



Revista Fitotecnia Mexicana

ISSN: 0187-7380

revfitotecniamex@gmail.com

Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C.
México

Muñoz Orozco, Abel

Origen de tres razas de maíz de altura de México: Chalqueño, Cónico y Cónico Norteño

Revista Fitotecnia Mexicana, vol. 40, núm. 1, 2017, pp. 5-7

Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C.

Chapingo, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=61050549002>

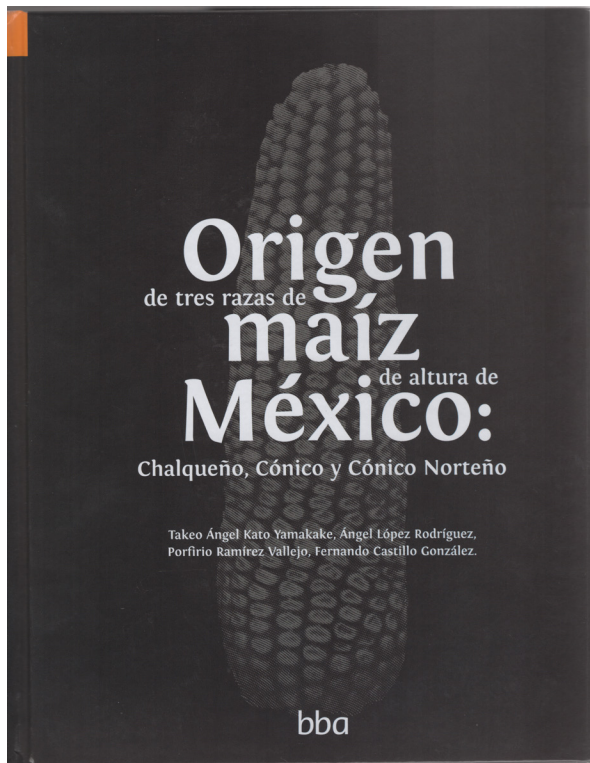
- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto



Origen de tres razas de maíz de altura de México: Chalqueño, Cónico y Cónico Norteño

Takeo Ángel Kato Yamakake, Ángel López Rodríguez†, Porfirio Ramírez Vallejo† y Fernando Castillo González

El Dr. Ángel Kato Yamakake es profesor Investigador Titular del Programa de Genética del Colegio de Postgraduados en el Campus Montecillo, ha dedicado su vida al estudio de los nudos cromosómicos del maíz descubiertos por la Dra. Bárbara McClintock, con quien colaboró tanto en México como en EE. UU. El Dr. Kato, junto con tres distinguidos coautores, dos de ellos ya desaparecidos, publicaron la presente obra relacionada con el origen y evolución del maíz, y en particular de las razas Chalqueño, Cónico y Cónico Norteño. El origen del maíz ha encerrado numerosos sesgos, indefiniciones, controversias, que hasta finales del siglo XX se empezaron a

dilucidar con cierta claridad. Ellos parten del hecho que solo en el trabajo clásico de Wellhausen *et al.*, publicado en 1951, se trató de explicar el origen de las razas mediante hibridación, sin resolverlo. Los autores de la presente obra enfocan la deducción del origen de tres razas del altiplano mexicano, primero con la detección de patrones de distribución geográfica y racial de nudos cromosómicos en colecciones de las razas mencionadas, y en un segundo procedimiento tras el estudio de patrones detectados al asociar diferentes tamaños de nudos en muy diferentes arreglos.

El documento introduce al lector mediante un capítulo que comprende una explicación actualizada de la naturaleza de los nudos cromosómicos en maíz, desde su descubrimiento por la Dra. McClintock en 1929, su distribución en maíz, teocintle e incluso en el genoma humano. Destacan su papel como buenos marcadores citogenéticos, su constitución en términos de heterocromatina, de segmentos cortos de ADN compacto, más la presencia de retrotransposones cuya interacción puede explicar la variación epigenética. Esta información es una excelente síntesis, actualizada, que conjuga las concepciones tanto de la Dra. McClintock como de los autores, mismas que cobran vigencia hoy día en el contexto de la genética y de la epigenética en que se ubica el libro. También sintetizan diferentes teorías que se han emitido sobre el origen del maíz, sin excluir la que acertadamente planteó el Dr. Salvador Miranda Colín en 1966.

Materiales y Métodos

El trabajo incluye el ideograma de la morfología de los cromosomas que muestran los brazos, los nudos, sus estructuras, y los cromosomas anormales con su frecuencia; las formas como se agrupan y la lista de las colecciones de las tres razas en estudio, su distribución, y el acervo de los nudos, base del trabajo. Luego se buscaron los patrones adaptativos de los nudos en 83 mapas de distribución geográfica y racial de los mismos, y en el segundo procedimiento, se estudiaron patrones detectados al asociar los pares de tamaños de nudos de acuerdo con el siguiente esquema metodológico:

De cromosomas totales, donde se sumaron los nudos por tamaños (G, grandes; M, medianos; C chicos; 0, ausencia de nudos) de todos los cromosomas expresándolos como frecuencias de cromosomas totales. Con ellas se llevaron cabo las siguientes comparaciones gráficas o asociaciones:

1. Comparaciones entre tamaños de nudo
 - a. Nudos grande y mediano
 - b. Nudos grande y pequeño
 - c. Nudo grande y posiciones sin nudo
 - d. Nudos mediano y pequeño
 - e. Nudo mediano y posiciones sin nudo
 - f. Nudo pequeño y posiciones sin nudo
2. En cromosomas largos vs. cromosomas cortos y sus brazos
 - a. Nudos grandes
 - b. Nudos medianos
 - c. Nudos pequeños
 - d. Posiciones sin nudos
3. En brazos largos y cortos de cromosomas largos y cortos
 - a. Posiciones sin nudos
 - b. Frecuencias de nudos en posiciones específicas
4. Comparaciones entre posiciones del mismo cromosoma
 - a. Nudos grandes
 - b. Nudos medianos
 - c. Nudos pequeños
 - d. Posiciones sin nudos
5. Comparaciones entre posiciones de nudos en distintos cromosomas
 - a. Nudos grandes
 - b. Nudos medianos
 - c. Nudos pequeños
 - d. Posiciones sin nudos

Adicionalmente, se hicieron comparaciones de algunos patrones con respecto a las razas Cacahuacintle, Arrocillo Amarillo, Pepitilla, Tuxpeño y Zapalote Chico, de las que se contaba con información de nudos. La estrategia de introducir y variar la dimensión tamaño de nudo permitió expresar materialmente la variación tanto entre razas como dentro de las mismas, y con ello la expresión de los patrones de variación de las razas en estudio; lo que se realizó en 183 gráficas, cada una presentó variación en una combinación de los cuatro tamaños de nudos (G, M, C y 0), más otras modalidades, como las referentes a los nudos en los brazos.

A manera de niveles de referencia para dar idea de los patrones de variación de los nudos en el sustrato del cual se derivaron las tres razas en estudio, se destacó el patrón costero del Pacífico Oaxaca-Sonora con predominio de nudos grandes, el de la costa del Golfo de México con determinada frecuencia de nudos medianos, el de la Mesa Central con predominio de nudos pequeños o ausencia de nudos. Para complementar esta panorámica se consignaron los nudos de cuatro complejos: el de Zapalote, el de los Altos de Guatemala, el de Pepitilla y el de Tuxpeño. De manera esencial y conclusiva se destacó que en la Mesa Central en el germoplasma primigenio domesticado del cual derivaron las tres razas, los cromosomas no tenían nudos o eran de tamaño pequeño.

De la Discusión

La discusión se enfocó primeramente en hacer ver la existencia de variación entre los agrupamientos, asociada a las razas objeto de estudio, las relaciones que las gráficas evidencian y la existencia de variación de los nudos dentro de ellas mismas, incluso la existencia de variaciones extremas aun no fáciles de interpretar.

Los pares de tamaños de nudos cuyas frecuencias se asociaron, generaron patrones que se expresaron de manera diferente en la raza Cónico Norteño, Chalqueño y en los dos agrupamientos del Cónico, lo que originó la pauta para determinar la secuencia de eventos que pudieron originar dichas razas; así mismo, fue evidente que las colecciones de una raza tendieron a

quedar separadas de las de otras razas, lo que refleja un estrecho móvil de naturaleza ecológica.

Es claro que se está ante una serie de eventos que, de acuerdo con la Genética, los nudos pueden provenir o heredarse de poblaciones vecinas, pero al conocer más a fondo la naturaleza del material que constituye al cromosoma y a los propios nudos, no se puede excluir el que se genere nueva información genética permanente o sea la ocurrencia de un evento epigenético incluso con interacción de genes móviles. De ahí que los autores enfatizan que los nudos, al revés de lo que se pensaba en el siglo pasado, tienen una enorme función adaptativa, que la Dra. MacClintock ya había asentado cuando recibió el Premio Nobel: que en el futuro la atención se centraría en el genoma como un órgano muy sensible de la célula que controla las actividades genómicas y corrige errores comunes; que siente los eventos inusuales inesperados y responde a ellos frecuentemente en la transformación del genoma.

Al comparar lo que plantearon Wellhausen *et al.*, en 1951 acerca del origen de las razas mediante hibridación y bajo el influjo de la hipótesis tripartita, hoy día no se aprecia congruencia. Sin embargo, el origen de las tres razas aquí expuesto muestra evidencias robustas, dadas por agrupamientos obtenidos por diferentes formas que redundan en patrones congruentes. Una proyección avanzada está relacionada con la generación de información genética nueva y permanente. El análisis de este trabajo proporciona una visión bastante completa y relativamente asequible de la genómica y el genoma que integra la enorme acción de los elementos transponibles. No cabe duda que se trata de una contribución sin precedente en un momento de una planta cuya trascendencia apunta a ser la más exitosa pero en la que su entendimiento siempre sufrió deformaciones en aspectos fundamentales. Tras contemplar el conjunto de figuras cuya interpretación permitió descifrar esta nueva dimensión, la de la evolución de las razas, ciertamente bien vale la pena armarse de paciencia y deseos de seguirles los pasos a los autores para apreciar en las más de 216 figuras de este documento, y penetrar en las silenciosas pero fructíferas interpretaciones, en especial del Dr. A Kato Y.

Como una forma más asequible, simplificada y gráfica, la Figura 1 presenta la esencia de la contribución. Finalmente una abundante y selecta lista de literatura citada, cribada en más de medio siglo remata el documento.

Autor de la reseña: Dr. Abel Muñoz Orozco

*Profesor Investigador Titular del Postgrado en Recursos Genéticos y Productividad,
Colegio de Postgraduados e Investigador Nacional Nivel II del SNI.*