

Diversidad genética de los bananos (*Musa* spp) en Cuba.

María Isabel Román**; *Clara González; *Xonia Xiqués***; *Marlyn Valdés***; *Maruchi Alonso***; *Francisco Dueñas***; *Teresa Ramírez**; *Liannet González**.**

*** Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales, Apartado 6 Santo Domingo, Villa Clara. E-mail: roman@fbio.uh.cu**

****Facultad de Biología, Universidad de La Habana. Calle 25 # 455 entre J e I Ciudad de La Habana.**

RESUMEN

Se realizaron los análisis citogenético, morfoagronómico y genético-bioquímico de dos especies y 28 clones de bananos del género *Musa*, pertenecientes al Banco de Germoplasma del Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales de Santo Domingo, Villa Clara, Cuba.

El análisis citogenético determinó que las especies y 10 clones son diploides ($2n=2x=22$), 10 clones triploides ($2n=3x=33$) y ocho tetraploides ($2n=4x=44$).

La evaluación morfoagronómica a partir de los caracteres cualitativos y cuantitativos, mostraron que las variables más importantes para la caracterización del material estudiado son: las manchas en la base de pecíolo, el canal del pecíolo de la tercera hoja, el color del pseudotallo, la forma de la yema masculina, el aspecto del fruto y las relacionadas con las componentes del rendimiento, como el peso del racimo, el número de manos y el número de frutos.

El estudio genético-bioquímico puso de manifiesto las afinidades entre los clones y especies. Los sistemas isoenzimáticos esterasas y anhidrasa carbónica y las proteínas totales mostraron el mayor polimorfismo en sus patrones de bandas. Se demostró que las accesiones estudiadas no constituyen duplicados.

La caracterización de los bananos demostró la diversidad del material del banco de germoplasma de *Musa*, ya que se diferenciaron las accesiones, se formaron grupos de afinidad genética y se determinaron los clones de mayor productividad.

INTRODUCCION

La conservación de la de la biodiversidad es importante para satisfacer las demandas crecientes actuales y futuras de la población mundial, de ahí que los bancos de germoplasma surjan como una respuesta a la necesidad de conservar el patrimonio genético vegetal (Goldert, 1996), por lo que constituyen la base para una agricultura dinámica, diversificada y adaptable. Un proyecto de este tipo tiene como objetivos esenciales conservar la variabilidad de cada especie y proporcionar a los mejoradores un conjunto de genotipos para los programas de selección (Geneflow, 1990).

La evaluación morfológica de las accesiones que conforman los bancos de germoplasma ofrece ventajas, en cuanto a la posibilidad de clasificar rápidamente un gran número de ejemplares, pues son métodos relativamente económicos y constituyen la base de la caracterización de las muestras en las plantas, pero la misma está sujeta a una marcada influencia ambiental (De O *et al*, 1997; Xuan Thu *et al*, 2002). Por esta razón para conocer el grado de relación genética entre las accesiones y el nivel de diversidad presente en el germoplasma conservado, es necesario tener en cuenta también la evaluación citogenética, genético-bioquímica y molecular del material (Tegume *et al*, 2002; Mohan Jain, 2002).

El Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales (INIVIT) de Santo Domingo, Villa Clara, posee colecciones de diferentes cultivos de interés económico, entre las que se encuentra la del género *Musa*. Para la evaluación de las accesiones de bananos conservadas en este banco de germoplasma y la detección de nuevos genotipos, fue necesario combinar los estudios morfoagronómicos, citogenéticos y genético-bioquímicos, con el objetivo de la evaluación de la colección.

MATERIALES Y METODOS

Se estudiaron 2 especies y 28 clones pertenecientes a la colección cubana de bananos (*Musa spp.*), sembrados de acuerdo a un Diseño Completamente Aleatorizado en el Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales (INIVIT), de Santo Domingo, Villa Clara, en un suelo ferralítico rojo, según la clasificación de la Academia de Ciencias (1975).

Se determinó el número de cromosomas, por el conteo de 20 células para cada material, a partir del método descrito para el análisis del cariotipo en el género *Musa* (Román y Rodríguez, 1986).

La caracterización morfoagronómica se realizó a partir de 20 caracteres cualitativos y 9 cuantitativos, según los Descriptores Mínimos para el Banano (INIBAP, 1998); los resultados fueron evaluados por el Análisis de Componentes Principales (Linares, 1988).

Los análisis electroforéticos se realizaron en gel de poliacrilamida (PAGE) al 10% y un sistema de buffer discontinuos, para los sistemas isoenzimáticos peroxidasa, polifenoloxidasas, esterasas y anhidrasa carbónica y las proteínas totales (Tabla 1), utilizando extractos foliares, a partir de hojas en el estadio ontogenético de cigarro (Román y col., 1997).

Tabla 1. Sistemas isoenzimáticos estudiados y métodos de tinción empleados.

Sistema Isoenzimático	Nomenclatura	Método de tinción
Peroxidasas	Px	Iglesias y col., 1974
Polifenoloxidasas	Ppo	Guedes y Rodríguez, 1974
Esterasas	Est	Gonzalez y González, 1991
Anhidrasa carbónica	Ac	Brewer y Singh, 1970
Proteínas totales	Pt	Laemmli, 1970

Se establecieron los fenotipos proteicos e isoenzimáticos de cada clon y especie sobre la base del número y posición de cada banda. Se consideró como valor cero la ausencia y como uno la presencia de bandas. A partir de los resultados obtenidos en los electroforetograma para los sistemas isoenzimáticos y de proteínas totales, se midieron las semejanzas entre los materiales con el empleo del programa MAT-GEN (Sigarroa y Cornide, 1995) para obtener la matriz de similitud a partir del Índice de Apóstol, la cual fue analizada mediante un análisis de Conglomerados (*Cluster*) (Daviers, 1973).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En las especies y clones de bananos se observó la presencia de 12 accesiones diploides ($2n=2x=22$ cromosomas), diez clones triploides ($2n=3x=33$ cromosomas) y ocho tetraploides ($2n=4x=44$ cromosomas). El somaclón SH-3436L9 obtenido en Cuba, es producto de una mutación natural y se pudo comprobar que mantiene el número de cromosomas de la planta que le dio origen, el clon 'SH-3436' ($2n=4x=44$).

A partir de este estudio se dividió el material de acuerdo a los niveles de ploidías en bananos diploides, triploides y tetraploides para realizar los estudios morfoagronómicos y genético-bioquímicos.

El análisis de componentes principales para los caracteres cualitativos en los bananos diploides demuestra que con dos componentes se explica un 67.5% de la variación total. En la componente I, los valores que más contribuyen a su formación son las manchas en la base del peciolo, el color de la cáscara de los frutos inmaduros y la forma del canal del peciolo de la tercera hoja. Para la componente II, las variables más importantes fueron el color de la superficie de la bráctea externa, el color de los lobos del tépalo compuesto del perigonio, el color de la pulpa madura y el desarrollo de los hijos, en la componente III se destaca el aspecto del fruto.

En la Figura 1, se muestra la distribución gráfica de las especies y clones de acuerdo con los resultados obtenidos en el análisis de las componentes principales, para los caracteres cualitativos.

Como se observa, aparecen agrupados los clones, 'Tien taan ha'; 'Paka', 'Ciento en Boca', 'Dátil', 'Chvoy tieu' y la especie *Musa acuminata*, con contribuciones positivas, se caracterizan por el color púrpura marrón de la bráctea externa y rojo en el clon 'Dátil', la forma de trompo de la yema masculina, menos en 'Tien taan ha' que es de forma ovoide. El clon 'Mjenga' se encuentra separado del resto por la forma del canal del

pecíolo de la tercera hoja que es abierto con márgenes aladas, el color verde-amarillo de la cáscara madura y el color blanco de la pulpa del fruto maduro.

Los clones 'Mundo', 'BB de Viet Nam' y la especie *Musa balbisiana*, se agrupan por la forma obtusa o intermedia del ápice de la bráctea externa, la forma del canal del pecíolo de la tercera hoja con márgenes retorcidas y las pocas manchas en la base del pecíolo. Los diploides mejorados se mantienen separados en este cuadrante por el desarrollo de los hijos entre 1/4 y 3/4 del tamaño de la madre en el SH-3362 y en el SH-3142 son inhibidos y coinciden en la coloración verde de la bráctea externa y la coloración verde de los lobos del tépalo compuesto del perigonio. Estos caracteres permitieron detectar variaciones en estudios realizados por Rodríguez (1997) para otros cultivares del género.

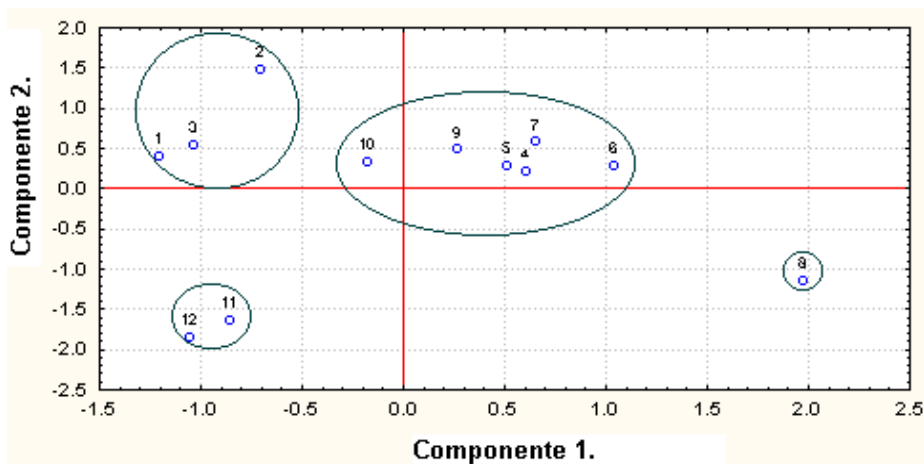


Fig. 1. Distribución de las especies y clones diploides según el análisis de componentes principales basado en las variables cualitativas analizadas (1-MB, 2-Mdo, 3-BBVN, 4-MA, 5-CT, 6-TTH, 7-Paka, 8-Mjenga, 9-CB, 10-Datil, 11- SH 3362, 12 SH 3142).

El análisis de componentes principales para las variables cuantitativas en los bananos diploides, explica con dos componentes un 79.55% de la variación total Figura 2.

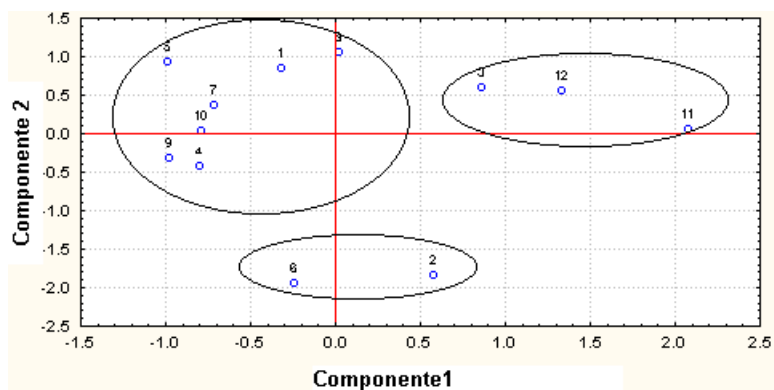
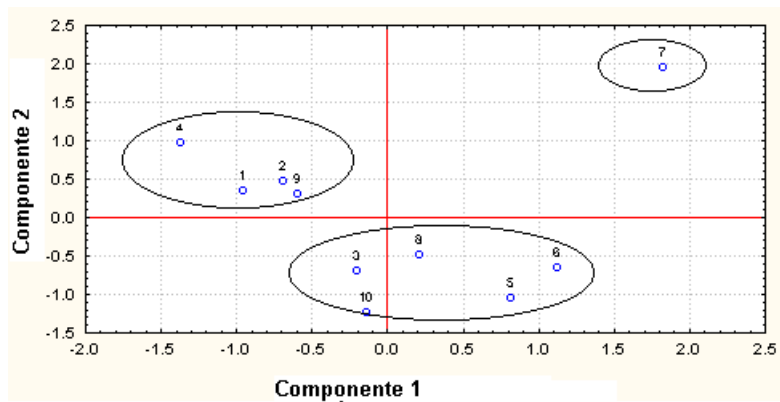


Fig. 2. Distribución de los clones y especies diploides según el análisis de componentes principales basado en las variables cuantitativas analizadas (1-MB, 2-Mdo, 3-BBVN, 4-MA, 5-CT, 6-TTH, 7-Paka, 8-Mjenga, 9-CB, 10-Datil, 11-SH 3362, 12-SH3142).

En la componente I, las variables más importantes fueron la altura del pseudotallo, el tamaño de los frutos, el peso del racimo y el número de manos y frutos por racimos. En el caso de la componente II, la variable que más contribuye es el número de frutos.

El análisis de componentes principales para las variables cualitativas en los clones triploides del subgrupo Cavendish, con tres componentes se explica un 75.6% de la variación total para los caracteres cualitativos. En la componente I los descriptores que más aportan a la caracterización son: color del pseudotallo, las manchas en la base del pecíolo, la forma de la yema masculina y el número de hijos. Para la componente II las variables más importantes son la apariencia del raquis y el desarrollo de los hijos. En la componente III la variable que más aporta es la forma del canal del pecíolo de la tercera hoja.

En la figura 3, se muestra la distribución gráfica de clones triploides para los resultados obtenidos en el análisis de las componentes principales, para los caracteres



cualitativos.

Fig. 3. Distribución de los clones triploides según el análisis de componentes principales basado en las variables cualitativas analizadas. (1-R, 2-Cg, 3-Vj, 4-L, 5-Vm, 6-Ge, 7-Pr, 8-A, 9-OIM, 10-Ce).

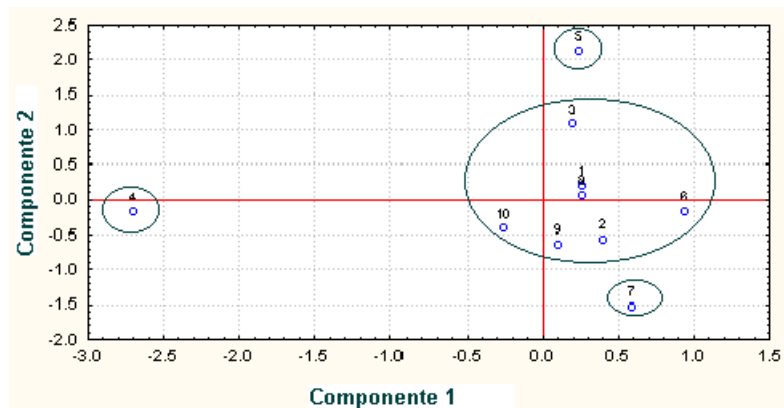
Como se observa, aparece alejado del resto de los clones el 'Parecido al rey', con contribuciones positivas de ambas componentes, producto de las grandes manchas de la base del pecíolo, la forma de trompo de la yema masculina, la apariencia del raquis, las flores neutras o masculinas y la presencia de brácteas apinzeladas. Se agrupan los clones 'Valery de Jamaica', 'Valery de México', 'Gran enano', 'American' y 'Cavendish enano' porque tienen en común el desarrollo de los hijos entre 1/4 y 3/4 del tamaño de la madre, la extensa pigmentación de manchas en la base del pecíolo, la forma de trompo de la yema masculina. En el otro grupo se encuentran los clones 'Robusta', 'C. gigante', 'Lacatan' y 'OIM', ya que tienen en común una extensa pigmentación de manchas en la base del pecíolo, la forma intermedia de la yema masculina, la apariencia del raquis, las flores neutras o masculinas, presencia de brácteas apinzeladas, el número de hijos entre 3 a 5 y su desarrollo entre 1/4 y 3/4 del tamaño de la planta madre.

El análisis de componentes principales para los caracteres cuantitativos en los clones del subgrupo Cavendish, muestra que con tres componentes se explica un 70.8% de la variación total.

En la componente I las variables que más contribuyen son el peso del racimo, número de manos y frutos por racimo y el largo de los frutos, en la componente II las variables altura del pseudotallo y la longitud del pedúnculo. Los clones SH 3362; SH3142 y BB de Viet Nam tienen contribuciones positivas en la componente I, destacándose por el número de manos y frutos por racimo, así como por el peso del racimo, los que presentan los mayores rendimientos. Por los mayores valores para el número de frutos se separan los clones 'Mundo' y 'Tien taan ha'. El resto de los clones se agrupan por presentar valores intermedios para las componentes del rendimiento.

En la figura 4, se presenta la distribución gráfica para el subgrupo Cavendish, producto de los resultados obtenidos en el análisis de las componentes principales para los caracteres cuantitativos.

Con valores intermedios para el número de manos, frutos y peso del racimo, se encuentran agrupados en el primer cuadrante la mayoría de los clones. Con contribuciones positivas de las dos componentes se encuentra el clon 'Valery de México' con el mayor largo del pedúnculo y uno de los mayores valores de altura de la



planta,

Fig. 4. Distribución de los clones triploides según el análisis de componentes principales basado en las variables cuantitativas. (1-R, 2-Cg, 3-Vj, 4-L, 5-Vm, 6-Ge, 7-Pr, 8-A, 9-OIM, 10-Ce).

Con contribuciones negativas de las dos componentes por la menor altura y el menor largo del pedúnculo, pero con los mayores valores del peso, número de manos, frutos y el largo de los frutos se encuentra el clon 'Parecido al rey'. En un grupo aislado con contribuciones negativas de ambas componentes el clon 'Lacatan', con los valores menores del peso, número de manos y frutos por racimo y el tamaño de los frutos.

En el análisis de componentes principales para los caracteres cualitativos para los clones tetraploides, con tres componentes se explica un 91.9% de la variación total.

En la componente I las variables que más aportan a la caracterización son las manchas en la base del peciolo, la forma de la yema masculina, la forma de la bráctea externa y el aspecto del fruto. En la componente II el color de los lobos del tépalo compuesto del perigonio y en la componente III la posición del raquis.

En la figura 5 se muestra la distribución gráfica de acuerdo a los resultados obtenidos para los componentes principales para las variables cualitativas.

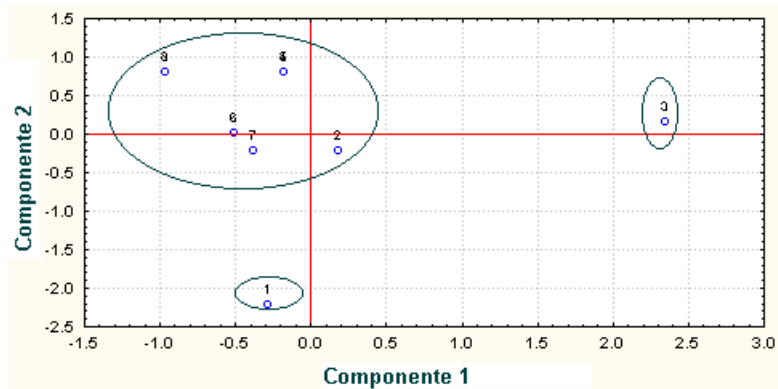


Fig. 5. Distribución de los clones tetraploides según el análisis de componentes principales basado en las variables cualitativas. (1-FHIA 01, 2- FHIA 03, 3- FHIA 21, 4- FHIA 18, 5- FHIA 23, 6-SH 3436, 7- SH 3436L 9, 8-Tetraploide 650).

Con contribuciones positivas de ambas componentes y alejado de todo el material se encuentra el ‘FHIA-21’, ya que es el único plátano vianda analizado y se diferencia por presentar pocas manchas en la base del peciolo, forma aguda del ápice de la bráctea externa y forma de trompo de la yema masculina. Este clon ha sido estudiado en diferentes países y ha sido recomendado como un clon promisorio para ser manejado en la agricultura orgánica por su eficiencia productiva y resistencia a enfermedades y plagas (Alvarez, 1997). Se agrupan los clones ‘FHIA 03’, ‘FHIA18’, ‘FHIA23’, ‘SH3436’, ‘Tetraploide 650’ y SH 3436L9, por sus semejanzas en las grandes manchas en la base del peciolo, aunque en el ‘FHIA 03’ son pequeñas, el ápice romo de los frutos, la forma de la bráctea externa es intermedia u obtusa, la coloración anaranjada de los lobos del tépalo compuesto del perigonio y la forma punteaguda del ápice del fruto y con contribuciones negativas de ambas componentes se encuentra el ‘FHIA 01’ por la coloración crema del lobos del tépalo compuesto del perigonio.

El análisis de los componentes principales para las variables cuantitativas explica con dos componentes un 73.2% de la variación total. En el análisis de componentes principales para los caracteres cuantitativos las variables que más contribuyen en la componente I son el largo del pedúnculo, el peso del racimo, número de manos y frutos y el número de frutos de la segunda mano. En la componente II las que más aportan es la altura de la planta y el largo de los frutos.

La distribución gráfica de los clones tetraploides, de acuerdo con los resultados obtenidos en el análisis de las componentes principales, para los caracteres cuantitativos, se muestra en la figura 6.

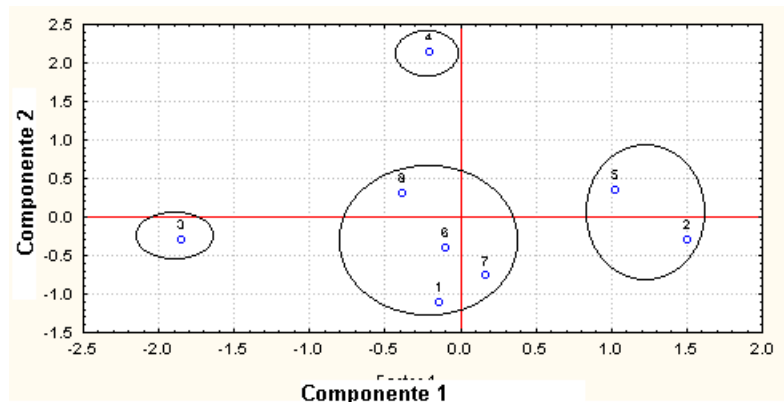


Fig. 6. Distribución de los clones tetraploides según el análisis de componentes principales basado en las variables cuantitativas. (1-FHIA 01, 2- FHIA 03, 3- FHIA 21, 4- FHIA 18, 5- FHIA 23, 6-SH 3436, 7- SH 3436L 9, 8-Tetraploide 650).

Con contribuciones positivas de ambas componentes se encuentra ‘FHIA 03’ y el ‘SH 3436’ por los mayores valores del peso, número de manos y frutos. Sin embargo presentan los menores valores para la altura de la planta, esta última característica, es favorable debido a que en la temporada ciclónica este cultivo es muy afectado por los vientos y al tener mayor altura aumenta la posibilidad de ser derribados. Se encuentran agrupados los clones ‘FHIA 01’, ‘SH 3436’, ‘Tetraploide 650’ y SH 3436L9 por valores intermedios para la altura de la planta, el tamaño de los frutos, número de manos y frutos por racimo y el peso de los mismos. Estos resultados concuerdan con lo reportados por Alvarez (1997) al estudiar estos clones en otras provincias del país. Alejados en grupos independientes el ‘FHIA 18’ y el ‘FHIA 21’ presenta la mayor longitud del pedúnculo. Estos materiales fueron evaluados en la provincia de Ciego de Avila y mostraron los mejores rendimientos por hectáreas, donde los pesos de los racimos superaron a los testigos locales, lo que está en correspondencia con los resultados encontrados en nuestro estudio.

Se debe señalar que el clon ‘SH-3436’ se diferencia de su variante somaclonal SH-3436 L9, por el canal del pecíolo de la tercera hoja que presenta las márgenes superpuestas, además, el somaclón obtenido presenta valores mayores en las variables relacionadas con el rendimiento fundamentalmente en el número de frutos, el peso del racimo y el número de manos, lo cual demuestra que las mutaciones naturales en el banano, representa una herramienta importante para los mejoradores.

Los análisis estadísticos multivariados utilizados en la evaluación de la colección de bananos han permitido diferenciar los clones y formar grupos afines de acuerdo a la caracterización morfoagronómica. Resultados similares fueron encontrados por Karamura (1998) en la diferenciación de 238 accesiones de plátano fruta. Ortiz *et al* (1998), plantearon que la clasificación mediante descriptores cualitativos y cuantitativos y el establecimiento de las relaciones entre y dentro de un grupo taxonómico de *Musa*, se convierten en herramientas importantes para el mejoramiento de bananos y plátanos; identificación de duplicados y la determinación de los principales caracteres en la diferenciación del material genético. Es la primera vez en Cuba que estos

materiales son evaluados de forma integral, lo que brinda una valiosa información para caracterizar la diversidad genética del cultivo.

La caracterización genético-bioquímica para las especies y clones diploides se presentan en los resultados obtenidos para los sistemas isoenzimáticos y las proteínas totales, las que han mostrado la existencia de una gran heterogeneidad para los clones y especies. De 71 bandas analizadas, el 90,1% de ellas son polimórficas y están representadas en los sistemas estudiados.

En la Tabla 2 se muestran los resultados del análisis cuantitativo de los zimogramas para las especies y clones analizados.

Tabla 2. Análisis cuantitativo de los electroforetogramas de las especies y clones analizados.

Sistema enzimático	Total de bandas	Total de bandas propias	Total de bandas comunes	% polimorfismo
Peroxidasas	13	0	1	92.3
Polifenoloxidasas	12	0	1	91.6
Anhidrasa carbónica	8	0	4	50.0
Esterasas	22	5	0	100
Proteínas Totales	16	1	1	93.7
Total	71	6	7	90.1

El sistema más polimórfico resultó ser esterasas con un 100%, seguida de las proteínas totales con un 93.7%, las peroxidasas con un 92.3% y por último están las polifenoloxidasas con un 91.6%, ya que las anhidrasas carbónica, solo muestran un 50.0% de polimorfismo. El hecho de encontrar sistemas que detectaron más de una banda por región, indica un alto nivel de heterocigosis en este grupo de bananos.

Las peroxidasas nos indican semejanzas entre los clones de genoma balbisiana (BB), como 'BB Vietnam', 'Mundo' y la especie *M. balbisiana* y mostraron coincidencia los cultivares 'Ciento en Boca' y 'Dátil', los cuales presentaron patrones de bandas idénticas.

Las isoenzimas polifenoloxidasas permitieron separar a los clones 'Dátil' y 'Ciento en Boca' que tienen afinidades morfológicas, así como al clon 'Mundo' y 'SH 3362'. Sin embargo, nos indica semejanzas por la identidad de sus zimotipos, entre los clones 'Paka', 'Mjenga', 'Tien taan ha', 'Chvoy tieu' y la especie *M. acuminata*, lo cual indica su pertenencia al grupo genómico acuminata (AA). Se destaca que en todos los sistemas isoenzimáticos analizados, los clones 'SH 3362' y 'SH3142' muestran patrones de bandas característicos, que le permiten diferenciarlos del resto de los analizados.

En el dendrograma (figura 7) confeccionado con los índices de similitud de Apóstol, de los sistemas enzimáticos y proteínas totales para los clones y especies analizados, se forman tres grupos. Lo anterior puede explicarse por las distancias que existen entre los clones, lo que confirma que pertenecen a grupos genómicos diferentes.

El grupo I corresponde a los clones de genoma balbisiana (BB) y comprende a 'Mundo', 'BB de Viet Nam' y la especie *M. balbisiana*, los cuales están muy relacionados por sus características fenotípicas y genotípicas. El grupo II incluye a los

de genoma acuminata (AA), donde se ubican los clones 'Chvoy tieu', 'Tien taan ha', 'Mjenga', 'Paka', 'Datil', 'Ciento en Boca' y la especie *M. acuminata*, los que presentan coincidencia en los patrones de bandas para algunos de los sistemas analizados y valores de rendimiento intermedio, dado por la altura del pseudotallo, el peso del racimo y el número de manos por racimo. En el grupo III aparecen los clones 'SH 3362' y 'SH 3142', que se diferencian del resto por la presencia de patrones electroforéticos característicos y los mayores rendimientos para los caracteres evaluados.

En la tabla 3 se muestra los resultados del análisis cuantitativo de los zimogramas para los clones triploides del subgrupo Cavendish. Se observa en la tabla una baja heterogeneidad, ya que de 45 bandas analizadas el 37.7 % de ellas solo son polimórficas. El sistema anhidrasa carbónica presentó el mayor polimorfismo con un 55.5%, le siguen las proteínas totales con 40.0% y las peroxidasa con un 37.5%.

En los cuatro sistemas isoenzimáticos y las proteínas totales se pudo diferenciar el material y detectar que no existían duplicados. Para las peroxidasa, excepto 'Cavendish enano', 'Cavendish gigante', 'Lacatan' y 'Parecido al rey' que mostraron patrones propios, el resto de los clones presentan un patrón común. En este grupo el sistema que muestra más patrones propios para cada clon fue anhidrasa carbónica.

Tabla 3. Análisis cuantitativo de los electroforetogramas para los clones triploides.

Sistema enzimático	Total de bandas	Total de bandas propias	Total de bandas comunes	% polimorfismo
Peroxidasas	8	0	5	37.5
Polifenoloxidasas	8	0	6	25.0
Anhidrasa carbónica	9	0	4	55.5
Esterasas	10	0	7	30.0
Proteínas Totales	10	0	6	40.0
Total	45	0	28	37.7

El dendrograma (figura 8) confeccionado con los índices de similitud de Apóstol con los sistemas isoenzimáticos y las proteínas totales para los clones triploides, muestra la formación de tres grupos, con índices de similitud elevados, lo cual puede explicarse por su pertenencia a un mismo subgrupo. El grupo I corresponde a los clones 'Americani'; 'Robusta'; 'Lacatan' y 'OIM' debido a que comparten muchas bandas en común en los sistemas polifenoloxidasas, peroxidasa, esterasas y las proteínas totales. Aparecen en el grupo II los clones 'Valery de Jamaica' y 'Valery de México', que presentan coincidencia en todos los sistemas menos para la anhidrasa carbónica. El grupo III reúne a los clones 'Cavendish enano'; 'Cavendish gigante'; 'Gran enano' y 'Parecido al rey', con una mayor asociación entre los clones Cavendish.

Los resultados del análisis cuantitativo de los electroforetogramas para los clones tetraploides se muestran en la tabla 4.

Se aprecia una heterogeneidad media, ya que de 60 bandas analizadas el 55.0% son polimórficas. Los sistemas isoenzimáticos más polimórficos resultaron ser las anhidrasa carbónica, las esterasas y las proteínas totales. Los sistemas menos polimórficos fueron las peroxidasa y las polifenoloxidasas, El polimorfismo observado en este grupo está dado por la diversidad del material representado en los tipos fruta, burros y viandas, aunque todos se encuentran agrupados por su nivel de ploidía.

Tabla 4. Análisis cuantitativo de los electroforetogramas de los clones analizados.

Sistema enzimático	Total de bandas	Total de bandas propias	Total de bandas comunes	% polimorfismo
Peroxidasas	10	1	8	20.0
Polifenoloxidasas	10	0	5	50.0
Anhidrasa carbónica	13	3	3	76.9
Esterasas	12	1	4	66.6
Proteínas Totales	15	1	7	53.3
Total	60	6	27	55.0

En los cuatro sistemas isoenzimáticos analizados y en el proteinograma se observa que los patrones de los clones son diferentes para las isoenzimas esterasas y las anhidrasa carbónica. Las peroxidasas muestran patrones idénticos para todos los bananos menos para el 'FHIA 03' y el 'FHIA 21' que son los del tipo burro y vianda; al igual que se corresponden para el sistema polifenoloxidasas y las proteínas totales. Se presentan diferencias para el clon 'SH3436' y su somaclón en los sistemas esterasas, anhidrasa carbónica y las proteínas totales; estas diferencias están dadas por la pérdida o presencia de bandas, lo que puede indicar la ocurrencia de mutaciones o cambios en los sistemas genéticos de regulación de la cantidad de proteína sintetizada debido a duplicaciones o deleciones (Cornide *et al*, 2002).

El dendrograma (figura 9) obtenido mediante el análisis de "Cluster" con los índices de similitud de Apóstol, mostró la formación de cuatro grupos. En el primer grupo se encuentran los clones 'FHIA 01'; 'FHIA 18' y 'FHIA 23' ya que estos híbridos comparten uno de sus progenitores. En el grupo II se encuentran el clon 'SH 3436' y su somaclón SH3436 L-9, debido a las afinidades genéticas entre estos materiales. En el grupo III separado del resto de los clones analizados el 'Tetraploide 650' y en el grupo IV se encuentran asociados los clones 'FHIA 03' y 'FHIA 21', ya que estos se diferencian del resto de los analizados.

Los clones estudiados garantizan en nuestro país la diversidad genética de los genotipos tetraploides, lo cual ayuda al mejoramiento del cultivo. Es la primera vez que se estudian estos híbridos introducidos en Cuba y se comprueban las afinidades genéticas entre ellos y se puede constatar que SH3436 L-9 es una nueva accesión dentro del Banco de germoplasma cubano.

V. CONCLUSIONES.

- En los bananos se encontraron 10 clones y dos especies diploides ($2n=2x=22$), 10 clones triploides ($2n=3x=33$) y ocho tetraploides ($2n=4x=44$). El somaclón SH3436L9 mantiene el número cromosómico de su donante.
- Las variables cualitativas que más aportaron a la caracterización de la colección analizada fueron las manchas en la base del peciolo, la forma del canal de la tercera hoja y la apariencia del raquis y en las cuantitativas las relacionadas con las componentes del rendimiento, como el número de frutos, número de manos y peso del racimo, así como la altura de la planta
- El estudio electroforético de isoenzimas y proteínas totales puso de manifiesto las afinidades genéticas entre los clones y especies estudiadas y que las accesiones no constituyen duplicados. Los sistemas isoenzimáticos esterasas y anhidrasa

carbónica y las proteínas totales, mostraron el mayor polimorfismo en sus patrones de bandas.

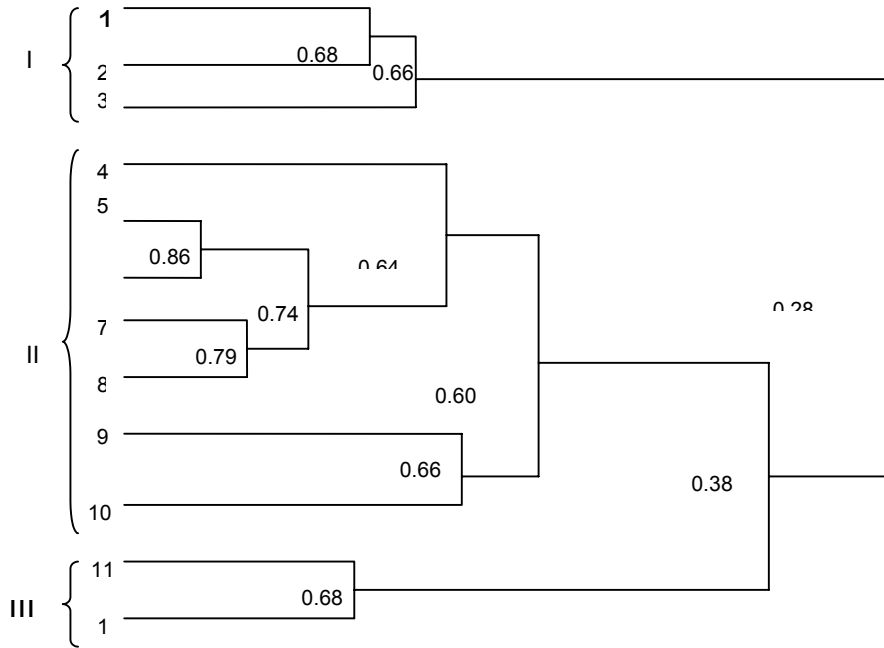


Fig. 7. Dendrograma obtenido mediante el análisis de Conglomerados de los resultados de los sistemas enzimáticos y las proteínas totales para las especies y clones estudiados 1- MB 2- Mdo 3 - BBVN 4 - MA 5 - CT 6 - TTH 7 - Paka 8- Mj 9 - CB 10 - Datil 11- SH 3362- 12 SH 3142).

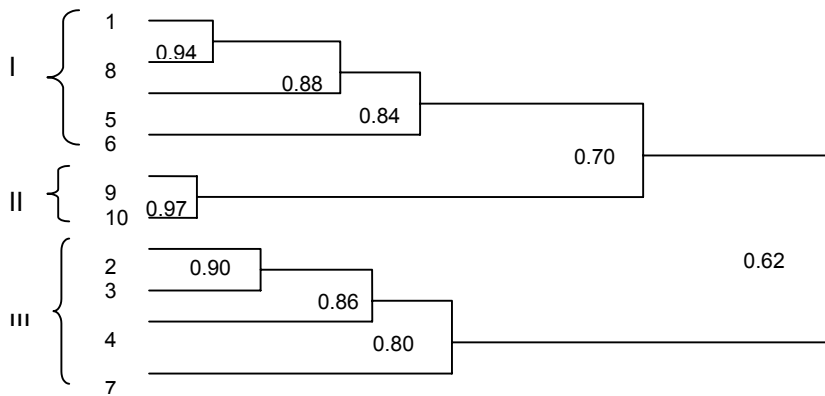


Fig. 8. Dendrograma obtenido mediante el análisis de Conglomerados de los resultados de los sistemas enzimáticos y las proteínas totales para los clones triploides (1-A, 2-Ce, 3-Cg, 4-Ge, 5-L, 6-OIM, 7-Pr, 8-R, 9-Vj, 10-Vm).

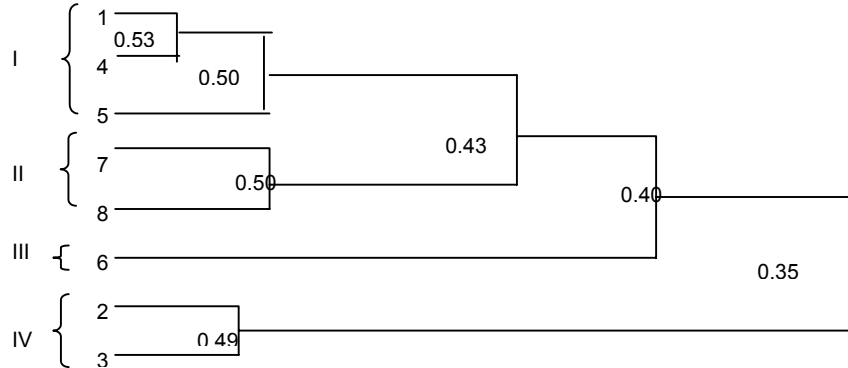


Fig. 9 Dendrograma obtenido mediante el análisis de Conglomerados de los resultados de los sistemas enzimáticos y las proteínas totales para los clones tetraploides. (1-FHIA 01, 2- FHIA 03, 3- FHIA 21, 4- FHIA 18, 5- FHIA 23, 6- Tetraploide 650, 7- SH 3436, 8- SH 3436L 9).

Referencias Bibliográficas

- Academia de Ciencias de Cuba (1975). Segunda clasificación genética de los suelos de Cuba. **Serie Suelos** 23:3-15.
- Apóstol, B. L. (1993). Estimation of the number of frell sibling families at ovoposition site using RAPD-PCR makers: Applications to mosquito *Aedes aegypti*. **Theor Appl Genet** 86: 991-100.
- Brewer, G. J.; C. F. Singh (1970). Introduction to isozyme techiques. Acad. Press. New York.186p.
- Cornide, M.T.; A. Arencibia; V. Berovides; D. Calvo; O. Coto; C. González; M. Rodríguez; J. Sánchez; A. Sigarroa y X. Xiqués. 2002. Marcadores moleculares. Nuevos horizontes en la genética y la selección de las plantas. Editorial Felix Varela.366pp.
- De O, S.; E. Silva; A. P. de Matos; K. Shepherd (1997). Mejoramiento de bananos diploides (AA) en EMBRAPA/ CNPMF. **Infomusa** 6(2): 21-22.
- Geneflow W. 1990. Diversidad para el desarrollo. Geneflow. Edición especial. ECO '92 Biodiversidad y recursos fitogenéticos. 4pp.
- Goldert, C. (1996). Biodiversidad y recursos fitogenéticos. **Infomusa** 13(1-4): 8-9.
- González, C.T.; J. A. González (1991). Estudio de patrones para la *Lima persa* III. Caracterización isoenzimática. **Cienc-Téc. Agric.** 4(2):102-108.
- Guedes, M.; C. I. Rodríguez (1974). Disc electrophoretic pattern of phenoloxidase from leaves of coffee cultivars. Sep. De Portugal. Acta Biologica. Serie A, Vol XIII:169-177.
- Karamura, A. (1998). Numerical taxonomic studies of the East-African Highland bananos (*Musa AAA-East Africa*) in Uganda. A thesis submitted for the degree of Doctor of Philosphy. Departament of Agricultural Botany the University of Reading, INIBAP, IPGRI. 192pp.
- Laemmlli, U. K. (1970). Cleavaje of structural proteins during assembly of the head bacteriophage T4. **Nature** 227:680-685.

- Linares, G. (1988). Análisis de datos. La Habana. Pueblo y Educación, 590pp.
- Mohan Jain, S. 2002. Cuarta reunión final de investigaciones coordinadas de FAO/IAEA sobre la Biología celular y biotecnología incluyendo técnicas de mutación para la creación de nuevos genotipos útiles de banano. **Infomusa**. Vol 11, No. 1.
- Ortiz, R.; F. Ulburghs; J. U. Okoro (1998). Variación estacional de la fertilidad aparente de las manchas y de la producción de polen 2n en plátanos y bananos. **Hort Science** 33(1): 146-148.
- Sigarroa, A.; M. T. Cornide (1995). Manual MAT-GEN. Manual del usuario. Folleto, Facultad de Biología, 37pp.
- Tugume, A.K; G.W: Lubega y P.R. Rubaihayo. 2002. Diversidad genética de los bananos de altiplanos de Africa Oriental utilizando AFLP. **Infomusa** vol11No.2 . 28-32.
- Xuan Thu, N.; L:T. Lan Oanh; H.Huu Nhi. 2002. Utilización de la técnica RAPD para la identificación y clasificación de algunos cultivares de bananos en Viet Nam. **Infomusa** Vol. 11, No. 1.