





## Respuesta al estrés por salinidad de familias $S_1$ de dos poblaciones de maíz

### Response to salinity stress of $S_1$ families from two maize populations

Julio C. Velázquez-Ventura<sup>1</sup> ,  
Froylán Rincón-Sánchez<sup>2\*</sup> ,  
Norma Angélica Ruíz-Torres<sup>3</sup> ,  
Juan Manuel Martínez-Reyna<sup>2</sup> 

<sup>1</sup>Estudiante de Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN). Calzada Antonio Narro 1923, Buenavista, CP. 25315, Saltillo, Coahuila, México.

<sup>2</sup>Departamento de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN). Calzada Antonio Narro 1923, Buenavista, CP. 25315, Saltillo, Coahuila, México.

<sup>3</sup>Centro de Capacitación y Desarrollo de Tecnología de Semillas, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN). Calzada Antonio Narro 1923, Buenavista, CP. 25315, Saltillo, Coahuila, México.

\*Autor de correspondencia:  
frincon@uaan.edu.mx

#### Artículo científico

Recibido: 27 de junio de 2019  
Aceptado: 04 de febrero de 2020

Como citar: Velázquez-Ventura JC, Rincón-Sánchez F, Ruíz-Torres NA, Martínez-Reyna JM (2020) Respuesta al estrés por salinidad de familias  $S_1$  de dos poblaciones de maíz. Ecosistemas y Recursos Agropecuarios 7(1): e2355. DOI: 10.19136/era.a7n1.2355

**RESUMEN.** La salinidad es uno de los factores abióticos limitantes de la producción. El objetivo de la presente investigación fue determinar la respuesta de líneas  $S_1$  de dos poblaciones de maíz en condiciones de estrés por salinidad y su relación con el rendimiento de grano. El material genético consistió de 100 Líneas  $S_1$  que se sometieron a evaluación con y sin estrés por salinidad en laboratorio e invernadero, y la evaluación del rendimiento de grano. En laboratorio se determinó el porcentaje de germinación (GERM); en invernadero y laboratorio, el peso seco de raíz (PSR) y el peso seco de vástago (PSV). En laboratorio, se encontró una disminución en la respuesta del 72.1% en GERM, y de 40.1 y 44.1% para el PSR y PSV, respectivamente; en invernadero, solo el PSV siguió el patrón de respuesta a las condiciones de estrés, con una disminución del 33.0%. El PSR y PSV bajo estrés en invernadero (PSR\_EI y PSV\_EI) se correlacionaron de forma positiva con PSV\_NL con valores de  $r = 0.282^{**}$  y  $r = 0.185$ , respectivamente. El PSR y PSV sin estrés en invernadero (PSR\_NI y PSV\_NI) se correlacionaron de forma positiva con el rendimiento de grano con valores de  $r = 0.250^*$  y  $r = 0.237^*$ , respectivamente. Se encontró variación genética entre líneas  $S_1$  en los caracteres estudiados, incluyendo el rendimiento de grano. Se considera al peso seco de raíz (PSR) y de vástago (PSV) con y sin estrés en ensayos de invernadero como atributos con potencial para realizar selección temprana de genotipos de maíz.

**Palabras clave:** *Zea mays* L., respuesta correlacionada, efectos ambientales, estrés salino, selección temprana.

**ABSTRACT.** Salinity is one of the abiotic factors limiting the production. The objectives of this research were to determine the response of  $S_1$  lines of two maize populations to conditions to salinity stress and their relationship to grain yield. The genetic material consisted of 100  $S_1$  Lines which were subjected to stress evaluation with and without salinity in laboratory and greenhouse, and the assessment of grain yield performance. The germination percentage (GERM) was determined in the laboratory; in the greenhouse and laboratory, dry root weight (PSR) and dry stem weight (PSV). In laboratory, a 72.1% decrease in the response was found in GERM, and 40.1 and 44.1% for PSR and PSV, respectively; in the greenhouse only PSV followed the pattern of response to stress conditions, with a decrease of 33.0%. PSR and PSV under stress in the greenhouse (PSR\_EI and PSV\_EI) positively correlated with PSV\_NL with values of  $r = 0.282^{**}$  and  $r = 0.185$ , respectively. The PSR and PSV under normal conditions in the greenhouse (PSR\_NI and PSV\_NI) positively correlated with the grain yield with values of  $r = 0.250^*$  and  $r = 0.237^*$ , respectively. Genetic variation was found between  $S_1$  lines in the characters studied, including grain yield. The dry root weight (PSR) and stem weight (PSV) determined under normal and stress conditions in greenhouse trials are considered potential attributes trials for early selection of maize genotypes.

**Key words:** *Zea mays* L., correlated response, environmental effects, saline stress, early selection.

## INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos alimenticios más antiguos y de suma importancia en la producción mundial de alimentos; su relevancia se debe a que se utiliza para la alimentación humana y de animales. El estado de Coahuila se localiza al centro norte de México, el clima es principalmente seco a muy seco y semicálido; la precipitación media anual varía de 350 a 450 mm, temperatura media anual entre 18 y 22 °C, con presencia de heladas tempranas (INEGI 2015), condiciones ambientales que se consideran críticas para el desarrollo y productividad del maíz. En el estado de Coahuila, la superficie sembrada en 2017 fue de 30.7 mil ha de maíz para grano, de estas, en el sureste del estado se sembraron 27.0 mil ha (88.1%), de las cuales el 97.9% fue bajo condiciones de temporal o secano (SIAP 2017). Las siembras en el sureste del estado de Coahuila se realizan principalmente con variedades nativas (Rincón *et al.* 2010), adaptadas a los diferentes nichos ecológicos que representan la diversidad del maíz (Arteaga *et al.* 2016).

El cambio climático es uno de los desafíos que enfrentan los fitomejoradores para identificar poblaciones adaptadas con alelos favorables, y estrategias apropiadas de selección para su incorporación y aprovechamiento para mitigar los efectos a las modificaciones ambientales (Hellin *et al.* 2014). La salinidad es uno de los factores abióticos limitantes de la producción, principalmente en regiones de clima árido y semiárido, estrés que se manifiesta en bajos rendimientos de los cultivos, escases de semilla para siembra y en ocasiones, pérdida de variedades. Se proyecta que la salinización impactará el 50% de los cultivos alrededor del mundo en el 2050, lo que tendrá marcados efectos en la producción (Luo *et al.* 2017, Butcher *et al.* 2018).

El maíz es uno de los cultivos más sensibles a la salinidad, ya que es afectado de diferentes maneras, como efectos osmóticos, toxicidad de iones específicos y trastornos nutricionales; con efectos en su morfología, metabolismo y crecimiento (Hoque *et al.* 2015). La evaluación del potencial genético de las poblaciones y su adaptación a diversos factores

ambientales, permite identificar alelos favorables para incorporarlos en esquemas de selección para el desarrollo de germoplasma. El uso de genotipos tolerantes a la salinidad, puede ser una alternativa para contrarrestar los efectos ocasionados por el cambio climático, por lo que se deben implementar acciones que permitan discriminar entre genotipos sobresalientes (Giaveno *et al.* 2007). Al respecto, se proponen que los caracteres de vigor como el peso y la tasa de crecimiento de plántulas bajo condiciones de estrés pueden usarse como criterios de selección en el maíz en los programas de mejoramiento. Además de las determinaciones de peso seco de los componentes de la plántula y semilla que se consideran como expresión de vigor (Marcos-Filho 2015).

La selección fenotípica en ambientes bajo estrés, es importante para lograr beneficios en la obtención de materiales genéticos con tolerancia, para contribuir de forma efectiva en el mejoramiento genético y el desarrollo de nuevos materiales genéticos con adaptación y potencial de rendimiento en áreas limitantes (Cooper *et al.* 2014). Estudios realizados bajo condiciones de estrés hídrico indican que a pesar de lo exitoso que es la selección fenotípica, existen desafíos para mejorar la respuesta a la selección, lo que implica estudios precisos con la interacción genotipo x ambiente en condiciones de estrés y las correlaciones entre los rasgos de tolerancia (Cooper *et al.* 2014, Lobell *et al.* 2014). Por lo que la estimación precisa de las correlaciones entre estos, puede ayudar a definir las estrategias de selección en programas de mejoramiento (Días *et al.* 2018). Por lo que la asociación entre genotipos y la expresión de caracteres de interés en ambientes contrastantes puede ser útil para realizar selección indirecta en etapas tempranas del proceso de mejoramiento genético (Falconer y Mackay 1996).

En el sureste del estado de Coahuila, se han identificados poblaciones de maíz adaptadas a áreas intermedias, con buen comportamiento en valles altos, adaptación específica en localidades contrastantes, buen potencial de rendimiento y estabilidad a través de ambientes (Espinosa *et al.* 2019). El objetivo de la presente investigación fue determi-

nar la respuesta de líneas S<sub>1</sub> de dos poblaciones de maíz a condiciones contrastantes de estrés por salinidad en laboratorio e invernadero y su relación con rendimiento de grano en campo. Lo anterior, con base en el supuesto de que la evaluación temprana bajo condiciones de estrés puede identificar caracteres con potencial para ser incluidos como criterio complementario de la selección genética.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Material genético

Se utilizaron 100 familias de autohermanos (Líneas S<sub>1</sub>), seleccionadas de dos poblaciones de maíz de la raza Ratón, adaptadas a las condiciones ambientales del sureste de Coahuila; 61 familias de la población R7ENE y 39 de la población RNUN. Las poblaciones en estudio provienen de las localidades Siete de Enero (R7ENE) del municipio de Parras (25° 13' 4" LN, 101° 57' 32" LO, 1 506 m) y Nuncio (RNUN) del municipio de Arteaga (25° 17' 1" LN, 100° 19' 12" LO, 1 705 m), Coahuila, respectivamente. En el ciclo agrícola primavera-verano 2016, se obtuvieron familias de autohermanos de las poblaciones, en la cosecha, se seleccionaron aquellas que presentaron las características de ambas poblaciones (forma de mazorca, color y tipo de grano). Las poblaciones se identificaron previamente por su potencial de rendimiento y adaptación a condiciones ambientales de áreas intermedias (Espinosa *et al.* 2019).

### Ambientes de evaluación

Las líneas S<sub>1</sub> se sometieron a ensayos de evaluación en tres etapas: 1) Ensayo en laboratorio para determinar la calidad fisiológica bajo dos ambientes, con y sin estrés de salinidad, 2) Ensayo en invernadero para determinar el desarrollo en la etapa temprana con dos ambientes, con y sin estrés de salinidad, y 3) Ensayo de evaluación en campo, en la localidad El Mezquite, Galeana, Nuevo León. Los experimentos se establecieron bajo un diseño de bloques incompletos 10 x 10, con tres repeticiones por ambiente en laboratorio e invernadero. La aleatorización de los experimentos se realizó con

el programa de cómputo CropStat (IRRI 2007).

### Evaluación en laboratorio

Se realizó en el laboratorio de Fisiología y Bioquímica de Semillas, del Centro de Capacitación y Desarrollo de Tecnología de Semillas (CDDTS), de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), en Saltillo, Coahuila, México. La semilla de las familias de cada una de las poblaciones se sometió a condiciones de estrés por salinidad, para lo cual se utilizó solución salina a base de NaCl, con conductividad eléctrica de 22.8 mS cm<sup>-1</sup>, obtenida con una concentración de NaCl de 16.29 g L<sup>-1</sup>; de forma simultánea se evaluó bajo condiciones sin estrés, para lo cual se utilizó agua destilada (dH<sub>2</sub>O) en el riego. El ensayo de germinación se realizó con la prueba de germinación estándar, de acuerdo con las reglas de la ISTA (ISTA 2009), con modificación en el tamaño de muestra y número de repeticiones, que consistieron en la siembra de tres repeticiones de 12 semillas, en papel Anchor, humedecido con NaCl y dH<sub>2</sub>O, respectivamente en cada experimento; se aplicó un tratamiento con fungicida agrícola tiabendazol para evitar la propagación de hongos. Se enrollaron en forma de taco y se colocaron en bolsas de polietileno transparente en una canastilla plástica de forma vertical, y se mantuvieron en una cámara de crecimiento a temperatura de 25 ± 1 °C y 80% de humedad relativa, por siete días.

La primera evaluación se realizó al cuarto día, en la que se cuantificó el número de plántulas normales, considerando aquellas con una longitud igual o superior a 2.5 cm, tanto de plúmula, como del sistema radical. La segunda evaluación se realizó el séptimo día, para determinar el número de plántulas normales, para estimar el porcentaje de germinación (GERM). A cada plántula se le eliminó el remanente de la semilla, separando las partes del vástago y el sistema radical, para luego secarlo en un horno de secado Lumistell Modelo Htp-41 a una temperatura de 70 °C por 24 h, para obtener el peso seco de vástago (PSV) y peso seco de la radícula (PSR) en miligramos por planta (mg planta<sup>-1</sup>).

## Evaluación en invernadero

Se estableció en un invernadero tipo capilla número dos del Departamento de Fitomejoramiento de la UAAAN, durante los meses de agosto y septiembre de 2017. El invernadero cuenta con control pasivo de temperatura, la cual se registró cada cuatro horas durante el desarrollo del experimento, con un promedio diario de 31.0 °C durante el día y 18.3 °C por la noche y 50.9% de humedad relativa. Se usaron tres repeticiones del material genético en cada experimento, con y sin estrés; para realizar un manejo más eficiente, cada repetición se estableció en diferente fecha de siembra, las cuales fueron el 9, 17 y 25 de agosto. El periodo de evaluación de cada experimento tuvo una duración de 35 días. Se utilizaron bolsas de polietileno negro de 0.8 L de capacidad, usando como sustrato una mezcla de peat moss, perlita y vermiculita con una proporción de 2:1:1, respectivamente. De cada una de las familias se sembraron dos semillas en una maceta a 3 cm de profundidad, posteriormente, a los siete días se realizó un raleo para dejar una planta por unidad experimental.

Para el experimento bajo estrés se utilizó solución salina a base de NaCl, con una conductividad eléctrica de 22.8 mS cm<sup>-1</sup>; y para el tratamiento sin estrés, se utilizó una solución nutritiva de 1000 mg L<sup>-1</sup> preparada con el fertilizante comercial FertiDrip 20-30-10 + Microelementos. Se aplicaron riegos de forma manual, suministrando 100 mL de solución salina en las condiciones de estrés, y solución nutritiva en las condiciones sin estrés, a partir de la siembra; cada siete días se aplicaron riegos a cada unidad experimental. Para compensar la pérdida de agua se aplicaron riegos de auxilio con 500 mg L<sup>-1</sup> de solución nutritiva 20-30-10 + Microelementos en ambos experimentos, cuatro días después de cada riego con y sin estrés.

A los 35 días de evaluación, se retiró el sustrato de las raíces con una criba y se lavaron con agua corriente. Cada planta se extrajo por medio de un lavado para eliminar los residuos de semilla, separando la parte aérea o vástago y las raíces. Para luego secarlas en un horno de secado a temperatura de 70 °C por 48 h. Al final del periodo de

secado, se pesaron en una balanza analítica para obtener el peso seco del vástago (PSV) y peso seco de la raíz (PSR), expresados en g planta<sup>-1</sup> en los dos ambientes.

## Evaluación en campo

Debido a la limitante en la cantidad de semilla, se estableció solo una repetición de las familias en un diseño aumentado (Federer y Raghavarao 1975), donde se utilizaron cinco variedades repetidas: JAGUAN, POOL31, POOL32, POOL33 y POOL34 para estimar la varianza ambiental. Los genotipos (Líneas S<sub>1</sub> y Variedades) se sembraron en el ciclo agrícola Primavera-Verano 2017 bajo condiciones de riego, en la localidad El Mezquite, Galeana, Nuevo León (1 890 m, 25° 05' N, 100° 42' W), localizada a 10 km de los límites de Saltillo, Coahuila. Se utilizó una dosis de fertilización de 120-60-60 unidades de N, P y K, respectivamente. La unidad experimental estuvo constituida por un surco de 4 m, con distancia entre plantas de 0.20 m y entre surcos de 0.80 m. Se determinó el rendimiento de grano (REND) en t ha<sup>-1</sup> al 15% de humedad.

## Análisis de información

En los ensayos de evaluación (laboratorio, invernadero y campo), los ambientes (con y sin estrés), Genotipos y la interacción Genotipo × Ambiente se consideraron como efectos fijos; el resto de las fuentes de variación como aleatorios. En cada ensayo de evaluación, se realizó un análisis de varianza de acuerdo con el diseño experimental y la comparación múltiple de medias de Tukey con el procedimiento GLM de SAS (SAS 2004). Para identificar genotipos sobresalientes, en cada una de las variables evaluadas en laboratorio, invernadero y campo, se calculó un valor de decisión determinado por la media más uno y dos veces el error estándar de la media ( $\mu + EE$ ;  $\mu + 2EE$ ). Con los valores medios, se realizó un análisis de correlación simple de Pearson ( $r$ ) entre las características estudiadas de las familias en los ensayos y ambientes de evaluación. También, las medias de familias de cada combinación de variable × ambientes de evaluación se utilizaron para realizar un análisis de dispersión

gráfica basado en el análisis de componentes principales (ACP) con el modelo GGEbiplot (Yan y Kang 2003). Los dos primeros CP (CP1 y CP2) se utilizaron para generar un GGEbiplot de la siguiente manera:  $(y_{ij} - \beta_j)/s_j = \lambda_1 \xi_{i1} n_1 + \lambda_2 \xi_{i2} n_2 + \varepsilon_{ij}$ ; donde  $y_{ij}$  es el promedio del genotipo  $i$  en el carácter  $j$ ;  $s_j$  es la desviación estándar del carácter  $j$ ;  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$  son los valores característicos de los CP1 y CP2, respectivamente;  $\xi_{i1}$  y  $\xi_{i2}$  son los vectores propios de los genotipos  $i$  para los CP1 y CP2, respectivamente;  $n_{1j}$  y  $n_{2j}$  son los vectores propios del carácter  $j$  para CP1 y CP2, respectivamente; y  $\varepsilon_{ij}$  es el residual asociado con el genotipo  $i$  y el carácter  $j$ .

## RESULTADOS

Se presentan los resultados del análisis de varianza en la Tabla 1, para las variables utilizadas en la evaluación de laboratorio, invernadero, el porcentaje de germinación (GERM), el peso seco del sistema radical (PSR) y peso seco de vástago (PSV) de los ensayos realizados bajo condiciones con y sin estrés por salinidad, y el rendimiento de grano (REND) en la evaluación de campo.

En los ensayos de laboratorio e invernadero se encontraron diferencias ( $p \leq 0.01$ ) entre los Ambientes, en los caracteres estudiados, debido a las diferencias en las condiciones de estrés por salinidad. Las poblaciones estudiadas tuvieron diferencias en la GERM y el peso seco (PSR y PSV) en invernadero; pero en laboratorio y campo, no se encontraron diferencias entre ellas. En el caso del rendimiento de grano, los genotipos incluyeron las familias de las dos poblaciones y las variedades repetidas, lo que no permitió diferenciar las poblaciones estudiadas de las variedades. Sin embargo, con excepción del rendimiento de grano, en todos los casos se encontró variación significativa de las familias dentro de las poblaciones evaluadas; sin evidencia de interacción genotipo x ambiente (Tabla 1).

La comparación relativa de las medias de los ambientes de evaluación de laboratorio e invernadero se presenta en la Tabla 2. En laboratorio, se encontró una disminución en la respuesta del 72.1% en el porcentaje de germinación (GERM), y de 40.1 y

44.1% para el peso seco de raíz (PSR) y peso seco de vástago (PSV), respectivamente, lo que se puede atribuir al efecto del estrés por salinidad. En invernadero, se encontró una respuesta diferenciada entre el PSR y PSV; por un lado, el PSR, el ambiente de estrés tuvo una respuesta superior al testigo en un 7.6%; en tanto que el PSV, siguió el patrón de respuesta a las condiciones de estrés, con disminución del 33.0%.

La diferencia entre los ambientes de evaluación y la variación de familias dentro de poblaciones, sugiere realizar el análisis comparativo de la respuesta del peso seco en cada uno de los ambientes con el rendimiento de grano. Las medias del rendimiento de grano de las poblaciones y las mejores 25 familias identificadas de las variables utilizadas en los ensayos de laboratorio e invernadero se presentan en la Tabla 3. El análisis de los dos grupos de familias por ambientes permitió evidenciar diferencias entre las dos poblaciones en el rendimiento de grano, y las variables de peso seco en invernadero, excepto en el peso seco de raíz bajo condiciones de estrés. De las 12 familias seleccionadas por su potencial de rendimiento, más del 70.0% de los valores asociados al PSR y PSV mostraron una respuesta positiva, aunque sólo se encontraron diferencias en invernadero para el PSR y PSV en el ensayo sin estrés. De este grupo, la frecuencia mayor de las familias (66.0%) en el rendimiento de grano, corresponden a la población RNUN, lo que corrobora diferencias en los valores relativos entre las dos poblaciones estudiadas. Lo anterior, puede considerarse como una respuesta positiva del peso seco, particularmente en invernadero bajo condiciones normales con el rendimiento de grano. El análisis general de los resultados sugiere explorar las relaciones de los caracteres en estudio  $\times$  los ambientes de evaluación, incluyendo el rendimiento de grano en la localidad de evaluación.

En el análisis de correlación de Pearson se observa que en laboratorio, no hubo relación entre el PSR y PSV entre los ensayos con y sin estrés por salinidad, excepto en la relación entre el PSR\_NL y el PSV\_EL con correlación de  $r = 0.271^{**}$ ; pero el PSR\_NL se correlacionó con el PSR\_NI ( $r = 0.240^*$ );



**Tabla 1.** Cuadrados medios del análisis de varianza de la evaluación en laboratorio, invernadero y rendimiento de grano en campo.

FV	Laboratorio			Invernadero			GL	REND (t ha <sup>-1</sup> )
	GL	GERM (%)	PSR (mg)	PSV (mg)	GL	PSR (g)		
Ambientes (Amb)	1	574 192.30**	4 104.59**	38 419.38*	1	0.04**	55.36*	
Bloques (Blo)	2	412.92	274.75**	1 721.29	2	0.19**	7.91	4 3.68
Amb x Blo	2	4 707.00**	3.13	1 022.91**	2	0.00	1.16	
Genotipos (Gen)	1	4 454.68**	2.10	109.46	1	0.10*	5.57**	104 3.17
Familias / Gen	97	679.68**	51.33*	204.04*	98	0.02**	0.82**	
Amb x Gen	1	219.43	122.12	642.95	1	0.03	0.38	
Error	475	264.71	39.07	147.71	480	0.01	0.45	16 1.65
CV (%)		28.85	53.84	35.01		46.34	42.57	33.50

\*, \*\* = Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; FV = Fuente de variación; GL = Grados de libertad; GERM = Porcentaje de germinación; PSR = Peso seco de raíz, PSV = Peso seco de vástago, REND = Rendimiento de grano.

**Tabla 2.** Medias de los ambientes de evaluación de familias S<sub>1</sub> de dos poblaciones en los ensayos de laboratorio e invernadero.

Ambientes	Laboratorio			Invernadero	
	GERM (%)	PSR (mg)	PSV (mg)	PSR (g)	PSV (g)
Sin estrés	88.36 <sup>a</sup>	14.07 <sup>a</sup>	42.99 <sup>a</sup>	0.25 <sup>b</sup>	1.88 <sup>a</sup>
Estrés	24.63 <sup>b</sup>	8.44 <sup>b</sup>	24.04 <sup>b</sup>	0.27 <sup>a</sup>	1.26 <sup>b</sup>
Tukey (0.05)	24.52	0.68	12.25	0.01	0.38

Valores con la misma letra en columna no son estadísticamente diferentes, GERM = Porcentaje de germinación, PSR = Peso seco del sistema radical y PSV = Peso seco vástago.

el PSR\_EI y PSV\_EI tuvo correlación positiva con el PSV\_NL con valores de  $r = 0.282^{**}$  y  $r = 0.185$ , respectivamente (Tabla 4). El PSR se correlacionó de forma positiva con el PSV de la evaluación bajo invernadero con valores de  $r = 0.588^{**}$  y  $r = 0.780^{**}$  bajo estrés y no estrés, respectivamente; resalta la relación positiva ( $p \leq 0.01$ ) del PSR y PSV entre las condiciones de estrés y no estrés bajo invernadero. En análisis del PSR y PSV con el rendimiento de grano, sólo en el PSR y PSV bajo condiciones normales (PSR\_NI y PSV\_NI) se correlacionaron de forma positiva con valores de  $r = 0.250^*$  y  $r = 0.237^*$ , respectivamente.

La variación genética de las familias de las dos poblaciones y la relación entre los caracteres en estudio con los ambientes de evaluación, puede analizarse de manera gráfica para entender las interrelaciones entre las familias de las poblaciones y las combinaciones de caracteres con los ambientes y el rendimiento de grano. Al respecto, el análisis de componentes principales con el modelo GGEbiplot de dispersión gráfica determina la interacción de factores, en este caso, las familias en estudio, y se uti-

liza como probadores los caracteres GERM, el PSR y PSV en los ambientes evaluados, y el rendimiento de grano (REN\_ME). En la Figura 1, los vectores que representan la combinación de caracteres con ambientes se originan a partir del origen, y la magnitud de estos, es un indicador de la variación asociada al carácter en particular. Con propósitos de interpretación, el ángulo que forman los vectores se aproxima al coeficiente de correlación, e indica el nivel de asociación entre ellos. Un ángulo menor a 30° indica relación estrecha, en tanto que una relación independiente estará dada por un ángulo aproximado de 90°; y un ángulo de 180° indica una asociación negativa. Del mismo modo, cada familia proyecta un vector a partir del origen y, por lo tanto, la relación con los caracteres depende de la ubicación en el cuadrante. En este sentido, las interrelaciones entre los genotipos y los caracteres  $\times$  ambientes pueden ser utilizadas como un proceso de selección indirecta de genotipos de acuerdo con los caracteres de interés. En el análisis, se consideraron los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2), que son lo que más explican la variación acumulada en los caracteres fenotípicos, explicando en este caso los dos primeros componentes el 37.6% de la variación total acumulada.

De acuerdo con la proyección y ángulos de los vectores, el rendimiento de grano se correlaciona de forma positiva con el peso seco de raíz y vástago bajo condiciones normales en invernadero (PSR\_NI y PSV\_NI), con valores de  $r = 0.250^*$  y  $r = 0.237^*$ , respectivamente. La diferencia entre la proyección de los vectores en la Figura 1 y los resultados de

**Tabla 3.** Medias de rendimiento de grano y peso seco de poblaciones y familias seleccionadas de dos poblaciones de maíz evaluadas.

	REND (t ha <sup>-1</sup> )	Laboratorio				Invernadero			
		Sin estrés		Estrés		Sin estrés		Estrés	
		PSR (mg)	PSV (mg)	PSR (mg)	PSV (mg)	PSR (g)	PSV (g)	PSR (g)	PSV (g)
<b>Poblaciones</b>									
RNUN	3.818 <sup>a</sup>	14.751 <sup>a</sup>	42.239 <sup>a</sup>	7.774 <sup>a</sup>	26.553 <sup>a</sup>	0.276 <sup>a</sup>	2.034 <sup>a</sup>	0.277 <sup>a</sup>	1.350 <sup>a</sup>
R7ENE	2.964 <sup>b</sup>	13.689 <sup>a</sup>	43.497 <sup>a</sup>	9.266 <sup>a</sup>	22.942 <sup>b</sup>	0.235 <sup>b</sup>	1.779 <sup>b</sup>	0.266 <sup>a</sup>	1.206 <sup>b</sup>
Tukey (0.05)	0.395	1.874	3.312	1.549	3.559	0.031	0.236	0.038	0.138
<b>Familias†</b>									
74	6.904**	12.895	55.687*	8.960	29.680	0.275	1.811	0.439**	2.172**
84	6.855**	14.750	47.339	8.519	26.911	0.287	1.992	0.341	1.568*
80	6.453**	14.635	36.720	11.522	20.511	0.318*	2.098	0.264	1.270
69	6.078**	13.598	47.940	3.900	24.867	0.390**	2.450*	0.190	1.470
77	5.587*	14.108	53.339*	7.675	23.463	0.337*	2.781*	0.193	1.554
94	5.441	10.603	44.228	11.017	18.767	0.262	1.768	0.309	1.397
68	5.219*	14.175	44.459	9.017	23.526	0.314	3.366**	0.327	1.418
45	5.167*	17.100	48.400	9.478	26.100	0.326*	2.330	0.230	0.695
12	5.103*	15.373	57.166*	10.378	24.289	0.288	1.853	0.282	1.193
91	4.995*	17.801	34.324	7.612	20.009	0.350*	2.249	0.308	1.016
38	4.720*	16.152	44.693	9.886	25.042	0.117	1.084	0.242	1.209
59	4.716*	15.290	46.965	5.738	24.350	0.232	2.242	0.356*	1.198
72	4.623	16.033	27.977	6.918	24.532	0.221	1.518	0.241	1.224
89	4.562	12.355	46.210	18.400**	28.667	0.200	1.583	0.156	0.907
96	4.550	18.589*	43.292	7.183	17.377	0.323*	2.011	0.249	1.236
83	4.457	10.165	43.957	8.267	25.433	0.291	3.366**	0.256	1.344
7	4.324	25.723**	33.631	6.542	25.194	0.355*	2.580*	0.271	1.644*
17	4.310	13.163	36.433	9.950	30.600	0.251	1.673	0.240	1.536
99	4.309	16.143	49.318	13.350*	31.550	0.371*	2.946**	0.429*	1.742*
78	4.302	12.436	35.338	8.400	29.033	0.248	2.224	0.267	1.289
55	4.201	9.840	33.928	6.261	22.850	0.247	2.331	0.293	1.468
21	4.168	18.708*	42.142	7.335	21.880	0.216	1.543	0.193	0.913
71	4.141	9.204	36.622	5.052	15.741	0.308	2.105	0.224	1.198
28	4.137	21.584*	30.489	14.500*	45.500**	0.216	1.270	0.283	0.881
39	3.980	14.418	59.878**	15.386*	14.590	0.294	2.263	0.317	1.664*
Media	3.300	14.107	43.002	8.688	24.355	0.251	1.879	0.270	1.262
EE	1.370	3.929	7.454	3.739	8.412	0.067	0.502	0.080	0.305

\*, \*\* = Familias superiores con base  $\mu+EE$  y  $\mu+2EE$ , respectivamente; Valores con la misma letra en columna no son estadísticamente diferentes † Familias 1 a 61 de población R7ENE y 62 a 100, población RNUN; REND = Rendimiento de grano; PSR = Peso seco de raíz; PSV = Peso seco de vástago; EE = Error estándar de la media.

la correlación, se debe a que en la Tabla 4, se utilizó el 100.0% de la variación acumulada, en tanto que en la Figura 1, sólo se aprovecha el 37.6% de la variación. La asociación del PSR y PSV en el ensayo de laboratorio bajo condiciones normales (PSR\_NL y PSV\_NL) con PSR y PSV bajo condiciones de estrés en invernadero, también se representa en la Figura 1. La ventaja que aporta la Figura 1 es que, al igual que la relación entre los caracteres, se aprovecha de manera gráfica, las interrelaciones de estos caracteres con los genotipos en estudio, con propósitos de selección.

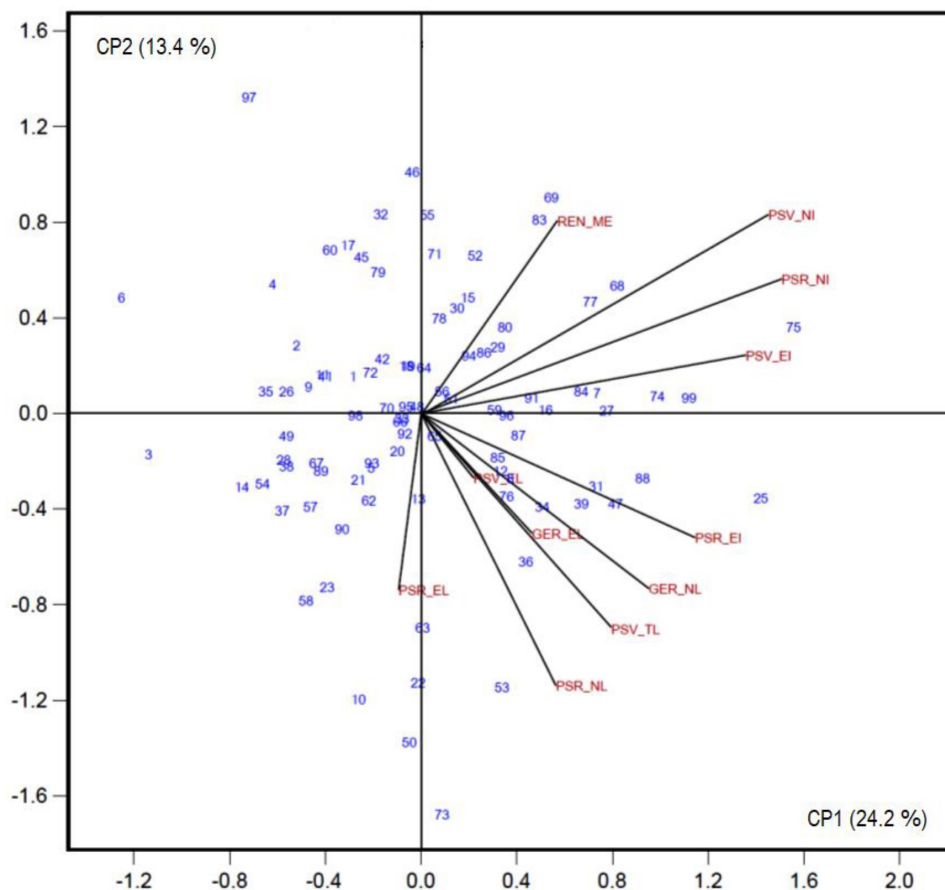
## DISCUSIÓN

En los ensayos de laboratorio e invernadero con los dos ambientes contrastantes, determinados por las condiciones de estrés por salinidad, se encontraron diferencias estadísticas ( $p \leq 0.01$ ) entre las poblaciones evaluadas, excepto en el PSR y PSV bajo condiciones de laboratorio. En todos los casos, se encontró variación genética entre familias dentro de poblaciones, y entre poblaciones, excepto en las variables de laboratorio, y, por lo tanto, se puede realizar selección. El peso seco del sistema radical (PSR) y el peso seco del vástago (PSV) con y sin estrés por salinidad se consideraron como prueba de

**Tabla 4.** Coeficientes de correlación del rendimiento de grano y peso seco a través de los ambientes de evaluación de familias de dos poblaciones de maíz.

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

\*, \*\* = Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; PSR = Peso seco de raíz, PSV = Peso seco de vástago, REN = Rendimiento de grano; † En el nombre de las variables, E y N, se refiere al ensayo de estrés y no estrés por salinidad, respectivamente; L e I, Los ensayos de Laboratorio e Invernadero, respectivamente.



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



vigor temprana para determinar diferencias en el potencial fisiológico de las semillas como lo señala Marcos-Filho (2015).

En poblaciones de maíz, la variación genética es documentada por los diferentes grupos raciales y las áreas específicas de adaptación, consecuencia de diferentes latitudes y altitudes, lo que ha sido confirmado con una muestra y distribución de 46 razas de maíz (Arteaga *et al.* 2016). Pero la variación genética dentro de poblaciones es proporcionalmente mayor a la variación genética entre poblaciones. Al respecto, Rocandio-Rodríguez *et al.* (2014) reportan una variación dentro de poblaciones del 76.3% con respecto al 23.7% de la variación entre poblaciones de maíces de valles altos. Sobre lo mismo Crossa *et al.* (1990) señalan que la diversidad genética, de los caracteres de interés, como los analizados en este estudio, pueden ser de utilidad para incorporar alelos favorables a las poblaciones adaptadas, por medio de esquemas de selección recurrente, para desarrollar nuevos materiales genéticos.

Las familias identificadas con rendimiento superior (Tabla 3), en general tienen valores positivos de peso seco de raíz (PSR) y peso seco de vástago (PSV), particularmente en condiciones normales en invernadero; de las cuales, se puede diferenciar la variación dentro y entre familias  $S_1$  de las dos poblaciones incluidas en el estudio, lo que puede ser una fuente de alelos de importancia para incorporarlos al proceso de selección, complementando con el rendimiento de grano (Mercer y Perales 2010).

En programas de mejoramiento genético, se considera de gran utilidad la identificación de caracteres que de manera directa o indirecta puedan ser utilizados como criterios de selección complementaria a los métodos convencionales. Los atributos de calidad de la semilla a nivel de plántula generalmente no están asociados con buen comportamiento agronómico, como lo señalan Antuna *et al.* (2003), quienes no encontraron relación entre caracteres de calidad fisiológica de semilla y caracteres agronómicos, incluyendo el rendimiento de grano. Sobre el peso seco de semilla en maíz, TeKrony y Egli (1991) concluyen que no existe relación del vigor de la semilla con el rendimiento de grano, debido a que

en cultivos con madurez reproductiva generalmente el rendimiento no se relaciona con el crecimiento vegetativo. Sobre evaluaciones bajo condiciones de estrés por salinidad, se reporta que el peso y la tasa de crecimiento de plántulas pueden usarse como criterio de selección en el cultivo de maíz para tolerancia a la salinidad (Giaveno *et al.* 2007).

Del análisis de los coeficientes de correlación (Tabla 4) se desprende que el peso seco de raíz y vástago bajo condiciones de estrés en invernadero el PSR\_EI y PSV\_EI se correlacionaron de forma positiva con el PSV\_NL con valores de  $r = 0.282^{**}$  y  $r = 0.185$ , respectivamente. También, el PSR y PSV bajo condiciones sin estrés en invernadero (PSR\_NI y PSV\_NI) se correlacionaron de forma positiva con el rendimiento de grano con valores de  $r = 0.250^*$  y  $r = 0.237^*$ , respectivamente. Los resultados anteriores coinciden con la propuesta de Giaveno *et al.* (2007), quienes indican que el peso de plántula puede utilizarse como criterio de selección. Sin embargo, solo el PSR\_EI y PSV\_EI correlacionaron de forma positiva con el PSV\_NL con valores de  $r = 0.282^{**}$  y  $r = 0.185$ , respectivamente. Lo anterior, indica la ausencia de relación entre la calidad fisiológica de la semilla obtenida en laboratorio y la expresión del desarrollo fenológico bajo condiciones de invernadero.

La relación de los caracteres en estudio (Tabla 3), con el 37.6% de la variación explicada con el modelo GGEbiplot (Figura 1), analiza la correspondencia de la combinación de caracteres  $\times$  ambientes de evaluación con los valores medios de las líneas  $S_1$  incluidas en el estudio. En el análisis de dispersión se puede dilucidar la variación entre las líneas de las dos poblaciones, las cuales están ordenadas de acuerdo con las interacciones con los caracteres, que representan la expresión en los diferentes ambientes. Los resultados del análisis de correlación pueden verificarse en la Figura 1 al relacionar los valores de las familias superiores en el rendimiento con el PSR y PSV, las cuales se encuentran localizadas en el cuadrante de los vectores que forman estos caracteres, lo cual permite realizar la selección correlacionada multivariable de las líneas incluidas en el estudio. La Figura 1 ayuda a identificar líneas, que,

aunque no son las de mayor rendimiento, están estrechamente relacionadas con los caracteres del PSR y PSV bajo invernadero como las líneas 83, 75 y 99 de la población RNUN, y las líneas 7 y 27 de la población R7ENE. Adicionalmente, se puede identificar las líneas que tuvieron una buena respuesta bajo condiciones de estrés en invernadero como la 31, 47, 88 y 25, con propósitos de selección temprana para el mejoramiento genético.

La asociación de las líneas dispersas en los cuadrantes con los vectores de los caracteres puede utilizarse para realizar la selección con base en la correspondencia entre los caracteres de interés. En el análisis gráfico se corrobora la relación entre el PSR y PSV en laboratorio con el rendimiento de grano, al igual que el porcentaje de germinación (GERM) como ha sido señalado por autores como TeKrony y Egli (1991) y Antuna *et al.* (2003). Con base en los resultados, se considera que el PSR y PSV determinado bajo condiciones normales y de

estrés en invernadero como atributos con potencial para la selección temprana de genotipos de maíz, para fortalecer las estrategias de mejoramiento, como lo señalan Lamz y González (2013).

## CONCLUSIONES

Se encontró variación genética entre las líneas S<sub>1</sub> de las dos poblaciones de maíz para los caracteres estudiados. No se detectó relación entre los caracteres de la calidad fisiológica con el desarrollo bajo condiciones de invernadero, incluyendo el rendimiento de grano. Se considera al peso seco del sistema radicular (PSR) y de vástago (PSV) bajo condiciones normales y de estrés en invernadero como atributos con potencial para realizar selección temprana de genotipos de maíz, que fortalezcan las estrategias de mejoramiento genético.

## LITERATURA CITADA

- Antuna GO, Rincón SF, Gutiérrez del RE, Ruiz TNA, Bustamante GL (2003) Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana* 26: 11-17.
- Arteaga MC, Moreno-Letelier A, Mastretta-Yanes A, Vázquez-Lobo A, Breña-Ochoa A, Moreno-Estrada A, Eguiarte LE, Piñero D (2016) Genomic variation in recently collected maize landraces from Mexico. *Genomics Data* 7: 38-45.
- Butcher K, Wick AF, DeSutter T, Chatterjee A, Harmon J (2018) Corn and soybean yield response to salinity influenced by soil texture. *Agronomy Journal* 110: 1243-1253.
- Cooper M, Gho C, Leafgren R, Tang T, Messina C (2014) Breeding drought-tolerant maize hybrids for the US corn-belt: discovery to product. *Journal of Experimental Botany* 65: 6191-6194.
- Crossa J, Taba S, Wellhausen EJ (1990) Heterotic patterns among mexican races of maize. *Crop Science*. 30: 1182-1190.
- Dias KODG, Gezan SA, Guimarães CT, Parentoni SN, Guimarães PEO, Carneiro NP, Portugal AF, Bastos EA, Cardoso MJ, Anoni CO, Magalhães JV, Souza JC, Guimarães LJM, and Pastina MM (2018) Estimating genotype × environment interaction for and genetic correlations among drought tolerance traits in maize via factor analytic multiplicative mixed models. *Crop Science* 58: 72-83.
- Espinosa TLC, Rincón SF, Ruiz TNA, Martínez RJM, Benavides MA (2019) Respuesta ambiental de poblaciones nativas de maíz del sureste de Coahuila, México. *NovaScientia* 11: 108-125.
- Falconer DS and Mackay TFC (1996) Introduction to quantitative genetics. Fourth edition. Longman Group Ltd. England. 464p.

- Federer WT, Raghavarao D (1975) On augmented designs. *Biometrics* 31: 29-35.
- Giaveno CD, Vasconcelos RR, Maia SG, Ferraz OR (2007) Screening of tropical maize for salt stress tolerance. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7: 304-313.
- Hellin J, Bellon MR, Hearne SJ (2014) Maize landraces and adaptation to climate change in México. *Journal of Crop Improvement* 28: 484-501.
- Hoque MMI, Jun Z, Guoying W (2015) Evaluation of salinity tolerance in maize (*Zea mays* L.) genotypes at seedling stage. *Journal of Bioscience and Biotechnology* 4: 39-49.
- INEGI (2015) Anuario Estadístico y geográfico de Coahuila de Zaragoza 2015. Instituto Nacional de Estadística y Geografía. México. 505p
- IRRI (2007) CropStat for Windows Versión 7.2. International Rice Research Institute. Metro Manila, Philippines.
- ISTA (2009) International Rules for Seed Testing. Edition 2009. The International Seed Testing Association (ISTA). Zürichstr 50 CH-8303, Bassersdorf, Switzerland. 249p
- Lamz PA, González CMC (2013) La salinidad como problema en la agricultura: la mejora vegetal una solución inmediata. *Cultivos Tropicales* 34: 31-42.
- Lobell DB, Roberts MJ, Schlenker W, Braun N, Little BB, Rejesus RM, Hammer GL (2014) Greater sensitivity to drought accompanies maize yield increase in the U.S. Midwest. *Science* 344: 516-519.
- Luo M, Zhao Y, Weisong, Zhang R, Su A, Li C, Wang X, Xing J, Shi Z, Zhao J (2017) Effect of saline stress on the physiology and growth of maize hybrids and their related inbred lines. *Maydica* 62: 1-8.
- Marcos-Filho J (2015) Seed vigor testing: an overview of the past, present and future perspective. *Scientia Agricola* 72: 363-374.
- Mercer KL, Perales HR (2010) Evolutionary response of landraces to climate change in centers of crop diversity. *Evolutionary Applications* 3: 480-493.
- Rincón SF, Castillo GF, Ruiz TNA (2010) Diversidad y distribución de los maíces nativos en Coahuila, México. SOMEFI. Chapingo, México. 116p.
- Rocandio-Rodríguez M, Santacruz-Varela A, Córdova-Téllez L, López-Sánchez H, Castillo-González F, Lobato-Ortiz R, García-Zavala JJ (2014) Detection of genetic diversity of seven maize races from the high central valleys of Mexico using microsatellites. *Maydica* 59: 144-151.
- SAS (2004) SAS/STAT<sup>®</sup> 9.1 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc. USA. 5121p.
- SIAP (2017) Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). Disponible en línea: <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>. Fecha de consulta: 22 enero de 2018.
- TeKrony DM, Egli DB (1991) Relationship of seed vigor to crop yield: A review. *Crop Science* 31: 816-822.
- Yan W, Kang MS (2003) GGE Biplot analysis. A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press LLC, New York. USA. 268p.