

Gestión eficiente de datos y análisis de la variabilidad genética en germoplasma de malanga (*Xanthosoma* spp. y *Colocasia* spp.) Efficient data management and analysis of genetic variability in cocoyam (*Xanthosoma* spp.) and taro (*Colocasia* spp.) germplasma

<https://orcid.org/0000-0002-8417-0781>

Yaselis Guillén López*, Alay Jiménez Medina, Osmany Molina Concepción, Carmen Pons Pérez, Rosa Elena González Vázquez

Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT). Apartado 6, Santo Domingo, CP: 53 000, Villa Clara, Cuba

Instituto de
Investigaciones de
Viandas Tropicales
(INIVIT).
Apartado 6, Santo
Domingo, CP: 53 000,
Villa Clara, Cuba.

RESUMEN

La malanga (*Xanthosoma* spp. y *Colocasia esculenta* (L.) Schott.) es un cultivo de gran relevancia agronómica y nutricional en Cuba, destacándose por su alto contenido de carbohidratos y proteínas, así como por su excelente digestibilidad y otras propiedades organolépticas. Estas características la convierten en un alimento funcional, ideal para grupos vulnerables, como niños, ancianos y personas con trastornos gastrointestinales. El objetivo de este estudio fue desarrollar una base de datos integral para la caracterización de la variabilidad genética y la gestión eficiente de la información en las colecciones de germoplasma de malanga *Xanthosoma* spp. y *Colocasia esculenta* del Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT). Para ello, se utilizó *phpMyAdmin*, una herramienta de código abierto que facilita la gestión de bases de datos MySQL a través de una interfaz web. Esta plataforma facilitó el diseño, organización y manejo eficiente de la información relacionada con las colecciones de germoplasma de malanga, optimizando los procesos de caracterización y promoviendo el uso sostenible de estos recursos fitogenéticos. La incorporación de esta herramienta tecnológica, no solo mejora la capacidad de gestión de datos de las colecciones de germoplasma de malanga del INIVIT, sino que también contribuye a la preservación de la biodiversidad agrícola y al desarrollo de programas de mejoramiento genético enfocados en la seguridad alimentaria y la sostenibilidad agrícola del país.

Palabras clave: Bancos de germoplasma, *phpMyAdmin*.

*Autora para la
correspondencia:
seg.inf@inivit.cu

ABSTRACT

Cocoyam (*Xanthosoma* spp.) and taro (*Colocasia esculenta* (L.) Schott.) are crops of great agronomic and nutritional importance in Cuba, standing out for their high carbohydrate and protein content, as well as their excellent digestibility and other organoleptic properties. These characteristics make it a functional food, ideal for vulnerable groups, such as children, the elderly, and people with gastrointestinal disorders. The objective of this study

was to develop a comprehensive database for the characterization of genetic variability and the efficient management of information in the taro germplasm collections *Xanthosoma* spp. and *Colocasia esculenta* of the Tropical Vegetable Research Institute (INIVIT). For this purpose, *phpMyAdmin*, an open-source tool that facilitates the management of MySQL databases through a web interface, was used. This platform facilitated the efficient design,

organization, and management of information related to taro germplasm collections, optimizing characterization processes and promoting the sustainable use of these plant genetic resources. The incorporation of this technological tool not only improves the data management capacity of INIVIT taro germplasm collections but also contributes to the preservation of agricultural biodiversity and the development of genetic improvement programs focused on food security and agricultural sustainability in the country.

Keywords: Germplasm banks, *phpMyAdmin*.

INTRODUCCIÓN

La malanga, perteneciente a los géneros *Xanthosoma* y *Colocasia esculenta* (L.) Schott, es un cultivo de gran importancia en regiones tropicales, incluyendo Cuba, debido a su valor nutricional y su adaptabilidad a diversas condiciones agroecológicas. Este rizoma se caracteriza por su alto contenido de carbohidratos y proteínas, así como por su excelente digestibilidad, lo que lo convierte en un alimento esencial para grupos vulnerables, como niños, adultos mayores y personas con afecciones digestivas (Ortega y Gómez, 2020).

En los últimos años, la investigación sobre la malanga ha adquirido especial relevancia, particularmente en el estudio de su variabilidad genética. La caracterización de esta diversidad es fundamental para abordar desafíos globales como la adaptación al cambio climático, el incremento de la productividad y la resistencia a enfermedades (Rodríguez y Álvarez, 2019). En este contexto, los bancos de germoplasma desempeñan un papel crucial en la conservación de la diversidad genética, y su gestión adecuada es indispensable para

asegurar la preservación y el uso sostenible de estos recursos fitogenéticos (Pérez y Martínez, 2018).

Con el fin de fortalecer esta gestión, se ha incorporado el uso de herramientas tecnológicas como *phpMyAdmin*, un *software* de código abierto para la administración de bases de datos MySQL mediante interfaz web. Como señala Ramírez *et al.* (2020) en su estudio sobre sistemas de información para bancos de germoplasma, este tipo de herramientas son fundamentales para garantizar la integridad y accesibilidad de los datos genéticos. Esta plataforma ha sido implementada en el Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT), donde permite una organización más eficiente y segura de la información asociada a las colecciones de germoplasma de malanga (*phpMyAdmin*, 2023). Su uso ha facilitado además el desarrollo de análisis detallados de la diversidad genética, contribuyendo a la identificación de marcadores asociados a características agronómicas de interés (López y Morales, 2021).

En este marco, el INIVIT ha desarrollado un enfoque integral orientado a mejorar la gestión de la información relacionada con las colecciones conservadas en la institución, debido a que el soporte de la información hasta la actualidad está en soporte físico, obstaculizando la accesibilidad a dicha información. Por lo que el objetivo principal de este trabajo fue crear una base de datos digital que permita caracterizar la variabilidad genética y optimizar la gestión de los datos en las colecciones de germoplasma de malanga *Xanthosoma* spp. y *Colocasia esculenta* (L.) Schott, contribuyendo así a la conservación y mejoramiento de este recurso fitogenético.

MATERIALES Y MÉTODOS

El presente estudio se desarrolló en el Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT), ubicado a 22.5833° Latitud: y 80.2667° W Longitud, bajo la coordinación del equipo de Bioinformática en colaboración con especialistas en Mejoramiento Genético. Para lograr este propósito, se llevó a cabo un proceso sistemático que incluyó la recopilación, organización y análisis de datos genéticos.

La organización de los datos se realizó utilizando el software *phpMyAdmin* (versión 5.2.1), seleccionado por su capacidad para manejar grandes volúmenes de información y su alineación con estándares actuales de gestión en cultivos tropicales (García y Fernández, 2022). Esta herramienta permitió la creación de una base relacional, donde se almacenaron y organizaron los datos cualitativos y cuantitativos de las accesiones que conforman el germoplasma de malanga. Además, se diseñaron consultas *SQL* específicas para facilitar la recuperación y el análisis de la información.

El proceso metodológico incluyó las siguientes etapas:

1. **Recopilación de datos:** Se recopilaron los datos que comprenden los caracteres morfofisiológicos (caracteres cualitativos y cuantitativos) de las accesiones de malanga conservadas en el banco de germoplasma del INIVIT. (Se hizo énfasis en especificar si la información obtenida se organizó mediante marcadores morfológicos, moleculares, etc.)
2. **Organización de la información:** Los datos fueron estructurados en una base de datos relacional mediante *phpMyAdmin*, garantizando consistencia y accesibilidad.

3. **Análisis de la variabilidad genética:** Se aplicaron consultas específicas a los fitomejoradores y curadores de las colecciones de germoplasma de malanga para extraer y analizar la información relacionada con la diversidad genética.
4. **Identificación de características deseables:** A partir del análisis, se seleccionaron accesiones con rasgos genéticos de interés potencial para el programa de mejoramiento genético de la malanga.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La información obtenida fue fundamental para caracterizar la diversidad genética de las accesiones de malanga, lo que constituyó una base sólida para la identificación de características genéticas deseables con fines de mejoramiento genético.

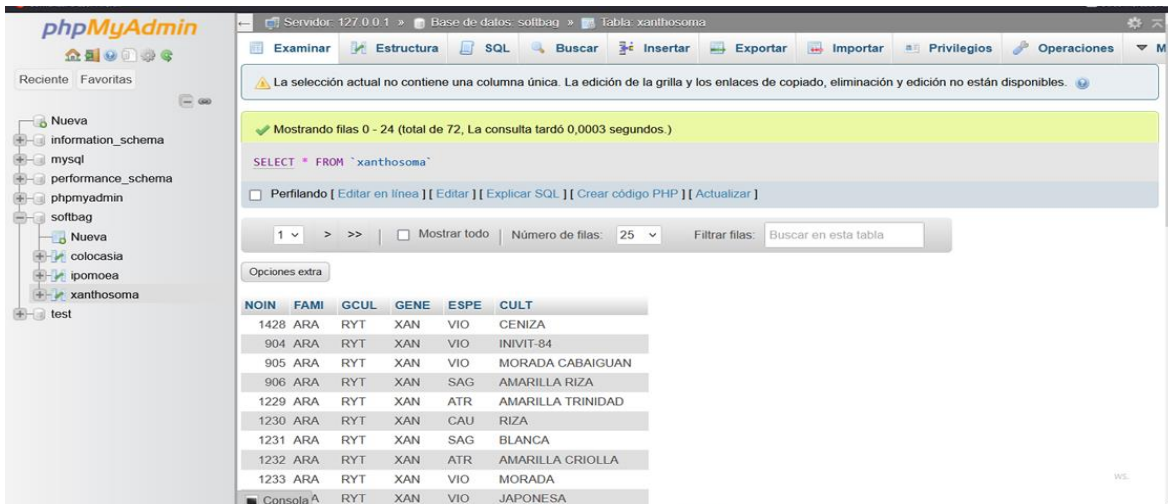
Estructura y alcance de las bases de datos

1. **Base de datos de *Xanthosoma* spp.:**
 - **Contenido:** 70 accesiones (68 nativas y 2 foráneas).
 - **Clasificación:** Organizadas en tres grupos principales según criterios morfoagronómicos, como color de la masa, género, especie y cultivar.
2. **Base de datos de *Colocasia esculenta*:**
 - **Contenido:** 42 accesiones, predominantemente clones nativos.

El desarrollo de sistemas eficientes para la gestión de información y la caracterización de la variabilidad genética en bancos de germoplasma de malanga (*Xanthosoma* spp. y *Colocasia esculenta*) representa uno de los logros más relevantes del Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales

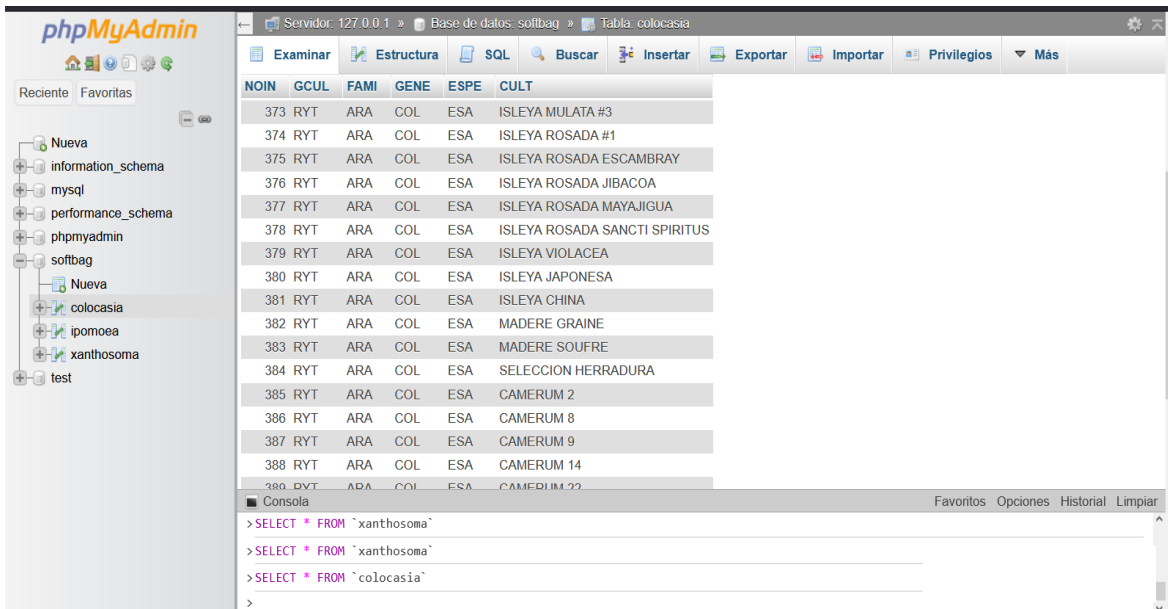
(INIVIT) en el contexto de la informatización agrícola en Cuba. Esta innovación ha permitido optimizar los procesos de conservación, estudio y aprovechamiento sostenible de la diversidad genética en el cultivo de la

malanga. Estas bases de datos (Figuras 1 y 2) integran información agronómica clave, lo cual facilita la identificación de accesiones con características deseables para programas de mejoramiento genético.



NOIN	FAMI	GCUL	GENE	ESPE	CULT	
1428	ARA	RYT	XAN	VIO	CENIZA	
904	ARA	RYT	XAN	VIO	INIVIT-84	
905	ARA	RYT	XAN	VIO	MORADA CABAIGUAN	
906	ARA	RYT	XAN	SAG	AMARILLA RIZA	
1229	ARA	RYT	XAN	ATR	AMARILLA TRINIDAD	
1230	ARA	RYT	XAN	CAU	RIZA	
1231	ARA	RYT	XAN	SAG	BLANCA	
1232	ARA	RYT	XAN	ATR	AMARILLA CRIOLLA	
1233	ARA	RYT	XAN	VIO	MORADA	
	Consola	ARA	RYT	XAN	VIO	JAPONESA

Figura 1. Interfaz de la base de datos de *Xanthosoma* spp. gestionada mediante *phpMyAdmin*.



NOIN	GCUL	FAMI	GENE	ESPE	CULT
373	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA MULATA #3
374	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA ROSADA #1
375	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA ROSADA ESCAMBRAY
376	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA ROSADA JIBACOA
377	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA ROSADA MAYAJIGUA
378	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA ROSADA SANCTI SPIRITUS
379	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA VIOLACEA
380	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA JAPONESA
381	RYT	ARA	COL	ESA	ISLEYA CHINA
382	RYT	ARA	COL	ESA	MADERE GRAINE
383	RYT	ARA	COL	ESA	MADERE SOUFRE
384	RYT	ARA	COL	ESA	SELECCION HERRADURA
385	RYT	ARA	COL	ESA	CAMERUM 2
386	RYT	ARA	COL	ESA	CAMERUM 8
387	RYT	ARA	COL	ESA	CAMERUM 9
388	RYT	ARA	COL	ESA	CAMERUM 14
389	RYT	ARA	COL	ESA	CAMERUM 22

Figura 2. Interfaz de la base de datos de *Colocasia esculenta* gestionada mediante *phpMyAdmin*.

La creación y estructuración de estas bases de datos ha permitido una clasificación precisa de las colecciones,

agrupándolas con base en atributos relevantes. Esto no solo mejora las estrategias de conservación, sino que

también impulsa el uso eficiente del recurso genético en investigaciones futuras y procesos de mejoramiento genéticos.

CONCLUSIONES

Se desarrolló una base de datos independiente para cada colección de malanga (*Xanthosoma* spp. y *Colocasia esculenta* (L.) Schott, lo que permitió el acceso rápido, estructurado y seguro a la información digital que almacena el acervo genético de las accesiones conservadas *ex situ*. Estas herramientas facilitan el análisis de la variabilidad genética, contribuyen a la identificación de materiales con características agronómicas de interés y fortalecen las capacidades de los programas de mejoramiento genético. La implementación de sistemas de gestión de datos como *phpMyAdmin* demuestra ser una estrategia efectiva para optimizar la conservación y el aprovechamiento sostenible de los recursos fitogenéticos en bancos de germoplasma.

BIBLIOGRAFÍA

GARCÍA, M. y R. FERNÁNDEZ. 2022. Gestión de bases de datos genómicos en cultivos tropicales utilizando herramientas de código abierto. *Revista de Agricultura Digital*, 15(3): 89-104. Disponible en: <https://doi.org/10.1234/rad.2022.003>

GONZÁLEZ, T.M. y E. HERNÁNDEZ. 2021. Caracterización genética de accesiones de malanga en el INIVIT. *Revista de Biotecnología*, 19(1), 45-56.

HERNÁNDEZ, R.F. y A.I. SUÁREZ. 2022. Uso de herramientas bioinformáticas para la gestión de bancos de germoplasma en Cuba. *Revista Cubana de Bioinformática*, 7(2), 215-229.

LÓPEZ, A.G. y L. MORALES. 2021. Identificación de marcadores genéticos en malanga mediante análisis bioinformático. *Journal of Plant Science*, 56(3), 205-216.

ORTEGA, D.M. y L.A. GÓMEZ. 2020. Valor nutricional de la malanga y su importancia en la dieta cubana. *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, 54(2), 123-134.

PÉREZ, J.L. y S. MARTÍNEZ. 2018. Gestión de la diversidad genética en bancos de germoplasma: enfoque y estrategias. *Agrociencia*, 52(4), 301-312.

PhpMyAdmin. 2023. *Documentación oficial de phpMyAdmin*. Disponible en: <https://www.phpmyadmin.net/docs/>.

RAMÍREZ, J.; TORRES, A.; DÍAZ, M. 2020. Sistemas de información para bancos de germoplasma: experiencias y lecciones aprendidas. *Revista de Agricultura Digital*, 13(2), 112-128. Disponible en: <https://doi.org/10.xxxx/rad.2020.002>

RODRÍGUEZ, J.A. y M.S. PÉREZ. 2023. Avances en la mejora genética de la malanga en Cuba: perspectivas futuras. *Cultivos Tropicales*, 44(1), 67-78.

RODRÍGUEZ, P.E. y M.R. ÁLVAREZ. 2019. Adaptación de la malanga al cambio climático: retos y oportunidades. *Agronomía Mesoamericana*, 30(3), 487-498.

Conflicto de intereses: Los autores declaran no tener conflictos de intereses.

Contribución de los autores:

Conceptualización y curación de datos: Yaselis Guillen López, Alay Jiménez Medina

Investigación: Yaselis Guillen López, Alay Jiménez Medina

Software: Yaselis Guillen López, Osmany Molina Concepción y Carmen C. Pons Pérez

Validación: Yaselis Guillen López, Alay Jiménez Medina

Escritura-borrador original: Yaselis Guillen López

Redacción-revisión y edición: Yaselis Guillen López, Osmany Molina Concepción, Alay Jiménez Medina y Carmen C. Pons Pérez

Administración de proyectos: Yaselis Guillen López

Ética: El autor para la correspondencia confirma que todos los demás autores han leído y aprobado el manuscrito y que no existen cuestiones éticas involucradas.

La referencia a marcas comerciales de equipos, instrumentos o materiales específicos se realiza únicamente con fines de identificación, sin que ello implique ningún compromiso promocional por parte de los autores ni del editor.