

Métodos de análisis de la interacción genotipo × ambiente en maíz (*Zea mays*, *Poaceae*)

Analysis methods of genotype × environment interaction in maize (*Zea mays*, *Poaceae*)

Evelyn Bandera Fernández¹ 

¹Facultad de Biología, Universidad de La Habana, calle 25 # 455 e/ I y J, Vedado, Plaza de la Revolución, La Habana, Cuba. e-mail: ebanderafdez1990@gmail.com

RESUMEN

El maíz constituye uno de los cultivos más importantes del mundo porque contribuye a la alimentación de humanos y animales. Es una planta que se encuentra adaptada a una gran diversidad de ambientes. La interacción genotipo × ambiente tiene una gran influencia en los caracteres del rendimiento del maíz, por lo que se hace necesario estudiarla. Las investigaciones sobre esta interacción han sido realizadas para identificar variedades con altos rendimientos para ambientes específicos, determinar los sitios que mejor representen a ese ambiente y estimar la estabilidad de los genotipos. Existen diferentes metodologías que explican esta interacción, como el modelo de Efectos Aditivos e Interacción Multiplicativa, el análisis de regresión en los sitios y el análisis de regresión en los genotipos. La primera permite estudiar el grado de estabilidad de los genotipos al ser probados en diferentes ambientes. El método de regresión en los sitios se recomienda cuando el interés principal es el comportamiento de los genotipos y el análisis de regresión en los genotipos se emplea para profundizar en los mega-ambientes. El objetivo de esta revisión fue explicar las aplicaciones de los métodos de interacción genotipo × ambiente en el maíz. Los estudios sobre adaptabilidad y estabilidad con el empleo de los gráficos biplot corroboraron la eficiencia de los análisis para recomendar genotipos y ambientes favorables en el cultivo de esta planta.

Palabras clave: adaptabilidad de cultivos de plantas, biplot, estabilidad mega-ambientes, modelo de efectos aditivos e interacción multiplicativa

ABSTRACT

Maize (or corn) is one of the most important crops in the world because it contributes to the feeding of humans and animals. It is a plant that is adapted to a great diversity of environments. The genotype × environment interaction has a great influence on the traits of the yield of maize, for what is necessary to study it. These interaction studies make it possible to identify varieties with high yields for a given environment, determine the sites that best represent that environment, and estimate the stability of genotypes. Different methodologies explain this interaction such as Additive Main Effect and Multiplicative Interaction model, the sites regression analysis, and the genotypes regression analysis. The first model allows studying the degree of stability of genotypes when tested in different environments. The site regression methods are recommended when the main interest is the behavior of the genotypes and the genotypes regression analysis is used to delve into mega-environment. For this reason, the objective of the review was to explain the applications of genotype × environment interaction methods in maize. Studies on adaptability and stability with the use of biplot graphs have corroborate the efficiency of the analyzes to recommended genotypes and favorable environments in maize crop.

Keywords: adaptability of plant crops, biplot, stability mega-environments, Additive Main Effect and Multiplicative Interaction model

Citación: Bandera, E. 2023. Métodos de análisis de la interacción genotipo × ambiente en maíz (*Zea mays*, *Poaceae*). *Revista Jard. Bot. Nac. Univ. Habana* 44: 33-38.

Recibido: 6 de abril de 2022. **Aceptado:** 17 de octubre de 2022. **Publicado en línea:** 23 de junio de 2023. **Editor encargado:** Luis Manuel Leyva.

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es una planta anual que pertenece a la familia *Poaceae* (Judd & al. 2016). Es el tercer cereal más importante del mundo en términos de áreas cultivadas, producción y rendimiento, después del trigo (*Triticum aestivum* L.) y el arroz (*Oryza sativa* L.). Contribuye con el 50 % de la producción mundial de alimentos en humanos, ya sea en fresco o en procesos industriales (Mousavi & al. 2019). Es una fuente importante de carbohidratos, proteínas, hierro, vitamina B y minerales (Apraku & Akinwale 2011). También es utilizado como planta modelo para explicar los procesos de evolución, domesticación y heterosis. El maíz se cultiva en una amplia gama de ambientes, y sus variedades se diferencian por su rango de variación ambiental, condicionado principalmente por su tiempo de floración, tolerancia al estrés biótico y resistencia a las enfermedades (Romay & al. 2013).

Los programas de mejoramiento genético del maíz se han enfocado en incrementar el rendimiento y calidad del grano, así como la resistencia al estrés biótico y abiótico (Reyes-Méndez & al. 2017). Para ello, es necesario identificar genotipos que presenten altos rendimientos y un comportamiento estable a través de ambientes contrastantes (Mercer & Perales 2019). El ambiente (A), el genotipo (G) y la interacción de estos (G × A) son responsables de las variaciones de los caracteres cualitativos del grano, como el color, la textura, la composición química, así como caracteres cuantitativos asociados al rendimiento (Branković & al. 2018, Das & al. 2019).

En ambientes heterogéneos es difícil lograr la adaptación exitosa de un cultivar, debido a los efectos de la interacción G × A. Para solucionar este problema, la investigación experimental debe llevarse a cabo en múltiples ambientes para identificar los cultivares mejores adaptados y analizar los

principales factores responsables de la adaptación del genotipo (Delacy & *al.* 1996). En estos experimentos, la influencia del ambiente se adjunta básicamente a la expresión de características complejas y revela una alta influencia del mismo. Como resultado existen cambios en el comportamiento relativo del genotipo en diferentes ambientes. Este fenómeno es el llamado interacción $G \times A$, que se produce debido a la respuesta diferencial de los genotipos a un amplio rango de ambientes (Kang 2004). Existen básicamente dos enfoques de esta interacción que llevan a estrategias de acción diferentes. En el tradicional o descriptivo, es considerada una fuente de error que afecta el proceso de selección. Un segundo enfoque es el alternativo o funcional, donde se le considera como una fuente de información que puede ser utilizada a favor del mejorador durante el proceso de selección (Yan & *al.* 2000).

La interacción $G \times A$ es uno de los componentes centrales de la adaptación de las especies a los ambientes en los que se desarrollan. Desde un punto de vista estadístico, se define como una falta de paralelismo en la respuesta de los genotipos y, por lo tanto, puede tener un componente dado por una mera heterogeneidad de las varianzas genéticas en los distintos ambientes, y otro dado por un cambio en el ranking de los genotipos. Este último componente es el más importante desde el punto de vista genético y agronómico (Abadie & Ceretta 2001). El trabajo de Comstock & Moll (1963) representa el principal marco conceptual para este tema, sobre el cual se han basado los desarrollos teóricos posteriores.

Los estudios de interacción $G \times A$ han sido utilizados para identificar variedades con altos rendimientos para un ambiente dado, determinar los sitios que mejor representen a ese ambiente y estimar la estabilidad de los genotipos. Además, permiten la clasificación de estos últimos por su comportamiento en dos situaciones diferentes, ya sea estable o adaptado a un entorno particular en términos de su rendimiento, o en alguna otra característica agronómica de interés (Bernardo & *al.* 2018). Este criterio de clasificación es fundamental para la micro y macro-regionalización de las variedades (Bocianowski & *al.* 2019).

Existen diferentes metodologías que explican la interacción $G \times A$ desde una perspectiva multivariada con la técnica de componentes principales. Los más utilizados son el modelo de Efectos Aditivos e Interacción Multiplicativa (AMMI) (Zobel & *al.* 1988, Bocianowski & *al.* 2019), el análisis de Regresión en los Sitios (SREG), también llamado GGE (Genotipo-Genotipo × Ambiente) (Yan & *al.* 2007), y el análisis de Regresión en los Genotipos (GREG) o EGE (Ambiente-Genotipo × Ambiente) (Cornelius & *al.* 1996). El GGE biplot es una herramienta de visualización de datos que muestra la interacción en una gráfica de dos vías y es eficaz para el análisis de mega-ambientes; por ejemplo, el patrón “quién (qué genotipo)-ganó-dónde (en qué localidad)”, la evaluación de genotipos (desde el punto de vista de estabilidad y rendimiento) y la evaluación de ambientes (poder discriminante) (Frutos & *al.* 2014). El modelo complementario a la SREG es el denominado Regresión en Genotipos o EGE biplot, basados en la descomposición de la

matriz que contiene los residuos debido al efecto principal del ambiente y su interacción, y se emplea para profundizar en la determinación de los mega-ambientes (Cornelius & *al.* 1996).

De la determinación conjunta de las combinaciones de mecanismos de respuesta y de las variables ambientales que contribuyen mayormente a la interacción, se pueden recomendar los genotipos que sirvan de fuentes genéticas para la mejora de la adaptabilidad y los denominados “mega-ambientes” o grupo de localidades; en las cuales un mismo grupo de variedades muestra un comportamiento relativo estable a través de los años. Cada variedad muestra un patrón específico estable en el tiempo para cada mega-ambiente y su rango de mérito viene dado principalmente por su estabilidad ante los ambientes de pruebas locales. El éxito del mejoramiento depende de cuánto entendamos los efectos de la interacción $G \times A$ y cuán repetibles y predecibles sean (Katsenios & *al.* 2021). A partir de los antecedentes anteriores, el objetivo de esta revisión es explicar las aplicaciones de los métodos de interacción $G \times A$ en el maíz.

HISTORIA

Para el análisis de interacción $G \times A$ se han usado diferentes métodos: uni- y multivariados, paramétricos y no paramétricos, basados en modelos lineales fijos y aleatorios, modelos de regresión, modelos de Análisis de Componentes Principales (ACP), modelos mixtos y del tipo lineal-bilineal (Albert 2004). Una evaluación integral de la interacción $G \times A$ requiere métodos estadísticos más avanzados para ser aplicados que el análisis de varianza estándar (ANOVA). El ANOVA permite la evaluación de las componentes de varianzas basadas en diferentes factores (genotipo, ambiente e interacción $G \times A$) y requiere del cumplimiento de la premisa de homocedasticidad para su aplicación; sin embargo, este método es insuficiente porque asume homogeneidad en los diferentes ambientes y no tiene en cuenta los términos no aditivos (Mitrović & *al.* 2012).

Los primeros métodos estadísticos para analizar la interacción a partir de ensayos replicados en ambientes estaban basados en la regresión lineal simple del comportamiento individual sobre las medias ambientales. El resultado era una línea para cada genotipo estudiado, y la heterogeneidad de estas permitía su clasificación (Eberhart & Russell 1966). Estos análisis tienen varias limitaciones y críticas, tanto desde el punto de vista biológico como estadístico. El principal problema biológico aparece cuando solo se incluyen en el análisis unos pocos ambientes de muy bajo y muy alto rendimiento, y el ajuste está determinado por el comportamiento del genotipo en unos pocos ambientes extremos. El principal problema estadístico es que el promedio de todos los genotipos evaluados en cada ambiente no es independiente de la media de cada genotipo en un ambiente particular. Otra limitación estadística es que los errores asociados con las pendientes de los genotipos no son estadísticamente independientes. El último problema es el supuesto de una relación lineal entre la interacción y las medias ambientales, cuando en realidad las respuestas de los genotipos a los entornos son intrínsecamente multivariadas

(Crossa 1990). Si bien estos métodos explican la presencia de la interacción, no permiten descomponer su elevada contribución al genotipo (Gauch 2006).

Con el desarrollo de las nuevas tecnologías de la computación se han podido desarrollar métodos más avanzados, como los métodos multivariados y los modelos lineales-bilineales. La aparición de estos últimos, así denominados porque su modelo tiene componentes, aditivo (lineal) y multiplicativo (bilineal), asociados a la interacción $G \times A$, representó un gran avance para estos fines. Estos modelos constituyen la versión multivariada de los procedimientos con interacción multiplicativa (Branković & al. 2018).

MODELO DE EFECTOS ADITIVOS PRINCIPALES E INTERACCIÓN MULTIPLICATIVA

Uno de los métodos más utilizados para analizar la interacción $G \times A$ es el modelo AMMI, el cual ha sido empleado con el objetivo de clasificar genotipos en estables o inestables, a partir de su interacción con el ambiente, y para agrupar ambientes de pruebas en ensayos con variedades (Zobel & al. 1988, Bocianowski & al. 2019). En este modelo se combina el Análisis de Varianzas basado en el modelo de dos vías de efectos fijos, para la estimación de los parámetros de interacción $G \times A$. Para ello, se utiliza el procedimiento de los Mínimos Cuadrados, combinado con un ACP, efectuado sobre la base de las matrices obtenidas de la descomposición en valores singulares de la matriz de datos originales, según varios modelos (Frutos & al. 2014).

Este método ha mostrado ser efectivo debido a que captura una gran parte de la suma de cuadrados de la interacción genotipo-ambiente, separa claramente los efectos principales y la interacción que presentan las investigaciones agrícolas, y el modelo provee una interpretación agrónomicamente significativa de los datos (Ebdon & Gauch 2002). Además, desglosa la interacción en sus componentes separados para cada ambiente y tiene la ventaja de ocupar un número mínimo de repeticiones en el experimento; lo que permite reducir los costos en los ensayos e incluir un número importante de tratamientos (Crossa 1990). También, Kandus & al. (2010) plantearon que el AMMI comprime las interacciones en componentes principales en dependencia de la cantidad de interacciones que son significativas.

El modelo AMMI cuenta con dos biplot alternativos de fácil interpretación: un gráfico con el rendimiento y el primer componente principal (CP1) y otro de las dos primeras componentes principales (CP1 y CP2). Ambos gráficos se han utilizado para estimar la variable respuesta de los genotipos, ambientes y de la interacción $G \times A$, que se dimensionan en cada biplot. Según Crossa (1990), este modelo es el más adecuado para analizar dicha interacción. El método explica la interacción asociada a un ANOVA bifactorial a partir de una representación biplot de filas (genotipos) y columnas (ambientes) que permiten la observación, en el mismo gráfico, de los genotipos (puntos) y los entornos (vectores); y la exploración de patrones atribuibles a los efectos de la interacción $G \times A$ (Gabriel 1971).

Además, permiten seleccionar los genotipos más estables para cada ambiente, así como el ambiente ideal donde el genotipo puede expresar su máximo rendimiento (Gauch 2013).

No obstante, a pesar de todas las ventajas mencionadas, este método tiene como deficiencia la falta de identificación de genotipos superiores o ambientes adecuados. Esta deficiencia puede explicarse al incorporar el análisis de GGE biplot.

ANÁLISIS DE REGRESIÓN DE LOS SITIOS Y ANÁLISIS DE REGRESIÓN DE GENOTIPOS

El SREG (Cornelius & al. 1996, Crossa & Cornelius 2002), también llamado GGE, es un modelo lineal-bilineal que elimina el efecto del ambiente y expresa la respuesta solo en función del efecto de los genotipos y la interacción $G \times A$. Este modelo se recomienda cuando los ambientes son las principales fuentes de variación en relación con las contribuciones de los genotipos y la interacción $G \times A$, respecto a la variabilidad total. Además, a diferencia del modelo AMMI, esta técnica permite la detección de interacciones $G \times A$ en términos del efecto de cruces resultantes de grandes cambios en la clasificación de los genotipos en los ambientes (Yan & al. 2000).

Este método puede representarse mediante el uso de gráficos GGE biplot que consideran los dos primeros componentes principales. El CP1 representa la proporción del rendimiento que se debe solo a las características del genotipo, mientras que el CP2 representa la parte del rendimiento debido a la interacción $G \times A$ (Yan & Tinker 2006). Los autores emplearon el modelo AMMI y el GGE biplot para evaluar los genotipos dentro de los mega-ambientes. Finalmente demostraron la complementariedad de ambos modelos y resaltaron el papel de GGE en el análisis de los mega-ambientes y la evaluación del genotipo. Yan & al. (2000) afirmaron que el GGE biplot es una herramienta visual más eficaz en el análisis de mega-ambientes, ya que es capaz de capturar una mayor cantidad de $G + G \times A$ que el biplot del AMMI. Además, Ebdon & Gauch (2002) plantearon que la clasificación de los mega-ambientes basada en el modelo AMMI era prácticamente la misma que la basada en el GGE biplot.

El modelo complementario al anterior es el denominado Regresión en Genotipos o EGE biplot. Este análisis permite la determinación de mega-ambientes donde el rendimiento de ciertos genotipos es similar a lo largo de los años (Gauch & Zobel 1997). En cada mega-ambiente, los efectos de la ubicación del genotipo en las interacciones son limitadas o insignificantes. La comprensión e identificación del mega-ambiente resulta en un aumento de heredabilidad dentro de ambientes relativamente bien definidos y predecibles (Yan & Hunt 2002).

APLICACIÓN DE LOS MÉTODOS DE ANÁLISIS DE INTERACCIÓN $G \times A$ EN EL MAÍZ

En diferentes estudios realizados en el cultivo del maíz, el modelo AMMI ha evidenciado su capacidad para el análisis de la estabilidad, la adaptación y la interacción $G \times A$. En la India, Kumar & Singh (2015) determinaron la estabilidad y

adaptabilidad de 33 genotipos de maíz en cuatro ambientes con el empleo del modelo AMMI. Este análisis les permitió clasificar los ambientes, así como identificar genotipos adaptados a ambientes específicos. Vargas & *al.* (2016) estimaron la estabilidad del rendimiento y otras características agronómicas de nueve híbridos de maíz de alto valor proteico, evaluados en las principales zonas agroecológicas productoras de maíz en Colombia. Los resultados de estos autores demostraron que el modelo AMMI presenta el mejor ajuste en el análisis de comportamiento de los genotipos evaluados a través de ambientes, ya que permite hacer una clasificación por ambientes e identificar los genotipos de mejor comportamiento en un ambiente determinado. En Serbia, Branković & *al.* (2018) estimaron la interacción G × A de 36 híbridos de maíz en ocho localidades, durante tres años. Estos investigadores emplearon el modelo AMMI con el objetivo de recomendar aquellos híbridos que presentaran una alta estabilidad y un rendimiento potencial en diferentes ambientes, así como una alta adaptabilidad en un ambiente particular.

Otros autores, como López & *al.* (2019), determinaron la estabilidad y la interacción G × A del rendimiento de 25 híbridos de maíz amarillo duro evaluados en cinco localidades de Perú en el período 2014-2015, e identificaron los genotipos con mayor rendimiento del grano y a la vez el ambiente donde los genotipos fueron más estables. En Polonia, Bocianowski & *al.* (2019) estudiaron el rendimiento del grano de híbridos de maíz a partir del modelo AMMI. Este modelo reveló que tanto los efectos del ambiente, el genotipo y la interacción G × A fueron significativos para el carácter en cuestión. En Etiopía, Abate (2020) evaluó la estabilidad y adaptabilidad de genotipos del maíz con polinización abierta en caracteres del rendimiento, y corroboró la influencia del ambiente en los genotipos para dichos caracteres. Katsenios & *al.* (2021) investigaron cómo influye la interacción G × A en el rendimiento de cuatro híbridos de maíz en Grecia. A partir de los resultados del análisis dividieron la región en mega-ambientes y seleccionaron los genotipos más adecuados para cada ambiente. En Irán, Shojaei & *al.* (2021) investigaron la estabilidad y adaptabilidad de 12 híbridos de maíz durante dos años y obtuvieron una interacción G × A significativa, se determinaron los genotipos más estables, así como el ambiente óptimo para los genotipos.

Otra metodología ampliamente utilizada para analizar la interacción G × A ha sido el GGE biplot, el cual permite determinar el genotipo de mejor rendimiento y más estable en un ambiente determinado, el ambiente más adecuado para cada genotipo y los mega-ambientes (Mousavi & *al.* 2019). Este gráfico ha demostrado una gran efectividad para describir dicha interacción en poblaciones de maíz nativo. En México, Martínez & *al.* (2016) la determinaron en ambientes contrastantes por sequía intraestival con el empleo del modelo SREG y seleccionaron poblaciones en función de la estabilidad del rendimiento a partir del gráfico GGE biplot.

Haruna & *al.* (2017) emplearon la técnica de GGE biplot, analizaron la estabilidad y la adaptabilidad de híbridos del

maíz en Ghana, así como el rendimiento del grano. Estos investigadores determinaron la representatividad y la capacidad de discriminación de los ambientes, pruebas que se encuentran en diferentes zonas agroecológicas, y que se utilizan para la evaluación de híbridos, e identificaron los sitios de prueba para la selección de híbridos superiores de maíz. Ochoa & *al.* (2019) estimaron los efectos de interacción G × A en el rendimiento de 27 genotipos de maíz y su grado de estabilidad en diferentes condiciones agroecológicas en México. En Hungría, Mousavi & *al.* (2019) evaluaron el efecto de esta interacción para caracteres del rendimiento en genotipos con diferentes niveles de fertilizantes.

La complementariedad del modelo AMMI y del análisis del GGE biplot fue demostrada por Wolde & *al.* (2018). Estos autores, con el empleo de ambas técnicas, evaluaron pruebas ambientales en términos de habilidad discriminativa y representatividad en Etiopía. A partir del modelo AMMI, seleccionaron los genotipos más estables y mejor adaptados, y con el gráfico GGE biplot investigaron la presencia de mega-ambientes y las variedades que presentaron características óptimas en cada uno de los ambientes seleccionados.

CONSIDERACIONES FINALES

El análisis de la interacción G × A representa una herramienta capaz de integrar conocimientos en distintas disciplinas como la bioestadística, la fisiología vegetal y la genética molecular. Los estudios sobre adaptabilidad y estabilidad con el empleo de los gráficos biplot corroboran la eficiencia de los análisis para recomendar genotipos y ambientes favorables. Esto ha permitido estrategias más audaces y eficientes en el mejoramiento genético y en la utilización de los recursos fitogenéticos en los bancos de germoplasma. Para Cuba se recomiendan realizar estudios basados en los tres modelos, lo cual permitirá en gran medida la obtención de una información más completa sobre la estabilidad de los genotipos y a la vez los ambientes más favorables donde se puedan desarrollar.

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

E. Bandera concibió la idea original, realizó la búsqueda y recopilación de la bibliografía, procesó y sintetizó la información y redactó el manuscrito.

CUMPLIMIENTO DE NORMAS ÉTICAS

Conflicto de intereses: La autora declara que no existe conflicto de intereses.

Consentimiento para la publicación: La autora ha dado su consentimiento para publicar este trabajo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abadie, T. & Ceretta, D. 2001. Entendiendo la Interacción Genotipo × ambiente: avances y desafíos. Pp. 1-2. En: Interacción Genotipo × ambiente. Avances y aplicaciones para el desarrollo de la Genética Vegetal. Coloquio INIA Las Brujas, Uruguay (10 de septiembre).

Abate, M. 2020. Genotype by environment interaction and yield stability analysis of open pollinated maize varieties using AMMI model in Afar Regional State, Ethiopia. *J. Plant Breed. Crop Sci.* 12(1): 8-15. <https://doi.10.5897/JPBCS2019.0839>

- Albert, M. 2004. Comparison of Statistical Methods to describe G × E interaction and yield stability in multi-location maize trials. M.Sc. Thesis. University of the Free State, South Africa.
- Apraku, B. & Akinwale, R. 2011. Identification of early-maturing maize inbred lines based on multiple traits under drought and low N environments for hybrid development and population improvement. *Canad. J. Pl. Sci.* (91): 931-942. <https://doi.org/10.4141/cjps2010-021>
- Bernardo, L., da Silva, C., de Oliveira, L., Nuvunga, J., Pires, L., Von Pinho, R. & Balestre, M. 2018. AMMI Bayesian Models to Study Stability and Adaptability in Maize. *Agron. J.* 110(5): 1765-1776. <https://doi.org/10.2134/agronj2017.11.0668>
- Bocianowski, J., Nowosad, K. & Tomkowiak, A. 2019. Genotype-environment interaction for seed yield of maize hybrids and lines using the AMMI model. *Maydica* 64(2): M13.
- Branković, D., Babić, V., Girek, Z., Živanović, T., Radojčić, A., Filipović, M. & Srdić, J. 2018. Evaluation of maize grain yield and yield stability by AMMI analysis. *Genetika* 50(3): 1067-1080. <https://doi.org/10.2298/GENSR1803067B>
- Comstock, E. & Moll, H. 1963. Genotype-environment interactions. Pp. 164-196. En: Hanson, W.D. & Robinson, H.F. (Eds.). *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC The National Academies Press. Washington D.C., USA. <https://doi.org/10.17226/20264>
- Cornelius, P., Crossa, J. & Seyedsadr, M. 1996. Statistical tests and estimators of multiplicative models for cultivar trials. Pp. 199-234. En: Kang, M.S. & Gauch Jr., H.G. (Eds.). *Genotype-by-Environment Interaction*. CRC Press. Boca Raton, Florida, USA. <https://doi.org/10.1201/9781420049374.ch8>
- Crossa, J. & Cornelius, P. 2002. Linear-Bilinear Models for the Analysis of Genotype-Environment Interaction. Pp. 305-363. En: Kang, M.S. (Ed.). *Quantitative Genetic, Genomics and Plant Breeding*. Cap. 20. CAB International Publications. <https://doi.org/10.1079/9780851996011.0305>
- Crossa, J. 1990. Statistical analysis of multilocation trials. *Adv. Agron.* 44: 55-85. [https://doi.org/10.1016/s0065-2113\(08\)60818-4](https://doi.org/10.1016/s0065-2113(08)60818-4)
- Das, A., Muthusamy, V., Zunjare, R., Chauhan, H., Sharma, P., Bhat, J., Guleria, S., Saha, S. & Hossain, F. 2019. Genetic variability-, genotype × environment interactions- and combining ability-analyses of kernel tocopherols among maize genotypes possessing novel allele of γ-tocopherol methyl transferase (ZmVTE4). *J. Cereal Sci.* 86: 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2018.12.018>
- Delacy, I., Cooper, M. & Basford, K. 1996. Relationships among analytical methods used to study genotype-by-environment interactions and evaluation of their impact on response to selection. Pp. 51-84. En: Kang, M.S. & Gauch Jr., H.G. (Eds.). *Genotype-by-Environment Interaction*. CRC Press. Boca Raton, Florida, USA. <https://doi.org/10.1201/9781420049374.ch3>
- Ebdon, J. & Gauch, H. 2002. Additive Main Effect and Multiplicative Interaction Analysis of National Turfgrass Performance Trials. I. Interpretation of Genotype × Environment Interaction. *Crop Sci.* 42: 489-496. <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.4890>
- Eberhart, S. & Russel, W. 1966. Stability parameters for comparing the varieties. *Crop Sci.* 6: 36-40. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>
- Frutos, E., Galindo, P. & Leiva, V. 2014. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. *Stoch. Environ. Res. Risk Assess.* 28(7): 1629-1641. <https://doi.org/10.1007/s00477-013-0821-z>
- Gabriel, K. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58(3): 453-467. <https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.453>
- Gauch, H. 2006. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. *Crop. Sci.* 46(4): 1488-1500. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.07-0193>
- Gauch, H. 2013. A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. *Crop Sci.* 53(5): 1860-1869. <https://doi.org/10.2135/cropsci2013.04.0241>
- Gauch, H. & Zobel, R. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci.* 37(2): 311-326. <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700020002x>
- Haruna A., Adu, B., Buah, S., Kanton, R., Kudzo, A., Seidu, M. & Kwadwo, A. 2017. Analysis of Genotype by Environment Interaction for Grain Yield of Intermediate maturing Drought Tolerant Top-cross Maize Hybrids under rain-fed conditions. *Cogent Food & Agriculture* 3(1): 1-13. <https://doi.org/10.1080/23311932.2017.1333243>
- Judd, W.S., Campbell, C.S., Kellogg, E.A., Stevens, P.F. & Donoghue, M.J. 2016. *Plant Systematics. A Phylogenetic Approach*. 4th Edition. Sinauer Associates, Inc. USA.
- Kandus, M., Almorza, D., Boggio, R. & Salerno, J. 2010. Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). *Phyton (Buenos Aires)* 79: 39-46. <https://doi.org/10.32604/phyton.2010.79.039>
- Kang, M. 2004. Breeding: Genotype-by-environment interaction. Pp. 218-221. En: Goodman, R.M. (Ed.). *Encyclopedia of Plant and Crop Science*. Marcel-Dekker. New York, USA. <https://doi.org/10.1081/E-EPCS-120010525>
- Katsenios, N., Sparangis, P., Leonidakis, D., Katsaros, G., Kakabouki, I., Vlachakis, D. & Efthimiadou, A. 2021. Effect of Genotype × Environment Interaction on Yield of Maize Hybrids in Greece using AMMI analysis. *Agronomy* 11(3): 479. <https://doi.org/10.3390/agronomy11030479>
- Kumar, P. & Singh, N. 2015. Determining behaviour of maize genotypes and growing environments using AMMI statistics. *SAARC J. Agri.* 13(1): 162-173. <https://doi.org/10.3329/sja.v13i1.24189>
- López, F., Chura, J. & García, G. 2019. Interacción genotipo por ambiente del rendimiento de maíz amarillo en híbridos trilineales, Perú. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 10(4): 859-872. <https://doi.org/10.29312/remexca.v10i4.1696>
- Martínez, J., Espinosa, N. & Villegas, Y. 2016. Interacción genotipo-ambiente en poblaciones de maíz nativo de Chiapas. *Revista Mexicana de Agroecosistemas* 3(1): 38-48.
- Mercer, K. & Perales, H. 2019. Structure of local adaptation across the landscape: flowering time and fitness in Mexican maize (*Zea mays* L. subsp. *mays*) landraces. *Genet. Resour. Crop Evol.* 66: 27-45. <https://doi.org/10.1007/s10722-018-0693-7>
- Mitrović, B., Dušan, S., Sanja, T., Milisav, S., Mile, I., Goran, B., & Miloš, R. 2012. Evaluation of experimental maize hybrids tested in multi-location trials using AMMI and GGE biplot analyses. *Turkish J. of Field Crops* 17(1): 35-40.
- Mousavi, S.M.N., Kith, N. & Nagy, J. 2019. Effect of interaction between traits of different genotype maize in six-fertilizer level by GGE biplot analysis in Hungary. *Progress in Agricultural Engineering Sciences* 15(1): 23-35. <https://doi.org/10.1556/446.15.2019.1.2>
- Ochoa, I., Preciado, R. & Bayuelo, J. 2019. Interacción genotipo × ambiente y estabilidad en rendimiento de variedades de maíz en condiciones contrastantes de fósforo. *Agrociencia* 53(3): 337-353.

- Reyes-Méndez, C., Cantú-Almaguer, M., Gill-Langarica, H., García-Olivares, J. & Mayek, N. 2017. Interacción genotipo × ambiente en maíz cultivado en Tamaulipas, México. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 8(3): 571-582. <https://doi.org/10.29312/remexca.v8i3.32>
- Romay, M., Millard, M., Glaubitz, J., Peiffer, J., Swarts, K., Casstevens, T., Elshire, R., Acharya, C., Mitchell, S., Flint-García, S., McMullen, M., Holland, J., Buckler, E. & Gardner, C. 2013. Comprehensive genotyping of the USA national maize inbred seed bank. *Genome Biol.* 14: R55. <https://doi.org/10.1186/gb-2013-14-6-r55>
- Shojaei, S., Mostafavi, K., Omrani, A., Omrani, S., Nasir, S., Illés, A., Bojtor, C. & Nagy, J. 2021. Yield Stability Analysis of Maize (*Zea mays* L.) Hybrids Using Parametric and AMMI Methods. *Scientifica* 2021: 5576691. <https://doi.org/10.1155/2021/5576691>
- Vargas, E., Vargas, J. & Baena, D. 2016. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de híbridos de maíz de alta calidad proteica en diferentes zonas Agroecológicas de Colombia. *Acta Agron.* 65(1): 72-79. <https://doi.org/10.15446/acag.v65n1.43417>
- Wolde, L., Keno, T., Tadesse, B., Bogale, G., Wold, A. & Abebe, B. 2018. Mega-Environment Targeting of Maize Varieties using Ammi and GGE Bi-Plot Analysis in Ethiopia. *Ethiop. J. Agric. Sci.* 28(2): 65-84. <https://repository.cimmyt.org/bitstream/handle/10883/19947/60087.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Yan, W. & Hunt, L. 2002. Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci.* 42: 21-30. <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.2100a>
- Yan, W., Hunt, L., Sheng, Q. & Szlavnic, Z. 2000. Cultivar evaluation and mega- environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40(3): 597-605. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>
- Yan, W., Kang, M., Ma, B., Woods, S. & Cornelius, P. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47(2): 596-605. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>
- Yan, W. & Tinker, A. 2006. Biplot analysis of multienvironment trial data: Principles and applications. *Canad. J. Pl. Sci.* 86: 623-645. <https://doi.org/10.4141/P05-169>
- Zobel, R., Wright, M. & Gauch, H. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393. <https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x>