

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO



RESPUESTA AL ESTRÉS POR SALINIDAD DE FAMILIAS S₁ DE DOS
POBLACIONES DE MAÍZ

Tesis

Que presenta JULIO CÉSAR VELÁZQUEZ VENTURA
Como requisito parcial para obtener el Grado de
MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

Saltillo, Coahuila

Julio 2019

RESPUESTA AL ESTRÉS POR SALINIDAD DE FAMILIAS S₁ DE DOS
POBLACIONES DE MAÍZ

Tesis

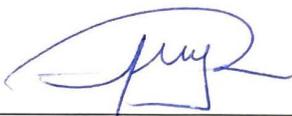
Elaborada por JULIO CÉSAR VELÁZQUEZ VENTURA como requisito parcial para
obtener el grado de MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO con la
supervisión y aprobación del Comité de Asesoría



Dr. Froylán Rincón Sánchez
Asesor principal



Dra. Norma Angélica Ruiz Torres
Asesor



Dr. Juan Manuel Martínez Reyna
Asesor



Dr. Marcelino Cabrera De la Fuente
Subdirector de postgrado
UAAAN

Agradecimientos

Al creador de los cielos y la tierra, por darme salud y permitirme llegar hasta este punto de mi vida.

A mi familia, por el gran apoyo que siempre me ha brindado.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), por la beca otorgada para la realización de los estudios de maestría.

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), casa que me recibió para realizar mis estudios de postgrado, por el financiamiento a la presente investigación.

Al Dr. Froylán Rincón Sánchez, por permitirme estar en su grupo de trabajo, el apoyo brindado a la presente investigación, la colaboración de herramientas y conocimientos que fueron esenciales para la conclusión de la presente tesis.

A la Dra. Norma Angélica Ruiz Torres por su gran colaboración y dedicación a la presente investigación, gracias por su sincera amistad.

Al Dr. Juan Manuel Martínez Reyna, por su valiosa aportación a este trabajo de investigación.

A la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT), que a través del Programa Institucional de Superación Académica me otorgó un estímulo para los estudios de maestría.

Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER), y el Programa MasAgro, por el apoyo otorgado para la finalización de los estudios de maestría.

Al Ing. Manuel Treviño Torres, por las facilidades prestadas durante la realización del experimento en invernadero.

A todas las personas y amigos que directa e indirectamente me apoyaron a la realización de este proyecto.

Dedicatoria

A mis padres Rafael y Catalina, a ellos que con gran amor y comprensión incondicional me han apoyado en todos mis proyectos. Gracias por sus consejos y ánimos.

A mis hermanos Juan Carlos, Carmina, Luis A. y Fabiola, por el gran apoyo que siempre me brindan.

A mis abuelos Misrain y Clara, y todos mis familiares que siempre me dan sus ánimos para seguir adelante.

Índice general

Lista de cuadros.....	vii
Lista de figuras.....	viii
RESUMEN.....	ix
ABSTRACT.....	xi
INTRODUCCIÓN	1
Objetivos	3
Hipótesis.....	3
REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Importancia del maíz en México.....	4
El maíz en el sureste de Coahuila.....	4
Potencial genético.....	5
Respuesta correlacionada a la selección.....	6
Selección bajo condiciones de estrés.....	6
MATERIALES Y MÉTODOS	8
Material genético.....	8
Diseño experimental.....	8
Evaluación agronómica.....	9
Siembra.....	9
Fertilización.....	9
Labores culturales.....	9
Riego.....	9
Caracteres evaluados.....	9
Estudio de estrés por salinidad en laboratorio.....	10
Estudio de estrés por salinidad en invernadero.....	11
Análisis de la información.....	12
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	14
Análisis de varianza.....	14
Análisis de correlaciones fenotípicas.....	18
Potencial genético.....	22

Interacción genotipos x caracteres en ambientes.....	23
CONCLUSIONES	26
REFERENCIAS	27

Lista de cuadros

	Pág.
Cuadro 1. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables de los ensayos en laboratorio.....	14
Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables en los ensayos de invernadero.....	15
Cuadro 3. Medias de los ambientes de evaluación de las familias de las dos poblaciones en los ensayos de laboratorio e invernadero en 2017...	17
Cuadro 4. Coeficientes de correlación fenotípica entre los caracteres de laboratorio e invernadero bajo condiciones de estrés.....	18
Cuadro 5. Coeficientes de correlación fenotípica entre los caracteres de laboratorio e invernadero bajo condiciones sin estrés.....	19
Cuadro 6. Coeficientes de correlación del rendimiento de grano y materia seca en ambientes de evaluación de familias de dos poblaciones de maíz en 2017.....	21
Cuadro 7. Medias de rendimiento de grano y peso seco de familias seleccionadas de dos poblaciones de maíz evaluadas en 2017.....	22

Lista de figuras

	Pág.
Figura 1. Dispersión gráfica de la interacción de familias de dos poblaciones de maíz con los caracteres de peso seco y rendimiento de grano. Familias 1 a 61 de población 7ENE y 62 a 100, población NUN; Caracteres REN_ME, Rendimiento de grano en la localidad El Mezquite, N. L. PSR= Peso seco de raíz; PSV= Peso seco de vástago; GERM= Germinación; EL y EI, Condiciones de estrés en Laboratorio e Invernadero, respectivamente; TL y TI, Ensayo de testigo (sin sal) en Laboratorio e Invernadero, respectivamente.....	24

RESUMEN

RESPUESTA AL ESTRÉS POR SALINIDAD DE FAMILIAS S₁ DE DOS
POBLACIONES DE MAÍZ

POR

JULIO CÉSAR VELÁZQUEZ VENTURA
MAESTRÍA EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ –ASESOR—

Saltillo, Coahuila

Julio 2019

La salinidad es uno de los factores abióticos limitantes de la producción; en el sureste de Coahuila se han identificado poblaciones con buen potencial de rendimiento y adaptación a localidades contrastantes. Los objetivos de la presente investigación fueron determinar en el potencial productivo de líneas S₁ derivadas de dos poblaciones de maíz de la raza Ratón y analizar la respuesta de líneas S₁ al estrés por salinidad en ensayos de laboratorio e invernadero y su relación con rendimiento de grano. Se evaluaron 100 líneas S₁ que fueron sometidas a estrés por salinidad en ambientes contrastantes de laboratorio e invernadero, así como la evaluación agronómica en campo. En los ensayos de laboratorio e invernadero, para las condiciones de estrés se utilizó una presión osmótica de -1.250 MPa usando NaCl como fuente salina; para el tratamiento sin estrés en laboratorio se usó agua destilada y en invernadero se usó una solución nutritiva; en campo se determinó el rendimiento de grano. En los ensayos de laboratorio e invernadero se midieron caracteres de longitud del sistema radical (LR) y de vástago (LV), peso seco de raíz (PSR) y de vástago (PSV). En el análisis de varianza, se encontraron diferencias significativas para ambientes de evaluación ($P \leq 0.01$), poblaciones, y familias dentro de poblaciones; no se encontró evidencia de la interacción poblaciones x ambiente. En el ambiente de estrés en laboratorio, se obtuvo un abatimiento del 80 % para PSR y PSV, y de 67.1 y 54.8 % para LV y LR, respectivamente. El análisis de correlación de caracteres en ambientes de evaluación permitió definir qué PSR y PSV bajo condiciones de normales (sin estrés) en invernadero correlacionaron con el rendimiento en campo con valores de $r=0.250^*$ y $r=0.237^*$, respectivamente. El análisis de interacción de genotipos x caracteres en ambientes permitió corroborar que existe variación genética entre y dentro de las líneas S₁ derivadas de las poblaciones en estudio en los caracteres de peso seco y rendimiento de grano. No se encontró relación consistente entre los caracteres de calidad fisiológica con el desarrollo vegetativo bajo condiciones de invernadero, incluyendo el rendimiento de grano. El peso seco de raíz y vástago determinado bajo condiciones de invernadero, pueden ser considerados como atributos con potencial para realizar selección temprana en genotipos de maíz, que pueden ser usados como parte de proceso de mejoramiento.

Palabras clave: *Zea mays* L., respuesta correlacionada, selección temprana.

ABSTRACT

RESPONSE TO SALINITY STRESS OF FAMILIES S₁ FROM TWO MAIZE
POPULATIONS

BY

JULIO CÉSAR VELÁZQUEZ VENTURA
MAESTRÍA EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ –ADVISOR—

Saltillo, Coahuila

July 2019

Salinity is one of the abiotic limiting factors of production; in the southeast of Coahuila populations with good yield potential and adaptation to contrasting environments have been identified. The objectives of this research were to determine the productive potential of S₁ lines derived from two maize populations of the “Raton” race, and to analyze the response of S₁ lines to salinity stress in laboratory and greenhouse trials, and their relationship with grain yield performance. 100 S₁ lines were evaluated that were exposed to salinity stress in contrasting laboratory and greenhouse environments, as well as field agronomic assessment. In laboratory and greenhouse trials, an osmotic pressure of -1.250 MPa was used for stress conditions, using NaCl as a saline source; distilled water was used for stress-free laboratory treatment and a nutrient solution was used in the greenhouse; in the field it was determined the grain yield. Laboratory and greenhouse tests measured traits of radical system length (LR) and stem (LV), dry root weight (PSR) and stem (PSV). Significant differences were found in the analysis of variance for evaluation environments ($P \leq 0.01$), populations, and families within populations; no evidence was found of the interaction populations \times environments. In the laboratory stress environment, 80 % reduction was obtained for PSR and PSV, and 67.1 and 54.8 % for LV and LR, respectively. Correlation analysis of traits in evaluation environments allowed to define that, the PSR and PSV under normal (stress-free) conditions in greenhouse correlated with field performance with values of $r = 0.250^*$ and $r = 0.237^*$, respectively. The analysis of the interaction of genotypes \times characters in environments confirmed that there is genetic variation between and within the S₁ lines derived populations in study in the characteristics of dry weight and grain yield. No consistent relationship was found between physiological quality characters with vegetative development under greenhouse conditions, including grain yield. The dry weight of root and stem determined under greenhouse conditions, can be considered as attributes with potential to make early selection in maize genotypes, which can be used as part of the improvement process.

Key words: *Zea mays* L., correlated response, early selection.

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos alimenticios más antiguos y de suma importancia en la producción mundial de alimentos en la actualidad, su relevancia se debe a que es utilizada tanto en la alimentación humana, como de animales.

En Coahuila la superficie sembrada durante el 2017 fue de 30.7 mil ha de maíz para grano, en el sureste del estado se sembraron 27.0 mil ha, de éstas el 4.59 % se sembró bajo la modalidad de riego y el 95.40 % bajo condiciones de temporal o seco (SIAP, 2017). En el sureste de Coahuila la precipitación media anual varía de 350 a 450 mm, temperatura media de 16.8 °C, con la presencia de heladas tempranas (INEGI, 2015), condiciones ambientales que se consideran críticas para el desarrollo y productividad del maíz.

Las siembras de maíz en el sureste de Coahuila se realizan principalmente con variedades locales nativas (Rincón *et al.*, 2010), lo que representa la diversidad genética asociada a la producción y adaptación al ambiente de la región. El cambio climático en la agricultura se manifiesta en bajos rendimientos y pérdida de materiales genéticos que limitan la productividad, éste es uno de los desafíos que enfrentan los fitomejoradores para buscar estrategias apropiadas de adaptación para mitigar los efectos a la modificación del ambiente (Hellin *et al.*, 2014).

La evaluación del potencial genético de las poblaciones y la adaptación a diversos factores del ambiente, es una estrategia de selección que permite identificar alelos favorables para el desarrollo de germoplasma. La evaluación de líneas mediante pruebas tempranas permite identificar progenitores sobresalientes para mejorar la población, aumentar la frecuencia de alelos favorables y mantener la variación genética (Fehr, 1991). Las interrelaciones fenotípicas como parte del proceso de selección, son de gran importancia ya que permite determinar el grado de asociación entre rasgos, que pueden ser útiles para realizar selección indirecta en el mejoramiento genético (Cooper *et al.*, 2014).

La salinidad es uno de los factores climáticos más limitantes de la producción, principalmente en las regiones de clima árido y semiárido. El maíz es uno de los cultivos más sensibles a la salinidad, afectando su metabolismo de diferentes maneras (Hoque *et*

al., 2015). La selección fenotípica en ambientes de estrés, puede contribuir a obtener genotipos tolerantes, dando estabilidad y rendimiento en áreas limitadas.

En la región sureste del estado de Coahuila se trabaja en el mejoramiento de poblaciones nativas que representan la diversidad de tipos de maíces adaptados, los cuales pueden contribuir al desarrollo de nuevos materiales genéticos con potencial, por lo que el presente trabajo de investigación se realizó con la finalidad de analizar la respuesta de líneas S₁, derivadas de dos poblaciones de maíz de la raza ratón, adaptadas a las condiciones ambientales de la región de estudio, a condiciones contrastantes en ensayos de campo, laboratorio e invernadero.

Objetivos

- Determinar en el potencial productivo de familias de autohermanos (líneas S₁) derivadas de dos poblaciones de maíz de la raza Ratón.
- Analizar la respuesta de líneas S₁ al estrés por salinidad en ensayos de laboratorio e invernadero y su relación con rendimiento de grano.

Hipótesis

H1: Las familias dentro de las poblaciones en estudio cuentan con potencial de rendimiento y con adaptación a diferentes ambientes, incluyendo al estrés por salinidad, el cual puede ser usado como herramienta o criterio para discriminar genotipos, en un programa de mejoramiento genético de maíz, para regiones con problemas de salinización del suelo.

H0: Las familias dentro de las poblaciones en estudio, no cuentan con potencial de rendimiento y con adaptación a diferentes ambientes, incluyendo al estrés por salinidad, el cual puede ser usado como herramienta o criterio para discriminar genotipos, en un programa de mejoramiento genético de maíz, para regiones con problemas de salinización del suelo.

REVISIÓN DE LITERATURA

Importancia del maíz en México

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos alimenticios más antiguos y de suma importancia económica; su relevancia se debe a que es utilizado tanto en la alimentación humana, como de animales. Durante el 2017 se sembraron 7.54 millones de ha de maíz para grano, con un rendimiento promedio general de 3.79 t ha⁻¹ (SIAP, 2017).

México es considerado centro de origen, domesticación y diversificación del maíz; existen 59 razas de acuerdo a la clasificación basada en características morfológicas e isoenzimáticas (Sánchez *et al.*, 2000). Las variedades locales nativas en México tienen gran diversidad genética, estructurada de acuerdo a las diferentes latitudes y altitudes; esta diversidad genética está expuesta a diferentes factores o prácticas de manejo, lo que genera gran diversidad de maíces. Una variedad de maíz puede considerarse como un sistema genético abierto y en evolución, en la que la conservación de su diversidad genética se centre en los procesos evolutivos y prácticas de manejo tradicionales que han generado tal diversidad (Arteaga *et al.*, 2016).

En México, el maíz se ha convertido en un elemento importante en la vida social y económica; dado que es un cultivo nativo de México, existe una gran diversidad, que supera a cualquier otro país en riqueza de razas y variedades. El cultivo de maíz, como la mayoría de los cultivos básicos, está siendo afectado por el cambio climático, que se manifiesta en bajos rendimientos y en ocasiones, pérdida de materiales genéticos que limitan la productividad. El cambio climático es uno de los desafíos que enfrentan los fitomejoradores para buscar estrategias apropiadas de adaptación y mitigar los efectos a la modificación del ambiente (Hellin *et al.*, 2014).

El maíz en el sureste de Coahuila

El estado de Coahuila se localiza al Centro Norte de México, el clima es principalmente seco a muy seco y semicálido; la precipitación media anual varía de 350 a 450 mm, temperatura media de 16.8 °C, con la presencia de heladas tempranas (INEGI, 2015),

condiciones ambientales que se consideran críticas para el desarrollo y productividad del maíz.

El sureste de Coahuila comprende los municipios de Arteaga, General Cepeda, Parras, Ramos Arizpe y Saltillo; la superficie sembrada en Coahuila durante el 2017 fue de 30.7 mil ha de maíz para grano, en el sureste del estado se sembraron 27.0 mil ha, de estas, el 4.59 % se sembró bajo la modalidad de riego y el 95.40 % bajo condiciones de temporal o secano (SIAP, 2017).

Las siembras de maíz en el estado de Coahuila, se realizan principalmente con variedades locales nativas en más del 80 % de la superficie cultivada, estas han sido seleccionadas por los productores que han conservado su semilla por generaciones (Rincón *et al.*, 2010). Estudios realizados en poblaciones criollas identificaron poblaciones con buen potencial de rendimiento y comportamiento agronómico estables, adaptadas a condiciones de temporal que poseen atributos que pueden ser útiles en el mejoramiento genético (Nájera *et al.*, 2010).

Potencial genético

En el estado de Coahuila existe una gran diversidad de maíces que se compone de diferentes grupos raciales: Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Elotes Cónicos, Ratón, Tuxpeño y Tuxpeño Norteño; siendo los más importantes Cónico Norteño, Ratón y Tuxpeño Norteño (Rincón *et al.*, 2010). En el sureste del estado de Coahuila existe una gran diversidad de maíces; el conocimiento de esta variación puede ser útil para definir estrategias de conservación, pero, además, para identificar alelos que pueden ser útiles en el mejoramiento genético.

En el sureste del estado de Coahuila, se han identificados poblaciones de maíz que muestran adaptación específica en localidades contrastantes; estas poblaciones tienen buen potencial de rendimiento y estabilidad a través de ambientes, adaptación en áreas intermedias y buen potencial en valles altos (Espinosa, 2015). Al respecto, Espinosa-Tamayo *et al.* (2016) evaluaron 63 poblaciones representativas del sureste de Coahuila en

las que las poblaciones con mayor rendimiento de grano correspondieron principalmente a las razas Ratón, Tuxpeño, Tuxpeño Norteño y Cónico Norteño.

Respuesta correlacionada a la selección

Las interrelaciones entre caracteres fenotípicos son de gran importancia en el fitomejoramiento, ya que estima la asociación entre dos o más caracteres; si existe una asociación genética, la selección causara cambios en otros rasgos, esta correlación puede ser genética y/o ambiental (Hallauer y Miranda, 1988).

El uso de las correlaciones puede ayudar a determinar el grado de asociación entre variables o rasgos, estas pueden ser útiles para realizar selección indirecta de genotipos como parte del proceso de mejoramiento; por lo tanto, estas asociaciones indican la dirección y magnitud de las respuestas correlacionadas a la selección, la eficiencia relativa de los rasgos de la selección indirecta y permiten el cálculo de los índices óptimos de selección de rasgos múltiples (Falconer y Mackay, 1996).

Selección bajo condiciones de estrés

La selección fenotípica en ambientes de estrés, es importante para lograr beneficios en la obtención de materiales genéticos con tolerancia, lo cual contribuye en el mejoramiento genético, dando estabilidad y rendimiento a áreas limitadas (Cooper *et al.*, 2014). Estudios realizados bajo condiciones de estrés hídrico indican que a pesar de lo exitoso que ha sido la selección fenotípica, existen desafíos para mejorar la respuesta a la selección, lo que implica un fenotipeado preciso, estudios de interacción genotipo x ambiente en condiciones de estrés y las correlaciones entre los rasgos de tolerancia (Cooper *et al.*, 2014; Lobell *et al.*, 2014). Por lo tanto, la estimación precisa de heredabilidad de los rasgos y correlaciones entre estos, puede ayudar a los mejoradores a definir estrategias de selección en un programa de mejoramiento.

Dias *et al.* (2018) realizaron ensayos multi-ambientales entre condiciones con estrés hídrico y sin estrés, estimaron las correlaciones genéticas entre los rasgos de tolerancia a sequía y lograron determinar que las mayores correlaciones se presentaron en condiciones

de estrés, en comparación con las condiciones sin estrés, lo que indica que puede ser una herramienta útil para proporcionar parámetros genéticos entre rasgos de tolerancia.

La salinidad es uno de los factores abióticos limitantes de la producción, principalmente en regiones de clima árido y semiárido. Se proyecta que la salinización impactará el 50 % de los cultivos alrededor del mundo en el 2050, lo que tendrá marcados efectos la producción (Luo *et al.*, 2017; Butcher *et al.*, 2018). El maíz es uno de los cultivos más sensibles a la salinidad, este es afectado de diferentes maneras, como efectos osmóticos, toxicidad de iones específicos y trastornos nutricionales; no solo afecta su morfología, sino también, modifica el metabolismo de las plantas limitando su crecimiento (Hoque *et al.*, 2015).

La evaluación del potencial genético de las poblaciones y adaptación a diversos factores del ambiente, es una estrategia de selección que permite identificar alelos favorables para el desarrollo de germoplasma. El uso de genotipos tolerantes a la salinidad, puede ser una alternativa para contrarrestar los efectos ocasionados por el cambio climático, por lo que se deben implementar acciones que permitan discriminar entre genotipos sobresalientes (Giaveno *et al.*, 2007).

Los objetivos de la presente investigación fueron evaluar y determinar en campo el potencial productivo de familias de autohermanos (líneas S₁) derivadas de dos poblaciones experimentales de maíz de la raza Ratón y analizar la respuesta correlacionada al estrés por salinidad en laboratorio e invernadero y su relación con rendimiento de grano de las poblaciones en estudio.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

En el estudio se utilizaron 100 familias de autohermanos (Líneas S_1), seleccionadas de dos poblaciones de maíz de la raza Ratón; 61 familias de la población identificada como R7ENE y 39 de la población R7NUN, adaptadas a las condiciones del sureste de Coahuila. Las poblaciones en estudio provienen de las localidades, Siete de Enero (R7ENE) en Parras (1506 m) y Nuncio (RNUN) en Arteaga (1705 m) Coahuila. Estas poblaciones fueron identificadas por su capacidad de rendimiento y adaptación a condiciones ambientales de valles altos (Espinosa-Tamayo *et al.*, 2016).

En el ciclo agrícola Primavera-Verano 2016, se obtuvieron familias de autohermanos de las poblaciones, y a la cosecha, solo fueron seleccionadas aquellas que representaron las características de ambas poblaciones. La evaluación agronómica de las familias se llevó a cabo durante el ciclo Primavera-Verano 2017. Para la evaluación agronómica, además de las 100 líneas S_1 , se incluyeron cinco testigos: una variedad mejorada (JAGUAN), y cuatro variedades sintéticas (POOL31, POOL32, POOL33 y POOL34).

Diseño experimental

Para la evaluación agronómica de las familias, se utilizó un diseño aumentado de bloques incompletos, donde se incluyó una repetición de las líneas S_1 , debido a la limitante de semilla y cinco repeticiones de cada uno de los testigos. En este diseño, la varianza ambiental fue estimada con las variedades usadas como testigo. La unidad experimental constó de un surco de cuatro metros de largo, con una distancia de 0.2 m entre plantas y 0.85 m entre surcos. Se sembraron 30 plantas por surco, para posteriormente hacer un raleo y dejar 21 plantas por unidad experimental.

En los ensayos de laboratorio e invernadero, los experimentos fueron establecidos bajo un diseño de bloques incompletos, con arreglo α -látice y tres repeticiones. En todos los casos, la aleatorización de los experimentos fue realizada a través del programa de cómputo CropStat (IRRI, 2007).

Evaluación agronómica

La evaluación agronómica de las líneas S₁ fue realizada en la localidad de El Mezquite, Galeana, N.L. (MEZ) bajo condiciones de riego; localizada entre los 25° 05' 22" de Latitud Norte y a los 100° 42' 31" de Longitud Oeste, a una altitud de 1890 m. La precipitación media anual es de 402.2 mm y la temperatura media de 16.3° C (INIFAP, 2019).

Siembra

La siembra se realizó el 6 de mayo del 2017.

Fertilización

La dosis de fertilización usada fue de 120-60-60. Se aplicó la mitad del Nitrógeno con todo el Fósforo y el Potasio en la siembra con la fórmula 17-17-17. El restante del Nitrógeno se aplicó al cultivo con urea (46-00-00).

Labores culturales

La aplicación de herbicidas, insecticidas, raleo y aporque se realizaron de acuerdo a la etapa fenológica y necesidades del cultivo.

Riego

El número de riegos se definió de acuerdo a las condiciones meteorológicas de la localidad y de acuerdo a las necesidades del cultivo.

Caracteres evaluados

Los caracteres evaluados se mencionan a continuación.

- **Humedad de grano (HUM) (%)**. El contenido de humedad de grano al momento de la cosecha fue estimado con un determinador de humedad marca Dickey-John.
- **Peso de campo (PC) (kg)**. Peso de las mazorcas cosechadas por cada unidad experimental.

- **Porcentaje de desgrane (DESG).** Se obtuvo una muestra de la mazorca por unidad experimental. Se calculó dividiendo el peso de la semilla entre el peso de la mazorca.
- **Rendimiento de grano (REND).** Se obtuvo al multiplicar el valor del peso seco (PS) por un factor de conversión (FC), expresado en t ha⁻¹ al 15 % de humedad. Este valor se multiplicó por el porcentaje de desgrane.

El peso seco (PS) fue estimado multiplicando en peso de campo (PC) por el porcentaje de grano seco:

$$PS = PC \times \left(1 - \frac{HUM}{100}\right)$$

El FC se calculó de la siguiente manera:

$$FC = \frac{100}{85} \times \frac{10000}{AUP} / 1000$$

Donde: APU (Área de la parcela útil) calculada como la longitud de surco por la distancia entre surcos; 100/85, coeficiente para obtener el rendimiento de grano al 15 % de humedad; 1000, constante usada para calcular el rendimiento en t ha⁻¹; 10000, superficie de una hectárea en m².

Para éste estudio se consideró la evaluación del rendimiento de grano, el cual se utilizó para analizar la asociación de este carácter, con los caracteres utilizados en las evaluaciones bajo condiciones de estrés.

Estudio de estrés por salinidad en laboratorio

El estudio fue realizado en el laboratorio de Fisiología y Bioquímica de Semillas, del Centro de Capacitación y Desarrollo en Tecnología de Semillas (CDDTS), de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN). Las familias de cada una de las poblaciones fueron sometidas a estrés por salinidad, usando cloruro de sodio (NaCl) como fuente salina, con un potencial osmótico de -1.250 MPa; simultáneamente, las

familias fueron evaluadas bajo condiciones normales, donde se utilizó agua destilada (dH_2O), lo que fue considerado como testigo. El ensayo de germinación estándar se realizó de acuerdo a las reglas del ISTA (ISTA, 2009), con modificación en el número de semillas utilizado; para el presente estudio se utilizaron las siguientes variables: peso seco de raíz (PSR), peso seco de vástago (PSV), ambos expresados en mg plántula^{-1} , longitud de raíz (LR) y longitud de vástago (LV) expresados en cm.

Se sembraron tres repeticiones de 12 semillas en papel Anchor, humedecidos con NaCl y dH_2O , respectivamente; en cada experimento se aplicó un tratamiento con fungicida agrícola tiabendazol para evitar la propagación de hongos. Se enrollaron en forma de taco y se colocaron en bolsas de polietileno transparente, posteriormente fueron colocados en una canastilla plástica de forma vertical, y se mantuvieron en una cámara de crecimiento a una temperatura de $25\text{ }^\circ\text{C} \pm 2$ y 80 % de humedad relativa, por siete días.

La primera evaluación se realizó al cuarto día, en la que se cuantificó el número de plántulas normales, considerando aquellas con una longitud mayor o igual a 2.5 cm, tanto de plúmula, como del sistema radical. La segunda evaluación se realizó al séptimo día, en la que se obtuvo la longitud de raíz (LR_L) y longitud del vástago (LV_L). Posteriormente se separó el vástago y raíz, se colocaron en bolsas de papel perforadas y fueron sometidas a secado en una estufa por 24 h a $70\text{ }^\circ\text{C}$. Una vez cumplido el tiempo, se pesaron en una balanza analítica para obtener el peso seco de raíz (PSR_L) y peso seco de vástago (PV_L).

Estudio de estrés por salinidad en invernadero

El estudio fue establecido en el invernadero 2 del Departamento de Fitomejoramiento de la UAAAN; se llevó a cabo durante los meses de agosto a septiembre del 2017. Se usaron tres repeticiones de cada experimento, con y sin estrés, donde cada repetición fue sembrada en fechas diferentes. Las fechas de siembra fueron el 9, 17 y 25 de agosto. El periodo de evaluación de cada experimento constó 35 d. Se utilizaron bolsas de polietileno negro de 0.8 L de capacidad, usando como sustrato una mezcla de peat moss, perlita y vermiculita con una proporción de 2:1:1. De cada una de las familias se sembraron dos semillas por maceta a una profundidad de tres centímetros, posteriormente, a los siete días

se realizó un raleo para dejar una planta por maceta. Las condiciones durante el periodo de evaluación fueron de 22.25 °C y 50.88 %, temperatura y humedad relativa promedio, respectivamente.

Para el experimento bajo estrés se utilizó NaCl como fuente salina, utilizando un potencial osmótico de -1.250 MPa; para el tratamiento sin estrés, se utilizó una solución nutritiva 1000 mg L⁻¹ preparada con el fertilizante comercial FertiDrip 20-30-10 + Microelementos. Se aplicaron riegos de forma manual, suministrando 100 mL de solución salina y solución nutritiva, desde el momento de la siembra y posteriormente cada siete días en cada unidad experimental. Para la compensación de pérdida de agua se aplicaron riegos de auxilio con 500 mg L⁻¹ de solución nutritiva 20-30-10 + Microelementos en ambos experimentos, cuatro días después de cada riego con y sin estrés.

Al final del periodo de evaluación del cultivo, se retiró el sustrato de las raíces utilizando una criba y se lavaron con agua corriente. En cada planta se midió longitud de vástago (LV_I) y longitud de la raíz (LR_I), se separaron y se colocaron en bolsas de papel perforadas, se sometieron a secado en estufa por 48 h a 70 °C. Posteriormente se pesaron en una balanza analítica para obtener el peso seco de raíz (PSR_I) y peso seco de Vástago (PSV_I).

Análisis de la información

Se realizó un análisis de varianza de acuerdo al diseño experimental, además, la comparación múltiple de medias de Tukey ($P \leq 0.05$). Se calcularon los coeficientes de correlaciones fenotípicas. Los análisis se realizaron con el programa SAS, versión 9.1 (SAS Institute, 2004).

Para el análisis de varianza se utilizó el modelo lineal:

$$Y_{ijkl} = \mu + A_i + R_j + A_iR_j + P_k + F_l(P_k) + A_iP_k + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde: Y_{ijkl} = Variable respuesta; μ = Media general; A_i = Efecto del *i-ésimo* ambiente; R_j = Efecto de la *j-ésima* repetición; A_iR_j = Efecto del *i-ésimo* ambiente por la *j-ésima* repetición; P_k = Efecto de la *k-ésima* población; $F_l(P_k)$ = Efecto de *l-ésima* familia dentro la *k-ésima* población; A_iP_k = Efecto de la interacción del *i-ésimo* ambiente por la *k-ésima* población; ε_{ijkl} = Error experimental.

Para la estimación de los coeficientes de correlación fenotípica (r_p) entre las variables en estudio, se utilizó la siguiente formula:

$$r_{xy} = \frac{\text{Cov}(X, Y)}{\sigma_x \sigma_y}$$

Donde: r_{xy} = Correlación fenotípica entre los dos caracteres, X y Y; $\text{Cov}(X, Y)$ = Covarianza fenotípica de los dos caracteres X y Y; σ_x, σ_y = Desviación estándar para el carácter X e Y, respectivamente.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza

Se presentan los resultados del análisis de varianza (ANVA) para las variables utilizadas en este estudio, peso seco de raíz (PSR), peso seco de vástago (PSV), longitud de vástago (LV) y longitud de raíz (LR). Los análisis de varianza se presentan en dos secciones, ensayo en laboratorio y ensayo en invernadero. Los resultados del ANVA realizado para los caracteres de laboratorio se presentan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables de los ensayos en laboratorio.

FV	GL	PSR (mg)	PSV (mg)	LV (cm)	LR (cm)
Ambientes (Amb)	1	1.68 **	15.21 *	4855.29 *	4794.65 *
Repeticiones (Rep)	2	0.01	0.14	79.41	267.10
Amb x Rep	2	0.01	0.23	90.87	163.93
Poblaciones (Pob)	1	0.04 **	0.14 **	2.22	26.63 *
Fam / Pob	97	0.01 **	0.03 **	5.37 **	9.07 **
Amb x Pob	1	0.02 *	0.00	6.23	6.18
Error	475	0.00	0.01	2.43	4.61
CV (%)		59.83	40.38	23.39	24.30

*, **= Significativo al 0.05 y al 0.01 de probabilidad, respectivamente; FV= Fuente de variación; GL= Grados de libertad; CV (%) = Coeficiente de variación; PSR =Peso seco de raíz; PSV = Peso seco de vástago; LV = Longitud de vástago; LR= Longitud de raíz.

Para ambientes, los resultados muestran diferencias significativas para la variable peso seco de raíz ($P \leq 0.01$), peso seco de vástago, longitud de vástago y longitud de raíz ($P \leq 0.05$). Esto se debe básicamente a que las condiciones de los ensayos con y sin estrés por salinidad son contrastantes.

En poblaciones, se encontraron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) para las variables peso seco de raíz y peso seco de vástago y ($P \leq 0.05$) para longitud de raíz, esto puede deberse a la variabilidad genética de las familias en estudio. Se encontró variación genética ($P \leq 0.01$) en familias dentro de poblaciones para todas las variables incluidas, lo anterior indica que es posible realizar selección dentro de las poblaciones en estudio.

No se encontró interacción en genotipo x ambiente, esto indica que la respuesta fue similar en ambos ambientes con y sin estrés, sin embargo, peso seco de raíz mostró diferencia significativa ($P \leq 0.05$), lo que indica que hubo respuesta para esta variable.

El ANVA de los caracteres evaluados en invernadero se presenta en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables en los ensayos de invernadero.

FV	GL	PSR (mg)	PSV (mg)	LV (cm)	LR (cm)
Ambientes (Amb)	1	0.04 **	55.36 *	3691.44 *	282.83
Repeticiones (Rep)	2	0.19 **	7.91	421.53	300.07
Amb x Rep	2	0.00	1.16	52.13	398.26
Poblaciones (Pob)	1	0.10 *	5.57 **	480.91 **	473.45 **
Fam / Pob	98	0.02 **	0.82 **	60.78 **	73.59
Amb x Pob	1	0.03	0.38	1.79	3.26
Error	480	0.01	0.45	21.98	60.87
CV (%)		46.33	42.56	17.49	33.48

*, **=Significativo al 0.05 y al 0.01 de probabilidad, respectivamente; FV=Fuente de variación; GL=Grados de libertad; CV (%) = Coeficiente de variación; PSR =Peso seco de raíz; PSV = Peso seco de vástago; LV = Longitud de vástago; LR= Longitud de raíz.

Similar a los resultados de los ensayos de laboratorio, en los ensayos de invernadero se encontraron diferencias significativas para la variable peso seco de raíz ($P \leq 0.01$), y para las variables peso seco de vástago y longitud de vástago ($P \leq 0.05$), esto debido a las condiciones contrastantes entre los ambientes de evaluación por efecto de estrés por salinidad. Se encontró diferencia entre poblaciones ($P \leq 0.01$), pero también, la variación de familias dentro de las dos poblaciones para todas las variables ($P \leq 0.01$), excepto longitud de raíz.

No se encontraron evidencias de la interacción ambiente x población, lo anterior indica que bajo las condiciones en la que fueron conducidos los experimentos, las poblaciones tienen un comportamiento similar, independientemente de las condiciones de estrés, lo que indica que se puede realizar selección a través de condiciones de estrés y sin estrés en pruebas tempranas de invernadero. Hoque *et al.* (2015) evaluaron dos métodos para discriminar entre nueve genotipos en etapas tempranas bajo condiciones de estrés salino, evaluaron pesos de materia fresca y seca, número de hojas y longitud de raíz y tallo, los

resultados mostraron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) cuando crecieron bajo condiciones salinas, en comparación con su testigo.

La prueba de comparación de medias para los ambientes de evaluación de laboratorio e invernadero se presenta en el Cuadro 3. Se observó una disminución en la acumulación de materia seca en el vástago y raíz. La disminución de los pesos secos y longitudes de raíz y vástago, indican que se ven afectados los procesos fisiológicos bajo condiciones de estrés. Al respecto, Läuchli y Epstein (1990) indican que los procesos bajo condiciones de salinidad se ven afectados los procesos fisiológicos como efectos osmóticos, toxicidad y trastornos nutricionales, lo que afecta el metabolismo de las plantas.

Se obtuvo un abatimiento considerable en las longitudes y pesos secos de raíz y vástago en el ambiente de estrés, en comparación con el ambiente testigo. En el ensayo de laboratorio, para la variable peso seco de raíz y peso seco de vástago, hubo un abatimiento del 80 %. Para longitud de vástago 67.1 % y un 54.8 % de abatimiento para longitud de raíz. En contraste con los resultados anteriormente mencionados, en el ensayo de invernadero se obtuvo un abatimiento del 7.4 % y 32.9 %, en el peso seco de raíz y peso seco de vástago, respectivamente. Para la longitud del vástago se obtuvo una disminución de 17.6 %.

Los resultados anteriormente mostrados indican como se afectan los procesos fisiológicos en el crecimiento bajo condiciones de estrés. Luo *et al.* (2017) evaluaron el efecto al estrés por salinidad en la fisiología y crecimiento de híbridos de maíz, y concluyeron que el maíz es más susceptible en la etapa de germinación, que, en la etapa de plántula, ya que éste es más sensible a la salinidad durante esta etapa, esto puede explicar la disminución considerable de peso seco y longitudes de raíz y vástago, en el ensayo de laboratorio. Cui *et al.* (2015) realizaron un análisis proteómico en raíces en etapa de plántula, de líneas de maíz tolerantes y líneas sensibles a la sal; identificaron 28 proteínas sensibles al estrés salino, estas proteínas participan en el procesamiento de señales, conservación del agua, síntesis de proteínas y a la tolerancia abiótica. Las líneas tolerantes mostraron una mayor retención de agua y buen mantenimiento de la integridad de la membrana, y mayor peso seco. Lo anterior indica que el peso seco de raíz y vástago, pueden ser caracteres útiles para discriminar entre genotipos tolerantes al estrés salino.

Cuadro 3. Medias de los ambientes de evaluación de las familias de las dos poblaciones en los ensayos de laboratorio e invernadero en 2017.

Ambientes	Ensayo de laboratorio				Ensayo de invernadero			
	PSR (mg)	PSV (mg)	LV (cm)	LR (cm)	PSR (mg)	PSV (mg)	LV (cm)	LR (cm)
Testigo	0.15 a [†]	0.45 a	9.41 a	11.60 a	0.27 a	1.88 a	29.40 a	22.57 a
Estrés	0.03 b	0.09 b	3.09 b	5.24 b	0.25 b	1.26 b	24.20 b	24.05 b

[†] Medias con letras iguales en cada columna no son estadísticamente diferentes; PSR =Peso seco de raíz; PSV = Peso seco de vástago; LV = Longitud de vástago; LR= Longitud de raíz.

Análisis de correlaciones fenotípicas

Se realizó el análisis de correlación entre los caracteres de laboratorio e invernadero bajo condiciones de estrés. Los resultados se presentan en el Cuadro 4.

Cuadro 4. Coeficientes de correlación fenotípica entre los caracteres de laboratorio e invernadero bajo condiciones de estrés.

	PSV_L	LV_L	LR_L	LV_I	LR_I	PSR_I	PSV_I
PSR_L	0.504**	0.223*	0.090	0.024	0.181	0.246*	0.068
PSV_L		0.376**	0.203	0.122	0.211*	0.115	0.162
LV_L			0.122	0.131	0.011	0.029	0.070
LR_L				-0.025	0.068	0.066	-0.143
LV_I					0.278**	0.345**	0.679**
LR_I						0.395**	0.260**
PSR_I							0.588**

*, ** = Significativo al 0.05 y al 0.01 de probabilidad, respectivamente. PSR = Peso seco de raíz; PSV = Peso seco de vástago; LV = Longitud de vástago; LR = longitud de raíz; † En el nombre de las variables, L e I, se refiere al ensayo de Laboratorio e Invernadero, respectivamente.

Se encontraron coeficientes de correlación significativos ($P \leq 0.01$), en su mayoría dentro de los ensayos de laboratorio e invernadero; sin embargo, se encontró correlación positiva y significativa ($P \leq 0.05$) entre la variable peso seco de raíz en laboratorio (PSR_L) y peso seco de raíz en invernadero (PSR_I) ($r=0.246^*$), además, entre peso seco de vástago laboratorio (PSV_L) y longitud de raíz invernadero (LR_I) ($r=0.211^*$).

Al realizar las correlaciones fenotípicas entre los caracteres evaluados bajo condiciones sin estrés (Cuadro 5), se muestran resultados similares a los presentados en el Cuadro 4.

Se encontró correlación positiva y significativa ($P \leq 0.01$), dentro de los caracteres evaluados en laboratorio e invernadero. Dentro del ensayo de laboratorio se muestra correlación significativa ($P \leq 0.01$) de PSR y LV, con LR, con valores de $r=0.426^{**}$ y $r=0.646^{**}$, respectivamente, en comparación del cuadro 4, que éstas no eran significativas. De manera similar de lo mostrado en el Cuadro 4, se encuentra una correspondencia, entre los caracteres de laboratorio e invernadero; se muestra una correlación significativa ($P \leq 0.05$) entre los caracteres LR_L y LR_I, PSR_L con PSR_I y LR_L con LR_I

Cuadro 5. Coeficientes de correlación fenotípica entre los caracteres de laboratorio e invernadero bajo condiciones sin estrés.

	PSV_L	LV_L	LR_L	LV_I	LR_I	PSR_I	PSV_I
PSR_L	0.543**	0.229*	0.426**	0.061	0.124	0.212*	0.134
PSV_L		0.243*	0.166	0.138	0.134	0.113	0.098
LV_L			0.646**	0.111	0.191	0.207*	0.135
LR_L				0.113	0.247*	0.194	0.173
LV_I					0.285**	0.475**	0.621**
LR_I						0.374**	0.331**
PSR_I							0.780**

*, ** = Significativo al 0.05 y al 0.01 de probabilidad, respectivamente. PSR = Peso seco de raíz; PSV = Peso seco de vástago; LV = Longitud de vástago; LR = longitud de raíz; † En el nombre de las variables, L e I, se refiere al ensayo de Laboratorio e Invernadero, respectivamente.

Los resultados que se muestran en los Cuadros 4 y 5, indican que los caracteres de peso seco de raíz y vástago correlacionan positiva y significativamente ($P \leq 0.05$), lo anterior indica que estos caracteres pueden ser utilizados para diferenciar entre ambientes de estrés y para discriminar entre genotipos.

Se realizó el análisis de correlación de los caracteres de laboratorio e invernadero, considerando las combinaciones de caracteres x ambientes de evaluación, donde además, se incluyó el rendimiento de grano evaluado en campo. Los resultados se presentan en el Cuadro 6.

Los resultados muestran correlación significativa ($P \leq 0.01$) dentro de los caracteres de laboratorio e invernadero. Los coeficientes de correlación muestran valores superiores y significativos ($P \leq 0.01$) dentro de los caracteres bajo condiciones de invernadero, comparados con los ensayos de laboratorio. Dentro de los ensayos en invernadero, el peso seco de vástago bajo condiciones de estrés correlaciona significativa ($P \leq 0.01$) y positivamente con peso seco de raíz testigo. Entre laboratorio e invernadero hay correlación significativa ($P \leq 0.01$) entre peso seco de vástago testigo y peso seco de raíz en estrés; y relación significativa ($P \leq 0.05$), entre peso seco de raíz del testigo y peso seco de raíz del testigo en invernadero. Se encontró correlación significativa y positiva entre

PSR y PSV bajo condiciones normales en los ensayos de invernadero con el rendimiento de grano, cuyos valores son de $r=0.250^*$ y $r=0.237^*$, respectivamente.

Los resultados presentados en los cuadros 4, 5 y 6, resaltan la importancia de utilizar estos caracteres para obtener genotipos sobresalientes en evaluaciones tempranas. Antuna *et al.* (2003) estudiaron la asociación entre caracteres de evaluación en campo e indicadores de calidad fisiológica en ensayos de laboratorio, no encontraron asociación directa entre estos caracteres. El uso de correlaciones en el mejoramiento es de gran interés, Falconer y Mackay (1996), mencionan que los caracteres correlacionados son de interés por tres razones principales, la pleiotropía, la conexión de los cambios producidos por la selección, y la conexión con la selección natural, que pueden dar cambios producidos por la selección indirecta, por lo que es importante conocer los cambios producidos por la selección.

Cuadro 6. Coeficientes de correlación del rendimiento de grano y materia seca en ambientes de evaluación de familias de dos poblaciones de maíz en 2017.

	Ensayo en Laboratorio				Ensayo en Invernadero				REN_ME
	PSR_EL	PSV_EL	PSR_TL	PSV_TL	PSR_EI	PSV_EI	PSR_TI	PSV_TI	
PSR_EL	1	-0.072	0.055	0.176	0.126	-0.017	-0.083	-0.188	0.005
PSV_EL		1	0.271**	0.095	0.067	0.122	-0.040	0.013	0.146
PSR_TL			1	0.183	0.140	0.050	0.240*	0.152	-0.008
PSV_TL				1	0.282**	0.185	0.133	0.145	-0.007
PSR_EI					1	0.588**	0.284**	0.267**	-0.052
PSV_EI						1	0.429**	0.440**	0.189
PSR_TI							1	0.780**	0.250*
PSV_TI								1	0.237*

*, ** = Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; PSR= Peso seco de raíz, PSV= Peso seco de vástago, REND= Rendimiento de grano; † En el nombre de las variables, E y T, se refiere al ensayo de estrés por salinidad y Testigo, respectivamente; L e I, Los ensayos de Laboratorio e Invernadero, respectivamente.

Potencial genético

Con base al rendimiento de grano, se identificaron las mejores 25 familias, la información se presenta en el (Cuadro 7).

Cuadro 7. Medias de rendimiento de grano y peso seco de familias seleccionadas de dos poblaciones de maíz evaluadas en 2017.

FAM [†]	REND	Ensayo en Laboratorio				Ensayo en Invernadero			
		Testigo		Estrés		Testigo		Estrés	
		PSR	PSV	PSR	PSV	PSR	PSV	PSR	PSV
74	6.90**	0.013	0.056*	0.009	0.030	0.275	1.811	0.439**	2.172**
84	6.86**	0.015	0.047	0.009	0.027	0.287	1.992	0.341	1.568*
80	6.45**	0.015	0.037	0.012*	0.021	0.318*	2.098	0.264	1.270
69	6.08**	0.014	0.048	0.004	0.025	0.390**	2.450*	0.190	1.470
77	5.59*	0.014	0.053*	0.008	0.023	0.337*	2.781*	0.193	1.554
94	5.44*	0.011	0.044	0.011	0.019	0.262	1.768	0.309	1.397
68	5.22*	0.014	0.044	0.009	0.024	0.314	3.360**	0.327	1.418
45	5.17*	0.017	0.048	0.009	0.026	0.326*	2.330	0.230	0.695
12	5.10*	0.015	0.057*	0.010	0.024	0.288	1.853	0.282	1.193
91	4.99*	0.018*	0.034	0.008	0.020	0.350*	2.249	0.308	1.016
38	4.72*	0.016	0.045	0.010	0.025	0.117	1.084	0.242	1.209
59	4.72*	0.015	0.047	0.006	0.024	0.232	2.242	0.356*	1.198
72	4.62	0.016	0.028	0.007	0.025	0.221	1.518	0.241	1.224
89	4.56	0.012	0.046	0.018**	0.029	0.200	1.583	0.156	0.907
96	4.55	0.019*	0.043	0.007	0.017	0.323*	2.011	0.249	1.236
83	4.46	0.010	0.044	0.008	0.025	0.291	3.366**	0.256	1.344
7	4.32	0.026**	0.034	0.007	0.025	0.355*	2.580*	0.271	1.644*
17	4.31	0.013	0.036	0.010	0.031	0.251	1.673	0.240	1.536
99	4.31	0.016	0.049	0.013*	0.032	0.371*	2.946**	0.429*	1.742*
78	4.30	0.012	0.035	0.008	0.029	0.248	2.224	0.267	1.289
55	4.20	0.010	0.034	0.006	0.023	0.247	2.331	0.293	1.468
21	4.17	0.019*	0.042	0.007	0.022	0.216	1.543	0.193	0.913
71	4.14	0.009	0.037	0.005	0.016	0.308	2.105	0.224	1.198
28	4.14	0.022**	0.030	0.015*	0.046**	0.216	1.270	0.283	0.881
39	3.98	0.014	0.060**	0.015*	0.015	0.294	2.263	0.317	1.664*
Media	3.30	0.014	0.043	0.009	0.024	0.251	1.879	0.270	1.262
EE	1.37	0.004	0.007	0.004	0.008	0.067	0.502	0.080	0.305

*, ** = Familias superiores con base $\mu+EE$ y $\mu+2EE$, respectivamente; [†] Familias 1 a 61 de población R7ENE y 62 a 100, población RNUN; REND= Rendimiento de grano; PSR= Peso seco de raíz; PSV= Peso seco de vástago; EE= Error estándar de la media.

De las mejores 25 familias identificadas, el 40 % de estas pertenece a las familias de la población R7ENE, y el 60 % a las familias de la población RNUN. Las familias 74, 84, 80 y 69 fueron superiores con base en ($\mu+2EE$), estas pertenecen a las familias de la

población identificada como RNUN, de las ocho restantes, superiores con base en ($\mu+EE$), las familias 77, 94, 68 y 91 pertenecen a las familias de la población RNUN y las familias 45, 12, 38 y 59, a las familias de la población R7ENE. Las primeras cuatro familias seleccionadas con base en el rendimiento de grano, mostraron un rendimiento superior a los testigos (JAGUAN, POOL31, POOL32, POOL33 y POOL34), quienes obtuvieron una media de 5.95 t ha^{-1} (Datos no presentados). Este comportamiento superior indica el potencial genético que tienen las poblaciones en estudio y la importancia en el mejoramiento de estas. Al respecto Espinosa-Tamayo *et al.* (2016) y Nájera *et al.* (2010), identificaron a la raza Ratón, como una de las que mayor rendimiento de grano tienen, esto resalta la importancia y el potencial productivo de las poblaciones en estudio.

Dentro de las mejores cuatro familias con base en rendimiento de grano, la familia 75 mostró el mejor peso seco de vástago en laboratorio sin estrés ($\mu+EE$), y los mejores pesos secos de vástago y raíz ($\mu+2EE$), bajo condiciones de estrés en invernadero. De igual forma, la familia 69 tuvo un comportamiento superior de peso seco de raíz y vástago bajo condiciones de invernadero en el ambiente testigo; lo anterior es importante señalar, ya que los caracteres de peso seco en invernadero, correlacionaron positivamente con el rendimiento de grano, estas familias con mejor comportamiento provienen de la población RNUN.

Interacción genotipos x caracteres en ambientes

El análisis de interacción de las familias de las dos poblaciones con los caracteres de peso seco y rendimiento de grano en ambientes, se presentan en la Figura 1. En este gráfico se utilizan los dos primeros componentes principales, lo cuales explican el 37.6 % de la variación fenotípica acumulada en las variables originales. Con propósitos de interpretación, los ángulos formados por los vectores, indican una asociación entre ellos, de acuerdo con Yan y Kang (2003), un ángulo menor a 30° indica una relación estrecha proporcional al coeficiente de correlación y ángulos mayores a 180° representan una asociación negativa; un ángulo de 90° muestran un comportamiento independiente.

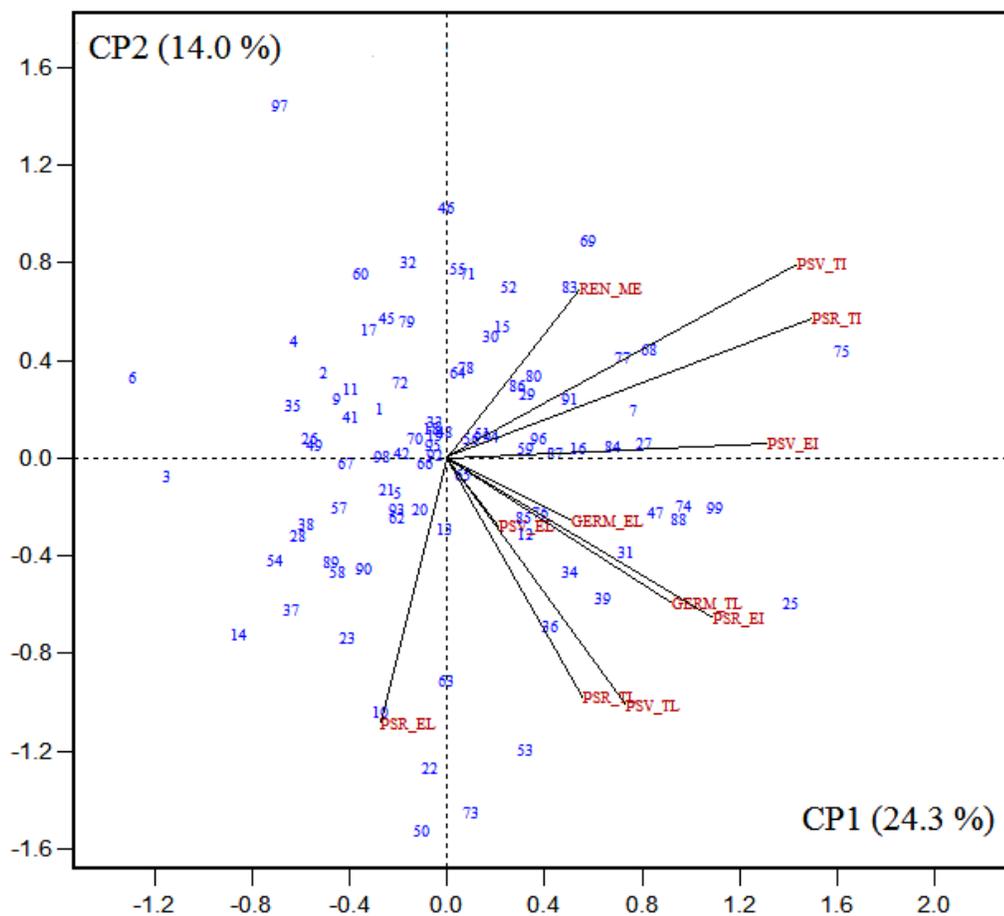


Figura 1. Dispersión gráfica de la interacción de familias de dos poblaciones de maíz con los caracteres de peso seco y rendimiento de grano. Familias 1 a 61 de población R7ENE y 62 a 100, población RNUN; Caracteres REN_ME, Rendimiento de grano en la localidad El Mezquite, N. L. PSR= Peso seco de raíz; PSV= Peso seco de vástago; GERM= Germinación; EL y EI, Condiciones de estrés en Laboratorio e Invernadero, respectivamente; TL y TI, Ensayo de testigo (sin sal) en Laboratorio e Invernadero, respectivamente.

Por lo tanto, en esta figura se puede apreciar la asociación positiva de rendimiento de grano (REN_ME) con los caracteres de peso seco de vástago (PSV_TI) y raíz (PSR_TI), en el ensayo de Invernadero con y sin estrés y con peso seco de vástago (PSV_EI) bajo condiciones de estrés en Invernadero.

Lo anterior, puede corroborarse con la información presentada en el Cuadro 6, donde se muestra la asociación entre los caracteres PSR_TI y PSV_TI con REN_ME, donde hay

una correlación de $r=250^*$ y $r=237^*$, respectivamente. De igual forma las asociaciones negativas entre los caracteres de laboratorio e invernadero.

Respecto a la interacción de las familias de las dos poblaciones con los caracteres de evaluación, se pueden identificar a las familias que se relacionan positivamente con rendimiento de grano, y los caracteres de PSV_TI y PSR_TI, entre estas se encuentran la 83, 77, 68, 75. De igual forma las que tuvieron una respuesta bajo condiciones de estrés, como la 25, 31, 47 y 88.

Por lo tanto, se puede considerar que los caracteres de PSV_TI y PSR_TI pueden ser utilizados como indicadores de selección, mediante pruebas tempranas para seleccionar genotipos sobresalientes al estrés por salinidad.

CONCLUSIONES

Se corrobora que existe variación genética entre y dentro de las líneas S₁ derivadas de las poblaciones en estudio en los caracteres de peso seco y rendimiento de grano. No se encontró relación consistente entre los caracteres de calidad fisiológica con el desarrollo vegetativo bajo condiciones de invernadero, incluyendo el rendimiento de grano. El peso seco del sistema radical y de vástago determinado bajo condiciones de invernadero, pueden ser considerados como atributos con potencial para realizar selección temprana en genotipos de maíz tolerantes a condiciones de salinidad, que pueden ser usados como parte de proceso de mejoramiento.

REFERENCIAS

- Antuna G., O., F. Rincón S, D.E. Gutiérrez E, N.A. Ruíz T, y L. Bustamante G. 2003. Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. *Rev. Fit. Mex.* 26(1):11-17.
- Arteaga, M.C., A. Moreno-Letelier, A. Mastretta-Yanes, A. Vázquez-Lobo, A. Breña-Ochoa, A. Moreno-Estrada, L.E. Eguiarte, and D. Piñero. 2016. Genomic variation in recently collected maize landraces from Mexico. *Genomics Data* 7:38-45.
- Butcher, K., A.F. Wick, T. DeSutter, A. Chatterjee, and J. Harmon. 2018. Corn and soybean yield response to salinity influenced by soil texture. *Agron. J.* 110(4): 1243–1253. doi: 10.2134/agronj2017.10.0619.
- Cooper M., C. Gho, R. Leafgren, T. Tang, and C. Messina. 2014. Breeding drought-tolerant maize hybrids for the US corn-belt: discovery to product. *Journal of Experimental Botany* 65(21): 6191–6194.
- Cui, D., D. Wu, J. Liu, D. Li, C. Xu, S. Li, P. Li, H. Zhang, X. Liu, C. Jiang, L. Wang, T. Chen, H. Chen, and L. Zhao. 2015. Proteomic analysis of seedling roots of two maize inbred lines that differ significantly in the salt stress response. *PLoS ONE* 10(2): 1-13. doi:10.1371/journal.pone.0116697.
- Dias K.O.D.G., S.A. Gezan, C.T. Guimarães, S.N. Parentoni, G.P.E. De Oliveira, C.N. Portilho, P.A. Figueiredo, B.E. Alves, M.J. Cardoso, A.C. De Oliveira, D.J. Vieira, J.C. De Souza, G.L.J. Moreira, and M.M. Pastina. 2018. Estimating genotype \times environment interaction for and genetic correlations among drought tolerance traits in maize via factor analytic multiplicative mixed models. *Crop. Sci.* 58: 72–83.
- Espinosa T., L.C. 2015. Potencial genético y adaptación de poblaciones nativas de maíz de sureste de Coahuila. Tesis de M.C. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
- Espinosa-Tamayo, L.C., F. Rincón-Sánchez, N.A. Ruíz-Torres, J.M. Martínez-Reyna. 2016. Potencial genético y adaptación de poblaciones nativas de maíz del sureste de Coahuila, México. *Agraria* 13(1): 7-14.
- Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman, Harlow, England.
- Fehr, W.R. 1991. *Principles of Cultivar Development. Theory and Technique*. Vol. 1. Iowa State University. Ames, Iowa. USA.
- Giaveno, C.D., R.V. Ribeiro, G.M. Souza, and R.F. De Oliveira. 2007. Screening of tropical maize for salt stress tolerance. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7(3): 304–313.
- Hallauer, A. R., and J.B. Miranda. 1988. *Quantitative Genetics in Maize Breeding* (2nd ed.). Iowa, Ames. USA: Iowa State University Press.

- Hellin, J., M. R. Bellon, and S. J. Hearne. 2014. Maize landraces and adaptation to climate change in México. *Journal of Crop Improvement* 28(4): 484-501.
- Hoque, M.M.I., Z. Jun, and W. Guoying. 2015. Evaluation of salinity tolerance in maize (*Zea mays* L.) genotypes at seedling stage. *Journal of Bioscience and Biotechnology* 4(1): 39-49.
- INEGI. 2015. Anuario estadístico y geográfico de Coahuila de Zaragoza 2015. Instituto Nacional de Estadística y Geografía. México.
- INIFAP. 2019. Red Nacional de Estaciones Agrometeorológicas Automatizadas. Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Disponible en línea: <https://clima.inifap.gob.mx/lnmysr/> (Fecha de consulta 12 junio 2019).
- IRRI. 2007. CropStat for Windows Versión 7.2. International Rice Research Institute. Metro Manila, Philippines.
- ISTA. 2009. International Rules for Seed Testing. International Seed Testing Association. Zurich, Switzerland.
- Läuchli A., and E. Epstein. 1990. Plant responses to saline and sodic conditions. In K.K. Tanji (ed). *Agricultural salinity assessment and management*. ASCE manuals and reports on engineering practice No. 71. ASCE New York.
- Lobell, D.B., M.J. Roberts, W. Schlenker, N. Braun, B.B. Little, R.M. Rejesus, and G.L. Hammer. 2014. Greater sensitivity to drought accompanies maize yield increase in the U.S. Midwest. *Science* 344(2): 516-519. doi: 10.1126/science.1251423.
- Luo, M., Y. Zhao, Weisong, R. Zhang, A. Su, C. Li, X. Wang, J. Xing, Z. Shi, and J. Zhao. 2017. Effect of saline stress on the physiology and growth of maize hybrids and their related inbred lines. *Maydica* 62: 1-8.
- Nájera C., L.A., F. Rincón S., N.A. Ruiz T., y F. Castillo. G. 2010. Potencial de rendimiento de poblaciones criollas de maíz de Coahuila, México. *Rev. Fit. Mex.* 33(4):31-36.
- Rincón S., F., F. Castillo G., y N.A. Ruiz. T. 2010. Diversidad y Distribución de los Maíces Nativos en Coahuila, México. SOMEFI. Chapingo, Méx.
- Sánchez, G., J.J., M.M. Goodman, and C.W. Stuber. 2000. Isozymatic and morphological diversity in the races of maize of Mexico. *Economic Botany* 54: 43-59.
- SAS Institute. 2004. SAS/STAT® 9.1 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc. USA.
- SIAP. 2017. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, (SIAP). Disponible en línea: <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>. (Fecha de consulta 22 enero de 2018).
- Yan, W., and M.S. Kang. 2003. GGE Biplot Analysis. A Graphical Tool for Breeders, Geneticists and Agronomists. CRC Press LLC, New York. USA. 268 p.