

## Interacción genotipo por ambiente del rendimiento de maíz amarillo en híbridos trilineales, Perú

Fernando López-Morales<sup>1§</sup>

Julián Chura-Chuquiya<sup>2</sup>

Gilberto García-Pando<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Postgrado de Recursos Genéticos y Productividad-Colegio de Postgraduados-*Campus* Montecillo. Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, Texcoco, Estado de México. CP. 56230. Tel. 01(595) 9520200. <sup>2</sup>Programa de Investigación y Proyección Social de Maíz-Universidad Nacional Agraria La Molina. Avenida La Molina s/n, La Molina, Lima 12, Perú. CP. 15026. Tel. +511 3480797. (chura@lamolina.edu.pe; 20001112@lamolina.edu.pe).

§Autor para correspondencia: fernando.lopez@colpos.mx.

### Resumen

El uso de híbridos trilineales en los programas de mejoramiento genético de maíz (*Zea mays* L.) se ha incrementado en las últimas décadas, ya que cuenta con la ventaja de obtener mayor rendimiento de grano causado por la heterosis. El modelo AMMI (efectos principales aditivos e interacciones multiplicativas) ha evidenciado su capacidad para el análisis de la estabilidad, la adaptación y la interacción genotipo por ambiente (IG\*A). El objetivo de esta investigación fue determinar la estabilidad y la IG\*A del rendimiento de 25 híbridos de maíz amarillo evaluados en cinco ambientes de Perú, entre los años 2014-2015. Tres ambientes pertenecieron a la zona costera y dos a la selva baja caducifolia, utilizado un diseño latice 5x5 con cuatro repeticiones. El modelo AMMI fue útil para determinar la estabilidad y adaptación de los genotipos, ambas características fueron expresadas en las dos gráficas biplot del mismo modelo, tales gráficas explicaron 49.42% y 70.47% de la IG\*A, respectivamente. Los dos genotipos con mayor rendimiento de grano fueron los híbridos trilineales CML226xHPM302 y POOL26xHPM302 con 8.153 y 8.08 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente, con una buena estabilidad y adaptación aceptable ante la IG\*A. En contra parte, el único híbrido simple HPM302 resultó estable, pero con el menor rendimiento (6.151 t ha<sup>-1</sup>). Por otro lado, las condiciones edafoclimáticas fueron determinantes para los ambientes de La Molina: LM-2015 fue el más estable de los cinco ambientes y LM-2014 resultó tener el mayor rendimiento (9.424 t ha<sup>-1</sup>) discriminando entre genotipos, con los componentes principales de la IG\*A positivos.

**Palabras claves:** *Zea mays* L., adaptación y estabilidad, híbridos trilineales, modelo AMMI, rendimiento de grano.

Recibido: marzo de 2019

Aceptado: junio de 2019

## Introducción

De acuerdo a cifras de SIEA (2014) en el Perú se siembra anualmente una extensión de 547 962 ha de maíz (*Zea mays* L.), de las cuales la mitad (52%) son sembradas con maíz amarillo duro, obteniendo un rendimiento promedio de 4.5 t ha<sup>-1</sup>. El maíz amarillo duro es cultivado en las tierras de los valles costeros andinos, donde se obtienen los mejores rendimientos, teniendo también presencia en la selva de Perú (Valladolid, 2003; DGCA, 2012). Este maíz tiene una gran importancia en las industrias procesadoras, ya sea en forma de cereal, harinas precocidas, aceites y en gran parte como alimentos para animales, además es de bajos costos y de alto valor nutritivo (Paliwal *et al.*, 2001).

El uso de híbridos trilineales en la producción de semilla y programas de mejoramiento genético se ha incrementado en las últimas décadas, ya que cuenta con grandes ventajas para su producción: requiere menor número de progenitores (menor costo), presentan una menor interacción genotipo por ambiente (IG\*A), con respecto al híbrido doble (Polanco y Flores, 2008). Teóricamente, los híbridos de cruza doble producen el mayor rendimiento de grano ante cualquier otro tipo de híbridos, siendo de mayor costo lo que complica su comercialización, por lo tanto, los híbridos de cruza doble deben ser mejor usarlos como eslabón para la creación de híbridos trilineales (González *et al.*, 2009; Torres *et al.*, 2011). En todo programa de mejoramiento genético de maíz se busca que los materiales tengan un alto rendimiento y una buena estabilidad y adaptación en varios ambientes potenciales (Alejos *et al.*, 2006).

En diferentes estudios de maíz, el modelo AMMI (efectos principales aditivos e interacciones multiplicativas) ha evidenciado su capacidad para el análisis de la estabilidad, la adaptación y la IG\*A (Crossa, 1990; Gauch, 2006; Alejos *et al.*, 2006); asimismo, es útil para identificar material sobresaliente en el cultivo de maíz (González *et al.*, 2009). AMMI cuenta con dos biplot alternativos de fácil interpretación: 1) gráfica con el rendimiento y el primer componente principal (CP1); y 2) gráfica de los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2), ambos se han utilizado recientemente para estimar la variable respuesta de los genotipos, de los ambientes y de la IG\*A que se dimensionan en cada biplot (González *et al.*, 2009; Palemón-Alberto *et al.*, 2012), el modelo es el más adecuado para la interpretación de la IG\*A (Zobel *et al.*, 1988; Crossa, 1990).

Asimismo, AMMI se ha utilizado en los cereales básicos o características de calidad de éstos, para el análisis de la estabilidad (baja IG\*A) y adaptación (expresado en rendimiento); a través, de diferentes ambientes, por ejemplo, en maíz (Vázquez *et al.*, 2012), en trigo (*Triticum aestivum* L.) (Castillo *et al.*, 2012) y en arroz (*Oryza sativa* L.) (Samonte *et al.*, 2005). Es necesario, en los programas de mejoramiento de maíz evaluar los híbridos obtenidos, esto con el fin de conocer la estabilidad y la adaptación ante la IG\*A de los materiales en diferentes ambientes.

Esto cobra mayor importancia cuando los híbridos considerados en esta instigación no están identificados en la literatura. Por tanto, se decidió evaluar 25 materiales híbridos de maíz amarillo duro formados por líneas del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) cruzado con los mejores materiales adaptados a la zona costera andina. El objetivo de la presente investigación fue determinar la estabilidad y la interacción genotipo \* ambiente del rendimiento de 25 híbridos de maíz amarillo duro evaluados en cinco localidades de Perú, en 2014-2015.

## Materiales y métodos

### Material evaluado

El germoplasma evaluado consintió en 22 híbridos trilineales de maíz amarillo duro formados por un híbrido simple HPM302 (hembra programa maíz) originario de material cubano introducido al Perú y mejorado en el Programa de Investigación y Proyección Social de Maíz (PIPS) de la Universidad Nacional Agraria La Molina (que sirvió como probador de las líneas), el cual se cruzó con líneas (CML) y pool (POOL) del CIMMYT utilizadas como machos en el año 2013. Aunado a estos híbridos trilineales se evaluaron otros tres materiales como testigos: el mismo híbrido simple HPM302 y dos híbridos comerciales de cruza doble, PM-213 y EXP-05.

Cabe señalar que los 22 híbridos trilineales junto con el híbrido simple HPM302 y los dos híbridos comerciales, todos ellos maíces amarillos duros fueron formados en el PIPS, de la Universidad Nacional Agraria La Molina, ubicada a 241 m de altitud, donde predomina el clima semi cálido húmedo (SENAMHI, 2016).

### Ubicación de los experimentos

Los 22 híbridos trilineales de maíz amarillo duro junto con los tres híbridos testigo fueron evaluados en las localidades de La Molina y Virú perteneciente a la zona costara, con un clima semi-calido húmedo; asimismo, se evaluó en las localidades de Oxapampa y Río Negro en la región de selva baja caducifolia, donde prevalece un clima semi cálido muy húmedo, estos cuatro ensayos fueron instalados el año 2014 y solo en el año 2015 se evaluó nuevamente en localidad de La Molina. El manejo agronómico y las características generales edafoclimáticas de las localidades se describen en el Cuadro 1. El diseño utilizado fue un latice 5x5 con cuatro repeticiones (Martínez, 1988), donde la unidad experimental consistió en dos surcos de 6 m de longitud, separados a 80 cm. Se sembraron cuatro semillas cada 40 cm, después de cuatro semanas se hizo un aclareo a 64 plantas por parcela experimental, dando una densidad de población de 62 500 plantas por hectárea.

**Cuadro 1. Características del manejo agronómico y condiciones ambientales de las localidades de evaluación.**

Localidad (abreviatura)	Provincia	Altitud (m)	Fertilización N-P-K	Tipo de suelo	Precipitación (mm) <sup>†</sup>	Temperatura	
						Max	Min
La Molina (LM-2015)	Lima	241	180-150-150	Leptisol	10.3 <sup>a</sup>	22.5	17.5
La Molina (LM-2014)	Lima	241	180-150-150	Leptisol	10.7 <sup>a</sup>	23.5	18.4
Oxapampa (OX-2014)	Oxapampa	1814	90-100-140	Cambisol	1603.4 <sup>b</sup>	25.5	11.3
Río negro (RN-2014)	Satipo	628	180-120-120	Leptisol	2466.6 <sup>b</sup>	33	25
Virú (VI-2014)	Virú	68	220-40-00	Arenosol	50.3 <sup>a</sup>	26	18

<sup>†</sup>= media anual; <sup>a</sup>= siembra con riego inicial y cinco riegos auxiliares; <sup>b</sup>= siembra de temporal; Max= temperatura máxima; Min= temperatura mínima.

## Manejo agronómico

En los dos años de evaluación en la localidad de La Molina se utilizó la fórmula de fertilización 180-150-150 (kg ha<sup>-1</sup> de N-P-K) (Cuadro 1), donde la aplicación de nitrógeno y potasio se dividió en dos partes iguales, la primera a los 15 días de la siembra y la segunda en la última labor de cultivo a los 40 días, aplicando todo el fósforo al momento de la siembra. Mientras que en la localidad de Virú se utilizó la fórmula 220-40-00, donde contó con la misma división de fertilización, aplicando 110 unidades de nitrógeno y todo el fósforo a los primeros 15 días de siembra y el resto de nitrógeno a los 40 días de siembra. En ambas localidades se aplicó riego inicial y cinco riegos de auxilio durante el ciclo del cultivo.

En contra parte, las localidades de Oxapampa y Río Negro fueron de temporal, teniendo las mismas divisiones en días de aplicación (15 y 40 días después de la siembra), así como los mismos porcentajes de aplicación de la fertilización, más no las mismas dosis, las cuales se reportan en el Cuadro 1 para las dos localidades, en la primera dosis se aplicó 50% del nitrógeno con el total de fósforo y potasio, mientras en la segunda dosis solo se depositó el resto de nitrógeno. En los cinco ambientes se aplicó herbicida para controlar malezas, con los ingredientes activos atrazina y glifosato en la segunda labor cultural, de igual manera se controló el gusano cogollero (*Spodoptera frugiperda*) en la misma etapa con insecticida que contenía clorpirifos como ingrediente activo, las dosis utilizadas fueron 1.5, 1 y 5 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente, tanto los herbicidas como el insecticida fueron disueltos en 200 L de agua por separado.

## Variable evaluada

El rendimiento de grano se obtuvo mediante la fórmula de Manrique (1997), la cual es la siguiente.

$$R = \frac{10\,000}{A} * 0.971 * PD * r$$

Donde: R= rendimiento (kg ha<sup>-1</sup>); A= área de la parcela (10.24 m<sup>2</sup>); 0.971= coeficiente de contorno; PD= porcentaje de desgrane =  $\frac{\text{Peso de grano}}{\text{Peso de mazorca}} * 100$ ; r= rendimiento seco corregido de la parcela al 14% de humedad

## Análisis estadístico

Se realizó un análisis de varianza combinado de los genotipos y localidades con su respectiva prueba Tukey; asimismo, se analizaron los datos de rendimiento de grano de las cinco localidades con el modelo Ammi (Zobel *et al.*, 1988; Crossa, 1990), mediante el paquete estadístico SAS para Windows, versión 9.0 (SAS Institute, 2002). Este modelo generó las dos gráficas biplot, una con la variable de rendimiento y el componente principal (CP) 1 y otra con los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2).

## Resultados y discusión

El análisis de varianza detectó diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para el rendimiento de grano en las fuentes de genotipos y ambientes, mientras que la interacción genotipo por ambiente (IG\*A) fue significativa ( $p \leq 0.05$ ) (Cuadro 2). Esto indica que las medias de rendimiento no fueron

estadísticamente iguales en los ambientales, mientras la diferencia entre genotipos refleja la divergencia genética de los materiales utilizados como machos y el grado de hibridación (simple, dobles y trilineales) con diferencias de nivel de dominancia y frecuencias génicas de los progenitores que se cruzan (Falconer, 1981).

Los porcentajes del Cuadro 2, con respecto a las tres fuentes de variación coinciden en su conformación a lo reportado por Palemón-Alberto *et al.* (2012). En tanto, el CP1 fue altamente significativo, el cual se formó por la suma de cuadrados de la IG\*A, que explicó 49.42% de la interacción. Sin embargo, el CP2 y CP3 no fueron significativos y solo representaron 21.05% y 16.84%, respectivamente, mientras tanto el CP1 y CP2 observó 70.47% de la IG\*A (Cuadro 2), lo que es aceptable para un valor acumulado entre los dos primeros componentes principales de acuerdo a lo mencionado por Medina *et al.* (2002).

**Cuadro 2. Análisis AMMI para el rendimiento de grano ( $t\ ha^{-1}$ ) de 25 híbridos de maíz amarillo duro evaluados en cinco ambientes de Perú (2014-2015).**

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Cuadrados medios	(%) de SC
Genotipos (G)	24	112.732	4.697**	10.99
Ambientes (A)	4	597.661	149.415**	58.27
IG*A	96	315.124	3.282*	30.74
CP1	27	155.743	5.768**	49.42
CP2	25	66.338	2.653	21.05
CP3	23	53.089	2.308	16.84
Error	21	39.955	1.902	12.69
CV	21.44			

\*\* , \* = significancia al  $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ , respectivamente; SC= suma de cuadrados; IG\*A= interacción genotipo por ambiente; CV= coeficiente de variación.

### Estabilidad del rendimiento

En el Cuadro 3, se observa los rendimientos promedios por hectárea de los 25 genotipos (filas) evaluados en cada ambiente (columnas); asimismo, la media general de cada genotipo y ambiente con su respectiva prueba Tukey con  $p \leq 0.05$ . Donde los híbridos trilineales CML226xHPM302 y POOL26xHPM302 presentaron el mayor rendimiento promedio con 8.153 y 8.08  $t\ ha^{-1}$ , respectivamente, mientras que el híbrido simple HPM302 utilizada como hembra para los híbridos trilineales resultó con el menor rendimiento promedio (6.151  $t\ ha^{-1}$ ).

En tanto, el resto de genotipos tuvo un rendimiento promedio entre 6.151 a 8.08  $t\ ha^{-1}$ ; es decir, los promedios de los 22 genotipos restantes estuvieron la distancia mínima significativa de 1.826  $t\ ha^{-1}$  que fue entre los genotipos POOL26xHPM302 y HPM302 (valores extremos). Por otra parte, en el Cuadro 3, se señala las diferencias de la prueba Tukey en las medias de cada ambiente, donde la localidad de LM-2014 tuvo el promedio más alto con 9.424  $t\ ha^{-1}$ , seguida por la localidad OX-2014 con un promedio de 7.216  $t\ ha^{-1}$ , en tanto las localidades de LM-2015 y RN-2014 tuvieron rendimientos similares, con 6.844 y 6.674  $t\ ha^{-1}$ , respectivamente, quedando en el último lugar VI-2014 con 6.374  $t\ ha^{-1}$ , esta prueba tuvo una distancia mínima significativa de 0.607  $t\ ha^{-1}$  de los promedios entre ambientes.

**Cuadro 3. Rendimiento promedio en t ha<sup>-1</sup> de 25 híbridos de maíz amarillo duro evaluados en cinco ambientes de cuatro distritos en Perú (2014-2015).**

Genotipos	Ambientes					Media
	LM-2015	LM-2014	OX-2014	RN-2014	VI-2014	
1) CML451xHPM302	5.857	9.555	6.275	8.195	5.614	7.099 ab
2) POOL22xHPM302	5.702	8.757	7.999	6.748	6.784	7.198 ab
3) CML358xHPM302	7.245	8.89	6.615	6.126	4.966	6.768 ab
4) CML493xHPM302	6.958	10.132	7.405	6.89	7.454	7.768 ab
5) CML228xHPM302	7.233	12.155	8.501	6.287	5.03	7.841 ab
6) CML453xHPM302	7.664	10.309	6.803	6.489	8.612	7.975 ab
7) CML434xHPM302	7.006	9.344	7.397	6.324	5.155	7.045 ab
8) CML479xHPM302	6.843	8.851	7.927	7.038	5.776	7.287 ab
9) POOL34xHPM302	7.418	10.036	6.319	6.736	7.488	7.599 ab
10) POOL21xHPM302	5.841	8.355	7.697	7.605	6.208	7.141 ab
11) CML225xHPM302	7.439	9.12	8.023	7.161	4.266	7.202 ab
12) CML359xHPM302	6.891	8.591	6.482	6.750	5.487	6.84 ab
13) CML338xHPM302	8.178	8.407	6.435	6.965	7.048	7.406 ab
14) CML481xHPM302	7.288	9.942	6.862	5.752	6.749	7.319 ab
15) POOL33xHPM302	6.496	10.605	6.926	7.472	7.845	7.869 ab
16) CML437xHPM302	6.810	8.282	7.908	7.045	6.225	7.254 ab
17) CML229xHPM302	6.715	8.318	7.16	6.086	6.011	6.858 ab
18) CML226xHPM302	8.542	9.973	8.568	7.221	6.459	8.153 a
19) CML428xHPM302	6.759	8.611	7.305	7.185	5.429	7.058 ab
20) POOL26xHPM302	7.698	10.35	7.843	7.222	7.286	8.08 a
21) POOL11xHPM302	6.512	9.631	9.176	6.008	6.471	7.56 ab
22) POOL25xHPM302	5.693	9.072	6.986	6.942	5.518	6.842 ab
23) HPM302 (simple)	4.345	8.903	6.105	5.827	5.577	6.151 b
24) PM-213 (doble)	6.976	9.326	7.569	6.372	7.823	7.613 ab
25) EXP-05 (doble)	6.999	10.094	4.124	4.414	8.069	6.74 ab
Media	6.844bc	9.424a	7.216b	6.674bc	6.374c	7.307

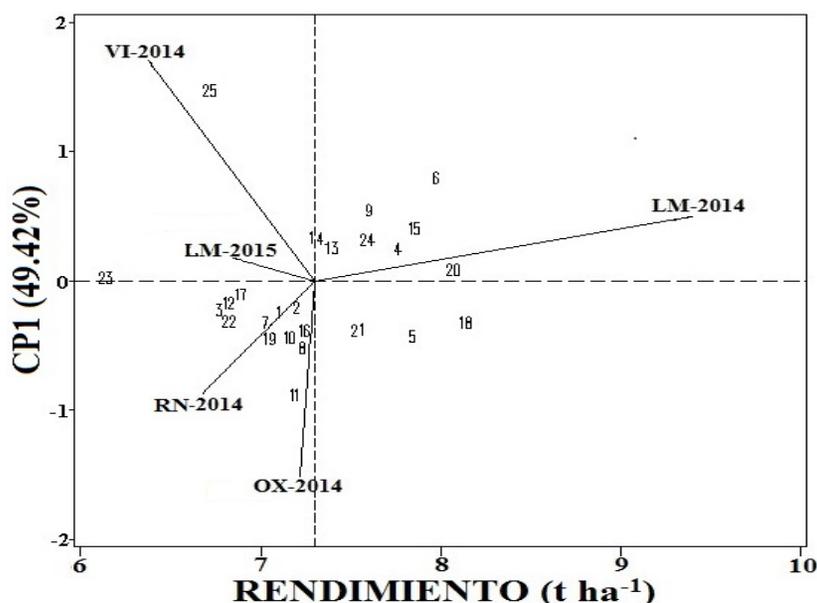
CML= línea CIMMYT; POOL= pool CIMMYT; HPM= hembra programa maíz (PIPS); PM= programa de maíz (PIPS); EXP= experimental; LM= La Molina; OX= Oxapampa; RN= Río negro; VI= Virú; promedios de los genotipos y ambientes con letras iguales no difieren estadísticamente de la prueba Tukey ( $p \leq 0.05$ ).

El modelo AMMI combina el análisis de varianza y el análisis de CP en términos multiplicativos, para explicar la estabilidad y adaptación de los genotipos y ambientes, así como, la IG\*A; a través, de una gráfica simultánea (Gauch y Zobel, 1989). Esta gráfica biplot se puede representar en dos formas: 1) con el CP1, expresando las diferencias en los efectos principales aditivos (genotipo y ambiente) y la variable en cuestión que cuenta con una escala propia de menor a mayor (de derecha a izquierda), donde se expresa el efecto de interacción multiplicativo; y 2) la adaptación y la

estabilidad se dimensiona; a través, de CP1 y CP2, respectivamente; donde los genotipos y ambientes ubicados en los dos cuadrantes (superiores) con  $CP1 > 0$  serán los mejor adaptados, es decir, tendrán los promedios más altos, mientras que los genotipos y ambientes no adaptados estarán en los dos cuadrantes (inferiores) con  $CP1 < 0$ .

En tanto, la estabilidad estará sujeta al eje del CP2, donde los genotipos y ambientes más cercanos al eje serán los más estables y viceversa (Yan *et al.*, 2000; Yan and Rajcan, 2002).

En el primer análisis AMMI, la Figura 1 muestra la gráfica biplot, donde el eje de las abscisas representa el CP1; es decir, la  $IG \times A$ , la cual puede ser positiva o negativa, mientras que el eje de las coordenadas representa la media del rendimiento ( $7.307 \text{ t ha}^{-1}$ ), lo cual indica que todos los genotipos y ambientes que fueron mayores a la media, se encontraran con los valores más elevados, perpendiculares al eje de las abscisas. Considerando lo anterior, podemos encontrar en la Figura 1 que los cinco mejores genotipos para el rendimiento de grano, en orden ascendente fueron los siguientes: CML228xHPM302, POOL33xHPM302, CML453xHPM302, POOL26xHPM302 y CML226xHPM302, con un rendimiento promedio de 7.841, 7.869, 7.975, 8.08 y  $8.153 \text{ t ha}^{-1}$ , respectivamente (Cuadro 3).



**Figura 1. Biplot de AMMI con el primer componente principal (CP1) y el rendimiento promedio de 25 híbridos de maíz amarillo duro evaluados en cinco ambientes de Perú durante el período 2014-2015.**

De acuerdo con el promedio de los genotipos en los cinco ambientes se duplicó la media nacional de  $4.5 \text{ t ha}^{-1}$ , según cifras de SIEA (2014). Mientras que los cinco genotipos con menor rendimiento promedio fueron los siguientes, en orden descendente: POOL25xHPM302, CML359xHPM302, CML358xHPM302, EXP-05 y HPM302, teniendo los promedios 6.842, 6.84, 6.768, 6.74,  $6.151 \text{ t ha}^{-1}$ , respectivamente, de los cuales, los tres primeros fueron híbridos trilineales, seguido por el híbrido doble EXP-05 y en último lugar el genotipo HPM302, material utilizado como probador hembra con líneas y pool del CIMMYT, este último fue el más estable de todos los genotipos ( $\leq$  al CP1) de acuerdo a la Figura 1; es decir, fue el genotipo más cercano al eje de abscisas, lo que

indica que estuvo menos influenciado por la IG\*A, tal como lo mencionaron Alejos *et al.* (2006), Palemón-Alberto *et al.* (2012) y López-Morales *et al.* (2017) en sus respectivos trabajos, siendo también HPM302 el de menor rendimiento.

Asimismo, los cuatro genotipos seguidos del más estables, en forma ascendente fueron los siguientes: CML229xHPM302, POOL26xHPM302 (en penúltimo lugar de los genotipos con respecto al de mayor rendimiento y con una diferencia de  $0.073 \text{ t ha}^{-1}$ ), CML359xHPM302 (en quinto lugar, de los genotipos con respecto al de menor rendimiento) y POOL22xHPM302; siendo estos cinco genotipos los que mantuvieron su comportamiento a través de los ambientes.

En contra parte, el genotipo más alejado del eje de las abscisas fue el EXP-05 (híbrido doble), lo cual indica que tuvo una alta IG\*A entre ambiente. Seguido por los cuatro genotipos menos estables ( $\geq$  al CP1); es decir, los genotipos más alejados al eje de abscisas, de forma descendentes fueron: CML225xHPM302, CML453xHPM302 (en antepenúltimo lugar de los genotipos con respecto al de mayor rendimiento, con una diferencia de  $0.175 \text{ t ha}^{-1}$ ), POOL34xHPM302 y POOL33xHPM302 (en cuarto lugar, de los genotipos con respecto al de mayor rendimiento y con una diferencia de  $0.284 \text{ t ha}^{-1}$ ). Tanto el Cuadro 3 y Figura 1 indican que los híbridos trilineales POOL26xHPM302 y CML226xHPM302 expresaron su máximo potencial de rendimiento promedio,  $8.08$  y  $8.153 \text{ t ha}^{-1}$ , respectivamente, así como una buena estabilidad entre ambientes ( $|0.5| < \text{CP1}$ ).

Entre el genotipo CML226xHPM302 híbrido trilineal y HPM302 híbrido simple (el genotipo de mayor y menor rendimiento, respectivamente) hubo una diferencia de  $24.56\%$ , lo que puede significar la diferencia entre sembrar genotipos híbridos trilineales y el híbrido simple. En general, todos los veinticinco genotipos evaluados superaron la media nacional del rendimiento que fue de  $4.5 \text{ t ha}^{-1}$  (SIEA, 2014); en tanto, solo 10 de los 25 genotipos superaron el promedio general que fue de  $7.305 \text{ t ha}^{-1}$  (utilizado como eje de coordinas en la Figura 1), quedando entre ellos el material PM-213 híbrido comercial de cruza doble.

En la Figura 1, ningún material discriminó entre ambientes, lo que indica que ningún genotipo fue superior a los cinco ambientes prueba. Al mismo tiempo, la Figura 1 informa que el HPM302 (híbrido simple) fue el más estable de los genotipos (el más cercano al eje de abscisas) pero contó con el menor rendimiento entre genotipos ( $6.151 \text{ t ha}^{-1}$ ), mientras que los dos híbridos comerciales de cruza doble (PM-213 y EXP-05) presentaron un mayor rendimiento ( $7.613$  y  $6.74 \text{ t ha}^{-1}$ , respectivamente) con respecto al genotipo HPM302 (híbrido simple), pero tuvieron una mayor IG\*A, siendo el EXP-05 el menos estable (el más alejado al eje de abscisas) entre genotipos, tal como lo señala el Cuadro 3 y Figura 1.

En tanto, los híbridos trilineales fueron de un rendimiento de grano regular (CML358xHPM302 con  $6.768 \text{ t ha}^{-1}$ ) a excelente (CML226xHPM302 con  $8.153 \text{ t ha}^{-1}$ , el mayor rendimiento entre genotipos) y una estabilidad intermedia ( $|0.5| < \text{CP1}$ ) excepto los genotipos CML453xHPM302, POOL34xHPM302 y CML225xHPM302 los cuales están más alejado al eje de abscisas; es decir, fueron más influenciados por la IG\*A entre híbridos trilineales. Por otra parte, todos los híbridos trilineales evaluados tuvieron mayor rendimiento que el híbrido simple (HPM302 con  $6.151 \text{ t ha}^{-1}$ ) y solo cinco genotipos de los híbridos trilineales (los de mayor rendimiento) superaron al mejor híbrido de cruza doble (PM-213 con  $7.613 \text{ t ha}^{-1}$ ) por  $6.63\%$  con respecto al mejor rendimiento híbrido trilineal (CML226xHPM302 con  $8.153 \text{ t ha}^{-1}$ ).

De lo anterior se puede mencionar, que los híbridos trilineales tuvieron un rendimiento de grano aprobable ante los híbridos dobles (cinco genotipos) e híbrido simple (tanto los híbridos trilineales como dobles) y la mayoría de éstos híbridos tuvo una estabilidad intermedia, entre los cuales se encontraron los dos híbridos trilineales (POOL26xHPM302 y CML226xHPM302, obteniendo las más altas diferencias significativas del resto de genotipos) con el mayor rendimiento de grano; a través, de los ambientes prueba, tal como lo reportó González *et al.* (2009) con materiales similares.

Por otro lado, en la localidad de La Molina para el ciclo agrícola 2014 (LM-2014) los genotipos mostraron el mayor rendimiento promedio entre localidad ( $9.424 \text{ t ha}^{-1}$ , obteniendo la más alta diferencia significativa del resto de localidades), tal rendimiento promedio fue superior; a través, de los genotipos, además de ser la única localidad que sobrepasó la media de rendimiento ( $7.305 \text{ t ha}^{-1}$  (utilizado como eje de coordenadas en la Figura 1).

De acuerdo con la longitud de los vectores con respecto a la media (desviación estándar), los ambientes que mejor discriminaron a los genotipos fueron LM-2014, Virú (VI-2014), Oxapampa (OX-2014) y Río Negro (RN-2014); en cambio, la localidad de La Molina 2015 (LM-2015), no discriminó entre genotipos; es decir, fue el más estable de los ambientes ( $|0.5| < \text{CP1}$ ), el cual están más cercano al eje de abscisas; es decir, fue el menos influenciado por la  $\text{IG}^*A$ , esto pudo ser debido a que fue la localidad donde se realizaron los cruces del híbrido simple, e híbridos dobles y trilineales evaluados. Notándose una gran diferencia tanto en la longitud y dirección de los vectores, así como, en los rendimientos promedios entre los años 2014 y 2015 de la localidad de La Molina, lo cual se puede interpretar como una respuesta a cambios climáticos, tal como lo indica el Cuadro 1, donde se encuentran ligeros cambios de temperaturas máximas y mínimas, así como en la precipitación, siendo la localidad de La Molina del año 2014 superior con respecto a 2015.

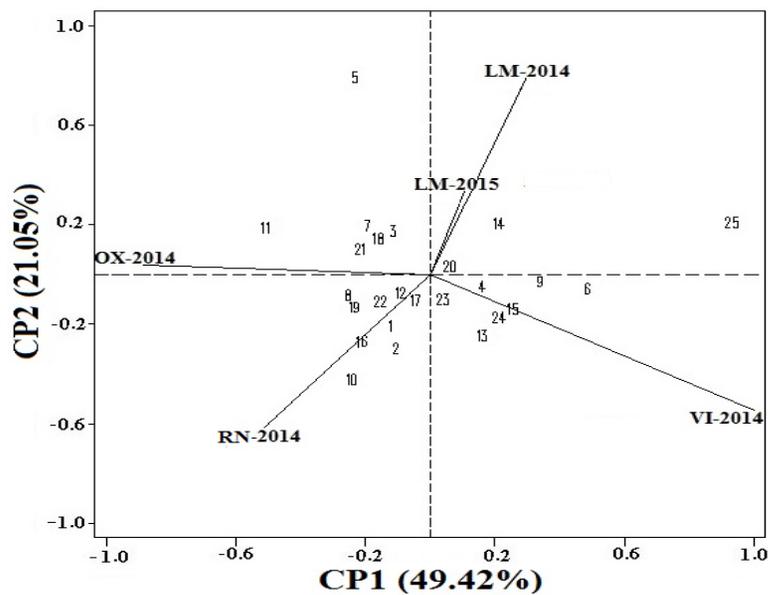
Esta oposición en la longitud y dirección en los vectores, y en los rendimientos promedios en la misma localidad pudo ser debido a la ligera diferencia de cambios climáticos, tal como se presentaron en los estudios de González *et al.* (2009); López-Morales *et al.* (2017) encontrándose un similar resultado ante una misma localidad evaluada en diferentes años o ciclos agrícolas del mismo año. De igual manera, el segundo ambiente más estable fue LM-2014, quien obtuvo el mayor rendimiento promedio superando a los dos mejores híbridos trilineales (POOL26xHPM302 y CML226xHPM302) con  $9.424 \text{ t ha}^{-1}$ , siendo también diferente estadísticamente significativo en la prueba Tukey entre ambientes.

Seguido por el ambiente de OX-2014 con un rendimiento promedio de  $7.216 \text{ t ha}^{-1}$  e igualmente separado estadísticamente. En tanto, el ambiente LM-2015 (el más estable) con  $6.844 \text{ t ha}^{-1}$  y RN-2014 con  $6.674 \text{ t ha}^{-1}$ , obtuvieron las mismas letras en Tukey, lo que significa que entre estos dos ambientes no hubo diferencias estadísticas, mientras que el ambiente con el más bajo rendimiento fue VI-2014 (el menos estable) con un rendimiento promedio de  $6.374 \text{ t ha}^{-1}$  (Figura 1 y Cuadro 3). Los dos mejores híbridos trilineales (POOL26xHPM302 y CML226xHPM302) respondieron de manera idónea al ambiente de La Molina en el año 2014 y no al año 2015, a pesar de que en esta localidad se realizó todos los cruzamientos de los híbridos evaluados.

Lo que supone que cada localidad tuvo su propia particularidad: mejor adaptación (LM-2014) y mejor estabilidad (LM-2015), pero el cambio de las precipitaciones y temperaturas fue quizá la diferencia entre las dos localidades (Cuadro 1 y Figura 1), tal como lo reportan Alejos *et al.* (2006).

## Efecto de los dos componentes principales

En el segundo análisis AMMI, la Figura 2 presenta el biplot donde se dimensionan los efectos de los dos primeros CP, que explicaron 70.47% de la IG\*A. En la Figura 2, los genotipos o ambientes más estables son aquellos que se localizan al centro de la Figura 2 (cerca del origen), mientras los más alejados al origen serán más influenciados por la IG\*A. De este modo, en el biplot de la Figura 2 se observa que los genotipos más estables son los siguientes, ordenados de manera descendente a su estabilidad: POOL26xHPM302, CML359xHPM302 y CML229xHPM302 (los tres híbridos trilineales), y HPM302 (el único híbrido simple), lo que coincide con los cuatro primeros híbridos de la Figura 1.



**Figura 2. Biplot de AMMI con los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) del rendimiento promedio de 25 híbridos de maíz amarillo duro evaluados en cinco ambientes de Perú, durante el período 2014-2015.**

Asimismo, también coinciden con los cinco genotipos menos estables (los más alejados al origen), en orden ascendente son los siguientes: EXP-05 (uno de los híbridos dobles), CML228xHPM302, CML453xHPM302, CML225xHPM302 y POOL21xHPM302 (híbridos trilineales), entre ellos solo se agregó en los genotipos CML228xHPM302 el cual no se encontraba en la Figura 1 entre los menos estable, lo cual pudo deberse al efecto del CP2.

De igual manera, el ambiente LM-2015 fue el más estable en las Figuras 1 y 2, mientras que los otros cuatro ambientes evaluados discriminaron entre genotipos. Yan *et al.* (2000) indicaron que entre los vértices de ambientes con ángulo menor a 90° tendrán una distribución similar, lo cual sucedió entre los ambientes LM-2014 y LM-2015 y también con RN-2014 y OX-2014 (Figura 2). Mientras que los ambientes cercanos a 90°, no guardan correspondencia en la forma de organizar a los genotipos, tal como sucede con RN-2014 y VI-2014, LM-2014 o LM-2015 y VI-2014.

En tanto, los ambientes que se encuentran con ángulos de  $180^\circ$ , ordenar de forma contraria a los genotipos, lo cual complica la selección entre estos ambientes por ser de diferentes condiciones, tal como ocurrió entre los ambientes de LM-2014 o LM-2015 y RN-2014. Con respecto a los genotipos que se encuentran entre ángulos menores a  $90^\circ$  y mayores de  $270^\circ$  de cada uno de los vértices de ambientes, fueron los genotipos que expresaron su máximo potencial genético en los ambientes prueba (Eeuwijk, 2006). Por lo tanto, los vectores de los ambientes LM-2014 y LM-2015 se encuentran demasiado cercanos un con el otro, lo que pudo deberse a la similitud edafológica, ya que es la misma localidad evaluada en diferente año.

En consecuencia, se generaron cuatro grupos de genotipos, siendo el más y menos estable en cada grupo, en ese orden los genotipos fueron, respectivamente: para el ambiente LM-2014 y LM-2015 fueron los genotipos POOL26xHPM302 (el penúltimo en mayor rendimiento) y CML228xHPM302 (ambos híbridos trilineales), mientras en VI-2014 fueron POOL26xHPM302 (híbridos trilineales) y EXP-05 (híbrido doble y con menos estabilidad en la Figura 1), en tanto para RN-2014 fueron HPM302 (híbrido simple y de menor rendimiento) y POOL21xHPM302 (híbridos trilineales) y por último en OX-2014 fueron los genotipos CML229xHPM302 y CML225xHPM302 (ambos híbridos trilineales) (Figura 2).

En la Figura 2, los vectores de los ambientes de La Molina (LM-2014 y LM-2015) se encuentran muy cercanos entre sí, aunque fueron evaluados en distintos años no existió una gran diferencia entre ellos, esto pudo suceder porque tuvieron las mismas condiciones edafológicas (fertilización y tipo de suelo) y climáticas (precipitación y temperatura con una diferencia menor a la unidad) (Cuadro 1). El hecho de que estos ambientes estén juntos, como se muestra en la Figura 2 y caigan en el mismo cuadrante significa que son muy parecidos ante la IG\*A, tal como se indicó en el trabajo de Alejos *et al.* (2006) donde evaluaron diferentes ciclos agrícolas en una misma localidad, obteniendo similares resultados de los vectores (longitud, distancia y dirección).

Sin embargo, cuando se gráfica el CP1 y el rendimiento (Figura 1), LM-2014 (con  $9.424 \text{ t ha}^{-1}$ ) fue superior a todos los ambientes (OX-2014 el segundo lugar entre ambientes con  $7.216 \text{ t ha}^{-1}$ ) y genotipos (CML226xHPM302 con el mayor rendimiento de  $8.153 \text{ t ha}^{-1}$ ), e incluso al promedio general (de  $7.307 \text{ t ha}^{-1}$ ). Por lo que Alejos *et al.* (2006) sugiere evaluar en el mismo lugar por varios ciclos para tener mayor precisión ante los datos. El alto rendimiento observado del ambiente LM-2014 en el Cuadro 3 y Figura 1, se puede explicar por las condiciones climáticas (precipitación y temperatura) son las idóneas para el cultivo de maíz (Cuadro 1), lo que le dio la gran ventaja no solo ante el ambiente LM-2015, sino también a los ambientes establecidos en otras zonas del Perú.

La diferencia del rendimiento de la localidad LM-2014 con los ambientes de OX-2014 y RN-2014 pudo deberse al exceso de humedad y una mala distribución de la precipitación, ya que ambas localidades fueron siembras de temporal donde se obtuvieron registros de lluvia anual con  $1\ 603.4$  y  $2\ 466.6$  mm, respectivamente (Cuadro 1). Tal como lo indica Barrales *et al.* (1984), el rendimiento está asociado no sólo con la cantidad, sino también con la distribución de agua. El bajo rendimiento de la localidad de RN-2014 (con  $6.674 \text{ t ha}^{-1}$ ) pudo deberse también a las elevadas temperaturas, con una máxima de  $33$  y una mínima de  $25^\circ\text{C}$  (Cuadro 1), ya que uno de los factores que más afecta a una planta son las altas temperaturas ( $>25^\circ\text{C}$ ) (Rincón *et al.*, 2006), pues se redujo significativamente el rendimiento de grano hasta en  $20.19\%$  con respecto al ambiente LM-2014 con el mayor rendimiento ( $9.424 \text{ t ha}^{-1}$ ).

Por su baja dosis de fertilización en P y K, así como, su tipo de suelo Arenosol (Cuadro 1), el cual tiene la característica de una alta permeabilidad y baja capacidad de almacenar agua y nutrientes (IUSS, 2007), en el ambiente VI-2014 los genotipos no expresaron su máximo potencial genético, lo que pudo explicar que fuera la localidad de menor rendimiento con  $6.374 \text{ t ha}^{-1}$  (Cuadro 3 y Figura 1). En tanto, en la Figura 2 los vectores (longitud, distancia y dirección) de los ambientes de La Molina (LM-2014 y LM-2015), se encuentran muy cercanos entre sí, encontrándose en el cuadrante I donde existe una adaptación y estabilidad positiva de los genotipos, lo cual puede deberse a que fue la localidad donde se produjeron todos los cruzamientos de los híbridos evaluados (trilineales, dobles y el simple), lo que pudo también generar que los dos ambientes se unieran, dado que los genotipos actuaron de forma muy similar, ya que era en el mismo ambiente evaluado en diferentes años (2014 y 2015).

En tanto, el suelo Leptisol de los ambientes de La Molina (Cuadro 1) favoreció la humedad por su textura fina; es decir, fueron suelos arcillosos que retuvieron mayor humedad (IUSS, 2007) bajo condiciones de riego.

## Conclusiones

El modelo AMMI (efectos principales aditivos e interacciones multiplicativas) fue una herramienta útil para interpretar la interacción genotipo por ambiente (IG\*A) representada en sus dos gráficas biplot, en la característica de rendimiento de grano y poder determinar con precisión la estabilidad y adaptación de los genotipos evaluados. Las gráficas biplot del modelo AMMI explicaron 49.42% y 70.47% de la IG\*A, respectivamente. Los híbridos trilineales CML226xHPM302 con  $8.153$  y POOL26xHPM302 con  $8.080 \text{ t ha}^{-1}$ , presentaron la mejor adaptación (rendimiento), destacando estadísticamente del resto de genotipos.

Asimismo, pero de forma contraria, el híbrido simple HPM302 tuvo el menor rendimiento con  $6.151 \text{ t ha}^{-1}$ , encontrándose entre los primeros lugares de los genotipos con mayor estabilidad, siendo superado por CML226xHPM302 (el primer lugar en rendimiento). Mientras que los dos híbridos de cruce doble se pueden considerar superiores en rendimiento de grano al híbrido simple pero inferiores a seis híbridos trilineales. Entre las dos localidades de La Molina evaluadas en diferentes años (LM-2014 y LM-2015), no existieron diferencias edafológicas (fertilización y tipo de suelo), pero sí una leve desigualdad climática (precipitación y temperaturas).

Por tanto, se infiere que causo efectos significativos en cada ambiente: LM-2015 no discriminó entre ambientes y genotipos, considerándose el entorno más estable, con un rendimiento promedio de  $6.844 \text{ t ha}^{-1}$ , LM-2014 discrimino entre genotipos, obteniendo un máximo potencial de rendimiento promedio de los genotipos ( $9.424 \text{ t ha}^{-1}$ ), siendo el único que sobre pasó la media general, con los componentes principales de la IG\*A positivos. Por último, se comprueba que en las gráficas biplot los mejores genotipos fueron el POOL26xHPM302 y el CML226xHPM302 (ambos híbridos trilineales), ya que expresaron su máximo potencial de rendimiento y estabilidad ante los ambientes de La Molina donde las condiciones edafoclimáticas fueron las convenientes para estos genotipos.

## Literatura citada

- Alejos, G.; Monasterio, P. y Rea, R. 2006. Análisis de la interacción genotipo-ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. *Agron. Trop.* 56(3):369-384.
- Barrales, D. S.; Muñoz, O. A. y Sotres, R. D. 1984. Relaciones termopluviométricas en familias de maíz bajo condiciones de temporal. *Agrociencia.* 58:127-139.
- Castillo, D.; Matus, I.; Del Pozo, A.; Madariaga, R. and Mellado, M. 2012. Adaptability and genotype  $\times$  environment interaction of spring wheat cultivars in Chile using regression analysis, AMMI, and SREG. *Chilean J. Agric. Res.* 72(2):167-174.
- Crossa, J. 1990. Statistical analysis of multilocation trials. *Adv. Agron.* 44:55-85.
- DGCA. 2012. Dirección General de Competitividad Agraria. Cadena agroproductiva del maíz amarillo duro. Ministerio de Agricultura. Lima, Perú. 30 p. <http://agroaldia.minagri.gob.pe/biblioteca/download/pdf/agroeconomia/agroekonomiamazamarillo2.pdf>.
- Eeuwijk, van F. A. 2006. Genotype by environment interaction. Basics and beyond. *In: Plant breeding: The Arnell Hallauer International Symposium.* (Eds.). Eeuwijk, van F. A.; Lamkey, K. R. and Lee, M. Blackwell Publishing, Ames, Iowa, USA. 155-170 pp.
- Falconer, D. S. 1981. Introduction to quantitative genetics. Longman group limited (2<sup>da</sup> edition). London. 133 p.
- Gauch, H. G. 2006. Statistical analyses of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46:1488-1500.
- Gauch, H. G. and Zobel, R. W. 1989. Accuracy and selection success in yield trial analyses. *Theor. Appl. Gen.* 77:473-481.
- González, H. A.; Sahagún, C. J.; Vázquez, G. L. M.; Rodríguez, P. J. E.; Pérez, L. D. de J.; Domínguez, L. A.; Franco, M. O. y Balbuena, M. A. 2009. Identificación de variedades de maíz sobresalientes considerando el modelo AMMI y los índices de Eskridge. *Agric. Téc. Méx.* 35(2):189-200.
- IUSS. 2007. International Union of Soil Sciences. Grupo de trabajo WRB. Base referencial mundial del recurso suelo. Primera actualización. Informes sobre recursos mundiales de suelos No. 103. FAO, Roma, 117 p. <http://www.fao.org/3/a-a0510s.pdf>.
- López-Morales, F.; Vázquez-Carrillo, M. G.; Molina-Galán, J. D.; García-Zavala, J. J.; Corona-Torres, T.; Cruz-Izquierdo, S.; López-Romero, G.; Reyes-López, D. y Esquivel-Esquivel, G. 2017. Interacción genotipo-ambiente, estabilidad del rendimiento y calidad de grano en maíz Tuxpeño. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 8(5):1035-1050.
- Manrique, C. P. A. 1997. El maíz en el Perú. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONCYTEC). Lima, Perú. 362 p.
- Martínez, G. A. 1988. Diseños experimentales. Métodos y elementos de teoría. Trillas. México, DF. 756 p.
- Medina, S.; Marín, R. C.; Segovia, V.; Bejarano, A.; Venero, Z.; Ascanio, R. y Meléndez, E. 2002. Evaluación de la estabilidad del rendimiento de variedades de maíz en siete localidades de Venezuela. *Agron. Trop.* 52(3):255-275.
- Palemón-Alberto, F.; Gómez-Montiel, N. O.; Castillo-González, F.; Ramírez-Vallejo, P.; Molina-Galán, J. D. y Miranda-Colín, S. 2012. Estabilidad de cruza intervarietales de maíz (*Zea mays* L.) para la región semicálida de Guerrero. *Agrociencia.* 46(2):133-145.
- Paliwal, P. R.; Granados, G.; Renée, L. H.; Violic, D. A. 2001. El maíz en los trópicos: mejoramiento y producción. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO). Roma, Italia. 367 p.

- Polanco, J. A. y Flores, M. T. 2008. Bases para una política de I&D e innovación de la cadena de valor del maíz. Foro Consultivo Científico y Tecnológico. México, DF. 244 p.
- Rincón, T. J. A.; Castro, N. S.; López, S. J. A.; Huerta, A. J.; Trejo, L. C.; Briones, E. F. 2006. Temperatura alta y estrés hídrico durante la floración en poblaciones de maíz tropical. *Bot. Exp.* 75:31-40.
- Samonte, S. O. P.; Wilson, L. T.; McClung, A. M. and Medley, J. C. 2005. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. *Crop Sci.* 45:2414-2424.
- SAS. 2002. Statistical Analysis System. The SAS System for Windows 9.0. User's guide. Cary, N. C. USA. 584 p.
- SENAMHI. 2016. Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú. Mapa climático nacional. Ministerio del ambiente. <https://www.senamhi.gob.pe/?&p=mapa-climatico-del-peru>.
- SIEA. 2014. Sistema Integrado de Estadística Agrarias. Ministerio de Agricultura y Riego (MINAGRI), Perú. Anuario comercial exterior 2014. <http://siea.minagri.gob.pe/siea/>.
- Torres, F. J. L.; Morales, R. E. J.; González, H. A.; Laguna, C. A. y Córdova, O. H. 2011. Respuesta de híbridos trilineales y probadores de maíz en valles altos del centro de México. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 2(6):829-844.
- Valladolid, R. J. 2003. Crianza ritual de la diversidad de maíces en los Andes del Perú. *In*: Esteva, G. y Marielle, C. (Eds.). Sin maíz no hay país. CONACULTA. Museo Nacional de las Culturas Populares. México. 67-82 pp.
- Vázquez, C. M. G.; Santiago, R. D.; Salinas, M. Y.; Rojas, M. I.; Arellano, V. J. L.; Velázquez, C. G. A. y Espinosa, C. A. 2012. Interacción genotipo-ambiente del rendimiento y calidad de grano y tortilla de híbridos de maíz en valles altos de Tlaxcala, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 35(3):229-237.
- Yan, W. and Rajcan, I. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42(1):11-20.
- Yan, W.; Hunt, L. A.; Sheng, Q. and Szlavnic, Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Sci.* 40:597-605.
- Zobel, R. W.; Wright, M. J. and Gauch, H. G. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80:388-393.