

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Evaluación de la Interacción Genotipo por Ambiente en el Rendimiento de
Grano y sus Componentes de Líneas de Maíz Blanco Evaluadas en
Ambientes Contrastantes

Por:

ROSEMBERG HERNÁNDEZ RUIZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México

Mayo de 2022

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Evaluación de la Interacción Genotipo por Ambiente en el Rendimiento de
Grano y sus Componentes de Líneas de Maíz Blanco Evaluadas en
Ambientes Contrastes

por:

ROSEMBERG HERNÁNDEZ RUIZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobada por el Comité de Asesoría:

Dr. Francisco Javier Sánchez Ramírez Dra. Carmen Gabriela Mendoza Mendoza
Asesor Principal Interno Asesor Principal Externo

Dra. Norma Angélica Ruiz Torres
Coasesor
Dr. Josué Israel García López
Coasesor
Dr. José Antonio González Fuentes
Coordinador de la División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México.
Mayo de 2022

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Evaluación de la Interacción Genotipo por Ambiente en el Rendimiento de
Grano y sus Componentes de Líneas de Maíz Blanco Evaluadas en
Ambientes Contrastes

Por:

ROSEMBERG HERNÁNDEZ RUIZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobada por el Comité de Asesoría:

Dr. Francisco Javier Sánchez Ramírez
Asesor Principal Interno

Dra. Carmen Gabriela Mendoza Mendoza
Asesor Principal Externo

Dra. Norma Angelica Ruiz Torres
Coasesor

Dr. Josué Israel García López
Coasesor

Dr. José Antonio González Fuentes
Coordinador de la División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México.
Mayo de 2022

Derechos de Autor y Declaración de no plagio

El autor quien es el responsable directo, jura bajo protesta de decir verdad que no se incurrió en plagio o conducta académica incorrecta en los siguientes aspectos:

Reproducción de fragmentos o textos sin citar la fuente o autor original (corta y pega); reproducir un texto propio publicado anteriormente sin hacer referencia al documento original (auto plagio); comprar, robar o pedir prestados los datos o la tesis para presentarla como propia; omitir referencias bibliográficas o citar textualmente sin usar comillas; utilizar ideas o razonamientos de un autor sin citarlo; utilizar material digital como imágenes, videos, ilustraciones, gráficas, mapas o datos sin citar al autor original y/o fuente. Así mismo tengo conocimiento de que cualquier uso distinto de estos materiales como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por las autoridades correspondientes.

Por lo anterior nos responsabilizamos de las consecuencias de cualquier tipo de plagio en caso de existir y declaro que este trabajo es original.

Pasante



Rosemberg Hernández Ruiz

AGRADECIMIENTOS

A la **Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro**, por abrirme las puertas de esta importante casa de estudios y por todo el apoyo brindado durante estos años en mi formación. Un lugar muy bello donde conocí a muchas personas maravillosas con diferentes culturas. A mis amigos que me acompañaron en el trayecto de mi formación durante estos años.

A todos los profesores del **Departamento de Fitomejoramiento** por brindarme sus conocimientos durante mi formación para ser una mejor persona y buen profesionalista.

Al **Dr. Francisco Javier Sánchez Ramírez** por todo el apoyo que me brindo durante este tiempo, por permitirme trabajar y formar parte en uno de sus proyectos, por su tiempo y sus conocimientos brindados en la culminación de este proyecto.

A la **Dra. Carmen Gabriela Mendoza Mendoza**, por haberme compartido sus conocimientos, por el apoyo y tiempo brindado durante la revisión y culminación de este proyecto.

A la **Dra. Norma Angelica Ruiz Torres**, por su valioso tiempo y dedicación en la revisión de este proyecto, muchas gracias.

Al **Dr. Josué Israel García López** por brindarme sus palabras de motivación y sus conocimientos en culminación de este proyecto.

A todos mis compañeros y amigos en especial a **Gloria Angélica, Uriel Moreno, Sergio Daniel, Iván Rodríguez, Juan Ángel** que me brindaron su amistad durante este tiempo, por compartir buenos momentos, gracias por todo.

A toda la familia **Hernández Ruiz**, por brindarme todo su apoyo y todas sus palabras que siempre me motivaron para seguir adelante, me siento muy orgulloso por ser parte de esta gran familia.

DEDICATORIA

A mis padres, **Floreli Ruiz Diaz y Álvaro Hernández Pérez** que fueron mi motivación para seguir adelante y que siempre me brindaron su apoyo, me dieron las fuerzas para seguir adelante y para lograr este objetivo, los sacrificios que ellos hicieron para lograr culminar mi carrera, de todo corazón estoy muy agradecido.

A mis hermanos, **Fernando Hernández Ruiz y Graciela Hernández Ruiz** que siempre estuvieron motivándome con sus palabras para seguir adelante y que gracias a ellos pude culminar y lograr mis objetivos.

ÍNDICE DE CONTENIDO

I. INTRODUCCIÓN	1
Objetivo general	3
Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA	5
2.1. Situación actual del maíz en México.....	5
2.2. Mejoramiento genético por hibridación en maíz	6
2.3. Interacción genotipo por ambiente	9
III. MATERIALES Y MÉTODOS	12
3.1. Material genético	12
3.2. Localidades de evaluación	12
3.3. Diseño experimental.....	13
3.4. Siembra	13
3.5. Manejo del cultivo	13
3.6. Características evaluadas	14
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	16
4.1. Análisis de varianza.....	16
4.2. Características agronómicas de los genotipos por localidad de evaluación	18
4.3. Análisis de la interacción genotipo por ambiente para el rendimiento de grano	23
V. CONCLUSIONES	26
VI. LITERATURA CITADA	27

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de líneas de maíz blanco evaluadas en condiciones ambientales contrastantes. Buenavista, Saltillo, Coahuila y Montecillo, Texcoco, Edo. Méx. Ciclo P.V. 2020.....	17
Cuadro 2. Valores medios de las características agronómicas de las 20 líneas superiores por rendimiento de grano en Montecillo, Texcoco, estado de México, 2020.	20
Cuadro 3. Valores medios de las características agronómicas de las 20 líneas superiores por rendimiento de grano en Buenavista, Saltillo, Coahuila, 2020.	22
Cuadro 4. Análisis de varianza combinado y Prueba de Gollob para líneas endogámicas evaluadas en condiciones ambientales contrastantes.....	23

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.	Rendimiento de grano e interacción genotipo por ambiente (CP1) de líneas endogámicas evaluadas en condiciones ambientales contrastantes. Buenavista, Saltillo, Coahuila y Montecillo, Texcoco, Edo. de México. Ciclo P.V. 2020.	24
------------------	--	----

RESUMEN

En el mejoramiento genético, el desarrollo de nuevas variedades de maíz con alto potencial de rendimiento y calidad del grano que se puedan producir en diferentes localidades es uno de los principales objetivos a alcanzar; para esto, la evaluación de genotipos bajo diferentes condiciones ambientales es imprescindible. El estudio de la interacción genotipo por ambiente permite clasificar a los genotipos en función de su rendimiento como estables o adaptadas a un ambiente particular. Con este objetivo se evaluaron 120 líneas endogámicas S_3 , las cuales se derivaron a partir de la recombinación de 300 poblaciones élite del programa de mejoramiento de maíz de grano blanco para los Valles Altos de México. Las 120 líneas endogámicas evaluadas fueron seleccionadas mediante mazorca por surco a partir de 1,600 líneas S_1 . La evaluación agronómica de las líneas se realizó en El Campo Agrícola Experimental del Colegio de Postgraduados campus Montecillo, Texcoco, Edo. México y en el Campo Agrícola Experimental "El Bajío" de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, ubicado en Buenavista, Saltillo, Coahuila. Las líneas se evaluaron en experimentos repetidos en surcos de 4 m de largo, bajo una densidad de plantas de 65,000 plantas ha^{-1} . El diseño experimental empleado fue de bloques incompletos con arreglo α -látice. Los genotipos evaluados mostraron una amplia variación dentro de las localidades; en Montecillo, las 20 líneas identificadas como superiores presentaron una variación en RTO de 5.6 a 7.8 $t ha^{-1}$; para estos genotipos la diversidad fenológica mostró ciclos predominantemente intermedios (75-85 días), aunque también hubo precoces (< 75 días) y tardíos (>85 días); la asincronía floral estuvo presente en cada uno, aunque los valores superiores fueron 4.5 y 7.0 días. Los genotipos sobresalientes en Montecillo para RTO mostraron valores superiores para ALPTA (2.3 a 2.7 m), LMZ (13.8 a 17.2 cm), DMZ (4.4 a 4.7 cm), NHIL (17.3 a 20.5 hileras), GHIL (27 a 34.0 granos) e ID (0.81 a 0.87). En Buenavista, los 20 genotipos superiores presentaron RTO de 4.6 a 7.2 $t ha^{-1}$; la diversidad fenológica mostró ciclos predominantes intermedios (75-88 días), los más precoces (<66 días) y tardíos (>88 días); en ASF los valores superiores fueron de 3.5 a 5.5 días. Los genotipos sobresalientes

para RTO mostraron valores para ALTPA de 2.85 m, LMZ de 13.8 a 17.8 cm, DMZ de 4.4 a 5.3 cm, NHIL de 16.8 a 20.0 hileras, GHIL de 27.8 a 38.3 granos e ID de 0.81 a 0.88. Con base en el análisis de la interacción mediante el modelo AMMI se identificaron 14 líneas (52, 126, 127, 121, 45, 57, 116, 66, 36, 130, 61, 47, 129 y 42) con comportamiento agronómico deseable y estables a través de las localidades. Se consideró que estos genotipos son de interés para continuar su proceso de mejoramiento genético dentro del programa. Las características más afectadas por el factor ambiental fueron los días a floración masculina, la asincronía floral y la altura de la planta.

Palabras claves: *Zea mays* L., interacción genotipo por ambiente, ambientes contrastantes, líneas endogámicas.

I. INTRODUCCIÓN

El desarrollo de nuevas variedades de maíz con alto potencial de rendimiento y calidad del grano en diferentes localidades es uno de los principales objetivos del mejoramiento genético. La adaptabilidad varietal a las fluctuaciones ambientales es importante para estabilizar la producción de cultivos en regiones y años. El rendimiento es un carácter cuantitativo complejo que en gran medida está influenciado por las variaciones ambientales; la selección de genotipos superiores con base en el rendimiento de grano *per se* en una localidad en un año puede no ser muy eficaz; por lo tanto, la evaluación de genotipos para determinar la estabilidad a través del rendimiento bajo diferentes condiciones del medio es esencial en los programas de mejoramiento genético. La comprensión de las causas de la interacción genotipo por ambiente (IGA) puede ayudar a identificar variedades de mayor estabilidad.

En este sentido uno de los retos en los programas de mejoramiento genético es obtener genotipos con mayores rendimientos; no obstante, con frecuencia el potencial de rendimiento es enmascarado por la interacción genotipo por ambiente. Para enfrentar estos problemas, dentro de los programas de mejoramiento genético de maíz se ha generado una diversidad amplia de genotipos estables.

Para lograr lo mencionado anteriormente, se requiere que los genotipos mantengan un comportamiento estable en diferentes localidades y años, además de un alto rendimiento, lo cual es factible en función del potencial genético del híbrido, principalmente (Arellano *et al.*, 2011). La factibilidad de incrementar los rendimientos sin considerar las condiciones ambientales impredecibles está supeditada en 60 % al potencial genético del híbrido o variedad a sembrar y en 40 % a las prácticas de manejo del cultivo (Arellano *et al.*, 2010).

Se entiende que una variedad estable es aquella que tiene la capacidad de amortiguar los efectos del ambiente o que tiene la capacidad de ajustarse a las condiciones ambientales; los progresos sustantivos en el incremento del rendimiento de grano se fundamentan en lograr la adaptación óptima del genotipo a cada ambiente de producción, así como la conjunción de caracteres deseables tales como la calidad del grano y la resistencia al estrés abiótico y biótico.

El valor de un genotipo depende de su potencial *per se* y de su capacidad de combinarse. La evaluación de germoplasma es un aspecto decisivo en programas de mejoramiento genético de maíz. El estudio de la IGA permite clasificar a los genotipos por su comportamiento en función de su rendimiento como estables o adaptados a un ambiente particular. El concepto agronómico de estabilidad indica que un genotipo estable es aquel que muestra interacciones mínimas con los ambientes (Becker, 1981). Un genotipo adaptado es aquel que sobrevive, se reproduce y genera progenie en un ambiente particular (Allard y Hansche, 1964), pero éste además puede presentar adaptabilidad, la cual es la capacidad del genotipo para aprovechar ventajosamente los estímulos del ambiente (Gordón-Mendoza *et al.*, 2006).

Bajo este contexto, con el objetivo de conocer la capacidad de adaptación del material genético exótico a un ambiente contrastante, se realizó la evaluación de genotipos de base genética estrecha en un ambiente de interés agronómico y el de origen, lo cual permitirá identificar material estable y con capacidad de adaptación, que permita desarrollar cruzas con potencial de rendimiento y calidad de grano.

Objetivo general

Evaluar el efecto de la interacción genotipo por ambiente, en la expresión de variables morfológicas y agronómicas de líneas de maíz de grano blanco, en condiciones ecológicas diferentes a las de su origen, para determinar su estabilidad y capacidad de adaptación.

Objetivos específicos

Evaluar la adaptación de líneas endogámicas a condiciones ambientales contrastantes a las de su origen, así como identificar los cambios agronómicos y morfológicos al final del ciclo biológico del cultivo.

Seleccionar líneas adaptadas a los Valles Altos de México, con características agronómicas destacadas, que permitan el desarrollo de cruza simples sobresalientes para condiciones ambientales del Sureste de Coahuila.

Hipótesis

Dado el amplio acervo genético a partir del cual se desarrollaron las líneas de este estudio, se observará una amplia expresión de características agronómicas, lo cual permitirá detectar genotipos con capacidad de adaptación a condiciones contrastantes a las de su ambiente de origen y con características agronómicas destacadas, para el desarrollo de cruza simples, que serán de utilidad para el Programa de Mejoramiento Genético de maíz del Sureste de Coahuila.

Hi: Líneas adaptadas a los Valles Altos de México, tienen capacidad de adaptarse a las condiciones ambientales del Sureste de Coahuila, por su amplio acervo genético.

Ho= Líneas adaptadas a los Valles Altos de México con un amplio acervo genético, no tienen capacidad de adaptarse a las condiciones ambientales del Sureste de Coahuila.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Situación actual del maíz en México

En México, el maíz es el cultivo de mayor importancia; es básico en la alimentación de la sociedad y se cultiva en las muy diversas condiciones agroclimáticas del territorio nacional. La orografía, la ubicación geográfica y la selección que hacen los productores de acuerdo con sus usos y costumbres, han contribuido al desarrollo de la mayor diversidad genética de este cereal. Lo anterior ha permitido que se reconozca a México como centro de origen, de domesticación y diversificación de este importante grano (Kato *et al.*, 2009).

La superficie nacional cultivada con este cereal, principalmente con maíz blanco (92.35 %, SIAP, 2021) oscila alrededor de 6.6 millones de hectáreas que representan 39 % de la superficie agrícola nacional. De estas, 5.6 millones de hectáreas se siembran en condiciones de temporal y 1.5 millones bajo riego; en temporal se produce un rendimiento por hectárea promedio de 2.47 toneladas, y aporta 40 % de la producción; rendimiento que contrasta con 8.7 t ha⁻¹ en condiciones de riego. Ambas regiones contabilizan un total aproximado de 24,396,492 millones de toneladas de producción nacional (SIAP, 2021). Este volumen de producción sin duda ha permitido cubrir la demanda nacional de grano blanco, no así, en el caso del consumo de grano amarillo, empleado principalmente en el sector pecuario. De acuerdo con CEDRSSA (2019), en el año 2018, hubo autosuficiencia de maíz blanco, pero de maíz amarillo se importó más de 80 % del consumo.

El cultivo de maíz se realiza bajo condiciones de riego, de humedad residual y/o temporal (secano), en diversos sistemas de producción que se determinan de acuerdo con las condiciones agroclimáticas, orográficas, económicas, culturales, etc., con las que cuente el productor. Este grano se establece en cada una de las entidades del país; sin embargo, son siete los

estados que concentran 65 % de la producción nacional. El principal estado productor es Sinaloa con 16.5 % del total nacional, seguido por Jalisco, Guanajuato, Chihuahua, Michoacán, estado de México y Veracruz (SIAP, 2021). De acuerdo con el SIAP (2022), 54.5 % del maíz blanco se produce en cuatro estados: Sinaloa, Jalisco, México y Michoacán, mientras que 60 % de la producción de maíz amarillo se obtiene bajo condiciones de riego y 78 % de su producción la aportan Chihuahua y Tamaulipas. En el caso de maíz pigmentado (azul, morado o rojo) se tiene registro de que 62 % de su producción se obtiene bajo condiciones de temporal en Jalisco y Chiapas. También se reporta que 59 % de la producción se concentra en México y Chiapas.

2.2. Mejoramiento genético por hibridación en maíz

En los países desarrollados, el maíz se cultiva por intereses comerciales (producto industrial) y se establece en muy diversas condiciones de producción. En México, aunque existen unidades de producción aptas para el cultivo, la mayor parte de las áreas de cultivo presentan condiciones restrictivas en al menos un componente del sistema; al respecto, Turrent-Fernández (2009) considera que la adopción de mejores tecnologías es un requisito fundamental para incrementar la producción.

Con relación al uso de tecnología, específicamente del germoplasma, Copeland y McDonald (2001) mencionan que uno de los medios para incrementar el rendimiento y la calidad de las cosechas se puede lograr mediante la adopción de semillas mejoradas, cuyo uso actual en México se estima en 30 % del área cultivada con este grano (Espinosa *et al.*, 2003).

Actualmente, el comercio mundial de semillas mejoradas se encuentra controlado por un limitado número de empresas, lo cual les permite determinar los precios, subyugar a la competencia y garantizar su predominio. Tal es el caso de México, cuyas semillas mejoradas son

abastecidas hasta en 95 % por empresas transnacionales; no obstante, el mejoramiento genético de maíz en México también ha sido realizado por instituciones públicas, cuyo objetivo ha sido atender principalmente a la agricultura tradicional; estas condiciones son económicamente poco atractivas para las empresas transnacionales y donde aún no se ha aprovechado el máximo potencial de producción. En esta área se concentra la mayor diversidad genética con poblaciones de alta adaptación (Sánchez, 2016).

El mejoramiento genético de maíz se basa en dos sistemas básicos: la selección y la hibridación, los cuáles de manera respectiva, aprovechan los efectos génicos aditivos y los no aditivos (dominancia y epistasia). En maíz, los objetivos de la mejora genética han estado predominantemente basados en optimizar el rendimiento de grano, lo cual se ha tenido que complementar con resistencia a factores bióticos y abióticos (Sánchez *et al.*, 2016).

De acuerdo con Márquez (1988), la hibridación aprovecha la expresión de la generación F1 proveniente del cruzamiento de dos o más progenitores (líneas endogámicas); este método ha permitido elevar la producción en la mayoría de los cultivos, tales como el maíz, con aplicación más generalizada en los países desarrollados, dados sus apropiados sistemas de cultivo.

En un programa de mejoramiento genético por hibridación, el desarrollo de líneas endogámicas a través de varias generaciones de autofecundación representa la primera etapa; lo cual debe estar basado en un esquema de selección y/o identificación de los progenitores que permitan la expresión superior, con respecto a los híbridos ya existentes para el carácter o caracteres de interés (Sánchez, 2016).

El mejoramiento genético del maíz para la formación de híbridos y variedades es un proceso continuo. En todo programa de mejoramiento

genético la elección del germoplasma progenitor es una de las decisiones más importantes que se deben tomar. Al respecto, Gutiérrez *et al.* (2004) y Castañón-Nájera *et al.* (2005) mencionan que conocer la aptitud combinatoria de los progenitores mejora la eficiencia de un programa de mejoramiento. Esto permite seleccionar progenitores con buen comportamiento promedio en una serie de cruzamientos e identificar combinaciones específicas con un comportamiento superior al esperado.

Los programas de mejoramiento genético dedicados a la formación de híbridos y variedades comerciales de maíz, requieren generar nuevas líneas con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y excelente aptitud combinatoria; se ha encontrado que las líneas que reúnen estas características presentan resultados satisfactorios en combinaciones híbridas (Fan *et al.* 2003).

En los programas destinados a obtener híbridos de maíz, el conocimiento de las relaciones genéticas entre las líneas es de gran utilidad para la planificación de los cruzamientos que darán origen a los híbridos (Betrán *et al.*, 2003); y para la asignación de líneas a grupos heteróticos (Pinto *et al.*, 2003). Por estas y otras razones los fitomejoradores tienen un gran interés en la caracterización de la diversidad genética entre y dentro de los grupos heteróticos existentes, así como también en conocer cuáles son las relaciones existentes entre las líneas actuales e las líneas históricamente importantes.

El objetivo principal en el que se enfoca cualquier fitomejorador es el de identificar al menos un genotipo que se pueda liberar como híbrido. Para lograrlo, es necesario llevar a cabo múltiples experimentos para evaluar el potencial de los genotipos propuestos, bajo diferentes condiciones ambientales, durante diferentes temporadas y por varios años (Acquaah, 2012), que permitan seleccionar genotipos estables y de rendimiento superior; es decir, que presenten la habilidad de ser superiores de manera

consistente a través de los diferentes ambientes (Balzarini *et al.*, 2005) o bien, identificar cultivares de expresión superior en condiciones específicas.

2.3. Interacción genotipo por ambiente

Los caracteres cuantitativos tal como el rendimiento de grano, presentan patrones de variación continua, son determinados por el control poligénico y por el efecto de los factores ambientales (Gauch y Zobel, 1996); adicionalmente existen los efectos de la interacción genotipo ambiente (IGA), que se definen como la respuesta diferencial de los genotipos a través de diferentes ambientes o localidades; esta condición complica la identificación y selección de los genotipos superiores, puesto que se reduce la correlación entre los valores fenotípicos y los genotípicos, condicionando también el avance genético; para Ceccarelli *et al.* (1996) ésta es una de las principales causas del limitado impacto del mejoramiento genético sobre los productores a pequeña escala y con limitados recursos.

El análisis de la interacción se ha abordado mediante diferentes métodos estadísticos; no obstante, el más frecuentemente usado en la actualidad ha sido el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI). Este análisis estadístico se basa en la descomposición de valores simples (Gauch, 2006) apoyados visualmente en su interpretación por representaciones “biplot” (Gabriel, 1971), las cuales se han popularizado como una herramienta visual de estudio.

El modelo AMMI (Gauch y Zobel, 1996) es la combinación del análisis de varianza para los efectos principales (genotipos y ambientes), más el análisis de componentes principales (ACP) de la interacción genotipo por ambiente (Zobel *et al.*, 1988). Inicialmente, el modelo AMMI ajusta los efectos principales aditivos, de genotipos y ambientes, mediante el análisis de varianza (ANAVA) y posteriormente, describe la parte no aditiva (la interacción genotipo por ambiente = IGA), mediante el ACP (Gauch y Zobel, 1996; Crossa, 1990; Zobel *et al.*, 1988).

Los gráficos (biplot) de este modelo permiten la observación simultánea de los genotipos (puntos) y los ambientes (vectores) así como la exploración de los patrones de comportamiento atribuidos a los efectos de interacción genotipo por ambiente (McDermott y Coe, 2012; Kandus *et al.*, 2010; Miranda *et al.*, 2009).

Una de las desventajas del AMMI se presenta cuando el número de componentes principales retenidos en el modelo es grande (≥ 3), resultando difícil describir el comportamiento de los efectos de IGA debido a la imposibilidad de generar gráficos en más de tres dimensiones y, aunque es posible graficar por pares, cada componente representará sólo una pequeña porción de la variación total de la interacción.

Montes-Hernández *et al.* (2014) en un estudio de interacción genotipo por ambiente encontraron que 46 % de la suma de cuadrados se atribuyó a efectos ambientales, mientras que los efectos genotípicos y la IGA representaron a 15 y 39 %, respectivamente. La interacción significativa indicó que los genotipos tuvieron un comportamiento diferencial en los ambientes probados. Resultados similares fueron encontrados por Arellano *et al.* (2014) para poblaciones de maíz de la raza Chalqueño.

González *et al.* (2007) encontraron en un estudio de identificación de variedades sobresalientes que el análisis AMMI explicó 98 % de la suma de cuadrados del modelo; los ambientes (A), los genotipos (G) y la interacción GxA contribuyeron con 45.1, 48.4 y 6.5 %, respectivamente; este modelo permitió la diferenciación confiable de los efectos principales aditivos (A y G en el eje X) y no aditivos (IGA en el eje Y).

En otros estudios se detectó que los efectos entre ambientes fueron mayores que los de la IGA, y que los genotipos tuvieron la menor

contribución a la suma de cuadrados del modelo (Gauch, 2006). En investigaciones previas se observaron diferencias significativas ($p \leq 0.01$) entre ambientes, entre genotipos, en la IGA y significancia en el CP1; la contribución de esta última a la IGA varió de 54 a 63 %, por lo que los autores concluyeron que esta metodología fue eficiente para explicar los efectos aditivos y no aditivos asociados a la estructura de tratamientos representados en el biplot, cuando asignaron al rendimiento al eje X y a la CP1 al eje Y (Crossa *et al.*, 1990; Castañón *et al.*, 2000; De León *et al.*, 2005).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Material genético

En el presente estudio se evaluaron 120 líneas endogámicas S₃, las cuáles se derivaron a partir de la recombinación de 300 poblaciones élite del programa de mejoramiento de maíz de grano blanco para los Valles Altos de México del Dr. Moisés Mendoza Rodríguez. A partir de las 300 poblaciones se formaron 20 nuevas poblaciones recombinadas. Las poblaciones base se seleccionaron por tener rendimiento de grano sobresaliente bajo condiciones de producción rústicas y por tener atributos de calidad tortillera.

Las 120 líneas endogámicas evaluadas fueron seleccionadas mediante mazorca por surco a partir de 1,600 líneas S₁. El estudio incluyó 10 genotipos como testigos considerando variedades y cruzas simples recomendadas para los ambientes de la evaluación.

3.2. Localidades de evaluación

La evaluación agronómica de las líneas se realizó en dos localidades:

- 1) Campo Agrícola Experimental del Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, Texcoco, edo. México; ubicado en las coordenadas 19° 27' 38" latitud Norte, 98° 54' 10" longitud Oeste, a una altitud de 2245 m, en la región geográfica denominada Valles Altos de México, el clima acorde a la clasificación climática de Köppen modificada por García, corresponde a un clima templado subhúmedo, con 636 mm anuales de precipitación distribuidos principalmente durante los meses de junio a septiembre y una temperatura media anual de 15.2° C.

2) Campo Agrícola Experimental “El Bajío” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, ubicado en Buenavista, Saltillo, Coahuila, en las coordenadas 25°21′31 latitud Norte y 101° 02′25 longitud Oeste, a una altura de 1732 msnm, en la región geográfica definida como Noreste de México, el clima se clasifica como seco semicálido con invierno fresco con lluvias en verano, con 330 mm de precipitación y una temperatura media anual de 19.8 °C.

3.3. Diseño Experimental

Las líneas y los testigos fueron evaluados en experimentos repetidos en surcos de 4 m de largo, bajo una densidad de plantas de 65,000 plantas ha⁻¹, considerando la unidad experimental de surcos de 4 m de longitud y 0.80 m entre surcos. El diseño experimental empleado fue de bloques incompletos con arreglo α -látice (Barreto *et al.*, 1997); la aleatorización del diseño se desarrolló mediante el paquete Crop Stat (IRRI, 2007).

3.4. Siembra

En Buenavista (Saltillo, Coahuila) la fecha de siembra acorde al calendario regional para el cultivo fue el 1º de mayo de 2020 y en Montecillo (Texcoco, Edo. de México) se estableció una fecha de siembra tardía, el 20 de mayo de 2020.

3.5. Manejo del cultivo

El desarrollo del cultivo se llevó a cabo bajo condiciones agronómicas adecuadas para la producción de grano; el cultivo se mantuvo sin deficiencias hídricas mediante la aplicación de riegos oportunos; previo a la siembra se realizó una fertilización de fondo con la dosis 60N-60P-60K en Buenavista, y 60N-80P-00K en Montecillo. En ambas localidades, previo al aporque se realizó una segunda fertilización con la fórmula 60N-00P-00K.

En ambas localidades, durante el desarrollo del cultivo, se realizó el control de malezas mediante dos aplicaciones de herbicidas, la primera 20 días posteriores a la siembra y la segunda previo a antesis.

El control de plagas no es una actividad necesaria en los Valles Altos de México, dadas las condiciones de temperatura y las precipitaciones frecuentes; sin embargo, en Buenavista, para el control del gusano cogollero [*Spodoptera frugiperda* (J.E Smith)], se realizaron tres aplicaciones insecticidas.

3.6. Características evaluadas

Fenológicas.

Días a floración masculina (DFM) y femenina (DFF). Se realizó la cuantificación de los días transcurridos desde la siembra hasta que 50 + 1 % de las plantas se encontraron en antesis y con exposición de estigmas.

Asincronía floral (ASF). La diferencia, en días, entre la floración femenina con respecto a la masculina definieron la asincronía floral.

Componentes del rendimiento

Con dos mazorcas representativas obtenidas de cada unidad experimental se obtuvieron los componentes del rendimiento.

Longitud y diámetro de la mazorca (LMZ y DMZ). Se midieron con ayuda de un vernier, la longitud desde la base hasta el ápice de la mazorca, así como el diámetro en la parte media, ambos se expresaron en cm.

Número de hileras (NHIL). En cada mazorca se cuantificó el número de hileras en la parte media.

Granos por hilera (GHIL). En cada mazorca se contabilizó el número de granos presentes en una hilera. Se puso atención de que la hilera considerada no presentará granos faltantes, desde la base hasta el ápice de la mazorca.

Peso de la mazorca (PMZ). Con ayuda de una balanza se obtuvo el peso de la mazorca, se expresó en g).

Índice de desgrane (ID). Se estimó a partir de la relación entre el peso de la mazorca y el peso del grano de esa mazorca.

Rendimiento de grano (RTO). Se estimó a través de la determinación del peso seco (PS),

$$PS = PC * (1 - \frac{H}{100})$$

donde:

PC = Peso de campo (mazorcas por parcela)

H= Humedad, obtenida con una muestra de grano secado en estufa

El peso seco fue además multiplicado por un factor de corrección

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

Donde: APU = Área de la parcela útil; finalmente:

$$RTO = PS * APU$$

Altura de la Planta (ALPTA). Se midió la altura de la planta, desde el nivel del suelo hasta la inserción de la hoja bandera.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Análisis de varianza

En el Cuadro 1 se muestran los cuadrados medios del análisis de varianza (ANAVA) de diez características evaluadas en un ensayo en campo en localidades contrastantes, para determinar la posible adaptación de los genotipos a través de la estimación de la interacción genotipo por ambiente (IGA).

En las localidades, en la mayoría de las variables se encontró significancia estadística ($P \leq 0.05$), excepto para las variables DMZ, NHIL y GHIL. Las diferencias se asociaron al efecto ambiental de las localidades; en las características donde se encontró significancia, se demostró que hay variación en el comportamiento de las líneas a través de las localidades y en aquellas que no hubo significancia se consideraron estables a través de los sitios de evaluación.

La amplia variación de la base genética de las cuales se derivaron las líneas provocó que se encontrará significancia ($P \leq 0.05$), entre los genotipos en cada una de las variables evaluadas.

La interacción genotipo por localidad, mostró significancia estadística ($P \leq 0.05$) en las variables RTO, DFM, ASF, ALPTA y PMZ, mientras que en las características morfológicas de la mazorca (LMZ, DMZ, GHIL e ID) no hubo significancia; la interacción significativa indicó que existe variación en el comportamiento de las líneas a través de las localidades, mientras que donde no hubo significancia, las características fueron estables; es decir, el efecto de las localidades no ocasionó diferencias en la expresión de las características.

Cuadro 1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de variables determinadas en líneas de maíz blanco, evaluadas en condiciones ambientales contrastantes. Buenavista, Saltillo, Coahuila y Montecillo, Texcoco, edo. de México. Ciclo P.V. 2020

FV	GL	RTO t ha ⁻¹	DFM d	ASF d	ALPTA m	LMZ cm	DMZ cm	NHIL	GHIL	PMZ g	ID %
Localidades	1	86.4 **	6876.7 **	10.0 **	5820.7 **	311.6 *	0.2	0.02	38.2	51700.4 **	0.29 **
Rep (Rep)/Loc	2	1.2	149.8 **	5.3 **	0.32	26.8	0.6	0.03	36.1	3367.2 **	0.02
Bloc (Loc*Rep)	36	1.2 **	15.8	1.0	0.19	87.8	0.8	14.58	21.0	927.7 *	0.01
Genotipos	129	6.9 **	67.2 **	7.0 **	0.59 **	82.7	1.3 **	19.43 **	67.2 **	3822.7 **	0.01 *
Loc*Geno	117	1.4 **	25.3 *	3.5 **	0.55 **	62.7	0.7	8.21	24.5	950.1 **	0.01
Error	222	0.7	19.3	1.1	0.145	68.6	0.9	11.21	20.3	570.4	0.01
CV %		26.1	5.4	26.9	10.94	63.0	22.2	20.95	18.9	23.6	11.72

** , * = Significativo a 0.01 y 0.05 de probabilidad, respectivamente; FV: Fuente de variación; GL: Grados de libertad; Loc: Localidades; Geno: Genotipos; Rep: Repeticiones; RTO: Rendimiento de grano; DFM: Días a floración masculina; ASF: Asincronía floral; ALPTA: Altura de la planta; LMZ: Longitud de mazorca; DMZ: Diámetro de mazorca; NHIL: Número de hileras; GHIL: Granos por hileras; PMZ: Peso de mazorca; ID: Índice de desgrane; CV: Coeficiente de variación.

4.2. Características agronómicas de los genotipos por localidad de evaluación

En el Cuadro 2 y 3 se muestran los valores medios de las 20 líneas superiores para rendimiento de grano y sus características agronómicas por localidad, asimismo se puede observar el valor máximo y mínimo para cada variable, que muestra la variación entre los genotipos.

Los genotipos evaluados mostraron una amplia variación en la localidad Montecillo (Cuadro 2), esto se pudo corroborar a través de los valores máximo y mínimo en cada variable; el RTO presentó un intervalo de 0.5 a 7.8 t ha⁻¹, ciclos fenológicos de precoz (70 d) a tardío (96.5 d), la asincronía floral fue amplia y frecuente, hasta de 8.5 días; la altura de la planta mostró plantas altas (2.7 m) y muy bajas (1.2 m), longitudes de la mazorca de 17.2 a 4.5 cm, diámetro de la mazorca de 5.4 a 1.9 cm, granos por hilera de 35.8 a 9.0, peso de la mazorca de 173.8 a 23.3 g e índice de desgrane de 0.9 a 0.6.

Los 20 genotipos identificados como superiores en Montecillo presentaron una variación en el RTO de 5.6 a 7.8 t ha⁻¹; para estos genotipos la diversidad fenológica mostró ciclos predominantemente intermedios (75-85 días), aunque hubo precoces (< 75 d) y tardíos (>85 d); la asincronía floral estuvo presente en cada uno, aunque los valores superiores fueron 4.5 y 7.0 d. Los genotipos sobresalientes para rendimiento de grano mostraron valores superiores para ALPTA (2.3-2.7 m), LMZ (13.8-17.2 cm), DMZ (4.4-4.7 cm), NHIL (17.3-20.5 hileras), GHIL (27-34.0 granos) e ID (0.81-0.87); los componentes sobresalientes permitieron explicar la expresión de rendimiento superior, aunque la altura de la planta fue elevada y por encima del valor deseable (2.0 m), se observó que la altura de la planta y la asincronía fueron las características más afectadas por el ambiente; al respecto, López-Morales *et al.* (2017) indican que para Valles Altos los promedios más altos para LMZ y DMZ son, 16.9 y 4.9 cm respectivamente, valores similares a los encontrados en los genotipos estudiados.

Según el SIAP (2019) la media de rendimiento para Valles Altos es de 3.0 t ha¹, es decir algunos genotipos superan esta media y por lo tanto podrían incrementar aún más el rendimiento a través de cruzas simples.

Cuadro 2. Valores medios de las variables agronómicas de las 20 líneas superiores para rendimiento de grano en Montecillo, Texcoco, estado de México, 2020.

GENOTIPO	RTO t ha ⁻¹	DFM d	ASF d	ALPTA m	LMZ cm	DMZ cm	NHIL	GHIL	PMZ g	ID									
20	7.8	**	82.5	-3.0	2.6	**	15.1	**	4.5	**	13.5	31.0	**	147.8	0.86	**			
25	7.4	**	85.0	-3.0	2.5	**	17.2	**	4.7	**	15.3	33.3	**	173.8	0.87	**			
52	7.3	**	82.0	-3.0	2.6	**	14.9	**	4.8	**	16.3	29.3	**	156.8	0.85	**			
100	7.2	**	75.5	-2.5	2.5	**	15.9	**	4.9	**	20.5	**	30.8	**	164.5	0.83	**		
19	7.0	**	83.0	-3.0	2.5	**	15.2	**	5.2	**	17.5	**	28.3	*	155.0	0.81	**		
129	6.9	**	81.0	-3.0	2.4	**	13.8	**	5.2	**	16.5	29.0	**	163.5	0.84	**			
36	6.7	**	85.0	-4.5	**	2.5	**	15.8	**	4.5	**	14.0	35.8	**	172.3	0.85	**		
47	6.6	**	91.0	**	-4.5	**	2.4	**	17.0	**	4.8	**	17.5	**	30.8	**	159.8	0.80	**
127	6.6	**	81.0	-3.5	2.4	**	15.3	**	4.8	**	17.5	**	28.5	**	152.3	0.82	**		
66	6.3	**	89.0	*	-3.5	2.6	**	16.3	**	5.4	**	18.0	**	32.0	**	173.8	0.81	**	
126	6.3	**	85.0	-3.5	2.5	**	14.8	**	4.5	**	17.0	**	27.0	*	147.8	0.84	**		
61	6.3	**	81.5	-3.5	2.5	**	15.7	**	5.3	**	17.3	**	34.0	**	156.5	0.84	**		
45	6.2	**	86.5	-3.0	2.7	**	15.7	**	5.4	**	17.5	**	22.3		169.5	0.78	**		
57	6.2	**	83.0	-3.0	2.5	**	16.9	**	4.4	**	14.3	32.5	**	149.0	0.80	**			
116	6.0	**	81.0	-2.5	2.3	**	13.8	**	4.9	**	18.5	**	27.5	*	148.0	0.83	**		
130	5.9	**	83.5	-3.0	2.3	**	15.4	**	4.8	**	16.0	32.0	**	146.5	0.84	**			
125	5.8	**	72.0	-4.5	**	2.3	**	14.2	**	4.2	15.0	29.3	**	125.3	0.86	**			
11	5.7	**	87.5	-7.0	**	2.1	11.6	4.1	16.5	23.8	70.0	0.82	**						
81	5.7	**	78.0	-2.5	2.4	**	14.4	**	4.7	**	17.5	**	29.5	**	139.8	0.80	**		
68	5.6	**	75.5	-2.5	2.3	**	15.9	**	4.8	**	14.0	30.3	**	168.8	0.83	**			
Máximo	7.8		96.5	4.0	2.7		17.2	5.4	20.5	35.8	173.8	0.9							
Mínimo	0.5		70.0	-8.5	1.2		4.5	1.9	6.0	9.0	23.3	0.6							
Media	3.6		85.5	-4.0	2.2		12.4	4.2	16.0	23.5	91.1	0.8							
EE	0.2		2.6	0.2	0.0		0.5	0.0	0.5	2.4	122.4	0.0							

*: $\mu + EE$; **: $\mu + 2EE$, respectivamente. EE: Error estándar; RTO: Rendimiento de grano; DFM: Días a floración masculina; ASF: Asincronía floral; ALPTA: Altura de planta; LMZ: Longitud de mazorca; DMZ: Diámetro de mazorca; NHIL: Número de hileras; GHIL: Granos por hilera; PMZ: Peso de mazorca; ID: Índice de desgrane.

Los genotipos evaluados también mostraron amplia variación en Buenavista, Saltillo (Cuadro 3); el RTO mostró variación de 0.6 a 7.2 t ha⁻¹, ciclos fenológicos de precoz (66 d) a tardío (88.5 d), ASF hasta de 7.5 días, ALPTA desde 2.85 m (altas) y 1.58 m (las más bajas), LMZ de 4.5 a 17.8 cm, DMZ de 2.0 a 5.6, GHIL de 8.0 a 38.3, PMZ de 205 a 26.5 g e ID de 0.7 a 0.9.

Los 20 genotipos superiores en Buenavista, presentaron variación en RTO de 4.6 a 7.2 t ha⁻¹; la diversidad fenológica mostró ciclos predominantes intermedios (75-88 días), los más precoces (<66 d) y tardíos (>88 d); en ASF los valores superiores fueron de 3.5 a 5.5 días. Los genotipos sobresalientes para RTO mostraron valores para ALPTA de 2.85 m, LMZ de 13.8-17.8 cm, DMZ de 4.4-5.3 cm, NHIL de 16.8-20.0 hileras, GHIL de 27.8-38.3 granos e ID de 0.81-0.88; los componentes sobresalientes permitieron explicar la expresión del rendimiento. En cuanto a la altura de la planta, se encontró que al igual que en Montecillo, fue elevada y por encima del valor deseable (2 m). Las características más afectadas por el ambiente fueron días a floración masculina y asincronía floral, ya que el clima es más seco y la precipitación es menor. Al respecto, Rincón *et al.* (2006) mencionan que uno de los factores que más efecto tiene en la planta es la alta temperatura (>25 °C), pues ésta llega a reducir significativamente el rendimiento de grano y la acumulación de biomasa, siendo la mazorca y por lo tanto el rendimiento el más afectado.

La amplia diversidad fenotípica observada entre las líneas evaluadas, permitió encontrar dentro de las 20 superiores en cada localidad, 11 líneas con un comportamiento sobresaliente en ambas localidades (genotipos 20, 25, 36, 45, 52, 57, 66, 116, 126, 127, 129); estos genotipos se consideraron estables y deseables para continuar con los estudios de adaptación y aprovechamiento en el programa mejoramiento genético.

Cuadro 3. Valores medios de las características agronómicas de las 20 líneas superiores para rendimiento de grano en Buenavista, Saltillo, Coahuila, 2020.

GENOTIPO	RTO t ha ⁻¹	DFM d	ASF d	ALPTA m	LMZ cm	DMZ cm	NHIL	GHIL	PMZ g	ID									
50	7.2	**	79.0	-2.5	260.0	14.3	**	4.9	**	19.0	**	31.5	**	165.3	0.87	**			
52	6.9	**	76.5	-4.5	**	244.0	13.5	5.1	**	18.0	**	32.0	**	173.8	0.84	**			
124	6.2	**	77.0	-5.0	**	220.0	14.5	**	4.8	**	17.3	*	31.5	**	144.8	0.86	**		
126	6.2	**	77.5	-3.5	**	255.0	13.8	*	4.4	**	15.5		29.3	**	130.5	0.88	**		
127	6.1	**	74.0	-3.5	**	230.0	17.4	**	5.3	**	16.0		27.8	*	148.5	0.82	**		
21	5.7	**	73.0	-1.0		225.0	15.9	**	4.6	**	20.0	**	29.0	**	159.3	0.85	**		
20	5.6	**	72.5	-0.5		242.5	13.5		4.9	**	15.5		23.3		139.0	0.79			
42	5.4	**	81.0	*	-1.5	260.0	17.5	**	5.3	**	18.8	**	34.5	**	203.8	0.86	**		
121	5.2	**	69.5		-3.0	233.5	16.7	**	4.2		15.0		32.0	**	148.0	0.87	**		
30	5.1	**	88.5	**	-5.0	**	285.0	*	17.8	**	4.9	**	18.5	**	38.3	**	205.0	0.87	**
45	5.0	**	79.5		-2.0		265.0		12.7		5.1	**	19.8	**	21.8		108.5	0.85	**
25	5.0	**	82.0	*	-4.5	**	240.0		13.3		4.9	**	16.8	*	18.5		142.5	0.86	**
36	5.0	**	76.0		-1.5		260.0		16.2	**	5.1	**	16.5		38.3	**	173.0	0.86	**
57	4.9	**	74.5		-3.0		260.0		16.2	**	4.2		13.5		29.3	**	143.5	0.87	**
116	4.9	**	70.0		-3.0		215.0		15.3	**	5.2	**	20.0	**	31.5	**	168.5	0.86	**
66	4.9	**	84.0	**	-5.5	**	263.5		15.4	**	4.5	**	16.8	*	32.5	**	125.8	0.81	**
76	4.9	**	79.5		-1.5		196.0		11.9		4.6	**	16.8	*	26.0		109.5	0.82	**
78	4.7	**	75.0		-3.5	**	235.0		12.3		4.2		18.0	**	24.0		137.0	0.78	
31	4.6	**	84.0	**	-5.5	**	250.0		16.9	**	4.7	**	16.5		34.5	**	185.3	0.85	**
129	4.6	**	74.0		-4.0	**	245.0		16.7	**	4.5	**	16.3		28.5	**	156.5	0.87	**
Máximo	7.2		88.5		3.0		285.0		17.8		5.6		21.0		38.3		205.0	0.9	
Mínimo	0.6		66.0		-7.5		158.0		4.5		2.0		6.0		8.0		26.5	0.7	
Media	2.8		78.2		-3.7		215.9		13.0		4.3		16.0		24.0		111.1	0.8	
EE	0.2		2.0		0.2		56.1		0.6		0.0		0.8		2.1		103.5	0.0	

*: $\mu + EE$; **: $\mu + 2EE$, respectivamente; EE: Error estándar; RTO: Rendimiento de grano; DFM: Días a floración masculina; ASF: Asincronía floral; ALPTA: Altura de planta; LMZ: Longitud de mazorca; DMZ: Diámetro de mazorca; NHIL: Número de hileras; GHIL: Granos por hilera; PMZ: Peso de mazorca; ID: Índice de desgrane.

4.3. Análisis de la interacción genotipo por ambiente para la variable rendimiento de grano.

A partir del análisis de varianza combinado (Cuadro 1), donde se encontró significancia de la interacción genotipo por localidad, se realizó un análisis de los genotipos sobresalientes en cada localidad, identificando 11 genotipos deseables con características sobresalientes, en ambos sitios de evaluación. Con base en esto, se realizó un análisis de interacción genotipo por ambiente con base en el modelo de efectos aditivos e interacción multiplicativa (Zobel, 1988). En el Cuadro 4, se muestra el análisis de varianza donde se demuestra la significancia de la interacción genotipo por ambiente, además acorde con la Prueba de Gollob (Gollob, 1968), se encontró que solo el componente principal 1 (CP1) fue estadísticamente significativo ($P \leq 0.05$) y que explicó 92.5 % de la variación total debida a la interacción. Con base en el análisis, en la Figura 1 se presenta el biplot que muestra el rendimiento de grano y la interacción a través del CP1.

Cuadro 4. Análisis de varianza combinado y Prueba de Gollob para líneas endogámicas evaluadas en condiciones ambientales contrastantes.

FV	GL	SC	%	CM
Localidades	1	86.4	6.92	86.4 **
Genotipos	129	969.6	77.7	7.5 **
Localidad*Genotipos	129	190.7	15.3	1.4 **
CP1	129	176.7	92.5	1.4 **
CP2	127	10.5	7.5	0.07
Error	260	203		0.78

**, * = Significativo a 0.01 y 0.05 de probabilidad, respectivamente; FV: Fuente de variación; GL: Grados de libertad; SC: Suma de cuadrados; CM: Cuadrados medios; CP1: Componente principal 1 y CP2: Componente principal 2.

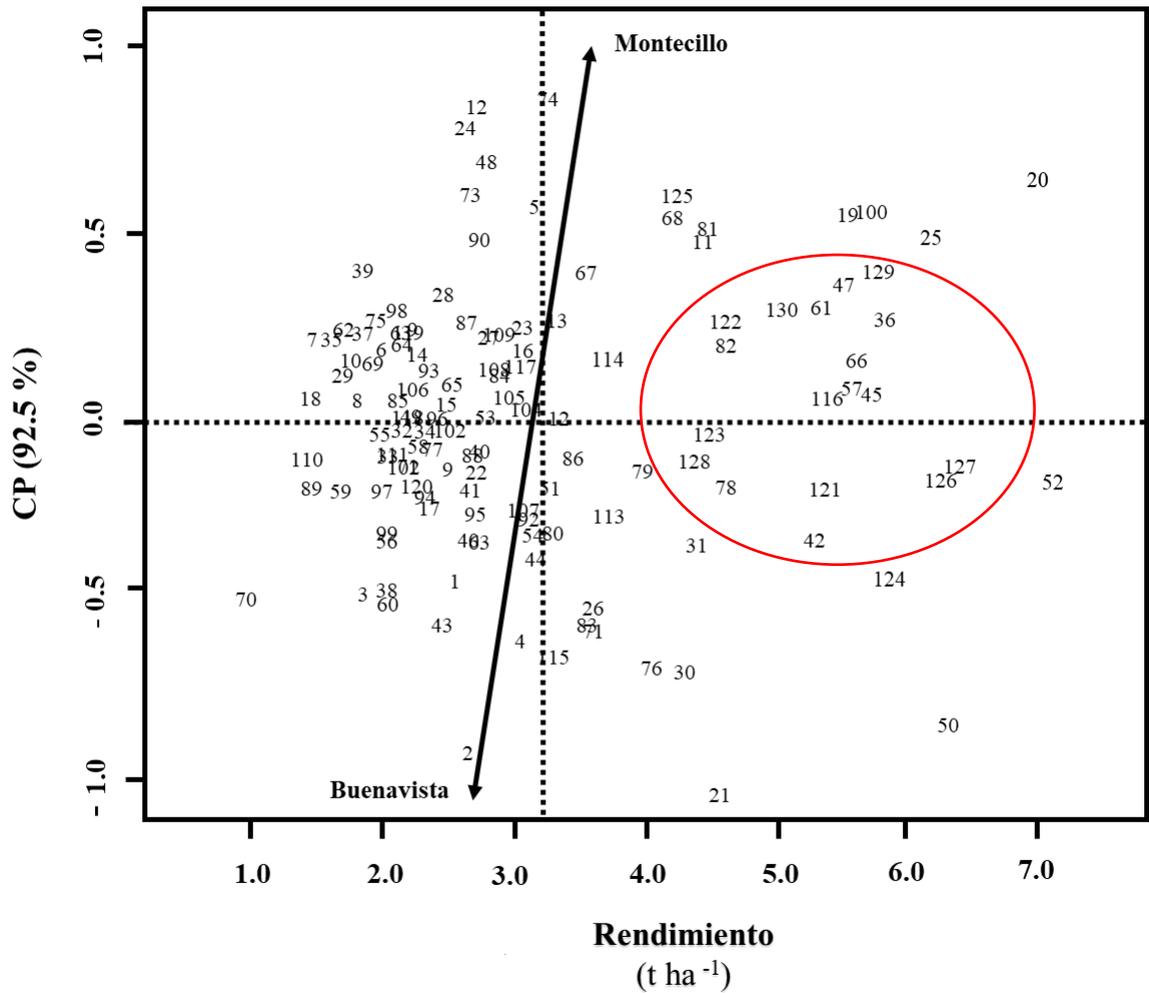


Figura 1. Rendimiento de grano e interacción genotipo por ambiente (CP1) de líneas endogámicas evaluadas en condiciones ambientales contrastantes. Buenavista, Saltillo, Coahuila y Montecillo, Texcoco, edo. de México. Ciclo P.V. 2020.

En la Figura 1 se muestra la expresión del rendimiento de grano de las líneas estudiadas y el efecto de interacción genotipo por ambiente. Con base en el análisis del biplot, se observó que el genotipo 52 fue superior en cuanto a rendimiento ($> 7.0 \text{ t ha}^{-1}$) y estabilidad a través de las localidades; en seguida los genotipos 126 y 127 mostraron tener estabilidad y rendimiento deseable ($> 6.0 \text{ t ha}^{-1}$). Los genotipos 66, 57, 45, 116 y 121, se identificaron como un grupo de líneas estables, pero con rendimiento menor a 6 t ha^{-1} . Un grupo de líneas mostraron rendimiento mayor de 5 t ha^{-1} , con una estabilidad intermedia (129, 47, 61, 130, 36 y 42). Según Morales *et al.* (2017), en su

estudio de interacción genotipo-ambiente, estabilidad del rendimiento y calidad de grano en maíz Tuxpeño, encontraron que sus genotipos con baja IGA mantuvieron su comportamiento, con un rendimiento promedio de 1.6 y 2.2 t ha¹, respectivamente, mientras que el genotipo con alta IGA a través de localidades que presentó el rendimiento más alto, con 3.5 t ha¹ (siendo similar al rendimiento medio nacional reportado por SIAP en 2015).

En este sentido, Barrales *et al.* (1984) afirman que el rendimiento está asociado no sólo con la cantidad, sino también con la distribución de agua durante el periodo de floración femenina, etapa muy sensible al déficit de humedad, ya que al estar húmedo y expuesto el jilote es más probable que el polen se quede ahí, aumentando así el rendimiento.

V. CONCLUSIONES

La interacción genotipo por ambiente, para genotipos de base genética estrecha, en condiciones ambientales contrastantes mostró significancia; no obstante, la variación asociada a las bases genéticas a partir de las cuales se desarrollaron las líneas, permitió comportamientos agronómicos deseables a través de las localidades.

A través del modelo AMMI se identificaron 14 líneas (52, 126, 127, 121, 45, 57, 116, 66, 36, 130, 61, 47, 129 y 42) con comportamiento agronómico deseable y con capacidad de adaptación a través de las localidades; estos genotipos fueron aquellos que se consideraron estables y deseables para continuar en el programa mejoramiento genético.

En la evaluación de las líneas bajo condiciones ambientales contrastantes, se observó que las características mayormente modificadas por el factor ambiental, debido a la desadaptación, fueron los días a floración masculina, la asincronía floral y la altura de la planta, y aunque no se incluyeron los datos, también la pudrición de la mazorca.

VI. LITERATURA CITADA

- Allard R. W. and P. E. Hansche (1964) Some parameters of population variability and their implications in plant breeding. *Advances in Agronomy* 16:281-325. [http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60027-9](http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60027-9).
- Arellano V. J. L., J. Virgen V., M. A. Ávila P. (2010) H-66 híbrido de maíz para los Valles Altos de los Estados de México y Tlaxcala. *Rev. Mex. Cien. Agríc.* 1:257-262.
- Arellano V. J. L., J. Virgen V., I. Rojas M., M. A. Ávila P. (2011) H-70: Híbrido de maíz de alto rendimiento para temporal y riego del Altiplano Central de México. *Rev. Mex. Cien. Agríc.* 2:619-626.
- Arellano V. J. L., I. Rojas M., y G. F. Gutiérrez H. (2014) Variedades de maíz azul Chalqueño seleccionadas por múltiples caracteres y estabilidad del rendimiento. *Rev. Mex. Ciencias Agríc.* 5: 1469-1480.
- Balzarini M., C. Bruno y A. Arroyo (2005) Análisis de Ensayos Agrícolas Multiambientales. Ejemplos con Info-Gen. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Córdoba Argentina 141 p.
- Barrales D. S., A. Muñoz O. y D. Sotres R. (1984). Relaciones termopluviométricas en familias de maíz bajo condiciones de temporal. *Agrociencia.* 58:127-139.
- Barreto H. J., G. O. Edmeades, S. C. Chapman, J. Crossa (1997) The alpha lattice design in plant breeding and agronomy: Generation and analysis. *In: Proc. Symposium on Developing Drought- and Low N-Tolerant Maize.* G O Edmeades, M Bánziger, H R Mickelson, C B Peña-Valdivia (eds). El Batán, México, March 25- 29, 1996. CIMMYT. México, D. F. pp: 544-551.

- Becker H. C. (1981) Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica* 30:835-840.
- Betrán F. J., J. M. Ribaut, D. Beck and D. González de León (2003) Genetic diversity, specific combining ability and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments. *Crop Science* 43:797-806.
- Castañón N. G., R. Zetina, R. Arano, y B. Raygoza, B. (2000) El AMMI y el cluster en la selección de los mejores híbridos experimentales de maíz. *Agronomía Mesoamericana* 11(1):71–76.
- Castañón-Nájera G., L. Latournerie-Moreno y M. Mendoza-Elos (2005) Macro de SAS-IML para analizar los diseños II y IV de Griffing. *Universidad y Ciencia* 21: 27-35.
- CEDRSSA. (2019) Centro de Estudios para el Desarrollo Rural Sustentable y la Soberanía Alimentaria (CEDRSSA). Producción de grano básicos y suficiencia alimentaria (2019-2024). 1-11.
[39ProduccionGranosBásicos.pdf \(cedrssa.gob.mx\)](#)
- Copeland L. O. and M. B. McDonald (2001) *Principles of Seed Science and Technology*. 4th ed. Kluwer Academic Publishers. Massachusetts, USA. 467 p.
- Crossa J., H. G. Gauch J. and R. W. Zobel (1990) Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science* 30(3):493-500.
- De León C. H., F. Rincón S., M. H. Reyes V., D. Sámano G., G. Martínez Z., R: Cavazos C., J. D. Figueroa C.(2005) Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 28(2):135–143.

- Espinosa A. M. Sierra M., N. Gómez M. (2003) Producción y tecnología de semillas mejoradas de maíz por el INIFAP en el escenario sin la PRONASE. *Agron. Mesoam.* 14:117–121.
- Fan X. M., J. Tan, M. Chen, J. Yang, Y. Yang H. (2003) Heterotic grouping for tropical and temperate maize inbreds by analyzing combining ability and SSR markers. *Maydica* 48: 251-257.
- Gabriel K. R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58:453-467.
- Gauch H. G. and R. W. Zobel (1996). AMMI analysis of yield trials In: Genotype by Environment Interaction. M.S. Kang and H. G. Gauch Jr. (eds.). CRC Press. Boca Raton Florida. pp 85-122.
- Gauch H. G. (2006). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488-1500.
- Gollob H. F. (1968). A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika* 33:73-115.
- González H. A., L. M. Vázquez G., J. Sahagún C., J. E. Rodríguez, P. y D. J. Pérez L. (2007) Rendimiento del maíz de temporal y su relación con la pudrición de mazorca. *Agric. Téc. Méx.* 33(1):33–42.
- Gordón-Mendoza R., I. Camargo-Buitrago, J. Franco-Barrera y A. González-Saavedra (2006). Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panamá. *Agronomía Mesoamericana* 17:189-199.
- Gutiérrez R. E., A. Espinoza B., A. Palomo G., J. Lozano G. y O. Antuna G. (2004). Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la comarca Lagunera. *Revista Fitotecnia Mexicana* 27 (Núm. Especial 1): 7-11.
- IRRI (2007). CropStat for Windows 7.2.2007.3 1998–2007. International Rice Research Institute. Metro Manila, Philippines.

- Kandus M., D. Almorza, R. Boggio R. and J. C. Salerno (2010). Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). *PHYTON. International Journal of Experimental Botany* 79:39-46.
- Kato Y. T. A., C. Mapes S., L., M. Mera O., J. A. Serratos H., y R. A. Bye B. (2009) Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica. Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional para el Uso y Conocimiento de la Biodiversidad. Editorial Impresora Apolo, S.A. de C.V. D.F., México. 116 p.
- López-Morales F., M. G. Vázquez-Carrillo, J. D. Molina-Galán, J. J. García Zavala, T. Corona-Torres, S. Cruz-Izquierdo, G. López-Romero, D. Reyes-López y G. Esquivel-Esquivel (2017). Interacción genotipo ambiente, estabilidad del rendimiento y calidad de grano en maíz Tuxpeño. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 8:1035- 1050.
- Márquez S. F. (1988). Genotecnia vegetal. Tomo II. Métodos, teoría, resultados. AGT Editor. México, D.F. 663 p.
- McDermott B. and R. Coe (2012). An Easy Introduction to Biplots for Multienvironment Trials. Statistical Services Center, University of Reading, UK and World Agroforestry Centre, Kenya. 62 p.
- Miranda G., L. Souza, L. Moreira, H. Namorato, L. Rodríguez y M. Oliveira. (2009) Multivariate analyses of genotype x environment interaction of popcorn. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44:45-50.
- Montes-Hernández L. A., J. A. Hernández-Guzmán, H. López-Sánchez, A. Santacruz-Varela, H. Vaquera-Huerta, y R. Valdivia-Bernal (2014) Expresión fenotípica in situ de características agronómicas y morfológicas en poblaciones de maíz raza Jala. *Rev. Fitotec. Mex.* 37: 363-372.
- Pinto R. de M.C., C.L. de Souza J., L. A. Carlini-García, A. A. F. García and A. Pereira de Souza (2003). Comparison between molecular markers

and diallel crosses in the assignment of maize lines to heterotic groups. *Maydica* 48:63-73.

Rincón T. J. A., S. Castro N.J. A. López S., J. Huerta A., C. Trejo L. y F. Briones E. (2006) Temperatura alta y estrés hídrico durante la floración en poblaciones de maíz tropical. *Bot. Exp.* 75:31-40.

Sánchez R. F. J. (2016) Caracterización genética y aprovechamiento de líneas endogámicas para la producción de maíz en los valles altos del centro de México (TESIS DOCTORAL), Colegio de Postgraduados, Montecillo, Texcoco, Edo. México. 1-152 p.

SIAP (2015) Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera de la Secretaría de Agricultura Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. México. Cierre de la producción agrícola por cultivo (1980-2020) <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>.

SIAP (2019) Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera Anuario estadístico de la producción agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural. Ciudad de México. https://nube.siap.gob.mx/avance_agricola/ (febrero 2020).

SIAP (2021) Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), Avances de siembras y Cosechas. https://nube.siap.gob.mx/avance_agricola/ (abril 2021).

Turrent-Fernández A. (2009) El potencial productivo de maíz. *Ciencias* 92–93:126–129.

Zobel R., M. Wright and H. Gauch. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80:388-393

