

Selección de poblaciones de maíz con base en la producción temprana de biomasa bajo condiciones de estrés salino

Jesús Ulises Félix-Lizárraga¹
Norma Angélica Ruiz-Torres^{2§}
Froylán Rincón-Sánchez¹
Francisco Javier Sánchez-Ramírez³
Fernando Borrego-Escalante³
Adalberto Benavides Mendoza³

¹Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento. ²Centro de Capacitación y Desarrollo en Tecnología de Semillas. ³Departamento de Horticultura-Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. CP. 25315. (ulises.felix.lizarraga@gmail.com; frincon@uaaan.edu.mx; frajavsanram@gmail.com; fborregoe9@gmail.com; abenmen@gmail.com).

§Autor para correspondencia: n.nruiz@hotmail.com.

Resumen

Las poblaciones nativas de maíz cuentan con atributos que las diferencian por su área de adaptación a condiciones bióticas y abióticas adversas que pueden usarse en esquemas de selección. Los objetivos de la presente investigación fueron analizar la producción de materia seca en etapas tempranas de desarrollo y selección de poblaciones de maíz bajo condiciones de estrés por salinidad. Se evaluaron 118 poblaciones de maíz de la raza Ratón y dos testigos (híbridos) en ensayos realizados en invernadero en dos ambientes contrastantes en 2021 (con y sin estrés salino). Se determinó el peso seco de raíz, peso seco de vástago y el contenido de clorofila. En los ambientes se encontraron diferencias estadísticas en peso seco de vástago ($p \leq 0.01$) y el contenido de clorofila ($p \leq 0.05$), en tanto que en PSR no hubo diferencia. En los genotipos (poblaciones y testigos) se encontraron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para las variables de peso seco, excepto en el contenido de clorofila. No hubo evidencia de interacción de genotipos \times ambientes en ninguna de las variables estudiadas. Las condiciones de estrés salino tuvieron un efecto en relación con las condiciones sin estrés con una reducción de 25.9% en PSR y 47.5% en peso seco de vástago. Se determina que existe variación genética en las poblaciones estudiadas de la raza Ratón para el peso seco de raíz y peso seco de vástago con una estimación de heredabilidad en sentido amplio de 0.6 y 0.62, respectivamente, lo que permite realizar selección de genotipos en la etapa temprana de desarrollo. De los 25 genotipos superiores se identificaron 10 en el ambiente favorable (testigo), seis en el ambiente de estrés (tolerantes a salinidad) y nueve con un comportamiento promedio a través de ambientes.

Palabras clave: *Zea mays* L., diversidad genética, estrés por salinidad, raza ratón.

Recibido: febrero de 2023

Aceptado: mayo de 2023

Introducción

En la actualidad, la agricultura enfrenta las modificaciones al ambiente por efecto del cambio climático, que, de manera particular, modifica la temperatura, la radiación y la precipitación pluvial, los cuales afectan negativamente la producción (Arce-Romero *et al.*, 2018). Se considera que una alternativa para mitigar los efectos del cambio climático es el uso de la diversidad genética de las variedades nativas, debido a que están adaptadas a condiciones adversas, y comúnmente enfrentan diversos tipos de estrés, ocasionados por factores bióticos y abióticos (Rincón-Sánchez y Ruiz-Torres, 2017).

En el desarrollo de variedades mejoradas para incrementar el potencial de rendimiento, productividad y adaptación a las condiciones ambientales se requiere identificar fuentes de variación genética para ser incorporada en los procesos de selección. Los maíces nativos cuentan con información genética de importancia agronómica, como la capacidad de adaptación a condiciones adversas, precocidad, potencial de rendimiento y estabilidad en diferentes ambientes, los cuales pueden ser utilizados en programas de mejoramiento genético (González-Martínez *et al.*, 2020). Además de la evaluación agronómica, se requiere una alternativa para identificar germoplasma con potencial bajo condiciones de estrés, Farooq *et al.* (2015) proponen realizar ensayos donde los genotipos se sometan a condiciones de salinidad.

En un estudio de la respuesta del sistema radical en maíz a condiciones de estrés por sequía Li *et al.* (2015) reportan variación genética de la raíz, la cual puede ser utilizada como criterio de selección en estado de plántula. En maíz, se pueden realizar pruebas masivas para identificar genotipos tolerantes a salinidad con base en el peso de las plántulas y tasa de crecimiento bajo condiciones de estrés salino (Farooq *et al.*, 2015). En ensayos realizados durante las primeras etapas de crecimiento en maíz, Khan *et al.* (2003) encontraron que el crecimiento de las raíces en función de las concentraciones de sal es útil para seleccionar de forma preliminar genotipos tolerantes a salinidad.

Asimismo, un buen desarrollo del sistema radical en la emergencia y etapa temprana de desarrollo es de gran importancia para que el cultivo de maíz pueda establecerse en condiciones de estrés hídrico (Leach *et al.*, 2011). Los objetivos de la presente investigación fueron analizar la producción de materia seca en etapas tempranas de desarrollo y selección de poblaciones de maíz bajo condiciones de estrés por salinidad. El trabajo se realizó bajo los supuestos que en las poblaciones de maíz existe variación genética y respuesta diferencial en la producción de materia seca que puede ser utilizada como criterio de selección temprana.

Materiales y métodos

El material genético consistió en 118 poblaciones de maíz clasificadas como raza Ratón procedentes de los estados de Coahuila (83), Nuevo León (20) y Tamaulipas (15), resguardados en el Centro de Conservación de Semillas Ortodoxas Región Norte (CCSONorte), ubicado en la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN). En el experimento se incluyeron dos híbridos comerciales como testigo: Rx715 de Asgrow y 6818 de Syngenta. El ensayo se estableció en el invernadero número dos de la UAAAN, Saltillo, Coahuila, México. El invernadero cuenta con control pasivo de la temperatura, la cual fue registrada cada cuatro horas utilizando un Hobo[®] data logger. La temperatura promedio registrada durante el desarrollo del experimento fue de 26.5 y 18.7 °C y humedad relativa promedio de 54.1 y 70.4%, durante el día y noche, respectivamente.

El estudio se realizó en dos ambientes contrastantes con y sin estrés por salinidad. En el ensayo se establecieron 120 genotipos (118 poblaciones y dos testigos) en los meses de junio, julio y agosto de 2021 bajo el diseño experimental de parcelas divididas en bloques completos al azar con cuatro repeticiones, en donde la parcela grande A fueron los ambientes (con/sin sal) y la parcela chica B, los genotipos. Por cuestiones de manejo del material experimental y toma de datos, cada bloque fue establecido en diferentes fechas de siembra, con separación de una semana y una duración del experimento de cinco semanas a partir de la fecha de siembra.

La unidad experimental (UE) consistió en macetas d de polietileno negro de 6 x 20 cm, con un sustrato compuesto de peat-moss, Perlita y Vermiculita en relación 2:1:1, respectivamente. Se sembraron tres semillas por maceta a tres centímetros de profundidad y posterior a la emergencia se eliminó una planta, dejando solo dos plantas por UE, sin fertilización adicional. Los riegos para el ambiente de estrés consistieron en una solución salina a base de NaCl (18.57 mS/cm) y aplicación de agua destilada para el ambiente sin estrés. En cada caso se aplicaron 100 ml por maceta con un intervalo de riego de siete días. Para apoyar a las plantas en la etapa de germinación y emergencia, se aplicó un riego de auxilio al tercer día después de la siembra.

Después de cada riego se realizaron lecturas de conductividad eléctrica de forma directa en el sustrato, con el medidor portátil de conductividad para suelo Hanna® HI993310. Al finalizar el ensayo, se realizó la estimación del contenido de clorofila (CLO) en unidades SPAD (Índice de contenido relativo de clorofila) con ayuda de un medidor portátil SPAD 501 Konica Minolta (Konica Minolta Inc, 2009). La muestra se realizó en la última hoja ligulada de una planta de la unidad experimental y se realizaron tres lecturas, registrando el valor promedio. Una vez transcurridas las cinco semanas a partir de la siembra, las raíces fueron extraídas del sustrato con cuidado.

Cada planta fue seccionada en dos partes (raíz y vástago) y luego se depositaron en bolsas de papel de estraza, para someterlas a secado en una estufa a 70 °C por 48 h. Después, se pesaron las muestras en una balanza analítica marca AMD HR-200 y el resultado fue expresado como peso seco de raíz (PSR) y peso seco de vástago (PSV) en mg planta⁻¹.

Se realizó análisis de varianza de acuerdo con el diseño experimental utilizando y una comparación múltiple de medias de Tukey ($p \leq 0.05$) con el procedimiento PROC GLM de SAS (SAS Institute Inc, 2018). Se computó el valor medio del peso seco total (PST) con las fracciones del peso seco de raíz (PSR) y peso seco de vástago (PSV). Con los valores medios se realizó un análisis de correlación simple de Pearson con el procedimiento PROC CORR de SAS (SAS Institute Inc, 2018). Los ambientes, genotipos y la interacción genotipo x ambiente fueron considerados como efectos fijos, el resto de los efectos en el modelo como aleatorios. Se calculó un valor de decisión para identificar genotipos superiores, definido por la media más uno y dos veces el error estándar de la media ($\mu + \varepsilon$; $\mu + 2\varepsilon$).

Finalmente, se utilizó un modelo aleatorio para estimar los componentes de varianza con el procedimiento PROC MIXED de SAS (SAS Institute Inc, 2018). Con los componentes de varianza se estimó el coeficiente de determinación genética o heredabilidad en sentido amplio para los caracteres en estudio (Hallauer *et al.*, 2010). Las medias de genotipos x caracteres en ambientes fueron utilizadas para realizar el análisis de dispersión gráfica de estos, basado en el análisis de componentes principales (ACP), el cual fue obtenido con el modelo GGEbiplot (Yan, 2014).

Resultados y discusión

Los cuadrados medios del análisis de varianza y la estimación de los componentes de varianza para los caracteres peso seco de raíz (PSR), peso seco de vástago (PSV) y contenido de clorofila (CLO), obtenidas en los ensayos de invernadero en 2021 se presentan en el (Cuadro 1).

Cuadro 1. Cuadrados medios y componentes de varianza de la producción de materia seca en ensayos de invernadero, en 2021.

FV	GL	Peso seco de raíz (mg planta ⁻¹)		Peso seco de vástago (mg planta ⁻¹)		Contenido de clorofila (SPAD)	
		CM	$\hat{\sigma}^2$	CM	$\hat{\sigma}^2$	CM	$\hat{\sigma}^2$
Bloques (BLO)	3	55 258.4	0	424 974.9	0	2 075.8	6.3
Ambientes (AMB)	1	447 912.7	732.1	17 893 944.1**	36 409	10 881*	21.5
BLO × AMB	3	135 315.3**	775.8	475 056.7**	3 652.3	589.5**	4.8
Genotipos (GEN)	119	5 293.1**	397.7	40 057.8**	3 150.6	11	0
AMB × GEN	119	2 143.7	78.8	15 098.2	295	12.4	0
Error	712	1 826.6	1 827.9	13 994.1	13 989	11.8	11.8
CV (%)		29.6		27		11.7	
H ²			0.6		0.62		0

*, **= significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; FV= fuentes de variación; GL= grados de libertad; CM= cuadrados medios; CV= coeficiente de variación; H²= coeficiente de determinación genética o heredabilidad en sentido amplio.

En los ambientes de evaluación (con y sin aplicación salina) se encontraron diferencias estadísticas en PSV y CLO, en tanto que en PSR no hubo evidencia de diferencias estadísticas. En los genotipos (GEN) (poblaciones y testigos) se encontraron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para las variables de peso seco, excepto en CLO, lo cual se debe a la variación existente en el material experimental en estudio. No se encontraron diferencias estadísticas en la interacción de genotipos × ambientes en ninguna de las variables en estudio, lo cual indica que los genotipos mostraron un comportamiento similar en los dos ambientes de evaluación.

Considerando que en el ensayo no se aplicó fertilización, Bänziger *et al.* (2012) comparten un punto de vista que permite analizar el fenómeno de la relación raíz-vástago y mencionan que el nitrógeno es el nutriente que la planta requiere en más grandes cantidades y éste está estrechamente relacionado con la producción de biomasa vegetativa y el contenido de clorofila; además, mencionan que en condiciones de estrés por deficiencia de nitrógeno, las plantas favorecen el crecimiento de raíces más que el crecimiento de vástago y, por consecuencia, la proporción raíz: vástago aumenta.

En el Cuadro 2 se presentan los valores medios de los ambientes de evaluación (con y sin sal), identificados como las condiciones de estrés y testigo, respectivamente, que representan los ensayos realizados en invernadero para las variables en estudio. De acuerdo con este, las condiciones de estrés salino (estrés) tuvieron un efecto en PSR y PSV con respecto a las

condiciones sin estrés (testigo), lo cual se manifestó en una reducción de 25.9 y 47.5%, respectivamente. En el caso del contenido de clorofila (CLO), la respuesta fue opuesta, pues se encontró un incremento promedio de 26% en las condiciones de estrés con respecto al testigo BALANZA. Lo anterior debido a que los materiales que no estuvieron expuestos a sal, mostraron una mayor producción de biomasa, lo cual provocó un agotamiento de nutrientes, debido a que ellos nunca recibieron ningún tipo de fertilización.

Cuadro 2. Medias de los ambientes de evaluación para las variables de estudio en los ensayos en invernadero en 2021.

Ambientes	Peso seco de raíz (mg planta ⁻¹)	Peso seco de vástago (mg planta ⁻¹)	Contenido de clorofila (SPAD)
Testigo (sin sal)	165.6 a [†]	574.66 a	25.99 b
Estrés (con sal)	122.7 a	301.75 b	32.74 a
Media	144.15	438.21	29.36
Tukey ($\alpha=0.05$)	75.65	141.74	5

[†]= valores con la misma letra en la columna no son estadísticamente diferentes.

A este respecto, Correndo y García (2012) mencionan que existe un fenómeno en donde el aumento de producción de materia seca provoca una dilución de nutrientes en los tejidos cuando no existe aportación de nutrientes. Durante el desarrollo del experimento, en las condiciones de estrés salino, las plantas de maíz fueron expuestas a una conductividad eléctrica promedio de 3.45 mS cm⁻¹, con una amplitud entre bloques (fechas de siembra) de 3.13 a 3.88 mS cm⁻¹. Leland y Mass (1999), refieren que el cultivo de maíz comienza a ser afectado cuando las conductividades eléctricas son superiores a 1.7 mS cm⁻¹. La raíz es el primer órgano expuesto al estrés por sal, los brotes subsecuentes son más sensibles en la respuesta y expresión en relación con las raíces en el cultivo del maíz (Iqbal *et al.*, 2020).

El coeficiente de determinación genética o heredabilidad en sentido amplio (fracción de la varianza fenotípica debida a los efectos genéticos aditivos y dominancia) (Falconer y Mackay, 1996) resalta la importancia de los genotipos con relación a las diferencias fenotípicas para un carácter de interés en el proceso de selección. En este estudio, se estimó el coeficiente de heredabilidad en sentido amplio obteniendo valores de 0.6 y 0.62 para los caracteres peso seco de raíz (PSR) y peso seco de vástago (PSV), respectivamente.

En el caso del contenido de clorofila (CLO), la mayor parte de la variación se debió a efectos ambientales en relación con los efectos genéticos, por lo que este carácter, bajo las condiciones del presente estudio, no es de utilidad para efectos de selección en la etapa temprana de desarrollo. En un estudio de vigor híbrido para tolerancia a sequía, Ali *et al.* (2013) reportan valores de heredabilidad de 0.9 para el peso seco de raíz y 0.76 peso seco de vástago. También, en la evaluación de cuatro genotipos de maíz para tolerancia a sequía, Haseeb *et al.* (2020) reportan heredabilidades de 0.89 y 0.9 para el peso seco de raíz y peso seso de vástago, respectivamente. Sin embargo, en la evaluación de líneas endogámicas bajo condiciones de estrés hídrico, Masood *et al.* (2020) reportan valores de heredabilidad para PSR y PSV de 0.49 y 0.47, y de 0.34 y 0.46 para las condiciones de ambientes normal y de estrés, respectivamente.

En la evaluación de líneas endogámicas de maíz bajo diferentes niveles de nitrógeno, Abdel-Ghani *et al.* (2013), reportan valores estimados de heredabilidad de 89.6 y 0.83 para el peso seso de raíz y peso seco de vástago, respectivamente. El análisis de los resultados en el presente estudio indica la importancia de los caracteres de PSR y PSV en la selección de genotipos de maíz en etapas tempranas de desarrollo. Debido a la ausencia de interacción genotipo \times ambiente, se computó el valor medio del peso seco total (PST) con las fracciones del peso seco de raíz (PSR) y peso seco de vástago (PSV). Con los valores medios del PSR, PSV y contenido de clorofila (CLO) en los ambientes de evaluación, se realizó un análisis de correlación simple de Pearson. El PST correlacionó positiva y significativamente ($p \leq 0.01$) con las fracciones PSR y PSV en las condiciones ambientales contrastantes (estrés con salinidad y testigo).

Sin embargo, no se encontró asociación entre los caracteres de peso seco con CLO en los ambientes de evaluación. Las asociaciones entre los caracteres en estudio se presentan de manera gráfica más adelante. En el Cuadro 3 se presentan las medias de peso seco de los 25 genotipos superiores identificados con base en el peso seco de la planta en los ensayos en invernadero en 2021.

Cuadro 3. Medias de los 25 genotipos superiores de maíz con base en el peso seco de planta en los ensayos en invernadero, 2021.

Genotipos	Grupos [‡]	PST	PSR_E	PSV_E	PSR_T	PSV_T
			Poblaciones [†]			
C.25	C	762.06 **	147.13 *	440.13 **	190.63	746.25 **
C.14	A	739.94 **	113.75	297.88	265.63 **	802.63 **
C.77	A	726.44 **	105.88	374 *	220 *	753 **
C.79	A	726.06 **	152 *	324.5	203.38 *	772.25 **
C.55	A	724.5 **	117.75	308.75	202.88 *	819.63 **
C.8	B	704.94 **	180 **	417.75 **	182.13	630
C.23	C	703.81 **	96.5	307	239.38 **	764.75 **
T.106	C	698.19 **	153.5 *	401.13 *	170	671.75 *
C.17	A	696.75 **	143.25	341.13	166	743.13 **
C.19	B	696.25 **	165.88 **	386.5 *	199.5 *	640.63
N.36	A	695.94 **	111.38	346	207.13 *	727.38 *
C.24	B	692.31 *	167.5 **	477.5 **	172.75	566.88
N.50	A	692.19 *	156 *	302.38	183.75	742.25 **
T.103	A	691 *	162.63 *	403.38 *	234.5 **	581.5
T.104	B	686.13 *	194 **	363.13 *	182.88	632.25
C.4	C	679.56 *	152.75 *	376.75 *	185.38	644.25
C.11	A	678.94 *	123.63	300.88	178.13	755.25 **
T.99	C	677.19 *	170.38 **	360.13 *	228.88 **	595
N.42	C	676.88 *	114.13	364.13 *	185.25	690.25 *
C.16	C	676.75 *	126.38	405.75 **	180	641.38
C.30	C	676.5 *	123.25	360.38 *	196.13 *	673.25 *

Genotipos	Grupos [‡]	PST	PSR_E	PSV_E	PSR_T	PSV_T
C.21	B	674.19 *	145.63 *	368.13 *	187.38	647.25
C.31	C	671.06 *	144.63 *	381.5 *	190.13	625.88
T.109	B	669.75 *	136.5	387.5 *	180.25	635.25
C.29	A	669.38 *	119.25	292	241.13 **	686.38 *
Testigos						
6818		549.31	131.13	288.25	157.5	521.75
Rx715		296.25	54.25	112.63	95.88	329.75
Media		581.92	122.49	301.29	165.6	574.66
EE		55.9	21.64	52.12	28.92	78.19

*, ** = selección con base $\mu+EE$ y $\mu+2EE$, respectivamente; PST, PSR y PSV = peso seco total, peso seco de raíz y peso seco de vástago en $mg\ planta^{-1}$; CLO= contenido de clorofila; E y T= estrés por salinidad y testigo (sin sal); †= primer dígito indica la procedencia; C= Coahuila, N= Nuevo León, T= Tamaulipas, seguido del número de entrada; ‡grupos: A= selección en ambiente favorable; B= selección en condiciones de estrés; C= selección promedio; EE= error estándar de la media.

En la producción promedio total de materia seca (PST) se encontró variación entre los genotipos evaluados, con una amplitud de 296.25 a 762.06, con una media de 581.92 $mg\ planta^{-1}$, por lo que es factible de realizar selección (Cuadro 3). En el Cuadro 3 sólo se presentan los valores medios de los 25 genotipos superiores, donde, de manera particular, se puede dilucidar la variación de estos, con base en las fracciones de peso seco de raíz (PSR) y vástago (PSV) en los ambientes de la evaluación (condiciones de estrés salino y testigo).

Es importante resaltar que, de los 120 genotipos utilizados sólo sobresalen por su comportamiento, en PSR y PSV las poblaciones de la raza Ratón; es decir, ninguno de los testigos utilizados (híbridos), mostraron producción de materia seca significativa en PST o la expresión en las condiciones ambientales contrastantes. El análisis del comportamiento de los genotipos en los ambientes de evaluación y la asociación de los caracteres se presenta de manera gráfica (Figura 1), para explorar la interacción de los genotipos \times caracteres en ambientes, obtenida a partir del análisis de componentes principales utilizando el modelo GGEbiplot (Yan, 2014).

En la Figura 1 se consideran los dos primeros componentes principales (PC1 y PC2), los cuales en conjunto explican 66.6% de la variación total acumulada en los valores medios de los genotipos y los caracteres \times ambientes de evaluación. En el modelo de dispersión gráfica GGEbiplot se analiza la interacción de factores, en este caso, los caracteres en los ambientes de evaluación se usan como probadores de los genotipos en estudio, por lo tanto, se analiza la interacción genotipos \times caracteres en ambientes.

En la Figura 1, el coseno del ángulo que forman los vectores de la combinación de caracteres en ambientes que se producen a partir del origen se aproxima al coeficiente de correlación entre ellos, un ángulo menor a 30° indica una relación muy estrecha, en tanto que un ángulo aproximadamente de 90°, una relación independiente, un ángulo de 180° estará representando una asociación negativa (Yan, 2014). Similarmente, cada genotipo proyecta un vector a partir del origen y, por lo tanto, la relación con los caracteres dependerá de la ubicación en el cuadrante.

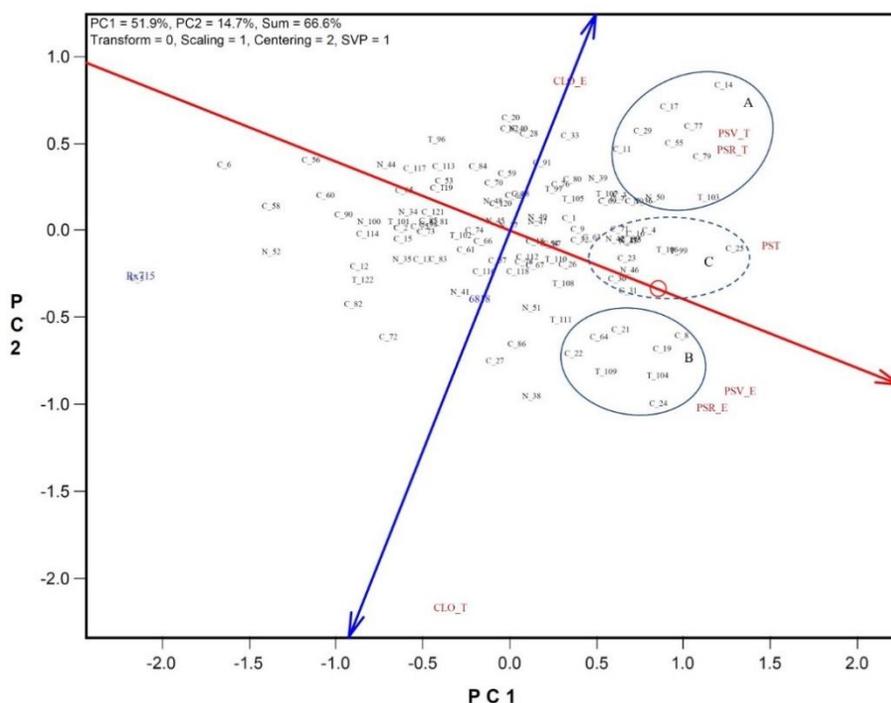


Figura 1. Dispersión gráfica de la interacción genotipos × caracteres en ambientes. PSR= peso seco de raíz; PSV= peso seco de vástago; CLO= contenido de clorofila; PST= peso seco total de planta; E y T, condiciones de estrés y testigo, respectivamente; PC1, PC2 = primero y segundo componente principal; en genotipos, el primer dígito indica la procedencia: C= Coahuila, N= Nuevo León, T= Tamaulipas, seguido del número de entrada; grupos: A= selección en ambiente favorable, B= selección en condiciones de estrés; C= selección promedio.

De acuerdo con la proyección y ángulos de los vectores, los caracteres del peso seco están positivamente correlacionados (PSR y PSV), con una asociación muy estrecha dentro de cada uno de los ambientes. En este sentido, la relación del contenido de clorofila (CLO) con PSR y PSV en ambientes es relativamente baja, y con el PST, una correlación independiente. En el eje de la abscisa (PC1) de la (Figura 1) se proyecta gráficamente las medias del peso seco de los genotipos con la amplitud señalada en el (Cuadro 3), donde Rx715 obtuvo el valor mínimo de 296.25 mg planta⁻¹ y el genotipo C-25 el valor máximo de 762.06 mg planta⁻¹.

En el caso del eje de la ordenada (PC2) representa la interacción de los genotipos con los caracteres en ambientes, que de acuerdo con el modelo de interacción GGEbiplot, sufre una inclinación para efectos de la interpretación. Se puede dilucidar en la Figura 1 la dispersión amplia de los genotipos, como interpretación de la variación genética de estos con la producción de materia seca representada por los caracteres de este estudio. Asimismo, la Figura 1 es de utilidad ya que es posible identificar genotipos con características particulares de acuerdo con los patrones de variación en el estudio.

De esta manera, se puede identificar a los genotipos sobresalientes en el ambiente favorable (testigo) identificado como grupo A, aquellos sobresalientes en el ambiente de estrés por salinidad (grupo B), y los genotipos con un comportamiento promedio a través de ambientes, identificados

con el grupo C. Por lo tanto, de los 25 genotipos superiores (Cuadro 3), se identificaron 10 en el ambiente favorable (testigo), seis en el ambiente de estrés (tolerantes a salinidad) y nueve con un comportamiento promedio a través de los ambientes de evaluación.

El peso seco de raíz (PSR) y el peso seco de vástago (PSV) con y sin estrés por salinidad fueron considerados en la evaluación temprana para determinar diferencias en el potencial fisiológico y como alternativa como criterio de selección en el cultivo de maíz con tolerancia a la salinidad como ha sido señalado por diversos autores (Giaveno *et al.*, 2007; Marcos-Filho, 2015). Estos caracteres han sido estudiados para identificar genotipos bajo condiciones de estrés por sequía (Li *et al.*, 2015) y con tolerancia a salinidad (Khan *et al.*, 2003; Farooq *et al.*, 2015), los cuales, se ha sugerido, pueden ser utilizados como criterios de selección en etapas tempranas de desarrollo en maíz.

Conclusiones

Se determina que existe variación genética en las poblaciones estudiadas de la raza Ratón para el peso seco de raíz y de vástago, con una estimación de heredabilidad en sentido amplio de 0.6 y 0.62, respectivamente, lo que permite realizar selección de genotipos en la etapa temprana de desarrollo. De los 25 genotipos superiores se identificaron 10 en el ambiente favorable (testigo), seis en el ambiente de estrés (tolerantes a salinidad) y nueve con un comportamiento promedio a través de ambientes.

Literatura citada

- Abdel-Ghani, A. H.; Kumar, B.; Reyes-Matamoros, J.; González-Portilla, P. J.; Jansen, C.; San Martin, J. P.; Lee, M. and Lübberstedt, T. 2013. Genotypic variation and relationships between seedling and adult plant traits in maize (*Zea mays* L.) inbred lines grown under contrasting nitrogen levels. *Euphytica*. 189(1):123-133.
- Ali, Q.; Muhammad, A.; Ali, F.; Muhammad, S.; Manzoor, M.; Khan, N. H.; Basra, S. M. A. and Mustafa, H. S. B. 2013. Genetic advance, heritability, correlation, heterosis and heterobeltiosis for morphological traits of maize (*Zea mays* L). *Albanian J. Agric. Sci.* 12(4):689-698.
- Arce-Romero, A. R.; Monterroso-Rivas, A. I.; Gómez-Díaz, J. D. and Palacios-Mendoza, M. A. 2018. Potential yields of maize and barley with climate change scenarios and adaptive actions in two sites in Mexico. *In: advances in information and communication technologies for adapting agriculture to climate change*. Angelov, P.; Iglesia, J. A. and Corrales, J. C. Ed. *Advances in Intelligent Systems and Computing*. 687(1):197-208. Doi.org/10.1007/978-3-319-70187-5-15.
- Bänziger, M.; Edmeades, G. O.; Beck, D. L. y Bellon, M. R. 2012. Mejoramiento para aumentar la tolerancia a sequía y a deficiencia de nitrógeno en el maíz: de la teoría a la práctica. Centro Internacional de Maíz y Trigo (CIMMYT). El Batán, Estado de México, DF. 61 p.
- Correndo, A. A. y García, F. O. 2012. Concentración de nutrientes en planta como herramienta de diagnóstico: cultivos extensivos. *Archivo Agronómico*. 14(1):1-8.
- Falconer, D. S. and Mackay, T. F. C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th. Ed. Longman, Harlow, England. 464 p.
- Farooq, M.; Hussain, M.; Wakeel, A. and Siddique, K. H. M. 2015. Salt stress in maize: effects, resistance mechanisms, and management. A review. *Agron. Sustain. Dev.* 35(2):461-481. Doi: 10.1007/s13593-015-0287-0.

- Giaveno, C. D. R.; Vasconcelos, R. G.; Maia, S. and Ferraz, O. R. 2007. Screening of tropical maize for salt stress tolerance. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 7(3):304-313. Doi: 10.12702/1984-7033.v07n03a10.
- González-Martínez, J.; Rocandio-Rodríguez, M.; Contreras-Toledo, A. R.; Joaquín-Cancino, S.; Vanoye-Eligio, V.; Chacón-Hernández, J. C. y Hernández-Bautista, A. 2020. Diversidad morfológica y agronómica de maíces nativos del altiplano de Tamaulipas, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 43(4):361-370.
- Hallauer, A. R.; Carena, M. J. and Miranda, F. J. B. 2010. Quantitative genetics in maize breeding. *Handbook of Plant Breeding Vol. 6.* Third edition. 89 p. Springer Science and Business Media, LLC 2010. New York. Doi:10.1007/978-1-4419-0766-0.
- Haseeb, A.; Nawaz, A.; Rao, M. Q. A.; Ali, Q. and Malik, A. 2020. Genetic variability and association among seedling traits of *Zea mays* under drought stress conditions. *Biol. Clin. Sci. Res. J.* 20(1):1-5. Doi: <https://doi.org/10.54112/bcsrj.v2020i1.20>.
- Iqbal, S.; Hussain, S.; Abdul, Q. M.; Ashraf, M. and Saifullah, S. 2020. The response of maize physiology under salinity stress and its coping strategies. *In: Plant Stress Physiology.* Hossain, A. Ed. IntechOpen. 1-25 pp. Doi: <http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.92213>.
- Khan, A. A.; Ali, R. S. and McNeilly, T. 2003. Assessment of salinity tolerance based upon seedling root growth response functions in maize (*Zea mays* L.). *Euphytica.* 131(3):81-89. Doi:10.1023/A:1023054706489.
- Konica Minolta Inc. 2009. A lightweight handheld meter for measuring the chlorophyll content of leaves without causing damage to plants. Chlorophyll meter Spad-502plus. <https://www.konicaminolta.com/instruments/download/catalog/color/pdf/spad502plus.catalog-eng.pdf>.
- Leach, K. A.; Hejlek, L. G.; Hearne, L. B.; Nguyen, H. T.; Sharp, R. E. and Davis, G. L. 2011. Primary root elongation rate and abscisic acid levels of maize in response to water stress. *Crop Sci.* 51(1):157-172. Doi: 10.2135/cropsci2009.12.0708.
- Leland, E. F. and Maas, V. E. 1999. Crop response and management of salt-affected soils. *In: handbook of plant and crop stress, second edition.* M. Pessarakli. 169-201 pp.
- Li, R.; Zeng, Y.; Xu, J.; Wang, Q.; Wu, F.; Cao, M.; Lan, H.; Lui, Y. and Lu, Y. 2015. Genetic variation for maize root architecture in response to drought stress at the seedling stage. *Breed. Sci.* 65(4):298-307. Doi:10.1270/jsbbs.65.298.
- Marcos-Filho, J. 2015. Seed vigor testing: an overview of the past, present and future perspective. *Scientia Agríc.* 72(4):363-374. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-9016-2015-0007>.
- Masood, M.; Ahsan, M.; Sadaqat, H. A. and Awan, F. 2020. Screening of maize (*Zea mays* L.) inbred lines under water deficit conditions. *Biol. Clin. Sci. Res. J.* 7(1):1-6. Doi: <https://doi.org/10.54112/bcsrj.v2020i1.7>.
- Rincon-Sanchez, F. and Ruiz-Torres, N. A. 2017. Genetic potential and usefulness of native maize populations in developing novel germplasm for current and upcoming goals. *In: rediscovery of Landraces as a Resource for the Future.* Grillo, O. Ed. IntechOpen. 97-111 pp. Doi: 10.5772/intechopen.71360.
- SAS Institute Inc. 2018. SAS/STAT® 15.1 User's Guide. Cary, NC. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. 4141 p.
- Yan, W. 2014. Crop variety trials. Data management and analysis. John Wiley and Sons Inc., MA, USA. 351 p.