



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

**PROGRAMA DE POSTGRADO EN RECURSOS GENÉTICOS Y
PRODUCTIVIDAD**

GENÉTICA

VALORACIÓN GENÉTICA PARA COMPONENTES NUTRICIONALES EN UN ESQUEMA DE CRUZAMIENTOS DE MAÍZ DE GRANO BLANCO

ETZHEL NUÑEZ TERRONES

T E S I S
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE :

MAESTRO EN CIENCIAS


MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO

2018

CARTA DE CONSENTIMIENTO DE USO DE LOS DERECHOS DE AUTOR Y DE LAS REGALIAS COMERCIALES DE PRODUCTOS DE INVESTIGACION

En adición al beneficio ético, moral y académico que he obtenido durante mis estudios en el Colegio de Postgraduados, el que suscribe **Etzael Nuñez Terrones**, Alumno (a) de esta Institución, estoy de acuerdo en ser partícipe de las regalías económicas y/o académicas, de procedencia nacional e internacional, que se deriven del trabajo de investigación que realicé en esta institución, bajo la dirección del Profesor **Dra. Ma. Del Carmen Mendoza Castillo**, por lo que otorgo los derechos de autor de mi tesis **VALORACIÓN GENÉTICA PARA COMPONENTES NUTRICIONALES EN UN ESQUEMA DE CRUZAMIENTOS DE MAÍZ DE GRANO BLANCO** y de los productos de dicha investigación al Colegio de Postgraduados. Las patentes y secretos industriales que se puedan derivar serán registrados a nombre del colegio de Postgraduados y las regalías económicas que se deriven serán distribuidas entre la Institución, El Consejero o Director de Tesis y el que suscribe, de acuerdo a las negociaciones entre las tres partes, por ello me comprometo a no realizar ninguna acción que dañe el proceso de explotación comercial de dichos productos a favor de esta Institución.

Montecillo, Mpio. de Texcoco, Edo. de México, a 14 de Noviembre de 2018



Firma del
Alumno (a)



Vo. Bo. del Consejero o Director de Tesis

La presente tesis titulada: “VALORACIÓN GENÉTICA PARA COMPONENTES NUTRICIONALES EN UN ESQUEMA DE CRUZAMIENTOS DE MAÍZ DE GRANO BLANCO”, realizada por el alumno: ETZABEL NUÑEZ TERRONES bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS

EN

RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

CONSEJO PARTICULAR:

CONSEJERA


Dra. Ma. del Carmen Mendoza Castillo

ASESORA


Dra. Adriana Delgado Alvarado

ASESOR


Dr. Fernando Castillo González

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Noviembre de 2018

VALORACIÓN GENÉTICA PARA COMPONENTES NUTRICIONALES EN UN ESQUEMA DE CRUZAMIENTOS DE MAÍZ DE GRANO BLANCO

Etzael Nuñez Terrones, M. en C.

Colegio de Postgraduados, 2018

Para establecer el mejor esquema de mejoramiento genético en la obtención de genotipos productivos de maíz de grano blanco con alto contenido nutrimental, destinados para su uso en la industria, la ganadería y/o en la alimentación humana, es necesario conocer el componente genético de los genotipos involucrados en los programas de mejora. Para identificar genotipos sobresalientes en términos de composición química del grano de maíz (*Zea mays* L.), se evaluó la aptitud combinatoria general (ACG) de los progenitores y específica (ACE) de las cruzas así como los efectos maternos (EfM) y recíprocos (EfR) mediante el Diseño I dialélico propuesto por Griffing (1956). El estudio incluyó tres grupos de cruzas simples de maíz formado cada uno a partir de cinco líneas endogámicas (S6 – S8). El primer grupo conformado por líneas del Grupo Riego, el segundo por líneas del Grupo Riego y Temporal, y el tercero por líneas del Grupo Altamente Endogámico (MAE). Con el grano de la F1 de las cruzas posibles y de los progenitores se realizó el análisis genético del contenido total de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fólico.

En los genotipos del Grupo Riego y Grupo MAE se encontró mayor variación para la ACE que para la ACG en cada uno de los componentes nutrimentales evaluados; la ACE y ACG representaron en promedio 53 % y 12 %, respectivamente en el grupo Riego y 10 % y 45 %, respectivamente, en el grupo MAE, de la variación existente entre las cruzas y líneas. En el Grupo Riego y Temporal el efecto de ACE fue mayor en aceite, cenizas y ácido fólico (40 %, 49 % y 43 %, respectivamente), y el efecto de ACG fue mayor en las variables proteína y almidón (32 % y 45 %, respectivamente).

En el Grupo Riego sobresalieron los progenitores L3 y L2 por presentar valores positivos en cuatro de las cinco características evaluadas; en el Grupo Riego y Temporal la línea L7 expresó los valores más altos y significativos de efectos de ACG en el contenido de proteína, cenizas y ácido fólico; la línea L10 por su parte, sobresalió en los compuestos proteína, almidón y ácido

fitico. En el Grupo MAE sobresalieron las líneas L12 en los componentes aceite, proteína y cenizas y L13 en proteína, cenizas y ácido fitico.

Se encontró correlación significativa para el contenido de almidón y el rendimiento de grano, y el peso de grano, y la longitud de la mazorca, con valores positivos. Se encontró, además, una correlación negativa y significativa entre el contenido de aceite y el contenido de proteína en el grano; así como una correlación negativa pero no significativa entre el contenido de proteína y el contenido de almidón. Lo que indica que un programa de mejoramiento genético que incluya incremento en el contenido de aceite y proteína es poco recomendable, y deberán aplicarse diferentes esquemas de mejoramiento si se desea aprovechar alguna de las características bioquímicas del grano. Algunos genotipos evaluados pueden caracterizarse como de alto contenido en el grano principalmente de cenizas, aceite y almidón, en comparación a lo reportado en literatura.

Palabras clave: cruza simple, aptitud combinatoria, componentes nutrimentales, ácido fitico.

Genetic Valoration for Nutritional Components in a White-Kernel Maize Crossing Scheme

Etzael Nuñez Terrones, M. en C.

Colegio de Postgraduados, 2018

In order to establish a genetic improvement scheme to obtain productive white-kernel maize genotypes with a high nutrimental content, to be used in industry, cattle raising, and/or for human consumption, it is necessary to know the genetic makeup of the genotypes involved in the improvement programs. To identify outstanding genotypes, in terms of the chemical composition of the maize kernels (*Zea mays* L.), we evaluated the general combinatory aptitude (GCA) of the parents and the specific combinatory aptitude (SCA) of the crosses, as well as the maternal (MEf) and reciprocal (REf) effects through the diallelic Design I proposed by Griffing (1956). The study included three sets of simple maize crosses, each formed from five inbred lines ($S_6 - S_8$). The first set was made up by lines from the Irrigation Group, the second by lines from the Irrigation and Rainfed Group, and the third set by lines from the Highly Inbred Group (HIG). Using the kernels from F_1 of the possible crosses and the parents, the genetic analysis of the total contents of oil, protein, starch, ash, and phytic acid was done.

In the genotypes from the Irrigation Groups and the HIG Group, we found a higher variation for SCA than GCA in each of the evaluated nutrimental components; SCA and GCA represented a mean 53% and 12%, respectively in the Irrigation Group, and 10% and 45%, respectively in the HIG Group, of the variation existing between the crosses and lines. In the Irrigation and Rainfed Group, the effect of SCA was higher on oil, ash, and phytic acid (40%, 49%, and 43%, respectively), while the effect of GCA was higher on protein and starch (32% and 45%, respectively).

In the Irrigation Group, the L3 and L2 parents stood out for having positive values in four of the five characteristics evaluated. In the Irrigation and Rainfed Group, line L7 showed the highest and most significant values of the effect from GCA on the contents of protein, ash, and phytic acid. Line L10, meanwhile, stood out in terms of protein, starch, and phytic acid. In the HIG Group, line L12 stood out with regard to oil, protein, and ash, while L13 did so in protein, ash, and phytic acid.

There was a significant correlation for starch content and kernel yield, and kernel weight, and cob weight, with positive values. We also found a significant negative correlation between the oil

content and the protein content in the kernels, as well as a non-significant negative correlation between the protein content and the starch content. This indicates that a genetic improvement program that includes an increase in the oil and protein contents is not recommended, making different improvement schemes necessary if we wish to make use certain biochemical characteristics of the kernels.

Key words: simple crosses, combining ability, nutritional components, phytic acid.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco al Colegio de Postgraduados por haberme dado la oportunidad de realizar mis estudios de maestría en ciencias agrícolas. Al CONACYT por brindarme el financiamiento que me ayudó a concluir satisfactoriamente el postgrado.

Le agradezco a la comunidad de catedráticos que me compartieron sus conocimientos, resolviendo mis dudas y cimentando mi capacidad de pensamiento en el ámbito científico, y que han permitido ampliar mi visión tanto laboral como personal.

Al consejo académico, que forma parte de esta tesis; a la Dra. Ma. Del Carmen Mendoza Castillo por su compromiso y paciencia para guiarme durante la selección, desarrollo y culminación de esta etapa profesional, por proporcionarme información precisa sobre el tema, por sus observaciones y aportaciones para la mejor presentación de este trabajo.

A la Dra. Adriana Delgado Alvarado por sus enseñanzas, su atención y su apoyo en las diversas actividades tanto de laboratorio como académicas, por la minuciosa revisión, sugerencias y aportaciones hechas para la mejor presentación de este escrito.

Al Dr. Fernando Castillo González por su paciencia, sus enseñanzas en el aula, en el análisis de la información de la presente investigación, por estar siempre disponible para atender dudas, pendiente del avance y culminación de este proceso, por sus valiosas aportaciones para la mejor presentación de la información.

Al Dr. Agapito Pecina y al Dr. Javier Sánchez por sus consejos y su apoyo a lo largo de este periodo. A la Dra. Patricia Ramírez por su incondicional apoyo y sus consejos en las actividades de laboratorio. A mis compañeros Katia, Toño, Cecilia, Hugo, Karen por su amistad, por compartir experiencias y trabajo en esta etapa de nuestras vidas. Al resto de mis compañeros: Claudia, Tere, Lily, Emigdio y todos con los que compartí algún momento de mi estancia en esta institución.

Sinceramente Etzael!!

A mis padres

Leónides Núñez y Elvira Terrones por su cariño, apoyo incondicional y todas sus atenciones, esto es solo parte de lo que gracias a ustedes he podido alcanzar. Gracias.

A mis hermanas

Robe, Elvi, Ele, Isa por todo su cariño y apoyo, sus palabras de aliento fueron determinantes en los momentos difíciles.

A los jóvenes muertos injustamente

Que su energía se transforme en alegría y consuelo para su familia y su recuerdo perdure en la memoria colectiva.

CONTENIDO

	Pag.
RESUMEN.....	iv
ABSTRACT.....	vi
LISTA DE CUADROS.....	xiii
LISTA DE FIGURAS.....	xvi
INTRODUCCIÓN GENERAL.....	1
Objetivos.....	4
Hipótesis.....	4
Bibliografía.....	5
REVISIÓN DE LITERATURA.....	7
Carbohidratos.....	8
Humedad.....	13
Proteínas.....	14
Aceite.....	17
Cenizas.....	20
Hierro.....	21
Zinc.....	22
Manganeso.....	23
Cobre.....	23
Calcio.....	23
Ácido fítico.....	25
Algunos aspectos genéticos.....	27
Bibliografía.....	29
CAPÍTULO I. APTITUD COMBINATORIA DE TRES GRUPOS DE LÍNEAS DE MAÍZ Y SUS CRUZAS DIALÉNICAS EVALUADAS EN LOS VALLES ALTOS CENTRALES DE MÉXICO.....	36
1.1 Resumen.....	36
1.2 Abstract.....	37

1.3	Introducción.....	38
1.4	Materiales y Métodos.....	42
1.4.1	Material Genético.....	42
1.4.2	Preparación de muestras para estudios de laboratorio.....	42
1.4.3	Procedimientos en Análisis Bioquímicos.....	43
1.4.3.1	Contenido de Aceite.....	43
1.4.3.2	Contenido de Almidón.....	43
1.4.3.3	Contenido de Humedad.....	45
1.4.3.4	Contenido de Proteína.....	45
1.4.3.5	Contenido de Cenizas.....	46
1.4.3.6	Contenido de Ácido fítico.....	46
1.4.4	Análisis Estadístico.....	47
1.5	Resultados y Discusión.....	49
1.5.1	Grupo Riego.....	49
1.5.1.1	Análisis de varianza.....	49
1.5.1.2	Aptitud combinatoria general.....	50
1.5.1.3	Aptitud combinatoria específica.....	52
1.5.1.4	Efectos maternos y recíprocos.....	56
1.5.1.5	Estructura genética.....	57
1.5.2	Grupo Riego y Temporal.....	59
1.5.2.1	Análisis de varianza.....	59
1.5.2.2	Aptitud combinatoria general.....	61
1.5.2.3	Aptitud combinatoria específica.....	62
1.5.2.4	Efectos maternos y recíprocos.....	66
1.5.2.5	Estructura genética.....	66
1.5.3	Grupo Maíces Altamente Endogámicos (MAE).....	68
1.5.3.1	Análisis de varianza.....	68
1.5.3.2	Aptitud combinatoria general.....	70
1.5.3.3	Aptitud combinatoria específica.....	71
1.5.3.4	Efectos maternos y recíprocos.....	73
1.5.3.5	Estructura genética.....	74

1.5.4 Correlaciones entre componentes agronómicos y de grano.....	76
1.6 Bibliografía.....	78
DISCUSIÓN GENERAL.....	83
Bibliografía.....	87
CONCLUSIONES GENERALES.....	89
APÉNDICE.....	91

LISTA DE CUADROS

Pag.

REVISIÓN DE LITERATURA

Cuadro 1. Contenido de Almidón en granos de algunos genotipos de maíz.....	12
Cuadro 2. Contenidos de Humedad reportados en granos algunos genotipos de maíz.....	14
Cuadro 3. Contenido de Proteína reportados en granos de algunos genotipos de maíz.....	16
Cuadro 4. Contenido de Aceite reportado en granos de algunos genotipos de maíz.....	19
Cuadro 5. Contenido de Cenizas reportados en granos de algunos genotipos de maíz.....	24
Cuadro 6. Contenido de Ácido fítico reportados en granos de algunos genotipos.....	26

I. APTITUD COMBINATORIA DE TRES GRUPOS DE LINEAS DE MAÍZ Y SUS CRUZAS DIALELICAS EVALUADAS EN LOS VALLES ALTOS CENTRALES DE MÉXICO

Cuadro 1. Cuadros medios del análisis de varianza para algunas características nutricionales en un sistema de cruzas dialélicas completo, desarrollado con líneas de maíz del Grupo Riego para los Valles Altos Centrales de México.	49
Cuadro 2. Contenido nutricional (<i>per se</i>) y efectos de aptitud combinatoria general (g_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego para los Valles Altos Centrales de México.....	51
Cuadro 3. Efecto de aptitud combinatoria específica (s_{ij}) de las cruzas de mayor a menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en el grano de maíz del Grupo Riego.....	54
Cuadro 4. Contenido nutricional (<i>per se</i>) y efectos maternos (m_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego para Valles Altos del Centro de México	56

Cuadro 5. Estructura genética de los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en grano del Grupo Riego.....	58
Cuadro 6. Cuadrados medios del análisis de varianza para algunas características nutricionales en un sistema de cruas dialélicas completo, desarrollado con líneas de maíz del Grupo Riego y Temporal para los Valles Altos Centrales de México.	59
Cuadro 7. Contenido nutricional (<i>per se</i>) y efectos de aptitud combinatoria general (g_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego y Temporal para los Valles Altos Centrales de México.....	61
Cuadro 8. Efecto de aptitud combinatoria específica (s_{ij}) de las cruas de mayor a menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en el grano de maíz del Grupo Riego y Temporal.....	63
Cuadro 9. Contenido nutricional (<i>per se</i>) y efectos maternos (m_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego y Temporal para Valles Altos del Centro de México.....	66
Cuadro 10. Estructura genética de los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en grano del Grupo Riego y Temporal.....	67
Cuadro 11. Cuadrados medios del análisis de varianza para algunas características nutricionales en un sistema de cruas dialélicas completo, desarrollado con líneas de maíz del Grupo MAE para los Valles Altos Centrales de México.	69
Cuadro 12. Contenido nutricional (<i>per se</i>) y efectos de aptitud combinatoria general (g_i) de cinco líneas de maíz del Grupo MAE para los Valles Altos Centrales de México.....	70
Cuadro 13. Efecto de aptitud combinatoria específica (s_{ij}) de las cruas de mayor a menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en el grano de maíz del Grupo MAE.....	72
Cuadro 14. Contenido nutricional (<i>per se</i>) y efectos maternos (m_i) de cinco líneas de maíz del Grupo MAE para Valles Altos del Centro de México	73

Cuadro 15. Estructura genética de los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en grano del Grupo MAE.....	75
Cuadro 16. Coeficientes de correlación (R^2) entre las variables agronómicas y nutrimentales del grano de las cruzas posibles entre cinco líneas que constituyen el Grupo Riego y Temporal.....	76

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Estructura química del polímero amilosa.....	9
Figura 2. Estructura química del polímero amilopectina.....	9
Figura 3. Estructura química del ácido fítico y asociación con minerales y trazas de proteínas....	25

APÉNDICE

Anexo 1. Concentraciones y volúmenes empleados para la elaboración de la curva de calibración de glucosa.....	91
Anexo 2. Curva de calibración promedio obtenida para glucosa.....	91
Anexo 3. Concentraciones y absorbancias registradas para la elaboración de la curva de calibración de ácido fítico.....	92
Anexo 4. Curva de calibración promedio para ácido fítico.....	92

INTRODUCCIÓN GENERAL

El maíz es un cultivo importante en la sociedad mexicana, por razones culturales, alimentarias y económicas (Espinosa *et al.*, 2003), además de que esta región central de América se reconoce como centro de origen y diversificación de la especie, reportándose 59 razas nativas tan sólo en el territorio mexicano (Turrent-Fernández *et al.*, 2012). Según Fideicomisos Instituidos en Relación con la Agricultura (FIRA, 2016) la producción nacional de grano de maíz para el año 2015 fue de 24.69 millones de toneladas, que representaron un valor monetario de \$ 72 000 518 448.81. La producción de este grano generalmente se propicia mediante dos modalidades hídricas, la primera engloba los sistemas de producción con riego y la segunda, a los sistemas de producción en temporal. Para el año 2017 la superficie nacional sembrada en sistemas de temporal fue de 5.9 millones de hectáreas y se registró un rendimiento promedio de 2.5 toneladas por hectárea, mientras que en los sistemas con riego la superficie sembrada alcanzó 1.5 millones de hectáreas y se registró un rendimiento promedio de 8.3 toneladas por hectárea (SIAP, 2018). Referente al consumo *per cápita* de maíz en el país, la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, 2012) señala que para el año 2012 ascendió de 120 kg anuales. Es de recalcar que aun cuando se ha registrado un incremento en la tasa anual de 6.1 % en la producción nacional (SIAP, 2016a) la importación de maíz registra un aumento de 45.7 % para 2014, en comparación con las importaciones realizadas en 2013 (FIRA, 2016). México importa mayoritariamente de los Estados Unidos, la tercera parte del consumo nacional aparente (Turrent-Fernández *et al.*, 2012). Para el cierre de la producción de grano de maíz en México 2017-2018, el Grupo Consultor de Mercados Agrícolas (GCMA) estima que las importaciones totales de maíz alcanzarán 16 millones 500 mil toneladas (Espinosa y Tadeo, 2018).

De acuerdo al tipo de maíz producido en México, el de grano blanco ocupa el primer sitio, al representar 85.9 % de la producción nacional; el de grano amarillo es el segundo más producido, con 13.6 % de participación, y sólo 0.5 % se produce con otro tipo de maíces para usos especiales (FIRA, 2016). El grano blanco se utiliza principalmente en la alimentación humana, pero de él también pueden obtenerse aceite e insumos para la fabricación de barnices, pinturas, plásticos o gomas artificiales y jabones (Qamar *et al.*, 2016; SIAP, 2016b). El maíz amarillo, aunque en baja escala, también se utiliza para consumo humano en una amplia variedad de platillos; sin embargo, su principal destino es la alimentación del ganado y en la industria para la producción de almidones

(Benítez 2006; Qamar *et al.*, 2016; SIAP, 2016b). Al maíz se le reconoce como uno de los principales componentes de la dieta del mexicano debido a la diversidad de formas de consumo actuales, pero que remontan desde la época prehispánica con la domesticación y aprovechamiento del Teocintle (Benítez *et al.*, 2006; FAO, 1993; Márquez-Sánchez, 2008).

Los maíces nativos, los más consumidos por la población rural (Turrent-Fernández *et al.*, 2012), poseen amplia diversidad genética y potencial para producir alimentos funcionales, su aprovechamiento eficiente permitiría ayudar a la población más vulnerable (en pobreza y pobreza extrema) a enfrentar los problemas graves de desnutrición y de salud que padecen (Serna-Saldívar *et al.*, 2013). Al respecto, estudios científicos han abordado los aspectos de calidad que determinan el uso alimenticio de los productos vegetales, incluyendo al maíz (Kirk *et al.*, 1996), ya sea como materiales mejorados o como poblaciones nativas, de las cuales, estas últimas son aún muy empleadas en la dieta de la sociedad en México (Fernández *et al.*, 2013).

Márquez-Sánchez (2009) menciona que entre la escasa información que se tiene sobre los aportes nutrimentales de los maíces de México, destaca el trabajo de Hernández (1972) en el que describe varias formas de aprovechamiento de las razas específicas de los maíces mexicanos y de América Latina, donde agrupa a las razas por su aprovechamiento alimenticio como: dulces, eloteros, harinosos blancos, harinosos coloreados, totoperos (Zapalote Chico), palomeros o reventadores y coloreados (azules, principalmente). Sin embargo, son diversos los compuestos bioquímicos de importancia nutraceutica asociados al maíz, debido a los beneficios que conlleva su ingesta. Cazares-Sánchez *et al.* (2015), por ejemplo, señalan que en general, en el grano de maíz la cantidad promedio de proteína no es alta en comparación con la de otros cereales, pero que existe mucha variación entre y dentro de razas o poblaciones nativas que se puede aprovechar en el mejoramiento genético, observándose también el mismo comportamiento en el contenido de almidón y de aceite.

La mayoría de las investigaciones dirigidas hacia el mejoramiento del maíz están enfocadas a caracteres de producción de mazorca y rendimiento de grano; sin embargo, en los últimos años se han desarrollado investigaciones en maíz encausadas, tanto hacia aspectos de rendimiento de grano como a caracteres de espiga, de variación en la producción de polen (Vidal-Martínez *et al.*, 2004) así como en su aporte nutrimental.

Actualmente las exigencias de la sociedad van dirigidas a la obtención de nuevos productos con propiedades funcionales que puedan proporcionar además del valor nutritivo, otros componentes con actividad fisiológica que permitan un mejor estado físico y mental del consumidor, reduciendo así el riesgo de enfermedades y alargando su vida, al mismo tiempo que se mantiene su calidad (Cortés, 2005).

Entre los recursos genéticos de gran importancia para la investigación con este enfoque se encuentran los maíces nativos, que representan una vasta fuente genotípica y fenotípica para la obtención e incremento en la concentración de estos productos (Serna-Saldívar, 2013; Cazares-Sánchez *et al.*, 2015). Con respecto al maíz, Fernández *et al.* (2013) señalan que dichas investigaciones deben centrar sus objetivos en la identificación de propiedades nutrimentales, con énfasis en las poblaciones nativas que posean alta calidad proteínica, mayor contenido de aceite o con presencia de componentes bioactivos, considerando siempre el rendimiento de grano (Chander *et al.*, 2008; Turrent-Fernández *et al.*, 2012; Zdunic *et al.*, 2012).

El cultivo de maíz es considerado vital para la seguridad alimentaria mexicana, por lo que es necesario incrementar su productividad (Damián-Huato *et al.*, 2013) y su calidad. Figueroa *et al.* (2013) mencionan que el limitado conocimiento del uso y calidad del material genético ha repercutido en la pérdida de material valioso en los programas de fitomejoramiento genético.

La composición química de los diversos genotipos implicados en el consumo de maíz procesado es un aspecto importante del valor nutritivo, y en ella influyen la estructura física del grano, los factores genéticos y ambientales, los procesos de elaboración y otros eslabones de la cadena alimenticia (FAO, 1993). Con base en lo anteriormente expuesto, en la presente investigación se plantearon los siguientes objetivos:

OBJETIVOS

General

Identificar líneas y cruzas con aptitud combinatoria sobresaliente, en términos de los componentes nutricionales evaluados, para desarrollar un plan de mejoramiento con base en sus parámetros genéticos, y/o en la introducción de nuevos genotipos para la producción de maíz de buen rendimiento y calidad de grano disponible en los Valles Altos Centrales de México.

Específicos

- Cuantificar el contenido de proteína, aceite, almidón, cenizas, humedad, ácido fítico y fibra dietética en grano de los genotipos de maíz en estudio.
- Estimar la aptitud combinatoria general (ACG), específica (ACE), los efectos maternos (EfMat) y los recíprocos (EfRec) de los materiales evaluados.
- Determinar el tipo de acción génica que impera en los cruzamientos e identificar su potencial genético.
- Correlacionar el contenido de los compuestos nutrimentales de los genotipos con algunos componentes agronómicos de interés.

HIPÓTESIS

- Existe potencial en la calidad nutricional en, por lo menos, una de las líneas y/o cruzas obtenidas para los diferentes regímenes de humedad de los Valles Altos del Centro de México.
- La valoración de la aptitud combinatoria general (ACE) y específica (ACE) de los genotipos estudiados permitirá detectar y seleccionar, por lo menos, una línea y/o cruza simple con alto potencial productivo.
- Hay correlación positiva en, por lo menos, una característica agronómica con algunos características nutricionales y propiedades nutraceuticas entre los genotipos evaluados, justificando la continuación de un programa de mejoramiento genético que considere estos parámetros.

BIBLIOGRAFÍA

- Benítez, C. C. G. y H. Pfeiffer P. (2006)** El maíz: origen, composición química y morfología. *Materiales avanzados* 7: 15-20.
- Cázares-Sánchez E., J. L. Chávez-Servia, Y. Salinas-Moreno, F. Castillo-González y P. Ramírez-Vallejo (2015)** Variación en la composición del grano entre poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) nativas de Yucatán, México. *Revista Agrociencia* 49: 15-30.
- Cortés G. A., E. San Martín M., F. Martínez B., G. M. Vázquez C. (2005)** Tortillas of blue maize (*Zea mays* L.) prepared by a fractionated process of nixtamalization: analysis using response surface methodology. *Journal of Food Engineering* 66: 273-281.
- Chander S., Y. Meng, Y. Zhang, J. Yan, and J. Sheng Li (2008)** Comparison of nutritional traits variability in selected eighty-seven inbreds from chinese maize (*Zea mays* L.). *Germplasm. Journal of Agricultural and Food Chemistry* 56: 6506-6511.
- Damián-Huato, M.A., A. Cruz-León, B. Ramírez-Valverde, O. Romero-Arenas, S. Moreno-Limón y L. Reyes-Muro (2013)** Maíz, alimentación y productividad: modelo tecnológico para productores de temporal de México. *Agricultura, Sociedad y Desarrollo* 10: 157-176.
- Espinosa A., N. Gómez, M. Sierra, E. Betanzos, F. Caballero, B. Coutiño, A. Palafox, F. Rodríguez, A. García, O. Cano (2003)** Tecnología y producción de semillas de híbridos y variedades sobresalientes de maíz de calidad proteínica (QPM) en México. *Revista Agronomía Mesoamericana* 14 (2): 223-228.
- Espinosa, C. A. y Tadeo, R. M. (Domingo 25 de febrero de 2018)** Importación récord de maíz, una afrenta para México. *La Jornada*. Recuperado de <http://www.jornada.unam.mx>
- FAO (Food and Agriculture Organization) (2012)**. <http://www.fao.org/docrep/t0395s/T0395S03.htm#> (Enero, 2018).
- FAO (Food and Agriculture Organization) (1993)** Composición química y valor nutritivo del maíz. <http://www.fao.org/docrep/t0395s/T0395S03.htm#> (Enero, 2018).
- FIRA (Fideicomiso Instituidos en Relación con la Agricultura) (2016)** Panorama agroalimentario. Dirección de Investigación y Evaluación Económica y Sectorial. SAGARPA. México. <http://xxx.fira.gob.mx> (Enero, 2018).
- Fernández S. R., L. A. Morales C., A Gálvez M. (2013)** Importancia de los maíces nativos de México en la dieta nacional. Una revisión indispensable. *Revista Fitotecnia Mexicana* 36 (3): 275-283.

- Figuroa J. de D. C., D. E. Narváez G., A. Mauricio S., S. Taba, M. Gaytán M., J. J. Véles M., F. Rincón S. y F. Aragón C. (2013)** Propiedades físicas del grano y calidad de los grupos raciales de maíces nativos (criollos) de México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 36 (3): 305-314.
- Kirk S. R., R. Sawyer and H. Egan (1996)** Composición y Análisis de Alimentos de Pearson. 2a Ed. Ediciones Continental, México, D.F. 777 p.
- Márquez-Sánchez F. (2009)** De las variedades criollas de maíz (*Zea mays L.*) a los híbridos transgénicos. I: Recolección de germoplasma y variedades mejoradas. *Revista Agricultura, Sociedad y Desarrollo* 5 (2): 151-166.
- Qamar S., M. Aslam and M. A. Javed (2016)** Determination of proximate chemical composition and detection of inorganic nutrients in maize (*Zea mays L.*). *Materials Today: Proceedings* 3: 715-718.
- Serna-Saldívar S. O., J. A. Gutiérrez-Uribe, S. Mora-Rochin y S. García-Lara (2013)** Potencial nutracéutico de los maíces criollos y cambios durante el procesamiento tradicional y con extrusión. *Revista Fitotecnia Mexicana* 36 (3): 29-304.
- SIAP, Servicio de Información Agropecuaria y Pesquera (2016a)** Producción Agropecuaria y Pesquera. Servicio de Información Agropecuaria. SAGARPA. México. <http://www.siap.gob.mx/agricultura-produccion-anual> (Marzo, 2018).
- SIAP, Servicio de Información Agropecuaria y Pesquera (2016b)** Producción Agropecuaria y Pesquera. Monografías: Maíz Grano. Servicio de Información Agropecuaria. SAGARPA. México. <http://www.siap.gob.mx/agricultura-produccion-anual> (Marzo, 2018).
- SIAP, Servicio de Información Agropecuaria y Pesquera (2018)** Cierre de la producción agrícola por cultivo. Servicio de Información Agropecuaria. SAGARPA. México. <http://www.siap.gob.mx/agricultura-produccion-anual> (Marzo, 2018).
- Turrent-Fernández A., T. A. Wise y E. Garvey (2012)** Factibilidad de alcanzar el potencial productivo de maíz de México. Mexican Rural Development Research Report. Woodrow Wilson Int. Cent. 24:1-36.
- Vidal-Martínez V. A., D. Clegg M., E. Johnson B., Osuna-García J. A. y B. Coutiño-Estrada (2004)** Plasticidad fenotípica y componentes de la producción de polen en maíz. *Agrociencia* 38: 273-284.
- Zdunic, Z., A. Nastasic, D. Jockovic, M. Ivanovic, I. Dalovic, A. Mijic and M. Jockovic (2012)** Genetic analysis of grain yield and oil content in two maize populations. *Periodicum biologorum* 114 (1): 67-72.

REVISIÓN DE LITERATURA

Según FAO (2009) la inseguridad alimentaria y la malnutrición aún son un mal generalizado, las cifras indican que aproximadamente 1 000 millones de personas en el mundo padecen hambre crónica; de éstas, 75 % se encuentran en los países en desarrollo y dependen en cierto grado de la agricultura. Chander *et al.* (2008) asocian que un gran número de anomalías fisiológicas en el humano, son consecuencia de deficiencias nutricionales y dietas desbalanceadas.

Aun cuando en los países desarrollados la producción de maíz está destinada a la alimentación del ganado y a algunos procesos industriales, en los países en vías de desarrollo y subdesarrollados de África sub-Sahariana y América Central este cereal es parte importante de la alimentación (Melesio *et al.*, 2008; Serna-Saldívar, 2016; Zdunic *et al.*, 2012). En América Latina la producción de maíz se canaliza principalmente a la industria nixtamalizadora para la elaboración de tortillas y productos afines (Melesio *et al.*, 2008).

Buscando una alta calidad de vida a través de los medios de subsistencia, se considera que el incremento en las proporciones de micronutrientes en los alimentos es una acción altamente segura (Chander *et al.*, 2008).

En maíz son diversos los compuestos bioquímicos que poseen importancia nutracéutica, debido a los beneficios que acarrea su ingesta (Serna-Saldívar *et al.*, 2013). Por ejemplo, Chander *et al.* (2008) mencionan que entre los cereales el grano de maíz, es la única fuente importante de Luteína y Zeaxantina, compuestos con función de provitamina A de los carotenoides; los mayores constituyentes de los pigmentos presentes en la mácula de la retina, cuya función oxidativa permite mantener buena visión (El-Sayed *et al.*, 2013; Eisenhauer *et al.*, 2017).

Se han encontrado cantidades variables de Tiamina y Riboflavina en el grano de maíz; su contenido está influenciado en mayor medida por el ambiente y las prácticas de cultivo que por la estructura genética, aunque se han encontrado diferencias sustantivas en el contenido de estas vitaminas entre las distintas variedades (FAO, 1993).

Ramana *et al.* (2013), al investigar sobre el completo aprovechamiento del maíz en la India, concluyen en que es factible implementar un programa de mejoramiento genético y selección que

considere aspectos de rendimiento de grano y calidad, dirigidos primeramente al uso forrajero del material pero reflejado en una mejor nutrición.

Pocos estudios en México se centran en la valoración nutricional del grano entero de maíz o procesado como tortilla. Al respecto, Vázquez-Carrillo *et al.* (2003), al estimar el porcentaje de proteína del grano y de tortilla en 45 razas retrocruzadas y sus respectivas versiones originales, encontraron que 22 razas originales fueron superiores a su contraparte retrocruzada, 7 iguales entre sí y 11 tuvieron valores superiores a sus versiones originales. Ortega *et al.* (2005), en colectas de maíces nativos del noroeste, encontraron que el contenido de proteína en esos materiales fluctuó de 7.7 a 11.8 % y de aceite de 1.5 a 5.0 %, concluyeron que las colectas con valores altos extremos pueden ser usados como donantes del carácter. Chander *et al.* (2008) al evaluar la variabilidad genética de caracteres relacionados con la nutrición en 87 razas de maíz que representan los grupos más heteróticos de China, encontraron altos niveles de heredabilidad para todos los caracteres. Los promedios de proteína, almidón y aceite que se obtuvieron fueron 12.28, 64.51, y 3.55 %, respectivamente.

Entre los principales componentes de interés para la alimentación y nutrición del humano destacan: los carbohidratos, las proteínas, la humedad, las cenizas y el aceite (Kirk *et al.*, 1996).

Los Carbohidratos

Los carbohidratos son los compuestos más abundantes en la naturaleza; por lo tanto, los más consumidos por los organismos incluyendo al humano. Son precursores de muchos compuestos estructurales de los seres vivos, por ejemplo: la celulosa y hemicelulosa en las plantas, la pared celular en procariontes y la quitina en artrópodos, debido a la variabilidad de formas en la que se encuentran en la naturaleza y a su estructura química se determina su funcionalidad y propiedades (Santos, 1995).

El almidón es uno de los carbohidratos de reserva más importante en las plantas superiores, habitualmente se sintetiza y almacena durante el día en los tejidos fotosintéticos y no fotosintéticos (amiloplastos) y durante la noche se degrada para formar sacarosa, que es la forma aprovechable de energía y carbono en el embrión (Cazares-Sánchez *et al.*, 2015; Preiss, 2004; Tetlow, 2011; Zeeman *et al.*, 2010;). El almidón es un glucano insoluble compuesto por dos polímeros de glucosa; la amilosa y la amilopectina (Arendt y Zannini, 2013; Benítez *et al.*, 2006; Zeeman *et al.*,

2010;). Estos polímeros se sintetizan por lo regular dentro de los plastidios celulares como gránulos hidrosolubles (Arendt y Zannini, 2013) y tienen una forma semicristalina, y una estructura interna lamelar (Zeeman *et al.*, 2010).

La amilosa es una estructura a base de unidades de glucosa, esencialmente lineal, formada por 840 a 22,000 unidades de residuos de α -D-piranosol unidas por estructuras α -(1, > 4) (Figura 1), mientras que la amilopectina, que comprende hasta 75 % del gránulo de almidón (Figura 2) también está compuesta por unidades de glucosa, pero con estructura ramificada y conformada por grandes discos aplastados de cadenas α -(1,4)-glucano, unidos por puntos glucosídicos α -(1,6)-cadena (puntos de ramificación) para formar cadenas de entre 6 a más de 100 residuos glucosil (Benítez *et al.*, 2006; Preiss, 2004; Wang *et al.*, 1993; Zeeman *et al.*, 2010). La amilopectina es la responsable de conferir la característica granular al almidón (Zeeman *et al.*, 2010).

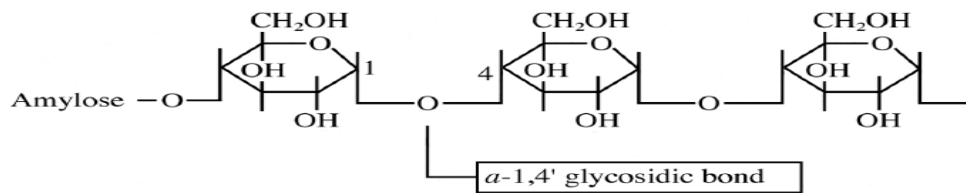


Figura 1. Estructura química del polímero amilosa. Fuente: Zeeman *et al.*, 2010.

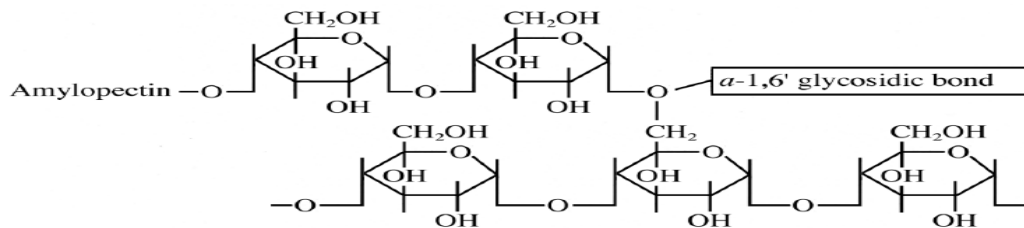


Figura 2. Estructura química del polímero amilopectina. Fuente: Zeeman *et al.*, 2010.

Los gránulos de almidón varían en forma, tamaño (1 a 100 μ m de diámetro) y composición, y esto depende del sitio de origen y del grado de desarrollo del tejido donde ocurre la síntesis; es una característica controlada por factores genéticos (Wang *et al.*, 1993; Zeeman *et al.*, 2010) y por factores ambientales, al presentar diferencias en formas (esférica, poligonal o lenticelar) y funcionalidad dentro de una misma especie desarrollada en diferentes ambientes (Copeland *et al.*,

2009). Genéticamente la síntesis de almidón está codificada por cinco clases de genes: GBSS, SSI, SSII, SSIII y SSIV. El primero de ellos está estrechamente ligado a la síntesis de amilosa, mientras que el resto de las isoformas SS son las responsables de generar las cadenas de la amilopectina, cada una de estas isoformas desempeñan diferentes roles en la síntesis de la molécula, confiriéndole cada una de ellas distintas propiedades (Zeeman *et al.*, 2010). Se ha demostrado que la finesa de la estructura del gránulo de almidón, debida a la proporción de amilosa/amilopectina presente, depende de las características inherentes de la especie que lo produce (Preiss, 2004), lo que le confiere propiedades diferentes, y por lo tanto, diferentes usos antropocéntricos.

La proporción de amilosa/amilopectina reportada en el grano de maíz habitualmente es de 25/75; sin embargo, mediante trabajos de manipulación en la estructura genética es posible modificar dicha relación; por ejemplo, al manipular el gen mutante *ae* (amylosa extender), se logra cambiar la relación hasta 80/20, cuando se desea obtener genotipos ricos en amilosa, mientras que si el propósito es obtener genotipos cerosos, ricos en amilopectina, se opta por manipular el gen mutante *wx* (waxy) con lo que se logran proporciones de hasta 0/100 (Nuss y Tanumihardjo, 2010). Los almidones abundantes en amilosa tienden a gelatinizarse con temperaturas altas; por lo tanto, pueden ser empleados en la generación de geles y películas, mientras que los gránulos de almidón-ceroso necesitan temperaturas menores para gelatinizar, lo que le confiere una ventaja reflejada en una más rápida digestión en el tracto digestivo por la acción de la amilasa animal (Boyer y Shannon, 2003). Recientemente, los almidones forman parte del grupo de compuestos destinados a la elaboración de la primera generación de biocombustibles como el bioetanol (Tetlow, 2011; Zeeman *et al.*, 2010).

La importancia de los almidones recae en sus múltiples usos, tanto industriales como alimenticios en los que se puede emplear (Tetlow, 2011) ya que contribuye en gran medida a definir las propiedades texturales de muchos alimentos, además de otras muchas aplicaciones industriales: como espesante, estabilizador coloidal, agente gelificante, agente de carga, agente de retención de agua y adhesivo (Singh *et al.*, 2003).

En el humano el almidón juega un papel crucial en la alimentación al ser una fuente directa de glucosa, sustrato esencial en el cerebro y en los glóbulos rojos, para generar energía metabólica (Copeland *et al.*, 2009); aproximadamente de 60 a 70 % de la energía generada a través de la dieta del humano proviene del almidón. De acuerdo a su digestibilidad en el humano los almidones se

pueden clasificar en dos categorías: almidón digerible, aquéllos que son digeridos como glucosa en el intestino grueso y que tienen un efecto glicémico postprandial; y almidón resistente, aquéllos que no son digeridos en el intestino grueso (Parada y Santos, 2016). Respecto a su composición, los almidones ricos en amilosa están siendo más valorados en la industria alimenticia, por conferir espesor y textura, adhesión a superficies impermeables, y, sobre todo, por ser fuente de carbohidratos de más lenta digestión, confiriéndoles ventajas comparativas en términos de salud contra los almidones modificados y de uso común en la industria (Keeling and Myers 2010). Por ejemplo, estudios realizados por Wang *et al.* (1999) en humanos asiáticos sanos alimentados con gránulos de almidón con alto contenido de amilosa, demostraron que en condiciones gastrointestinales *in vivo* (ácidos biliares y bajo pH) la sobrevivencia de las bacterias *Bifidobacterium spp*, uno de los grupos mayores de bacterias sacarolíticas presentes en el colon humano (25 % del total) incrementó, debido a la capacidad de las bacterias para adherirse al gránulo de almidón abundante en amilosa. Esto se traduce en un efecto benéfico, ya que este grupo bacteriano contribuye a mantener una buena salud de este órgano.

Las proteínas y los lípidos son también componentes de los gránulos de almidón (Eliasson y Wahlgren, 2004). Los lípidos, aunque en pequeñas proporciones, desempeñan un papel importante en la definición de las propiedades del almidón. En gránulos aislados de almidón en cereales, los lípidos están posicionados tanto en la superficie, como dentro del gránulo. En la superficie mayoritariamente se encuentran triglicéridos, y en menor grado ácidos grasos libres, glicolípidos y fosfolípidos; dentro del gránulo predominan los lípidos monoacil. El contenido de lípidos en el almidón nativo está altamente correlacionado con el contenido de amilosa; a mayor contenido de amilosa hay más lípidos presentes, al formar complejos entre la amilosa y lípidos polares (Copeland *et al.*, 2009). La interacción almidón-proteína es una inclusión muy compleja que se da cuando la parte hidrofóbica de los lípidos es insertada en la estructura helicoidal del almidón, debido a que, al igual que todos los compuestos con esta forma helicoidal son estabilizados con puentes de hidrógeno (Eliasson y Wahlgren, 2004). Aunque la formación de los complejos en los polímeros de la glucosa sea similar entre ambos, la organización y las estructuras moleculares alcanzadas son diferentes.

De las plantas cultivadas, los cereales (maíz, arroz, avena, trigo, entre otros) y específicamente sus semillas, son el grupo más importante con relación a los contenidos altos de almidón, seguido por el grupo de los tubérculos y raíces (Swinkels, 1985; Zeeman *et al.*, 2010).

En maíz los componentes químicos mayores de los cariósides son los carbohidratos, las proteínas y los lípidos (Arendt y Zannini, 2013), y dentro de los carbohidratos, el almidón es la mayor molécula de energía disponible (Cuadro 1), aunque también se reporta la presencia de azúcares sencillos como glucosa, sacarosa, fructosa, rafinosa y maltosa (Watson, 2003; Benítez *et al.*, 2006; Nuss y Tanumihardjo, 2010), que se encuentran mayoritariamente concentrados en el endospermo (Chanders *et al.*, 2008; FAO, 1993; Preiss, 2004).

Cuadro 1. Contenido de almidón en granos de algunos genotipos de maíz.

Material	Contenido (g 100 g ⁻¹ de materia seca)	Autor
NAC-6002-	73.70	
Mysore Pop-2-	72.26	Shobha <i>et al.</i> , 2010
NAB-1-	70.60	
T'sít bakal	65.89	
Nal t'eel	63.60	Cázares-Sánchez <i>et al.</i> , 2015
Xmejen nal	62.04	
Maíz amarillo	74.30	Nuss y Tanumihardjo, 2010

Wang *et al.* (1993) mencionan que la proporción de amilosa en maíces fluctúa entre 25 y 30 % en los gránulos de almidón; sin embargo, esta proporción puede cambiar dependiendo del cultivar y especialmente por la presencia de genes mutantes; más aún, por la combinación de muchos de estos genes. Estos autores encontraron que las combinaciones simples y dobles de los genes mutantes *ae bt1* y *ae dul*, ésta última con efecto aditivo, resultaron en un incremento considerable de la fracción de amilosa (54.9 y 76.2 %, respectivamente), con un bajo grado de ramificación y con largas cadenas de amilopectina.

Narváez-González *et al.* (2007) al evaluar las relaciones establecidas entre el tamaño de los gránulos de almidón con las propiedades térmicas y de pastificado en accesiones de maíz latinoamericano, encontraron que los granos duros presentaron gránulos de almidón pequeños,

mientras que en los granos suaves fueron grandes; además, los gránulos grandes contuvieron altos niveles de humedad y amilosa aparente, pero bajos niveles de proteína, y por último, que el tamaño del gránulo de almidón influyó grandemente las propiedades térmicas y de pastificado de las harinas de maíz.

La mayoría de los estudios de genotipos de maíz latinoamericano han sido enfocados a los aspectos agronómicos, y pocos se han enfocado a las propiedades específicas del almidón contenido en el grano, los cuales pueden definir las características de calidad y potencial de industrialización (Narváez-González *et al.*, 2007).

Los principales objetivos que se persiguen en la manipulación de la estructura del almidón en las plantas son para modificar la relación en las proporciones de amilosa/amilopectina, cambiar la distribución de la longitud de la cadena en la amilopectina o para aumentar el contenido de fosfato del almidón (Zeeman *et al.*, 2010).

Actualmente, gran parte de los intentos por incrementar el contenido de almidón están siendo dirigidos a la ingeniería de la actividad de la ADP-glucosa-fosforilasa en la planta. Otro de los esfuerzos que se realizan por aumentar el contenido de almidón en los cultivos, principalmente en cereales forrajeros como maíz y zacate ryegrass, es mediante la reducción de la tasa de degradación de este compuesto; al respecto se han realizado investigaciones concretamente en la reducción de la presencia del glucano agua-diquinasa responsable de la degradación del almidón, esto mediante la incorporación de grupos fosfato a las cadenas de amilopectina (Zeeman *et al.*, 2010).

Humedad

La conservación del grano de maíz desde que se cosecha hasta su aprovechamiento debe realizarse con las menores pérdidas de los atributos físico-químicos que le dan el valor específico para su uso final. Durante el almacenamiento, la principal causa del detrimento de la calidad es consecuencia del desarrollo de microorganismos, debido a que la gran mayoría proliferan a una determinada humedad, se presume que cuanto más húmedo está el grano, más rápido es su deterioro (de la Torre *et al.*, 2015).

El contenido de humedad en los alimentos se refiere a la proporción de agua en un material con relación a su masa seca o masa total. Kirk *et al.* (1996) señalan que la humedad en los alimentos

está presente como agua libre o como agua enlazada (unión química o puentes de hidrógeno) y la importancia de su estudio recae en que este factor fue y es una de las primeras formas de conservación de los alimentos, debido a que su presencia, en mayor o menor grado, modifica los procesos químicos, la proliferación de bacterias, así como las propiedades coligativas, reológicas y de textura. El grano almacenado con alto contenido de humedad es un producto biológicamente activo con constante intercambio gaseoso, que en consecuencia experimenta un calentamiento; esta reacción también propicia la proliferación de microorganismos que degradan el grano.

Masson (1997) menciona que el conocimiento del contenido de humedad en los alimentos es la base de referencia que permite comparar valores; convertir a valores de humedad-tipo; expresar en base seca y/o expresar con base tal como se obtuvo la muestra.

El Cuadro 2 presenta algunos valores de humedad reportados en la literatura para diversos genotipos de maíz.

Cuadro 2. Contenido de humedad reportados en granos de algunos genotipos de maíz.

Material	Contenido (%)	Autor
Colectas de Asia	8.98 a 10.45	Qamar <i>et al.</i> , 2016
NAC-6002	10.66	
DMH-2	10.26	Shobha <i>et al.</i> , 2010
Madhuri Sweet corn	09.16	
Maíz amarillo	10.40	Nuss y Tanumihardjo, 2010

Proteínas

Las proteínas son consideradas los compuestos orgánicos más importantes, por su papel fundamental en las funciones biológicas del organismo (Santos, 1995). En todos los organismos funcionan como catalizadores, controlan el crecimiento y diferenciación, transmiten impulsos, transportan y almacenan otras sustancias, entre otras tantas funciones.

Las proteínas son polímeros de aminoácidos unidos entre ellos por un grupo α -carboxilo con un grupo α -amino (enlaces peptídicos) que forman espontáneamente una estructura tridimensional; una proteína está compuesta por cientos a miles de aminoácidos y la disposición y arreglo de ellos, junto a la presencia de grupos funcionales (alcoholes, tioles, ácidos carboxílicos, tioéteres, entre otros grupos), determina la funcionalidad de la proteína (Berg *et al.*, 2008; Carbajal, 2017). Una

veintena de aminoácidos, con su múltiple arreglo y presencia, son los responsables de la amplia variación de proteínas presentes en todos los seres vivos (Berg *et al.*, 2008).

En el grano de maíz, es el segundo compuesto más abundante después del almidón (Arendt y Zannini, 2013). La mayor porción de proteína (60 %) está presente como Zeína (Arendt y Zannini, 2013; Tripathy *et al.*, 2017), la cual es rica en aminoácidos como glutamina, leucina y prolina, pero deficiente en lisina y triptófano; estos últimos son determinantes de la calidad protéica del grano de maíz (Espinosa *et al.*, 2003; García, 2012; Melesio *et al.*, 2008; Mertz, 1964; Tripathy *et al.*, 2017) debido a que son aminoácidos esenciales en la ruta metabólica, de crecimiento y desarrollo, en los animales y el humano. En maíz la proteína principalmente se encuentra en el embrión, la aleurona y en el endospermo, aunque en menor grado en este último (Arendt y Zannini, 2013; Chander *et al.*, 2008; FAO, 1993; Nuss y Tanumihardjo, 2010).

La proteína del maíz está constituida en general por tres fracciones: a) la fracción soluble en agua –constituida por la globulina y albúminas- que representan entre 5 y 7 % del nitrógeno total en grano b) la fracción soluble en alcohol, que representa la mayor proporción de proteínas en el endospermo y está constituida por las zeínas, abundante en prolina, glutamina, leucina y alanina y c) la fracción soluble en soluciones alcalinas en presencia de mercaptoetanol, es la menor proporción de las proteínas en grano y representa cerca de 1 % (Benítez *et al.*, 2006; Nuss y Tanumihardjo, 2010). La primera fracción que integra a las globulinas y albúminas es la de mayor interés en los programas de mejoramiento genético en maíz, debido a que en estas dos proteínas es abundante la presencia de aminoácidos como triptófano y lisina; por lo tanto, materiales con mayor contenido de globulinas y albúminas serán materiales de mejor calidad constitutiva, con relación a los aminoácidos triptófano y lisina (Melesio *et al.*, 2008).

La deposición de zeínas dentro de estructuras subcelulares llamadas cuerpos protéicos (CP) confiere el fenotipo vítreo normal al endospermo; estos CP son orgánulos especializados en el endospermo que se forman como una extensión de la membrana del retículo endoplásmico rugoso (RER), en el que se secretan zeínas a medida que la señal péptida se procesa (Hartings *et al.*, 2012).

Espinosa *et al.* (2003) señalan que los trabajos de mejoramiento genético en maíces para calidad protéica iniciaron con el descubrimiento del mutante Opaco-2. Los trabajos realizados por Mertz *et al.* (1964) identificaron que la proporción de lisina en maíces con el gen mutante denominado Opaco-2, era 69 % mayor a la de los maíces habituales, esto fue posible mediante la sustitución de

la fracción de zeína (los grupos 22-kDa y α -zeínas) por glutenina, proteína rica en este aminoácido, sentaron las bases para los trabajos de incremento en la cantidad y calidad proteica del maíz.

Sin embargo, los materiales obtenidos con la manipulación del gen Opaco-2 generalmente desarrollan un endospermo suave y gredoso, que resulta en problemas postcosecha, así como en bajo porcentaje de germinación, mayor susceptibilidad a plagas y enfermedades, calidad inferior en los procesos alimenticios y sobre todo, bajos rendimientos (Espinosa *et al.*, 2003; Tripathy *et al.*, 2017). Para superar estos inconvenientes se crearon líneas de maíces de calidad protéica (QPM; por sus siglas en inglés) seleccionando modificadores genéticos que convierten el endospermo amiláceo de un mutante *o2* en un fenotipo vítreo duro (Hartings *et al.*, 2012). Estudios han demostrado que cambios hechos en el tamaño, forma o número de CP generalmente determinan el fenotipo opaco, con excepción de *floury1 (fl1)*, un mutante opaco sin alteraciones en el tamaño o forma del CP.

Cuadro 3. Contenidos de proteína reportados en granos de algunos genotipos de maíz.

Material	Contenido (%)	Autor
Arrocillo amarillo	12.50	
Arrocillo blanco	12.20	
Chalqueño amarillo	12.40	Vázquez-Carrillo <i>et al.</i> ,
Chalqueño blanco	10.40	2010
Bolita blanco	6.90	
Tuxpeño blanco	10.10	
T'sít bakal	10.54	
Nal t'eel	11.35	Cázares-Sánchez <i>et al.</i> ,
Xmejen nal	11.51	2015
Colectas de Asia	11.05 a 12.79	Qamar <i>et al.</i> , 2016
Líneas endogámicas elite de China	12.28	Chander <i>et al.</i> , 2008
Líneas parentales de maíz Indio	10.60 a 14.9	
Cruzas de líneas	9.90 a 13.10	Ramana <i>et al.</i> , 2013
12 híbridos avanzados	10 a 11.90	
14 Híbridos de ACP ^α	7.31 a 9.21	Melesio <i>et al.</i> , 2008

^α = ACP: Alta Calidad Protéica

A pesar de que el contenido de proteína en maíz está determinado por factores edafológicos – N y K en suelo- y climáticos, la constitución genética es el elemento más influyente en esta propiedad (Bullock *et al.*, 1989).

Actualmente los esfuerzos por incrementar la calidad proteica del maíz (QPM) se enfoca en la base genética de la especie, dirigida a la mejora de los aminoácidos e incremento en la productividad a través del desarrollo de híbridos heteróticos con el empleo de líneas élite QPM de introgresión (Tripathy *et al.*, 2017). El consumo generalizado de los maíces QPM podría mejorar el nivel nutricional en México, de manera especial en niños, madres lactantes y ancianos (Espinosa *et al.*, 2003).

Melesio *et al.* (2008) al evaluar la calidad proteica, el potencial productivo y algunas propiedades físicas en 14 híbridos experimentales QPM en el Bajío de Guanajuato, encontraron que en algunos genotipos los contenidos totales de proteína fueron inferiores a los de los testigos comerciales de endospermo normal; sin embargo, en la relación albúminas/globulinas vs prolaminas (Zeína) los contenidos fueron superiores a los de los materiales comerciales, así como en el contenido de lisina y triptófano. Estos valores se tradujeron en la selección de cinco híbridos sobresalientes por la combinación en términos de rendimiento, calidad proteínica y potencial para uso industrial, comparado con los maíces de endospermo normal. García *et al.* (2012) en trabajos realizados en poblaciones nativas de maíces azules de los Valles Altos de México, señalan la existencia de una amplia variabilidad genética en los caracteres contenido de triptófano y lisina, encontraron poblaciones con contenidos de 0.075 % y 0.350 % de los aminoácidos triptófano y lisina, respectivamente. El contenido de lisina en maíces normales oscila en 1 %, mientras que el requerimiento adecuado en el humano es de 5 % (Nuss y Tanumihardjo, 2010).

En alimentos, el método más confiable para la estimación del contenido de proteína a partir del nitrógeno orgánico es el Kjeldahl (Kirk *et al.*, 1996).

Aceite

Son compuestos formados por carbono, oxígeno e hidrógeno, y en ciertos casos por fósforo y nitrógeno (Santos, 1995). Funcionan como molécula combustible, como molécula señal, como almacenes de energía muy concentrada y como parte de la membrana celular (Berg *et al.*, 2008).

En la industria la importancia de los aceites se debe a la capacidad que tienen de interaccionar con otros compuestos como las proteínas (lipoproteínas), y los carbohidratos, por su capacidad de

formar agregados cristalinos, la capacidad de incorporar oxígeno en diferentes sistemas, la plasticidad y consistencia de los cuerpos que la contienen, así como la formación de emulsiones (leche, salsas, condimentos), debido a la presencia de una zona no polar en la estructura química de los aceites, representada por las cadenas alifáticas de los ácidos grasos y otras zonas con mayor o menor polaridad (Boatella *et al.*, 2004).

Después del almidón y las proteínas, las grasas en forma de aceite, son el tercer compuesto más abundante en el grano de maíz, éste contiene en promedio de 3 a 6 % de aceite, del cual cerca de 85 % se localiza en el embrión. (Benítez, 2006; FAO, 1993; Nuss y Tanumihardjo, 2010; Torres-Morales *et al.*, 2010). Los triacilglicerolos son los lípidos con más presencia en el grano de maíz. Respecto a los tipos de aceites, Benítez (2006) destaca que en el grano de maíz se encuentran ácidos grasos (AG) del tipo saturado y poli-insaturado, en una proporción muy variada.

Los ácidos grasos son cadenas hidrocarbonadas de longitud y grado de insaturación variable, estos componentes de los aceites determinan sus propiedades hidrofóbicas, lo que a su vez determinan la capacidad del aceite a formar membranas en las células (Berg *et al.*, 2008). Dentro de los AG saturados sobresalen el esteárico y el palmítico, aunque su contenido es relativamente bajo (2-11 %, respectivamente), y menor en comparación con los poli-insaturados entre los que sobresale el linoléico (60 %); la presencia de AG del tipo poli-insaturados y la baja presencia de ácido linolénico (7 %), le confiere al aceite de maíz relativa estabilidad (Hartings *et al.*, 2012). Es debido a la alta presencia de ácidos grasos poli-insaturados, como el linoleico, que el aceite de maíz es de importancia en la alimentación, pues su ingesta tiene efectos benéficos en el sistema cardiovascular, y en general en la salud humana (Benítez *et al.*, 2006; Torres-Morales *et al.*, 2010).

Para el consumo humano y la industria se requieren maíces con mayor contenido de aceite y un mejor balance de los ácidos grasos (AG) (Torres-Morales *et al.*, 2010), en maíz el contenido de aceite es bajo en comparación con otros cereales como arroz y avena (Chander *et al.*, 2008). Las primeras variedades de maíz con alto contenido de aceite se desarrollaron en la Universidad de Illinois a través de sucesivos ciclos de selección recurrente; estas líneas efectivamente presentaron un contenido de energía mejorado para aplicaciones en la alimentación animal; sin embargo, las características agronómicas fueron deficientes, incluida la susceptibilidad a enfermedades y escasa estabilidad (Dudley y Lambert, 1992; citados por Hartings *et al.*, 2012).

Cuando se proporcionan ingestas elevadas de maíz, como sucede en determinadas poblaciones, quienes consumen el grano desgerminado obtendrán menos ácidos grasos que quienes comen el maíz entero. Esta diferencia tiene probablemente igual importancia en lo que se refiere a las proteínas, dado que el contenido de aminoácidos de las proteínas del embrión difiere radicalmente del de las proteínas del endospermo (FAO, 1993).

Vázquez-Carrillo *et al.* (2014) por ejemplo, señalan que existe poca información referente a la relación entre el contenido de aceite del grano y la textura de las tortillas; sin embargo, afirman que la presencia de aceite mejora significativamente la firmeza y masticabilidad de éstas, ellos afirman que de maíces con altos contenidos de aceite también se obtienen tortillas más suaves recién elaboradas. El Cuadro 4 muestra contenidos de aceite reportados en granos de algunos genotipos de maíz.

Cuadro 4. Contenido de aceite reportados en granos de algunos genotipos de maíz.

Material	Contenido (%)	Autor
Teopisca-A C4	4.30	
Sintético C3	4.70	Torres-Morales <i>et al.</i> , 2010
V-231 ^a	4.50	
T'sít bakal	3.95	
Nal t'eel	3.94	Cázares-Sánchez <i>et al.</i> , 2015
Xmejen nal	3.98	
Líneas endogámicas elite de China	3.55	Chander <i>et al.</i> , 2008
Líneas parentales de maíz Indio	6.9 a 11.3	
Cruzas de líneas	1.3 a 12.3	Ramana <i>et al.</i> , 2013
12 híbridos avanzados	10.6 a 12.7	
Maíces amarillos	4.74	Nuss y Tanumihardjo, 2010

Se ha reportado que el incremento del contenido de aceite en el grano de maíz favorece el aumento en la proporción de ácido oleico y linoléico, los cuales son importantes para la salud humana, debido a que esos ácidos (oleico y linoléico) representan un alto valor nutricional para los consumidores del grano, dadas sus propiedades biológicas (Torres-Morales *et al.*, 2010).

Zdunic *et al.* (2012) mencionan que un incremento en el contenido de aceite en el grano también mejora el balance de aminoácidos. Una ingesta moderada de entre 5 a 15 g de aceite de maíz por día provee los ácidos grasos esenciales para la mayoría de la gente (Nuss y Tanumihardjo, 2010)

Por todo lo anterior se considera que un programa de mejoramiento genético enfocado a la obtención de genotipos con alta concentración de compuestos lipídicos, incrementa notablemente el valor biológico del grano (Zdunic *et al.*, 2012). Debido a que las cantidades relativas de aceite y almidón se correlacionan con los tamaños relativos del embrión y el endospermo, los trabajos de mejoramiento genético enfocados a incrementar el tamaño del embrión, arrojaría resultados en incrementos del contenido de aceite (Hartings *et al.*, 2012). Por ejemplo, en trabajos de mejoramiento en granos de maíz donde se manipularon los genes mutantes harinoso-2, azucarado-2 y opaco-2, dieron como resultado un elevado contenido de aceite (> 6 %), debido a un incremento en la relación embrión/endospermo (Nuss y Tanumihardjo, 2010).

Cenizas

Se considera ceniza a todos los residuos inorgánicos que quedan en un alimento, después de eliminar (quemar) la materia orgánica; su presencia es considerada como un indicador de calidad y como un buen criterio en la identificación de un alimento (Kirk *et al.*, 1996). Los principales minerales en el cuerpo humano son: calcio, fósforo, potasio, sodio, cloro, azufre, magnesio, manganeso, hierro, yodo, flúor, zinc, cobalto y selenio.

Los minerales, en especial los microelementos, son esenciales para el crecimiento normal de los organismos pues participan en muchos procesos metabólicos, además actúan como agentes catalizadores o constituyentes del sistema catalizador de diversas células (Świątkiewicz *et al.*, 2014). Martínez y Palma (2015) reconocen que del déficit mineral en la alimentación de América Latina y el Caribe, la deficiencia de hierro y zinc tienen un fuerte impacto, junto con el de la vitamina A, en la salud humana; sin embargo, minerales como el calcio (Ca), el magnesio (Mg), y el yodo (I) también son deficientes en la ingesta de algunas poblaciones del mundo (White y Broadley 2005; citados por Gangashetty *et al.*, 2016). Por ejemplo, deficiencias sólo en la ingesta de zinc en las primeras etapas de desarrollo puede ocasionar retrasos en el desarrollo normal del cerebro, supresiones en el sistema inmunológico y reducción de la capacidad física del cuerpo

(Menkir, 2008). Su ingesta podría estar restringida debido a la nutrición, hábitos o bajo nivel de elementos minerales que existen en los alimentos básicos (Dragicevic *et al.*, 2016).

Kastenmayer (1997) menciona que existe poca información disponible con relación al contenido de minerales en los alimentos, junto a la muy poca información sobre la variabilidad de los componentes alimentarios; también menciona que el conocimiento sobre el contenido de minerales en los alimentos es importante dentro de las investigaciones epidemiológicas, en el estudio de los patrones de enfermedades, del estado nutricional de los individuos y las poblaciones, así como en la comercialización mundial de los alimentos.

La biofortificación, dirigida a mejorar las concentraciones de los elementos minerales y la biodisponibilidad en los tejidos vegetales comestibles, ya sea de forma agronómica (fertilización) o genéticamente utilizando tanto el mejoramiento clásico como la moderna biotecnología, para el desarrollo de cultivos con mejores contenidos minerales, es uno de los caminos más sostenibles y económicamente viables para aliviar la malnutrición de minerales globalmente (Dragicevic *et al.*, 2016; Gangashetty *et al.*, 2016; Imran *et al.*, 2017; Ortiz-Monasterio *et al.*, 2007).

Las estrategias de mejoramiento deben tener como objetivo generar cultivares mejorados con micronutrientes, sin comprometer la tolerancia a factores abióticos y biótico de estrés, la productividad de los cultivos y la aceptable calidad del uso final, ya que esto aumenta la probabilidad de que los agricultores adopten los cultivares y los consumidores acepten los alimentos elaborados a partir de ellos (Ortiz-Monasterio *et al.*, 2007).

Hierro

En la planta, además de participar en el transporte de oxígeno, el hierro participa como catalizador en las reacciones de óxido-reducción y transferencia de electrones; y como cofactor en la síntesis de clorofila (Melgarejo *et al.*, 2010).

El hierro es un mineral que participa en la función de todas las células del organismo, particularmente en las células rojas de la sangre, transportando oxígeno a los tejidos corporales; es también un componente importante de las proteínas, del tejido muscular y del normal desarrollo del sistema nervioso (Gangashetty *et al.*, 2016). No hay indicadores para su medición directa en el cuerpo humano, por lo que se usa como proxy la anemia (Martínez y Palma, 2015). Cerca de dos

billones de personas son afectadas por la falta de mineral y su deficiencia está ligada sobre todo con la mortalidad materna y perinatal (Ortiz-Monasterio *et al.*, 2007).

En el grano de maíz la variación genotípica en el contenido de minerales es más evidente en hierro y zinc, sometido a diferentes latitudes de crecimiento; se ha reportado que mayores concentraciones en el contenido de estos minerales se observan en cultivos a latitudes mayores (Nuss y Tanumihardjo, 2010).

La deficiencia de hierro es más frecuente en países subdesarrollados donde la base de la alimentación es primordialmente el maíz y la ingesta de cárnicos es baja. En granos de este cereal, el hierro se encuentra en el intervalo de 14 a 159 $\mu\text{g g}^{-1}$ (Nuss y Tanumihardjo, 2010). Ortiz-Monasterio *et al.* (2007) aseguran que ingestas de 2 a 4 mg de hierro/día para los niños y 4 a 8 mg de hierro/día para las mujeres, tienen un impacto biológico considerable.

Zinc

Este mineral está presente como co-factor en cerca de 300 metalo-enzimas y juega un papel importante en varios procesos metabólicos, incluida la síntesis de proteínas y de ADN (Gangashetty *et al.*, 2016; Melgarejo *et al.*, 2010).

Algunos estudios han demostrado que para mejorar algunos rasgos agronómicos, el tratamiento de semillas (recubrimiento) con Zn es una herramienta útil para mejorar la germinación, el desarrollo temprano de plántulas bajo diversas condiciones de estrés y el rendimiento final de grano (Imran *et al.*, 2017).

Se ha comprobado que la deficiencia de zinc ejerce una reacción negativa en el metabolismo de las proteínas y carbohidratos en los animales, traducido en problemas como anomalías en procesos inmunológicos y reproductivos, trastornos en los huesos o piel y detrimento en el crecimiento (Świątkiewicz *et al.*, 2014). En granos de maíz el zinc se encuentra en el intervalo de 12 a 96 $\mu\text{g g}^{-1}$ (Nuss y Tanumihardjo, 2010). Ortiz-Monasterio *et al.* (2007) también aseguran que ingestas en niños de 1.5 mg de zinc/día y 3 mg de zinc/día en mujeres, reflejan un impacto biológico favorable.

Manganeso

En la planta actúa como catalizador enzimático en la reducción de los carbohidratos, formación de clorofila y la síntesis de ADN y ARN (Melgarejo *et al.*, 2010). También es constituyente de metaloenzimas esenciales, incluyendo la enzima antioxidante superóxido dismutasa, dependiente de Mn (Maathuis y Diatloff, 2013).

Es un componente crucial de las enzimas que están involucradas en el sistema antioxidativo de defensa, en el metabolismo proteico y en la formación de hueso, como superóxido dismutasa, transferasa, hidrolasa y ligasa (Świątkiewicz *et al.*, 2014).

Cobre

En la planta está implicado en la síntesis de clorofila, además es constituyente de la plastocianina, importante en la transferencia de electrones y de proteínas, es un elemento activo redox con roles en la fotosíntesis, la respiración, el metabolismo C y N, la lignificación y protección contra el estrés oxidativo (Melgarejo *et al.*, 2010; Maathuis y Diatloff, 2013).

Participa como co-factor en varios sistemas enzimáticos en el humano, por ejemplo; superóxido dismutasa, citocromo oxidasa y lisil oxidasa (Świątkiewicz *et al.*, 2014).

Calcio

En el humano cerca de 99 % del Ca se encuentra en los huesos, formando parte de su estructura y como reserva para su posterior empleo en el organismo. Las funciones de Ca^{2+} en la planta se basan en su alta afinidad por grupos negativos y su concentración citoplásmica extremadamente baja (~ 200 nM), necesario para evitar la precipitación de sales de Ca insolubles, tales como fosfatos de Ca, sulfatos de Ca y oxalatos de Ca; la eliminación de Ca apoplástico compromete la integridad de la membrana y puede causar una pérdida electrolítica; participa en la estructura de las paredes celulares y además es un cofactor enzimático de la amilasa y ATPasa (Maathuis y Diatloff, 2013; Melgarejo *et al.*, 2010;).

Respecto a la presencia de los minerales en los cereales, está documentado que los factores genéticos y sobre todo ambientales (calidad de suelo, fertilidad, altitudes, entre otros) tienen un

impacto sustancial en el contenido de minerales en el grano (Arendt y Zannini, 2013; FAO, 1993; Martínez *et al.*, 2017; Menkir, 2008). Las concentraciones minerales, especialmente de Fe y Zn en el grano, están limitadas por su disponibilidad en el suelo y sería muy difícil desarrollar variedades que produzcan granos con concentraciones de estos minerales nutricionalmente significativas cuando se cultivan en suelos muy deficientes (Ortiz-Monasterio *et al.*, 2007).

En maíz, los minerales que más abundan son: fósforo -en forma de fitato-, potasio y magnesio y se localizan en mayor proporción en el embrión (80 % en promedio) y sólo cerca de 1 % en el endospermo (FAO, 1993; Nuss y Tanumihardjo, 2010), el Ca es relativamente bajo en maíz, como en la mayoría de los cereales. El Cuadro 5 muestra contenidos de cenizas reportados en granos de algunos genotipos de maíz.

El conocimiento de los elementos minerales presentes en la ingesta de alimentos a base de maíz es uno de los métodos imperativos para que el cuerpo humano absorba minerales nutritivos, que son esenciales para un desarrollo saludable. Al igual que muchos caracteres sometidos a un programa de mejoramiento genético, el incremento en el contenido de los minerales en el grano dependerá en gran medida de la presencia de amplia variación genética en los genotipos (Menkir, 2008).

Cuadro 5. Contenido de cenizas reportados en granos de algunos genotipos de maíz.

Material	Contenido (%)	Autor
Colectas de Asia	0.81 a 1.35	Qamar <i>et al.</i> , 2016
T'sít bakal	1.38	
Nal t'eel	1.46	Cázares-Sánchez <i>et al.</i> , 2015
Xmejen nal	1.63	
Mysore Sweet corn	1.80	
NAC-6002	1.36	Shobha <i>et al.</i> , 2010
NAB-1	1.13	
Maíces amarillos	1.20	Nuss y Tanumihardjo, 2010

Para lograr incrementar la concentración de minerales en grano, también es de suma importancia considerar aspectos relacionados a su biodisponibilidad; por ejemplo, genotipos con

altos contenidos de ácido fítico son un fuerte obstáculo en la absorción de los minerales en el organismo, debido a la capacidad quelante de este ácido; por lo tanto, si se pretende hacer modificación genética para incrementar la ingesta y utilización mineral se deben considerar aspectos tanto del mineral como de los compuestos que interaccionan con ellos (Ortiz-Monasterio *et al.*, 2007; Dragicevic *et al.*, 2016; Serna-Saldívar, 2016).

Ácido Fítico

El Ácido Fítico (AF) es la mayor forma de almacenamiento del fósforo inorgánico en las semillas (Gupta *et al.*, 2015; Martínez *et al.*, 2002; Raboy, 2001). Del fósforo total disponible en el grano de cereales, 50 a 80 % se encuentra como ácido fítico (Coulibaly *et al.*, 2011; Hídvégi y Lásztity, 2003; Raboy, 1997); por ejemplo, si el contenido de P total en cereales oscila entre 2.5 a 4 mg por cada gramo de materia seca, hay presente entre 2 a 3.5 mg de ácido fítico en ese gramo de materia seca (Raboy, 2002). En cereales el mayor contenido de AF se localiza en el embrión y la capa de aleurona (Coulibaly *et al.*, 2011; Raboy *et al.*, 2001), y está presente como *myo*-inositol y fosfatos (Hídvégi y Lásztity, 2003; Nuss y Tanumihardjo, 2010).

El ácido fítico es un polianión, que contiene en cada molécula de seis a ocho cargas distribuidas entre sus seis ésteres de fosfato. Es una molécula relativamente pequeña con alta capacidad de formar quelatos fuertes de cationes minerales cargados positivamente, tales como calcio, hierro y zinc (Raboy, 2002; Coulibaly *et al.*, 2011), lo que resulta en una biodisponibilidad precaria de estos minerales en la ingesta y absorción de los organismos monogástricos (Figura 3).

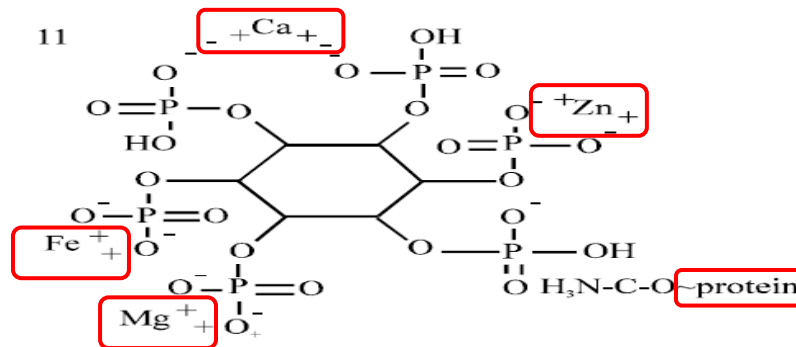


Figura 3. Estructura química del ácido fítico y asociación con minerales y trazas de proteínas. Fuente: Coulibaly *et al.*, 2011.

Una vez sintetizado, la mayoría del P del ácido fítico se deposita como una sal mixta de fitato o "fitina" de potasio y magnesio, resguardadas en inclusiones discretas unidas a la membrana conocidas como globoides; durante la germinación, las sales de fitato son descompuestas por la acción de las fitasas, se libera el P mineral y el *myo*-inositol contenido para ser usado por las plántulas en crecimiento (Raboy *et al.*, 2001), pues participa en la síntesis de ácidos nucleicos; además, el *myo*-inositol es un importante precursor de los polisacáridos de la pared celular y de fosfolípidos incluidos en la señal de transducción (Raboy 2002).

En los sistemas biológicos la hidrolisis del ácido fítico a *myo*-inositol y a fosfato inorgánico es una importante reacción debida al papel que desempeña en el metabolismo energético, la regulación y las señales de traducción metabólica; por ejemplo, la suplementación de piensos con fitasa aumenta la biodisponibilidad de fósforo en animales monogástricos, además reduce la contaminación por fósforo en las áreas con unidades intensivas de ganadería (Raboy *et al.*, 2001; Vats *et al.*, 2004). El Cuadro 6 muestra contenidos de cenizas reportados en granos de algunos genotipos de maíz.

Cuadro 6. Contenido de ácido fítico reportados en granos de algunos genotipos.

Material	Contenido ^α	Autor
Pan de maíz	1.36	Reddy and Sathe, 2001
Maíz reventado	0.60	
Granos de cereales	0.30 a 0.70	Raboy, 2001
Semillas en general	1	Raboy, 2002

^α = mg de AF por g de semillas.

Aunque el AF es un elemento esencial durante la germinación de la semilla, donde participa como almacenamiento del fósforo, la regulación de su acumulación durante el desarrollo de la semilla no es totalmente conocida, se sustenta en la hipótesis de que se lleva a cabo mediante un control genético en el que participan numerosos genes (Martínez *et al.*, 2002).

Durante los primeros meses de vida en el humano, cuando existe una mayor demanda de hierro para un buen desarrollo, la dieta de los pobladores de regiones subdesarrolladas se basa en el consumo de cereales, caracterizados por un considerable contenido de fitatos que, por su capacidad de formar complejos insolubles, pueden ocasionar deficiencias de hierro así como de magnesio y

calcio en los niños, lo cual se traduce en problemas tales como: desarrollo pobre de los huesos, corta estatura, mandíbulas estrechas, y en casos más severos, anemia y retraso mental (Coulibaly *et al.*, 2011).

La obtención de genotipos con bajos contenidos de ácido fítico, son un camino factible para solucionar los problemas causados por las deficiencias de hierro, zinc y otros micronutrientes de importancia en la nutrición del humano (Khan *et al.*, 2007; Serna-Saldívar, 2016; Vats y Banerjee, 2004).

En trabajos realizados en genotipos de maíz sobre la manipulación del gen mutante *lpa* (low phytic acid) se ha reportado una reducción en el contenido de AF mediante la interrupción de su biosíntesis; además, se demostró que personas alimentadas con genotipos de maíces con el gen mutante *lpa* respecto a maíces normales, incrementaron sus niveles de hierro y zinc en el organismo (Mendoza *et al.*, 1998; Nuss y Tanumihardjo, 2010). Simic *et al.* (2009) al evaluar la variación genética de las relaciones molares P/Fe y P/Zn en 294 familias F₄, derivadas de 300 plantas F₃ autopolinizadas escogidas al azar del cruzamiento entre las líneas B84 x Os6-2, encontraron significancia en la variación, así como valores de heredabilidad importantes; justifican el desarrollo de investigaciones que permitan mejorar estas relaciones a fin de hacer más disponible esos minerales. Generalmente el contenido de ácido fítico es inversamente proporcional a la biodisponibilidad de hierro (Serna-Saldívar, 2016).

A pesar de presentar diversos inconvenientes en la nutrición humana, la ingesta elevada de AF se ha demostrado que consumirlo en pequeñas concentraciones puede ocasionar efectos positivos, entre los que destacan: retardo de la digestibilidad del almidón y disminución de la respuesta a la glucosa en sangre, hipocolesterolemia, prevención de cálculos renales, control de la caries dental y cáncer, además de mejorar la capacidad de captación de oxígeno de los glóbulos rojos (Martínez *et al.*, 2002).

Algunos Aspectos Genéticos

En el proceso de mejoramiento de un cultivo, el conocimiento del componente genético del germoplasma que participa inicialmente como progenitor es de suma importancia para la creación de híbridos o variedades. Esquivel *et al.* (2013) mencionan que para el mejoramiento de un cultivo

bajo cualquier esquema genético, es primordial conocer la estructura genética de los materiales empleados como progenitores.

Figuroa *et al.* (2013) señalan que en México la mayor parte de los agricultores que cultivan maíz lo destinan al autoconsumo, utilizan variedades locales y generalmente ellos mismos producen su semilla, mediante la selección de mazorcas almacenadas. Aunque la selección es una técnica de mejoramiento que generalmente los agricultores practican de manera empírica, esta técnica ha contribuido a fijar las características inherentes de algunas especies a lo largo de la historia, al determinar cuál semilla se adecua a las necesidades de la sociedad, de acuerdo a las diversas características del material, dadas a través de las variantes que se han presentado por selección natural, mutación, introducción, recombinación y aislamiento (Coutiño, *et al.*, 2010). La hibridación, por otro lado, es una técnica especializada comúnmente utilizada en el mejoramiento genético de maíz, que ha permitido acortar los lapsos para obtener variedades mejoradas (Espinosa *et al.*, 2003).

Entre las herramientas empleadas que proveen información para el mejoramiento vegetal se encuentran los diseños de apareamiento. Estos son un conjunto de técnicas teórico-prácticas, que a través de modelos estadísticos previamente desarrollados permiten obtener información valiosa sobre el control genético de los caracteres de interés; también facilitan la generación de poblaciones reproductoras base para la selección de materiales o el desarrollo de variedades potenciales; provee estimadores de ganancias genéticas; así como información para la evaluación de progenitores empleados en programas de mejoramiento (Acquaah, 2012; citado por Nduwumuremyi *et al.*, 2013).

Un gran número de metodologías, sus variantes y conjugaciones existen en los sistemas de apareamiento; sin embargo, en las investigaciones las más recurrentes son: Los Diseños de Cruzas Bi-parentales; Diseño de Cruzas Superiores; Diseños de Carolina del Norte (I, II y III); Diseños Dialélicos (I, II, III y IV); y Diseño Línea x Probador. El empleo de uno u otro de los diseños dependerá de algunas características de la planta (limitantes biológicas) y lo que plantee la investigación como los objetivos que se persiguen, el tiempo y el espacio disponible, los costos del programa, entre otras razones (Nduwumuremyi *et al.*, 2013).

BIBLIOGRAFÍA

- Arendt E. y E. Zannini (2013)** Cereal Grains for the Food and Beverage Industries. 1st Edition. Woodhead Publishing. pp 1-66.
- Benítez, C. C. G., H. Pfeiffer P. (2006)** El maíz: origen, composición química y morfología. *Materiales avanzados* 7: 15-20.
- Berg, M. J., Tymoczko L. J., Stryer L. (2008)** Bioquímica. 6ª Ed. Barcelona: Editorial Reverté. 1026 p. ISBN: 978-84291-7600-1.
- Boatella, R. J., Codony, S. R. y Lopez, A. P. (2004)** Química y Bioquímica de los Alimentos. Editado y Publicado por Universidad de Barcelona, Barcelona, España. ISBN: 84-475-2836-7.
- Boyer C. D. and Shannon J. C. (2003)** Carbohydrates of the kernel. In: Corn: Chemistry and Technology. P.J. White, and L.A. Johnson (eds.) 2ed. American Association of Cereal Chemists, St. Paul, MN, USA. pp. 241-247.
- Bullock, D. G., P. L. Raymer, S. Savage (1989)** Variation of protein and fat concentration among commercial corn hybrids grown in the southeastern USA. *J. Prod. Agric* 2 (2): 157-161.
- Carbajal A. (2017)** Dietética: Diseño y planificación de dietas. Nutrición Humana en el Estado de Salud. En: Tratado de Nutrición. A. Gil (ed.). 3ª ed. Madrid: Editorial Médica Panamericana, Tomo IV. Capítulo 29. pp: 591-617.
- Cázares-Sánchez E., J. L. Chávez-Servia, Y. Salinas-Moreno, F. Castillo-González y P. Ramírez-Vallejo (2015)** Variación en la composición del grano entre poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) nativas de Yucatán, México. *Revista Agrociencia* 49: 15-30.
- Coulibaly, A., Kouakou, B. and Chen, J. (2011)** Phytic acid in cereal grains: Structure, healthy or harmful ways to reduce phytic acid in cereal grains and their effects on nutritional. *American Journal of Plant Nutrition and Fertilization Technology* 1 (1): 1-22.
- Coutiño-Estrada B., V. A. Vidal-Martínez, B. Cruz-Gómez, C. Cruz-Vázquez (2010)** Aptitud combinatoria general y específica del contenido de azúcares en maíces criollos eloteros. *Revista Fitotecnica Mexicana* 33:57-61.
- Copeland, L., Blazek, J., Salman, H. and Chiming, T. M (2009)** Form and functionality of starch. *Food Hydrocolloids* 23: 1527–1534.
- Chander S., Y. Meng, Y. Zhang, J. Yan, and J. Sheng Li (2008)** Comparison of Nutritional Traits Variability in Selected Eighty-Seven Inbreds from Chinese Maize (*Zea mays* L.). *Germplasm, Journal of Agricultural and Food Chemistry* 56: 6506–6511.

- Dragicevic V., Mladenovic-Drinic S., Stojiljkovic M., Filipovic M., Nikolic B., Babic V., and Kravic N. (2016)** Maize inbreds from different heterotic groups as favorable sources for increased potential bioavailability of magnesium, iron, manganese and zinc. *Chilean Journal of Agricultural Research* 76 (2): 213-219.
- Eisenhauer, B., S. Natoli, G. Liew, and V. M. Flood (2017)** Lutein and Zeaxanthin—Food sources, bioavailability and dietary variety in age-related macular degeneration protection. Review. *Nutrients* 9 (2): 120.
- Eliasson A. C. and M. Wahlgren, (2004)** Starch-lipid interactions and their relevance in food products. In: *Starch in Food: Structure, Function and Applications*. A. C. Eliasson (Edr.) Woodhead Publishing Limited. ELSEVIER®. pp 441-460.
- El-Sayed M. A.-A. , A. Humayoun, Z. Khalid, and A. Rashida (2013)** Dietary sources of Lutein and Zeaxanthin carotenoids and their role in eye health. *Nutrients* 5: 1169-1185.
- Espinosa A., N. Gómez, M. Sierra, E. Betanzos, F. Caballero, B. Coutiño, A. Palafox, F. Rodríguez, A. García, O. Cano (2003)** Tecnología y producción de semillas de híbridos y variedades sobresalientes de maíz de calidad proteínica (QPM) en México. *Revista Agronomía Mesoamericana* 14 (2): 223-228.
- Esquivel-Esquivel G., F. Castillo G., J. M. Hernández C., A. Santacruz V., G. García de los S. y J. A. Acosta G. (2013)** Aptitud combinatoria en maíz con divergencia genética en el Altiplano mexicano. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 4 (1): 5-18.
- FAO (Food and Agriculture Organization) (1993)** Composición química y valor nutritivo del maíz. <http://www.fao.org/docrep/t0395s/T0395S03.htm#>.
- FAO (Food and Agriculture Organization) (2009)** La subnutrición en el mundo en 2010. En: *El Estado de la Inseguridad Alimentaria en el Mundo*. <http://www.fao.org/docrep/t0395s/T0395S03.htm#>.
- Figuroa J. de D. C., D. E. Narváez G., A. Mauricio S., S. Taba, M. Gaytán M., J. J. Véles M., F. Rincón S. y F. Aragón C. (2013)** Propiedades físicas del grano y calidad de los grupos raciales de maíces nativos (criollos) de México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 36 (3): 305 – 314.
- Gangashetty P. I., B. N. Motagi, R. Pavan and m. b. roodagi (2016)** Breeding crop plants for improved human nutrition through biofortification: progress and prospects. In: *Advances in Plant Breeding Strategies: Agronomic, Abiotic and Biotic Stress Traits*. J. M. Al-Khayri, S. Mohan J. and D. V. Johnson (eds) 2Ed. Springer International Publishing AG Switzerland. pp: 35-76.

- García P. M. (2012)** Diversidad genética, potencial agronómico y de calidad en maíces pigmentados de Valles Altos de México. Tesis Doctoral, Colegio de Postgraduados, Montecillo Texcoco, Edo. de México.
- Gupta R. K., S. Gangoliya S., K. Singh N. (2015)** Reduction of phytic acid and enhancement of bioavailable micronutrientes in food grains. *Journal of Food Science Technology*. 52 (2): 76-84.
- Harting H., Fracassetti M. and Motto M. (2012)** Genetic enhancement of grain quality-related traits. In: Maize Transgenic Plants: Advance and Limitations. Y. Ozden C. (Edr.). InTech, Rijeka, Croatia. pp 191-218.
- Hídvégi M. and R. Lásztity (2003)** Phytic acid content of cereals and legumes and interaction with proteins. *Periodica Polytechnica Ser. Chem. Eng.* 46 (1–2): 59-64.
- Imran M., Garbe-Schönberg D., Neumann G., Boelt B., Mühling K. H. (2017)** Zinc distribution and localization in primed maize seeds and its translocation during early seedling development. *Environmental and Experimental Botany*. 143: 91-98.
- Kastenmayer P. (1997)** Análisis de minerales y elementos traza en alimentos. In: Producción y Manejo de Datos de Composición Química de Alimentos en Nutrición. FAO, Dirección de Alimentación y Nutrición Oficina Regional de la FAO para América Latina y el Caribe. Universidad de Chile. Santiago de Chile. pp. 271-294.
- Khan A.J., A. Ali, F.I. Azam and A. Zeb (2007)** Identification and isolation of low phytic acid wheat (*Triticum aestivum* L.) inbred lines/mutants. *Pakistan Journal of Botany* 39: 2051-2058.
- Keeling P. L. and A. M. Myers (2010)** Biochemistry and genetics of starch synthesis. *Annual Review of Food Science and Technology*, 1: 271-303.
- Kirk, S. R., Sawyer, R. Egan, H. (1996)** Composición y Análisis de Alimentos de Pearson. 2a Ed. Ediciones Continental, México, D.F. 777 p.
- Maathuis F. J.M. and Diatloff E. (2013)** Roles and functions of plant mineral nutrients. In: Plant Mineral Nutrients. Methods in Molecular Biology. Humana Press, University of Hertfordshire, Hatfield, Hertfordshire, UK. pp: 1-21.
- Martínez R. y A. Palma (2015)** Cerrando brechas: Modelo para estimar el costo de erradicar la desnutrición crónica y las deficiencias de micronutrientes. CEPAL (Comisión Económica para América Latina y el Caribe). Naciones Unidas, Santiago de Chile. pp 11-18.
- Masson L. (1997)** Métodos analíticos para la determinación de humedad, alcohol, energía, materia grasa y colesterol en alimentos. En: Producción y Manejo de Datos de Composición Química de

- Alimentos en Nutrición. FAO, Dirección de Alimentación y Nutrición Oficina Regional de la FAO para América Latina y el Caribe. Universidad de Chile. Santiago de Chile. pp. 177-188.
- Martínez, C. M., Ortiz P. R., y Raigón D. M. (2017)** Contenido de fósforo, potasio, zinc, hierro, sodio, calcio y magnesio, análisis de su variabilidad en accesiones cubanas de maíz. *Cultivos Tropicales*, 38 (1): 92-101.
- Martínez D. B., Ibáñez G. M. V. y Rincón L. F. (2002)** Ácido fítico: aspectos nutricionales e implicaciones analíticas. *Archivos Latinoamericanos de Nutrición*. 52(3): 219-231.
- Melesio, C. J. L., R. E. Preciado O., A. D. Terrón I., M. G. Vázquez C., P. Herrera M., C. A. Amaya G. y S. O. Serna S. (2008)** Potencial productivo, propiedades físicas y valor nutrimental de híbridos de maíz de alta calidad proteínica. *Agricultura Técnica en México*. 34 (2): 225-233.
- Melgarejo L. M., Romero M., Hernández S., Barrera J., Solarte M. A., Suárez D., Pérez L. V., Rojas A., Cruz M., Moreno L., Crespo S. y Pérez W. (2010)** Experimentos En Fisiología Vegetal. Universidad Nacional de Colombia. 1ª ed. Bogotá, Colombia. pp. 83-88.
- Mendoza C., Fernando V. E., Lönnerdal B, Young A. K., Raboy V. and Kenneth H. B. (1998)** Effect of genetically modified, low-phytic acid maize on absorption of iron from tortillas. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 68: 1123-7.
- Menkir A. (2008)** Genetic variation for grain mineral content in tropical-adapted maize inbred lines. *Food Chemistry* 110: 454-464.
- Mertz E. T., L. S. Bates, O. E. Nelson (1964)** Mutant gene that changes protein composition and increases lysine content of maize endosperm. *Science* 145: 279-80.
- Narváez-González E. D., J. de D. Figueroa C., S. Taba, E. Castaño T. y R. Á. Martínez P. (2007)** Efecto del tamaño del gránulo de almidón de maíz en sus propiedades térmicas y de pastificado. *Revista Fitotecnia Mexicana* 30 (3): 269-277.
- Nuss E. T. and S. A. Tanumihardjo (2010)** Maize: A paramount staple crop in the context of global nutrition. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 9 (4): 417-436.
- Nduwumuremyi A., P. Tongoona, and S. Habimana (2013)** Mating designs; helpful tool for quantitative plant breeding analysis. *J. Plant Breed. Genet* 1: 117-129.
- Ortega C. A., M. J. Guerrero H., O. Cota A., y O. Palacios V. (2005)** Informe de actividades 2003 del proyecto 108: Conservación, estudio y utilización de la diversidad genética de los maíces nativos del noroeste de México. INIFAP (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales,

Agrícolas y Pecuarias), SINAREFI (Sistema Nacional de Recursos Filogenéticos para la Alimentación y la Agricultura). Red de Maíz. 19 p.

- Ortiz-Monasterio J.I., N. Palacios-Rojas, E. Meng, K. Pixley, R. Trethowan and R.J. Peña (2007)** Enhancing the mineral and vitamin content of wheat and maize through plant breeding. *Journal of Cereal Science* 46: 293–307.
- Parada J. and Santos J. L. (2016)** Interactions between starch, lipids, and proteins in foods: microstructure control for glycemic response modulation. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 56 (14): 2362-2369.
- Preiss J. (2004)** Plant starch synthesis. In: *Starch in Food: Structure, Function and Applications*. A. C. Eliasson (edr.) Woodhead Publishing Limited. ELSEVIER®. pp 3-56.
- Raboy V. (2002)** Progress in breeding low-phytate crops. *Journal of Nutrition* 132: 503-5.
- Raboy V., Young K. A., Dorsch J. A., Cook A. (2001)** Genetics and breeding of seed phosphorus and phytic acid. *Journal Plant Physiology* 158: 489-497.
- Raboy V (1997)** Accumulation and storage of phosphate and minerals. In: *Cellular and Molecular Biology of Plant Seed Development*. B. A. Larkins and I. K. Vasil (eds). Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands, pp 441–477.
- Ramana R. Y., D. Ravi, Ch. Ramakrishna R., K. V. S. V. Prasad, P. H. Zaidi, M. T. Vinayan, M. Blummel (2013)** A note on the correlations between maize grain and maize stover quantitative and qualitative traits and the implications for whole maize plant optimization. *Field Crops Research* 153: 63-69.
- Santos M. A. (1995)** Química y Bioquímica de los Alimentos. Dirección General de Difusión Cultural. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Edo. de México. 456 p.
- Serna-Saldívar S. O., J. A. Gutiérrez-Uribe, S. Mora-Rochin, S. García-Lara (2013)** Potencial nutracéutico de los maíces criollos y cambios durante el procesamiento tradicional y con extrusión. *Revista Fitotecnia Mexicana* 36 (3): 295-304.
- Serna-Saldivar, S. O. (2016)** Nutrition and Fortification of Corn and Wheat Tortillas. In: *Fruits, Vegetables, and Herbs*. 1st ed. Academic Press, pp. 29-63.
- Simic D, Sudar R., Ledencan T., Jambrovic A., Zdunic Z, Brkic I, Kovacevic V. (2009)** Genetic variation of bioavailable iron and zinc in grain of a maize population. *Journal of Cereal Science* 50: 392-397.

- Singh, N. J. Singh, L. Kaur, N. Singh S., B. Singh G. (2003)** Morphological, thermal and rheological properties of starches from different botanical sources. *Food Chemistry* 81: 219-231.
- Shobha D., T. A. Sreeramasetty, Puttaramanaik and K. T. Pandurange Gowda (2010)**
Evaluation of maize genotypes for physical and chemical composition at silky and hard stage. *Karnataka Journal of Agriculture Science* 23 (2): 311-314.
- Świątkiewicz, S., Arczewska-Włosek A., Józefiak D. (2014)** The efficacy of organic minerals in poultry nutrition: review and implications of recent studies. *World's Poultry Science Journal* 70 (3): 475-486.
- Swinkels, J. J. M. (1985)** Composition and properties of commercial native starches. *Rev. Starch* 37: 1-5.
- Tetlow I. (2011)** Starch biosynthesis in developing seeds. *Seed Science Research*, 21 (1): 5-32.
- Tripathy S. K., D.M. Ithape, M. Maharana & A. M. Prusty. (2017)** Quality protein maize (QPM): Genetic basis and breeding perspective. *Tropical Plant Research* 4(1): 145–152.
- Vats, P. and U. C. Banerjee (2004)** Production studies and catalytic properties of phytases (myo-inositolhexakisphosphate phosphohydrolases): an overview 35 (1): 3-14.
- Vázquez-Carrillo M. G., D. Santiago-Ramos, Y. Salinas-Moreno, J. Lopez-Cruz, Ma. C. Ybarra-Moncada y A. Ortega-Corona (2014)** Genotipos de maíz (*Zea mays* L.) con diferente contenido de aceite y su relación con la calidad y textura de la tortilla. *Agrociencia*, 48 (2): 1569-172.
- Vázquez-Carrillo G. M., J. P. Pérez-Camarillo, J. M. Hernández-Casillas, M. de la L. Marrufo-Díaz y E. Martínez-Ruiz (2010)** Calidad de grano y de tortillas de maíces criollos del altiplano y valle del mezquital, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 33: 49-56.
- Vázquez-Carrillo M. G., L. Guzmán B., J. L. Andrés G., F. Márquez-Sánchez (2003)** Calidad de grano y tortillas de maíces criollos y sus retrocruzas. *Revista Fitotecnia Mexicana* 26: 49-56.
- Wang, X., I. L. Brown, A. J. Evans, P. L. Conway (1999)** The protective effects of high amylose maize (amylomaize) starch granules on the survival of *Bifidobacterium spp.* in the mouse intestinal tract. *Journal of Applied Microbiology*, 87: 631-639.
- Wang, Y. J., P. White, L. Pollak, J. Jane (1993)** Characterization of starch structures of 17 maize endosperm mutant genotypes with Oh43 inbred line background. *Cereal chemistry* 70 (2): 171-179.

Watson, S.A. (2003) Description, development, structure and composition of the corn kernel. In: Corn: Chemistry and Technology. P.J. White, and L.A. Johnson (eds.) 2ed. American Association of Cereal Chemists, St. Paul, MN, USA. pp. 69-106.

Zeeman, S. C., J. Kossmann and A. M. Smith (2010) Starch: Its Metabolism, Evolution, and Biotechnological Modification in Plants. *Annual Review of Plant Biology* 61: 209-34.

Zdunic, Z., A. Nastasic, D. Jockovic, M. Ivanovic, I. Dalovic, A. Mijic, M. Jockovic (2012) Genetic analysis of grain yield and oil content in two maize populations. *Periodicum biologorum* 114 (1): 67-72.

CAPITULO I

ANÁLISIS DE LA APTITUD COMBINATORIA DE TRES GRUPOS DE LÍNEAS DE MAÍZ DE GRANO BLANCO Y SUS CRUZAS DIALELICAS EVALUADAS EN LOS VALLES ALTOS CENTRALES DE MÉXICO

1.1 RESUMEN

Para establecer el mejor esquema de mejoramiento genético en los organismos superiores es indispensable conocer los componentes genéticos y la variación que en ellos existe. El objetivo del presente trabajo fue identificar los efectos genéticos, así como posibles efectos maternos que actúan sobre algunas propiedades nutrimentales y de componentes bioactivos del grano de maíz (*Zea mays* L.). El trabajo incluyó a tres grupos de cruzas simples formados cada uno a partir de cinco líneas endogámicas (S₆ – S₈) desarrolladas para sistemas de producción en condiciones de riego, riego y temporal, además de un grupo denominado altamente endogámico, evaluados en Montecillo, Texcoco, estado de México durante el ciclo de producción P-V, 2014. Con el grano de la F₁ de las cruzas posibles y de los progenitores se realizó el análisis genético del contenido total de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico. Los resultados mostraron mayor variación para la aptitud combinatoria específica (ACE) que para la aptitud combinatoria general (ACG) en todos los grupos y en cada uno de los componentes nutrimentales evaluados; la ACE representaron en promedio 53 %, 38 % y 45 %, respectivamente en cada grupo; mientras la ACG fue de 12 %, 27 % y 10 %, por grupo respectivamente, de la variación existente entre los genotipos por lo que los efectos genéticos no aditivos (dominancia y epistasis) prevalecen sobre los aditivos (ACG) entre los genotipos evaluados. Los efectos maternos (EfMat) y recíprocos (EfRec) mostraron diferencias significativas ($p \leq 0.01$) para la mayoría de las variables en los grupos. Se definió el mejor comportamiento de los progenitores y de las cruzas para dirigir el aprovechamiento eficiente de las características evaluadas. Algunas cruzas fueron superiores a sus progenitores en el contenido de los componentes bioquímico pero es necesario considerar la dirección del cruzamiento, dados los efectos maternos encontrados en el grano.

Palabras Clave: maíz, cruzas simples, componentes nutricionales, variación, ácido fítico.

1.2 ABSTRACT

In order to establish the best genetic improvement scheme in higher organisms, it is indispensable to know the genetic components and the variations existing in them. The objective of the present research was to identify the genetic effects as well as possible maternal effects that act upon certain nutrimental properties and bioactive components of corn kernels (*Zea mays* L.). The work included three sets of simple crosses formed from five endogamous lines (S₆ – S₈) developed under irrigated, dryland condition and one set of high endogamic maize evaluated in Montecillo, Texcoco, the State of Mexico during the 2014 Spring-Summer production cycle. From the F₁ kernels of the possible crosses and their parents, the genetic analysis was done for total oil, protein, starch, ash, and phytic acid. The results showed a greater variation for the combinatory specific aptitude (SCA) than for the combinatory general aptitude (GCA) in all sets and each of the nutrimental components. SCA represented a mean 53 %, 38 % and 45 %, in each set; GCA represented 12 %, 27 % and 10 % respectively per set, of the variation between genotypes, thus the non-additive genetic effects (dominance and epistasis) prevail over the additive ones (GCA) between the evaluated genotypes. The maternal (EfMat) and reciprocal (EfRec) effects showed significant differences ($p \leq 0.01$) for all variables, except starch. The best performance of the parents and the crosses was defined to direct the efficient use of the evaluated characteristics. Some crosses were better than the parents with regard to biochemical components, but it is necessary to consider the direction of the crossing, given the maternal effects found in the kernels.

Key words: corn, simple crosses, nutritional components, variation, phytic acid.

1.3 INTRODUCCIÓN

Independientemente del grado de endogamia que presente el germoplasma que participa como progenitor al inicio de cualquier programa de mejoramiento, es indispensable conocer la capacidad de combinación general y específica de los genotipos de interés (Sprague y Tatum, 1942). La aptitud combinatoria general (ACG) se define como el comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas; mientras que la aptitud combinatoria específica (ACE) se define como aquellos casos donde las combinaciones híbridas se comportan relativamente mejor o peor de lo esperado con respecto al comportamiento promedio de las líneas involucradas. Otro aspecto considerado en los diseños de cruza dialélicas son los efectos maternos (EfMat) y recíprocos (EfRec); el primero se define como el comportamiento diferencial que tiene un progenitor cuando funge como hembra en relación a cuando es usado como macho; es decir, es el efecto del ADN materno en los rasgos de su proge; el segundo se refiere al efecto de la interacción del ADN materno del citoplasma con el ADN nuclear (Mastache *et al.*, 1999; citado por Sánchez-Hernández, 2010).

Roach y Wulff (1987) clasifican al efecto materno en tres grupos: a) el efecto genético citoplasmático, el cual está sustentado en que algunos organelos como plastidios y mitocondrias, contienen información genética, que es transferida directamente de la planta hembra a la descendencia durante la formación del óvulo, independientemente de los genes nucleares; b) los efectos maternos debidos al endospermo, puesto que usualmente el proceso de fecundación de las angiospermas involucra la unión de dos núcleos maternos y uno paterno ($3n$), la representación de la información genética de la madre se ve doblemente reflejada; y c) efectos maternos fenotípicos, resultado de la interacción con el ambiente o con el genotipo del progenitor hembra.

Un efecto no materno (recíproco específico) representa el efecto sobre un rasgo de los factores genéticos no nucleares o extranucleares o por la interacción entre los caracteres genéticos nucleares y los plasmagenes en la proge (Roach y Wulff, 1987; Kang *et al.*, 1999).

Si los EfMat son significativos y los objetivos del programa requieren de su extenso conocimiento, es necesario conocer el tipo de efecto que participa sea citoplasmático, de interacción entre el ADN nuclear y del citoplasma o ambiental; para lograrlo, lo más factible es evaluar la población F_2 derivada de las cruza recíprocas F_1 o de retrocruzamientos empleando las

cruzas F_1 recíprocas como progenitores (Mosjidis and Yermanos, 1984; citados por Hernández-Alatorre, 2002).

Cuando el valor de la varianza de ACG es mayor al de la varianza de ACE, los efectos aditivos son de mayor relevancia que los efectos de dominancia y epistasis, entre los genotipos que se evalúan (Sprague y Tatum, 1942). Así también, si el valor del EfMat de un progenitor es de signo positivo, significa que los efectos como hembra en una craza dada son mayores que cuando se emplea como macho, en la correspondiente craza recíproca; por lo tanto, se interpreta que dicho progenitor tiene mejor comportamiento en su craza directa (Kang *et al.*, 1999; Sánchez-Hernández, 2010).

Se ha demostrado que de los sistemas de apareamiento, dentro de los programas de mejoramiento genético, el diseño de cruzas dialélicas es de los más empleados en maíz (Sánchez-Ramírez *et al.*, 2017). El análisis de cruzas dialélicas constituye una herramienta útil para los mejoradores, al caracterizar y estimar los parámetros genéticos de los progenitores y sus cruzas mediante su aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) (Coutiño *et al.*, 2010; Gardner y Eberhart, 1966), y permiten definir el método de mejoramiento genético más adecuado (Gardner y Eberhart, 1966; Hallauer y Miranda, 1981), al predecir las cruzas superiores y seleccionar plantas individuales que combinen las mejores características de los progenitores, generalmente en términos del tipo de acción génica de los genes cuantitativos involucrados.

Los trabajos pioneros sobre el estudio de las varianzas genotípicas mediante el uso de modelos y diseños de cruzas dialélicas comienzan con los presentados por Mathers (1949); Jinks y Hayman (1953); Jinks (1954) y Hayman (1954), entre otros, que desarrollaron modelos estadísticos para estimar la variación aditiva y de dominancia, y describieron las propiedades de dominancia relativa de las líneas parentales. Yates (1947), por ejemplo, describe un modelo estadístico que incluye el análisis de las cruzas recíprocas posibles que pueden formar un grupo de líneas en un programa de fitomejoramiento; el sistema que él desarrolló sentó las bases para los diseños dialélicos I y III que involucran las cruzas recíprocas de un grupo de genotipos.

El término *cruzas dialélicas* fue presentado por Griffing (1956) y se refiere al sistema por el cual un conjunto elegido de p líneas progenitoras y todas las cruzas posibles entre ellas pueden ser efectuadas (p^2). Años más tarde, Gardner y Heberhart (1966) propusieron un análisis alternativo

de los datos de cruzas dialélicas pero obtenidos de poblaciones heterogéneas, que incluyen a las variedades e híbridos (Sánchez-Hernández *et al.*, 2013).

Las cruzas posibles p^2 del diseño dialélico pueden ser divididas en los siguientes grupos: 1) las p líneas progenitoras autofecundadas; 2) un grupo de $\frac{1}{2} p(p - 1)$ cruzas directas de la F_1 ; 3) un grupo de $\frac{1}{2} p(p - 1)$ cruzas recíprocas de la F_1 . Este investigador desarrolló cuatro métodos experimentales de acuerdo a la inclusión de los progenitores y/o las cruzas recíprocas en la investigación, los cuales son:

- Diseño 1. Considera a los progenitores y todas las cruzas posibles directas y recíprocas F_1 .
- Diseño 2. Se ensayan los progenitores y las cruzas directas de la $F_1 \frac{1}{2} p(p + 1)$.
- Diseño 3. Ensaya las cruzas directas y recíprocas de la $F_1 p(p - 1)$.
- Diseño 4. Comprende únicamente un grupo de cruzas de la F_1 .

Cuando se desea conocer el comportamiento de ACG y ACE de un conjunto específico de líneas con relación a un problema de mejoramiento de algún cultivo, los métodos 3 y 4 son los ideales. Pero si el investigador supone ausencia de efectos recíprocos usualmente se emplea el método 4; contrariamente, si sospecha de un posible efecto genotípico recíproco en la descendencia F_1 , ambos grupos de cruzas (directa y recíproca) deberán ser estudiadas, entonces el método 3 es el recomendado ya que las cruzas recíprocas son empleadas para detectar la variación debida a genes ligados al sexo y efectos maternos. Por otro lado, cuando entre los objetivos de un estudio de aptitud combinatoria se encuentra la selección de líneas para la formación de una variedad sintética y en la especie ocurre un grado considerable de endogamia, los métodos 1 y 2 que incluyen a los progenitores, son los más adecuados. Debido a que los diseños de Griffin permiten ensayar todas las cruzas posibles entre las líneas progenitoras, éstos son considerados diseños completos (Martínez, 1983).

Es importante mencionar que frecuentemente el efecto materno, asociado con ADN extra nuclear del progenitor femenino, no se considera al emplear el sistema de cruzas dialélicas pues se considera un efecto de menor relevancia en la explicación de la variación genética; además, establecer cruzas recíprocas implica incrementar los costos económicos de mantenimiento y operación, la necesidad de contar con mano de obra especializada que atienda un número mayor de cruzas y en ocasiones los tiempos para la obtención de muchos datos de campo son reducidos.

A pesar de esto, investigadores señalan que el no considerar ese efecto sugiere un posible error en la estimación del control genético del germoplasma estudiado (Ávila *et al.*, 2009; Sánchez-Ramírez *et al.*, 2017).

Los modelos matemáticos para los análisis de varianza presentados por Griffin (1956) se basan en algunos supuestos, el primero considera que los genotipos son: a) una muestra aleatoria de una población, o b) un conjunto seleccionado o fijo; bajo el primer caso, los efectos genotípicos se consideran variables aleatorias y, bajo el segundo caso se consideran constantes.

El segundo, se hace con respecto a la variedad (genotípica) y los efectos de bloque, y se consideran cuatro posibilidades: 1) que la variedad y los efectos de bloque son constantes o de efectos fijos, 2) que los efectos de variedad son variables aleatorias y los efectos de bloque son constantes o de efectos mixtos, 3) los efectos de variedad son constantes, y los efectos de bloque son variables aleatorias (efectos mixtos), y 4) la variedad y los efectos de bloque son variables aleatorias o de efectos aleatorios; el primero y último caso condujeron al desarrollo de los Modelos I y II empleados para el sistema de análisis dialélico (Eisenhart, 1947; citado por Griffin, 1956).

En el modelo I, donde los efectos se consideran fijos, excepto el error, los genotipos son la población sobre la cual se deben hacer las inferencias. En el modelo II, donde los efectos se consideran aleatorios, excepto la media general (μ), la suposición es que se manejan muestras aleatorias de una población de progenitores, por lo que las inferencias no se deben hacer sobre las líneas individuales en la muestra, sino sobre los parámetros en la población de origen. Por lo tanto, con el Modelo I se pretende comparar la habilidad de combinación de los padres cuando éstos se utilizan como probadores, y para identificar las combinaciones de mayor rendimiento; el modelo II apresta estimar los componentes genéticos y ambientales de la varianza poblacional.

1.4 MATERIALES Y MÉTODOS

1.4.1 Material Genético

Los maíces analizados forman parte de un programa de mejoramiento genético iniciado en la Universidad Autónoma Chapingo por el Dr. Moisés Mendoza Rodríguez[†]. El material se derivó de la selección, en el año 2010, de líneas de interés agronómico y con alto nivel endogámico, obtenidas a partir de poblaciones élite del programa. En el año 2013 las líneas se sembraron en el Campo Agrícola Experimental del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo; con esos genotipos se desarrolló el esquema de cruza dialélicas bajo el Diseño I de Griffing. Con la semilla F₁ de las cruza posibles y de los progenitores (cinco líneas endogámicas S₆ – S₈) de cada grupo, en 2014 se establecieron evaluaciones para conocer su comportamiento en campo, también se hicieron polinizaciones manuales fraternales de las cruza posibles y de los progenitores para realizar los análisis bioquímicos correspondientes. A la cosecha, se seleccionaron cinco mazorcas de polinización controlada (cruza fraternales) representativas de cada material genético (líneas y cruza).

El estudio incluyó 3 grupos de maíces y cinco líneas endogámicas en cada uno (S₆ - S₈), y sus cruza dialélicas completas por grupo (20 cruza y sus progenitores). El primer grupo lo constituyó líneas formadas para sistemas de producción de riego (LR), el segundo agrupó genotipos para sistemas de producción de riego y temporal (RyT), y el tercer grupo se denominó como maíces altamente endogámicos (MAE).

1.4.2 Preparación de muestras para estudios de laboratorio

Las pruebas bioquímicas se realizaron sobre muestras obtenidas con una mezcla balanceada de granos formada con el grano de la parte media de cinco mazorcas de cada genotipo, según la metodología propuesta por Galicia *et al.* (2012) para pruebas bioquímicas en maíz. El grano se pulverizó en un molino ciclónico (UDY Corporation[®]) y la harina se tamizó a través de una malla metálica número 35 para obtener partículas con tamaño de 0.5 mm. El pesaje de las muestras, los reactivos y demás materiales se registró en una balanza analítica AND[®] modelo GR 202.

Se determinó el contenido total de aceite, proteína, almidón, cenizas, ácido fítico y humedad.

1.4.3 Procedimientos de los Análisis Bioquímicos

1.4.3.1 Contenido de Aceite

Se utilizó el equipo Soxhlet bajo el método de la American Association of Cereal Chemists (AACC 30-25, 1999), como solvente de extracción se empleó hexano grado analítico. Se colocaron 10 g de harina en un dedal de papel filtro Whatman No. 2 dentro de los tubos extractores, unidos éstos a un matraz bola de 250 mL al que se le determinó previamente el peso, enseguida se adicionaron 100 mL de hexano. El calentamiento de los matraces se realizó a 67 °C y el proceso de extracción duró 5 h. Después de este tiempo el extracto de aceite con el solvente se dejó enfriar y se retiró el dedal con la harina. Posteriormente, el extracto de aceite con el solvente se colocó en la estufa de aire forzado a 45 °C por 12 h. Una vez evaporado todo el solvente, el matraz con el aceite se colocó en un desecador y se dejó enfriar, después se registró su peso.

El contenido de aceite en el grano se calculó con base en la siguiente fórmula:

$$\% MG_{mh} = \frac{P - T}{M} \times 100$$

Donde:

% MG_{mh} = porcentaje de materia grasa sobre materia húmeda del grano

P = peso del matraz con el aceite

T = peso del matraz sin el aceite

M = peso de la muestra de grano molido (gramos)

La harina desgrasada se utilizó posteriormente para realizar la determinación de los demás compuestos considerados en el presente estudio, debido a que las muestras con aceite causan mucha variación en el análisis de los demás compuestos.

1.4.3.2 Contenido de Almidón

Esta determinación se realizó en dos etapas; en la primera, la de extracción, se aplicó la metodología de Brunt (1998) mediante lavados de las muestras con etanol, para eliminar los azúcares solubles, y sólo conservar los azúcares complejos que forman parte del almidón. Para esto se colocaron 100 mg de harina desgrasada en tubos Falcon de 15 mL, se adicionaron 10 mL de etanol acuoso al 40 % y se agitaron durante 10 min en un agitador Daigger®, modelo OR100 a

120 rpm, enseguida las muestras se sometieron a centrifugación durante 10 min a 3000 rpm a 4 °C para evitar calentamiento, cuidadosamente se separó el sobrenadante de la harina. Se realizó una segunda extracción a la muestra bajo el mismo procedimiento.

La segunda etapa consistió en disociar los azúcares complejos a simples mediante el protocolo de la AACC (76-13.01, 1999), para estimar el contenido de almidón total a través del método colorimétrico de Antrona. A cada muestra contenida en los tubos se le adicionó 200 µL de etanol absoluto más 2 mL de KOH 2M, enseguida se agitó durante 20 min en baño de agua con hielos. Después de la agitación se agregó 8 mL del buffer acetato de sodio 1.2 M pH 3.8 (± 0.2), inmediatamente después se adicionó 100 µL de α -amilasa (100 U) y 100 µL de amiloglucosidasa (330 U), la solución se mezcló cuidadosamente evitando que se emulsificara. Posteriormente, las muestras se colocaron en Baño María durante 30 min a 50 °C, con agitación vigorosa e intermitente, en un equipo Thermo scientific® modelo Precisión. Se transfirió la muestra a tubos Falcon de 50 mL y se le adicionó 10 mL de agua destilada, se centrifugaron todas las muestras por 10 min a 3 000 rpm a 4 °C. Se tomó 1 mL del sobrenadante y se diluyó en 9 mL de agua destilada (1:10). Se hizo una última dilución, a razón de 1 mL de solución por 2 mL de agua destilada (1:3), debido a que las absorbancias con la dilución anterior permanecían fuera de la curva. Para la determinación de glucosa total se empleó un espectrofotómetro UV/VIS marca Thermo scientific® modelo Evolution 300.

La concentración de almidón total se determinó mediante la cuantificación de glucosa por el método colorimétrico de antrona (Montreuil *et al.*, 1997). El Anexo 1 y 2 del Apéndice muestra las concentraciones y volúmenes ocupados para la obtención de la curva de calibración de glucosa, y la representación gráfica de una curva promedio, obtenida en la realización de las pruebas para almidón.

El contenido de almidón se estimó con base en la ecuación obtenida con la curva, además de considerar los factores de dilución derivados de las diluciones hechas a las muestras. Al despejar la variable X de la ecuación queda de la siguiente manera:

$$X = \frac{y + 0.012}{3.4943}$$

Donde:

X= contenido de glucosa (mg mL^{-1})

y = absorbancia de la muestra a 625 nm.

1.4.3.3 Contenido de Humedad

La determinación del contenido de humedad se realizó con una termobalanza marca OHAUS® MB 45. Se colocaron 500 mg de muestra en la termobalanza para registrar la pérdida de peso. El valor registrado por el equipo fue en porcentaje.

1.4.3.4 Contenido de Proteína

Se utilizó el método de Kjeldahl: 46-11.02 (AACC, 1999). En tubos de digestión Kjeldahl se colocaron 40 mg de muestra desgrasada, 800 mg de mezcla digestora de selenio (JT Baker) y 3.5 mL de ácido sulfúrico (Merck), el blanco utilizado sólo fue ácido sulfúrico más la mezcla digestora. Primeramente se destruyó la materia orgánica mediante calentamiento de la mezcla a 350 °C, para lo cual se empleó un digestor marca Seve prendo® modelo DIK-20 durante 1 h aproximadamente, tiempo en el cual el color de la mezcla viró de un tono café oscuro a azul-verdoso. Una vez tomada esta coloración, se retiraron los tubos del digestor, se enfriaron por 5 min y enseguida se adicionó 10 mL de agua destilada por muestra. Para la destilación se empleó un equipo marca Seve prendo® modelo DEK-01 y un LABCONCO® modelo Rapidstill II. Para el proceso de destilación se colocó el tubo que contiene a la muestra en el equipo destilador, se adicionó al tubo con la muestra 10 mL de hidróxido de sodio al 50 % -la destilación se realizó con agua destilada-. Se colectaron 30 mL del destilado por muestra el cual fue colectado en matraces Erlenmeyer de 250 mL, que contenía 5 mL de ácido bórico al 4 % y 3 gotas de indicador Tashiro-Shiro requeridos para la posterior titulación de la mezcla destilada. La titulación se realizó con ácido clorhídrico 0.01 N y ésta consistió en la adición del ácido en el destilado de las muestras, que presentaron primero una coloración verde oscura, hasta virar a una coloración violeta.

El contenido de proteína se calculó con base en la siguiente fórmula:

$$\% \text{ Proteína} = \frac{(V_{HClMuestra} - V_{HClBco})(N_{HCl})(0.014)(F)}{Muestra (g)} \times 100$$

Donde:

% Proteína = contenido de proteína en porcentaje

$V_{HClMuestra}$ = volumen gastado de HCl en la muestra (mL)

V_{HClBco} = volumen gastado de HCl en el blanco (mL)

N_{HCl} = normalidad del ácido clorhídrico (0.01 N)

F= factor, que para cereales y derivados de soya es de 5.7

M= muestra (gramos)

1.4.3.5 Contenido de Cenizas

El contenido de cenizas se determinó con el protocolo 08-01 de la AACC (1999). Se empleó una mufla marca Nabertherm® P330. Se colocaron los crisoles a peso constante, con un gramo de muestra durante 6 h a 550 °C. Transcurrido el tiempo, las muestras se colocaron en el desecador hasta alcanzar la temperatura ambiente, posteriormente se pesaron.

El contenido de cenizas se determinó con la siguiente fórmula:

$$Cenizas = \frac{PC_{Muestra} - PC_{Const}}{Muestra (g)} \times 100$$

Donde:

Contenido de cenizas = expresado en porcentaje

$PC_{Muestra}$ = peso del crisol con muestra

PC_{Const} = peso del crisol sin muestra (peso constante)

Muestra = expresada en gramos

1.4.3.6 Contenido de Ácido Fítico

Se utilizó el protocolo de Dragičević *et al.* (2011). En frascos con tapa de 50 mL se colocó 250 mg de muestra, se adicionaron 10 mL de ácido tricloro acético (ATA) al 5 % y se sometió a agitación por 1 h. En seguida se extrajeron 5 mL de solución y se colocaron en tubos Falcon de 10 mL para centrifugar (centrífuga Hermle® Z 326 K) a 12,000 g durante 15 min a 4 °C. Se realizó una dilución 1:6 con agua desionizada. Para la determinación colorimétrica se tomaron 1.5 mL de la dilución y se añadió 0.5 mL de reactivo de Wade (0.3 g $FeCl_3 \cdot 6H_2O$ + 3 g 5''-ácido sulfosalicílico, aforado a un litro con agua desionizada), enseguida se centrifugó a 12,000 g por 10

min a 4 °C. La absorbancia de las muestras se registró a 500 nm en un espectrofotómetro UV/VIS (Thermo scientific® modelo Evolution 300).

Para la determinación de la concentración del ácido fítico se realizó una curva de calibración. Se empleó el mismo reactivo de Wade cada vez que se hacía una nueva preparación de reactivos, para asegurar que el reactivo se encontrara en las mismas condiciones durante todo el tiempo de uso. El Anexo 3 y 4 del Apéndice muestra las concentraciones y volúmenes ocupados en el cálculo de la curva de calibración, y representa gráficamente una curva promedio obtenida en la realización de los análisis.

El contenido de ácido fítico se estimó con base en la ecuación arrojada con la curva, se consideró además, los factores de dilución derivados de las diluciones hechas a las muestras. La ecuación quedó de la siguiente manera:

$$X = \frac{y - 0.7277}{-0.0039}$$

Donde:

X= contenido de ácido fítico (mg g⁻¹)

y= absorbancia de la muestra a 500 nm

1.4.4 Análisis Estadístico

Los análisis de laboratorio se manejaron bajo un diseño de bloques completos al azar, por triplicado, excepto para la determinación de aceite que se hizo por duplicado, a partir de la mezcla de granos molidos de las cinco mazorcas por genotipo. Se realizaron análisis de varianza y pruebas de comparación de medias Tukey ($p \leq 0.05$) entre genotipos dentro de grupos. Para estimar la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), los efectos maternos (EfMat) y efectos recíprocos (EfRac) de los genotipos y por consiguiente los parámetros genéticos de dominancia o aditividad, se realizó un análisis de varianza combinado (PROC GLM) basado en el Diseño I, con efectos fijos de tipo I de Griffing (1956). El análisis estadístico se realizó con el programa SAS, versión 9.0 (SAS Institute, 2003).

Los efectos de ACG, ACE, EfMat y EfRec se estimaron con base al siguiente modelo estadístico:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + m_i - m_j + r_{ij} + e_{ijk}$$

Donde: Y_{ijk} es el valor de la característica en estudio observada de la cruza (i, j); μ es un efecto común en todas las observaciones; g_i es el efecto de ACG atribuible al progenitor i; g_j es el efecto de ACG atribuible al progenitor j; s_{ij} es el efecto de ACE de la cruza (i, j); m_i y m_j representan los efectos maternos de los progenitores i, j; r_{ij} es el efecto recíproco de la cruza (i, j) y e_{ijk} es el error experimental (i, j, k) (Martínez, 1988).

En el grupo RyT se realizó un análisis de correlaciones entre el contenido de los compuestos bioquímicos analizados en el grano y los componentes agronómicos: rendimiento (Rd), peso de las mazorcas primarias (PMz1), peso de grano por mazorca (PGrMz) y longitud de la mazorca (LMz). Para conocer detalladamente el origen de los datos agronómicos considerados en este análisis, consultar el trabajo realizado por Sánchez-Ramírez *et al.* (2017). El análisis se realizó con el procedimiento *Corr* de SAS versión 9.0.

1.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

1.5.1 Grupo Riego

1.5.1.1 Análisis de varianza

En el Cuadro 1 se muestran los cuadrados medios del análisis de varianza (ANAVA) para los diferentes genotipos evaluados del Grupo Riego. Se encontraron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) entre genotipos para todas las variables estudiadas, excepto para almidón que solo mostró significancia con $p \leq 0.05$. Las diferencias estadísticas encontradas entre genotipos fueron asociadas a la variación entre los genotipos, al tipo de acción génica presente, así como a la expresión de heterosis entre las cruzas (Guerrero-Guerrero *et al.*, 2012; Esquivel-Esquivel *et al.*, 2013; Sánchez-Ramírez *et al.*, 2017).

Cuadro 1. Cuadrados medios del análisis de varianza para algunas características nutricionales en un sistema de cruzas dialélicas completo, desarrollado con líneas de maíz del Grupo Riego para los Valles Altos Centrales de México.

Fuente	Gl	Aceite	Proteína	Almidón	Cenizas	Ácido Fóico
Repetición	1/2 ⁺	0.002	1.28	41.42	0.028	0.021
Genotipos	24	1.299**	5.10**	69.52*	0.395**	0.367**
ACG	4	0.400**	5.09**	64.83ns	0.323*	0.247**
ACE	10	1.798**	5.97**	82.66*	0.583**	0.410**
EfMat	4	2.505**	8.62**	47.99ns	0.114**	0.337**
EfRec	6	0.366**	1.30**	65.12ns	0.319**	0.395**
Error	24/48 ⁺	0.094	0.37	33.31	0.010	0.018
CV (%)		5.77	8.32	6.95	6.79	6.41

Gl = Grados de libertad; ACG = Aptitud combinatoria general; ACE = Aptitud combinatoria específica; EfMat = Efectos maternos; EfRec = Efectos recíprocos; CV = Coeficiente de Variación; * = significativo $p \leq 0.05$; ** = altamente significativo $p \leq 0.01$; ns = no significativo estadísticamente.

+ = Izquierda, grados de libertad para variable aceite; derecha, grados de libertad para el resto de variables.

Al separar la fuente de variación Cruzas en ACG y ACE, se presentaron diferencias altamente significativas para las variables estudiadas, excepto para el contenido de almidón donde sólo hubo significancia para los efectos de ACE (Cuadro 1). De acuerdo a los valores de suma de cuadrados

del análisis de varianza (datos no mostrados), la contribución a la varianza de las características bioquímicas evaluadas en el grano, debida a las cruzas, estuvo explicada en promedio por ACE en 53 %, ACG en 12 %, EfRec en 20 % y EfMat en 15 %; lo que indica que los efectos genéticos aditivos y no aditivos (dominancia y epistasis) estuvieron involucrados en la mayoría de las variables; específicamente, los efectos genéticos de dominancia y epistasis (ACE) fueron los de mayor expresión para todas las variables, en comparación con los efectos aditivos (ACG), lo que señala que la acción génica no aditiva (ACE) presentó un papel de mayor relevancia en la expresión de estas variables bioquímicas.

Klein *et al.* (2014) y Prashant *et al.* (2017), en componentes bioquímicos determinados en el grano de maíz analizados bajo el Diseño II dialélico, también encontraron que los efectos no aditivos fueron los de mayor importancia. Estos resultados contrastan con los reportados por Picón-Rico *et al.* (2018) en maíz, en donde los efectos aditivos fueron mayores para el contenido de aceite en el grano.

Los efectos maternos (EfMat) y recíprocos (EfRec) fueron altamente significativos para todas las características, excepto en almidón; es decir, que los valores obtenidos en las cruzas directas (i, j) fueron diferentes a los obtenidos en las cruzas recíprocas (j, i). Lo anterior indica que para la producción de semilla de alguna craza en particular, en lo referente al incremento o reducción en el contenido de alguno de estos compuestos, se debe considerar específicamente cuál de las líneas fungirá como progenitor femenino o masculino.

1.5.1.2 Aptitud combinatoria general

Los valores de los efectos de ACG (g_i) de las líneas se muestran en el Cuadro 2. Para contenido de aceite, las líneas L2, L3 y L4 tuvieron valores positivos de ACG, aunque sólo L2 tuvo efectos significativos; también fueron estas líneas las que mostraron los valores mayores *per se* para este compuesto: L4 ($5.58 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms), L3 ($5.17 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms) y L2 ($5.10 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms).

Los valores de ACG fueron relativamente bajos en todas las variables de estudio. Al respecto, Sánchez-Ramírez *et al.* (2017) asocian este comportamiento con el método utilizado en la selección de las líneas altamente endogámicas (de manera *per se* y no con pruebas previas de

ACG). Bajo este supuesto, se clasificó a las líneas con efectos positivos o de ACG alta (L3, L4, L2) y las líneas con efectos negativos de ACG baja (L5 y L1).

Para las variables contenido de proteína y de cenizas, las líneas L3 y L4 mostraron efectos positivos y significativos de ACG, con 0.34 y 0.33 para proteína y 0.07 y 0.08 para cenizas, respectivamente. En contenido de proteína, ninguna de las dos líneas figuró como la de contenido mayor *per se* entre todos los progenitores, con 8.08 y 8.39 g · 100 g⁻¹ de ms, respectivamente; no así para las cenizas donde L4 y L3 tuvieron el contenido mayor entre todas las líneas (2.22 y 2.18 g · 100 g⁻¹ de ms). Lo anterior indicaría que estas líneas altamente endogámicas poseen una porción considerable de genes de efectos aditivos que se expresan favorablemente en el grano, lo que representa la posibilidad de incrementar su contenido en el grano, a través de esquemas de selección; además, esto sugiere que las cruzas formadas con los dos progenitores señalados podrían generar las mejores combinaciones para mayor contenido de aceite, proteína y cenizas.

Cuadro 2. Contenido nutricional (*per se*) y efectos de aptitud combinatoria general (g_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego para los Valles Altos Centrales de México.

Línea ^α	Aceite ^α	g_i	Proteína ^α	g_i	Almidón ^α	g_i	Cenizas ^α	g_i	Ácido Fítico ^α	g_i
L1	3.44	-0.07	7.43	-0.67*	83.40	1.35	1.14	-0.05*	1.76	0.04
L2	5.10*	0.17*	8.29	0.01	76.39	-1.43	1.45	0.06*	2.09*	0.01
L3	5.17*	0.01	8.08	0.34*	79.21	-1.27	2.18*	0.07*	2.22*	-0.08*
L4	5.58*	0.08	8.39	0.33*	75.92	-0.38	2.22*	0.08*	2.83*	0.13*
L5	3.55	-0.19*	9.62*	-0.01	76.48	1.74	1.51	-0.16*	2.26*	-0.09*
DSH	0.68	0.256	1.02	0.395	9.88	3.751	0.13	0.068	0.17	0.087

^α = expresados en g · 100 g⁻¹ de ms; * = significativo (p ≤ 0.05); DSH = Diferencia Significativa Honesta.

Para la variable almidón los valores altos de ACG los mostraron las líneas L5 y L1 con 1.74 y 1.35, pero en contenido *per se* tuvieron los valores más extremos: 76.48 y 83.40 g · 100 g⁻¹ de ms, respectivamente. El efecto de ACG más bajo lo presentó L2 con -1.43, aunque en contenido ésta tuvo un comportamiento medio de 76.39 g · 100 g⁻¹ de ms. Sin embargo, en el análisis de varianza dialélico (Cuadro 1) las diferencias de ACG para almidón no fueron estadísticamente significativas.

La línea L5 mostró efectos negativos de ACG para cuatro de las cinco variables evaluadas, lo que podría reflejarse en que los cruzamientos que involucren a esta línea, en promedio, podrían expresar poco potencial de incremento en el contenido de compuestos bioquímicos; no obstante, si lo que se desea es contar con líneas de maíz que reduzcan la concentración de ácido fítico en el grano para consumo humano, dada la incapacidad de los organismos monogástricos para asimilar este compuesto (Raboy, 2001), esta línea, junto con L3, podrían ser valiosas por su valor negativo y significativo de ACG.

En general, L3 y L2 mostraron buena respuesta para cuatro de las cinco variables de calidad del grano, por lo que se esperaría que las cruzas que involucren a estos progenitores debieran de presentar valores altos de ACE y de rendimiento de los compuestos bioquímicos estudiados. Se encontró que la expresión del contenido de cenizas y de aceite estuvo directamente asociada con el efecto g_i ; por ejemplo, la línea L4 tuvo la mayor cantidad de aceite ($5.58 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms) y de cenizas ($2.22 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms), con valor alto de ACG (0.08, por igual), mientras que la línea L1 tuvo el menor contenido de aceite ($3.44 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms) y bajo efecto de ACG (-0.07).

1.5.1.3 Aptitud combinatoria específica

Los efectos de ACE para los compuestos bioquímicos de las cruzas posibles se muestran en el Cuadro 3. Las cruzas que expresaron los rendimientos más altos de aceite, proteína, cenizas, almidón y ácido fítico, fueron diferentes entre sí. En aceite no se encontraron diferencias estadísticas significativas entre las diez cruzas de mayor contenido, cuyo intervalo de variación fluctuó entre 6.83 y $5.66 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. En estas cruzas, con contenido mayor de aceite, estuvieron involucrados los progenitores L2, L3 y L4, fungiendo como hembras o como machos, con altos efectos de ACG y s_{ij} positivos (excepto L4xL3 con un valor de -0.01). La craza formada por los progenitores de baja ACG (L5xL1) resultó la de mayor contenido de aceite ($6.83 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms), esto debido quizá a su valor alto y positivo de s_{ij} . Para esta variable, las cruzas más bajas en aceite no necesariamente involucraron progenitores con baja ACG o presentaron efectos negativos de ACE.

Para proteína no se encontraron diferencias estadísticas significativas entre las 12 cruzas de contenido mayor, cuyo intervalo de variación osciló entre 8.95 a $7.21 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. Destacaron tres progenitores que intervinieron en las cruzas de contenido protéico mayor: L2, L3 y L4 que

participaron como machos o hembras. Los valores máximos de proteína (8.95 y $8.87 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms) no necesariamente se relacionaron con s_{ij} altos (-0.11 y -0.43), aun cuando su origen fueron los progenitores con alta ACG (L3xL4 y L2xL4). Las cruzas de más bajo contenido (L4xL2, L4xL1 y L5xL1) presentaron valores bajos de s_{ij} (-0.43 , -0.38 y -1.67 , respectivamente). Resultados similares reportan Picón-Rico *et al.* (2018) quienes no encontraron consistencia entre los valores altos de ACG de los progenitores con los valores altos de ACE de sus cruzas, para algunos componentes agronómicos y el contenido de aceite de grano blanco de maíz; afirman que el comportamiento de las cruzas no puede ser predicho basándose sólo en los estimadores de ACG de los progenitores.

Otros estudios señalan que una crusa simple tendrá alto rendimiento de grano si sus dos líneas progenitoras son de alta ACG o si al menos una de sus líneas tiene alta ACG y el efecto ACE de la crusa es alto; también, en los casos donde las cruzas de rendimiento alto estén formadas con líneas de ACG baja, pero con efectos de ACE positivos y altos (Ávila *et al.*, 2009; Guerrero-Guerrero *et al.*, 2012; Sánchez-Ramírez, *et al.*, 2017). En este estudio no necesariamente las líneas con alta ACG produjeron las mejores combinaciones híbridas para los caracteres evaluados.

Resultados similares reportan Cervantes-Ortiz *et al.* (2007) en trabajos realizados sobre algunas características de plántula y de planta adulta de maíz, donde líneas con alta ACG no precisamente produjeron buenas combinaciones híbridas para los caracteres evaluados. Por su parte, Long *et al.* (2004), en estudios sobre biofortificación mineral (hierro y zinc) en el grano de maíz, no encontraron relaciones favorables de los efectos positivos o negativos de ACE, independientemente de que si los híbridos se formaron a partir de la combinación de progenitores con ACG alta x alta, alta x baja o baja x baja.

Aunque en contenido de proteína (Cuadro 3) se presentaron valores superiores al promedio general (Cuadro 5), ello no implica que estas cruzas sean consideradas como de alta calidad protéica (QPMs), puesto que se desconoce la cantidad y tipo de aminoácidos presentes. Generalmente se consideran poblaciones QPM a aquéllas que tengan $8 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms de proteína, pero con alto contenido de los aminoácidos lisina y triptófano (2.6 y $0.6 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms en promedio, respectivamente). Debido a que este estudio fue una exploración preliminar de las características bioquímicas del grano, no se abordó el estudio puntual de los aminoácidos; aunque es de interés conocer la composición detallada de la proteína de estos genotipos para proponer de

Cuadro 3. Efecto de aptitud combinatoria específica (s_{ij}) de las cruzas de mayor a menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en el grano de maíz del Grupo Riego.

Cruza	Aceite ^o	s_{ij}	Cruza	Proteína ^o	s_{ij}	Cruza	Almidón ^o	s_{ij}	Cruza	Cenizas ^o	s_{ij}	Cruza	Ácido fítico ^o	s_{ij}
L5xL1	6.83*	0.84*	L3xL4	8.95*	-0.11	L5xL2	90.87	4.56*	L5xL1	1.85*	0.32*	L1xL2	2.75*	0.19*
L1xL3	6.48*	0.32*	L2xL4	8.87*	-0.43*	L5xL4	88.78	4.40	L1xL3	1.83*	-0.01	L4xL1	2.36*	0.10*
L4xL5	6.19*	0.30*	L3xL5	8.53*	0.18*	L1xL5	88.75	-0.20	L2xL4	1.82*	-0.12	L5xL1	2.33	0.02*
L2xL5	5.99*	0.58*	L4xL5	8.29*	0.54*	L4xL5	88.68	4.40	L1xL2	1.79*	0.11	L1xL4	2.30	0.10*
L4xL1	5.93*	0.18	L5xL4	8.15*	0.54*	L4xL2	87.76	1.72	L2xL5	1.71*	0.16*	L1xL3	2.22	0.07*
L4xL3	5.93*	-0.01	L3XL2	7.85*	0.05	L3XL1	87.60	2.43	L2xL3	1.70*	0.02	L2XL5	2.22	0.20*
L1XL2	5.92*	0.39*	L1XL4	7.81*	-0.38*	L5XL3	87.37	1.22	L4xL3	1.62*	-0.02	L5XL2	2.15	0.20*
L3XL2	5.86*	0.19	L2xL3	7.67*	0.05	L2XL1	87.27	0.16	L3xL4	1.62*	-0.02	L4xL3	2.15	-0.01
L5XL2	5.74*	0.58*	L2XL1	7.66*	0.80*	L2XL5	84.83	4.56*	L3XL2	1.58*	0.02	L4XL2	2.12	-0.26*
L2XL1	5.66*	0.39*	L1XL2	7.32*	0.80*	L4XL1	84.79	-0.11	L2XL1	1.45	0.11	L3XL5	2.08	-0.25*
L2xL3	5.49	0.19	L3XL1	7.30*	-0.16*	L4xL3	84.44	0.28	L1XL4	1.45	-0.15	L3xL4	2.06	-0.01
L4XL2	5.36	-0.57*	L5XL3	7.21*	0.18*	L1XL3	83.37	2.43	L5XL2	1.40	0.16*	L4XL5	2.05	-0.35*
L1XL4	5.06	0.18	L4xL3	6.89	-0.11	L5XL1	82.99	-0.20	L1XL5	1.36	0.32*	L3XL1	1.95	0.07*
L1XL5	4.95	0.84*	L1XL3	6.42	-0.16*	L1XL4	82.89	-0.11	L4XL5	1.36	-0.28*	L3XL2	1.93	-0.13*
L3XL5	4.88	-0.34*	L1XL5	6.17	-1.67*	L3XL5	81.96	1.22	L4XL1	1.31	-0.15	L2XL1	1.86	0.19*
L3xL4	4.86	-0.01	L2xL5	6.10	-1.33*	L2xL3	81.78	-2.71	L4xL2	1.20	-0.12	L2xL3	1.79	-0.13*
L5xL4	4.79	0.30*	L5xL2	5.98	-1.33*	L1xL2	78.86	0.16	L3xL1	1.19	-0.01	L2xL4	1.77	-0.26*
L5xL3	4.70	-0.34*	L4xL2	5.66	-0.43*	L3xL4	78.78	0.28	L3xL5	1.02	-0.54*	L1xL5	1.74	0.02*
L3xL1	4.65	0.32*	L4xL1	5.45	-0.38*	L2xL4	78.02	1.72	L5xL4	0.90	-0.28*	L5xL4	1.45	-0.35*
L2xL4	4.61	-0.57*	L5xL1	3.85	-1.67*	L3xL2	73.37	-2.71	L5xL3	0.70	-0.54*	L5xL3	1.21	-0.25*
DSH	1.74	0.62		1.80	0.95		17.45	9.04		0.33	0.16		0.42	0.21

* = significativo ($p \leq 0.05$); DSH = Diferencia Significativa Honesta; ° = $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms.

mejor manera un programa de mejoramiento genético, por lo que deberá diseñarse un estudio específico para tal fin.

Con respecto al compuesto almidón, en general las cruzas con mayor contenido presentaron valores altos de s_{ij} . Entre las cuatro cruzas más rendidoras de almidón participó la línea L5, como progenitor macho o hembra. Las dos cruzas superiores en almidón fueron L5xL2 y L5xL4, con 90.87 y 88.78 g · 100 g⁻¹ de ms, también resultaron ser las de mayor efecto de ACE, con 4.56 y 4.40, respectivamente. El valor más bajo de s_{ij} lo presentaron las cruzas L5xL1 y L2xL3 y sus cruzas recíprocas, con -0.20 y -2.71.

Para el contenido de cenizas no hubo diferencias estadísticas significativas entre las nueve cruzas de más alta concentración, cuyo intervalo de variación fluctuó entre 1.85 y 1.58 g · 100 g⁻¹ de ms. No se encontró relación entre los valores altos de ACE con las cruzas superiores; sin embargo, las cruzas de contenido menor sí mostraron valores bajos de s_{ij} . La cruz L5xL1, con el contenido mayor de minerales en el grano (1.85 g · 100 g⁻¹ de ms) estuvo formada por las dos líneas de baja ACG para esta variable, pero fue la cruz de más alto efecto de s_{ij} con 0.32. El efecto y contenido de cenizas más bajo lo presentó la cruz L5xL3 con -0.54 y 0.70 g · 100 g⁻¹ de ms. Comparado con valores de cenizas reportados en la literatura (0.81 g · 100 g⁻¹ de ms, Qamar *et al.*, 2016) y (1.80 g · 100 g⁻¹ de ms, Cázares-Sánchez *et al.*, 2015), algunos genotipos analizados en el presente estudio pueden considerarse como de alto contenido mineral.

Para el ácido fítico se encontraron diferencias estadísticas significativas a partir del segundo genotipo de contenido mayor del compuesto bioquímico (Cuadro 3). La línea L1 participó en las cinco cruzas de contenido mayor como hembra o como macho, con valores positivos de s_{ij} , por lo que es probable que las cruzas que involucren a este progenitor pudieran mostrar incrementos sustantivos en el contenido de ácido fítico en el grano. Lo anterior puede ser importante en el área de ganadería, ya que si los piensos se suplementan con fitasa, con el uso de estas cruzas de alta producción de ácido fítico se podría aumentar la biodisponibilidad de fósforo en los animales, además de que se reduciría la contaminación por fósforo en las áreas con unidades intensivas de ganadería (Vats y Banerjee, 2004). Caso contrario, las cruzas L5xL4 y L5xL3 tuvieron los contenidos menores de ácido fítico con 1.74, 1.45 y 1.21 g · 100 g⁻¹ de ms y valores negativos de ACE (-0.35 y -0.25, respectivamente) lo que resulta favorable para el consumo humano y de otras especies monogástricas que están imposibilitadas para metabolizar eficientemente este compuesto (Raboy, 2001).

Con el desarrollo de este estudio se logró diferenciar que la expresión del mayor contenido en cada variable no estuvo necesariamente asociada con valores de s_{ij} altos, sobre todo en las variables contenido de proteína y de minerales.

1.5.1.4 Efectos maternos y recíprocos

Los efectos maternos de las líneas progenitoras se presentan en el Cuadro 4, en donde se observa que los valores positivos en el contenido de aceite de las líneas L4 y L5 indican que tales progenitores expresaron su mayor potencial para producir aceite en sus cruzas directas; es decir, cuando estas líneas se usan exclusivamente como progenitor femenino. Las líneas L1, L2 y L3 tuvieron valores negativos, por lo que se espera se comporten contrariamente a esto.

La línea L2 resultó un buen progenitor femenino pues demostró efectos positivos para proteína (0.35), almidón (0.11), cenizas (0.07), y con efecto materno negativo para la producción de ácido fítico (-0.13) lo que indica que empleada como hembra, su progenie mostrará detrimento en esta característica pero con altos valores en las otras variables. Respuesta similar la presentó la línea L5, en las variables aceite (3.55, 0.01), almidón (76.48, 0.58) y ácido fítico (2.26, -0.09).

Cuadro 4. Contenido nutricional (*per se*) y efectos maternos (m_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego para Valles Altos del Centro de México.

Línea	Aceite \square	m_i	Proteína \square	m_i	Almidón \square	m_i	Cenizas \square	m_i	Ác. Fítico \square	m_i
L1	3.44	-0.07	7.43	0.35	83.40	-0.88	1.14	0.06	1.76	0.05
L2	5.10	-0.12	8.29	0.35	76.39	0.11	1.45	0.07	2.09	-0.13*
L3	5.17	-0.24*	8.08	0.44	79.21	-1.53	2.18	-0.04	2.22	0.07
L4	5.58	0.41*	8.39	-0.75*	75.92	1.72	2.22	-0.03	2.83	0.11*
L5	3.55	0.01	9.62	-0.39	76.48	0.58	1.51	-0.06	2.26	-0.09
DSH		0.61		0.988				0.17		0.218

\square = expresados en $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms; DSH = Diferencia Significativa Honesta; * = significativo ($p \leq 0.05$).

Las líneas más rendidoras en proteína fueron L5 ($9.62 g \cdot 100 g^{-1}$ de ms) y L4 ($8.39 g \cdot 100 g^{-1}$ de ms) aunque mostraron efectos maternos negativos (-0.389 y -0.748, respectivamente), lo que indica que sus cruzas recíprocas presentarán mayor contenido del compuesto. El mismo comportamiento se presentó para el contenido de almidón en las líneas L1 y L3, con 83.40 y 79.21 $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms, y efectos de -0.877 y -1.525, respectivamente.

1.5.1.5 Estructura genética del Grupo Riego

Se consideraron para el análisis de la estructura genética los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de cada uno de los compuestos bioquímicos evaluados (Cuadro 5).

Con base en los valores de los efectos, la estructura genética de los compuestos en los cruzamientos no presentó tendencias claras.

De acuerdo a los valores genotípicos para el contenido de aceite, las cruzas sobresalientes podrían ser empleadas como híbridos, ya que los efectos de $g_i + g_j < s_{ij}$; es decir, que los efectos aditivos fueron menores que los no aditivos, por lo que se esperaría que estas cruzas mostraran cambios aleatorios en generaciones posteriores (F_n). Para proteína, las tres cruzas más rendidoras mostraron efectos $g_i + g_j > s_{ij}$, por lo que estas combinaciones genéticas posiblemente no presenten depresión endogámica significativa en sus generaciones avanzadas, pudiéndose utilizar como variedades de polinización libre o formar con ellas una variedad sintética. Las cruzas L4xL5 y L5xL4 mostraron valores $g_i + g_j < s_{ij}$ por lo que también podrían ser aprovechadas como híbridos.

En general, para la producción de almidón se observó que en las combinaciones de líneas, los efectos no aditivos fueron de mayor importancia que los aditivos; por lo tanto, las líneas en estudio podrían usarse para la formación de híbridos productores de almidones. Para contenido de cenizas se presentó variación en cuanto al efecto predominante en las cruzas L5xL1, L1xL2 y L2xL5, pues mostraron efectos $g_i + g_j < s_{ij}$, mientras que L1xL3 y L2xL4 tuvieron efectos $g_i + g_j > s_{ij}$ por lo que en un programa de mejoramiento para incrementar el contenido en esta variable, algunos genotipos tendrían que ser manejados por hibridación y otros por selección para la formación de variedades.

Cuadro 5. Estructura genética de los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en grano del Grupo Riego.

Variable	Cruza	Y _{ij} (g·100g ⁻¹ de ms)	μ	En el Núcleo		En el Citoplasma	
				g _i +g _j	s _{ij}	m _i -m _j	r _{ij}
Aceite	L5xL1	6.83	5.31	-0.263	0.842	0.073	0.868
	L1xL3	6.48		-0.061	0.321	0.169	0.744
	L4xL5	6.19		-0.109	0.295	0.405	0.298
	L2xL5	5.99		-0.020	0.577	-0.120	0.242
	L4xL1	5.93		0.008	0.178	0.478	0.298
	L3xL1	4.65		-0.061	0.321	-0.169	-0.744
	L2xL4	4.61		0.251	-0.573	-0.525	0.148
Proteína	L3xL4	8.95	7.36	0.669	-0.106	1.192	-0.163
	L2xL4	8.87		0.338	-0.428	1.096	0.510
	L3xL5	8.53		0.336	0.179	0.833	-0.174
	L4xL5	8.29		0.321	0.543	-0.359	0.432
	L5xL4	8.15		0.321	0.543	0.359	-0.432
	L4xL1	5.45		-0.347	-0.383	-1.093	-0.085
	L5xL1	3.85		-0.68	-1.667	-0.734	-0.423
Almidón	L5xL2	90.87	82.98	0.308	4.559	0.473	2.543
	L5xL4	88.78		1.352	4.398	-1.142	1.190
	L1xL5	88.75		3.086	-0.200	-1.455	4.334
	L4xL5	88.68		1.352	4.398	1.142	-1.190
	L4xL2	87.76		-1.812	1.718	1.615	3.254
	L2xL4	78.02		-1.812	1.718	-1.615	-3.254
	L3xL2	73.37		-2.701	-2.705	-1.630	-2.543
Cenizas	L5xL1	1.85	1.50	-0.207	0.317	-0.124	0.370
	L1xL3	1.83		0.022	-0.008	0.106	0.211
	L2xL4	1.82		0.139	-0.123	0.101	0.208
	L1xL2	1.79		0.017	0.109	-0.008	0.178
	L2xL5	1.71		-0.100	0.163	0.132	0.024
	L5xL4	0.90		-0.085	-0.278	-0.031	-0.201
	L5xL3	0.70		-0.095	-0.540	-0.018	-0.145
Ácido Fítico	L1xL2	2.75	2.07	0.048	0.192	0.183	0.262
	L4xL1	2.36		0.163	0.100	0.058	-0.032
	L5xL1	2.33		-0.055	0.024	-0.144	0.440
	L1xL4	2.30		0.163	0.100	-0.058	0.032
	L1xL3	2.22		-0.046	0.067	-0.015	0.146
	L5xL4	1.45		0.034	-0.348	-0.202	-0.097
	L5xL3	1.21		-0.175	-0.249	-0.159	-0.275

Y_{ij} = valor fenotípico observado de la cruza (i, j); μ = media general; g_i y g_j = efecto de la ACG del progenitor i y j, respectivamente; s_{ij} = efecto de ACE de la cruza (i, j); m_i-m_j = efectos maternos aportados por ambos progenitores a cada cruza; r_{ij} = efecto recíproco de cruza.

1.5.2 Grupo Riego y Temporal

1.5.2.1 Análisis de varianza

En el Cuadro 6 se muestran los cuadrados medios del análisis de varianza para los diferentes genotipos evaluados del Grupo Riego y Temporal. Se encontraron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) entre cruzas y para todas las variables estudiadas, lo cual indica que al menos uno de los genotipos mostró diferencias en el contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas o ácido fólico en el grano. Estas diferencias pueden atribuirse a la existencia de una amplia variabilidad genética entre los genotipos, al tipo de acción génica que en ellos actúa, así como a la disponibilidad de heterosis en las cruzas (Prashant-Bisen *et al.*, 2017, Sánchez-Ramírez *et al.*, 2017). En la partición del cuadrado medio de las cruzas para los efectos de ACG, ACE, y EfRec hubo diferencias significativas ($p < 0.01$) en todos los caracteres, no así para los EfMat donde sólo se presentó en las variables cenizas y ácido fólico ($p < 0.01$) y en proteína ($p < 0.05$).

Cuadro 6. Cuadrados medios del análisis de varianza para algunas características nutricionales en un sistema de cruzas dialélicas completo desarrollado con líneas de maíz del Grupo Riego y Temporal en los Valles Altos Centrales de México.

Fuente	Gl	Aceite	Proteína	Almidón	Cenizas	Ácido Fólico
Repetición	1/2 ⁺	0.046	0.365	16.805	0.009	0.006
Cruzas	24	1.273**	4.361**	93.352**	0.338**	0.356**
ACG	4	2.216**	8.258**	251.437**	0.247**	0.407**
ACE	10	1.236**	2.843**	73.436*	0.397**	0.365**
EfM	4	0.145ns	2.565*	8.631ns	0.252**	0.329**
EfR	6	1.458**	5.491**	77.635*	0.355**	0.325**
Error	24/48 ⁺	0.090	0.750	29.108	0.004	0.051
CV		5.994	11.992	6.223	4.489	13.128

Gl = Grados de libertad; ACG= Aptitud combinatoria general; ACE = Aptitud combinatoria específica; EfM = Efectos maternos; EfR = Efectos recíprocos; CV = Coeficiente de Variación; * = significativo ($p \leq 0.05$); ** = altamente significativo ($p \leq 0.01$); ns = no significativo estadísticamente.

+ = Izquierda, grados de libertad para variable aceite; derecha, grados de libertad para el resto de variables.

De acuerdo a los valores de suma de cuadrados del análisis de varianza (datos no mostrados), la contribución a la varianza debida a las cruzas, en las características bioquímicas del grano evaluadas en este grupo, el efecto de la ACE fue el de mayor contribución para el contenido de aceite, cenizas y ácido fítico, al explicar el 40 %, 49 % y 43 %, respectivamente, en comparación a sus efectos de ACG (29 %, 12 %, 19%, respectivamente). Para las variables contenido de proteína y almidón, el efecto de la ACG explicó la mayor proporción de la varianza expresada en las cruzas, con 32 % y 45 % de participación, respectivamente, en relación a los efectos de ACE con 27 % en proteína y 33 % en almidón. Lo anterior indica que los efectos genéticos aditivos (ACG) y no aditivos (dominancia y epistasis) relacionados con la ACE están involucrados en todas las variables bioquímicas evaluadas.

Estos resultados concuerdan con los reportados por Prashant-Bisen *et al.* (2017) que al evaluar algunas características bioquímicas, incluidas el contenido de aceite, almidón y proteína, en el grano de 45 cruzas simples de maíz QPM de la India bajo el Diseño II de Griffing (1956), encontraron significancia para los efectos de ACG y ACE en sus variables. Del mismo modo, Espinosa *et al.* (2010) encontraron valores significativos de los efectos de ACG y de ACE sobre el rendimiento de antocianinas en el grano de cruzas dialélicas de cinco poblaciones nativas de maíz pigmentado.

Concretamente, para el Grupo Riego y Temporal los efectos genéticos de dominancia y epistasis (ACE) fueron los de mayor expresión en aceite, cenizas y ácido fítico, en comparación con los efectos aditivos (ACG), que fueron de mayor relevancia en las variables almidón y proteína. Estos resultados concuerdan parcialmente con los reportados por Kamaluddin *et al.* (2011) y Yao *et al.* (2014) quienes encontraron efectos significativos y altos de ACG para contenido de proteína en el grano de genotipos de trigo; sin embargo contrastan con lo reportado por Prashant *et al.* (2017) quienes encontraron que el efecto de ACE fue superior para contenido de aceite, almidón y proteína en el grano de genotipos de maíz. Picón-Rico *et al.*, (2018) por su parte, encontraron mayor efecto genético aditivo en el contenido de aceite en el grano de líneas doble haploides de maíz.

Referente a los efectos maternos y recíprocos, el EfRec tuvo mayor presencia que EfMat pues explicó 26 % de la variación dada en las cruzas, en contraste con 8 % que representó EfMat.

Esto indica que en la producción de semilla la expresión de los caracteres bioquímicos en estos genotipos serán afectados dependiendo qué genotipo funge como progenitor femenino.

1.5.2.2 Aptitud combinatoria general

Los valores de los efectos de ACG de las líneas se muestran en el Cuadro 7. En contenido de aceite dos líneas tuvieron valores positivos de ACG: L6 (4.67 g · 100 g⁻¹ de materia seca), L9 (6.00 g · 100 g⁻¹ de ms). La línea L9, además, mostró el mayor valor *per se* para este compuesto. Para las variables contenido de proteína, L7 mostró el mayor valor *per se* (8.26 g · 100 g⁻¹ de materia seca) así como el valor más alto y significativo g_i (0.79). L6 y L10 también tuvieron valores positivos, pero no significativos, de ACG, con 0.10 y 0.07. Estas dos líneas no figuraron como las de mayor contenido *per se* entre todos los progenitores, pero tampoco como las de menor valor (7.29 y 7.45 g · 100 g⁻¹ de ms, respectivamente). Para contenido de almidón, las líneas L9, L8 y L10 mostraron efectos altos y significativos de ACE con 2.24, 2.22 y 1.83, respectivamente; además, presentaron los mayores contenidos de almidón *per se* entre las líneas (88.68, 82.52 y 88.26 g · 100 g⁻¹ de ms, respectivamente).

Cuadro 7. Contenido nutricional (*per se*) y efectos de aptitud combinatoria general (g_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego y Temporal para los Valles Altos Centrales de México.

Línea	Aceite \square	g_i	Proteína \square	g_i	Almidón \square	g_i	Cenizas \square	g_i	Ácido fítico \square	g_i
L6	4.67	0.14	7.29*	0.10	79.25	-2.66*	1.20	-0.11*	1.66	0.04
L7	3.84	-0.33*	8.26*	0.79*	74.48	-3.63*	1.60	0.12*	1.86	0.11*
L8	5.80*	-0.13	5.76	-0.48*	82.52*	2.22*	1.84*	0.01	2.40*	0.04
L9	6.00*	0.51*	5.43	-0.48*	86.68*	2.24*	1.90*	0.05	1.97	0.02
L10	3.90	-0.20	7.45*	0.07	88.26*	1.83*	1.21	-0.07	1.08	-0.20*
DSH	0.35	0.25	1.66	0.56	6.2	3.51	0.072	0.04	0.32	0.15

\square = expresados en g · 100 g⁻¹ de ms; DSH = Diferencia Significativa Honesta; * = significativo (p ≤ 0.05).

Para la variable contenido de cenizas, las líneas L7, L9 y L8 mostraron efectos positivos g_i con 0.12 0.05 y 0.01 cada línea, siendo significativo el efecto en la línea L7; estas tres líneas también expresaron los valores más altos del contenido de cenizas de todas las líneas del grupo; las dos líneas restantes, L6 y L10, presentaron valores negativos g_i (-0.11 y -0.07) y los menores valores

en contenido nutrimental de todos los progenitores del grupo. Para ácido fítico, las líneas L6, L7, L8 y L9 mostraron altos valores del efecto de ACG con 0.04, 0.11, 0.04 y 0.02, respectivamente, así como contenidos *per se* de medios a altos en el grano. La línea L10 tuvo el menor valor de ácido fítico en grano con $1.08 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms y un valor bajo (-0.20) del efecto de ACG.

Diferentes líneas expresaron mejor comportamiento en el contenido nutrimental de los compuestos evaluados en el grano. La línea L7 expresó los valores más altos y significativos de los efectos de ACG en el contenido de proteína, cenizas y ácido fítico; la línea L10, por su parte, sobresalió en los compuestos proteína, almidón y ácido fítico, este último con efectos bajos y significativos de interés cuando el objetivo de un programa de mejoramiento es reducir el contenido del compuesto en grano para consumo humano o de animales monogástricos.

Sólo la línea L9 expresó buen comportamiento en el contenido bioquímico del grano y valores altos g_i en cuatro de las cinco variables evaluadas, excepto proteína. Esto sugiere que estas líneas altamente endogámicas poseen una porción considerable de genes de efectos aditivos que se expresan favorablemente en el grano, proporcionándole mayor calidad; además, que las cruzas formadas con estos progenitores podrían generar mejores combinaciones para mayor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas o ácido fítico en grano.

1.5.2.3 Aptitud combinatoria específica

Los efectos de ACE para los compuestos bioquímicos estudiados en el grupo de maíces de las cruzas posibles para sistemas de riego y temporal de este Grupo se muestran en el Cuadro 8. Fueron diferentes las cruzas que expresaron los más altos rendimientos de aceite, proteína, cenizas, almidón y ácido fítico. En aceite el contenido en el grano fluctuó entre 6.41 y $3.55 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. Las cinco cruzas con mayor contenido de aceite estuvieron L9xL10, L6xL9, L10xL9, L7xL6 y L6xL7 formadas con al menos un progenitor con alto efecto de ACG y s_{ij} positivos; excepto L6xL9 que tuvo un valor de -0.12, pero con ambos progenitores de alta ACG.

Para esta variable, las nueve cruzas más bajas en aceite involucraron al menos un progenitor con baja ACG, además de que presentaron efectos negativos de ACE.

Cuadro 8. Efecto de aptitud combinatoria específica (s_{ij}) de las cruzas de mayor a menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico del Grupo Riego y Temporal.

Cruza	Aceite ^o	s_{ij}	Cruza	Proteína ^o	s_{ij}	Cruza	Almidón ^o	s_{ij}	Cruza	Cenizas ^o	s_{ij}	Cruza	Ácido fítico ^o	s_{ij}
L9XL¹⁰	6.41*	0.71*	L¹⁰X L7	9.83*	0.95*	L8X L¹⁰	96.64	2.05	L ¹⁰ X L8	2.00*	0.26	L6X L7	2.29*	0.22*
L6X L9	6.36*	-0.12	L7X L9	9.16*	0.42*	L8X L9	95.51	3.51	L6X L7	1.98*	0.39*	L6X L¹⁰	2.14*	0.06
L¹⁰X L9	5.66*	0.71*	L6X L7	9.06*	-0.80*	L9X L8	93.82	3.51	L ¹⁰ X L9	1.89*	0.19	L6X L9	1.94*	0.13
L7XL6	5.66*	0.80*	L ¹⁰ X L6	9.02*	0.26	L6X L8	92.40	2.89	L7X L9	1.79*	-0.09	L7X L9	1.93*	-0.09
L6XL7	5.61*	0.80*	L7X L¹⁰	8.24*	0.95*	L9X L7	92.13	3.20	L7X L6	1.74	0.39*	L7X L6	1.91*	0.22*
L8XL6	5.51*	-0.40*	L8x L7	7.83*	-0.03	L ¹⁰ X L7	90.07	3.20	L7x L8	1.74	-0.01	L9X L6	1.9*	0.13
L ¹⁰ X L6	5.47*	0.35*	L6X L8	7.63*	0.75*	L ¹⁰ X L8	88.97	2.05	L7X L ¹⁰	1.68	-0.20	L7X L ¹⁰	1.89*	-0.05
L9X L8	5.33*	-0.63*	L8X L6	7.55*	0.75*	L9X L ¹⁰	87.74	-3.10	L8x L7	1.41	-0.01	L7x L8	1.89*	0.002
L9X L7	5.29*	0.07	L8X L9	7.16	0.79*	L ¹⁰ X L9	87.60	-3.10	L9X L6	1.39	-0.03	L9X L ¹⁰	1.89*	0.08
L7XL9	5.26*	0.07	L7x L8	7.16	-0.03	L6X L9	87.20	0.89	L6X L ¹⁰	1.39	-0.14	L8x L7	1.85*	0.002
L6X L ¹⁰	5.14*	0.35*	L9X L8	6.94	0.79*	L9X L6	87.14	0.89	L9X L ¹⁰	1.36	0.19	L ¹⁰ X L8	1.77*	0.08
L ¹⁰ XL8	4.95	-0.01	L9X L6	6.92	-0.09	L ¹⁰ X L6	87.09	-0.03	L8X L6	1.35	-0.19	L8X L6	1.77*	-0.28*
L7X L ¹⁰	4.73	-0.34*	L9X L7	6.75	0.42*	L7X L ¹⁰	86.13	3.20	L6X L9	1.34	-0.03	L9X L7	1.6*	-0.09
L9X L6	4.73	-0.12	L9X L ¹⁰	6.63	-0.29	L8X L6	85.89	2.89	L8X L ¹⁰	1.32	0.26	L ¹⁰ X L9	1.52	0.16*
L7x L8	4.56	-0.01	L6X L9	6.58	-0.09	L8x L7	85.64	0.16	L9X L7	1.29	-0.09	L8X L ¹⁰	1.51	0.08
L8x L7	4.55	-0.01	L ¹⁰ X L9	6.41	-0.29	L7x L8	85.26	0.16	L8XL9	1.13	-0.41*	L9X L8	1.46	-0.41*
L8X L ¹⁰	4.41	-0.01	L6X L ¹⁰	6.28	0.26	L7X L6	85.04	-1.61	L9X L8	1.09	-0.41*	L8X L9	1.29	-0.41*
L8X L9	4.22	-0.63*	L ¹⁰ X L8	5.86	-1.02*	L7X L9	84.90	3.20	L6X L8	1.01	-0.19	L ¹⁰ X L7	1.27	-0.05
L6X L8	3.75	-0.40*	L8X L ¹⁰	5.72	-1.02*	L6X L ¹⁰	84.60	-0.03	L ¹⁰ X L7	0.92	-0.20	L6X L8	1.27	-0.28*
L ¹⁰ X L7	3.55	-0.34*	L7X L6	5.56	-0.80*	L6X L7	72.57	-1.61	L ¹⁰ X L6	0.90	-0.14	L ¹⁰ X L6	1.11	0.06
DSH	1.30	0.61		2.44	1.36		17.78	8.45		0.21	0.10		0.71	0.35

* = significativo ($p \leq 0.05$); DSH = Diferencia Significativa Honesta; ^o = g · 100 g⁻¹ de ms.

Para proteína, el intervalo de variación osciló entre 8.95 a $7.81 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. Destacaron dos progenitores que intervinieron en las cinco cruzas de mayor contenido protéico: L7 y L10 que participan como machos o hembras, cuyos valores de proteína (de 9.83 a $8.24 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms) se relacionan con s_{ij} altos, excepto la craza L6xL7 con efectos negativos (-0.80); sin embargo, los progenitores de esta craza son de alto efecto ACG, por lo que es probable que esto haya causado una respuesta heterótica favorable en la craza. Caso contrario, las siete cruzas de más bajo contenido protéico presentaron valores bajos de s_{ij} , excepto la craza L6xL10 con valor de 0.26 . Resultados similares reportan Ávila *et al.* (2009), Guerrero-Guerrero *et al.* (2012) y Sánchez-Ramírez, *et al.* (2017) al estudiar algunos componentes agronómicos de maíz, en donde señalan que una craza simple tendrá altos rendimientos de grano si sus dos líneas progenitoras son de alta ACG, o si al menos una de sus líneas tiene alta ACG pero el efecto ACE de la craza es alto; también, en los casos donde las cruzas de rendimiento alto estén formadas con líneas de ACG baja pero con efectos de ACE positivos y altos.

Aunque en el contenido de proteína (Cuadro 8) se presentaron valores superiores al promedio general del grupo ($7.23 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms) esto no implica que se trate de maíces de alta calidad protéica (QPM), puesto que, al igual que en el Grupo Riego, se ignora el valor de disponibilidad y cantidad de los aminoácidos presentes. Generalmente se consideran poblaciones QPM a aquellas que tengan 8 g de proteína $\cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms, pero con alto contenido de lisina y triptófano ($2.6 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms y $0.6 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms en promedio, respectivamente).

Con respecto al contenido de almidón, las siete cruzas con mayor contenido en el grano tuvieron valores altos de s_{ij} . La línea L8 participó en las cuatro primeras cruzas más rendidoras de almidón, como progenitor macho o hembra. Una craza directa (L8xL9) y su craza recíproca (L9xL8), fueron la segunda y tercera craza de mayor contenido, con 95.51 y $93.82 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms, también resultaron ser las de mayor efecto de ACE, con un valor de 3.51 ; del mismo modo, la combinación L8xL10 y su craza recíproca (L10xL8) estuvieron entre las siete combinaciones con el mayor contenido de almidón, sus efectos s_{ij} fueron de 2.05 y valores de contenido de almidón 96.64 y $88.97 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms, respectivamente.

En tres de los cuatro cruzamientos de menor contenido de almidón participó la línea L7 como progenitor macho o hembra, en las combinaciones L7xL6, L6xL10, L6xL7 y con efectos bajos de ACE (-1.61, -0.03, -1.61, respectivamente).

En el contenido de cenizas, el intervalo de variación de las cruzas fluctuó entre 2.00 y 0.90 g · 100 g⁻¹ de ms. No se encontró relación entre los valores altos de ACE con las cruzas superiores; sin embargo, las cruzas de menor contenido sí mostraron valores bajos de s_{ij} . La cruz L10xL6, con el mayor contenido de minerales en el grano (2.00 g · 100 g⁻¹ de ms) estuvo formada por las dos líneas de alta ACG para esta variable. El efecto de ACE y uno de los contenidos más bajos de cenizas lo presentó la cruz L8xL9 y su cruz recíproca L9xL8 con 1.13 y 1.09 g · 100 g⁻¹ de ms. Comparado con los valores de cenizas reportados en la literatura (1.36 g · 100 g⁻¹ de ms; Shobha *et al.*, 2010) y (1.20 g · 100 g⁻¹ de ms; Nuss y Tanumihardjo, 2010), se encontró que algunos genotipos analizados en el presente estudio pueden considerarse como de alto contenido mineral.

Para Ácido fítico la línea L6 participó en cinco de las seis cruzas de más contenido *per se* en el grano, como hembra o como macho, con valores positivos de s_{ij} y significativos ($p \leq 0.05$) del efecto en las cruzas L6xL7 y L7xL6 (0.22). Esto sugiere que es probable que las cruzas que involucren a este progenitor podrían mostrar incrementos sustantivos en el contenido de Ácido fítico en el grano. Como se ha mencionado, estas combinaciones genéticas específicas pueden ser importantes en el área de ganadería, debido a que el ácido fítico representa la mayor fracción de fósforo contenido en el grano de maíz, el cual con un manejo adecuado que disocie a ambos componentes, la producción de híbridos con estas líneas podría implementarse para su buen aprovechamiento.

Caso contrario, las cruzas de menor contenidos de ácido fítico presentaron valores negativos de ACE lo que resulta favorable para el consumo humano y de otras especies monogástricas que están imposibilitadas para metabolizar eficientemente este compuesto, cuando es consumido mediante la ingesta de granos de cereales, incluido el maíz (Gupta *et al.*, 2015).

La expresión del mayor contenido de cada variable bioquímica en estudio no estuvo necesariamente asociada con valores de s_{ij} altos, sobre todo en contenido de proteína y de minerales.

1.5.2.4 Efectos maternos y recíprocos

En el Cuadro 9 se muestran los efectos maternos de las líneas progenitoras. Se observa que los valores positivos para el contenido de aceite de las líneas L7, L8 y L9 indican que tales progenitores expresaron su mayor potencial para producir aceite en sus cruzas directas; es decir, que responden cuando las líneas se usan exclusivamente como progenitor femenino. Las líneas L6 y L10 tuvieron valores negativos, por lo que se espera se comporten contrariamente a esto.

Cuadro 9. Contenido nutricional (*per se*) y efectos maternos (m_i) de cinco líneas de maíz del Grupo Riego y Temporal para los Valles Altos Centrales de México.

Línea	Aceite α	m_i	Proteína α	m_i	Almidón α	m_i	Cenizas α	m_i	Ácido fítico α	m_i
L6	4.67	-0.05	7.29	0.05	79.25	-0.84	1.20	0.03	1.66	0.10
L7	3.84	0.12	8.26	-0.33	74.48	0.09	1.60	0.14*	1.86	0.06
L8	5.80	0.01	5.76	0.07	82.52	0.32	1.84	-0.06*	2.40	0.003
L9	6.00	0.03	5.43	-0.21	86.68	0.56	1.90	-0.10*	1.97	0.02
L10	3.90	-0.11	7.45	0.42	88.26	-0.14	1.21	-0.004	1.08	-0.18
DHS		0.63		1.41		8.77		0.11		0.37

α = expresados en $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms; DSH = Diferencia Significativa Honesta; * = significativo ($p \leq 0.05$).

La línea L7 resultó ser un buen progenitor femenino pues demostró efectos positivos para el contenido de aceite (0.12), almidón (0.09), cenizas (0.14), y con efectos maternos relativamente bajos para la producción de ácido fítico (0.003) lo que indica que empleada como hembra, su progenie mostrará poco incremento en los valores para esta característica, lo cual es favorable para el consumo humano, aunado a la producción alta en aceite, almidón y cenizas. Respuesta similar la presenta la línea L10, en las variables aceite (7.45, 0.42) y ácido fítico (1.08, -0.18).

Para demostrar la significancia de los efectos recíprocos se considera como ejemplo las cruzas L7xL9 y L6xL7 las cuales no presentaron el mismo comportamiento fenotípico en las referentes cruzas directas que en las recíprocas, de tal manera que en la cruce directa tuvieron una media en contenido de proteína de 9.16 y 9.06 $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms, respectivamente, mientras que en sus cruzas recíprocas de 6.75 y 5.56 $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms (Cuadro 8).

1.5.2.5 Estructura genética

Para el análisis de la estructura genética se consideró los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de cada uno de los compuestos bioquímicos evaluados (Cuadro 10).

Cuadro 10. Estructura genética de los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en grano del Grupo Riego y Temporal.

Variable	Cruza	Y _{ij} ^α	μ	En el Núcleo		En el Citoplasma	
				g _i + g _j	s _{ij}	m _i - m _j	r _{ij}
Aceite	L9XL10	6.41	5.01	0.31	0.71	0.13	0.24
	L6X L9	6.36		0.65	-0.12	-0.08	0.89
	L10X L9	5.66		0.31	0.71	-0.13	-0.24
	L7XL6	5.66		-0.18	0.80	0.17	-0.15
	L6XL7	5.61		-0.18	0.80	-0.17	0.15
	L6X L8	3.75		0.02	-0.40	-0.06	-0.82
	L10X L7	3.55		-0.53	-0.34	-0.23	-0.37
Proteína	L10X L7	9.83	7.22	0.86	0.95	0.76	0.04
	L7X L9	9.16		0.31	0.42	-0.13	1.34
	L6X L7	9.06		0.89	-0.80	0.38	1.37
	L10X L6	9.02		0.17	0.26	0.37	1.00
	L7X L10	8.24		0.86	0.95	-0.76	-0.04
	L8X L10	5.72		-0.41	-1.02	-0.36	0.29
	L7X L6	5.56		0.89	-0.80	-0.38	-1.37
Almidón	L8X L10	96.64	86.7	4.05	2.05	0.46	3.37
	L8X L9	95.51		4.46	3.51	-0.24	1.08
	L9X L8	93.82		4.46	3.51	0.24	-1.08
	L6X L8	92.4		-0.44	2.89	-1.16	4.41
	L9X L7	92.13		-1.39	3.20	0.47	3.14
	L6X L10	84.6		-0.83	-0.03	-0.70	-0.54
	L6X L7	72.57		-6.29	-1.61	-0.93	-5.31
Cenizas	L10X L8	2	1.46	-0.06	0.26	0.06	0.28
	L6X L7	1.98		0.01	0.39	-0.10	0.22
	L10X L9	1.89		-0.02	0.19	0.10	0.17
	L7X L9	1.79		0.17	-0.09	0.24	0.01
	L7X L6	1.74		0.01	0.39	0.10	-0.22
	L10X L7	0.92		0.05	-0.20	-0.14	-0.24
	L10X L6	0.9		-0.18	-0.14	-0.04	-0.21
Ácido fítico	L6X L7	2.29	1.73	0.14	0.22	0.04	0.16
	L6X L10	2.14		-0.16	0.06	0.27	0.24
	L6X L9	1.94		0.06	0.13	0.08	-0.06
	L7X L9	1.93		0.13	-0.09	0.04	0.12
	L7X L6	1.91		0.14	0.22	-0.04	-0.16
	L6X L8	1.27		0.07	-0.28	0.09	-0.34
	L10X L6	1.11		-0.16	0.06	-0.27	-0.24

Y_{ij} = valor fenotípico observado de la cruza (i, j); μ = media general; g_i y g_j = efecto de la ACG del progenitor i y j, respectivamente; s_{ij} = efecto de ACE de la cruza (i, j); α = expresada en g del compuesto en 100 g⁻¹ de materia seca del grano.

Con base en los valores de los efectos de cada genotipo, la estructura genética de los compuestos en los cruzamientos no presentó tendencias claras.

Con base en los valores genotípicos de las cruzas del grupo, en la variable contenido de aceite las cruzas sobresalientes podrían ser manejados por hibridación, puesto que los efectos de $g_i + g_j < s_{ij}$; es decir, que los efectos aditivos fueron menores que los no aditivos; por lo que se esperaría que estas cruzas mostraran cambios aleatorios en generaciones posteriores (F_n).

Para proteína, aunque algunos de los genotipos más rendidores mostraron valores altos en los efectos aditivos, los efectos no aditivos fueron superiores ($g_i + g_j < s_{ij}$); por lo tanto, al igual que para el contenido de aceite, las cruzas sobresalientes en contenido de proteína podrían ser manejadas por hibridación.

Para la producción de almidón se observó que en las combinaciones de líneas, tanto los efectos no aditivos como los no aditivos se presentaron entre las cruzas; por ejemplo, las líneas L6xL8 y L9xL7 con mayores efectos no aditivos ($g_i + g_j < s_{ij}$) podrían usarse como híbridos productores de almidones, caso contrario, las cruzas L8xL10, L8xL9 y L9xL8 donde los efectos aditivos fueron mayores ($g_i + g_j > s_{ij}$) podrían manejarse por selección recurrente para obtener variedades de polinización libre, sin detrimentos importantes posteriores.

Para el contenido de cenizas en general en las cinco cruzas de mayor contenido, el efecto sobresaliente fue el de no aditivo ($g_i + g_j < s_{ij}$), por lo que en un programa de mejoramiento para incrementar esta variable, los genotipos tendrían que ser manejados por hibridación. El mismo comportamiento se presentó con respecto a la variable ácido fítico, donde los valores s_{ij} fueron de mayor efecto que los valores $g_i + g_j$.

1.5.3 Grupo Maíces Altamente Endogámicos (MAE)

1.5.3.1 Análisis de varianza

En el Cuadro 11 se muestran los cuadrados medios del análisis de varianza (ANAVA) para los diferentes genotipos evaluados en el grupo MAE. Las diferencias estadísticas encontradas entre genotipos fueron asociadas a la existencia de variación entre los genotipos, al tipo de acción génica presente, así como a la expresión de heterosis promedio entre las cruzas. Dada la significancia encontrada entre los genotipos del grupo, se hizo la partición del cuadrado medio en ACG, ACE, EfMat y EfRec. Los efectos de ACG presentaron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) para las variables aceite y cenizas, y significativas ($p \leq 0.05$) para proteína. Los efectos de ACE,

por su parte, presentaron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) para todas las variables. Los EfMat y EfRec fueron altamente significativos para las variables aceite, cenizas y ácido fítico, lo cual indica que hubo diferencias en la manifestación de estos componentes entre cruza directa y recíprocas, debido a efectos de interacción entre el ADN nuclear y citoplásmico (Sánchez-Hernández, 2010).

Cuadro 11. Cuadrados medios del análisis de varianza para algunas características nutricionales en un sistema de cruza dialélicas completo, desarrollado con líneas de maíz del Grupo MAE para los Valles Altos Centrales de México.

Fuente	Gl	Aceite	Proteína	Almidón	Ceniza	Ácido Fítico
Repetición	1/2 ⁺	0.088	0.125	7.52	0.030	0.023
Genotipos	24	1.347**	3.425**	73.01**	0.230**	0.403**
ACG	4	1.162**	2.790*	34.46ns	0.128**	0.075ns
ACE	10	0.520**	6.310**	132.41**	0.161**	0.284**
EfM	4	0.842**	1.301ns	31.63ns	0.382**	0.938**
EfR	6	3.184**	0.455ns	27.31ns	0.312**	0.464**
Error	24/48 ⁺	0.128	0.757	25.01	0.010	0.031
CV		7.136	10.944	6.37	6.718	9.328

Gl = Grados de libertad; ACG = Aptitud combinatoria general; ACE = Aptitud combinatoria específica; EfM = Efectos maternos; EfR = Efectos recíprocos; CV = Coeficiente de Variación; * = significativo ($p \leq 0.05$); ** = altamente significativo $p \leq 0.01$; ns = no significativo estadísticamente.

+ = Izquierda, grados de libertad para la variable lípidos; derecha, grados de libertad para el resto de variables.

De acuerdo a los valores de suma de cuadrados del análisis de varianza (datos no mostrados), la contribución a la varianza de las características bioquímicas del grano evaluadas, dada en los genotipos, estuvo explicada de forma general por la ACE en 45 %, la ACG en 10 %, los EfRec en 27 % y EfMat en 18 %; lo que indica que los efectos genéticos aditivos y no aditivos (dominancia y epistasis) actúan en la mayoría de las variables; sin embargo, los efectos genéticos de dominancia y epistasis (ACE) fueron los de mayor importancia en la expresión de la concentración para todas las variables, en comparación con los efectos aditivos (ACG). Estos resultados coinciden con los de algunos trabajos, como los de Singh *et al.* (2014) en genotipos de trigo analizados bajo el diseño I dialélico, o los de Klein *et al.* (2014) en maíz analizado con el diseño II dialélico; ambos indicaron

que los efectos aditivos y de dominancia estuvieron presentes en sus genotipos; sin embargo, los efectos de dominancia (ACE) fueron mayores que los aditivos (ACG).

1.5.3.2 Aptitud combinatoria general

Los valores de los efectos de ACG de las líneas se muestran en el Cuadro 12. En contenido de aceite dos líneas tuvieron valores positivos de ACG L15 (0.34) y L12 (0.14), siendo L15 también la de mayor contenido *per se* entre los genotipos, con $6.10 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. Para la variable contenido de proteína las líneas L12 y L13 mostraron valores positivos de ACG, con 0.16, y 0.44, respectivamente, y también con el mayor contenido de proteína entre los progenitores fungió la línea L13, con $9.86 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. Para las cenizas, estas mismas líneas junto con L14 tuvieron efectos positivos de ACG con 0.07, 0.03 y 0.02, respectivamente, aunque no figuraron como los progenitores de mayor contenido entre todas las líneas. Este grupo de líneas altamente endogámicas poseen una porción considerable de genes de efectos aditivos que se expresan favorablemente en el grano, proporcionándole mayor calidad; además, se esperaría que las cruzas formadas con estos tres progenitores puedan generar mejores combinaciones para mayor contenido de aceite, proteína y cenizas.

Cuadro 12. Contenido nutricional (*per se*) y efectos de aptitud combinatoria general (g_i) de cinco líneas de maíz del Grupo MAE para los Valles Altos Centrales de México.

Línea	Aceite α	g_i	Proteína α	g_i	Almidón α	g_i	Cenizas α	g_i	Ácido Fítico α	g_i
L11	5.29	-0.09*	9.34*	-0.08	89.75*	0.93	1.65*	-0.11*	1.91	0.02
L12	4.97	0.14*	6.23	0.16*	89.79*	1.31	1.57	0.07*	2.30*	0.04
L13	4.35	-0.27*	9.84*	0.44*	84.39	-0.41	1.37	0.03*	1.67	-0.07
L14	4.35	-0.13*	8.85	-0.31*	76.47	-1.21	1.30	0.02*	1.44	-0.03
L15	6.10*	0.34*	8.60	-0.21*	76.28	-0.61	1.71*	-0.01*	2.14*	0.04
DSH	0.42	0.30	0.96	0.57	5.03	3.25	0.13	0.06	0.20	0.11

$\alpha = \text{g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms; DSH = Diferencia Significativa Honesta; * = significativo ($p \leq 0.05$).

La línea L12 resultó ser un buen progenitor en términos de su ACG debido a los valores altos y significativos que se observan para la variables aceite, proteína y cenizas. L13, por su parte, sobresalió por sus valores altos en proteína ($9.84 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms, 0.44), cenizas ($1.37 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$

de ms, 0.03) y bajos de ácido fítico ($1.67 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms, -0.07), este último compuesto es favorable cuando lo que se busque sea la poca producción en grano.

1.5.3.3 Aptitud combinatoria específica

Los efectos de ACE para los compuestos bioquímicos estudiados de las cruzas posibles se muestran en el Cuadro 13. Fueron diferentes las cruzas que expresaron los más altos rendimientos de aceite, proteína, cenizas, almidón y ácido fítico. En aceite, el intervalo de variación del grupo fluctuó entre 6.67 y $3.79 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. Sólo la craza L12xL14 y su craza recíproca presentaron efectos significativos altos de ACE (0.48). Para esta variable, las cruzas más bajas en aceite no necesariamente involucraron progenitores con baja ACG o presentaron efectos negativos de ACE.

Para proteína, no se encontraron diferencias estadísticas significativas entre la mayoría de cruzas. El intervalo de variación del grupo osciló entre 9.22 a $5.77 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms.

Destacan dos cruzas y sus respectivas cruzas recíprocas como los seis genotipos de mayor contenido de proteína: L12xL13, L13xL12, L11xL12 y L12xL11, las que además se relacionaron con valores s_{ij} altos y significativos (Cuadro 13). Contrariamente, las cruzas de más bajo contenido (L14xL12, L14xL11 y L15xL11) presentaron valores bajos y significativos de s_{ij} . Picón-Rico *et al.* (2018) mencionan que los valores negativos de los efectos de ACE se pueden deber a la falta de heterosis, al cruzar líneas derivadas de la misma población.

Con respecto al contenido de almidón, en general los efectos de ACE no fueron significativos, excepto para las cruzas L11xL12 y L12xL11 (-7.74); sin embargo, se encontraron valores interesantes cuyo intervalo de variación fue de 82.22 a $69.38 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. El valor más bajo del contenido de almidón lo presentaron efectos s_{ij} bajos.

Para contenido de cenizas el intervalo de variación fluctuó entre 2.06 a $0.79 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. No se encontró relación entre los valores altos de ACE con las cruzas superiores; sin embargo las cruzas L14xL13 y L13xL12 (2.06 y 1.97 , respectivamente) superiores en contenido si mostraron efectos positivos y significativos de ACE (0.19 y 0.11). El efecto y contenido de cenizas más bajo lo presentó la craza L15xL11 con -0.20 y $0.79 \text{ g} \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms. Comparado con valores de cenizas de los grupos anteriores, algunos genotipos de este grupo, pueden considerarse de alto contenido de cenizas.

Cuadro 13. Efecto de aptitud combinatoria específica (s_{ij}) de las cruzas de mayor a menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en el grano de maíz del Grupo MAE.

Cruza	Aceite ^o	s_{ij}	Cruza	Proteína ^o	s_{ij}	Cruza	Almidón ^o	s_{ij}	Cruza	Cenizas ^o	s_{ij}	Cruza	Ácido fítico ^o	s_{ij}
L ¹² xL ¹¹	6.67*	0.24	L ¹² xL ¹³	9.22*	0.36*	L ¹⁵ xL ¹¹	82.22	1.70	L ¹⁴ xL ¹³	2.06*	0.19*	L ¹¹ xL ¹⁵	2.54*	0.19*
L ¹² xL ¹⁴	6.28*	0.48*	L ¹¹ xL ¹²	9.15*	1.03*	L ¹⁵ x L ¹³	81.73	1.75	L ¹³ xL ¹²	1.97*	0.11*	L ¹¹ xL ¹³	2.49*	0.02
L ¹¹ xL ¹³	6.00*	0.24	L ¹² xL ¹¹	8.99*	1.03*	L ¹² xL ¹⁴	80.82	2.10	L ¹² xL ¹⁴	1.80*	0.02	L ¹³ xL ¹²	2.33*	0.19*
L ¹⁴ xL ¹⁵	5.95*	0.20	L ¹⁴ xL ¹³	8.90*	0.21	L ¹⁴ xL ¹²	80.49	2.10	L ¹¹ xL ¹²	1.65	-0.13*	L ¹⁴ xL ¹³	2.19*	0.08
L ¹⁵ x L ¹²	5.75*	-0.12	L ¹² xL ¹⁵	8.79*	0.54*	L ¹³ xL ¹²	79.88	-0.17	L ¹¹ xL ¹³	1.60	-0.01	L ¹² xL ¹⁴	2.13*	0.06
L ¹³ xL ¹⁵	5.69*	-0.07	L ¹³ xL ¹²	8.60*	0.36*	L ¹⁴ xL ¹⁵	79.79	0.41	L ¹⁴ xL ¹⁵	1.58	0.03	L ¹¹ xL ¹²	2.10*	-0.27*
L ¹⁴ xL ¹³	5.59*	0.22	L ¹⁵ xL ¹³	8.13*	-0.71*	L ¹³ xL ¹¹	79.76	-4.40	L ¹² xL ¹⁵	1.58	0.04	L ¹⁵ xL ¹⁴	2.10*	0.16*
L ¹¹ xL ¹⁵	5.23*	-0.43*	L ¹⁵ xL ¹²	8.08*	0.54*	L ¹⁴ xL ¹¹	79.36	1.00	L ¹⁵ xL ¹²	1.57	0.04	L ¹⁴ xL ¹¹	2.08*	0.08
L ¹³ xL ¹²	5.08	-0.27*	L ¹² xL ¹⁴	8.01*	0.11	L ¹¹ xL ¹⁴	78.98	1.00	L ¹³ xL ¹⁵	1.54	-0.11*	L ¹⁴ xL ¹⁵	1.99*	0.16*
L ¹² xL ¹⁵	4.99	-0.12	L ¹⁴ xL ¹²	7.81*	0.11	L ¹¹ xL ¹⁵	78.74	1.70	L ¹¹ xL ¹⁵	1.53	-0.20*	L ¹⁵ xL ¹³	1.91	-0.22*
L ¹⁵ xL ¹⁴	4.88	0.20	L ¹³ xL ¹⁴	7.67*	0.21	L ¹² xL ¹³	78.49	-0.17	L ¹⁴ xL ¹¹	1.46	-0.03	L ¹¹ xL ¹⁴	1.81	0.08
L ¹⁴ xL ¹²	4.70	0.48*	L ¹¹ xL ¹³	7.61*	-0.87*	L ¹³ xL ¹⁵	76.64	1.75	L ¹⁵ xL ¹⁴	1.44	0.03	L ¹⁴ xL ¹²	1.78	0.06
L ¹⁴ xL ¹¹	4.43	-0.51*	L ¹¹ xL ¹⁵	7.38*	-0.38*	L ¹² xL ¹⁵	76.37	-2.90	L ¹² xL ¹³	1.42	0.11*	L ¹² xL ¹³	1.76	0.19*
L ¹⁵ xL ¹¹	4.42	-0.43*	L ¹³ xL ¹¹	7.28*	-0.87*	L ¹⁵ xL ¹²	76.14	-2.90	L ¹³ xL ¹⁴	1.38	0.19*	L ¹⁵ xL ¹¹	1.71	0.19*
L ¹⁵ xL ¹³	4.33	-0.07	L ¹⁵ xL ¹¹	7.16*	-0.38*	L ¹² xL ¹¹	74.88	-7.74*	L ¹⁴ xL ¹²	1.38	0.02	L ¹⁵ xL ¹²	1.66	-0.31*
L ¹² xL ¹³	4.13	-0.27*	L ¹⁵ xL ¹⁴	7.04*	-0.53*	L ¹⁵ xL ¹⁴	74.30	0.41	L ¹¹ xL ¹⁴	1.26	-0.03	L ¹² xL ¹⁵	1.64	-0.31*
L ¹¹ xL ¹⁴	4.11	-0.51*	L ¹³ xL ¹⁵	6.81*	-0.71*	L ¹³ xL ¹⁴	73.24	-3.94	L ¹⁵ xL ¹³	1.25	-0.11*	L ¹³ xL ¹⁴	1.52	0.08
L ¹³ xL ¹⁴	4.06	0.22	L ¹⁴ xL ¹⁵	6.75*	-0.53*	L ¹⁴ xL ¹³	72.53	-3.94	L ¹³ xL ¹¹	1.20	-0.01	L ¹³ xL ¹⁵	1.35	-0.22*
L ¹¹ xL ¹²	3.93	0.24	L ¹¹ xL ¹⁴	6.69*	-1.33*	L ¹¹ xL ¹²	71.05	-7.74*	L ¹² xL ¹¹	0.97	-0.13*	L ¹² xL ¹¹	1.25	-0.27*
L ¹³ xL ¹¹	3.79	0.24	L ¹⁴ xL ¹¹	5.77	-1.33*	L ¹¹ xL ¹³	69.38	-4.40	L ¹⁵ xL ¹¹	0.79	-0.20*	L ¹³ xL ¹¹	1.20	0.02
DSH	1.55	0.72		2.73	1.36		16.32	7.83		0.32	0.16		0.58	0.27

DSH = Diferencia Significativa Honesta; * = significativo ($p \leq 0.05$); ^o = g · 100 g⁻¹ de ms.

Para ácido fólico tres cruzas directas (L11xL15, L13xL12 y L15xL14) y sus respectivas cruzas recíprocas presentaron valores positivos y significativos de s_{ij} de 0.16, 0.16 y 0.19, respectivamente. Lo que sugiere que es probable que estas cruzas podrían mostrar incrementos sustantivos en el contenido de ácido fólico en el grano. Las cruzas L13xL15 y L12xL11 tuvieron bajos contenidos de ácido fólico con 1.35y 1.25 $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms y valores negativos y significativos de ACE (-0.22 y -0.27, respectivamente), que al igual que los otros grupos, resulta favorable para el consumo humano y de otras especies monogástricas al hacer disponible para la absorción minerales como el hierro y el zinc.

Se logró diferenciar que la expresión del mayor contenido de cada variable, en general, estuvo asociada con valores de s_{ij} altos, sobre todo en las variables contenido de ácido fólico y almidón.

1.5.3.4 Efectos maternos y recíprocos

Los efectos maternos de los progenitores se presentan en el Cuadro 14, en donde se observa que los valores positivos en contenido de aceite de las líneas L12 y L14 indican que tales progenitores expresaron su mayor potencial para producir aceite en sus cruzas directas; es decir, cuando estas líneas se usaron exclusivamente como progenitor femenino. Las líneas L11, L13 y L15 tuvieron valores negativos, por lo que se espera se comporten contrariamente a esto.

La línea L12 resultó un buen progenitor femenino pues demostró efectos positivos para proteína (0.14), almidón (0.30), aceite (0.26), y con efecto materno negativo para la producción de ácido fólico (-0.11) lo que indica que al emplear L12 como hembra, su progeñie mostrará bajos niveles de ácido fólico y altos valores en las demás variables. Respuesta similar la presenta la línea L14 en las variables aceite (4.35, 0.13), almidón (76.47, 0.48) y cenizas (1.30, 0.06).

Cuadro 14. Contenido nutricional (*per se*) y efectos maternos (m_i) de cinco líneas de maíz del Grupo MAE para los Valles Altos del Centro de México.

Línea	Aceite α	m_i	Proteína α	m_i	Almidón α	m_i	Cenizas α	m_i	Ácido fólico α	m_i
L11	5.29	-0.003	9.34	0.16	89.75	-1.81	1.65	0.16*	1.91	0.27*
L12	4.97	0.26	6.23	0.14	89.79	0.30	1.57	-0.08*	2.30	-0.11*
L13	4.35	-0.14	9.84	-0.35	84.39	0.74	1.37	-0.02*	1.67	-0.19*
L14	4.35	0.13	8.85	-0.02	76.47	0.48	1.30	0.06*	1.44	0.05*
L15	6.10	-0.25	8.60	0.07	76.28	0.28	1.71	-0.12*	2.14	-0.01
DSH		0.74		1.41		8.13		0.16		0.29

α = $g \cdot 100 g^{-1}$ de ms; DSH = Diferencia Significativa Honesta; * = significativo ($p \leq 0.05$).

1.5.3.4 Estructura genética

Para el análisis de la estructura genética se consideraron los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de cada uno de los compuestos bioquímicos evaluados (Cuadro 15).

Con base en los valores genotípicos, se tuvo que para el contenido de aceite los efectos de $g_i + g_j < s_{ij}$; es decir, que los efectos aditivos fueron menores que los no aditivos; por lo tanto, las cruzas sobresalientes podrían ser empleadas como híbridos.

Para proteína, almidón y ácido fólico, las cruzas de más altos contenidos mostraron la tendencia de mantener la relación $g_i + g_j < s_{ij}$, similar al contenido de aceite; lo que implica que los efectos no aditivos fueron de mayor importancia que los aditivos para estas variables; por lo tanto, las líneas en estudio podrían usarse como híbridos productores de proteína, almidón o ácido fólico. Este comportamiento se debió probablemente a que las cruzas fueron originadas con líneas altamente endogámicas, por lo que se pudo expresar un alto valor heterótico a partir de ellas.

En el contenido de cenizas se observan efectos $g_i + g_j > s_{ij}$ por lo que se espera que estas combinaciones genéticas no presenten depresión endogámica significativa en sus generaciones avanzadas, pudiéndose utilizar como variedades de polinización libre o formar con ellas una variedad sintética.

Cuadro 15. Estructura genética de los cinco cruzamientos de mayor y los dos de menor contenido de aceite, proteína, almidón, cenizas y ácido fítico en grano del grupo MAE.

Variable	Cruza	$Y_{ij\alpha}$	$\mu\alpha$	En el Núcleo		En el Citoplasma	
				$g_i + g_j$	s_{ij}	$m_i - m_j$	r_{ij}
Aceite	L12XL11	6.67	5.00	0.06	0.24	0.26	1.10
	L12XL14	6.28		0.01	0.48	0.13	0.67
	L11XL13	6		-0.35	0.24	0.14	0.96
	L14XL15	5.95		0.21	0.20	0.38	0.15
	L15XL12	5.75		0.48	-0.12	-0.51	0.89
	L11XL12	3.93		0.06	0.24	-0.26	-1.10
	L13XL11	3.79		-0.35	0.24	-0.14	-0.96
Proteína	L12XL13	9.22	7.95	0.60	0.36	0.49	-0.18
	L11XL12	9.15		0.09	1.03	0.03	0.05
	L12XL11	8.99		0.09	1.03	-0.03	-0.05
	L14XL13	8.9		0.13	0.21	0.33	0.28
	L12XL15	8.79		-0.05	0.54	0.07	0.28
	L11XL14	6.69		-0.39	-1.33	0.18	0.28
	L14XL11	5.77		-0.39	-1.33	-0.18	-0.28
Almidón	L15XL11	82.22	78.46	0.32	1.70	2.09	-0.35
	L15XL13	81.73		-1.02	1.75	-0.45	3.00
	L12XL14	80.82		0.10	2.10	-0.18	0.35
	L14XL12	80.49		0.10	2.10	0.18	-0.35
	L13XL12	79.88		0.90	-0.17	0.44	0.26
	L11XL12	71.05		2.24	-7.74	-2.11	0.19
	L11XL13	69.38		0.51	-4.40	-2.55	-2.65
Cenizas	L14XL13	2.06	1.48	0.05	0.19	0.08	0.26
	L13XL12	1.97		0.10	0.11	0.06	0.22
	L12XL14	1.8		0.08	0.02	-0.14	0.35
	L11XL12	1.65		-0.04	-0.13	0.24	0.10
	L11XL13	1.6		-0.07	-0.01	0.19	0.01
	L12XL11	0.97		-0.04	-0.13	-0.24	-0.10
	L15XL11	0.79		-0.12	-0.20	-0.28	-0.09
Ácido fítico	L11XL15	2.54	1.88	0.06	0.19	0.28	0.13
	L11XL13	2.49		-0.05	0.02	0.46	0.18
	L13XL12	2.33		-0.03	0.19	-0.08	0.37
	L14XL13	2.19		-0.10	0.08	0.24	0.09
	L12XL14	2.13		0.01	0.06	-0.16	0.33
	L12XL11	1.25		0.06	-0.27	-0.38	-0.05
	L13XL11	1.2		-0.05	0.02	-0.46	-0.18

Y_{ij} = valor fenotípico observado de la cruza (i, j); μ = media general; $\alpha = g \cdot 100 \text{ g}^{-1}$ de ms; g_i y g_j = efecto de la ACG del progenitor i y j , respectivamente; s_{ij} = efecto de ACE de la cruza (i, j).

1.5.4 Correlaciones entre componentes agronómicos y nutricionales del grano en los genotipos del grupo riego y temporal

Sumado a lo antes descrito, comprender la relación entre los rasgos nutricionalmente importantes en el grano de maíz y otros componentes de interés, como los agronómicos es muy importante, desde la perspectiva de un mejorador, para integrar en un genotipo la mayor cantidad de caracteres que conlleven a la obtención de alto rendimiento y buena calidad del mismo (Chander *et al.*, 2008).

Con el objetivo análogo de mejorar el valor nutricional del grano que favorezca su uso final, y debido al interesante comportamiento bioquímico mostrado por los genotipos del Grupo Riego y Temporal, se determinaron las correlaciones entre el contenido de los compuestos evaluados en el grano y los componentes agronómicos: rendimiento (Rend), peso de las mazorcas primarias (PMz1), peso del grano (PGrMz) y longitud de la mazorca (LMz), mismas que se muestran en el Cuadro 16.

Cuadro 16. Coeficientes de correlación (R^2) entre las variables agronómicas y nutrimentales del grano de las cruzas posibles entre cinco líneas que constituyen el Grupo Riego y Temporal.

	Rd	PMz1	PGrMz	LMz	Aceite	Proteína	Almidón	Cenizas	Ácido fítico.
Rd	1.00								
PMz1	0.87**	1.00							
PGrMz	0.83**	0.91**	1.00						
LMz	0.68**	0.78**	0.73**	1.00					
Aceite	0.16	0.18	0.16	-0.13	1.00				
Proteína	-0.04	0.04	0.03	-0.03	-0.40*	1.00			
Almidón	0.58**	0.32	0.43**	0.35**	-0.15	-0.28	1.00		
Cenizas	-0.20	-0.01	-0.14	0.03	0.39	-0.31	-0.48*	1.00	
Ácido fítico	-0.06	0.11	-0.06	-0.04	0.52**	-0.26	-0.60**	0.72**	1.00

Rend = rendimiento ($t \cdot ha^{-1}$); PMz1 = Peso de las mazorcas primarias por parcela (Kg); PGrMz = Peso del grano por mazorca (g); LMz = Longitud de mazorca (cm); Aceite, Proteína, Almidón, Cenizas, Ácido Fítico = ($g \cdot 100 g^{-1}$ de ms); * = significativo ($p \leq 0.05$); ** = altamente significativo ($p \leq 0.01$).

Sólo se encontró correlación positiva y significativa entre el contenido de almidón y el rendimiento de grano ($R^2 = 0.58$), el contenido de almidón y el peso de grano por mazorca ($R^2 =$

0.43) y entre el contenido de almidón y la longitud de la mazorca ($R^2 = 0.35$); los demás componentes bioquímicos no correlacionaron con los agronómicos. Torres-Morales *et al.* (2010) no encontraron relación entre el rendimiento, los días a floración femenina ni los días a floración masculina con el contenido de aceite en el grano de maíz.

En trabajos realizados en maíz, se ha reportado la existencia de una correlación positiva entre el contenido de aceite con el rendimiento de grano, y una relación negativa entre el contenido de proteína y el rendimiento de grano (Nuss y Tanumihardjo, 2010; Ramana *et al.*, 2013). En los genotipos de este grupo de líneas, se encontraron correlaciones del mismo tipo para ambos casos; sin embargo, el efecto no fue significativo en ninguna de las dos relaciones.

Se encontró correlación negativa y significativa ($R^2 = -0.40$) entre el contenido de aceite y el contenido de proteína en el grano; por otro lado, hubo una correlación negativa pero no significativa entre el contenido de proteína y el contenido de almidón. Estudios realizados en diversos genotipos de maíz han demostrado la presencia de correlación negativa y significativa entre proteína y contenido de aceite, y entre contenido de proteína y almidón (Bullock *et al.*, 1989; Chander *et al.*, 2008). Lo anterior sugiere que un programa de mejoramiento genético que incluya a ambas variables es poco recomendable.

Respecto al ácido fítico, se ha reportado una baja correlación e incluso negativa entre el contenido de este compuesto con el contenido de minerales, especialmente con el Fe (Nair y Iyenger, 2009; Serna-Saldívar, 2016; Simic *et al.*, 2009). En este estudio se presentó un efecto contrario, es decir, que la correlación fue positiva y significativa entre el contenido de cenizas (minerales) y el contenido de ácido fítico ($R^2 = 0.72$), esto debido probablemente a que en la variable cenizas del presente estudio están considerados todos los minerales contenidos en el grano y no sólo el fósforo u el hierro, que son los elementos más “secuestrados” por la molécula del ácido fítico.

Particularmente, un aumento en el rendimiento de grano, en el peso de grano por mazorca y / o en la longitud de la mazorca, para este grupo constituye un posible aumento en el contenido de almidón, puesto que fue el único compuesto bioquímico que presentó un alto nivel de asociación, con relación directa y con significancia estadística con los componentes agronómicos.

1.6 BIBLIOGRAFÍA

- AACC (American Association of Cereal Chemists) (1999)** Official Methods of Analysis. Methods 08-01.01 and 46-11.01. 11th. edition. St. Paul Minnesota, USA. doi: doi. org/10.1094/AACC.
- Ávila P. M. A., Rodríguez H. S. A., Vázquez B. M. E., Borrego E. F., Lozano del R., A. J., y López B. A. (2009)** Aptitud combinatoria y efectos recíprocos en líneas endogámicas de maíz de Valles Altos del Centro de México. *Agricultura Técnica en México* 35 (3): 285-293.
- Bullock, D. G., P. L. Raymer, S. Savage (1989)** Variation of protein and fat concentration among commercial corn hybrids grown in the southeastern USA. *J. Prod. Agric.*, 2 (2): 157-161.
- Cázares-Sánchez, E., J. L. Chávez-Servia, Y. Salinas-Moreno, F. Castillo-González, P. Ramírez-Vallejo (2015)** Variación en la composición del grano entre poblaciones de maíz (*zea mays* L.) nativas de Yucatán, México. *Revista Agrociencia* 49: 15-30. 2015.
- Cervantes-Ortiz F., G. García-De los Santos, A. Carballo-Carballo, D. Bergvinson, L. Crossa J., M. Mendoza-Elos y E. Moreno-Martínez (2007)** Herencia del vigor de plántula y su relación con caracteres de planta adulta en líneas endogámicas de maíz tropical. *Agrociencia* 41:425-433.
- Coutiño-Estrada B., V. A. Vidal-Martínez, B. Cruz-Gómez, C. Cruz-Vázquez (2010)** Aptitud combinatoria general y específica del contenido de azúcares en maíces criollos eloteros. *Revista Fitotecnia Mexicana* 33:57-61.
- Chander S., Y. Meng, Y. Zhang, J. Yan, and J. Sheng Li (2008)** Comparison of Nutritional Traits Variability in Selected Eighty-Seven Inbreds from Chinese Maize (*Zea mays* L.). *Germplasm, Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 56: 6506–6511.
- Dragičević V. D., S. Sredojević D., V. Perić A., A. Nišavić R. and M. Srebrić B. (2011)** Validation study of a rapid colorimetric method for the determination of phytic acid and inorganic phosphorus from seeds. *Acta Periódica Tecnológica* 42:11-21.
- Esquivel-Esquivel G., F. Castillo G., J. M. Hernández C., A. Santacruz V., G. García de los Santos y J. A. Acosta G. (2013)** Aptitud combinatoria en maíz con divergencia genética en el Altiplano Mexicano. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 4: 5-18.
- Espinosa T. E., Ma. del C. Mendoza C., F. Castillo G., J. Ortiz C., A. Delgado A. (2010)** Aptitud combinatoria del rendimiento de antocianinas y de características agronómicas en poblaciones nativas de maíz pigmentado. *Revista Fitotecnia Mexicana* 33 (1): 11-19.

- Galicia, L., A. Miranda, M.G. Gutiérrez, O. Custodio, A. Rosales, N. Ruiz, R. Surles y N. Palacios, (2012)** Laboratorio de Calidad Nutricional de Maíz y Análisis de Tejido Vegetal: *Protocolos De Laboratorio*. CIMMYT. México, D.F.: 59 p.
- Gardner C. O. and S. A. Eberhart (1966)** Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics* 22 (3): 439-452.
- Guerrero-Guerrero C., A. Espinoza-Banda, A. Palomo-Gil, E. Gutiérrez-Del Río, J. G. Luna-Ortega y N. Rodríguez-Dimas (2012)** Comportamiento genético y aptitud combinatoria en cruza simples con líneas élite de maíz. *Universidad y Ciencia* 28: 65-77.
- Gupta R. K., S. Gangoliya S., K. Singh N. (2015)** Reduction of phytic acid and enhancement of bioavailable micronutrients in food grains. *Journal of Food Science Technology*. 52 (2): 76-84.
- Griffing B. (1956)** Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*. 9: 463-493.
- Hallauer A. R. and J. B. Miranda (1981)** Quantitative genetics in Maize Breeding. 2 Ed. Iowa State University Press. Iowa, Ames. USA. 468 p.
- Hayman B. I. (1954)** The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39 (6): 789-809.
- Hernández-Alatorre J. A. (2002)** Maternal and cytoplasmic effects on components of sorghum grain yield. Tesis doctoral. University of Nebraska. Nebraska, USA. pp 4-40.
- Jinks, J. L., and Hayman B. I. (1953)** The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics Coop. News Letter* 27: 48-54.
- Jinks, J. L. (1954)** The analysis of heritable variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. *Genetics* 39: 767-788.
- Kamaluddin, R. M. Singh and M.A. Khan (2011)** Combining ability analyses for protein content and maturity traits in spring wheat (*Triticum aestivum*). *Journal of Phytology* 3 (7): 38-43.
- Kang M. S., A. K. Din, Y. Zhang, and R. Magari (1999)** Combining ability for rind-puncture resistance in maize. *Crop Science* 39: 368-371.
- Klein W., F. R. Alves F., R. J. Barth P., C. Aparecida M., C. A. Scapim and L. S. Azeredo G. (2014)** Diallel analysis of maize inbred lines for grain yield, oil and protein content. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 14: 23-28.
- Long K. J., Banzinger M., Smith E. M. 2004.** Diallel analysis of grain Iron and Zinc Density in Southern African-Adapted Maize Inbreds. *Crop Science* 44: 2019-2026.

- Martínez G. A. (1988)** Análisis de los Experimentos de Griffing Usando Algoritmos Computacionales para el Análisis de Experimentos Factoriales. Colegio de Postgraduados, Chapingo Edo. De México. *Comunicaciones en Estadística y Cómputo* 7 (2): 40 p.
- Martínez G. A. (1983)** Diseños y Análisis de Experimentos de Cruzas Dialélicas. Centro de estadística y calculo. Colegio de Postgraduados, Texcoco de Mora, México. 252 p.
- Mather K. (1949)** Biometrical genetics: The study of continuous variation. Methuen & Co. London. 167 p.
- Montreuil J, G. Spik, B. Fournet and T. Toillier (1996)** Non enzymatic determinations of carbohydrates. In: Analysis of Food Constituents. J. L. Multon, W. J. Stadelman, and B. A. Watkins (eds.). New York; Chichester: Wiley-VCH. USA. pp:
- Nair K. M. and V. Iyenger (2009)** Iron content, bioavailability and factors affecting iron status of Indians. *Indian Journal of Medical Research* 130 (5): 34-45.
- Nuss E. T. and S. A. Tanumihardjo (2010)** Maize: A paramount staple crop in the context of global nutrition. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 9 (4): 417-436.
- Picón-Rico R., R. E: Preciado-Ortiz, F. Cervantes-Ortiz, J. Covarrubias-Prieto y A. Terrón-Ibarra (2018)** Efectos heteroticos en líneas doble haploides de maíz de grano blanco y alto contenido de aceite. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 41 (2): 177-186.
- Prashant-Bisen, A. Dadheech, N. Namrata, A. Kumar, G. Solanki and T. Ram D. (2017)** Combining ability analysis for yield and quality traits in single cross hybrids of quality protein maize (*Zea mays* L.) using diallel mating design. *Journal of Applied and Natural Science* 9 (3): 1760-1766.
- Qamar S., M. Aslam and M. A. Javed (2016)** Determination of proximate chemical composition and detection of inorganic nutrients in maize (*Zea mays* L.). *Materials Today: Proceedings* 3: 715-718.
- Raboy V., A. Young K., A. Dorsch J. and A. Cook (2001)** Genetics and breeding of seed phosphorus and phytic acid. *Journal Plant Physiology* 158: 489-497.
- Ramana R. Y., D. Ravi, Ch. Ramakrishna R., K. V. S. V. Prasad, P. H. Zaidi, M. T. Vinayan, M. Blummel (2013)** A note on the correlations between maize grain and maize stover quantitative and qualitative traits and the implications for whole maize plant optimization. *Field Crops Research* 153: 63-69.

- Roach D. A. and R. Wulff D. (1987)** Maternal effects in plants. *Annual Review and Systematics* 18: 209-235.
- Sánchez-Hernández C. (2010)** Efectos genéticos, heterosis y rendimiento en calabacita (*Cucurbita pepo* L.) tipo Grey Zucchini. Tesis doctoral. Universidad Autónoma Chapingo, Chapingo, México. 109 p.
- Sánchez-Hernández C.; Villanueva-Verduzco C.; Sahagún-Castellanos J.; Legaria-Solano J. P.; Martínez-Solís J.; Sánchez-Hernández M. Á.; Ortiz-Quintero J. A.; López-Serrano S. (2013)** Heterosis en híbridos de calabacita tipo Grey Zucchini. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 19 (1): 99-115.
- Sánchez-Ramírez F. J., Ma. del C. Mendoza-Castillo, M. Mendoza-Rodríguez, F. Castillo-González, S. Cruz-Izquierdo, S. Castro-Nava y J. D. Molina-Galán (2017)** Aptitud combinatoria de líneas endogámicas para la producción de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) de cruza simple en condiciones de riego. *Agrociencia*, 51: 393-407.
- SAS Institute, Inc. (2003)** SAS® 9.0 User's Guide: Statistics. Statistical Analysis System Institute, Inc.: Cary, NC, USA. 694 p.
- Serna-Saldivar, S. O. (2016)** Nutrition and Fortification of Corn and Wheat Tortillas. In: *Fruits, Vegetables, and Herbs*. 1 st ed. Academic Press, pp. 29-63.
- Simic D, Sudar R., Ledencan T., Jambrovic A., Zdunic Z, Brkic I, Kovacevic V. (2009)** Genetic variation of bioavailable iron and zinc in grain of a maize population. *Journal of Cereal Science* 50: 392-397.
- Singh M. K., P. Sharma K., B. Tyagi S. and G. Singh (2014)** Combining ability analysis for yield and protein content in bread wheat (*Triticum aestivum*). *Indian Journal of Agricultural Sciences* 84 (3): 328–36.
- Sprague G, F., A. Tatum L. (1942)** General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. *Jour. Amer. Soc. Agron.* pp. 923-932.
- Torres-Morales B., B. Coutiño-Estrada, A. Muñoz-Orozco, A. Santacruz-Varela, A. Mejía-Contreras, S. O. Serna-Saldivar, S. García-Lara, N. Palacios-Rojas (2010)** Selección para contenido de aceite en el grano de variedades de maíz de la raza Comiteco de Chiapas, México. *Agrociencia* 44: 679-689.
- Vats, P. and U. C. Banerjee (2004)** Production studies and catalytic properties of phytases (myo-inositolhexakisphosphate phosphohydrolases): an overview 35 (1): 3-14.

Yao J., Hongxiang Ma, Xueming Yang, Miaoping Zhou, Dan Yang (2014) Genetic analysis of the grain protein content in soft red winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Turkish Journal of Field Crops* 19 (2): 246-251.

Yates, F. (1947) Analysis of data from all possible reciprocal crosses between a set of parental lines.

DISCUSIÓN GENERAL

El maíz es un cultivo importante en la sociedad mexicana, por razones culturales, alimenticias y económicas (Espinosa *et al.*, 2003). Al maíz se le reconoce como uno de los principales componentes de la dieta del mexicano debido a la diversidad de formas de consumo actuales, que remontan desde la época prehispánica, con la domesticación y aprovechamiento del Teocintle (Benítez *et al.*, 2006; Márquez-Sánchez, 2008) reconociéndose para el año 2012 la existencia de 59 razas nativas tan sólo en el territorio mexicano (Turrent-Fernández *et al.*, 2012). Según FIRA (2016) la producción nacional de grano de maíz para el año 2015 fue de 24.69 millones de toneladas, que representaron un valor monetario de \$ 72 000 518 448.81, producida mediante dos modalidades hídras: los sistemas de producción con riego y los sistemas de producción en temporal. De acuerdo al tipo de maíz que se produce en México, el de grano blanco ocupa el primer sitio, al representar 85.9 % de la producción nacional; el de grano amarillo es el segundo más producido, con 13.6 % de participación, y sólo 0.5 % se produce con otro tipo de maíces para usos especiales (FIRA, 2016), destinados para su uso en la industria, la ganadería y/o en la alimentación humana.

Al inicio de cualquier programa de mejoramiento, independientemente del grado de endogamia que presente el germoplasma que participa como progenitor, es indispensable conocer la capacidad de combinación general y específica de los genotipos de interés (Sprague y Tatum, 1942), debido a que en el proceso de mejoramiento genético de los cultivos el limitado conocimiento del uso y calidad de los genotipos ha repercutido en la pérdida de material valioso en los programas de fitomejoramiento (Figuroa *et al.*, 2013). En el proceso convencional de hibridación, el desarrollo de un sistema de cruzamientos para estimar los componentes genéticos de la variación es de suma importancia (Sánchez-Ramírez, 2016).

Con el objetivo de identificar genotipos sobresalientes en términos de la composición química del grano de maíz (*Zea mays* L.), se evaluó la aptitud combinatoria general (ACG) de los progenitores y específica (ACE) de las cruzas así como los efectos maternos (EfM) y recíprocos (EfR) mediante el Diseño I de cruzas dialélicas propuesto por Griffing (1956).

En los genotipos del Grupo Riego y Grupo MAE se encontró mayor variación para la ACE que para la ACG, en cada uno de los componentes nutrimentales evaluados; la ACE y ACG representaron en promedio 53 % y 12 %, respectivamente en el grupo Riego y 10 % y 45 %, respectivamente, en el grupo MAE, de la variación existente entre las cruzas y líneas. En el Grupo

Riego y Temporal el efecto de ACE fue mayor para aceite, cenizas y ácido fólico (40 %, 49 % y 43 %, respectivamente), y el efecto de ACG fue mayor en las variables proteína y almidón (32 % y 45 %, respectivamente). Se encontraron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) entre genotipos para la mayoría de las variables estudiadas en los tres grupos (Riego, Riego y Temporal y MAE). Concretamente, para el Grupo Riego y Temporal los efectos genéticos de dominancia y epistasis (ACE) fueron los de mayor expresión en aceite, cenizas y ácido fólico, en comparación con los efectos aditivos (ACG), que fueron de mayor relevancia en las variables almidón y proteína.

Las diferencias estadísticas encontradas entre genotipos fueron asociadas a la variación entre los genotipos, al tipo de acción génica presente, así como a la expresión de heterosis entre las cruzas (Guerrero-Guerrero *et al.*, 2012; Esquivel-Esquivel *et al.*, 2013). Klein *et al.* (2014) y Prashant *et al.* (2017); en los componentes bioquímicos determinados en el grano de maíz, analizados bajo el Diseño II dialélico, también se encontró que los efectos no aditivos fueron los de mayor importancia. Estos resultados contrastan con los reportados por Picón-Rico *et al.* (2018) en maíz, en donde los efectos aditivos fueron mayores para el contenido de aceite en el grano. Kamaluddin *et al.* (2011) y Yao *et al.* (2014), por su parte, encontraron efectos significativos y altos de ACG para el contenido de proteína en el grano de genotipos de trigo; sin embargo, contrastan con lo reportado por Prashant *et al.* (2017) quienes encontraron que el efecto de ACE fue superior para contenido de aceite, almidón y proteína en el grano de genotipos de maíz. Picón-Rico *et al.* (2018) por su parte, encontraron mayor efecto genético aditivo en el contenido de aceite en el grano de líneas doble haploides de maíz.

Las cruzas que expresaron los rendimientos más altos de aceite, proteína, cenizas, almidón y ácido fólico fueron diferentes entre sí; es decir, una craza fue sobresaliente para un compuesto pero no necesariamente integró los altos contenidos de los demás.

Así, en el contenido de aceite, el intervalo de variación de los genotipos entre los tres grupos fluctuó de 6.83 a 3.43 $\text{g} \cdot 100 \text{g}^{-1}$ de ms con una media de 5.11 $\text{g} \cdot 100 \text{g}^{-1}$ de ms. En el contenido mayor de aceite estuvieron involucrados los progenitores L2, L3 y L4 del Grupo Riego. En el mismo nivel del Grupo RyT las cinco cruzas con mayor contenido de aceite fueron las cruzas L9xL10, L6xL9, L10xL9, L7xL6 y L6xL7 y en el Grupo MAE sólo la craza L12xL14 y su craza recíproca presentaron efectos significativos altos de ACE (0.48).

En el contenido de proteína, el intervalo de variación de los genotipos entre los tres grupos fluctuó de 9.84 a 3.85 g · 100 g⁻¹ de ms con una media de 7.51 g · 100 g⁻¹ de ms. En el Grupo Riego destacaron tres progenitores que combinaron mejor en las cruzas de contenido protéico mayor: L2, L3 y L4 que participaron como machos o hembras. En el Grupo RyT destacaron dos progenitores que intervinieron en las cinco cruzas de mayor contenido protéico: L7 y L10 que participaron como machos o hembras, cuyos valores de proteína (de 9.83 a 8.24 g · 100 g⁻¹ de ms) se relacionan con s_{ij} altos. En el Grupo MAE destacaron dos cruzas directas y recíprocas, como los seis genotipos de mayor contenido de proteína: L12xL13, L13xL12, L11xL12 y L12xL11, las que además se relacionaron con valores s_{ij} altos y significativos

En el contenido de almidón, el intervalo de variación de los genotipos entre los tres grupos fluctuó de 96.64 a 69.38 g · 100 g⁻¹ de ms con una media de 82.71 g · 100 g⁻¹ de ms. Entre las cuatro cruzas más rendidoras de almidón del Grupo Riego participó la línea L5, como progenitor macho o hembra. En el Grupo RyT la línea L8 participó en las cuatro primeras cruzas más rendidoras de almidón, como progenitor macho o hembra; una craza directa (L8xL9) y su craza recíproca (L9xL8), fueron la segunda y tercera craza de mayor contenido, con 95.51 y 93.82 g · 100 g⁻¹ en este grupo, lo que debe de tomarse en cuenta para su aprovechamiento a corto plazo. En el Grupo MAE en general los efectos de ACE no fueron significativos en esta variable, excepto para las cruzas L11xL12 y L12xL11.

En el contenido de cenizas, el intervalo de variación de las cruzas fluctuó de 2.22 a 0.70 g · 100 g⁻¹ de ms con una media de 1.48 g · 100 g⁻¹ de ms. En el Grupo RyT la craza L10xL6, con el mayor contenido de minerales en el grano (2.00 g · 100 g⁻¹ de ms) estuvo formada por las dos líneas de alta ACG para esta variable. En el Grupo MAE las cruzas L14xL13 y L13xL12 (2.06 y 1.97, respectivamente) superiores en contenido fueron las que mostraron efectos positivos y significativos de ACE. Comparado con los valores de cenizas reportados en la literatura (1.36 g · 100 g⁻¹ de ms; Shobha *et al.*, 2010) y (1.20 g · 100 g⁻¹ de ms; Nuss y Tanumihardjo, 2010), se encontró que algunos genotipos analizados en el presente estudio pueden considerarse como de alto contenido mineral, sólo habría que hacer los análisis específicos para conocer los niveles de esos minerales.

En el contenido de ácido fítico, el intervalo de variación de los genotipos entre los tres grupos fluctuó entre 2.83 y 1.08 g · 100 g⁻¹ de ms con una media de 1.89 g · 100 g⁻¹ de ms. Para este compuesto, en el Grupo Riego la línea L1 participó en las cinco cruzas de contenido mayor como

hembra o como macho, con valores positivos de s_{ij} . En el Grupo RyT la línea L6 participó en cinco de las seis cruzas de más contenido *per se* en el grano, como hembra o como macho, con valores positivos de s_{ij} y significativos ($p \leq 0.05$) del efecto en las cruzas L6xL7 y L7xL6 (0.22). En el Grupo MAE tres cruzas directas (L11xL15, L13xL12 y L15xL14) y sus respectivas cruzas recíprocas presentaron valores positivos y significativos s_{ij} de 0.16, 0.16 y 0.19, respectivamente.

De forma general los valores máximos de los compuestos evaluados no necesariamente se relacionaron con s_{ij} altos. Resultados similares reportan Picón-Rico *et al.* (2018) quienes no encontraron consistencia entre los valores altos de ACG de los progenitores con los valores altos de ACE de sus cruzas, para algunos componentes agronómicos y el contenido de aceite de grano blanco de maíz; afirman que el comportamiento de las cruzas no puede ser predicho basándose sólo en los estimadores de ACG de los progenitores. Cervantes-Ortiz *et al.* (2007) en trabajos realizados sobre algunas características de plántula y planta adulta de maíz, mencionan que las líneas con alta ACG no precisamente produjeron buenas combinaciones híbridas para los caracteres que ellos evaluaron. Por su parte, Long *et al.* (2004), en estudios sobre biofortificación mineral (hierro y zinc) en el grano de maíz, no encontraron relaciones favorables de los efectos positivos o negativos de ACE, independientemente de que si los híbridos se formaron a partir de la combinación de progenitores con ACG alta x alta, alta x baja o baja x baja.

Los efectos maternos (EfMat) y recíprocos (EfRec) fueron altamente significativos para la mayoría de las variables en los tres grupos; es decir, que la respuesta en la producción de compuestos bioquímicos del grano de maíz, expresada en los valores obtenidos en las cruzas directas (i, j), fue diferente a la respuesta obtenida en las cruzas recíprocas (j, i). Por lo que se evidencia que el efecto del ADN materno se expresa significativamente en los rasgos de su progenie, sumado al efecto de la interacción del ADN materno del citoplasma con el ADN nuclear (Mastache *et al.*, 1999; citado por Sánchez-Hernández, 2010).

Se encontraron correlaciones significativas y positivas entre contenido de almidón y rendimiento de grano, contenido de almidón y peso de grano y contenido de almidón y longitud de la mazorca. La correlación entre contenido de aceite y proteína en el grano no fue favorable para manejar ambos caracteres en el mismo esquema de mejoramiento pues ésta fue negativa y significativa; lo mismo sucedió con el contenido de proteína y el contenido de almidón (correlación negativa y no significativa), lo que indica que un programa de mejoramiento genético que incluya en sus objetivos la calidad nutricional del grano deberá considerar el comportamiento específico de las

líneas en cuanto a su ACG y ACE para cada compuesto y aplicar los diferentes esquemas de mejoramiento para el buen éxito de las nuevas combinaciones genéticas.

BIBLIOGRAFÍA

- Benítez, C. C. G. y H. Pfeiffer P. (2006)** El maíz: origen, composición química y morfología. *Materiales avanzados* 7: 15-20.
- Cervantes-Ortiz F., G. García-De los Santos, A. Carballo-Carballo, D. Bergvinson, L. Crossa J., M. Mendoza-Elos y E. Moreno-Martínez (2007)** Herencia del vigor de plántula y su relación con caracteres de planta adulta en líneas endogámicas de maíz tropical. *Agrociencia* 41:425-433.
- Espinosa A., N. Gómez, M. Sierra, E. Betanzos, F. Caballero, B. Coutiño, A. Palafox, F. Rodríguez, A. García, O. Cano (2003)** Tecnología y producción de semillas de híbridos y variedades sobresalientes de maíz de calidad proteínica (QPM) en México. *Revista Agronomía Mesoamericana* 14 (2): 223-228.
- Esquivel-Esquivel G., F. Castillo G., J. M. Hernández C., A. Santacruz V., G. García de los Santos y J. A. Acosta G. (2013)** Aptitud combinatoria en maíz con divergencia genética en el Altiplano Mexicano. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 4: 5-18.
- FIRA (Fideicomiso Instituidos en Relación con la Agricultura) (2016)** Panorama agroalimentario. Dirección de Investigación y Evaluación Económica y Sectorial. SAGARPA. México. <http://xxx.fira.gob.mx> (Enero, 2018).
- Figuroa J. de D. C., D. E. Narváez G., A. Mauricio S., S. Taba, M. Gaytán M., J. J. Véles M., F. Rincón S. y F. Aragón C. (2013)** Propiedades físicas del grano y calidad de los grupos raciales de maíces nativos (criollos) de México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 36 (3): 305-314.
- Guerrero-Guerrero C., A. Espinoza-Banda, A. Palomo-Gil, E. Gutiérrez-Del Río, J. G. Luna-Ortega y N. Rodríguez-Dimas (2012)** Comportamiento genético y aptitud combinatoria en cruza simples con líneas élite de maíz. *Universidad y Ciencia* 28: 65-77.
- Griffing B. (1956)** Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*. 9: 463-493.
- Kamaluddin, R. M. Singh and M.A. Khan (2011)** Combining ability analyses for protein content and maturity traits in spring wheat (*Triticum aestivum*). *Journal of Phytology* 3 (7): 38-43.

- Klein W., F. R. Alves F., R. J. Barth P., C. Aparecida M., C. A. Scapim and L. S. Azeredo G. (2014)** Diallel analysis of maize inbred lines for grain yield, oil and protein content. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 14: 23-28.
- Long K. J., Banzinger M., Smith E. M. 2004.** Diallel analysis of grain Iron and Zinc Density in Southern African-Adapted Maize Inbreds. *Crop Science* 44: 2019-2026.
- Márquez-Sánchez F. (2009)** De las variedades criollas de maíz (*Zea mays L.*) a los híbridos transgénicos. I: Recolección de germoplasma y variedades mejoradas. *Revista Agricultura, Sociedad y Desarrollo* 5 (2): 151-166.
- Nuss E. T. and S. A. Tanumihardjo (2010)** Maize: A paramount staple crop in the context of global nutrition. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 9 (4): 417-436.
- Picón-Rico R., R. E: Preciado-Ortiz, F. Cervantes-Ortiz, J. Covarrubias-Prieto y A. Terrón-Ibarra (2018)** Efectos heteróticos en líneas doble haploides de maíz de grano blanco y alto contenido de aceite. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 41 (2): 177-186.
- Prashant-Bisen, A. Dadheech, N. Namrata, A. Kumar, G. Solanki and T. Ram D. (2017)** Combining ability analysis for yield and quality traits in single cross hybrids of quality protein maize (*Zea mays L.*) using diallel mating design. *Journal of Applied and Natural Science* 9 (3): 1760-1766.
- Sánchez-Hernández C.; Villanueva-Verduzco C.; Sahagún-Castellanos J.; Legaria-Solano J. P.; Martínez-Solís J.; Sánchez-Hernández M. Á.; Ortiz-Quintero J. A.; López-Serrano S. (2013)** Heterosis en híbridos de calabacita tipo Grey Zucchini. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 19 (1): 99-115.
- Sánchez-Ramírez F. J.** Caracterización genética y aprovechamiento de líneas endogámicas para la producción de maíz en los Valles Altos del Centro de México. Tesis doctoral. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Texcoco, Edo. de México. 153 p.
- Serrano S. (2013)** Heterosis en híbridos de calabacita tipo Grey Zucchini. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 19 (1): 99-115.
- Sprague G, F., A. Tatum L. (1942)** General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. *Jour. Amer. Soc. Agron.* pp. 923-932.
- Turrent-Fernández A., T. A. Wise y E. Garvey (2012)** Factibilidad de alcanzar el potencial productivo de maíz de México. Mexican Rural Development Research Report. Woodrow Wilson Int. Cent. 24:1-36.
- Yao J., Hongxiang Ma, Xueming Yang, Miaoping Zhou, Dan Yang (2014)** Genetic analysis of the grain protein content in soft red winter wheat (*Triticum aestivum L.*). *Turkish Journal of Field Crops* 19 (2): 246-251.

CONCLUSIONES GENERALES

Se encontraron efectos significativos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) en la mayoría de las características bioquímicas estudiadas en cada grupo de líneas y cruzas evaluadas. En general, los efectos de dominancia y epistasis (ACE) fueron los de mayor contribución a la variación genética encontrada en los genotipos de los grupos Riego, Riego y Temporal (RyT), y Maíces Altamente Endogámicos (MAE). Sólo en las variables contenido de proteína y almidón del Grupo RyT los efectos aditivos (ACG) fueron de mayor importancia que los de ACE.

Con base en la información de la estructura genética de las cruzas sobresalientes en cada variable de estudio, se demostró que existe potencial genético para incidir en la producción de maíz de alta calidad alimenticia a mediano y largo plazo, al aprovechar las mejores líneas y algunas cruzas específicas, las cuales podrían utilizarse ya sea en la formación de híbridos, variedades sintéticas, así como en el establecimiento de un programa de mejoramiento por selección recurrente.

Se presentaron efectos maternos para la mayoría de las variables estudiadas, lo que indica que la información genética del citoplasma del progenitor femenino influye sobre el comportamiento de la descendencia, por lo que en la producción de semilla es necesario considerar la dirección de las cruzas formadas.

Con base en los valores máximos *per se* y los efectos positivos de ACG para las variables evaluadas, algunos genotipos en los diferentes grupos se pueden caracterizar como buenos progenitores generadores de líneas (efectos aditivos) sobresalientes para aceite, proteína, minerales (cenizas), y para reducción en el contenido de ácido fólico.

En el Grupo Riego sobresalieron los progenitores L3 y L2 por presentar valores positivos en cuatro de las cinco características evaluadas; en el Grupo Riego y Temporal, diferentes líneas expresaron mejores comportamientos en el contenido nutrimental de los compuestos evaluados en el grano. La línea L7 expresó los valores más altos y significativos de efectos de ACG en el contenido de proteína, cenizas y ácido fólico; la línea L10, sobresalió en los compuestos proteína, almidón y ácido fólico. En el grupo MAE, sobresalieron las líneas L12 en los componentes aceite, proteína y cenizas, y L13 en proteína, cenizas y ácido fólico.

Referente a las cruzas, se detectaron genotipos con valores superiores a los expresados por los progenitores en los diferentes compuestos. Algunos genotipos pueden caracterizarse como de alto contenido en el grano principalmente de cenizas, aceite y almidón, en comparación a lo reportado en literatura.

Entre componentes bioquímicos y componentes agronómicos no hubo correlación significativa, excepto para contenido de almidón y el rendimiento, y peso de grano, y longitud de la mazorca, con valores positivos. Se encontró, además, correlación negativa y significativa entre el contenido de aceite y el contenido de proteína en el grano; así como correlación negativa pero no significativa entre el contenido de proteína y el contenido de almidón. Esto indica que un programa de mejoramiento genético que incluya el incremento del contenido de ambas variables es poco recomendable.

La amplia variación encontrada entre los genotipos, sugiere que deberán aplicarse diferentes esquemas de mejoramiento si se desea aprovechar alguna de las características bioquímicas del grano para mejorar su calidad. Se deberán emplear esquemas de hibridación en los casos donde los efectos de la ACE fueron mayores a los de la ACG; caso contrario, si los efectos de la ACG fueron superiores a los de la ACE será necesario establecer un programa de mejoramiento por selección recurrente, para la formación de variedades de polinización libre o de formación de variedades sintéticas.

Los efectos maternos para la mayoría de las variables estudiadas en los tres grupos fueron significativos, por lo tanto en un programa de producción de semilla será necesario considerar la dirección de las cruzas formadas, es decir, quien fungirá como progenitor hembra o macho.

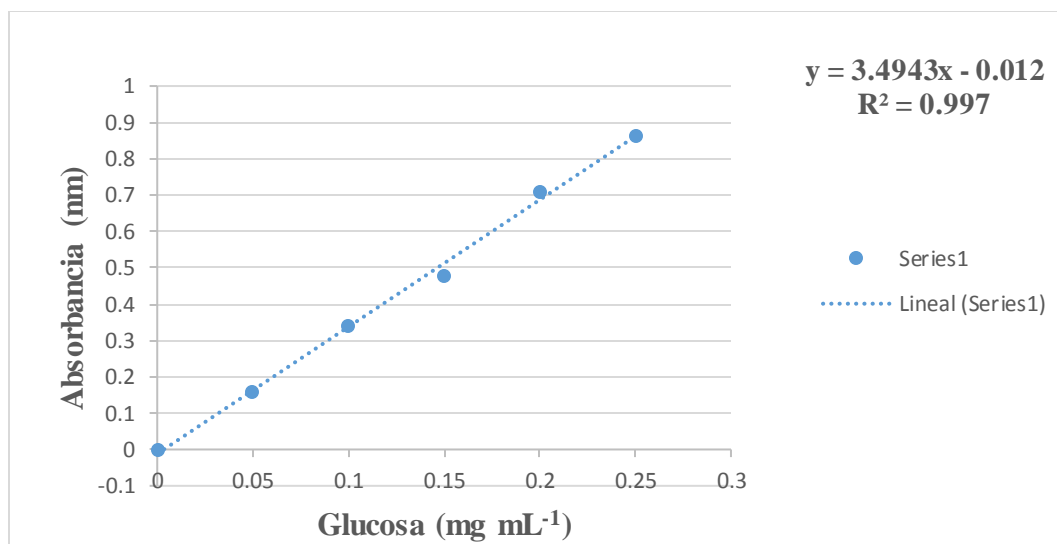
Se demuestra que existe potencial genético para influir en la obtención de genotipos productivos con alto contenido nutrimental, a mediano y largo plazo, al aprovechar las líneas y las cruzas específicas sobresalientes.

APÉNDICE

Anexo 1. Concentraciones y volúmenes empleados para la elaboración de la curva de calibración de glucosa.

Solución estándar	Glucosa [mg mL ⁻¹]	Vol. Solución Stock (μL)	Agua Destilada (μL)
1	0.00	0	1000
2	0.05	20	980
3	0.10	40	960
4	0.15	60	940
5	0.20	80	920
6	0.25	100	900

La solución stock consistió de 12.5 mg de glucosa en 5 mL de agua destilada, quedando una concentración de 2.5 mg mL⁻¹. De cada solución estándar (Std) se tomaron 300 μL los cuales, se colocaron en tubos de cristal con tapa y se les adicionaron 300 μL de agua destilada más 3 mL de solución de Antrona; los tubos se agitaron rotatoriamente por 5 min en baño de agua con hielos y posteriormente se sometió a Baño María por 10 min a punto de ebullición, en seguida se colocaron en hielos hasta llegar a temperatura ambiente. Las lecturas en el espectrofotómetro se realizaron a una longitud de 625 nm. El blanco utilizado fue agua destilada más Antrona.



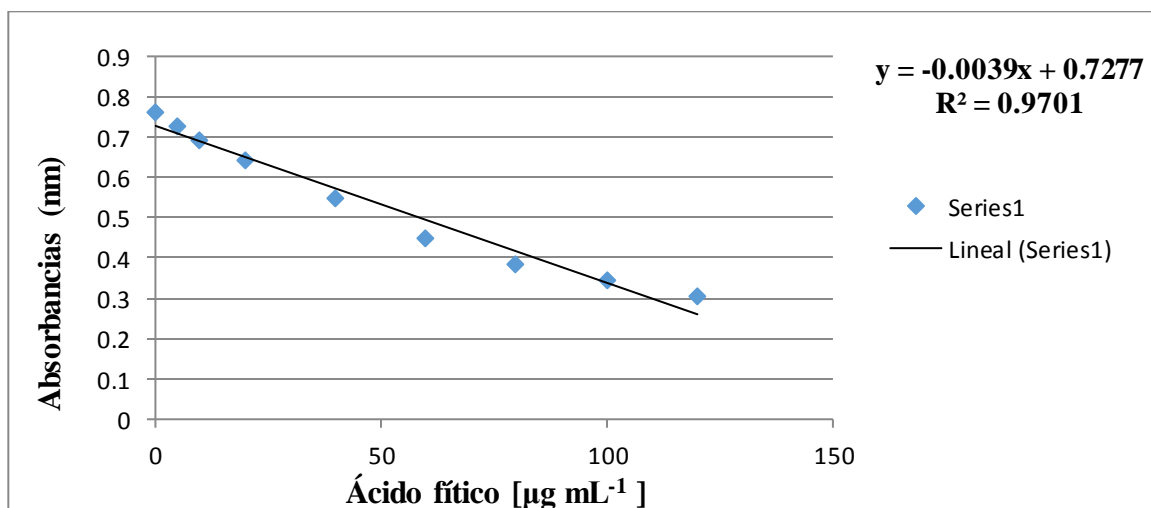
Anexo 2. Curva de calibración promedio obtenida para glucosa.

La prueba de linealidad demuestra que la curva estándar para almidón tuvo un buen ajuste en el intervalo de 0.05 – 0.25 mg mL⁻¹ de glucosa, con valor del coeficiente de determinación (R²) de 0.997.

Anexo 3. Concentraciones y absorbancias registradas para la elaboración de la curva de calibración de ácido fítico.

Estándar	Concentración [µg/mL]	Absorbancia a 500 nm
1	0	0.763
2	5	0.725
3	10	0.692
4	20	0.642
5	40	0.547
6	60	0.450
7	80	0.385
8	100	0.345
9	120	0.306

Se tomaron 1.5 mL de cada solución estándar (Std) y se adicionó 0.5 mL de reactivo de Wade. Las lecturas se realizaron a una longitud de onda de 500 nm. El blanco sólo fue agua destilada.



Anexo 4. Curva de calibración promedio para ácido fítico.

La prueba de linealidad demuestra que la curva estándar para ácido fítico, tuvo un buen ajuste en el intervalo de 5 – 120 µg mL⁻¹, con coeficiente de determinación (R²) de 0.970.