

EVALUACIÓN DEL POTENCIAL AGRONÓMICO DE HÍBRIDOS DE MAÍZ AMARILLO BASADO EN EL ANÁLISIS GGE BIPLLOT Y EL MODELO AMMI

Pedro J. García M.¹, Alberto A. Pérez C.¹, Rubén J. Silva D.², Rosa M. Álvarez P.¹,
Monasterio P. Pedro P.³ y Luis A. Taramona R.⁴

RESUMEN

Al evaluar diferentes genotipos en un número variado de ambientes agroecológicos, la interacción genotipo por ambiente (IGA) dificulta la selección de los materiales más promisorios para las diferentes localidades. El objetivo de este estudio fue evaluar la interacción genotipo ambiente (IGA) y la estabilidad fenotípica de 20 híbridos de maíz de grano amarillo, utilizando las metodologías AMMI y GGE biplot. Se utilizó la información generada en ensayos previos de validación agronómica de cultivares de maíz, desarrollados en siete localidades de Venezuela. Los experimentos fueron conducidos bajo un diseño de bloques al azar con tres repeticiones, y el potencial agronómico de los cultivares se determinó mediante el rendimiento de grano, ajustado a 12 % de humedad. Una vez detectada la IGA se procedió a realizar el análisis multivariado para obtener los valores singulares de los primeros términos AMMI que resultaron significativos para los genotipos y ambientes. El GGE biplot estuvo basado en el modelo de regresión lineal bi-lineal de los ambientes. Los tres primeros ejes (CP) resultaron altamente significativos, explicando cerca del 80 % de la IGA. No obstante, mientras el CP₁ explicó solo el 42 % de la IGA, el conjunto de CP₁ y CP₂ explicó 61,72 % de esta interacción. Según el modelo AMMI los híbridos HIMECA-24A93 (G7) y SYN-730 (G19) resultaron con alta estabilidad y rendimiento para los diferentes ambientes, mientras que el análisis GGE biplot permitió determinar los mejores híbridos para cada uno de los ambientes. Adicionalmente, estos resultados sugieren que ambas metodologías pueden ser consideradas como complementarias y de gran utilidad en los programas de mejoramiento genético vegetal.

Palabras clave adicionales: Estabilidad genotípica, interacción genotipo-ambiente, rendimiento de grano, *Zea mays*

ABSTRACT

Evaluation of the agronomic potential of yellow corn hybrids based on the GGE biplot analysis and the AMMI model

When evaluating different genotypes in a varied number of agroecological environments, genotype-by-environment interaction (GEI) makes it difficult to select the most promising materials for different locations. The objective of this study was to evaluate the GEI and phenotypic stability of 20 yellow maize hybrids, using the AMMI and GGE biplot methodologies. We used the information generated in previous maize cultivars agronomic validation assays, developed in seven Venezuela locations. The experiments were conducted using a randomized complete blocks design with three replications, and the cultivar agronomic behavior was determined by the grain yield, adjusted to 12 % humidity. When the GEI was detected, a multivariate analysis was carried out to obtain the singular values of the first AMMI terms that were significant for genotypes and environments. The GGE biplot was based on the bi-linear linear regression model of the environments. The first three axes (PC) were highly significant, explaining about 80 % of the GEI. Nevertheless, while PC₁ only explained 42 % of the GEI, both PC₁ and PC₂ explained 61.72 % of this interaction. According to the AMMI model, the hybrids HIMECA-24A93 (G7) and SYN-730 (G19) resulted with high stability and performance for the different environments, while the GGE biplot analysis determined the best hybrids for each of the studied environments. Additionally, these results suggest that both methods can be considered as complementary, very useful in plant genetic improvement programs.

Additional keywords: Genotype by environment interaction, grain yield, phenotypic stability, *Zea mays*

INTRODUCCIÓN

En un programa de mejoramiento genético de

maíz, la evaluación de híbridos experimentales es la fase más difícil y la que requiere de mayor inversión, debido a la necesidad de evaluar un

Recibido: Mayo 19, 2019

Aceptado: Febrero 10, 2020

¹ Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA). Araure, estado Portuguesa, Venezuela.

e-mail: pgarcia@inia.gob.ve (autor de correspondencia); alperez.2806@gmail.com; rmaparra@gmail.com

² Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA-CENIAP). Maracay. e-mail: rubenjsilvad@gmail.com

³ Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA). Yaritagua, Yaracuy. e-mail: monasteriopedro@gmail.com

⁴ Universidad Le Cordon Blue, Lima, Perú. e-mail: luis.taramona@ulcb.edu.pe

gran número de genotipos en el mayor número de ambientes posibles (Souza et al., 2009). Generalmente, a pesar de que es bien conocida la importancia del estudio de la adaptabilidad y estabilidad de los materiales genéticos evaluados, las recomendaciones de los mejores genotipos a seleccionar se basan en el desempeño promedio de éstos a través de los ambientes. No obstante, bajo estas condiciones, la interacción genotipo ambiente (IGA) dificulta la selección. La IGA se puede definir como la respuesta diferencial en el desempeño de dos o más genotipos evaluados en diferentes ambientes (Blum, 1988). La IGA es un fenómeno universal cuando se prueban diversos genotipos en diferentes ambientes, siendo un tema importante para mejoradores de planta y agrónomos, cuyo interés principal es determinar el potencial agronómico de cultivares evaluados en diversos ambientes, que les facilite la recomendación de los mejores genotipos, a fin de definir los que tendrían mayor posibilidad de éxito en las regiones, donde serán utilizados por los agricultores en la producción comercial del cultivo. Muchos métodos estadísticos han sido desarrollados para analizar e interpretar la interacción genotipo ambiente de los datos, incluyendo el modelo AMMI (Gauch and Zobel 1996) y el análisis GGE biplot (Yan and Kang, 2003; Yan and Tinker, 2006).

El método AMMI utiliza el análisis de varianza (ANOVA), seguido del análisis de componentes principales aplicado a la suma de cuadrados que le corresponde a la IGA. Se basa en un modelo estadístico lineal-bilineal (Crossa et al., 2000), en el que los efectos principales de genotipos y de ambientes, considerados términos lineales, se explican mediante un análisis de varianza convencional; el componente bilineal (no aditivo) se atribuye a la IGA y se analiza mediante la técnica de componentes principales (De León et al., 2005; Alejos et al., 2006; Wardofa et al., 2019). Si los dos primeros componentes principales explican una parte importante de la variabilidad correspondiente a la matriz de la IGA (Gauch y Zobel, 1988), es posible hacer una representación gráfica (biplot) de la variabilidad de las observaciones, considerando genotipos y ambientes (Gabriel, 1971; Crossa, 1990). El primer componente representa a los efectos repetibles de la IGA, y el segundo a los efectos sin patrón definido o ruido (Crossa, 1990). Este

método conduce a la identificación de genotipos estables y con adaptación general o específica.

El biplot se ha convertido en una herramienta común de visualización de datos en muchas áreas científicas, incluyendo fisiología, medicina, economía, sociología, ecología y agricultura (Yan et al., 2007). Esta herramienta ha llegado a incrementar su popularidad entre los mejoradores de plantas e investigadores agrícolas, desde que comenzó a ser utilizada para la evaluación de cultivares y en la investigación de mega-ambientes (Yan et al., 2000).

Por su parte, Yan et al. (2000) desarrollaron la metodología del GGE biplot para el análisis gráfico de datos de ensayos establecidos en múltiples ambientes. GGE se refiere al efecto principal de genotipos (G), más la IGA (GE). El método fue propuesto para tener una interpretación gráfica de la interacción en el modelo de regresión de los ambientes (Yan, et al., 2000), y se basa en el hecho de que aunque los caracteres cuantitativos son producto del efecto combinado de $G + E + GE$, el análisis GGE biplot considera apenas los efectos de la interacción y de G como relevantes para la evaluación de los genotipos (Yan et al., 2001; Miranda et al., 2009). De acuerdo a Gabriel (1971), un biplot, es una representación gráfica (plot) que presenta simultáneamente tanto a genotipos como a ambientes. En este caso, el GGE biplot es una representación gráfica o biplot que despliega el efecto de genotipos y de la IGA de datos de ensayos establecidos en múltiples ambientes, el cual es construido por el trazado de los dos primeros componentes principales (CP_1 y CP_2), derivados de la descomposición de los valores singulares (DVS) de los datos (Yan and Tinker, 2006). Los modelos basados en la DVS son referidos como modelos de regresión lineal-bilineal (multiplicativo) de los sitios (Cornelius, et al., 1996).

El principal mérito de un análisis GGE biplot es que permite mostrar gráficamente el patrón de respuesta de cada genotipo en los diferentes ambientes, tal como lo detallaron Yan et al. (2000). Igualmente, Yan et al. (2001) describen brevemente el método, indicando que los puntos (marcas) que representan a los genotipos ubicados de manera más lejana al punto de origen (0,0) se conectan entre sí, para formar un polígono, de tal forma que el resto de los genotipos quedan

encerrados dentro del mismo. Adicionalmente, se traza una línea perpendicular a cada lado del polígono, iniciándose en el origen del gráfico (biplot) y se extiende por encima, dividiendo el gráfico en diversos sectores y las marcas que representan a las localidades de prueba quedan separadas en esos variados sectores. El cultivar ubicado en cada vértice de cada sector sería el que mejor se comportó en el ambiente incluido en ese sector.

El método GGE biplot, construido con los dos primeros componentes principales (CP_1 y CP_2), es utilizado para la identificación de los genotipos de potencial superior y los ambientes de prueba que facilitan su selección. Yan et al. (2001) refieren que esto será posible siempre que el conjunto de ambientes de prueba sean representativos de las regiones productoras del rubro y que exista una correlación casi perfecta (por ejemplo, $r > 0,95$) entre los valores del CP_1 de genotipos con los efectos principales de genotipos. De acuerdo con Yan et al. (2000), el CP_1 indica la adaptabilidad de los genotipos, con elevada correlación con el rendimiento, mientras que el CP_2 muestra la estabilidad fenotípica de los genotipos evaluados, en donde aquellos con CP_2 cercanos a cero serían los más estables. En este sentido, un genotipo ideal podría tener elevados valores de CP_1 (promedio superior de rendimiento) y valores del CP_2 cercanos a cero (más estables). Del mismo modo, un ambiente ideal podría presentar elevados valores para el CP_1 (mayor capacidad de discriminación entre los genotipos) y valores de CP_2 cercanos a cero (ambiente más representativo de un ambiente promedio) (Yan, 2001).

En razón de lo ya referido, el objetivo de este estudio fue ensayar las metodologías del modelo AMMI y GGE biplot para evaluar la interacción genotipo ambiente y la estabilidad fenotípica de 20 híbridos experimentales de maíz de grano amarillo que fueron evaluados en ensayos previos de validación agronómica de cultivares de maíz, a fin de facilitar la selección de los materiales más aptos para las diferentes regiones productoras de Venezuela.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material experimental y ambientes de prueba.

El material experimental estuvo integrado por 20 híbridos experimentales de maíz, incluidos en los

ensayos de validación agronómica de cultivares (EVAC) correspondientes al año 2015 (Cuadro 1), que son las pruebas oficiales a las que deben ser sometidos todos los cultivares de maíz, para optar a ser elegibles para la producción de semilla comercial en el país. Antes de entrar a los ensayos de validación, dichos cultivares fueron previamente probados en ensayos preliminares por las empresas u organismos obtentores, donde se definen los genotipos que participan en las pruebas oficiales. De esta manera, los obtentores garantizan que los cultivares participantes en las pruebas oficiales poseen un adecuado potencial de producción y sólo requieren ser probados en las diferentes regiones productoras del rubro en el ámbito nacional, para definir los que garanticen mayor capacidad de adaptación a las regiones productoras y por ende, mayor posibilidad de éxito a los productores agrícolas que exploten el cultivo comercialmente en el país.

Los ensayos fueron establecidos en siete localidades, distribuidas en los principales estados productores de maíz en Venezuela, en el ciclo del cultivo del año 2015, bajo un diseño de bloques completos aleatorizados con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo integrada por dos hileras de 4 m de longitud, separadas a 0,80 m y 0,20 m entre punto de siembra. En el Cuadro 2 se presenta la ubicación, las fechas de siembra y las principales características del suelo y condiciones climáticas prevaecientes durante el ciclo del cultivo en las localidades utilizadas para la evaluación de los genotipos.

El potencial agronómico de los cultivares fue medido a través del rendimiento de grano (RG), ajustado a 12 % de humedad. Todos los ensayos fueron establecidos y cosechados en forma manual y el manejo agronómico estuvo acorde con las recomendaciones técnicas establecidas para el cultivo en cada sitio de prueba.

Los análisis ANOVA individual y combinado fueron realizados basados en la media de cada unidad experimental utilizando el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS v9.1 (Cary, NC, USA). En la derivación de los cuadrados medios esperados y para la realización de las pruebas de F, los cultivares se consideraron efectos fijos, mientras que las repeticiones, localidades y las interacciones con localidades fueron consideradas efectos aleatorios. Previo a la realización de los análisis individual y combinado, se procedió a

comprobar los supuestos básicos del ANOVA. El supuesto de normalidad se determinó mediante la prueba de Wilk y Shapiro, el de aditividad se efectuó por medio de la prueba de Tukey, el de homogeneidad de varianza de los errores a través de la prueba de Bartlett, mientras que el supuesto de independencia se consideró garantizado por la aleatorización de los tratamientos en los experimentos, conforme a Steel y Torrie (1988). Se construyó un intervalo de confianza de la media general al 95% de probabilidad para determinar las diferencias estadísticas entre las medias de los genotipos y ambientes, conforme a Steel y Torrie (1988). El ANOVA combinado se efectuó conforme al siguiente modelo matemático: $Y_{ijk} = \mu + t_i + l_k + \beta_{j(k)} + tl_{ik} + \epsilon_{ijk}$, de donde Y_{ijk} se refiere a la observación obtenida en el i-ésimo genotipo, evaluado en la j-ésima

repetición, en la k-ésima localidad; μ es la media general; t_i se refiere al efecto fijo del i-ésimo genotipo utilizado en los ensayos, con $i = 1, 2, \dots, 20$; l_k es el efecto aleatorio de la k-ésima localidad, con $k = 1, 2, \dots, 7$; $\beta_{j(k)}$ es el efecto aleatorio de la j-ésima repetición dentro de la k-ésima localidad, con $j = 1, 2, 3$; tl_{ik} es el efecto aleatorio de la interacción entre el i-ésimo genotipo con la k-ésima localidad; ϵ_{ijk} es el error asociado a la observación Y_{ijk} .

Una vez detectada la presencia de la IGA, se procedió a realizar el análisis multivariado, para obtener los valores singulares de los primeros términos AMMI que resultaron significativos para los genotipos y ambientes, basados en los procedimientos establecidos por Vargas y Crossa (2000).

Cuadro 1. Lista de híbridos de maíz de granos amarillos evaluados en los ensayos de validación agronómica de cultivares, entidades obtentoras, tipo de híbridos y años de evaluación

Entrada	Nombre	Origen	Tipo de híbrido	Años de
1	TOCORON-247 (G ₁)	Semara	Triple	1
2	TOCORON-257 (G ₂)	Semara	Triple	1
3	TOCORON-267 (G ₃)	Semara	Triple	1
4	TOCORON-277 (G ₄)	Semara	Triple	1
5	DANAC-156 (G ₅)	DANAC	Simple	1
6	DOW-446Y (G ₆)	Dow	Simple	1
7	HIMECA-24A93 (G ₇)	Himeca	Simple	2
8	AYAMAN-761 (G ₈)	Bioagro	Triple	1
9	SK-5071 (G ₉)	Shiveca	Simple	2
10	INIA-PA2450 (G ₁₀)	INIA Portuguesa	Simple	1
11	INIA-PA125 (G ₁₁)	INIA Portuguesa	Simple	1
12	INIA-PA332 (G ₁₂)	INIA Portuguesa	Simple	1
13	AG-MA7888 (G ₁₃)	Sumiagro	Simple	1
14	AG-MA1926S (G ₁₄)	Sumiagro	Simple	1
15	TROPI-101 (G ₁₅)	Grupo Catalina	Simple	2
16	AGRI-320 (G ₁₆)	Grupo Catalina	Triple	1
17	AGRI-340 (G ₁₇)	Grupo Catalina	Simple	1
18	MZ -450 (G ₁₈)	Grupo Catalina	Simple Modificado	1
19	SYN-730 (G ₁₉)	Syngenta	Simple	2
20	SYN-750 (G ₂₀)	Syngenta	Simple	2

García et al. Potencial de híbridos de maíz amarillo según GGE biplot y AMMI

Cuadro 2. Localidades, fechas de siembra, ubicación, suelos y clima de los ambientes utilizados para la evaluación de los genotipos

Localidad (municipio/estado)	Fechas de Siembra	Coordenadas y altitud (msnm)	Suelo	Elementos del clima (durante el ciclo de cultivo)
Los Botalones (A ₁) (Araure/Portuguesa)	09/06/2015	09° 37' N 69° 13' W (272)	Franco arcilloso, pH 5,5-6,5	T media 27°C, 714 mm de lluvia
Palo Gordo (A ₂) (Araure/Portuguesa)	11/06/2015	9° 32' N 69° 15' W (242)	Franco arcilloso, pH 5,5-6,5	T media 27°C, 714 mm de lluvia
Campo Exp. en CAT (A ₃) (Turén/Portuguesa)	23/06/2015	09° 16' N 69° 05' W (275)	Franco limoso, algo alcalino	T media 26°C, >1000 mm de lluvia
Finca en CAT (A ₄) (Turén/Portuguesa)	25/06/2015	9° 19' N 69° 7' W (127)	Franco arcillo limoso, algo alcalino	T media 26°C, >1000 mm de lluvia
Magdaleno (A ₅) (Zamora/Aragua)	26/06/2015	10° 06' N 67° 34' W (440)	Franco, pH neutro, muy fértil	T media 26,6 °C, 420 mm de lluvia
El Tejero (A ₆) Ezequiel (Zamora/Monagas)	08/07/2015	9° 17' N 62° 56' W (165)	Arenoso a franco arenoso, pH< 5	T media 28 °C, 410 mm de lluvia
Yaritagua (A ₇) (Peña/Yaracuy)	17/06/2015	10° 04' N 69° 07' W (375)	Franco, ligeramente ácido	T con alta amplitud, 502 mm de lluvia

CAT: Colonia Agrícola de Turén

Se utilizaron sólo las medias ajustadas, por lo cual fue necesario proporcionar al programa la información correspondiente al valor del estimador del error combinado, los grados de libertad de dicho error y el número de repeticiones, de acuerdo al siguiente modelo matemático: $Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \xi_{ij}$, donde Y_{ij} representa la media del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente; μ es la media general; g_i y a_j son los efectos del i -ésimo genotipo y j -ésimo ambiente, respectivamente; n es el número de componentes principales (CP) retenidos en el modelo; k es el valor singular para cada CP; ik son valores de los vectores de los genotipos para cada CP; jk son los valores de los vectores de los ambientes para cada CP; ij es el residual de la IGA y ξ_{ij} es el error experimental medio.

Para cada genotipo y ambiente fueron obtenidas las puntuaciones genotípicas y ambientales por medio del procedimiento PROC

IML del paquete estadístico SAS. La significancia de cada CP fue medida mediante una prueba de F aproximada al nivel 0,05 de probabilidad, comparando el cuadrado medio de cada CP, con el cuadrado medio del error experimental, conforme a Crossa et al. (1990). El número de ejes posibles (CP) que el modelo puede retener en AMMI es el mínimo (G-1; E-1). Aquellos ejes que resultaron no significativos se incluyeron en el residual. Los valores del CP₁ y el rendimiento medio de genotipos/ambientes fueron utilizados para construir el gráfico de doble representación "biplot" del modelo AMMI.

El GGE biplot estuvo basado en el modelo de regresión lineal bi-lineal de los ambientes, conforme al siguiente modelo lineal aditivo: $\bar{Y}_{ij} - \mu_j = \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \rho_{jk} + \bar{\xi}_{ij}$, donde \bar{Y}_{ij} es la media del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente; μ_j es el valor medio del j -ésimo ambiente, con $i = 1, 2, \dots, 20$, $j = 1, 2, \dots, 7$; t es el número de componentes principales (CP)

retenidos en el modelo, con $t \leq$ mínimo (genotipos, ambientes, -1); λ_k son los valores propios asociados a cada CP; α_{ik} son las puntuaciones de cada CP para el efecto de genotipos; γ_{jk} son las puntuaciones de cada CP para el efecto de ambientes; ρ_{jk} es el residuo de la IGA, correspondiente a los CP no retenidos en el modelo y $\bar{\xi}_{ij}$ es el efecto residual del modelo. El modelo está sujeto a la restricción $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_t \geq 0$ y a la condición de ortonormalidad sobre las puntuaciones α_{ik} , esto es, $\sum_{k=1}^g \alpha_{ik} \alpha_{ik'} = 1$ si $k = k'$ y $\sum_{k=1}^g \alpha_{ik} \alpha_{ik'} = 0$, si $k \neq k'$. Las mismas restricciones se cumplen sobre las puntuaciones de γ_{jk} (definido por la sustitución de los símbolos $i, g: \alpha$ por $j, e: \gamma$). El término del error medio $\bar{\xi}_{ij}$ se asume con NID(0, σ^2/r), donde r es el número de repeticiones dentro de un ambiente (Yan, et al., 2007). El GGE biplot fue generado con los dos primeros CP, de acuerdo al modelo simplificado propuesto por Yan et al. (2000). Cada genotipo y cada ambiente estuvo representado por un punto

en el gráfico.

El significado empírico para los genotipos \bar{Y}_{ij} son explicados por las calificaciones de genotipos de la siguiente manera: en el gráfico biplot, cuanto mayores son las puntuaciones del primer CP (CP₁), mayores son las medias de los genotipos correspondientes y si el segundo CP (CP₂) es cercano a cero, dichos genotipos son considerados más estables (Yan, et al., 2000, Yan, 2001).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de varianza combinado indicó que los híbridos evaluados, a través del rendimiento de grano, no mantuvieron su desempeño agronómico en los ambientes de evaluación, al detectarse diferencias altamente significativas ($P \leq 0,01$) para el efecto de IGA (Hib x Loc) (Cuadro 3). Estos resultados sugieren que el desempeño de los híbridos varió en función de la condición ambiental presente en cada localidad utilizada en el estudio. El análisis además reveló diferencias estadísticas importantes ($P \leq 0,01$) entre los ambientes de prueba y entre los híbridos evaluados.

Cuadro 3. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado con los efectos lineales y multiplicativos según el modelo AMMI para el rendimiento de grano de 20 híbridos evaluados en 7 ambientes de Venezuela en el ciclo del cultivo de 2015

Fuente de Variación	Grados de libertad	Cuadrado Medio	Suma de Cuadrados AMMI (%)	Acumulado (%)
Ambientes (Amb)	6	24,90 **		
Repeticiones/Amb	14	5,00 **		
Genotipos (Gen)	19	9,59 **		
Gen x Amb	114	1,81 **		
CP ₁	24	3,59 **	41,78	41,78
CP ₂	22	1,87 **	19,94	61,72
CP ₃	20	1,83 **	17,74	79,45
Residual	48	0,88		
Covariancia	1	27,63 **		
Error	265	0,89		

** Diferencias significativas ($P \leq 0,01$)

Con base al desempeño general de los genotipos evaluados, los resultados demuestran que los híbridos Dow-446Y, MZ-450, SYN-750 y TROPI-101 fueron los que presentaron los

mayores niveles de productividad promedio, superando significativamente ($P \leq 0,05$) a los demás cultivares probados, mientras que los híbridos AG-MA7888, AG-MA1926S, AGRI-

García et al. Potencial de híbridos de maíz amarillo según GGE biplot y AMMI

320, AYAMAN-761 y TOCORON-277 mostraron niveles promedios de productividad significativamente ($P \leq 0,05$) por debajo de la media general; el resto de los materiales presentaron niveles de productividad similares a la media general. Por su parte, las localidades Los Botalones y El Tejero fueron los ambientes

que mostraron los mejores rendimientos y los genotipos expresaron su potencial agronómico, superando en productividad al resto de los ambientes, mientras que la localidad Magdalena presentó el menor rendimiento promedio, y se ubicó por debajo de la media general (Cuadro 4).

Cuadro 4. Media del rendimiento de híbridos y de los ambientes de evaluación y valores de los dos primeros componentes principales (CP_1 y CP_2) obtenidos en los ensayos de validación agronómica de cultivares de 2015

Nombre	Código	Rendimiento ($Mg \cdot ha^{-1}$)	CP_1	CP_2
TOCORON-247	G ₁	8,309	-0,474	0,357
TOCORON-257	G ₂	8,145	-0,493	0,158
TOCORON-267	G ₃	8,245	0,290	0,432
TOCORON-277	G ₄	7,660	-0,493	0,427
DANAC-156	G ₅	7,843	0,425	-0,435
DOW-446Y	G ₆	9,243	-0,782	-0,833
HIMECA-24A93	G ₇	8,617	-0,169	0,133
AYAMAN-761	G ₈	7,607	0,251	0,178
SK-5071	G ₉	8,108	0,975	-0,462
INIA-PA2450	G ₁₀	8,105	0,462	-0,876
INIA-PA125	G ₁₁	7,787	0,179	-0,330
INIA-PA332	G ₁₂	8,275	0,002	0,663
AG-MA7888	G ₁₃	6,183	0,962	0,395
AG-MA1926S	G ₁₄	7,229	0,323	0,208
TROPI-101	G ₁₅	8,939	-0,735	-0,258
AGRI-320	G ₁₆	7,354	-0,563	0,333
AGRI-340	G ₁₇	8,175	0,082	-0,308
MZ -450	G ₁₈	9,020	-0,552	-0,142
SYN-730	G ₁₉	8,501	-0,193	-0,106
SYN-750	G ₂₀	9,006	0,503	0,466
Los Botalones	A ₁	8,845	-0,433	-0,524
Palo Gordo	A ₂	8,193	-0,735	-0,750
Camp.Exp. Colonia Turén	A ₃	7,829	0,055	0,132
Finca La Colonia Turén	A ₄	8,741	-0,450	0,400
Magdalena	A ₅	7,026	-0,204	-0,632
El Tejero	A ₆	8,078	2,072	-0,133
Yaritagua	A ₇	8,112	-0,305	1,507
Media general		8,118		
Intervalo de confianza de la media (95 %)		(7,681; 8,554)		

G: genotipo; A: ambiente

Los tres primeros ejes (CP) resultaron altamente significativos, explicando cerca del 80 % de la IGA. No obstante, el CP_1 sólo explicó alrededor del 42 % de la interacción, mientras que entre el CP_1 y el CP_2 explicaron 61,72 % de la variación debida a la interacción (Cuadro 3). En este sentido, los resultados demuestran que una proporción considerable de la variación

correspondiente a la interacción fue explicada por el modelo AMMI-1, con sólo 21 % de los grados de libertad de la interacción, generando un residual que apenas representó el 20,47 % del efecto de la IGA, el cual resultó estadísticamente no significativo ($P > 0,05$), lo que sugiere que el modelo fue apropiado para explicar la interacción genotipo ambiente. García et al. (2009), llegaron a

conclusiones similares, al utilizar el modelo AMMI para evaluar la estabilidad del rendimiento y el potencial agronómico de nueve cultivares de maíz en ocho localidades de Venezuela. Así mismo, Crossa et al. (1990), Cabrera et al. (2001) y San Vicente et al. (2005), entre otros, realizaron una interpretación similar de los resultados del ANOVA del modelo AMMI.

No obstante, estos resultados difieren de lo observado en estudios previos realizados en el país (Cabrera et al., 1997; Cabrera et al., 2001; García et al., 2009), en donde se utilizó el modelo AMMI para evaluar la estabilidad y el potencial agronómico de diferentes cultivares de maíz evaluados en varias localidades del país, en donde el CP_1 explicó una proporción superior al 60 % de la interacción y también difieren de lo observado por San Vicente et al. (2005), quienes evaluaron la estabilidad del rendimiento y el potencial agronómico de híbridos de alta calidad de proteína (QPM) en 18 localidades de Venezuela y encontraron que el CP_1 apenas explicó el 35% de la interacción, atribuyendo esta falta de correspondencia a lo observado en trabajos previos, tales como factores relacionados con la complejidad del carácter y a la diversidad de genotipos y localidades incluidas en los estudios.

Adicionalmente, Alejos et al. (2006) evaluaron 16 genotipos en 6 ambientes de Venezuela y encontraron que entre el CP_1 y CP_2 explicaron sólo 64 % de la variación debida a la IGA; no obstante, el 36 % restante de la variación resultó

no significativa, por lo que concluyen que el modelo AMMI resultó apropiado para explicar la interacción. Del mismo modo, Córdova (1991), evaluó 36 cultivares de maíz en 14 localidades de Centro América, Panamá y México y encontró que el CP_1 capturó alrededor del 50 % de la suma de cuadrados de la interacción, concluyendo con ello que el CP_1 tuvo valores con capacidad de predicción importantes, mientras que Crossa et al. (1990), encontraron que el CP_1 explicó más de la mitad de la suma de cuadrados de la IGA, con sólo 8,9 % de los grados de libertad de la interacción, resultando el residual sin valor para la predicción de este efecto.

De acuerdo al modelo AMMI, los híbridos SYN-730 (G_{19}) y el HIMECA-24A93 (G_7) resultaron con niveles de productividad promedio estadísticamente superiores a la media general y con elevada consistencia a través de los ambientes (Figura 1). Del mismo modo, los híbridos INIAP-A332 (G_{12}), INIAP-A125 (G_{11}), TOCORON-267 (G_3) y AGRI-340 (G_{17}) presentaron un desempeño muy estable en los ambientes de evaluación, pero con niveles de productividad similares a la media general de los ensayos, mientras que, AYAMAN-761 (G_8) y AG-MA-1926S (G_{14}) resultaron estables, pero sus rendimientos estuvieron por debajo de la media general. Los híbridos Dow-446Y (G_6), TROPI-101 (G_{15}), MZ-450 (G_{18}) y SYN-750 (G_{20}) aun cuando presentaron los mayores rendimientos, superando estadísticamente a la media general, no fueron estables a través de los ambientes.

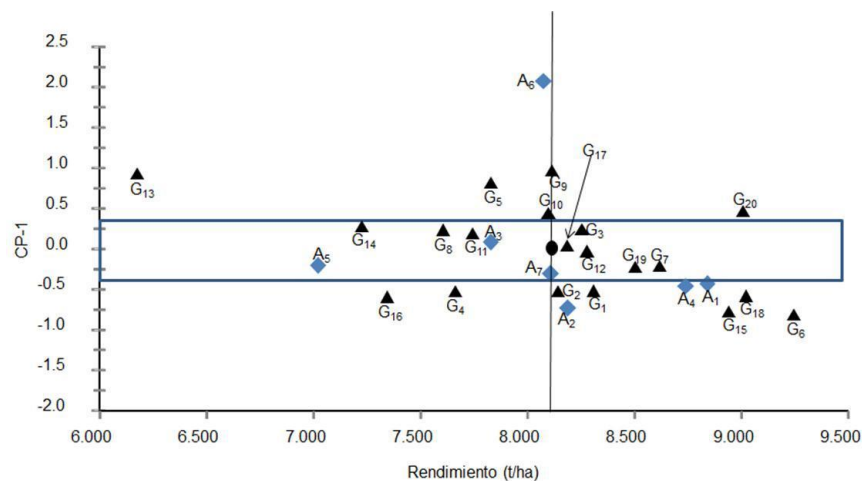


Figura 1. Modelo AMMI que muestra el desempeño de 20 híbridos (G) de maíz evaluados en siete ambientes (A) de Venezuela en el ciclo del cultivo de 2015

Trabajos previos (Cabrera, et al., 2001; San Vicente et al., 2005; García et al., 2009), en donde se utilizó el modelo AMMI para estimar la estabilidad del rendimiento de cultivares de maíz, evaluados en diversas localidades de Venezuela, encontraron resultados similares, al determinar cultivares cuyos rendimientos resultaron consistentes a través de los ambientes de prueba, pero con niveles de productividad promedio por debajo de la media general. Este tipo de estabilidad, clasificada por Becker (1981) como biológica, resulta poco útil en la agricultura, debido a que los agricultores demandan cultivares que muestren desempeño consistente a través de los ambientes, pero que al mismo tiempo respondan favorablemente a las mejoras ambientales, lo que significa, cultivares que presenten el mejor potencial bajo cualquier condición ambiental (estabilidad agronómica) (García et al., 2009).

Según el modelo AMMI, las localidades Yaritagua (A7), Campo Experimental Colonia de Turén (A3) y Magdaleno (A5), resultaron los ambientes que presentaron la menor interacción con los cultivares, por lo que se pueden considerar ambientes neutrales, con poca capacidad para discriminar entre los genotipos probados, mientras que el resto de los ambientes resultaron con mejores condiciones para discriminar a los genotipos evaluados, por lo que se pueden sugerir como ambientes claves para futuros estudios de esta naturaleza.

La localidad Campo Experimental Colonia de Turén estuvo incluida entre los ambientes de prueba utilizados por García et al. (2009), quienes también la clasificaron como un ambiente neutral. No obstante, este ambiente también fue utilizado por San Vicente et al. (2005), ubicándolo como un ambiente con elevada interacción con los genotipos evaluados. Esto demuestra la elevada complejidad de la IGA, en donde el efecto de años y localidades (ambientes) y de los genotipos incluidos en los estudios, determinan la magnitud y grado de complejidad de este fenómeno. De allí que en los estudios para la determinación de megambientes (Yan et al., 2001; Yan et al., 2007), se deba considerar diversas localidades durante varios años de prueba, para poder definir los grupos de ambientes que consistentemente definen los mejores cultivares o genotipos. Más aun, Yan et al (2007)

señalan que para poder llegar a conclusiones definitivas, un mismo set de genotipos deben ser evaluados en un mismo grupo de ambientes durante varios años.

Los resultados del análisis GGE biplot determinaron que los híbridos SK-5071 (G_0), AG-MA7888 (G_{13}), SYN-750 (G_{20}), INIA-PA2450 (G_{10}) y DANAC-156 (G_5) serían los que mejor se adaptaron a los ambientes de evaluación, al presentar los mayores valores de CP_1 , mientras que los híbridos con mayor estabilidad del rendimiento a través de los ambientes serían SYN-730 (G_{19}) > HIMECA-24A93 (G_7) > MZ-450 (G_{18}) > TOCORÓN-257 (G_2) > AYAMAN-761 (G_8), los cuales presentaron valores de CP_2 cercanos a cero (Cuadro 4).

El análisis de correlación entre el CP_1 y el rendimiento de grano fue de 0,97 el cual resultó altamente significativo ($P \leq 0,01$). Esto sugiere que el modelo GGE biplot fue apropiado para evaluar la capacidad productiva, la estabilidad fenotípica de los genotipos y la capacidad discriminadora de los ambientes de prueba.

La gráfica del modelo GGE biplot permitió distribuir las siete localidades de evaluación en cuatro ambientes distintos (Figura 2). Un ambiente lo representó la localidad Yaritagua (A7), en el estado Yaracuy, con suelos francos ligeramente ácidos, alta amplitud térmica baja precipitación en el ciclo del cultivo (Cuadro 2). Otro ambiente lo representó la localidad El Tejero (A6) en el estado Monagas, con suelos de textura franco arenosa, muy ácidos, temperatura alta y baja precipitación.

Un tercer grupo de ambientes similares lo integraron las localidades Los Botalones (A1), Palo Gordo (A2) y Magdaleno (A5); las dos primeras en el estado Portuguesa, con suelos franco arcillosos, ligeramente ácidos, y temperatura y precipitación media mientras que A5 en el estado Aragua tiene suelos francos, muy fértiles y pH neutro, con temperatura media y baja precipitación. Un cuarto ambiente lo representó una finca ubicada en la Colonia Agrícola de Turén (A4), en el estado Portuguesa, con suelos franco arcillo limosos, de pH ligeramente alcalinos, temperaturas moderadas y medianamente alta precipitación. El Campo Experimental de INIA en Turén (A3), resultó un ambiente neutral, con poca capacidad para discriminar a los genotipos evaluados.

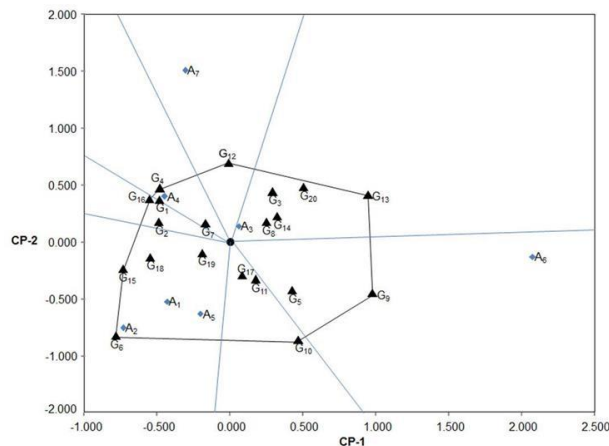


Figura 2. GGE biplot que muestra el desempeño de 20 híbridos (G) de maíz evaluados en siete ambientes (A) de Venezuela en el ciclo del cultivo de 2015

Considerando que el modelo representa la variación observada en el efecto GGE, las localidades A₁, A₂ y A₅ podrían ser representadas por cualquiera de ellas y en consecuencia se podría reducir el número de ambientes de evaluación. No obstante, asumir una conclusión de esta naturaleza con sólo un año de pruebas no sería recomendable, debido a las variaciones climáticas interanuales, principalmente las observadas en las zonas tropicales. En este sentido, vale enfatizar la necesidad de realizar evaluaciones en el espacio y tiempo, para poder llegar a conclusiones definitivas sobre la determinación de megambientes, tal como lo señalan Yan et al. (2001; 2007).

Los resultados obtenidos con el modelo GGE biplot, de alguna forma se pueden considerar complementarios a la información generada por el modelo AMMI. El modelo AMMI permite observar con relativa facilidad los genotipos más estables y de desempeño agronómico superior a la media general, mientras que la gráfica del GGE biplot facilita discriminar los mejores genotipos para los diferentes ambientes de evaluación, logrando también agrupar los ambientes en función de la interacción observada con los genotipos evaluados. No obstante, mientras el modelo AMMI consideró a las localidades Yaritagua (A₇), Campo Experimental Colonia Agrícola de Turén (A₃) y Magdaleno (A₅), como ambientes neutrales, con poca capacidad para discriminar entre los genotipos probados, el GGE

biplot apenas incluyó en esta categoría de ambientes a la localidad Colonia Agrícola de Turén (A₃).

CONCLUSIONES

El modelo AMMI consideró a los híbridos HIMECA-24A93 (G₇) y SYN-730 (G₁₉) con alta estabilidad y con rendimientos superiores a la media general, en tanto que los híbridos INIA-PA332 (G₁₂), TOCORÓN-267 (G₃), AGRI-340 (G₁₇), INIA-PA125 (G₁₁) y AYAMAN-761 (G₈) los consideró estables, pero con niveles de productividad similar a la media general. El análisis del GGE biplot facilitó la selección de los mejores materiales para los diferentes ambientes de evaluación al determinar que los híbridos SK-5071 (G₉), AG-MA7888 (G₁₃), SYN-750 (G₂₀), INIA-PA2450 (G₁₀) y DANAC-156 (G₅) serían los que mejor se adaptaron a los diferentes ambientes de evaluación, mientras que los de mayor estabilidad del rendimiento a través de los ambientes serían SYN-730 (G₁₉) > HIMECA-24A93 (G₇) > MZ-450 (G₁₈) > TOCORÓN-257 (G₂) > AYAMAN-761 (G₈). Los resultados también sugieren que el modelo GGE biplot se puede considerar complementario al modelo AMMI, ya que este último permite observar con relativa facilidad los genotipos más estables y de desempeño agronómico superior a la media general, mientras que el GGE biplot discrimina los mejores genotipos para los diferentes ambientes. Ambos métodos permiten explorar los patrones de adaptación y estabilidad de los genotipos, y constituyen herramientas de gran utilidad en los programas de mejoramiento genético vegetal.

LITERATURA CITADA

1. Alejos, G., P. Monasterio y R. Rea. 2006. Análisis de la interacción genotipo ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. *Agronomía Trop.* 56(3): 369-384.
2. Becker, H. C. 1981. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica* 30: 835-840.
3. Blum, A. 1988. *Plant Breeding for Stress Environments*. Boca Raton, FL, USA, CRC Press. 222 p.

4. Cabrera, S., P. García, F. Morillo y C. Sánchez. 2001. Estabilidad del rendimiento de híbridos blancos de maíz (*Zea mays* L.) en diferentes zonas agroecológicas de Venezuela, Revista UNELLEZ de Ciencia y Tecnología, 19: 182-198.
5. Cabrera, S., C. Marín, P. Romero, L. Hernández, F. Morillo y C. Sánchez. 1997. Análisis de estabilidad del rendimiento en híbridos de maíz (*Zea mays* L.), en zonas productoras de los estados Portuguesa y Barinas. Revista Científica de la Fundación para la Investigación Agrícola DANAC. <http://www.danac.org.ve>.
6. Córdova, H. 1991. Estimación de parámetros de estabilidad para determinar la respuesta de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) ambientes contrastantes de Centro América, Panamá y México. Agro. Mesoamer. 2: 1-10.
7. Cornelius, P. L., J. Crossa and M. S. Seyedsadr. 1996. Statistical tests and estimators for multiplicative models for genotype by environment interaction. In Kang, M. S. and Gauch, H.G. Jr. (ed.) Genotype by environment interaction. CRC Press, Boca Raton, FL, USA. pp. 199-234.
8. Crossa, J. 1990. Statistical analysis of multilocations trials, Academic Press, Advances in Agronomy 44: 55-85.
9. Crossa, J., P. Cornelius y M. Vargas. 2000. Modelos Estadísticos Multiplicativos para el Análisis de la Interacción Genotipo x Ambiente. CIMMYT Library. México D. F., México. <https://repository.cimmyt.org/bitstream/handle/10883/3487/68592.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.
10. Crossa, J., H. G. Gauch Jr. and R. W. Zobel 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. Crop Sci. 30: 493-500.
11. De León, H., F. R. Sánchez, M. H. Reyes, D. S. Garduño, G. M. Zambrano, R. C. Cadenas y J. D. Cárdenas. 2005. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. Rev. Fit. Mex. 28(2): 135-143.
12. Gabriel K. R. 1971: The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. Biometrika 58: 453-467.
13. García, P., S. Cabrera, A. Pérez, R. Silva, R. Álvarez, C. Marín, P. Monasterio. y M. Santella. 2009. Estabilidad del rendimiento y potencial agronómico de cultivares de maíz de endospermo normal y QPM en zonas agroecológicas de Venezuela. Agronomía Trop. 59(4): 433-443.
14. Gauch H.G., R. W. Zobel. 1988: Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. Theoretical and Applied Genetics 76: 1-10.
15. Gauch, H. G. and R. W. Zobel. 1996. AMMI analysis of yield trials. In: M. Kang y H. Gauch (eds.). Genotype by Environment Interaction. CRC Press, Boca Ratón, FL, USA. pp. 85-122.
16. Miranda, G., L. Souza, L. Moreira, H. Namorato, L. Rodríguez y M. Oliveira. 2009. Multivariate analyses of genotype x environment interaction of popcorn. Pesquisa Agropecuária Brasileira 44: 45-50.
17. San Vicente, F., C. Marín y D. Díaz. 2005. Estabilidad del rendimiento y potencial agronómico de híbridos de maíz de alta calidad de proteína (QPM) en Venezuela. Agronomía Trop. 55(3): 397-410.
18. Souza, A., G. Miranda, M. Gonzaga y L. Souza, L. 2009. Predicting the genetic gain in the Brazilian white maize landrace. Ciência Rural 39: 19-24.
19. Steel, R. y J. Torrie. 1988. Bioestadística: Principios y Procedimientos. McGraw-Hill /Interamericana, México.
20. Vargas, H. M. y J. Crossa. 2000. El análisis AMMI y la gráfica del Biplot en SAS. CIMMYT, México, DF. pp. 26-42. <http://www.cimmyt.cgiar.org/biometrics> (consulta de Nov 1, 2016).
21. Wardofa, G., H. Mohammed, D. Asnake y T. Alemu. 2019. Genotype x environment interaction and yield stability of bread wheat genotypes in Central Ethiopia. J. Plant Breed. Genet. 7(2): 87-94.
22. Yan, W. 2001. GGE biplot a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. Agron. J. 93: 1111-1118.

23. Yan, W. and M. Kang. 2003. GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL, USA.
24. Yan, W. y N. Tinker. 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. Canadian J. Plant Sci. 623-645.
25. Yan, W., P.L. Cornelius, J. Crossa y L.A. Hunt. 2001. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. Crop Sci. 41: 656-663.
26. Yan, W., L.A. Hunt, Q. Sheng y Z. Szlavics. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Sci. 40: 597-605.
27. Yan, W., M. Kang, B. Ma, S. Woods y P.L. Cornelius. 2007. GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype by environment data. Crop Sci. 47: 641-653.