

EVALUACIÓN DE LA APTITUD AGRONÓMICA DE FAMILIAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ MORADO (*Zea mays* L.) EN LA ZONA SEMIÁRIDA CENTRAL DE CÓRDOBA

Monsierra, L.^{1,3}; Bertola, A.^{1,3}; Giraud, L.¹; Pérez, G.^{2,3}; Mansilla, P.^{1,3*}

¹Universidad Nacional de Córdoba. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Mejoramiento Genético Vegetal. Córdoba. Argentina.

²Universidad Nacional de Córdoba. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Química Biológica. Córdoba. Argentina.

³CONICET. Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos (ICYTAC). Córdoba. Argentina.

pmansilla@agro.unc.edu.ar

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue evaluar la aptitud agrícola de familias endogámicas de maíz morado en la región semiárida de Córdoba. Se sembraron 11 familias S1 en el Campo Experimental (FCA-UNC) el 4 de enero de 2019, mediante un esquema surco/progenie, sin repeticiones. Las progenies fueron evaluadas y caracterizadas fenotípicamente, y los datos analizados con Infostat. La duración del ciclo de las familias fue de 140 días, cuya floración varió entre 61 a 75 días desde la siembra. Se obtuvieron diferencias significativas en la altura de inserción de espiga principal (AIEP) (1,12-1,6 m), diámetro del tallo (DT) (1,72-2,44 cm), largo (LE) (9,42-16,1 cm) y diámetro de la mazorca (DE) (3,92-4,76 cm) y número de hileras (NHil) (10,8-14,67), lo que se vio reflejado en las diferencias en los rendimientos (Rto) entre familias (28,9-64 q/ha). Se observaron correlaciones positivas entre la altura de planta (AP) con LE ($r=0,5$), DE ($r=0,39$), NGH ($r=0,46$) y Rto ($r=0,56$), sugiriendo que mayor altura se tradujo en mazorcas más grandes y derivó en mayores rindes. Se obtuvo una gran variabilidad en el color de los granos dentro de cada familia. Los genotipos evaluados presentaron buen comportamiento agronómico en la zona de estudio. Con este trabajo, se obtuvieron avances preliminares que permitirán continuar con la evaluación y selección de los mejores genotipos.

Palabras clave: progenie endocriada, autofecundación, antocianinas, rendimiento.

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos alimenticios más antiguos de los que se tiene conocimiento y debido a sus bondades nutricionales, se ha posicionado como uno de los cereales más importantes a nivel mundial. Las características ambientales de la zona de origen condicionan los rasgos fenotípicos de los distintos tipos varietales de maíz, aunque actualmente se han desarrollado diversas investigaciones sobre la adaptabilidad de genotipos en condiciones adversas específicas (Carvajal y Gómez, 2014; Mansilla et al., 2021). Las características diferenciales de los granos de este cereal, permiten que su uso final sea distinto. De allí surge el término "Maíces Especiales", pues poseen una propiedad o atributo particular que hacen que tengan un destino específico, lo que le otorga mayor valor agregado (Mansilla, 2018). Nuestro país lidera algunos de estos mercados a nivel mundial, y a nivel local aumentan la competitividad de las industrias que los requieren como materia prima (Gear, 2010).

El maíz morado es una variedad cultivada principalmente en la Cordillera de los Andes de Perú y Bolivia, cuyos granos poseen un color oscuro e intenso de tipo amiláceo. Existen ecotipos en otros países de América debido a su

adaptación y evolución a lo largo de años, y a la influencia de factores climáticos y edáficos que favorecen la biogénesis de los metabolitos típicos de este maíz. Su color morado intenso se debe a la presencia de antocianinas, carotenoides y compuestos fenólicos (Adom y Liu, 2002). Estos compuestos actúan como antioxidantes naturales y anticancerígenos, teniendo además propiedades funcionales bioactivas (Guillén-Sánchez et al., 2014). Inciden favorablemente sobre la salud al reducir la manifestación de enfermedades coronarias, así como por su efecto vasoprotector, antiinflamatorio, funciones neuroprotectoras, efectos citoprotectores, entre otros (Soto-Vaca et al., 2012). Aunque la composición química de los granos es similar a la de otros tipos varietales, la principal importancia de este maíz radica en su alto contenido de pigmentos y compuestos polifenólicos. Los pigmentos se concentran principalmente en el pericarpio y en la capa de aleurona de la semilla (Salinas-Moreno et al., 2013) y muestran una alta sensibilidad en sus perfiles y propiedades antioxidantes a diversas condiciones ambientales de crecimiento (Arellano-Vázquez et al., 2003; Salinas-Moreno et al., 2013). Es por ello, que en los planes de mejora, además de evaluar el contenido de antocianinas de los granos, es indispensable identificar genotipos con

mayor capacidad de adaptabilidad y rendimiento (Arellano-Vázquez et al., 2003; Lopez-Martinez et al., 2009; Salinas-Moreno et al., 2013; Urias-Peraldí et al., 2013).

En la cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal de la Facultad de Ciencias Agropecuarias (FCA)/UNC, se lleva a cabo desde hace años un Programa de Mejoramiento de Maíces Especiales, mediante el cual se logró la adaptación de germoplasma de maíz morado para la región semiárida maicera de nuestra provincia (Mansilla et al., 2021). Se obtuvo una variedad de polinización libre, denominada 'Moragro', que cuenta con su descripción varietal y fue registrada en el Registro Nacional de Cultivares (RNC) y el Registro Nacional de la Propiedad de Cultivares (RNPC) del Instituto Nacional de Semillas (INASE) (Nro. 4098, Exp. 17668-2019-04-09) (Nazar y Mansilla, 2016).

El cultivo de maíz ha sido sometido a un intenso proceso de mejoramiento genético, tanto en el desarrollo de poblaciones y variedades de polinización libre, así como en el aprovechamiento de la heterosis mediante la producción de diferentes clases de híbridos. Dentro de los principales objetivos de los programas de mejora en maíz, se encuentra el desarrollo de líneas altamente endocriadas o endogámicas. Algunos de los propósitos de la endogamia consisten en reducir la frecuencia de alelos recesivos deletéreos (depresión por endocria), siendo utilizada para la fijación de genes de rasgos de interés agronómico (Vallejo y Gil, 1998). Asimismo, la endocria aumenta la varianza genética entre familias y la disminuye dentro de ellas, con un aumento progresivo de la varianza aditiva que conlleva a líneas totalmente homocigotas (Ceballos, 1998). Sin embargo, la endocria causa una reducción en el vigor y la productividad (Hallauer, 1989), por lo que resulta importante evaluar a

campo la performance de los genotipos endocriados para identificar aquellos con mejores características agronómicas. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la aptitud agronómica de familias endogámicas de maíz morado en un ciclo de cultivo, mediante su evaluación y caracterización fenotípica en la región semiárida central de la provincia de Córdoba.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético

Se utilizaron semillas de 11 progenies o familias con una generación de endogamia (S1) provenientes de ciclos anteriores, en el marco del Plan de Mejora de Maíces Especiales de la cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal, FCA, UNC.

Metodología a campo

Este trabajo se llevó a cabo en el marco de una práctica de Iniciación Profesional de la carrera de Ingeniería Agronómica. Se sembraron las familias en el Campo Experimental de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de Córdoba, ubicado Camino a Capilla de los Remedios Km 15,5 (31° 28 49,42" S y 64° 00 36,04" O), mediante un esquema de surco/progenie, sin repeticiones dado que no se disponía de suficiente cantidad de semilla de cada familia (**Figura 1**). La parcela experimental consistió en surcos individuales separados a 0,52 m y de 3 m de longitud. La siembra se realizó el 4 de enero de 2019, en condiciones de secano y sin fertilización. Se prosiguió con las prácticas culturales necesarias: desmalezado, raleo, aporcado, control de plagas y enfermedades.



Figura 1. Ensayo en período de emergencia en el Campo Experimental FCA/UNC.

El momento más importante de las prácticas a campo fue durante el período de floración. En esta etapa, se realizó la selección y autofecundación de 5 plantas por surco/progenie para obtener una nueva generación de endogamia (S2), previendo las condiciones ambientales propicias para la polinización (baja humedad relativa, sin demasiado viento). Para ello, se concurrió diariamente a la parcela para autofecundar durante toda la etapa de floración y verificar la efectividad de las polinizaciones realizadas. El procedimiento se llevó a cabo colocando bolsas en las flores masculinas, previo a la antesis, para recolectar el polen (**Figura 2**).



Figura 2. Autofecundación de líneas de maíz morado.

De igual manera, se taparon las flores femeninas, previo a la emergencia de los estigmas, para evitar la polinización cruzada. Al momento de autofecundar, se recolectó la mayor cantidad de polen posible y se lo volcó en las espigas luego de haber cortado los estilos a unos 2 cm de longitud, con el fin de facilitar la polinización artificial. Luego, se volvieron a tapar las espigas con sus respectivas bolsas para evitar contaminación con polen extraño (**Figura 3**).



Figura 3. Plantas autofecundadas de maíz morado.

Posterior a la polinización, se caracterizaron fenotípicamente las plantas seleccionadas, mediante el relevamiento de las siguientes variables: en planta adulta: altura de planta (AP) (m), altura de inserción de la espiga principal (AIEP) (m), longitud de entrenudos (LEnt) (cm), número de hojas (NH), número de espigas (NE), diámetro del tallo (DT) (cm), ancho de la hoja (AH) (cm) y longitud de la lámina (LH) (cm). Se realizó la cosecha individual de cada surco el día 25 de mayo de 2019 y, posteriormente, se tomaron los rasgos en mazorca: longitud de la espiga (LE) (cm), diámetro de la espiga (DE) (cm), número de hileras (NHil), número de granos por hilera (NGH) y peso de 100 granos (P100G) (g). Finalmente, se estimaron los rendimientos individuales (Rto) de cada surco/progenie, y se ajustaron los valores a una humedad del 14%.

Cabe destacar que, durante la etapa de prefloración, ocurrieron inclemencias climáticas (caída de granizo y vientos fuertes) que produjeron daños en el cultivo, lo que obligó a incrementar los cuidados durante el ciclo. No obstante, las plantas lograron recuperarse, permitiendo el relevamiento de los datos de manera adecuada.

Análisis Estadístico

Los datos fueron analizados mediante un Análisis de Varianza (ANOVA) y comparados con el test DGC (Di Rienzo et al., 2002), para determinar diferencias significativas entre genotipos. Las relaciones entre variables fueron determinadas mediante el test de correlación Pearson, con un nivel de significancia $p < 0,05$.

Se utilizó el programa estadístico Infostat (Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los caracteres de interés agronómico en el cultivo de maíz son, en su mayoría, de naturaleza cuantitativa y están controlados por un gran número de genes, los cuales pueden verse fuertemente influenciados por el ambiente (Agrobanco, 2014). En cambio, la expresión de un carácter cualitativo está poco influenciada por el ambiente y, por lo general, una vez expresados, resulta

más fácil predecir su manifestación en generaciones sucesivas (Arzate-Fernández et al., 2019). En este trabajo, se caracterizaron rasgos cuantitativos y cualitativos con el fin de visualizar diferencias entre progenies endocriadas. La duración total del ciclo de las familias fue de 140 días, con una floración desuniforme entre genotipos que varió de 61 a 75 días desde la siembra. La **Tabla 1** muestra los rasgos analizados en las plantas adultas de las familias de maíz morado, donde no se observaron diferencias significativas entre genotipos, excepto en AIEP, LEnt y DT. Los valores promedio de AP, AIEP y NH fueron superiores a los obtenidos en variedades locales españolas (Alvarez y Galarreta, 1995).

Tabla 1. Variables fenotípicas medidas en plantas adultas de familias endogámicas de maíz morado.

Familia	AP (m)	AIEP (m)	LEnt (cm)	NH	DT (cm)	AH (cm)	LL (cm)
1	1,98 a	1,12 a	12,4 a	15 a	1,88 a	8,3 a	68 a
2	2,42 a	1,34 a	14,6 a	15,6 a	2,04 a	9,2 a	82 a
3	2,5 a	1,59 b	12,4 a	16 a	2,44 b	9,6 a	77 a
4	1,97 a	1,17 a	11,8 a	15,6 a	2,38 b	8,8 a	78 a
5	2,18 a	1,14 a	12,6 a	15 a	2,2 a	9 a	74,4 a
6	2,6 a	1,42 a	12,4 a	17 a	2,32 b	9,6 a	86,4 a
7	2,18 a	1,34 a	13,5 a	14,6 a	2,08 a	9,2 a	75 a
8	2,17 a	1,27 a	16,2 b	16 a	1,9 a	9,3 a	85 a
9	2,23 a	1,6 b	13,8 a	14,4 a	2,04 a	9,2 a	79 a
10	2 a	1,16 a	11,8 a	16,6 a	1,72 a	7,4 a	71 a
11	2,46 a	1,3 a	15,75 b	15,5 a	2,38 b	9 a	81 a
Media	2,24	1,31	13,4	15,6	2,12	9	77,9

Medias con una letra común en la misma columna no son significativamente diferentes ($p < 0,05$). AP: Altura de planta, AIEP: Altura de inserción de la espiga principal, LEnt: Longitud de entrenudos, NH: Número de hojas, DT: Diámetro del tallo, AH: Ancho de hojas, LL: Longitud de lámina.

Se obtuvieron diferencias significativas en los rasgos de la mazorca (**Tabla 2**), mostrando un considerable rango de variación entre familias, excepto en NGH. Los valores de NHil y NGH fueron inferiores a los reportados en otros estudios en variedades nativas de maíces mexicanos (Pérez-Colmenarez et al., 2000). Los rendimientos de las familias 2, 4, 5, 6, 8, 9 y 11 fueron significativamente superiores al resto de las progenies (**Tabla 2**), cuyos valores fueron similares a los reportados en otros estudios donde evaluaron distintos genotipos de maíz morado (Muñoz y Díaz, 2019). Huanuqueño et al. (2019) evaluaron híbridos de maíz morado, cuyos rendimientos superaron a los de las familias endogámicas de este trabajo, dado probablemente al efecto de la heterosis. Por otro lado, Lamkey y Smith (1987) encontraron altas tasas de depresión por endocria en poblaciones de maíz;

no obstante, manifestaron un incremento en el rendimiento tanto en la generación S0, como en la S1.

Se obtuvo una correlación positiva entre AP con AIEP ($r = 0,65$, $p < 0,05$), NH ($r = 0,53$, $p < 0,05$), DT ($r = 0,53$, $p < 0,05$), LE ($r = 0,5$, $p < 0,05$), DE ($r = 0,39$, $p < 0,05$), NGH ($r = 0,46$, $p < 0,05$) y Rto ($r = 0,56$, $p < 0,05$). Esto indica que una mayor altura de las plantas, se tradujo en un incremento de las variables mencionadas, probablemente debido a una mayor producción de follaje durante el ciclo.

El Rto correlacionó positivamente con LE ($r = 0,62$, $p < 0,05$), DE ($r = 0,39$, $p < 0,05$) y NGH ($r = 0,65$, $p < 0,05$), lo que sugiere que la morfología de las mazorcas se encuentra estrechamente asociada al rendimiento del cultivo, brindando información relevante para establecer criterios de selección indirecta. Pérez-Colmenarez et al. (2000) obtuvieron relaciones similares en un estudio con variedades tropicales de maíz. Consistentemente, San

Vicente y Hallauer (1993), asumieron que el incremento en el rendimiento de grano estuvo asociado a un aumento significativo en el diámetro, la longitud y el número de hileras de las mazorcas. Sin embargo, en el

presente trabajo, no se hallaron correlaciones significativas dentro de las familias entre Rto y NHil, a diferencia de otros trabajos (San Vicente y Hallauer, 1993; Carballoso-Torrecilla et al., 2000).

Tabla 2. Variables fenotípicas medidas en mazorcas y rendimientos de familias endogámicas de maíz morado.

Familia	LE (cm)	DE (cm)	NHil	NGH	P100G (gr)	Rto (q/ha)
1	13,5b	4a	11,5a	19a	29,03a	28,9a
2	14,25b	4,07a	12,67a	23,17a	29,92a	60,54c
3	16,1b	4,54b	12,6a	26,4a	33,12a	44,58b
4	14,8b	4,44b	10,8a	30,25a	39,32b	57,5c
5	15,5b	4,27a	14,67b	27,33a	27a	63,47c
6	14,26b	4,34a	11,6a	24,8a	37,77b	63,98c
7	13,9b	4,6b	14b	27,6a	29,92a	47,38b
8	15b	4,23a	12,33a	25,33a	30,66a	61,92c
9	12,91b	3,93a	11,5a	23a	27,98a	55,04c
10	9,42a	3,92a	12,17a	18,5a	22,12a	32,34a
11	15,6b	4,76b	14,4b	29,8a	23,43a	61,81c

Medias con una letra común en la misma columna no son significativamente diferentes ($p < 0,05$). LE: Longitud espiga, DE: Diámetro espiga, NHil: Número de hileras, NGH: Número de granos por hilera, P100G: Peso de 100 granos.

Dentro de cada familia, se observaron diferencias en la pigmentación de los granos (**Figura 4**), debido probablemente tanto a causas ambientales como genéticas, tales como segregación y efectos de la endocría. Diversos estudios indicaron que la variación en el color de las semillas de maíz puede deberse a los efectos maternos (Fujii y Kuwada, 1916), a la influencia de transposones (Zhang et al., 2005), a la ocurrencia de fenómenos epigenéticos y a cambios a nivel transcripcional de los genes estructurales de la ruta biosintética de las antocianinas (Springer y Stupar, 2007). Las diferencias obtenidas en el color de los granos de las familias evaluadas en este trabajo, permitirán realizar la selección de mazorcas moradas con el fin de disminuir segregaciones en el color durante el proceso de endocría dentro de cada línea.

CONCLUSIONES

Los genotipos evaluados presentaron buen comportamiento agronómico en la zona semiárida de Córdoba, a pesar de las inclemencias climáticas ocurridas durante el ciclo (caída de granizo y vientos fuertes). Se

observaron diferencias entre familias en la mayoría de los rasgos evaluados, lo que puede atribuirse tanto a diferencias genéticas y efectos de la endocría, como a la influencia del ambiente, destacándose un amplio rango de rendimientos entre genotipos. Estas diferencias aportan avances preliminares que permitirán continuar con la evaluación en subsiguientes generaciones y posibilitará la selección de los mejores genotipos.

La disponibilidad hídrica probablemente contribuyó a la resiliencia del cultivo debido a una adecuada distribución de las lluvias durante el ciclo, permitiendo que durante todo el período se pudiera llevar a cabo correctamente la caracterización y evaluación de las familias. Asimismo, se logró la obtención de una nueva generación de endocría (S2), con el fin de continuar con el proceso de mejora genética.

Como consideración final y personal, este trabajo representó una instancia de crecimiento, tanto en lo personal como en lo académico. Permitió la formación de nuevas relaciones sociales, contribuyendo al proceso de aprendizaje y compartiendo conocimientos y experiencias. Considero esta práctica como una llave capaz de abrir puertas para mi futuro profesional.



Figura 4. Segregación en el color de los granos dentro de cada familia.

BIBLIOGRAFÍA

Adom KK, Liu R. 2002. Antioxidant activity of grains. *Journal of Agricultural Food Chemistry*, 50:6182–6187.

Agrobanco. 2014. Mejoramiento genético y biotecnológico de plantas. Lima, Perú. Chura & R. Blas. Recuperado de https://www.agrobanco.com.pe/wp-content/uploads/2017/07/MEJORAMIENTO_GENETICO_Y_BIOTECNOLOGICO_DE_PLANTAS.pdf

Alvarez A, Ruiz de Galarreta JL. 1995. Variedades locales de maíz de Gipuzkoa: evaluación y clasificación. Edit. Diputación Foral de Gipuzkoa, Gipuzkoa, España, 80 p.

Arellano-Vázquez JL, Tut-Couoh C, Ramírez AM, Salinas-Moreno Y, Taboada Gaytán OR. 2003. Maíz azul de los valles altos de México. I. Rendimiento de grano y caracteres agronómicos. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 26: 101 – 107.

Arzate-Fernández A, Piña-Escutia JL, Norman-Mondragón T, Arroyo-Martínez H. 2019. Apuntes de genética vegetal. Edit. Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México.

Caraballos-Torrecilla V, Mejía-Contreras A, Balderrama-Castro S, Carballo A, González-Cossio F. 2000. Divergencia en poblaciones de maíz nativas de Valles Altos de México. *Agrociencia*, 34(2), 167-174.

Carvajal A, Gómez N. 2014. Evaluación de la adaptabilidad y potencial de rendimiento del maíz morado (*Zea mays* L.) bajo las condiciones agroecológicas del municipio de Piedecuesta, Santander. Proyecto de grado para optar el título de profesional en producción agroindustrial. Universidad Nacional de Santander, Bucaramanga, Colombia.

Ceballos LH. 1998. Genética cuantitativa y Fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, 524 pp.

Di Rienzo JA, Guzmán AW, Casanoves F. 2002. A Multiple Comparisons Method based on the Distribution of the Root Node Distance of a Binary Tree. *Journal of Agricultural, Biological, and Environment Statistics*, 7(2), 1-14.

Fujii K, Kuwada Y. 1916. On the composition of factorial formula for zigotes in the study of inheritance of seed characters of *Zea mays* L. with notes on seed pigments. *The Botanical Magazine* 30 (351):83-88.

- Guillén-Sánchez J, Mori-Arismendi S, Paucar-Menacho L. 2014. Características y propiedades funcionales del maíz morado (*Zea mays* L.) var. subnigrovioláceo. *Scientia Agropecuaria*, 5(4), 211-217.
- Gear JR. 2010. El cultivo del maíz en la Argentina. Recopilación de Revista ILSI Argentina. Extraído de "Maíz:Cadena de Valor Agregado. Alternativas de transformación e industrialización". Proyecto de Eficiencia de Cosecha, Postcosecha e Industrialización de los Granos – PRECOP II. INTA. Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación. Recuperado de <http://www.cosechaypostcosecha.org/data/folleto/FolletoMaizConValorAgregado.pdf> (8 de enero de 2020, 17:53 h).
- Hallauer, AR. 1989. Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 35(1), 1- 16.
- Huanuqueño E, Tobaru J, Ramos H, Gutiérrez K. 2019. Capacidad productiva y heterosis útil en híbridos no convencionales de maíz morado bajo condiciones de la Universidad Nacional Agraria La Molina. *Anales Científicos* 80(1), 181 – 189.
- Lampkey KR, Smith OS. 1987 Performance and Inbreeding Depression of Populations Representing Seven Eras of Maize Breeding. *Crop Science* 27(4), 695- 699.
- Lopez-Martinez LX, Oliart-Ros RM, Valerio-Alfaro G, Lee CH, Parkin KL, Garcia HS. 2009. Antioxidant activity, phenolic compounds and anthocyanins content of eighteen strains of Mexican maize. *LWT - Food Science and Technology* 42:1187- 1192.
- Mansilla, PS. 2018. Evaluación del valor nutricional de maíces especiales (*Zea mays* L.): selección para calidad agroalimentaria. Tesis de Doctorado, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Mansilla PS, Bongianino NF, Nazar MC and Pérez GT. 2021. Agronomic and chemical description of open-pollinated varieties of opaque-2 and purple maize (*Zea mays* L.) adapted to semiarid region of Argentina. *Genetic Resources and Crop Evolution*. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01133-4>
- Muñoz Díaz A, Díaz E. 2019. Evaluación del comportamiento de siete genotipos de maíz morado (*Zea mays* L.), y la determinación de los niveles de pigmentos antocianicos en dos localidades: Centro Poblado de Yatún – Cutervo y Fundo "La Peña"– Lambayeque, parte baja del Valle Chancay, 2017 – 2018. Tesis para optar el título profesional de Ingeniero Agrónomo. Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Facultad de Agronomía, Escuela Profesional de Agronomía, Lambayeque, Perú.
- Nazar MC, Mansilla PS. 2016. Crean la primera variedad de maíz morado adaptada en Córdoba, Argentina. Portal UNCiencia de la Agencia universitaria de comunicación de la ciencia, el arte y la tecnología. Recuperado de <http://www.unciencia.unc.edu.ar/2016/junio/crean-la-primer-variedad-de-maiz-morado-adaptada-en-argentina>
- Pérez-Colmenarez A, Molina Galán J, Martínez Garza A. 2000. Adaptación a clima templado de una variedad de maíz tropical mediante selección masal visual estratificada. *Agrociencia*, 34(5): 533-542.
- Salinas-Moreno Y, García C, Coutiño B, Vidal V. 2013. Variabilidad en contenido y tipos de antocianinas en granos de color azul/morado de poblaciones mexicanas de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 36: 285-294.
- San Vicente FM, Hallauer AR. 1993. Mass selection for adaptation in Antigua maize (*Zea mays* L.) composite. *Journal of the Iowa Academy of Science*, 100(1): 9-12.
- Soto-Vaca A, Gutiérrez A, Losso JN, Xu Z, Finley JW. 2012. Evolution of phenolic compounds from color and flavor problems to health benefits. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 60:6658-6677.
- Springer NM, Stupar MR. 2007. Allelic variation and heterosis in maize: How do two halves make more than a whole? *Genome Research* 17: 264-275.
- Urias-Peraldí M, Gutiérrez-Urbe JA, Preciado-Ortiz RE, Cruz Morales AS, Serna-Saldívar SO, García-Lara S. 2013. Nutraceutical profiles of improved blue maize (*Zea mays* L.) hybrids for subtropical regions. *Field Crops Research* 141:69-76.
- Vallejo CF, Gil VO. 1998. Efecto de la endocría sobre algunos caracteres agronómicos del zapallo, *Cucurbita moschata* Poir. *Acta Agronómica* 48:46 - 50.
- Zhang F, Peterson T. 2005. Comparisons of maize pericarp *color1* alleles reveal paralogous gene recombination and an organ-specific enhancer region. *The Plant Cell* (17): 903-91.