

DIVERSIDAD GENÉTICA DEL ARROZ CRIOLLO DE TOABRÉ, PANAMÁ: ANÁLISIS MOLECULAR POR MARCADORES ISSR¹

**Ismael Camargo-Buitrago²; Manuel Jiménez-Montero³; Milcíades Cedeño-Castillo⁴;
Carmen Bieberach-Forero²; Axel Villalobos-Cortés²; Simón Vázquez-Wilson⁵**

RESUMEN

El arroz es el cultivo alimentario más importante del mundo y se espera que la demanda de arroz aumente drásticamente en el mundo en desarrollo, la incorporación de cultivares locales o criollos pueden proporcionar genes de adaptabilidad para condiciones ambientales específicas. Determinar la diversidad genética en 31 accesiones de arroz criollo de Toabré (Panamá), mediante marcadores ISSR. El experimento se realizó en el Laboratorio Agrobiotecnología del IDIAP, ubicado en Divisa; Panamá, durante el año 2022-2023. Se extrajo ADN de plántulas sanas de arroz, se emplearon diecisésis cebadores ISSR y se cuantificaron bandas polimórficas. Se estimaron parámetros de diversidad (I', H, Fst, Na, Ne, h, uh y, PIC) con los softwares NTSYSpc, POPGENE y GENALEX v6.4, y se construyó un dendograma UPGMA. De diecisésis iniciadores, quince generaron 775 bandas, con 148 loci y 95,95 % de polimorfismo. El índice de Shannon (I') varió de 0,1425 a 0,6926, y la heterocigosis (H) de 0,020 a 0,252. El análisis UPGMA reveló cinco grupos con coeficiente de similitud promedio de 0,726 y se observaron accesiones con similitud de 1,0. Un 64% de combinaciones mostró similitud superior a 0,900, evidenciando baja diversidad genética. El uso de los marcadores ISSR demostraron ser una herramienta efectiva para realizar estudios de diversidad genética en el arroz criollo del norte de Penonomé. Las 31 accesiones estudiadas muestran una baja diversidad genética, posiblemente por lo reducida del área de colecta y el número de muestras estudiadas.

Palabras clave: Genotipado, locus, matrices de agrupamiento, microsatélite.

¹Recepción: 31 de julio de 2025. Aceptación: 20 de agosto de 2025. Investigación financiada por SENACYT proyecto FID 17-064 y por el IDIAP proyecto 501.B.1.16

²Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP). e-mail: diirgeb.idiap@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-4199-0621>; e-mail: cylieberach@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0009-0002-6607-9332>; e-mail: villalobos.axel@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-4223-0560>

³Fundación Toabré. e-mail: jjimenezmm@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-4386-9016>

⁴Autoridad del Canal de Panamá (ACP). e-mail: moeca.1191@hotmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0009-0006-8760-1889>

⁵Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Panamá. e-mail: simon.vasquez@up.ac.pa; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0002-0952-6055>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

GENETIC DIVERSITY OF TOABRÉ NATIVE RICE, PANAMA: MOLECULAR ANALYSIS USING ISSR MARKERS

ABSTRACT

Rice is the world's most important food crop, and global demand is expected to continue increasing. In developing regions, local or creole cultivars represent valuable genetic resources, as they may harbor adaptive traits suited to specific environmental conditions. The objective of this study was to assess the genetic diversity of 31 creole rice accessions from Toabré, Panama, using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. The experiment was conducted at the IDIAP Agrobiotechnology Laboratory in Divisa, Panama, during 2022–2023. Genomic DNA was extracted from healthy rice seedlings, and sixteen ISSR primers were used to amplify polymorphic bands. Genetic diversity parameters (I' , H, Fst, Na, Ne, h, uh, and PIC) were estimated using NTSYSpc, POPGENE, and GENALEX v6.4, and genetic relationships were examined using a UPGMA dendrogram. Of the sixteen primers evaluated, fifteen yielded 775 bands, corresponding to 148 loci, with a polymorphism rate of 95.95%. The Shannon diversity index (I') ranged from 0.1425 to 0.6926, while expected heterozygosity (H) varied between 0.020 and 0.252. Cluster analysis identified five genetic groups, with an average similarity coefficient of 0.726; several accessions exhibited complete similarity (1.0). Approximately 64% of pairwise comparisons showed similarity values greater than 0.900, indicating low overall genetic diversity. These results suggest that the Toabré native rice accessions analyzed exhibit limited genetic variability, possibly due to their restricted geographic origin and small sample size. Nevertheless, ISSR markers proved to be an effective tool for characterizing genetic diversity in native rice populations from northern Penonomé.

Keywords: genotyping, locus, clustering matrices, microsatellite.

INTRODUCCIÓN

El arroz (*Oryza sativa* L.) es el cultivo alimentario más importante del mundo y se espera que su demanda aumente drásticamente en el mundo en desarrollo (Moonsap et al., 2019). La producción de arroz tiene que hacer frente al difícil desafío de superar el problema recurrente de obtener un rendimiento de grano regular en condiciones variables, debido al estrés biótico y abiótico (Moonsap et al., 2019; Singh et al., 2020).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

La variabilidad genética es fundamental en el éxito de cualquier programa de mejoramiento genético, por lo que evaluar el nivel de variación genética entre las variedades o genotipos de arroz ha sido de gran interés para los mejoradores genéticos (Ndjiondjop et al., 2010; Islam et al., 2015; Swarup et al., 2021). La diversidad genética se puede evaluar con caracteres morfológicos, proteínas de semillas, isoenzimas y marcadores ADN (Hossain et al., 2007).

Las tecnologías de marcadores moleculares pueden ayudar a los esfuerzos del mejoramiento convencional y son herramientas valiosas para el análisis de parentesco genético, identificación y selección de genotipos deseables para realizar cruces con progenitores complementarios, así como para la conservación del germoplasma en bancos de genes (Hossain et al., 2007; Singh et al., 2020; Islam et al., 2015). La diversidad genética basada en el fenotipo no es, suficientemente auténtica debido a la interacción genotipo ambiente, lo que impulsa a los fitomejoradores a optar por marcadores moleculares o de ADN, ya que son más precisos y consistentes en diferentes condiciones ambientales (Jonah et al., 2011; Sangeetha et al., 2020).

Entre los marcadores de ADN basados en PCR, el marcador ISSR es el más eficaz debido a su naturaleza codominante, su amplia dispersión en todo el genoma, su abundancia de diversidad alélica, su alta reproducibilidad y su alto nivel de polimorfismo (Saha et al., 2022; Hoshino et al., 2012; Zhang et al., 2011). Los marcadores moleculares son loci genéticos que pueden ser fácilmente rastreados y cuantificados dentro de una población y pueden ser asociados con un gen particular o una característica de interés (Hossain et al., 2007; Singh et al., 2020).

Los marcadores moleculares microsatélites como ISSR (Inter-simple sequence repeat, Secuencias Intergénicas Repetidas Simples) pueden ser herramientas de gran utilidad para evaluar la diversidad genética de genotipos, accesiones o clones sometidos a estos procesos de caracterización de germoplasma (Jonah et al., 2011).

Además, la técnica se caracteriza por una gran simplicidad y economía de manejo, por poseer la sensibilidad necesaria para distinguir entre individuos genéticamente muy



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

próximos (Hossain et al., 2007; Singh et al., 2020). Las razas locales o criollas son recursos genéticos valiosos para cualquier programa de mejoramiento, ya que contienen una enorme variabilidad genética que puede utilizarse para complementar y ampliar el acervo genético de los genotipos avanzados (Kobayashi et al., 2006; Aesomnuk et al., 2021).

Los cultivares locales o criollos pueden proporcionar "genes de adaptabilidad" para condiciones ambientales específicas. La incorporación de estos genes de adaptabilidad de razas locales puede garantizar un rendimiento óptimo de grano con tolerancia a factores bióticos y abióticos para regiones determinadas (Li et al., 2014; Swarup et al., 2021). Para mantener la diversidad genética y el mejoramiento de cultivos, es vital programar la recolección, caracterización y conservación de las razas locales tradicionales (Islam et al., 2015).

Dada la plasticidad y resiliencia de los cultivares criollos de arroz éstos pueden proporcionar "genes de adaptabilidad" para condiciones ambientales definidas (Li et al., 2014; Aesomnuk et al., 2021). La incorporación de tales genes de adaptabilidad de razas locales en los proyectos de mejoramiento genético ampliaría la base genética y podría garantizar la obtención de nuevos cultivares con características agronómicas interesantes, tolerantes a los factores bióticos y abióticos, un rendimiento óptimo y de alta calidad de grano (Singh et al., 2018; Swarup et al., 2021).

El objetivo del presente trabajo fue determinar la diversidad genética en 31 accesiones de arroz criollo de Toabré (Panamá), mediante marcadores ISSR.

MATERIALES Y MÉTODOS

Ubicación del estudio

Se realizó en el Laboratorio de Agrobiotecnología (Sección de Biología Molecular), del Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá, ubicado en Divisa, corregimiento de Los Canelos, distrito de Santa María, provincia de Herrera, en el periodo comprendido entre el año 2022 y 2023.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Material Genético

Consistió en 31 accesiones de arroz criollo (Cuadro 1) colectado entre los productores de agricultura familiar que siembran a chuzo o a espeque utilizando un palo puntiagudo para abrir hoyos pequeños en el suelo, con una separación entre surcos de 0,40 m y 0,30 m entre plantas, colocando de cuatro a ocho semillas por hoyo, que es el sistema estandarizado en las comunidades aledañas al Valle de San Miguel, corregimiento de Toabré, distrito de Penonomé, provincia de Coclé, Panamá.

Cebadores o iniciadores usados en el análisis de Microsatélites ISSR

Fueron utilizados dieciséis iniciadores (cebadores o primers) escogidos después de una exhaustiva revisión bibliográfica (Cuadro 2). Las reacciones de PCR se realizaron en un termociclador siguiendo las condiciones óptimas de amplificación.

Extracción del ADN, PCR y electroforesis

Se colectaron muestras de hojas sanas de arroz con 20 días de germinación provenientes de semillas gámica de las 31 accesiones. Se obtuvo el ADN siguiendo el protocolo de extracción con el búfer CTAB 2X estandarizado. Se verificó la calidad del ADN a través de electroforesis en agarosa 1,5%, con TBE 0,5%, 80 V por 30 min.

Se corrió la PCR con dieciséis iniciadores ISSR: AM4, AM6, UBC807, UBC 807, UBC 809, UBC 812, UBC 813, UBC 818, UBC 825, UBC 827, UBC 835, UBC 842A, UBC 842B, UBC 872, UBC 879, UBC 885. La concentración de los reactivos para cada reacción fue la siguiente: dNTPs 0,2mM, iniciadores 0,2 μ M, Taq polimerasa 1 U y 50 ng de ADN. El programa de la PCR consistió en 35 ciclos (94° C x 1 min, 50° C x 1 min, 72° C x 2 min).

Los productos de PCR se obtuvieron por electroforesis en gel de agarosa 2,5%, TBE 0,5%, 90 V x 2:30 horas. Se levantó una matriz binaria de ausencia / presencia de bandas para cada cultivar e iniciador.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Cuadro 1. Código de las 31 accesiones, nombre común, comunidad de colecta y nombre del productor donante del arroz criollo evaluado. Panamá. 2022-2023.

Código	Nombre común	Comunidad de colecta	Productor donante	Código	Nombre común	Comunidad de colecta	Productor donante
ACC-1	Colorado	Valle San Miguel	Tomás Martínez	ACC-36	Chato blanco	Cañazas	Eliodoro Rivera
ACC-3	Coiba blanco	Valle San Miguel	Tomás Martínez	ACC-38	Chato colorado	Boca de Curiá	Santo Flores
ACC-4	Ocueño	Bajito San Miguel	Marcelino Villarreta	ACC-40	Loreño	Guayabo	José Domínguez
ACC-7	Llanero	Bajito San Miguel	Marcelino Villarreta	ACC-41	Diana	Gurbé	Ceferino Villarreta
ACC-11	Chato colorado	Santa Ana	Misael Reyes	ACC-43	Chato colorado	Cañazas	Eliodoro Rivera
ACC-12	Colorado	Santa Ana	Misael Reyes	ACC-44	Brujo	Gurbé	Ceferino Villarreta
ACC-15	Chombo	Santa Ana	Misael Reyes	ACC-48	Colorado	Villa del Carmen	Rafael Alabarca
ACC-19	Plano	Banazo	Narciso Martínez	ACC-49	Loreño	Lourdes	Fidel Rivera
ACC-23	Blanco	Bito	Pascual Muñoz	ACC-52	Colorado	Villa del Carmen	Lucio Flores
ACC-24	Uvo	Bito	Maximina Núñez	ACC-55	Chombo blanco	Gurbé	Ebelio Madrid
ACC-26	Argentino amarillo	Banazo	Moisés Núñez	ACC-57	Fortuno blanco	Valle de Riecito	Pedro Gonzales
ACC-27	Lagueño	Banazo	Constantino Núñez	ACC-58	Plana blanca	Limón	Miguel Espinoza
ACC-28	Meret	Cañazas	Cecilio Villarreta	ACC-59	Argentino colorado	Limón	Miguel Espinoza
ACC-29	Colombiano amarillo	Cañazas	Cecilio Villarreta	ACC-60	Petaca	Valle de Riecito	Luis Rodríguez
ACC-2	Bella luna	Monte Bueno	José A. Núñez	ACC-62	Carita	Los Elegidos	Félix Gomes
ACC-35	Argentino colorado	Guayabo	José Domínguez				

Tomado de: Suira-Atencio, (2020).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Cuadro 2. Listado de los dieciséis iniciadores, nombre, descripción secuencia, motivo, temperatura de fusión (Tm), y número de bandas obtenidos de la PCR de las 31 accesiones de arroz criollo. Panamá. 2022-2023.

Iniciador	Descripción (secuencia)	Motivo	Tm °C	Número de bandas	Fuente
AM-4	AAGAAGAAGAAGAAGGCC	(AAG)5CC	50	6	Kshirsagar et al., 2014
AM-6	AGCAGCAGCAGCAGCGG	(AGC)5GG	50	6	
UBC 807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	(AG)8T	50	6	
UBC 811	GAGAGAGAGAGAGAGAC	(GA)8C	47	6	
UBC 813	CTCTCTCTCTCTCTCTT	(CT)8T	50	5	
UBC 818	CACACACACACACACAG	(CA)8G	47	6	
UBC 825	ACACACACACACACACT	(AC)8T	45	8	
UBC 827	ACACACACACACACACG	(AC)8G	52	6	
UBC 872	GATAGATAGATAGATA	(GATA)4	48	7	
UBC 809	AGAGAGAGAGAGAGAGGG	(AG)8G	47	21	Haritha et al., 2016
UBC 812	GAGAGAGAGAGAGAGAA	(GA)8 ^a	50	18	
UBC 835	AGAGAGAGAGAGAGAGTC	(AG)8TC	50	14	
UBC 842a	GAGAGAGAGAGAGATG	(GA)8TG	50	16	
UBC 842b	GAGAGAGAGAGAGACG	(GA)8CG	50	16	
UBC 885	GCCGAGAGAGAGAGAGAG	GCCG(AG)6	50	16	
UBC 879	CTTCACTTCACCTCA	(CTTCA)3	48	28	Dharmaraj et al., 2018

Análisis estadístico de datos moleculares

El diseño experimental consistió en un arreglo completamente al azar, donde cada una de las 31 accesiones de arroz criollo (*Oryza sativa* L.) representó una unidad experimental independiente para su caracterización genética. Se obtuvo material foliar de cada accesión, a partir del cual se extrajo el ADN y se realizó la amplificación con marcadores ISSR siguiendo el protocolo descrito previamente. Una vez concluidas las reacciones de PCR, los productos amplificados se visualizaron en geles de agarosa y se documentaron mediante un sistema de foto-documentación.

Para cada accesión se registraron los patrones de bandas; la presencia (1) o ausencia (0) de cada banda conformando una matriz binaria. Esta matriz, correspondiente a los 31 genotipos de arroz criollo, generó inicialmente una hoja de cálculo y se convirtió después a los formatos específicos para los diferentes programas de análisis estadísticos empleados.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Construcción de matrices y árboles de distancia

En la fase de análisis estadístico, se generaron matrices de distancia genética (Nei y Jaccard, en caso necesario) con el software NTSYSpc y POPGENE, con el fin de estimar la similitud o divergencia entre las accesiones estudiadas. Posteriormente, se empleó el método de agrupamiento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) para construir los dendogramas a partir de dichas matrices. Este procedimiento permitió representar de manera gráfica las relaciones genéticas entre los genotipos.

Análisis de diversidad genética

Con el programa GENALEX v6.4 se calcularon diversos estadísticos de diversidad genética basados en la matriz binaria obtenida de las bandas ISSR. Se estimó el índice de Shannon (I'), que mide la variabilidad genética dentro de la población, y la diversidad genética total (H), asociada a la probabilidad de heterocigosis esperada. Posteriormente, se determinó la diferenciación genética entre poblaciones (F_{ST}), con el fin de cuantificar cuánto de la diversidad total corresponde a diferencias interpoblacionales, y se evaluó la amplitud alélica mediante el número de alelos diferentes (N_a) y el número de alelos efectivos (N_e).

Se calcularon la diversidad (h) y la diversidad normalizada (uh), las cuales reflejan la heterogeneidad alélica promedio, y se estimó el contenido de información polimórfica (PIC), indicador de la capacidad de cada marcador para discriminar genotipos. En todo momento se mantuvo el supuesto fundamental del diseño, considerando cada accesión como una unidad.

RESULTADOS

Amplificaciones por PCR

Los productos derivados de la PCR mostraron que de 16 primers ISSR utilizados, 15 amplificaron generando un total de 775 bandas. En el iniciador AM6 se observaron 36 mientras UBC 872 no produjo ninguna amplificación en las 31 accesiones (Figura 1). El iniciador UBC 812, amplificó 59 bandas, en tanto el UBC 842a contamos 88 bandas (Figura 2). Los iniciadores UBC 807 y UBC 818, amplificaron 69 y 21 bandas, respectivamente



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

(Figura 3). El UBC 835 generó el mayor número de bandas (106) y UBC 885, 54 bandas (Figura 4).

Estos resultados ponen en evidencia la variabilidad en la eficiencia de los iniciadores ISSR y destaca el potencial de ciertos iniciadores con mayor capacidad para discriminar entre genotipos.

Cuatro accesiones, (AC 12, AC 35, AC 41 y AC 55) no fueron capaces de amplificar bandas con ninguno de los iniciadores utilizados. Por el contrario, cinco accesiones AC 07, AC 32, AC 40, AC 43 y AC 58 fueron las que presentaron el mayor número de bandas amplificadas respectivamente, 55, 68, 51, 74 y 64. El rango de bandas observables en las accesiones fluctuó de 0 (cero) hasta 74, lo que sugiere un amplio rango de diversidad de secuencias repetitivas en el ADN genómico. Mientras que entre los microsatélites ISSR el rango de las bandas amplificadas fluctuaron de cero (UBC 872) y 106 (UBC 835).

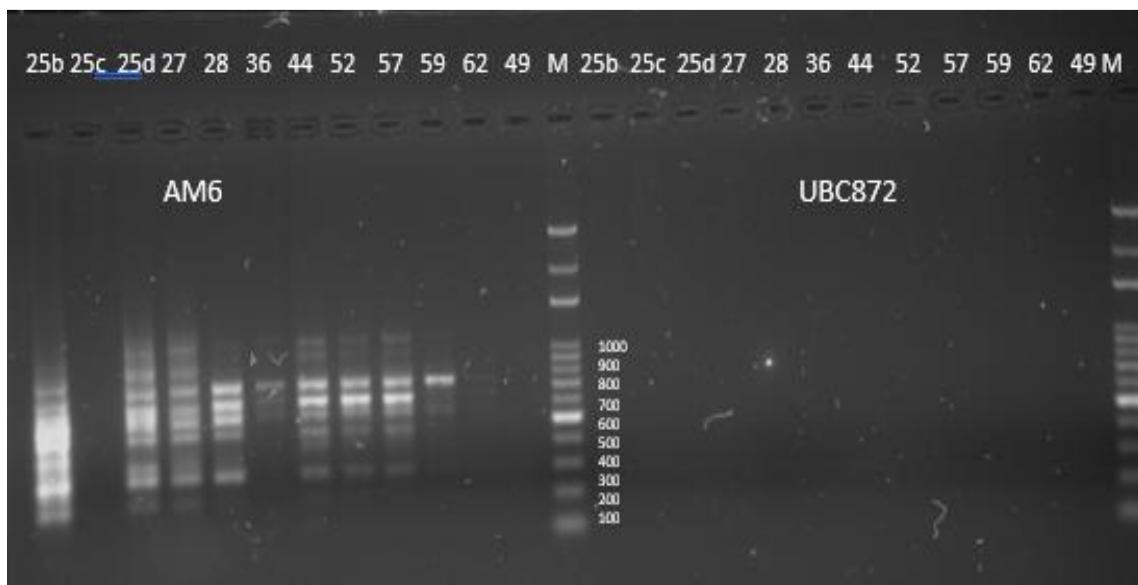


Figura 1. Bandas de 12 genotipos de arroz criollos con los iniciadores AM6 y UBC872. Panamá, 2022-2023.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

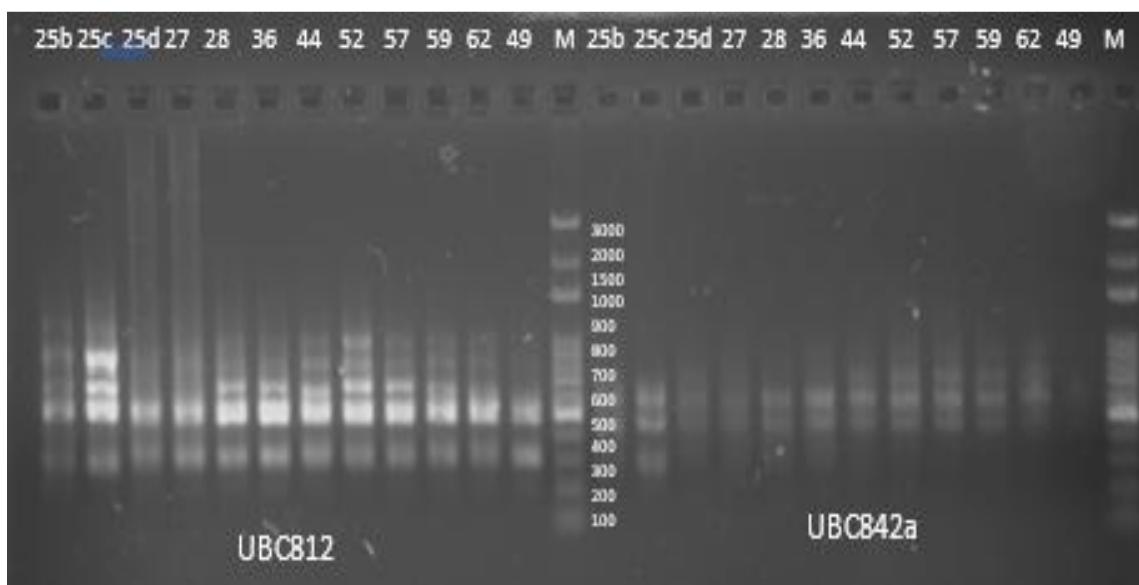


Figura 2. Bandas de 12 genotipos de arroz criollo con los iniciadores UBC812 y UBC842a. Panamá, 2022-2023.

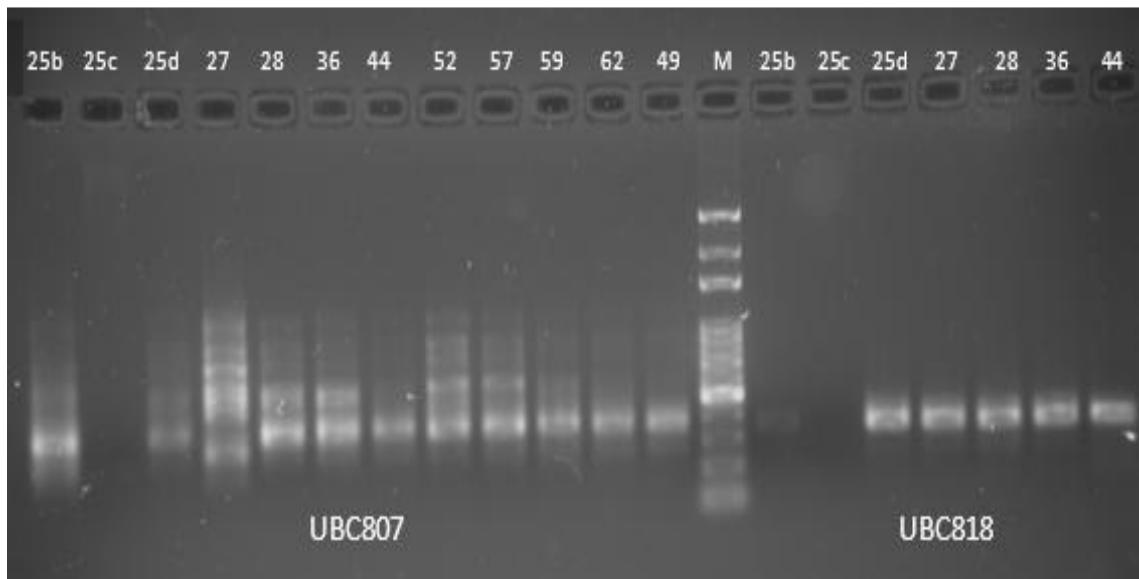


Figura 3. Bandas de 12 genotipos de arroz criollo con los iniciadores UBC807 y UBC818. Panamá, 2022-2023.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

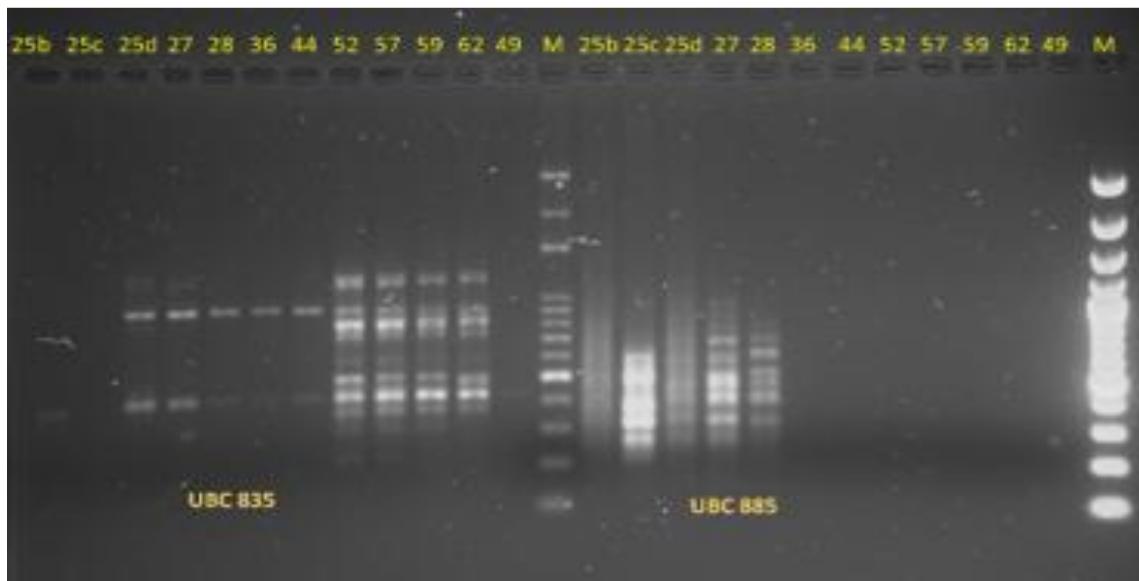


Figura 4. Bandas de 12 genotipos de arroz criollo con los iniciadores UBC835 y UBC885. Panamá, 2022-2023.

Caracterización molecular con marcadores ISSR

En el presente estudio se identificaron 148 loci (caracteres) de los cuales el 95,95 % resultaron ser polimórficos; resaltando la fortaleza de los marcadores ISSR. Las frecuencias de las bandas en los 148 loci, fluctuaron de 0,00 en los loci: 51, 59, 67, 71, 94 y 128. Los loci que mostraron la mayor cantidad de frecuencias de bandas fueron 21(0,484), 87(0,548), 88(0,581), 115(0,516), 130(0,548), 133(0,516), y 148(0,452), indicando en la práctica su utilidad en la discriminación genotípica.

Los valores del Índice de Shannon (I'), en esta población de arroz criollos fluctuaron de 0,1425 a 0,6926 (Cuadro 3), la diversidad genética total (H) varió de 0,020 a 0,252. En la práctica no se detectó la diversidad genética dentro de las poblaciones (H_s), posiblemente porque la colecta se realizó en una región relativamente pequeña, donde ocurre un intercambio frecuente de semillas entre los productores, con sus consecuentes mezclas y pérdidas de variabilidad o erosión genética, en los campos de los pequeños productores dedicados a la agricultura familiar.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Cuadro 3. Diferenciación genética y alélica de los 148 loci de las 31 accesiones de arroz criollos obtenidos con los marcadores moleculares ISSR. Panamá, 2022-2023.

	I'	H	Fst	Na	Ne	h	uh	PIC
Valor medio	0,400	0,252	1,00	1,919	1,387	0,252	0,260	0,495
D.E.	0,186	0,020		0,033	0,023	0,012	0,012	

I'= índice de Shannon; H= diversidad genética total; Fst=diversidad génica debido a las diferencias entre poblaciones. Na= número de alelos diferentes; Ne= número de alelos efectivos; h=Diversidad; uh=Diversidad normalizada; PIC=contenido de información polimórfica.

En cuanto al valor de Fst, estimado fue de 1,0, tal vez sobreestimado debido a la muestra relativamente pequeña y área geográfica reducida; sin embargo, de acuerdo con Hassan & Hama-Ali (2022), se considera alto nivel de diferenciación (Fst mayor 0,30) el reporta en su estudio Fst de 0,726.

El índice de diversidad de NEI, es una medida de la diversidad genética promedio entre poblaciones, el mismo fluctuó entre 0,0624 y 0,4995, este valor normalmente en la mayoría de los ecosistemas varía entre 0,00 y 1,00, se maximiza cuando hay muchos alelos en frecuencias iguales.

El número de alelos diferentes (Na) en esta población fue de 1,919±0,033, el número promedio de alelos efectivos (Ne) fue 1,387±0,023, mientras la diversidad (h) promedio fue 0,252±0,012 y la diversidad normalizada fue de 0,260±0,012; reflejan una diversidad moderada. La ausencia de diversidad dentro de poblaciones puede deberse al intercambio constante de semillas entre agricultores, lo cual genera homogeneidad del material genético. El contenido de información polimórfica (PIC) tuvo un valor promedio de 0,495 (Cuadro 3).

Matrices de Agrupamientos de similaridad genéticas

El análisis de similitud genética mediante el agrupamiento utilizando el algoritmo UPGMA, generó cinco grupos con un coeficiente de similaridad promedio de 0,726 (72,6%), (Figura 5). El grupo 1, formado por 13 (41,9%) accesiones; el grupo 2 por siete (22,6%) accesiones; el grupo 3, consta de cuatro (12,9%) accesiones; el grupo 4, de dos (6,5%) accesiones y el grupo 5, agrupa cinco (16,1%) accesiones.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Grupo 1, constituido por las accesiones Colorado (ACC-1) y Coiba blanco (ACC-3), Colorado (ACC-12), Argentino colorado (ACC-35), Diana (ACC-41), Fortuno blanco (ACC-56), Colombiano amarillo (ACC-29), Colorado (ACC-48), Chato colorado (ACC-38), Chombo (ACC-15), Uvo (ACC-24), Chato colorado (ACC-11), Argentino amarillo (ACC-26). La similaridad entre los genotipos del grupo 1 fueron superiores a 0,900 (Cuadro 4).

Grupo 2, abarca las accesiones Meret (ACC-28), Chato blanco (ACC-36), Brujo (ACC-44), Colorado (ACC-52), Fortuno blanco (ACC-57), argentino colorado (ACC-59), Carita (ACC-62), presentan similaridad por encima de 0,900 (Cuadro 4).

Grupo 3, formado por las accesiones: Ocueño (ACC-4), Blanco (ACC-23), Lagueño (ACC-27), Loreño (ACC-49), con similaridad promedio de 0,764 (Cuadro 4).

Grupo 4, llanero (ACC-7), Plano (ACC-19), con de similaridad media de 0,696 (Cuadro 4).

Grupo 5, conformado por Bella luna (ACC-2), Chato colorado (ACC-43), Loreño (ACC-40), Plana blanco (ACC-58), Petaca (ACC-60). El índice de similaridad fue 0,619.

La matriz de similaridad (Cuadro 4) muestra que algunas accesiones como: Colorado (ACC-12), Argentino colorado (ACC-35), Diana (ACC-41), Chombo blanco (ACC-56), tienen similaridad de 1,0, lo que sugiere que sean genéticamente el mismo material o duplicados con diferentes nombres según la comunidad de colecta (Figura 5).

La similaridad basados en UPGMA (Cuadro 4) destaca que alrededor de 64 combinaciones presentan similaridad superior a 0,900; sugiriendo una baja diversidad genética entre las accesiones de arroz criollo estudiadas. Probablemente porque el área de influencia del proyecto donde se hizo la colecta fue reducida y los productores de comunidades vecinas al intercambiar sus semillas a veces les cambian el nombre.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

DISCUSIÓN

Fueron identificados 148 locus (caracteres) de los cuales 95,95% reflejaron ser polimórficos, demostrando la efectividad de los marcadores ISSR para detectar variabilidad genética en las accesiones de arroz criollo. A mayor diversidad genética dentro de la población mayor adaptabilidad y tolerancia a enfermedades.

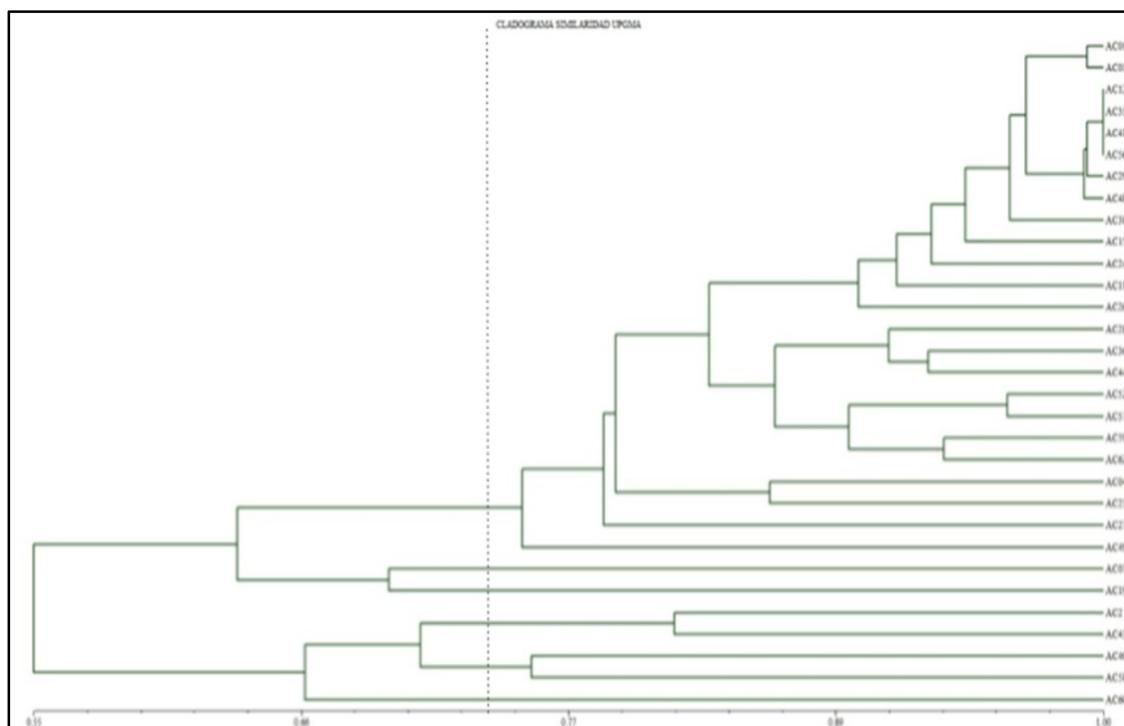


Figura 5. Cladograma de similaridad en los 31 materiales criollos de arroz generado con el coeficiente UPGM, caracterizados mediante 15 cebadores ISSR. Panamá, 2022-2023.

A pesar de contar con un alto porcentaje de loci polimórficos, los valores de diversidad no fueron elevados, por la reducida región de colecta y la costumbre de intercambio de semillas entre agricultores, dando origen a la homogeneidad genética.

El nivel de polimorfismo es similar a los reportados por Singh et al. (2020), Rini et al. (2023) obtuvieron niveles de 98,17%, Singh et al. (2018) reportaron 100%; sin embargo, Oladosu et al. (2015) reportaron 85,10%, y Rawte & Saxena (2018), obtuvieron promedio 60%.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Cuadro 4. Matriz de similaridad en las 31 accesiones del arroz criollo del norte de Panamá basados en el algoritmo UPGMA, caracterizados mediante 15 cebadores ISSN. Panamá, 2022-2023.

	AC01	AC03	AC04	AC07	AC11	AC12	AC15	AC19	AC23	AC24	AC26	AC27	AC28	AC29	AC32	AC35	AC36	AC38	AC40	AC41	AC43	AC44	AC48	AC49	AC52	AC56	AC57	AC58	AC59	AC60	AC62
AC01	1																														
AC03	0.993	1																													
AC04	0.804	0.811	1																												
AC07	0.581	0.588	0.696	1																											
AC11	0.889	0.905	0.797	0.615	1																										
AC12	0.966	0.973	0.797	0.574	0.919	1																									
AC15	0.926	0.932	0.797	0.588	0.932	0.946	1																								
AC19	0.669	0.676	0.770	0.686	0.676	0.662	0.676	1																							
AC23	0.838	0.845	0.858	0.676	0.845	0.831	0.888	0.736	1																						
AC24	0.919	0.926	0.750	0.608	0.872	0.939	0.885	0.615	0.784	1																					
AC26	0.872	0.878	0.784	0.588	0.878	0.905	0.919	0.649	0.885	0.845	1																				
AC27	0.770	0.777	0.709	0.581	0.723	0.777	0.764	0.628	0.770	0.770	0.804	1																			
AC28	0.838	0.845	0.736	0.585	0.764	0.845	0.818	0.642	0.797	0.811	0.831	0.892	1																		
AC29	0.966	0.966	0.804	0.581	0.912	0.993	0.939	0.655	0.838	0.932	0.912	0.784	0.851	1																	
AC32	0.500	0.507	0.588	0.622	0.493	0.493	0.480	0.601	0.527	0.527	0.466	0.473	0.473	0.486	1																
AC35	0.966	0.973	0.797	0.574	0.919	1	0.946	0.662	0.831	0.839	0.905	0.777	0.845	0.993	0.493	1															
AC36	0.892	0.899	0.777	0.608	0.831	0.899	0.872	0.682	0.824	0.865	0.888	0.851	0.919	0.892	0.541	0.889	1														
AC38	0.946	0.953	0.791	0.581	0.926	0.966	0.953	0.669	0.865	0.919	0.926	0.770	0.838	0.959	0.514	0.866	0.892	1													
AC40	0.601	0.608	0.649	0.588	0.608	0.622	0.595	0.689	0.628	0.574	0.505	0.493	0.547	0.615	0.696	0.622	0.574	0.642	1												
AC41	0.966	0.973	0.797	0.574	0.919	1	0.946	0.662	0.831	0.939	0.905	0.777	0.845	0.993	1.000	0.899	0.966	0.622	1												
AC43	0.480	0.473	0.514	0.574	0.459	0.473	0.446	0.554	0.493	0.507	0.459	0.439	0.480	0.466	0.818	0.473	0.480	0.493	0.473	1											
AC44	0.885	0.865	0.716	0.534	0.784	0.865	0.838	0.635	0.777	0.818	0.797	0.818	0.889	0.858	0.493	0.865	0.926	0.856	0.554	0.885	0.459	1									
AC48	0.959	0.966	0.791	0.568	0.912	0.993	0.939	0.669	0.824	0.932	0.899	0.784	0.851	0.986	0.500	0.993	0.905	0.959	0.915	0.993	0.48	0.872	1								
AC49	0.791	0.797	0.611	0.628	0.784	0.784	0.757	0.730	0.764	0.743	0.669	0.723	0.791	0.601	0.784	0.750	0.764	0.716	0.784	0.595	0.703	0.777	1								
AC52	0.764	0.770	0.676	0.601	0.716	0.770	0.757	0.635	0.723	0.764	0.730	0.845	0.818	0.764	0.507	0.770	0.858	0.764	0.5	0.77	0.446	0.865	0.764	0.649	1						
AC56	0.966	0.973	0.797	0.574	0.919	1	0.946	0.662	0.831	0.939	0.905	0.777	0.845	0.993	1.000	0.899	0.966	0.622	1	0.473	0.865	0.963	0.784	0.77	1						
AC57	0.804	0.811	0.662	0.574	0.730	0.811	0.784	0.608	0.723	0.804	0.743	0.818	0.845	0.804	0.493	0.811	0.858	0.804	0.527	0.811	0.473	0.892	0.804	0.662	0.059	0.811	1				
AC58	0.507	0.514	0.581	0.480	0.541	0.527	0.514	0.649	0.534	0.480	0.514	0.426	0.439	0.520	0.696	0.527	0.507	0.547	0.757	0.527	0.703	0.459	0.554	0.649	0.446	0.527	0.419	1			
AC59	0.845	0.845	0.736	0.622	0.791	0.845	0.831	0.682	0.797	0.811	0.804	0.797	0.824	0.838	0.905	0.838	0.574	0.845	0.872	0.838	0.723	0.826	0.845	0.899	0.562	1					
AC60	0.608	0.615	0.642	0.662	0.601	0.615	0.601	0.588	0.662	0.649	0.615	0.541	0.554	0.608	0.676	0.615	0.635	0.642	0.615	0.628	0.561	0.608	0.628	0.574	0.615	0.696	0.622	1			
AC62	0.892	0.899	0.736	0.581	0.818	0.898	0.868	0.669	0.797	0.865	0.818	0.770	0.824	0.892	0.527	0.899	0.878	0.615	0.889	0.493	0.985	0.882	0.764	0.858	0.889	0.885	0.907	0.932	0.595	1	



Este trabajo está licenciado bajo una licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International

El contenido de información polimórfica (0,495) puede ser considerado de mediano a alto, ésta es una capacidad intermedia de los loci para distinguir genotipos, importante porque sugiere que el marcador es informativo y útil en estudios de diversidad genética como el que nos ocupa. El valor PIC provee un estimado del poder discriminante de un marcador basado en el número de alelos en un locus y la frecuencia relativa de estos alelos (Oladosu et al., 2015).

Este valor promedio del PIC, es comparable a la estimada por otros investigadores: 0,404 (Hassan & Hama, 2022), 0,24 (Thete et al., 2023); 0,5839; (Li et al., 2014); 0,67-0,88, (Thomson et al., 2007); 0,756, (Nachimuthu et al., 2015); 0,755, (Singh et al., 2024); 0,404, (Hassan & Hama-Ali, 2022); 0,41, (Islam et al., 2021); 0,29, (Singh et al., 2016); 0,795, (Kumbhar et al., 2015).

El índice de diversidad de NEI, fluctuó entre 0,0624 a 0,4995, representa un amplio rango con el valor inferior indicando una muy baja diversidad, mientras el valor mayor puede ser considerado como medio, muy similar al reportado por Nachimuthu et al. (2015) de 0,520, este valor normalmente en la mayoría de los ecosistemas varía entre 0,0 y 1,0.

El número de alelos efectivos (Ne), tiene la particularidad de que su interpretación es variable depende de la magnitud del estudio, en una población pequeña o aislada, un valor de 1,384 como en nuestro estudio, podría ser considerado alto; por el contrario, en una población grande y diversa podría ser considerado bajo. Cuanto mayor sea el número de alelos efectivos, mayor será la capacidad de la población para adaptarse a cambios ambientales, esta consideración valoriza y justifica realizar estos estudios en nuestras poblaciones criollas.

Aunque se obtuvo un valor de $F_{ST} = 1,0$, este resultado debe interpretarse con cautela. Este valor sugiere completa diferenciación entre poblaciones, pero puede estar sesgado por el bajo número de accesiones o por la falta de estructura poblacional real. La información disponible sobre la diversidad genética y las diferencias en los cultivares criollos es escasa.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Los marcadores mostraron que 20 cultivares (64,5%), correspondiente a los grupos 1 y 2, presentan similaridad de 0,900. El alto grado de similitud genética entre las variedades sugiere que sean descendientes de pocos cultivares antiguos introducidos, y que la escasa variación genética, se mantiene como resultado de la hibridación natural, la selección y las preferencias impuestas por los pequeños productores durante muchísimos años.

El coeficiente de similaridad promedio (0,760), es congruente con los reportados por Moonsap et al. (2019) de 0,7043, Islam et al. (2021) estimaron 0,33 a 0,97 y Manjunatha et al. (2021) obtuvieron 0,19 y 0,90, mientras Haritha et al. (2016), trabajaron con arroz africano *Oryza rufipogon* Griff, lograron 0,53 a 1,00.

Los resultados destacan la necesidad urgente de ampliar la recolección en otras regiones del país, especialmente en zonas donde los sistemas de producción sean más aislados. Los cultivares de arroz criollos incluidos en el presente estudio incorporan una pequeña muestra de la genética del germoplasma utilizado y conservado por nuestros productores de la agricultura familiar panameña, en un área geográfica reducida, pero que representa el principal alimento de su dieta diaria.

Además, representan una importante reserva de genes que valen la pena conservar para fortalecer los programas de mejoramiento genético dada su plasticidad y adaptabilidad. Estas características hacen muy valiosa la genética que poseen para afrontar los retos actuales, exacerbados por la variabilidad y el cambio climático que están golpeando las actividades agrícolas, con estrés bióticos y abióticos extremos que afectan nuestros ecosistemas productivos cada vez con más crudeza. Los resultados también advierten sobre la vulnerabilidad derivada de la reducida diversidad, un aspecto crítico frente a los desafíos impuestos por el cambio climático.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

CONCLUSIONES

- El uso de los marcadores ISSR demostraron ser una herramienta efectiva para realizar estudios de diversidad genética en el arroz criollo del norte de Penonomé.
- Las 31 accesiones estudiadas muestran una baja diversidad genética, posiblemente por lo reducida del área de colecta y el número de muestras estudiadas.

AGRADECIMIENTOS

A la SENACYT por el financiamiento de este trabajo a través del proyecto FID 17-064, a la FUNDACIÓN TOABRÉ, por la oportunidad de conocer a los pequeños productores del Valle de San Miguel, conocer sus colecciones de arroz criollo que conservan con mucho criterio para su preservación y al IDIAP, por el cofinanciamiento a través del Proyecto 501.B.1.16 y permitirnos realizar el trabajo en el laboratorio de Biología Molecular en DIVISA.

REFERENCIAS

- Aesomnuk, W., Ruengphayak, S., Ruanjaichon, V., Sreewongchai, T., Malumpong, C., Vanavichit, A., Toojinda, T., Wanchana, S., & Arikit, S. (2021). Estimation of the genetic diversity and population structure of Thailand's rice landraces using SNP markers. *Agronomy*, 11(5), Article 995. <https://doi.org/10.3390/agronomy11050995>
- Dharmaraj, K., Ezhilkumar, S., Dinesh, R., & Ananadan, R. (2018). Studies on varietal identification of rice genotypes using ISSR markers. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*; 7 (1-Suppl), 2808-2812.
<https://www.phytojournal.com/archives/2018/vol7issue1S/PartAP/SP-7-1-786-333.pdf>
- Haritha, G., Sudhakar, T., Chandra, D., Ram, T., Divya, B., & Sarla, N. (2016). Informative ISSR markers help identify genetically distinct accessions of *Oryza rufipogon* in yield improvement. *Rice Science*, 23(5), 225-241.
<https://doi.org/10.1016/j.rsci.2016.08.001>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Hassan, D. A., & Hama-Ali, E. O. (2022). Evaluation of gene flow and genetic diversity in rice accessions across Kurdistan region-Iraq using SSR markers. *Molecular Biology Reports*, 49, 1007-1016. <https://doi.org/10.1007/s11033-021-06920-x>

Hoshino, A. A., Bravo, J. P., Nobile, P. M., & Morelli, K. A. (2012). Microsatellites as tools for genetic diversity analysis. In M. Çalışkan (Ed.), Genetic diversity in microorganisms (pp. 149-170). InTechOpen. <https://www.intechopen.com/chapters/28891>

Hossain, M. Z., Rasul, M. G., Ali, M. S., Iftekharuddaula, K. M., & Mian, M. A. K. (2007). Molecular characterization and genetic diversity in fine grain and aromatic landraces of rice (*Oryza sativa* L.) using microsatellite markers. *Bangladesh Journal of Plant Breeding and Genetics*, 20(2), 01-10. <https://doi.org/10.3329/bjpbg.v20i2.17028>

Islam, S. N., Islam, M. M., Asad Ullah, M., & Alam, M. S. (2015). Molecular characterization of selected landraces of rice for salt tolerance using SSR markers. *International Journal of Innovation and Scientific Research*, 17(1), 206-218.
<http://www.ijisr.issr-journals.org/abstract.php?article=IJISR-15-096-08>

Islam, M. Z., Khalequzzaman, M., Chakrabarty, T., Akter, N., Khan, M. F. R, Bhuiya, A., & Siddique, M. A. (2021). Genetic diversity and population structure of similar named aromatic rice (*Oryza sativa* L.) landraces of bangladesh. *SAARC Journal of Agriculture*, 19(2), 57-71. <https://doi.org/10.3329/sja.v19i2.57826>

Jonah, P. M., Bello, L. L., Lucky, O., Midau, A., & Moruppa, S. M. (2011). Review: The Importance of Molecular Markers in Plant Breeding Programmes. *Global Journal of Science Frontier Research*, 11(5), 4-12.
<https://www.researchgate.net/publication/367077493>

Kobayashi, A., Ebana, K., Fukuoka, S., & Nagamine, T. (2006). Microsatellite markers revealed the genetic diversity of an old japanese rice landrace 'echizen'. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(3), 499-506.
<https://doi.org/10.1007/s10722-004-2029-z>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Kumbhar, Kulwal S. D., Patil P. L., Sarawate J. V., C. D., Gaikwad, A. P., & Jadhav, A. S. (2015). Genetic diversity and population structure in landraces and improved rice varieties from India. *Rice Science*, 22(3), 99-107.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rsci.2015.05.013>

Kshirsagar, S. S., Samal, K. C., Rabha, M., Bastia, D.N., & Rout G.R. (2014) Identification of variety diagnostic molecular marker of high yielding rice varieties. *Proceeding of the National Academy of Sciences, India. Section B.I.* 84(2),389-396. <https://link.springer.com/article/10.1007/s40011-013-0216-4>

Li, F. P., Lee, Y. S., Kwon, S. W., Li, G., & Park, Y. J. (2014). Analysis of genetic diversity and trait correlations among Korean landrace rice (*Oryza sativa* L.). *Genetics and Molecular Research*, 13(3), 6316-6331.

<https://www.geneticsmr.org/articles/analysis-of-genetic-diversity-and-trait-correlations-among-korean-landrace-rice-oryza-sativa-l.pdf>

Manjunatha, G. A., Elsy, C. R., Joseph J. & Francies, R. M. (2021). Molecular characterization and genetic diversity analysis of aromatic rice (*Oryza sativa* L.) landraces using SSR markers. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 12(2), 576-582.

<https://pdfs.semanticscholar.org/559c/73a1f8a15c15b7311d4530458df4c0be7112.pdf>

Moonsap, P., Nutthalak, L. A., Sittipun, S., Piyama, T., Sureeporn, K. N., & Chatchawan, J. (2019). Genetic diversity of Indo-China rice varieties using ISSR, SRAP and InDel markers. *Journal of Genetics*, 98(3). <https://doi.org/10.1007/s12041-019-1123-0>

Nachimuthu, V. V., Muthurajan, R., Duraialaguraja, S., Sivakami, R., Pandian, B., Ponniah, G., Gunasekaran, K., Swaminathan, M., Suji, K.K. & Sabariappan, R. (2015). Analysis of population structure and genetic diversity in rice germplasm using SSR markers: an initiative towards association mapping of agronomic traits in *Oryza sativa*. *Rice*, 8(1), 30. <https://doi.org/10.1186/s12284-015-0062-5>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Ndjiondjop, M. N., Cisse, F., Girma, G., Sow, M., Bocco, R., Djedatin, G., & Blandine, F. (2010). Morpho-agronomic and molecular characterisation of *Oryza glaberrima* germplasm from Mali. *African Journal of Biotechnology*, 9(44), 7409-7417. <http://www.academicjournals.org/AJB>

Oladosu, Y., Rafii, M., Abdullah, N., Malek, M. A., Rahim H. A., Hussin, G., Ismail M. R., Latif, M. A. & Kareem, I. (2015). Genetic variability and diversity of mutant rice revealed by quantitative traits and molecular markers. *Agrociencia*, 49(3), 249-266. <https://agrociencia-colpos.org/index.php/agrociencia/article/view/1144/1144>

Rawte, S., & Saxena, R. (2018). Molecular diversity in rice (*Oryza sativa* L.) accessions of Chhattisgarh based on grain length using ISSR markers. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7(2S), 133-137. <https://www.phytojournal.com/archives/2018/vol7issue2S/PartD/SP-7-2-39-836.pdf>

Rini, D. S., Budiyanti, Y., Valentine, M., & Permana, R. (2023). ISSR and SRAP for assessing genetic variability of Indonesian local rice genotypes (*Oryza sativa* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 23 (4). <https://doi.org/10.1590/1984-70332023v23n4a46>

Saha S. R., Ferdousi A., Hassan L., Haque M.A., Begum S. N., Yasmin F. & Akram W. (2022). Rice landraces from haor areas of Bangladesh possess greater genetic diversity as revealed by morpho-molecular approaches along with grain quality traits. *Cogent Food & Agriculture*, 8 (1). <https://doi.org/10.1080/23311932.2022.2075130>

Sangeetha, J., Habeeb, J., Thangadurai, D., Alabhai, J. M., Hospet, R., Maxim, S. S., Pandhari, R., & Kushwaha, U. K. S. (2020). Potentiality of wild rice in quality improvement of cultivated rice varieties. In A. Roychoudhury (eds.), *Rice research for quality improvement: Genomics and genetic engineering*, 1, 61-85. Springer Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-15-4120-9_4



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Singh, S. K., Singh, C., Korada, M., Habde, S., Singh, D. K., Khaire, A., & Kumar, M. P. (2020). Morpho-molecular diversity analysis of local rice (*Oryza sativa* L.) genotypes using microsatellite markers. *Current Journal of Applied Science and Technology*, 39(22), 92-104.

https://www.researchgate.net/publication/343690243_Morpho-Molecular_Diversity_Analysis_of_Local_Rice_Oryza_sativa_L_Genotypes_Using_Microsatellite_Markers

Singh, P., Biradar, H., & Hittalmani, S. (2018). Molecular characterization of rice (*Oryza sativa* L.) landraces from southern Karnataka by using simple sequence repeat (SSR) DNA markers. *Mysore Journal of Agricultural Sciences*. 52(1), 57-66.

<https://uasbangalore.edu.in/images/2018-1st-Issue/10.pdf>

Singh, N., Choudhury, D. R., Tiwari, G., Singh, A. K., Kumar, S., Srinivasan, K. (2016). Tyagi R. K., Sharma A. D., Singh N. K. & Singh R. Genetic diversity trend in Indian rice varieties: an analysis using SSR markers. *BMC Genetics* 17, (127).
<https://doi.org/10.1186/s12863-016-0437-7>

Singh, A. K., Kumar, D., Gemmati, D., Ellur, R. K., Singh, A., Tisato, V., Dwivedi, D. K., Singh, S. K., Kumar, K., & Khan, N. A. (2024). Investigating genetic diversity and population structure in rice breeding from association mapping of 116 accessions using 64 polymorphic SSR markers. *Crops*, 4(2), 180-194.

<https://doi.org/10.3390/crops4020014>

Suira-Atencio, C. (2020). *Evaluación morfoagronómica y selección participativa de accesiones de arroces criollos en el Valle de San Miguel, corregimiento de Toabré, distrito de Penonomé, Coclé, Panamá* [Tesis de Licenciatura, Universidad de Panamá]. Repositorio Institucional Digital de la Universidad de Panamá.

https://up-rid.up.ac.pa/6601/1/carlos_suira.pdf



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)

Swarup, S., Cargill, E. J., Crosby, K., Flagel, L., Kniskern, J., & Glenn, K. C. (2021). Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. *Crop Science*, 61(2), 839-852. <https://doi.org/10.1002/csc2.20377>

Thete, A. M., Dahat, D. V., Jambhale, V. M., & Chaudhari, S. R. (2023). Molecular characterization of rice genotypes using molecular markers. *International Journal of Plant & Soil Science*, 35(20), 284-301.

https://scholar.google.com/citations?view_op=view_citation&hl=en&user=gFpiygAAAAJ&citation_for_view=gFpiygAAAAJ:Se3iqnhoufwC

Thomson, M. J., Septininsihin, E. M., Suwardjio, F., Santoso, T. J., Silintonga, T. S., & McCouch, S. R. (2007). Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers, *Theoretical and Applied Genetics*, 114(3), 559-568.

<https://doi.org/10.1007/s00122-006-0457-1>

Zhang, P., Li, J., Li, X., Liu, X., Zhao, X., & Lu, Y. (2011). Population structure and genetic diversity in a rice core collection (*Oryza sativa* L.) investigated with SSR markers. *PLoS ONE*, 6(12), Article e27565. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0027565>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](#)