



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

MAÍCES NATIVOS DE ARGENTINA: UNA MIRADA MOLECULAR A SU DIVERSIDAD GENÉTICA

Dudzien, Tatiana L.^{1,2}; Freilij, Damián^{2,3}; Defacio, Raquel⁴; Paniego, Norma³; Dominguez, Pia Guadalupe³; Lia, Verónica V.^{1,2*}

¹Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA, UBA-CONICET), Buenos Aires, Argentina

²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina

³Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO, INTA-CONICET), Buenos Aires, Argentina

⁴Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, INTA, Pergamino, Buenos Aires, Argentina

* verolia@ege.fcen.uba.ar

GENETIC DIVERSITY OF ARGENTINE MAIZE LANDRACES: CONTRIBUTIONS FROM MOLECULAR MARKERS

Abstract

Maize is a strategic crop for global food security. In Argentina, more than 60 native landraces persist as unique genetic reservoirs adapted to diverse environments. This review synthesizes the contributions of molecular markers, from isozymes and SSRs to high-density SNPs, in characterizing this diversity. Molecular evidence has shown that Argentine maize diversity is non-randomly structured, primarily influenced by altitude, geographic region, and kernel type. Northern Argentina is considered a microcenter of maize diversity, where diverse native landraces have evolved under contrasting environmental conditions. Furthermore, markers have revealed that specific groups, such as flourey maize from the Northeast and highland maize from the Northwest, face imminent genetic erosion due to low effective population sizes and climate change. The integration of genomic tools, such as pool sequencing and landscape genomics, offers new perspectives for the strategic conservation and sustainable use of these resources, ensuring the preservation of landraces with high nutritional and adaptive value.

Palabras Clave: razas nativas de maíz, diversidad genética, marcadores moleculares, conservación.

Keywords: Maize landraces, genetic diversity, molecular markers, conservation.

Introducción

El maíz (*Zea mays* ssp. *mays*, Doebley & Iltis, 1980) constituye uno de los cultivos más importantes a nivel mundial debido a su amplia utilización en la alimentación humana, animal e industrial. Su origen a partir del teosinte (*Zea mays* ssp. *parviglumis*) se remonta a hace 9000 años en la cuenca del río Balsas, México (Matsuoka et al., 2002). Llegó al norte de Sudamérica hace 8000 años, donde procesos de domesticación, dispersión e intercambio genético dieron origen a los principales linajes ancestrales del continente: maíces Andinos, de Tierras Bajas Tropicales de América del Sur y Panamericanos (Kistler et al., 2018; Yang et al., 2023; Dominguez et al., 2024a). Gran parte de esta diversidad se conserva *in situ* por agricultores tradicionales y *ex situ* en bancos de semillas (Villa et al., 2005), las cuales constituyen reservorios de variabilidad adaptativa y recursos valiosos para el mejoramiento (Guzzon et al., 2021).





50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

La República Argentina, una de las regiones más australes de distribución y cultivo de maíces nativos de Sudamérica, alberga una notable diversidad de variedades locales distribuidas en ambientes que abarcan desde yungas y valles andinos hasta regiones subtropicales y templadas. La gran diversidad morfológica de los maíces nativos de la República Argentina fue originalmente descrita por Torregrosa et al. (1980), siguiendo los conceptos de centros de diversidad propuestos por Vavilov, y continuada por Cámara Hernández et al. (2012). Estos estudios permitieron reconocer más de 60 razas de maíces nativos en el territorio argentino.

No obstante, la clasificación tradicional, basada en morfología, enfrenta desafíos en la gestión del germoplasma, ya que trabajos recientes como el de Rivas et al. (2022) y Defacio et al. (2025) señalan que la similitud genética no siempre coincide con la morfológica, y muestran una correlación casi nula entre ambos tipos de datos, lo que resalta la necesidad de una caracterización integral.

El objetivo de esta revisión es sintetizar los principales aportes de los marcadores moleculares al conocimiento de la diversidad genética de los maíces nativos argentinos, destacando los patrones de estructuración identificados y las perspectivas que ofrecen las nuevas aproximaciones genómicas para su conservación y aprovechamiento.

Aportes de los marcadores moleculares al estudio de los maíces nativos argentinos

La creciente revalorización de las razas nativas como reservorios de diversidad genética para el mejoramiento ha impulsado numerosas iniciativas destinadas a caracterizar las colecciones conservadas en los bancos de germoplasma mediante enfoques complementarios de caracterización fenotípica y molecular (Glaszmann et al., 2010). La incorporación progresiva de marcadores moleculares, desde isoenzimas y microsatélites (SSR) hasta polimorfismos de nucleótido simple (SNPs), ha permitido reconstruir la historia evolutiva del cultivo y cuantificar su diversidad genética a escala global. Sin embargo, la representación de maíces nativos de Argentina en estudios de alcance continental ha sido generalmente muy limitada (Matsuoka et al., 2002; Vigoroux et al., 2008; Mir et al., 2013; Romero-Navarro et al., 2017; Kistler et al., 2018).

Una de las primeras investigaciones específica de maíces nativos argentinos, realizada con isoenzimas sobre un conjunto de entradas conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de INTA Pergamino (BAP) provenientes de todo el país, reveló altos niveles de diversidad genética en comparación con maíces de México y Guatemala (Pfluger y Schlatter, 1996). En la misma línea, las estimas de variabilidad microsatélite en maíces del centro y norte del país resultaron también elevadas en comparación con aquellos de las áreas centrales de la distribución del cultivo (Delucchi 2009; Lia et al. 2009; Bracco et al. 2012; Rivas et al. 2016, 2022). Estos hallazgos pusieron de manifiesto la potencialidad del germoplasma local como fuente de alelos originales, permitiendo no solo cuantificar su variabilidad molecular, sino también estudiar sus patrones de distribución.

Diferenciación genética entre los maíces del NOA y NEA

A pesar de la amplia distribución de las razas nativas en todo el territorio argentino, la mayor parte de los estudios genéticos realizados hasta la fecha se han concentrado en maíces del norte del país (Figura 1A), debido a la gran variedad de formas raciales descritas para la región. En efecto, tanto el Noroeste de Argentina (NOA) como el





50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

Noreste (NEA) han sido recientemente reconocidos como microcentros de diversidad del cultivo (Vilaró et al. 2020).

Desde el punto de vista genético, uno de los patrones más consistentemente observados es la diferenciación entre los maíces del NOA y NEA. Los primeros estudios isoenzimáticos mostraron diferenciación entre las razas andinas del NOA y aquellas adaptadas a ambientes tropicales y de menor altitud (Sánchez et al., 2007). Posteriormente, los marcadores SSR permitieron caracterizar esta diferenciación con mayor resolución, recuperando agrupamientos concordantes con la procedencia geográfica de los materiales y tipo de grano (Lia et al., 2009; Bracco et al., 2009; Bracco et al., 2012, 2013). Los niveles de diversidad SSR fueron elevados en ambas regiones, aunque generalmente superiores en las poblaciones del NOA, que presentaron mayores valores de riqueza alélica y heterocigosidad observada y esperada que las registradas para el NEA (Figura 1B). Por otro lado, la presencia de numerosos alelos privados entre ambas regiones sugiere historias evolutivas parcialmente independientes y limitados niveles de intercambio genético.

Esta diferenciación regional también se hizo evidente al analizar los materiales argentinos en el contexto sudamericano. Bracco et al. (2016), demostraron que los maíces del NOA y del NEA presentan afinidades con distintos linajes genéticos continentales, lo que refuerza la idea de que los maíces argentinos no constituyen un único acervo genético, sino la convergencia de diferentes historias de dispersión y diversificación. En particular, los maíces harinosos del NEA exhibieron una constitución genética marcadamente diferenciada de otros maíces de tierras bajas tropicales. Estudios posteriores basados en plastomas completos reforzaron esta singularidad al detectar un haplotipo dominante en las razas harinosas del NEA, mientras que dicho haplotipo no fue mayoritario en otras razas de tierras bajas tropicales y estuvo ausente en las razas andinas (López et al., 2021).

Análisis genómicos más recientes encontraron un patrón similar de diferenciación entre NEA y NOA e identificaron *loci* bajo selección asociados a estos ambientes, lo que destaca el papel de la adaptación local en la diferenciación de estos grupos (Domínguez et al., 2024b). En contraposición a lo observado para los SSR, los niveles de diversidad nucleotídica fueron más bajos en el NOA que en el NEA, con una gran extensión del desequilibrio de ligamiento y estimas reducidas de tamaño poblacional efectivo para ambos grupos. A pesar de que el NOA y NEA se identifican como centros de diversidad, es imperativo señalar que gran parte del germoplasma distribuido en otras regiones aún no ha sido analizado a nivel molecular.

En conjunto, estos resultados demuestran que los maíces del NOA y del NEA representan los principales grupos genéticos reconocidos en Argentina y destacan el valor de las colecciones de maíz nativo como fuente de alelos originales, así como la importancia de considerar las particularidades de cada grupo en las estrategias de conservación. Sin embargo, este patrón se basa principalmente en materiales del Norte argentino (Figura 1A), por lo que es necesario extender los estudios moleculares a otras regiones del país.





50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

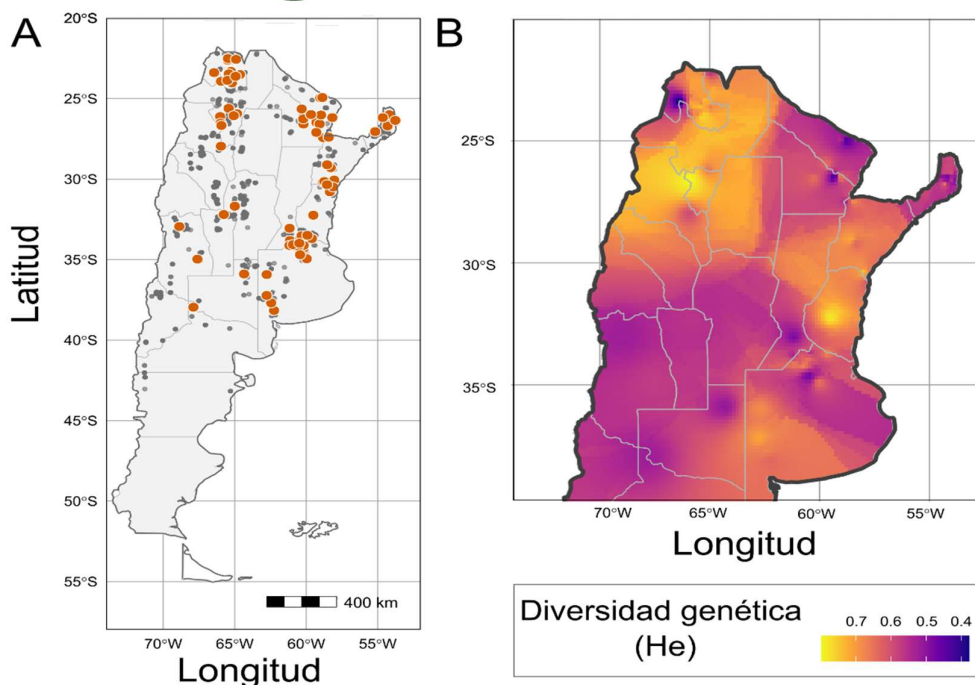


Figura 1. Distribución geográfica de poblaciones de maíz nativo de Argentina y variación espacial de su diversidad genética. (A) Distribución geográfica de las 2469 poblaciones conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de Maíz (BAP). Los puntos grises representan la colección base y los naranjas las 138 poblaciones caracterizadas con marcadores microsatélites (SSR) (Delucchi 2009; Lia et al. 2009; Bracco et al. 2012, 2016; Rivas et al. 2016, 2022; Defacio et al. 2025). **(B)** Interpolación espacial por IDW (*inverse distance weighting*; potencia = 2.5) de la heterocigosidad esperada (He) a partir de las poblaciones caracterizadas.

Altitud y tipo de grano como factores estructurantes de la diversidad genética

Dentro de la diferenciación regional descrita anteriormente, la diversidad genética presenta patrones de estructuración a menor escala. En el NOA, la altitud emerge como uno de los principales factores asociados a su organización, mientras que el tipo de grano explica una parte importante de la variación tanto en el NOA como en el NEA (Bracco et al., 2016; Rivas et al., 2022).

Los primeros indicios del efecto de la altitud provinieron de estudios citogenéticos sobre cromosomas B, que detectaron una correlación positiva entre su frecuencia y la elevación (Poggio et al., 1998). Posteriormente, Lia et al. (2007) demostraron que este patrón no podía explicarse únicamente por procesos demográficos, lo cual apoyó la hipótesis selectiva para el mantenimiento del gradiente en la frecuencia de cromosomas B.

Estudios con marcadores SSR mostraron también la incidencia de la altitud en la distribución de la variabilidad. Rivas et al. (2022) identificaron una transición marcada en la constitución genética de los maíces del NOA alrededor de los 2000 m.s.n.m., así como también una correlación positiva entre distancia genética y geográfica, y distancia genética y altitudinal. Asimismo, se evidenció una tendencia a la disminución de la diversidad genética con el aumento de la altitud, posiblemente como consecuencia de ambientes más restrictivos y tamaños poblacionales efectivos reducidos. Posteriormente, análisis genómicos basados en SNPs confirmaron este patrón al



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

demostrar que los individuos de altura y de las tierras bajas del NOA pertenecen a distintos acervos genéticos (Dominguez et al., 2024b). En conjunto, estos resultados sugieren que la combinación de aislamiento espacial y adaptación ambiental contribuyó a moldear la estructura genética observada.

De manera complementaria al efecto de la altitud, los estudios antes mencionados han identificado grupos genéticos asociados a ciertos tipos de grano tanto en el NOA como en el NEA, lo cual indica que el tipo de grano es un factor importante en la distribución de la diversidad nativa. Bracco et al. (2012, 2013) identificaron una clara diferenciación entre maíces reventadores y harinosos o córneo-harinosos en el NEA. Esta diferenciación resultó congruente con análisis morfológicos y fenológicos que también destacaron la importancia de las características del grano en la delimitación de grupos raciales (Melchiorre et al., 2006; Realini et al., 2023). Del mismo modo, en el NOA los grupos de maíz mostraron una diferenciación morfológica global asociada al tipo de grano producido por las plantas (Rivas et al., 2022).

Esta diferenciación es particularmente marcada en los maíces reventadores o pisingallos, que constituyen uno de los grupos genéticos mejor definidos dentro de los maíces nativos argentinos. Análisis con SSR de Lia et al. (2009) en poblaciones del NOA observaron que los pisingallos constituían un grupo genético independiente del resto de los materiales analizados, resultado consistente con estudios previos realizados en poblaciones sudamericanas y norteamericanas (Liu et al., 2003). Posteriormente, los trabajos realizados sobre materiales reventadores del NEA revelaron la presencia de numerosos alelos privados y una baja proporción de variantes compartidas con otros grupos raciales (Bracco et al., 2009). Esta singularidad también fue recuperada a escala continental (Bracco et al., 2016) y confirmada más recientemente mediante análisis genómicos basados en SNPs. Estos análisis distinguieron grupos específicos de reventadores del NOA y del NEA, lo cual confirma que esta diferenciación constituye uno de los patrones más robustos observados en maíces nativos del Norte argentino (Domínguez et al., 2024b).

La consistencia de los patrones a través de distintos tipos de marcadores sugiere que la diferenciación de los maíces por tipo de grano precede al mejoramiento moderno. Estudios basados en isoenzimas y SSR realizados en maíces reventadores distinguieron dos linajes, uno grupo propio del NEA y otro vinculado a las regiones andinas (Santacruz-Varela et al., 2004). En este contexto, trabajos posteriores sugirieron que los maíces reventadores y harinosos formaban parte del linaje ancestral de las tierras bajas que ingresó tempranamente en Sudamérica, mientras que maíces con otro tipo de grano, tales como los cristalinos, habrían surgido posteriormente como parte de la segunda ola de introducción del maíz en el continente y pertenecerían al acervo genético panamericano (Malaquias-Costa et al., 2022).

Estos resultados indican que el tipo de grano no constituye únicamente un rasgo morfológico de interés agronómico, sino que refleja historias evolutivas y selección en base a usos tradicionales.

Nuevas aproximaciones para la caracterización de germoplasma nativo

De lo expuesto se desprende que el relevamiento de la variabilidad genética y genómica de los maíces nativos de Argentina es aún incompleto, especialmente para las regiones centro y sur del país. Apenas unas 300 de las 2469 entradas conservadas en el





50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

BAP cuentan con información molecular disponible para su utilización, lo que representa entre un 5% y 12% del total, dependiendo del tipo de marcador considerado (Figura 1A). Esta situación limita la comprensión de la diversidad genética del maíz nativo argentino y de la posible diferenciación genética de otros grupos raciales o tipos de grano aún poco estudiados. Si bien el desarrollo de las tecnologías de secuenciación ha ampliado considerablemente la capacidad para estudiar la diversidad genética, los costos asociados con la caracterización de grandes colecciones de germoplasma restringen la posibilidad de realizar análisis poblacionales extensivos.

En este contexto, la combinación de técnicas de reducción de complejidad genómica y secuenciación en pools (*Pool-seq*) surge como una alternativa prometedora para maximizar la cantidad de información genética obtenida y reducir los costos experimentales (Schlötterer et al., 2015). En nuestro país, Freilij et al. (2025) desarrollaron y optimizaron para maíz una metodología de *pooled ddRAD-seq*, la cual permite estimar frecuencias alélicas para cada entrada a partir de una única biblioteca construida con ADN de múltiples individuos. Actualmente, esta aproximación está siendo utilizada con éxito para la caracterización de materiales del BAP de regiones del país menos exploradas (Freilij et al., 2026).

Conclusiones y perspectivas futuras

La integración de estudios morfológicos, citogenéticos y genómicos demuestra que la diversidad genética de los maíces nativos argentinos presenta una estructura compleja, resultado de la interacción entre procesos históricos de dispersión, adaptación local y manejo humano. La evidencia disponible indica que la diferenciación entre los maíces del NOA y del NEA constituye el principal patrón de organización de la diversidad genética argentina; sin embargo, sigue siendo necesario profundizar el estudio de otras regiones del país y de grupos raciales o tipos de grano que albergan una gran variabilidad genética aun no explorada. Dentro de este marco regional, la altitud y el tipo de grano actúan como ejes adicionales de estructuración, reflejando procesos de adaptación local y trayectorias evolutivas diferenciadas. Paradójicamente, esta elevada diversidad genética coexiste con señales de vulnerabilidad detectadas por los estudios genómicos más recientes. La gran variabilidad en características bioquímicas y morfológicas (Dudzien et al., 2026) de las razas nativas refuerza la necesidad de su preservación.

Como perspectiva futura, resulta fundamental avanzar hacia un enfoque de genómica del paisaje que permita desentrañar la relación entre la heterogeneidad ambiental y la estructuración genética de los maíces nativos, para evaluar la vulnerabilidad del germoplasma ante el cambio climático. En este sentido, la optimización de técnicas como el *Pool-seq* y el análisis de matrices genómicas masivas permitiría caracterizar una proporción mucho mayor de las razas descritas para el país y evaluar la idoneidad de hábitat en escenarios complejos. Estas aproximaciones no solo profundizarían el conocimiento evolutivo del cultivo, sino que proporcionarían las bases científicas necesarias para priorizar esfuerzos de conservación estratégicos en regiones amenazadas del territorio argentino.

Bibliografía

Bracco M.; Cascales J.; Hernández J.C.; Poggio L.; Gottlieb A.M.; Lia V.V., 2009, Genetic diversity in maize landraces from indigenous settlements of Northeastern Argentina, *Genetica*, 135, 39–49.





50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

- Bracco M.; Lia V.V.; Cámara Hernández J.; Poggio L.; Gottlieb A.M.**, 2012, Genetic diversity of maize landraces from lowland and highland agro-ecosystems of Southern South America: implications for the conservation of native resources, *Annals of Applied Biology*, 160, 308–321.
- Bracco M.; Lia V.V.; Poggio L.; Cámara Hernández J.A.; Gottlieb A.M.**, 2013, Caracterización genética de razas de maíz autóctonas de Misiones, Argentina, *Revista Ciencia y Tecnología*, 20, 52-60.
- Bracco M.; Cascales J.; Hernández J.C.; Poggio L.; Gottlieb A.M.; Lia V.V.**, 2016, Dissecting maize diversity in lowland South America: genetic structure and geographic distribution models, *BMC Plant Biology*, 16, 186.
- Cámara Hernández J.; Miente Alzogaray A.M.; Bellón R.; Galmarini A.J.**, 2012, Razas de maíz nativas de la Argentina, Editorial Facultad de Agronomía UBA, Buenos Aires.
- Defacio R.A.; Paz N.M.; Schlatter A.R.; Ferrer M.E.; Bramardi S.J.**, 2025, Agro-morphological and molecular characterization of Argentine maize (*Zea mays* L.) landraces of “Cristalino Colorado” race, *Genetic Resources*, 6, 14–25.
- Delucchi C.; López C.G.; Schlatter A.R.; Otegui M.E.**, 2009, Evaluación de variedades locales de maíz [*Zea mays* L.] en relación con distintos grupos heteróticos utilizando caracteres biométricos y moleculares, Tesis de maestría, Facultad de agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires.
- Dominguez P.G.; Freilij D.; Lia V.V.**, 2024a, A genomic journey across the past, present, and future of South American maize, *Journal of Experimental Botany*, 75, 7006–7021.
- Dominguez P.G.; Gutierrez A.V.; Fass M.I.; Filippi C.V.; Vera P.; Puebla A.; Defacio R.A.; Paniego N.B.; Lia V.V.**, 2024b, Genome-wide diversity in lowland and highland maize landraces from southern South America: population genetics insights to assist conservation, *Evolutionary Applications*, 17, e70047.
- Dudzien T.L.; Freilij D.; Defacio R.A.; Fernandez M.; Paniego N.B.; Lia V.V.; Dominguez P.G.**, 2026, Southern South American Maize Landraces: A Source of Phenotypic Diversity, Preprint, *bioRxiv*, 2026-01.
- Freilij D.; Calderón F.; Vera P.; Puebla A.F.; Paniego N.B.; Domínguez P.G.; Lia V.V.**, 2025, Optimización de pooled ddRAD-seq: una estrategia eficiente para la caracterización de recursos genéticos, 2° Simposio de Estudiantes Hispanohablantes de Bioinformática & Biología Computacional (SEH2Bioinfo).
- Freilij D.; Defacio R.; Vera P.; Puebla A.; Paniego N.; Domínguez P.G.; Lia V. V.**, 2026, huellas de selección y diferenciación genómica en maíces nativos de Argentina, Congreso Latinoamericano de Genética (ALAG 2026).
- Glaszmann J.C.; Kilian B.; Upadhyaya H.D.; Varshney R.K.**, 2010, Accessing genetic diversity for crop improvement. *Current opinion in plant biology*, 1;13(2):167-73.
- Guzzon F.; Rios L.W.A.; Cepeda G.M.C.; Céspedes Polo M.; Chavez Cabrera A.; Muriel Figueroa J.; Medina Hoyos A.E.; Jara Calvo T.W.; Molnar T.L.; Narro León L.A.**, 2021, Conservation and Use of Latin American Maize Diversity: Pillar of Nutrition Security and Cultural Heritage of Humanity, *Agronomy*, 11, 172.
- Kistler L.; Maezumi S.Y.; Souza J.G.D.; Przelomska N.A.S.; Costa F.M.; Clement C.R.; Smith B.D.; Allaby R.G.**, 2018, Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America, *Science*, 362, 1309–1313.
- Lia V.V.; Confalonieri V.A.; Poggio L.**, 2007, B chromosome polymorphism in maize landraces: adaptive vs. demographic hypothesis of clinal variation, *Genetics*, 177, 895–904.
- Lia, V.V.; Poggio, L.; Confalonieri, V.A.**, 2009, Microsatellite variation in maize landraces from Northwestern Argentina: genetic diversity, population structure and racial affiliations, *Theoretical and Applied Genetics*, 119(6), 1053-1067.
- Liu K.; Goodman M.M.; Muse S.V.; Smith J.S.C.; Buckler E.S.; Doebley J.F.**, 2003, Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites, *Genetics*, 165, 2117–2128.
- López M.G.; Fass M.; Rivas J.G.; Carbonell-Caballero J.; Vera P.; Puebla A.; Defacio R.; Dopazo J.; Paniego N.; Hopp H.E.; Lia V.V.**, 2021, Plastome genomics in South American maize landraces: chloroplast lineages parallel the geographical structuring of nuclear gene pools, *Annals of Botany*, 128, 115–125.





50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

- Malaquias-Costa F.; Silva N.C. de A.; Vidal R.; Clement C.R.; De Oliveira Freitas F.; Alves-Pereira A.; Petrolí C.D.; Zucchi M.I.; Veasey E.A., 2022,** Maize dispersal patterns associated with different types of endosperm and migration of indigenous groups in lowland South America. *Annals of Botany*, 129, 737–751.
- Matsuoka Y.; Vigouroux Y.; Goodman M.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 USA*, 99, 6080–6084.
- Melchiorre P.; Bartoloni N.; Cámara Hernández J., 2006,** Phenetic relationships among native races of maize (*Zea mays* ssp. *mays*) from North-eastern Argentina (Misiones), *Journal of Genetics and Breeding*, 60, 173–182.
- Mir C.; Zerjal T.; Combes V.; Dumas F.; Madur D.; Bedoya C.; Charcosset A., 2013,** Out of America: tracing the genetic footprints of the global diffusion of maize, *Theoretical and Applied Genetics*, 126, 2671–2682.
- Poggio L.; Rosato M.; Chiavarino A.M.; Naranjo C.A., 1998,** Genome size and environmental correlations in maize (*Zea mays* ssp. *mays*, Poaceae), *Annals of Botany*, 82, 107–115.
- Pflüger L.A.; Schlatter A.R., 1996,** Isozyme variation in some races of maize from Argentina, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 43, 357–362.
- Realini M.F.; Poggio L.; Alzogaray A.M.M.; González G.E., 2023,** Morphological and phenological variability of Guaraní maize germplasm from Northeastern Argentina (NEA), *Rodriguésia*, 74, e00292022.
- Rivas J.G.; Gutiérrez A.V.; Defacio R.A.; Schimpf J.; Vicario A.L.; Hopp H.E.; Paniego N.B.; Lia V.V., 2022,** Morphological and genetic diversity of maize landraces along an altitudinal gradient in the Southern Andes, *PLoS ONE*, 17, e0271424.
- Rivas J. G., 2016,** Caracterización de la diversidad genética de razas nativas de maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) del Noroeste Argentino mediante descriptores morfométricos y marcadores moleculares, Tesis Doctoral, Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales.
- Romero-Navarro J.A.; Willcox M.; Burgueño J.; Romay C.; Swarts K.; Trachsel S.; Preciado E.; Terron A.; Delgado H.V.; Vidal V., 2017,** A study of allelic diversity underlying flowering-time adaptation in maize landraces, *Nature Genetics*, 49, 476–480.
- Sánchez G. J.J.; Goodman M.M.; Stuber C.W., 2007,** Racial diversity of maize in Brazil and adjacent areas, *Maydica*, 52, 13–30.
- Santacruz-Varela A.; Widrlechner M.P.; Ziegler K.E.; Salvador J.; Millard M.J.; Bretting P.K., 2004,** Phylogenetic relationships among North American popcorns and their evolutionary links to Mexican and South American popcorns, *Crop Science*, 44, 1456–1467.
- Schlötterer C.; Kofler R.; Versace E.; Tobler R.; Franssen S.U., 2015,** Combining experimental evolution with next-generation sequencing: a powerful tool to study adaptation from standing genetic variation, *Heredity*, 114, 431–440.
- Torregrosa M.; Cámara Hernández J.; Solari L.; Safont Lis J.; Cavalieri O., 1980,** Clasificación preliminar de formas raciales de maíz y su distribución geográfica en la República Argentina, *II Congreso Nacional de Maíz*, Pergamino, Buenos Aires, Argentina, 5–17.
- Vigouroux Y.; Glaubitz J.C.; Matsuoka Y.; Goodman M.M.; Sánchez G. J.; Doebley J., 2008,** Population structure and genetic diversity of New World maize races assessed by DNA microsatellites, *American Journal of Botany*, 95, 1240–1253.
- Vilaró M.; Vidal R.; Abadie T., 2020,** Diversity of maize landraces in germplasm collections from South America, *Agrociencia Uruguay*, 23, 108.
- Villa T.C.C.; Maxted N.; Scholten M.; Ford-Lloyd B., 2005,** Defining and identifying crop landraces, *Plant Genetic Resources*, 3, 373–384.
- Yang J.; Mezouk S.; Baumgarten A.; Buckler E.S.; Guill K.E.; McMullen M.D.; Page R.; Ross-Ibarra J., 2023,** A landrace-derived admixture map reveals the basis of adaptation in African maize, *Science*, 381, 1230–1236.