

**UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA  
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA  
ESCUELA DE ZOOTECNIA**

**VALIDACIÓN DE PROGRAMAS DE PREDICCIÓN PARA ESTIMAR EL  
CONTENIDO DE AMINOÁCIDOS EN MAÍZ, HARINA DE SOYA Y SORGO**

**VALERIA MARÍA TURCIOS BLANCO**

**GUATEMALA, SEPTIEMBRE DEL 2004**

**UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA  
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA  
ESCUELA DE ZOOTECNIA**

**VALIDACIÓN DE PROGRAMAS DE PREDICCIÓN PARA ESTIMAR EL  
CONTENIDO DE AMINOÁCIDOS EN MAÍZ, HARINA DE SOYA Y SORGO**

**TESIS**

Presentada a la Junta Directiva de la Facultad de Medicina Veterinaria y  
Zootecnia de la Universidad de San Carlos de Guatemala

Por

**VALERIA MARÍA TURCIOS BLANCO**

Al conferírsele el Grado Académico de:

**LICENCIADA EN ZOOTECNIA**

Guatemala, Septiembre del 2004

**JUNTA DIRECTIVA  
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA  
UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA**

DECANO	Dr. M.V. Mario Llerena
SECRETARIA	Dra. M.V. Beatriz Santizo
VOCAL PRIMERO	Lic. Zoot. Carlos Saavedra
VOCAL SEGUNDO	Dr. M.V. Fredy González
VOCAL TERCERO	Dr. M.V. Edgar Bailey
VOCAL CUARTO	Br. Estuardo Ruano
VOCAL QUINTO	Br. Daniel Barrios

**ASESORES**

Lic. Zoot. Miguel Angel Rodenas  
Dr. M.V. Jacobo Pérez  
Lic. Zoot. Luis Franco

**HONORABLE TRIBUNAL EXAMINADOR**

En cumplimiento con lo establecido por los estatutos de la Universidad de San Carlos de Guatemala, presento a consideración de ustedes el trabajo de tesis titulado

**VALIDACIÓN DE PROGRAMAS DE PREDICCIÓN PARA ESTIMAR EL CONTENIDO DE AMINOÁCIDOS EN MAÍZ, HARINA DE SOYA Y SORGO**

Que fuera aprobado por la Junta Directiva de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, como requisito previo a optar el título profesional de

**LICENCIADA EN ZOOTECNIA**

## **TESIS QUE DEDICO**

A DIOS y LA VIRGEN MARÍA

A MIS PADRES

Emilio Turcios Estrada  
Zela Blanco de Turcios

A MIS HERMANOS

Zela, Gabriela, Claudia y Emilio

A MIS SOBRINOS

Vania, Naomi, Emilio, Adriana y  
Sebastian

A MIS CUÑADOS

Oscar, Diego y Marysol

A

Melba Martínez

A MIS AMIGOS

## **AGRADECIMIENTO**

A DIOS

A MIS PADRES, por su inmenso amor, apoyo y paciencia.

A MIS HERMANAS ZELA Y GABRIELA, por sus sabios consejos, apoyo y amor incondicional.

A TODA MI FAMILIA, por sus muestras de amor y solidaridad.

A MIS AMIGOS, por estar siempre a mi lado.

A LA UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA

A LA FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

A LA ESCUELA DE ZOOTECNIA

A MIS ASESORES        Lic. Miguel Angel Rodenas  
                                  Dr. Jacobo Pérez  
                                  Lic. Luis Franco

Al ING. HANS MANN, por su importante y valiosa colaboración en este trabajo de investigación.

A LA EMPRESA DEGUSSA, por su aporte económico para la realización de esta tesis

Al LIC. CARLOS SAAVEDRA, DR. MARIO LLERENA, DRA. BEATRIZ SANTIZO, LIC. CARLOS OSEIDA Y LIC. EDUARDO RODAS, por su amistad y colaboración.

**A TODAS LAS PERSONAS QUE COLABORARON EN LA REALIZACIÓN  
DE ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN**

**MUCHAS GRACIAS!!**

## ÍNDICE

I.	<b>INTRODUCCIÓN</b>	1
II.	<b>HIPÓTESIS</b>	2
III.	<b>OBJETIVOS</b>	3
	3.1 General	3
	3.2 Específico	3
IV.	<b>REVISIÓN DE LITERATURA</b>	4
	4.1 Proteínas y Aminoácidos	4
	4.2 Variación Proteica de las Materias Primas	5
	4.3 Maíz	6
	4.4 Harina de Soya	8
	4.5 Sorgo	10
	4.6 Muestreo de los Ingredientes	11
	4.7 Análisis de los Ingredientes	14
	4.8 Análisis de Regresión	16
	4.9 Ecuaciones de Regresión	16
	4.9.1 Maíz	16
	4.9.2 Harina de Soya	17
	4.9.3 Sorgo	17
V.	<b>MATERIALES Y MÉTODOS</b>	18
	5.1 Fuentes de Obtención de Muestras	18

5.2	Estándares Mínimos de Proteína Cruda de las Muestras	18
5.3	Número de Muestras	19
5.4	Tratamientos Evaluados	19
5.5	Variables Respuesta	19
5.6	Análisis Estadístico	20
VI.	<b>RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b>	21
6.1	Análisis Químico – Proximal	21
6.2	Estimaciones Sobre el Perfil Aminoacídico	23
6.2.1	Análisis del Maíz	23
6.2.2	Análisis de Harina de Soya	24
6.2.3	Análisis del Sorgo	25
VII.	<b>CONCLUSIONES</b>	26
7.1	Maíz	26
7.2	Harina de Soya	26
7.3	Sorgo	26
VIII.	<b>RECOMENDACIONES</b>	27
8.1	Maíz	27
8.2	Harina de Soya	27
8.3	Sorgo	27
IX.	<b>RESUMEN</b>	28
X.	<b>BIBLIOGRAFÍA</b>	29

## I. INTRODUCCIÓN

La eficiencia de producir alimento balanceado para consumo animal, depende de la formulación de raciones equilibradas que contengan todos los nutrientes necesarios para el crecimiento y producción adecuados de los animales de crianza.

La utilidad de cualquier ingrediente alimenticio depende de diversos factores, los tres más importantes son su composición nutricional, disponibilidad y precio, por lo tanto, es necesario que se realicen análisis del contenido nutricional de las materias primas, antes de utilizarlas para obtener los resultados deseados en la formulación de dietas.

Uno de los nutrientes críticos en la formulación, es la proteína, la cual está determinada por su composición aminoacídica. Para algunas especies, es muy importante formular la ración en base a aminoácidos y no en base a proteína cruda. Para la formulación de alimento balanceado es esencial equilibrar el aporte de aminoácidos vía dieta con las necesidades para una producción máxima u óptima, desde una perspectiva técnica o económica.

En la formulación de alimento balanceado, la composición media de los ingredientes en términos de energía, aminoácidos y otros nutrientes están fácilmente disponibles en la literatura. Sin embargo, estos valores medios no dan una idea de la variabilidad que existe para cada materia prima debido a las diferencias entre variedades, condiciones de cultivo (clima, suelo, fertilización, etc).

Para medir de forma más precisa la composición de cada partida de materias primas, los nutricionistas utilizan los valores de materia seca y de proteína bruta obtenidos en laboratorio. A partir de estos valores de proteína bruta, la composición en términos de aminoácidos esenciales puede deducirse fácilmente y con una cierta precisión.

En el siguiente trabajo se evaluaron tres programas de predicción utilizados para estimar la composición aminoacídica del maíz, harina de soya y sorgo, para aportar bases confiables a los nutricionistas en el momento de seleccionar los ingredientes y formular raciones.

## **II. HIPÓTESIS**

No existe diferencia entre los estimados de los programas de predicción para contenido aminoacídico y los resultados analíticos de aminogramas del maíz, harina de soya y sorgo.

### **III. OBJETIVOS**

#### **3.1 General:**

Evaluar el uso de programas de predicción utilizados para estimar el contenido de aminoácidos de las materias primas utilizadas en Guatemala a partir del análisis químico-proximal.

#### **3.2 Específico:**

Validar tres programas de predicción utilizados para determinar el perfil de aminoácidos del maíz, harina de soya y sorgo en Guatemala.

## **IV. REVISIÓN DE LITERATURA**

### **4.1. PROTEÍNAS Y AMINOÁCIDOS:**

Dado que las proteínas son materia principal de los órganos y las estructuras blandas en el cuerpo del animal es preciso un suministro liberal y continuado de las mismas en la alimentación durante toda la vida, para el crecimiento del animal y la reparación de los tejidos; de ahí que la transformación de las proteínas de los alimentos en proteínas del organismo sea una parte muy importante del proceso de la nutrición (Maynard, 1981).

Los aminoácidos son moléculas nitrogenadas simples con cadena hidrocarbonada de bajo peso molecular. Todos los aminoácidos a excepción de la glicina, tienen dos formas estructurales o estereoisómeros posibles: L y D. Todos los aminoácidos presentes en las proteínas animales pertenecen a la serie L. Sin embargo, en ciertos casos el animal dispone de la capacidad enzimática precisa para aprovechar la forma D previa transformación en la forma L correspondiente (FEDNA, 1998).

Los aminoácidos son las unidades estructurales de las proteínas. Durante la digestión las proteínas, son degradadas a aminoácidos y éstos son absorbidos por el tracto gastrointestinal para formar nuevas proteínas, como por ejemplo los músculos. (Reese; Thaler; Brumm; Lewis; Miller; Libal, 2000). Por otra parte, la proteína y aminoácidos de los alimentos sólo son disponibles parcialmente para el animal, ya que se pierde en las heces. Además, la proteína y aminoácidos que aparentemente se absorben en el ciego e intestino grueso son principalmente fermentados por la microflora, resultando la formación de amoníaco y proteína microbiana como principales compuestos nitrogenados. Estos sin embargo no contribuyen al pool de aminoácidos disponibles para la síntesis proteica del animal. La hidrólisis de proteína y la subsiguiente absorción de aminoácidos y péptidos tiene lugar sobre todo en el intestino delgado, como resultado de la actuación de enzimas digestivas producidas por el huésped (FEDNA, 2000).

Las proteínas están formadas por diferentes combinaciones de veinte aminoácidos existentes (Dritz; Goodband; Nelssen; Tokach, 1997).

Los animales no presentan requerimientos específicos de proteína cruda (PC), sino de aminoácidos. El suministro de aminoácidos al animal en la dieta depende de la composición y digestibilidad de los ingredientes que la componen (FEDNA, 2000). Si la dieta posee niveles inadecuados de algún aminoácido esencial, la síntesis de proteínas no puede ir más allá al límite en que este aminoácido esté disponible, esto es lo que se conoce como aminoácido limitante.

La calidad de la fuente proteica se mide en función de que tan cerca esté esta de llenar los requerimientos de aminoácidos de los animales que se alimentan de ella. Los diez aminoácidos esenciales en la nutrición de los cerdos son: lisina, treonina, triptofano, metionina (+cistina), isoleucina, histidina, valina, arginina y fenilalanina (+tirosina). La mayoría de los granos son limitantes en lisina, triptofano y treonina, por lo que al evaluar ingredientes para la formulación de dietas, se les debe tomar mucho en cuenta a la hora de determinar la calidad de su proteína (Dritz; Goodband; Nelssen; Tokach, 1997).

El concepto de “proteína ideal” ó “balance ideal de aminoácidos” provee un perfil perfecto de aminoácidos esenciales y no esenciales en la dieta, sin ningún exceso o deficiencia de los mismos. La “proteína ideal” provee exactamente en un 100% los niveles recomendados de aminoácidos (Reese; Thaler; Brumm; Lewis; Miller; Libal, 2000). Esto significa que ningún aminoácido se suministra en exceso en comparación con el resto. Como consecuencia, la retención de proteína (ganancia respecto a consumo de proteína) es máxima y la excreción de nitrógeno es mínima. Esto es posible a través de una adecuada combinación de concentrados proteicos y aminoácidos cristalinos suplementarios. También implica que se conocen las digestibilidades verdaderas de los aminoácidos (FEDNA, 1998).

#### **4.2. VARIACIÓN PROTEICA DE LAS MATERIAS PRIMAS:**

La variación natural en el contenido de nutrientes de un ingrediente se estima que es +/- 10%. La composición de productos vegetales puede variar dependiendo de la composición del suelo, grado de fertilización y variedad propia de la planta. Los cereales y sus subproductos parecen ser más consistentes en su contenido de nutrientes que los alimentos proteicos, especialmente los de origen animal. (Campabadal, 1991).

Los nutrientes que más varían en la composición de un alimento utilizado en la elaboración de dietas, son el contenido de proteína, cenizas y fibra. Una variación amplia en el contenido de estos componentes normalmente producen alteraciones en el contenido de aminoácidos, minerales y energía de las dietas y como resultado una disminución en los rendimientos productivos y económicos de las granjas (Campabadal; Navarro, 1994).

El nutriente que más variación presenta en las materias primas es el contenido de proteína, especialmente por efecto de procesamiento o de adulteración, por lo que es de gran necesidad un control estricto de calidad sobre el contenido de proteína en estas materias primas, especialmente cuando ellas representan un alto porcentaje en la dieta y no se recomienda utilizar valores promedio de las tablas de composición nutricional. El porcentaje de proteína en algunas materias primas, especialmente en subproductos agroindustriales presentan una gran variación de acuerdo al grado de adulteración y procesamientos. Las fuentes proteicas de origen animal varían en su calidad y composición más que las de origen vegetal (Campabadal, 1991).

### **4.3. MAÍZ**

El maíz (*Zea mays*), es originario de Mesoamérica. El grano de maíz es particularmente apreciado por su alto valor energético, palatabilidad, escasa variabilidad de su composición química y bajo contenido en factores antinutritivos (FEDNA, 1999).

El maíz es rico en energía y bajo en fibra y minerales. Tanto el nivel de proteína como el valor biológico de la proteína son bajos. Para utilizar al máximo el alto valor productivo del maíz, estas diferencias deben ser balanceadas con la suplementación adecuada. El maíz puede proveer parte de los requerimientos protéicos en las dietas de cerdos y aves. Generalmente requiere de suplementación con ingredientes con alto contenido de proteína (soya o alternativas) y aminoácidos (lisina y metionina).

La mayor parte del maíz contiene del 3-4 % de aceite, aunque variedades más nuevas que están ya disponibles contienen del 6-8% de aceite y de esta forma contribuyen proporcionalmente más energía. Estas variedades de maíz altas en aceite también contienen de 2-3% más de proteína y proporcionalmente más aminoácidos esenciales. La proteína en el maíz está presente principalmente como prolamina y como tal el perfil

de sus aminoácidos no es ideal para las aves. Este balance de aminoácidos y su disponibilidad debe ser seriamente considerado cuando se formulan dietas bajas en proteínas porque bajo estas condiciones la prolamina del maíz puede contribuir con hasta 50 – 60 % de la proteína de la dieta. (Leeson; Summers, 1997).

El perfil de aminoácidos de las proteínas del maíz, está bien balanceado con deficiencias en lisina junto con triptofano y el resto de leucina. El perfil de aminoácidos depende del contenido de proteínas del cereal. Cuando el maíz es alto en proteína, da contenido relativos más bajos de lisina y arginina a expensas de aumentar las cantidades de ácido glutámico y leucina (Soto, 1996).

**Tabla No.1. COMPOSICIÓN AMINOACÍDICA COMO PORCENTAJE DE MATERIA SECA EN DISTINTOS MAÍCES**

<b>Composición</b>	<b>Rhone-Poulenc</b>	<b>Degussa</b>	<b>Novus</b>
Materia Seca	87.00	88.00	87.00
Proteína Cruda	9.00	8.53	8.59
<b>Aminoácidos</b>			
Lisina	0.26	0.25	0.29
Metionina	0.19	0.18	0.21
Cistina	0.19	0.19	0.20
Met + Cis	0.38	0.37	0.41
Treonina	0.32	0.31	0.31
Triptofano	0.07	0.06	0.09
Arginina	0.41	0.40	0.44
Valina	0.45	0.41	0.42

Fuentes: Degussa (1996), Rhone-Poulenc(1993), Novus(1992)

#### **4.4. HARINA DE SOYA:**

La harina de soya es una fuente concentrada de proteína y energía y tiene menos fibra que cualquier otra fuente de proteína de semillas oleaginosas, conteniendo además proporciones importantes de nutrientes esenciales tales como ácido linoléico y lisina. Generalmente, dos tipos de harina de soya están disponibles para fabricantes de alimento balanceado para animales. Estas dos harinas son producidas por el mismo proceso; la única diferencia es que una es ajustada al 44% de proteína mezclándola con cascarillas tostadas y molidas. Las ventajas de la harina de soya descascarillada incluyen un nivel más alto de proteína bien equilibrada, un nivel más bajo de fibras y un nivel más alto de energía. La harina de soya descascarillada es una fuente más concentrada de proteína y por lo tanto el nivel de grano puede aumentarse en la dieta, resultando en una dieta con más densidad energética.

La harina de soya es única entre las proteínas de plantas en su capacidad de proporcionar los aminoácidos esenciales en cantidades adecuadas, para corregir las deficiencias de aminoácidos en los granos. La proteína aportada por la harina de soya, es altamente rica en lisina y deficitaria en metionina y triptófano (FEDNA, 1999).

Investigaciones sobre la disponibilidad de aminoácidos en la harina de soya indican que la variación en aminoácidos totales es más grande que la variación en la disponibilidad relativa entre las muestras. Por lo tanto esto demuestra que el procesamiento del grano de soya tiene muy poco efecto sobre los aminoácidos disponibles en la harina de soya (Smith, 1996).

A pesar de su elevado valor nutritivo, el grano de soya contiene un buen número de factores antinutritivos. Los más importantes (factores antitripsicos y lectinas) son termolábiles, por lo que su contenido después del procesado por calor es bastante bajo (< 2,5 mg/g y 0,5 micromoles/g, respectivamente). Contiene también factores antigénicos termoestables (glicinina y  $\beta$ -conglucina) que causan respuesta inmunológica, daños en la mucosa intestinal y diarrea en animales jóvenes (terneros y lechones). Los rumiantes son menos sensibles a los factores antinutritivos ya que son parcialmente digeridos (e inactivados) en el rumen, aunque la fracción no digerida puede ser importante en animales de elevado nivel de producción. Al igual que otras leguminosas su contenido en oligosacáridos es alto (6%). Tanto los factores antigénicos como los oligosacáridos pueden extraerse con etanol, obteniéndose un producto denominado concentrado de proteína de

soya, con alrededor del 70% de proteína, de gran interés en alimentación de animales jóvenes (FEDNA, 1999).

El calentamiento insuficiente de la harina de soya resultará en una relación de eficiencia proteica baja, tan baja como en el grano de soya crudo o como la de una harina de soya poco cocida producida para el uso industrial.

El calentamiento excesivo de la harina de soya tiende a inactivar o destruir los aminoácidos esenciales lisina, cistina, metionina y posiblemente otros también. (Leeson; Summers, 1997). El grano de soya contiene inhibidores de tripsina, hemaglutinas, saponinas, una enzima de ureasa y compuestos con minerales complejos. Las condiciones de calor-humedad-tiempo del procesamiento son suficientes para producir una harina libre de estos factores que limitan el uso (Smith, 1996).

**Tabla No. 2. COMPOSICIÓN AMINOACÍDICA COMO PORCENTAJE DE MATERIA SECA EN DISTINTAS HARINAS DE SOYA**

<b>Composición</b>	<b>Rhone-Poulenc</b>	<b>Degussa</b>	<b>Novus</b>
Materia Seca	90	88.00	89.00
Proteína Cruda	43.50	45.64	44.87
<b>Aminoácidos</b>			
Lisina	2.74	2.86	2.83
Metionina	0.60	0.66	0.65
Cistina	0.63	0.69	0.67
Met + Cis	1.23	1.35	1.32
Treonina	1.72	1.82	1.77
Triptofano	0.59	0.59	0.67
Arginina	3.28	3.39	3.47
Valina	2.19	2.16	2.25

Fuentes: Degussa(1996), Rhone-Poulenc (1993), Novus (1992)

#### **4.5. SORGO**

El sorgo (*Sorghum bicolor*), comúnmente llamado sorgo o maicillo; es originario de Africa, por lo que se adapta a las zonas cálidas y más secas de los trópicos.

En muchos aspectos el sorgo es comparable con el maíz en su valor nutricional. La diferencia en cuanto a niveles energéticos es mínima comparado con el maíz, aunque el sorgo presenta más variaciones entre muestra.

Las aves de corral y cerdos pueden consumir sorgo entero pero su eficiencia alimenticia se ve disminuída. Se recomienda que se muele, pero la partícula no deber ser extremadamente fina ya que disminuye su consumo. El sorgo no posee carotenos por lo que se deben suplementar en la ración, además de esto puede ocasionar constipación (FAO, 2004).

El almidón del sorgo está íntimamente asociado con la proteína, y esto resulta en una digestibilidad reducida especialmente en ausencia de algún proceso de cocimiento (Leeson; Summers, 1997).

La principal limitante que posee el sorgo es su contenido de taninos (grupo de polifenoles), los cuales poseen la propiedad de combinarse con algunas proteínas por lo que disminuye la eficiencia alimenticia.

El sorgo es una fuente potencial de taninos, y estos se encuentran usualmente en las capas externas del grano. El alto contenido de taninos puede resultar en una reducción del 10% en la materia seca como también la digestibilidad de aminoácidos. Alimentar con niveles más altos de aminoácidos puede ayudar a contrarrestar estos efectos negativos en cuanto al retraso en el crecimiento de los animales (Leeson; Summers, 1997).

**Tabla No. 3. COMPOSICIÓN AMINOACÍDICA COMO PORCENTAJE DE MATERIA SECA EN DISTINTOS SORGOS**

<b>Composición</b>	<b>Rhone-Poulenc</b>	<b>Degussa</b>	<b>Novus</b>
Materia Seca	87.00	88.00	91.00
Proteína Cruda	9.50	9.25	10.16
<b>Aminoácidos</b>			
Lisina	0.23	0.22	0.31
Metionina	0.15	0.17	0.22
Cistina	0.19	0.17	0.21
Met + Cis	0.34	0.34	0.43
Treonina	0.34	0.31	0.42
Triptofano	0.10	0.10	0.08
Arginina	0.37	0.38	0.49
Valina	0.52	0.46	0.63

Fuentes: Degussa (1996), Rhone-Poulenc (1993), Novus(1992)

#### **4.6. MUESTREO DE LOS INGREDIENTES**

El objetivo del muestreo de cualquier ingrediente o ración es el obtener muestras que son representativas del lote en cuestión. Un resultado incorrecto que dé un dato, el cuál puede ser producto del mal muestreo, manejo incorrecto de las muestras, errores analíticos, etc., es peor que no tener dato alguno. Por lo tanto, es responsabilidad de los técnicos conocer los procedimientos y técnicas adecuadas para el muestreo para asegurar la mejor formulación de las raciones (Reed, 1997).

Pasos en el muestreo:

- Tomar muestras de 0.5 a 1.0 lbs cada una.
- Para lotes de 1 a 10 sacos se deben muestrear todos.
- Para lotes de 11 o más sacos se deben muestrear lotes de 10 sacos.
- Se deben analizar un mínimo de 3 muestras y promediarlos.

Existen otras formas a seguir según el número de muestras a tomar dependiendo del tamaño del lote, tal es el ejemplo siguiente:

**Tabla No.4. MUESTREO EN SACOS**

<b>TAMAÑO DEL LOTE (SACOS)</b>	<b>% MUESTREADO</b>	<b>MUESTRA (SACOS)</b>
2 – 20	20	1– 4
20 – 60	10	2 – 4
60 – 200	7	4 – 14
200 – 500	5	10 – 25
500 - 1000	4	20 – 40
MÁS DE 1000	3	40

Fuente: Guerra (1992)

Debe muestrearse usando una chuza o abriendo el saco y obteniendo una pequeña porción de varios niveles. Los muestreos de productos menores a los 100 kg deben obtener muestras de al menos 0.75 kg.

Los materiales a granel deben ser muestreados con muestreadores de compartimientos, pero la inspección visual y manual son procedimientos vigentes. En este caso el muestreo se realiza de acuerdo al tonelaje:

**Tabla No. 5. MUESTREO A GRANEL (SILOS)**

<b>TAMAÑO DEL LOTE (TON. MÉTRICA)</b>	<b>NÚMERO DE MUESTRAS</b>
Menos de 1	4
1- 2	6
2 – 5	10
5 – 10	15
10 – 25	25
25 – 50	40
50 – 100	60
Por cada 10 TM. En exceso de 100	2

Fuente: Guerra (1992).

Si la muestra es cuantiosa debe reducirse su tamaño por medio de algún método conocido como el cuarteo. Este proceso debe hacerse cuidadosamente para no alterar la composición real de la muestra.

- Debe estar protegida contra cambios en la composición, especialmente la humedad.
- Debe guardarse en recipiente de boca ancha con tapadera o en bolsa plástica gruesa, de tal manera que la aisle de cambios provocados por el ambiente.
- Debe tener identificación detallada con número de registro, número de lote, proveedor, en fin todo aquel dato que permita reconocerla con facilidad.
- Es recomendable conservar muestras en duplicado, para el caso de resultados dudosos o como respaldo en caso de reclamos.

Las características de una buena muestra molida para análisis son:

**Homogeneidad:** La molienda de la muestra debe ser exageradamente homogénea ya que se utilizan a veces muestras de 0.2 g. para análisis, por lo que requerimos que esa minúscula porción sea representativa.

**Contaminación:** Entre moliendas especialmente si son de distintos ingredientes, el molino se debe limpiar cuidadosamente. Debe poseer mallas de acero inoxidable para evitar agregar contaminación (Guerra, 1992).

Posterior al muestreo, se debe proceder a analizar cualitativamente las muestras para garantizar su calidad en los siguientes aspectos:

- **Humedad:** producto suelto, sin grumos ni manchas. Determinación rápida pero confiable.
- **Color:** típico, uniforme.
- **Olor:** limpio, característico, no rancio o fétido.
- **Presencia de materiales extraños:** ya sea adulteración del producto o por contaminación por aves, roedores o insectos.
- **Textura:** regularidad en el tamaño de las partículas y distribución regular de líquidos.

- Evidencia de calentamiento: usar termómetro o buscar grano obscuro.
- Deterioro por biotoxinas.

Análisis más específicos se deben realizar para cada ingrediente con el propósito de garantizar una formulación adecuada. Para las fuentes proteicas se sugiere obtener su contenido de:

- Humedad
- Proteína Cruda
- Cenizas
- Nitrógeno no proteico

#### **4.7. ANÁLISIS DE LOS INGREDIENTES**

Normalmente se ejecuta un análisis proximal o de Weende, para estimar la calidad del ingrediente en cuestión. El análisis proximal completo consiste en determinar proteína cruda, extracto etéreo, fibra cruda y humedad. Este se efectúa con un mínimo de tres submuestras. A la primera se le somete a calentamiento (100 – 110 grados centígrados) en un horno de secamiento con objeto de determinar su humedad (su complemento que es la materia seca, se calcula por diferencia); posteriormente se calcina (500 – 600 grados centígrados) para determinar la materia mineral o cenizas (la parte que desaparece se considera como materia orgánica). A la segunda submuestra se le somete a una extracción con un solvente orgánico que arrastra el llamado extracto etéreo (comprende aceites, grasa y otros materiales liposolubles) utilizando un aparato de extracción de Goldfish. Al material sobrante, se le aplica una digestión ácida seguida de una alcalina, quedando como remanente la llamada fibra cruda. A la última submuestra se le somete al análisis de proteína cruda, usando el método Kjeldahl, que no es más que una determinación del nitrógeno total liberado en una digestión química (Shimada, 1983).

Los laboratorios miden el contenido de nitrógeno (N) de las materias primas y calculan la proteína cruda usando la fórmula:  $PC = \%N * 6.25$  (Schroeder, 1997).

La proteína cruda incluirá la proteína verdadera y el nitrógeno no-protéico. Los valores de proteína cruda no dan indicaciones si esta proteína fue dañada por efectos del calor, que posteriormente van a alterar la disponibilidad de proteínas. Un análisis de un ingrediente no siempre va a dar el valor de la proteína insoluble; sólo si se sospecha de un

daño en la proteína por efecto del calor y este análisis sea solicitado. Este valor nos dará una indicación si existió calor excesivo, reduciendo la digestibilidad de las proteínas. Todos los ingredientes poseen un poco de proteína insoluble, este valor también es reportado como ADF-N proteína, ADFR PC o proteína no disponible. En algunos reportes, el valor de la proteína soluble será la diferencia entre proteína cruda y la proteína insoluble (Schroeder, 1997).

El proceso cromatográfico se puede definir como una técnica de separación que envuelve transferencias de masas entre la fase móvil y la fase estacionaria. La cromatografía por HPLC (Cromatografía Líquida de Alta Presión) utiliza una fase líquida móvil para separar los componentes de la mezcla. Los componentes analizados son primero disueltos en un solvente, y luego forzados a fluir dentro de una columna cromatográfica que es sometida a grandes presiones. En la columna es donde se determinan los componentes de la mezcla. La cantidad de resolución es importante, y es dependiente del grado de interacción entre los componentes disueltos y la fase estacionaria. La fase estacionaria se define como el material inmóvil de la columna. La interacción entre los componentes disueltos con las fases móvil y estacionaria puede ser manipulada por medio de diferentes opciones de componentes disueltos y fases estacionarias (Kazakevich, 1996).

Para determinar la composición de aminoácidos en un ingrediente, en primer lugar los aminoácidos tienen que ser liberados de la proteína del mismo, utilizando ácido clorhídrico semiconcentrado (hidrólisis). Sin embargo, la metionina y la cistina, que juegan un papel principal en nutrición animal, son parcialmente destruidas durante la hidrólisis. Para determinar estos aminoácidos, primero se somete la muestra a un proceso de oxidación utilizando ácido per fórmico. De esta forma, la metionina y la cistina, se transforman cuantitativamente en metionina sulfona y ácido cistéico respectivamente, que son estables bajo condiciones de hidrólisis ácida. Se separa el hidrolizado de proteína en una resina de intercambio catiónico en el analizador de aminoácidos, y a continuación por reacción con ninhidrina, se desarrollan derivados coloreados para la determinación cuantitativa de aminoácidos individuales, en la célula de flujo de un fotómetro. El aminoácido aromático tirosina, que es destruido por reacción ácido per fórmico, que es un aminoácido lábil, es determinado por una cromatografía líquida de alta presión (HPLC) en fase reversa, después de una hidrólisis alcalina con hidróxido de litio en ausencia de oxígeno (Degussa, 1996).

## 4.8. ANÁLISIS DE REGRESIÓN

Se puede definir a la regresión como la cantidad de cambio de una variable dependiente asociada a un cambio unitario de la variable independiente (Little; Hills, 1981). El análisis de regresión es una técnica estadística para investigar la relación entre una variable respuesta (variable dependiente) y una o más explicativas o variable independiente. Es usado para predecir el comportamiento de la variable dependiente de valores dados de las variables independientes. Si la variable dependiente Y tiene que ser relacionada a una variable independiente X, el modelo para asociar Y y X puede ser dado por  $Y = AX + B$ , donde A y B son coeficientes no especificados. Este modelo es conocido como análisis de regresión lineal (Ezekiel, 1988).

Para la mayor parte de ingredientes del alimento, se han establecido ecuaciones de regresión tomando el valor de la proteína como variable independiente. Si el valor de proteína bruta de un ingrediente es conocido, los contenidos de los aminoácidos más importantes (metionina, lisina, treonina, etc.) pueden ser calculados (Degussa, 1996).

Los resultados se expresan en porcentaje del aminoácido respecto a la materia seca estandarizada. Cuando hay un número limitado de muestras, o cuando sólo hay una pequeña correlación entre la proteína bruta y el contenido en aminoácidos ( $r < 0.50$ ), no se han dado ecuaciones de regresión. Además no se han calculado ecuaciones de regresión, si el rango de proteína es muy pequeño (Degussa, 1996).

## 4.9. ECUACIONES DE REGRESIÓN

### 4.9.1. Maíz

▪ % Metionina =	$\% \text{ PB} * 0.0170 + 0.033$	$r=0.70$
▪ % Met+Cis =	$\% \text{ PB} * 0.0283 + 0.129$	$r=0.72$
▪ % Lisina =	$\% \text{ PB} * 0.0186 + 0.079$	$r=0.62$
▪ % Treonina=	$\% \text{ PB} * 0.0326 + 0.030$	$r=0.93$
▪ % Triptofano =	$\% \text{ PB} * 0.0047 + 0.021$	$r=0.65$
▪ % Arginina =	$\% \text{ PB} * 0.0320 + 0.127$	$r=0.67$
▪ % Valina =	$\% \text{ PB} * 0.0465 + 0.012$	$r=0.88$

#### 4.9.2. Harina de Soya

▪ % Metionina =	% PB * 0.0141 + 0.017	r=0.65
▪ % Met+Cis =	% PB * 0.0263 + 0.147	r=0.57
▪ % Lisina =	% PB * 0.0644 - 0.081	r=0.78
▪ % Treonina=	% PB * 0.0381 + 0.081	r=0.81
▪ % Triptofano =	% PB * 0.0118 + 0.058	r=0.59
▪ % Arginina =	% PB * 0.0679 + 0.290	r=0.67
▪ % Valina =	% PB * 0.0419 + 0.246	r=0.65

#### 4.9.3. Sorgo

▪ % Metionina =	% PB * 0.0140 + 0.039	r=0.86
▪ % Met+Cis =	% PB * 0.0261 + 0.098	r=0.87
▪ % Lisina =	% PB * 0.0138 + 0.091	r=0.76
▪ % Treonina=	% PB * 0.0302 + 0.032	r=0.98
▪ % Triptofano =	% PB * 0.0090 + 0.017	r=0.94
▪ % Arginina =	% PB * 0.0289 + 0.108	r=0.85
▪ % Valina =	% PB * 0.0496 - 0.001	r=0.95

**NOTA:** Ecuaciones de regresión reportadas por DEGUSSA (1996).

Rhone-Poulenc y Novus, no reportan ecuaciones de regresión por políticas internas de dichas empresas.

## V. MATERIALES Y MÉTODOS

### 5.1.FUENTES DE OBTENCIÓN DE MUESTRAS

Las distintas muestras de los ingredientes en cuestión se obtuvieron de compañías comerciales dedicadas a la elaboración de alimentos concentrados para animales. El muestreo de las materias primas se realizó según la metodología sugerida por Guerra (1992), para las empresas que lo permitieron, ya que las que poseían sus propios laboratorios de control de calidad proporcionaron un número aleatorio de muestras de 454 gramos.

El análisis de las muestras se llevó a cabo en dos etapas, se dividió cada muestra obtenida en dos submuestras de las cuales, la primera de 50 gramos fue enviada al Departamento de Cromatografía por HPLC de DEGUSSA en Alemania y se analizó en base a la metodología de Kazakevich (1996); a la otra submuestra se le realizó un análisis químico-proximal en base a la metodología de Weende (Shimada, 1983) en dos laboratorios locales.

### 5.2.ESTÁNDARES MÍNIMOS DE PROTEÍNA CRUDA DE LAS MUESTRAS

Cada muestra debía cumplir con un estándar mínimo de calidad en cuanto a proteína cruda para ser utilizada en esta investigación. Este estándar mínimo es específico para cada ingrediente.

**Tabla No. 6. ESTÁNDARES MÍNIMOS DE PROTEÍNA CRUDA DE LAS MUESTRAS**

<b>INGREDIENTE</b>	<b>MEDIA %</b>	<b>MÍNIMO %</b>	<b>MÁXIMO %</b>
Maíz	8.53	5.87	10.99
Harina de Soya	45.64	41.10	51.78
Sorgo	9.25	6.60	12.81

Fuente: Degussa (1996).

### **5.3.NÚMERO DE MUESTRAS**

Se evaluaron:

- 98 muestras de maíz.
- 176 muestras de harina de soya.
- 70 muestras de sorgo.

Cada muestra fue tomada como una repetición. Debido al alto costo del análisis de un aminograma y se realizó un muestreo aleatorio por conveniencia.

### **5.4.TRATAMIENTOS EVALUADOS**

- a. Aminograma de cada una de las repeticiones de cada ingrediente como tratamiento testigo.
- b. Estimación de aminoácidos por medio de los programas de predicción de base de datos de Degussa a cada análisis químico-proximal.
- c. Estimación de aminoácidos por medio de los programas de predicción de base de datos de Rhone-Poulenc a cada análisis químico-proximal.
- d. Estimación de aminoácidos por medio de los programas de predicción de base de datos de Novus a cada análisis químico-proximal.

### **5.5.VARIABLES RESPUESTA**

Las variables respuestas fueron las siguientes:

- |                        |               |
|------------------------|---------------|
| a. Metionina           | e. Treonina   |
| b. Cistina             | f. Triptofano |
| c. Metionina + Cistina | g. Arginina   |
| d. Lisina              | h. Valina     |

Se utilizaron para ello los resultados de los análisis químico-proximales tal como lo requieren los programas a evaluar.

## 5.6. ANÁLISIS ESTADÍSTICO

La unidad experimental fué constituida por una muestra que se dividió en dos; a la primera porción de la misma se le realizó un aminograma y a la segunda porción se le realizaron dos análisis químico-proximal en distintos laboratorios locales, de los cuáles se obtuvieron los porcentajes aminoacídicos estimados por medio de cada uno de los programas de predicción de base de datos (Degussa, Rhone-Poulenc y Novus). Los datos obtenidos fueron analizados por medio del modelo:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + E_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ : Variable respuesta.

$\mu$ : Efecto de la media general.

$T_i$ : Efecto del  $i$ -ésimo método de cálculo del aminoácido.

$E_{ij}$ : Efecto del Error Experimental.

Se aplicó la prueba de comparación de medias de Tukey cuando existieron diferencias estadísticas significativas.

## VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 6.1 ANÁLISIS QUÍMICO-PROXIMAL

Los resultados de los análisis químicos-proximales de los distintos ingredientes: maíz, harina de soya y sorgo realizados por dos laboratorios locales se presentan en los cuadros 1, 2 y 3 respectivamente.

En los siguientes cuadros se puede observar que las desviaciones estándar y los coeficientes de variación fueron mínimos (todos menores de 5%) entre los valores observados entre los dos laboratorios nacionales en los distintos nutrientes de los ingredientes analizados. Se realizó una comparación entre estos laboratorio por medio de un ANDEVA, sin encontrarse diferencias significativas entre los mismos.

Acorde a los valores obtenidos para maíces, harinas de soya y sorgos utilizados en Guatemala, éstos insumos cumplen con las normas establecidas por la Fundación Española para el Desarrollo de la Nutrición Animal (FEDNA), en sus valores de análisis químico-proximales (Cuadro No.1, 2 y 3). Estos indican que éstos ingredientes poseen una calidad adecuada para su utilización como insumos en alimentos balanceados para animales.

**Cuadro No.1. Análisis Químico-Proximal del Maíz**

	<b>MS%</b>	<b>PC%</b>	<b>EE%</b>	<b>FC%</b>	<b>Cen%</b>
<b>Laboratorio A</b>	88	8.35 <b>ns</b>	3.61 <b>ns</b>	1.82 <b>ns</b>	1.58 <b>ns</b>
<b>Laboratorio B</b>	88	8.37 <b>ns</b>	3.61 <b>ns</b>	1.80 <b>ns</b>	1.57 <b>ns</b>
Desviación estándar	0	0.01	0	0.02	0
CV%	0	0.12	0	1.10	0
<b>FEDNA</b>	85.6	8.1	3.6	2.4	1.3

Nota: **ns** no significativo (P< 0.01)

**Cuadro No.2. Análisis Químico-Proximal de Harina de Soya**

	<b>MS %</b>	<b>PC%</b>	<b>EE%</b>	<b>FC%</b>	<b>Cen%</b>
<b>Laboratorio A</b>	88	47.32 <b>ns</b>	0.70 <b>ns</b>	3.10 <b>ns</b>	6.34 <b>ns</b>
<b>Laboratorio B</b>	88	47.34 <b>ns</b>	0.69 <b>ns</b>	3.12 <b>ns</b>	6.35 <b>ns</b>
Desviación estándar	0	0.02	0.01	0.01	0.01
CV%	0.00	0.04	1.43	0.32	0.16
<b>FEDNA</b>	88.1	46.9	1.6	4.6	6.0

Nota: **ns** no significativo (P< 0.01)

**Cuadro No.3. Análisis Químico-Proximal del Sorgo**

	<b>MS%</b>	<b>PC%</b>	<b>EE%</b>	<b>FC%</b>	<b>Cen%</b>
<b>Laboratorio A</b>	88	8.65 <b>ns</b>	2.27 <b>ns</b>	2.33 <b>ns</b>	1.88 <b>ns</b>
<b>Laboratorio B</b>	88	8.69 <b>ns</b>	2.26 <b>ns</b>	2.34 <b>ns</b>	1.89 <b>ns</b>
Desviación estándar	0	0.02	0.00	0.01	0.01
CV%	0.00	0.23	0.00	0.43	0.53
<b>FEDNA</b>	86.3	8.7	3.0	2.7	1.5

Nota: **ns** no significativo (P< 0.01)

## 6.2 ESTIMACIONES SOBRE EL PERFIL AMINOACÍDICO

Los resultados del perfil aminoacídico obtenido con los programas de estimación (Degussa, Rhone-Poulenc y Novus) para cada laboratorio se presentan a continuación:

### 6.2.1 Análisis del Maíz.

Como puede observarse en el cuadro No. 4 el programa de Degussa no pudo predecir satisfactoriamente el perfil aminoacídico estimado por medio del aminograma de los distintos aminoácidos del maíz. El programa de Rhone-Poulenc predijo de manera satisfactoria a metionina+cistina, triptofano y arginina, sin embargo no predijo a metionina, cistina, lisina, treonina y valina. El programa de Novus predijo satisfactoriamente a treonina y valina, sin embargo no ocurrió lo mismo con los 6 aminoácidos restantes, estimados por medio del aminograma.

**Cuadro No.4. Estimaciones del perfil aminoacídico del Maíz**

	<i>Aminograma</i>	<i>DS</i>	<i>Degussa</i>	<i>DS</i>	<i>RhonePoulenc</i>	<i>DS</i>	<i>Novus</i>	<i>DS</i>
<b>Metionina</b>	0.1688 <b>a</b>	0.00	0.1748 <b>b</b>	0.00	0.1770 <b>b</b>	0.00	0.2080 <b>c</b>	0.00
<b>Cistina</b>	0.1814 <b>b</b>	0.00	0.1864 <b>c</b>	0.00	0.1770 <b>a</b>	0.00	0.1929 <b>d</b>	0.00
<b>Met+Cis</b>	<b>0.3503 a</b>	0.00	0.3652 <b>b</b>	0.00	<b>0.3536 a</b>	0.00	0.4034 <b>c</b>	0.00
<b>Lisina</b>	0.2549 <b>b</b>	0.00	0.2347 <b>a</b>	0.00	0.2403 <b>a</b>	0.00	0.2824 <b>c</b>	0.00
<b>Treonina</b>	<b>0.2866 a</b>	0.00	0.3024 <b>c</b>	0.00	0.2971 <b>bc</b>	0.00	<b>0.2916 ab</b>	0.00
<b>Triptofano</b>	<b>0.0648 b</b>	0.00	0.0604 <b>a</b>	0.00	<b>0.0661 b</b>	0.00	0.1000 <b>c</b>	0.00
<b>Arginina</b>	<b>0.3739 a</b>	0.00	0.4128 <b>b</b>	0.03	<b>0.3806 a</b>	0.00	0.4255 <b>c</b>	0.00
<b>Valina</b>	<b>0.3786 a</b>	0.00	0.3989 <b>b</b>	0.00	0.4181 <b>c</b>	0.00	<b>0.3867 ab</b>	0.01

Nota: a, b, c, d, medias con significancia estadística (P< 0.01)

DS = desviación estándar

### 6.2.2 Análisis de Harina de Soya

Al analizar el cuadro No.5 se puede observar que el programa de Rhone-Poulenc predijo satisfactoriamente los siguientes aminoácidos: metionina, triptofano y arginina. Los programas de Degussa y Novus no predijeron de manera satisfactoria ningún aminoácido incluidos en el perfil aminoácido.

**Cuadro No.5. Estimaciones del perfil aminoácido de Harina de Soya**

	<i>Aminograma</i>	<i>DS</i>	<i>Degussa</i>	<i>DS</i>	<i>RhonePoulenc</i>	<i>DS</i>	<i>Novus</i>	<i>DS</i>
<b>Metionina</b>	<b>0.6489 a</b>	0.00	0.6846 b	0.00	<b>0.6526 a</b>	0.00	0.7080 c	0.03
<b>Cistina</b>	0.7256 c	0.00	0.7153 b	0.00	0.6857 a	0.00	0.7395 d	0.00
<b>Met+Cis</b>	1.3710 b	0.00	1.3918 c	0.00	1.3383 a	0.00	1.4341 d	0.00
<b>Lisina</b>	2.8934 a	0.00	2.9660 b	0.00	2.9805 b	0.00	3.0478 c	0.00
<b>Treonina</b>	1.8480 a	0.00	1.8843 b	0.00	1.9091 d	0.05	1.8986 c	0.07
<b>Triptofano</b>	<b>0.6438 b</b>	0.00	0.6170 a	0.00	<b>0.6401 b</b>	0.00	0.6973 c	0.00
<b>Arginina</b>	<b>3.5118 b</b>	0.00	5.4850 c	0.03	<b>3.6616 b</b>	0.11	5.4808 c	0.05
<b>Valina</b>	2.2724 b	0.00	2.2288 a	0.00	2.3831 d	0.00	2.3481 c	0.00

Nota: a, b, c, d, medias con significancia estadística (P< 0.01)

DS= desviación estándar.

### 6.2.3 Análisis del Sorgo

Como puede observarse en el cuadro No.6 el programa de Degussa predijo satisfactoriamente los aminoácidos metionina, cistina, metionina+cistina, treonina, triptofano, arginina y valina, sin embargo no predijo a lisina. El programa de Rhone-Poulenc predijo de manera satisfactoria a cistina y triptofano, sin embargo no predijo a metionina, metionina+cistina, lisina, treonina, arginina y valina. El programa de Novus predijo satisfactoriamente a metionina y arginina, sin embargo no ocurrió lo mismo con los 6 aminoácidos restantes, estimados por medio del aminograma.

**Cuadro No.6. Estimaciones del perfil aminoacídico del Sorgo**

	<i>Aminograma</i>	<i>DS</i>	<i>Degussa</i>	<i>DS</i>	<i>RhonePoulenc</i>	<i>DS</i>	<i>Novus</i>	<i>DS</i>
<b>Metionina</b>	<b>0.1594 bc</b>	0.00	<b>0.1616 c</b>	0.00	0.1384 a	0.00	<b>0.1547 b</b>	0.00
<b>Cistina</b>	<b>0.1697 a</b>	0.00	<b>0.1609 a</b>	0.00	<b>0.1755 a</b>	0.00	0.1829 b	0.00
<b>Met+Cis</b>	<b>0.3280 b</b>	0.00	<b>0.3264 b</b>	0.00	0.3089 a	0.00	0.3669 c	0.00
<b>Lisina</b>	0.2207 b	0.00	0.2114 a	0.00	0.2123 a	0.00	0.2576 c	0.00
<b>Treonina</b>	<b>0.2899 a</b>	0.00	<b>0.2931 a</b>	0.00	0.3111 b	0.00	0.3374 c	0.00
<b>Triptofano</b>	<b>0.0947 a</b>	0.00	<b>0.0955 a</b>	0.00	<b>0.0926 a</b>	0.00	0.1271 b	0.00
<b>Arginina</b>	<b>0.3589 b</b>	0.00	<b>0.3569 b</b>	0.00	0.3359 a	0.00	<b>0.3596 b</b>	0.00
<b>Valina</b>	<b>0.4326 b</b>	0.00	<b>0.4279 b</b>	0.00	0.4744 c	0.00	0.3909 a	0.00

Nota: a, b, c, d, medias con significancia estadística (P< 0.01)

DS = desviación estándar

## **VII. CONCLUSIONES**

Como conclusión general, podemos decir que el uso de los programas de predicción de aminoácidos evaluados en este estudio, nos permiten obtener los mejores estimados de los valores relativos del perfil de aminoácidos de los ingredientes en cuestión (maíz, harina de soya y sorgo), basados en los resultados de los análisis químico-proximales, tal como lo requieren dichos programas.

A continuación se presentan las conclusiones por ingrediente, acorde al análisis estadístico de los resultados y la exactitud del mismo.

### **7.1 MAÍZ**

El programa de Rhone-Poulenc pudo predecir con exactitud los aminoácidos: metionina+cistina, triptofano y arginina. El programa Novus predice con exactitud a treonina y valina. Los aminoácidos: metionina, cistina y lisina, no pudieron ser predichos con exactitud por ninguno de los programas de predicción.

### **7.2 HARINA DE SOYA**

El programa de Rhone-Poulenc predijo con exactitud a los aminoácidos: metionina, triptofano y arginina. Los aminoácidos: cistina, metionina+cistina, lisina, treonina y valina no pudieron ser predichos con exactitud por ninguno de los programas de predicción.

### **7.3 SORGO**

El programa de Degussa predijo con exactitud los aminoácidos: metionina, cistina, metionina+cistina, treonina, triptofano, arginina y valina. El programa de Rhone-Poulenc predijo con exactitud a los aminoácidos Cistina y Triptofano. El programa Novus predice con exactitud a metionina y arginina. La lisina no pudo ser predicha con exactitud por ninguno de los programas de predicción.

## **VIII. RECOMENDACIONES**

En forma general, recomendamos utilizar el programa de predicción de aminoácidos que a criterio personal, satisfaga más las necesidades del nutricionista, según los resultados reportados en este estudio.

### **8.1 MAÍZ**

Utilizar el programa de Rhone-Poulenc para predecir con mayor precisión los aminoácidos: metionina+cistina, triptofano y arginina.

Para predecir treonina y valina utilizar el programa de Novus.

### **8.2 HARINA DE SOYA**

Utilizar el programa de Rhone-Poulenc para predecir metionina, triptofano y arginina.

### **8.3 SORGO:**

Utilizar el programa de Degussa para predecir con exactitud los aminoácidos: metionina, cistina, metionina+cistina, treonina, triptofano, arginina y valina.

Para predecir metionina y arginina se puede utilizar tanto el programa de Degussa como el programa de Novus.

Se puede utilizar indiferentemente el programa de Degussa y Rhone-Poulenc para predecir triptofano y cistina.

## **IX. RESUMEN**

Turcios, V. 2004. Validación de Programas de Predicción para Estimar el Contenido de Aminoácidos en Maíz, Harina de Soya y Sorgo. Tesis Lic. Zoot. Guatemala, Universidad de San Carlos de Guatemala, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. 30p

En el presente trabajo se evaluaron, tres programas de predicción para estimar el contenido de aminoácidos del maíz, sorgo y harina de soya. Se utilizaron 98 muestras de maíz, 176 muestras de harina de soya y 70 de sorgo. A cada una de las muestras se le realizaron dos análisis químico-proximal en distintos laboratorios nacionales y un aminograma en el laboratorio analítico de Degussa en Alemania.

Cada una de las muestras fue analizada por los Programas de Predicción de Degussa, Rhone-Poulenc y Novus. Como tratamiento testigo se utilizaron los datos obtenidos por medio de aminogramas. Los aminoácidos analizados fueron: metionina, cistina, metionina+cistina, lisina, treonina, triptofano, arginina y valina. Para este estudio se utilizó el diseño Completo al azar; la unidad experimental fue constituida por una muestra de cada ingrediente.

A través del análisis estadístico de los resultados obtenidos, tenemos que, en el caso del maíz, El programa de Rhone-Poulenc pudo predecir con exactitud los aminoácidos: metionina+cistina, triptofano y arginina y el programa de Novus predijo con exactitud a treonina y valina.

Para harina de soya, Rhone-Poulenc predijo con exactitud a los aminoácidos: metionina, triptofano y arginina.

En el caso del sorgo, el programa de Degussa predijo con exactitud los aminoácidos: metionina, cistina, metionina+cistina, treonina, triptofano, arginina y valina. El programa de Rhone-Poulenc predijo con exactitud a los aminoácidos cistina y triptofano. El programa Novus predice con exactitud a metionina y arginina. La lisina no pudo ser predicha con exactitud por ninguno de los programas de predicción.

Finalmente, como conclusión general, podemos decir que el uso de los programas de predicción de aminoácidos evaluados en este estudio, nos permiten obtener los mejores estimados de los valores relativos del perfil de aminoácidos de los ingredientes en cuestión (maíz, harina de soya y sorgo), basados en los resultados de los análisis químico-proximal, tal como lo requieren dichos programas.

## X. BIBLIOGRAFÍA

Amino acid estimation and raw material compilation. 1992. St. Luis, Mo., US., Novus. 1 disquete. 3½ pulgadas.

Campabadal, CM. 1991. Importancia económica del control de calidad de los alimentos para la avicultura. México D.F., Asociación Americana de la Soya. p. 8. (ASA/México AN No. 99).

\_\_\_\_\_, Navarro Gonzales, H.A. 1994. El papel de los ingredientes en la formulación de alimentos balanceados por computadora. México D:F:, Asociación Americana de la Soya. p.29. (ASA/México A.N. No. 133).

Degussa Feed Aditives. 1996. Composición en aminoácidos de los ingredientes. 4 ed. Alemania, s.n. s.p.

Dritz, S; Goodband, R; Nelssen, J; Tokach, M. 1997. General Nutrition Principles for Swine. Kansas States University, Agricultural Experiment Station and Cooperative Extension Service. Consultado el 3-Jun.-04. Disponible en: <http://www.oznet.ksu.edu/library/lvstk2/MF2298.pdf>

Ezekiel, M. 1988. Methods of correlation and regression analysis. 4 ed. US. s.p.

FEDNA (Fundación Española para el Desarrollo de la Nutrición Animal). 1998. Avances en Nutrición y Alimentación Animal. P.G. Rebollar; G.G. Mateos; C. De Blas. (Eds.). Barcelona, ES; FEDNA. p. 171-202.

\_\_\_\_\_. 1999. Avances en Nutrición y Alimentación Animal. C. de Blas, G.G. Mateos ; P.G. Rebollar(Eds.). Madrid, ES; FEDNA. p. 253-276.

\_\_\_\_\_. 1999. Normas FEDNA para la formulación de piensos compuestos. C. de Blas, G.G. Mateos ; P.G. Rebollar(Eds.). Madrid, ES; FEDNA. 496 p.

\_\_\_\_\_. 2000. Avances en Nutrición y Alimentación Animal. C. de Blas, G.G. Mateos ; P.G. Rebollar(Eds.). Madrid, ES; FEDNA. s.p.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations). 2004. Animal Feed Resources Information System. Animal Production and Health, Animal Nutrition and Feeds. Consultado el 3-Jun.-04. Disponible en: <http://www.fao.org/ag/AGA/AGAP/FRG/AFRIS/tree/cat.htm>

Guerra G, ME. 1992. Aseguramiento de calidad en la industria animal de alimentos balanceados. In I Congreso Centro Americano y II Latino Americano de Fabricantes de Alimentos Balanceados. 1992. [Memoria]. Guatemala, ANAVI/ALAFAB. s.p.

Kazakevich, Y; McNair, M. 1996. Basic Liquid Chromatography. (en línea). Consultado el 3-Jun.-04. Disponible en [http://hplc.chem.shu.edu/NEW/HPLC\\_Book/](http://hplc.chem.shu.edu/NEW/HPLC_Book/)

Little, TM; Hills, JF. 1981. Métodos estadísticos para la investigación en la agricultura. Trad. Anatolio de Paula Crespo. México, Trillas. 270 p.

Leeson, S; Summers, JD. 1997. Commercial poultry nutrition. 2 ed. Guelph, Ontario, Canada, University Books. 335 p.

Maynard, L. 1981. Nutrición animal. Trad por Alfonso Ortega Said. 7 ed. México, McGraw- Hill. 640 p.

Reed, C. 1997. Quality Control in Feed Production. Texas Tech University. Tx, US. p. 7.

Reese, D; Thaler, R; Brumm, M; Lewis, A; Miller, P; Libal, G. 2000. Swine Nutrition Guide. Nebraska and South Dakota Cooperative Extension Service, South Dakota State University and University of Nebraska, US Department of Agriculture. Consultado el 3-Jun.-04. Disponible en: <http://ianrpubs.unl.edu/swine/ec273.pdf>

Rhone – Poulenc. Rhodimet Feed Formulation Guide. 1993. 6ed. Francia. 39 p.

Schroeder, JW. 1997. Interpreting Forage Analysis. North Dakota State University, NDSU Extension Service. Consultado el 3-Jun.-04. Disponible en: <http://www.ext.nodak.edu/extpubs/plantsci/hay/r1080w.htm>

Shimada, A. 1983. Fundamentos de nutrición animal comparativa. México, D.F., Copi-Grap. 275 p.

Smith, KJ. 1996. Utilización de la pasta (torta) de soya en dietas para aves de corral. México D.F., Asociación Americana de la Soya. s. p. (ASA/México A.N. No. 7).

Soto Salanova, MF. 1996. The use of enzymes to improve the nutritional value of corn-soy diets of poultry and swine. In "Anais do Simpósio Latino- Americano de Nutricao de Suinos e Aves Campinas . (Brasil) Finfeeds International Ltd. p. 13.