

ANÁLISIS CLUSTER EN HÍBRIDOS Y SINTÉTICOS DE MAÍZ DE TEMPORAL EN VERACRUZ, MÉXICO¹

Guillermo Castañón², Hugo Tosquy², Rafael Arano³, Bernardo Raygoza³

RESUMEN

Análisis cluster en híbridos y sintéticos de maíz de temporal en Veracruz, México. Se analizó la información de un ensayo de maíz (32 híbridos simples, 12 híbridos triples y un híbrido doble) repetido en cuatro localidades mediante la metodología multivariada de cluster (Average linkage) Y componentes principales. Ambos métodos mostraron ser complementarios en sus resultados e hicieron prácticamente la misma clasificación de los genotipos evaluados. La tendencia general de agrupamiento entre el germoplasma evaluado fue por la similitud en las características fenotípicas medidas. El menor grado de asociación fue el parentesco del material evaluado, esto se basa en que los tres híbridos superiores se relacionan entre sí por su progenitor (H-513) o una de las líneas parentales de éste. Los mejores tres híbridos (ITC-17 x POB43 C6 HC232-2#-1-2, AC8149-2-1-1-3 x H-513, H-513 x POOL23 TSR40-2-3-2) superaron en rendimiento al promedio general del experimento (5595 kg/ha), poco más precoces (Días a floración masculina y días a floración femenina) que el promedio, pero de similar altura de planta y mazorca. Los híbridos 2 (T-37 x (LRB-14 x 0-539), 28 (D-471 x V-524-72-1) y 36 (POB INT DENT 5-1-1-2-HC1 x POB 43 C6 HC232-2#-1-2) de más bajo rendimiento se caracterizaron también por ser muy bajos o altos en altura de planta y/o mazorca, principalmente.

ABSTRACT

Cluster analysis in tropical maize hybrids and synthetics in Vera cruz, Mexico. Information from a maize trial (32 single hybrids, 12 triple hybrids, and one double hybrid) repeated in four locations was analyzed using multivariate cluster analysis (average linkage) and principal components analysis. Results proved that the methods are complementary, and result in basically the same classification of the evaluated genotypes. The clustering general tendency between the germ plasm under evaluation was due to the similarity of the phenotypical traits measured. The lowest degree of association was due to the relationship of the material studied, because the three superior hybrids had a common parent (H-513), or one parentalline from it. The three best hybrids (TTC-17 x POB43 C6 HC232-2#-1-2, AC8149-2-1-1-3 x H-513, H-513 x POOL23 TSR40-2-3-2) had a higher yield than the experiment's general average (5595 kg/ha), and were al so a little earlier (male flowering days and female flowering days) than average, but had a similar plant and ear height. Plants and ears of hybrids 2 of lower yield (T-37 x (LRB-14 x 0-539), 28 (D-471 x V-524-72-1) y 36 (POB INT DENT 5-1-1-2-HC1 x POB 43 C6 HC232-2#-1-2), were al so characterized as being too high or too short.



INTRODUCCIÓN

En los programas de mejoramiento genético es frecuente establecer de ensayos repetidos en el espacio (ambientes o localidades) o tiempo (años). En la literatura se puede encontrar diferentes métodos o modelos con los que se mide la adaptación de los genotipos en los ambientes de evaluación (BASFORD, *et al.* 1991). Sin embargo, la mayoría de esas metodologías basan su se-

lección por lo general en sólo una característica, es decir son métodos univariados.

En diferentes especies vegetales la taxonomía (sorgo, trigo, cebada, okra, etc) numérica se ha usado como herramienta para la identificación de las respuestas de los genotipos y ambientes a ciertas características medidas (Ghaderi *et al.*, 1980).

¹ Presentado en la XLIII Reunión Anual del PCCMCA, Panamá, 1997.

² Programa de maíz y programa de arroz. Campo Experimental Cotaxtla. INIFAP. Km. 34,5. Carro Veracruz-Córdoba. Apdo. Postal 429, Veracruz, Ver. México. CP 91700.

³ Profesores, CBTA 36, Ignacio de la Llave, Ver. México.

En maíz diferentes métodos de taxonomía numérica se han aplicado para estudiar caracteres morfológicos, fisiológicos y bioquímicos (Lauradó y Moreno González, 1993; Smith, 1984; Ortega y Sánchez, 1989).

En otros trabajos se ha indicado (Yau *et al.*, 1989; Lin *et al.*, 1986) que mediante el análisis cluster también puede estimarse la estabilidad del rendimiento de grano en diferentes especies, Johnson (1977) indica que el cluster da información completa sobre similaridad pero no de estabilidad. Por otro lado, Rincón-Sánchez (1996) señala que con el cluster se definen grupos de individuos con características similares y grupos con características diferentes. Por su parte, Cornelius *et al.* (1993) señalan que la técnica cluster puede ser usada por los mejoradores de plantas en el proceso de selección y/o en la prueba e identificación de los genotipos superiores.

En esta investigación se aplicó la metodología cluster con los objetivos que a continuación se describen.

- 1- Ver el patrón de agrupamiento del germoplasma dado por el cluster.
- 2- Determinar la posible relación entre el origen de los genotipos con base en el agrupamiento.
- 3- Definir cuáles son los mejores genotipos según los clusters.

MATERIALES Y MÉTODOS

En 1994-B se estableció un ensayo de maíz repetido en cuatro ambientes, el diseño usado fue un látice simple 7x7 con dos repeticiones. El material biológico (Cuadro 1) evaluado fue de 49 genotipos que se diferenciaron como sigue: 32 híbridos simples, 12 híbridos triples, un híbrido doble. Los testigos fueron: H-513 (híbrido simple), H-512 (híbrido doble), W-3001 (híbrido triple modificado) y VS-536 (variedad sintética).

La parcela experimental por tratamiento fue un surco de 6,0 m de largo, 0,80 m el ancho entre surcos y la distancia entre plantas de 0,40 m. Se depositaron tres semillas por golpe, doce días después de germinación se raleó a una planta por mata, por lo que se tuvo una densidad de 62,5 mil plantas/hectárea.

Los ambientes de prueba fueron: Campo Experimental Cotaxtla (CECOT), Centro de Bachillerato Tecnológico Agropecuario (CBTA 36), Campo Auxiliar Jáltipan (CAI) y Campo Experimental Huimanguillo (CEH).

Se cuantificaron las variables floración masculina en días (DFM), floración femenina en días (DFF),

Cuadro 1. Genealogía de los híbridos experimentales evaluados en cuatro ambientes del estado de Veracruz, México. 1994 B.

Línea	Genealogía
	T-37 X H-513
2	T-37 X (LRB-14 X D-539)
3	POB 43-113-1 X POB 32 C4 HC-20-3-2-2-1-1
4	POB 43-113-1 X POB 43 C6 HC-232-2#-1-2
5	POB 43-113-1 X (LRB-14 X D-539)
6	TTC-17 X POB43 C6 HC232-2#-1-2
7	POB 43 C6 HC-232-2#-1-2 X POB 22 TSR-S2-21-2#-1-1-5#
8	POOL 23 TSR40-2-3-2 X POB 32 C4 HC20 -3-2-2-1-1
9	STD243-1-1-1-1X (LRB-14 X D-539)
10	TTC-206-2-1-1- X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
11	TTC-206-2-1-1- X POB 43 C6 HC232-2#-1-2
12	AC7421-46-2-1-2 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
13	A AC7929-38-3-2-1 X POOL 23 TSR -40-2-3-2
14	AC7522-24-1-1-1-1-2 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
15	STD C2 HC43 -1-1-1-2-2 X POB43 C6 HC232-2#-1-2
16	AC7843-27-1-1-1-1-1 X POB 46 C6 HC232-2#-1-2
17	POB 22 TSR-S2-21-2#-1-1-1 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
18	POB 22 TSR-S2-21#-2#-1-1-2# X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
19	POB 20 TSR20-2-2-3-2-1 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
20	POB 20 TSR20-2-2-3-2-1 X POB 43 C6 HC232-2#-1-2
21	POB 22 TSR -S2-21-2#-1-1-3 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
22	STD C2 HC43-1-1-1-2-1 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
23	STD C2 HC43-1-1-1-2-1 X POB 43 C6 HC232-2#-1-2
24	AC8149-2-1-1-3 X H-513
25	POB 24 MH97 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
26	POB24 MH97 X H-513
27	D-471 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
28	D-471 X V-524-72-1
29	D-471 X H-513
30	TTC-63 X STD 243-1-1-1-1
31	TTC-63 X POB 22 TSR-S2-21-2#-1-1-5#
32	TTC-63 X POB 22 TSR-S2-21-2#-1-1-5#
33	AC8139-5-1-2-1 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
34	AC8139-5-1-2-1 X H-513
35	AC8223-4-2-1-2 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
36	POB INT DENT 5-1-1-2-HC1 X POB 43 C6 HC232-2#-1-2
37	POB 22 TSR-S2-21-2#-1-1-5# X IG-SRR-14
38	POB 22 TSR-S2-21-2#-1-1-5# X V-524-72-1
39	AC8223-4-1-1-1 X POB 32 C4 HC20-3-2-2-1-1
40	H-513 X POOL 23 TSR40-2-3-2
41	H-513 X STD 243-1-1-1-1
42	(LRB-14 X D-539) X POOL 23 TSR40-2-3-2
43	(LRB-14 X D-539) X STD243-1-1-1-1
44	(LRB-14 X D-539) X H-513
45	(LE-37 X LE-36) X D-471
46	H-513
47	H-512
48	VS-536
49	W-3001

altura de planta en cm (AP), altura de mazorca en cm (AM) y el rendimiento de grano (RG) por parcela se ajustó al 14% de humedad y por plantas faltantes con la fórmula de Iowa. Hecho lo anterior se expresó en kg/ha.

Las medias por tratamiento y ambientes de cada variable se arreglaron en una matriz del orden 49x5, donde las hileras fueron los tratamientos o híbridos y las columnas los cinco caracteres.

Para el análisis de la información se aplicó el PROC PRINCOMP con el fin de estandarizar la información a media cero y varianza uno. Posteriormente se corrió el PROC CLUSTER método average linkage y PROC TREE. Para aplicar ambos métodos se usó el sistema para análisis estadístico (SAS) versión 6,04.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Del análisis de componentes principales se encontró (Cuadro 2) que PRIN1 y PRIN2 explicaron el 85% de la variación total, la cual es bastante aceptable y suficiente para hacer inferencias sobre el comportamiento del material evaluado sobre la base de los dos primeros componentes. Con relación a los vectores propios (Cuadro 3), en PRIN1 a excepción de RG, el mos-

Cuadro 2. Eigen valores de las variables transformadas en el ensayo de híbridos de maíz. 1994A.

	Eigen valores		res-
			t o
PRIN1	2,40	0,48	d e
PRIN2	1,88	0,37	v a -
PRIN3	0,47	0,09	ria-
PRIN4	0,16	0,03	bles
PRIN5	0,08	0,02	s í

Cuadro 3. Eigen vectores encontrados para las cinco variables medidas en el ensayo de híbridos de maíz. 1994A.

Variable	PRIN 1	PRIN 2
DFM	0,40	0,54
DFE	0,41	0,53
AP	0,52	-0,34
AM	0,56	-0,20
RG	0,28	-0,52

traron significancia. En tanto que en PRIN2 sólo AM no fue significativa.

Con propósitos de interpretación de los dos primeros componentes se tomaron los coeficientes (vectores propios) de valor absoluto mayor. Así se tiene que en PRIN1, AP y AM fueron las variables más importantes.

Mientras que en PRIN2, DFM, DFE y RG arrojan valores de 0,54, 0,53 y -0,52 respectivamente, es decir, son las de mayor importancia.

La dispersión de los genotipos puede verse en la Figura 1, en donde se aprecia que los híbridos 2 y 28 son los que mostraron el más bajo rendimiento, ciclo vital más largo y menor altura de planta como de mazorca. Respecto al híbrido 36, las características que definen a éste, es altura de planta y mazorca, pero de bajo rendimiento. Algo similar encontraron Carver *et al.* (1987) en su trabajo con híbridos y líneas puras de trigo invernal, donde el agrupamiento de los materiales fue dado por el tipo de planta alto o bajo.

Un total de 15 genotipos entre los que se encuentran a los testigos (H-513, H-512, W-3001 y VS-536) mostraron características como: ciclo biológico intermedio a tardío, mayor altura de planta y mazorca y rendimiento de grano mayor que el promedio general del ensayo (Cuadro 4). Lo anterior indica que entre el germoplasma evaluado hay algunos que igualan ó superan a los testigos comerciales.

El dendograma (Figura 2) presenta la similitud entre los genotipos sobre la base de las características fenotípicas medidas. En el dendograma se observa que en el ámbito de 0,60 de distancia de ligamiento promedio se formaron nueve grupos de genotipos, en los cuales como era de esperarse hubo mucho parecido de esta clasificación a la dada por componentes principales (Figura 1). Además de agruparse por la similitud de las características de cada híbrido, hubo también cierta tendencia a asociarse por parentesco, aunque esta última no fue determinante en la formación de los grupos.

Lo anterior queda más claro, si se observa el dendograma a 0,90 de distancia, donde la propensión de asociarse por parentesco fue evidente. Estos resultados coinciden con los indicados por Peeters y Martinelli (1989) quienes usaron el análisis cluster jerárquico para clasificar colecciones de germoplasma de cebada, señalando que la similaridad entre el material evaluado fue mayor entre las entradas individuales por país de origen y que la técnica de agrupamiento (cluster) se puede usar para clasificar plasma germinal, aún cuando no se conozca el origen de éste. Sin embargo, resulta-

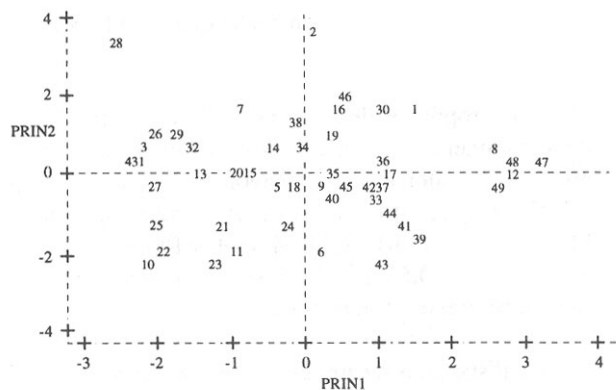


Figura 1. Dispersión de los genotipos en base a componentes principales.

Cuadro 4. Promedios de las variables cuantificadas por grupo de genotipos en base a los cluster.

Grupo	DFM	DFE	AP	AM	RG
1	56,4	57,4	239	115	5.667
2	54,7	55,9	226	110	5.265
3	55,2	56,3	239	119	5.431
4	54,8	56,0	242	118	7.006
5	54,9	56,4	251	126	6.432
6	56,2	57,3	255	135	6.218
7	55,2	56,4	258	130	4.510
8	53,4	54,9	239	118	5.803
9	56,2	57,5	216	113	4.024
Media	55,2	56,4	241	120	5.595

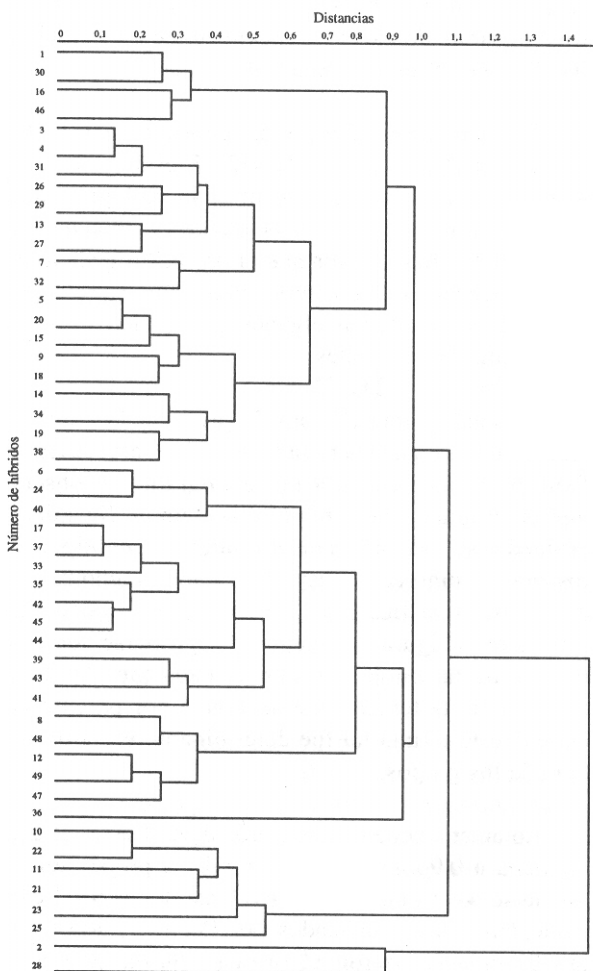


Figura 2. Dendrograma de 49 genotipos de maíz evaluados en cuatro ambientes de Veracruz, México.

dos opuestos a los encontrados por los autores citados lo muestran Das y Dasgupta (1984) en *Vigna mungo*, y Ariyo (1987) en okra, donde no encontraron relación entre la divergencia genética y distribución geográfica de las variedades evaluadas.

Al 1,15 de distancia sólo se observaron tres grupos, a este plano los híbridos del grupo dos (ocho en la primera agrupación) continuó manteniendo su independencia. Puede establecerse que este comportamiento se debió al parentesco que hay entre los progenitores de cada híbrido.

El híbrido 36 no se agrupó con ningún genotipo hasta 0,98 de distancia, mientras que el 2 y 28, los peores de la evaluación se asociaron al 1,5 de distancia. Es decir sólo se presentó la similitud una vez que los promedios de sus características fenotípicas fueron iguales al resto de los genotipos evaluados.

De los resultados encontrados en este trabajo a las conclusiones que se llega son: El primer patrón de agrupamiento de los genotipos evaluados fue por la similitud en el comportamiento de las características medidas. El parentesco entre el material evaluado aunque tuvo cierta importancia en la formación de los aglomerados, no fue del todo determinante. Dos híbridos triples y uno simple fueron los que se mostraron como superiores, dos de ellos involucran al H-513, formado con líneas del CIMMYT. El otro híbrido también incluye en su formación al progenitor masculino del H-513.

LITERATURA CITADA

- ARIYO, o. I. 1987. Multivariate analysis and the choice of parents for hybridation in okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench). *Theor. Appl. Genet.* 74:361-368.
- BASFORD, K. E.; KROONENBERG, P. M.; DELACY, I. H. 1991. Three-way methods for multiattribute genotype environment data: An illustrated partial survey. *Field Crop Research* 27:131-157
- CORNELIUS, P. L.; VAN SANFORD, D. A.; SEYEDSADR. 1993. Clustering cultivars into groups without rank-change interactions. *Corp Sci.* 33:1193-1200
- CARVER, B. E; SMITH, E. L.; ENGLAND JR. H. O. 1987. Regression and cluster analysis of environmental responses of hybrid and pure line winter wheat cultivars. *Crop Sci.* 27:659-664.
- DAS, P. K.; DASGUPTA, T. 1984. Multivariate analysis n blackgram (*Vigna mungo* (L.) Hepper). *Indian l. Genet.* 44(2):243-247.
- GHADERI, A; EVERSON, E. H.; CRESS, C. E. 1980. Classification of environments and genotypes in wheat. *Crop Sci.* 20:707-710.
- JOHNSON, G. R. 1977. Analysis of genotypic similarity in terms of mean yield and stability of environmental response in a set of maize hybrids. *Crop Sci.* 17:837-843.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. 1986. Stability analysis: ¿ Where do we stand? *Crop Sci.* 26:894-900.
- LLAURADÓ, M.; MORENO-GONZÁLEZ, J. 1993. Classification of northern Spanish populations I. Morphological traits. *Maydica* 38: 15-21.
- ORTEGA, P. R.; SÁNCHEZ, G. J. 1989. Aportaciones al estudio de la diversidad de maíz en las partes altas de México. *Rev. Fitotec. Mex.* 12(2):105-119.
- PEETERS, J. P.; MARTINELLI, J. A 1989. Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germoplasm collections. *Theor Appl. Genet.* 78:42-48.
- RINCÓN-SÁNCHEZ, E 1996. The use of multivariate analysis in developing subsets of a Caribbean collection of maize. pH D Thesis. Lincon, Nebraska University. 85 p.
- SMITH, J. S. C. 1984. Genetic variability within U. S. hybrid maize: Multivariate analysis of isozyme data. *Crop Sci.* 24:1041-1046.
- YAU, S. K.; ORTIZ-FERRARA, G.; SRIVASTAVA, J. P. 1989. Cluster analysis of bread wheat lines grown in diverse rainfall environments. *Rachis* 8(2):31-35.