



Variabilidad genética en cultivares de *Musa* spp. mediante ADN polimórfico amplificado aleatoriamente (RAPD)

Genetic variability in *Musa* spp. cultivars using randomly amplified polymorphic DNA (RAPD)

Segundo Melecio Garcia-Garcia^{1, 2}; Jalmer Fidel Campaña-Olaya¹; César Augusto Mogollón-Farías²
Joel Michel Riojas-Gonzales²; John Henry Rimaycuna-Ramirez¹; Karla Lucía Seminario-Juárez¹
Archi Alejandro Ruiz-Polo²; José Stalyn Córdova Campos²; Erick Antonio Suarez-Peña¹

1. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Tumbes. Ciudad Universitaria, Av. Universitaria S/N, Tumbes, Perú.
2. Estación Experimental Agraria Los Cedros. Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología. Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Panamericana Norte Kilómetro 12, Tumbes. Perú.

* Autor corresponsal: Melecio.leo2000@gmail.com (S. M. Garcia-Garcia).

ORCID de los autores:

S. M. Garcia-Garcia: <https://orcid.org/0009-0003-6300-9221>

J. F. Campaña-Olaya: <https://orcid.org/0000-0002-0804-1208>

C. A. Mogollón-Farías: <https://orcid.org/0009-0000-5390-9208>

J. M. Riojas-González: <https://orcid.org/0009-0007-9966-9554>

J. H. Rimaycuna-Ramirez: <https://orcid.org/0000-0002-2767-9733>

K. L. Seminario-Juárez: <https://orcid.org/0009-0001-7059-8365>

A. A. Ruiz-Polo: <https://orcid.org/0009-0005-1273-2625>

J. S. Córdova Campos: <https://orcid.org/0000-0002-5891-4679>

E. A. Suarez-Peña: <https://orcid.org/0000-0003-0137-8251>

RESUMEN

El norte de Perú presenta condiciones abióticas favorables para la producción de banano. Sin embargo, la selección artificial ha generado cultivares que, en ocasiones, son difíciles de distinguir fenotípicamente, lo que limita la selección de especímenes con resistencia a plagas y alta calidad productiva. Por esta razón, se recurre al análisis del material genético para identificar los genotipos presentes. Como objetivo se determinó la variabilidad genética de 9 cultivares de *Musa* spp. mediante ADN polimórfico amplificado aleatoriamente (RAPD). Se seleccionó la tercera hoja de cada planta de banano perteneciente a un cultivar, y utilizando tijeras estériles, se extrajo una porción que luego se disectó en pequeñas secciones. Posteriormente, se procedió a la extracción de ADN genómico, seguida de una amplificación mediante PCR-RAPD utilizando los marcadores OPA-1, OPA-2, OPA-3, OPA-4, A-01, OPC-2 y OPC-15, con el fin de identificar la variabilidad genética a través de polimorfismos. Finalmente, el análisis del número de bandas amplificadas, polimórficas y sus respectivos porcentajes se realizó mediante el software R-Studio con el que se obtuvo un dendrograma como producto. En los cultivares IC2, Valery, Montecristo, Cavendish Gigante, Red Dacca, Williams, Gran enano, Gros Michel y *M. paradisiaca* cv. Zapatito, se amplificaron un total de 76 bandas, de las cuales 41 fueron polimórficas. El dendrograma reveló una relación genética estrecha entre cinco cultivares (Gran Enano, Williams, Montecristo, IC2 y Valery) debido a la similitud en las bandas polimórficas. En cambio, los cultivares *Gros Michel*, *Red Dacca* y *Zapatito* presentaron una diferenciación genética significativa, sin agruparse, debido a la ausencia o mayor cantidad de bandas polimórficas en cada uno. La evidencia sugiere que en el norte del Perú existe una notable diversidad genética entre los cultivares de *Musa* spp., lo que representa un recurso estratégico para el mejoramiento genético. Por ello, se plantea la integración sistemática de herramientas moleculares en los procesos de selección y certificación, con el objetivo de potenciar la sostenibilidad y competitividad del cultivo en la región.

Palabras clave: Cultivares; Polimorfismo; Diversidad genética; PCR-RAPD; Marcador molecular.

ABSTRACT

The north of Peru presents favorable abiotic conditions for banana production. However, artificial selection has generated cultivars that are sometimes difficult to distinguish phenotypically, limiting the selection of specimens with resistance to pests and high productive quality. For this reason, genetic material analysis is used to identify the present genotypes. The objective was to determine the genetic variability of 9 *Musa* spp. cultivars using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). The third leaf from each banana plant belonging to a cultivar was selected, and using sterile scissors, a portion was extracted and then dissected into small sections. DNA extraction was then performed, followed by amplification using PCR-RAPD with markers OPA-1, OPA-2, OPA-3, OPA-4, A-01, OPC-2, and OPC-15, to identify genetic variability through polymorphism. Finally, the analysis of the number of amplified polymorphic bands and their respective percentages was performed using R-Studio software, which produced a dendrogram. A total of 76 bands were amplified across the cultivars IC2, Valery, Montecristo, Cavendish Gigante, Red Dacca, Williams, Gran Enano, Gros Michel, and *M. paradisiaca* cv. Zapatito, of which 41 were polymorphic. The dendrogram revealed a close genetic relationship between five cultivars (Gran Enano, Williams, Montecristo, IC2, and Valery) due to the similarity in their polymorphic bands. In contrast, the cultivars Gros Michel, Red Dacca, and Zapatito showed significant genetic differentiation, not clustering together, due to the absence or greater number of polymorphic bands in each. Evidence suggests that there is significant genetic diversity among *Musa* spp. cultivars in northern Peru, which represents a strategic resource for genetic improvement. Therefore, the systematic integration of molecular tools into selection and certification processes is proposed, with the goal of enhancing the crop's sustainability and competitiveness in the region.

Keywords: Cultivars; Polymorphism; Genetic diversity; PCR-RAPD; Molecular marker.

Recibido: 18-02-2025.

Aceptado: 08-06-2025



Esta obra está publicada bajo la licencia [CC BY 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

INTRODUCCIÓN

El banano se destaca como la fruta de mayor consumo a nivel global, siendo considerado un cultivo estratégico para la seguridad alimentaria en diversas naciones y representando una de las principales fuentes de exportación (Martínez & Rey, 2021; Mehendran et al., 2022). Tal es el caso de que, en 2018, las exportaciones de banano (excluyendo el plátano) alcanzaron un récord histórico de 19,2 millones de toneladas (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO], 2022).

Sin embargo, diversas plagas y enfermedades afectan tanto a la planta como a sus hojas en su conjunto. Entre las más relevantes se encuentran distintas especies de nematodos que provocan afecciones en las hojas; la Sigatoka negra, una enfermedad causada por un hongo que genera manchas necróticas de color marrón oscuro o negro en la superficie foliar; el picudo negro, un escarabajo que daña el pseudotallo al alimentarse de él, debilitando la planta y *Pectobacterium chrysantemi*, una bacteria que causa necrosis y pudrición acuosa en el pseudotallo Ávil et al., 2024, Martínez et al., 2020, Vera, 2021; Paredes et al., 2024; Reyes & Ceballos, 2025; Guamangate et al., 2024; Maldonado et al., 2024).

En Perú, este cultivo constituye una actividad agrícola fundamental, con un impacto significativo en la economía del país y en el sustento de numerosas familias rurales. Las principales áreas productivas se localizan en la región norte, particularmente en los departamentos de Piura, Tumbes, Lambayeque y Amazonas. Dichos territorios se caracterizan por un clima cálido y la abundancia de agua, condiciones que favorecen el desarrollo adecuado de la planta de banano, posicionándolos como uno de los cultivos más relevantes para la exportación agrícola.

En el departamento de Tumbes, situado en la región norte de Perú, existen localidades que son reconocidas por su alta producción de variedades de banano debido a que poseen áreas con condiciones edafoclimáticas favorables para la actividad agrícola de dicho fruto (Flores, 2010).

Una de las especies de bananos más representativas en el departamento de Tumbes es *Musa acuminata* y *Musa paradisiaca*, la cual se puede hallar con distintos cultivares. No obstante, su diferenciación se realiza mediante métodos tradicionales basados en la caracterización del fenotipo con la que muchas veces se presentan duplicidades y enfoques incompletos.

Ante esta problemática, el estudio de la diversidad genética es crucial, ya que facilita la diferenciación entre genotipos y permite evaluar la variabilidad genética (Del médico et al., 2021), lo cual contribuye al desarrollo económico de zonas productoras a través de la selección de especies resistentes a plagas y con alta calidad productiva. Además, de la identificación de genotipos de banano presentes en una ubicación geográfica específica (Nadal et al., 2009). Por ello, es necesario realizar una caracterización molecular complementaria a la morfológica en los cultivos de banano, ya que permiten una identificación precisa y detallada de los diferentes genotipos que existen (Buitrago et al., 2020).

Estudios previos de las últimas décadas realizados en distintas partes del mundo, señalan que la aplicación de técnicas moleculares como la RFLP (Fragmentos de restricción de longitud polimórfica) y RAPD (ADN polimórfico amplificado aleatoriamente), son de gran apoyo en la identificación de genotipos de banano, ya que son muy eficientes en la detección de combinaciones genéticas artificiales (Pillay, Nwakanma, & Tenkouano, 2000; Pillay et al., 2001; Pillay et al., 2004; Darmayani et al., 2018).

En Perú, la técnica molecular RAPD ya se ha aplicado en 42 muestras de 18 variedades de café, hallando un bajo grado de diversidad genética y una agrupación discreta entre las variedades (Palomino et al., 2014). No obstante, en bananos, la aplicación de la técnica es escasa (Cruz et al., 2019). Por tanto, la aplicación de técnicas moleculares como RAPD, en cultivares de *Musa* spp. del departamento de Tumbes, permitirá una identificación más precisa mediante la diversidad genética presente en el genoma de las poblaciones de banano de esta región. Lo cual da lugar a una diferenciación y selección de cultivares con características agronómicas favorables, tales como resistencia a plagas y alta productividad, contribuyendo a mejorar la competitividad en el mercado global. Es por ello que esta investigación es clave para el desarrollo de estrategias de conservación y mejoramiento genético del banano, promoviendo la sostenibilidad y el crecimiento económico en el norte de Perú.

En virtud de lo anteriormente descrito, en el presente estudio se planteó el objetivo de determinar la variabilidad genética en cultivares de *Musa* spp. mediante ADN polimórfico amplificado aleatoriamente (RAPD).

METODOLOGÍA

Diseño y área del estudio

Se realizó un estudio basado en el análisis de la variabilidad genética de 9 cultivares de *Musa* spp. mediante la técnica molecular de ADN polimórfico amplificado aleatoriamente (RAPD). Los cultivares

analizados corresponden a las especies de *Musa acuminata* (8 cultivares) y *Musa paradisiaca* (1 cultivar) situados en el departamento de Tumbes, ubicado al norte de Perú (Figura 1).

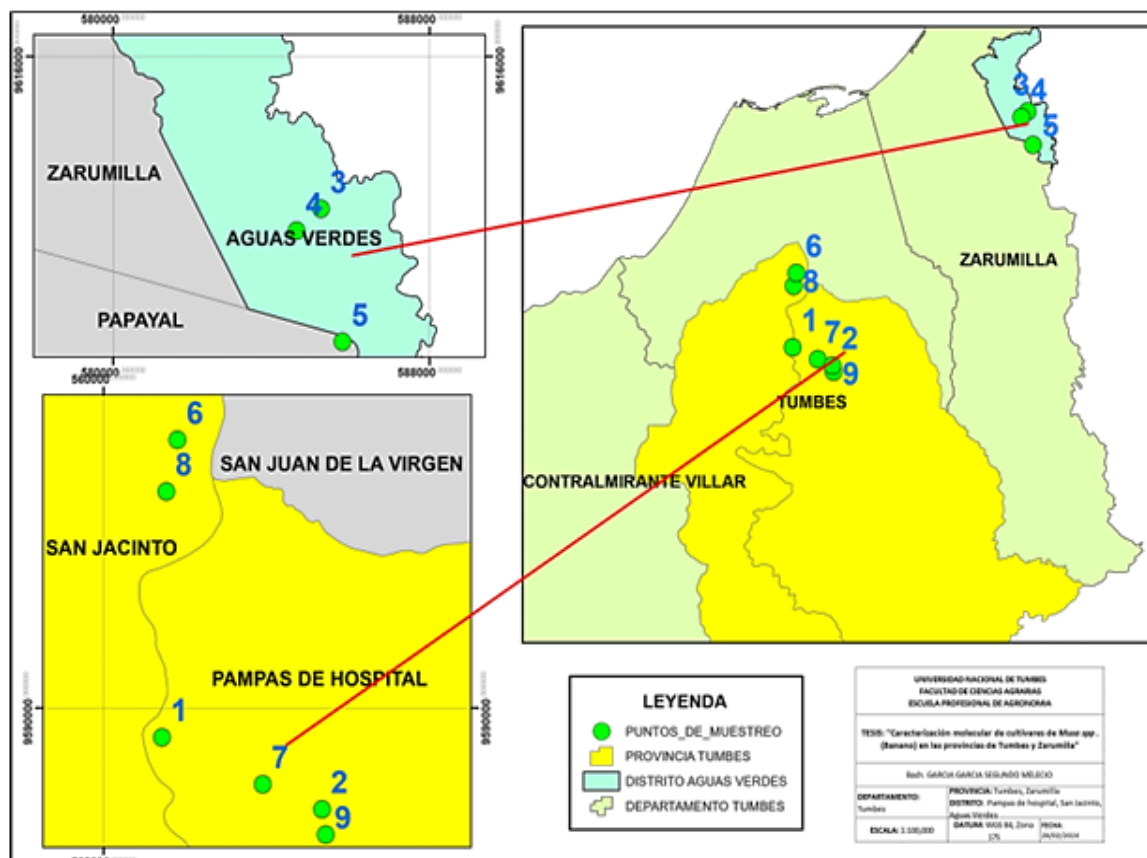


Figura 1. Ubicación geográfica de los puntos de muestreo de los cultivares del departamento de Tumbes analizados.

Localización de cultivares y muestreo

La localización de los cultivares se realizó mediante recorridos por los campos del departamento de Tumbes. Las plantas madre fueron identificadas utilizando un sistema de geoposicionamiento satelital (Figura 1 y Tabla 1). Posteriormente, se recolectaron muestras de los cultivares de banano, seleccionando la tercera hoja de cada planta. Se extrajo una porción de la hoja utilizando tijeras estériles, la cual fue colocada en bolsas Ziploc y almacenada en refrigeradores portátiles para su transporte al laboratorio de biotecnología ambiental de la Universidad Nacional de Tumbes (UNTumbes). Las muestras se conservaron a temperatura ambiente hasta su procesamiento.

Pretratamiento de las muestras

Las hojas de banano se cortaron en secciones pequeñas con el fin de facilitar su procesamiento. La superficie foliar se desinfectó utilizando una

solución de hipoclorito de sodio al 10 % y Tween al 0,1 % durante dos minutos (Lallana & García, 2013). Posteriormente, se eliminaron los residuos del desinfectante con agua destilada estéril durante dos minutos adicionales. Luego, las muestras se dejaron secar sobre papel estéril. Una vez secas, las muestras fueron congeladas con nitrógeno líquido antes de ser liofilizadas, con el objetivo de preservar la población de endófitos (Silva et al., 2009).

Extracción de ADN

La extracción de ADN se realizó siguiendo las indicaciones del Mini Kit de purificación de ADN genómico Thermo Scientific GeneJET (K0721). Al cual se añadió un paso de maceración con nitrógeno líquido. Posteriormente, la concentración de la molécula fue cuantificada en un espectrofotómetro modelo ND-1000 Nanodrop.

Tabla 1

Colección de muestras de las variedades de *Musa* spp. por zona en el departamento de Tumbes

| Nº | Zona de muestreo | Coordenadas | | Nombre común | Nombre científico |
|----|--------------------|-------------|---------|-------------------|-----------------------------|
| | | Este | Norte | | |
| 1 | Loma Saavedra | 585248 | 9612834 | Montecristo | <i>Musa acuminata</i> cv. |
| 2 | Uña de gato | 585821 | 9609880 | Red Dacca | <i>Musa acuminata</i> cv. |
| 3 | Positos | 584624 | 9611750 | Cavendish Gigante | <i>Musa acuminata</i> cv. |
| 4 | Pampas de Hospital | 561473 | 9589296 | IC2 | <i>Musa acuminata</i> cv. |
| | | 564027 | 9588146 | Gran Enano | <i>Musa acuminata</i> cv. |
| 5 | Becerra | 565523 | 9587542 | Valery | <i>Musa acuminata</i> cv. |
| | | 565620 | 9586922 | Zapatito | <i>Musa paradisiaca</i> cv. |
| 6 | San Jacinto | 561587 | 9595286 | Gros Michel | <i>Musa acuminata</i> cv. |
| | | 561866 | 9596553 | Willians | <i>Musa acuminata</i> cv. |

PCR-RAPD

La PCR-RAPD se realizó siguiendo las indicaciones del proveedor del kit comercial GoTaq y empleando 5 unidades de cebadores descritos por Chen et al. (2011) (OPA-1: 5'-CAGGCCCTTC-3, OPA-2: 5'-TGCCGAGCTG -3', OPA-3: 5'-AGTCAGCCAC-3', OPA-4: 5'-AATCGGGCTG-3', A-01: 5'-CAGGCCCTTC-3') y Padmalatha & Prasad (2007) (OPC-2: 5'-GTGAGGCGTC-3', OPC-15: 5'-GACGGATCAG-3'). El volumen final de reacción para el ADN de cada cultivar fue de 24,4 uL, compuesto por 15,2 uL de agua ultra pura (AUP), 5 uL de buffer 10X, 2 uL de MgCl₂ (25 mM), 0,5 uL de dNTPs, 0,6 uL de cebadores R, 0,1 uL de Taq ADN polimerasa y 1 uL de ADN. Las condiciones térmicas y el ciclaje consistieron en una desnaturalización inicial de 95 °C por 5 min, seguido de 45 ciclos con 93 °C por 1 min para la desnaturalización, 36 °C por 30 s para la hibridación, 72 °C por 1 min para la extensión, y una post extensión de 72 °C por 7 min.

Electroforesis de ADN

Los productos PCR (amplicones) obtenidos de los 9 cultivares se visualizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 1,5% en solución TAE 1X (Tris-Acetato-EDTA) teñido bromuro de etidio en 0,5 ng/mL. Para la migración se usó 3 uL de buffer de carga (6X DNA loading dye), 8 uL de muestra de ADN y 2 uL de marcador de peso molecular de 1000 pb (1 kb). Las condiciones eléctricas fueron 90 voltios durante 25 min (Maldonado et al., 2024).

Análisis de datos

Los RAPD y sus longitudes fueron clasificados según el cultivar en hojas de cálculo de Microsoft Excel v.2021. El número de bandas amplificadas, polimórficas y sus respectivos porcentajes se recolectaron en hojas de cálculo y posteriormente exportaron al software R-Studio Desktop v. 2022.12.0+353 para la obtención de dendrogramas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Variabilidad genética mediante PCR-RAPD

Los patrones generados por los marcadores RAPD mostraron diferentes resultados en cuanto a las bandas amplificadas, bandas polimórficas y el porcentaje de polimorfismo en los 9 cultivares de *Musa* spp. Analizados (Figura 2 y Tabla 2). Para OPA-1 se generaron 8 bandas polimórficas a partir de los 9 cultivares de *Musa* spp., lo cual representa un 88,8% de polimorfismo respecto al total de las bandas amplificadas (Figura 2 1.A). Así mismo, con

el marcador OPA-2 se generaron 8 bandas polimórficas, equivalente a un 47% de polimorfismo (Figura 2 2.A). No obstante, con el marcador OPA-3 se generaron 9 bandas polimórficas, lo que representa el 100% de las bandas amplificadas en los cultivares estudiados (Figura 2 1.B). Por otro lado, con el marcador A-01 se observaron 7 bandas polimórficas, lo que corresponde al 31,8% de polimorfismo respecto al total de 22 bandas amplificadas (Figura 2 1.C).

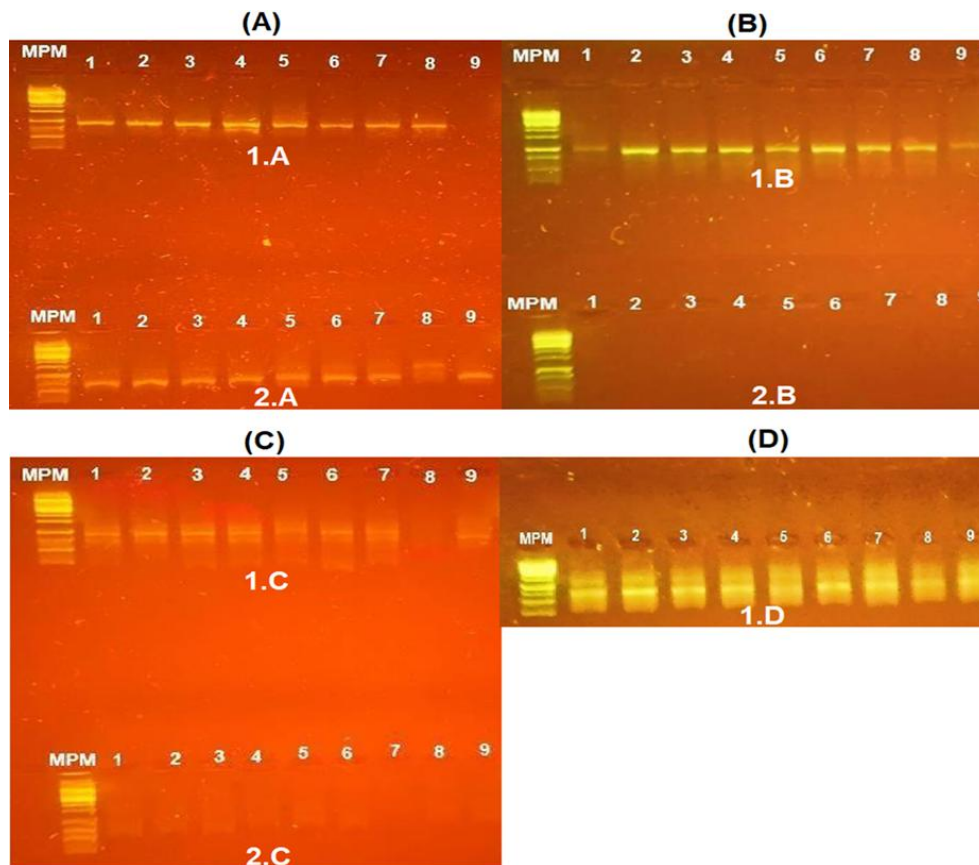


Figura 2. Gel de agarosa al 1,5% de los amplicones RAPD obtenidos por PCR. MPM: Marcador de peso molecular. 1: IC2. 2: Valery. 3: Montecristo. 4: Cavendish Gigante. 5: Red Dacca. 6 Williams. 7: Gran Enano. 8: Gros Michel. 9: Zapatito.

En relación con el marcador OPC-2, se identificaron un total de 9 bandas polimórficas, lo que representa un 47,3% de polimorfismo respecto al total de bandas amplificadas (Figura 2 1.D). Este hallazgo sugiere una considerable variabilidad genética dentro de los cultivares evaluados. Sin embargo, es relevante señalar que los marcadores OPA-4 y OPC-15 no mostraron bandas polimórficas en ninguno de los 9 cultivares analizados (Figura 2 2B y 2C). Este comportamiento podría estar relacionado con la especificidad de los cebadores utilizados y la naturaleza de los cultivares estudiados.

En ese contexto, los resultados obtenidos con el marcador OPC-2 coinciden con los reportados por Singh et al. (2021), quienes también observaron un número mayor de bandas polimórficas con el uso de este marcador, encontrando 36 bandas polimórficas en 25 cultivares de banano (*Musa* spp.). Este hallazgo refuerza la idea de que el marcador OPC-2 es efectivo para detectar variabilidad genética dentro de especies de *Musa* spp. Según Asniawati & Purwanto (2019), el marcador OPC-2 permite identificar la variabilidad genética en vegetales. Al respecto, Kanani & Shukla (2020) destacaron que el marcador OPC-2 es particularmente útil para la diferenciación genética de organismos, debido a los porcentajes de polimorfismo generados durante la amplificación. Por otro lado, a pesar de que no se observaron bandas polimórficas con el marcador OPC-15 en este estudio, otros trabajos, como el de Nadal et al. (2009), han demostrado que el marcador OPC-15 puede ser útil para la diferenciación de accesiones de *Musa* spp. a través de los polimorfismos que se generan. Esto es respaldado por Abekova et al. (2022), quienes señalan que los cebadores RAPD son herramientas efectivas para diferenciar plantas, permitiendo la identificación de líneas parentales e híbridos, lo que destaca el potencial de estos marcadores en estudios de variabilidad genética.

En relación con los marcadores OPA-1, OPA-2, OPA-3 y OPA-4, se observó una coincidencia en los primeros tres, pero no con el último. De manera similar, en los marcadores A-01 y OPC-15, se encontró concordancia solo con el primero, pero no con el segundo. Esta discrepancia en la detección de bandas polimórficas puede atribuirse a la

presencia de regiones genómicas específicas en algunas variedades que no son amplificadas eficientemente por los marcadores RAPD empleados. Este fenómeno ha sido señalado previamente por Narváez et al. (2000), quienes sugieren que ciertos loci genéticos pueden no ser susceptibles a la amplificación debido a características particulares de las secuencias genómicas. Autores como Nadal et al. (2009) reportaron la detección de 11 bandas polimórficas tanto en el marcador A-01 como en OPC-15 en 22 accesiones de *Musa* spp., lo que indica que la capacidad de los marcadores para generar polimorfismos puede variar entre diferentes cultivares y/o accesiones. Esta variabilidad en los resultados de los marcadores RAPD sugiere que no todos son igualmente efectivos para todas las variedades y/o accesiones de una especie, lo que resalta la necesidad de seleccionarlos cuidadosamente en función del objetivo del estudio. Chen et al. (2012) destacan que los marcadores OPA-1, OPA-2, OPA-3 y OPA-4 generan bandas polimórficas que permiten una adecuada diferenciación genética de clones en *Musa* spp., lo cual es consistente con los resultados obtenidos en este estudio para los tres primeros marcadores. Sin embargo, la falta de amplificación con OPA-4 en las variedades analizadas podría reflejar una limitación en la aplicabilidad de este marcador. En Indonesia, Wahyudi, Adnin y Hapsari (2020) reportaron una variación intraespecífica significativa en trece cultivares de Pisang Ambon (*Musa acuminata* CV. AAA), utilizando veinte marcadores RAPD (OPA-1 a OPA-20), encontrando un 86,82% de bandas polimórficas y un 13,18% de bandas monomórficas. Este alto porcentaje de polimorfismo refleja una notable variabilidad genética dentro de esta especie, lo que resalta la necesidad de más de 10 marcadores RAPD para caracterizar la diversidad genética de plantas de banano. Así mismo, es importante señalar que la variabilidad en la respuesta de los diferentes marcadores en distintas variedades sigue siendo un tema relevante por considerar para la interpretación de los resultados en estudios de genética. Por tanto, los resultados de esta investigación pueden ser dilucidados siendo consistentes con la bibliografía consultada.

Tabla 2

Número de bandas amplificadas, bandas polimórficas y porcentaje de polimorfismo de los 9 cultivares de *Musa* spp

| Oligonucleótido | Nº de bandas amplificadas | Nº de bandas polimórficas | Polimorfismo (%) |
|-----------------|---------------------------|---------------------------|------------------|
| OPA-1 | 9 | 8 | 89 |
| OPA-2 | 17 | 8 | 47 |
| OPA-3 | 9 | 9 | 100 |
| OPA-4 | 0 | 0 | 0 |
| A-01 | 22 | 7 | 32 |
| OPC-15 | 0 | 0 | 0 |
| OPC-2 | 19 | 9 | 47 |
| Total | 76 | 41 | |
| \bar{x} | 11 | 6 | |

Filogenética

El análisis de polimorfismo basado en el método RAPD reveló un dendrograma en el cual se agruparon los cultivares *Enano* (*Musa acuminata* cv.), *Williams* (*M. acuminata* cv.), *Montecristo* (*M. acuminata* cv.), *IC2* (*M. acuminata* cv.) y *Valery* (*M. acuminata* cv.). Estos cultivares mostraron una estrecha relación genética, lo que sugiere una similitud en su composición genética y/o en los marcadores amplificados. En contraste, los cultivares *Gros Michel* (*M. acuminata* cv.), *Red Dacca* (*M. acuminata* cv.) y *Zapatito* (*M. paradisiaca* cv.) no mostraron similitud con los grupos previamente mencionados, lo que se atribuye a la ausencia o variabilidad de ciertos marcadores en estos cultivares específicos. Este patrón de agrupamiento es consistente con los resultados de Boonsrangsom et al. (2023), quienes también encontraron una diferenciación genética entre grupos de *Musa spp.* al analizar su dendrograma, dividiendo las muestras en dos grupos principales con subgrupos adicionales, lo que refleja la complejidad genética en este cultivo. No obstante, dicha diferenciación podría estar relacionada con las características genéticas específicas de cada cultivar. Lo cual es respaldado por Loh et al. (2000) y Nadal et al. (2009), quienes señalan que, aunque los cultivares de *Musa* como el Cavendish conforman un grupo taxonómico amplio, no todos los cultivares dentro de este grupo presentan una agrupación homogénea, lo que podría ser explicado por variaciones morfológicas y organolépticas a nivel del cultivar. En este sentido, los hallazgos de Torres et al. (2020) sobre la importancia de las características morfológicas como un reflejo de la variabilidad genética, respaldan la idea de que las diferencias fenotípicas observadas en los cultivares

de banano pueden tener una base genética subyacente. En estudios previos como el de Hinge et al. (2022), que analizaron 20 cultivares de banano utilizando múltiples marcadores moleculares, se evidenció que la aplicación de técnicas como RAPD permite detectar loci alélicos específicos, revelando diferencias significativas entre sus cultivares evaluados. Otros autores como Lamare & Rao (2015) destacan la capacidad de la técnica PCR-RAPD para determinar genotipos en *M. acuminata*. Esto es apoyado por Hasanah et al. (2022), quien aplicó la técnica de PCR-RAPD en un estudio dirigido a identificar la diversidad genética de las cebollas de varios lugares del norte de Sumatra, hallando la existencia de un total de 11 variedades mediante el uso de los marcadores OPA-13, OPB-07, OPD-20 y OPM-01.

En relación a lo anteriormente escrito, la precisión de esta técnica para identificar y diferenciar genotipos es evidente en los resultados obtenidos en este estudio, que revelan una clara separación entre los cultivares evaluados como se ha observado en el dendrograma generado, lo que respalda la utilidad del método RAPD en estudios de diversidad genética en bananos, que también se han probado en otros cultivos banano como *Musa troglodytarum* L (Karuwal, Kasiandari & Daryono, 2024) e incluso para la diferenciación de microorganismos de interés fitopatológico como *Exobasidium vexans*, un hongo que afecta a los cultivos de té (Rachmad, Priyatmojo & Widiastuti (2022). Por tanto, el análisis realizado con RAPD mostró una clara diferenciación genética entre los cultivares estudiados según el dendrograma que se generó y la bibliografía consultada, por lo que los resultados obtenidos pueden ser dilucidados.

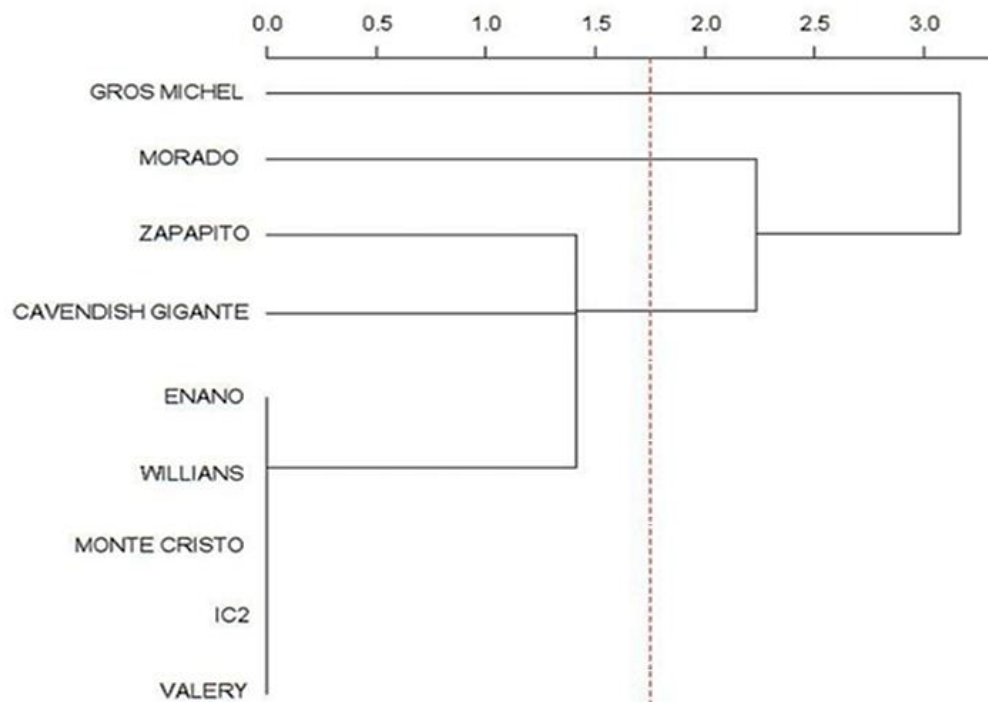


Figura 3. Dendrograma generado con el software gratuito R-Studio, basado en el análisis de 7 marcadores RAPD de 9 cultivares (IC2, Valery, Montecristo, Cavendish Gigante, Red Dacca, Williams, Gran Enano, Gros Michel, Zapatito). La escala de disimilitud se presenta en el margen izquierdo, con un rango de 0.0 a 3.0.

CONCLUSIONES

El análisis realizado evidenció que el uso de la técnica RAPD representa una herramienta altamente eficaz para evaluar el polimorfismo de los genotipos de *Musa spp.* en la región de Tumbes. Así mismo, el dendrograma obtenido reveló una estrecha relación genética entre cinco cultivares, específicamente cv. Gran Enano, cv. Williams, cv. Montecristo, cv. IC2 y cv. Valery, lo cual se atribuye a la similitud en el número de bandas polimórficas detectadas. En contraste, los cultivares cv. Gros Michel, cv. Red Dacca y cv. Zapatito mostraron una diferenciación genética significativa, no agrupándose debido a la ausencia de ciertas bandas polimórficas o la presencia de un número superior de ellas dentro de cada genotipo, respectivamente. Además, se observó un 100% de polimorfismo con el marcador OPA-3, que reveló tanto bandas polimórficas como amplificadas, lo cual infiere un mayor grado de polimorfismo.

En síntesis, el análisis de variabilidad genética mediante la técnica RAPD ha permitido identificar la diversidad en los nueve cultivares de *Musa spp.* analizados. Estos hallazgos son cruciales para mejorar la selección de genotipos con características deseables, como resistencia a plagas y alta productividad, contribuyendo a la optimización de los cultivos en la región. Se sugiere que los organismos estatales responsables de la regulación y supervisión de la producción agrícola en el Perú incorporen herramientas moleculares, como la técnica RAPD, en los procesos de caracterización de cultivos. Esta integración permitiría superar las limitaciones asociadas al uso exclusivo de descriptores fenotípicos en la agrocaracterización de especies como el banano y/o plátano, favoreciendo una identificación más precisa y eficiente de los cultivares.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Nacional de Tumbes por brindarme los conocimientos necesarios para mi

desarrollo profesional en el campo de la investigación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abekova, A. M., Yezhebayeva, R. S., Bastaubayeva, S. O., Konusbekov, K., Bazylova, T. A., Babissekova, D. I., & Amangeldiyeva, A. A. (2022). Assessment of sugar beet genetic diversity in the Republic of Kazakhstan by using RAPD markers and agromorphological traits. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 54(1), 67-78. <http://doi.org/10.54910/sabrao2022.54.1.7>
- Asniawati, M. D., & Purwatoro, A. (2019). Genetic diversity of croton (*Codiaeum variegatum* (L.) Rumph. ex A. Juss) and its offspring based on RAPD markers. *Ilmu Pertanian (Agricultural Science)*, 4(2), 52-58. <https://doi.org/10.22146/tpas.40899>
- Ávila, J. A. C., Cárdenas, C. C. C., Moreira, A. V. C., Benites, L. F. V., & Villanueva, M. S. C. (2024). Actividad antagonista de PGPR en nematodo fitoparásito *Pratylenchus* spp. en *Musa paradisiaca* (*Musa acuminata* × *M. balbisiana*) cv cavendish. *Revista Alfa*, 8(24), 717-728. <https://orcid.org/0000-0002-7127-2818>
- Boonsrangsom, T., Fuenghoi, C., Premjet, D., Suvittawat, K., Ratanasut, K., & Sujipuli, K. (2023). Genetic relationships and genome verification of Thai banana cultivars using Random Amplification of Polymorphic DNA (RAPD) markers. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 24(7), 3758-3765 <https://doi.org/10.13057/biodiv/d240713>
- Buitrago-Bitar, M. A., Enríquez-Valencia, A. L., Londoño-Caicedo, J. M., Muñoz-Flórez, J. E., Villegas-Estrada, B., & Santana-Fonseca, G. E. (2020). Molecular and morphological characterization of *Musa* spp. (Zingiberales: Musaceae) cultivars. *Boletín Científico Del Centro de Museos*, 24(1), 33-47. <https://doi.org/10.17151/bccm.2020.24.1.2>
- Chen, P., Salazar, E., Fernández, H., Castro, L., Russo, A., & Vásquez, S. (2011). Detection of RAPD polymorphisms in *Musa* spp. with differential response to the attack of *Xanthomonas campestris* pv. *musacearum*. *Trop Agronomy*, 61(2), 125-132. https://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0002-192X2011000200003
- Cruz Arévalo, S. D., Romero Meza, R. F., Cedeño Moreira, Á. V., Verdosoto Valencia, Á. V., Peñafiel Jaramillo, M. F., & Canchignia Martínez, H. F. (2019). Densidad estomática, contenido de clorofila y relación filogenética en 17 cultivares de *Musa* spp. *Scientia Agropecuaria*, 10(1), 47-54. <http://dx.doi.org/10.17268/sci.agropecu.2019.01.05>
- Darmayani, S., Shofi, M., & Raharjeng, A. R. P. (2018). RAPD Analysis of the genetic diversity among accessions of micropropagation bananas from Indonesia. *Journal of Physics: Conference Series*, 1114(1), 012137. <http://dx.doi.org/10.1088/1742-6596/1114/1/012137>
- Flores, K. (2010). Asociatividad de los productores y cadena productiva de bananos orgánicos en el valle del río Tumbes-Perú. *Revista de Ciencias Empresariales de la Universidad de San Martín de Porres*, 1(1), 37-55.
- Guamangate-Casillas, E. F., León-Reyes, H. A., Granja-Guerra, E., & Barriga-Medina, N. N. (2024). Evaluación de hongos entomopatógenos en el control de picudo (*Metamasius hemipterus* L.) en el cultivo de baby banano en el cantón La Maná. *Revista de Ciencias Agropecuarias*, 7(14), 92-100. <https://doi.org/10.56124/allpa.v7i14.0080>
- Hasanah, Y., Mawarni, L., Hanum, H., & Lestami, A. (2022). Genetic diversity of shallots (*Allium ascalonicum* L.) from several locations in North Sumatra, Indonesia based on RAPD markers. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 23(5), 2405-2410. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d230518>
- Hinge, V. R., Shaikh, I. M., Chavhan, R. L., Deshmukh, A. S., Shelake, R. M., Ghuge, S. A., & Kadam, U. S. (2022). Assessment of genetic diversity and volatile content of commercially grown banana (*Musa* spp.) cultivars. *Scientific Reports*, 12(1), 7979. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-11992-1>
- Kanani, P., & Shukla, Y. M. (2020). Genetic variability: physiological characteristics, pathogenicity and molecular diversity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cumini* infecting *Cuminum cyminum* L. in India. *Vegetos*, 33(2), 265-276. <https://doi.org/10.1007/s42535-020-00104-x>
- Karuwal, R. L., Kasiandari, R., & Daryono, B. S. (2024). Genetic variation of Fei banana (*Musa troglodytarum* L.) in Maluku Islands using RAPD markers. *SABRAO J. Breed. Genet.*, 56(1), 101-111. <http://doi.org/10.54910/sabrao2024.56.1.9>
- Kessel, A. (2008). Aplicación de técnicas biotecnológicas en frutales, una vía valiosa para el rescate y la conservación de estas especies. *Cultivos Tropicales*, 29(3), 27-37.
- Lallana, V. H., & García, L. F. (2013). Effect of pretreatments on the seed viability test of *Trichocentrum jonesianum* (Orchidaceae). *Agricultural Research*, 15(2), 129-132.
- Lamare, A., & Rao, S. R. (2015). Efficacy of RAPD, ISSR, and DAMD markers in assessment of genetic variability and population structure of wild *Musa acuminata* Colla. *Physiologia Plantarum*, 21(3), 349-358. <https://doi.org/10.1007/s12298-015-0295-1>
- Loh, J. P., Kiew, R., Set, O., Gan, L. H., & Gan, Y. (2000). Amplified Fragment Length Polymorphism fingerprinting of 16 banana cultivars (*Musa* cvs.). *Molecular Plant Pathology*, 17(3), 360-366. <https://doi.org/10.1006/mpcv.2000.0848>

- Maldonado Duque, E. A., Vigil-Correa, A. M., Zurita Chinguel, L. G., Torres de León, M. D., Mendoza Rendón, R., Saavedra-Rios, C. Y., Villar Guevara, I. D., Cubas Zúñiga, C. E., Peña Zarate, M. C., Vilchez Estrada, K. N., & Ruiz Polo, A. A. (2024). Patogenicidad de *Pectobacterium chrysanthemi* en *Solanum tuberosum* y PCR del espaciador transcrito interno (ITS) del ADNr 16S/23S en aislados de *Musa* sp. del norte del Perú. *Manglar*, 21(3), 299-304. <https://doi.org/10.57188/manglar.2024.032>
- Martínez, G., Rey, J. C., Pichardo, R. E. P., & Manzanilla, E. E. (2020). Marchitez por Fusarium raza tropical 4: Estado actual y presencia en el continente americano. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 259-276.
- Martínez-Solórzano, G. E., & Rey-Brina, J. C. (2021). Bananas (Musa AAA): Importance, production and trade in Covid-19 times. *Agronomía Mesoamericana*, 32(3), 1034-1046. <https://doi.org/10.15517/am.v32i3.43610>
- Mehendran, Y., Kartheeswaran, T., & Kodikara, N. (2022). Banana freshness identification using image processing techniques. In *7th International Conference on Business and Industrial Research (ICBIR)* (pp. 347-352). <https://doi.org/10.1109/ICBIR54589.2022.9786519>
- Nadal-Medina, R., Manzo-Sánchez, G., Orozco-Romero, J., Orozco-Santos, M., & Guzmán-González, S. (2009). Genetic diversity of bananas and plantains (*Musa* spp.) determined using RAPD markers. *Revista Fitotecnía Mexicana*, 32(1), 1-7.
- Narváez, R. C., Valenzuela, B. J., Muñoz Sch, C., & Hinrichsen, R. P. (2000). Comparison of RAPD and AFLP as methods for genetic identification of *Vitis* based on the analysis of anonymous genomic sequences. *Biotechnology Journal*, 12(6), 405-412.
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO]. (2022). *Banano - Análisis del mercado 2020*. Roma.
- Padmalatha, K., & Prasad, M. N. V. (2007). Morphological and molecular diversity in *Pterocarpus santalinus* Lf-an endemic and endangered medicinal plant. *Medicinal and Aromatic Plant Science and Biotechnology*, 1(2), 263-273.
- Palomino, C., López, C., Espejo, R., Mansilla, R., & Quispe, J. (2014). Evaluación de la diversidad genética del café (*Coffea arabica* L.) en Villa Rica (Perú). *Ecología aplicada*, 13(2), 129-134.
- Paredes, Y. R. M., Cuatzo, K. M. C., Blas, M. D. J. D., & Resendiz, J. A. M. (2024). Usos de la hoja de plátano (*Musa paradisiaca* L.) en la gastronomía. *Revista de Gastronomía y Cocina*, 3(1), 312-312. <https://doi.org/10.70221/rgc.10619494>
- Pillay, M., Nwakanma, D. C., & Tenkouano, A. (2000). Identification of RAPD markers linked to A and B genome sequences in *Musa*. *Genome*, 43(5), 763-767. <https://doi.org/10.1139/g00-038>
- Pillay, M., Ogundiwin, E., Nwakanma, D. C., Ude, G., & Tenkouano, A. (2001). Analysis of genetic diversity and relationships in East African banana germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(6-7), 965-970. <https://doi.org/10.1007/s001220000500>
- Pillay, M., Tenkouano, A., Ude, G., & Ortiz, R. (2004). Molecular characterization of genomes in *Musa*. In M. Jain & R. Swennen (Eds.), *Banana improvement: Cellular, molecular biology, and induced mutations* (pp. 271-287). Science Publishers.
- Rachmad, F. D., Priyatmojo, A., & Widiastuti, A. (2022). Genetic diversity analysis of *Exobasidium vexans* causing tea blister blight in Wonosobo, Central Java, Indonesia using RAPD markers. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 55(10), 1234-1249. <https://doi.org/10.1080/03235408.2022.2086026>
- Reyes, B. P. A., & Cevallos, S. (2025). Hongos asociados al cultivo de banano (*Musa* spp.) con potencial biotecnológico para el desarrollo de inoculantes. *Siembra*, 12(1). <https://doi.org/10.29166/siembra.v12i1.7053>
- Silva, A., Trujillo, I., & Vidal, M. (2009). Evaluación de la inducción de variabilidad genética en cambur 'Manzano' (*Musa* AAB) a través de marcadores RAPD. *Agronomía Tropical*, 1-9.
- Singh, W. A., Singh, N. S., Devi, E. J., Handique, P. J., & Devi, H. S. (2021). Collection and characterization of banana gene pools (*Musa* spp.) in Manipur (NE India) using PCR-RFLP, RAPD, and ISSR markers. *Brazilian Journal of Botany*, 44(3), 671-684. <https://doi.org/10.1007/s40415-021-00722-y>
- Torres, C. D., García, Á. L., Bermúdez, C., Sarria, Z., Hurtado, R. O., Delgado, E., Pérez, A., & Fernández, M. O. (2020). Morpho-agronomic and organoleptic response of five banana cultivars (*Musa* spp.) under field conditions. *Revista Biotecnología Vegetal*, 20(1), 43-50.
- Vera Aviléz, M. J. (2021). Uso de Enmiendas y Activadores Biológicos para el manejo de nematodos en el cultivo de banano (*Musa* AAA) zona Caracol, cantón Babahoyo. Tesis de Maestría, Universidad Técnica de Babahoyo.
- Wahyudi, D., Adnin, N. I., & Hapsari, L. (2020). Intraspecific variation of thirteen pisang Ambon cultivars (*Musa acuminata* cv. AAA) from East Java and Central Java (Indonesia) based on random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker. *International Journal of Conservation Science*, 11(4).