

## Potencial de mejora en caracteres cuantitativos de *Paspalum dilatatum* Poir. en poblaciones del noreste bonaerense

MARÍA V. GARCÍA<sup>(1,2)</sup>, M.J. ARTURI<sup>(1)</sup> & O.E. ANSÍN<sup>(3)</sup>

<sup>(1)</sup> Genética y Mejoramiento Animal y Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, 60 y 118, C.C. 31(1900) La Plata, Argentina. <sup>(2)</sup> Becaria de CIC-PBA. <sup>(3)</sup> Forrajicultura y Praticultura, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, 60 y 118, C.C. 31(1900) La Plata, Argentina.

GARCÍA, MARÍA V., M.J. ARTURI & O.E. ANSÍN. 2000/2001. Potencial de mejora en caracteres cuantitativos de *Paspalum dilatatum* Poir. en poblaciones del noreste bonaerense. Rev. Fac. Agron., La Plata 104(2): 105-111.

El objetivo de este trabajo ha sido obtener mayor información sobre la variabilidad presente en poblaciones naturales de, *P. dilatatum* Poir ssp. *dilatatum*, y determinar sobre la base de ello el potencial de mejora en caracteres de interés forrajero.

Para ello se utilizaron 39 genotipos, provenientes de tres sitios de la provincia de Buenos Aires, ubicados en los partidos de Magdalena, Berazategui y La Plata. El material fue dispuesto en un ensayo de bloques al azar con dos repeticiones.

Los resultados indican un predominio de la uniformidad en la mayoría de los rasgos fenotípicos estudiados. Cuando se comparan entre sí las varianzas inter e intrapoblacionales para cada carácter, la prueba de F indica que en más del 95% de los casos no se registran diferencias significativas. No obstante, el predominio de mayores varianzas entre poblaciones indicaría una tendencia de diferenciación en la composición genética intrapoblacional para cada sitio.

Los datos permiten distinguir una categoría adicional de variabilidad, que depende de las diferencias fenotípicas en el conjunto total de genotipos (varianza «entre genotipos»). En esa fuente de variación, se comprueba una mayor proporción de diferencias. Ellas incumben a caracteres con incidencia directa en el rendimiento forrajero (largo de lámina de la hoja bandera y ancho de lámina de la hoja bandera) y en la producción de semillas (número de semillas por espiga basal) y, por consiguiente, son de especial interés práctico en la mejora genética.

Los resultados indican que en el material estudiado la variabilidad genética disponible permitiría la obtención de avances por selección en componentes del rendimiento forrajero y de la producción de semilla, sin la interferencia de correlaciones significativas de signo negativo.

**Palabras clave:** *Paspalum dilatatum dilatatum*, rendimiento forrajero, apomixis.

GARCÍA, MARÍA V., M.J. ARTURI & O.E. ANSÍN. 2000/2001. Breeding potential in quantitative characters of *Paspalum dilatatum* Poir. Populations from northeastern region of Buenos Aires province. Rev. Fac. Agron., La Plata 104(2): 105-111.

The aim of this work was to obtain more information on the variability in natural populations of *P.dilatatum* Poir. ssp. *dilatatum*, and to determine the breeding potential in traits of forage interest. Thirty-nine genotypes from three sites in the province of Buenos Aires (Magdalena, Berazategui and La Plata) were analyzed. The experimental design consisted of a random block trial with two repetitions. The results show uniformity in most of the traits analyzed. When variances among and within populations for each character are pairwise compared, the F test show that in more than the 95% of comparisons there are no significant differences. In spite of that homogeneity, the predominance of

greater variances among populations should indicate a tendency for differentiation in the genetic composition related with each site. Data allow to distinguish, also, the phenotypic variance in the whole set of clones. In this source of variation a greater proportion of significant differences was found. Among them those related of forage yield (Length of flag leaf blade and Width of flag leaf blade) and seed production (Number of seed per basal spike) are of special interest in breeding projects. The results show that in the material analyzed the genetic variability available should allow to reach selection progress in components of both forage yield and seed production, without interference of significant negative correlations.

**Key words:** *Paspalum dilatatum dilatatum*, forage yield, apomixis.

## INTRODUCCIÓN

*Paspalum dilatatum* Poir. es un pasto perenne, rizomatoso y de ciclo estivo-otoñal, originario de América meridional. En la Argentina, donde se lo conoce como «pasto miel», es una de las gramíneas nativas de mayor importancia como forrajera ya que se destaca por su productividad y por la preferencia que el ganado manifiesta por ella.

Se distinguen dos subespecies, que se diferencian en algunos caracteres morfológicos y en su grado de ploidía: *P. dilatatum dilatatum* de anteras púrpuras, usualmente pentaploide ( $2n=50$ ), llamado común, y *P. dilatatum flavescens* de anteras amarillas ( $2n=40$ ) (Rosengurt et al., 1982). Bashaw & Forbes (1958) sugirieron que la subespecie *dilatatum* es apomíctica, siendo esto confirmado posteriormente por los estudios de Bashaw & Holt (1958). Estudios combinados de caracteres morfológicos y citológicos reafirmaron la presencia de apomixis en la subespecie *dilatatum* (Burton, 1951; 1962). Muestreos previos efectuados por los autores de este trabajo en ocho sitios de la Pampa Deprimida, provincia de Buenos Aires, mostraron que más del 95% de las plantas censadas, sobre un total de 400, presentaban anteras púrpuras, carácter que está asociado a la subespecie de reproducción apomíctica.

Dentro de las características que hacen de *Paspalum* un recurso forrajero de interés, Carámbula (1982) enuncia las siguientes: resistencia al pisoteo y al pastoreo cuando dis-

pone de buena fertilidad; resistencia a sequías y a excesos de agua por su extenso sistema radical; capacidad de rebrotar vigorosamente luego de sequías en respuesta a lluvias; gran persistencia y demora en extinguirse en las degradaciones pratenses. No obstante, la difusión de esta forrajera en la siembra de praderas se ha visto dificultada por inconvenientes en la producción de semilla. La causa principal es la susceptibilidad al hongo *Claviceps paspali* Stev. et Hall que destruye los cariopses reemplazándolos por esclerotos (Bruni & Echeverría, 1979). Según Alonso et al. (1995), los inconvenientes mencionados afectan en mayor grado a la subespecie *dilatatum*.

Investigaciones realizadas en poblaciones de esta gramínea han revelado la existencia de variabilidad genética (Pahlen, 1986). Ciccardini et al. (1984) encontraron diferencias significativas entre ecotipos de pasto miel en producción de materia seca, digestibilidad y contenido de proteína. En Australia, bajo diversas condiciones de cultivo Pearson & Shah (1981) hallaron variación significativa entre 18 ecotipos para varios caracteres, entre ellos producción de cariopses y crecimiento de plántula. En el Laboratorio de Genética de la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de La Plata se iniciaron, en 1993, estudios para caracterizar la variabilidad poblacional de esta especie, encontrándose diferencias entre las poblaciones consideradas (García et al., 1994). Los resultados obtenidos sugieren diferencias de origen genético entre poblaciones y una marcada influencia del ambiente

no correlacionada con el valor genotípico. La variabilidad presente en poblaciones naturales ofrece, por lo tanto, la posibilidad de lograr mejoras mediante la identificación de genotipos valiosos.

Una de las consecuencias de la apomixis es la perpetuación de genotipos bien adaptados a su nicho ecológico. Como en el caso de las especies autóгамas, las especies apomícticas tienden a originar poblaciones con escasa flexibilidad evolutiva y alta especialización local (Stebbins, 1950). Estas propiedades de las especies apomícticas deberían influir necesariamente en la composición genética de las poblaciones y en la distribución de la variabilidad y, consecuentemente, deberían reflejarse en la variación fenotípica de los caracteres vegetativos y reproductivos. Podría esperarse, consecuentemente, que la variación intrapoblacional no superara la variación interpoblacional.

El objetivo de este trabajo ha sido obtener mayor información sobre la variabilidad presente en poblaciones naturales de *P. dilatatum dilatatum* y determinar en base a ello el potencial de mejora en caracteres de interés forrajero.

## MATERIALES Y METODOS

El material utilizado fue recolectado en tres sitios de la provincia de Buenos Aires ubicados en los partidos de Magdalena (35°00'LS, 57°41' LW), Berazategui (Parque Pereyra Iraola-Haras 34°52'LS, 58°08' LW), durante diciembre de 1993 y La Plata (F.C. Agrarias y Forestales 34°54'LS, 57°55' LW) en enero de 1994. Los suelos de estas poblaciones son identificados como Paleudol acuíco en Magdalena y Argiudol vértico en La Plata y Pereyra Iraola.

El muestreo en cada sitio consistió en la extracción de 50 matas, separadas entre sí a una distancia mínima de 2 m, para evitar muestrear más de una vez a cada genotipo.

De esas tres poblaciones, que en adelante se denominarán "Magdalena" (M), "Pereyra Iraola" (PI) y "La Plata" (LP), se utilizaron para la experiencia 13 genotipos de cada población considerada.

Las plantas extraídas de las poblaciones naturales fueron clonadas por división de mata. Para ello se utilizó la parte basal de macollos individuales, comprendiendo los dos nudos inferiores. Debido a dificultades en obtener un número mínimo de plantas homogéneas en la clonación de cada genotipo, en definitiva se destinaron a la experiencia 13 clones de cada población. Para el enraizamiento se utilizaron potes de plástico de 250 cm<sup>3</sup> conteniendo suelo franco arenoso. En el otoño de 1994, 80 días después de la división de matas las plantas de los clones fueron transplantadas a tierra en el Jardín Experimental de Genética (La Plata).

Se utilizó un diseño de bloques al azar con dos repeticiones. Cada parcela estuvo integrada por un surco con cinco plantas, con separación de 0,60 cm entre surcos y entre plantas.

Durante el verano de 1995 se cortaron dos macollos reproductivos por bloque de cada uno de los treinta y nueve genotipos, sobre los que se registraron los siguientes caracteres: longitud del macollo reproductivo (LMR), largo y ancho de lámina de la hoja bandera (LLHB y ALHB), número de nudos por macollo (NNM), longitud de panoja (LPa), longitud del raquis de la espiga basal (LREB), número de espigas por panoja (NEP) y número de semillas por espiga basal (NSEB).

Para determinar la existencia de variabilidad fenotípica se realizó el análisis de varianzas de los datos correspondientes a cada carácter, teniendo en cuenta que el diseño empleado responde a la condición de "anidado" (Sokal & Rohlf, 1981). Para comparar las varianzas interpoblacionales con las intrapoblacionales se emplearon pruebas de F. Igualando los cuadrados medios calculados a sus respectivas esperanzas matemáticas, se es-

timó el grado de determinación genética (GDG) (Falconer, 1986), según la fórmula:

$$GDG = \frac{Vg}{Vg + Ve/r}$$

Donde  $Vg$  es la varianza genética "entre clones",  $Ve$  la varianza ambiental "dentro de clones" y  $r$  el número de repeticiones. La predicción del avance genético se calculó según Allard (1960), para una intensidad de selección del 20% y las correlaciones fenotípicas (Pearson) en base a los promedios de cada clon ( $n = 39$ ).

## RESULTADOS

En la Tabla 1 se presentan los valores promedios de los 8 caracteres analizados para cada una de las poblaciones. El material proveniente de la localidad Pereyra Iraola mostró tendencias a favor en caracteres vegetativos respecto a los genotipos de Magdalena y La Plata como, asimismo, diferencias

**TABLA 1:** Datos promedios por población.

*Means for population.*

Caracteres	La Plata	Magdalena	Pereyra Iraola
NNM	3,15	3,00	3,05
LMR	94,13 cm	93,86 cm	100,01 cm
LLHB	13,67 cm	13,96 cm	15,18 cm (*)
ALHB	0,68 cm	0,69 cm	0,72 cm
LP	14,92 cm	14,41 cm	15,46 cm
LREB	7,18 cm	7,62 cm	8,00 cm
NEP	4,80	4,57	4,84
NSEB	90,82	85,43	91,16

NNM: Número de nudos por macollo; LMR: Longitud de macollo reproductivo; LLHB: Largo de lámina de hoja bandera; ALHB: Ancho de lámina de hoja bandera; LPa: Largo de panoja; LREB: Largo de raquis de la espiga basal; NEP: Número de espigas por panoja; NSEB: Número de semilla basal.

NNM: Number of nodes per tiller; LMR: Length of reproductive tiller; LLHB: Length of flag leaf blade; ALHB: Width of flag leaf blade; LPa: Length of panicle; LREB: Length of rachis of basal spike; NEP: Number of spike per panicle; NSEB: Number of seed per basal spike.

(\*) Diferencia estadísticamente significativa ( $p=0,05$ ) respecto a los valores de La Plata y Magdalena. En el resto de los caracteres no se observaron diferencias significativas (LSD) entre medias poblacionales.

**TABLA 2:** Varianzas inter e intrapoblacionales.

*Variances between and within populations.*

F de variación	GL	NNM	LMR	LLHB	ALHB	LPa	LREB	NEP	NSEB
Entre poblaciones	2	0,18ns	255,65ns	17,79*	0,003ns	7,54ns	3,74ns	0,40ns	300,90ns
Entre genotipos	36	0,21ns	161,71ns	5,20*	0,013*	3,75ns	1,42**	0,57ns	193,35*
La Plata	12	0,24ns	232,49ns	4,64ns	0,012ns	5,36ns	1,61**	0,69ns	254,66**
P Iraola	12	0,23ns	115,00ns	6,56ns	0,009ns	3,03ns	1,40*	0,59ns	151,18ns
Magdalena	12	0,16ns	137,68ns	4,40ns	0,018*	2,85ns	1,24ns	0,42ns	174,21ns
Dentro genotipos	39	0,15	139,39	2,97	0,007	2,46	0,58	0,43	110,87
La Plata	1	0,34ns	889,20*	10,28ns	0,007ns	6,50ns	0,001ns	0,15ns	246,15*
Error	12	0,17	139,97	2,53	0,008	2,72	0,33	0,55	45,86
P Iraola	1	0,08ns	4,87ns	0,38ns	0,000ns	0,13ns	1,10ns	1,88*	20,34ns
Error	12	0,10	151,04	3,18	0,007	1,61	0,52	0,38	83,11
Magdalena	1	0,03ns	408,83*	0,29ns	0,011ns	4,99ns	0,39ns	0,000	180,47ns
Error	12	0,16	53,43	3,01	0,006	2,72	0,91	0,31	194,10

\* Estadísticamente significativo  $P = 0,05$ ; \*\* Estadísticamente significativo  $P = 0,01$ ; ns Estadísticamente no significativo.

**TABLA 3:** Relaciones varianza mayor/varianza menor.

Relations major variance/minor variance.

	NNM	LMR	LLHB	ALHB	LPa	LREB	NEP	NSEB
La Plata	1,31ns	1,09ns	3,82ns	3,50ns	1,40ns	2,31ns	1,72ns	1,18ns
Magdalena	1,09ns	1,85ns	4,04*	5,02ns	2,63ns	2,65ns	1,06ns	1,72ns
P Iraola	1,72ns	2,22ns	2,71ns	2,50ns	2,48ns	3,00ns	1,48ns	1,99ns

\* Estadísticamente significativo  $P = 0,05$ ; ns Estadísticamente no significativo

significativas en LLHB.

El análisis de la varianza de los datos recolectados en el experimento (Tabla 2) discriminó 3 fuentes principales de variación: a) "Entre poblaciones", con un solo caso de diferencias significativas, b) "Entre clones", con 4 casos sobre 8 de diferencias significativas, y c) "Dentro de clones", conteniendo el error experimental. La partición de cuadrados medios de b) permitió distinguir las varianzas intrapoblacionales, observándose 4 casos significativos sobre un total de 24.

Las varianzas "Entre poblaciones" fueron comparadas con las intrapoblacionales aplicando una prueba de F y los resultados (Tabla 3) indicaron para todas las comparaciones, excepto una, ausencia de significación estadística.

**TABLA 4:** Grados de determinación genética (GDG) y Avances Genéticos Porcentuales ( $\Delta G\%$ )

Degree of determination (GDG) and percent of genetic progress ( $\Delta G\%$ )

	NNM	LMR	LLHB	ALHB	LPa	LREB	NEP	NSEB
GDG	0,30	0,14	0,43	0,45	0,34	0,59	0,24	0,42
$\Delta G\%$	6,21	2,59	9,58	9,08	6,18	12,87	5,37	9,16

El GDG, con valores que se escalonaron entre 0,14 y 0,59, reflejó una varianza genética entre clones de apreciable magnitud para varios caracteres, que podría originar progresos por selección cercanos al 10% (Tabla 4).

Algunas correlaciones fenotípicas que vinculan caracteres vegetativos y reproductivos

**Tabla 5:** Correlaciones fenotípicas entre los caracteres en estudio ( $n=39$ ).

Phenotypic correlations.

	ALHB	LLHB	LMR	LPa	LREB	NEP	NNM	NSEB
ALHB	1,000							
LLHB	0,283	1,000						
LMR	0,255	0,362*	1,000					
LPa	-0,048	-0,035	-0,100	1,000				
LREB	0,230	0,544**	0,745**	-0,027	1,000			
NEP	-0,095	0,204	0,282	-0,003	0,323*	1,000		
NNM	-0,157	-0,004	0,306	-0,021	0,299	0,271	1,000	
NSEB	0,128	0,348*	0,490**	-0,176	0,546**	0,240	0,473**	1,000

\* Estadísticamente significativo,  $P = 0,05$ ; \*\* Estadísticamente significativo,  $P = 0,01$

alcanzaron magnitudes relevantes y de signo positivo; si bien se registraron correlaciones negativas, ninguna de ellas superó niveles de significación (Tabla 5).

## DISCUSIÓN

Los resultados indican un predominio de la uniformidad en la mayoría de los rasgos fenotípicos estudiados. Esto podría deberse a que las especies apomícticas, como las autógamias estrictas, disponen de limitadas posibilidades para construir variabilidad.

La uniformidad observada se registró no sólo dentro de las poblaciones muestreadas sino también entre ellas. Bajo el supuesto de que cada población está compuesta por un número limitado de genotipos locales adaptados a particulares nichos ecológicos (Stebbins, 1950) se puede explicar que las varianzas intrapoblacionales calculadas no alcancen, en general, valores elevados. Con el mismo argumento, podrían esperarse diferencias significativas entre medias poblacionales como sucede frecuentemente en especies con escasa o nula fecundación cruzada (Jain, 1975). Este no sería el caso, ya que excepto el carácter LLHB, tampoco las varianzas interpopulacionales alcanzaron niveles de significación. Este resultado puede entenderse si se tiene en cuenta que las condiciones climáticas y edáficas de los sitios muestreados son similares. Cuando se comparan entre sí las varianzas inter e intrapoblacionales para cada carácter, la prueba de F indica que en más del 95% de los casos se registra homogeneidad. Si bien no hay diferencias estadísticas, el predominio de mayores varianzas entre poblaciones indicaría una tendencia de diferenciación en la composición genética para cada sitio. Además de la mutación, eventuales recombinaciones debidas a episodios aislados de reproducción sexual, podrían dar cuenta de esas variaciones genéticas (Bashaw & Funk, 1987).

Los datos permiten distinguir una categoría adicional de variabilidad, que depende de las diferencias fenotípicas en el conjunto total de clones (varianza "entre clones"). En esa fuente de variación, se comprueba una mayor proporción de diferencias que las anotadas para las categorías "entre" y "dentro" de poblaciones. Ellas incumben a caracteres con incidencia directa en el rendimiento forrajero (LLHB y ALHB) y en la producción de semillas (NSEB), y por consiguiente es de especial interés práctico en la mejora genética. En virtud de los resultados alcanzados y las relaciones entre varianzas, deberían orientarse las futuras recolecciones privilegiando un aumento en el número de poblaciones a muestrear y, así, poder maximizar la variabilidad en los bancos de germoplasma.

Varias de las correlaciones fenotípicas tienen significación estadística. Con signo positivo se observa una estrecha asociación entre LMR, LREB y LLHB, tres caracteres relacionados con el crecimiento en longitud. Además, de particular interés en la producción forrajera, es la correlación entre el carácter vegetativo LMR y el reproductivo NSEB. Tanto LLHB como ALHB son componentes del rendimiento forrajero cuyo incremento es deseable por ese motivo y por su contribución a una mayor foliosidad. Exhiben ambos un GDG y una expectativa de progreso por selección ( $\Delta G$ ) relativamente alto. El signo negativo de las correlaciones de esos caracteres con NNM, otro componente del rendimiento, podría llegar a ser un inconveniente en ciclos más avanzados de selección, aunque aparentemente no por el momento debido a la escasa magnitud de los coeficientes. Otros caracteres con GDG y  $\Delta G$  destacados son LREB y NSEB, vinculados por una asociación fenotípica de signo positivo. De los comentarios que preceden puede deducirse que LREB, un carácter de alto GDG y fácil medición, con asociaciones útiles para la mejora, podría ser empleado en la selección indirecta de LLHB y NSEB.

La varianza genética promedio, para los

8 caracteres cuantitativos estudiados, es del 36% en relación al total de variación fenotípica hallada en el conjunto de clones, y es superior a los valores encontrados por Pahlen (1986) en la misma especie, con máximos de 27%. El componente genético, estimado a partir del análisis de la varianza, puede presentar sesgos de cierta importancia y afectar el cálculo del GDG cuando el número de repeticiones es bajo (Hallauer & Miranda, 1981). No obstante, aún aceptando varianzas genéticas menores a las estimadas, debe tenerse en cuenta que esa fracción es heredable en su totalidad en un sistema apomictico, incluyendo efectos de dominancia y epistáticos.

Los resultados indicarían que en el material estudiado la variabilidad genética disponible permitiría la obtención de avances por selección en componentes del rendimiento forrajero y de la producción de semilla, sin la interferencia de correlaciones significativas de signo negativo.

## BIBLIOGRAFÍA

- Allard R.W.** 1960. Principios de la mejora genética de las plantas. Ed. Omega, Barcelona. 498 pp.
- Alonso S.I., F.S. Alonso & A.M. Clausen.** 1995. Capacidad germinativa en clones de dos subespecies de pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.). Revista Argentina Producción Animal 15: 94-96.
- Bashaw E.C. & Forbes, I.** 1958. Chromosome number and microsporogenesis in Dallisgrass *Paspalum dilatatum* Poir. Agronomy Journal 50: 441-445.
- Bashaw E.C. & Funk, C.R.** 1987. Apomictic grasses. In. Principles of cultivars development (Ed W.R Fehr). Chapter 3: 40-82. Macmillan Pub, Co, N. York.
- Bashaw E.C. & Holt, E.C.** 1958. Megasporogenesis, embryo sac development and embryogenesis in dallisgrass, *Paspalum dilatatum* Poir. Agronomy Journal 50: 753-756.
- Burton G.W.** 1951. The adaptability and breeding of suitable grasses for the Southeastern States. Advances in Agronomy 3: 197-241.
- Burton G.W.** 1962. Conventional breeding of Dallisgrass, *Paspalum dilatatum* Poir. Crop Science 2: 291-294.
- Bruni O. & I. Echeverría.** 1979. Enfermedad de los *Paspalum*. Información general Nro 118. EEA, Pergamino INTA.
- Carámbula M.** 1982. *Paspalum dilatatum*, características agronómicas y su rol en las pasturas. Revista Argentina Producción Animal 2: 68-84.
- Cicardini E., J.M. Irazagui & J.R. Orbea.** 1984. Curvas de producción y calidad del forraje de ocho ecotipos de pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.) Revista Argentina Producción Animal 4: 411-421.
- Falconer D.S.** 1986. Introducción a la Genética Cuantitativa. CECSA. 383 pp.
- García M.V., M.J. Arturi & O.E. Ansin.** 1994. Variabilidad fenotípica y genética en poblaciones de *Paspalum dilatatum* Poir. Libro de Resúmenes del 11° Congreso Latinoamericano de Genética y 15° Congreso de Fitogenética, Méjico. pp 627.
- Hallauer A.R. & J.B. Miranda.** 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Ch 5. Iowa State University Press, Ames, USA: 115-158.
- Jain S.K.** 1975. Population structure and the effects of breeding system. En: Crop genetic resources for today and tomorrow. Cambridge University Press: 15-36.
- Pahlen A. von der.** 1986. Evaluation of genetic variability of some native forage plants. Boletín Genético 14: 1-6. CICA.Castelar.
- Pearson C.J & S.S. Shah.** 1981. Effects of temperature on seed production, seed quality and growth of *Paspalum dilatatum*. Journal of Applied Ecology 18: 897-905.
- Rossengurt B., O. del Puerto, B. de Maffei & A. Lombardo.** 1982. Gramíneas. Departamento de Producción Vegetal. Curso de Botánica. Univ Nac de la República. Facultad de Agronomía. Uruguay: 70-77.
- Stebbins G.L.** 1950. Variation and evolution in plants. Columbia University Press. 643 pp.
- Sokal D. & R. R. Rohlf.** 1981. Biometry. WH Freeman and Co. 859 pp.