



## Revista Internacional de Investigación e Innovación Tecnológica

Página principal: [www.riit.com.mx](http://www.riit.com.mx)

### Diversidad genética de maíz (*Zea mays* L.) raza Jala mediante marcadores moleculares ISSR

#### Genetic diversity of maize (*Zea mays* L.) Jala race using ISSR molecular markers

Suárez-González, G.<sup>a</sup>, López-Guzmán, G.<sup>b\*</sup>, León-Fernández, A.<sup>c</sup>, Bautista-Rosales, P.<sup>d</sup>

<sup>a</sup> Maestría en Ciencias en Biotecnología, Universidad Autónoma de Nayarit. Tepic Nayarit, Cd. de la Cultura S/N. CP. 63000.

<sup>b</sup> Unidad Académica de Agricultura, Universidad Autónoma de Nayarit, Xalisco Nayarit México Km 9 Carretera Tepic-Compostela.

<sup>c</sup> Estancias Posdoctorales-Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología, Coordinación de Apoyos a Becarios e Investigadores. Dirección de Posgrado, Ciudad de México.

<sup>d</sup> Secretaría de Investigación y Posgrado. Unidad de Tecnología de Alimentos. Universidad Autónoma de Nayarit. Cd. de la cultura S/N. CP. 63000.

[gabriela.suarez@uan.edu.mx](mailto:gabriela.suarez@uan.edu.mx); [graciela.lopez@uan.edu.mx](mailto:graciela.lopez@uan.edu.mx)\*; [andres\\_leon@uan.edu.mx](mailto:andres_leon@uan.edu.mx); [ubautista@uan.edu.mx](mailto:ubautista@uan.edu.mx)

**Innovación tecnológica:** identificación de la diversidad genética actual presente en el maíz raza Jala cultivado en el valle de Jala.

**Área de aplicación industrial:** uso de la información obtenida en programas de mejoramiento genético.

Recibido: 10 septiembre 2024

Aceptado: 09 enero 2025

#### Abstract

Maize (*Zea mays* L.) is the crop of greatest national and global importance, both due to the area planted and the volume of production and its diversity of uses. Mexico stands out for having the greatest diversity of maize in the world, being the origin of its domestication. In the state of Nayarit, 16 races have been reported, highlighting the Jala race as one of the most important maize races in Mexico; due to its unique morphological characteristics such as ear length, plant height and late life cycle. Currently, diversity analysis is carried out through molecular markers. The characterization of this diversity helps the improvement, conservation and protection of plant races. In this study, eight ISSR-type molecular markers were used with the objective of characterizing the genetic diversity present in representative samples of Jala maize from different sites and samples of hybrid maize. The eight markers detected between seven and ten bands in all samples, whose molecular weights ranged between 200 and 2000 bp. An average of 202 alleles were found per marker. The average expected heterozygosity ( $H_e$ ) value was

0.205. 95.66% of the bands were polymorphic, with respect to the number of effective alleles ( $N_e$ ), the average obtained in the study was 1,343, while the number of different alleles ( $N_a$ ) obtained on average was 1,347. The highest percentages of polymorphisms,  $H_e$ ,  $N_e$  and  $N_a$  were found at the “El Llano” site. The Molecular Analysis of Variance AMOVA showed higher percentages (62%) in the variation within populations than between populations. Cluster analysis determined three groups. Group I, included 11 genotypes from the El Llano and Jala la Vieja sites; Group II included 22 genotypes belonging mostly to Jala la Vieja and Tiltón; Group III, included 22 genotypes mainly from Tepic and Jomulco. The results suggest that although there is genetic richness in the Jala breed, its genetic variability has been reduced.

**Keywords:** Allele, Dendrogram, Genetic diversity, *Zea mays*.

## Resumen

El maíz (*Zea mays* L.) es el cultivo de mayor importancia nacional y mundial, tanto por la superficie sembrada como por el volumen de producción y su diversidad de usos. México destaca por tener la mayor diversidad de maíz del mundo, siendo el origen de su domesticación. En el estado de Nayarit se han reportado 16 razas, destacando la raza Jala como una de las razas de maíz más importantes en México; por sus características morfológicas únicas como la longitud de mazorca, altura de planta y ciclo de vida tardío. Actualmente, el análisis de diversidad se realiza por medio de marcadores moleculares. La caracterización de esta diversidad ayuda al mejoramiento, conservación y protección de razas vegetales. En este estudio se utilizaron ocho marcadores moleculares tipo ISSR con el objetivo de caracterizar la diversidad genética presente en muestras representativas de maíz raza Jala provenientes de sitios diferentes y muestras de maíz híbrido. Los ocho marcadores detectaron entre siete y diez bandas en todas las muestras, cuyos pesos moleculares oscilaron entre 200 y 2000 pb. Se encontró en promedio 202 alelos por marcador. El valor de Heterocigosis esperada ( $H_e$ ) promedio fue de 0.205. El 95.66% de las bandas resultaron polimórficas, con respecto al número de alelos efectivos ( $N_e$ ), el promedio obtenido en el estudio fue de 1.343, mientras el número de alelos diferentes ( $N_a$ ) obtenidos en promedio fue 1.347. Los mayores porcentajes de polimorfismos,  $H_e$ ,  $N_e$  y  $N_a$  se encontraron en el sitio “El Llano”. El Análisis Molecular de Varianza AMOVA mostró mayores porcentajes (62%) en la variación dentro de poblaciones que entre poblaciones. El análisis de agrupamiento determinó tres grupos. Grupo I, incluyó 11 genotipos de los sitios El Llano y Jala la vieja; Grupo II, incluyó 22 genotipos pertenecientes en su mayoría a Jala la vieja y el Tiltón; Grupo III, Incluyó 22 genotipos principalmente de Tepic y Jomulco. Los resultados sugieren que a pesar de que existe una riqueza genética en la raza Jala su variabilidad genética se ha reducido.

**Palabras clave:** Alelo, Dendrograma, Diversidad genética, *Zea mays*.

### 1. Introducción

La diversidad genética de una especie representa la variación heredable dentro y entre sus poblaciones, en las especies

cultivadas tiene trascendencia, debido a que operan los procesos de selección que aplican los agricultores y fitomejoradores; por ello es necesario caracterizarla, a fin de

plantear esquemas más eficientes para su aprovechamiento y conservación (Montes-Hernández *et al.*, 2014).

México es el centro de origen de una gran diversidad de cultivos, de interés agrícola, entre los cuales el maíz es el de mayor importancia a escala nacional y mundial, tanto por la superficie sembrada como por el volumen de producción y su diversidad de usos (Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014). México destaca por tener la mayor diversidad de maíz del mundo, es centro de origen y evolución, preservando maíces nativos, teocintles y otro conjunto de gramíneas relacionadas, especies del género *Tripsacum* (maicillos), se han reportado 64 razas, 59 se pueden considerar nativas y cinco que fueron descritas inicialmente en otras regiones, pero que también se han colectado o reportado en el país (CONABIO, 2020a). Las razas de maíz de México se agruparon con base en caracteres morfológicos, de adaptación y genéticos (isoenzimas) en siete grupos o complejos raciales (CONABIO, 2020b).

En el estado de Nayarit se reportaron 16 razas (Serratos-Hernández, 2009). La raza Jala se considera una de las más importantes en México por sus características morfológicas únicas como la longitud de mazorca, altura de planta y ciclo de vida tardío (López-Guzmán *et al.*, 2017), constituye un elemento esencial para la reproducción sociocultural, así como para la alimentación básica de la población nayarita, particularmente de los habitantes de la región de Jala, además encarna un símbolo cultural para sus habitantes (Madera-Pacheco y Vázquez-Quezada, 2018).

Los marcadores moleculares son utilizados en análisis de diversidad como una herramienta complementaria a la caracterización realizada con datos morfológicos (Bonamico *et al.*, 2004), apoyando en el mejoramiento, conservación, etiquetado de genes,

introgresión asistida de alelos favorables y protección de variedades vegetales (Gill-Langarica y Mayek-Pérez 2008). Un marcador molecular es un segmento de ADN que puede localizarse físicamente dentro del genoma de un organismo, y puede encontrarse cerca de un gen que codifica una característica de interés (Rocha, 2003). Son indispensables ya que gracias a ellos se pueden localizar y aislar genes de interés que posteriormente pueden emplearse en programas de mejoramiento genético. Existen diferentes tipos como: Polimorfismo de Longitud de Fragmentos Amplificados (AFLP), Polimorfismo Amplificado al azar (RAPD), Secuencias Simples Repetidas (SSR) e Inter Secuencias Simples Repetidas (ISSR) y se distinguen por su capacidad de detectar polimorfismos en loci únicos o múltiples (Barrera-Guzmán, 2017). Los ISSR usan cebadores compuestos de repeticiones de di, tri, tetra o pentanucleótidos, que se hibridan a la región de microsatélites genómicos, razón por la cual no es necesario tener información del genoma. Las secuencias diana de los cebadores ISSR son abundantes en todo el genoma eucariota y evolucionan rápidamente, conllevando a presentar gran cantidad de loci polimórficos que otros marcadores (Quijano-Jara y Lara 2020). Los ISSR permiten cuantificar la diversidad y estructura genética de plantas y su relación con el ciclo de vida, distribución geográfica, estrategias reproductivas, así como identificar poblaciones o taxa genéticamente únicos cuya conservación es prioritaria (Hernández-López *et al.*, 2024). Sharma *et al.*, (2014), describen el análisis ISSR como el sistema de marcadores más eficaz debido a su capacidad para proporcionar muchos loci informativos dentro de una única reacción de amplificación, razón por la cual se han estandarizado y empleado con éxito en diferentes estudios de diversidad genética en plantas (Shahlaei *et al.*, 2014, Campos-Múzquiz *et al.*, 2023, Cruz-Larios *et al.*, 2024, Castañeda-Cardona *et al.*, 2021) y en maíz (Lenka *et al.*, 2015, Erum-Feroz *et al.*,

2022, Hernández-Ramos *et al.*, 2017, Ramakrishnan *et al.*, 2014).

El objetivo de este estudio fue caracterizar muestras representativas de maíz raza Jala provenientes de sitios diferentes y muestras de maíz híbrido mediante marcadores moleculares ISSR, que ayuden a inferir relaciones genéticas vinculadas a su origen, aspectos eco-geográficos, distribución y usos, contribuyendo a una clasificación integral de los recursos fitogenéticos de maíz raza Jala.

## 2. Materiales y métodos

### 2.1 Recolección de muestras

La colecta de maíz raza Jala se realizó en los meses de agosto y septiembre cuando las

plantas estaban en etapa fenológica “Vn” (es visible el cuello del número definitivo de hojas que tendrá la planta), los sitios de colecta fueron: Jala la vieja, El Llano, El Tiltón y Jomulco. Se utilizó maíz híbrido como control, obtenido en Los metates, ubicado en Tepic, Nayarit (Tabla 1). En cada sitio se seleccionaron 15 genotipos al azar, a excepción de los sitios El Tiltón y Jomulco donde debido al tamaño de la población se colectaron cinco genotipos. Se tomaron al azar dos hojas por planta, las cuales se cortaron manualmente y se colocaron en bolsos herméticos rotulados, se resguardaron en hielera con hielo para evitar su marchitamiento y se trasladaron al laboratorio de Biotecnología de la Unidad Académica de Agricultura de la Universidad Autónoma de Nayarit (UAN).

**Tabla 1.** Localización e identificación de genotipos colectados.

SITIO	CORDENADAS	ALTURA	N	IDENTIFICACIÓN
Jala la vieja	2108°09.4"N, 10427°24.7"W	1174	15	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15
El Llano	2109°10.8"N, 10426°48.9"W	1159	15	16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30
El Tiltón	2108°38.2"N, 10427°39.7"W	1246	5	31, 32, 33, 34, 35
Jomulco	2105°09.2"N, 10425°17.6"W	1057	5	36, 37, 38, 39, 40
Los metates	2130°40.1"N, 10452°32.8"W	920	15	41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55

N: número de genotipos colectados, ALTURA: Metros sobre el nivel del mar.

### 2.2 Extracción de ADN

Previo a la extracción de ADN se lavaron las hojas con agua destilada y se secaron con papel estéril. La extracción se realizó mediante el método Saghai-Marooft *et al.*, (1984) con algunas modificaciones: se pesaron 50 mg de muestra, se colocó en mortero de porcelana estéril y se agregaron 1.5 mL de solución amortiguadora de extracción (H<sub>2</sub>O, 1mM Tris, 5 M NaCl, 0.5 M EDTA, pH 8, CTAB 3%, PVP 3%) previamente incubada a 65 °C durante tres min, la muestra fue macerada en su totalidad y el resultado fue vertido en tubos de 2 mL, que se incubaron a 65 °C durante 60 min homogenizando por inversión cada 10 min durante 15 s. Pasado el tiempo se dejó enfriar la muestra durante 5 min a

temperatura ambiente retirando la tapa. Después se agregaron 700 µL de solución cloroformo:octanol (24:1), se mezcló 15 min por inversión y se centrifugó durante 15 min a 14,000 rpm. Se recuperó el sobrenadante en un tubo nuevo de 2 mL, se agregaron 700 µL de solución cloroformo:octanol (24:1), se mezcló por 10 min por inversión y se centrifugó durante 15 min a 14,000 rpm. El sobrenadante fue transferido a un tubo de 2 ml, se agregaron 700 µL de isopropanol frío y se mezcló por inversión suavemente hasta lograr la formación de la pastilla, se centrifugó a 14,000 rpm durante 10 min y el sobrenadante se decantó con cuidado para no perder la pastilla. Se agregó 1 mL de etanol al 75% y la pastilla se lavó por 5 min

mezclando suavemente por inversión, se centrifugó durante 10 min a 10,000 rpm y se decantó el sobrenadante. Se agregó 1 mL de etanol al 90% y la pastilla se lavó por 5 min mezclando suavemente por inversión, se centrifugó durante 10 min a 10,000 rpm, el sobrenadante fue decantado y se dejó secar la pastilla completamente, una vez seca se suspendió en 70  $\mu$ L de TE (Tris-HCl 0.2 M, EDTA 20 mM, pH 7.5) y se almacenó en congelación a -20 °C hasta su posterior uso.

### 2.3 Cuantificación y presencia de ADN

La concentración y pureza del ADN se realizó por medio de la cuantificación en espectrofotómetro NanoDrop GENOVA NANO (JENWAY, UK) longitud de onda

260/280 nm, se utilizó 1  $\mu$ L de muestra; para comprobar la integridad del ADN, se realizó electroforesis en una cámara Thermo Scientific, Mini Gel Owl B1 EasyCast, B1, en gel de agarosa al 1% en solución TAE (Tris-acetato 0.04 M, EDTA 1mM, pH 8) 1X a 85 V durante 40 min, para la tinción de gel se utilizó el indicador GelRed 10000X a concentración de 1X. Los geles se visualizaron y foto-documentaron en un transiluminador Visiblue Mod. VB-26V (DAIGGER, USA).

### 2.4 Marcadores utilizados

Se utilizaron ocho marcadores ISSR (Tabla 2) con las secuencias obtenidas por Hernández-Ramos *et al.*, (2017), los cuales se seleccionaron debido a los elevados niveles de polimorfismos que presentaron.

**Tabla 2.** Marcadores ISSR utilizados.

MARCADOR	SECUENCIA	TEMPERATURA DE HIBRIDACIÓN (°C)
UBC811	5' GAGAGAGAGAGAGAC 3'	49
UBC827	5' ACACACACACACACG 3'	48
UBC834	5' AGAGAGAGAGAGAGYT 3'	55
UBC835	5' AGAGAGAGAGAGAGYC 3'	48
UBC841	5' GAGAGAGAGAGAGAYC 3'	43
UBC857	5' ACACACACACACACYG 3'	55
UBC868	5' GAAGAAGAAGAAGAA 3'	53
UBC873	5' GACAGACAGACAGACA 3'	46

Fuente: Hernández-Ramos *et al.*, (2017).

### 2.5 Amplificación de ADN mediante PCR

La mezcla de PCR utilizada para amplificar el ADN de maíz contenía los siguientes componentes: 6  $\mu$ L mezcla maestra DreamTaq green PCR (2X) Thermo Scientific™ (ADN polimerasa DreamTaq, tampón DreamTaq Green optimizado MgCl<sub>2</sub> y desoxinucleótidos (dNTP)), 2  $\mu$ L Water nuclease free Thermo Scientific™, 1  $\mu$ L cebador y 1  $\mu$ L ADN en concentración 50 ng/ml.

El programa utilizado fue el siguiente: 95 °C durante 3 min para el proceso de desnaturalización, seguido de 35 ciclos de 95 °C durante 30 s, las temperaturas de los

alineamientos fueron diferentes y se muestran en la Tabla 2, para la extensión 72 °C durante 30 s, seguido por una extensión final de 72 °C durante 5 min. Los productos de PCR fueron evaluados mediante electroforesis en una cámara Thermo Scientific (Mini Gel Owl B1 EasyCast, B1) en un gel de agarosa al 1.5% en solución TAE 1X a 85 V durante 120 min. Para la tinción de gel se utilizó el indicador GelRed 10000X a concentración de 1X, se utilizó marcador de peso molecular 100 pb invitrogen™. Los geles se observaron y foto-documentaron en un transiluminador Visiblue Mod. VB-26V (DAIGGER, USA).

## 2.6 Análisis de polimorfismos producto de PCR

El análisis de los datos se basó en el número de bandas amplificadas en los geles de agarosa (presencia o ausencia), posteriormente se realizó una matriz de datos (Excel).

## 2.7 Análisis estadístico

La matriz de datos generada fue procesada en el programa estadístico Rstudio utilizando las librerías dplyr, adegenet, NAM, dendextend, circlize, snow, doSNOW, parallel y ggplot2 y el comando dend para la generación del dendrograma.

Los parámetros de diversidad genética poblacional: porcentaje de polimorfismos, heterocigosis esperada ( $H_e$ ), número de alelos efectivos ( $N_e$ ), número de alelos diferentes ( $N_a$ ) y Análisis Molecular de

Varianza (AMOVA) fueron determinados con en el software GenAlEx 6.5.

## 3. Resultados y discusión

### 3.1 Calidad de ADN

Con la metodología empleada se obtuvo ADN genómico de buena calidad con valores de 1.805 a 2.003 y en concentración suficiente para la amplificación con los marcadores tipo ISSR entre 427 a 753 ng/ $\mu$ L (Figura 1). Rojas-Pantoja (2015), reportó valores de 1.37 a 2.05 y concentración entre 271.1 a 2045.6 ng/ $\mu$ L al extraer ADN de hojas de maíz. Múltiples factores pueden afectar la integridad del ADN durante el proceso de extracción desde la fragmentación del ADN por el calor que genera la fricción hasta la falta de pericia en el procesamiento de las muestras (Demeke y Jenkins, 2009).

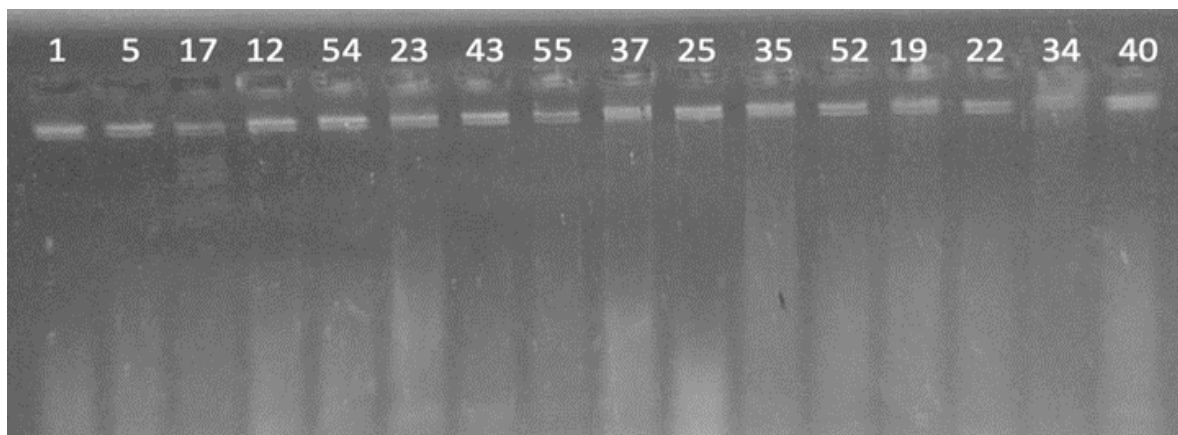


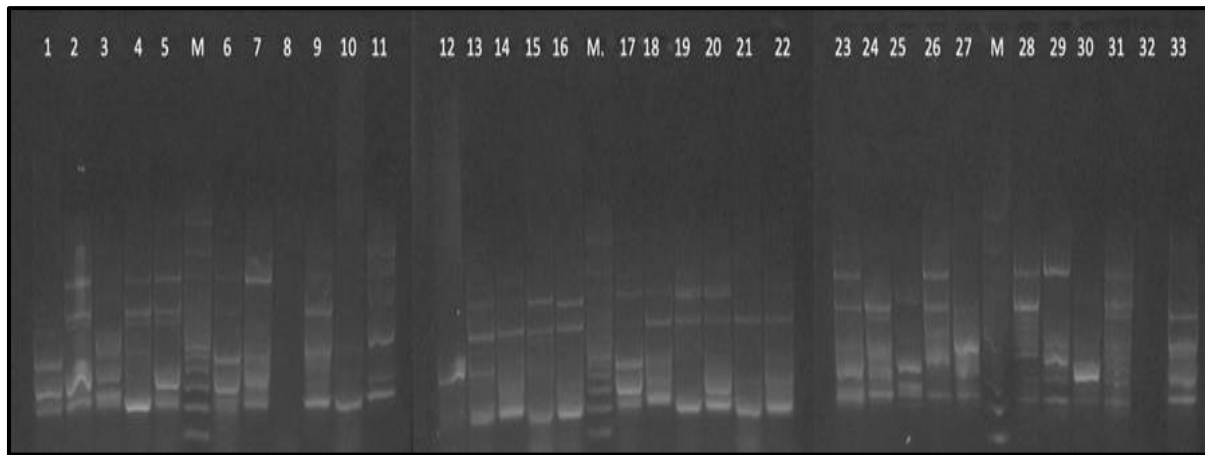
Figura 1. Verificación de presencia de ADN maíz. Números 1-55= Número de muestra.

## 3.2 Amplificación y polimorfismos de ISSR

### 3.2.1 Parámetros de diversidad por marcador molecular

De los ocho marcadores evaluados, uno amplificó hasta 10 bandas diferentes (UBC834) (Figura 2), cinco amplificaron nueve bandas (UBC841, UBC811, UBC835, UBC827 y UBC868) uno amplificó ocho bandas (UBC857) y uno siete bandas (UBC873) en todas las muestras, en promedio 8.75, valor similar a lo reportado por Muhammad *et al.*, (2017), quienes reportaron en promedio 9.5 bandas

al caracterizar la diversidad genética de genotipos de maíz basándose en repeticiones de secuencias intersimples. Los pesos moleculares oscilaron entre 200 y 2000 pb. Dichos resultados difieren con lo reportado por Amoon y Abdul-Hamed (2020), quienes reportaron bandas entre 100 a 1700 pb al determinar de la diversidad genética de líneas endogámicas e híbridos de maíz utilizando la técnica ISSR, mientras que Rodas-Solano (2021), encontró bandas que oscilaron entre 100 a 10,000 pb al evaluar 79 accesiones de maíz recolectadas en la Provincia de El Oro, Ecuador.



**Figura 2.** PCR obtenido con el marcador UBC834. 1-33= Número de muestra, M=Marcador de peso molecular.

Los marcadores detectaron entre 147 y 285 alelos, en promedio 202 alelos por marcador. En un estudio similar, Barrera-Guzmán *et al.*, (2020), reportaron 76 alelos, al determinar las relaciones genéticas en muestras de razas mexicanas de maíz, mientras El-Hosary y El-Akkad (2015), reportaron 96 bandas al evaluar la diversidad genética de líneas endogámicas de maíz utilizando marcadores ISSR.

El valor de Heterocigosis esperada ( $H_e$ ) osciló entre 0.162 y 0.282, con un promedio de 0.205. Este valor es considerado bajo en comparación con Andueza-Noh *et al.*, (2023), quienes reportaron un  $H_e$  de 0.40 al medir la diversidad genética de variedades locales de maíz cultivados en sistemas tradicionales de cultivo; mientras que, Merino-Díaz (2014), reportó una  $H_e$  de 0.3010. Los valores bajos pueden indicar que las poblaciones en estudio están más aisladas y reciben poco flujo de genes de origen externo o en algunos casos por la autopolinización (Jiménez-Cardona, 2014).

En este estudio el 95.66% de las bandas resultaron polimórficas, valor similar a lo consignado por Uslan y Jannah (2020), quienes reportaron un 100% de bandas polimórficas en su estudio sobre diversidad genética de cultivares locales de maíz del sur de Amaras, Indonesia, mediante marcador de repeticiones de inter secuencia simple. Por otro lado, Zeyad *et al.*, (2023),

encontró un 89% al determinar el comportamiento de genotipos de maíz bajo déficit hídrico mediante el índice molecular ISSR. Estos valores indican que existe una gran variabilidad entre los genotipos evaluados. En promedio, el porcentaje de polimorfismos detectado fue de 67.30% similar a lo encontrado por Pérez-Valenciano (2019), quien encontró un porcentaje de 63.75 pero bajo al compararlo con Soliman *et al.*, (2021), quienes encontraron 89.59% al evaluar la diversidad genética de una colección global de recursos genéticos de maíz. En general, valores mayores a 50% se consideran muy informativos para estimar la diversidad genética, lo que indica que los marcadores utilizados son eficaces para el estudio de la diversidad genética del maíz raza Jala (Jiménez-Cardona, 2014).

Con respecto al número de alelos efectivos ( $N_e$ ), el promedio obtenido en el estudio fue de 1.343, mientras el número de alelos diferentes ( $N_a$ ) obtenidos en promedio fue de 1.347. En un estudio similar Filiz *et al.*, (2024), reportaron valores de  $N_e$  de 1.447 y  $N_a$  de 1.760 (Tabla 3). Estos valores pueden estar relacionados a la selección de especímenes por parte de los agricultores para su cultivo, lo cual puede provocar un aumento en la posibilidad de que los alelos se transmitan de una generación a otra, haciendo que se conserven alelos a través del tiempo (Martínez-Chartuny, 2021).

**Tabla 3.** Análisis de diversidad genética de 40 genotipos de maíz raza Jala y 15 genotipos de maíz híbrido.

MARCADOR	BD	AE	BP %	P %	RANGO	He	Ne	Na
841	9	147	100	69.23	300-1200	0.162	1.236	1.385
811	9	285	100	69.23	500-2000	0.282	1.517	1.385
835	9	214	100	69.23	300-1500	0.211	1.349	1.385
873	7	157	100	53.85	600-1500	0.186	1.298	1.077
834	10	235	100	76.92	200-1500	0.244	1.406	1.548
827	9	208	88.89	69.23	400-1500	0.164	1.258	1.385
857	8	199	87.5	61.54	300-2000	0.2	1.367	1.231
868	9	171	88.89	69.23	500-2000	0.194	1.318	1.385

BD: Bandas detectadas en todas las muestras, AE: Alelos encontrados BP: Bandas polimórficas, P%: Polimorfismos, RANGO: tamaño de bandas en pares de bases, He: Heterocigosis esperada, Ne: Número alelos efectivos, Na: Número alelos diferentes.

### 3.2.2 Parámetros de diversidad por sitio de muestreo

Los sitios con mayor porcentaje de polimorfismos fueron El Llano (52.88%), Tepic (50%) y Jala la vieja (45.19%); en estos sitios se colectó mayor cantidad de muestras; al respecto, Sánchez-Vega *et al.*, (2019), mencionan que los valores de estimación de diversidad genética pueden verse afectados por el número de genotipos en cada población.

La He osciló entre 0.105 (Jomulco) y 0.167 (El Llano). Estos valores son considerados bajos al compararlos con lo reportado por Andueza-Noh *et al.*, (2023), quienes al evaluar variedades locales de maíz por sitios encontraron un He que osciló entre 0.32 y 0.35. Esta baja diversidad en el maíz raza Jala se reportó por Vega-Álvarez *et al.*, (2017), quienes evaluaron la diversidad

genética y estructura del maíz nativo de razas del noroeste de México, encontrando que de las razas evaluadas, la raza Jala presentó la menor He. Sánchez *et al.*, (2000), mencionan que valores bajos de He se asocian a diversas cuestiones como siembras en campos pequeños y aislados, la selección de semilla para el siguiente ciclo proviene de un pequeño número de mazorcas y en algunos casos autopolinización.

El valor más bajo de Ne se presentó en el sitio Jomulco (1.187) mientras que el más alto se encontró en el Llano (1.287), los valores de Na oscilaron entre 0.673 (El Tiltón) y 1.096 (El Llano), valores que son bajos al compararlos con el hallazgo Mbuya *et al.*, (2012), quienes reportaron valores de Ne que oscilaron entre 1.364 y 1.455, y valores de Na entre 1.740 y 1.802 (Tabla 4).

**Tabla 4.** Análisis de diversidad genética por sitio de muestreo de 40 genotipos de maíz raza Jala y 15 genotipos de maíz híbrido.

SITIO	MUESTRAS	AE	P%	RANGO	He	Ne	Na
Jala la vieja	15	447	45.19	200-2000	0.148	1.25	0.971
El Llano	15	442	52.88	200-2000	0.167	1.287	1.096
El Tiltón	5	140	36.54	200-2000	0.13	1.219	0.837
Jomulco	5	154	25.96	300-2000	0.105	1.187	0.673
Tepic	15	433	50	300-2000	0.16	1.28	1.04

AE: Alelos encontrados, P%: Polimorfismos, RANGO: tamaño de bandas en pares de bases, He: Heterocigosis esperada, Ne: Número alelos efectivos, Na: Número alelos diferentes.

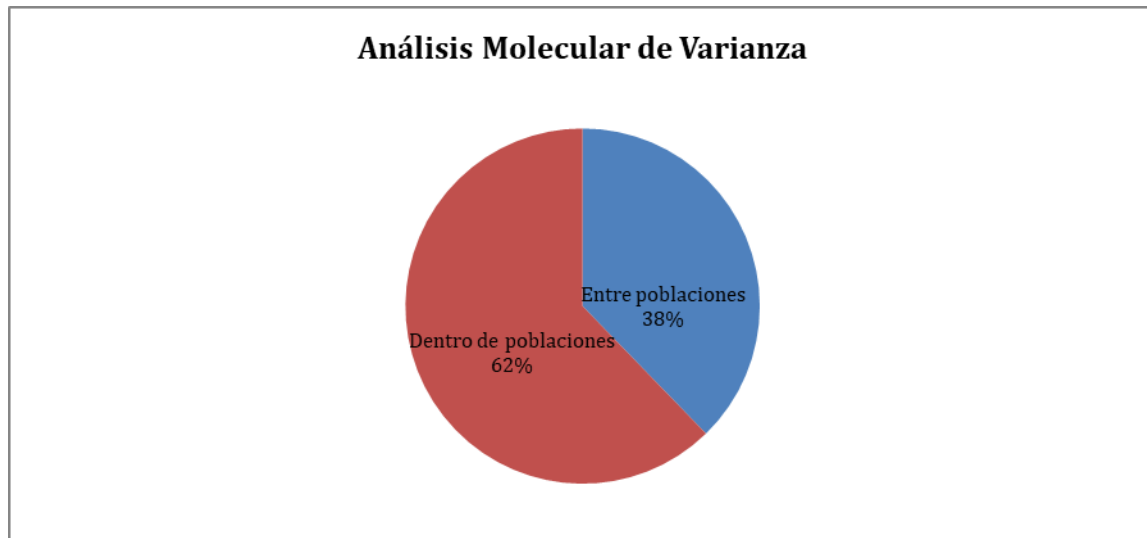
### 3.2.3 AMOVA

El Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) (Figura 3) mostró mayores porcentajes (62%) en la variación dentro de poblaciones, similar a lo reportado por Dar *et al.*, (2018), quienes encontraron una

variación dentro de las poblaciones de 67% al realizar una caracterización comparativa de germoplasma de maíz en la región de Rajouri de Pir Panjal Himalaya, basada en marcadores morfológicos e ISSR. Ghafari-Azar *et al.*, (2019), reportaron mayor

variación entre poblaciones (91%) al evaluar la diversidad genética y agrupamiento de líneas de maíz mediante marcadores ISSR. Al respecto, Vega-Álvarez (2015), menciona que un bajo nivel

de variación entre poblaciones de la raza Jala puede deberse a su adaptación tan específica, delimitada principalmente al Valle de Jala, lo que ha provocado mayores índices de endogamia.

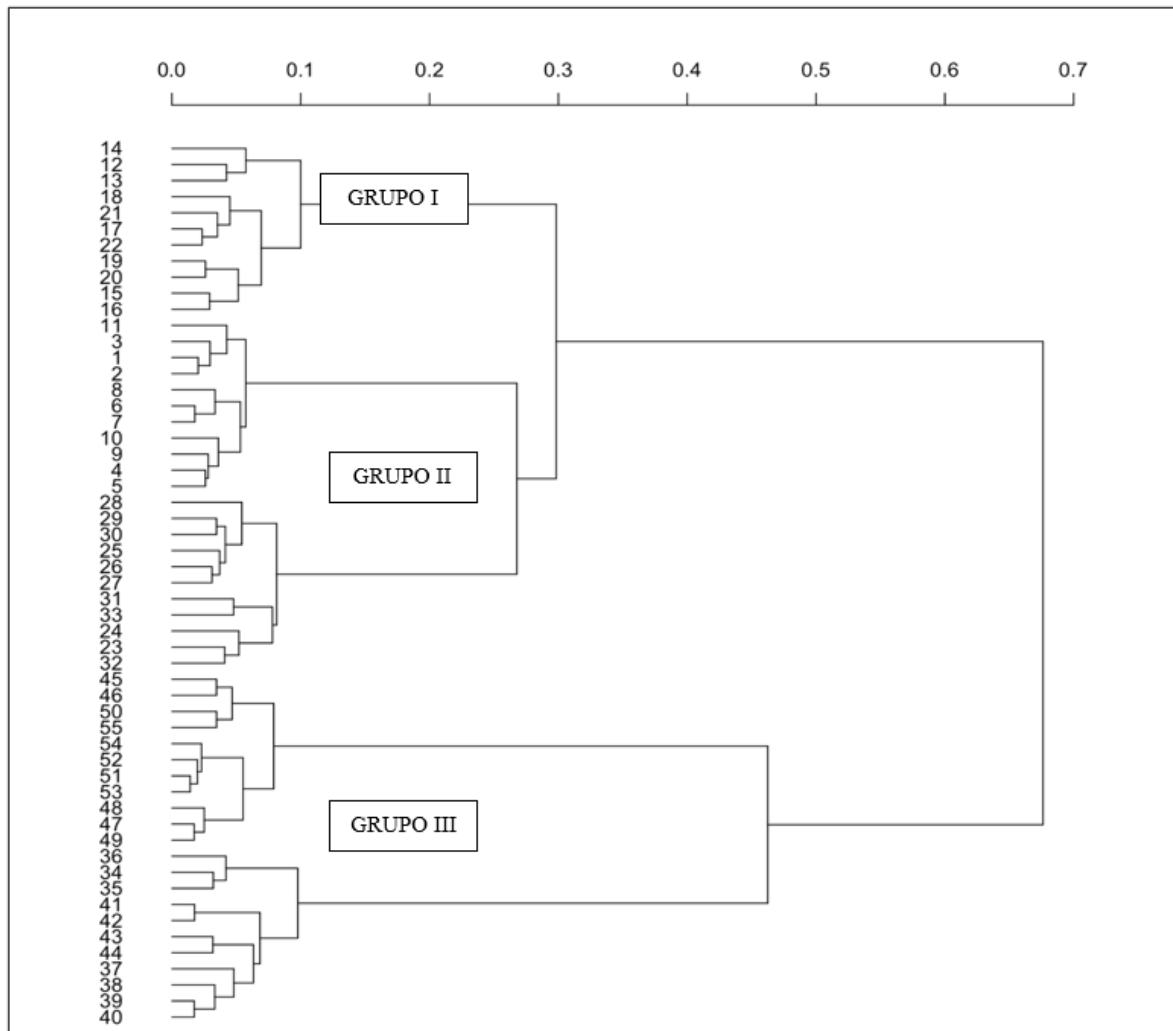


**Figura 3.** Análisis Molecular de Varianza obtenido al analizar la diversidad genética de 40 genotipos de maíz raza Jala y 15 genotipos de maíz híbrido.

### 3.2.4 Análisis de conglomerados y caracterización de grupos

El análisis de agrupamiento determinó tres grupos. Grupo I, incluyó 11 genotipos de los sitios El Llano y Jala la vieja; Grupo II, incluyó 22 genotipos pertenecientes en su mayoría a Jala la vieja y el Tiltón; Grupo III, incluyó 22 genotipos principalmente de Tepic y Jomulco. Saengprajak *et al.*, (2024),

encontraron un agrupamiento similar al evaluar morfológica y genéticamente poblaciones locales de maíz para forraje y grano. La dispersión de las poblaciones nativas a través de los tres grupos confirma la existencia de altos niveles de variación en los caracteres evaluados, lo que era de esperarse por el origen distinto de los genotipos evaluados.



**Figura 4.** Dendrograma obtenido mediante el uso de marcadores moleculares en 40 genotipos de maíz raza Jala y 15 genotipos de maíz híbrido.

#### 4. Conclusiones

Se demostró que los marcadores moleculares fueron eficientes en discriminar entre y dentro de los materiales genéticos evaluados y corroboró la variabilidad genética existente en el cultivo de maíz raza Jala. Los valores de diversidad genética encontrados fueron relativamente bajos, en los parámetros de Heterocigosis esperada, número de alelos efectivos y número de alelos diferentes, mientras el porcentaje de polimorfismos es alto, probablemente esto se deba a factores como la selección, endogamia, reducción de superficie de siembra y pérdida de hábitats naturales, lo que limitan la posibilidad de cruzamiento entre poblaciones. Por ello se sugiere emprender acciones dentro de programas de conservación y mejoramiento

que permitan asegurar los recursos genéticos y mantener las características únicas de esta raza.

#### 5. Agradecimientos

A los productores Don José Carmen, Don Cutberto González y Orlando Fabián Flores por proporcionar el material vegetal para el presente estudio.

#### 6. Referencias

Amoon, M, H., Abdul-Hamed, A, Z. (2020). Determination genetic diversity of inbred lines and hybrids of maize using issr technic. *The Iraqi Journal of Agricultural Science*. 51(1), 269-277. <https://www.iasj.net/iasj/download/2a3797fa83556e97>

Andueza-Noh, R. H., Santos, L. F., Garruña, R., Ruiz-Sánchez, E. (2023). Diversidad genética de variedades locales de maíz (*Zea mays* L.) cultivados en sistemas tradicionales de cultivo. *Acta fitogenética*. 9(1), 43. [https://www.somefi.mx/wp-content/uploads/2023/11/Acta-Fitogenetica-N9\\_2023-CONKAL.pdf](https://www.somefi.mx/wp-content/uploads/2023/11/Acta-Fitogenetica-N9_2023-CONKAL.pdf)

Barrera-Guzmán, L. A. (2017). Caracterización molecular de razas mexicanas de maíz (*Zea mays* L.) [Tesis de Maestría]. Universidad Autónoma Chapingo. <https://repositorio.chapingo.edu.mx/server/api/core/bitstreams/5f6b8d4b-29a3-43e1-a78f-c2618aea3e28/content>

Barrera-Guzmán, L. A., Legaria-Solano, J. P., Ortega-Paczka, R. (2020). Diversidad genética en poblaciones de razas mexicanas de maíz. *Revista fitotecnia mexicana*. 43(1), 121-125. [https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S018773802020000100121&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S018773802020000100121&script=sci_arttext)

Bonamico, N., Aiassa, J., Ibañez, M., Di Renzo, M., Díaz, D., Salerno, J. (2004). Caracterización y clasificación de híbridos simples de maíz con marcadores SSR. *Revista de Investigaciones Agropecuarias*. 33(2), 129-144. <https://www.redalyc.org/pdf/864/86433209.pdf>

Campos-Múzquiz, L. G., León-García, P. G., Flores-Gallegos, A. C., Castillo-Godina, R. G., Rodríguez-Herrera, R. (2023). Caracterización morfológica y determinación de la diversidad genética de aguacate criollo *Persea americana* Mill de Parras, Coahuila. *Biocencia*. 25(3), 48-54. [https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1665-14562023000300106](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1665-14562023000300106)

Castañeda-Cardona, C. C., Portela-Puerta, R., Morillo-Coronado, Y. (2021).

Caracterización molecular con marcadores ISSR de la colección de cítricos de la Universidad de los Llanos. *Revista de Investigación Agraria y Ambiental*. 12(2), 67-84.

<https://portal.amelica.org/ameli/journal/130/1302302006/html/>

Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la biodiversidad. CONABIO. Maíces. (2020a). Recuperado de: <https://www.biodiversidad.gob.mx/diversidad/alimentos/maices>

Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la biodiversidad. CONABIO. Razas de maíz en México. (2020b). Recuperado de:

<https://www.biodiversidad.gob.mx/diversidad/alimentos/maices/razas-de-maiz>

Cruz-Larios, I. J., Ramírez-Herrera, C., Hernández-Rodríguez, M., Velasco-García, M. V., Cetina-Alcalá, V. M., Valdez-Hernández, J. I. (2024). Genetic diversity of linaloe in tropical deciduous forest populations in Mexico. *Revista fitotecnia Mexicana*. 47(2), 191-198.

<https://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v47n2/0187-7380-rfm-47-02-191.pdf>

Dar, T. H., Shakeel, R., Verma, S. (2018). Comparative germplasm characterization of maize (*Zea mays* L.) in Rajouri region of Pir Panjal Himalaya J & K (India), based on morphological and ISSR Markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*. 21, 43-55.

<https://link.springer.com/article/10.1007/s12892-017-0128-0>

Demeke, T., Jenkins, G. R. (2009). Influence of DNA extraction methods, PCR inhibitors and quantification methods on real-time PCR assay of biotechnology-derived traits. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*. 1977-1990.

<https://link.springer.com/article/10.1007/s00216-009-3150-9>

El-Hosary, A, A, A., El-Akkad, T, A. (2015). Genetic diversity of maize inbred lines using ISSR markers and its implication on quantitative traits inheritance rab J. Biotech. 18(2), 81-96. [https://www.bu.edu.eg/portal/uploads/Agri culture/Agronomy/2331/publications/Ahmed%20Ali%20Abd%20El%20Maksoud%20El%20Hosary\\_neww--elhosry--1.pdf](https://www.bu.edu.eg/portal/uploads/Agri culture/Agronomy/2331/publications/Ahmed%20Ali%20Abd%20El%20Maksoud%20El%20Hosary_neww--elhosry--1.pdf)

Erum-Feroz, Rehana-Kausar, Navid-Feroze, Sania Begum. (2022). Comparison of SSR And ISSR Based DNA Polymorphism of Maize Genotypes Grown in Azad Jammu and Kashmir. Biomedical Journal of Scientific & Technical Research. 47(3). <https://biomedres.us/fulltexts/BJSTR.MS.ID.007490.php>

Filiz, E., Uras, M, E., Ozturk, N., Gungor, H., Ozyigit, I, I. (2024). Genetic diversity and phylogenetic analyses of Turkish sweet corn (*Zea mays* var. *saccharata*) varieties using ISSR markers and chloroplast trnL-F IGS region. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca. 52(2), 13551-13551. <https://www.notulaebotanicae.ro/index.php/nbha/article/view/13551/9774>

Ghafari-Azar, A., Darvishzadeh, R., Aghaali, Z., Kahrizi, D., Darvishi, B. (2019). Assessment of genetic diversity and grouping of maize lines (*Zea mays* L.) using ISSR markers. Cellular and Molecular Research (Iranian Journal of Biology). 32(2), 230-241. [https://www.researchgate.net/publication/337172117\\_Assessment\\_of\\_genetic\\_diversity\\_and\\_grouping\\_of\\_maize\\_lines\\_Zea\\_mays\\_L\\_using\\_ISSR\\_markers](https://www.researchgate.net/publication/337172117_Assessment_of_genetic_diversity_and_grouping_of_maize_lines_Zea_mays_L_using_ISSR_markers)

Gill-Langarica, H, R., Mayek-Pérez, N. (2008). Los marcadores moleculares en el mejoramiento genético de la resistencia a enfermedades del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): Aplicaciones y perspectivas. Revista mexicana de fitopatología. 26(2), 164-176. [https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid="](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=)

[S0185-33092008000200009&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0185-33092008000200009&script=sci_arttext)

Hernández-López, L., Zamora-Tavares, P., Pérez-Alquicira, J., Figueroa-García, D., Arias-García, A. (2024). Diversidad y estructura genética de *Lobelia villaregalis* (Campanulaceae), especie en peligro endémica de Jalisco, México. Botanical Sciences. 102(4), 1201-1215. [https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-42982024000401201&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-42982024000401201&script=sci_arttext)

Hernández-Ramos, M, A., Rodríguez-Larramendi, L, A., Guevara-Hernández, F., Rosales-Esquinca, M, A., Pinto-Ruiz, R., Ortiz-Pérez, R. (2017). Caracterización molecular de maíces locales de la Reserva de la Biosfera La Sepultura, México. Agronomía Mesoamericana. 28(1), 69-83. [https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1659-13212017000100005](https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1659-13212017000100005)

Serratos-Hernández, J, A. (2009). El origen y la diversidad del maíz en el continente americano. [https://www.researchgate.net/publication/304498935\\_El\\_origen\\_y\\_la\\_diversidad\\_del\\_maiz\\_en\\_el\\_continente\\_americano\\_2a\\_edicion](https://www.researchgate.net/publication/304498935_El_origen_y_la_diversidad_del_maiz_en_el_continente_americano_2a_edicion)

Quijano-Jara, C, H., Lara, Z, A. (2020). Variabilidad Genética en *Pouteria lucuma* mediante marcadores ISSR. Manglar. 17(1), 7-12. [https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/89652429/246-libre.pdf?1660515557=&response-content-disposition=inline%3B+filename%3DGenetic\\_variability\\_in\\_Pouteria\\_lucuma\\_u.pdf&Expires=1735590490&Signature=X9fK2HL0bQnXp01Wh9I3b4ALoSRHLadsaDCbrNCK0NcZ6Lx9SyS0pGs5QPetSxs3LMN~IIImvSCDnbZmJ0g5M~tp7LAeDV5E7tp3HdDMYr~2bKznEXCRkoZtZG9ZvkdqkzUTWohFKBdFwTz2SymI57uu3E0L9TmbGUPd5WA1hNhMXmEuzevf4OMw2CZytbzAz1VT50mDUuG9Iqs8nq85k03b](https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/89652429/246-libre.pdf?1660515557=&response-content-disposition=inline%3B+filename%3DGenetic_variability_in_Pouteria_lucuma_u.pdf&Expires=1735590490&Signature=X9fK2HL0bQnXp01Wh9I3b4ALoSRHLadsaDCbrNCK0NcZ6Lx9SyS0pGs5QPetSxs3LMN~IIImvSCDnbZmJ0g5M~tp7LAeDV5E7tp3HdDMYr~2bKznEXCRkoZtZG9ZvkdqkzUTWohFKBdFwTz2SymI57uu3E0L9TmbGUPd5WA1hNhMXmEuzevf4OMw2CZytbzAz1VT50mDUuG9Iqs8nq85k03b)

[qZ3BqNGlOGmuCAhgsjLqDsURfeyoyhCsF0rRoJfImlh6iwppnJxNTqtDUNliXtRigyflqvEaI8sqfwmwhiMKxTUUI-4Phu3bVIBsF-kvbDABsej06CgsbNqqAKCQ &Key-Pair-Id=APKAJLOHF5GGSLRBV4ZA](https://repositorio.unal.edu.co/bitstream/handle/unal/53904/1116236879.pdf?sequence=1&isAllowed=y)

Jiménez-Cardona, J. R. (2014). Caracterización de las razas criollas e indígenas de maíz colombiano por medio de marcadores moleculares SSR. [Tesis maestría]. Universidad Nacional de Colombia.

<https://repositorio.unal.edu.co/bitstream/handle/unal/53904/1116236879.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

Lenka, D., Tripathy, S. K., Kumar, R., Behera, M., Ranjan, R. (2015). Assessment of genetic diversity in quality protein maize (QPM) inbreds using ISSR markers. *Journal of Environmental Biology*. 36(4), 985-992.

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26364479/>

López-Guzmán, J. A., Aguilar-Castillo, J. A., García-Zavala, J. J., Lobato-Ortiz, R., Sánchez-Guzmán, P. (2017). Comportamiento agronómico de poblaciones de maíz raza Jala en Nayarit y Estado de México. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*. 8(7), 1537-1548. [https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2007-09342017000701537](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-09342017000701537)

Madera-Pacheco, J., Vázquez-Quezada, C. (2018). Saberes del maíz en Jala, Nayarit. (2018). In: *Cambio socioterritorial y desarrollo local*. 171-192 [https://www.researchgate.net/publication/348635010\\_Saberes\\_del\\_maiz\\_en\\_Jala\\_Nayarit](https://www.researchgate.net/publication/348635010_Saberes_del_maiz_en_Jala_Nayarit)

Martínez-Chartuny, Y. (2021). Determinación de la diversidad genética y estructura poblacional del maíz criollo (*Zea mays* L.) de Sahagún, Córdoba mediante marcadores microsatélites.

<https://repositorio.unicordoba.edu.co/serve/api/core/bitstreams/7d2799ca-a206-4d26-9dc8-28c0c1152602/content>

Mbuya, K., Nkongolo, K. K., Narendrula, R., Kalonji-Mbuyi, A., Kizungu, R. V. (2012). Development of quality protein maize (QPM) inbred lines and genetic diversity assessed with ISSR markers in a maize breeding program. *Journal of Experimental Agriculture International* 2 (4):626-40.

<https://journaljeai.com/index.php/JEAI/article/view/1012/2026>

Merino-Díaz, G. (2014). "Genética de poblaciones de dos subespecies de maíz silvestre (*Zea mays ssp. mexicana* y *Zea mays ssp. parviglumis*)". [Tesis de Maestría]. Universidad Nacional Autónoma de México.

<https://repositorio.unam.mx/contenidos/64964>

Montes-Hernández, L. A., Hernández-Guzmán, J., López-Sánchez, H., Santacruz-Varela, A., Vaquera-Huerta, H., Valdivia-Bernal, R. (2014). Expresión fenotípica in situ de características agronómicas y morfológicas en poblaciones del maíz raza Jala. *Revista fitotecnia mexicana*. 37(4), 363-371.

<https://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v37n4/v37n4a9.pdf>

Muhammad, R. H., Qayyum, A., Ahmad, M. Q., Hamza, A., Yousaf, M., Ahmad, B., Noor, E. (2017). Characterization of maize genotypes for genetic diversity on the basis of inter simple sequence repeats. *Genetics and Molecular Research*. 16(1), 1-19.

<https://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-1/pdf/gmr-16-01-gmr.16019438.pdf>

Pérez-Valenciano, A. (2019). Determinación de pureza genética de cuatro líneas parentales de maíz (*Zea mays* L.) con dos categorías mediante caracterización morfológica y molecular. [Tesis de

Maestría]. Universidad De Guadalajara.  
<http://repositorio.cucba.udg.mx:8080/xmli/handle/123456789/6062>

Ramakrishnan, M., Ceasar, S, A., Duraipandiyar, V., Ignacimuthu, S. (2014). Efficient plant regeneration from shoot apex explants of maize (*Zea mays*) and analysis of genetic fidelity of regenerated plants by ISSR markers. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*. 119, 183-196.  
<https://link.springer.com/article/10.1007/s1240-014-0525-1>

Rocandio-Rodríguez, M., Santacruz-Varela, A., Córdova-Téllez, L., López-Sánchez, H., Castillo-González, F., Lobato-Ortiz, R., Ortega-Paczka, R. (2014). Caracterización morfológica y agronómica de siete razas de maíz de los Valles Altos de México. *Revista fitotecnia mexicana*. 37(4), 351-361.  
[https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0187-73802014000400008&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0187-73802014000400008&script=sci_arttext)

Rocha, P, S. (2003). Marcadores moleculares, una herramienta útil para la selección genética de palma de aceite. *Palmas*. 24(2), 11-25.  
<https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/view/957/957>

Rodas-Solano, C. N. (2021). Análisis molecular de 79 accesiones de maíz (*Zea mays* L.) recolectadas en la provincia de el oro. [Tesis de licenciatura] Universidad Técnica de Machala.  
<https://repositorio.utmachala.edu.ec/bitstream/48000/16566/1/TTUACA-2021-IA-DE00032.pdf>

Rojas-Pantoja, R, D. (2015). Evaluación de la diversidad genética en las razas criollas e indígenas de maíz en Colombia mediante marcadores moleculares tipo RAMs. [Tesis de Maestría]. Universidad Nacional De Colombia.  
<https://repositorio.unal.edu.co/bitstream/ha>

[ndle/unal/53918/Ruben\\_Dario\\_Rojas\\_Pantoja.pdf?sequence=1&isAllowed=y](ndle/unal/53918/Ruben_Dario_Rojas_Pantoja.pdf?sequence=1&isAllowed=y)

Saengprajak, J., Phetsom, J., Sangdee, A., Atichart, P., Chaiyaporn, P., Poommipak, P. (2024). Assessment of genetic variability in maize cultivars (*Zea mays* L.) in Mahasarakham Province, Thailand based on ISSR analysis. *Food Agricultural Sciences and Technology*. 10(3), 43-54.  
<https://ph02.tci-thaijo.org/index.php/stej/article/view/252968/171269>

Saghai-Marooif, M., Soliman, K., Jorgensen, R., Allard, R. (1984) Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci USA*. 81(24):8014-8.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6096873/>

Sánchez, J, J., Goodman, M, M., Stubber, C, W. (2000). Isozymatic and morphological diversity in the races of maize of Mexico. *Economic botanic*. 54, 43-59.  
<https://www.jstor.org/stable/4256248>

Shahlaei, A., Torabi, S., Khosroshahli, M. (2014). Efficacy of SCoT and ISSR markers in assessment of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) genetic diversity.  
[https://www.researchgate.net/publication/285251516\\_Efficacy\\_of\\_SCoT\\_and\\_ISSR\\_markers\\_in\\_assessment\\_of\\_tomato\\_Lycopersicon\\_esculentum\\_Mill\\_genetic\\_diversity](https://www.researchgate.net/publication/285251516_Efficacy_of_SCoT_and_ISSR_markers_in_assessment_of_tomato_Lycopersicon_esculentum_Mill_genetic_diversity)

Sánchez-Vega, M., Córdova Téllez, L., Santacruz Varela, A., Castillo González, F., Castañeda Saucedo, M. C., Robledo Paz, A., Méndez López, A. (2019). Diversidad genética en accesiones de 10 razas mexicanas de maíz de altitudes intermedias. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*. 10(2), 253-264.

<https://cienciasagricolas.inifap.gob.mx/index.php/agricolas/article/view/732>

Sharma, P., Sharma, V., Kumar, V. (2014). Genetic diversity analysis of cluster bean [*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub] genotypes using RAPD and ISSR markers. *Journal of Agricultural Science and Technology*. 16(2), 433-443. [https://jast.modares.ac.ir/browse.php?a\\_id=12246&sid=23&slc\\_lang=en](https://jast.modares.ac.ir/browse.php?a_id=12246&sid=23&slc_lang=en)

Soliman, E, R, S., El-Shazly, H, H., Börner, A., Badr, A. (2021). Genetic diversity of a global collection of maize genetic resources in relation to their subspecies assignments, geographic origin, and drought tolerance. *Breeding science*. 71(3), 313-325. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34776738/>

Uslan, U., Jannah, N. (2020). Genetic diversity of local corn (*Zea mays*) cultivars from South Amarasi, Kupang District, Indonesia by Inter Simple Sequence Repeats marker. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 21(3). [https://www.researchgate.net/publication/340302666\\_Genetic\\_diversity\\_of\\_local\\_corn\\_Zea\\_mays\\_cultivars\\_from\\_South\\_Amarasi\\_Kupang\\_District\\_Indonesia\\_by\\_Inter\\_Simple\\_Sequence\\_Repeats\\_marker](https://www.researchgate.net/publication/340302666_Genetic_diversity_of_local_corn_Zea_mays_cultivars_from_South_Amarasi_Kupang_District_Indonesia_by_Inter_Simple_Sequence_Repeats_marker)

[asi Kupang District Indonesia by Inter Simple Sequence Repeats marker](#)

Vega-Álvarez, I. (2015). Diversidad genética y morfológica de 10 razas de maíz nativas de la región noroeste de México y sus relaciones filogenéticas [Tesis de Maestría]. Colegio de Postgraduados. [http://colposdigital.colpos.mx:8080/jspui/bitstream/handle/10521/2818/Vega\\_Alvarez\\_I\\_MC\\_Genetica\\_2015.pdf?sequence=1&jsAllowed=y](http://colposdigital.colpos.mx:8080/jspui/bitstream/handle/10521/2818/Vega_Alvarez_I_MC_Genetica_2015.pdf?sequence=1&jsAllowed=y)

Vega-Álvarez, I., Santacruz-Varela, A., Rocandio-Rodríguez, M., Córdova-Téllez, L., López-Sánchez, H., Muñoz-Orozco, A., Hernández-Bautista, A. (2017). Genetic diversity and structure of native maize races from Northwestern Mexico. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*. 52. <https://www.scielo.br/j/pab/a/CrzTnWsMyCJn9CFsMwvLfhH/?format=pdf&lang=en>

Zeyad, A., Mudhir, I, H., Mustafa, A. (2023). Determination of maize genotypes performance under water deficit using ISSR molecular index. *Plant Science Today*. 10(1), 30-37. <https://horizonpublishing.com/journals/index.php/PST/article/view/1728>