

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Efecto de Estrés Salino en la Calidad Fisiológica de Genotipos de Maíz

Por:

JULIÁN JIMÉNEZ GARCÍA

TESIS

Presenta como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México.

Diciembre de 2019.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
DEPARTAMENTO DE HORTICULTURA

Respuesta de la Aplicación de Bioestimulantes en el Cultivo de Frambuesa (*Rubus
idaeus L.*)

Por:

MARTÍN FRANCISCO ROCHA RIVERA

TESIS


Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN HORTICULTURA

Aprobada por el Comité de Asesoría:



Dr. José Antonio González Fuentes
Asesor Principal



Dr. Armando Hernández Pérez
Coasesor



M.C. Fidel Maximiano Peña Ramos
Coasesor



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



Saltillo, Coahuila, México.

Diciembre de 2019.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Efecto de Estrés Salino en la Calidad Fisiológica de Genotipos de Maíz.

Por:

JULIÁN JIMÉNEZ GARCÍA

TESIS

Presentado como requisito para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobada por el Comité de Asesoría:

Dr. Froylán Rincón Sánchez

Asesor Principal

Dra. Norma Angélica Ruiz Torres

Asesor

M.C. Josué Israel García López

Asesor

Dr. José Antonio González Fuentes

Coordinador de la División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México.

Diciembre de 2019.

ÍNDICE GENERAL

AGRADECIMIENTOS.....	V
DEDICATORIA	VII
RESUMEN.....	VIII
INTRODUCCIÓN	10
Objetivos.....	12
Hipótesis.....	12
REVISIÓN DE LITERATURA.....	13
Descripción del maíz y sus características	13
Diversidad genética del maíz.....	13
Proceso de salinización de los suelos	14
Efecto de la salinidad en la germinación	15
MATERIALES Y MÉTODOS.....	16
Material genético	16
Ambiente de evaluación	17
Diseño experimental.....	17
Siembra	17
Variables evaluadas	18
Análisis de la información	18
Interacción genotipos por caracteres.....	19
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	20
Análisis de varianza.....	20
Análisis de correlación.....	24
Interacción de genotipos con caracteres en ambientes.....	26
CONCLUSIONES	28
LITERATURA CITADA	29

AGRADECIMIENTOS

Primeramente, a Dios por brindarme la maravillosa y privilegiada oportunidad de vivir, por darme fuerza de voluntad inquebrantable para superar cualquier obstáculo y por mantenerme siempre encaminado a la felicidad. Gracias por tanto amor y por permitirme amar.

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, por albergarme y brindarme todas las herramientas necesarias que me permitieron culminar satisfactoriamente un peldaño más de mi formación académica. Sobran las palabras para agradecer todos los momentos de felicidad que viví en tus sienes, motivado por tu corazón palpitante. Gracias por su legado Don Antonio Narro.

Al Dr. Froylán Rincón Sánchez, por inspirarme y motivarme a ser extraordinario, por permitirme formar parte de su trabajo de investigación. Gracias por cada valioso minuto de su tiempo vertido para la culminación de este importante trabajo de tesis, por todos los conocimientos compartidos y principalmente por la amistad.

A Dra. Norma Angélica Ruiz Torres y el M.C. Josué Israel García López, por el asesoramiento durante el desarrollo y la culminación del presente trabajo, muchas gracias por su tiempo y colaboración. Es un honor contar con excelentes catedráticos como ustedes, mis más sinceros agradecimientos.

A mis grandes amistades: Lic. Armando, Ing. Artemio, Ing. Ana, Alonso, Carlitos, Ing. Clemente, Ing. Calixto, Ing. Cristina, Inge. Edilberto, Flor, Graciela, Mtro. Goyo, Mtro. Julio, Ing. Timoteo, Ing. Lázaro, Toño, Samuel, Panchito, Crislove, Larry, Javier, Ing. Rodrigo, Ing. Lizbeth, Naye, Vere, Jazmin, Ing. Everardo, Mtro. Uriel, Nisvan, Doc. Cele, Japo, Daniel, Pako, Abel, Borre y Chava, que compartieron momentos de alegría inolvidables, sueños de superación, y por el apoyo incondicional brindado en circunstancias de tempestad, demostrándome que se puede llegar lejos, si se camina acompañado.

A todos los profesores que hacen de esta institución educativa una prestigiada Universidad, que, mediante su amplio conocimiento y experiencia, me formaron

como un gran profesionalista, con la capacidad de aportar resultados en pro del Agro Mexicano. Con de agradecimiento especial, a mi tutor Dr. Carlos Javier Lozano Cavazos por apoyarme en todo momento, por su fina y cálida amistad. Gracias.

DEDICATORIA

A mi madre Francisca García Martínez, por ser las alas que me permitió volar hacia el éxito, por formarme como un ser humano con valores y criterio ante la vida, por su entrega y lucha incansable con el único objetivo de verme triunfar, por la fortaleza que me transmitió desde el primer momento de mi existencia. Por enseñarme que las oportunidades no se encuentran, sino que se crean.

A mi padre Francisco Jiménez Ortega, por sus consejos y recomendaciones llenas de sabiduría, por darme la libertad de elegir y forjar mi camino hacia un futuro de eficacia. Por demostrarme que las fronteras se hicieron para para cruzarlas.

A mis abuelitos: Julián Jiménez García+, Natividad Martínez Hernández, Guadalupe Ortega, Rosendo Ortega, Guillermo Martínez y Rosalía Hernández. Por consentirme y quererme con un cariño incalculable, por recibirme siempre con una delicada y hermosa sonrisa en su semblante, y por motivarme a conservar la humildad en toda ocasión.

A mis hermanos: Romualdo, Bernardina, Arturo, Gabriela, Irais, Rosalba, que depositaron su confianza en mí, apoyándome y alentándome en todo momento a realizar mis sueños en hermosas realidades, con el corazón en la mano y mi alma suspirando, les doy mis más humildes agradecimientos, sangre de mi sangre, vivamos para servir. A mis tíos y primos: Severiano, Natalia, Julián E., Adela+, Teresa, Sócrates, Berta, Rosendo, Wilma, Gily, Julio, Aracely, Beatriz, Verónica, Fátima, Paul, Beni+, Chole+, Aldo+, Marbella+, One, Toño, Ely, Luis, Ave, Oli, Angélico. Por ser un ejemplo de seres incansables, al demostrar fortaleza, carácter y humildad ante la vida, por el apoyo moral y económico que amablemente me brindaron en el momento indicado.

RESUMEN

En la agricultura actual, es indispensable el uso de semillas mejoradas para afrontar los desafíos del creciente cambio climático y las condiciones de salinidad que presenta principalmente la región norte del país. El presente trabajo se desarrolló con la finalidad de identificar tempranamente los genotipos con mejor respuesta de desarrollo fisiológico al ser sometidos a condiciones de estrés salino, para lo cual se establecieron los siguientes objetivos: Determinar el efecto del estrés salino sobre la calidad fisiológica de la semilla de nueve poblaciones nativas de maíz e Identificar genotipos con tolerancia a la concentración de sales en etapa temprana de desarrollo. El material genético consistió en nueve poblaciones de maíz y las cruzas entre ellas. Los genotipos (poblaciones y cruzas) fueron sometidos a ensayos de evaluación en laboratorio para determinar la calidad fisiológica de las semillas bajo condiciones con y sin estrés por salinidad. Para las condiciones de estrés por salinidad se utilizó una presión osmótica de -1.25 Mpa, usando NaCl como fuente salina. Se determinó la calidad fisiológica de la semilla con la prueba de germinación estándar (GERM), la estimación del vigor, el peso seco del sistema radical (PSR) y el peso seco de la parte aérea o vástago (PSV). En los ambientes se encontró un efecto considerable con mayor énfasis en el Vigor de la semilla, con una reducción en la respuesta de 99.5 %, en tanto que, en la GERM, PSR y PSV, una reducción promedio del 52 %, respuestas atribuidas al estrés por salinidad con respecto al testigo. En general, no se encontró asociación entre los caracteres de calidad fisiológica en el ambiente bajo condiciones de estrés; en el caso del ambiente testigo (sin estrés), en la mayoría de los caracteres se encontró asociación significativa. En estos resultados, resalta la asociación entre PSR con una asociación positiva entre los dos ambientes de evaluación (con y sin estrés) con un coeficiente de correlación de $r = 0.304^*$. El análisis de la interacción genotipos

x caracteres en ambientes permitió identificar poblaciones y cruzas con características sobresalientes en la calidad fisiológica, lo que corrobora la variación genética para realizar selección en ensayos de laboratorio con tolerancia al estrés por salinidad. El peso seco de la raíz puede ser un carácter con potencial para usarlo como criterio de selección temprana de genotipos de maíz en ensayos de laboratorio.

Palabras Clave: *Zea mays* L., calidad fisiológica, poblaciones nativas de maíz.

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos de mayor demanda a nivel mundial, gracias a sus características y propiedades, es utilizado en la alimentación de distintas especies pecuarias, en la dieta de los humanos y como fuente de un gran número de productos industriales; en México, el maíz tiene en especial, una gran importancia social y cultural.

A nivel mundial, el área cosechada de maíz fue de 197,185,936 hectáreas, con una producción de 1,134,746,667 toneladas, siendo Estados Unidos el primer productor de este cereal con una producción promedio durante el periodo 1994 – 2017, de 287,922,567 toneladas, seguido de China con 160, 878,350 toneladas y Brasil con 50,936,527 toneladas (FAO, 2017).

En México, en 2018, la producción agrícola de maíz para grano, se desarrolló en una superficie total estimada de 7,366,967 hectáreas, con una producción de 27,169,400 toneladas, de las que el 78,4%, fue sembrada bajo condiciones de temporal, con un rendimiento promedio general de 3.81 t ha⁻¹. En el estado de Coahuila, en el año 2018 se sembraron 30,522 hectáreas de maíz, con una producción de 30,901 t, de las cuales el 84.6 % se realizó bajo condiciones de temporal, con un rendimiento promedio de 0.57 t ha⁻¹ (SIAP, 2018).

La semilla que se utiliza en la región sureste (Arteaga, General Cepeda, Parras de la Fuente, Ramos Arizpe y Saltillo) del estado de Coahuila, por los productores corresponde casi en su totalidad a variedades nativas locales o regionales, pues solo el 1.5% de los productores utiliza semilla mejorada o certificada (Aguirre *et al.*, 2011).

Rincón *et al.* (2010) recolectaron y describieron las poblaciones criollas de maíz en el estado de Coahuila, y reportan la presencia de siete razas: Celaya, Cónico Norteño, Elotes Cónicos, Olotillo, Ratón, Tuxpeño Norteño y Tuxpeño.

En el sureste del Estado de Coahuila, Aguirre *et al.* (2011) señalan que la conservación de la diversidad de semillas de maíz es amenazada por la disminución de la superficie sembrada, por su baja productividad y rentabilidad,

por falta de mercado para la venta de los pequeños excedentes y por las frecuentes pérdidas ocasionadas por las sequías que se presentan en la región.

En México, alrededor del 60 % de su extensión territorial corresponden a zonas áridas y semiáridas, concentrándose la mayor parte en el norte y noreste del país. Las características agroclimáticas del estado de Coahuila (suelo, clima, medio ambiente y orografía) y la tradicional selección masal empírica del maíz realizada por los agricultores que lo cultivan, ha favorecido el desarrollo de variedades de amplia diversidad genética, con alelos resistentes y tolerantes a las condiciones adversas que esta región presenta, y pueden ser aprovechadas para generar nuevos genotipos con características que permitan aumentar el rendimiento de la producción, mediante programas de mejoramiento genético.

Con la finalidad de formular un mecanismo que permita aprovechar los recursos genéticos nativos e incrementar la producción regional y que a la vez se pueda aplicar para cualquier punto del país, se desarrolló el presente trabajo con los siguientes objetivos:

Objetivos

1. Determinar el efecto del estrés salino sobre la calidad fisiológica de la semilla de nueve poblaciones nativas de maíz, representantes de cinco grupos raciales del sureste del Estado de Coahuila.
2. Identificar genotipos con tolerancia a la concentración de sales en etapa temprana de desarrollo.

Hipótesis

La exposición de concentraciones de NaCl en el proceso de germinación afecta el crecimiento y desarrollo de la plántula, lo que permite hacer selección genotipos con tolerancia al estrés por salinidad.

REVISIÓN DE LITERATURA

Descripción del maíz y sus características

La planta de maíz es de porte robusto y de hábito anual; el tallo puede alcanzar alturas superiores a los cuatro metros, presenta nudos y entrenudos y una médula esponjosa. Las hojas nacen en los nudos de manera alterna a lo largo del tallo; se encuentran abrazadas al tallo mediante la vaina que envuelve el entrenudo y cubre la yema floral, de tamaño y ancho variable. Las raíces primarias son fibrosas presentando además raíces adventicias, que nacen en los primeros nudos por encima de la superficie del suelo, ambas tienen la misión de mantener a la planta erecta (Jugenheimer, 1988).

El maíz cuenta con características fisiológicas que facilitan su adaptación en zonas tropicales, donde ocasionalmente la evapotranspiración es alta. En la estructura anatómica de las hojas, existen dos tipos de células, epidérmicas y estomáticas, con diferente organización bioquímica y estructural, que durante el proceso fotosintético les permite fijar el CO₂. Otra característica importante del maíz es su enorme variabilidad, ya que, a diferencia de otros cereales cultivados, esta especie no se autopoliniza. Esto proporciona al maíz una gran diversidad genética, y, por tanto, una riqueza de caracteres que resultan interesantes para este cultivo en ciertas condiciones (Carrillo, 2009).

Diversidad genética del maíz

México es considerado el centro de origen, domesticación y dispersión del maíz (*Zea mays* L.), con 59 razas potencialmente diferentes, que agrupan a cientos de maíces criollos (Kato *et al.*, 2009).

El hombre ha mantenido activo el proceso de diversificación, o evolución bajo domesticación, mediante el cual ha seleccionado y modificado características

genotípicas de la planta, que le han permitido la formación de nuevas poblaciones adaptadas a diversos climas y tipos de suelos (Mera, 2009).

La diversidad genética de las especies agrícolas es fundamental para definir estrategias de conservación y su potencial utilización en los esquemas de selección, con el objetivo final de mejorar la productividad de las regiones con agro-climas variados y ambientes heterogéneos. Tal diversidad protege a los pequeños productores frente a enfermedades, plagas, sequías y otras presiones, y también les permite explotar toda la gama de agroecosistemas que existen en cada región (Altieri, 2003).

Proceso de salinización de los suelos

El origen de la concentración de sales en el suelo se debe, en principio, a la constitución del material parental que lo conforman. Existen otras fuentes de acumulación de sales, tales como: las sales procedentes del agua del subsuelo, sales transportadas por el viento, la aplicación de fertilizantes, la calidad del agua de riego, las condiciones del suelo, la eficiencia de los sistemas de drenaje, la explotación de los mantos acuíferos y las prácticas de manejo agronómico (Otero *et al.*, 2007).

En el caso de los suelos agrícolas, la concentración de sales puede incrementarse debido a la evaporación y transpiración, lo cual reduce el contenido de agua en el suelo, e incrementa la concentración de solutos. Una elevada concentración de sodio (Na) en el suelo se denomina "sodicidad", mientras que a una elevada concentración de cloro (Cl) u otras sales se le denomina salinidad, representada como "conductividad eléctrica" (CE) (Ronen, 2015).

Efecto de la salinidad en la germinación

De acuerdo con Rosental *et al.* (2014), la germinación de la semilla se define como la serie de procesos metabólicos y morfogénéticos, que transforman el embrión en una plántula que se puede convertir en una planta adulta. El proceso de germinación comprende varias fases, como son: imbibición de agua, activación y síntesis de enzimas, translocación de sustancias y el crecimiento activo, siendo estos procesos los principales candidatos a ser afectados por condiciones salinas del medio (Cortés *et al.*, 2014).

Se ha demostrado que, el desarrollo de las plántulas normales, bajo condiciones de estrés se reduce. El nivel de reducción varía de acuerdo con el nivel de sal, condiciones ambientales, tipo de plantas y la etapa de crecimiento. El efecto por la salinidad difiere entre especies e incluso entre variedades y cultivares debido a la variabilidad de la tolerancia entre los genotipos (Torabi y Halim, 2013). El efecto de la concentración de sales se manifiesta en la reducción en la capacidad de absorción de agua, la reducción de expansión foliar y pérdida de turgencia. Franca *et al.* (2007), señalan que la respuesta de la capacidad de germinación bajo tratamientos salinos puede usarse como un indicador de la tolerancia de algunas especies y cultivares a la salinidad, además puede ser útil para evaluar la calidad fisiológica durante el estrés salino.

Giaveno *et al.* (2007), en un ensayo con 14 híbridos comerciales de maíz, expuestos a diferentes concentraciones de salinidad, encontraron una disminución en el peso seco de las plántulas, mostrando síntomas de toxicidad, como marchites en las hojas y clorosis asociadas a las diferentes concentraciones de la sal. Estos autores sugieren que los rasgos asociados con el vigor de las semillas, como el peso de las plántulas, la tasa de crecimiento, puede ser utilizado como criterios de selección para tolerancia del cultivo de maíz a la salinidad, en los programas de mejoramiento.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

En el presente trabajo de investigación se utilizó un grupo de nueve poblaciones de maíz nativo y las cruzas simples entre ellas, que representan a cinco grupos raciales, adaptado a las condiciones del sureste de Coahuila (Cuadro 1).

Cuadro 1. Poblaciones de maíces nativos del sureste de Coahuila utilizadas en el estudio como progenitores.

Entrada	Grupo racial	Municipio	Localidad	Altitud (msnm)
1	Cónico Norteño	Saltillo	El Jagüey De Ferniza	2100
2	Cónico Norteño	Arteaga	Chapultepec	2013
3	Celaya	General Cepeda	Porvenir de Tacubaya	1556
4	Ratón	General Cepeda	Porvenir de Tacubaya	1556
5	Tuxpeño norteño	General Cepeda	El Gavillero	1398
6	Ratón	Parras	Siete de Enero	1506
7	Ratón	Arteaga	Nuncio	1705
8	Tuxpeño x Celaya	Ramos Arizpe	San Martín de las Vacas	1702
9	Tuxpeño	Arteaga	El Arbolito	1468

La generación de las cruzas directas se realizó a través de polinizaciones controladas en el ciclo Primavera-Verano (P-V) 2016, en la localidad de El Mezquite, Galeana, Nuevo León. Las cruzas entre las nueve poblaciones y el incremento de estas a través de cruzas fraternales directas dieron un total de 45 genotipos experimentales.

Ambiente de evaluación

La evaluación se llevó a cabo en el Laboratorio de Fisiología y Bioquímica de Semillas del Centro de Capacitación y Desarrollo de Tecnología de Semillas (CCDTS) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. En este estudio se utilizó la prueba de germinación estándar de acuerdo con las recomendaciones establecidas por el ISTA (ISTA, 2009), con algunas modificaciones en cuanto al número de repeticiones y el número de semillas por unidad experimental, esto debido a que, en algunas cruces, la semilla obtenida no fue suficiente. Las semillas fueron expuestas a dos ambientes: Ambiente de estrés por salinidad y el ambiente normal (sin estrés); para el ambiente de estrés se utilizó una presión osmótica de -1.25 Mpa, condiciones previamente determinadas por García (2016), utilizando cloruro de sodio (NaCl) como fuente salina, y usando agua destilada para la condición sin estrés.

Diseño experimental

Los genotipos fueron establecidos para la evaluación utilizando un diseño experimental de bloques incompletos con un arreglo alfa látice (0,1), con tres repeticiones (bloques). La unidad experimental consistió en 25 semillas por repetición en cada uno de los ambientes de evaluación.

Siembra

La siembra se realizó colocando las 25 semillas de cada unidad experimental entre papel Anchor, el cual fue humedecido con la solución salina para el ambiente de estrés y con agua destilada para el ambiente sin estrés. Posteriormente se enrolló en forma de taco y se acomodó de acuerdo con el número de identificación, en bolsas de polietileno, y fueron acomodados dentro

de una canastilla, dentro de una cámara de crecimiento Lab-Line a una temperatura de $25 \pm 1^\circ \text{C}$ por siete días.

Variables evaluadas

Al cuarto día de evaluación se obtuvo el número de plántulas normales, que determina la estimación del vigor de la semilla (Vigor), de cada unidad experimental y ambiente de evaluación. Se consideró como plántula normal, aquellas que desarrollaron su sistema radical y vástago, con una longitud igual o superior a 3 cm. A los siete días, se obtuvo el conteo final de plántulas normales, expresado en el porcentaje de germinación (GERM), como estimación de su viabilidad de la semilla, de cada unidad experimental y ambiente de evaluación. Posteriormente, de las plántulas normales, se separó el vástago y la raíz y se colocaron en bolsas de papel identificadas con el número de parcela para posteriormente someterlas a secado a la estufa por 24 horas a 70°C , donde se obtuvo el peso seco en una balanza analítica de ambas fracciones, expresándose el resultado en mg planta^{-1} .

Análisis de la información

Se realizó un análisis de varianza en cada uno de los ensayos, usando el procedimiento GLM de SAS (SAS Institute, 2004). Se realizó la descomposición de la suma de cuadrados de los genotipos en poblaciones, cruzas y poblaciones vs cruza. Las fuentes de variación Ambientes, Genotipos y la interacción Genotipo x Ambiente fueron considerados como efectos fijos, el resto de los efectos como aleatorios. Para identificar genotipos sobresalientes en cada caso, se calculó un valor de decisión determinado por la media más uno y dos veces el error estándar ($\mu + \varepsilon$; $\mu + 2\varepsilon$).

Se realizó un análisis de correlación simple de Pearson (r) entre las características estudiadas con el promedio de los 45 genotipos en los ensayos y ambientes de evaluación. Este análisis se realizó con el objetivo de conocer las interrelaciones entre los caracteres evaluados, utilizando la siguiente fórmula:

$$r = \frac{COV_{XY}}{\sqrt{\sigma^2_x}\sqrt{\sigma^2_y}}$$

Dónde: r = Coeficiente de correlación entre los caracteres X e Y; COV_{XY} = la covarianza fenotípica entre los caracteres X e Y; $\sqrt{\sigma^2_x}\sqrt{\sigma^2_y}$ = la raíz cuadrada de las varianzas fenotípicas de los caracteres X e Y, respectivamente.

Interacción genotipos por caracteres

Para conocer la interacción de las cruzas y poblaciones a través de las diferentes características medidas en el ensayo de evaluación, se realizó un análisis de dispersión gráfica basado en el análisis de componentes principales (ACP) con el modelo GGEbiplot (Yan y Kang, 2003).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza

Para cumplir con los objetivos planteados en el presente trabajo, se presentan los resultados obtenidos para las variables de la calidad fisiológica: Vigor, Porcentaje de germinación (GERM), los pesos secos de raíz y de vástago (PSR y PSV), obtenidos en dos ambientes de evaluación. Lo anterior refiere la expresión de los genotipos evaluados, y de esta forma dar una explicación general del comportamiento biológico del material evaluado en esta investigación. Los resultados del análisis de varianza (ANVA) se presentan en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza de la calidad fisiológica de los genotipos evaluados en dos ambientes contrastantes en 2017.

FV	GL	Vigor	GERM	PSR	PSV
Ambientes (Amb)	1	467,236.09**	134,925.87*	17,897.04**	72,952.37**
Bloques (Blo)	2	268.87	2,937.30	236.45	572.63
Blo x Amb	2	181.04	2,004.30**	139.47	88.00
Genotipos (Gen)	44	199.02	350.28**	77.10*	39.18
Poblaciones (Pob)	8	471.33*	460.74**	67.89	29.79
Cruzas	35	98.27	311.94**	80.31*	41.92
Pob vs Cruzas	1	1,552.23**	823.11*	33.84	17.98
Gen x Amb	44	188.62	284.37**	47.30	45.70*
Pob x Amb	8	446.00*	226.67	45.96	74.69*
Cruzas x Amb	35	90.47	297.96**	47.68	38.40
(Pob vs Cruzas) x Amb	1	1,571.46**	276.81	43.72	69.44
Error	175	193.90	168.94	52.83	32.14
	CV	33.18	17.94	28.73	14.57

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

Los resultados del Cuadro 2 muestran diferencias significativas ($P \leq 0.01$) entre ambientes (Amb) de evaluación, para las variables evaluadas, excepto en el porcentaje de germinación (GERM) con diferencias al 0.05 de probabilidad. Lo anterior es razonable, debido al contraste de las condiciones de estrés y el testigo a lo que fueron expuestos los genotipos.

En relación con genotipos, se encontraron diferencias significativas ($P \leq 0.01$) únicamente en la variable de GERM, y para la variable de peso seco de raíz (PSR), las diferencias fueron al 0.05 de probabilidad. Estas diferencias son resultado a causa de que los genotipos son de diferente grupo racial y adaptas a diferentes ambientes (Cuadro 1). De acuerdo con el Cuadro 2, la diferencia de los genotipos, bajo las condiciones del estudio, se expresa en la GERM y Vigor, en tanto que las Cruzas entre las poblaciones, la diferencia se expresa en la GERM y el peso seco de raíz (PSR), posiblemente atribuible al resultado de heterosis en las poblaciones en estudio. Estas diferencias encontradas entre las cruzas pueden deberse a una respuesta heterótica entre los genotipos, que han sido desarrollados y adaptados a diferentes condiciones ambientales (Reif *et al.*, 2005).

En la Interacción Genotipo x Ambiente, los resultados indican que, se encontró diferencias significativas ($P \leq 0.01$) en la variable GERM, y ($P \leq 0.05$) para la variable peso seco de vástago (PSV). En el análisis de las poblaciones y cruzas, no se muestra un patrón consistente asociado a la respuesta de los genotipos en los ambientes de evaluación, por lo tanto, puede considerarse analizar la respuesta de cada ambiente con propósitos de selección.

El análisis de los efectos del ambiente (con y sin estrés por salinidad), puede compararse con la respuesta promedio de cada una de las variables de calidad fisiológica, que se presentan en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Medias de los ambientes de evaluación de variables de calidad fisiológica de genotipos evaluados en 2017.

Ambientes	Vigor	GERM	PSR	PSV
Testigo	83.82 a [†]	94.93 a	33.47 a	55.37 a
Estrés	0.42 b	50.11 b	17.01 b	22.19 b
Tukey (0.05)	7.06	23.49	6.23	4.95
% Reducción	99.50	47.21	49.16	59.92

[†] Valores con la misma letra en la columna denota que los valores no son estadísticamente diferentes; GERM = Porcentaje de germinación estándar; PSR y PSV= peso seco de raíz y vástago, respectivamente.

En relación con los ambientes de evaluación, se nota un % de reducción con mayor énfasis en el Vigor, presentando un abatimiento en la respuesta de 99.5 %, en tanto que en las variables de germinación (GERM), peso seco de raíz (PSR) y peso seco de vástago (PSV), presentan un abatimiento promedio del 52 %, respuestas atribuidas a los efectos del estrés por salinidad con respecto al testigo.

La ausencia de un patrón de respuesta de los genotipos en los ambientes (Cuadro 2) sugiere el análisis de la respuesta específica de los genotipos por los caracteres de calidad fisiológica en los ambientes de evaluación. Los resultados de la media de los caracteres en ambientes se presentan en el Cuadro 4.

Cuadro 4. Medias de caracteres de calidad fisiológica por ambiente de evaluación (con y sin estrés por salinidad) de genotipos de maíz en 2017.

ENT	GEN	Ensayo sin estrés				Ensayo con estrés			
		Vigor (%)	GERM (%)	PSR (mg pta ⁻¹)	PST (mg pta ⁻¹)	Vigor (%)	GERM (%)	PSR (mg pta ⁻¹)	PST (mg pta ⁻¹)
44R		92.0	97.3	35.1	52.9	2.7**	74.7**	15.2	23.3
22CN		89.3	97.3	38.8*	54.1	0.0	44.0	18.9	18.9
33C		85.3	98.7*	36.1	58.4	0.0	41.3	18.4	22.4
77R		85.3	89.3	33.2	63.3*	0.0	33.3	14.6	22.8
66R		84.0	96.0	35.8	59.2	0.0	40.0	15.9	24.9
55TN		65.3	92.0	25.7	53.1	0.0	49.3	16.8	23.7
11CN		64.0	89.3	29.2	56.1	1.3	48.0	19.4	24.1
88T		64.0	96.0	33.1	51.8	0.0	49.3	19.7	23.1
99T		38.7	85.3	20.4	45.3	0.0	21.3	14.8	29.9**
303x6		100.0*	100.0*	44.5**	56.5	0.0	48.4	17.5	23.1
374x5		97.3*	97.3	27.7	58.9	0.0	56.0	15.8	22.4
242x8		96.0*	98.7*	33.8	53.0	2.7**	73.3*	15.6	21.6
404x8		94.7	97.3	39.2*	54.2	0.0	70.7*	17.5	21.1
283x4		93.3	100.0*	39.3*	59.5*	0.0	37.3	18.5	20.3
111x3		93.3	96.0	39.7*	58.8	0.0	45.3	18.6	14.0
485x8		92.0	96.0	28.8	61.4*	0.0	42.7	14.5	21.6
475x7		92.0	96.0	28.8	55.2	0.0	64.0*	13.7	24.9
384x6		92.0	96.0	34.4	56.5	0.0	60.0	17.5	14.4
333x9		92.0	94.7	41.8*	61.0*	0.0	50.7	21.0*	24.1
323x8		92.0	97.3	36.3	57.0	0.0	53.3	18.4	20.6
151x7		92.0	98.7*	31.3	47.0	1.3	38.7	14.0	24.5
566x8		90.7	98.7*	36.0	56.2	1.3	64.0*	15.5	23.3
131x5		90.7	94.7	33.1	57.9	0.0	72.0*	16.7	21.9
171x9		89.3	94.7	33.7	52.3	1.3	64.0*	10.5	22.9
101x2		89.3	93.3	38.0	57.0	0.0	53.3	20.1*	21.1
657x9		88.0	100.0*	50.4**	61.2*	0.0	32.0	18.6	21.6
394x7		88.0	100.0*	38.7	60.0*	0.0	34.7	17.9	24.3
252x9		88.0	93.3	18.2	47.9	2.7**	80.0**	14.0	22.7
222x6		88.0	90.7	29.7	50.1	4.0**	58.7	22.3*	23.6
161x8		88.0	94.7	32.1	47.7	0.0	57.3	15.2	20.4
556x7		86.7	88.0	37.5	60.0*	0.0	26.7	11.5	18.2
212x5		86.7	90.7	34.2	56.9	0.0	53.3	14.5	21.1
121x4		85.3	96.0	32.2	56.4	0.0	57.3	20.1*	23.0
202x4		84.0	98.7*	36.3	50.1	0.0	58.7	21.5*	20.6
313x7		81.3	97.3	30.7	48.3	0.0	33.3	14.6	21.6
647x8		80.0	94.7	30.9	54.4	0.0	61.3	12.7	19.9
465x6		78.7	92.0	34.0	57.2	0.0	44.0	17.4	21.4
293x5		78.7	94.7	26.9	57.0	1.3	38.7	15.4	23.0
141x6		78.7	92.0	34.1	51.1	0.0	64.0*	17.5	20.4
232x7		77.3	98.7*	32.8	52.6	0.0	64.0*	19.0	25.1
738x9		76.0	92.0	37.8	57.3	0.0	30.7	17.4	22.2
495x9		76.0	97.3	32.3	60.8*	0.0	32.0	20.3*	32.2**
192x3		73.3	94.7	31.9	57.7	0.0	52.0	22.4*	19.3
576x9		72.0	81.3	25.1	60.1*	0.0	45.3	19.3	22.5
414x9		65.3	94.7	24.6	48.4	0.0	36.0	12.8	20.0
Media		83.9	94.9	33.4	55.4	0.4	50.1	17.0	22.2
EE		11.4	3.3	5.4	4.0	1.0	11.6	2.8	3.1

*, **, selección con base $\mu+EE$ y $\mu+2EE$, respectivamente; † El primer dígito indica el número de población y la letra la identificación de raza: C= Celaya, CN= Cónico Norteño, R= Ratón, T= Tuxpeño y TN= Tuxpeño Norteño; GERM = Porcentaje de germinación estándar; PSR= Peso seco de raíz; PSV= Peso seco de vástago; EE= Error estándar de la media.

Las diferencias por efecto del estrés por salinidad (Cuadro 3), se observa en la respuesta de los genotipos en el Cuadro 4. Sin embargo, la ausencia de una respuesta consistente en el Cuadro 2, puede también observarse en las medias de los genotipos en los ambientes de evaluación.

Las poblaciones responden de manera diferente a las condiciones del ambiente, encontrándose valores significativos en las cruzas entre poblaciones (Cuadro 4), lo cual puede hacerse selección dentro de caracteres. Con base en la ausencia de un patrón de respuesta, además de la interacción entre genotipos x caracteres de calidad fisiológica (Cuadro 4), sugiere analizar de manera general, la asociación entre los caracteres de evaluación.

Análisis de correlación

Los coeficientes de correlación entre los caracteres x ambientes de evaluación usando los valores medios de genotipos (poblaciones y cruzas) se presenta en el Cuadro 5.

Cuadro 5. Coeficientes de correlación entre caracteres de calidad fisiológica en los ambientes de evaluación de genotipos evaluados en 2017.

	GERM_E (%)	PSR_E (mg pta ⁻¹)	PSV_E (mg pta ⁻¹)	Vigor_T (%)	GERM_T (%)	PSR_T (mg pta ⁻¹)	PSV_T (mg pta ⁻¹)
Vigor_E	0.425 **	-0.073	0.143	0.161	-0.020	-0.261	-0.357 *
GERM_E		0.007	-0.176	0.403 **	0.195	-0.106	-0.259
PSR_E			0.028	-0.055	0.101	0.304 *	0.223
PSV_E				-0.381 **	-0.077	-0.288 *	-0.099
Vigor_T					0.553 **	0.516 **	0.321 *
GERM_T						0.491 **	0.026
PSR_T							0.465 **

*, **, significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; GERM = Porcentaje de germinación estándar; PSR y PSV = Peso seco de raíz y vástago, respectivamente; E y T, Estrés por salinidad y Testigo (sin sal), respectivamente.

De acuerdo con los resultados del Cuadro 5, no existe asociación entre los caracteres de calidad fisiológica en el ambiente bajo condiciones de estrés, excepto entre el porcentaje de germinación (GERM) y el peso seco de vástago (PSV). En estos resultados, resalta la asociación entre el peso se raíz (PSR) con una asociación positiva entre los dos ambientes de evaluación (con y sin estrés) con un coeficiente de correlación de $r = 0.304$ *. Este resultado es de interés como lo señalan Giaveno *et al.* (2007) en que el peso de plántula puede ser usado como criterio de selección, sin embargo, bajo las condiciones del presente estudio, el PSR correlacionó positivamente entre los dos ambientes de evaluación.

Interacción de genotipos con caracteres en ambientes

La Figura 1 presenta la dispersión gráfica de la interacción de los genotipos con los caracteres de calidad fisiológica en estudio por ambientes de evaluación, utilizando el modelo GGE Biplot para el análisis gráfico.

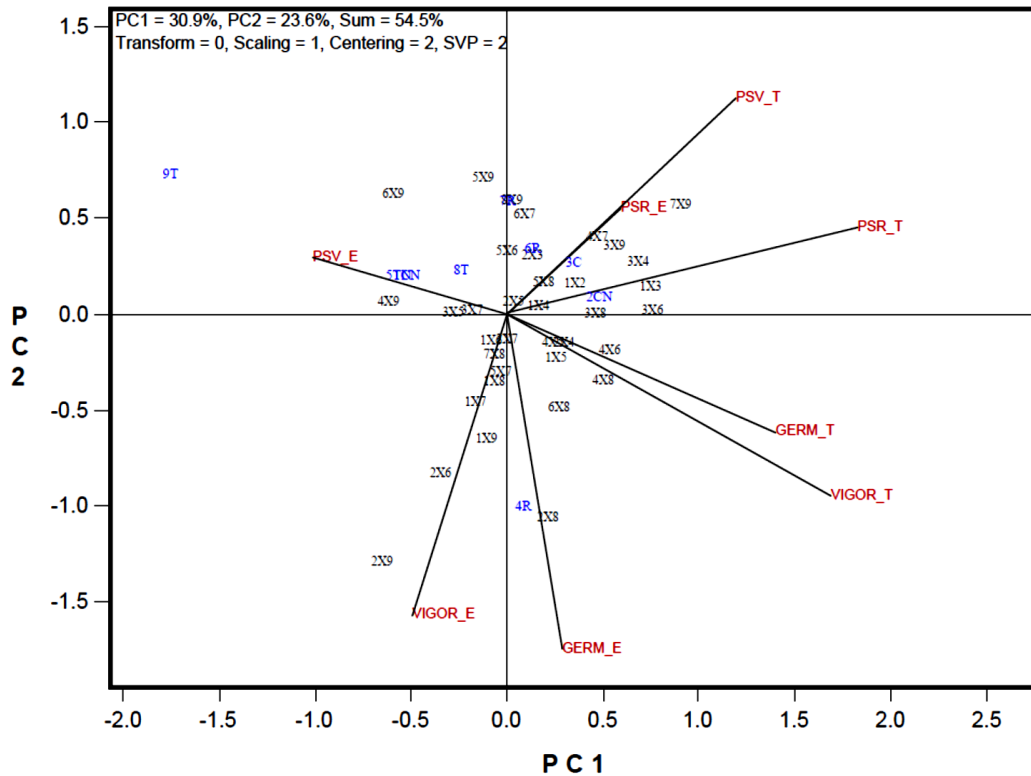


Figura 1. Dispersión gráfica de la interacción de las poblaciones de maíz y sus cruzas con los caracteres de calidad fisiológica. Caracteres GERM = Porcentaje de germinación, PSR= Peso seco de raíz; PSV= Peso seco de vástago; E y T, en los caracteres indica las condiciones de Estrés y Testigo (sin estrés). En Poblaciones, el primer dígito indica el número de población y la letra la identificación de raza: C= Celaya, CN= Cónico Norteño, R= Ratón, T= Tuxpeño y TN= Tuxpeño Norteño.

El modelo GGE Biplot analiza la interacción de factores, en este caso, los genotipos, usando como probadores los caracteres en estudio, asociados a los diferentes ambientes. En la Figura 1, los vectores representan la combinación de caracteres con ambientes, los cuales, se originaron a partir del origen; la magnitud de estos indica la variación asociada a este carácter.

Con propósitos de interpretación de la Figura 1, un ángulo menor a 30° indica una relación muy estrecha, en tanto que los vectores con ángulos mayores o iguales a 90° indican un comportamiento independiente; un ángulo de 180° estará representando una asociación negativa (Yan y Kang, 2003). De manera similar, cada genotipo proyecta un vector a partir del origen y, por lo tanto, las interrelaciones entre los genotipos y los caracteres x ambientes pueden utilizarse como un proceso de selección indirecta de genotipos con los caracteres de interés. En este análisis se consideró usar los primeros dos componentes principales, los cuales explican el 54.5 % de la variación total acumulada en las variables de calidad fisiológica en ambientes de evaluación.

En la Figura 1 se puede identificar de manera gráfica las interrelaciones entre los genotipos y los caracteres en los dos ambientes de evaluación. Por ejemplo, con base en los ángulos de los vectores, todos los caracteres de calidad fisiológica en el ambiente testigo (sin estrés) están correlacionados, lo que puede verificarse en el Cuadro 5; asimismo, la asociación entre el PSR entre los dos ambientes y correlacionado con los caracteres sin estrés (Cuadro 5).

Se puede identificar en la Figura 1, los genotipos 7x9, 3x9, 3x4, 1x3, 3x6, 4x8 y la población 2CN, los cuales están asociados a los caracteres de calidad fisiológica, y estos sobresalen en valores con respecto a la media más el error estándar (Cuadro 4) en el peso seco de raíz. En el grupo de genotipos identificados, sobresalen cuatro con la combinación con la población 3 de la raza Celaya, lo que sugiere la importancia de esta población en la calidad fisiológica y en particular la producción de materia seca.

CONCLUSIONES

Las condiciones bajo las que se desarrolló el presente trabajo indican que existe variación genética entre las poblaciones en los caracteres de calidad fisiológica de la semilla, las cuales pueden ser seleccionadas como tolerantes al estrés por salinidad.

El peso seco de la raíz puede ser un carácter con potencial para usarlo como criterio de selección de genotipos de maíz en ensayos de laboratorio.

.

LITERATURA CITADA

- Aguirre M., V. J., F. Rincón S., R. Ramírez S., O. G. Colón A., M. G. Razo M. 2011.** Modelo para la conservación de maíces criollos en el sureste de Coahuila, México. Vicente Javier Aguirre Moreno, Saltillo Coahuila, México. 61 p.
- Altieri, M. A. 2003.** Aspectos socioculturales de la diversidad del maíz nativo. Departamento de Ciencias, Políticas y Gestión del Medio Ambiente. Universidad de California, Berkeley. Disponible en línea: <http://www.agroeco.org/doc/alt.contam-maiz.pdf> (Verificado 15 Sep. 2019).
- Carrillo, T. C. 2009.** El origen del maíz naturaleza y cultura en Mesoamérica Ciencias, Núm. 92 - 93, octubre-marzo. Universidad Nacional Autónoma de México. México. pp. 4-13. Disponible en: <http://redalyc.uaemex.mx/src/inicio/ArtPdfRed.jsp?iCve=64412119003>
- Cortés, V., P. Alanoca y M. Calle. 2014.** Efecto de la salinidad sobre la germinación y crecimiento vegetativo de plantas de tomate silvestres y cultivadas. *Interciencia* 37(7): 511-517.
- FAO 2017.** Datos FAOSTAT. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Disponible en: <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC/visualize>.
- Franca, B., L. De Sa Ribeiros and C. Aragao. 2007.** Germination, initial growth and cotyledon protein content of bean cultivars under salinity stress. *Revista Brasileira de Sementes* 29(2):106-110.
- García L., J. I. 2016.** Estudio de diferentes niveles de salinidad en la germinación, vigor y procesos fisiológicos en la variedad criolla mejorada de maíz JAGUAN. Tesis de Maestría en Tecnología de Granos y Semillas, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

- Giaveno, C. D., R. Vasconcelos R., G. S. Maia. and R. Ferraz de O. 2007.** Screening of tropical maize for salt stress. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7: 304-313.
- ISTA. 2009.** International Rules for Seed Testing. The International Seed Testing Association (ISTA). Bassersdorf, CH-Switzerland.
- Jugenheimer, R.W. 1988.** Maíz, variedades mejoradas, métodos de cultivo y producción de semillas. Limusa. México. 841p.
- Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H. y R. A. Bye B. 2009.** Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica. Universidad Nacional Autónoma de México - Comisión Nacional para
- Mera O., L. M. 2009.** Diversificación y distribución reciente del maíz en México. *In: Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. (eds.). Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica.* Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D. F. pp: 69 – 82.
- Otero, M., A. Francisco, V. Galvéz, S. Morales, I. Sánchez, M. Labaut, M. Vento, M. Cintra, y L. Rivero. 2007.** Caracterización y evaluación de la salinidad. Ministerio de Agricultura. Instituto de Suelos, Cuba. Cuba. p.1-9.
- Reif J. C., A. R. Hallauer and A. E. Melchinger. 2005.** Heterosis and heterotic patterns in maize. *Maydica* 50: 215-233.
- Rincón S., F., C. J. Hernández P., F. Zamora C. y J. M. Hernández C. 2010.** Recolección de Maíces Nativos de Coahuila 2008. *In: Rincón S., F., F. Castillo G. y N. A. Ruiz T. (eds). Diversidad y Distribución de los Maíces Nativos en Coahuila, México.* SOMEFI. Chapingo, Méx. pp: 4-12.
- Rosental, L., H. Nonogaki, and A. Fait. 2014.** Activation and regulation of primary metabolism during seed germination. *Seed Science Research* 24(1):1-15.

- SAS Institute 2004.** SAS/STAT® 9.1 User Guide Cary, NC: SAS Institute Inc. USA 5121 p.
- SIAP. 2018.** Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). Disponible en: <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>. (Verificado 17 de agosto 2019).
- Torabi, M. and R. A. Halim. 2013.** Physiological and biochemical responses of plants in saline environment. Roychowdhury, R. (Ed.). Crop Biology and Agriculture in Harsh Environments. Lambert Academic Publishing. pp. 48-80.
- Yan W. and M. S. Kang. 2003.** GGE Biplot analysis. A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press LLC, New York. 271p.