

Genetic relationships in accessions of mexican maize races (*Zea mays* L.)

Relaciones genéticas en muestras de razas mexicanas de maíz (*Zea mays* L.)

Barrera-Guzmán Luis A.¹; Legaria-Solano Juan P.^{1*}

¹Universidad Autónoma Chapingo. Texcoco de Mora, Estado de México, México. C.P. 56230.

*Autor para correspondencia: legarias.juan@yahoo.com

ABSTRACT

Objective: Characterize representative accessions of mexican maize races with ISSR molecular markers, which help to infer genetic relationships linked to their origin, morphology, ecogeographic aspects, distribution and uses.

Design/methodology/approach: 54 representative accessions of mexican maize races characterized with ten ISSR molecular markers were used. Genetic distances were calculated with the Dice coefficient and the dendrogram was generated using the hierarchical clustering method of Ward's minimum variance. To visualize the accessions in two dimensions, a Principal Coordinate Analysis was carried out with the standardized minimum variance method.

Results: In 76 loci detected, the cluster analysis with a semi-partial R^2 of 0.04 build five groups that shared phylogenetic, ecogeographic, morphoagronomic, distribution and special use characteristics. The main coordinate analysis showed 21.2% of the total variation for the first two coordinates. First main coordinate explained 12.43% of the total variation and separated the accessions by geographical location and special uses, that is, those used for breeding programs and for special culinary uses; second main coordinate explained 8.77% of the total variation and separated the samples by altitudinal ranges and biological cycle.

Limitations on study/implications: Only one representative accession was used for each maize race, considering the genetic variability of this crop, more accessions of the same race should be included.

Findings/conclusions: Genetic relationships between race accessions are due to altitudinal and geographical patterns; although some groupings shared phylogenetic, morpho-agronomic, distribution and use aspects.

Keywords: Genetic variability, plant genetic resources, molecular characterization, integral classification.

RESUMEN

Objetivo: Caracterizar muestras representativas de razas mexicanas de maíz con marcadores moleculares ISSR, que ayuden a inferir relaciones genéticas vinculadas a su origen, morfología, aspectos ecogeográficos, distribución y usos.

Diseño/metodología/aproximación: Se emplearon 54 muestras representativas de razas mexicanas de maíz caracterizadas con diez marcadores moleculares ISSR. Las distancias genéticas se calcularon con el coeficiente Dice y se generó un dendrograma con el método de agrupamiento jerárquico de varianza mínima de Ward. Para visualizar las muestras en dos dimensiones se efectuó un Análisis de Coordenadas Principales con el método de varianza mínima estandarizada.

Agroproductividad: Vol. 13, Núm. 3, marzo. 2020, pp: 3-9.

Recibido: agosto, 2019. **Aceptado:** febrero, 2020.

Resultados: En 76 loci detectados, el análisis de agrupamiento con una R^2 semiparcial de 0.04 formó cinco grupos que compartieron características filogenéticas, ecogeográficas, morfoagronómicas, de distribución y usos especiales. El análisis de coordenadas principales mostró 21.2 % de la variación total para las dos primeras coordenadas. La primera coordenada principal explicó el 12.43 % de la variación total y separó las muestras por ubicación geográfica y usos especiales; la segunda coordenada principal explicó el 8.77 % de la variación total y separó las muestras por rangos altitudinales y ciclo biológico.

Limitaciones del estudio/implicaciones: Se empleó únicamente una muestra representativa por cada raza de maíz, considerando la variabilidad genética de este cultivo se deben incluir más muestras de la misma raza.

Hallazgos/conclusiones: Las relaciones genéticas entre las muestras de razas de maíz obedecen a patrones altitudinales y geográficos; aunque algunos agrupamientos compartieron aspectos filogenéticos, morfoagronómicos, de distribución y usos.

Palabras clave: variabilidad genética, recursos fitogenéticos, caracterización molecular, clasificación integral.

Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) y de la Universidad Autónoma Chapingo, de esta última únicamente se estudiaron las muestras SCC-07, LSC-2, ROP-7142, S109093, ASV-Mich y PSP-005 (Cuadro 1).

Extracción y calidad de ADN y amplificación de fragmentos

Se recolectó material vegetal de diez individuos por muestra para realizar la extracción de ADN genómico mediante el protocolo CTAB. Para la calidad de ADN se realizó electroforesis en geles de agarosa al 0.8 % (p/v) con el amortiguador Tris-Acetate-EDTA (TAE 0.5 X) (Tris-Base, ácido acético y EDTA 0.5 M pH 8.0). Los fragmentos fueron teñidos en bromuro de etidio a 1 mg L^{-1} (p/v) y se visualizaron en un sistema de foto documentación Kodak EDAS 290. El ADN se cuantificó con el espectrofotómetro Genesys™ 10 uv (Thermo Scientific, U.S.A), posteriormente se elaboró una mezcla compuesta de ADN de los diez individuos por muestra y se diluyó a $10 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$ para llevar a cabo las PCR.

Se usaron diez iniciadores ISSR con secuencias 5'-3': ISSR-7945 (GA)₉T, ISSR-P2 CT(GA)₈G, ISSR-P5 A(GA)₇G, ISSR-A8 A(GA)₇GT, ISSR-7942 (GA)₈T, ISSR-7962 A(GA)₇GC, ISSR-7940 A(GA)₆GT, ISSR-7943 A(GA)₈GC, ISSR-7956 A(GA)₂CA(GA)₄GC e ISSR-7957 A(CA)₆CG en un termociclador Techne TC-512 (Bibby Scientific, Vernon Hills, Illinois, U.S.A.). Un volumen total de $25 \mu\text{L}$: $3.2 \mu\text{L}$ de agua bidestilada estéril, $10 \mu\text{L}$ de dNTP's ($500 \mu\text{M}$), 2.5 mL de amortiguador (10X), $2 \mu\text{L}$ de MgCl_2 (50 mM), $4 \mu\text{L}$ de ADN (10 ng mL^{-1}), $3 \mu\text{L}$ de iniciador ($10 \text{ pmol } \mu\text{L}^{-1}$) y $0.3 \mu\text{L}$ de Taq ADN Polimerasa (5 U mL^{-1}) (Thermo Scientific, USA). Las condiciones de reacción fueron: a) un ciclo de desnaturalización inicial a $94 \text{ }^\circ\text{C}$

INTRODUCCIÓN

La selección artificial de teocintle (*Zea mays* spp. *parviglumis* Iltis y Doebley) originó la subespecie cultivada, el maíz (*Zea mays* spp. *mays* L.). La evidencia arqueológica apunta a México como centro de origen, domesticación y diversificación del maíz (Matsuoka *et al.*, 2002; Doebley *et al.*, 1990). La riqueza ecogeográfica y cultural de México han influenciado en la formación de una amplia variabilidad de maíces en su estructura morfológica y genética, y estos grupos se conocen como razas de maíz y tienen una importancia en el ámbito cultural y económico del país (Sánchez *et al.*, 2000). Estudios morfológicos, bioquímicos y genéticos han explicado, entre varias cosas, las relaciones genealógicas de las razas de maíz (Wellhausen *et al.*, 1951). Esto es importante ya que permite conocer indicios filogenéticos y ecogeográficos, elementos que contribuyen a maximizar el uso del germoplasma nativo destinado a estrategias de conservación y mejoramiento genético (Wellhausen *et al.*, 1951; Sánchez *et al.*, 2000). Los marcadores moleculares basados en PCR (Reacción en Cadena de la ADN Polimerasa), entre ellos las Inter-Secuencias Simples Repetidas (ISSR) diseñados por Zietkiewics *et al.* (1994), son de tipo dominante y debido al alto número de loci analizados permiten hacer estudios de estructura poblacional, diversidad genética, ecogeografía y clasificación de genotipos (Fuentes *et al.*, 2019). El objetivo de este estudio fue caracterizar 54 muestras representativas de razas mexicanas de maíz con marcadores moleculares ISSR, que ayuden a inferir relaciones genéticas vinculadas a su origen, morfología, aspectos ecogeográficos, distribución y usos, con el fin de contribuir a una clasificación integral que permita maximizar los recursos fitogenéticos de maíz.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se caracterizaron 54 muestras representativas de razas mexicanas de maíz provenientes de los bancos de germoplasma del Centro Internacional de

Cuadro 1. Muestras representativas de 54 razas de maíz caracterizadas usando marcadores moleculares ISSR.

Raza	Muestra	Altitud (msnm)	Provincia geográfica de colecta
Ancho	MORE-43	1630	Eje Neovolcánico
Apachito	CHIH-184	1428	Sierras y Llanuras del Norte
Arrocillo Amarillo	VERA-393	1494	Eje Neovolcánico
Azul	CHIH-147	2163	Sierra Madre Occidental
Blando de Sonora	SONO-117	435	Sierra Madre Occidental
Bofo	DURA-95	1403	Sierra Madre Occidental
Bolita	OAXA-180	1493	Sierra Madre del Sur
Cacahuacintle	MEXI-371	2565	Mesa Central
Celaya	GUAN-69	1786	Eje Neovolcánico
Chalqueño	MEXI-718	2534	Eje Neovolcánico
Chapalote	SINA-2	44	Llanura Costera del Pacífico
Chiquito	SCC-07	1477	Eje Neovolcánico
Comiteco	CHIS-24	644	Cordillera Centroamericana
Conejo	GUER-129	122	Sierra Madre del Sur
Cónico	MEXI-3	2666	Eje Neovolcánico
Cónico Norteño	GUAN-102	1780	Eje Neovolcánico
Coscomatepec	VERA-404	1355	Eje Neovolcánico
Cristalino de Chihuahua	CHIH-128	1435	Sierras y Llanuras del Norte
Dulce de Jalisco	LSC-2	1505	Eje Neovolcánico
Dulcillo del Noroeste	SIN-79	139	Sierra Madre Occidental
Dzit-Bacal	YUCA-145	19	Península de Yucatán
Elotero de Sinaloa	SINA-17	55	Llanura Costera del Pacífico
Elotes Chalqueños	ROP-7142	2417	Eje Neovolcánico
Elotes Cónicos	SI09093	2191	Eje Neovolcánico
Elotes Occidentales	GUAN-1	2051	Mesa Central
Gordo	CHIH-160	2062	Sierra Madre Occidental
Harinoso de Ocho	NAYA-24	8	Llanura Costera del Pacífico
Jala	NAYA-6	1089	Cordillera Costera Occidente
Motozinteco	CHIS-652	1355	Cordillera Centroamericana
Mushito	MICH-194	2457	Eje Neovolcánico
Nal-Tel	CAMP-63	11	Península de Yucatán
Nal-Tel de altura	CHIS-196	2430	Sierras de Chiapas y Guatemala
Olotillo	CHIS-599	1060	Sierras de Chiapas y Guatemala
Olotón	CHIS-238	1961	Sierras de Chiapas y Guatemala
Onaveño	SONO-184	1529	Sierra Madre Occidental
Palomero de Chihuahua	CHIH-135	2163	Sierra Madre Occidental
Palomero Toluqueño	MEXI-5	2594	Eje Neovolcánico
Pepitilla	GUER-3	1348	Cordillera Costera Occidente
Purépecha	ASV-Mich	2198	Eje Neovolcánico
Ratón	TAMA-25	484	Llanura Costera Golfo Norte
Reventador	NAYA-39	9	Llanura Costera del Pacífico
Serrano de Jalisco	JALI-173	2315	Sierra Madre Occidental
Tablilla de Ocho	ZACA-187	2183	Sierra Madre Occidental
Tabloncillo	JALI-43	878	Cordillera Costera de Occidente
Tabloncillo Perla	PSP-005	126	Sierra Madre Occidental
Tehua	CHIS-297	1539	Sierras de Chiapas y Guatemala
Tepecintle	CHIS-58	33	Cordillera Centroamericana
Tuxpeño	VERA-39	17	Llanura Costera Golfo Norte
Tuxpeño Norteño	CHIH-13	1203	Sierras y Llanuras del Norte
Uruapeño	MICH-65	1686	Eje Neovolcánico
Vandeno	CHIS-30	42	Cordillera Centroamericana
Zamorano Amarillo	JALI-518	2017	Eje Neovolcánico
Zapalote Chico	OAXA-48	19	Cordillera Centroamericana
Zapalote Grande	CHIS-236	21	Cordillera Centroamericana

durante 3 min; b) 30 ciclos a 94 °C durante 1 min, 50 °C por 1 min, 72 °C por 2 min y c) un ciclo de extensión final a 72 °C durante 10 min. Los fragmentos amplificados se separaron en electroforesis con geles de agarosa al 1.2% (p/v) a 120 V durante una hora. Para la tinción y la visualización de bandas se siguió el mismo procedimiento para comprobar la calidad de ADN. Se elaboró una matriz básica de presencia/ausencia de bandas (1, 0). Las distancias genéticas se obtuvieron acorde al coeficiente Nei (1975) con el programa GeneAEx 6.5 (Peakall y Smouse, 2012). Con la matriz de distancias genéticas se empleó el programa SAS® University Edition (2015) para generar el dendrograma con el coeficiente Nei y el método de agrupamiento jerárquico de varianza mínima de Ward. Para visualizar las muestras en dos dimensiones se efectuó un Análisis de Coordenadas Principales (ACoP),

mismo que se obtuvo con la matriz de distancias y el método de covarianza mínima estandarizada con el programa GeneAEx 6.5 (Peakall y Smouse, 2012). En ambos análisis estadísticos se realizó un remuestreo de 1000 permutaciones.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de agrupamiento mostró que a una distancia R^2 semi parcial de 0.04 se obtuvieron cinco grandes grupos (Figura 1). En cuanto a su rango de adaptación a la altitud, se clasificaron en altitudes bajas ($0 < 1000$ m), intermedias ($1000 < 1800$ m) y altas ($1800 < 2800$ m); para su ciclo biológico en materiales precoces (70-80 d a floración masculina) y tardíos (88-110 d a floración masculina) (Wellhausen *et al.*, 1951; Sánchez *et al.*, 2000).

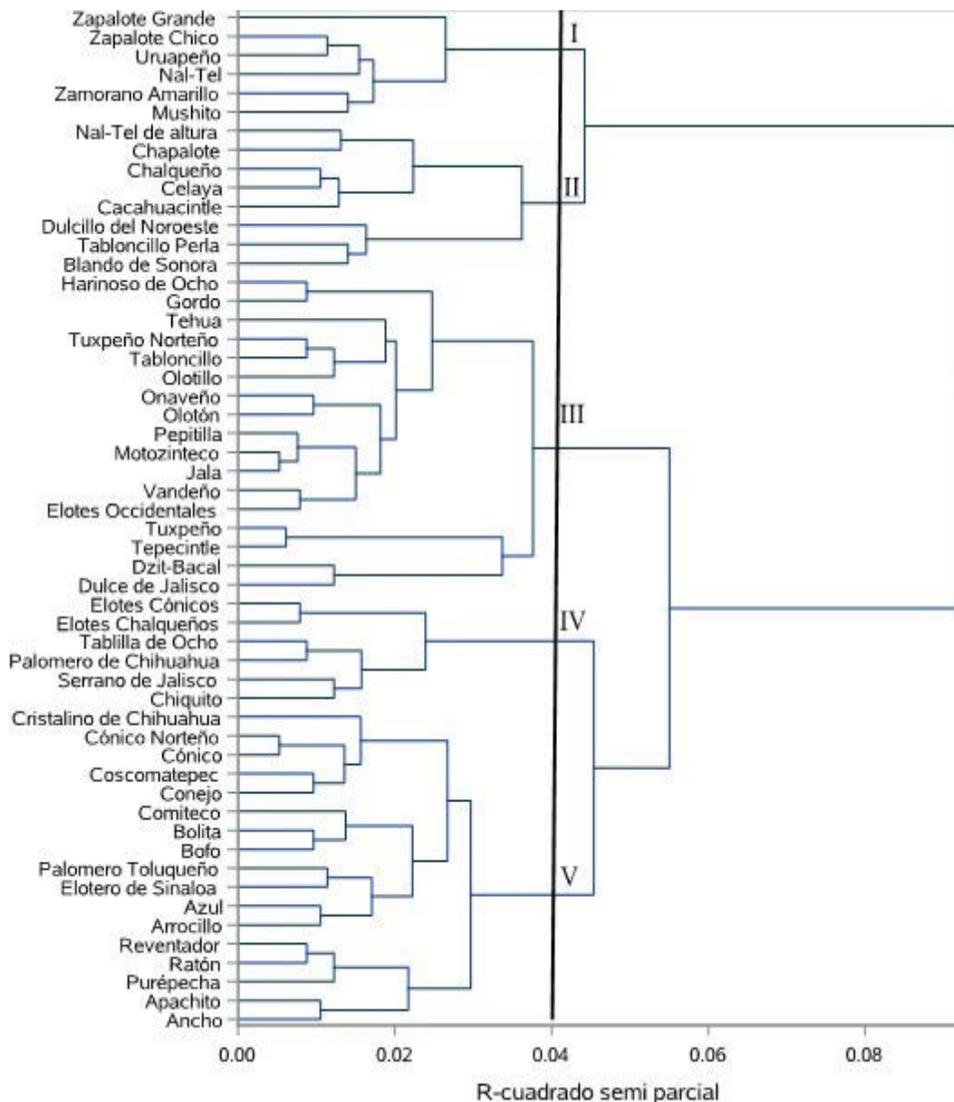


Figura 1. Dendrograma de 54 muestras de *Zea mays* L., construido con base en el coeficiente Dice y con el método de agrupamiento jerárquico de varianza mínima Ward. Los números romanos indican los grupos.

Grupo I

Estas razas tienen la peculiaridad de tener mazorcas cónicas y distribuirse en forma restringida según su zona fisiográfica de colecta. Nal-Tel, Zapalote Grande y Zapalote Chico se les puede encontrar en bajas altitudes; Uruapeño, Zamorano Amarillo y Mushito se desarrollan en intermedias y altas altitudes (Ruíz *et al.*, 2013). En este estudio las muestras de Uruapeño, Zamorano Amarillo y Mushito pertenecen al Eje Neovolcánico. Del total de las muestras recolectadas para Zamorano Amarillo y Mushito, el 60% y 40% respectivamente, han sido obtenidas de la Cordillera Costera de Occidente (Perales y Golicher, 2014). Estas razas se emplean y consumen como elotes, así como en la elaboración de tamales, tortillas, totopos, pozol, gorditas y corundas (CONABIO, 2011).

Grupo II

Chapalote es una raza antigua y es una de las precursoras en la formación de razas del norte y occidente de México (Wellhausen *et al.*, 1951). Entre ellas y dentro de este grupo, se encuentran Dulcillo del Noreste, Blando de Sonora y Tabloncillo Perla; por otra parte estas tres razas también tienen adaptación a climas semicálidos, de 20-27 °C con 500-870 mm de lluvia (Ruíz *et al.*, 2008). Nal-Tel de altura ha adquirido especialización adaptativa en altitudes altas, a tal grado de separarse considerablemente en su estructura morfológica e isoenzimática de Nal-Tel (Sánchez *et al.*, 2000). El origen de Chalqueño tiene introgresión de Cacahuacintle (Reif *et al.*, 2006). Estas razas se consumen en forma de elotes, tortillas, ponteduro, pinole, atoles (tesgüino) (CONABIO, 2011).

Grupo III

En este grupo se encuentran maíces de Ocho hileras, Dentados tropicales y Maduración tardía descritos morfológicamente por Sánchez *et al.* (2000). La raza Tepecintle derivó a Tuxpeño, y este a su vez a Tuxpeño Norteño por posibles rutas de diversificación (Kato *et al.*, 2009). Elotes Occidentales fue clasificada como una sub-raza de Harinoso de Ocho; sin embargo, en perfiles isoenzimáticos difieren significativamente (Sánchez *et al.*, 2000). Dzit-Bacal era considerada una sub-raza de Olotillo, a pesar de que son materiales tardíos, Olotillo puede distribuirse en altitudes intermedias. Dzit-Bacal y Dulce de Jalisco están muy cercanas, y ambas razas tienen mazorca cilíndrica, con distribución restringida y poco representadas en bancos de germoplasma (Perales y Golicher, 2014).

El resto de las razas poseen granos cristalinos, tales como Apachito, Azul, Cristalino de Chihuahua y Serrano de Jalisco. Harinoso de Ocho es más cercana a Gordo, posibles rutas de migración desde la Macro región Occidental de México a la Macro región Norte (Kato *et al.*, 2009) ocasionaron la introgresión de germoplasma de Harinoso de Ocho a Gordo, razón por la cual presenta los granos característicos y consistencia harinosa. La raza Tabloncillo es producto de una hibridación entre Harinoso de Ocho y Reventador (no presente en este grupo) (Wellhausen *et al.*, 1951), corroborado a su vez con marcadores moleculares microsatélite (Reif *et al.*, 2006). Tepecintle junto con Olotillo, han participado en la formación de Tuxpeño y Vandeño, éste último relacionado en la formación de Pepitilla. González *et al.* (2013) encontraron hasta 20 alelos raros en muestras conjuntas de Dzit-Bacal, Jala, Olotillo, Tepecintle, Tuxpeño y Vandeño que pueden ser incorporados a los programas de mejoramiento.

Grupo IV

Este grupo posee características morfo agronómicas en común, por ejemplo, tienen mazorca cilíndrica, granos dentados o semidentados y se desarrollan en altitudes intermedias y altas. Algunas de ellas como Palomero de Chihuahua, Serrano de Jalisco y Chiquito tienen distribución restringida y están poco representadas (Perales y Golicher, 2014). No parecen tener relaciones filogenéticas. Sus mazorcas generan buena calidad de nixtamal, atole, pozole, elote, palomitas, tortillas y pinole (CONABIO, 2011).

Grupo V

Para el grupo V, las muestras de Coscomatepec, Cónico y Cónico Norteño fueron recolectadas en el Eje Neovolcánico transversal, compartiendo la característica de granos dentados, mientras que el Cónico Norteño es una adaptación de la raza Cónico a la zona templada del norte de México; sin embargo, ambas se cultivan en altitudes intermedias y son de ciclo corto (Wellhausen *et al.*, 1951). Las muestras de estas razas pertenecen mayoritariamente a una o pocas regiones geográficas (Perales y Golicher 2014). Las razas Bofo y Bolita tienen mazorcas cilíndricas, con distribución en el occidente de México en altitudes intermedias presentando ciclo corto y son empleados por grupos humanos para usos culinarios especiales, al igual que Palomero Toluqueño, Elotero de Sinaloa, Arrocillo, Reventador y Azul (Sánchez *et al.*, 2000). Ratón

y Reventador tienen una mazorca cilíndrica y tienen adaptación a climas semicálidos y cálidos con 500-780 mm de lluvia (Ruiz *et al.*, 2008). Son materiales muy apreciados por su alta calidad para fabricar atole, tortillas, tamales, pozole, gorditas, pozol, pinole, tesgüino, esquites y tostadas (CONABIO, 2011), mientras que las muestras de Purépecha requieren más estudios de caracterización morfo genética.

Las dos primeras coordenadas principales (Figura 2) explican el 21.2% de la variación total. La primera coordenada explica el 12.43% y la segunda coordenada el 8.77%. Respecto a la coordenada 1 (Figura 2), maíces precoces del centro y norte de México tienden a ubicarse en la parte inferior; en la parte superior de la coordenada 1 se encuentran maíces precoces dentados del sur, en este mismo hemisferio muchos de estos maíces tienen usos especiales culinarios y con potencial para la industria. En función de la coordenada dos, maíces que se desarrollan en altitudes bajas e intermedias con distribución de moderada a alta, ciclo biológico corto, con granos dentados y harinosos se aglomeraron en el hemisferio izquierdo; aquellos maíces que crecen en altitudes altas del norte y suroeste de México, de ciclo tardío y con limitantes en su distribución se agruparon en el hemisferio derecho.

CONCLUSIONES

Las relaciones genéticas entre las muestras de razas de maíz con marcadores moleculares ISSR estuvieron relacionadas básicamente a patrones altitudinales y geográficos, aunque también en los agrupamientos las muestras compartieron aspectos filogenéticos, morfo agronómicos, de distribución y usos. El análisis de coordenadas principales separó las muestras de las razas por la ubicación geográfica, la altitud, el ciclo biológico y los usos. Un mayor número de muestras por razas implicaría la formación de más grupos compactados que permitirían profundizar las relaciones genéticas de las razas mexicanas de maíz.

AGRADECIMIENTOS

A los bancos de germoplasma de CIMMYT y la Universidad Autónoma Chapingo por facilitar y proporcionar las muestras de las razas de maíz bajo estudio.

LITERATURA CITADA

- CONABIO. (2011). Base de datos del proyecto global "Recopilación, generación, actualización y análisis de información acerca de la diversidad genética de maíces y sus parientes silvestres en México". Octubre de 2010. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México, D. F.
- Doebley, J., Stec, A., Wendel, J., & Edwards, M. (1990). Genetic and morphological analysis of a maize-teosinte F2 population:

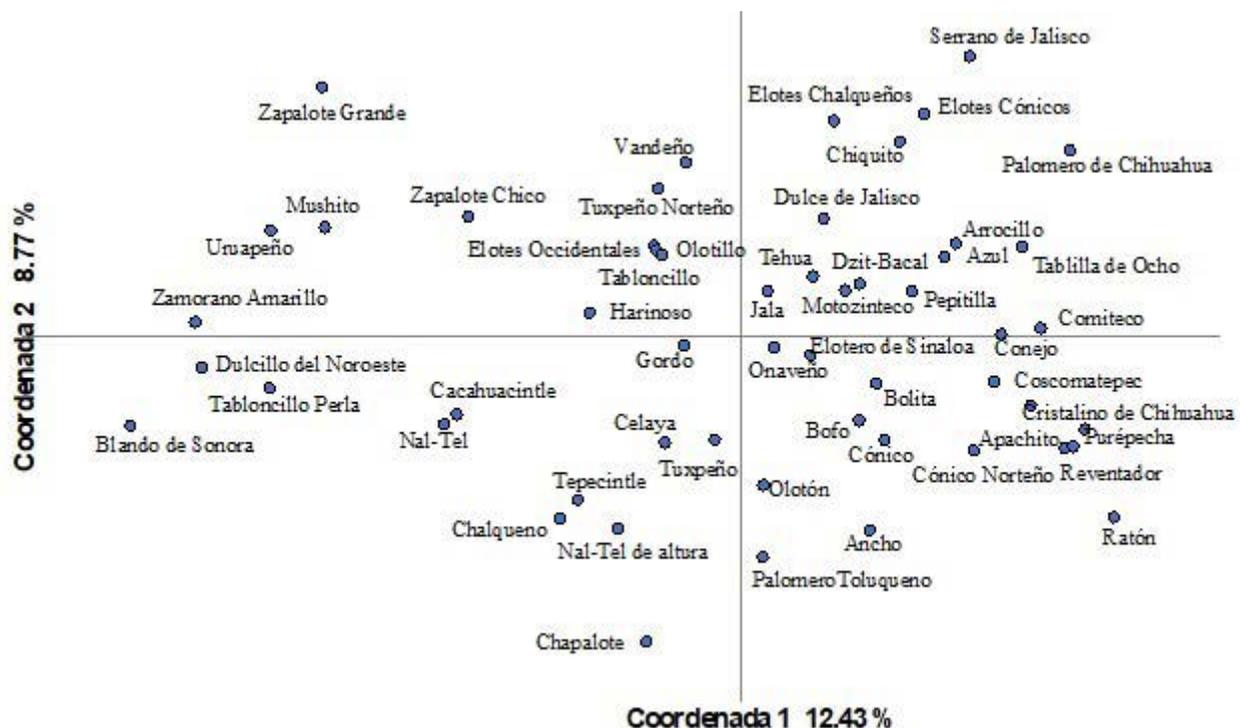


Figura 2. Análisis de coordenadas principales para las 54 muestras de razas de *Zea mays* L. con el método de covarianza mínima estandarizada con base en la matriz de distancias de Dice.

- Implications for the origin of maize. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 87: 9888-9892.
- Fuentes, A. S. L., Legaria, S. J. P., & Ramírez, H. C. (2019). Estructura genética de poblaciones de *Pinus cembroides* de la región central de México. Revista Fitotecnia Mexicana. 42: 57-65.
- González, C. M. E., Palacios, R.N., Espinosa, B.A., & Bedoya, S.C.A. 2013. Diversidad genética en maíces nativos mexicanos tropicales. Revista Fitotecnia Mexicana. 36:329-38.
- Kato, Y. T. A., Mapes, L. M., Serratos, J. A., & Bye, R. A. (2009). Origen y diversificación del maíz: Una revisión analítica. Universidad Nacional Autónoma de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad.
- Matsuoka, Y., Vigouroux, Y., Goodman, M., Sanchez J. G., Buckler, E., & Doebley, J. (2002). A Single Domestication for Maize Shown by Multilocus Microsatellite Genotyping. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 99: 6080-6084.
- Nei, M. (1975). Molecular Population Genetics and Evolution. North Holland Publishing Company.
- Peakall, R., & Smouse, P. E. (2006). GENEALX 6. Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes. 6: 288-295.
- Perales, H., & Golicher, D. (2014). Mapping the Diversity of Maize Races in Mexico. PLOS ONE 9: e114657. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0114657>
- Reif, J. C., Warburton, M. L., Xia, X. C., Hoisington, D. A., Crossa, J., Taba, S., Muminović, J., Bohn, M., Frisch, M., & Melchinger, A. E. (2006). Grouping of accessions of Mexican races of maize revisited with SSR markers. Theoretical and Applied Genetics. 113: 177-185.
- Ruiz, C. J. A., Duran, P. J. J., Sánchez G., J. J., González, E. J., Holland, B., & Medina, G. G. (2008). Climatic adaptation and ecological descriptors of 42 mexican races of maize. Crop Science. 48: 1502-1561.
- Ruiz, C. J. A., Ramírez, O. G., & Sánchez, G. J. J. (2013). Distribución actual y potencial de las razas mexicanas de maíz. En A.O. Corona, M. de J. G. Herrera, R.E.P. Ortiz (Eds.), Distribución y diversidad del maíz nativo y sus parientes silvestres en México (pp. 173-206). México, D.F. bba.
- Sánchez, G. J. J., Goodman, M. M., & Stuber, C. W. (2000). Isozymatic and Morphological Diversity in the Races of Maize of Mexico. Economic Botany. 54: 43-59. <https://doi.org/10.1007/BF02866599>
- SAS Institute Inc. 2015. SAS/IML® 14.1 User's Guide. Cary, N.C: SAS Institute Inc.
- Wellhausen, E. J., Roberts, L. M., & Hernández, X. E. (1951). Razas de maíz en México, su origen, características y distribución. Programa de Agricultura Cooperativo de la Secretaría de Agricultura y Ganadería de México & La Fundación Rockefeller.
- Zietkiewski, E., Rafalski, A., & Labuda, D. (1994). Genome finger-printing by Simple Sequence Repeat (SSR) Anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics. 20: 176-183. doi:10.1006/geno.1994.1151.

