INVESTIGACIÓN

VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y GENÉTICA EN POBLACIONES DE PASTO MIEL (*Paspalum dilatatum* Poir.)[1]

Phenotypic and genetic variability in wild populations of dallis grass (*Paspalum dilatatum* Poir.)

María Victoria García[2], Miguel J. Arturi[2] y Oscar E. Ansín[2]

ABSTRACT

Dallis grass (*Paspalum dilatatum* Poir.) is a warm season perennial grass of high forage value. The objective of this work was to get estimations of phenotypic variability among and within populations of *dilatatum* biotype of this species. Three places of the Northern Salado Basin (La Plata, Magdalena y Pereyra Iraola), province of Buenos Aires, Argentina, were sampled taking out whole plants. The material, kept in plastic pots, was used to measure six traits: number of nodes per tiller (NNM), flag leaf length (LLHB), flag leaf width (ALHB), rachis length of base spikelets (LREB), number of spikelets per panicle (NEP), and number of seed per base spikelets (NSEB). From 18 comparisons between population means (t test), 7 showed significant differences at the p = 0.01 level and 6 at the p = 0.05 level. The phenotypic variance within populations contained, in average, 26% of genetic variance. The degree of genetic determination (GDG) fluctuates in a rank from 0 to 52%. It is deduced, from these results, that the within populations variability did not exceed the among populations one. In spite of GDG values were not high, the total amount of available genetic variability is expected to be useful for breeding purposes, because of the apomictic mode of reproduction. The results of the principal component analysis were in agreement with those of the t test. The NNM, LLHB, LREB, and NSEB traits showed the larger discriminative power.

Key words: natural population, native forage plants, degree of genetic determination, apomixis.

RESUMEN

El pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.), es una gramínea perenne de ciclo estival y alto valor forrajero. El objetivo de este trabajo fue obtener estimaciones de la variabilidad fenotípica y genética entre y dentro de poblaciones del biotipo *dilatatum*. Se tomaron muestras extrayendo plantas completas en tres sitios del sector norte de la Depresión del Salado (La Plata, Magdalena y Pereyra Iraola) en la provincia de Buenos Aires, Argentina. El material, mantenido en envases plásticos, fue utilizado para medir seis caracteres: número de nudos por macolla (NNM), largo y ancho de lámina de la hoja bandera (LLHB y ALHB), largo del raquis de la espiga basal (LREB), número de espigas por panoja (NEP), y número de semillas por espiga basal (NSEB). De las 18 comparaciones entre medias de las tres poblaciones (prueba de t), siete mostraron diferencias significativas al nivel p = 0,01, y seis al nivel p = 0,05. La varianza fenotípica dentro de las poblaciones contuvo, en promedio, 26% de varianza genética, con un rango de grado de determinación genética (GDG) desde 0 a 52%. Se deduce de esos resultados que la variabilidad intrapoblacional no superó la variabilidad entre poblaciones. Si bien los resultados de GDG no son

[1]Recepción de originales: 1 de agosto de 2000.
Trabajo financiado por CONICET, CIC-PBA y UNLP.
[2]Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, 60 y 119 (1900) La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mgarcia@agro.unlp.edu.ar

altos, debido al sistema de reproducción apomíctica, la totalidad de la variación genética disponible podría ser utilizada con fines de mejoramiento. El análisis de componentes principales dio resultados coincidentes con la prueba de t, siendo los caracteres NNM, LLHB, LREB, y NSEB los de mayor poder discriminatorio.

Palabras clave: poblaciones naturales, plantas forrajeras nativas, grado de determinación genética, apomixis.

INTRODUCCIÓN

Las especies nativas presentan características de adaptación al ambiente que son difíciles de encontrar en especies exóticas. La región pampeana, en la República Argentina, alberga pastizales naturales que constituyen una reserva valiosa de especies con alto valor forrajero. *Paspalum dilatatum* Poir., es una de las gramíneas nativas de mayor importancia, aunque su difusión, por no contar con producción comercial de semilla, se limita a su dispersión natural.

P. dilatatum es una gramínea perenne, rizomatosa y de ciclo estivo-otoñal. En la Argentina se la conoce como "pasto miel" y su valor forrajero se basa en su productividad y en la palatabilidad para el ganado (Vignolio *et al.*, 1991). En esta especie se distinguen dos biotipos que se diferencian por su grado de ploidía y algunas características fenotípicas; un biotipo de anteras púrpuras, usualmente pentaploide ($2n = 5x = 50$), llamado común, y otro tetraploide ($2n = 4x = 40$) de anteras amarillas. Bashaw y Holt (1958), confirmaron la ocurrencia de reproducción asexual en el biotipo común. Ellos observaron que se produce la megasporogénesis, pero que aparentemente la megaspora o el saco embrionario degeneran sin formar gametofitos reducidos. Las células nucelares adyacentes a la megaspora forman entonces un saco embrionario múltiple, y se produce el desarrollo de proembriones en más del 10% de los óvulos colectados antes de la antesis, aunque el endosperma sólo se desarrolla después de la polinización. Estas observaciones confirman que la reproducción de este biotipo es apomíctica. Esta apomixis es obligada, siendo su forma una aposporia seguida por pseudogamia. Bashaw (1980) encontró que en el género *Paspalum*, el embrión se desarrolla antes de la polinización, pero el endosperma no se desarrolla y el embrión no comienza a diferenciarse sino hasta después de la polinización.

En el biotipo de anteras amarillas, Bashaw y Holt (1958) observaron que la megasporogénesis, el desarrollo del saco embrionario y la embriogénesis fueron normales y que, además, la actividad nucelar fue regular, con lo cual sugirieron que la reproducción en este biotipo es sexual. Bashaw (1980) no encontró diferencias en la embriología de este biotipo y del biotipo apomíctico, excepto que en este último el embrión comienza a desarrollarse antes de la polinización.

La reproducción apomíctica es uno de los sistemas de reproducción agamospérmica que se caracteriza por producir embriones y semillas por reproducción asexual (Grant, 1989). Bashaw (1980) concluyó que no hay ningún rasgo de una sola planta apomíctica que sugiera su carácter apomíctico, pero que su progenie tendrá las características que servirán como indicadores del modo apomíctico de reproducción. Esto se refiere al hecho que la progenie de una planta apomíctica obligada es completamente uniforme e idéntica al progenitor femenino. Por lo tanto, la apomixis es un método natural que permite clonar plantas a través de semillas (Hanna y Bashaw, 1987).

Rossengurt *et al.* (1982) describieron estos biotipos como subespecies, llamando *P. dilatatum dilatatum* al biotipo pentaploide y *P. dilatatum flavescens* al biotipo tetraploide.

En cuanto a los estudios de variabilidad en poblaciones naturales, Pahlen (1986) analizó diferentes procedencias o accesiones colectadas en diversos sitios de dispersión natural de la Argentina, y observó variación genética para 17 caracteres entre procedencias de un mismo sitio. Con material de origen similar, Cicardini *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 controladas de cultivo, Pearson y Shah (1981) encontraron variación significativa entre 18 ecotipos para varios caracteres, entre ellos producción de semillas, emergencia de plántula, tasa de producción de hojas de las plántulas, acumulación de materia seca, y proporción tallo/raíz.

Más recientemente, García *et al.* (1994) reportaron resultados de un estudio sobre variabilidad genética y fenotípica en poblaciones de la provincia de Buenos Aires, Argentina, informando diferencias de origen genético entre tres poblaciones y una marcada influencia del ambiente no correlacionada con el valor genotípico. El presente trabajo es continuación de esos estudios y ha tenido como objetivo cuantificar las variaciones inter e intrapoblacionales en caracteres vegetativos y reproductivos de interés forrajero en el biotipo *dilatatum*.

MATERIALES Y MÉTODOS

El material utilizado fue recolectado durante diciembre de 1993 y enero de 1994 en tres sitios de la provincia de Buenos Aires, ubicados en los partidos de Magdalena (35°00' lat. Sur, 57°41' long. Oeste), Berazategui (34°52' lat. Sur, 58°08' long. Oeste) y La Plata (34°54' lat. Sur, 57°55' long. Oeste). Todos los sitios considerados for-man parte de la denominada Depresión del Sala-do, donde las características edáficas y las defi-ciencias en el sistema natural de drenaje explican que el principal movimiento del agua de lluvia sea vertical (Fernández Grecco y Viviani Rossi, 1997).

La región posee un clima templado, húmedo, con lluvias distribuidas durante todo el año. Los veranos son frescos con medias mensuales máximas inferiores a 22 °C y una estación fría poco notable. Las precipitaciones pluviales presentan una media anual histórica de 950 mm, con un registro máximo de 1.470 mm y un mínimo de 540 mm (Servicio Meteorológico Nacional, 1986).

El muestreo en cada sitio consistió en la extracción de plantas separadas entre sí una distancia mínima de 2 m, para disminuir en lo posible el efecto de vecindad y aumentar la representatividad de la muestra. De esas tres poblaciones, que fueron denominadas "Magdalena", "Pereyra Iraola" y "La Plata", se logró enraizar 48, 50 y 28 plantas, respectivamente. Para obtener una estimación de la varianza ambiental, otras 10 plantas procedentes de los mismos sitios (2 de "Magdalena", 3 de "Pereyra Iraola" y 5 de "La Plata"), fueron clonadas por división vegetativa. Cada uno de los 10 clones estuvo integrado por 5 plantas. El total de plantas (176) fue dispuesto en un diseño completamente aleatorizado, sobre terreno sin cobertura, en el Campo Experimental de la Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales de la Universidad Nacional de La Plata (suelo franco-arcillo limoso, serie edáfica La Plata, taxonomía Argiudol Vértico). En macollas reproductivas se midieron sobre el rebrote los siguientes caracteres: número de nudos por macolla (NNM), largo de lámina de la hoja bandera (LLHB), ancho de lámina de la hoja bandera (ALHB), largo de raquis de la espiga basal (LREB), número de espigas por panoja (NEP), y número de semillas por espiga basal (NSEB). Los caracteres elegidos tienen relación con la producción de biomasa forrajera y la producción de semilla, dos aspectos de principal interés en el mejoramiento genético.

Se calcularon las medias y las varianzas fenotípicas para las tres poblaciones. Para determinar la significación estadística de las diferencias entre las medias poblacionales se aplicó la prueba de t en los niveles de $p = 0,01$ y $p = 0,05$. Dado que las poblaciones naturalmente están compues-

tas por un número no definido de genotipos distintos, la varianza fenotípica intrapoblacional comprende un componente genético (Vg) y otro ambiental (Ve). Teniendo en cuenta que las plantas de un clon poseen la misma constitución genética, la varianza fenotípica entre plantas brinda una estimación de la varianza ambiental (Ve). Para el análisis de la variabilidad fenotípica intrapoblacional se utilizó el promedio de varianzas intraclones de los 10 clones disponibles.

Obteniendo la varianza genotípica (Vg) por diferencia, se calculó el grado de determinación genética (GDG) (Falconer y MacKay, 1996).

$$GDG = Vg / (Vg + Ve)$$

El GDG fue calculado para los caracteres NNM, NEP, NSEB, y LREB.

Con los datos obtenidos en los seis caracteres en estudio se aplicó la técnica multivariada de componentes principales para determinar el grado de similitud entre las tres poblaciones (Sneath y Sokal, 1973).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias y las varianzas intrapoblacionales son presentadas en el Cuadro 1, que también incluye las varianzas intraclones como estimadores de la varianza ambiental. De las 18 comparaciones entre medias de las tres poblaciones en estudio, por medio de la prueba de t, siete muestran diferencias significativas al nivel de p = 0,01 y seis al nivel de p = 0,05 (Cuadro 2). La población de Pereyra Iraola presentó las medias más elevadas en todos los caracteres, excepto NNM. La separación entre Pereyra Iraola y Magdalena, por un lado, y La Plata, por otro, fue más notoria si se consideran, en particular, las diferencias significativas al nivel p = 0,01.

En los cuatro caracteres para los que fue posible descomponer la varianza fenotípica en sus dos componentes, la varianza ambiental superó casi sin excepción la magnitud de la varianza genética (Cuadro 1). El GDG (Cuadro 3), denominado también "heredabilidad en sentido amplio" (Kearsey y Pooni, 1996), resulta útil para juzgar las proporciones relativas de las varianzas.

Cuadro 1. Medias ($\bar{x}$), errores estándar, varianzas fenotípicas (Vp), genéticas (Vg) y ambientales (Ve) de los caracteres estudiados

Table 1. Means ($\bar{x}$), standard error and phenotypic (Vp), genetic (Vg) and environmental (Ve) variances of the six traits considered

Población		NNM	LLHB	ALHB	NEP	NSEB	LREB
La Plata	$\bar{x}$	2,64±0,10	14,66±0,82	0,48±0,02	3,31±0,11	64,62±2,43	5,82±0,18
	Vp	0,27	19,21	0,009	0,36	166,41	0,92
	Vg	0,04	-	-	0,14	0	0
Magdalena	$\bar{x}$	3,46±0,07	18,24±0,79	0,47±0,01	3,33±0,08	71,54±2,77	7,07±0,17
	Vp	0,28	29,98	0,007	0,36	370,17	1,44
	Vg	0,05	-	-	0,14	145,83	0,52
P. Iraola	$\bar{x}$	3,22±0,06	20,65±0,72	0,51±0,01	3,64±0,08	75,61±2,35	7,80±0,19
	Vp	0,19	25,97	0,006	0,37	276,85	1,91
	Vg	0	-	-	0,15	52,51	0,99
Clones	Ve	0,23	-	-	0,22	224,34	0,92

NNM = número de nudos por macolla; LLHB = largo de lámina de la hoja bandera; ALHB = ancho de lámina de la hoja bandera; NEP = número de espigas por panoja; NSEB = número de semillas por espiga basal; LREB = largo de raquis de la espiga basal.

Cuadro 2. Prueba de significancia entre medias (prueba t)
Table 2. Significance test between means (t test)

Poblaciones	NNM	LLHB	ALHB	NEP	NSEB	LREB
Magdalena–P. Iraola	2,400 ns	-2,252 ns	-2,442 ns	-2,409 ns	-1,109 ns	-2,277 ns
Magdalena–La Plata	6,267**	2,949**	-0,760 ns	0,082 ns	1,688 ns	4,677**
P. Iraola–La Plata	5,009**	5,146**	1,190 ns	2,245 ns	2,976**	6,653**

**Estadísticamente significativo al nivel p = 0,01 (prueba de t).
NNM = número de nudos por macolla; LLHB = largo de lámina de la hoja bandera; ALHB = ancho de lámina de la hoja bandera; NEP = número de espigas por panoja; NSEB = número de semillas por espiga basal; LREB = largo de raquis de la espiga basal.
ns: estadísticamente no significativo.

Cuadro 3. Grado de determinación genética (GDG)
Table 3. Degree of genetic determination (GDG)

Carácter	Magdalena	P. Iraola	La Plata
NNM	0,18	0	0,15
NEP	0,39	0,40	0,39
NSEB	0,39	0,19	0
LREB	0,36	0,52	0

NNM = número de nudos por macolla; NEP = número de espigas por panoja; NSEB = número de semillas por espiga basal; LREB = largo de espigas por panoja.

Presentó valores que difieren entre poblaciones y que no alcanzaron, en general, magnitudes muy altas por el ya señalado predominio de la varianza ambiental. Las poblaciones difieren no sólo en el valor de sus promedios, sino también en la composición de la varianza fenotípica. Los datos de GDG contenidos en el Cuadro 3 señalan a Magdalena como la población de mayor varianza genética, considerando en conjunto los cuatro caracteres analizados. Esta información puede ser de valor orientativo en la tarea de seleccionar sitios para futuras colecciones de material. La Plata, en cambio, aparece como una población poco atractiva para eventuales planes de mejoramiento por su uniformidad genética y bajos promedios.

El carácter NEP, un componente del rendimiento en semilla y de variación fenotípica semi-continua, exhibió el GDG de mayor constancia a través de las poblaciones. En NNM, otro carácter de variación semi-continua, la situación fue distinta, con menores varianzas genéticas y distribución dispar de ellas en las tres poblaciones.

Para los caracteres NNM, NEP, NSEB, y LREB, la varianza genética, estimada dentro de las poblaciones, alcanzó un promedio de 26% con rangos de valores de 0 a 52%.

El valor predictivo del GDG debe tomarse con precaución, teniendo en cuenta que el cálculo de varianzas en caracteres cuantitativos está sujeto con frecuencia a considerable error experimental (Crow, 1986). Sin embargo, y aún aceptando valores reales de varianza genética más bajos que los calculados, debe considerarse que esa fracción, integrada por los componentes aditivos, de dominancia y epistáticos, es heredable en su totalidad en un sistema apomíctico. Esta condición es de indudable interés en el mejoramiento, al permitir la fijación de combinaciones heteróticas y/o epistáticas de alto valor agronómico (Fehr, 1991).

En un sistema de reproducción apomíctica la estructura y la dinámica poblacional es comparable a la de las especies autógamas con el predominio de los genotipos mejor adaptados. Si cada población está compuesta por un número reducido de genotipos, es probable que la variabilidad dentro de las poblaciones no supere a la variabilidad

entre las poblaciones (Stebbins, 1950; Jain, 1975; Loveless y Hamrick, 1984). Las diferencias significativas entre las medias poblacionales y la moderada o baja variabilidad genética intrapoblacional, inducen a suponer que ésta es la situación en las poblaciones en estudio.

Las divergencias genéticas en situaciones como éstas, en que las poblaciones se desarrollan en sitios de similitud ecológica, pueden explicarse por la acumulación de mutaciones diferentes y/o por el efecto de deriva genética. La deriva genética consiste en fluctuaciones genotípicas aleatorias, comunes en eventos migratorios o colonizadores, ya sea por el efecto fundador o por la ocurrencia de disturbios que disminuyen el tamaño de la población (Barrett y Husband, 1990).

El análisis de los componentes principales revela que la acumulación del porcentaje de traza de los dos primeros componentes expresa un 66% de la varianza total, siendo LREB, NSEB y LLHB los caracteres de mayor valor discriminante en orden de contribución en el componente 1, y NNM en el componente 2, como surge de la matriz de vectores (Cuadro 4).

En la Figura 1 el componente 1 facilita la discriminación de los genotipos de La Plata y Pereyra Iraola a lo largo de su eje respecto a los caracteres de mayor peso en ese componente, en tanto que el componente 2 permite separar los genotipos de Magdalena del resto.

La aplicación del método de componentes principales dio resultados que pueden interpretarse como coincidentes con la prueba de t en la comparación de medias, al establecer una aproximación aceptable en la diferenciación de las tres poblaciones, a pesar del número reducido de caracteres empleados.

Cuadro 4. Matriz de valores propios y contribución de los caracteres a los tres primeros componentes
Table 4. Eigen values and contribution of traits to the three first componentes

Componente	Autovalor	Porcentaje de traza	Acumulación de porcentaje	Contribución de los caracteres					
				NNM	LLHB	ALHB	NEP	NSEB	LREB
1	2,70621	45,10	45,10	-0,275	-0,737	-0,631	-0,368	-0,871	-0,891
2	1,23796	20,66	65,77	0,805	-0,124	-0,355	-0,619	0,195	0,172
3	0,77438	12,91	78,67	-0,243	0,270	0,426	-0,665	-0,050	-0,127
4	0,62097	10,35	89,02	–	–	–	–	–	–
5	0,55652	9,28	98,30	–	–	–	–	–	–
6	0,10126	1,70	100%	–	–	–	–	–	–

NNM = número de nudos por macolla; LLHB = largo de lámina de la hoja bandera; ALHB = ancho de lámina de la hoja bandera; NEP = número de espigas por panoja; NSEB = número de semillas por espiga basal; LREB = largo de raquis de la espiga basal.

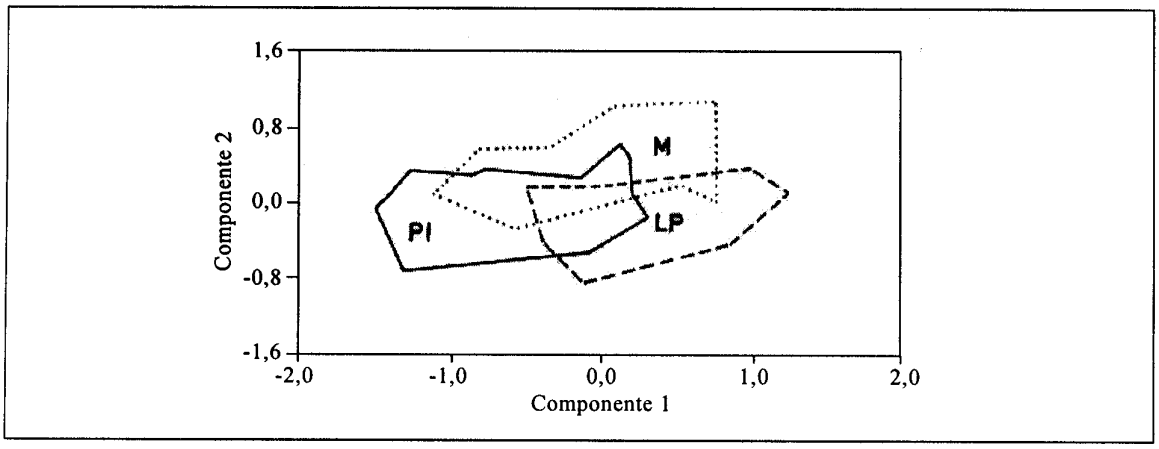

Figura 1. Dispersión de variabilidad.
Figure 1. Variability dispersion.

CONCLUSIONES

- La mayor parte de las diferencias entre medias poblacionales fue estadísticamente significativa.
- El GDG estimado para cuatro caracteres, en base a varianzas intrapoblacionales, en general no alcanzó magnitudes elevadas debido a un notorio predominio de la varianza ambiental.
- La variabilidad intrapoblacional no superó la variabilidad entre poblaciones.
- El método de componentes principales dio resultados coincidentes con la prueba de t en la diferenciación de las poblaciones.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a los Ingenieros Agrónomos E. Hoffmann y E.M. Oyhamburu, pertenecientes a la Cátedra de Praticultura y Forrajicultura de la Universidad Nacional de La Plata, la colaboración prestada en el muestreo de las poblaciones.

LITERATURA CITADA

Barrett, C.H., and B.C. Husband. 1990. The genetics of plant migration and colonization. p. 254-277. *In* A.H.D. Brown, M.T. Clegg, A.L. Hahler, and B.S. Weir. (eds.) Plant population genetics, breeding and genetic resources. Sinauer Associates Inc., Sunderland, USA.

Bashaw, E.C. 1980. Apomixis and its application in crop improvement. p. 45-63. *In* W. Fehr y H.H. Hadley (eds.) Hybridization of crop plants. Crop Science Society of America, Madison, Wisconsin, USA.

Bashaw, E.C., and E. Holt. 1958. Megasporogenesis, embryo sac development and embryogenesis in dallisgrass, *Paspalum dilatatum* Poir. Agron. J. 50:753-756.

Cicardini, E., J.M. Irazagui, y J.R. Orbea. 1984. Curvas de producción y calidad de forraje de ocho ecotipos de pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.). Revista Argentina Producción Animal 4:411-421.

Crow, J.F. 1986. Basic concepts in population, quantitative and evolutionary genetics. p. 110-148. Chapter 5. W.H. Freeman and Company, Nueva York, USA.

Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. p. 122-144. Chapter 8. A.W. Longman Limited, Essex, England.

Fehr, W.R. 1991. Principles of cultivar development. p. 381-387. Vol.1, Chapter 30. Macmillan Publishing Company, New York, USA.

Fernández Greco, R.C., y E.M. Viviani Rossi. 1997. Guía de reconocimiento de especies de campo natural. Materiales didácticos N° 13. 67 p. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Centro Regional Buenos Aires Sur, Balcarce. Argentina.

García, M.V., M.J. Arturi, y O.E. Ansín. 1994. Variabilidad fenotípica y genética en poblaciones naturales de *Paspalum dilatatum* Poir. p. 627 (Resumen). 11° Congreso Latinoamericano de Genética y 15° Congreso Mexicano de Fitogenética, 25-30 de septiembre, Monterrey, México.

Grant, V. 1989. Especiación vegetal. 587 p. Ed. Limusa, Distrito Federal, México.

Hanna, W.W., and E.C. Bashaw. 1987. Apomixis: Its identification and use in plant breeding. Crop Sci. 27:1136-1139.

Holt, E.C. 1956. Dallisgrass. p. 1-14. Bull. 829. Texas Agricultural Experiment Station, Texas, USA.

Jain, S.K. 1975. Population structure and the effect of breeding system. p. 15-36. *In* O.H. Frankel (ed.) Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow. Cambridge University Press, London, England.

Kearsey, M.J. and H.S. Pooni. 1996. The genetic analysis of quantitative traits. 381 p. Stanley Thornes Ltd., Cheltenham, Great Britain.

Loveless, M.D., and J.L. Hamrick. 1984. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. Annu. Rev. Ecol. Syst. 15:65-95.

Pahlen, A. 1986. Evaluation of genetic variability of some native forage plants. Boletín Genético 14. p. 1-6. Centro de Investigaciones en Ciencias Agropecuarias, Castelar, Argentina.

Pearson, A., and C. Shah. 1981. Effects of temperature on seed production, seed quality and growth of *Paspalum dilatatum*. J. Applied Ecol. 18: 897-905.

Rossengurt B., O. del Puerto, B. de Maffei, y A. Lombardo. 1982. Gramíneas. p. 70-77. Curso de Botánica. Universidad Nacional de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Producción Vegetal. Octubre de 1982, Montevideo, Uruguay.

Servicio Meteorológico Nacional. 1986. Estadística Climatológica N° 36. 170 p. Tomo I. Fuerza Aérea Argentina, Comando de Regiones Aéreas, Buenos Aires, Argentina.

Sneath, P.H.A., and R.R Sokal. 1973. Numerical taxonomy. 573 p. The principles and practice of numerical classification. W.H. Freeman and Co., San Francisco,USA.

Stebbins, G.L. 1950. Variation and evolution in plants. 643 p. The Columbia Biological Series. Editorial Columbia University, New York, USA.

Vignolio, O.R., E.C. Requens, y O.N. Fernández. 1991. Respuesta de *Paspalum dilatatum* a la sequía bajo condiciones experimentales. Revista Argentina Producción Animal 11:123-127.