

Control genético de crecimiento en vivero en colectas de *Prunus serotina*

Carlos Alberto Ramírez-Mandujano[✉], Pascual Vargas-Campos

Facultad de Biología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Edificio R, Ciudad Universitaria. Fco. J. Múgica s/n. Col. Felicitas del Río. Morelia, Michoacán; México (C. P. 58030).

Resumen

El Capulín (*Prunus serotina*) es un árbol común en las zonas boscosas templadas subhúmedas de México que se explota principalmente en la recolección de frutos silvestres y en huertos de traspatio, y que tiene potencial para aprovechamiento agroforestal. Es un recurso sub aprovechado y todavía poco estudiado, por lo que hacen falta estudios de todo tipo, incluyendo variación genética. En la primavera del año 2007 se recolectaron frutos de 40 individuos en nueve sitios del centro norte de Michoacán en altitudes desde 1950 hasta 2300 msnm. Se pusieron a germinar en vivero 240 semillas por árbol madre repartidas en tres repeticiones, se dejaron crecer por 80 días y se midió la altura de la plántula. Tres de las colectas no germinaron. Se hizo análisis de varianza bajo modelo aleatorio comparando las medias ajustadas por mínimos cuadrados (LS means), se estimaron componentes de varianza y heredabilidad, y se corrió análisis de regresión lineal. La altura media fue de 21.4 cm con un mínimo de 8 y máximo de 35. Hubo diferencias altamente significativas ($P < 0.0001$) entre sitios de colecta y entre colectas dentro de sitios. La heredabilidad en sentido estricto a nivel de familias fue de 0.91. No hubo diferencias significativas para bloques ni para la interacción bloque por sitio. La altura de la plántula tuvo asociación negativa y significativa con la altitud del sitio de colecta ($b=-25.15$, $P=0.02$). Se concluye que hay alta variabilidad que permite aplicar selección y que los resultados pueden ser evidencia de variación altitudinal.

Palabras clave: *Prunus serotina*, heredabilidad, variación genética altitudinal, ensayo de vivero.

Abstract

The Capulin (*Prunus serotina*) is a common tree in the sub-humid temperate wooded areas of Mexico that is mainly exploited in backyard gardens and the gathering of wild fruits, and has potential for agroforestry use. It is a sub utilized and still little studied resource. So studies of all kinds are needed, including genetic variation. In the spring of 2007 were collected fruits of 40 individuals at nine sites in the Central Northern Michoacán, at altitudes from 1950 up to 2300 m above sea level. They were germinated in the nursery 240 seeds per mother tree distributed in three replicates, then growing for 80 days, and measured the seedling height. Three of the collections did not germinate. Analysis of variance under random model was made, comparing averages adjusted by least squares (LS means), variance components and heritability were estimated, and regression analysis was run. The average height was 21.4 cm with a minimum of 8 and maximum of 35. There were highly significant differences ($P < 0.0001$) between collection sites and between accessions within sites. Family narrow sense heritability was 0.91. There were no significant differences between blocks and for the block by site interaction. The seedling height was negative and significantly correlated with the altitude of the collection site ($b=-25.15$, $P=0.02$). It is concluded that there is high genetic variability, and selection is possible. The results can be evidence of altitudinal variation.

Key words: *Prunus serotina*, heritability, altitudinal genetic variation, nursery evaluation.

Introducción

El Capulín (*Prunus serotina*) es un árbol común en las zonas boscosas templadas subhúmedas de México que se explota principalmente en la recolección de frutos silvestres y en huertos de traspatio, y que tiene potencial para aprovechamiento agroforestal. Frutal originario de América, se extiende actualmente desde Canadá hasta Guatemala. Se le encuentra en las regiones montañosas, en altitudes de hasta 2,500 msnm o más. Es una especie Secundaria, intolerante a la sombra, que se desarrolla principalmente en claros (pionera) y dominante en la sucesión secundaria. Se establece bien después de perturbaciones como el fuego, la tala y los ciclones. Los árboles nunca llegan a la parte alta del dosel de bosques en estadios sucesionales tardíos, pero sí hay plántulas en el sotobosque que pueden sobrevivir hasta 5 años (Conabio, 2014). Es un recurso sub aprovechado y todavía poco estudiado, por lo que hacen falta estudios de todo tipo, incluyendo variación genética. Las

especies cercanas *Prunus avium* y *Prunus cerasus* son intensamente aprovechadas y han sido y siguen siendo ampliamente estudiadas incluyendo el área de recursos genéticos (Ognjanov *et al.*, 2012). Se considera que aunque se conoce que hay variabilidad genética para la mayoría de los caracteres de interés, poco se sabe sobre su herencia (Iezzoni, 2008). Obtener información sobre diversidad y estructura genética de *Prunus* puede proveer información útil para la investigación y el mejoramiento y genético; conocer la heredabilidad de caracteres agronómicos importantes y el patrón de variabilidad genética formará una base de datos útil para incrementar la eficiencia de programas de mejoramiento al saber cómo un determinado carácter responderá a la selección (Carrasco *et al.*, 2013).

Algunos estudios sobre genética básica son los siguientes: Sobre el valor de heredabilidad, Santi *et al.* (1998) evaluaron 34 clones de *Prunus avium* en cinco localidades. La heredabilidad para el crecimiento entre los cero y dos años después de la plantación fue de 0.10. Curnel *et al.* (2003) evaluaron en 12 localidades a 19 clones seleccionados de *Prunus avium*. Para altura de planta al año del trasplante obtuvieron valor de heredabilidad en sentido amplio en base a clones de 0.74. Mencionan que a

✉ **Autor de correspondencia:** Carlos Alberto Ramírez-Mandujano. Facultad de Biología, UMSNH. Edificio R, Ciudad Universitaria. Fco. J. Múgica s/n. Col. Felicitas del Río. Morelia, Michoacán, México (C. P. 58030). Tel. y Fax 01 (443) 316-7412. e-mail: carmarm@prodigy.net.mx, cramirzm@umich.mx

esa edad hay influencia de las condiciones de vivero. Baliuckas *et al.* (2005) evaluaron en vivero 54 progenies de *Prunus padus* producto de polinización libre, de seis poblaciones recolectando semilla de árboles separados 40 m para disminuir el riesgo de consanguinidad. A los dos años la heredabilidad estimada para altura de planta fue 0.95. A los cinco años disminuyó a 0.24.

En otros géneros de angiospermas forestales tenemos que Roth (1970) hizo estimaciones de heredabilidad en sentido estricto en *Betula nigra* por regresión progenie - progenitor obteniendo un valor medio de 0.39 asociando datos de crecimiento anual en diámetro de los padres con la altura de la progenie; concluye que se puede hacer selección de progenies de rápido crecimiento a partir de progenitores de mayor crecimiento en diámetro. Ivkovich (1996) evaluó 90 clones de *Populus balsamifera* de tres orígenes encontrando diferencias entre los tres sitios de colecta; las estimaciones de heredabilidad para la tasa de crecimiento a los 10 años variaron de 0.03 a 0.30 para los tres orígenes. Sánchez *et al.* (2003) evaluaron 42 progenies de polinización libre de *Cedrela odorata* procedentes de siete sitios; a los cinco años la heredabilidad a nivel de familias para altura de planta fue de 0.62. Pâques (2004) evaluó 59 progenies de cruas dialélicas interespecíficas de árboles seleccionados de *Larix*. La heredabilidad en base a familias para altura total a los 11 años varió de 0.91 a 0.97. Halil *et al.* (2010) evaluaron 88 clones híbridos de *Poplar*. A los dos años de establecido el ensayo la heredabilidad para altura de planta fue de 0.62.

Las diferencias entre sitios de colecta y entre colectas dentro de sitios son comunes en los llamados ensayos de procedencias (Juárez *et al.*, 2006; Viveros-Viveros *et al.*, 2006; Benavides *et al.*, 2011), y a menudo se reporta variación geográfica cuando los sitios están muy retirados, pero hay también resultados similares de variación entre sitios cuando no hay mucha distancia entre ellos (Ivkovich, 1996). Variación en el crecimiento inversamente asociada con la altitud ha sido determinada en diferentes estudios (Biro y Christophe, 1983; Viveros-Viveros *et al.*, 2005; Sáenz-Romero *et al.*, 2006) lo que se explica por el hecho de que a menor altitud generalmente el periodo de crecimiento es mas largo por un invierno menos severo. Por el calentamiento global se ha sugerido que se realice una migración altitudinal asistida trasladando a mayor altitud a las poblaciones de las especies con el propósito de acoplar los genotipos al ambiente que se estima ocurrirá en un futuro cercano (Sáenz-Romero *et al.*, 2012), dado que se sabe que las poblaciones de especies forestales que tienen distribución natural a lo largo de un gradiente altitudinal tienden a diferenciarse genéticamente en caracteres cuantitativos como respuesta a selección por factores ambientales (Rehfeldt, 1993; Benowicz *et al.*, 2001). Variación altitudinal en el crecimiento en altura de plántula ha sido reportada en algunas coníferas mexicanas (Sáenz-Romero, 2003; Viveros-Viveros *et al.*, 2005; Sáenz-Romero *et al.*, 2006; Castellanos-Acuña *et al.*, 2013). Dicha variación puede ocurrir en intervalos tan pequeños como 200 m, como lo reporta Rehfeldt (1989) en *Pseudotsuga menziesii*.

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el crecimiento de progenies, la variación entre y dentro de sitios de colecta, explorar una posible variación altitudinal y estimar el valor de la heredabilidad.

Materiales y métodos

En la primavera del año 2007 se recolectaron frutos de 40 individuos en nueve sitios del centro norte de Michoacán: Huandacuca (1950 msnm, 19° 56' 14" N, 101° 44' 42" W), Tarejero (2000 msnm, 19° 49' 27" N, 101° 42' 38" W), Cuiinato (2050 msnm, 19° 47' 58" N, 101° 46' 42" W), Vista Hermosa (2300 msnm, 19° 49' 11" N, 101° 54' 48" W), Rancho Alegre (2100 msnm, 19° 49' 34" N, 101° 56' 36" W), Rancho Seco (2150 msnm, 19° 47' 07" N, 102° 01' 44" W), Pátzcuaro (2150 msnm, 19° 33' 11" N, 101° 35' 10" W), Eréndira (2200 msnm, 19° 48' 48" N, 101° 50' 42" W) y El Pueblito (2300 msnm, 19° 49' 04" N, 101° 55' 51" W). Para disminuir la probabilidad de consanguinidad y por ende de menor variabilidad entre las colectas, los frutos fueron recolectados de árboles separados por lo menos 50 m entre sí. Se pusieron a germinar en cama de siembra de vivero 240 semillas por árbol madre repartidas en tres repeticiones de 80. Una vez germinadas se trasplantaron a contenedores de capacidad de 1 L, se dejaron crecer por 80 días y se midió la altura de la plántula hasta el ápice. Tres de las colectas no germinaron. Se hizo análisis de varianza con el procedimiento GLM de SAS (SAS, 2003) bajo modelo aleatorio comparando las medias ajustadas por mínimos cuadrados (LS means) y se corrió análisis de regresión con el procedimiento REG. Se obtuvieron componentes de varianza genética con el procedimiento VARCOMP opción REML.

Para probar diferencias entre sitios de colecta y de colectas dentro de sitios el modelo fue:

$$Y_{ijkl} = \mu + s_i + b_j + s_i^*b_j + f(s)_{k(i)} + \epsilon_{ijkl}$$

Donde: Y_{ijkl} = variable respuesta, μ = media general, s_i = efecto del sitio i , b_j = efecto del bloque j , $s_i^*b_j$ = efecto de la interacción sitio por bloque, $f(s)_{k(i)}$ = efecto de la familia i (colecta o progenie) anidada en el sitio k , ϵ_{ijk} = error.

El modelo para estimar componentes de varianza fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + f_i + b_j + f_i^*b_j + \epsilon_{ijk}$$

Donde: Y_{ijk} = variable respuesta,
 μ = media general,
 f_i = efecto de la familia i (colecta o progenie),
 b_j = efecto del bloque j ,
 ϵ_{ijk} = error.

La **tabla 1** muestra el análisis de varianza, incluyendo el valor esperado de cuadrados medios bajo el modelo aleatorio.

A partir de allí el despeje de varianzas es el siguiente:

$$s^2_f = (M3-M2)/bn$$

$$s^2_{f^*b} = (M2-M1)/n$$

$$s^2_e = M1$$

Tabla 1. ANOVA para estimar los componentes de varianza.

F de V	g l	C. M.	C. M. E.
BLOQUES	b-1		
FAMILIAS	f-1	M3	$\frac{\sigma_e^2 + n\sigma_{fb}^2}{m\sigma_f^2} +$
FAM*BLO	(f-1)(b-1)	M2	$\sigma_e^2 + n\sigma_{fb}^2$
ERROR	fb(n-1)	M1	σ_e^2

F de V = fuentes de variación, g l = grados de libertad, C. M. = cuadrado medio, C. M. E. = cuadrado medio esperado, f = número de familias evaluadas, b = número de bloques, n = número de plantas muestreadas por unidad experimental.

Asumiendo que las colectas son familias de medios hermanos maternos a causa de polinización entomófila (Conabio, 2014) se estimó la heredabilidad en sentido estricto a nivel de familias (h_f^2) con la siguiente fórmula (Zobel y Talbert, 1992):

$$h_f^2 = \frac{\sigma_f^2}{\left[\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{fb}^2}{b} + \frac{\sigma_e^2}{b} \right]}$$

Donde:

σ_f^2 = Varianza entre familias,

σ_{fb}^2 = varianza de familias x bloques,

σ_e^2 = varianza del error.

Se estimaron también los valores de varianza aditiva y no aditiva de acuerdo a las fórmulas de Márquez y Sahagún (1994).

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_f^2$$

$$\sigma_D^2 = \sigma_e^2 - 3\sigma_f^2$$

Donde:

σ_A^2 = varianza aditiva,

σ_D^2 = varianza no aditiva,

σ_f^2 = varianza entre familias,

σ_e^2 = varianza del error.

Resultados

La altura media fue de 21.4 cm con un mínimo de 8 y máximo de 35. El resultado del análisis de varianza para probar diferencias entre sitios y entre familias dentro de sitios está en la **tabla 2**.

Hubo diferencias altamente significativas entre sitios de colecta y entre colectas dentro de sitios, que indican variabilidad inter e

intra localidades. No hubo diferencias significativas para bloques ni para la interacción bloque por sitio, muy probablemente por uniformidad ambiental en el vivero. Estos resultados muestran la factibilidad de aplicar selección. En la **tabla 3** aparece la separación de medias de sitios ajustadas ordenadas en la forma en que siempre se presentan los resultados cuando se aplica la prueba de Tukey.

El análisis de regresión dio como resultado que la altura de la plántula tuvo asociación negativa y no significativa ($b=-12.96$, $R^2=0.194$, $P=0.23$) con la altitud del sitio de colecta; sin embargo, eliminando el sitio Vista Hermosa, que resultó ser un valor atípico ("outlier"), la asociación negativa resulta significativa ($b=-25.15$, $R^2=0.631$, $P=0.02$) y podría indicar la existencia de variación altitudinal (**figura 1**).

En la **tabla 4** se muestran las nueve familias con los mayores valores de medias ajustadas y estadísticamente iguales entre sí. Entre ellas solo una rebasa la altitud de sitio de 2100 msnm.

La estimación de componentes de varianza estableció que la varianza de familias fue 39.01% del total, la interacción familias * bloques el 4.86%, la del error 56.12% y la de bloques fue cero. La varianza aditiva tuvo un valor de 42.04 y la varianza no aditiva un valor negativo que se considera cero. El valor de heredabilidad a nivel de familias fue de 0.91.

Discusión

Como ya se mencionó, las diferencias entre sitios de colecta y entre colectas dentro de sitios son comunes (Juárez *et al.*, 2006; Viveros-Viveros *et al.*, 2006; Benavides *et al.*, 2011). En el presente estudio los sitios de colecta están cercanos, pero también hay resultados similares de variación entre sitios cuando no hay mucha distancia entre ellos (Ivkovich, 1996). Entonces los resultados de esta evaluación no son tan diferentes de otros reportes y significan que hay suficiente variación tanto entre sitios de colecta como entre colectas dentro de sitios.

En cuanto a la existencia de variación altitudinal, que ha sido encontrada en varios estudios (Biot y Christophe, 1983; Sáenz-Romero, 2003; Viveros-Viveros *et al.*, 2005; Sáenz-Romero *et al.*, 2006; Castellanos-Acuña *et al.*, 2013), el análisis de regresión lineal muestra un cambio considerable de ($b=-12.96$, $R^2=0.194$, $P=0.23$) a ($b=-25.15$, $R^2=0.631$, $P=0.02$) si se incluye o se excluye a la localidad de Vista Hermosa. El valor de la pendiente se duplica, el ajuste se triplica y el valor de P se hace diez veces mas pequeño y pasa a ser significativo. Entonces se pudiera justificar la eliminación de dicha observación por su alta influencia en el modelo y los resultados pudieran indicar la existencia de variación altitudinal a favor de los sitios de menor altitud. El rango altitudinal muestreado es de 350 m, suficiente para que ocurra variación altitudinal, de acuerdo a Rehfeldt (1989), que encontró variación en intervalos tan pequeños como 200 m en *Pseudotsuga menziesii*. Los resultados

Tabla 2. Resultado del análisis de varianza para altura de plántula

F. de V.	GL	S de cuadrados	Cuadrado medio	Fc	Pr>F
Sitio	8	3889.506276	486.188284	30.64	<.0001
Bloque	2	70.051424	35.025712	2.21	0.1106
Sitio*Bloque	16	281.390986	17.586937	1.11	0.3420
fam (sitio)	28	2384.063589	85.145128	5.37	<.0001

Tabla 3. Medias ajustadas y altitud de los sitios de colecta. Medias con la misma letra son estadísticamente iguales.

Sitio	Altitud	LSMEAN	
Huandacuca	1950	28.2977	a
Cuinato	2050	24.9349	b
Vista Hermosa	2300	24.8484	b
Rancho Alegre	2100	22.5491	c
Tarejero	2000	20.3436	d
Eréndira	2200	20.2207	d
Rancho Seco	2150	19.5558	de
Pátzcuaro	2150	19.4528	de
El Pueblito	2300	18.4965	e

dan evidencia de variación altitudinal.

El valor de heredabilidad estimado a nivel de familias de 0.91 es alto comparando con la mayoría de los resultados de otros autores que trabajaron con el género *Prunus*: para Santi *et al.* (1998) $h^2 = 0.10$, para Curnel *et al.* (2003) $h^2 = 0.74$, para Baliuckas *et al.* (2005) $h^2 = 0.95$, que a los cinco años disminuyó a 0.24. Estos últimos autores son los que obtuvieron el valor mas cercano al aquí presentado y son los que utilizaron el mismo tipo de material genético que este trabajo (progenies de polinización libre, que son familias de medios hermanos maternos). En otras angiospermas, para Roth (1970) $h^2 = 0.39$ en *Betula nigra*, para Ivkovich (1996) $0.03 < h^2 < 0.30$, para Sánchez *et al.* (2003) en *Populus balsamifera* $h^2 = 0.62$, para Pâques (2004) en *Larix* $0.91 < h^2 < 0.97$, para Halil *et al.* (2010) $h^2 = 0.62$ en *Poplar*. Aunque ninguno de estos autores evaluaron progenies producto de polinización libre, Pâques (2004) utilizó progenies de cruzamientos artificiales que incluían medios hermanos paternos y hermanos completos, y sus resultados son los mas parecidos a los nuestros, seguidos de los de Sánchez *et al.* (2003), que también evaluaron progenies de polinización libre, que son familias de medios hermanos maternos.

Conviene siempre recordar que Suzuki *et al.* (1986) y Nyquist (1991) hacen hincapié en que las estimaciones de heredabilidad dan resultados diferentes en cada población y cada ambiente y

Tabla 4. Mayores medias ajustadas para familias y sitio de colecta.

Altura de plántula	Familia	Sitio	Altitud
28.719	29	Cuinato	2050
28.352	35	Huandacuca	1950
28.2433	34	Huandacuca	1950
27.2531	3	Rancho Alegre	2100
27.0114	26	Cuinato	2050
26.9476	11	Vista Hermosa	2300
26.2382	6	Rancho Alegre	2100
25.9247	31	Cuinato	2050
25.5582	30	Cuinato	2050

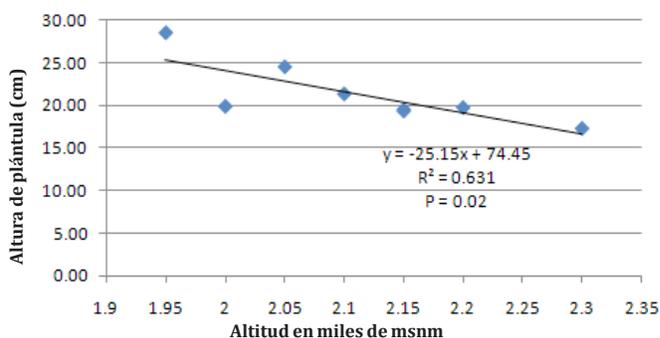


Figura 1. Altura de plántula vs altitud para 8 de los sitios. Relación entre la altitud del sitio de colecta y el crecimiento en vivero dejando fuera al sitio de Vista Hermosa.

que no pueden ser extrapoladas de una población y un conjunto de ambientes a otros. Entonces el valor aquí estimado es válido para las poblaciones muestreadas y el ambiente de vivero en que fueron evaluadas. Por el alto valor estimado de 0.91, se espera que la selección de progenies de mayor crecimiento tenga buena respuesta en dichas condiciones.

Conclusiones

Las familias de mayor crecimiento, con los mas altos valores ajustados de altura de plántula fueron: 29, 35, 34, 3, 26, 11, 6, 31 y 30. Existen diferencias genéticas para crecimiento entre y dentro de las poblaciones de *Prunus serotina* muestreadas. Sólo una de las nueve colectas de mayor crecimiento procede de una altitud mayor a 2100 msnm. Los resultados dan evidencia de que es necesaria la zonificación altitudinal. Hay alta variabilidad y un alto valor de heredabilidad (0.91) que permitirá una buena respuesta al aplicar selección en las condiciones en que se llevó a cabo el ensayo.

Agradecimientos

A la Coordinación de la Investigación Científica de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, por el financiamiento del presente trabajo.

Referencias

Baliuckas V, Lagerström T, Norell L, Eriksson G. 2005. Genetic Variation Among and Within Populations in Swedish Species of *Sorbus aucuparia* L. and *Prunus padus* L. Assessed in a Nursery Trial. *Silvae Genetica* 54(1): 1-8.

Benavides MHM, Gazca GMO, López LSE, Camacho MF, Fernández GDY, De la Garza L de LMP, Nepamuceno MF. 2011. Crecimiento inicial en plántulas de 12 procedencias de *Pinus bartwegii* Lindl. Bajo condiciones de vivero. *Rev. Mexicana de Ciencias Forestales* 2(5): 73-89. Disponible en <http://revistas.inifap.gob.mx/index.php/Forestales/article/view/177/168> octubre de 2014.

Benowicz A, L'Hirondelle S, El-Kassaby YA. 2001. Patterns of genetic variation in mountain Hemlock (*Tsuga mertensiana* (Bong.) Carr.) with respect to height growth and frost hardiness. *Forest Ecology and Management* 154(1-2): 23-33.

Biro Y, Christophe C. 1983. Genetic structures and expected genetic gains from multitrail selection in wild populations of Douglas fir and Sitka spruce. *Silvae Genetica* 32: 141-151.

- Carrasco B, Meisel L, Gebauer M, García-Gonzales R, Silva H.** 2013. Breeding in peach, cherry and plum: from a tissue culture, genetic, transcriptomic and genomic perspective. *Biological Research* 46(3): 219-230. Disponible en <http://www.scielo.cl/pdf/bres/v46n3/art01.pdf> octubre de 2014.
- Castellanos-Acuña D, Sáenz-Romero C, Lindig-Cisneros RA, Sánchez-Vargas NM, Lobbit Phillipe, Montero-Castro JC.** 2013. Variación altitudinal entre especies y procedencias de *Pinus pseudostrabus*, *P. devoniana* y *P. leiophylla*. Ensayo de vivero. *Revista Chapingo. Serie Ciencias Forestales y del Ambiente*. 19(3): 399-411. Disponible en <http://scielo.unam.mx/pdf/rcscfa/v19n3/v19n3a8.pdf>
- Conabio.** 2014. *Prunus serotina*. Disponible en http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/60-rosac6m.pdf enero de 2014.
- Curnel Y, Jacques D, Nanson A.** 2003. First Multisite Clonal Test of Wild Cherry (*Prunus avium* L.) in Belgium. *Silvae Genetica* 52(2): 45-52. Disponible en http://www.silvaegetica.de/fileadmin/content/dokument/archiv/silvaegetica/52_2003/52-2-45.pdf
- Halil Baris Özel, Murat Ertekin, Korhan Tunçtaner.** 2010. Genetic variation in growth traits and morphological characteristics of eastern cottonwood (*Populus deltoides* Bartr.) hybrids at nursery stage. *Scientific Research and Essays* 5(9): 962-969. Disponible en http://academicjournals.org/article/article1380621230_Ozel%20et%20al.pdf octubre de 2014.
- Lezzoni AF.** 2008. Cherries. In: Hancock JF (ed.), *Temperate Fruit Crop Breeding*. Springer USA. pp. 151-176.
- Ivkovich M.** 1996. Genetic Variation of Wood Properties in Balsam Poplar (*Populus balsamifera* L.). *Silvae Genetica* 45(2-3): 119 - 124. Disponible en http://www.allgemeineforstundjagdzeitung.com/fileadmin/content/dokument/archiv/silvaegetica/45_1996/45-2-3-119.pdf octubre de 2014.
- Juárez AA, López UJ, Vargas HJJ, Sáenz RC.** 2006. Variación Geográfica en la Germinación y Crecimiento Inicial de Plántulas de *Pseudotsuga menziesii* de México. *Agrociencia* 40(6): 783-792. Disponible en <http://www.colpos.mx/agrocien/Bimestral/2006/nov-dic/art-10.pdf> octubre de 2014.
- Márquez SF, Sahagún CJ.** 1994. Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica* 39: 197-201.
- Nyquist WE.** 1991. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. *Critical Reviews in Plant Sciences* 10(3): 235-322.
- Ognjanov V, Ljubojević M, Ninić-Todorović J, Bošnjaković D, Barać G, Čukanović J, Mladenović E.** 2012. Morphometric diversity in dwarf sour cherry germplasm in Serbia. *The Journal of Horticultural Science & Biotechnology* 87(2): 117-122.
- Pâques LE.** 2004. Roles of European and Japanese larch in the genetic control of growth, architecture and wood quality traits in interspecific hybrids (*Larix* × *eurolepis* Henry). *Annals of Forest Science*. 61: 25-33. Disponible en <http://www.afs-journal.org/articles/forest/pdf/2004/01/F4103.pdf> octubre 2014
- Rehfeldt GE.** 1989. Ecological adaptations in Douglas-Fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *glauca*): a Synthesis. *Forest Ecology and Management*. 28(3-4): 203-215.
- Rehfeldt GE.** 1993. Genetic variation in the *Ponderosae* of the southwest. *American Journal of Botany*. 80(3): 330-343.
- Roth PL.** 1970. Phenotypic Variation in River Birch (*Betula nigra* L.). *Proceedings of the Eightieth Indiana Academy of Science. Ecology*. 225-229. Disponible en <https://journals.iupui.edu/index.php/ias/article/viewFile/6777/6982>. Octubre de 2014.
- Sáenz-Romero C, Rehfeldt GE, Duval P, Lindig-Cisneros RA.** 2012. *Abies reiligiosa* habitat prediction in climatic change scenarios and implications for monarch Butterfly conservation in Mexico. *Forest Ecology and Management* 275: 98 - 106. Disponible en http://www.fs.fed.us/rm/pubs_other/rmrs_2012_saenz_romero_c001.pdf octubre de 2014.
- Sáenz-Romero C, Guzmán-Reyna R, Rehfeldt GE.** (2006). Altitudinal genetic variation among *Pinus oocarpa* populations in Michoacán, México; implications for seed zoning, conservation of forest genetic resources, tree breeding and global warming. *Forest Ecology and Management*. 229: 340-350.
- Sáenz-Romero C.** 2003. Planning forest genetic resource conservation units for non-endangered Mexican pines. In: Bealieu J (ed.), *Silviculture and the conservation of genetic resources for sustainable forest management*. Information report LAU-X-128. Laurentian Forestry Center, Canadian Forest Service, Natural Resources Canada. Proc Symp. North American Forest Commission, Forest Genetic Resources Study Group, and the International Union of Forest Res. (IUFRO). Québec City, Canada. 37-42.
- Sánchez MV, Salazar GJG, Vargas HJJ, López UJ, Jasso MJ.** 2003. Parámetros genéticos y respuesta a la selección en características del crecimiento de *Cedrela odorata* L. *Revista Fitotecnia Mexicana* 26(1): 19-27. Disponible en <http://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/26-1/3a.pdf> octubre de 2014.
- Santi F, Muranty H, Dufour J, Paques Le.** 1998. Genetic Parameters and Selection in a Multisite Wild Cherry Clonal Test. *Silvae Genetica* 47(2-3): 61-67. Disponible en http://www.silvaegetica.com/fileadmin/content/dokument/archiv/silvaegetica/47_1998/47-2-3-61.pdf octubre de 2014.
- SAS Institute.** 2003. *SAS version 9.1.3 for Windows*. SAS Institute, Inc. Cary, NC.
- Suzuki DT, Griffiths AJF, Miller JH, Lewontin RC.** (1986). *An introduction to Genetic Analysis*. Third edition. W. H. Freeman and Co., New York. 612 pp.
- Viveros-Viveros H, Sáenz-Romero C, López-Upton J, Vargas-Hernández J.** 2005. Variación genética altitudinal en el crecimiento de plantas de *Pinus pseudostrabus* Lindl en campo. *Agrociencia* 39(5): 575-587. Disponible en <http://www.colpos.mx/agrocien/Bimestral/2005/sep-oct/art-11.pdf> octubre de 2014.
- Viveros-Viveros H, Sáenz-Romero C, López-Upton J, Vargas-Hernández J.** 2006. Variación entre procedencias de *Pinus pseudostrabus* establecidas en dos sitios en Michoacán, México. *Rev. Fitotecnia Mexicana*. 29(2): 121-126. Disponible en <http://www.redalyc.org/pdf/610/61029204.pdf> octubre de 2014.
- Zobel B, Talbert J.** 1992. *Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales*. Limusa. México, D. F. 545 p.