

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
PROGRAMA DOCENTE DE LA CARRERA DE
INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN



Germinación y desarrollo de plántula de materiales nativos de trigo harinero (*Triticum aestivum* L.) bajo condiciones de estrés por salinidad

Por:

CARLOS ANDRES AGUILAR SANCHEZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila de Zaragoza, México
Abril 2026

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
PROGRAMA DOCENTE DE LA CARRERA DE
INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Germinación y desarrollo de plántula de materiales nativos de trigo harinero
(*Triticum aestivum* L.) bajo condiciones de estrés por salinidad

Por:

CARLOS ANDRES AGUILAR SANCHEZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobada por el Comité Asesor:



DRA. ANA LUISA GOMEZ ESPEJO
Asesor Principal



DR. JOSE LUIS GARCIA PEREZ
Asesor Principal Externo



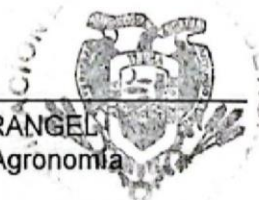
M.C. DANIEL ALDACO GOMEZ
Coasesor



DRA. HERMILA TRINIDAD GARCIA OSUNA
Coasesor



DR ALBERTO SANDOVAL RANGEL
Coordinador de la División de Agronomía



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, graficas, 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, me responsabilizo de las consecuencias de cualquier tipo de plagio en caso de existir y declaro que este trabajo es original.

Pasante



Carlos Andrés Aguilar Sánchez

Agradecimientos

En primer lugar, expreso mi más profundo agradecimiento a mi familia, por su apoyo incondicional a lo largo de toda mi formación profesional. Su acompañamiento, consejos y confianza han sido fundamentales en cada etapa de este proceso y continúan siendo un pilar esencial en mi vida.

Asimismo, agradezco a mi alma mater, por brindarme el espacio, la formación y las oportunidades que contribuyeron a mi desarrollo académico y profesional, permitiéndome consolidarme como profesionista.

De manera especial, extiendo mi reconocimiento a mi tutora, la Dra. Ana Luisa Gómez Espejo, por su guía, acompañamiento y apoyo constante durante la elaboración de esta tesis, así como por sus valiosas orientaciones en la toma de decisiones tanto académicas como personales.

Finalmente, agradezco al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) por su colaboración en el desarrollo de este trabajo.

Dedicatorias

Dedico la presente tesis, en primer lugar, a mi familia, por su apoyo incondicional, sus consejos y su constante acompañamiento a lo largo de mi formación profesional, siendo un pilar fundamental en cada etapa de este camino.

A los amigos y colegas que formaron parte de mi trayectoria durante la carrera, quienes, con su apoyo y compañía, estuvieron presentes en los momentos más desafiantes de mi estancia en la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Su influencia, en distintas formas, contribuyó significativamente a este logro.

A los profesores que, con su enseñanza y compromiso, me brindaron las herramientas y conocimientos que hoy me permiten desempeñarme en esta noble profesión, a la cual aspiro dedicar mi vida.

Finalmente, al pueblo mexicano, con la esperanza de que el conocimiento generado en este trabajo trascienda su propósito académico y pueda ser aprovechado en beneficio del bien común, contribuyendo de manera positiva más allá de constituir únicamente un requisito de titulación.

ÍNDICE

RESUMEN.....	1
1.- INTRODUCCIÓN.....	3
1.1.- Justificación.....	6
1.2.- Objetivos.....	8
1.2.1.- Objetivo general.....	8
1.2.2.- Objetivos específicos.....	8
1.3.- Hipótesis.....	8
2.- REVISIÓN DE LITERATURA.....	9
2.1.- Origen, domesticación y relevancia histórica del trigo.....	9
2.2.- Biología del trigo.....	10
2.3.- Ciclo fenológico del trigo.....	11
2.4.- Bases fisiológicas de la adaptación al estrés abiótico.....	13
2.5.- Importancia de la caracterización genética en trigo.....	14
2.6.- Estrés por salinidad en trigo.....	16
2.7.- Arquitectura radicular.....	16
2.9.- Germinación del trigo bajo estrés salino.....	18
2.10.- Genes implicados en la germinación del trigo bajo estrés salino.....	19
2.10.1.- Genes transportadores de sodio y potasio.....	19
2.10.2.- Genes relacionados con proteínas LEA y deshidrinas.....	20
2.10.3.- Genes antioxidantes.....	20
2.10.4.- Genes reguladores y factores de transcripción.....	21
2.10.4.- Otros genes asociados a la tolerancia al estrés salino.....	21
2.11.- Importancia del fenotipado temprano en programas de mejoramiento....	22
3.- MATERIALES Y MÉTODOS.....	23
3.1 Material vegetal.....	23
3.2 Tratamientos.....	24
3.3 Germinación.....	24
3.4 Desarrollo de plántula.....	25
3.5 Análisis estadístico.....	26
4.- RESULTADOS.....	29
4.1.- Efecto de los genotipos en la germinación.....	30

4.2.- Reducción de la germinación debido a la condición salina.....	32
4.3.- Producción de biomasa.....	34
4.4.- Contrastes de las variables de biomasa.....	37
4.5.- Morfología radical.....	39
4.6.- Contrastes de las variables de morfología de raíz.....	41
5.- DISCUSIÓN.....	44
6.- CONCLUSIONES.....	47
7. LITERATURA CITADA.....	48

ÍNDICE CUADROS Y FIGURAS

Cuadro 1. Datos de pasaporte de los materiales evaluados.....	23
Cuadro 2. Análisis de la deviance del modelo binomial en la germinación.....	29
Cuadro 3. Efecto promedio de la condición salina sobre la germinación.	30
Figura 1 Promedio de germinación de materiales nativos	31
Figura 2 Contrastes de la germinación entre la condición salina (T1) y la germinación intrínseca (T0) para cada material de trigo, estimados mediante un GLMM con distribución binomial.	33
Cuadro 4. Análisis de devianza de biomasa aérea, radical y total mediante modelo lineal mixto con distribución normal.	34
Figura 3. Interacción entre material y tratamiento.	36
Figura 4. Contrastes de la biomasa seca aérea	38
Cuadro 5. Análisis de devianza de variables de clasificación de morfología radical mediante modelo lineal mixto con distribución normal.....	39
Figura 5. Interacción entre material y tratamiento	41
Figura 6. Contrastes de a) TRL y b) RV entre la condición salina (T1) y el control (T0) para cada material de trigo.	42

RESUMEN

La presente investigación evaluó la respuesta de materiales nativos de trigo harinero a condiciones de salinidad en etapas tempranas de desarrollo, con el objetivo de identificar genotipos con potencial tolerancia a este estrés salino. Se utilizaron nueve materiales provenientes del banco de germoplasma del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), originarios de ambientes secos y templados, junto con una variedad comercial mexicana como referencia. Los materiales fueron sometidos a dos condiciones: un tratamiento control y un tratamiento salino con NaCl a 125 mM, bajo un diseño completamente al azar.

Se analizaron variables de germinación y desarrollo morfológico de plántula, incluyendo biomasa y características del sistema radical, este último evaluado mediante análisis digital de imágenes. Los resultados mostraron que la salinidad redujo significativamente la germinación en todos los materiales, aunque con variaciones entre genotipos. Algunos materiales destacaron por mantener mayor estabilidad en la germinación, mientras que otros evidenciaron mayor susceptibilidad.

En etapas posteriores, las diferencias entre materiales fueron más marcadas. Los genotipos de origen templado presentaron mejor desempeño bajo condiciones salinas, reflejado en mayor biomasa y desarrollo radical, lo que sugiere mecanismos de tolerancia asociados a ajuste osmótico y plasticidad fisiológica. En contraste, los materiales de ambientes secos mostraron mayor vigor en condiciones sin estrés, pero menor tolerancia a la salinidad. La variedad comercial no superó a los materiales nativos, lo que resalta la importancia del germoplasma local como fuente de variabilidad genética.

En conjunto, el estudio demuestra que la tolerancia a la salinidad es un carácter complejo que depende de la etapa de desarrollo y del origen ambiental de los genotipos. Se identificaron materiales promisorios que pueden ser utilizados en programas de mejoramiento genético orientados a ambientes salinos, contribuyendo al desarrollo de cultivos más resilientes frente a condiciones adversas.

Palabras clave: Trigo harinero, adaptación, diversidad, salinidad.

1.- INTRODUCCIÓN

El trigo harinero (*Triticum aestivum* L.) aporta cerca del 20% de las calorías consumidas a nivel global, lo que lo convierte en un cultivo estratégico para la seguridad alimentaria (Braun *et al.*, 2020; FAO, 2023). Su éxito como cultivo se debe a su capacidad de adaptación a diversas condiciones agroclimáticas y a la mejora genética que ha permitido incrementar su rendimiento y resistencia a factores ambientales adversos (Reynolds *et al.*, 2021; FAO, 2023).

En términos de producción, el trigo se cultiva en más de 215 millones de hectáreas a nivel mundial, con una producción anual que supera los 780 millones de toneladas en los últimos años. Entre los principales países productores destacan China, India, Rusia, Estados Unidos y Francia, que en conjunto concentran una proporción significativa de la producción global (FAO, 2023). Asimismo, países como Canadá, Australia y Pakistán desempeñan un papel relevante tanto en la producción como en las exportaciones (USDA, 2024; IGC, 2024). En el contexto latinoamericano, Argentina es uno de los principales productores y exportadores del grano (FAO, 2023). Estas cifras reflejan la importancia económica y geopolítica del trigo, no solo como alimento básico, sino también como cultivo estratégico en los mercados internacionales.

La producción mundial de trigo enfrenta crecientes desafíos derivados del cambio climático, entre sus efectos más relevantes se encuentra la salinización de los suelos agrícolas, un proceso complejo resultado de la intensificación de procesos hidrológicos y edáficos asociados al aumento de la temperatura y a la alteración de los patrones de precipitación (Rengasamy, 2010). A nivel global, se estima que más del 20 % de las tierras agrícolas y cerca del 33 % de las áreas bajo riego presentan problemas de salinidad, lo que ocasiona pérdidas significativas en el rendimiento de los cultivos (Shrivastava & Kumar, 2015).

El incremento de la temperatura provoca mayores tasas de evapotranspiración, lo que concentra las sales en la zona radicular cuando el agua se evapora y los solutos permanecen en el suelo, especialmente en regiones áridas

y semiáridas con escaso lavado natural (Shrivastava & Kumar, 2015). Paralelamente, la mayor frecuencia e intensidad de sequías reduce la recarga de acuíferos y aumenta la dependencia del riego, promoviendo la salinización secundaria cuando el agua aplicada contiene sales disueltas y el drenaje es limitado (Qadir *et al.*, 2014).

En zonas costeras, el ascenso del nivel medio del mar, ampliamente documentado por el Panel Intergubernamental sobre Cambio Climático (IPCC, 2021), altera el equilibrio hidráulico entre agua dulce y salada, favoreciendo la intrusión marina en acuíferos utilizados para riego, lo que incrementa la conductividad eléctrica del agua y acelera la acumulación de sodio y cloruros en el perfil edáfico (Werner *et al.*, 2013). Además, la acumulación de sodio intercambiable puede inducir procesos de sodificación que deterioran la estructura del suelo, disminuyen la infiltración y reducen la capacidad de lixiviación, generando un efecto de retroalimentación que agrava la degradación edáfica (Sumner, 1993; Rengasamy, 2002). En conjunto, estos mecanismos posicionan a la salinización como una de las principales amenazas para la sostenibilidad de los sistemas agrícolas bajo riego en el contexto del cambio climático.

Desde el punto de vista fisiológico, la salinidad reduce el potencial hídrico del suelo, dificultando la absorción de agua por las raíces, generando un estrés osmótico inicial. Posteriormente, la acumulación excesiva de sodio (Na⁺) y cloruro (Cl₋) en los tejidos vegetales provoca toxicidad iónica, desequilibrios nutricionales y alteraciones en procesos metabólicos esenciales (Munns & Tester, 2008; Parida & Das, 2005). Estos efectos se manifiestan en una reducción del crecimiento, daño a las membranas celulares, inhibición de la fotosíntesis y un incremento en la producción de especies reactivas de oxígeno, conduciendo a estrés oxidativo y pérdida de viabilidad celular (Argentel *et al.*, 2017).

Las etapas de germinación y establecimiento de la plántula representan fases críticas en el ciclo de vida del trigo y son altamente sensibles al estrés salino y al déficit hídrico (Maas & Hoffman, 1977; Munns & Tester, 2008; Farooq *et al.*, 2009). La germinación depende de la imbibición adecuada de la semilla, proceso que se

ve limitado en condiciones de bajo potencial osmótico (Bradford, 1990; Bewley *et al.*, 2013). Asimismo, la presencia de sales puede interferir con la activación enzimática, la movilización de reservas y la elongación celular, reduciendo el porcentaje y la velocidad de germinación y provocando una emergencia desuniforme (Farooq *et al.*, 2015; Argentel *et al.*, 2016).

El desarrollo temprano de la plántula, particularmente del sistema radicular, desempeña un papel central en la tolerancia inicial al estrés. Un sistema radicular funcional y plástico permite una exploración más eficiente del suelo, facilitando la absorción de agua y nutrientes en ambientes con alta heterogeneidad espacial de sales (Hodge, 2004; Munns & Tester, 2008; Lynch, 2013). Rasgos como la longitud total de raíces, la densidad radicular, el ángulo de crecimiento y el patrón de ramificación se han reconocido como caracteres adaptativos clave bajo condiciones de salinidad y sequía (Maurel & Nacry, 2020; Farooq *et al.*, 2024).

La evaluación de la tolerancia al estrés salino durante las fases tempranas del desarrollo, particularmente en la germinación y el crecimiento inicial de la plántula, ofrece una alternativa metodológica eficiente y científicamente sólida para la discriminación temprana de materiales genéticos contrastantes (Munns & James, 2003; Ashraf & Harris, 2004). Estas etapas son altamente sensibles a la salinidad, ya que el estrés osmótico y la toxicidad iónica afectan la imbibición de la semilla, la activación metabólica, la elongación celular y la formación del sistema radicular (Bewley *et al.*, 2013). Por ello, la caracterización de variables germinativas, como la biomasa temprana y la arquitectura radical, permite obtener indicadores confiables del desempeño fisiológico de los genotipos bajo condiciones de estrés.

En este sentido, los materiales nativos de trigo han adoptado diversos mecanismos de adaptación tanto fisiológicos como moleculares a las diferentes condiciones agroecológicas de sus centros de origen, por lo que pueden proporcionar los recursos genéticos útiles para hacer frente a los desafíos climáticos (Suhailia *et al.*, 2023). A diferencia de las variedades comerciales modernas, estos materiales conservan alelos asociados a mecanismos de tolerancia al estrés abiótico, los cuales pueden ser aprovechados en programas de mejoramiento

genético (Lopes *et al.*, 2015). No obstante, muchos de estos recursos genéticos permanecen subutilizados y escasamente caracterizados, particularmente en lo que respecta a su respuesta al estrés salino en etapas tempranas del desarrollo. La exploración y caracterización de estos materiales como nuevas fuentes de tolerancia a la salinidad representa una alternativa sostenible para el aprovechamiento productivo de las áreas afectadas por la salinidad, a través de la implementación de las variedades de mayor grado de tolerancia.

1.1.- Justificación

En México, la producción de trigo harinero (*Triticum aestivum* L.) está concentrada en unas pocas entidades que concentran la mayor parte del volumen nacional, especialmente bajo sistemas de riego en regiones del noroeste y el Bajío del país (SIAP, 2023). En estas regiones, la disponibilidad de agua y las condiciones edafoclimáticas han permitido rendimientos relativamente altos comparados con otras regiones del mundo. Sin embargo, los efectos del cambio climático como el aumento de temperaturas, la disminución de precipitaciones y la mayor frecuencia de eventos extremos han empezado a presionar la productividad regional (Hernández-Rodríguez *et al.*, 2021).

En 2024, la producción de trigo grano en México fue de aproximadamente 2.6 millones de toneladas, lo que representó una reducción cercana al 24–25 % respecto a ciclos previos (2023–2024), situación asociada principalmente a condiciones de sequía y a la limitada disponibilidad de agua para riego en las principales zonas productoras (SIAP, 2024). De manera paralela, la superficie cosechada también mostró una tendencia a la baja, situándose en alrededor de 468 000 hectáreas, con un rendimiento promedio de cerca de 5.7 t ha⁻¹. Estos valores evidencian la vulnerabilidad de los sistemas de riego frente a la disponibilidad de agua y la gestión de la salinidad del suelo en regiones áridas y semiáridas (Qadir *et al.*, 2014; FAO, 2017). Como consecuencia, México ha incrementado su dependencia de importaciones para cubrir la demanda interna, lo que refuerza la urgencia de implementar estrategias de adaptación la autosuficiencia y resiliencia del sistema productivo.

En este contexto, la salinización de los suelos constituye uno de los principales factores limitantes en las zonas de riego del país, bajo este escenario, la identificación y aprovechamiento de genotipos de trigo con mayor tolerancia al estrés salino representaría una ventaja para incrementar la producción nacional de trigo harinero a pesar de las condiciones edáficas de los suelos agrícolas. Sin embargo, los programas convencionales de mejoramiento genético suelen enfocarse en evaluaciones realizadas en etapas avanzadas del ciclo del cultivo o bajo condiciones de campo, lo que implica mayores costos, tiempos prolongados de selección y una fuerte influencia de la variabilidad ambiental (Munns & James, 2003; Reynolds *et al.*, 2007; Bernardo, 2010). Por ello, la evaluación en etapas tempranas del desarrollo, particularmente durante la germinación y el establecimiento de la plántula, representa una alternativa metodológica eficiente para la discriminación preliminar de materiales contrastantes bajo condiciones controladas de estrés.

Desde el punto de vista científico, este estudio contribuye al entendimiento de los mecanismos fisiológicos y morfológicos asociados a la tolerancia a la salinidad en trigo, mediante un enfoque integral que combina la evaluación de la germinación, el crecimiento inicial de la plántula y la arquitectura del sistema radicular (Munns & James, 2003; Munns & Tester, 2008; Maurel & Nacry, 2020). La incorporación de herramientas de fenotipado temprano, análisis digital de raíces y modelos estadísticos robustos permite generar información cuantitativa precisa y reproducible, fortaleciendo la validez y aplicabilidad de los resultados (Furbank & Tester, 2011; Lobet *et al.*, 2011; Cobb *et al.*, 2013).

Finalmente, la justificación de esta investigación se sustenta en su pertinencia agronómica, científica y social. Los resultados aportarán criterios técnicos para la selección de materiales con mayor tolerancia al estrés salino, con potencial aplicación en programas de mejoramiento genético y en estrategias de manejo en zonas afectadas por salinidad. Asimismo, contribuirán a la valorización y aprovechamiento de los recursos genéticos nativos, promoviendo una agricultura más sostenible, competitiva y adaptada a los desafíos que impone el cambio climático en México.

1.2.- Objetivos

1.2.1.- Objetivo general

Caracterizar la capacidad germinativa y el desarrollo de plántula de materiales nativos de trigo harinero en respuesta al estrés hídrico inducido por un gradiente de salinidad.

1.2.2.- Objetivos específicos

- Caracterizar la germinación de materiales nativos seleccionados por su contenido genético y su respuesta ante estrés salino.
- Evaluar la respuesta en el desarrollo de plántula de los materiales nativos sobre las características morfológicas y arquitectura radical en primeras etapas de desarrollo.
- Seleccionar los materiales nativos con mejor respuesta al estrés salino.

1.3.- Hipótesis

H1: Al menos un material presentará una respuesta diferente ante niveles de salinidad.

H0: Todos los materiales responden de manera similar ante la salinidad.

2.- REVISIÓN DE LITERATURA

2.1.- Origen, domesticación y relevancia histórica del trigo

El trigo (*Triticum aestivum* L.) representa uno de los pilares fundamentales en la historia de la civilización humana, al constituir uno de los primeros cultivos domesticados y utilizados de manera sistemática para la alimentación. Su proceso de domesticación se inició hace más de diez milenios en la región del Creciente Fértil, donde las primeras sociedades agrícolas comenzaron a seleccionar poblaciones silvestres con características favorables, como mayor tamaño de grano, pérdida del mecanismo natural de dispersión y sincronía en la maduración. Este proceso marcó una transición decisiva de sociedades nómadas a sistemas agrícolas

sedentarios, sentando las bases del desarrollo social, económico y tecnológico de la humanidad (Charmet, 2011; Haas *et al.*, 2019).

La evolución del trigo moderno fue el resultado de una serie de eventos complejos de hibridación interespecífica y poliploidización natural que dieron origen al trigo hexaploide actual ($2n = 6x = 42$), con genoma AABBDD. Este genoma integra contribuciones de especies ancestrales como *Triticum urartu* (genoma A), una especie del género *Aegilops* relacionada con el genoma B y *Aegilops tauschii* (genoma D), lo que confiere al trigo una elevada complejidad genómica y una notable plasticidad adaptativa. La presencia de múltiples copias génicas ha favorecido la diversificación funcional de genes asociados al crecimiento, el desarrollo y la respuesta a estreses abióticos, facilitando su expansión hacia ambientes contrastantes (Marcussen *et al.*, 2014; Shewry & Hey, 2015). Debido a esta complejidad genética y a su capacidad de adaptación, el trigo se ha establecido como uno de los cultivos más ampliamente distribuidos a nivel mundial.

En la actualidad, ocupa una mayor superficie cultivada que cualquier otro cereal y aporta más del 20 % de las calorías y proteínas consumidas por la población humana. Además de su relevancia nutricional, el trigo posee un alto valor económico y social, especialmente en regiones donde constituye la base de la dieta y una fuente primaria de ingresos para pequeños y medianos productores, consolidándose como un componente estratégico de la seguridad alimentaria global (FAO, 2021).

2.2.- Biología del trigo

El trigo es una gramínea con un sistema radicular fasciculado, compuesto por raíces primarias y secundarias que garantizan la absorción de agua y nutrientes. Su tallo, denominado caña, está formado por varios entrenudos huecos y nudos donde emergen las hojas alternas, compuestas por una lámina foliar, una vaina y una lígula (Hawkesford *et al.*, 2013). El trigo (*Triticum aestivum* L.) es una gramínea anual perteneciente a la familia Poaceae, considerada uno de los cultivos más importantes a nivel mundial debido a su contribución a la seguridad alimentaria. Su éxito agronómico se debe, en gran medida, a su amplia adaptación a diferentes

condiciones ambientales y a su plasticidad morfológica y fisiológica (Shewry & Hey, 2015).

El sistema radicular del trigo es de tipo fasciculado y está compuesto por raíces seminales, que se desarrollan durante las primeras etapas del crecimiento, y raíces adventicias o nodales, que emergen posteriormente desde los nudos basales del tallo (Lynch, 1995; Manske *et al.*, 2002). Este sistema radicular cumple funciones esenciales en la absorción de agua y nutrientes, así como en el anclaje de la planta al suelo. La profundidad, densidad y distribución de las raíces son características altamente influenciadas por el genotipo y el ambiente, y se consideran factores determinantes en la tolerancia a sequía y salinidad, ya que permiten la exploración de estratos del suelo con mayor disponibilidad hídrica y menor concentración de sales (Wasson *et al.*, 2012; Hawkesford *et al.*, 2013).

El tallo del trigo, denominado caña, está formado por una serie de entrenudos generalmente huecos y nudos sólidos, a partir de los cuales se originan las hojas y los macollos (Evans & Wardlaw, 1976). El número de macollos fértiles es un componente clave del rendimiento y depende tanto de la disponibilidad de recursos como de la regulación genética (Foulkes *et al.*, 2007; Slafer *et al.*, 2014). Las hojas se disponen de manera alterna y están constituidas por una vaina, una lámina foliar y una lígula membranosa, estructuras que en conjunto facilitan la fotosíntesis y protegen los tejidos meristemáticos (Kirby, 2002). La arquitectura foliar influye directamente en la intercepción de la radiación solar, la transpiración y la eficiencia en el uso del agua, aspectos críticos bajo condiciones de estrés hídrico y salino (Richards *et al.*, 2014).

2.3.- Ciclo fenológico del trigo

El desarrollo del trigo (*Triticum aestivum* L.) se divide en una serie de etapas fenológicas bien definidas que reflejan cambios morfológicos, fisiológicos y metabólicos a lo largo de su ciclo de vida. Estas etapas incluyen la germinación, el establecimiento de la plántula, el macollamiento, el encañe, el espigamiento, la floración y el llenado de grano, las cuales determinan la formación del rendimiento final del cultivo (Hay & Porter, 2006; Slafer *et al.*, 2014). Sin embargo, el desarrollo

normal del cultivo puede verse significativamente afectado por factores de estrés abiótico, entre los cuales la salinidad constituye uno de los más importantes en regiones agrícolas áridas y semiáridas (Munns & Tester, 2008).

La germinación inicia con la imbibición de agua por el grano, proceso que activa el metabolismo del embrión y permite la emergencia de la radícula y del coleóptilo. Durante esta etapa se establecen las primeras raíces seminales y se desarrolla la plántula inicial, siendo factores como la temperatura, la disponibilidad de agua y la aireación del suelo determinantes para el establecimiento del cultivo (Bewley *et al.*, 2013). En condiciones de salinidad, el aumento del potencial osmótico del medio puede limitar la absorción de agua por la semilla y retrasar la germinación, además de afectar la actividad enzimática responsable de la movilización de reservas del endospermo (Munns & Tester, 2008).

Posteriormente, el cultivo entra en la fase de macollamiento, caracterizada por la formación de tallos secundarios o macollos a partir de yemas axilares ubicadas en los nudos basales del tallo. Este proceso es fundamental para la determinación del número potencial de espigas por unidad de superficie, ya que cada macollo puede producir una espiga fértil si las condiciones ambientales y nutricionales son favorables (Hay & Porter, 2006; Slafer *et al.*, 2014). No obstante, el estrés salino puede reducir la formación y supervivencia de macollos debido a la disminución de la fotosíntesis, alteraciones hormonales y menor disponibilidad de fotoasimilados (Munns & Tester, 2008).

Durante el encañe se produce la elongación de los entrenudos del tallo y un rápido incremento en la altura de la planta. Paralelamente, el meristemo apical cambia de estado vegetativo a reproductivo, iniciándose la diferenciación de los primordios de la espiga, proceso regulado por factores ambientales como la temperatura y el fotoperiodo (Slafer *et al.*, 2014). Bajo condiciones salinas, la elongación celular y la división celular pueden verse reducidas, lo que limita el crecimiento vegetativo y la acumulación de biomasa (Flowers & Colmer, 2008).

El espigamiento ocurre cuando la espiga emerge de la vaina de la hoja bandera, indicando el inicio visible de la fase reproductiva. En esta etapa, la hoja bandera desempeña un papel fundamental en la producción de fotoasimilados que serán utilizados durante el desarrollo del grano (Hay & Porter, 2006). La salinidad puede provocar una reducción en el desarrollo de la espiga y afectar la formación de espiguillas, lo que repercute directamente en el número potencial de granos. (Farooq *et al.*, 2015).

La floración o antesis corresponde al momento en que las flores se abren y liberan polen. En el trigo, la polinización es predominantemente autógena y esta etapa representa un periodo crítico del ciclo del cultivo (Kirby, 2002; Hay & Porter, 2006). La presencia de salinidad durante esta fase puede afectar la viabilidad del polen, el crecimiento del tubo polínico y la fertilización, provocando una disminución en el número de granos formados por espiga. (Farooq *et al.*, 2015).

Durante el llenado de grano se produce la acumulación de carbohidratos, proteínas y otros compuestos de reserva en el endospermo, proceso que determina el peso final del grano (Slafer *et al.*, 2014). En condiciones de salinidad, la reducción de la fotosíntesis y la senescencia prematura de las hojas pueden limitar la translocación de fotoasimilados hacia el grano, reduciendo su peso y, por lo tanto, el rendimiento final del cultivo (Munns & Tester, 2008).

Cada una de estas fases presenta diferentes grados de sensibilidad a factores ambientales adversos. En particular, las etapas de germinación, floración y llenado de grano son altamente susceptibles al estrés por sequía y salinidad, lo que puede provocar reducciones significativas en el rendimiento y la calidad del grano (Farooq *et al.*, 2014).

2.4.- Bases fisiológicas de la adaptación al estrés abiótico

Desde una perspectiva fisiológica, la adaptación del trigo (*Triticum aestivum* L.) a condiciones de sequía y salinidad involucra una serie de respuestas integradas orientadas a mantener el crecimiento, la homeostasis celular y la productividad bajo

condiciones ambientales adversas. Estos estreses afectan procesos fundamentales como la absorción de agua, el balance iónico, la fotosíntesis y el metabolismo energético, lo que puede limitar el desarrollo vegetal si no se activan mecanismos de compensación fisiológica (Munns & Tester, 2008; Zhu, 2016). En este contexto, las plantas han desarrollado estrategias coordinadas a nivel morfológico, fisiológico y bioquímico que permiten reducir el impacto del estrés y mantener el funcionamiento metabólico (Farooq *et al.*, 2014).

Entre las respuestas más relevantes se encuentra la regulación estomática, un mecanismo esencial para controlar la pérdida de agua a través de la transpiración. Bajo condiciones de sequía o salinidad, la disminución del potencial hídrico del suelo induce el cierre parcial de los estomas, lo que reduce la pérdida de agua y contribuye a mantener el estado hídrico de la planta (Taiz *et al.*, 2015). No obstante, este proceso también limita la difusión de CO₂ hacia los tejidos fotosintéticos, lo que puede disminuir la tasa de fotosíntesis y afectar el crecimiento cuando el estrés se prolonga (Farooq *et al.*, 2014). La reducción de la conductancia estomática permite limitar la pérdida de agua por transpiración, mientras que el ajuste osmótico, mediado por la acumulación de solutos compatibles, contribuye al mantenimiento del turgor celular (Blum, 2011). Por lo tanto, la regulación estomática representa un equilibrio fisiológico entre la conservación de agua y la asimilación de carbono (Taiz *et al.*, 2015).

Otra respuesta importante es la modificación del sistema radicular, la cual permite a las plantas mejorar la exploración del suelo en busca de agua y nutrientes. En condiciones de estrés hídrico o salino, el trigo puede ajustar la arquitectura radicular mediante cambios en la longitud, densidad y profundidad de las raíces, lo que favorece el acceso a zonas del suelo con mayor disponibilidad de agua (Lynch, 1995; Munns & Tester, 2008). Estas modificaciones contribuyen a optimizar la captación de recursos y representan un componente clave de la tolerancia fisiológica al estrés abiótico (Lynch, 1995).

En condiciones de salinidad, el exceso de sodio y cloro genera toxicidad iónica y desequilibrios nutricionales, afectando procesos metabólicos esenciales

(Parida & Das, 2005; Munns & Tester, 2008). Para contrarrestar estos efectos, el trigo activa mecanismos de exclusión iónica, compartimentalización vacuolar y mantenimiento de un adecuado balance K^+ / Na^+ , procesos estrechamente ligados a la expresión de genes específicos de tolerancia (Munns & Tester, 2008).

2.5.- Importancia de la caracterización genética en trigo

La comprensión de la biología, fisiología y desarrollo del trigo (*Triticum aestivum* L.) constituye la base para la caracterización de genes asociados a la tolerancia a la sequía y salinidad. El conocimiento de los procesos fisiológicos que regulan el crecimiento, la absorción de agua y nutrientes, y la respuesta al estrés permite identificar los mecanismos genéticos que contribuyen a la adaptación de las plantas a ambientes adversos (Munns & Tester, 2008; Blum, 2011). En este sentido, la integración de estudios fisiológicos y genéticos facilita la identificación de rasgos asociados a la tolerancia al estrés abiótico y su posible utilización en programas de mejoramiento (Blum, 2011).

El análisis de la variabilidad genética existente en genotipos contrastantes ha permitido identificar regiones genómicas, genes candidatos y redes regulatorias involucradas en la respuesta al estrés abiótico. A través de herramientas como el mapeo de loci de rasgos cuantitativos (QTL), estudios de asociación genómica y análisis transcriptómicos, se han detectado genes relacionados con procesos como el ajuste osmótico, la regulación estomática, la exclusión de sodio y la protección antioxidante (Cattivelli *et al.*, 2008; Gupta *et al.*, 2020). Estos enfoques han permitido avanzar significativamente en la comprensión de la base genética de la tolerancia al estrés en cereales y han facilitado la identificación de marcadores moleculares asociados a rasgos adaptativos (Cattivelli *et al.*, 2008).

En los últimos años, el desarrollo de herramientas genómicas de alto rendimiento ha ampliado considerablemente la capacidad para estudiar la estructura y función del genoma del trigo. La disponibilidad de secuencias genómicas de referencia, junto con el uso de marcadores moleculares y tecnologías de genotipado masivo, ha permitido analizar con mayor precisión la diversidad genética presente en colecciones de germoplasma y en programas de mejoramiento (Gupta *et al.*,

2020). Estas herramientas permiten identificar alelos favorables asociados a rasgos de interés agronómico y acelerar los procesos de selección en programas de mejoramiento mediante estrategias como la selección asistida por marcadores (Gupta *et al.*, 2020).

Asimismo, la caracterización genética de genotipos con respuestas contrastantes frente a la sequía y la salinidad permite comprender cómo interactúan los diferentes mecanismos fisiológicos y moleculares que contribuyen a la tolerancia al estrés. El estudio comparativo de estos genotipos facilita la identificación de rutas metabólicas y redes de regulación genética involucradas en la respuesta al estrés ambiental (Fleury *et al.*, 2010). De esta manera, la integración de estudios morfológicos, fisiológicos y moleculares proporciona una visión más completa de los procesos que determinan la adaptación de las plantas a ambientes adversos (Fleury *et al.*, 2010). En este contexto, la integración de estudios de los atributos morfológicos, fisiológicos y moleculares resulta fundamental para el diseño de estrategias de mejoramiento genético orientadas a la obtención de cultivares más resilientes y adaptados a escenarios futuros de cambio climático (Fleury *et al.*, 2010; Gupta *et al.*, 2020).

2.6.- Estrés por salinidad en trigo

En los últimos años, se han identificado genes clave que regulan la homeostasis iónica, la acumulación de osmoprotectores y la modulación del crecimiento radicular en condiciones salinas (Zörb *et al.*, 2018). Entre estos, los genes NHX y HKT han sido ampliamente estudiados por su papel en el transporte de iones y la regulación del equilibrio de sodio y potasio en las células vegetales (Roy *et al.*, 2014). La identificación y caracterización de estos genes permiten desarrollar estrategias de mejoramiento genético para incrementar la tolerancia del trigo a la salinidad.

2.7.- Arquitectura radicular

La arquitectura radicular juega un papel fundamental en la absorción de agua y nutrientes en suelos salinos, y su estudio permite seleccionar genotipos con mayor eficiencia en la exploración del suelo y la absorción de recursos. Las características estructurales del sistema radicular, como la longitud total de raíces, la densidad

radicular, la profundidad de penetración y el número de raíces laterales, influyen directamente en la capacidad de las plantas para acceder a agua y nutrientes bajo condiciones de estrés ambiental (Lynch, 1995; Fiorani & Schurr, 2013). En ambientes salinos, un sistema radicular bien desarrollado puede favorecer la exploración de zonas del suelo con menor concentración de sales, lo que contribuye a mejorar la absorción de agua y a reducir los efectos negativos del estrés salino en el crecimiento vegetal (Munns & Tester, 2008).

Uno de los enfoques más innovadores para evaluar la respuesta del trigo al estrés salino es la digitalización y el análisis del sistema radical mediante herramientas informáticas. Estas metodologías permiten analizar de forma precisa diversos rasgos del sistema radicular, facilitando la caracterización de su morfología en plántulas de diferentes genotipos (Fiorani & Schurr, 2013). El uso de sistemas de digitalización y análisis ha permitido caracterizar el sistema radicular mediante mediciones de longitud total de raíces, área superficial, diámetro radicular, volumen radical y número de ramificaciones, parámetros que están estrechamente relacionados con la eficiencia en la absorción de agua y nutrientes

(Lobet *et al.*, 2011). Así mismo, han demostrado ser herramientas eficaces para estudiar la plasticidad del sistema radicular frente a diferentes condiciones de estrés abiótico. Estos sistemas utilizan algoritmos de procesamiento de imágenes y software especializados con los que es posible obtener mediciones detalladas de la morfología radicular y evaluar cómo varía su desarrollo en respuesta a factores ambientales como la salinidad (Fiorani & Schurr, 2013). Además, estas herramientas permiten analizar grandes volúmenes de datos fenotípicos de manera rápida y precisa, lo que resulta especialmente útil en estudios de mejoramiento genético y fenotipado de cultivos.

2.8 Mecanismos fisiológicos y moleculares asociados a la tolerancia a la salinidad en trigo

La tolerancia a la salinidad en trigo (*Triticum aestivum* L.) es un rasgo complejo de naturaleza cuantitativa que resulta de la interacción de múltiples procesos fisiológicos y moleculares. Uno de los mecanismos centrales es la homeostasis iónica, la cual permite limitar la acumulación de sodio (Na⁺) en tejidos sensibles mediante la exclusión radicular o su compartimentalización en vacuolas. En genotipos tolerantes se ha observado una mayor eficiencia para mantener una

relación K^+ / Na^+ favorable, condición indispensable para la actividad enzimática y la estabilidad de las membranas celulares (Roy *et al.*, 2014).

Estudios realizados en materiales de trigo y otros cereales han señalado que la expresión diferencial de transportadores iónicos y antiportadores Na^+ / H^+ está estrechamente relacionada con la tolerancia al estrés salino. Aunque gran parte de este conocimiento proviene de investigaciones internacionales, trabajos desarrollados en México y Cuba han confirmado que los genotipos adaptados a ambientes salinos presentan respuestas fisiológicas más eficientes desde etapas tempranas del desarrollo (Argentel *et al.*, 2017).

De manera complementaria, el ajuste osmótico mediante la acumulación de osmólitos compatibles, como prolina, glicina-betaína y azúcares solubles, constituye un mecanismo fundamental para mantener el turgor celular bajo condiciones de bajo potencial hídrico. En estudios realizados en trigo bajo condiciones controladas, se ha reportado que los materiales con mayor tolerancia presentan una acumulación significativa de prolina, lo cual contribuye a la estabilización de proteínas, membranas y complejos enzimáticos durante el estrés (Argentel *et al.*, 2016).

Otro componente clave de la respuesta al estrés salino es el sistema antioxidante. La salinidad induce la generación de especies reactivas de oxígeno que provocan daño oxidativo en lípidos, proteínas y ácidos nucleicos. Para contrarrestar estos efectos, las plantas activan enzimas antioxidantes como superóxido dismutasa, catalasa y peroxidasas. En trigo, se ha documentado que los genotipos tolerantes exhiben una mayor capacidad antioxidante, lo que se traduce en una mayor supervivencia y crecimiento bajo condiciones salinas (Shrivastava & Kumar, 2015).

2.9.- Germinación del trigo bajo estrés salino

La germinación es una de las etapas más críticas y sensibles del ciclo de vida del trigo frente al estrés salino. Este proceso depende de la imbibición adecuada de la semilla, la activación del metabolismo respiratorio y la movilización de reservas del endospermo hacia el embrión. La presencia de sales en el medio reduce el

potencial hídrico, limitando la absorción de agua y retrasando o inhibiendo la germinación (Bewley *et al.*, 2013).

Diversos estudios realizados en variedades de trigo han demostrado que la salinidad reduce tanto el porcentaje como la velocidad de germinación, además de generar una emergencia desuniforme de plántulas. Sin embargo, también se ha observado una respuesta diferencial entre genotipos, lo que evidencia la existencia de variabilidad genética aprovechable para la selección de materiales tolerantes (Kochak-Zadeh *et al.*, 2013; Anzooman *et al.*, 2023).

Desde el punto de vista fisiológico, la inhibición de la germinación bajo estrés salino se asocia con alteraciones en la actividad enzimática, la síntesis de proteínas y el balance hormonal, particularmente del ácido abscísico. En este sentido, se ha documentado que los genotipos menos sensibles al estrés mantienen una activación metabólica más estable durante la imbibición, lo que les permite completar el proceso germinativo aun en condiciones de salinidad moderada (Bewley *et al.*, 2013).

2.10.- Genes implicados en la germinación del trigo bajo estrés salino

La tolerancia a la salinidad en trigo es un proceso complejo controlado por múltiples genes que regulan el transporte iónico, la señalización celular, la respuesta antioxidante y el ajuste osmótico. Diversos estudios genómicos y transcriptómicos han identificado varias familias génicas involucradas en la respuesta del trigo al estrés salino durante las primeras etapas de desarrollo (Reynolds *et al.*, 2021; Zhang *et al.*, 2022).

2.10.1.- Genes transportadores de sodio y potasio

Uno de los mecanismos más importantes de tolerancia al estrés salino es el mantenimiento del equilibrio Na^+ / K^+ dentro de las células. En trigo, los genes de las familias HKT, NHX y SOS desempeñan un papel fundamental en este proceso.

El gen TaHKT1;5 codifica un transportador de alta afinidad para potasio que regula el transporte de sodio en el xilema, reduciendo su acumulación en los tejidos aéreos (Munns *et al.*, 2012). Este mecanismo contribuye a mantener una relación adecuada entre sodio y potasio en las células vegetales, lo cual es esencial para la tolerancia a la salinidad. Además, otros miembros de esta familia, como TaHKT2;1, también participan en el transporte de Na⁺ y K⁺ en raíces de trigo (Roy *et al.*, 2014).

Por otra parte, los genes NHX (Na⁺/H⁺ antiporters) permiten el transporte de sodio hacia la vacuola celular, reduciendo su toxicidad en el citoplasma. La sobreexpresión de TaNHX1 ha demostrado aumentar la tolerancia al estrés salino al facilitar la compartimentalización del sodio dentro de las vacuolas (Roy *et al.*, 2014).

Asimismo, el sistema SOS (Salt Overly Sensitive) constituye otra vía clave en la regulación del equilibrio iónico. Genes como TaSOS1 participan en la expulsión de Na⁺ desde el citoplasma hacia el exterior celular, lo que contribuye a mantener la homeostasis iónica durante el estrés salino (Zhu, 2002; Shabala, 2013).

2.10.2.- Genes relacionados con proteínas LEA y deshidrinas

Durante el estrés osmótico inducido por la salinidad, las semillas activan genes que codifican proteínas protectoras. Entre ellas destacan las proteínas LEA (Late Embryogenesis Abundant) y las deshidrinas, las cuales estabilizan membranas y proteínas durante condiciones de deshidratación celular.

Se ha reportado que el genoma del trigo contiene cientos de genes LEA y decenas de genes deshidrinas, muchos de los cuales se inducen bajo estrés salino para contribuir al ajuste osmótico y a la protección celular (Close, 1997; Hundertmark & Hinch, 2008).

Estas proteínas ayudan a mantener la integridad estructural de las células durante la germinación en condiciones de estrés, lo que permite la supervivencia del embrión en ambientes salinos.

2.10.3.- Genes antioxidantes

El estrés salino provoca la acumulación de especies reactivas de oxígeno (ROS), lo que puede generar daño oxidativo en las células. Para contrarrestar este efecto, se activan genes que codifican enzimas antioxidantes.

Entre los genes más importantes se encuentran:

- TaSOD (superóxido dismutasa)
- TaCAT (catalasa)
- TaAPX (ascorbato peroxidasa)
- TaGR (glutación reductasa)

La expresión de estos genes aumenta durante el estrés salino, contribuyendo a reducir el daño oxidativo y a mantener el crecimiento de las plántulas (Hasanuzzaman *et al.*, 2020).

2.10.4.- Genes reguladores y factores de transcripción

La respuesta molecular al estrés salino también está regulada por diversos factores de transcripción que controlan la expresión de genes relacionados con la tolerancia al estrés.

Entre los principales factores de transcripción identificados en trigo se encuentran:

- TaWRKY10 y TaWRKY17
- TaMYB33
- ERF (ethylene-responsive factors)
- NAC

Estos genes reguladores activan la expresión de genes implicados en transporte iónico, defensa antioxidante y metabolismo osmótico durante condiciones de salinidad (Nakashima *et al.*, 2012).

2.10.4.- Otros genes asociados a la tolerancia al estrés salino

Estudios recientes de asociación genómica (GWAS) han identificado otros genes candidatos relacionados con la germinación del trigo bajo estrés salino, como:

- TraesCS2B02G194200 (glicosiltransferasa)
- HVA22E (respuesta al ácido abscísico)
- ERF2 (factor de transcripción etileno-dependiente)
- CLPB1 y HSP18.2 (proteínas de choque térmico)
- WAK2 (receptor quinasa asociada a la pared celular)

Estos genes participan en procesos metabólicos, señalización hormonal y protección celular durante la respuesta al estrés salino (Zhang *et al.*, 2020).

2.11.- Importancia del fenotipado temprano en programas de mejoramiento

La evaluación de la germinación y el desarrollo temprano de plántulas bajo condiciones de salinidad constituye una estrategia altamente eficiente para la identificación de genotipos tolerantes, ya que estas fases representan puntos críticos del ciclo de vida del trigo en los cuales el estrés abiótico ejerce una fuerte presión selectiva. Diversos autores coinciden en que la capacidad de una semilla para germinar y establecer una plántula vigorosa bajo estrés salino condiciona el éxito del cultivo en etapas posteriores y, en consecuencia, el rendimiento final (Munns & Tester, 2008; Bewley *et al.*, 2013).

El fenotipado temprano permite discriminar materiales contrastantes antes de realizar evaluaciones extensivas en campo, reduciendo costos, tiempo y recursos asociados a los programas de mejoramiento genético. En este sentido, la medición de variables germinativas, como porcentaje y velocidad de germinación, así como parámetros de crecimiento inicial, biomasa y arquitectura radical, se ha consolidado

como un enfoque confiable para detectar tolerancia a la salinidad de manera temprana (Lobet *et al.*, 2013; Fiorani & Schurr, 2013).

La integración de herramientas de análisis de imágenes para la caracterización de la arquitectura radical ha ampliado significativamente la comprensión de la respuesta del trigo al estrés salino. Variables como longitud total de raíz, diámetro promedio, volumen y superficie de absorción ofrecen información detallada sobre la eficiencia del sistema radicular para explorar el suelo y enfrentar condiciones de alta concentración de sales. Estudios realizados en cereales han demostrado que estos rasgos presentan una heredabilidad moderada a alta, lo que los convierte en criterios valiosos para la selección genética (Lynch, 2019).

Desde una perspectiva de mejoramiento, el uso de materiales nativos o tradicionales adquiere especial relevancia. Estos materiales han sido sometidos a procesos de selección natural y empírica durante generaciones, desarrollando adaptaciones específicas a ambientes marginales, incluidos aquellos con problemas de salinidad y déficit hídrico. La literatura en español resalta que los materiales locales constituyen una fuente estratégica de diversidad genética que puede aprovecharse para ampliar la base genética de los programas de mejoramiento y aumentar la resiliencia del cultivo frente al cambio climático (Reynolds *et al.*, 2021).

Asimismo, la combinación de evaluaciones fisiológicas y morfológicas con análisis estadísticos robustos permite una interpretación más precisa de la respuesta diferencial de los genotipos al estrés salino. El uso de modelos lineales generalizados y análisis factoriales facilita la identificación de interacciones genotipo x ambiente, proporcionando información clave para la toma de decisiones en la selección de materiales prometedores (Piepho *et al.*, 2008).

3.- MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Material vegetal.

Se utilizaron semillas maduras provenientes del banco de germoplasma del CIMMYT de 9 materiales nativos de trigo harinero procedentes de 2 regiones climáticas (Cuadro 1) y de una variedad comercial mexicana “Pelón colorado”.

La variedad Pelón colorado se ha utilizado históricamente en el Norte y Noreste de México por su calidad y adaptabilidad a ciertas condiciones agroclimáticas locales (Camarena-Barragán, 2002).

Cuadro 1. Datos de pasaporte de los materiales evaluados.

Material	Nombre	Longitud	Latitud	Elevación	Origen	Clima
M1	SEEDDIV19609	96	40	1942	CHN	B-Seco
M2	SEEDDIV19255	103.400	36.150	1692	CHN	B-Seco
M3	SEEDDIV21109	67.111	36.709	348	AFG	B-Seco
M4	SEEDDIV21107	67.111	36.709	348	AFG	B-Seco
M10	SEEDDIV20680	38.913	37.567	604	TUR	C-Templado
M11	SEEDDIV20695	38.217	37.550	593	TUR	C-Templado
M12	SEEDDIV20182	33.083	39.100	1000	TUR	C-Templado
M18	SEEDDIV19324	64.106	35.719	993	AFG	C-Templado
M19	SEEDDIV20697	38.350	37.633	536	TUR	C-Templado
M20	PELON COLORADO NA	NA	NA	NA	MEX	NA

¹ .3 Germinación.

Se evaluó el efecto de la salinidad en la germinación *sensu stricto*, lo cual se definió como el proceso comprendido desde la imbibición hasta la emergencia de la radícula ($\approx 1-2$ mm). La germinación se registró hasta 96 horas después de la siembra en la cámara de germinación, con ciclos de 12 h, bajo condiciones controladas a 20 ± 2 °C, 83% de humedad relativa y oscuridad total. Se contabilizó el número de semillas germinadas por unidad experimental, considerando como germinada aquella semilla que presentó emergencia visible de la radícula.

3.2 Tratamientos.

El tratamiento salino fue una solución a base de Cloruro de Sodio (NaCl) a 125 mM, dicha dosis, de acuerdo con Suhalia *et al.* (2022), es ideal para diferenciar los materiales nativos de trigo harinero en cuanto a tolerancia a la sal sin ser letal. La solución de NaCl a 125 mM se preparó disolviendo 7.312 gramos de NaCl en 500 mL de agua destilada en un matraz volumétrico, para después aforar a 1 litro. El tratamiento de control fue con agua destilada (0 dS.m⁻¹). El ensayo se estableció con un Diseño Completamente al Azar (DCA) y dos niveles de tratamiento: no salino (control) y salino. Cada tratamiento se replicó tres veces ($r = 3$) y cada repetición consistió en 10 semillas colocadas en cajas germinadoras con papel filtro (unidad experimental = caja germinadora). Los tratamientos se aplicaron con un volumen de 25 mL en cada caja germinadora.

3.4 Desarrollo de plántula.

Una vez evaluada la germinación, un total de 3 semillas germinadas fueron trasplantadas en bandejas con un sustrato compuesto por *peat moss* y vermiculita en una proporción de 60:40. Las charolas con sustrato se mantuvieron en condiciones de invernadero durante 10 días. Después de ese período, las plántulas completas con su raíz íntegra fueron extraídas y lavadas en agua corriente. Posteriormente, las plántulas se separaron en dos partes: la estructura radicular y la estructura aérea (mesocotilo y coleoptilo), y fueron pesadas en báscula digital para obtener el peso fresco de cada estructura.

Una vez tomados los datos de peso, la estructura de raíz fue digitalizada con un escáner CANON LIDE 300 Scanner 2400 X 4800. Las imágenes digitalizadas fueron analizadas con el programa WinRHIZO PRO versión 3.10b (Regent Instruments, 2003), el cual permite la cuantificación automática de parámetros morfológicos del sistema radical a partir de imágenes bidimensionales (Lobet *et al.*, 2013).

A partir de este análisis se obtuvieron las siguientes variables: longitud total de raíz (Total Root Length, TRL; cm), definida como la suma de la longitud de todos

los segmentos radicales detectados en la imagen, y volumen total de raíz (Root Volume, RV; cm³), estimado a partir de la longitud y el diámetro de las raíces.

Estas variables fueron utilizadas para caracterizar la arquitectura del sistema radical y la respuesta morfológica de los genotipos evaluados bajo las condiciones experimentales, permitiendo comparar diferencias en la exploración del sustrato y la capacidad potencial de absorción de recursos.

Al finalizar el escaneo, las estructuras de las plántulas fueron secadas en estufa durante un periodo de 24 horas para obtener la acumulación de materia seca total (BST-gramos), peso seco de la parte aérea (BSA-gramos) y peso seco de la raíz (BSR-gramos).

3.5 Análisis estadístico.

Los datos de germinación fueron analizados con modelos lineales generalizados (GLMs), los cuales son una extensión de los modelos lineales tradicionales que permiten analizar variables respuesta que no siguen una distribución normal, por lo que permiten modelar datos como proporciones, conteos, probabilidades, tasas o respuestas con varianza no constante.

La respuesta en germinación se expresó como el número de semillas germinadas respecto al total sembrado en cada unidad experimental y con ellas se estimó la probabilidad de germinación. Los datos se organizaron como pares de éxitos y fracasos:

$$= cb(gbbi, gebi)$$

donde i representa cada unidad experimental (caja / repetición).

Dado que la respuesta en germinación corresponde a la ocurrencia binaria germinada/no germinada en un número fijo de ensayos por unidad experimental (10 semillas por caja), los datos se analizaron mediante un GLM con familia binomial y función de enlace logit.

El modelo ajustado fue:

$$n_{jg} = \pi_0 + \pi_1 \text{egn},$$

donde π_0 es la probabilidad de germinación en la unidad experimental j ; π_0 es la log-odds de germinación en el tratamiento control (no salino); y π_1 representa el cambio en log-odds asociado al tratamiento salino (Tratamiento codificado como 0 = control, 1 = salino). Los parámetros se estimaron por máxima verosimilitud.

La hipótesis nula evaluada fue $\pi_1 = 0$ (sin efecto del tratamiento). La significancia se examinó mediante el estadístico de razón de verosimilitud y pruebas Wald. Se reportaron diferencias en términos de odds ratio ($\text{OR} = \exp(\pi_1)$), probabilidades predichas e intervalos de confianza al 95%.

Se evaluó la sobredispersión calculando la razón deviance/df. En los casos donde se detectó sobredispersión, se reajustó el análisis utilizando la función de enlace beta-binomial para obtener errores estándar robustos.

Posteriormente, se estimaron medias marginales ajustadas (Estimated Marginal Means, EMMs) para cada nivel de los factores incluidos en el modelo, las cuales representan las probabilidades ajustadas considerando el resto de las variables del modelo. Las medias ajustadas y sus errores estándar se obtuvieron con el paquete *emmeans*.

Las comparaciones entre niveles de los factores se realizaron mediante contrastes de medias ajustadas, utilizando comparaciones pareadas con corrección por comparaciones múltiples mediante el método de Tukey.

Los resultados de las medias marginales fueron presentados como probabilidades estimadas en la escala de respuesta, obtenidas mediante la transformación inversa del enlace logit.

Debido a la naturaleza factorial del experimento, las variables relacionadas con la biomasa y la morfología del sistema radical se analizaron mediante un análisis de varianza bifactorial (ANOVA) empleando un modelo lineal mixto en el software estadístico R (R Core Team, 2017), utilizando el paquete *lme4* para el ajuste de modelos de efectos mixtos (Bates *et al.*, 2015).

El modelo incluyó como efectos fijos el material genético (materiales nativos) y la condición de salinidad (no salino y salino), así como su interacción. Las repeticiones experimentales se consideraron como efecto aleatorio, con el fin de capturar la variabilidad no explicada por los factores principales y mejorar la estimación de los efectos del modelo.

El modelo estadístico general utilizado fue:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \epsilon_{ijk};$$

donde Y_{ijk} es el valor de la variable de respuesta para el i -ésimo genotipo, j -ésimo nivel de salinidad y k -ésima repetición, μ es la media general del experimento, α_i es el efecto del i -ésimo material genético, β_j es el efecto de j -ésima condición de salinidad, $(\alpha\beta)_{ij}$ es el efecto de la interacción entre material genético y salinidad, ϵ_{ijk} es el efecto aleatorio de la k -ésima repetición y $\epsilon_{ijk} \sim (0, \sigma^2)$ es el error experimental asociado a cada observación.

Se verificaron los supuestos del modelo (normalidad y homogeneidad de varianzas) mediante gráficos de residuos, pruebas de Shapiro-Wilk y Levene. Cuando fue necesario, se aplicaron transformaciones para satisfacer los supuestos del análisis. Cuando el ANOVA indicó efectos significativos ($p < 0.05$), se realizaron comparaciones múltiples con Tukey.

Se realizaron comparaciones de medias ajustadas mediante el paquete *emmeans*, lo que permitió estimar medias marginales (estimated marginal means) y realizar contrastes entre tratamientos y niveles de salinidad. Los resultados se presentan como media \pm error estándar.

4.- RESULTADOS

En general, el análisis de devianza del modelo binomial mostró diferencias altamente significativas entre los materiales en la germinación de semillas ($p < 0.001$). Asimismo, el tratamiento salino tuvo un efecto altamente significativo, reduciendo la probabilidad de germinación en comparación con la condición control T0 ($p < 0.001$). La interacción genotipo \times tratamiento no fue significativa (Cuadro 2).

Cuadro 2. Análisis de la devianza del modelo binomial en la germinación.

Factor	GL	X ₂	P(>Chi)
Material Nativo	9	49.06	1.612e-07 ***
Tratamiento	1	13.98	0.0001 ***
Material \times Tratamiento	9	5.88	0.751 ns

*** = significativo al punto 0.0001 de probabilidad; grados de libertad (GL); χ^2 = Chi-cuadrada Wald; y probabilidad de Chi-cuadrada (P(>Chi)).

Estos resultados sugieren que el comportamiento diferenciado de la germinación de los diferentes genotipos no dependió de la salinidad aplicada, lo que demuestra el efecto de la variabilidad genética de los materiales nativos.

4.1.- Efecto de los genotipos en la germinación

Las medias ajustadas de la germinación mostraron que, en condiciones no salinas (T0), la probabilidad de germinación fue alta para la mayoría de los materiales (0.83–1.00), excepto en los materiales M12 (0.67) y M18 (0.50). Bajo tratamiento salino (T1), se observó una reducción general de la germinación en la mayoría de los materiales (Cuadro 3).

Cuadro 3. Valores medios y tasa de cambio promedio de la condición salina sobre la probabilidad de germinación.

Material	T0	T1	Cambio
M1	0.87	0.70	-0.17

M10	0.83	0.67	-0.16
M11	0.83	0.67	-0.16
M12	0.67	0.23	-0.43
M18	0.50	0.43	-0.07
M19	1.00	0.73	-0.27
M2	0.87	0.87	0
M20	1.00	0.80	-0.20
M3	0.83	0.67	-0.16
M4	1.00	0.83	-0.17

El material M12 presentó la mayor reducción en la germinación (-0.43), pasando de 0.67 en T0 a 0.23 en T1, lo que indica una alta sensibilidad al estrés salino. En contraste, el material M2 no mostró variación entre los tratamientos (0.87 en ambos casos), evidenciando tolerancia a la condición salina evaluada.

Algunos materiales como M1, M3, M4, M10, M11 y M20 registraron reducciones intermedias (≈ -0.16 a -0.20), por lo que puede considerarse con cierta tolerancia. El material M19, aunque mostró una disminución mayor (-0.27), mantuvo un valor relativamente alto de germinación bajo salinidad (0.73), lo que sugiere cierta capacidad de desempeño aún bajo estrés. Por su parte, el M18 presentó una reducción leve (-0.07), pero su germinación basal ya era baja (0.50), lo que limita su potencial agronómico pese a su aparente estabilidad. Sin embargo, mejorando su germinación basal podría considerarse para evaluaciones posteriores.

La germinación mostró diferencias entre materiales, evidenciando variabilidad en su capacidad de establecimiento. En general, los materiales se agruparon en dos conjuntos principales (Figura 1).

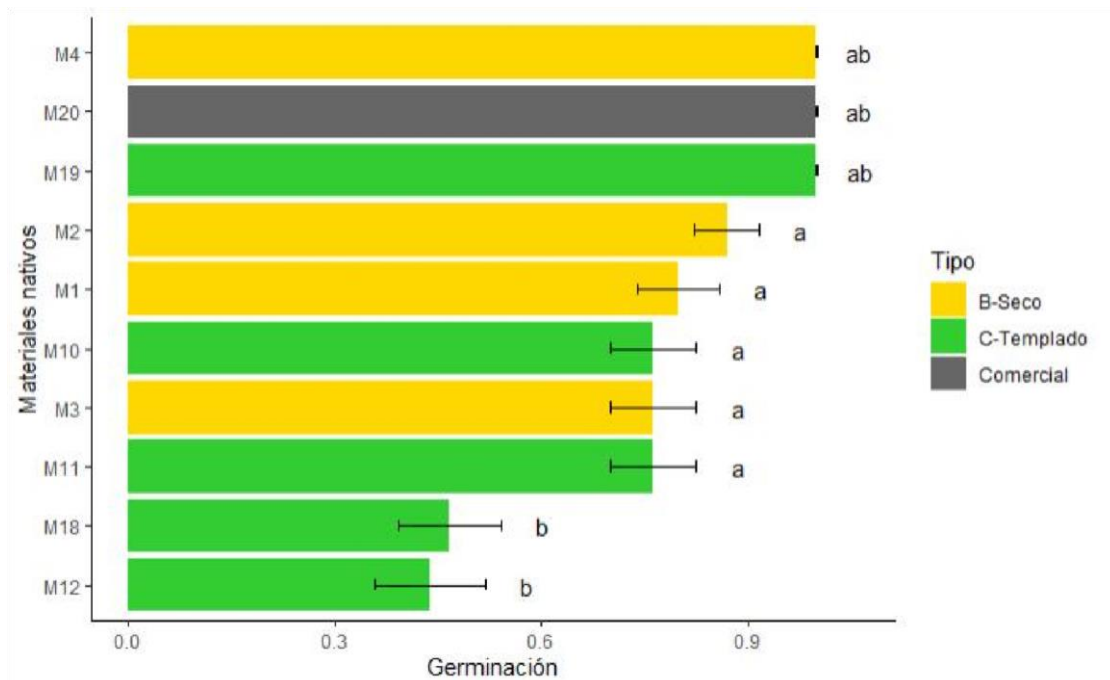


Figura 1. Promedio de germinación de materiales nativos. Las barras representan la media \pm error estándar.

Letras diferentes indican diferencias significativas entre materiales (Tukey, $p \leq 0.05$).

Los materiales M4, M20 y M19 presentaron los valores más altos de germinación ($\approx 0.9-1.0$), sin diferencias significativas entre ellos (grupo ab), lo que indica un desempeño superior en esta variable. Asimismo, materiales como M2, M1, M10, M3 y M11 también mostraron altos porcentajes de germinación ($\approx 0.7-0.9$), ubicándose en el grupo a, lo que sugiere una adecuada capacidad germinativa.

En contraste, los materiales M18 y M12 presentaron los valores más bajos de germinación ($\approx 0.4-0.5$), siendo significativamente diferentes del grupo de mayor desempeño (grupo b), lo que evidencia una menor capacidad de establecimiento.

En términos de los tipos evaluados, no se observa un patrón completamente consistente; sin embargo, los materiales pertenecientes al tipo Ctemplado muestran tanto valores altos (M19, M11) como bajos (M12), lo que indica una variabilidad interna importante. Por su parte, los materiales B-seco presentan en general valores

intermedios a altos, mientras que el material comercial (M20) se ubica entre los de mayor germinación.

En conjunto, los resultados indican que la germinación es una variable altamente dependiente del material, permitiendo identificar genotipos con mayor potencial de establecimiento, destacando particularmente M4, M20 y M19, mientras que M12 y M18 presentan limitaciones en esta etapa a pesar de provenir de climas diferentes.

4.2.- Reducción de la germinación debido a la condición salina

La relación de germinación ($T1/T0$) evidenció una respuesta diferencial entre materiales frente al estrés salino (Figura 2). En general, valores cercanos a cero indican una fuerte reducción en la probabilidad de germinación bajo condiciones salinas, mientras que valores cercanos a 1 reflejan estabilidad (ausencia de efecto del tratamiento), y valores superiores a 1 indicarían una respuesta positiva.

En este sentido, materiales como M19, M20 y M4 presentaron valores cercanos a cero, lo que indica una marcada disminución en la germinación por efecto de la salinidad. De manera similar, materiales como M12 y M7 mostraron valores bajos (<0.5), evidenciando una afectación negativa del estrés salino, aunque en el caso de M12 se detectaron diferencias significativas, lo que confirma un efecto del tratamiento.

Por otro lado, materiales como M10, M11 y M3 presentaron valores intermedios ($\approx 0.4-0.5$), lo que sugiere una reducción moderada en la germinación. En contraste, materiales como M18 mostraron valores más cercanos a la unidad, indicando una menor afectación relativa. Destaca particularmente M2, el cual presentó un valor cercano a 1 y sin diferencias significativas, lo que sugiere una alta estabilidad en la germinación bajo condiciones salinas.

En general, ningún material presentó valores superiores a 1, lo que indica que la salinidad no promovió la germinación en los materiales evaluados. Asimismo, la

predominancia de valores inferiores a 1 evidencia que la salinidad tuvo un efecto negativo generalizado sobre esta variable.

En conjunto, los resultados indican que a pesar de la alta variabilidad entre materiales, la germinación es altamente sensible al estrés salino, aunque existen materiales, como M2 y en menor medida M18, que muestran mayor estabilidad y, por lo tanto, un mejor desempeño potencial en condiciones salinas.

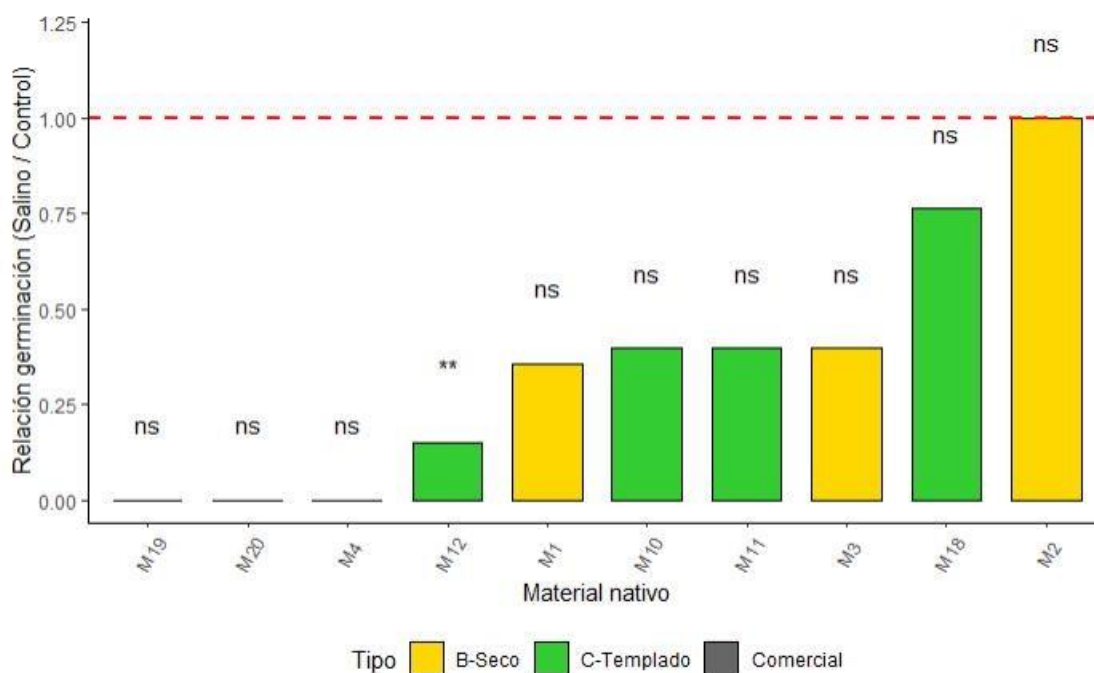


Figura 2. Contrastes de la germinación entre la condición salina (T1) y la germinación intrínseca (T0) para cada material de trigo, estimados mediante un GLMM con distribución binomial.

Los valores representan la relación T1/T0 en la proporción de germinación. La línea horizontal discontinua indica una relación igual a 1 (sin efecto del tratamiento). Valores menores a 1 indican reducción de la germinación bajo salinidad. ns: no significativo; * $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; *** $p \leq 0.001$.

4.3.- Producción de biomasa

El análisis mediante modelos lineales generalizados mixtos (Cuadro 4) evidenció efectos significativos del material, el tratamiento y su interacción sobre la biomasa seca aérea, radical y total. La salinidad tuvo un efecto altamente significativo en todas las variables, indicando una influencia determinante en la acumulación de biomasa, mientras que el factor material reflejó variabilidad genética en la capacidad de crecimiento. Además, la interacción material x tratamiento fue

altamente significativa, lo que demuestra que la respuesta al estrés salino depende del material evaluado. En conjunto, estos resultados indican que la salinidad reduce la biomasa de las plántulas, pero con una magnitud variable entre materiales, permitiendo identificar genotipos con diferente grado de tolerancia.

Cuadro 4. Análisis de devianza de biomasa aérea, radical y total mediante modelo lineal mixto con distribución normal.

Biomasa seca aérea			
FV	GL	X ₂	Valor p
Material	9	31.067	0.0002 ***
Tratamiento	1	199.641	< 2.2e-16 ***
Mat x Trat	9	108.540	< 2.2e-16 ***
Biomasa seca de raíz			
FV	GL	X ₂	Valor p
Material	9	22.428	0.007 ***
Tratamiento	1	75.871	< 2.2e-16 ***
Mat x Trat	9	59.084	2.012e-09 ***
Biomasa seca total			
FV	GL	X ₂	Valor p
Material	9	23.378	0.005 **
Tratamiento	1	163.582	< 2e-16 ***
Mat x Trat	9	96.168	< 2e-16 ***

La interacción entre material y tratamiento evidenció respuestas diferenciales en la acumulación de biomasa de las plántulas de trigo, tanto en condiciones de control (T0) como de salinidad (T1) (Figura 3).

En la biomasa seca aérea (Fig. 3a), bajo condiciones de control, los materiales M3, M2 y M4 presentaron los valores más altos sin diferencias significativas entre ellos (0.04 gramos), mientras que M12 y M20 registraron los valores más bajos (0.02 gramos). La salinidad ocasionó una reducción significativa del 47% en la biomasa aérea, evidenciando un efecto negativo del estrés sobre el

crecimiento; sin embargo, materiales como M10, M11 y M18 mantuvieron valores relativamente superiores (0.02 gramos), evidenciando una menor afectación por el estrés, mientras que M2 y M4 mostraron reducciones más marcadas (<0.01 gramos).

Un patrón similar se observó en la biomasa seca de raíz (Fig. 3b), donde en el control el material M19 destacó con el mayor valor (0.03 gramos), seguido de M2 y M3 (0.02 gramos), en contraste con M12, que presentó el menor desarrollo radical (0.009 gramos). En condiciones de salinidad, la biomasa radical disminuyó en un 46 %; no obstante, nuevamente M10, M11 y M18 conservaron valores relativamente altos (0.01 gramos), lo que sugiere una mejor capacidad de respuesta al estrés, mientras que M2 y M4 se ubicaron entre los más afectados (0.005 y 0.006 gramos).

De manera consistente, en la biomasa seca total (Fig. 3c), en la condición control se identificaron los materiales M3 y M2 con mayor producción de biomasa (0.07 gramos), condición dotada principalmente de una mayor producción de biomasa aérea, mientras que M12 mostró el menor desempeño (0.03 gramos). Bajo salinidad, se evidenció una reducción general de 47 %; sin embargo, M10 (0.03 gramos), M11 (0.04 gramos) y M18 (0.04 gramos) mantuvieron valores superiores en comparación con el resto, confirmando un comportamiento más tolerante, mientras que M4 destacó por una disminución más pronunciada (0.01 gramos).

En conjunto, se observa que los materiales provenientes de regiones secas presentan un buen desarrollo de plántula bajo condiciones de control, incluso superando a la variedad comercial (M20), con mayor énfasis en la biomasa aérea que en la radical; sin embargo, estos materiales resultan más afectados bajo condición salina. En contraste, los materiales originarios de clima templado muestran una mejor respuesta al estrés, evidenciando una mayor estabilidad en su desarrollo. Dado que el crecimiento intrínseco de cada material fue variable, la estimación del efecto real de la salinidad sobre la biomasa de plántula requiere el uso de contrastes, lo que permite evaluar con mayor precisión la magnitud de la respuesta al tratamiento.

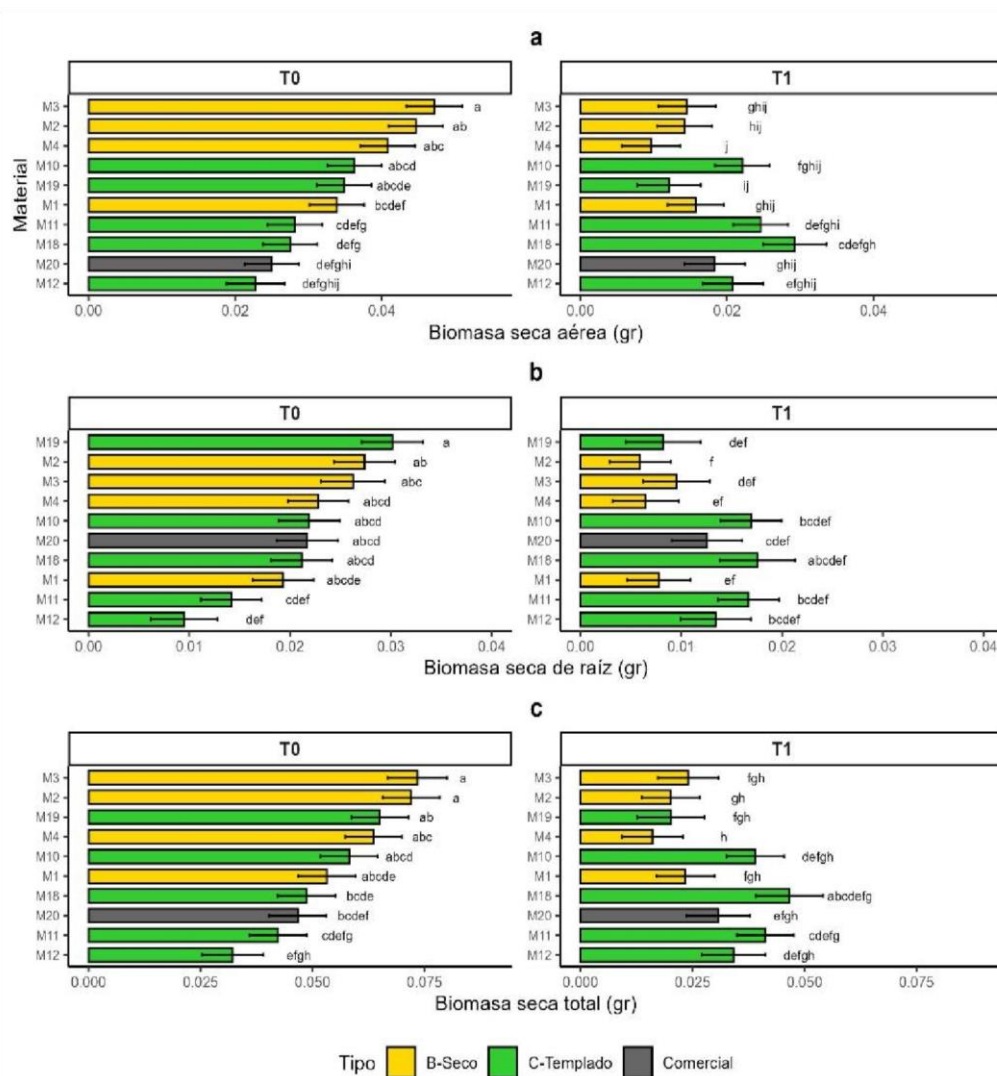


Figura 3. Interacción entre material y tratamiento en a) BST, b) BSA y c) BST de plántulas de trigo bajo las condiciones de control (T0) y de salinidad (T1). Los valores representan las medias estimadas del modelo \pm error estándar. Letras diferentes indican diferencias significativas entre los materiales dentro de cada tratamiento ($p \leq 0.05$).

4.4.- Contrastes de las variables de biomasa

Los contrastes entre la condición salina (T1) y el control (T0) confirmaron la reducción generalizada en la biomasa de las plántulas (Figura 4). Sin embargo, la magnitud de esta reducción fue dependiente del material, evidenciando diferencias en la tolerancia al estrés.

En la biomasa seca aérea (Fig. 4a), la mayoría de los materiales presentaron valores negativos, indicando una disminución bajo condiciones de salinidad. Los materiales M3, M4 y M2 mostraron las mayores reducciones, con diferencias

altamente significativas, lo que evidencia una alta sensibilidad. En contraste, materiales como M20, M11, M12 y M18 no presentaron diferencias significativas, manteniendo valores cercanos a cero, lo que indica estabilidad en la biomasa aérea frente al estrés. Siendo el M18 el único material que presentó valores positivos, es decir, incrementó su biomasa aérea debido al estrés.

Para la biomasa seca de raíz (Fig. 4b), se observó un patrón similar, con reducciones significativas en varios materiales. Destacan M11 y M12 con una ligera compensación en la biomasa radical, seguidos de M10 y M18 con valores cercanos a cero. Por el contrario, los materiales más afectados fueron el M19, M2 y M3 con diferencias altamente significativas.

La biomasa seca total (Fig. 4c) evidenció la mayor magnitud de reducción de las plántulas. Manteniendo la mayor pérdida de biomasa en los materiales secos: M2, M3 y M4, reflejando una fuerte susceptibilidad al estrés por salinidad. Por el contrario, los materiales M18, M11 y M12 no mostraron diferencias significativas, manteniendo valores cercanos a cero, lo que indica una mayor estabilidad. Cabe destacar que algunos materiales como M10 y M20 presentaron reducciones moderadas pero significativas, evidenciando una respuesta intermedia.

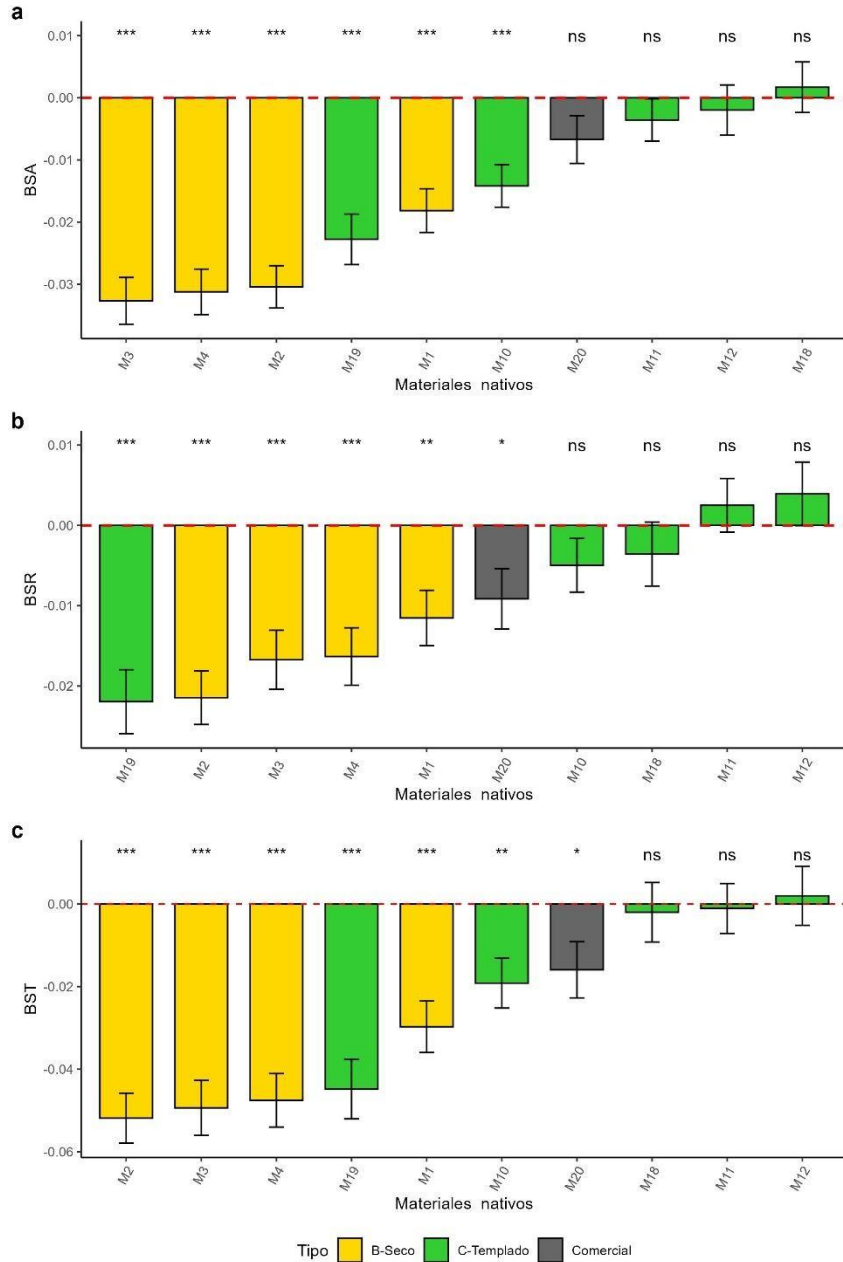


Figura 4. Contrastes de la biomasa seca aérea (a), biomasa seca radical (b) y biomasa seca total (c) entre la condición salina (T1) y el control (T0) para cada material de trigo.

Los valores representan la diferencia (T1 - T0) estimada mediante un modelo lineal mixto (MLM). Valores negativos indican reducción de la biomasa bajo salinidad, mientras que valores cercanos a cero reflejan ausencia de efecto del tratamiento. Las barras corresponden a las medias estimadas y las líneas a los errores estándar. La línea horizontal discontinua indica una diferencia igual a cero (sin efecto del tratamiento). Los asteriscos indican el nivel de significancia (* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; *** $p \leq 0.001$; ns: no significativo).

4.5.- Morfología radical

El análisis evidenció los efectos del material, el tratamiento y su interacción sobre las variables de raíz evaluadas (Cuadro 5). El factor material mostró un efecto significativo sobre la longitud total de la raíz y no significativo sobre el volumen de la raíz, lo que indica la existencia de variabilidad genética en la capacidad de elongación radical entre los materiales evaluados y que el volumen radical es más homogéneo entre los genotipos bajo el promedio de condiciones analizadas.

Por otro lado, el tratamiento tuvo un efecto altamente significativo sobre ambas variables, evidenciando que la exposición a la salinidad modifica de forma importante la morfología radical. De igual manera, la interacción material \times tratamiento fue altamente significativa en ambas variables, lo que indica que la respuesta de las variables morfológicas frente a la salinidad depende del genotipo. Este comportamiento evidencia que los materiales presentan patrones diferenciales en la modificación de su arquitectura radical, tanto en términos de elongación como de volumen.

Cuadro 5. Análisis de devianza de variables de clasificación de morfología radical mediante modelo lineal mixto con distribución normal.

FV	GL	TRL		RV	
		X ₂	Valor p	X ₂	Valor p
Material	9	20.535	0.014 *	14.899	0.093 ns
Tratamiento	1	19.095	1.243e-05 ***	42.722	6.309e-11 ***
Mat \times Trat	9	43.893	1.477e-06 ***	47.291	3.464e-07 ***

Material, Tratamiento y su interacción se consideraron efectos fijos, mientras que repeticiones se incluyeron como efecto aleatorio. La significancia estadística se evaluó a $\alpha = 0.05$. TRL = longitud total de la raíz (cm), RV = volumen total de la raíz (cm³).

Se observó una respuesta diferencial entre materiales en la longitud total de raíz (TRL) y el volumen radical (RV) bajo condiciones de control (T0) y salinidad (T1), evidenciando un efecto importante de la interacción material \times tratamiento (Figura 5).

La condición de control de la longitud total de la raíz (Fig. 5a) mostró una variación moderada, con algunos materiales con mayor desarrollo, como el M19 (125.7 cm), M2 (119.5 cm) y M3 (115.9 cm), mientras que el M12 (41.1 cm) y el M11 (64.8 cm) presentaron los valores más bajos. En condición de salinidad (T1), se observaron cambios importantes en la respuesta de los materiales, con una disminución de 34 % en la longitud debido al estrés. Sin embargo, algunos materiales incrementaron notablemente su longitud radical como el M10 (102.7 cm), M11 (102.5 cm) y M18 (91.5 cm), posicionándose entre los valores más altos, lo que sugiere una respuesta adaptativa al estrés. En contraste, materiales como M2 (24.2 cm) y M4 (21.5 cm) mostraron reducciones marcadas en comparación con el control, evidenciando mayor sensibilidad.

En el volumen total de raíz, la condición control mostró el mismo posicionamiento relativo de los materiales que en la longitud de raíz, aunque se observó poca variación con respecto a los agrupamientos Tukey. En la condición salina se observó una respuesta más variable de los materiales, con una reorganización de la respuesta y una tendencia a disminuir el volumen en un 30 %. Sin embargo, materiales como M18 (0.4 m³), M11 (0.4 m³) y M10 (0.3 m³) permanecieron con un comportamiento superior respecto al control, sugiriendo una estrategia de compensación mediante el desarrollo del sistema radical. Por el contrario, materiales como M2 (0.2 m³) y M4 (0.2 m³) continuaron mostrando susceptibilidad al estrés salino, con reducciones importantes en el volumen.

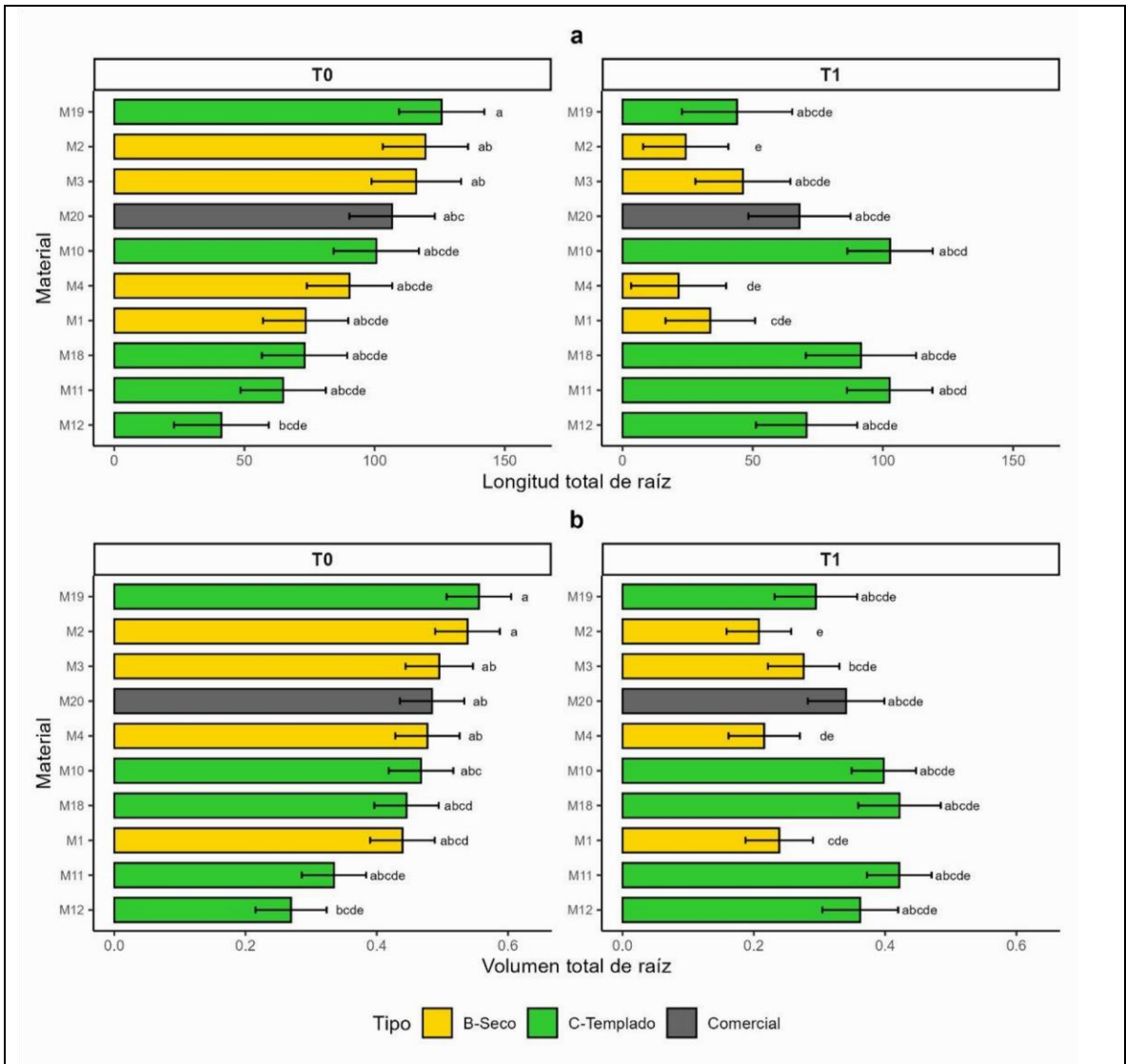


Figura 5. Interacción entre material y tratamiento en a) TRL y b) RV de plántulas de trigo bajo las condiciones de control (T0) y de salinidad (T1).

Los valores representan las medias estimadas del modelo MLM \pm error estándar. Letras diferentes indican diferencias significativas entre los materiales dentro de cada tratamiento ($p \leq 0.05$).

4.6.- Contrastes de las variables de morfología de raíz

La salinidad provocó una reducción generalizada en las variables del sistema radical (Figura 6); sin embargo, algunos materiales mostraron estabilidad o incluso incrementos en la longitud y el volumen de raíz, lo que sugiere la activación de mecanismos adaptativos que favorecen la exploración del suelo bajo condiciones de estrés.

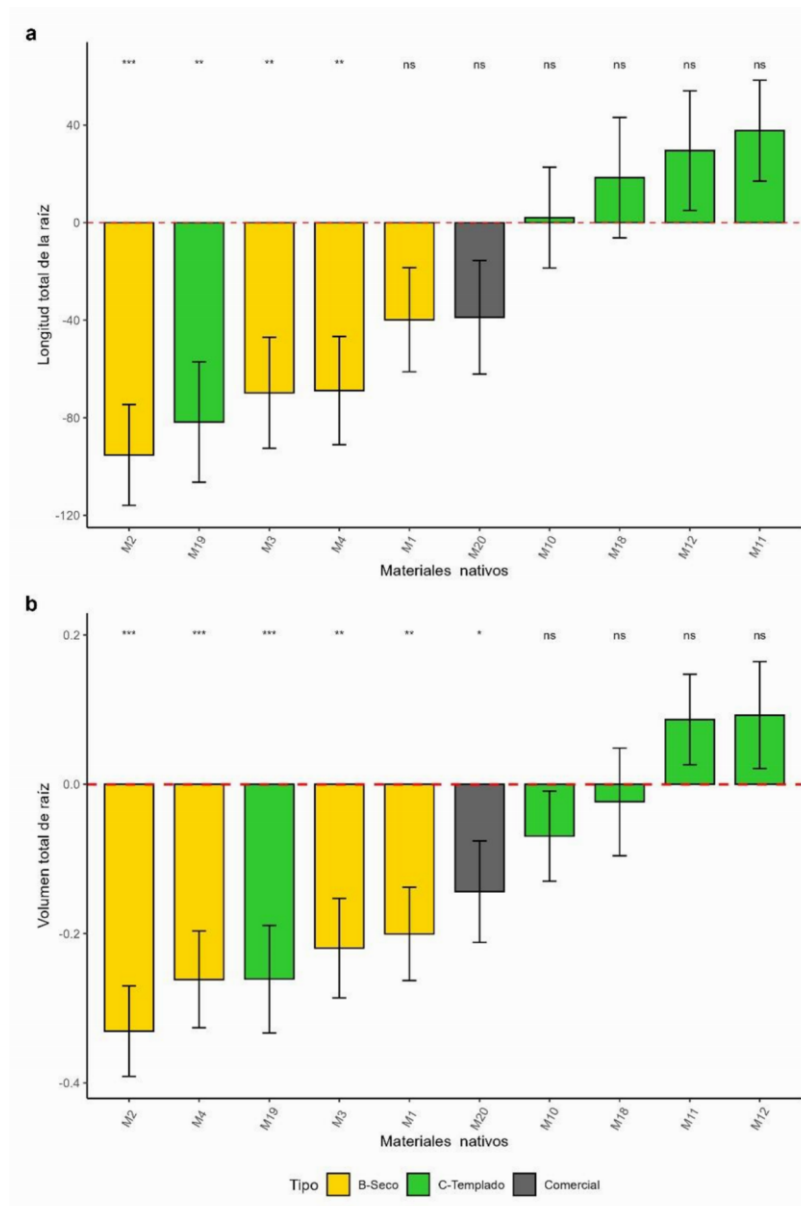


Figura 6. Contrastes de a) TRL y b) RV entre la condición salina (T1) y el control (T0) para cada material de trigo.

Los valores representan la diferencia (T1 – T0) estimada mediante un modelo lineal mixto (MLM). Valores negativos indican reducción de la biomasa bajo salinidad, mientras que valores cercanos a cero reflejan ausencia de efecto del tratamiento. Las barras corresponden a las medias estimadas y las líneas a los errores estándar. La línea horizontal discontinua indica una diferencia igual a cero (sin efecto del tratamiento). Los asteriscos indican el nivel de significancia (* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; *** $p \leq 0.001$; ns: no significativo).

En la longitud total de la raíz (Fig. 6a), la mayoría de los materiales presentó valores negativos, lo que indica una disminución del crecimiento radical bajo

condiciones salinas. Los materiales M2, M19, M3 y M4 mostraron las mayores reducciones, con diferencias significativas, evidenciando alta sensibilidad al estrés. En contraste, materiales como M10, M18, M12 y M11 presentaron valores cercanos o superiores a cero sin diferencias significativas, lo que indica estabilidad o incluso una ligera tendencia al incremento en la longitud radical bajo salinidad.

Para el volumen total de raíz (Fig. 6b), se observó un patrón similar. Los materiales M2, M4, M19 y M3 presentaron reducciones significativas, seguidos por M1 y M20 con disminuciones moderadas. Por otro lado, materiales como M10 y M18 no mostraron diferencias significativas, manteniendo valores cercanos a cero, mientras que M11 y M12 presentaron valores positivos, indicando un incremento en el volumen radical bajo condiciones salinas, aunque sin diferencias significativas.

5.- DISCUSIÓN

La salinidad provocó una reducción generalizada en la germinación de todos los materiales evaluados, lo que confirma la alta sensibilidad de esta etapa al estrés osmótico. Este efecto ha sido ampliamente documentado en cereales, donde la disminución del potencial hídrico del medio limita la imbibición y retrasa la activación metabólica de la semilla (Ashraf & Foolad, 2005; Munns & Tester, 2008). No obstante, la magnitud de la reducción fue variable entre materiales, destacando M2 (B-seco) y M18 (C-templado) como los genotipos con menor disminución en la germinación, lo que sugiere una mayor estabilidad fisiológica en condiciones salinas. Resultados similares han sido reportados en trigo y cebada, donde ciertos genotipos mantienen la germinación bajo salinidad debido a una mejor regulación osmótica y protección celular (Ashraf & Foolad, 2005; Kaya *et al.*, 2006; Munns & Tester, 2008).

En contraste, materiales como M3, M11, M10 y M1 presentaron reducciones intermedias, mientras que la variedad comercial no destacó en esta variable, lo que evidencia que los materiales nativos pueden presentar ventajas adaptativas en condiciones adversas. Sin embargo, es importante señalar que una alta germinación bajo estrés no necesariamente se traduce en un adecuado desarrollo de plántula, ya que la salinidad puede afectar de manera diferencial las etapas posteriores del crecimiento (Farooq *et al.*, 2015). Este comportamiento fue evidente en el presente estudio, donde la evaluación de biomasa y morfología radical permitió identificar diferencias más marcadas en la tolerancia entre materiales.

En términos de biomasa y variables radicales, los materiales de origen templado (M18, M11 y M12) mostraron un mejor desempeño bajo condiciones salinas, destacando por una mayor estabilidad en el crecimiento de la plántula. Este tipo de respuesta ha sido reportado en trigo y otros cereales, donde la tolerancia a la salinidad está asociada con la capacidad de mantener la acumulación de biomasa y la funcionalidad del sistema radical (Munns *et al.*, 2006; Roy *et al.*, 2014). De estos materiales, únicamente M18 había mostrado previamente estabilidad en la germinación, lo que indica que la tolerancia puede expresarse de manera diferencial según la etapa fenológica.

Por otro lado, en ausencia de estrés salino, los materiales provenientes de ambientes secos (B-seco) mostraron un mayor desarrollo de plántula, evidenciando un alto potencial productivo bajo condiciones óptimas. Este comportamiento sugiere que estos materiales poseen características favorables para programas de mejoramiento genético, a pesar de su susceptibilidad a la salinidad. Este patrón coincide con lo reportado en el germoplasma de trigo adaptado a zonas áridas, donde se observa alto vigor en condiciones favorables pero menor tolerancia al estrés salino debido a la falta de mecanismos específicos de exclusión iónica (Flowers & Yeo, 1995; Blum, 2011).

La variedad comercial, por su parte, no mostró un desempeño superior en ninguna de las variables evaluadas. Aunque no fue el material más susceptible, tampoco superó a los materiales nativos, lo que refuerza la importancia de explorar germoplasma local como fuente de variabilidad genética para tolerancia a estrés (Ceccarelli, 1996).

Un aspecto relevante es que, a pesar de su distinto origen climático, todos los materiales evaluados provienen de regiones caracterizadas por condiciones ambientales extremas, incluyendo baja precipitación y alta radiación solar. Estas condiciones han sido asociadas con la selección de genotipos con adaptaciones específicas al estrés abiótico; sin embargo, la tolerancia a la sequía no implica necesariamente tolerancia a la salinidad, debido a la naturaleza más compleja de este último estrés (Munns & Tester, 2008).

La diferencia en la respuesta entre los materiales puede explicarse por su adaptación al ambiente de origen. Los materiales provenientes de regiones secas están adaptados a déficit hídrico, pero no necesariamente a suelos salinos, por lo que presentan un buen desarrollo bajo condiciones de control, pero son más afectados en presencia de sales. En contraste, los materiales de clima templado pueden presentar una mayor plasticidad fisiológica, incluyendo mecanismos de ajuste osmótico e iónico que les permiten mantener el crecimiento bajo estrés salino (Zhang *et al.*, 2010; Roy *et al.*, 2014).

En este contexto, los materiales M11, M12 y M18, que mostraron mayor estabilidad bajo salinidad, provienen de regiones de Turquía y Afganistán, caracterizadas por alta variabilidad ambiental, radiación intensa y, en muchos casos, suelos marginales con problemas de salinidad. Estas condiciones favorecen la selección de genotipos con mayor plasticidad fenotípica y capacidad de ajuste osmótico, lo cual ha sido documentado en estudios de adaptación de cultivos en ambientes marginales (Ceccarelli *et al.*, 2010).

Particularmente, el material M18 proviene de una región de altitud intermedia (~993 m) en Afganistán, donde las condiciones semiáridas, combinadas con procesos de evaporación intensa, favorecen la acumulación de sales en el suelo. En contraste, materiales como M3 y M4, provenientes de zonas de menor altitud, pueden estar menos expuestos a estos procesos, lo que explicaría su menor tolerancia. La relación entre altitud, evaporación y salinización del suelo ha sido ampliamente reportada en sistemas agrícolas de regiones áridas, donde la acumulación de sales está asociada con el balance hídrico y las condiciones edáficas locales (Rengasamy, 2006; FAO, 2015).

En conjunto, los resultados indican que la tolerancia a la salinidad en etapas tempranas del desarrollo del trigo depende de la interacción entre el origen del material, su plasticidad fisiológica y su capacidad de ajuste osmótico y radical. En este sentido, los materiales M11, M12 y M18 representan genotipos promisorios para ambientes salinos.

6.- CONCLUSIONES

En conjunto, los resultados demuestran que la salinidad afecta de manera diferencial las etapas tempranas del desarrollo del trigo, impactando no solo la germinación, sino principalmente el crecimiento de la plántula y la funcionalidad del sistema radical. La verdadera tolerancia al estrés salino se relacionó con la capacidad de mantener el crecimiento y la producción de biomasa bajo estas condiciones. En este contexto, los materiales de origen templado, particularmente M11, M12 y M18, mostraron mayor estabilidad fisiológica, lo que sugiere mecanismos de ajuste osmótico y adaptación más eficientes. En contraste, los

materiales de ambientes secos presentaron buen desempeño en condiciones óptimas, pero mayor susceptibilidad a la salinidad, evidenciando que la adaptación a sequía no implica necesariamente tolerancia a sales. Asimismo, el comportamiento intermedio de la variedad comercial resalta el valor del germoplasma nativo como fuente de variabilidad genética útil. En consecuencia, M11, M12 y M18 destacan como candidatos promisorios para programas de mejoramiento genético dirigidos a ambientes salinos.

7. LITERATURA CITADA

- Anzooman, M., Christopher, J., Dang, Y. P., Menzies, N. W., & Kopittke, P. M. (2023). Genotypic variability in wheat response to sodicity: Evaluating growth and ion accumulation in the root and shoot. *Agronomy*, 13(12), 3035.
<https://doi.org/10.3390/agronomy13123035>
- Argente Martínez, L., Fonseca Reyna, I., & Yépez González, E. (2016). Respuesta fisiológica de plantas de trigo sometidas a estrés salino. *Cultivos Tropicales*, 37(4), 45–53.
- Argente Martínez, L., Garatuza-Payán, J., Yáñez-López, R., Arredondo, T., & García-López, J. (2017). Physiological responses of wheat (*Triticum aestivum* L.) to salinity stress. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 40(2), 155–163.
- Ashraf, M., & Foolad, M. R. (2005). Pre-sowing seed treatment—a shotgun approach to improve germination, plant growth, and crop yield under saline and non-saline conditions. *Advances in Agronomy*, 88, 223–271.
[https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(05\)88006-X](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(05)88006-X)
- Ashraf, M., & Harris, P. J. C. (2004). Potential biochemical indicators of salinity tolerance in plants. *Plant Science*, 166, 3–16.
<https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2003.10.024>
- Bates, D., Mächler, M., Bolker, B., & Walker, S. (2015). Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software*, 67(1), 1–48.
<https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
- Bernardo, R. (2010). *Breeding for quantitative traits in plants* (2nd ed.).

Stemma Press.

- Bewley, J. D., Bradford, K. J., Hilhorst, H. W. M., & Nonogaki, H. (2013). *Seeds: Physiology of development, germination and dormancy* (3rd ed.). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-4693-4>
- Blum, A. (2011). *Plant breeding for water-limited environments*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-7491-4>
- Bradford, K. J. (1990). A water relations analysis of seed germination rates. *Plant Physiology*, 94, 840–849. <https://doi.org/10.1104/pp.94.2.840>

Braun, H. J., Atlin, G., & Payne, T. (2020). Multi-location testing as a tool to identify plant response to global climate change. En M. P. Reynolds (Ed.), *Climate change and crop production* (pp. 115–138). CABI.

<https://doi.org/10.1079/9781845936334.0115>

- Camarena-Barragán, A. (2002). *Variedades tradicionales de trigo en el norte de México y su importancia agronómica* [Tesis de licenciatura, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro].
- Cattivelli, L., Rizza, F., Badeck, F. W., Mazzucotelli, E., Mastrangelo, A. M., Francia, E., Marè, C., Tondelli, A., & Stanca, A. M. (2008). Drought tolerance improvement in crop plants: An integrated view from breeding to genomics. *Field Crops Research*, 105(1–2), 1–14.
<https://doi.org/10.1016/j.fcr.2007.07.004>
- Ceccarelli, S. (1996). Positive interpretation of genotype by environment interactions in relation to sustainability and biodiversity. *Plant Adaptation and Crop Improvement*, 467–486.
- Ceccarelli, S., Grando, S., Maatougui, M., Michael, M., Slash, M., Haghparast, R., Rahmanian, M., Taheri, A., Al-Yassin, A., & Benbelkacem, A. (2010). Plant breeding and climate changes. *Journal of Agricultural Science*, 148(6), 627–637. <https://doi.org/10.1017/S0021859610000554>
- Charmet, G. (2011). Wheat domestication: Lessons for the future. *Comptes Rendus Biologies*, 334(3), 212–220.
<https://doi.org/10.1016/j.crv.2010.12.013>
- Close, T. J. (1997). Dehydrins: A commonality in the response of plants to dehydration and low temperature. *Physiologia Plantarum*, 100(2), 291–296.
<https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.1997.tb04785.x>

□

□

- Cobb, J. N., DeClerck, G., Greenberg, A., Clark, R., & McCouch, S. (2013). Next-generation phenotyping: requirements and strategies for enhancing our understanding of genotype–phenotype relationships and its relevance to crop improvement. *Theoretical and Applied Genetics*, 126, 867–887. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2066-0>
- Evans, L. T., & Wardlaw, I. F. (1976). Aspects of the comparative physiology of grain yield in cereals. *Advances in Agronomy*, 28, 301–359. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60558-1](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60558-1)
- Farooq, M., Hussain, M., Wakeel, A., & Siddique, K. H. M. (2014). Salinity stress in wheat: Effects, mechanisms and management. *Agronomy for Sustainable Development*, 34(3), 491–505. <https://doi.org/10.1007/s13593014-0193-1>
- Farooq, M., Hussain, M., Wakeel, A., & Siddique, K. H. M. (2015). Salt stress in maize and wheat: Effects, resistance mechanisms, and management. *Agronomy for Sustainable Development*, 35, 461–481. <https://doi.org/10.1007/s13593-015-0287-0>
- Farooq, M., Rafique, S., Zahra, N., Rehman, A., & Siddique, K. H. M. (2024). Root system architecture and salt stress responses in cereal crops. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 210(6), e12776. <https://doi.org/10.1111/jac.12776>
- Farooq, M., Wahid, A., Kobayashi, N., Fujita, D., & Basra, S. M. A. (2009). Plant drought stress: effects, mechanisms and management. *Agronomy for Sustainable Development*, 29, 185–212. <https://doi.org/10.1051/agro:2008021>
- Fiorani, F., & Schurr, U. (2013). Future scenarios for plant phenotyping. *Annual Review of Plant Biology*, 64, 267–291. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120137>
- Fleury, D., Jefferies, S., Kuchel, H., & Langridge, P. (2010). Genetic and genomic tools to improve drought tolerance in wheat. *Journal of*

- Experimental Botany, 61(12), 3211–3222. <https://doi.org/10.1093/jxb/erq152>
- Flowers, T. J., & Colmer, T. D. (2008). Salinity tolerance in halophytes. *New Phytologist*, 179(4), 945–963. <https://doi.org/10.1111/j.14698137.2008.02531.x>
- Flowers, T. J., & Yeo, A. R. (1995). Breeding for salinity resistance in crop plants: Where next? *Australian Journal of Plant Physiology*, 22(6), 875–884. <https://doi.org/10.1071/PP9950875>
- Food and Agriculture Organization (FAO). (2015). *Status of the world's soil resources*. FAO.
- Food and Agriculture Organization (FAO). (2017). Water for sustainable food and agriculture: A report produced for the G20 Presidency of Germany. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
 - Food and Agriculture Organization (FAO). (2021). El estado mundial de la agricultura y la alimentación 2021: Lograr sistemas agroalimentarios más resilientes. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. <https://www.fao.org/3/cb4476es/cb4476es.pdf>
 - Food and Agriculture Organization (FAO). (2023). FAOSTAT statistical database. <https://www.fao.org/faostat/>
 - Foulkes, M. J., Sylvester-Bradley, R., Weightman, R., & Snape, J. W. (2007). Identifying physiological traits associated with improved drought resistance in winter wheat. *Field Crops Research*, 103(1), 11–24. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2007.04.007>
 - Furbank, R. T., & Tester, M. (2011). Phenomics—Technologies to relieve the phenotyping bottleneck. *Trends in Plant Science*, 16(12), 635–644. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2011.09.005>

□

□

- Gupta, P. K., Kulwal, P. L., & Jaiswal, V. (2020). Association mapping in crop plants: Opportunities and challenges. *Advances in Genetics*, 104, 109–148. <https://doi.org/10.1016/bs.adgen.2018.11.005>
- Haas, M., Schreiber, M., & Mascher, M. (2019). Domestication and crop evolution of wheat and barley: Genes, genomics, and future directions. *Journal of Integrative Plant Biology*, 61(3), 204–225. <https://doi.org/10.1111/jipb.12737>
- Hasanuzzaman, M., Bhuyan, M. H. M. B., Zulfiqar, F., Raza, A., Mohsin, S. M., Mahmud, J. A., Fujita, M., & Fotopoulos, V. (2020). Reactive oxygen species and antioxidant defense in plants under abiotic stress. *Antioxidants*, 9(8), 681. <https://doi.org/10.3390/antiox9080681>
- Hawkesford, M. J., Araus, J.-L., Park, R., Calderini, D., Miralles, D., Shen, T., Zhang, J., & Parry, M. A. J. (2013). Prospects of doubling global wheat yields. *Food and Energy Security*, 2(1), 34–48. <https://doi.org/10.1002/fes3.15>
- Hay, R. K. M., & Porter, J. R. (2006). *The physiology of crop yield* (2nd ed.). Blackwell
- Hernández-Rodríguez, M., Romo-Lozano, J. L., Barrios-Puente, G., & Cuevas-Alvarado, C. M. (2023). Climate change and its effects on agriculture in Mexico. *Agrociencia*, 57(2), 369–397. <https://doi.org/10.47163/agrociencia.v57i2.2523>
- Hodge, A. (2004). The plastic plant: Root responses to heterogeneous supplies of nutrients. *New Phytologist*, 162(1), 9–24. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2004.01015.x>
- Hundertmark, M., & Hinch, D. K. (2008). LEA (Late Embryogenesis Abundant) proteins and their encoding genes in *Arabidopsis thaliana*. *BMC Genomics*, 9, 118. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-9-118>
- International Grains Council (IGC). (2024). *Grain Market Report*. London, UK.

- IPCC. (2021). *Climate change 2021: The physical science basis*. Cambridge University Press.
 - Kaya, M. D., Okçu, G., Atak, M., Çıkılı, Y., & Kolsarıcı, Ö. (2006). Seed treatments to overcome salt and drought stress during germination in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *European Journal of Agronomy*, 24(4), 291–295. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2005.08.001>
 - Kirby, E. J. M. (2002). Botany of the wheat plant. En B. C. Curtis, S. Rajaram, & H. Gómez Macpherson (Eds.), *Bread wheat: Improvement and production*. FAO.
 - Kochak-Zadeh, A., Mousavi, S.-H., & Eshraghi-Nejad, M. (2013). Effect of salinity stress on germination and seedling growth of native and bred varieties of wheat. *Journal of Novel Applied Sciences*, 2(12), 703–709
- Lobet, G., Pagès, L., & Draye, X. (2011). A novel image-analysis toolbox enabling quantitative analysis of root system architecture. *Plant Physiology*, 157(1), 29–39. <https://doi.org/10.1104/pp.111.179895>

□

□

Lopes, M. S., El-Basyoni, I., Baenziger, P. S., Singh, S., Royo, C., Özbek, K., Aktas, H., Ozer, E., Ozdemir, F., Manickavelu, A., Ban, T., & Vikram, P. (2015). Exploiting genetic diversity from landraces in wheat breeding for adaptation to climate change. *Journal of Experimental Botany*, *66*(12), 3477–3486. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv122>

- Lynch, J. P. (1995). Root architecture and plant productivity. *Plant Physiology*, *109*(1), 7–13. <https://doi.org/10.1104/pp.109.1.7>
- Lynch, J. P. (2013). Steep, cheap and deep: An ideotype to optimize water and N acquisition by maize root systems. *Annals of Botany*, *112*(2), 347–357. <https://doi.org/10.1093/aob/mcs293>
- Lynch, J. P. (2019). Root phenotypes for improved nutrient capture: An underexploited opportunity for global agriculture. *New Phytologist*, *223*(2), 548–564. <https://doi.org/10.1111/nph.15738>
- Maas, E. V., & Hoffman, G. J. (1977). Crop salt tolerance—Current assessment. *Journal of the Irrigation and Drainage Division*, *103*, 115–134.
- Manske, G. G. B., & Vlek, P. L. G. (2002). Root architecture—Wheat as a model plant. En Y. Waisel, A. Eshel, & U. Kafkafi (Eds.), *Plant roots: The hidden half* (3rd ed., pp. 249–259).
- Marcussen, T., Sandve, S. R., Heier, L., Spannagl, M., Pfeifer, M., Jakobsen, K. S., Wulff, B. B. H., Steuernagel, B., Mayer, K. F. X., & Olsen, O.-A. (2014). Ancient hybridizations among the ancestral genomes of bread wheat. *Science*, *345*(6194), 1250092. <https://doi.org/10.1126/science.1250092>
- Maurel, C., & Nacry, P. (2020). Root architecture and hydraulics converge for acclimation to changing water availability. *Nature Plants*, *6*, 744–749. <https://doi.org/10.1038/s41477-020-0684-5>

□

□

- Munns, R., & James, R. A. (2003). Screening methods for salinity tolerance: A case study with tetraploid wheat. *Plant and Soil*, 253, 201–218.

<https://doi.org/10.1023/A:1024553303144>

Munns, R., James, R. A., & Läuchli, A. (2006). Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. *Journal of Experimental Botany*,

57(5), 1025–1043. <https://doi.org/10.1093/jxb/erj100>

Munns, R., & Tester, M. (2008). Mechanisms of salinity tolerance. *Annual Review of Plant Biology*, 59, 651–681.

<https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.59.032607.092911>

- Munns, R., James, R. A., Xu, B., Athman, A., Conn, S. J., Jordans, C., ... Tester, M. (2012). Wheat grain yield on saline soils is improved by an ancestral Na⁺ transporter gene. *Nature Biotechnology*, 30(4), 360–364. <https://doi.org/10.1038/nbt.2120>
- Nakashima, K., Ito, Y., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2012). Transcriptional regulatory networks in response to abiotic stresses in Arabidopsis and grasses. *Plant Physiology*, 160(1), 17–27. <https://doi.org/10.1104/pp.112.202125>
- Parida, A. K., & Das, A. B. (2005). Salt tolerance and salinity effects on plants: A review. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 60(3), 324–349. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2004.06.010>
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding. *Euphytica*, 161, 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Qadir, M., Quill rou, E., Nangia, V., et al. (2014). Economics of salt-induced land degradation and restoration. *Natural Resources Forum*, 38(4), 282–295. <https://doi.org/10.1111/1477-8947.12054>

□

□

- R Core Team. (2017). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.Rproject.org/>
- Regent Instruments Inc. (2003). *WinRHIZO Pro (Version 3.10b)* [Computer software]. Quebec, Canada.
- Rengasamy, P. (2002). Transient salinity and subsoil constraints to dryland farming in Australian sodic soils: An overview. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 42 (3), 351–361. <https://doi.org/10.1071/EA01111>
- Rengasamy, P. (2006). World salinization with emphasis on Australia. *Journal of Experimental Botany*, 57(5), 1017–1023. <https://doi.org/10.1093/jxb/erj108>
- Rengasamy, P. (2010). Soil processes affecting crop production in saltaffected soils. *Functional Plant Biology*, 37 (7), 613–620. <https://doi.org/10.1071/FP09249>
- Reynolds, M. P., Dreccer, F., & Trethowan, R. (2007). Drought-adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. *Journal of Experimental Botany*, 58(2), 177–186. <https://doi.org/10.1093/jxb/erl250>
- Reynolds, M. P., Lewis, J. M., Ammar, K., Basnet, B. R., Crespo-Herrera, L., Crossa, J., Dhugga, K. S., Dreisigacker, S., Juliana, P., Karwat, H., Kishii, M., Krause, M. R., Langridge, P., Lashkari, A., Mondal, S., Payne, T., Pequeno, D., Pinto, F., Sansaloni, C., Schulthess, U., Singh, R. P., Sonder, K., Sukumaran, S., Xiong, W., & Braun, H. J. (2021). Harnessing translational research in wheat for climate resilience. *Journal of Experimental Botany*, 72(14), 5134–5157. <https://doi.org/10.1093/jxb/erab256>
- Roy, S. J., Negrão, S., & Tester, M. (2014). Salt resistant crop plants. *Current Opinion in Biotechnology*, 26, 115–124.

□

□

<https://doi.org/10.1016/j.copbio.2013.12.004>

- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2023). *Anuario estadístico de la producción agrícola*. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2024). *Avances de siembras y cosechas y perspectivas de producción agrícola*. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural.
- Shabala, S. (2013). Learning from halophytes: Physiological basis and strategies to improve abiotic stress tolerance in crops. *Annals of Botany*, 112(7), 1209–1221. <https://doi.org/10.1093/aob/mct205>
- Shewry, P. R., & Hey, S. J. (2015). The contribution of wheat to human diet and health. *Food and Energy Security*, 4(3), 178-202. <https://doi.org/10.1002/fes3.64>

Shrivastava, P., & Kumar, R. (2015). Soil salinity: A serious environmental issue and plant growth promoting bacteria as one of the tools for its

□

□

alleviation. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 22(2), 123–131.

<https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2014.12.001>

- Slafer, G. A., Savin, R., & Sadras, V. O. (2014). Coarse and fine regulation of wheat yield components in response to genotype and environment. *Field Crops Research*, 157, 71–83. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2013.12.004>
- Suhalia, A., Sharma, A., Kaur, S., et al. (2023). Characterization of Mexican wheat landraces for drought and salt stress tolerance potential for future breeding. *Cereal Research Communications*, 51, 703–714.
<https://doi.org/10.1007/s42976-022-00326-6>
- Sumner, M. E. (1993). Sodic soils: New perspectives. *Australian Journal of Soil Research*, 31 (6), 683–750. <https://doi.org/10.1071/SR9930683>
- Taiz, L., Zeiger, E., Møller, I. M., & Murphy, A. (2015). *Plant physiology and development* (6th ed.). Sinauer Associates.
- United States Department of Agriculture (USDA). (2024). World Agricultural Supply and Demand Estimates (WASDE). U.S. Department of Agriculture, Foreign Agricultural Service.
- Wasson, A. P., Richards, R. A., Chatrath, R., Misra, S. C., Sai Prasad, S. V., Rebetzke, G. J., Kirkegaard, J. A., Christopher, J., & Watt, M. (2012). Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in waterlimited wheat crops. *Journal of Experimental Botany*, 63(9), 3485–3498. <https://doi.org/10.1093/jxb/ers111>
- Werner, A. D., Bakker, M., Post, V. E. A., Vandenbohede, A., Lu, C., AtaieAshtiani, B., Simmons, C. T., & Barry, D. A. (2013). *Seawater intrusion processes, investigation and management: Recent advances and future challenges*. *Advances in Water Resources*, 51, 3–26.
<https://doi.org/10.1016/j.advwatres.2012.03.004>

- Zhang, H., Zhu, J., Gong, Z., & Zhu, J.K. (2022). Abiotic stress responses in plants. *Nature Reviews Genetics*, 23(2), 104–119.
<https://doi.org/10.1038/s41576-021-00413-0>
- Zhang, J., Shi, H., & Huang, W. (2010). Physiological and molecular mechanisms of plant salt tolerance. *Photosynthesis Research*, 105, 1–11.
<https://doi.org/10.1007/s11120-010-9576-8>
- Zhu, J.-K. (2002). Salt and drought stress signal transduction in plants. *Annual Review of Plant Biology*, 53, 247–273.
<https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.53.091401.143329>
- Zhu, J.-K. (2016). Abiotic stress signaling and responses in plants. *Cell*, 167(2), 313–324. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.08.029>
- Zörb, C., Geilfus, C.-M., & Dietz, K.-J. (2018). Salinity and crop yield. *Plant Biology*, 21(Suppl. 1), 31–38. <https://doi.org/10.1111/plb.12884>