



Universidad Autónoma Agraria  
Antonio Narro



## Interacción Genotipo-Ambiente de Cruzas Simples entre Dos Grupos Germoplásmicos de Maíz Contrastantes

### Genotype x Environment Interaction of Maize Single Cross Hybrid between Two Contrasting Groups of Maize Germplasm

Daniel **Sámamo-Garduño**<sup>a\*</sup>, Humberto **De León-Castillo**<sup>a</sup>, Gustavo Adolfo **Burciaga-Vera**<sup>a</sup>,  
Maria Elena **González Guajardo**<sup>a</sup> y Alfredo **De la Rosa-Loera**<sup>a</sup>

<sup>a</sup> *Dpto. de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, Colonia Buenavista, C. P. 25315, Saltillo, Coahuila, México*

#### Abstract

The objective of this work was to quantify the magnitude of the genotype x environment interaction and its effect on the behavior of 90 single crosses formed by the mating of 10 dwarf lines with nine normal precocious lines (testers) of the Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) evaluated in Juventino Rosas, Gto., Tlahuelilpan, Hgo. and El Prado, Galeana, N.L. during the spring of 2006. A design of complete blocks was used at random with two repetitions per site and a furrow's experimental plot of land. The combinatorial aptitude of lines, testers and crosses per site were estimated for the variable performance of corn ear ( $t\ ha^{-1}$ ) to be analyzed in a combined form by the AMMI model to appreciate the genotype x environment interaction through bi-plot graphs. The selection of the genetic material was based on genetic potential and stability through bi-plot graphs. The results suggested significant differences in crosses, due to the ample genetic dwarf and precocious variability of the groups. The genotype x environment interaction presented significant differences when considering performance, general combinatorial and specific aptitude of the lines of both groups. Bi-plot graphs of the AMMI model showed a crossed interaction among the three evaluated sites, although they had the same discriminatory power. Crossbreeds 31, 26, 59, 5, 49, 86, 37, 25, 68 and 17; lines 9, 4, 7 and 8 and testers 15 and 11 were the ones with better genetic expression and stability for performance.

**Keywords:** AMMI analysis, Genetic action, Germplasm groups, Genetic variability

\* Autor para correspondencia. Tel. (844) 411-0352,  
Correo electrónico: [dasaga76@yahoo.com.mx](mailto:dasaga76@yahoo.com.mx).  
(D. Sámamo Garduño)

## Resumen

El objetivo de este trabajo fue cuantificar la magnitud de la interacción genotipo-ambiente y su efecto sobre el comportamiento de 90 cruza simples formadas por el apareamiento de 10 líneas enanas con nueve líneas del grupo normal precoz (probadores) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) evaluadas en Juventino Rosas, Guanajuato, Tlahuelilpan, Hidalgo y El Prado, Galeana, Nuevo León, durante la primavera del 2006. Se utilizó un diseño de bloques completos al azar con dos repeticiones por localidad y la parcela experimental de un surco. Se estimó la aptitud combinatoria de líneas, probadores y cruza por localidad para la variable rendimiento de mazorca ( $t\ ha^{-1}$ ) para ser analizados en forma combinada por el modelo AMMI para valorar la interacción genotipo-ambiente a través de graficas birlo. La selección del material genético se basó en el potencial genético y la estabilidad, a través de graficas biplot. Los resultados indicaron diferencias significativas en las cruza, debido a la amplia variabilidad genética de los grupos enano y precoz. La interacción genotipo-ambiente presentó diferencias significativas al considerar el rendimiento y la aptitud combinatoria general y específica de las líneas de ambos grupos. Las graficas biplot del modelo AMMI, mostraron una interacción cruzada entre las tres localidades de evaluación, aunque tuvieron el mismo poder de discriminación. Los híbridos 31, 26, 59, 5, 49, 86, 37, 25, 68 y 17; las líneas 9, 4, 7 y 8 y los probadores 15 y 11 fueron los de mejor expresión genética y estabilidad para rendimiento.

**Palabras clave:** Análisis AMMI, Acción Génica, Grupos Germoplásmicos, Variabilidad Genética

## Introducción

Los programas de mejoramiento genético del maíz que tienen como objetivo principal la formación de híbridos y materiales sintéticos con potencial de rendimiento y con un buen comportamiento agronómico, tienen la necesidad de desarrollar nuevas y mejores líneas en forma *per se*, que combinen bien con otras líneas (Trifunovic *et al.*, 2003). Además, aprovechando la gran diversidad genética que presenta este cereal, se pueden utilizar en los programas, líneas de diferente origen para incrementar la respuesta heterótica entre ellas (Bernardo, 2001). Pero es necesario conocer a que grupo heterótico pertenece cada línea para determinar la relación que existe entre ellas y así poder explotar el fenómeno de la heterosis (Mickelson *et al.*, 2001). La evaluación de líneas e híbridos, debe incluir experimentos de evaluación en diferentes localidades, para lograr un mayor muestreo del comportamiento del material genético. Sin embargo, cuando la interacción genotipo-ambiente es de gran dimensión, la selección se vuelve difícil, ya que el rendimiento relativo de los genotipos difiere de un ambiente a otro (Coutiño y Vidal, 2003) generando la posibilidad de realizar estudios adicionales con el propósito de atenuar sus efectos.

La interacción genotipo-ambiente puede ser explicada a través de diferentes modelos multiplicativos (Moreno *et al.*, 2003) aunque el modelo de interacción multiplicativa y efectos principales aditivos (AMMI) presenta cierto grado de simplicidad para ser utilizado por los mejoradores que no están muy involucrados con estos términos. El modelo AMMI integra el análisis de regresión, para estimar los efectos aditivos principales (rendimientos promedios de cultivares), con el análisis de componentes principales de la varianza total, que estima las interacciones multiplicativas (interacción genotipo-ambiente). Los rendimientos promedios de cultivares y ambientes ordenados en forma ascendente y los componentes principales generados por el modelo AMMI son utilizados para generar un gráfico de doble entrada que explica los patrones de respuesta de los cultivares en los ambientes estudiados. (Cornelius, 1993).

El presente proyecto de investigación tuvo como objetivos cuantificar la magnitud de la interacción genotipo-ambiente y su efecto sobre el comportamiento de 90 cruza simples formadas por el cruzamiento de 10 líneas enanas y nueve líneas precoces, a través del análisis

AMMI descrito por Vargas y Crossa (2000); la identificación de híbridos simples sobresalientes y estables y; discriminación de las líneas en base a su aptitud combinatoria general y estabilidad.

## Materiales y Métodos

El trabajo de investigación involucró 10 líneas endogámicas derivadas del grupo de maíz enano y nueve líneas endogámicas del grupo normal precoz del Programa Bajío del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” (IMM) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN). Las líneas de ambos grupos fueron cruzadas siguiendo la estrategia línea x probador (Singh y Chaudhary, 1977) obteniendo cruza directas y recíprocas, cuyos valores fueron promediados para obtener un solo tipo de datos, considerando la ausencia de efectos recíprocos.

La evaluación de las 90 cruza simples además de seis testigos, cuatro del IMM y dos híbridos comerciales de una compañía privada, se realizó durante la primavera del 2006 en las localidades de Juventino Rosas, Guanajuato, Tlahuelilpan, Hidalgo y El Prado, Galeana, Nuevo León. La parcela experimental consistió en un surco de 3.99 m de largo por 0.75 m de ancho (0.92 m en El Prado) con 21 plantas por surco y dos repeticiones por unidad experimental. El diseño de siembra utilizado fue un diseño de bloques completos al azar. La variable evaluada fue rendimiento de mazorca ( $t\ ha^{-1}$ ) al 15.5% de humedad.

Los datos de los 96 genotipos evaluados fueron analizados bajo un diseño de bloques al azar con el programa SAS versión 9.1, en forma combinada a través de las tres localidades. Los cruzamientos entre líneas de los dos grupos (grupo enano y precoz) fueron analizados bajo el análisis línea por probador propuesto por Singh y Chaudhary (1977). Considerando al grupo enano como línea y al grupo precoz como probador. El comportamiento promedio de las cruza de prueba, la aptitud combinatoria general y específica (ACG y ACE, respectivamente) de líneas y cruza, a través de los ambientes de prueba, fue analizada bajo el modelo AMMI, utilizando la rutina para SAS propuesto por Vargas y Crossa (2000), con el siguiente modelo estadístico:

## Resultados y Discusión

El análisis de varianza presentado en el Cuadro 1, mostró diferencias significativas ( $P \leq 0.01$ ) para la fuente localidades, lo que indica que los ambientes bajo prueba presentan condiciones ambientales únicas y diferentes a las demás. El bloqueo que se realizó en el experimento resultó ser eficiente, ya que permitió detectar diferencias estadísticas ( $P \leq 0.01$ ) permitiendo quitar este efecto del error experimental para tener una mejor apreciación de las diferencias entre los genotipos. Los genotipos también mostraron diferencias significativas ( $P \leq 0.01$ ) para la variable REND debido a la discrepancia que hay entre el material evaluado, ya que esta fuente está integrada por cruza entre líneas derivadas de dos grupos germoplásmicos diferentes en cuanto a su origen de procedencia, al tipo de manejo y de selección, al tipo de planta y ciclo biológico, al grado de parentesco, entre otros; y por híbridos que a través del tiempo, han demostrado tener un buen potencial de rendimiento.

**Cuadro 1.** Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de ambientes para los genotipos y su descomposición, para la variable rendimiento (REND) evaluada durante el 2006.

Fuentes de variación	g.l.	REND	
Localidades (loc)	2	372.66	**
Bloques/Loc	3	19.02	**
Genotipos (Gen)	95	24.05	**
Cruzas	89	13.54	**
Línea (Lin)	9	6.18	**
Probador (Prob)	8	105.45	**
Lin x Prob	72	4.25	**
Testigos (Tes)	5	37.14	**
Cruzas vs Tes	1	894.12	**
Gen x loc	190	5.90	**
Cruzas x loc	178	4.11	**
Lin x Loc	18	6.64	**
Prob x Loc	16	12.44	**
Lin x Prob x Loc	144	2.87	*
Tes x Loc	10	8.89	
Error	429	3.84	
		C.V.	15.29
		Media general	12.81
		Media cruzas	12.17
		Media testigos	14.74

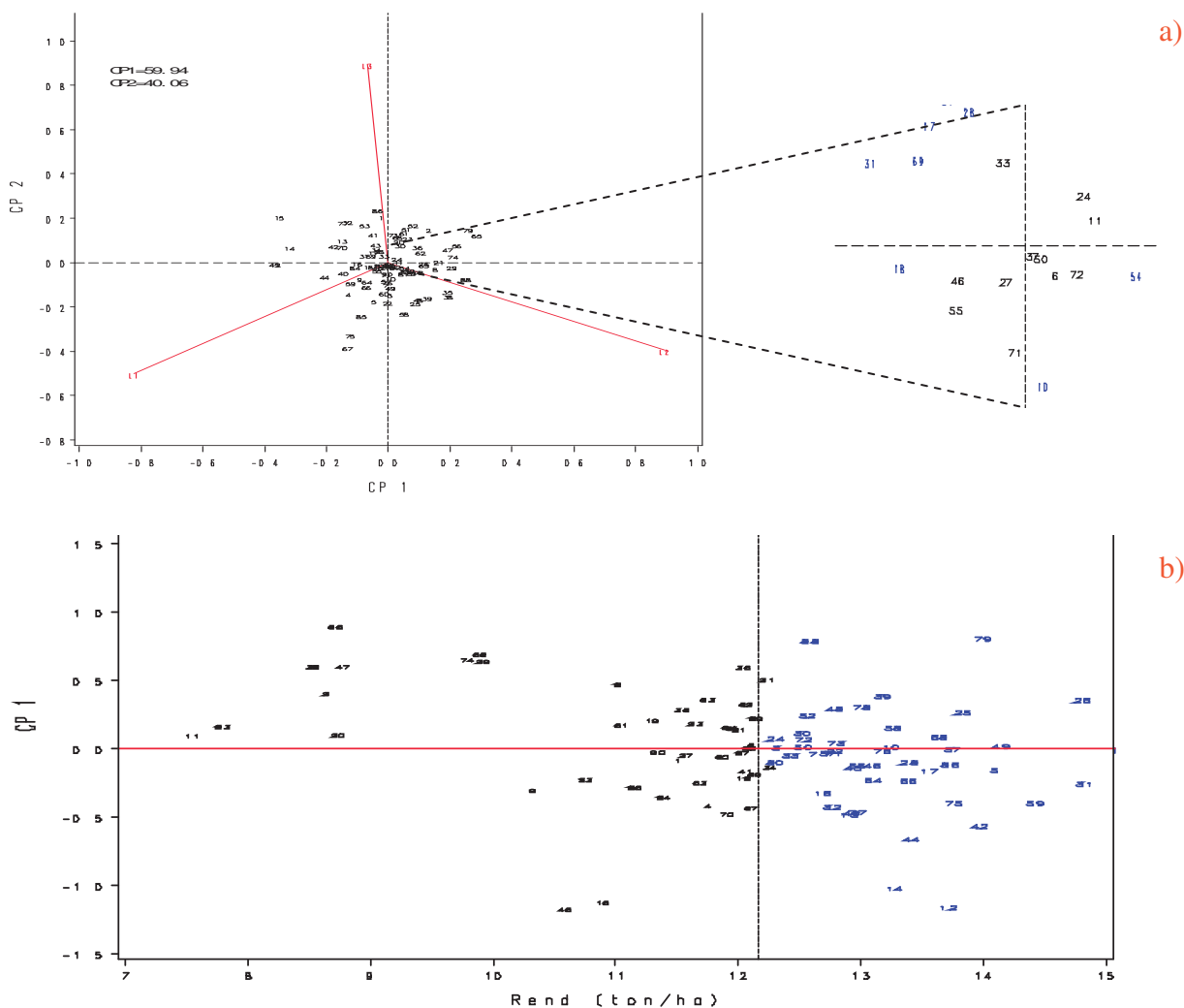
\* y \*\* diferencias significativas a 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; g.l.=grados de libertad; C.V.=coeficiente de variación.

Los dos componentes (cruzas y testigos) presentaron diferencias significativas ( $P \leq 0.01$ ) lo que indica, para el primer componente, que al menos un grupo germoplásmico tiene una amplia variabilidad genética, originando líneas con diferente potencial genético y que en cruzamientos híbridos, presentan diferente grado de combinación con líneas del otro grupo. El contraste ortogonal entre las cruzas de prueba y los testigos presentó diferencias estadísticas ( $P \leq 0.01$ ) y considerando la media de ambos, los testigos presentaron un mejor potencial de rendimiento que las cruzas.

La forma en que se realizaron las cruzas simples permitió particionar la fuente cruzas en línea, probador y línea x probador (Cuadro 1) encontrándose diferencias estadísticamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) en los tres componentes; no obstante, las líneas del grupo precoz contribuyeron mayormente a la variación del rendimiento detectada en las cruzas. Además, la expresión de los híbridos evaluados se debió principalmente a efectos aditivos, ya que el cuadrado medio de líneas y probadores fue mayor en comparación con el que presentó la interacción línea x probador.

La interacción de los genotipo con el ambiente presentó diferencias significativas ( $P \leq 0.01$ ), de tal manera que también las hubo en cruzas y en los factores de su descomposición (línea, probador y línea x probador) lo cual indica que el ambiente influyó fuertemente en la expresión de los genotipos, cambiando el orden relativo que estos presentaron en cada localidad. Por tal motivo es necesario realizar un estudio más detallado donde se tome en consideración el efecto de la interacción en el proceso de selección (Yan *et al.*, 2000). El uso del modelo lineal-

bilineal como el AMMI permitió dividir los grados de libertad de la interacción en varios componentes, representados en una gráfica biplot.



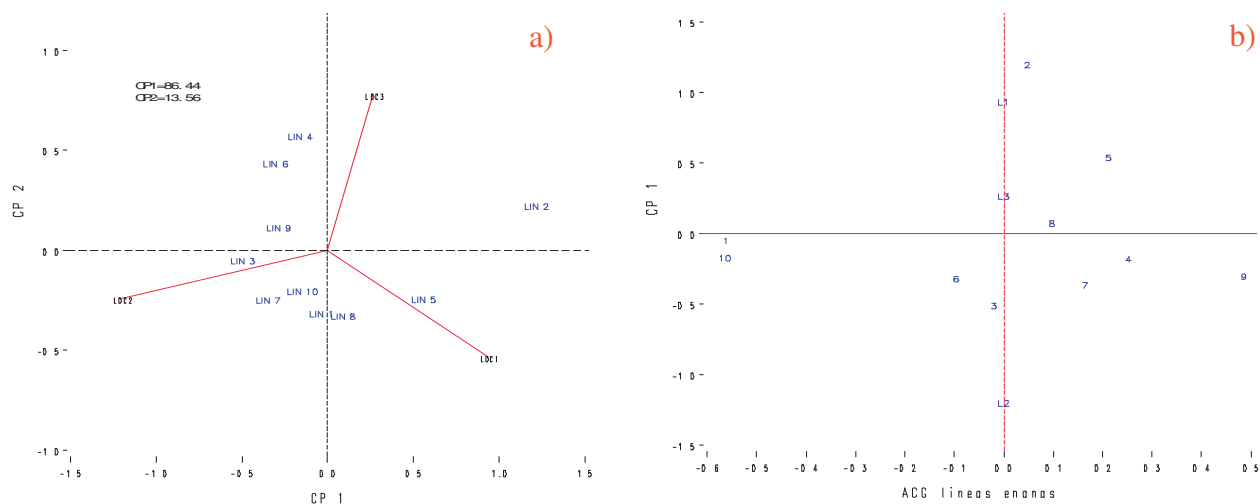
**Figura 1.** Biplot AMMI (a) y alternativa (b) para la exploración de la interacción genotipo-ambiente para la variable rendimiento de mazorca de 90 cruces simples de maíz evaluadas en tres localidades.

En la Figura 1a, se concentró el patrón de respuesta de las cruces simples evaluadas, las tres localidades de evaluación y la interacción entre ambas fuentes, obtenidos del AMMI y representados en una gráfica biplot. Las localidades presentaron el mismo poder discriminatorio de los tratamientos en base a su rendimiento de mazorca, por presentar vectores con la misma longitud; sin embargo, los tres ambientes presentan una interacción cruzada al existir un ángulo mayor de 90° entre los vectores, lo que indica que éstas localidades agrupan de manera diferente a los genotipos, por lo que no es recomendable utilizar el promedio de los ambientes para seleccionar los genotipos. La cercanía que presentan los genotipos con algún vector de las localidades, es explicada como el híbrido de mejor comportamiento para esa localidad; por lo tanto, los híbridos 59, 9, 44, 40, 84, 55 y 12 se desarrollan mejor en la localidad de Juventino

Rosas, Guanajuato (Loc 1); mientras que los híbridos 88, 35, 78 y 8 lo son para Tlahuelilpan, Hidalgo (Loc 2) y; las cruzas 85, 1, 53, 41 y 73 tuvieron mayor respuesta en El Prado, Nuevo León (Loc 3). Pero lo más importante es que las cruzas 37, 50, 27, 6 y 71 fueron estables.

En la Figura 2b, se representa en forma grafica el potencial de rendimiento que presentaron las cruza simples; se observó que las cruza 31, 26, 59, 5, 49, 86, 37, 25, 68 y 17 presentaron un buen potencial de rendimiento, mayor a la media general. No obstante, no todas ellas presentaron buena estabilidad, tal es el caso de las cruza 26 y 31, que se encuentran separadas de la línea del CP1 que representa la interacción.

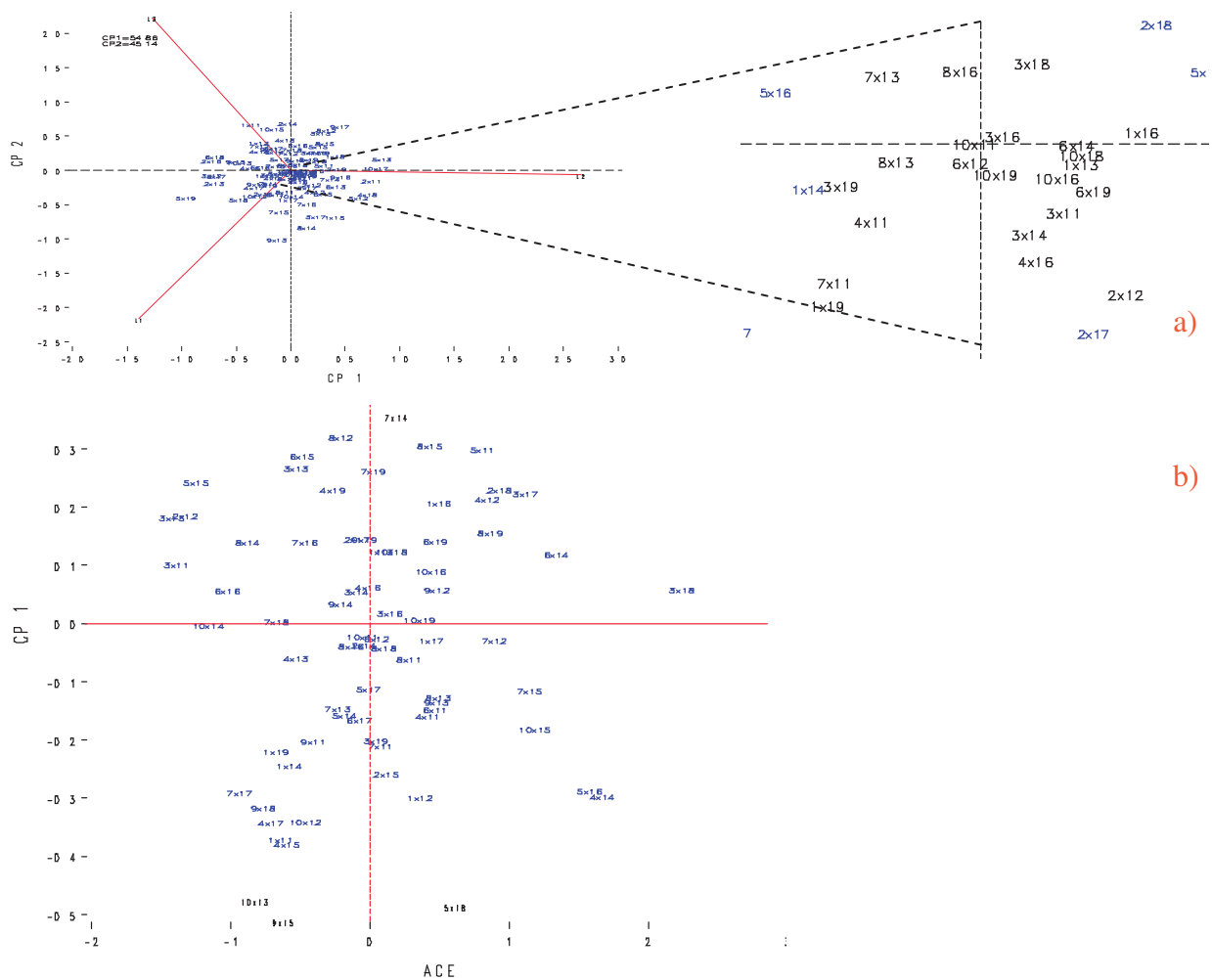
El comportamiento de las líneas fue medido a través de la aptitud combinatoria general (ACG), pero al detectarse interacción significativa en la interacción de líneas x localidad (líneas del grupo enano) se utilizó el modelo AMMI para los estimados de ACG, cuyos resultados fueron concentrados en la grafica biplot de la Figura 2a. La localidad que tuvo mayor poder discriminatorio para los estimados de ACG de las líneas fue Tlahuelilpan, Hidalgo (Loc 2) por presentar el vector de mayor longitud; y la de menor poder de discriminación fue El Prado, Nuevo León (Loc 3). En este caso, de nueva cuenta las localidades presentaron interacción cruzada, originando cada una de ellas una clasificación diferente de las líneas. Para la localidad 1, solamente la línea 5 tuvo un buen comportamiento; las líneas 4 y 6 se adaptaron mejor a las condiciones de la localidad 3 y; para la localidad 2, las líneas de mayor adaptación fueron la 3, 9 y 7. Solamente las líneas 18 y 10 fueron las que estuvieron más cerca de la línea del CP1; por lo tanto, tuvieron un comportamiento similar en las tres localidades, es decir, fueron estables. Las líneas con mayor valor genético (ACG) fueron la 9, seguida de las líneas 4, 5, 7 y 8, aunque la 5 fue más inestable. Mientras que las líneas 1 y 10 fueron las que presentaron un estimado de ACG más bajo (Figura 2b)



**Figura 2.** Biplot del modelo AMMI (a) y alternativa (b) del comportamiento de la aptitud combinatoria general de 10 líneas del grupo enano estimados a través de tres localidades.

De igual manera se modeló la interacción de las líneas del grupo precoz consideradas como probadores por localidades, a través de su ACG (Figura 3a). Encontrando que para este grupo, las localidades bajo observación presentaron un ordenamiento diferente del potencial





**Figura 4.** Grafica biplot del modelo AMMI (a) y alternativa (b) para la aptitud combinatoria específica (ACE) del cruzamiento de 10 líneas del grupo enano con 9 líneas del grupo precoz (probador) y tres localidades para la variable rendimiento.

## Conclusiones

Los grupos enano y precoz normal presentaron una amplia variabilidad genética, siendo mayor en el segundo grupo, reflejada en las diferencias que presentaron las líneas en cuanto a su potencial genético, originando híbridos con comportamiento diferente. Sin embargo, la interacción genotipo-ambiente jugó un papel importante en la expresión fenotípica de los híbridos. Descomponiendo esta interacción a través de modelos lineales-bilineales como el AMMI, se genera información más confiable, por lo que se mejora el proceso de selección. Los híbridos de mejor desempeño en base al rendimiento de mazorca fueron el 31, 26, 5, 49, 86, 37, 25, 68 y 17. Las líneas sobresalientes en su potencial genético fueron la 9 y la 4 para el grupo enano y; la 15 y 11 para el grupo precoz. Las cruzas que mejor expresaron los efectos de dominancia (ACE) fueron: 3x18 y 7x12.



## Literatura Citada

- Bernardo, R. 2001. Breeding potential of intra- and interheterotic group crosses in maize. *Crop Sci.* 41:68-71.
- Cornelius, P. L. 1993. Statistical test and retention of term in additive main effects and multiplicative interactions model. *Crop Sci.* 33:1186-1193.
- Coutiño, E., B., and V. A. Vidal M. 2003. Grain yield stability of corn hybrids using best linear unbiased predictors. *Agrociencia* 37:605-616.
- Mickelson, R. H., H. Córdova, K. Pixley and M. Bjarnason. 2001. Heterotic relationships among nine temperature and subtropical maize populations. *Crop Sci.* 41:1012-1020.
- Moreno, G. J., J. Crossa, and P. L. Cornelius. 2003. Additive main effects and multiplicative interaction model: II. Theory on shrinkage factors for predicting cell means. *Crop Sci.* 43:1976-1982.
- Singh, R. K. and B. D. Chaudhary. 1977. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Kaylani Publishers. New Delhi, Ludhiana. Pp. 205-213.
- Trifunovic, S., H. Córdova, J. Crossa and S. Pandey. 2003. Head-to-head and stability analysis of maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Maydica* 48:263-269.
- Vargas, H. M. and J. Crossa. 2000. The AMMI analysis and the graph of the biplot in SAS. CIMMYT INT. México, D.F. <http://www.cimmyt.org/biometrics> (febrero de 2004).
- Yan, W., L. A. Hunt, Q. Sheng and Z. Szlavnics. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40:597-605.