alto valor nutritivo y su gran diversidad genética, pudiendo contribuir por tanto, a la seguridad alimentaria en el siglo XXI. En Europa, se está realizando una gran investigación de este cultivo, principalmente de nuevas variedades adaptadas a las condiciones agronómicas europeas. El objetivo de este estudio fue proporcionar una evaluación detallada de la composición nutricional de seis variedades de quinoa adaptadas a las condiciones ambientales del sur de Europa. Para ello, se evaluó la composición nutricional (humedad, grasas, proteínas, cenizas, fibra dietética total, carbohidratos y energía), minerales (fósforo, potasio, sodio, calcio, magnesio y hierro) y azúcares (glucosa, fructosa y sacarosa). En general, los valores obtenidos fueron más altos que los encontrados para otros cereales como arroz, cebada, maíz, centeno y trigo según se describe en la literatura. Por lo tanto, todos los resultados indicaron que las seis variedades de quinoa constituyen una fuente rica en nutrientes, y que el cultivo está adaptado a las condiciones ambientales del sur de Europa, siendo un cultivo alternativo a otros cereales.

#nutrientcomposition #composicióndenutrientes



Title: Genetic Contributions to Tolerance for Downy Mildew Pathogen (*Peronospora variabilis*) in a South American Panel of Quinoa

Título: Contribuciones Genéticas a la Tolerancia al Mildiú de la Quinoa (*Peronospora variabilis*) en un Panel Suramericano de Quinoa

Presenter: Colque-Little, Carla

Authors/Affiliations: Little, C.X. [1], Correa, M.[2], and K. Schmid [2]

[1] Department of Plant and Environmental Science, University of Copenhagen, Denmark; [2] Institute of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany

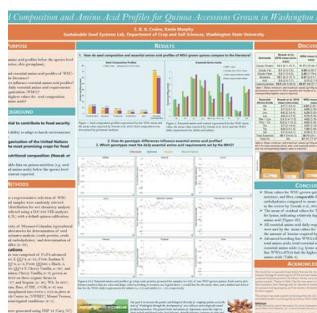
Abstract: Quinoa (*Chenopodium quinoa L.*) is an ancient crop of South America and considered as a suitable crop for cultivation outside its native region because of its favourable nutritional qualities and stress tolerance. However, one limiting factor for quinoa cultivation within and outside its centre of origin are fungal diseases, of which downy mildew is the most important. Therefore, tolerance against fungal pathogens needs to be an important breeding goal for future breeding programs. We tested whether genetic resources differ by their degree of tolerance to the downy mildew pathogen *Peronospora variabilis* by screening a panel of 132 genotypes from South America for their tolerance against *P. variabilis* under greenhouse conditions. We used severity of infection (percentage of diseased leaf tissue) and sporulation (proportion of infected area showing signs of sporulating structures) as measure of tolerance and correlated these traits with genebank passport data, seed saponin content, and measurements of stomatal characteristics to identify correlations with

this purpose, a series of three experiments with a completely randomized block design with four blocks was fitted with linear mixed models for severity and sporulation, and a generalized linear mixed model for incidence. Response to mildew infection showed a large variation between genotypes, but high genotype by experiment variances were also found. Additionally, severity and sporulation were highly correlated, demonstrating that severity is a good indicator of the overall response of quinoa to mildew infections. None of the phenotypic traits reported in the genebank passport data were correlated to the disease response. Heritability was fairly high for severity and sporulation (0.72-0.81), but low for incidence (0.40). These results indicate that resistance to *Peronospora* is mainly quantitative although the effect qualitative resistance genes can not be ruled out. We resequenced all 132 accessions and combined genomic and phenotypic information to conduct a genome-wide association study (GWAS) to identify genomic regions contributing to pathogen tolerance for use in future breeding programs. We will present the results of both the mixed model and GWAS analyses.

Resumen: Quinoa (*Chenopodium quinoa* L.) es un cultivo ancestral suramericano considerado como apropiado para ser cultivado fuera de su centro de origen debido a su calidad nutricional y tolerancia al estrés. Sin embargo, un factor limitante para el cultivo de la quinoa son las enfermedades fungosas, de las cuales el mildiú es la más importante. Es por eso que la resistencia a los hongos es un objetivo importante para el fitomejoramiento de la especie. En este estudio probamos si los recursos genéticos de la quinoa varían en su respuesta a el patógeno del mildiú (*Peronospora variabilis*) al evaluar la tolerancia de 132 genotipos de quinoa bajo condiciones de invernadero. Para ello, la severidad de la infección (Porcentaje de tejido foliar enfermo), la esporulación (Proporción del área infectada con signos de estructuras esporulativas) y la incidencia de la enfermedad fueron evaluadas en una serie de tres experimentos, cada uno con cuatro bloques completamente aleatorizados, y analizados con modelos mixtos lineales (Severidad y esporulación) y un modelo

mixto lineal generalizado (Incidencia). La correlación de nuestros resultados con los datos del pasaporte del banco de germoplasma, el contenido de saponinas en semilla y las mediciones de características estomatales también fueron estimadas, al igual que la heredabilidad en sentido amplio. Se reportó alta variación en la respuesta de la quinoa al mildiú pero la varianza GenotipoxExperimento también fue alta. Adicionalmente, severidad y esporulación están altamente correlacionadas, demostrando que la primera es un buen indicador general de la respuesta de la planta a la infección. Las correlaciones de la respuesta al patógeno con los datos del pasaporte fueron en su mayoría débiles. La heredabilidad fue generalmente alta para la severidad y la esporulación (0.72-0.81) pero baja para la incidencia (0.40). Los resultados indican que la resistencia a *Peronospora* es principalmente cuantitativa, pero los genes cualitativos no se pueden descartar. Finalmente, el genoma de 88 genotipos fue resecuenciado y los datos genotípicos y genotípicos fueron usados en un estudio de mapeo por asociación de genoma completo (GWAS) para identificar regiones genómicas que contribuyen a la tolerancia al patógeno útiles en futuros programas de fitomejoramiento

#genetics #plantpathology #genética #fitopatología



Title: Seed Composition and Amino Acid Profiles for Quinoa Accessions Grown in Washington State

Título: Composición de Semillas y Perfiles de Aminoácidos para Accesiones de Quinua Cultivadas en el Estado de Washington

Presenter: Craine, Evan

Authors/Affiliations: Craine, E.B.K., and K. Murphy

Sustainable Seed Systems Lab, Department of Crop and Soil Science, Washington State University

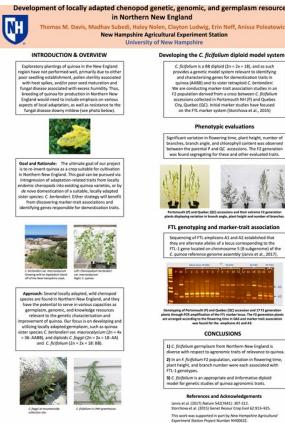
Abstract: Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is a pseudocereal celebrated for its excellent nutritional quality and potential to improve global food security, especially in marginal environments. However, minimal information is available on how genotype influences seed composition, and thus, nutritional quality. This study aimed to provide a baseline for nutritional quality of Washington grown quinoa and test the hypothesis that these samples contain adequate amounts of essential amino acids to meet daily requirements set by the World Health Organization (WHO). One hundred samples, representing commercial varieties and advanced breeding lines adapted to Washington State, were analyzed for content of 23 amino acids, as well as crude protein, ash, moisture, and crude fat. Mean essential amino acid values for Washington grown quinoa met the daily requirements for all age groups for all essential amino acids, except for the amount of leucine required by infants. We found that only nine genotypes met the leucine requirements for all age groups. A total of 52 and 94 samples met the lysine and tryptophan requirements for all age groups, respectively. Mean values for isoleucine, leucine, lysine, tryptophan, valine, and the sulfur and aromatic amino acids are higher for Washington grown samples than those reported previously reported in the literature. Our results show that not all Washington grown quinoa samples meet daily requirements of essential amino acids, and we identify limiting amino acids for the germplasm and environments investigated. This study provides the first report of leucine as a limiting amino acid in quinoa. Additional research is needed to better understand variation in quinoa nutritional composition, identify varieties that meet daily requirements, and explore how genotype, environment, and management interactions influence nutritional quality.

Document: La quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un pseudocereal famoso por

su excelente calidad nutricional y su potencial para mejorar la seguridad alimentaria mundial, especialmente en ambientes marginales. Sin embargo, se dispone de información mínima sobre cómo el genotipo influye en la composición de la semilla y, por lo tanto, en la calidad nutricional. Este estudio tuvo como objetivo proporcionar una línea base para la calidad nutricional de la quinua cultivada en Washington y probar la hipótesis de que estas muestras contienen cantidades adecuadas de aminoácidos esenciales para cumplir con los requisitos diarios establecidos por la Organización Mundial de la Salud (OMS). Cien muestras, que representan variedades comerciales y líneas de reproducción avanzadas adaptadas al estado de Washington, se analizaron para determinar el contenido de 23 aminoácidos, así como proteínas crudas, cenizas, humedad y grasa cruda. Los valores medios de aminoácidos esenciales para la quinua cultivada en Washington cumplieron con los requisitos diarios para todos los grupos de edad para todos los aminoácidos esenciales, excepto la cantidad de leucina requerida por los bebés. Descubrimos que solo nueve genotipos cumplían los requisitos de leucina para todos los grupos de edad. Un total de 52 y 94 muestras cumplieron los requisitos de lisina y triptófano para todos los grupos de edad, respectivamente. Los valores medios para isoleucina, leucina, lisina, triptófano, valina y los aminoácidos azufrados y aromáticos son más altos para las muestras cultivadas en Washington que los reportados previamente en la literatura. Nuestros resultados muestran que no todas las muestras de quinua cultivadas en Washington cumplen con los requisitos diarios de aminoácidos esenciales, e identificamos aminoácidos limitantes para el germoplasma y los entornos investigados. Este estudio proporciona el primer informe de leucina como un aminoácido limitante en la quinua. Se necesita investigación adicional para comprender mejor la variación en la composición nutricional de la quinua, identificar variedades que cumplan con los requisitos diarios y explorar cómo las interacciones genotipo, ambiente y manejo influyen en la calidad nutricional.

#nutritionalscience #nutrientcomposition #cienciasdelanutrición

#composicióndenutrientes



Title: Development of Locally Adapted Chenopod Genetic, Genomic, and Germplasm Resources in Northern New England

Título: Desarrollo de Recursos Genéticos, Genómicos y de Germoplasma de Chenopodos Adaptados Localmente en el Norte de Nueva Inglaterra

Presenter: Davis, Thomas

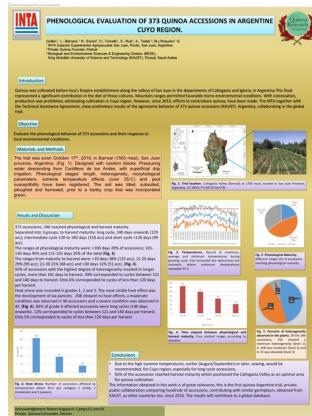
Authors/Affiliations: T.M. Davis [1], Subedi, M. [1], Nolen, H. [1], Ludwig, C. [1], and A. Poleatewich [2]

University of New Hampshire, Durham, NH [1] Department of Molecular, Cellular, and Biomedical Sciences; [2] Department of Agriculture, Nutrition, and Food Systems

Abstract: Quinoa itself is not well-adapted to climate and other environmental conditions here in Northern New England. However, several locally adapted, wild chenopod species are found here, and they have the potential to serve in various capacities as germplasm, genomic, and knowledge resources relevant to the genetic characterization and improvement of quinoa. Our focus is on the use of locally adapted germplasm, including the quinoa sister species *Chenopodium berlandieri* var. *macrocalycium* ($2n = 4x = 36$: AABB), and related diploids *C. foggii* ($2n = 2x = 18$: AA) and *C. ficifolium* ($2n = 2x = 18$: BB). We will provide an overview of our project and its rationale, and present an update on the development of *C. ficifolium* as a diploid model species relevant to quinoa, including the identification of agronomic trait associations with the FT1-1 locus.

Resumen: La quinua en sí no está bien adaptada al clima y otras condiciones ambientales aquí en el norte de Nueva Inglaterra. Sin embargo, aquí se encuentran varias especies de quenopodos silvestres adaptadas localmente, y tienen el potencial de servir en diversas capacidades como germoplasma, genómica y recursos de conocimiento relevantes para la caracterización genética y la mejora de la quinua. Nuestro enfoque está en el uso de germoplasma adaptado localmente, incluida la especie hermana de la quinua *Chenopodium berlandieri* var. *macrocalycium* ($2n = 4x = 36$: AABB), y diploides relacionados *C. foggii* ($2n = 2x = 18$: AA) y *C. ficiifolium* ($2n = 2x = 18$: BB). Proporcionaremos una visión general de nuestro proyecto y su justificación, y presentaremos una actualización sobre el desarrollo de *C. ficiifolium* como especie modelo diploide relevante para la quinua, incluida la identificación de asociaciones de rasgos agronómicos con el locus FTL-1.

#genetics #agronomy #genética #agronomía



Title: Phenological Evaluation of 373 Quinoa Accessions in Argentina's Cuyo Region

Título: Evaluación Fenológica de 373 Accesiones de Quinua en la Zona Centro Oeste de la Argentina

Presenter: Eisner, Olivia

Authors/Affiliations: Guillen, L. [1], Barcena, N. [1], Eisner, O. [2], Tornello, S. [1], Ruiz, A. [1], Tester, M. [3], and G. Roqueiro [1]

[1] INTA. Estación Experimental Agropecuaria (EEA) San Juan. San Juan. Argentina;
[2] Private Quinoa Founder. Partner: [3] Biological and Environmental Sciences &

Engineering Division (BESE). King Abdullah University of Science and Technology (KAUST), Thuwal, Saudi Arabia

Abstract: Quinoa was cultivated before the Incan Empire's establishment along the valleys of Argentina's San Juan province, in the departments of Calingasta and Iglesia. This grain represented a significant contribution to the diet of those cultures. High radiation and shelter conditions of the foothills of mountain ranges provided favorable micro-environmental conditions. With colonization, production was prohibited, eliminating cultivation in Cuyo region. However, since 2013, efforts to reintroduce quinoa, have been made. The present work shows preliminary results of Kaust's 373 quinoa accessions. The objective was to evaluate the agronomic behavior of the different accessions and their response to local environmental conditions, Calingasta Valley. The trial was sown mid-October 2019, in Barreal (1500 meters above sea level), San Juan province. Phenological stages' length, heterogeneity, morphological parameters, extreme temperature's effect and pest susceptibility have been evaluated. 346 accessions, from the original 373 sown accessions, reached harvest maturity. Accessions were separated into 3 groups: long cycle (37%), intermediate cycle (34%) and short cycle (29%). Long-cycle accessions were the most susceptible to thermal stress, showing lax panicles. Short-cycle accessions were less affected by the predominant pests (*Rachiplusia nu* and *Pseudoplusia includens*). In general, all accessions showed high resistance to hail. Most accessions showed homogeneous morphological and phenological behavior.

Resumen: La quinua fue cultivada desde antes del imperio incaico en los valles sanjuaninos de Calingasta e Iglesia. El cultivo representaba un aporte significativo en la dieta de aquellas culturas, además de contar con las condiciones de insolación y con el abrigo que proporcionan las estribaciones de los cordones montañosos cordilleranos lo cuales producen sitios con condiciones microambientales favorables. Con la colonización se prohibió su cultivo, despareciendo este en la región de Cuyo,

sin embargo, desde 2013 se vienen trabajando en su reintroducción. En el presente trabajo se muestran resultados preliminares de un Convenio de Asistencia Técnica para el estudio del comportamiento agronómico de 373 accesiones de quinua en el Valle de Calingasta, San Juan como parte de una red de ensayos a nivel mundial. El objetivo fue evaluar el comportamiento agronómico de las diferentes accesiones y su respuesta a las condiciones ambientales locales. El ensayo se sembró a mediados de octubre 2019, en Barreal (1500 msnm), Provincia de San Juan, Argentina. Se evaluó la duración de los estadios fenológicos, heterogeneidad, parámetros morfológicos, efecto de temperaturas extremas y susceptibilidad a plagas. De las 373 accesiones originales, solo 346 llegaron a cosecha. Según la duración del ciclo se separaron en 3 grupos: ciclo largo (37%), ciclo intermedio (34%) y ciclo corto (29 %). Para la fecha de siembra ensayada las accesiones de ciclo largo fueron las que resultaron más susceptibles al estrés térmico mostrando panojas más laxas. Las accesiones de ciclo corto resultaron menos afectadas por las plagas predominantes (*Rachipusia* n. y *Pseudoplusia includens*) y en general todas las accesiones mostraron una alta resistencia al granizo. La mayoría de las accesiones tuvieron un comportamiento homogéneo tanto morfológico como fenológico.

**#agronomy #plantphysiology #entomology #genética #agronomía
#fitofisiología #entomología**



Title: Quinoa Dessert with Milk Substitute

Título: Postre de Quinua con Sustituto de Leche

Presenters: Fernandez Olivares, Karla Paola

Authors/Affiliations: Vázquez-Luna A., Vargas, A., Vázquez S., and K.P. Fernández

Instituto de Ciencias Básicas, Facultad de Química Farmacéutica Biológica,
Universidad Veracruzana, Xalapa, Veracruz, México.

Abstract: *Background.* Quinoa (*Chenopodium quinoa*) is gaining relevance as a functional and nutraceutical food, as it is a pseudocereal that has low glycemic index carbohydrates, proteins of high biological value and minerals. Compared to wheat, quinoa has a lower fat level and a zero cholesterol content, in addition to not containing gluten [1]. *Objective.* The objective of the present work was to obtain a dessert of quinoa with coconut milk that can replace the dessert known as rice pudding, with a higher nutritional contribution. *Methods.* The dessert was prepared by cooking washed quinoa with coconut milk (1: 3 w / v), stirred every 5 min for 30 seconds until it reached consistency (600 mL), 10 g of cinnamon and 85 g of muscovado sugar were added. It was allowed to cool and was placed in 100 g molds. Proteins were determined by the Biuret method, fats by the Warner-Schmid method, reducing sugars by the Fehling method, microbiological tests of total coliforms and aerobic bacteria. The sensory evaluation was by means of the triangular discriminatory test and the analysis with the binomial distribution method. *Results and Discussion.* For each 100 g of dessert, $8.26 \pm 0.02\%$ of proteins, $1.29 \pm 0.07\%$ of fats, $2.3 \pm 0.57\%$ of reducing sugars were obtained, no total coliforms and 2,000 CFU / g of aerobic bacteria were observed, so it complies with

the NOM 093 specifications for a non-dairy dessert. From the binomial distribution, it was obtained that of 26 panelists the acceptance percentage of the dessert was 53.84%; 14 panelists preferred the quinoa dessert instead of the commercial one. *Conclusion.* A dessert with high nutritional value was obtained, apart from being an excellent option for vegans or people with digestive problems, without detracting from its organoleptic qualities.

Bibliography - [1] Abellan, M., Barnuevo, M., García, C., Contreras, C., Aldeguer, M., Soto, F., Guillén, I., Luque, A., Quinde, F., Martínez, A. & López, F. (2017) Efecto del consumo de quinua (*Chenopodium quinoa*) como coadyuvante en la intervención nutricional en sujetos prediabéticos. Rev. Nutrición Hospitalaria. 34 (5). ISSN 1699-5198. Secretaría de Salud (1994) Norma oficial mexicana NOM-093-SSA1-1994, bienes y servicios. Prácticas de higiene y sanidad en la preparación de alimentos que se ofrecen en establecimientos fijos. Recuperado de <http://www.salud.gob.mx/unidades/cdi/nom/093ssa14.html> el 28 de mayo de 2020.

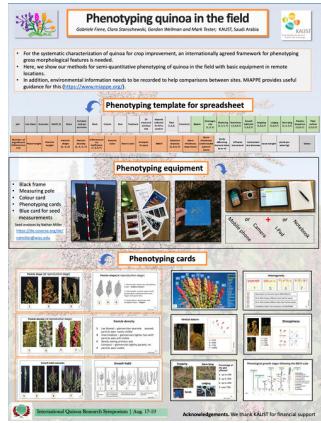
Resumen: Antecedentes. La quinua (*Chenopodium quinoa*) está ganando relevancia como alimento funcional y nutracéutico, al tratarse de un pseudocereal que posee hidratos de carbono de bajo índice glucémico, proteínas de alto valor biológico y minerales. En comparación con el trigo, la quinua tiene un menor nivel de grasa y un nulo contenido en colesterol, además de no contener gluten[1] Objetivo. El objetivo del presente trabajo fue obtener un postre de quinua con leche de coco que pueda sustituir al postre conocido como arroz con leche, con mayor aporte nutrimental.

Métodos. Se preparó el postre cociendo quinua previamente lavada con leche de coco (1:3 p/v), se agitó cada 5 min durante 30 seg hasta que alcanzó la consistencia (600 mL), se agregaron 10 g de canela y 85 g de azúcar mascabado. Se dejó enfriar y se colocó en moldes de 100 g. Se determinaron proteínas por el método de Biuret, grasas por el método de Warner-Schmid, azúcares reductores

mediante el método de Fehling, pruebas microbiológicas de coliformes totales y bacterias aerobias. La evaluación sensorial fue mediante la prueba discriminatoria triangular y el análisis con el método de distribución binomial. *Resultados y Discusión.* Para cada 100 g de postre, se obtuvieron 8.26 ± 0.02 % de proteínas, 1.29 ± 0.07 % de grasas, 2.3 ± 0.57 % de azúcares reductores, no se observaron coliformes totales y 2,000 UFC/g de bacterias aerobias por lo que cumple con las especificaciones de la NOM 093 para postre no lácteo. De la distribución binomial se obtuvo que de 26 panelistas el porcentaje de aceptación del postre fue de 53.84%, 14 panelistas prefirieron el postre de quinua en lugar del comercial. *Conclusión.* Se obtuvo un postre con alto valor nutrimental, aparte de ser una excelente opción para las personas veganas o con problemas digestivos, sin demeritar sus cualidades organolépticas.

Bibliografía - [1] Abellan, M., Barnuevo, M., García, C., Contreras, C., Aldeguer, M., Soto, F., Guillén, I., Luque, A., Quinde, F., Martinez, A. & Lopez, F. (2017) Efecto del consumo de quinua (*Chenopodium quinoa*) como coadyuvante en la intervención nutricional en sujetos prediabéticos. Rev. Nutrición Hospitalaria. 34 (5). ISSN 1699-5198. Secretaría de Salud (1994) Norma oficial mexicana NOM-093-SSA1-1994, bienes y servicios. Prácticas de higiene y sanidad en la preparación de alimentos que se ofrecen en establecimientos fijos. Recuperado de <http://www.salud.gob.mx/unidades/cdi/nom/093ssa14.html> el 28 de mayo de 2020.

**#foodscience #nutritional science #cienciasdelosalimentos
#cienciasdelanutrición**



Title: Phenotyping Quinoa in the Field

Título: Fenotipado de la quinua en campos de cultivo

Presenter: Fiene, Gabriele

Authors/Affiliations: Fiene, G.* , Stanschewski, C., Wellman, G., and M. Tester

King Abdullah University of Science and Technology (KAUST), Center for Desert Agriculture (CDA) and Biological and Environmental Sciences & Engineering Division (BESE), Thuwal, Saudi Arabia; *gabriele.fiene@kaust.edu.sa

Abstract: For the systematic physiological and genetic characterization of quinoa and its application for crop improvement, a defined and internationally accessible framework for phenotyping gross morphological features needs to be agreed upon. In this poster, we build upon the excellent work of Sosa-Zunniga et al. (2017: Ann Appl Biol 171: 117–124) and earlier workers, to show how we did semi-quantitative phenotyping of large quinoa trials in the field with basic equipment in remote locations. We would like to be able to help quinoa researchers develop an international system for such phenotyping, perhaps helped by field cards we developed in the process of trying to make our phenotyping usable by a range of people in diverse environments in a range of countries. We have phenotyped about 1000 different accessions of quinoa plants in the field, in different countries and environments to describe a wide range of quinoa's genetic variability and, ultimately, undertake association genetic analyses (see poster by Stanschewski et al). Factors to be taken into account, quantified and recorded include: number of accessions; plot and field size; planting density; crop management (e.g. fertilization, irrigation, weeding, pest and disease control); edaphic factors (e.g. day-length, degree-days, irradiance, rainfall, soil properties). Photographs of single plants, panicles and plots

provides essential documentation, as does phenotyping at reproductive stage for traits such as: height, panicle shape, density, color, inflorescence number and leafiness and degree of dehiscence. Plot heterogeneity, growth habit, extent of branching, root lodging and stem breaking and lodging also need to be recorded. Yield-related data and seed properties after harvest are, of course, also centrally important. Details on the way we record these traits in the field will be provided in this poster.

Resumen: Para la caracterización sistemática, fisiológica y genética, de la quinua y su consecuente aplicación para el mejoramiento de cultivos, es necesario establecer un marco definido y accesible internacionalmente para fenotipar las características morfológicas importantes. En este póster, nos basamos en el excelente trabajo de Sosa-Zunniga et al. (2017: Ann Appl Biol 171: 117–124) y trabajos anteriores, para mostrar cómo realizamos el fenotipado semi-cuantitativo de grandes investigaciones de quinua en campos de cultivo, en ubicaciones remotas y con equipos básicos. Tenemos la intención de ayudar a los investigadores de la quinua a desarrollar un sistema internacional para tal fenotipado, posiblemente haciendo uso de las tarjetas de campo que hemos desarrollado con el propósito de hacer que los datos obtenidos sean utilizables por una variedad de personas en diversos entornos y en diferentes países. Hemos fenotipado alrededor de 1000 diferentes accesiones de plantas de quinua en campos de diferentes países y entornos para describir una amplia gama de variabilidad genética de la quinua y, en última instancia, realizar análisis genéticos de asociación (ver póster de Stanschewski et al). Los factores a considerar, cuantificar y registrar incluyen: número de accesiones; tamaño de campo y parcela; densidad de siembra; manejo de cultivos (por ejemplo, fertilización, riego, deshierbe, control de plagas y enfermedades); factores edáficos (por ejemplo, duración del día, grados-día, irradiancia, lluvia, propiedades del suelo). Las fotografías de plantas individuales, panículas y parcelas proporcionan documentación esencial, al igual que el fenotipado en la etapa reproductiva de características tales como: altura, forma de la panícula, densidad, color, número de

inflorescencias, frondosidad y grado de dehiscencia. La heterogeneidad de la parcela, el hábito de crecimiento, el grado de ramificación, el encamado por raíz o tallo y la ruptura del tallo también deben registrarse. Los datos relacionados con el rendimiento y las propiedades de las semillas después de la cosecha son, por supuesto, también de importancia central. Los detalles de la forma en que registramos estas características en el campo se proporcionarán en este póster.

#agronomy #plantphysiology #agronomía #fitofisiología



Title: Inheritance of Resistance to Downy Mildew in Quinoa

Título: Herencia de la Resistencia a Mildiu en Quinoa

Presenter: Fondevilla, Sara

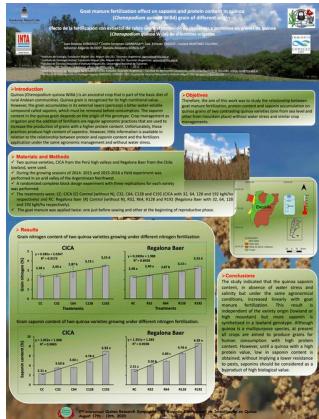
Authors/Affiliations: Fondevilla, Sara

Institute for Sustainable Agriculture-CSIC/ Córdoba, Spain/ Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Córdoba, España

Abstract: Downy mildew, caused by *Peronospora variabilis* Güm, is the most important quinoa disease worldwide. In Spain this disease severely affects quinoa crops, infecting up to 90% of plant area and causing defoliation in susceptible cultivars under favourable conditions for the development of the disease. Despite the relevance of this trait for quinoa breeding, little is known about the genetics of resistance to downy mildew in quinoa. The objective of this study was to unravel the inheritance of resistance to downy mildew in quinoa accession PI614911. This accession has shown high level of resistance to downy mildew under Spanish field conditions during several seasons.

conditions during several seasons. With this aim, accession PI614911 was crossed with a susceptible line and the segregation of resistance analysed in the F2 generation under field conditions in Córdoba, Spain. Differences between resistant and susceptible plants were evident, showing that segregation of resistance in the F2 population fitted perfectly to the 3:1 ratio ($\chi^2 = 0.01$; $p= 0.92$). Therefore, we demonstrate that resistance to downy mildew in quinoa accession PI614911 is controlled by a single dominant gene. Knowledge of the genetic control of resistance to downy mildew in this line would be relevant to design the best strategy to introduce this character into cultivars.

Resumen: El mildiu, causado por *Peronospora variabilis* Güm, es la enfermedad más importante de la quinoa en todo el mundo. En España esta enfermedad también afecta severamente al cultivo, llegando a infectar hasta el 90% del área de la planta y causando defoliación en líneas susceptibles bajo condiciones favorables para el desarrollo de la enfermedad. A pesar de la importancia de este carácter en la mejora de la quinoa, poco se sabe sobre la herencia de la resistencia a mildiu en quinoa. El objetivo de este estudio fue el estudiar la herencia de la resistencia a mildiu en la línea de quinoa PI614911. Esta línea ha mostrado altos niveles de resistencia a esta enfermedad durante varias campañas en condiciones de campo en Córdoba, España. Con este objetivo se cruzó la línea PI614911 con una línea susceptible y se analizó la segregación de la resistencia en la generación F2 en condiciones de campo en Córdoba, España. Las diferencias entre las plantas resistentes y susceptibles fueron evidentes, mostrando que la segregación de la resistencia en la generación F2 se ajustaba perfectamente al ratio 3:1($\chi^2 = 0.01$; $p= 0.92$). Por lo tanto, en este estudio demostramos que la resistencia a mildiu en la entrada PI614911 está controlada por un solo gen dominante. El conocimiento de la genética de la resistencia a mildiu en esta línea es relevante para diseñar la mejor estrategia para introducir este carácter en futuros cultivares.



Title: The Effect of Organic Nitrogen Fertilization on Saponin and Protein Content in Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) of Different Origins

Título: Efecto de la Fertilización Nitrogenada Orgánica Sobre el Contenido de Proteínas y Saponinas en Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) de Diferentes Orígenes

Presenter: González, Juan Antonio

Authors/Affiliations: González, J.A. [1]*, Lizárraga, F.E. [2], Erazzú, L.E. [3], Martínez Calsina, L. [3], Buedo, S.E. [1], and D. A. González [4]

[1] Instituto de Ecología, Fundación Miguel Lillo. Miguel Lillo 251. Tucumán (Argentina) y Instituto de Fisiología Animal, Fundación Miguel Lillo. Miguel Lillo 251. Tucumán (Argentina); [b] Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo. Universidad Nacional de Tucumán. Miguel Lillo 205. Tucumán (Argentina); [3] Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Famaillá, Tucumán (Argentina) – Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán; [4] Instituto de Bioprospección y Fisiología Vegetal (INBIOFIV). CONICET-UNT, Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo; *jagonzalez@lillo.org.ar

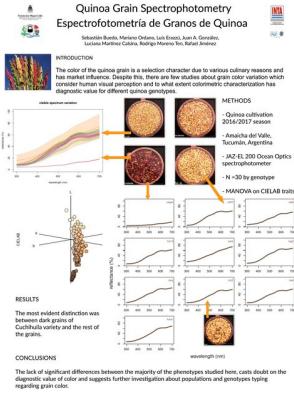
Abstract: A field experiment was performed using two quinoa varieties to determine the effects of organic nitrogen fertilization on saponin and grain protein content. A trial was conducted at 2,000 m a.s.l valley (Tucumán, Argentina) at different nitrogen levels (0–28–56–112–168 kg N/ha). The source of nitrogen came from goat manure.

Because water stress on quinoa crops can affect the saponin and protein synthesis, the trial was controlled by drip irrigation. The results indicated that saponin and protein content increase near linearly as did the nitrogen fertilization. However, there was a varietal difference. In effect, R. Baer synthesized more saponin than CICA at the same nitrogen levels. Probably the differences in response to nitrogen fertilization of both varieties were related to the genotypes origin, one from high mountain (CICA) and the other from lowland (R. Baer).

Resumen: Se diseño una experiencia de campo utilizando dos variedades de quinoa para estudiar el efecto de la fertilización nitrogenada orgánica sobre el contenido de saponinas y proteínas. Las experiencias se realizaron en un valle a 2.000 m snm (Tucumán, Argentina) con diferentes niveles de nitrógeno (0, 28, 56, 112, 168 kgN/ha). Se utilizó abono de cabra como fuente de nitrógeno. Debido a que el estrés hídrico sobre la quinoa puede afectar tanto el contenido de proteínas como de saponinas las experiencias se realizaron con riego por goteo para evitar esa situación de estrés. Los resultados indican que tanto el contenido de saponinas como el de proteínas se incrementan casi linealmente a medida que aumenta la fertilización nitrogenada. Sin embargo, hay una diferencia varietal. Bar Regalona sintetiza más saponinas que CICA en la misma dosis de fertilización nitrogenada. Probablemente, la diferencia en respuesta a la fertilización de ambas variedades se halle relacionada al origen de los ecotipos utilizados, uno de alta montaña (CICA) y otro de nivel de mar (R. Baer).

Palabras claves: quinoa, saponinas, proteínas, fertilización nitrogenada

#agronomy #nutrientcomposition #agronomía #composicióndenutrientes



Title: Quinoa Grain Spectrophotometry

Título: Espectrofotometría de Granos de Quinua

Presenter: González, Juan Antonio

Authors/Affiliations: Buedo S. [1], Ordano M. [1, 2], Erazzú L. [3], González J. A. [1]*, Martínez Calsina, L. [3], Moreno Ten R. [4], and R. Jiménez [4]

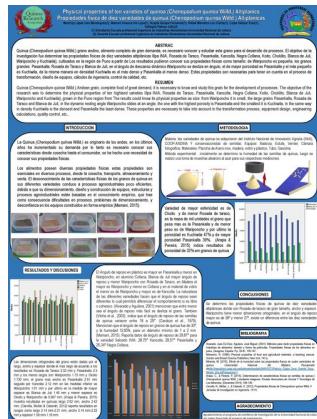
[1] Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina; [2] Instituto de Ecología Regional, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad Nacional de Tucumán (UNT), Tucumán, Argentina; [3] Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Famaillá, Tucumán, Argentina; [4] Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, UNT, Tucumán, Argentina;

*jagonzalez@lillo.org.ar

Abstract: The color of the quinoa grain is a selection character due to various culinary reasons and has market influence. Despite this, there are few studies about grain color variation that consider human visual perception and to what extent colorimetric characterization has diagnostic value for different quinoa genotypes. Based on an experiment done in the 2016/2017 season, we found that the most evident distinction was between dark grains of Cuchihuila variety and the rest of the grains. To the human eye, it would not be possible to distinguish between clear genotypes. Each individual color sample was estimated with an Ocean Optics JAZ Spectrophotometer, and 10 measurement points for each genotype and for each one of the thirty samples were taken. We suppose that this sampling is representative of intra-genotype variation. The lack of significant differences between the majority of the genotypes studied here, casts doubt on the diagnostic value of color and suggests further investigation about populations and genotypes typing regarding grain color.

Resumen: El color del grano de quinoa es motivo de selección por diversas razones culinarias e influye en el mercado. Sin embargo, existen pocos estudios sobre la variación en el color del grano que consideren la percepción visual humana y en qué medida la caracterización colorimétrica tiene valor diagnóstico para diversos genotipos de quinoa. En base a un experimento hecho en la temporada 2016-2017, encontramos que la distinción más evidente fue entre granos oscuros de Cuchihuila y el resto de los granos. Para el ojo humano, no sería posible distinguir entre genotipos claros. Cada muestra individual de color se estimó con espectrómetro JAZ, y para cada genotipo o variedad se tomaron 10 puntos de medición para cada una de 30 muestras. Suponemos que este muestreo es representativo de la variación dentro de un genotipo. La ausencia de diferencias significativas entre la mayoría de las variedades aquí estudiadas pone en duda el valor diagnóstico del color y sugiere una investigación más profunda de la tipificación de poblaciones y genotipos en relación con el color del grano.

#foodscience #cienciasdelosalimentos



Title: Physical Properties of Ten Varieties of Altiplano Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.)

Título: Propiedades Físicas de Diez Variedades de Quinua (*Chenopodium Quinoa* Willd) Altiplanicas

Presenter: Grupo Semilleros de Investigación "Akaru Anchita Jicchha"

Authors/Affiliations: Monroy Lopez, I.M. [1], Mamani Huanca, I.L. [1], Huayta Quispe, F. [1], Rafael Mendoza, L.C. [1], Coyla Salazar, E. [1], and R.J. Gallegos [2]

[1] Estudiante Escuela profesional Ingeniería en Industrias Alimentarias-Universidad Nacional de Juliaca; [2] Docente Escuela profesional Ingeniería en Industrias Alimentarias-Universidad Nacional de Juliaca

Abstract: Andean quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.), a complete food of great demand, is necessary to understand and study for the development of processing methods. The objective of the research was to determine the physical properties of ten highland

varieties: Illpa INIA, Rosada de Taraco, Pasankalla, Kancolla, Negra Collana, Koito, Choklito, Blanca de Juli, Wariponcho, and Kuchiwila. Varieties were grown in the Puno region. Physical property results include: Wariponcho, small sized grains; Pasankalla, Rosada de Taraco and Blanca de Juli, large grains; Wariponcho, dynamic resting angle slides at an angle; Pasankalla, highest porosity; Kuchiwila, smallest porosity value; Kuchiwila, the most dense; Pasankalla, the least dense. These properties are necessary to take into account in the transformation process, equipment design, engineering calculations, quality control, etc.

Resumen: Quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) grano andino, alimento completo de gran demanda, es necesario conocer y estudiar este grano para el desarrollo de procesos. El objetivo de la investigación fue determinar las propiedades físicas de diez variedades altiplánicas Illpa INIA, Rosada de Taraco, Pasankalla, Kancolla, Negra Collana, Koito, Choklito, Blanca de Juli, Wariponcho y Kuchiwila), cultivados en la región de Puno a partir de Los resultados pudieron conocer sus propiedades físicas como tamaño: de Wariponcho es pequeña, los granos grandes Pasankalla, Rosada de Taraco y Blanca de Juli, en el ángulo de descanso dinámico Wariponcho se desliza en ángulo, el de mayor porosidad es Pasankalla y el más pequeño es Kuchiwila, de la misma manera en densidad Kuchiwila es el más denso y Pasankalla el menos denso. Estas propiedades son necesarias para tener en cuenta en el proceso de transformación, diseño de equipos, cálculos de ingeniería,

control de calidad, etc.

#foodscience #cienciasde losalimentos



Title: Difference Between Quinoa and Amaranth Diets Using an Animal Model

Título: Diferencia Entre Dietas a Base de Quinoa y Amaranto Usando un Modelo Animal

Presenter: Lezama Parada, Luz Mariana

Authors/Affiliations: Lezama, P.L.M* [1,3], Díaz-Sobac, R. [1], Fuentes, C.F. [2], Blasco, L.G. [3], and A. Vázquez-Luna [1]

[1] Instituto de Ciencias Básicas, Universidad Veracruzana, Dr. Luis Castelazo s/n, Col. Industrial Animas, Xalapa, Veracruz; [2] Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile, Avenida Libertador General Bernardo O’Higgins 340, Santiago, Chile; [3] Facultad de Nutrición, Universidad Veracruzana, Iturbide s/n, Col. Zaragoza, Veracruz, Ver; *lm_lp@outlook.com

Abstract: Quinoa has recently been considered not only as a potential resource in the Andean countries, but also for other countries due to the contribution of proteins with high nutritional value, especially in new dietary trends such as vegetarians and vegans that may include it as a meat substitute [1]. Amaranth contains proteins of high nutritional value, a spectrum of amino acids and vitamins and minerals that help maintain health [2]. **Objective.** The objective of this work was to establish the differences in the consumption of a normal diet and three different diets based on

quinoa and amaranth, and their relationship with their nutritional status in male Wistar rats. **Methods.** The different diets were implemented in 36 recently weaned 25-day-old male Wistar rats. Four groups were formed: control (c), quinoa (q), amaranth (a) and quinoa / amaranth (q / a). The animals were weighed once a week for 24 weeks, adjusting the doses for pellet production (IDR / kg weight) and also to determine the values of body weight (g) as a function of somatic maturation (PVC-spike speed growth) [3]. **Results.** The mean weight of the different groups at 24 weeks was: 545.4 ± 39.32 , 546.6 ± 43.83 , 523.6 ± 16.31 and 526.4 ± 50.26 , respectively, determining significant differences ($P < 0.05$) between the cyq group with respect to the other two. Somatic maturation, it is observed that although the animals of the different groups could be considered eutrophic, the groups c and q were above the mean, and the groups a and q / a are below the first quartile, that is, the diet was insufficient. **Conclusion.** The nutritional status of the experimental animals was optimal when quinoa was used, unlike the other diets studied.

Key words: quinoa, amaranth, nutritional status, somatic maturation.

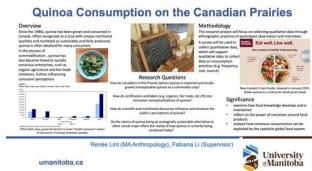
Bibliography - [1] Vázquez-Luna A, Fuentes CFF, Rivadeneyra DE, Hernández TC y Díaz-Sobac R (2019). Nutrimental content and functional properties of quinoa flour of Chile and Mexico. Cien. Inv. Agr. 42(2):144-153; [2] Algara Suárez, Paola & Gallegos-Martínez, Josefina & Reyes-Hernández, Jaime. (2016). EL AMARANTO Y SUS EFECTOS TERAPÉUTICOS. Tlatemoani. 21; [3]Cossio-Bolaños M, Gómez CR, Vargas VR, Hochmuller FRT y de Arruda M (2013). Curvas de referencia para valorar el crecimiento físico de ratas macho Wistar. Nutr. Hosp. 28(6):2151-2156.

Resumen: Antecedentes. Recientemente, la quinoa no solo se considera como un recurso potencial de los países andinos, sino también para otros países debido a la contribución de proteínas con alto valor nutrimental, especialmente en las nuevas tendencias alimentarias como los vegetarianos y los veganos que pueden incluirla como un sustituto de la carne [1]. El amaranto aparte de contener proteínas de alto

valor nutrimental, también contiene un espectro de aminoácidos y niveles de vitaminas y minerales que ayudan a mantener la salud [2]. **Objetivo.** El objetivo de este trabajo fue establecer las diferencias en el consumo de una dieta normal y tres diferentes dietas a base de quinoa y amaranto, así como su relación con su estado nutricional en ratas macho Wistar. **Métodos.** Las diferentes dietas se implementaron en 36 ratas macho Wistar con 25 días de edad, recién destetados. Se formaron cuatro grupos: control (c), quinoa (q), amaranto (a) y quinoa/amaranto (q/a). Los animales fueron pesados una vez por semana durante 24 semanas ajustando las dosis para la elaboración del pellet (IDR/kg peso) y también para determinar los valores del peso corporal (g) en función de la maduración somática (PVC-pico de velocidad de crecimiento) [3]. **Resultados.** El peso promedio de los diferentes grupos a las 24 semanas fue de: 545.4±39.32, 546.6±43.83, 523.6±16.31 y 526.4±50.26, respectivamente, determinando diferencias significativas ($P<0.05$) entre el grupo c y q con respecto a los otros dos. En cuanto a la maduración somática se observa qué si bien los animales de los diferentes grupos se pudieran considerar eutróficos, los grupos c y q estuvieron por arriba de la media, y los grupos a y q/a están por abajo del primer cuartil, es decir, la dieta fue insuficiente. **Conclusión.** El estado nutricional de los animales de experimentación fue óptimo cuando se ocupó quinoa a diferencia de las otras dietas estudiadas.

Palabras clave: quinoa, amaranto, estado nutricional, maduración somática

Bibliografía - [1] Vázquez-Luna A, Fuentes CFF, Rivadeneyra DE, Hernández TC y Díaz-Sobac R (2019). Nutrimental content and functional properties of quinoa flour of Chile and Mexico. *Cien. Inv. Agr.* 42(2):144-153; [2] Algara Suárez, Paola & Gallegos-Martínez, Josefina & Reyes-Hernández, Jaime. (2016). EL AMARANTO Y SUS EFECTOS TERAPÉUTICOS. *Tlatoano*. 21; [3]Cossio-Bolaños M, Gómez CR, Vargas VR, Hochmuller FRT y de Arruda M (2013). Curvas de referencia para valorar el crecimiento físico de ratas macho Wistar. *Nutr. Hosp.* 28(6):2151-2156.



Title: Quinoa Consumption on the Canadian Prairies

Título: Consumo de Quinua en las Praderas Canadienses

Presenter: Lint, Renée

Authors/Affiliations: Lint, R., and F. Li

Department of Anthropology, University of Manitoba

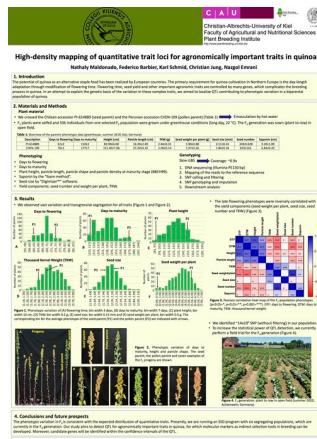
Abstract: Since the 1980s quinoa has been a part of the Canadian food system. Often recognized as a crop with unique nutritional qualities and marketed as sustainably and fairly produced, quinoa is often idealized by many consumers as an ethical, ecological, and healthy food. Referred to as a “superfood” due to its nutritional density and relatively high protein content, quinoa is often associated by consumers with fad diets (e.g. gluten free, vegan) and healthy-eating programs. In the process of commodification, quinoa has also become linked to socially conscious enterprises, such as organic agriculture and fair-trade initiatives, further influencing consumer perceptions. On the Canadian Prairies, quinoa continues to expand in availability as an imported and locally produced crop, becoming a staple in many Prairie households. The goal of the current study will be to explore how Canadians on the Prairies conceptualize quinoa as a commodity crop. Questions of the impact of certifications and labels of quinoa (e.g. organics, fair trade, etc.) on Prairie Canadians’ perceptions of quinoa will be examined. Moreover, this study will reflect on the role that scientific and nutritionist discourses play in these perceptions. Lastly, claims of quinoa being an ecologically sustainable alternative to other cereal crops

will be analyzed by exploring how Prairie Canadians view the ecological footprint of quinoa. By interviewing quinoa producers, marketers, and consumers on the Prairies, the current project aims to gain a deeper understanding on current ideas and knowledges around quinoa that Prairie Canadians hold. Examining the perceptions that Prairie Canadians have of quinoa, this study hopes to explore the link between consumer knowledges and perceptions to the larger capitalist goals of the industrialized food system, creating a space to reflect on the power of food narratives and how conscious consumerism can be exploited within the global food system.

Resumen: Desde la década de 1980, la quinua ha sido parte del sistema alimentario canadiense. A menudo reconocida como un cultivo con cualidades nutricionales únicas y comercializada como producida de manera sostenible y justa, la quinua a menudo es idealizada por muchos consumidores como un alimento ético, ecológico y saludable. Conocido como un "superalimento" debido a su densidad nutricional y su contenido relativamente alto en proteínas, los consumidores a menudo asocian la quinua con dietas de moda (por ejemplo, sin gluten, veganas) y programas de alimentación saludable. En el proceso de mercantilización, la quinua también se ha vinculado a empresas con conciencia social, como la agricultura orgánica y las iniciativas de comercio justo, lo que influye aún más en las percepciones de los consumidores. En las praderas canadienses, la quinua continúa expandiéndose en disponibilidad como un cultivo importado y producido localmente, convirtiéndose en un alimento básico en muchos hogares de la pradera. El objetivo del presente estudio será explorar cómo los canadienses en las praderas conceptualizan la quinua como un cultivo básico. Se examinarán las preguntas sobre el impacto de las certificaciones y etiquetas de la quinua (por ejemplo, productos orgánicos, comercio justo, etc.) en las percepciones de la quinua de los canadienses de la pradera. Además, este estudio reflejará el papel que juegan los discursos científicos y nutricionistas en estas percepciones. Por último, se analizarán las afirmaciones de que la quinua es una alternativa ecológicamente sostenible a otros

cultivos de cereales explorando cómo los canadienses de la pradera ven la huella ecológica de la quinua. Al entrevistar a los productores, comercializadores y consumidores de quinua en las Praderas, el proyecto actual tiene como objetivo obtener una comprensión más profunda de las ideas y conocimientos actuales sobre la quinua que tienen los canadienses de la pradera. Examinando las percepciones que tienen los canadienses de la pradera sobre la quinua, este estudio espera explorar el vínculo entre los conocimientos y las percepciones de los consumidores con los objetivos capitalistas más grandes del sistema alimentario industrializado, creando un espacio para reflexionar sobre el poder de las narrativas alimentarias y cuán consciente puede ser el consumismo explotado dentro del sistema alimentario mundial.

#agronomy #foodscience #agronomía #cienciasdelosalimentos



Title: High-Density Mapping of Quantitative Trait Loci for Agronomically Important Traits in Quinoa

Título: Locus de Rasgo Cuantitativo (QTL) de Características Agronómicas Importantes de la Quinua

Presenter: Maldonado-Taipe, Nathaly

Authors/Affiliations: Maldonado-Taipe, N. [1], Barbier, F. [1], Schmid, K. [2], Jung, C. [1], and N. Emrani [1]

[1] Plant Breeding Institute, Christian-Albrechts-University of Kiel, Am Botanischen Garten 1-9, 24118 Kiel, Germany; [2] Crop Biodiversity and Breeding Informatics, University of Hohenheim, Eritwirthestr. 21, 70550 Stuttgart, Germany

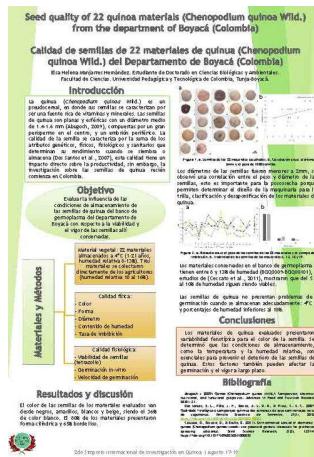
Abstract: Important agronomic traits such as seed yield are controlled by many genes, which complicates the breeding process in quinoa. So far, no QTL positions have been published for this crop. We aimed to localize QTL contributing to phenotypic variation in a biparental population. We crossed the Chilean accession PI-614889 (seed parent) and the Peruvian accession CHEN-109 (pollen parent), which depicted significant differences in days to flowering, days to maturity, plant height, panicle shape, thousand kernel weight (TKW) and seed size. F1 plants were selfed and 336 individuals from one selected F2 population were grown under greenhouse conditions during the summer of 2019. We observed large phenotypic variation for days to flowering (min: 55, max: 87), days to maturity (min: 110, max: 194), plant height (min: 83, max: 193 cm), TKW (min: 1.18, max: 3.91 g), seed size (min: 1.34, max: 3.06 mm) and panicle shape and density. We sequenced this population by a skim-based genotyping by sequencing approach which is a cost-efficient method that takes advantage of the continuous improvement of both, sequencing technologies and computational analysis methods. We identified ~150 000 SNP in our population. Currently, F3 families derived from this F2 population are phenotyped in the field for further QTL analysis. Incorporating the data from the F3 families will significantly increase the statistical power of QTL detection.

Resumen: Numerosos rasgos agronómicos importantes que determinan el rendimiento, como el tiempo a floración, están controlados por muchos genes, complicando el proceso de mejoramiento genético de la quinua. El objetivo del presente estudio es localizar los QTL que contribuyen a la variación fenotípica de estos rasgos en una población biparental. Cruzamos la variedad chilena PI-614889 (madre) y la peruana CHEN-109 (padre), que presentan diferencias significativas en días a floración, días a madurez, altura de la planta, forma y densidad de panoja, peso de mil granos (TKW) y tamaño de semilla. Las plantas F1 fueron autofecundadas y 336 individuos de una población F2 se cultivaron en condiciones de invernadero durante el verano de 2019. Observamos una gran variación

fenotípica de días a floración (mín: 55, máx: 87), días a madurez (mín: 110, máx: 194), altura de la planta (mín: 83, máx: 193 cm), TKW (mín: 1.18, máx: 3.91 g), tamaño de semilla (mín: 1.34, máx: 3.06 mm) y forma y densidad de panoja.

Secuenciamos esta población mediante un método rentable que aprovecha la mejora continua tanto de las tecnologías de secuenciación como de los métodos de análisis computacional. Identificamos ~ 150 000 SNP en nuestra población. Actualmente, las familias F3 derivadas de esta población F2 son cultivadas en condiciones de campo abierto. La incorporación de los datos fenotípicos de las familias F3 aumentará significativamente el poder estadístico de la detección de los QTL.

#genetics #agronomy #genética #agronomía



Title: Seed Quality of 22 Quinoa Materials (*Chenopodium quinoa* Wild.) from the Department of Boyacá (Colombia).

Título: Calidad de Semilla de 22 Materiales de Quinua (*Chenopodium quinoa* Wild.) del Departamento de Boyacá-Colombia.

Presenter: Manjarres Hernández, Elsa Helena

Authors/Affiliations: Manjarres Hernandez, E.H. [1], and A.C. Morillo Coronado [2]

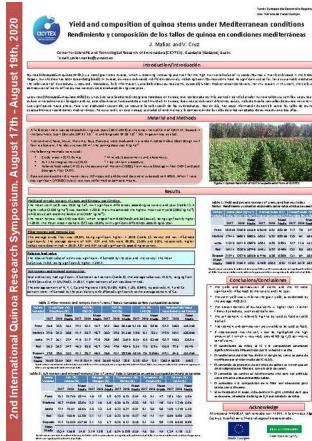
[1] Estudiante de Doctorado en Ciencias Biológicas y Ambientales Universidad Pedagogica y Tecnologica de Colombia; [2] Docente Universidad Pedagogica y Tecnologica de Colombia

Abstract: Quinoa (*Chenopodium quinoa* Wild.) is a pseudocereal with seeds that are a rich source of vitamins and minerals. However, there are few studies on quinoa seed quality, especially for the Colombian germplasm. So, the objective of this research was to determine the quality of 22 quinoa materials from the Department of Boyacá by evaluating the physical (color, shape and diameter) and physiological (tetrazolium test) quality of the seeds. It was found that 36% of the materials had a white grain color, 80% cylindrical shape, 65% smooth edges and diameters smaller than 2mm, desirable characteristics for post-harvest processes. The evaluated physical characteristics presented high variability between the evaluated materials, which is desirable for elite breeding processes. The imbibition rate showed that germination was rapid (at 4 hours, the weight of the seeds doubled), that is, the materials were not dormant. Finally, it was determined that storage conditions, such as temperature and relative humidity, are essential for preventing deterioration in quinoa seeds; these factors can also affect germination and long-term vigor.

Resumen: La quinua (*Chenopodium quinoa* Wild.) es un pseudocereal, en donde sus semillas se caracterizan por ser una fuente rica de vitaminas y minerales. Sin embargo los estudios de calidad de la semilla de quinua son escasos especialmente en germoplasma colombiano. Dentro de este contexto, el objetivo de esta investigación fue determinar la calidad de 22 materiales de quinua del departamento de Boyacá, mediante la evaluación de la calidad física (color, forma y diámetro) y fisiológica (prueba de tetrazolio) de sus semillas. Se encontró que el 36% de los materiales tenían color blanco del grano, 80% forma cilíndrica, 65% borde liso y con diámetros menores a 2mm, estas características son deseables para los procesos de poscosecha. Las características físicas evaluadas mostraron gran variabilidad entre los materiales estudiados lo cual es deseable para los procesos de selección de materiales élite. La tasa de imbibición mostró que la germinación es rápida (a las 4 horas se duplica el peso de las semillas) y que los materiales no presentaban latencia. Finalmente se pudo determinar que las condiciones de almacenamiento

como temperatura y humedad relativa son fundamentales para evitar el deterioro de las semillas de quinua, pues estos factores pueden afectar su germinación y vigor a largo plazo.

#plantphysiology #foodscience #fitofisiología #cienciasdelosalimentos



Title: Yield and Composition of Quinoa Stems under Mediterranean Conditions

Título: Rendimiento y Composición de los Tallos de Quinoa en Condiciones Mediterráneas

Presenter: Matías Prieto, Javier

Authors/Affiliations: Matías, J., and V. Cruz

Center for Scientific and Technological Research of Extremadura
(CICYTEX), Guadajira (Badajoz), Spain

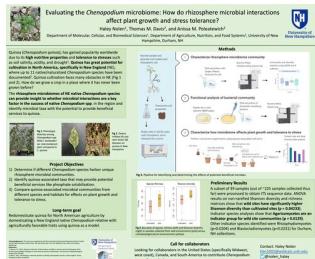
Abstract: Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is receiving increasing attention worldwide due to the high nutritional value of its seeds. Quinoa stems has no significant use so far. For a sustainable production, the valorization of by-products is required. A field experiment was conducted during two years (2017-2018) in the Guadiana Basin (Southwest Spain). Five quinoa varieties were evaluated in a randomized complete block design with four replications. In this work, results of yield and composition of stems are presented, with the aim to gain further knowledge of this by-product. The average stem yield and the harvest index were 1933 kg ha⁻¹ and 0.51, respectively, with significant differences according to variety and year. Higher

values (2180 kg ha⁻¹; 0.55) were achieved in 2018. The mean ash, protein and crude fibre content were 14.6%, 10.6% and 30.9%, respectively, varying significantly according to year. The ash and protein content were higher in 2017 while, on the contrary, the crude fibre content was lower. The fibre composition was also influenced by the year. The average contents of NDF, ADF and ADL were 49.8%, 35.6% and 5.9%, respectively. The relative feed value of stems was significant influenced by the year and the variety. The mean value was 118.5, being significantly higher in 2017. The average content of N, P, K, Ca and Mg were 1.6%, 0.19%, 4.9%, 1.2%, 0.64%, respectively. For feed or biofuel use, the ash content is relatively high. If incorporated into the soil, it can be highlighted the high amount of K which is returned, around 60 kg K₂O per tonne of stems.

Resumen: Existe un interés creciente en el mundo por la quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) debido al alto valor nutricional de sus semillas. Los tallos de quinoa no tienen un uso significativo hasta la fecha. Para una producción sostenible, se requiere valorizar los subproductos. Durante dos años (2017-2018) se realizó un ensayo de campo en las Vegas del Guadiana (Suroeste de España). Cinco variedades de quinoa fueron evaluadas bajo un diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. En este trabajo, se presentan los resultados relativos al rendimiento y composición de los tallos. Las medias del rendimiento de tallos e índice de cosecha fueron 1933 kg ha⁻¹ y 0,51, respectivamente, con diferencias significativas según la variedad y el año. En el año 2018 se alcanzaron valores más altos (2180 kg ha⁻¹; 0,55). Los valores promedio de ceniza, proteína bruta y fibra bruta fueron 14,6%, 10,6% and 30,9%, respectivamente, variando significativamente según el año. El contenido de ceniza y proteína fue superior en 2017 mientras que, por el contrario, el contenido de fibra bruta fue inferior. La composición de la fibra también varió significativamente según el año. El promedio de FND, FAD, y LAD fue del 49,8%, 35,6% y 5,9%, respectivamente. El valor relativo de forraje de los tallos estuvo influenciado significativamente por el año y la variedad. El valor medio fue 118,5,

siendo significativamente superior en 2017. El contenido medio de N, P, K, Ca y Mg fue de 1,6%, 0,19%, 4,9%, 1,2%, 0,64%, respectivamente. El contenido de ceniza es relativamente elevado para ser usados como alimento para animales o biocombustible sólido. El contenido y composición de la fibra son aceptables para su empleo en alimentación animal. En caso de incorporarse al suelo, cabe destacar la gran cantidad de K que retorna, alrededor de 60 kg K₂O por tonelada de tallos.

#agronomy #nutrientcomposition #agronomía #composicióndenutrientes



Title: Evaluating the *Chenopodium* Microbiome: How do Rhizosphere Microbial Interactions Affect Plant Growth and Stress Tolerance?

Título: Evaluación del Microbioma de *Chenopodium*: ¿Cómo Afectan las Interacciones Microbianas de la Rizosfera al Crecimiento de las Plantas y la Tolerancia al Estrés?

Presenter: Nolen, Haley

Authors/Affiliations: Nolen, H. [1], Davis, T.M. [2], and A.M. Poleatewich [2]

[1] Department of Molecular, Cellular, and Biomedical Sciences; [2] Department of Agriculture, Nutrition, and Food Systems, University of New Hampshire, Durham, NH

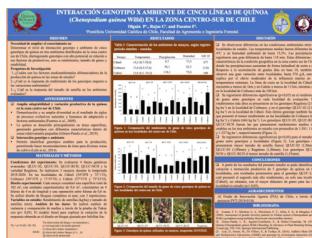
Abstract: While the plant genome undoubtedly contributes to abiotic and biotic stress tolerance, the network of microorganisms surrounding the plant also have a great effect on plant health. *Chenopodium quinoa*, a pseudocereal crop native to South America, has been gaining worldwide attention because of its high nutritive

properties and ability to grow in high stress conditions. Quinoa has great potential for North American agriculture; however, abiotic stresses like high humidity and a short growing season are key obstacles for cultivation in the Northeast. The long-term goal at the University of New Hampshire is to "re-domesticate" a variety of quinoa that can be efficiently grown in New England using the genetic resources of native, weedy relatives of quinoa. This includes both the genetic material of the plants themselves, as well as the rhizosphere microbiome associated with these native species. We hypothesize that there are microbes present in the microbiomes of native *Chenopodium* species that contribute to their success in New England and that quinoa varieties can be supplemented with these organisms to increase plant productivity. This work aims to investigate microbial communities in the soil associated with the quinoa rhizosphere and identify potentially beneficial microbes contributing to quinoa's response to stress. We plan to address these aims with an integrated approach using bioinformatics, soil enrichment tests, and microbial assays for beneficial services like phosphate solubilization. Disease and environmental stress are leading causes of declining crop yields worldwide, and knowledge of the microbial communities interacting with quinoa and how to use these naturally occurring microorganisms to promote plant health will be imperative for quinoa's success in new agricultural systems.

Resumen: Si bien el genoma de la planta indudablemente contribuye a la tolerancia al estrés abiótico y biótico, la red de microorganismos que rodea a la planta también tiene un gran efecto en la salud de la planta. La *Chenopodium* quinoa, un cultivo pseudocereal nativo de América del Sur, ha estado ganando atención mundial debido a sus altas propiedades nutritivas y su capacidad para crecer en condiciones de alto estrés. La quinua tiene un gran potencial para la agricultura norteamericana; Sin embargo, las tensiones abioticas como la alta humedad y una corta temporada de crecimiento son obstáculos clave para el cultivo en el noreste. El objetivo a largo plazo en la Universidad de New Hampshire es "volver a domesticar" una variedad de

quinua que se puede cultivar eficientemente en Nueva Inglaterra utilizando los recursos genéticos de los parientes nativos de la quinua. Esto incluye tanto el material genético de las propias plantas como el microbioma de la rizosfera asociado con estas especies nativas. Presumimos que hay microbios presentes en los microbiomas de las especies nativas de *Chenopodium* que contribuyen a su éxito en Nueva Inglaterra y que las variedades de quinua pueden complementarse con estos organismos para aumentar la productividad de las plantas. Este trabajo tiene como objetivo investigar las comunidades microbianas en el suelo asociadas con la rizosfera de la quinua e identificar los microbios potencialmente beneficiosos que contribuyen a la respuesta de la quinua al estrés. Planeamos abordar estos objetivos con un enfoque integrado utilizando bioinformática, pruebas de enriquecimiento del suelo y ensayos microbianos para servicios beneficiosos como la solubilización de fosfato. Las enfermedades y el estrés ambiental son las principales causas de la disminución de los rendimientos de los cultivos en todo el mundo, y el conocimiento de las comunidades microbianas que interactúan con la quinua y cómo usar estos microorganismos naturales para promover la salud de las plantas será imprescindible para el éxito de la quinua en los nuevos sistemas agrícolas.

#microbiology #microbiología



Title: Genotype x Environment Interaction of Five Quinoa Lines (*Chenopodium quinoa* Willd) the Central-South Zone of Chile

Título: Interacción Genotipo X Ambiente de Cinco Variedades de Quínoa en la Zona CentroSur de Chile

Presenter: Olgún, Pablo

Authors/Affiliations: Olguín, P.* , Rojas, C., and F. Fuentes.

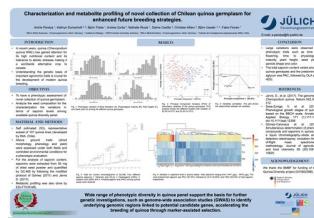
Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. Avenida Vicuña Mackenna 4068, Macul, Santiago, Chile; *paolguinm@uc.cl

Abstract: In recent years, quinoa has become an important productive resource due to the nutritional quality of its grains and the ability to produce in areas that are marginal for agriculture. The objective of this research was to evaluate the genotype x environment interaction of five genotypes (QLUC-02, QLUC-05, QLUC-RCH, QLUC-NCH and Regalona) in the central-southern zone of Chile (O'Higgins, Ñuble and Bío-Bío regions). Based on the results of a first evaluation season, it was possible to characterize the specific contribution of quinoa genotypes to grain yield under three environmental conditions. The results revealed that the Regalona and QLUC-02 genotypes presented the highest yields in the study, with 2,988 kg ha⁻¹ in the Ñuble region and 2,922 kg ha⁻¹ in the O'Higgins region, respectively. The lowest yield recorded in the study was for the variety QLUC-02 in the regions of Ñuble (633 kg ha⁻¹) and Bío-Bío (666 kg ha⁻¹). Varieties QLUC-05, QLUC-RCH, QLUC-NCH were the most stable in the three regions of study with average yields of 1,581; 1,681 and 1527 kg ha⁻¹, respectively. The best average yield for all varieties was obtained in the O'Higgins region (1967 kg ha⁻¹) and the lowest in the Bio-Bio region (1020 kg ha⁻¹). The results of the research showed significant differences between the behaviour of the genotypes and the evaluated environment. It is suggested that the evaluation of these varieties be expanded to new regions, both in the north and south of the country, in order to explore the yield potential in areas with even more extreme thermal regimes.

Resumen: En los últimos años la quínoa se ha convertido en un importante recurso productivo debido a la calidad nutritiva de sus granos y a la capacidad de producir en zonas marginales para la agricultura. La presente investigación, tuvo como objetivo evaluar la interacción genotipo x ambiente de cinco genotipos (QLUC-02

QLUC-05, QLUC-RCH, QLUC-NCH y Regalona) en la zona centro-sur de Chile (regiones de O'Higgins, Ñuble y Bío-Bío). A partir de los resultados de una primera temporada de evaluación, se pudo caracterizar la contribución específica de los genotipos de quínoa en el rendimiento de grano bajo tres condiciones ambientales. Los resultados revelaron que los genotipos Regalona y QLUC-02 fueron los que presentaron los rendimientos máximos en el estudio, con 2.988 kg ha⁻¹ en la región del Ñuble y 2.922 kg ha⁻¹ en la región de O'Higgins, respectivamente. El rendimiento más bajo registrado en el estudio fue para la variedad QLUC-02 en las regiones de Ñuble (633 kg ha⁻¹) y Bío-Bío (666 kg ha⁻¹). Las variedades QLUC-05, QLUC-RCH, QLUC-NCH fueron las más estables en las tres regiones de estudio con rendimientos promedios de 1.581; 1.681 y 1527 kg ha⁻¹, respectivamente. Por su parte el mejor rendimiento promedio para todas las variedades fue obtenido en la región de O'Higgins (1967 kg ha⁻¹) y el más bajo en la región del Bío-Bío (1020 kg ha⁻¹). Los resultados de la investigación mostraron diferencias significativas entre el comportamiento de los genotipos y el ambiente evaluado. Se sugiere la expansión de la evaluación de estas variedades hacia nuevas regiones, tanto al norte y sur del país, para explorar el potencial de rendimiento en zonas con regímenes térmicos aún más extremos.

#agronomy #agronomía



Title: Characterization and Metabolite Profiling of Novel Collection of Chilean Quinoa Germplasm for Enhanced Future Breeding Strategies

Título: Caracterización y Perfil de Metabolitos de la Nueva Colección de Germoplasma de Quinua Chilena para Mejorar

Las Futuras Estrategias de Mejoramiento

Presenter: Pandya, Archis

Authors/Affiliations: Pandya, A. [1], Dumschott, K. [2,3], Thiele, B. [1], Zurita, A. [4], Wuyts, N. [1], Castillo, D. [4], Alfaro, C. [4], Usadel, B. [2,3], and F. Fiorani [1]

[1] IBG-2 (Plant Sciences) - Forschungszentrum Jülich, Germany; [2] Institute for Biology I - RWTH Aachen University, Germany; [3] IBG-4 (Bioinformatics) - Forschungszentrum Jülich, Germany; [4] Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chile

Abstract: In recent years, quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) has gained attention for its high nutritional content and its tolerance to abiotic stresses making it a worldwide alternative crop for cereals. Understanding the genetic basis of important agronomic traits is crucial for the development of modern quinoa breeding. In this study, phenotypic characterization of above-ground traits (shoot morphology, phenology, and yield) was carried out under both fields and controlled environmental conditions on unique quinoa germplasm collection developed by INIA (Chile). Large phenotypic diversification was observed in quantitative traits (time to flowering, time to seed maturity, plant height, and yield) and qualitative traits (panicle shape and color) in a set of 107 of quinoa lines. Also, despite its high nutritional seed value, quinoa seeds must be free of saponins before human consumption. For the characterization of the variations in saponins level, saponins were extracted from the seeds of the same quinoa lines using a novel procedure and identified and quantified by GC-MS. The total saponin content varied significantly (1.44-9.48 mg/g seed dry weight) and the most predominant aglycon was phytolaccagenic acid followed by oleanolic acid and hederagenin. In addition to the quantitative determination of saponins, metabolic profiling was performed by liquid chromatography coupled to electrospray ionization high-resolution Fourier transform ion cyclotron resonance mass

spectrometry. After a comparison of empirical formulae obtained from the accurate masses of the quasi molecular ions with online structural databases (ChemSpider, PubChem), 16 saponins of the olealane type could be identified. They differ in their aglycons and in the number and type of glycoside units. These outcomes support the basis for further genetic investigation, such as using genome-wide association studies (GWAS) to identify underlying genomic regions linked to potential candidate genes, accelerating the breeding of quinoa through marker-assisted selection.

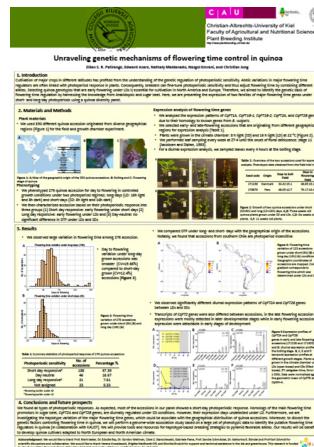
Keywords: Quinoa, Phenotyping, Saponins, GWAS

Resumen: En los últimos años, la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) ha llamado la atención por su alto contenido nutricional y su tolerancia a las tensiones abioticas, lo que la convierte en un cultivo alternativo mundial para los cereales. La comprensión de la base genética de importantes rasgos agronómicos es crucial para el desarrollo del cultivo moderno de la quinua. En este estudio, la caracterización fenotípica de los rasgos de la superficie (morfología de los brotes, fenología y rendimiento) se llevó a cabo tanto en el campo como en condiciones ambientales controladas en una colección única de germoplasma de quinua desarrollada por el INIA (Chile). Se observó una gran diversificación fenotípica en los rasgos cuantitativos (tiempo de floración, tiempo de madurez de la semilla, altura de la planta y rendimiento) y cualitativos (forma y color de la panícula) en un conjunto de 107 líneas de quinua. Además, a pesar de su alto valor nutritivo de la semilla, las semillas de quinua deben estar libres de saponinas antes del consumo humano. Para la caracterización de las variaciones en el nivel de saponinas, se extrajeron saponinas de las semillas de las mismas líneas de quinua utilizando un procedimiento novedoso y se identificaron y cuantificaron por medio de la CG-EM. El contenido total de saponinas varió significativamente (1,44-9,48 mg/g de peso seco de la semilla) y el aglicón más predominante fue el ácido fitolaccágeno, seguido del ácido oleanólico y la hederagenina. Además de la determinación cuantitativa de las

saponinas, se realizó un perfil metabólico mediante cromatografía líquida acoplada a la espectrometría de masas por resonancia de ciclotrón por transformada de Fourier de alta resolución. Tras comparar las fórmulas empíricas obtenidas a partir de las masas exactas de los iones cuasimoleculares con las bases de datos estructurales en línea (ChemSpider, PubChem), se pudieron identificar 16 saponinas de tipo olealano. Se diferencian en sus aglicones y en el número y tipo de unidades de glucósidos. Estos resultados apoyan la base para una investigación genética ulterior, como la utilización de estudios de asociación del genoma completo (GWAS) para identificar las regiones genómicas subyacentes vinculadas a los posibles genes candidatos, acelerando la reproducción de la quinua mediante la selección asistida por marcadores.

Palabras clave: Quinua, Fenotipado, Saponinas, GWAS

#agronomy #nutritionalscience #agronomía #cienciasdelanutrición



Title: Unraveling Genetic Mechanisms of Flowering Time Control in Quinoa

Título: Mecanismos genéticos de control del tiempo a floración en quínuá

Presenters: Patirange, Dilan

Authors/Affiliations: Patirange, D.S.R [1]*, Asare, E. [1], Maldanado, N. [1], Emrani, N. [1], and C. Jung [1]

[1] Plant Breeding Institute, Christian-Albrechts-University of Kiel, Am Botanischen

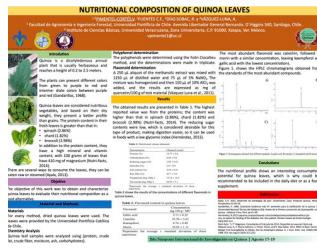
Garten 1-9, 24118 Kiel, Germany; *d.sarange@plantbreeding.uni-kiel.de

Abstract: Response to photoperiod is of major importance in crop production. It defines the adaptation of plants to local environments. Predominantly quinoa is a short day crop. For cultivation in Northern Europe, it must be adapted to the long days through modification of flowering time. Therefore, we aimed to identify the genetic basis of flowering time regulation and photoperiod sensitivity by studying orthologs of major flowering time regulators of *Arabidopsis* and sugar beet. We found that *CqFT* genes displayed remarkably different expression patterns between long-day and short-day conditions, whereas the expression of CO homologs was not affected by photoperiod. Cultivation of 276 quinoa accessions under short-day and long-day conditions revealed strong differences in photoperiod sensitivity. We found substantial sequence variations within *FT* and CO homologs which correlated with geographical origin. Identification of photoperiod responsive haplotypes can help to select promising accessions as crossing partners to breed new varieties well adapted to Northern European and American climate conditions.

Resumen: La respuesta al fotoperíodo es de gran importancia en la producción de cultivos ya que define la adaptación de las plantas a los entornos locales. La quínuá es una planta de día corto y, para su cultivo en el norte de Europa, debe adaptarse a los días largos. Nuestro objetivo fue identificar la base genética de la regulación del tiempo a floración y la sensibilidad al fotoperíodo mediante el estudio de genes ortólogos, principales reguladores del tiempo a floración, de *Arabidopsis* y remolacha azucarera. Encontramos que los genes *CqFT* muestran patrones de expresión notablemente diferentes entre las condiciones de día largo y de día corto, mientras que la expresión de los homólogos de CO no se vio afectada por el fotoperíodo. El cultivo de 276 variedades de quínuá en condiciones de día corto y largo reveló diferencias importantes en la sensibilidad al fotoperíodo. Observamos variaciones de secuencia sustanciales dentro de los homólogos *FT* y CO que se

correlacionan con el origen geográfico de las variedades. La identificación de haplotipos sensibles al fotoperíodo puede ayudar a seleccionar padres de cruce para producir nuevas variedades adaptadas a las condiciones climáticas del norte de Europa y América.

#genetics #genética



Title: Nutritional Composition of Quinoa Leaves

Título: Composición Nutricional de Hojas de Quinua

Presenter: Pimentel, Vanessa

Authors/Affiliations: Pimentel-Cortés, V. [1,2], Fuentes C., F. [1], Díaz-Sobac, R. [2], and A. Vázquez-Luna [2]

[1] Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Universidad Pontificia de Chile.
Avenida Libertador General Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile; [2] Instituto
de Ciencias Básicas, Universidad Veracruzana, Zona Universitaria, C.P. 91000,
Xalapa, Ver. México.

Abstract: Quinoa leaves (*Chenopodium quinoa*) are traditionally used in Latin America, and have been consumed raw or steamed, mainly. They are known to be a valuable source of micronutrients such as: vitamins, minerals and carbohydrates (dietary fiber), proteins and phenols. Phenols in the human diet fulfill an antioxidant function, trapping free radicals, preventing them from binding. The main objective of this work was to carry out different analytical determinations to find the nutritional value of the quinoa leaf. In each test, powdered quinoa leaves were used, 10g

samples were dissolved in 100 mL of water for analytical determinations, and in the case of phenols and HPLC, 10g samples were placed in 100 mL of hexane, which was removed after 24 hours, to place 100 mL of methanol and to carry out the determinations. All tests were done in triplicate. The results obtained from the samples were: 11.8 ± 0.6 proteins, 18.3 ± 0.9 total carbohydrates, 3.2 ± 0.27 reducing sugars, 2.8 ± 0.3 humidity, 1.4 ± 0.14 ash and 43.7 ± 3.9 raw fiber, there was no presence of saponins in any of the samples that were analyzed. Regarding the results obtained for total polyphenols, they were 13.8 ± 0.1 mg / 100g and for total flavonoids 6.07 ± 0.1 mg / 100g. Regarding HPLC determination, the main components were: quercetin 0.75 ± 0.14 , rutin 29.1 ± 2.7 , morine 4.8 ± 0.14 , catechin 37.4 ± 3.9 , gallic acid 3.1 ± 0.18 , chlorogenic acid 10.2 ± 0.14 and kaempferol 0.22 ± 0.04 mg / 100g. The nutritional profile shows an interesting consumption potential for quinoa leaves, which is why could be recommended to be included in the daily diet or as a food supplement.

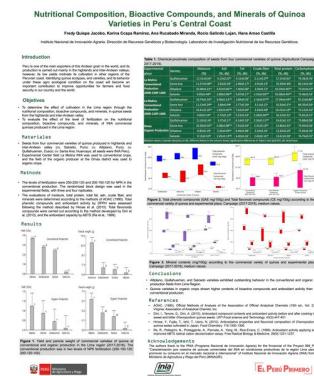
Key words: Quinoa, leaves, nutritional profile, antioxidant capacity, dietary fiber

Resumen: La hoja de quinoa (*Chenopodium Quinoa*) es utilizada tradicionalmente en América, se puede consumir cruda o cocida al vapor, se conocen por ser fuente valiosa de micronutrientes como: vitaminas, minerales e hidratos de carbono (fibra dietética), proteínas y fenoles. Los fenoles en la dieta humana cumplen una función antioxidante, atrapando radicales libres, previniendo que estos se unan. El objetivo de este trabajo fue realizar diferentes determinaciones analíticas para encontrar el valor nutrimental de la hoja de quinoa. Para cada una de las pruebas se utilizó hoja de quinoa en polvo, muestras de 10g fueron disueltas en 100 mL de agua para las determinaciones analíticas, en el caso de fenoles y HPLC se colocaron muestras de 10g en 100 mL de hexano el cual se retiró después de 24 horas, para colocar 100 mL de metanol y poder llevar a cabo las determinaciones. Todas las pruebas se hicieron por triplicado. Los resultados obtenidos para las muestras fueron: 11.8 ± 0.6

proteínas, 18.3 ± 0.9 carbohidratos totales, 3.2 ± 0.27 azúcares reductores, 2.8 ± 0.3 humedad, 1.4 ± 0.14 cenizas y 43.7 ± 3.9 fibra cruda, no hubo presencia de saponinas en ninguna de las muestras que se analizaron. En cuanto a los resultados obtenidos para polifenoles totales fueron 13.8 ± 0.1 mg/100g y para flavonoides totales 6.07 ± 0.1 mg/100g. En cuanto a la determinación por HPLC los principales componentes fueron: quercetina 0.75 ± 0.14 , rutina 29.1 ± 2.7 , morina 4.8 ± 0.14 , catequina 37.4 ± 3.9 , ácido gálico 3.1 ± 0.18 , ácido clorogénico 10.2 ± 0.14 y kaempferol 0.22 ± 0.04 mg/100g. El perfil nutrimental ofrecen un interesante potencial de consumo a la hoja de quinoa, por lo que se recomienda su uso en la dieta diaria o como suplemento alimenticio.

Palabras clave: Quinoa, hoja, perfil nutrimental, capacidad antioxidante

#foodscience #nutrientcomposition #cienciasdelosalimentos
#cienciasdelanutrición



Title: Nutritional Composition, Bioactive Compounds, and Minerals of Quinoa Varieties in Peru's Central Coast

Título: Composición Nutricional, Bioactivos y Minerales de Variedades Comerciales de Quinua en la Costa Central Peruana

Presenter: Quispe Jacobo, Fredy E.

Authors/Affiliations: Quispe Jacobo, F.E., Capa Ramirez, K., Rucabado Miranda, A., and R. Galindo Lujan

Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) Av. La Molina 1981, La Molina, Lima-Perú

Abstract: Peru is one of the main exporters of this Andean grain in the world, and its production is carried out mainly in the highlands and inter-Andean valleys; however, its low yields motivate its cultivation in other regions of the Peruvian coast. In the present study, we have investigated its culture (2017-2018), proximal composition, bioactive compounds, antioxidant activity, saponins, and minerals of the commercial varieties Quillahuaman, Santa Ana, Altiplano and Salcedo from INIA Peru. Its production was conventional production fields at two levels of NPK fertilization (250-150-120 and 200-120-100) in La Molina district, and under organic production (Omas District, Yauyos) in the Lima region. The results have shown outstanding yields for the Altiplano variety at the conventional (4.25 t/ha) and organic (1.12 t/ha) field. In the case of proximal composition, Quillahuaman was better in ash (3.37%) and Altiplano for total fat (8.46%) in organic production. On the other hand, Santa Ana was better in crude fiber (3.11%; 200-120-100) and Quillahuaman in total protein (17.15%; 250-150-120) in La Molina. At bioactive compounds, the Altiplano variety stood out for total phenolic compounds (195.47 mg GAE/100 g), total flavonoids (111.17 mg CE/100 g), antioxidant activity according to DPPH (709.08 μ mol TEAC/100 g) and ABTS (1216.74 μ mol TEAC/100 g) at the field of organic production. Regarding saponins, the Santa Ana varieties (24.14 mg equivalent oleanolic acid/g) and Salcedo (24.90 mg equivalent oleanolic acid/g) stood out in the organic production field. In mineral nutrients, Quillahuaman (P 480.65 mg/100 g), Santa Ana (Ca 78.87 mg/100 g), Salcedo (Mg 198.39 mg/100 g), and Santa Ana (Fe mg/100 g) in organic production field stood out. Besides, Quillahuaman (K 798.10 mg/100 g; 250-150-120) and Salcedo (Zn 5.32 mg/100 g and Cu 1.06 mg/100 g; 200-120-100) for conventional production field. In conclusion, the Altiplano and Salcedo varieties exhibited outstanding behavior in the conventional and organic production fields.

Resumen: El Perú es uno de los principales exportadores de este grano andino en el mundo y su producción se realiza principalmente en el altiplano y valles interandinos, sin embargo, sus bajos rendimientos motivan su cultivo en otras regiones de la costa peruana. En el presente estudio nosotros investigamos su rendimiento (2017-2018), composición proximal, compuestos bioactivos, actividad antioxidante, saponinas y minerales de las variedades comerciales Quillahuaman, Santa Ana, Altiplano y Salcedo del INIA Perú, producidos en campos de producción convencional en dos niveles de fertilización NPK (250-150-120 y 200-120-100) en el distrito La Molina y bajo producción orgánica (Distrito Omas, Yauyos) en la región Lima. Los resultados muestran rendimientos sobresalientes para la variedad Altiplano en campo de producción convencional (4.25 t/ha) y orgánica (1.12 t/ha). En composición proximal sobresalieron las variedades Quillahuaman en cenizas (3.37%) y Altiplano para grasa total (8.46%) en producción orgánica; mientras que Santa Ana fue mejor en fibra cruda (3.11%; 200-120-100) y Quillahuman en proteínas (17.15%; 250-150-120) en La Molina. A nivel de compuestos bioactivos la variedad Altiplano sobresalió para los compuestos fenólicos totales (195.47 mg GAE/100g), flavonoides totales (111.17 mg CE/100g), actividad antioxidante según DPPH (709.08 µmol TEAC/100g) y ABTS (1216.74 µmol TEAC/100g) en el campo de producción orgánica. Con respecto a las saponinas sobresalieron las variedades Santa Ana (24.14 mg equivalentes ácido oleanólico/g semilla) y Salcedo (24.90 mg equivalentes ácido oleanólico/g semilla) en el campo de producción orgánica. A nivel de minerales sobresalieron Quillahuaman (480.65 mg P/100g), Santa Ana (78.87 mg Ca/100g), Salcedo (198.39 mg Mg/100g), Santa Ana (mg Fe/100g) en campo de producción orgánica, mientras que Quillahuaman (798.10 mg K/100g; 250-150-120) y Salcedo (5.32 mg Zn/100g y 1.06 mg Cu/100g; 200-120-100) para campo de producción convencional. En conclusión, las variedades Altiplano y Salcedo presentaron un comportamiento sobresaliente en los campos de producción convencional y orgánica.



Title: Strategies for the Development of Investigations in the Cultivation of Quinoa Real in the Southern Altiplano of Bolivia

Título: Estrategias Para el Desarrollo de Investigaciones en el Cultivo de Quinua Real en el Altiplano Sur de Bolivia

Presenters: Quispe, Roberto Carlos

Authors/Affiliations: Quispe, R.C. [1], and E. Barrientos [2]

[1] Ingeniero Agrónomo, Magíster en Ciencias. Académico, Investigador Facultad de Ciencias Agrarias y Naturales (UTO), Coordinador Centro de Investigación de la Quinua; [2] Ingeniero Agrónomo, Magíster en Ciencias. Académico, Investigador Facultad de Ciencias Agrarias y Naturales (UTO), Programa de Doctorado en Agricultura para Ambientes Áridos y Desérticos, Universidad Arturo Prat.

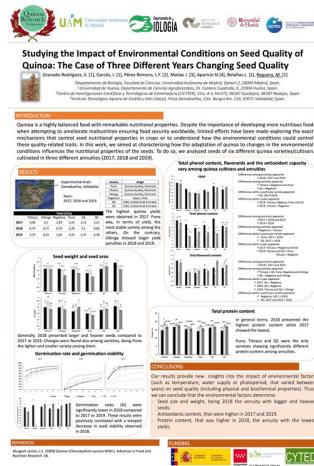
Abstract: The Technical University of Oruro, with the purpose of giving greater support to the development of the cultivation of Quinoa and the Research Center for Quinoa, are established to generate technological development and improve the competitiveness of the quinoa chain in national and international markets, the articulation of innovation and research works in critical aspects. In order to achieve the aforementioned, five lines are being worked on: 1. Research and technological development: Sustainable production systems, improvement of agricultural mechanization, adaptation to climate change, ecological management of soils, ecological management of pastures. Bio-input production, development of solid and

liquid organic fertilizers, natural extracts and mineral broths: Forest species, adaptation and multiplication of introduced species, collection and implementation of native seed banks. 2. Training of Human Resources: Exchange of experiences and dialogue of knowledge, training and awareness workshops, field days and socialization with university students, pre and post grade research work. 3. Advice and provision of services: To productive associations, companies and institutions in mechanisms of ecological management of pests and soils, territory management, certification systems, sustainable production. 4. Knowledge management: scientific publications, newsletters, participation in dialogue tables, colloquia, symposia, national and world congresses. 5. Advocacy, through institutional agreements with ministries, governments, NGOs, international cooperation, other universities.

Resumen: La Universidad Técnica de Oruro, con el propósito de darle un mayor apoyo al desarrollo del cultivo de Quinua y el Centro de Investigación de la Quinua se constituyen para generar el desarrollo tecnológico y mejora de la competitividad de la cadena quinua en mercados nacionales e internacionales, la articulación de trabajos de innovación e investigación en aspectos críticos. Para el logro de lo mencionado se trabajan en cinco líneas: 1. *Investigación y desarrollo tecnológico*: Sistemas de producción sostenible, mejora de mecanización agrícola, adecuación al cambio climático, manejo ecológico de suelos, manejo ecológico de plagas; Producción de Bioinsumos, desarrollo de abonos orgánicos sólidos y líquidos, extractos naturales y caldos minerales: Especies forestales, adaptación y multiplicación de especies introducidas, colección e implementación de bancos de semillas nativas. 2. *Formación de Recursos Humanos*: Intercambio de experiencias y dialogo de saberes, talleres de capacitación y sensibilización, días de campo y socialización con universitarios, trabajos de investigación de Pre y Post grado. 3. *Asesoramiento y prestación de servicios*: A asociaciones productivas, empresas e instituciones en mecanismos de manejo ecológico de plagas y suelos, gestión de territorio, sistemas de certificación, producción sostenible. 4. *Gestión del*

conocimiento: publicaciones científicas, boletines informativos, participación en mesas de dialogo, coloquios, simposios, congresos nacionales y mundiales. 5.
Incidencia política, a través de acuerdos institucionales con ministerios, gobernaciones, ONG, cooperación internacional, otras universidades.

#agronomy #plantpathology #entomology #agronomía #fitopatología
#entomología



Title: Studying the Impact of Environmental Conditions on Seed Quality of Quinoa: The Case of Three Different Years Changing Seed Quality

Título: Análisis del Impacto de Factores Ambientales en la Calidad de la Semilla de Quinoa: Estudio del Efecto de Tres Anualidades en la Calidad de Semilla de Distintas Variedades

Presenter: Reguera, María

Authors/Affiliations: Granado, S. [1], Garcés, I. [1], Romero, F. [2], Matías, J. [3], Aparicio, N.[4], Bolaños, L. [1], and M. Reguera [1]

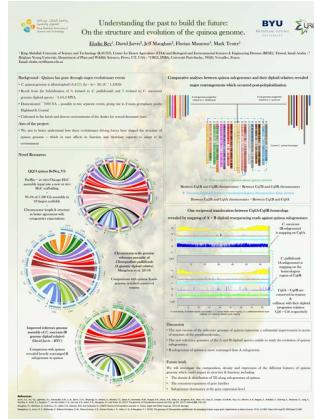
[1] Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid, Darwin 2, 28049-Madrid, Spain; [2] Universidad de Huelva, Departamento de Ciencias Agroforestales, Dr. Cantero Cuadrado, 6, 21004-Huelva, Spain; [3] Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX), Ctra. A-V, Km372, 06187 Guadajira, 06187-Badajoz, Spain; [4] Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y león (Itacyl), Finca Zamadueñas, Ctra. Burgos Km. 119 47071-Valladolid Spain

Abstract: Quinoa is a highly balanced food with remarkable nutritional properties. Despite the importance of developing more nutritious food when attempting to ameliorate malnutrition (ensuring food security worldwide), limited efforts have been done exploring the exact mechanisms that control seed nutritional properties in crops or understanding how the environmental conditions could control these quality-related traits. In this work, we aimed to study how the adaptation of quinoa to changes in the environmental conditions influences the nutritional properties of the seeds. By determining different biochemical and physiological seed parameters (including germination rates, viability, total phenols, flavonoids, saponins, among others) we evaluated changes in seed quality to different environmental conditions in the field in three successive years and considering six different genotypes. The combination of field and laboratory work will allow the analysis of changes in the nutritional properties of seeds under actual quinoa growing conditions what will greatly contribute to increase our knowledge towards improving nutritional value of quinoa.

Resumen: Las semillas de quinoa constituyen un alimento altamente equilibrado con destacables propiedades nutricionales ofreciendo la posibilidad de contribuir a minimizar situaciones de malnutrición garantizando seguridad alimentaria a nivel mundial. Sin embargo, son escasos los estudios destinados a explorar qué mecanismos concretos (a nivel fisiológico y molecular en la planta) controlan o determinan las propiedades nutricionales de las semillas de quinoa y cómo ciertas condiciones ambientales pueden controlar estas propiedades, modificando su calidad. En este trabajo, nuestro objetivo fue estudiar cómo la adaptación de la quinoa a cambios en las condiciones ambientales (que se dieron en campo en tres anualidades consecutivas) influye en las propiedades nutricionales de las semillas. Al determinar diferentes parámetros bioquímicos y fisiológicos de la semilla (incluyendo tasas de germinación, viabilidad, fenoles totales, flavonoides, proteína total, entre otros), se pudieron evaluar cambios en la calidad de la semilla asociados a diferentes condiciones ambientales en campo en 2017, 2018 y 2019, considerando

seis variedades de quinoa diferentes. Los análisis efectuados han permitido evidenciar que existe una influencia, no solo de factores genéticos, sino también ambientales, en las propiedades nutricionales de las semillas de quinoa. Este trabajo contribuirá a incrementar el conocimiento sobre cómo factores ambientales y genéticos controlan la calidad de las semillas con el fin de mejorar su valor nutricional.

#agronomy #foodscience #nutrientcomposition #agronomía
#cienciasdelosalimentos #composicióndenutrientes



Title: Understanding the Past to Build the Future: On the Structure and Evolution of the Quinoa Genome

Título: Comprender el Pasado para Construir el Future: En la Estructura y Evolución del Genoma de la Quinua

Presenter: Rey, Elodie

Authors/Affiliations: Rey, E. [1]*, Jarvis, D. [2], Maughan, J. [2], Maumus, F. [3], and M. Tester [1]

[1] King Abdullah University of Science and Technology (KAUST), Center for Desert Agriculture (CDA) and Biological and Environmental Sciences & Engineering Division (BESE), Thuwal, Saudi Arabia; [2] Brigham Young University, Department of Plant and Wildlife Sciences, Provo, UT, USA; [3] URGI, INRA, Université Paris-Saclay, 78026, Versailles, France; *elodie.rey@kaust.edu.sa

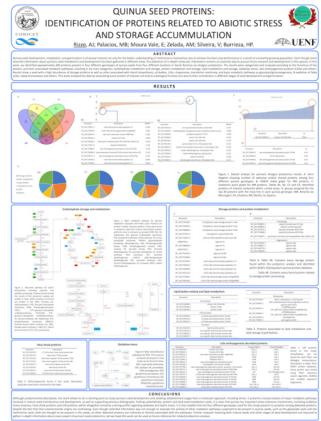
Abstract: Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is a dicotyledonous, pseudo-cereal

crop that originated in the Andes. Quinoa has evolved from an allo-tetraploidization event estimated to have occurred 3.3 to 6.3 million years ago, a partial domestication by pre-Columbian cultures ~7000 years ago, and cultivation in the challenging environments of the Andes for several thousand years. These major evolutionary driving forces have shaped the quinoa genome and genetic diversity to give the highly dynamic genome and diverse germplasm we now see, which contributes to its capacity to withstand several abiotic stresses. Yet for quinoa to become the food of the future generations, another major challenge awaits, which is to adapt it to new environments beyond the Andes, and for it to become fully domesticated without losing essential genetic diversity. A key contribution to achieving this aim will be a better knowledge of the structure, function and evolution of the genome. For this, we have completed a version 2 sequence of the genomes of lowland quinoa QQ74, as well as the A and B genome quinoa relatives, *C. pallidicaule* and *C. suecicum*, to study the evolution of quinoa sub-genomes at several levels, including of genomic, genic and repetitive sequences. Comparative analyses between quinoa sub-genomes and their diploid relatives has shown there has been four large translocations, including one reciprocal translocation between homeologous chromosomes. In general, the A sub-genome was more stable than the B sub-genome, which had more rearrangements compared to the *C. suecicum* relative. This tendency is being further investigated through the study of transposable elements and gene family expansion, providing a better understanding of the dynamics of the quinoa genome. This work also provides a solid base for supporting genetic studies (see poster by Stanschewski et al.) and crop improvement by breeding programs.

Resumen: La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es una planta dicotiledónea, pseudo-cereal que proviene de los Andes. La quinua evolucionó de un evento de alo-tetraploidización que se estima ocurrió hace 3.3 a 6.3 millones de años, seguida de una domesticación parcial por las culturas precolombinas hace ~7000 años, y cultivada en el ambiente desafiante de Los Andes durante miles de años. Estas

importantes fuerzas impulsadoras evolutivas han moldeado el genoma de la quinua y su diversidad genética para generar el genoma altamente dinámico y el germoplasma diverso que vemos en la actualidad, factores que contribuyen con su capacidad para resistir varios estreses abióticos. Pese a esto, a la quinua aún le esperan otros desafíos para convertirse en el alimento de las generaciones futuras, tales como la adaptación a nuevos entornos más allá de los Andes, y su completa domesticación sin perder su diversidad genética esencial. Una contribución clave para lograr este objetivo será poseer un mejor conocimiento de la estructura, función y evolución del genoma de la quinua. Para esto, hemos completado una versión 2 de la secuencia de los genomas de la quinua de tierras bajas QQ74, así como de los genomas A (*C. pallidicaule*) y B (*C. suecicum*), parientes de la quinua. Todo esto con el objetivo de estudiar la evolución de los sub-genomas de la quinua en varios niveles, incluyendo genómica, genética y secuencias repetitivas. Los análisis comparativos entre los sub-genomas de la quinua y sus parientes diploides han demostrado que ha habido cuatro grandes translocaciones, incluyendo una translocación recíproca entre cromosomas homeólogos. En general, el sub-genoma A era más estable que el sub-genoma B, el cual tenía más reordenamientos en comparación con su pariente *C. suecicum*. Esta tendencia se está investigando más a fondo a través del estudio de los elementos transponibles y la expansión de la familia de genes, proporcionando una mejor comprensión de la dinámica del genoma de la quinua. Este trabajo también proporciona una base sólida para apoyar estudios genéticos (ver póster de Stanschewski *et al.*) y la mejora de cultivos mediante programas de fitomejoramiento.

#genetics #genética



Title: Quinoa Seed Proteins: Protein Identification in Mature Seeds Via Shotgun Proteomics

Título: Proteínas Seminales de Quinoa: Identificación de Proteínas en Semillas Maduras Mediante Shotgun Proteomics.

Presenter: Rizzo, Axel J.

Authors/Affiliations: Rizzo, A.J. [1], Palacios, M.B. [1], Vale, E.M. [2], Zelada, A.M. [1], Silveira, V. [2], and H.P. Burrieza [3]*

[1] Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA-UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina; [2] Universidade Estadual do Norte Fluminense, RJ, Brasil; [3] Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires; 4. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina;
*hernan@bg.fcen.uba.ar

Abstract: Quinoa seed development, metabolism, and germination is of pivotal interest not only for the better understanding of mechanisms involved but also to achieve the best crop performance in a world of constantly-growing population. Even though some essential information about quinoa's seed metabolism and development has been gathered in different areas, the obtention of in-depth molecular information remains an essential step to pursue future research and development in this species. In this work, we identified approximately 300 proteins present in four different genotypes of quinoa seeds from four different locations in South America via shotgun proteomics. The results were categorized and analyzed according to the functions of the protein, and their associated metabolic pathways, resulting in six main categories: carbohydrate metabolism and storage, protein metabolism and storage, lipid metabolism and storage, oxidative stress, late embryogenesis proteins (LEAs) and

other associated with starch biosynthesis, oil-bodies, LEAs, chaperones, translation machinery, and basic metabolic pathways as glycolysis/gluconeogenesis, B-oxidation of fatty acids, redox homeostasis and others. This work analyzed the data by associating every protein of interest not only to a biological function but also to their contribution in different stages of seed development and germination.

Resumen: La investigación sobre el desarrollo, metabolismo y germinación de las emillas de quinoa es central no solo para la mejor comprensión de los mecanismos involucrados, sino para adquirir un mayor rendimiento del cultivo en un mundo con una población en constante crecimiento. A pesar de que mucha información esencial sobre metabolismo en semillas de quinoa fue reunida en diferentes áreas, la obtención de datos con resolución molecular resulta elemental para continuar con investigaciones y desarrollos futuros. En este trabajo, identificamos alrededor de 300 proteínas en cuatro genotipos diferentes de quinoa provenientes de diferentes regiones de sudamérica mediante el uso de shotgun proteomics. Los resultados fueron categorizados y analizados de acuerdo a la función de las proteínas y sus vías metabólicas asociadas, obteniéndose seis categorías: metabolismo y reserva de hidratos de carbono, metabolismo y reserva de proteínas, metabolismo y reserva de lípidos, estrés oxidativo, proteínas de embriogénesis tardía (LEAs) y otros. Los resultados muestran una semilla con alta abundancia de proteínas de reserva, así como otras enzimas asociadas con el metabolismo de almidón, cuerpos lipídicos, LEAs, chaperonas, maquinaria de expresión y vías metabólicas básicas como la glucólisis, la beta-oxidación de ácidos grasos, homeostasis redox y otras. Este trabajo analizó la información asociando cada proteína de interés no solo a su función biológica, sino a su contribución en diferentes etapas del desarrollo de la semilla y su germinación.

#genetics #plantphysiology #genética #fitofisiología



Title: Fatty Acid Profile and Functional Value of Six Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) Varieties Cultivated in Southern Europe

Título: Perfil de Ácidos Grasos y Valor Funcional de Seis Variedades de Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) Cultivadas en el Sur de Europa

Presenter: Rodríguez Gómez, M. José

Authors/Affiliations: Rodríguez Gómez, M. J. [1], Matías Prieto, J. [2], Cruz Sobrado, V. [2], Fernández Sánchez, J.E. [1], and P. Calvo Magro [1]

[1]Instituto Tecnológico Agroalimentario de Extremadura. Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura. Avenida Adolfo Suárez, s/n, 06007, Badajoz, Spain; [2] Centro de Investigación Finca La Orden-Valdesequera, Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura. Autovía Madrid-Lisboa s/n, 06187, Badajoz, Spain

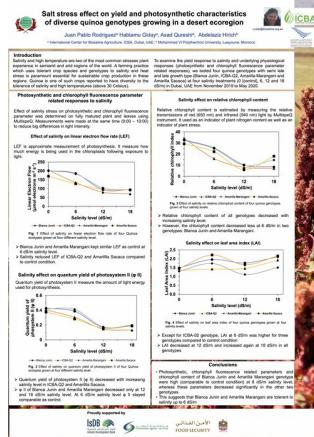
Abstract: Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) is a pseudocereal cultivated traditionally in the Andean region for thousands of years. Due to its great genetic variability that allows its adaptation and growth in the most adverse environmental conditions, and its excellent nutritional value, there is a growing interest in quinoa throughout the world as an alternative crop to cereals. Quinoa seeds are an excellent example of functional foods. Among other components, it shows high antioxidant activity associated with polyphenolic compounds, and high polyunsaturated fatty acids (PUFA) content, mainly w-3 and w-6. The objective of this work was to study the

fatty acid profile, total polyphenol content and antioxidant activity of six quinoa varieties adapted to soil and climate of Extremadura (Spain). The results showed a characteristic fatty acid pattern for all varieties with high contents in linoleic acid (C18:2_w6) (>58%), oleic acid (C18:1) (>17%), palmitic acid (C16:0) (>9%) and linolenic acid (C18:3_w3) (>5%). Furthermore, they showed a high monounsaturated fatty acids (MUFA) and polyunsaturated fatty acids (PUFA) content (approx. 20 and 70% respectively) and a high ratio w6/w3 (approx. 8:1). By the other hand, high levels of total phenolic compounds (2.12 – 3.63 mg GA eq g⁻¹) were found which was related to its antioxidant activity (6.21 – 8.06 mmol Trolox kg⁻¹). These results indicate that these varieties are adapted to the Southern Europe from a nutritional and functional point of view.

Resumen: La quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) es un pseudocereal cultivado tradicionalmente en la región andina durante miles de años. Debido a su gran variabilidad genética que permite su adaptación y crecimiento en las condiciones ambientales más adversas, y su excelente valor nutricional, la quinoa presenta un interés creciente en todo el mundo como un cultivo alternativo a los cereales. Las semillas de quinoa son un excelente ejemplo de alimentos funcionales. Entre otros componentes, muestra una alta actividad antioxidante asociada a compuestos polifenólicos, y un alto contenido en ácidos grasos poliinsaturados (PUFA), principalmente w-3 y w-6. El objetivo de este trabajo fue estudiar el perfil de ácidos grasos, el contenido total de polifenoles y la actividad antioxidante de seis variedades de quinoa adaptadas al suelo y al clima de Extremadura (España). Los resultados mostraron un patrón característico de ácidos grasos para todas las variedades con alto contenido en ácido linoleico (C18:2_w6) (>58%), ácido oleico (C18:1) (>17%), ácido palmítico (C16:0) (>9%) y ácido linolénico (C18:3, w-3) (>5%). Además, mostraron un alto contenido de ácidos grasos monoinsaturados (MUFA) y ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) (aprox. 20 y 70% respectivamente) y una alta relación w6/w3 (aprox. 8: 1). Por otro lado, se encontraron altos niveles de

compuestos fenólicos totales (2.12 - 3.63 mg GA eq g⁻¹) que estaba relacionado con su actividad antioxidante (6.21 - 8.06 mmol Trolox kg⁻¹). Estos resultados indican que estas variedades están adaptadas al sur de Europa desde un punto de vista nutricional y funcional.

#foodscience #nutrientcomposition #cienciasde losalimentos
#composicióndenutrientes



Title: Salt Stress Effect on Yield and Photosynthetic Characteristics of Diverse Quinoa Genotypes Growing in a Desert Ecoregion

Título: Efecto del Estrés Salino Sobre el Rendimiento y las Características Fotosintéticas de Diversos Genotipos de Quinua que Crecen en una Ecorregión del Desierto

Presenter: Rodriguez, Juan Pablo

Authors/Affiliations: Rodriguez, J.P. [1]*, Giday, H. [1], Qureshi, A. [1], and A. Hirich [2]

[1] International Center for Biosaline Agriculture, ICBA, Dubai, UAE; [2] Mohammed VI Polytechnic University (UM6P), Laayoune, Morocco; *j.calle@biosaline.org.ae

Abstract: Salinity and high temperature are two of the most common stresses plants experience in semi-arid and arid regions of the world. A farming practice which uses tolerant crop species and genotypes to salinity and heat stress is paramount for sustainable crop production in these regions. Quinoa is one of such crops reported to

exhibit diversity in tolerance of salinity and high temperatures (above 30 Celsius). To examine the yield response to salinity and underlying physiological responses (photosynthetic and chlorophyll fluorescence parameter related responses), we tested four quinoa genotypes with semi late and late growth type (Blanca Junín, ICBA-Q2, Amarilla Marangani and Amarilla Sacaca) at four salinity treatments (0 [control], 6, 12 and 18 dS/m) in Dubai, UAE from November 2019 to May 2020. The results indicate that two genotypes (B. Junin and A. Marangani) tolerate salinity up to 6 dS/m.

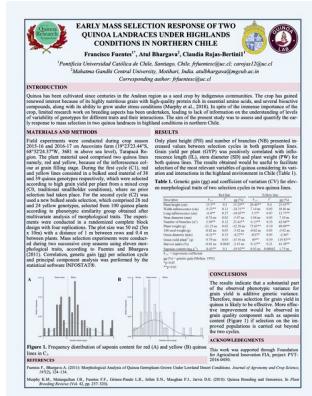
In comparison, the other two genotypes showed stress at all salinity levels. The two tolerant genotypes showed comparable linear electron flow rate (a measure of net photosynthesis rate), the quantum yield of Photosystem II (ϕ_{II}), relative chlorophyll index at 6 dS/m compared to control level. At the two higher salinity levels (12 and 18 dS/m), all four genotypes showed a significant reduction in all physiological parameters and yield compared to control treatments.

Resumen: La salinidad y las altas temperaturas son dos de los estreses más comunes que experimenta la planta en las regiones semiáridas y áridas del mundo. Una práctica agrícola que utiliza especies de cultivos tolerantes y genotipos para la salinidad y el estrés por calor es fundamental para la producción sostenible de cultivos en estas regiones. La quinua es uno de esos cultivos que tiene diversidad en cuanto a la tolerancia a la salinidad y las altas temperaturas (por encima de 30 grados Celsius). Para examinar la respuesta de rendimiento a la salinidad y las respuestas fisiológicas subyacentes (respuestas relacionadas con los parámetros de fluorescencia fotosintética y clorofila), probamos cuatro genotipos de quinua con tipo de crecimiento semi tardío y tardío (Blanca Junín, ICBA-Q2, Amarilla Marangani y Amarilla Sacaca) bajo riego salino por goteo a cuatro tratamientos (0 [control], 6, 12 y 18 dS/m) en Dubai, EAU desde noviembre de 2019 hasta mayo de 2020. Los resultados demuestran que dos genotipos (B. Junin y A. Marangani) toleran un riego

salino hasta 6 dS / m.

En comparación, los otros dos genotipos mostraron estrés en todos los niveles de salinidad. Los dos genotipos tolerantes mostraron una tasa de flujo de electrones lineal comparable (una medida de la tasa de fotosíntesis neta), el rendimiento cuántico de Fotosistema II (ϕ_{II}), índice relativo de clorofila a 6 dS/m en comparación con el nivel de control. En los dos niveles de salinidad más altos (12 y 18 dS/m), los cuatro genotipos mostraron una reducción significativa en todos los parámetros fisiológicos y el rendimiento en comparación con los tratamientos de control.

#agronomy #plantphysiology #agronomía #fitofisiología



Title: Early Mass Selection Response of Two Quinoa Landraces Under Highlands Conditions in Northern Chile

Título: Respuesta a la Selección Masal Temprana de dos Variedades Tradicionales de Quinoa en el Altiplano del Norte de Chile

Presenters: Rojas-Bertini, Claudia

Authors/Affiliations: Fuentes, F. [1]*, Bhargava, A. [2], and C. Rojas-Bertini [1]

[1] Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; [2] Mahatma Gandhi Central University, Motihari, India; *frfuentesc@uc.cl

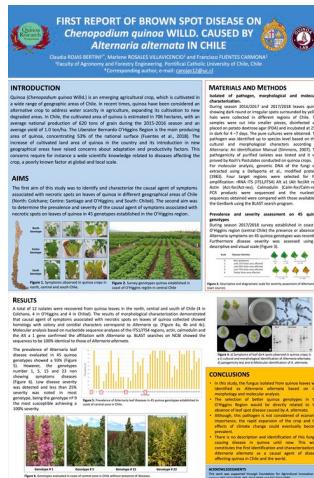
Abstract: Quinoa has been cultivated since centuries in the Andean region as a seed

highly nutritious grain with high-quality protein rich in essential amino acids, and several bioactive compounds, along with its ability to grow under stress conditions. In spite of the immense importance of the crop, limited research work on breeding aspects has been undertaken, leading to lack of information on the understanding of levels of variability of genotypes for different traits and their interactions. The aim of the present study was to assess and quantify the early response to mass selection in two quinoa landraces in highland conditions. Mass selection experiments were conducted during two successive crop seasons using eleven morphological traits. Correlation, genetic gain (GG) per selection cycle and principal component analysis was carried out. Only plant height (PH) and number of branches (NB) presented increased values between selection cycles in both germplasm lines. Grain yield per plant (GYP) was positively correlated with inflorescence length (IL), stem diameter (SD) and plant weight (PW) for both quinoa lines. The results obtained would be useful to facilitate selection of the most relevant variables of quinoa considering its variation and interactions in the highland environment in Chile.

Resumen: La quínoa ha sido cultivada desde hace siglos en la región andina como un cultivo de granos por las comunidades indígenas. El cultivo ha ganado un interés renovado debido a su grano altamente nutritivo con proteínas de alta calidad, ricas en aminoácidos esenciales y varios compuestos bioactivos, junto con su capacidad de crecer en condiciones de estrés. A pesar de la inmensa importancia del cultivo, se ha llevado a cabo un trabajo de investigación limitado sobre aspectos de mejoramiento genético, lo que lleva a la falta de información sobre la comprensión de los niveles de variabilidad de los genotipos para diferentes características y sus interacciones. El objetivo del presente estudio fue evaluar y cuantificar la respuesta a la selección masal temprana en dos variedades tradicionales de quínoa cultivada bajo condiciones del altiplano del norte de Chile. Los experimentos de selección masal se realizaron durante dos temporadas sucesivas de cultivo utilizando once características productivas y morfológicas. Se realizó análisis de correlaciones,

ganancia genética por ciclo de selección y análisis de componentes principales. Solo las características de altura de planta (PH) y número de ramificación (NB) presentaron incremento de valor entre ciclos de selección en ambas variedades de germoplasma. El rendimiento de grano por planta (GYP) se correlacionó positivamente con longitud de inflorescencia (IL), diámetro de tallo (SD) y peso de la planta (PW) para ambas variedades de quinua. Los resultados obtenidos son útiles para facilitar la selección de las características más relevantes para la quínoa considerando su variación e interacciones en el ambiente del altiplano del norte de Chile.

#genetics #genética



Title: First Report of Brown Spot Disease on *Chenopodium quinoa* Willd. Caused by *Alternaria alternata* in Chile

Título: Primer Reporte de la Enfermedad de la Mancha Marrón en *Chenopodium quinoa* Willd. Causado por *Alternaria alternata* en Chile

Presenters: Rojas-Bertini, Claudia

Authors/Affiliations: Rojas-Bertini, C. [1]*, Rosales Villavicencio, M. [1], and F. Fuentes Carmona [1]

[1] Faculty of Agronomy and Forestry Engineering. Pontifical Catholic University of Chile, Chile; *carojas12@uc.cl

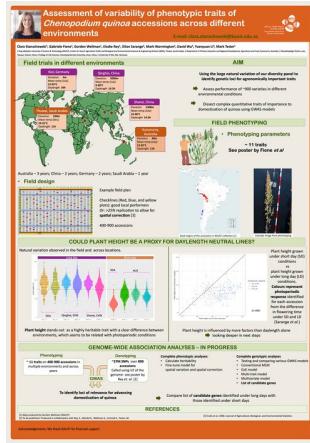
Abstract: Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is an emerging agricultural crop,

which is cultivated in a wide range of geographic areas of Chile and considered an alternative crop to address water scarcity in agriculture, expanding its cultivation to new degraded areas. In Chile, the cultivated area of quinoa is estimated in 706 hectares, with an average national production of 620 tons of grain. During 2018 and 2019 quinoa crops in different regions of Chile have shown symptoms of brown spot disease. The prevalence of this disease at field has reached over 93% in some quinoa genotypes. Small brown spots with yellow halos appear in initial symptoms, and subsequently become as a round or irregular necrotic spots surrounded by yellow halo. Leaf spots enlarge and turn into a dark color as infection progresses and develop full blight symptom. The morphological identification of causal agent was made up to species level based on their cultural and morphological characters according to *Alternaria: an identification manual* of Simmons (2007). To confirm the identification, fungal genomic DNA was extracted using a Dellaporta *et al.*, modified protocol (Dellaporta *et al.*, 1983). Four target regions were selected for PCR amplification: rRNA ITS, Alt a1, Actin and Calmodulin. PCR products were sequenced and nucleotide sequences were compared with available information in GenBank using the BLAST search program. A GenBank BLAST search revealed between 99.8 to 100% identity to *Alternaria alternata* (northern isolates 99.8%, central isolate 100% and southern isolates 99.8%). The pathogenicity of purified isolates was tested through Koch's Postulates on quinoa leaves. The results of identified isolates from inoculation turned out to be *A. alternata*. To our knowledge, there is no description and identification of this fungus causing disease in quinoa until now. This work constitutes the first identification and characterization of *A.alternata* as a causal agent of disease affecting quinoa in Chile and the world.

Resumen: La quínoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un cultivo agrícola emergente, cultivado en una amplia gama de áreas geográficas de Chile, siendo considerado un cultivo estratégico para enfrentar la escasez hídrica. En Chile se estima una superficie cultivada con quínoa en 706 hectáreas y una producción

nacional promedio de 620 toneladas. Durante 2018 y 2019, cultivos de quínoa de diferentes regiones de Chile mostraron síntomas asociado a manchas foliares de color marrón. La prevalencia de estos síntomas en campo alcanzó sobre el 93% en algunos genotipos de quínoa. El síntoma inicial comienza con pequeñas manchas marrones con halos amarillos. A medida que la enfermedad progresó, las manchas foliares confluyen, tornándose de color oscuro y desarrollando tizonamiento en las hojas. La identificación morfológica del agente causal se realizó a nivel de especie en función de sus caracteres culturales y morfológicos según *Alternaria*: un manual de identificación de Simmons (2007). Para confirmar la identificación, se realizó detección molecular mediante extracción de ADN fúngico utilizando protocolo modificado de Dellaporta et al. (Dellaporta et al., 1983). Se seleccionaron cuatro regiones objetivo para la amplificación por PCR: rRNA ITS, Alt a1, Actina y Calmodulina. Los productos de PCR se secuenciaron y las secuencias de nucleótidos se compararon con la información disponible en GenBank usando el programa de búsqueda BLAST. Los resultados revelaron entre 99.8 y 100% de identidad con *Alternaria alternata* (aislados norte 99.8%, aislados central 100% y aislados sur 99.8%). La patogenicidad de los aislados purificados se comprobó según postulados de Koch en hojas de quínoa. Los resultados coincidieron con *A. alternata*. Hasta la fecha, no existe una descripción e identificación de este hongo causando enfermedad en quínoa. Este trabajo constituye la primera identificación y caracterización de *A. alternata* como agente causal de enfermedad afectando a cultivos de quínoa en Chile y el mundo.

#plantpathology #fitopatología



Title: Assessment of Variability of Phenotypic Traits of *Chenopodium quinoa* Accessions Across Different Environments

Título: Evaluación de la Variabilidad de Rasgos Fenotípicos de Accesiones de *Chenopodium quinoa* en Diferentes Entornos

Presenter: Stanschewski, Clara S.

Authors/Affiliations: Stanschewski, C. [1], Fiene, G. [1], Wellman, G. [1], Rey, E. [1], Sarange, D. [5], Warmington, M. [2], Wu, D. [3], Li, Y. [4], and M. Tester [1]

[1] King Abdullah University of Science & Technology (KAUST), Center for Desert Agriculture (CDA) and Biological and Environmental Sciences & Engineering Division (BESE), Thuwal, Saudi Arabia; [2] Department of Primary Industries and Regional Development, Agriculture and Food, Kununurra, Australia; [3] ShanxiJiaqi Agri-TechCo., Ltd., Taiyuan, Shanxi, China; [4] College of Life Sciences, Shandong Normal University, Jinan, China; [5] University of Kiel, Kiel, Germany.

Abstract: Quinoa can grow in a wide range of environments, notably often in marginal soils, due to its tolerance to numerous challenging environmental conditions such as drought, salinity and low temperature. We have re-sequenced the genomes of a population of 894 quinoa accessions that includes land races and commercial varieties from a diverse geographic spread in South America. Using version 2 of the quinoa genome, described in the poster by Rey *et al.*, a total of ~37 million SNPs have been identified, which provides a useful resource for GWAS analyses for these lines, or a subset of the lines.

We have phenotyped this diversity panel for a range of traits (see posters by Fiene *et al.* and Wellman *et al.*), including in large-scale field trials in several different environments, usually for more than one year, with the aim of having sufficient

statistical power to identify the genetic architecture behind traits of interest through GWAS. For this poster, we have focused analyses on plant heights that were recorded during 2018 and 2019 from two field sites in China and one in northern Australia.

Among many phenotypic differences, we observed a trend for taller plants and a longer time to reach maturity in China compared to Australia. This is likely to be due, at least in part, to the differences in day length between the two sites (with plants growing through the winter in Australia and the summer in China). The results of GWAS analyses of these data will be presented in this poster.

Our study has implications for the process of further domesticating quinoa, through identification of genes and their alleles associated with architectural traits, as well as providing information that can be used in the selection of varieties suitable for different environmental conditions. This is beneficial for future genomics-informed breeding programs.

Resumen: La quinua puede crecer en una amplia gama de ambientes, destacadamente a menudo en tierras marginales, debido a su tolerancia a numerosas condiciones ambientales desafiantes como la sequía, salinidad y bajas temperaturas. Hemos vuelto a secuenciar los genomas de una población de 894 accesiones de quinua que incluye razas terrestres y variedades comerciales de una amplia distribución geográfica en América del Sur. Utilizando la versión 2 del genoma de la quinua, descrita en el póster por Rey et al., se han identificado un total de ~37 millones de SNPs, lo cual proporciona un recurso útil para el estudio por medio de GWAS de estas líneas, o un subconjunto de ellas.

Hemos fenotipado este panel de diversidad para una variedad de rasgos (ver pósters de Fiene et al. Y Wellman et al.), incluyendo experimentos de campo a gran escala en varios entornos distintos, generalmente durante más de un año, con el objetivo de tener suficiente poder estadístico para identificar la arquitectura genética detrás de

rasgos de interés a través de GWAS. Para este póster, hemos enfocado los análisis en la altura de las plantas que fueron registradas durante 2018 y 2019 en dos sitios de campo en China y uno en el norte de Australia.

Entre abundantes diferencias fenotípicas, observamos una tendencia para plantas más altas y un mayor tiempo para alcanzar la madurez en China en comparación con Australia. Es probable que esto se deba, al menos en parte, a la diferencia en la duración del día entre los dos sitios (con las plantas creciendo durante el invierno en Australia y en el verano en China). Los resultados del análisis por medio de GWAS de estos datos se presentarán en este póster.

Nuestro estudio tiene implicaciones para el proceso de avanzar la domesticación de la quinua, a través de la identificación de genes y alelos asociados con rasgos arquitectónicos, así como proveer información que pueda ser utilizada en la selección de variedades aptas para diferentes condiciones ambientales. Esto es beneficioso para futuros programas de reproducción asistidos con información genómica.

#genetics #genética



Title: Kefir Prepared with Quinoa Milk Substitute

Título: Kéfir a Base de Sustituto de Leche de Quinoa

Presenter: Vazquez-Luna, Alma

Authors/Affiliations: Vázquez-Luna, A. [1,2]*, Ramírez, G.L.S. [2], Rivadeneyra-Dominguez, E. [2], and R. Díaz-Sobac [1]

[1] Instituto de Ciencias Básicas; [2] Facultad de Química Farmacéutica Biológica, Universidad Veracruzana. Zona Universitaria, C.P. 91000, Xalapa, Ver.;

*almvazquez@uv.mx

Abstract: The name kefir derives from the Turkish "keyif" which means feeling of well-being when consumed. Kefir is a product of the fermentation of any type of milk by adding kefir grains, a complex mixture of probiotics that improve digestive function [1]. Quinoa is an alternative for consumption due to its high nutritional value, especially in new dietary trends [2]. The objective of this work was to obtain a probiotic drink based on quinoa as a milk substitute with nutritional and organoleptic characteristics that are pleasing to the consumer. Quinoa and kefir grains were obtained from a local market. Quinoa-based milk substitute was made, pasteurized and cooled to form 24 batches of 100 mL into which the kefir grains were inoculated, acidity, proteins, total sugars, ethanol, calcium and CO₂ (AOAC) were determined every week for eight weeks, that for to determine nutritional content and shelf life. A triangular organoleptic test was carried out to determine if the product was acceptable with thirty panelists without training. The results at zero time of the determinations made expressed on a wet basis were: acidity 0.02%, proteins 1.2%, total reducing sugars 0.31%, ethanol 0%, calcium 0.05% and CO₂ 0.75%, observing an increase after 8 weeks of: 0.48% in acidity, 0.93% in total reducing sugars, 0.68%

in ethanol, 1.54% in calcium and 0.14% in CO₂, and a slight decrease in protein 1.1%. However, the results after storage time remain within those reported for a kefir made from cow's milk. 85% of the panelists did not observe significant differences with respect to a commercial product until week 6 in the samples stored in refrigeration. Quinoa is proposed as an alternative for making kefir, since acceptable nutritional and organoleptic characteristics are obtained for this type of product.

Key words: kefir, quinoa, functional food

Bibliography - [1] Otles S and Cagindi O (2003). Kefir: A Probiotic Dairy-Composition, Nutritional and Therapeutic aspects. Pakis. J. Nutrit. 2(2):54-59.; [2] Vázquez-Luna A, Fuentes CFF, Rivadeneyra DE, Hernández TC y Díaz-Sobac R (2019). Nutrimental content and functional properties of quinoa flour of Chile and Mexico. Cien. Inv. Agr. 42(2):144-153; [3] AOAC. 2019. Methods of Analysis of the Association of Official Analytical Chemist. 21th edition. Washington D.C., US

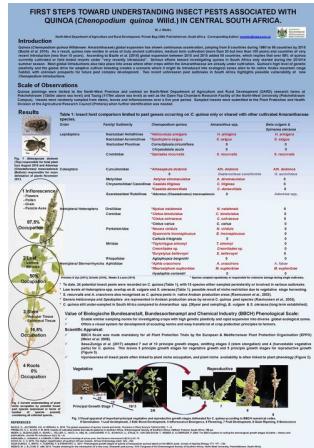
Resumen: Antecedentes. El nombre kéfir deriva del turco "keyif" que significa sensación de bienestar cuando se consume, se obtiene como producto de la fermentación de cualquier tipo de leche al agregarle los búlgaros, los cuales contienen una mezcla compleja de probióticos que mejoran el funcionamiento digestivo¹. La quinoa constituye una alternativa de consumo debido a su alto valor nutrimental, especialmente en las nuevas tendencias alimentarias². Objetivo. Obtener una bebida probiótica a base de quinoa como sustituto de leche de características nutrimentales y organolépticas agradables al consumidor. Métodos. La quinoa y los búlgaros fueron obtenidos en un mercado de la localidad. Se elaboró el sustituto de leche a base de quinoa, se pasteurizó y enfrió para poder formar 24 lotes de 100 mL a los cuales se les inocularon los búlgaros, se determinó cada semana durante 8 semanas acidez, proteínas, azúcares totales, etanol, calcio y CO₂ (AOAC), para determinar contenido nutrimental y vida de anaquel. Para determinar si el producto era aceptable se llevó a cabo una prueba organoléptica triangular con 30 panelistas.

no entrenados. **Resultados.** Los valores iniciales de las determinaciones realizadas expresados en base húmeda fueron: acidez 0.02%, proteínas 1.2%, azúcares reductores totales 0.31%, etanol 0%, calcio 0.05% y CO₂ 0.75%, observando un incremento después de 8 semanas de: 0.48% en acidez, 0.93% en azúcares reductores totales, 0.68% en etanol, 1.54% en calcio y 0.14% en CO₂, y una ligera disminución en proteínas 1.1%. Sin embargo, los resultados después del tiempo de almacenamiento siguen dentro de los reportados para un kéfir elaborado con leche de vaca. El 85% de los panelistas no observaron diferencias significativas con respecto al producto comercial hasta la semana 6 en las muestras almacenadas en refrigeración. **Conclusión.** Se propone a la quinoa como una alternativa para la elaboración de kéfir, ya que se obtienen características nutrimentales y organolépticas aceptables para éste tipo de producto.

Palabras clave: kéfir, quinoa, alimento funcional

Bibliografía - [1]Otles S and Cagindi O (2003). Kefir: A Probiotic Dairy-Composition, Nutritional and Therapeutic aspects. Pakis. J. Nutrit. 2(2):54-59; [2] Vázquez-Luna A, Fuentes CFF, Rivadeneyra DE, Hernández TC y Díaz-Sobac R (2019). Nutrimental content and functional properties of quinoa flour of Chile and Mexico. Cien. Inv. Agr. 42(2):144-153; [3] AOAC. 2019. Methods of Analysis of the Association of Official Analytical Chemist. 21th edition. Washington D.C., US

#foodscience #cienciasdelosalimentos



Title: First Steps Toward Understanding Insect Pests Associated with Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) in Central South Africa.

Título: Primeros Pasos Hacia la Comprensión Plagas de Insectos Asociadas con la Quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en Centro de Sudáfrica.

Presenter: Weeks, William J.

Authors/Affiliations: Weeks, W.J.

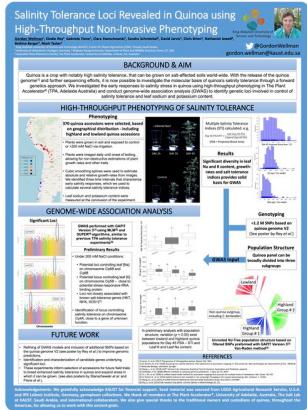
North-West Department of Agriculture and Rural Development, Potchefstroom, North-West Province, South Africa; *wweeks@nwpgr.gov.za

Abstract: The rapid globalisation of quinoa (Amaranthaceae) presents a unique opportunity to observe development of insect pest populations because it now simultaneously resides, as a crop, within areas of ancient cultivation, medium term cultivation and very recent introduction. South Africa represents virgin territory in as far as large scale quinoa cultivation is concerned, with serious attempts at investigating this crop only starting during the 2013/14 growing season. Establishment of a local industry will be heavily dependent on the development of Integrated Pest Management strategies, which in turn requires a rapid filling of the information void that results from new crop introductions. A total of 15 phytophagous insect species representing three orders viz. Lepidoptera, Coleoptera and Hemiptera (Suborders: Sternorrhyncha and Heteroptera) are reported. Pests will be viewed within context of guild and niche occupation with special consideration given to severe damage events linked to 2 Coleoptera species. The current South African pest checklist will also be placed in context with other crops within the Amaranthaceae.

baseline tool for future international pest research collaboration, will be highlighted.

Resumen: La rápida globalización de la quinua presenta una oportunidad única para observar el desarrollo de las poblaciones de plagas de insectos porque ahora reside simultáneamente, como un cultivo, dentro de áreas de cultivo antiguo, cultivo a medio plazo e introducción muy reciente. Sudáfrica representa territorio virgen en la medida en que se trata del cultivo de quinua a gran escala, con serios intentos de investigar este cultivo solo a partir de la temporada de cultivo 2013 / 14. El establecimiento de una industria local dependerá de elel deveestrategias integradas de manejo de plagas, que require an rápido llenado de la información nula que resultade las nuevas introducciones de cultivos. Un total de 24 especies de insectos fitofágicos que representantres órdenes: Lepidoptera, Coleoptera y Hemiptera (Subórdenes: Sternorrhyncha y Heteroptera) se informan. Las plagas serán vistas en el contexto de la ocupación de hermandad y nicho, con especial consideración a los graves danos relacionados con 2 especies de Coleoptera. La lista actual de verificación de plagas Sudáfricanas también se colocará en context con ortos cultivos dentro de las Amaranthaceae. Uso de la fenología vegetal a través de la adopción del sistema decimal de la BBCH, como posible herramienta de referencia para la future colaboración internacional en investigaciónde plagas, se destacará.

#entomology #entomología



Title: Salinity Tolerance Loci Revealed in Quinoa Using High-Throughput Non-Invasive Phenotyping

Título: Loci de Tolerancia a la Salinidad Revelado en la Quinua Usando Fenotipado no Invasivo de Alto Rendimiento

Presenter: Wellman, Gordon

Authors/Affiliations: Wellman, G. [1]*, Rey, R. [1], Fiene, G. [1], Stanschewski, C. [1], Schmöckel, S. [2], Jarvis, D. [3], Brien, C. [4], Jewell, N. [4], Berger, B. [4], and M. Tester [1]

[1] King Abdullah University of Science and Technology (KAUST), Center for Desert Agriculture (CDA) and Biological and Environmental Sciences & Engineering Division (BESE), Thuwal, Saudi Arabia; [2] University of Hohenheim, Stuttgart, Germany; [3] Brigham Young University, Department of Plant and Wildlife Sciences, Provo, UT, USA; [4] Australian Plant Phenomics Facility, The Plant Accelerator, University of Adelaide, Urrbrae, SA, Australia; *gordon.wellman@kaust.edu.sa

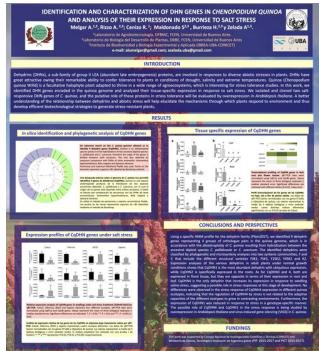
Abstract: We investigated the early responses to salinity stress in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) through high-throughput phenotyping in The Plant Accelerator® (TPA, Adelaide Australia), enabling the identification of genetic loci influencing plant growth rates and salinity tolerance. We have re-sequenced the genomes of a population of 400 quinoa accessions that includes landraces and commercial varieties from a diverse geographic spread in South America. Within the TPA high-throughput automated phenotyping "Smarthouse", plants were grown in soil in pots and exposed to +0 (control) or +200 mM NaCl (treatment) from the 6th leaf stage and imaged daily until approximately the onset of bolting. Nineteen RGB and two fluorescence image angles allows non-destructive estimations of plant growth

photometry of youngest fully expanded leaves at the conclusion of the experiment. Using cubic smoothing splines to estimate plant absolute and relative growth-rates from images, we identified three time intervals that characterize early salinity responses, which we used to calculate various salinity tolerance indices. Variations in ion accumulation, salinity tolerance and growth rates enabled genome-wide association analyses, using SNPs identified from short-read sequencing of this population (see poster by Stanschewski et al.). Although salinity tolerance in quinoa does not appear to be highly correlated with sodium accumulation in leaves in this early growth stage experiment, significant differences in growth-rates and potassium accumulation exist between "highland" and "lowland" quinoa accessions, indicating that growth and responses to salinity differ in these populations. Work on the phenotyping of this population and identification of loci will be presented. These experiments inform selection of accessions for future field trials for breeding enhanced salinity tolerance in quinoa and expand areas in which quinoa could be grown (see also posters by Rey et al. and Fiene et al.).

Resumen: Investigue las primeras respuestas al estrés de salinidad en la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.), a través de fenotipos de alto rendimiento en The Plant Accelerator® (TPA, Adelaide Australia), la identificación de loci genéticos que influyen en las tasas de crecimiento de las plantas y la tolerancia a la salinidad. Hemos vuelto a secuenciar los genomas de una población de 400 accesiones de quinua que incluye razas terrestres y variedades comerciales de una amplia distribución geográfica en América del Sur. Hemos vuelto a secuenciar los genomas de una población de 400 accesiones de quinua que incluye razas terrestres y variedades comerciales de una amplia distribución geográfica en América del Sur. Dentro del TPA fenotipo automatizado de alto rendimiento "Smarthouse", las plantas se cultivaron en macetas en el suelo y se expusieron a +0 (control) o a NaCl +200 mM (tratamiento) desde la sexta etapa de la hoja y se tomaron imágenes diariamente hasta aproximadamente el inicio de la floración. Diecinueve RGB y dos ángulos de

Imagenes de fluorescencia permiten estimaciones no destructivas de las tasas de crecimiento de las plantas y otros rasgos. El contenido de sodio y potasio en las hojas se midió usando fotometría de llama de las hojas más jóvenes completamente expandidas al final del experimento. Utilizando splines de suavizado cúbico para estimar las tasas de crecimiento absoluto y relativo de la planta a partir de imágenes, identificamos tres intervalos de tiempo que caracterizan las respuestas tempranas de salinidad, que utilizamos para calcular varios índices de tolerancia a la salinidad. Las variaciones en la acumulación de iones, la tolerancia a la salinidad y las tasas de crecimiento permitieron análisis de asociación de genoma amplio, utilizando SNP identificados a partir de la secuenciación de lectura corta de esta población (ver cartel de Stanschewski *et al.*). La tolerancia a la salinidad en la quinua no parece estar altamente correlacionada con la acumulación de sodio en las hojas en este experimento de etapa temprana de crecimiento, existen diferencias significativas en las tasas de crecimiento y la acumulación de potasio entre las accesiones de quinua en las "tierras altas" y las "tierras bajas", lo que indica que el crecimiento y las respuestas a la salinidad difieren en estas poblaciones. Se presentará el trabajo sobre el fenotipado de esta población y la identificación de loci. Estos experimentos informan la selección de accesiones para futuros ensayos de campo para mejorar la tolerancia a la salinidad en la quinua y expandir las áreas en las que se puede cultivar (ver también carteles de Rey *et al.* y Fiene *et al.*).

#genetics #plantphysiology #genética #fitofisiología



Title: Identification and Characterization of DHN Genes in *Chenopodium quinoa* and Analysis of Their Expression in Response to Salt Stress

Título: Identificación y Caracterización de las Dehidrinas de *Chenopodium quinoa* y Análisis de su Expresión en Respuesta al Estrés Salino.

Presenter: Zelada, Alicia

Authors/Affiliations: Melgar, A. [1,3], Rizzo, A. [2,3], Cenizo, R. [1], Maldonado, S. [2,3], Burrieza, H. [2], and A. Zelada [1,3]

[1] Laboratorio de Agrobiotecnología, DFBMC, FCEN, Universidad de Buenos Aires; [2] Laboratorio de Biología del Desarrollo de Plantas, DBBE, FCEN, Universidad de Buenos Aires; [3] Instituto de Biodiversidad y Biología Experimental y Aplicada (IBBEA-UBA-CONICET)

Abstract: Dehydrins (DHNs), a subfamily of group II LEA (late embryogenesis abundant) proteins, are involved in responses to diverse abiotic stresses in plants. DHNs have great attractive owing their remarkable ability to confer tolerance to conditions of drought, salinity and extreme temperatures. Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) is a facultative halophyte plant adapted to thrive in a wide range of agroecosystems, which is interesting for stress tolerance studies. In this work, we identified all DHN genes encoded in the quinoa genome and analyzed their tissue-specific expression and response to salt stress. We isolated and cloned two salt-responsive DHN genes of *C. quinoa*, and the putative role of these proteins in stress tolerance will be evaluated by overexpression in *Arabidopsis thaliana*. A better understanding of the relationship between dehydrins and abiotic stress will help

develop efficient biotechnological strategies to generate stress-resistant plants.

Resumen: Las dehidrinas (DHNs), una subfamilia de proteínas pertenecientes al subgrupo II de las LEAs (Late Embryogenesis abundant), han sido ampliamente estudiadas y caracterizadas como protectoras frente a diversos estreses en plantas. La capacidad de estas proteínas para conferir tolerancia a las plantas en situaciones de sequía, salinidad o temperaturas extremas las ha convertido en objeto de gran interés al momento de desarrollar estrategias para mejoramiento. La quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) es una planta halófita facultativa capaz de prosperar en un amplio rango de condiciones edafoclimáticas, lo que la vuelve una planta de interés para estudios de tolerancia a estrés. En este trabajo, hemos identificado *in silico* y caracterizado la expresión tejido-específica y en respuesta al estrés salino de las distintas dehidrinas codificadas en el genoma de quinoa. De las dehidrinas identificadas aislamos y clonamos dos cuya expresión es regulada frente al estrés salino. El posible rol de estas dehidrinas en la tolerancia al estrés será evaluado mediante sobreexpresión en *Arabidopsis thaliana*. Un mejor entendimiento acerca de la relación que existe entre las dehidrinas y el estrés abiótico permitirá elucidar los mecanismos a través de los cuales las plantas responden al estrés del ambiente y así desarrollar estrategias más eficaces.

#genetics #plantphysiology #genética #fitofisiología



Food Systems

WASHINGTON STATE UNIVERSITY



SUSTAINABLE SEED SYSTEMS LAB

The International Quinoa Symposium is produced by the WSU Sustainable Seed Systems Lab in collaboration with the WSU Food Systems Program and the support of many partnering organizations. For more information on the program contact Dr. Kevin Murphy (Sustainable Seed Systems Lab) kmurphy2@wsu.edu. Logistical questions?

Contact Aba Kiser (WSU Food Systems) aba.kiser@wsu.edu.