

Accepted Manuscript / Manuscrito Aceptado

Title Paper/Título del artículo:

Interacción genotipo-ambiente de híbridos de maíz de grano blanco en el noroeste de México

Genotype-environment interaction of white grain corn hybrids in northwestern Mexico

Authors/Autores: Peinado-Fuentes, L.A., Calderón-Vázquez, C.L., Cubedo-Ruíz, E.A., López-Guzmán, J.A. Gutiérrez-Dorado, R., López-Valenzuela, J.A.

ID: e2057

DOI: <https://doi.org/10.15741/revbio.13.e2057>

Received/Fecha de recepción: September 09th 2025

Accepted /Fecha de aceptación: May 12th 2026

Available online/Fecha de publicación: June 04th 2026

Please cite this article as/Como citar este artículo: Peinado-Fuentes, L.A., Calderón-Vázquez, C.L., Cubedo-Ruíz, E.A., López-Guzmán, J.A. Gutiérrez-Dorado, R., López-Valenzuela, J.A. (2026). Genotype-environment interaction of white grain corn hybrids in northwestern Mexico. *Revista Bio Ciencias*, 13, e2057. <https://doi.org/10.15741/revbio.13.e2057>

This is a PDF file of an unedited manuscript that has been accepted for publication. As a service to our customers we are providing this early version of the manuscript. The manuscript will undergo copyediting, typesetting, and review of the resulting proof before it is published in its final form. Please note that during the production process errors may be discovered which could affect the content, and all legal disclaimers that apply to the journal pertain.

Este archivo PDF es un manuscrito no editado que ha sido aceptado para publicación. Esto es parte de un servicio de Revista Bio Ciencias para proveer a los autores de una versión rápida del manuscrito. Sin embargo, el manuscrito ingresará a proceso de edición y corrección de estilo antes de publicar la versión final. Por favor note que la versión actual puede contener errores de forma.

Artículo original

Interacción genotipo-ambiente de híbridos de maíz de grano blanco en el noroeste de México

Genotype-environment interaction of white grain corn hybrids in northwestern Mexico

Interacción genotipo-ambiente en maíz /

Genotype-environment interaction in corn

Peinado-Fuentes, L.A.¹ (ID), Calderón-Vázquez, C.L.² (ID), Cubedo-Ruiz, E.A.³ (ID), López-Guzmán, J.A.⁴ (ID), Gutiérrez-Dorado, R.¹ (ID), López-Valenzuela, J.A.^{1*} (ID)

¹Posgrado en Ciencia y Tecnología de Alimentos, Facultad de Ciencias Químico Biológicas. Universidad Autónoma de Sinaloa. Av. Josefa Ortiz De Domínguez y Av. de las Américas S/N, Ciudad Universitaria. CP. 80013, Culiacán Rosales, Sinaloa, México.

²Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Sinaloa. Blvd. Juan de Dios Bátiz-Paredes 250. C.P. 81049, Guasave, Sinaloa, México.

³C.E. Norman E. Borlaug, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Calle Norman E. Borlaug Km. 12. C.P. 85000, Cd. Obregón, Sonora, México

⁴C.E. Valle de Culiacán, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Carretera Culiacán-El Dorado Km 17.5, Pueblo Costa Rica. C.P. 80130, Culiacán Rosales, Sinaloa, México.

*Corresponding Author:

José Ángel López Valenzuela. Posgrado en Ciencia y Tecnología de Alimentos, Facultad en Ciencias Químico – Biológicas. Universidad Autónoma de Sinaloa. Av. Josefa Ortiz De Domínguez y Av. de las Américas S/N, Ciudad Universitaria. CP. 80013, Culiacán Rosales, Sinaloa, México. Teléfono: (667) 713 7860. E-mail: jalopezvla@uas.edu.mx

RESUMEN

El maíz con alto contenido de aceite contiene más energía y proteína. Su desarrollo depende del mejoramiento genético y la selección de genotipos estables y adaptables en distintos ambientes. En este trabajo se seleccionaron híbridos experimentales con alto contenido de aceite y se evaluó la interacción genotipo-ambiente en tres localidades del noroeste de México. La selección se realizó con 24 genotipos en una localidad con diseño por bloques aleatorizados y cuatro réplicas; el rendimiento se analizó mediante análisis de varianza bifactorial y prueba LSD de Fisher ($p < 0.05$). Se seleccionaron 5 genotipos y se sembraron en diciembre de 2021 con tres réplicas en Ciudad Obregón, Sonora; Juan José Ríos y Culiacán, Sinaloa, para evaluar la interacción genotipo-ambiente mediante el modelo de efectos aditivos principales e interacción multiplicativa y el modelo de regresión de sitios. En ambos experimentos se utilizaron 11 testigos comerciales. Los dos componentes principales de la interacción explicaron el 100 % de la variabilidad para el primer modelo y el 91.49 % para el segundo. El primer modelo identificó los genotipos 1G, 7G y 8G como más estables y adaptables, mientras que el segundo identificó mayor interacción en los ambientes 1L y 3L, destacando los genotipos 6G y 14G, siendo 14G el híbrido experimental más estable y adaptable al noroeste de México.

PALABRAS CLAVE:

Zea mays L., biplot, estabilidad y adaptabilidad.

ABSTRACT

High-oil corn contains more energy and protein. Its development depends on genetic improvement and the selection of stable genotypes that are adaptable to diverse environments. In this study, high-oil-content experimental hybrids were selected, and genotype-by-environment interactions were evaluated across three locations in northwestern Mexico. Selection was carried out with 24 genotypes at one location using a randomized block design with four replicates; yield was analyzed using two-way analysis of variance and Fisher's LSD test ($p < 0.05$). Five genotypes were selected and planted in December 2021 with three replicates at Ciudad Obregon, Sonora; Juan Jose Rios, and Culiacan, Sinaloa, to evaluate genotype-by-environment interaction using the additive main effects and multiplicative interaction model and the site regression model. Eleven commercial controls were used in both experiments. The two main components of the interaction explained 100 % of the variability for the first model and 91.49 % for the second model. The first model identified genotypes 1G, 7G, and 8G as more stable and adaptable, while the second identified greater interaction in environments 1L and 3L, highlighting the genotypes 6G and 14G, with 14G being the most stable and adaptable experimental hybrid to northwestern Mexico.

KEY WORDS:

Zea mays L., biplot, stability and adaptability.

Introducción

Los maíces de alto contenido de aceite (HOC) tienen un gran potencial para la nutrición pecuaria y humana al poseer una mayor cantidad de energía metabólica y proteína en comparación con un maíz normal (Lambert, 2001). Por ello, es de gran interés desarrollar híbridos de este tipo adaptados a las regiones productoras de maíz incluyendo el noroeste de México. El Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) ha generado híbridos experimentales HOC para la zona del Bajío entre los que destacan el H-389 y H-393, como una alternativa para reducir los costos de producción y contribuir al desarrollo de las diversas cadenas de valor del maíz (Preciado *et al.*, 2025). Este tipo de mejoramiento genético de maíz se fundamenta principalmente en la explotación de la heterosis, lo cual ocurre cuando se cruzan dos líneas homocigóticas y el híbrido resultante muestra un mejor desempeño en una o más características con respecto a los parentales. Sin embargo, no todas las variables agronómicas interactúan de la misma manera con el ambiente, tal es el caso del rendimiento de grano (GY) que al ser una variable poligénica se espera una mayor interacción genotipo x ambiente (GEI) (Lozano-Ramírez *et al.*, 2015; Martínez *et al.*, 2018). Por lo que estudiar la estabilidad y adaptabilidad del GY son factores relevantes para los fitomejoradores (genotipos con GY mayores para diferentes condiciones ambientales). Con la estabilidad y adaptabilidad es factible identificar los genotipos con mayor rendimiento y caracterizarlos en aquellos ambientes donde no están tan influenciados por el entorno (Crossa, 1990). Al someter genotipos heterogéneos a varias condiciones ambientales se espera encontrar diferencias en la producción, adaptabilidad y en la estabilidad mediante el análisis multiambiental (Soto *et al.*, 2019).

La estabilidad es la capacidad del genotipo (G) de comportarse consistentemente con altos o bajos niveles de GY en diferentes ambientes, mientras la adaptabilidad es la capacidad del G de manifestar un desempeño óptimo en diversas condiciones ambientales (Eberhart & Russel, 1966; Vargas *et al.*, 2016). En este sentido, el GY es el resultado de los efectos del G, del ambiente (E) y de su interacción. GEI es el comportamiento relativo diferencial que muestran los genotipos al evaluarse en diferentes ambientes. Por ello, resulta particularmente importante cuantificarlo e interpretar su magnitud para el GY (Burgueño *et al.*, 2008).

Los ensayos multiambientales de rendimiento identifican los genotipos que mantienen alto potencial productivo a través de diferentes condiciones ambientales (Crossa *et al.*, 2015; Preciado *et al.*, 2025). Farias *et al.* (2016) menciona que los modelos más empleados para su evaluación son el de efectos aditivos principales e interacción multiplicativa (AMMI) y el de regresión de sitios

(SREG). AMMI hace un análisis donde los productos principales (G y E) son de naturaleza aditiva y la GEI es de naturaleza multiplicativa (Neisse *et al.*, 2018), mientras que SREG elimina el efecto ambiental individual (G + GE) para examinar solo el efecto del G y la GEI (Crossa *et al.*, 2015).

Hernández-Caldera *et al.* (2023) determinaron la estabilidad del rendimiento de semilla de 9 líneas endogámicas y 3 híbridos de maíz adaptados a valles altos de México. Se evaluaron en tres localidades mediante el modelo SREG y se encontraron 5 genotipos estables en GY. García *et al.* (2020) determinaron la GEI de 20 híbridos mediante el modelo AMMI y SREG en 7 localidades de Venezuela. AMMI identificó 2 híbridos con alta estabilidad y rendimiento, mientras que SREG permitió determinar 5 híbridos con mayor estabilidad y adaptación. López-Guzmán *et al.* (2018) estudiaron la longitud de mazorca de 14 poblaciones de maíz de la raza Jala por los métodos AMMI y SREG en 4 localidades. AMMI identificó 7 poblaciones con mayor longitud de mazorca para cada localidad y SREG identificó 5 poblaciones con mayor adaptabilidad y estabilidad en todas las localidades. Vázquez-Carrillo *et al.* (2018) determinaron la estabilidad en el rendimiento de grano y potencial para la industria de la masa y la tortilla de maíces híbridos en el Bajío de México, incluyendo tres HOC (H-327 AO, H-388 O, H-389 O). La evaluación de la interacción genotipo-ambiente mediante el modelo SREG en ocho ambientes del subtrópico de México identificó al híbrido H-389 O como uno de los más estables y de mayor GY, con características de grano adecuadas para la producción de tortillas de buena calidad.

Esto resulta relevante para los programas de mejoramiento genético de maíz del INIFAP ya que posibilita la selección de genotipos estables, adaptables y con un GY competitivo para el subtrópico bajo, donde Sinaloa se encuentra como principal productor nacional de maíz blanco y los maíces HOC pueden ser una opción viable. Es por ello, que en el presente estudio se evaluaron híbridos experimentales HOC de mayor GY en tres localidades del noroeste de México empleando los modelos AMMI y SREG para determinar su adaptabilidad y estabilidad. La hipótesis fue que al menos uno de los genotipos HOC muestre buena estabilidad y adaptabilidad en términos del GY.

Material y Métodos

Genotipos

Se evaluaron 24 híbridos experimentales de maíz blanco HOC de cruza simple (Tabla 1), provenientes de líneas doble haploide de la población blanca del Noroeste (NWP) y población blanca del Bajío (BWP).

Tabla 1. Híbridos experimentales (genotipos) de maíz blanco con alto contenido de aceite para el ensayo de selección

Genotipos	Genotipos	Genotipos	Genotipos
BWP178XNWP85	NWP11XNWP70	NWP27XNWP32	NWP84XNWP58
BWP183XNWP85	NWP17XNWP8	NWP27XNWP90	NWP85XBWP178
BWP187XNWP22	NWP19XNWP54	NWP32XBWP187	NWP85XBWP183
BWP187XNWP32	NWP22XBWP178	NWP32XNWP118	NWP90XNWP27
NWP118XNWP32	NWP27XBWP183	NWP70XNWP11	SNWP619XSBWP330
NWP11XBWP183	NWP27XNWP22	NWP70XNWP90	SNWP678XSBWP269

Fuente: Elaboración propia a partir de los híbridos experimentales de maíz blanco con alto contenido de aceite generadas en campo.

Los híbridos experimentales fueron generados en el Campo Experimental Valle del Fuerte (CEVAF) del INIFAP (25°45'54.3" N y 108°48'39.9" W) con clima cálido subhúmedo. Para todos los experimentos se utilizaron 11 testigos comerciales: Brabante, Delfín, Hipopótamo, Rinoceronte, DK-4050, P-3274, Galileo, Kepler, General, NB-789 y Apolo V.

Ubicación de los experimentos, diseño y unidad experimental

Con el fin de seleccionar los mejores genotipos en GY, durante el mes de enero de 2021 se establecieron en el municipio de Juan José Ríos, Sinaloa, los 24 híbridos experimentales y 11 testigos comerciales con 4 réplicas. Posteriormente, se establecieron en el ciclo otoño – invierno 2021/2022 los 5 genotipos con mayor rendimiento ($>11.00 \text{ t ha}^{-1}$) y 11 testigos comerciales, con 3 réplicas en cada una de las localidades de Cd. Obregón, Sonora; Juan José Ríos y Culiacán, Sinaloa. Las características edafoclimáticas y el manejo agronómico se presentan en el (Tabla 2). Todos los experimentos se establecieron en un diseño de bloques completos al azar. Cada parcela consistió en dos surcos de 5 m de longitud con 0.8 m de separación.

Tabla 2. Condiciones agronómicas de los sitios de evaluación.

Nombre de localidad	Estado	Altitud (masl)	Día de siembra/cosecha	Textura de suelo	AR (mm)	AAT (°C)	
						min	max
Juan José Ríos 2021	Sinaloa	12	05-01-2021/ 23-06-2021	Vertisol	291.2 ^a	9.4	37.9
Cd. Obregón 2022	Sonora	40	17-12-2021/ 24-06-2022	Vertisol	284.6 ^a	6.6	39.8
Juan José Ríos 2022	Sinaloa	12	20-12-2021/ 28-06-2022	Vertisol	302.2 ^a	10	37.8
Culiacán 2022	Sinaloa	71	21-12-2021/ 30-06-2022	Vertisol	735 ^a	11	36.1

AR: promedio anual de precipitación; AAT: temperatura promedio anual durante el ciclo agrícola; ^a: siembra con riego inicial y cuatro riegos de auxilio; max: temperatura máxima; min: temperatura mínima; masl: metros sobre el nivel del mar.

Fuente: CONAGUA, 2025; INEGI, 2025

Manejo agronómico y cosecha de ensayos

Se realizó una primera fertilización en pre-siembra con una mezcla de NPK con formulación de $137.6 \text{ kg de N ha}^{-1}$, $11.23 \text{ kg de P ha}^{-1}$, y $25.2 \text{ kg de K ha}^{-1}$ y una segunda dosis de $180 \text{ kg de N ha}^{-1}$ a los 60 días después de la siembra (DAS). Las fuentes fueron urea granulada (46-00-00), fosfato monoamónico (11-52-00) y cloruro de potasio (00-00-60). La densidad de población fue de aproximadamente 95,000 plantas por hectárea. Para el control de trips (*Frankliniella* spp.) y gusano cogollero [*Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith)] se aplicó clorfenapir a una dosis de 300 ml ha^{-1} y cipermetrina granulada a una dosis de 10 kg ha^{-1} . La maleza se controló con atrazina (5 L ha^{-1}), el herbicida pre-emergente nicosulfuron (1.5 L ha^{-1}) y prosulfuron (40 g ha^{-1}). La cosecha se realizó en ambos surcos de cada parcela con plantas con competencia completa, cosechando entre 69 y 74 plantas por parcela.

Variable de respuesta

El GY (t ha^{-1}) se determinó al 14 % de humedad de acuerdo con CIMMYT (1995) usando las siguientes fórmulas:

$$\text{Peso ajustado}_{14\%} = \frac{(100 - \text{humedad de grano}) * (\text{peso grano})}{86}$$

$$RG_{14\%} = \frac{(10,000 \text{ m}^2 * (\frac{\text{peso ajustado } 14 \%}{\text{área en m}^2}))}{1000}$$

Análisis estadístico

Para la selección de los híbridos experimentales con mayor GY14 %, se utilizó un diseño por bloques aleatorizados con cuatro réplicas. Los datos se analizaron mediante un análisis de varianza bifactorial (genotipo y bloque) y la prueba LSD ($p \leq 0.05$) para la comparación de medias con el software Infostat V 3.0 (Di Rienzo *et al.*, 2011).

En el análisis multiambiental se utilizaron ó un diseño por bloques aleatorizados con tres réplicas y el GY_{14%} se analizó con los modelos AMMI y SREG para determinar los efectos de la GEI mediante la prueba de Gollob. Para AMMI, se utilizó el siguiente modelo matemático descrito por Crossa *et al.* (1990):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum (\lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}) + R_{ij}$$

Dónde: Y_{ij} : es el rendimiento medio observado del genotipo i en el ambiente j ; μ : media general de rendimiento; g_i : efecto principal del genotipo i ; e_j : efecto principal del ambiente j ; λ_k : raíz cuadrada del autovalor asociado al k -ésimo eje del PCA (magnitud de la interacción); α_{ik} : calificación del componente principal para el eje k del PCA del i -ésimo genotipo (respuesta genotipo a la interacción); γ_{jk} : calificación del componente principal para el eje k del PCA de j -ésimo ambiente (respuesta ambiente a la interacción); R_{ij} : residual o la variabilidad no explicada por el modelo en el rendimiento del genotipo i en el ambiente j .

Para SREG se utilizó el siguiente modelo reportado por Crossa *et al.* (2002):

$$\bar{Y}_{ij} = \mu_i + \sum (\lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}) + \bar{E}_{ij}$$

Dónde: \bar{Y}_{ij} : es la media del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente para g genotipos y e ambientes; μ_i : media general del ambiente; λ_k : raíz cuadrada del autovalor asociado al k -ésimo eje del PCA (magnitud de la interacción); α_{ik} : calificación del componente principal para el eje k del PCA del i -ésimo genotipo (respuesta genotipo a la interacción); γ_{jk} : calificación del componente principal para el eje k del PCA de j -ésimo ambiente (respuesta ambiente a la interacción); \bar{E}_{ij} : error residual o la variabilidad no explicada por el modelo en el rendimiento del genotipo i en el ambiente j .

Los análisis estadísticos AMMI, SREG y las gráficas biplot de cada modelo con los dos primeros componentes principales (PC_1 y PC_2) se realizaron usando el software GEA-R (Genotype x Environment Analysis with R) Versión 4.1, desarrollado por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (Pacheco *et al.*, 2015).

Resultados y Discusión

El ANOVA de los híbridos experimentales de maíz blanco mostró diferencias significativas en el factor Genotipo para el GY_{14%} (Tabla 3).

Tabla 3. ANOVA para rendimiento de grano de 24 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales de maíz blanco en una sola localidad.

SV	SS	DF	MS	F	p-value
Modelo	204.39	37	5.52	5.87	<0.0001
Genotipo	203.47	34	5.98	6.36	<0.0001
Bloque	0.92	3	0.31	0.33	0.8059
Error	95.99	102	0.94		
CV	9.33				
TOTAL	300.38	139			

SV: fuente de variación; SS: suma de cuadrados; DF: grados de libertad; MS: cuadrados medios; CV: coeficiente de variación

Fuente: Elaboración propia a partir de los datos de rendimiento de 24 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales de maíz blanco utilizando el programa InfoStat. V3.0

Se observó que los genotipos de maíz blanco más competitivos presentaron rendimientos entre 11.20 y 12.86 t ha⁻¹. Los híbridos experimentales con mayor GY_{14%} en comparación con los testigos comerciales se muestran en la Tabla 4. De acuerdo con la prueba LSD de Fisher ($p \leq 0.05$), los híbridos experimentales PBN85XPBB183 (12.38 t ha⁻¹), PBN32XPBB187 (12.26 t ha⁻¹) y PBN11XPBB183 (12.04 t ha⁻¹) no presentaron diferencias significativas en rendimiento respecto a los híbridos comerciales Hipopótamo (12.86 t ha⁻¹), DK-4050 (12.51 t ha⁻¹) y Rinoceronte (11.47 t ha⁻¹). De igual manera, los híbridos experimentales PBN11XPBN70 (11.31 t ha⁻¹) y PBN70XPBN90 (11.20 t ha⁻¹) no mostraron diferencias significativas con respecto al 2^{do}, 3^{ro} y 4^{to} mejor testigo. Por lo tanto, estos 5 genotipos fueron seleccionadas para una evaluación multiambiental.

Tabla 4. Prueba LSD de Fisher para rendimiento de grano de 24 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales de maíz blanco en una sola localidad.

Genotipos	Rendimiento (media)	n	S.E.								
HIPOPOTAMO	12.86	3	0.51	A							
DK-4050	12.51	3	0.51	A	B						
PBN85XPBB183	12.38	3	0.51	A	B						
PBN32XPBB187	12.26	3	0.51	A	B	C					
PBN11XPBB183	12.04	3	0.51	A	B	C	D				
RINOCERONTE	11.47	3	0.51		B	C	D	E			
PBN11XPBN70	11.31	3	0.51		B	C	D	E	F		
APOLO V	11.25	3	0.51		B	C	D	E	F		
PBN70XPBN90	11.20	3	0.51		B	C	D	E	F		
PBN22XPBB178	10.97	3	0.51			C	D	E	F	G	
P-3274	10.96	3	0.51			C	D	E	F	G	
BRABANTE	10.95	3	0.51				D	E	F	G	
GENERAL	10.91	3	0.51				D	E	F	G	
PBB183XPBN85	10.88	3	0.51				D	E	F	G	H
PBN19XPBN54	10.80	3	0.51				D	E	F	G	H
KEPLER	10.80	3	0.51				D	E	F	G	H

LSD	1.3606
-----	--------

LSD: diferencia mínima significativa; n: réplicas; S.E.: error estándar; medias con la misma letra no son significativamente diferentes ($p \leq 0.05$).

Fuente: Elaboración propia a partir de los datos de rendimiento de 24 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales de maíz blanco utilizando el programa Infostat V3.0. En la tabla se muestran los 16 genotipos con mayor rendimiento de grano del ensayo de selección.

Análisis multiambiental mediante los métodos AMMI y SREG

El análisis de varianza multivariado mostró diferencias significativas ($p \leq 0.001$) en todas las fuentes de variación para $GY_{14\%}$: E, G, GEI y $PC_{1,2}$ (Tabla 5). El efecto principal del ambiente explicó el 53.3 % de la suma de cuadrados de los tratamientos, en tanto que el efecto principal del genotipo explicó el 15.2 % de la variación y el resto fue debido a la GEI con el 31.5 % de la suma de cuadrados totales para ambos modelos (Tabla 5). La magnitud de la variación entre los genotipos de maíz y ambientes refleja una amplia diferencia genética y de condiciones ambientales (Vargas *et al.*, 2016). Las diferencias estadísticas observadas (Tabla 5) para los cuadrados medios de todas las fuentes de variación en el análisis de varianza y prueba de Gollob, coinciden en la significancia con lo reportado en los modelos AMMI y SREG (Ponce-Encinas *et al.*, 2022; Lozano-Ramírez *et al.*, 2015).

Tabla 5. Prueba de Gollob de los modelos AMMI y SREG para el rendimiento de grano de maíz blanco en tres ambientes del noroeste de México.

SV	DF ^{1,2}	SS ^{1,2}	MS ^{1,2}	(%) ^{1,2}			
ENV (E)	2	370.1	185.0**	53.3			
GEN (G)	15	105.4	7.0**	15.2			
GEN-ENV (G-E)	30	219.0	7.3**	31.5			
PC ^{1,2}	DF ^{1,2}	SS ¹	MS ¹	(%) ¹	SS ²	MS ²	(%) ²
PC1	16	177.3	11**	81.0	182.3	11.4**	56.2
PC2	14	41.7	3**	19.0	114.5	8.2**	35.3
PC3	12	0	0	0	27.6	2.3	8.5

** : significativo a $p \leq 0.001$; SV: fuente de variación; DF: grados de libertad; SS: suma de cuadrados; MS: cuadrados medios; PC: componentes principales; (%): porcentaje de la SS de la interacción explicada por el componente principal; 1: modelo AMMI; 2: modelo SREG; ENV: ambiente; GEN: genotipo; GEN-ENV: interacción genotipo-ambiente.

Fuente: Elaboración propia a partir de la prueba de Gollob con datos de rendimiento de 5 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales en 3 ambientes con el software GEA-R (Genotype x Environment Analysis with R), Versión 4.1

Los dos componentes principales (PC_1 y PC_2) resultaron estadísticamente significativos ($p \leq 0.001$), explicando un 100 y 91.5 % de los efectos combinados de la GEI para los modelos AMMI y SREG, respectivamente. Resultados inferiores fueron reportados por Ponce-Encinas *et al.* (2022), quienes evaluaron la GEI del rendimiento de 36 híbridos de maíz amarillo duro en siete ambientes de Perú mediante el modelo AMMI y SREG. Los $PC_{1,2}$ explicaron el 60.3 % para el modelo AMMI y el 72 % para el modelo SREG. En otro estudio, Ochoa-Cadavid *et al.* (2019) evaluaron 25 genotipos de maíz nativo y dos testigos en cinco ambientes de la meseta Purépecha, encontrando que el modelo AMMI explicó el 69.1 % y el modelo SREG el 71.4 %, de los efectos de sus $PC_{1,2}$. Resultados

similares fueron reportados por Lozano-Ramírez *et al.* (2015) para 29 híbridos de endospermo blanco en 15 localidades distribuidas en 6 países de Centroamérica donde los modelos AMMI y SREG explicaron el 62.6 y 79 % de los efectos de los PC_{1,2}, respectivamente. Con base en lo anterior se puede afirmar que los resultados de este trabajo (100 y 91.5 %) permiten una explicación confiable del comportamiento de la GEI.

El GY_{14%} promedio de cada localidad en el noroeste de México mostró un amplio rango (9.39 a 12.36 t ha⁻¹) entre los genotipos (Tabla 6). Los valores más altos de GY_{14%} fueron obtenidos de los testigos comerciales Delfín, P-3274 e Hipopótamo (12.36, 12.29 y 12.20 t ha⁻¹, respectivamente), mientras que el híbrido experimental PBN32XPBB187 tuvo el GY_{14%} más bajo con 9.39 t ha⁻¹. De los 16 genotipos evaluados, 10 superaron la media regional de rendimiento de maíz grano de 11 t ha⁻¹ (SIAP, 2025), destacando tres cruzas experimentales, PBN11XPBB183 con 11.69 t ha⁻¹, PBN85XPBB183 con 11.52 t ha⁻¹ y PBN70XPBB90 con 11.89 t ha⁻¹.

En lo referente a los diferentes ambientes, Ciudad Obregón, Sonora tuvo el rendimiento promedio más alto con 13.39 t ha⁻¹, seguido de Juan José Ríos, Sinaloa con 11.17 t ha⁻¹, mientras que, en Culiacán, Sinaloa se obtuvo el menor rendimiento con 9.48 t ha⁻¹ (Tabla 6), posiblemente debido a que los dos primeros tienen regiones agroecológicas con características más similares de precipitación y temperatura (Tabla 2).

Tabla 6. Rendimiento de grano promedio (t ha⁻¹) de 5 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales en tres localidades del noroeste de México.

Genotipo (G)	Nombre	Localidades (L)			Media
		1. Juan Jose Rios, Sinaloa	2. Culiacan, Sinaloa	3. Cd. Obregon, Sonora	
2G	Delfín	13.75	10.77	12.55	12.36 ± 1.50
4G	P-3274	14.27	7.62	14.98	12.29 ± 4.06
7G	Hipopótamo	12.26	9.65	14.69	12.20 ± 2.52
8G	Kepler	11.36	11.15	14.02	12.18 ± 1.60
1G	Brabante	11.09	12.29	13.13	12.17 ± 1.03
13G	PBN70XPBN90	11.61	9.82	14.25	11.89 ± 2.23
10G	PBN11XPBB183	9.7	12.83	12.55	11.69 ± 1.73
3G	DK-4050	12.27	7.56	14.98	11.60 ± 3.75
14G	PBN85XPBB183	11.37	11.55	11.65	11.52 ± 0.14
6G	General	10.89	8.95	14.31	11.38 ± 2.71
11G	PBN11XPBN70	9.41	10.45	12.83	10.90 ± 1.75
15G	Apolo V	9.73	9.37	13.12	10.74 ± 2.07
5G	Galileo	10.37	8.48	13	10.62 ± 2.27
16G	Rinoceronte	11.03	7.89	12.56	10.49 ± 2.38
9G	N-789	11.37	5.87	13.11	10.12 ± 3.78
12G	PBN32XPBB187	8.27	7.37	12.53	9.39 ± 2.76
	Media	11.17 ± 1.54	9.48 ± 1.96	13.39 ± 1.01	11.35 ± 0.88

Fuente: Elaboración propia a partir de datos de rendimiento promedio por cada réplica en cada localidad de 16 genotipos de maíz blanco.

Análisis AMMI

La Figura 1 muestra que los híbridos de maíz 1G) Brabante, 5G) Galileo, 7G) Hipopótamo y 8G) Kepler, fueron los más cercanos al origen del eje de las "x"; es decir, presentaron una mayor estabilidad, debido a la baja influencia de la GEI (Vargas *et al.*, 2016). Los híbridos 1G, 7G, y 8G

superaron el GY promedio del experimento (11.39 t ha⁻¹), con 12.17, 12.20 y 12.18 t ha⁻¹, respectivamente.

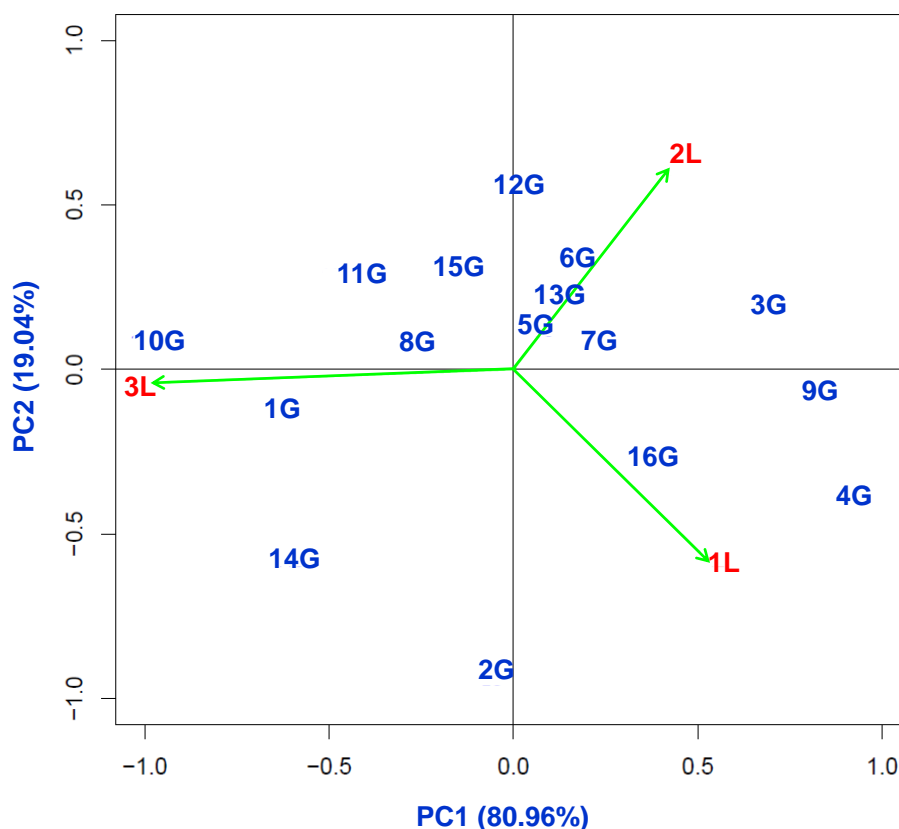


Figura 1. Biplot de AMMI con el CP1 y CP2 del rendimiento promedio de 5 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales en tres localidades del noroeste de México. Fuente: software GEA-R (Genotype x Environment Analysis with R) versión 4.1.

Los híbridos de maíz 2G) Delfín, 3G) DK-4050, 4G) P-3274, 9G) NB-789, 10G) PBN11XPBB183, 12G) PBN32XPBB187 y 14G) PBN85XPBB183 mostraron la menor estabilidad, debido a que son los genotipos más alejados de los vectores (Figura 1). Sin embargo, de estos genotipos no se pueden descartar los de mayor rendimiento (2G, 12.16 t ha⁻¹; 3G, 11.40 t ha⁻¹; 4G, 12.09 t ha⁻¹; 10G, 11.53 t ha⁻¹ y 14G, 11.57 t ha⁻¹), debido a que por lo menos en un ambiente son competitivos (Yang *et al.*, 2009).

Por otra parte, los híbridos 6G, General; 11G, PBN11XPBN70; 13G, PBN70XPBN90; 15G, Apolo V y 16G, Rinoceronte, presentaron baja adaptabilidad a los tres ambientes, debido a que estuvieron más alejados del origen (Figura 1). Ninguno de los ambientes se puede considerar el más estable, debido a que se alejan del origen e igualan o sobrepasan de la posición de los genotipos, lo que indica que contribuyeron más a la GEI. Vargas *et al.* (2016) indicaron que en los ambientes con ángulos < 90°, los genotipos conservan una distribución espacial similar, lo cual ocurrió entre los ambientes 1L y 2L. Por otra parte, los ambientes con ángulos mayores a 90° no ordenan de la misma manera a los genotipos, como sucedió con el ambiente 3L (Figura 1).

Análisis SREG

La Figura 2 muestra que los híbridos de maíz 14G, PBN85XPBB183 (11.52 t ha⁻¹) y 6G, General (11.38 t ha⁻¹), se encuentran más cerca del eje x; es decir, la influencia de la GEI en ambos híbridos fue mínima, por lo tanto, presentan una mayor estabilidad (Vargas *et al.*, 2016). El primero es un híbrido experimental HOC avanzado y el segundo un híbrido comercial, ambos con un GY_{14%} superior al promedio de los híbridos de maíz evaluados (11.35 t ha⁻¹). Resultados similares fueron reportados por Vázquez-Carillo *et al.*, (2018) quienes encontraron que el híbrido HOC (H-389 O) presentó la mayor estabilidad y adaptabilidad en el modelo SREG, con un GY superior a la media de los híbridos de maíz evaluados.

Los híbridos de maíz 1G, Brabante; 2G, Delfín; 4G, P-3274; 9G, NB-789; 10G, PBN11XPBB183 y 12G, PBN32XPBB187 presentaron la menor estabilidad debido a que forman el polígono bidimensional (Figura 2). Sin embargo, no se pueden descartar los genotipos de mayor rendimiento como 1G, 12.17 t ha⁻¹; 2G, 12.36 t ha⁻¹; 4G, 12.29 t ha⁻¹ y 10G, 11.69 t ha⁻¹, ya que por lo menos en un ambiente son competitivos (Yang *et al.*, 2009).

Por otra parte, los híbridos 3G, DK-4050; 5G, Galileo; 7G, Hipopótamo; 8G, Kepler; 11G, PBN11XPBN70; 13G, PBN70XPBN90; 15G, Apolo V y 16G, Rinoceronte, presentaron baja adaptabilidad a los tres ambientes, debido a que están más alejados del origen, pero no fuera del polígono (Figura 2).

Respecto a los ambientes, 2L fue el más estable debido que se alejó en menor proporción del origen (Figura 2). Por otro lado, los ambientes 1L y 3L se alejaron en mayor proporción del origen y salieron del polígono, lo que indica que contribuyeron más a la GEI, debido a que los ambientes con vectores largos discriminan mejor entre genotipos (Vázquez-Carillo *et al.*, 2018). También, la longitud del vector de cada localidad indica la variabilidad en el rendimiento explicada en cada ambiente y viceversa (Crossa *et al.*, 2015).

Se encontraron seis mega-ambientes delimitados entre líneas de color negro proyectadas desde el centro de la Figura 2. Las localidades se agruparon en dos de ellos, ubicando a los híbridos con un alto o bajo rendimiento en los vértices que forman un polígono y donde todos los ambientes que están fuera de este polígono permiten la discriminación entre híbridos (Yan *et al.*, 2016).

Las localidades 1L y 2L se ubicaron en un mega-ambiente del cuadrante IV, y solo el ambiente 1L discriminó en mayor proporción entre híbridos. El genotipo 4G (P-3274) con 12.29 t ha⁻¹ presentó uno de los rendimientos más competitivos de la evaluación y sería el ideal para las localidades 1L y 2L, aunque no tenga una buena estabilidad. En el cuadrante III se encontró otro mega-ambiente donde el genotipo 1G presentó un rendimiento competitivo y es el híbrido ideal para la localidad 3L, la cual también presenta una buena interacción. Además, en este mega-ambiente se encontró el híbrido experimental de mayor estabilidad y adaptabilidad de la evaluación, el genotipo 14G, PBN85XPBB183. Vázquez-Carillo *et al.* (2018) reportaron que los ambientes con respuesta similar se agruparon en 4 mega-ambientes, los cuales permitieron identificar genotipos que se adaptaron a los mismos. Para GY el modelo SREG destacó 2 mega-ambientes donde identificaron los genotipos mejor adaptados, el testigo comercial (DK-2027Y) para el primero y el híbrido HOC (H-388 O) para el segundo.

En general, en la Figura 2 se puede observar que los híbridos ubicados en los vértices inferiores (cuadrantes III y IV) son los de mayor GY, 1G, Brabante (12.17 t ha⁻¹); 2G, Delfín (12.36 t ha⁻¹); 4G, P-3274 (12.29 t ha⁻¹); 7G, Hipopótamo (12.20 t ha⁻¹); 8G, Kepler (12.18 t ha⁻¹); 13G, PBN70XPBN90 (11.89 t ha⁻¹) y 14G, PBN85XPBB183 (11.52 t ha⁻¹), los cuales están íntimamente vinculados con los ambientes adyacentes. Los híbridos ubicados entre los cuadrantes I y II, alejados de las líneas de las localidades mostraron un GY menos competitivo.

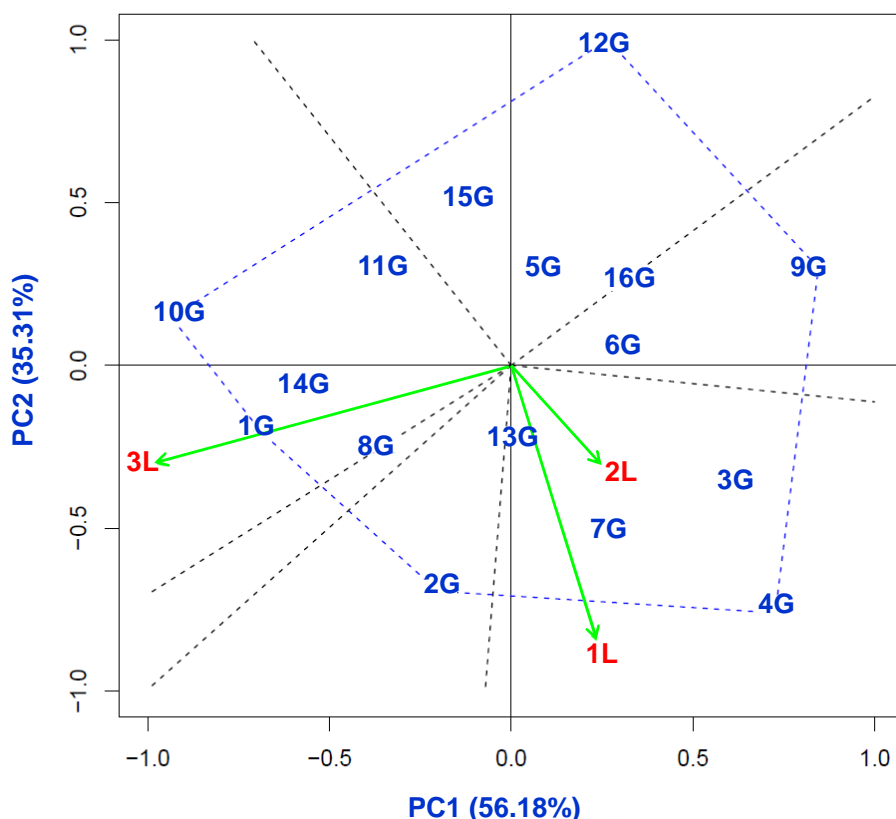


Figura 2. Biplot de SREG con el CP1 y CP2 del rendimiento promedio de 5 híbridos experimentales con alto contenido de aceite y 11 testigos comerciales en tres localidades del noroeste de México. Fuente: software GEA-R (Genotype x Environment Analysis with R) versión 4.1.

Los híbridos de maíz blanco de mayor rendimiento tuvieron valores positivos y negativos en el PC1 y una disminución en las puntuaciones absolutas del PC2, lo que significa una alta producción, pero menor estabilidad. De forma semejante, los ambientes con bajos valores absolutos en el PC2 tienen más representatividad, y valores negativos en el PC1 señalan mayor capacidad discriminadora de híbridos en términos del efecto principal genotípico (Yan *et al.*, 2016).

Conclusiones

El análisis de la GEI mediante el modelo AMMI identificó 4 genotipos como los más estables, pero solo 3 de ellos con un GY competitivo (Bravante, Hipopotamo y Kepler) para todos los ambientes. El modelo SREG fue de mayor precisión comparado con AMMI permitiendo la identificación de seis mega-ambientes, de los cuales 2 (1L y 3L) mostraron la mayor interacción genotipo-ambiente, debido a que en el biplot sus vectores rebasan el límite del polígono. Este modelo indicó que los genotipos PBN85XPBB183 y General mostraron la mayor estabilidad y adaptabilidad, siendo los genotipos que presentaron mejor comportamiento en la producción de grano en el noroeste de México.

Contribución de los autores

LAPF, CLCV, JALV: Conceptualización del trabajo; LAPF, RGD, EACR: Desarrollo de la metodología; LAPF, EACR, JALG: Manejo de software; LAPF, EACR, JALG: Validación experimental; LAPF, CLCV, JALV: Análisis de resultados; LAPF, CLCV, RGD, JALV: Manejo de datos; LAPF, CLCV, EACR, JALG, RGD, JALV: Escritura y preparación del manuscrito; LAPF, CLCV, JALV: Redacción, revisión y edición. Todos los autores de este manuscrito han leído y aceptado la versión publicada del mismo.

Agradecimientos

Se agradece al Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias por el apoyo técnico brindado para el establecimiento de los ensayos y recopilación de datos.

Conflicto de interés

Los autores declaran no tener conflicto de interés.

Referencias

- Burgueño, J., Crossa, J., Cornelius, P. L., & Yang, R. C. (2008). Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover genotype \times environment interaction. *Crop Science*, 48(4), 1291-1305. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.11.0632>
- Centro Internacional de Mejoramiento en Maíz y Trigo [CIMMYT]. (1995). Manejo de los ensayos e informe de los datos para el Programa de Maíz. México, D.F. 5ta reimpresión. ISBN: 970-648-045-5. <http://hdl.handle.net/10883/764>
- Crossa J. (1990). Statistical Analyses of Multilocation Trials. *Advances in Agronomy*, 44, 55-85. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60818-4](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60818-4)
- Crossa, J., Gauch, H.G., & Zobel, R.W. (1990). Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis of Two International Maize Cultivar Trials. *Crop Science*, 30, 493-500. <https://doi.org/10.2135/cropsci1990.0011183X003000030003x>
- Crossa J., Cornelius P. L., & Yan, W. (2002) Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype \times environment. *Crop Science*, 42, 619-633. <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.6190>
- Crossa, J., Vargas, M., Cossani, C. M., Alvarado, G., Burgueño, J., Mathews, K. L., & Reynolds, M. P. (2015). Evaluation and interpretation of interactions. *Agronomy Journal*, 107(2):736-747. <https://doi.org/10.2134/agronj2012.0491>
- Comisión Nacional del Agua [CONAGUA]. (2025, August 20). Estaciones Meteorológicas Automáticas. México. <https://smn.conagua.gob.mx/es/observando-el-tiempo/estaciones-meteorologicas-automaticas-ema-s>
- Di Rienzo, J. A., Casanoves, F., Balzarini, M. G., González, L., Tablado, M., & Robledo, C. (2011). InfoStat: software estadístico (versión 2011e) [software]. Grupo Infostat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. <https://www.infostat.com.ar>
- Eberhart, S. A. & Russel, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6(1), 36-40. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>
- Farias, J. C., Carvalho, P. L., Silva, J. L., & Teodoro, E. P. (2016). Biplot analysis of phenotypic stability in upland cotton genotypes in Mato Grosso. *Genetics and Molecular Research*, 15(2), 1-10. <https://geneticsmr.com/uploads/2024/05/gmr8009.pdf>
- García, P. J., Pérez, A. A., Silva, R. J., Álvarez, R. M., Monasterio, P. P., & Taramona, L. A. (2020). Evaluation of the agronomic potential of yellow corn hybrids based on the GGE biplot analysis and the AMMI model. *Bioagro*, 32(2), 95-106. <https://revistas.uclave.org/index.php/bioagro/article/view/2693>
- Hernández-Caldera, R. E., García-De los Santos, G., Zepeda-Bautista, R., Arellano-Vázquez, J. L., Gámez-Vázquez, A. J., & Ávila-Perches, M. A. (2023). Estabilidad del rendimiento de semilla de progenitores de híbridos de maíz de valles altos. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 46(4), 349-356. <https://doi.org/10.35196/rfm.2023.4.349>
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía [INEGI]. (2025, Sept 03). Geografía y Medio Ambiente – Edafología. <https://www.inegi.org.mx/temas/edafologia/>
- Lambert, R. J. (2001). High-oil corn hybrids: Specialty Corns. CRC Press. 2nd edition. Boca Ratón, Florida, USA. eBook ISBN 9780429127458. (pp. 131-154). <https://www.taylorfrancis.com/chapters/edit/10.1201/9781420038569-8/high-oil-corn-hybrids-robert-lambert>
- López-Guzmán, J. A., Aguilar-Castillo, J. A., García-Zavala, J. J., & Lobato-Ortiz, R. (2018). Adaptabilidad y estabilidad de longitud de mazorca de maíz raza jala en cinco ambientes. *Revista Bio Ciencias*, 5(nesp2), e472. <https://doi.org/10.15741/revbio.05.03.02>
- Lozano-Ramírez, A., Santacruz-Varela, A., San-Vicente-García, F., Crossa, J., Burgueño, J. & Molina-Galán, J. D. (2015). Modelación de la interacción genotipo ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 38(4), 337-347. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0187-73802015000400001&script=sci_arttext

- Martínez, L., Garatuza, J., Armendáriz, M. M., Yépez, E., Garibaldi, J. M., Ortiz, J. E., & González, J. (2018). Caracteres fisiológicos y agronómicos de la variedad de trigo cristalino CIRNO C2008 confirman su estabilidad genética. *Agrociencia*, 52(3), 419-435. <https://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v52n3/2521-9766-agro-52-03-419.pdf>
- Neisse, A. C., Kirch, L. J., & Hongyu, K. (2018). AMMI and GGE biplot for genotype x environment interaction: a medoid-based hierarchical cluster analysis approach for high-dimensional data. *Biometrical Letters*, 55(2), 97-121. <https://doi.org/10.2478/bile-2018-0008>
- Ochoa-Cadavid, I., Preciado-Ortiz, R. E., & Bayuelo-Jimenez, J. S. (2019). Interacción genotipo x ambiente y estabilidad en rendimiento de variedades de maíz en condiciones contrastantes de fósforo. *Agrociencia*, 53(3), 337-353. <https://www.agrociencia-colpos.org/index.php/agrociencia/article/view/1788/1785>
- Pacheco, G., Rosa, A., Vargas, M., Alvarado, G., Rodríguez, F., Crossa, J., & Burgueño, J. (2015). Genotype x Environment Analysis with R for Windows. (version 4.1) [software]. GEA-R. CIMMYT Research Data & Software Repository Network. <https://hdl.handle.net/11529/10203>
- Ponce-Encinas, M. C., López-Morales, F., Chura-Chuquija, J., Hernández-Leal, E., Hernández-Salinas, G., & Aragón-García, A. (2022). Interacción genotipo-ambiente del rendimiento en híbridos de maíz amarillo mediante AMMI y SREG. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 13(7), 1247-1258. <https://doi.org/10.29312/remexca.v13i7.3070>
- Preciado, R. E., Vázquez, M. G., & Terrón, A. D. (2025). H-393 O, híbrido de cruce doble de maíz de grano blanco con alto contenido de aceite para la región subtropical de México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 48(1), 89-89. <https://doi.org/10.35196/rfm.2025.1.89>
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera [SIAP]. (2025, August 15). Avance de Siembras y Cosechas. https://nube.agricultura.gob.mx/avance_agricola/
- Soto, C. S. T., Arce, V. V., & León, L. A. N. (2019). Estabilidad de rendimiento y adaptabilidad de híbridos de maíz tolerantes a suelos ácidos en base a las características del análisis GGE biplot. *Avances en Ciencias e Ingenierías*, 11(1), 32-45. <https://doi.org/10.18272/aci.v11i1.1081>
- Vargas, E. A., Vargas, J. E., & Baena, G. D. (2016). Análisis de estabilidad y adaptabilidad de híbridos de maíz de alta calidad proteica en diferentes zonas agroecológicas de Colombia. *Acta Agronómica*, 65(1), 72-79. <https://doi.org/10.15446/acag.v65n1.43417>
- Vázquez-Carrillo, M. G., Preciado, R. E., Santiago, D., Palacios, N., Terrón, A., & Hernández, A. (2018). Estabilidad del rendimiento y calidad de grano y tortilla de nuevos híbridos de maíz con valor agregado para el subtrópico de México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 41(4a), 509-518. <https://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v41n4a/0187-7380-rfm-41-4a-509.pdf>
- Yan, W., Frégeau, R. J., Pageau, D., & Martin, R. (2016). Genotype-by-environment interaction and trait associations in two genetic populations of oat. *Crop Science*, 56(3), 1136-1145. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.11.0678>
- Yang, R. C., Crossa, J., Cornelius, P. L., & Burgueño, J. (2009). Biplot analysis of genotype environment interaction: proceed with caution. *Crop Science*, 49(5), 1564-1576. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.11.0665>