

## ¿PUEDE EL MEJORAMIENTO GENÉTICO POTENCIAR LA COLONIZACIÓN FUNCIONAL CON HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES EN MAÍZ? EVIDENCIAS SOBRE SUS BASES GENÉTICAS.

Paganini R<sup>2</sup>; Beribe MJ.<sup>1</sup>; Masino A<sup>2</sup>; Casabuena F<sup>2</sup>; Banducci E<sup>2</sup>; Copia P<sup>1</sup>; Farroni AE<sup>12</sup>; Lorea RD<sup>12</sup>

<sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, INTA, Buenos Aires, Argentina

<sup>2</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Pergamino, Buenos Aires.

[renzo\\_lp95@hotmail.com](mailto:renzo_lp95@hotmail.com); [beribe.maria@inta.gob.ar](mailto:beribe.maria@inta.gob.ar); [amasino@comunidad.unnoba.edu.ar](mailto:amasino@comunidad.unnoba.edu.ar);

[ficasabuena@comunidad.unnoba.edu.ar](mailto:ficasabuena@comunidad.unnoba.edu.ar); [eabanducci@comunidad.unnoba.edu.ar](mailto:eabanducci@comunidad.unnoba.edu.ar);

[copia.pablo@inta.gob.ar](mailto:copia.pablo@inta.gob.ar); [farroni.abel@inta.gob.ar](mailto:farroni.abel@inta.gob.ar); [lorea.roberto@inta.gob.ar](mailto:lorea.roberto@inta.gob.ar)

### CAN PLANT BREEDING ENHANCE FUNCTIONAL COLONIZATION BY ARBUSCULAR MYCORRHIZAL FUNGI IN MAIZE? GENETIC EVIDENCE

**Abstract:** The study aimed to quantify phenotypic variability and the genetics components behind the association level of maize with arbuscular mycorrhizal fungi (AM). The genetic architecture of arbuscular mycorrhizal colonization was evaluated using a partial diallel design involving five inbred lines and ten hybrids. Level of association was assessed by measuring the content of arbuscules in maize root. Results indicated that nitrogen application reduced functional colonization in certain inbred lines, whereas hybrids remained largely stable. Genetic analysis yielded a Baker index of 0,58, signifying that additive genetic effects are more influential than non-additive ones in determining AM association. The inbred line LP122-2 demonstrated the highest general combining ability, acting as a significant source of additive effects for increased colonization in its progeny. Notably, LP122-2 and its hybrid LP122-2xLP923 were identified as superior genotypes. The findings suggest that maize breeding programs can effectively enhance AM symbiosis by selecting parental lines with high colonization potential. This strategy offers a path toward more sustainable agriculture by utilizing natural mutualistic associations to improve nutrient uptake and stress tolerance.

**Palabras Clave:** dialelos, componentes genéticos, maíz, micorrizas, simbiosis

**Keywords:** diallele, genetics component, maize, mycorrhizal, symbiosis

### Introducción

El interés por desarrollar estrategias agrícolas más eficientes y sustentables ha impulsado el estudio de la simbiosis entre el maíz y los hongos micorrízicos arbusculares (HMA), los cuales pertenecen al filo Glomeromycota y son capaces de establecer asociaciones mutualistas que permiten el intercambio de recursos entre ambos organismos y otorga a las plantas tolerancia a estrés hídrico, salino y nutricional, así como contribuir a una mayor resistencia frente a enfermedades y plagas (Bortolot, 2024). Durante esta interacción, el hongo coloniza el sistema radicular de la planta formando estructuras especializadas (figura 1). Los HMA desarrollan una red de hifas tanto dentro como fuera de la raíz. Las hifas extra radicales se extienden más allá de la zona de influencia del sistema radical, permitiendo captar nutrientes minerales poco móviles (Wang, 2020) ya en el interior de la raíz los hongos forman arbusculos. Estos son

estructuras funcionales donde se produce el intercambio de recursos entre ambos organismos (Paries, 2023).

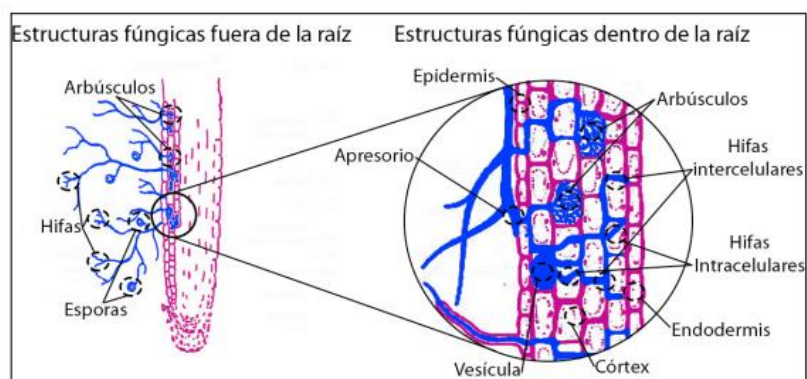


**Figura 1:** Representación esquemática del desarrollo del micelio dentro y fuera de la raíz de la planta hospedante. Nota: Adaptado de Representación esquemática de Saparrat y colaboradores, Universidad Nacional de La Plata.

La importancia de estos hongos en la agricultura radica en el vínculo entre el micelio extra radical, la planta y el suelo, ya que al darse esa asociación planta-hongo, las plantas micorrizadas presentan ventajas en la absorción de nutrientes de poca movilidad respecto a las no micorrizadas, esto se debe a que el micelio se extiende a una mayor distancia en el suelo que los pelos radicales de las plantas no micorrizadas (Blanco, 1997).

La expresión de esta simbiosis depende del genotipo de la planta y del hongo, así como de las condiciones ambientales. La fertilización química puede reducir la dependencia de la planta respecto de los HMA, afectando tanto la colonización como el beneficio funcional de la asociación (Li, 2023). A pesar de esto la capacidad de hacer simbiosis con HMA se ha conservado en las principales especies de cultivo a lo largo de los procesos de domesticación y mejora (Sawers, 2008).

Esto implica que la evaluación de la base genética de la micorrización debe considerar la interacción genotipoambiente para capturar adecuadamente la variabilidad del rasgo (Liu, 2021). La identificación de genotipos con elevada capacidad para establecer asociaciones micorrícicas eficientes constituye una estrategia de gran interés para el desarrollo de sistemas agrícolas más sostenibles. Para incorporar estos caracteres en programas de mejoramiento es necesario comprender la naturaleza genética de la variación observada y determinar la importancia relativa de los efectos aditivos y no aditivos que controlan su expresión (Fasahat, 2016). La mayoría de los estudios se han enfocado en la identificación de QTL (genes de herencia cuantitativa) o en la caracterización fisiológica de la respuesta del maíz frente a la colonización micorrícica, existiendo una limitada comprensión de cómo se distribuyen los componentes genéticos aditivos y no aditivos que la determinan (Ramírez-Flores, 2020; Li, 2023).

En este contexto, los análisis dialélicos que permiten determinar la aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) representan una de las metodologías más utilizadas para el estudio de la herencia cuantitativa al descomponer la variación genética observada en componentes atribuibles a efectos

aditivos y no aditivos respectivamente. Este enfoque ha sido ampliamente utilizado en mejoramiento genético para entender la herencia de caracteres complejos y optimizar la selección de parentales e híbridos (Griffing, 1956; Baker, 1978; Fasahat, 2016).

El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la arquitectura genética de la colonización micorrícica en maíz mediante un diseño dialélico parcial, integrando información de líneas e híbridos bajo diferentes condiciones ambientales. Específicamente, se buscó: (i) cuantificar la variabilidad fenotípica de la colonización micorrícica en líneas e híbridos, (ii) determinar los componentes de varianza genética y la influencia de factores ambientales (nivel de fertilización) sobre la expresión de la simbiosis, (iii) estimar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) para identificar el rol de los efectos aditivos y no aditivos en la herencia del carácter e iv) identificar genotipos superiores con potencial para ser utilizados en programas de mejoramiento.

### Materiales y métodos

Durante la campaña 2021/22 (14 de diciembre de 2021) se implantaron en la EEA INTA Pergamino dos ensayos conformando un diseño dialélico parcial. El primero (Experimento 1) involucró 5 líneas endocriadas pertenecientes al programa de mejoramiento genético de maíz templado de la EEA INTA Pergamino (LP122-2, LP923, LP4703, LP29 y LP2542) con 4 repeticiones; y el segundo ensayo (Experimento 2) evaluó el comportamiento de los 10 híbridos resultantes del cruzamiento entre dichas líneas (en un solo sentido) con 2 repeticiones.

El diseño experimental utilizado consistió en parcelas subdivididas en bloques completos aleatorizados, donde el factor principal fue el tratamiento (T) de fertilización (CF: con fertilización nitrogenada (200 kg/ha de urea) y SF: sin fertilización nitrogenada) y la subparcela los genotipos (G: líneas e híbridos según ensayo). La unidad experimental consistió en 2 surcos distanciados a 0,7 mts de 5 mts de largo. La conducción de los ensayos fue en siembra directa, en secano y con los controles culturales habituales para la región.

Cuando los materiales alcanzaron los estadios V6-V8, se extrajeron las raíces de dos plantas por unidad experimental, se lavaron y se extrajeron las raíces más finas. Las mismas fueron teñidas utilizando el método de Phillips y Hayman (1970) modificado y se fijaron en un portaobjetos utilizando gelatina. El porcentaje de colonización se evaluó microscópicamente con aumento de 200x, registrando la presencia de arbuscúlos (F\_ ARBUS) de acuerdo con la metodología propuesta por McGonigle (1990).

Para el análisis estadístico utilizó un Modelo Lineal Mixto y un test de comparación de medias LSD de Fisher para estudiar los componentes de variancias involucrados en la colonización (INFOSTAT, Di Rienzo, 2021). Se aplicó un análisis dialélico de Griffing Método II (Griffing, 1956) basado en las medias de los cruzamientos y las líneas, se estimaron los efectos de las condiciones ambientales como efectos fijos (nivel de fertilización química) y los efectos de ACG, ACE e interacciones como aleatorios, determinando los componentes de variancias. Para la determinación de la significancia en la selección de las mejores líneas se utilizaron dos (2) desvíos con respecto a la media (De la Cruz-Lázaro, 2010) lo que permite inferir con un 95 % de probabilidad de que el valor seleccionado difiera de cero. Se calculó el índice de Baker (IB) que relaciona las variancias de los efectos de ACG y ACE y permite inferir la participación relativa de estos.

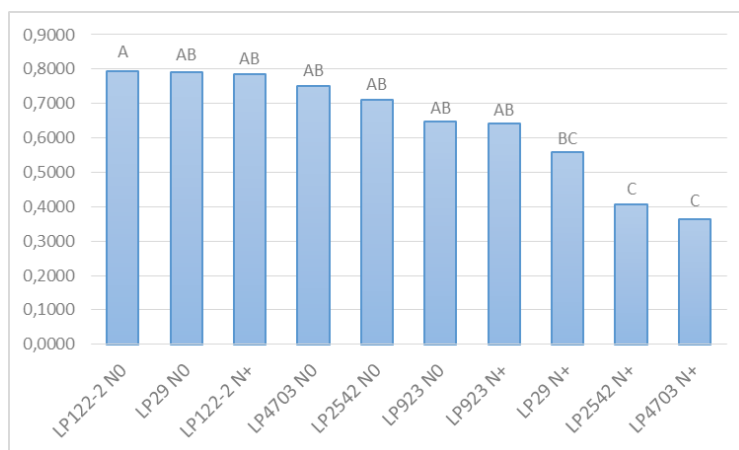


50 AÑOS  
PENSANDO  
EL FUTURO

XIII  
CONGRESO  
NACIONAL  
DE MAÍZ

## Resultados

En el ensayo de Líneas para la colonización funcional por HMA se encontró un efecto altamente significativo de G ( $F= 3,39$ ) y T ( $F= 14,92$ ) y significativo de la interacción ( $F= 2,77$ ). Es decir, los genotipos de maíz evaluados se asocian de forma diferente con las MA en presencia o ausencia de nitrógeno agregado como fertilizante en el suelo. En la figura 2 se presenta la comparación de medias para la colonización por HMA de la combinación entre líneas y niveles de fertilidad encontrando que las mismas



estuvieron entre 79,2 y 38,4 %.

**Figura 2:** Frecuencia de arbusculos en las líneas en ambientes N+ y N0.

Nota: comparación de medias de los diferentes genotipos evaluados en los diferentes ambientes en el experimento 1. (Letras diferentes indican diferencias mayores a  $p=0,05$ )

En el caso del ensayo de los híbridos, se encontraron diferencias significativas solamente para los G ( $F= 2,71$ ), lo que indica que no se observaron diferencias significativas ni tendencia a comportarse diferente los híbridos con o sin el agregado de nitrógeno. Los valores de colonización por HMA obtenidos en promedio por los híbridos fueron entre 70,4 y 30,1 % (figura 3).

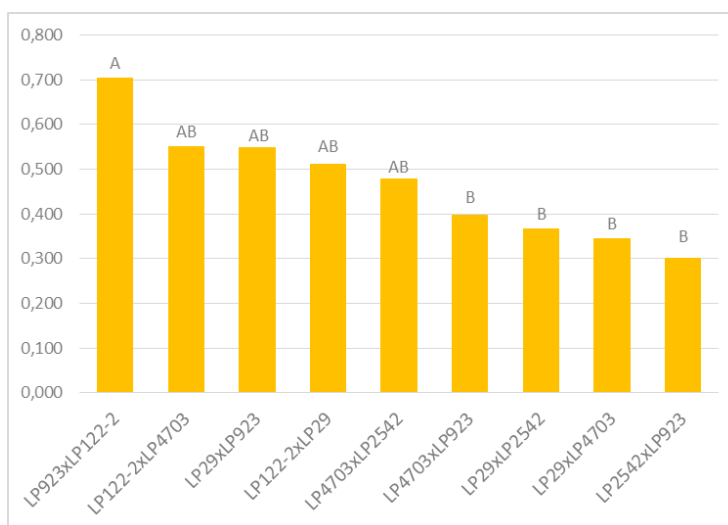


**Figura 3:** Frecuencia de arbusculos en los híbridos.

Nota: letras diferentes indican diferencias significativas ( $p>0,05$ ) para el porcentaje de arbusculos (A), en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 2.

En la Tabla 1 se muestra la significancia estadística para los efectos de ACG y ACE del porcentaje de arbusculos obtenido con el software GENES. El índice de Baker (IB) calculado para ellos fue de 0,58.

**Tabla 1:** ANOVA producido por el software GENES para la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) aplicando un dialelo de Griffing (modelo II).

| FV             | GL | SC       | CM     | F(fijo) | Probabilidad |
|----------------|----|----------|--------|---------|--------------|
| <b>Modelo</b>  | 14 | 10753,88 | 768,13 | 3,58    | 0,002        |
| <b>ACG</b>     | 4  | 3883,48  | 970,87 | 4,52    | 0,0061       |
| <b>ACE</b>     | 10 | 6870,39  | 687,04 | 3,2     | 0,0074       |
| <b>Residuo</b> | 28 | 6014,96  | 214,82 |         |              |

Nota: ACG: aptitud combinatoria general, ACE: aptitud combinatoria específica.

*Aptitud Combinatoria General:* Tomando en cuenta dos DS podemos inferir que los valores positivos o negativos superiores a este número son distintos a cero. En este caso, LP122-2 contribuye positivamente con valores superiores a la media general (Tabla 2). Esta línea estaría aportando efectos aditivos en los cruzamientos en los que participa para generar mayor asociación con HMA, esto puede corroborarse porque los híbridos en los que está presente la línea mencionada como progenitor son los que mayor asociación tienen (Figura 3). Por otro lado, LP2542 contribuye negativamente para esta característica.

**Tabla 2:** Efectos de Aptitud combinatoria general (ACG) para las líneas utilizadas en el Experimento 1.

| Efecto ACG     | Estimación          |
|----------------|---------------------|
| <b>LP122-2</b> | <b>9,78 **</b>      |
| <b>LP2542</b>  | <b>-5,76 **</b>     |
| <b>LP29</b>    | -1,27 <sup>ns</sup> |
| <b>LP4703</b>  | -2,88 <sup>ns</sup> |
| <b>LP923</b>   | 0,12 <sup>ns</sup>  |
| <b>DS</b>      | <b>2,48</b>         |

Nota: DS: desvío estándar. \*\* = diferencias significativamente distintas de 0 ( $p=0,05$ ); ns = diferencias no significativamente diferentes de 0.

*Aptitud Combinatoria Específica:* Tomando en cuenta 2 DS los híbridos LP2542xLP923 y LP29xLP4703 son las peores combinaciones híbridas para la variable porcentaje de arbusculos, y no se encontró una combinación que sea positiva y superior a la media general (Tabla 3). En el primer híbrido mencionado, el porcentaje de heterosis es -49,74 %, esto indica que hay una disminución en la colonización en ese porcentaje. En el segundo híbrido, el porcentaje de heterosis es -44 %, por lo tanto, también habría una disminución en la colonización del mismo porcentaje.

**Tabla 3:** Efecto de la aptitud combinatoria específica (ACE) en los híbridos utilizados en el Experimento 2.

| Efecto ACE     | Efecto de la ACE |               |               |
|----------------|------------------|---------------|---------------|
|                | Estimación       | Heterosis     | Heterosis (%) |
| LP122-2xLP2542 | -0,92 ns         | -10,05        | -14,92        |
| LP122-2xLP29   | -10,99 ns        | -21,44        | -29,29        |
| LP122-2xLP4703 | -5,88 ns         | -15,62        | -22,04        |
| LP122-2xLP923  | 7,61 ns          | 0,06          | 0,08          |
| LP2542xLP29    | -9,20 ns         | -23,69        | -38,40        |
| LP2542xLP4703  | 2,15 ns          | -11,62        | -19,57        |
| LP2542xLP923   | <b>-18,34 **</b> | <b>-29,94</b> | <b>-49,74</b> |
| LP29xLP4703    | <b>-13,58 **</b> | <b>-28,68</b> | <b>-44,00</b> |
| LP29xLP923     | 2,164 ns         | -10,75        | -16,29        |
| LP4703xLP923   | -11,47 ns        | -23,68        | -37,19        |
| DS             | 6,40             |               |               |

Nota: DS: desvío estándar. \*\* = diferencias significativamente distintas de 0 ( $p=0,05$ ); ns = diferencias no significativamente diferentes de 0.

## Discusión

En la presente investigación pudimos observar un comportamiento diferencial de los genotipos en ambos experimentos realizados. Estos resultados coinciden con estudios que señalan la existencia de diferencias genéticas entre genotipos en cuanto a su compatibilidad con los hongos micorrícicos arbusculares (Cook, 2024). En el experimento 1 las líneas presentaron asociación a micorrizas en promedio de un 65%, mientras que en el experimento 2, los híbridos presentaron una colonización por micorrizas en promedio de un 47%. La menor colonización observada en los híbridos respecto a las líneas concuerda con lo reportado por Barrales Gámez (2023) y Copia (2021); sin embargo, a diferencia de estos últimos, en nuestra investigación el agregado de nitrógeno (N) no alteró significativamente la colonización en los híbridos. En contraste, en las líneas endocriadas la fertilización nitrogenada redujo la simbiosis de manera genotipo-dependiente: mientras LP29, LP4703 y LP2542 mostraron mayor colonización sin N (alcanzando LP4703 el mínimo de 36,50% en N+), LP122-2 y LP923 mantuvieron niveles estables en ambos ambientes (destacándose LP122-2 con 79,25% en N0). Esta respuesta genotípica diferencial ante variaciones nutricionales se asemeja a lo observado por Sawers (2009) en gradientes de fosfato para las líneas Oh34 y Pa36. Por su parte, Montañó Arias (2001) demostraron que el efecto del N sobre el nivel de micorrización está supeditado a la disponibilidad de fósforo (P), pudiendo la planta incrementar la colonización ante aportes de N si el P es limitante. En conjunto, la evidencia confirma que la fertilización altera la simbiosis HMA-maíz, manifestando patrones de respuesta contrastantes entre líneas puras e híbridos.

El estudio de los componentes genéticos involucrados en la asociación diferencial de los genotipos de maíz aquí evaluados y los HMA permitió identificar efectos aditivos y no aditivos significativos involucrados en la expresión de esta característica. Según Baker (1978), al calcular su índice valores cercanos de IB a 0,5 indican que la respuesta

fenotípica depende equitativamente de la capacidad combinatoria general y de las interacciones específicas entre parentales, valores mayores como los obtenidos en el presente trabajo (0,58) indican un aporte más significativo de los efectos aditivos.

La línea LP122-2 fue la que presentó mayor porcentaje de colonización y además elevada ACG, constituyéndose así en una fuente importante de efectos aditivos que podría emplearse como parental recurrente en programas orientados a incrementar la colonización micorrízica.

En cuanto a la aptitud combinatoria específica y a la heterosis producida entre las líneas utilizadas, en nuestro estudio no se encontró ninguna combinación híbrida que tenga un nivel de heterosis tal que supere a las líneas en cuanto a colonización por micorrizas. Picard (2008), observó evidencia que sugiere que la selección de MA está controlada por la herencia dominante en lugar de la heterosis, tal como verificamos en nuestro trabajo. Por lo tanto, al encontrar efectos aditivos importantes la estrategia para mejorar la simbiosis es seleccionar las líneas que manifiesten mayores niveles de asociación con micorrizas.

### Conclusiones

Se encontró asociación diferencial en el nivel de simbiosis con HMA nativos de nuestra región tanto en las líneas como en los híbridos.

El nivel de asociación con HMA de las líneas mostró un comportamiento diferente al de los híbridos derivados de ellas. En el caso de las líneas, algunos genotipos fueron afectados por el aporte de nitrógeno agregado como fertilizante químico, mientras que en los híbridos no se encontró un comportamiento similar.

Tanto en las líneas como los híbridos se pudieron detectar genotipos con niveles contrastantes de asociación. Cabe destacar la línea LP122-2 y el híbrido LP122-2xLP923, los cuales fueron los que mayores niveles de asociación presentaron.

Finalmente, a la hora de pensar una estrategia de mejoramiento orientada a potenciar la eficiencia del maíz en su asociación con HMA debe tenerse en cuenta que los factores ambientales juegan un rol importante. Desde el punto de vista de las bases genéticas los efectos aditivos son los más importantes de acuerdo a nuestra investigación, aunque no debe descartarse el factor heterótico.

Por lo tanto, en la selección de líneas endocriadas es muy importante elegir aquellas que presenten mayor nivel de asociación con micorrizas, ya que sus híbridos resultantes también expresarán esta característica. Esta estrategia ofrece herramientas para abrir el camino a una agricultura más sustentable que utilice las relaciones mutualistas naturales con el objetivo de mejorar la eficiencia en el uso de nutrientes y la tolerancia al estrés.

### Apoyo Financiero:

La presente investigación se enmarca en el proyecto SIB 5896/2024 de la UNNOBA y contó además con apoyo financiero de INTA a través del CVT INTA Semilleros. La misma es parte integrante del Trabajo Final de Grado del Lic. Renzo Paganini.

### Referencias bibliográficas:

Baker, R. J. (1978). Issues in diallel analysis. Crop Science. 18, 533–536.



50 AÑOS  
PENSANDO  
EL FUTURO

XIII  
CONGRESO  
NACIONAL  
DE MAÍZ

- Barrales Gámez, B. (2023). Variación en la colonización de hongos micorrícicos arbusculares en una población de líneas casi isogénicas de maíz [Tesis de Maestría]. Institución de Enseñanza e Investigación en Ciencias Agrícolas, Campus Montecillo, Postgrado de Recursos Genéticos y Productividad Genética.
- Blanco Rojas, F. A.; y Salas Alvarado, E. (1997). Micorrizas en la agricultura: Contexto mundial e investigación realizada en Costa Rica. *Agronomía Costarricense* 21, 55–67.
- Bortolot, M.; Buffoni, B.; Mazzarino, S.; Hoff, G.; Martino, E.; Fiorilli, V.; y Salvioli Di Fossalunga, A. (2024). The Importance of Mycorrhizal Fungi and Their Associated Bacteria in Promoting Crop's Performance: An Applicative Perspective. *Horticulturae* 10, 1326.
- Copia, P.; Lorea, R.; Farroni, A.; Galizia, L.; Beribe, M. J.; Restovich, S.; y García P, P. (2022). Genotipos de maíz: colonización de la raíz por hongos micorrícicos arbusculares. XII Congreso Nacional de Maíz.
- Cook, C.; Huskey, D.; Mazzola, M.; y Somera, T. (2024). Effect of rootstock genotype and arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) species on early colonization of apple. *Plants*, 13(10)
- De la Cruz-Lázaro, E.; Rodríguez-Herrera, S. A.; Estrada-Botello, M. A.; Mendoza-Palacios, J. D.; Mauricio-Castillo, R. A.; y Turrent-Fernández, A. (2010). Aptitud combinatoria de líneas de maíz tropical. *Universidad y Ciencia* 26, 11–2.
- Di Rienzo, J. A.; Casanoves, F.; Balzarini, M. G.; González, L.; Tablada, M.; y Robledo, C. W. (2021). InfoStat versión 2021. Centro de Transferencia InfoStat, Facultad de Ciencias Agropecuarias, UNC.
- Fasahat, P.; Rajabi, A.; Rad, J. M.; y Derera, J. (2016). Principles and methods of diallel cross in plant breeding. *Commun. Biom. Crop Science*. 11, 1–15.
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal Biology Science* 9, 463–493.
- Li, L.; Tian, H.; Zhang, J.; y Feng, G. (2023). Arbuscular mycorrhiza enhances maize grain yield and nitrogen uptake during the grain filling stage with contrasting nitrogen status in two types of soils. *Plant Growth Regulation*, 101(2), 315–330.
- Liu, M.; Shen, Y.; Li, Q.; Xiao, W.; y Song, X. (2021). Arbuscular mycorrhizal fungal colonization and soil pH induced by nitrogen and phosphorus additions affects leaf C:N:P stoichiometry in Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) forests. *Plant and Soil*, 461(1–2), 421–440.
- McGonigle, T. P.; Miller, M. H.; Evans, D. G.; Fairchild, G. L.; y Swan, J. A. (1990). A new method which gives an objective measure of colonization of roots by vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi. *New Phytologist*, 115(3), 495–501.
- Montaño Arias, N.; Quiroz García, V.; y Cruz Flores, G. (2001). Colonización micorrízica arbuscular y fertilización mineral de genotipos de maíz y trigo cultivados en un Andisol. *Terra Latinoamericana*, 19(4), 337–344.
- Paries, M.; y Gutjahr, C. (2023). The good, the bad, and the phosphate: regulation of beneficial and detrimental plant–microbe interactions by the plant phosphate status. *New Phytologist* 239, 29–46.
- Pérez-Jaramillo, J. E.; Mendes, R.; y Raaijmakers, J. M. (2015). Impact of plant domestication on rhizosphere microbiome assembly and functions. *Plant Molecular Biology*, 90(6), 635–644.
- Phillips, J.; y Hayman, D. (1970). Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. *Transactions of the British mycological Society* 55, 158–161.
- Picard, K.; Didier, S.; Van Tuinen, D.; Gianinazzi-Pearson, V.; y Gianinazzi, S. (2008). Dominant inheritance of the ability of maize to select arbuscular mycorrhizal fungal communities in the rhizosphere. *Plant and Soil*, 311(1), 1–11.
- Ramírez-Flores, M. R.; Perez-Limon, S.; Li, M.; Barrales-Gamez, B.; Albinsky, D.; Paszkowski, U.; Olalde-Portugal, V.; y Sawers, R. J. (2020). The genetic architecture of host response reveals the importance of arbuscular mycorrhizae to maize cultivation. *eLife* 9, e61701.
- Sawers, R.; Gebreselassie, M.; Janos, D.; y Paszkowski, U. (2009). Characterizing variation in mycorrhiza effect among diverse plant varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 120(5), 1029–1039.
- Sawers, R.; Gutjahr, C.; y Paszkowski, U. (2008). Cereal mycorrhiza: an ancient symbiosis in modern agriculture. *Trends in Plant Science*, 13(2), 93–97.
- Wang, S.; Chen, A.; Xie, K.; Yang, X.; Luo, Z.; y Chen, J. (2020). Functional analysis of the OsNPF4.5 nitrate transporter reveals a conserved mycorrhizal pathway of nitrogen acquisition in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences U. S. A.* 117, 16649–16659.