

ANÁLISIS CONJUNTO DE LA DIVERSIDAD MORFOAGRONÓMICA Y MOLECULAR DE CLONES  
INTRODUCIDOS A LA COLECCIÓN COLOMBIANA DE MUSÁCEAS (CCM)

Inés Sánchez<sup>1</sup>  
Jorge Alberto Valencia<sup>2</sup>  
Duvmey Gaviria<sup>1</sup>  
Yamile Cortés<sup>1</sup>  
Gerardo Gallego<sup>3</sup>  
Adriana Almeida<sup>3</sup>  
Diego Fajardo<sup>4</sup>  
Eloína Mesa<sup>5</sup>  
Joe Tohme<sup>3</sup>

RESUMEN

La Colección Colombiana de Musáceas (CCM), situada en Montenegro, Quindío, finca El Agrado, a 1310 m.s.n.m., es la única con plátanos adaptados a agroecosistemas de altitud. Sólo unas pocas accesiones fueron caracterizadas con marcadores morfológicos y agronómicos por el ICA, lo que hace necesaria la elaboración de unos descriptores que faciliten la identificación de sinónimos para los diferentes países y mejore la descripción de la variabilidad existente. En este trabajo, se concluyó la caracterización morfoagronómica con el análisis de 150 descriptores. Confrontando dichos grupos, con los obtenidos de los AFLP y los RAPD, se estableció una distribución de la Colección incluyendo diploides AA, BB y los híbridos interespecíficos donde se encuentran los "plátanos colombianos" y testigos para cada uno de los grupos suministrados por el CIRAD-FHLOR (Guadeloupe, Antillas Francesas), con el objetivo de analizar con microsatélites, dichos plátanos en un contexto de su estructuración en subgrupos de los triploides interespecíficos y homologar la CCM con la descripción internacional. Los resultados obtenidos permiten el conocimiento de la diversidad genética de las diferentes entradas en la CCM. Igualmente se genera información útil para su manejo con la identificación de duplicados reduciendo costos en la multiplicación y conservación tanto *in vitro* como en el campo; para lo cual, basados en los resultados de estos análisis, se hacen algunas recomendaciones. En un banco de germoplasma se da valor agregado efectivo a la biodiversidad, a través de los distintos procesos de evaluación, caracterización y mejoramiento.

INTRODUCCIÓN

En Corpoica, se dispone de un sistema de bancos de germoplasma vegetal, que se establecen como centros de recursos fitogenéticos nacionales. Dichos bancos, conservan gran cantidad de muestras de germoplasma de interés actual o potencial, entre ellos las Musáceas, compuestas por dos géneros, *Musa* y *Ensete*. El género *Musa* incluye 30 especies, que se encuentran principalmente en las regiones tropicales; desde la India hasta la Polynesia, con un máximo de diversidad en Indonesia. Este género que es de gran importancia económica, se divide en cuatro secciones: Eumusa, Australimusa, Callimusa y Rhodochlamys (Simmonds, 1962, 1973); la sección Eumusa, la mayor y de más difusión geográfica entre todas las de este género, ha dado origen a la inmensa mayoría de los plátanos comestibles, derivados de las especies *Musa acuminata* (Genoma A) y *Musa balbisiana* (Genoma B) (Horry, 1989).

De las Musáceas comestibles, aproximadamente cinco clones son los más cultivados y explotados en Colombia, correspondiendo su uso a la alimentación humana y comercialización del fruto. Estos se ven a lo largo y ancho del país, desde el nivel del mar hasta los 2000 m.s.n.m., con una superficie de cultivo de 400.000 ha. y una producción de 2.5 millones de ton. Lo anterior muestra la amplia variedad de condiciones ecológicas en las

<sup>1</sup>CORPOICA-CIAT

<sup>2</sup>CORPOICA - El Agrado- Armenia.

<sup>3</sup>CIAT-BRU

<sup>4</sup>CORPOICA -Tibatátá , <sup>5</sup>Universidad del Valle

cuales se desarrolla el cultivo y su importancia social y económica. (Belalcázar, 1991).

La Colección Colombiana de Musáceas (CCM), situada en Armenia, departamento del Quindío, finca El Agrado, a 1310 m.s.n.m., es la única con plátanos adaptados a agroecosistemas de altitud. Esta Colección cuenta actualmente con 145 entradas, de las cuales sólo unas pocas fueron caracterizadas con marcadores morfológicos y agronómicos por el ICA, en sus variables de crecimiento, desarrollo y producción (Belalcázar, 1991); sin embargo, se requiere profundizar en la caracterización morfoagronómica para estandarizar metodologías y terminologías.

La explotación de las Musáceas comestibles está limitada por una serie de plagas y enfermedades de importancia, entre las que se encuentran Picudo negro, *Cosmopolites sordidus*; Picudo rayado, *Metamasius hemipterus*, Moko, *Pseudomonas solanacearum*; Sigatoka negra *Mycosphaerella fijiensis*, Sigatoka amarilla *Mycosphaerella musicola*; Virus del Mosaico del pepino, *CMV* y el virus del rayado del banano, *BSV*, entre otros. Esta situación hace necesarios el conocimiento y análisis de la diversidad genética y la realización de evaluaciones, ampliando las posibilidades de selección de algunos clones promisorios. Los problemas ocasionados por las plagas de importancia económica, en Musáceas, han encontrado solución directa en la diversidad genética de las especies (Valencia, 1988).

Los estudios realizados en este trabajo, basados en la caracterización morfológica, y molecular, permitirán un mejor entendimiento del genoma del género *Musa* y el conocimiento de la diversidad genética de las diferentes entradas de la CCM. Igualmente se genera información útil para su manejo, como la identificación de duplicados, para lo cual se hacen algunas recomendaciones, permitiendo tener en el banco una muestra representativa de la diversidad genética, reduciendo costos en la multiplicación y conservación tanto *in vitro* como en el campo.

### MATERIALES Y MÉTODOS

**Caracterización morfoagronómica.** La distribución de los materiales en el campo experimental, se basó en una clasificación preliminar por constitución genómica. Una clasificación propuesta por Cheesman (1948) para el género *Musa*, es aceptado actualmente en todos los países y se basa en el número básico de cromosomas (Loyola *et al.*, 1993), dividiéndose en dos grupos: especies con cromosomas  $n=10$  pertenecientes a las secciones *Australimusa* y *Callimusa* y especies con cromosomas  $n=11$ , integradas por las secciones *Rhodochlamys* y *Eumusa*. Las especies componentes de estas dos últimas secciones son los que presentan potencialidad como germoplasma útil para mejoramiento genético de las variedades cultivadas.

Por cada una de las entradas que conforman el banco, se sembraron seis sitios. La distancia de siembra utilizada fue de 3.5 m. entre surcos por 3.5 m. entre sitios. La siembra en el campo se realizó en un lote con una superficie de 12.000 m<sup>2</sup> aproximadamente, ubicado en la Estación Experimental El Agrado del Comité de Cafeteros del Quindío, situado en la región Andina en el Corregimiento de Pueblo Tapao, municipio de Montenegro, a una altura de 1350 m.s.n.m., la temperatura media es de 22 °C y una precipitación media de 2100 mm anuales. Según la clasificación de Holdridge, su ecosistema corresponde a bosque húmedo premontano (bh PM), con dos períodos de lluvia que van de marzo a mayo y de septiembre a noviembre, tiene a su vez dos épocas secas que son de diciembre a febrero y de junio a agosto.

Se utilizaron los descriptores para el género *Musa* desarrollados por el IPGRI-INIBAP/CIRAD (1996) aplicados a cada una de las entradas del Banco de Germoplasma. Los descriptores fueron agrupados de la siguiente manera:

- ✓ Apariencia general de la planta
- ✓ Seudotallo
- ✓ Pecíolo/nervadura hoja
- ✓ Inflorescencia yema masculina
- ✓ Brácteas
- ✓ Flores masculinas

- ✓ Fruto
- ✓ Descriptores de la planta

Del total de 145 entradas disponibles se aplicó el protocolo de caracterización a 127 clones. Se efectuó una clasificación preliminar de los clones del Banco de Germoplasma, para lo cual se consideró dentro del género *Musa*, la sección, especie/grupo, subespecie/subgrupo y cultivar/tipo.

Se creó una base de datos con los descriptores tomados en el campo a cada entrada del Banco de Germoplasma. También se realizó una codificación por descriptor (V1... Vn), para facilitar el análisis estadístico, mediante cálculo de la desviación estándar, coeficiente de variación y correlaciones. El análisis de conglomerados se realizó a partir de nuevos ejes de coordenadas del análisis de correspondencia.

**Caracterización molecular.** Los análisis moleculares se realizan en los laboratorios de la Unidad de Biotecnología del CIAT. El ADN se aisló de acuerdo con los métodos de Doyle y Doyle (2000). Como marcadores moleculares se usaron los AFLP (Amplified fragment length polymorphism) descritos por Vos, *et al.* (1995), los RAPD (Random Amplified Polymorphic ADN), descritos por Williams *et al.* (1990) y microsatélites (Lagoda *et al.* 1988), para los cuales se tuvieron como controles, ADN de la colección del CIRAD-Guadeloupe (Tabla 1).

Para los microsatélites (Tabla 2), se incluyeron algunas modificaciones. Dichas modificaciones incluyen: un lavado adicional con cloroformo/alcohol isoamílico (24:1), en este caso se realizaron microextracciones en tubos eppendorf, en el paso con el isopropanol, no se dejó a temperatura ambiente si no a  $-20^{\circ}\text{C}$  durante la noche para conseguir un buen precipitado del ADN. Se eliminó el lavado con isopropanol, con acetato de sodio y etanol a 70%. Con estas modificaciones se obtuvo un ADN de mejor calidad y concentración de aproximadamente 150ng/ $\mu\text{L}$ .

Las electroforesis para comprobar la calidad del ADN se hicieron en geles de agarosa al 0.8% P/V, para PCR, el gel de agarosa fue de 1.5% P/V.

Se realizaron las diluciones de los primers a una concentración final de 20 $\mu\text{M}$ , se cuantificó el ADN, para realizar una dilución a una concentración final de 5ng/ $\mu\text{L}$ .

La técnica de PCR se realizó de acuerdo a protocolo suministrado por el CIRAD (Françoise Carreel).

El tener como control los patrones suministrados por el CIRAD, permite la ubicación de las diferentes bandas en cada "primer" pudiendo identificar y evaluar el polimorfismo perteneciente a cada "primer" con todas las muestras.

**Métodos de análisis.** Para los análisis de resultados se utilizó el método de Componentes Principales (ACP) con SAS Versión 6 (1989) y el programa NTSYS versión 2.1 (Rolph, 2000) para los análisis de tasas de similaridad.

## RESULTADOS

**Caracterización morfoagronómica.** Para los análisis morfoagronómicos se establecieron algunas características por subgrupo.

Los diploides poseen hojas y pecíolos más rígidos que los triploides y estos más que los tetraploides.

**Subgrupo Sucrier:** único diploide comestible importante del tipo *acuminata* (AA) de frutos dulces, cáscara delgada, vainas color verdeamarillo, follaje amarillento y virtualmente sin cera, racimos pequeños y plantas poco rendidoras, resistente al Mal de Panamá, susceptible a Sigatoka amarilla, y en condiciones de Colombia mostró susceptibilidad a *Mycosphaerella fijiensis*.

**Subgrupo Gros Michel:** Triploide del tipo *acumita* (AAA) de frutos en cuello de botella, vainas interiores verde

o rosado pálido, fruto de color amarillo brillante a la madurez, susceptibles al Mal de Panamá, frutos delgados marcadamente curvos. La planta es grande, vigorosa y produce racimos pesados y simétricos.

**Subgrupo Cavendish:** triploide del tipo *acuminata* (AAA) de frutos con punta roma, vainas interiores (especialmente en los retoños jóvenes) de color rojo brillante, fruto verdoso a la madurez, inmunes al Mal de Panamá.

**Subgrupo Plantain:** triploide del grupo AAB, tépalo compuesto de color amarillo-anaranjado, eje masculino a veces ausente, o si está presente, envuelto en ocasiones por las brácteas masculinas persistentes y relictos florales, frutos gruesos de cuello de botella pulpa dulce, botella delgada, brácteas deciduas.

**Subgrupo Mysore:** triploide del grupo AAB, tépalo compuesto, blanco, con tinte rosado más o menos intenso, con dientes amarillos o anaranjado-amarillento en su totalidad, eje masculino presente, brácteas y flores masculinas deciduas, nervios centrales color púrpura-rosáceo.

**Subgrupo Popolou:** triploide del grupo AAB, tépalo compuesto, blanco, con tinte rosado más o menos intenso, con dientes amarillos o anaranjado-amarillento, pero no anaranjado-amarillento en su totalidad. Eje masculino presente, brácteas y flores masculinas deciduas, frutos romos.

**Subgrupo Silk:** triploide del grupo AAB, tépalo compuesto, blanco, con tinte rosado o más o menos intenso, con dientes amarillos o anaranjado-amarillento, pero no anaranjado amarillento en su totalidad, eje masculino presente, brácteas y flores masculinas deciduas, frutos maduros con pulpa blanca, que tienden a rajarse longitudinalmente y a caer del racimo en la madurez, muy susceptible al Mal de Panamá.

**Subgrupo Pome:** triploide del grupo AAB, tépalo compuesto blanco, con tinte rosado más o menos intenso, con dientes amarillos o anaranjado-amarillento, pero no anaranjado amarillento en su totalidad, eje masculino presente, brácteas y flores masculinas deciduas, frutos maduros con pulpa blanca cremosa, que no tienden a rajarse ni caerse en la madurez, resistente al Mal de Panamá.

**Subgrupo Bluggoe:** triploide del grupo AAB, racimo denso, comestible crudo, manos muy espaciadas, frutos grandes, angulares, casi rectos, colocados en forma abierta, amiláceos en la madurez, el pedúnculo es conspicuamente largo y el racimo es penduloso, es resistente al Mal de Panamá.

**Subgrupo Pisang Awak:** triploide del grupo AAB, racimo flácido, frutos grandes, plátano amiláceo para cocinar, susceptible al Mal de Panamá, resistente a sequía, fruta de pulpa amilácea.

En total, en el Banco de Germoplasma de Musáceas-EI Agrado, se analizaron 150 descriptores, resultando 37 variables, que representan el mayor peso en un Análisis de Componentes Principales (ACP) con SAS Versión 6. Se obtuvo un dendograma determinando grupos morfoagronómicos (Figuras 1, Figura 2).

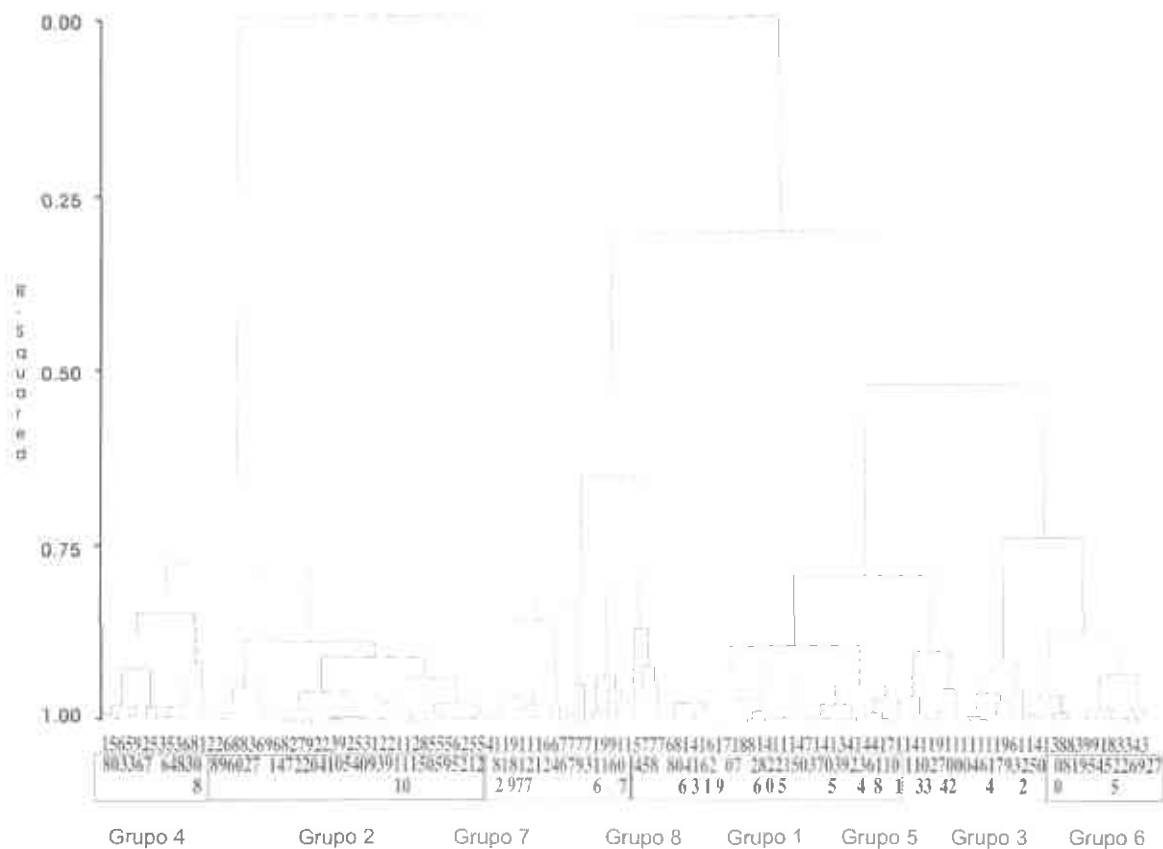
Los análisis tanto con el índice de Similaridad de Nei-Li (Figura 1A), como los análisis de Componentes Principales (Figura 1B), permiten establecer la conformación de ocho grupos así:

**Grupo 1,** conformado por las entradas de Banano correspondientes a triploides y algunos diploides de *acuminata*. (A) de los subgrupos Gros Michel, Cavendish, Red, Ibota, Mutika/Lujugira y Sucrier.

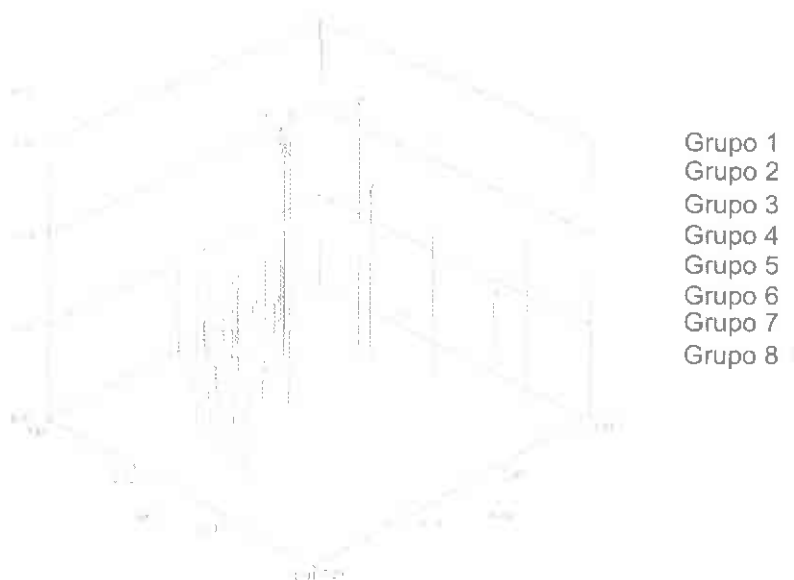
**Grupo 2,** integrado por entradas correspondientes a triploides AAB del Subgrupo Plantain, incluyendo los tipos Dominico Hartón, Hartón y Dominico, el cual se complementa con el grupo 4, conformado igualmente por entradas con genoma AAB del subgrupo Plantain y del subgrupo Iholena.

**Grupo 3,** ubica las entradas con dominancia de *balbisiana* con genoma ABB y BB, correspondiente a los subgrupos Bluggoe, Pelipita, Saba y *Musa balbisiana* Taní.

**Grupo 5,** incluye diploides derivados de *acuminata*, un diploide AB y un triploide AAB del Subgrupo Mysore, mostrando una afinidad con el cluster 1 en donde se ubican los bananos AAA.



**Figura 1A.** Dendrograma determinando ocho grupos morfoagronómicos de cultivares de musáceas, obtenido de la evaluación de 150 descriptores, con el índice de similitud de Nei-Li 1979; Dice 1945, programa NTSYS version 2.1, ROLPH, F.J. (2000)



**Figura 1B.** Ocho grupos de cultivares de musáceas, obtenidos del análisis de 150 descriptores con los que se obtuvieron 37 variables, que representan el mayor peso en un Análisis de Componentes Principales (ACP), SAS Versión 6 (1989)

**Grupo 6**, especialmente conformado por híbridos tetraploides y algunos clones que presentan dominancia de *balbisiana* (BB) de los subgrupos Pome, Pisang Awak, Popoulou y Silk.

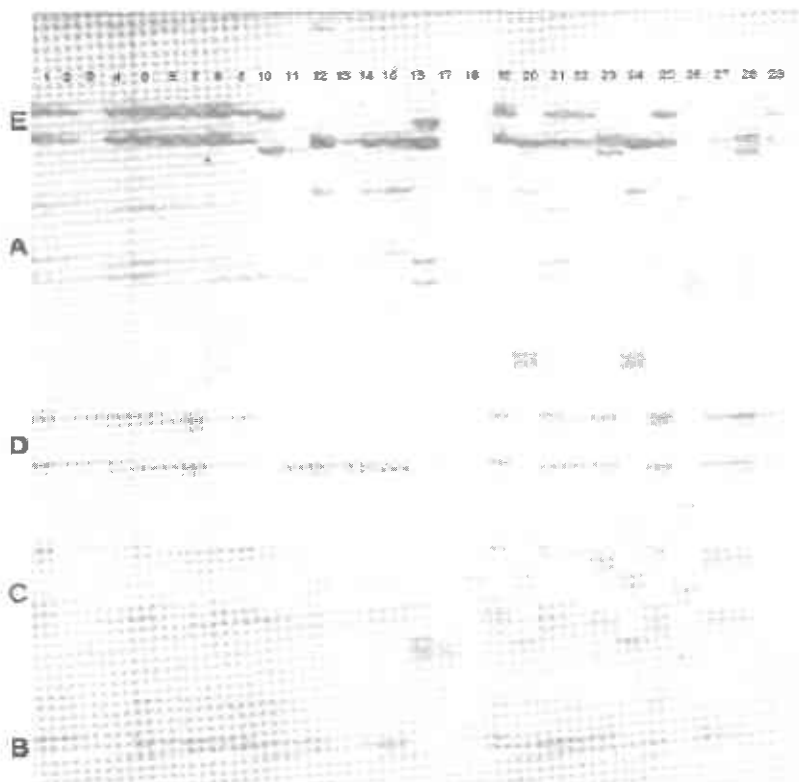
**Grupo 7**, conformado por especies silvestres de *acuminata* de los subgrupos Burmannica, Burmanicoides, Malaccencis, Siamea y Zebrina, así como entradas de la sección *Rhodochlamys*, constituyéndose los clones de este grupo en una fuente importante de genes de resistencia a los principales problemas fitosanitarios que afectan el cultivo de las Musáceas. Las entradas de este cluster son fértiles y producen polen y semillas sexuales.

**Grupo 8**, lo integran las entradas correspondientes a las especies *Musa balbisiana*, *M. basjoo*, *M. itinerans* y *M. textilis*, las tres primeras de la sección *Eumusa* y la última de la sección *Australimusa*.

La caracterización morfológica es un aporte para la interpretación de los resultados obtenidos en la caracterización molecular y constituye un mecanismo práctico para diferenciar materiales de importancia económica; mediante la construcción de claves y cuya materia prima es la matriz de información obtenida en la caracterización morfológica. Sin embargo, es necesario tomar una cantidad de caracteres que permitan una buena representación de las variables que tengan más peso en los análisis, para que los resultados puedan ser interpretados de acuerdo con su aplicabilidad en el campo.

Los 150 descriptores identificados se analizaron en conjunto con los marcadores isoenzimáticos (Reyes *et al.* 1998; Martínez *et al.* 1998; Jarret & Litz 1986a, b) y moleculares, permitiendo detectar además de los duplicados, los materiales con resistencia o tolerancia a los principales problemas, tales como el Picudo negro (*Cosmopolites sordidus* Germar). Se han identificado entradas como el Yangambi Km 5, el cual presenta resistencia a Sigatoka amarilla (*Mycosphaerella musicola*) bajo las condiciones del agrado. El FHIA 21, híbrido tetraploide (AAAB) de tipo plátano, mejorado por la FHIA (Fundación Hondureña de Investigación Agrícola, 1994), presenta resistencia a la Sigatoka amarilla, buen comportamiento agronómico y es muy productivo. Dentro del grupo de los plátanos, se han identificado el Dominico hartón seudotallo rojo y el seudotallo verde, con racimos más estables en su conformación, 7 u 8 manos y alcanza más de 50 dedos por racimo; en contraste, con el Dominico Hartón Común, que se siembra en la zona cafetera, en el cual se han observado reversiones hacia el tipo Hartón común en cuanto

a reducción en producción, con racimos de 5 manos y 30 dedos, mostrando así, una relativa inestabilidad. En el dendograma de los AFLP, el Dominico Hartón común se encuentra genéticamente alejado del Dominico Hartón Verde.



**Caracterización molecular.** De 70 oligonucleótidos de RAPD evaluados, 11 mostraron diferencias en los patrones de bandas en 82 accesiones. El dendograma con los

**Figura 2.** Los individuos de izquierda a derecha son: (1)P. Hartón Común, (2) P. M'Bouroukou, (3) P. Hartón Birracimo, (4 ) P. Hartón Habano, (5) P. Hartón Santander, (6)P. Hartón Liberal, (7)P. Hartón Tigre, (8)P. Hartón Támesis Ant., (9)P. ¼ Nain, (10) Popoulou Pompo, (11) Popoulou Maia maoli, (12) Blugoe Cachaco Enano, (13)B. C. Común, (14)B. C. Espermo, (15)B. C. sin bellota, (16) Nakitengwa, (17)lgitsiri/Intunto, (18 )Musa balbisiana tani, (19) Madre del Platanal, (20)Pelipita Pelipita, (21)P. D. Hartón Común, (22)P. D. Hartón Rojo, (23) Victoria, (24) Pelipita Perrenque, (25) Hartón Pepo, (26)Pahang, (27) Gros Michel Común, (28) Cavendish, (29)P. D. Negro

marcadores RAPD, muestra los grupos formados por los genomas AAB y ABB donde se encuentra el grupo "Plantain", cuyos rangos de similaridad son los mas altos entre 0.7 y 0.97, separado del grupo de *M. acuminata* (AA y AAA), donde se observa mas variabilidad. La variación en los marcadores RAPD, es muy útil en la diferenciación entre los grupos *acuminata* y *balbisiana*.

Para los análisis con AFLP, se probaron 16 combinaciones de primer enzima, siendo seleccionadas las combinaciones E-AAG+M-CAT y E-AAG+M-CTT, por ser las que presentan mayor polimorfismo. Los resultados usando sólo la combinación E-AAG+M-CAT, muestran 166 bandas por gel, lo que corresponde a 25% del polimorfismo. Una matriz basada en el coeficiente de similaridad de Dice (1945), con agrupamientos por el promedio de ligamiento, UPGMA, analizada mediante el programa NTSYS versión 2.02 (Rolph. 1989), muestra los valores más altos (cerca de 100%) al interior de los genotipos Cavendish y Gros Michel. El dendograma muestra agrupamientos de acuerdo con el tipo de genoma. Al usar las dos combinaciones de oligonucleótidos para AFLP (E-AAG/M-CAT y E-AAG/M-CTT), para analizar 128 entradas (presentan como resultado 30% de bandas polimórficas en un total de 328 bandas. Los porcentajes de similaridad encontrados van desde 0,55 hasta 100%; mostrando así los rangos de variación genética. El análisis con UPGMA, agrupó por genoma y mostró una mayor diversidad genética dentro del grupo de los bananos (genoma AA y AAA). Los niveles más altos de similaridad, entre 0.9 y 1.0, se encontraron al interior del grupo formado por los Cavendish y los Gros Michel. Cuando se analizan los mismos individuos con las dos combinaciones, el grupo de los Gros Michel y los Cavendish, presentan igualmente, las más altas tasas de similaridad, entre 0.9 y 0.99, lo que muestra que dos combinaciones de oligonucleótidos de AFLP, técnica con la que se revelan muchos puntos en el genoma, proporcionan una muestra representativa para análisis de polimorfismos. El grupo de los plátanos (ABB) presentó rangos de similaridad más estrechos, pudiéndose diferenciar la diversidad genética entre las variedades tradicionales "colombianas" y éstas a su vez de las introducciones recientes del África.

Los análisis con AFLP, han mostrado ser altamente efectivos en la distinción de los fenotipos de acuerdo con su tipo de genoma y cuantificar las diferencias genéticas que existen dentro de las diferentes agrupaciones por genoma. La variación en los marcadores RAPD, se muestra de gran utilidad en la diferenciación entre los grupos *acuminata* y *balbisiana*. Tanto los marcadores de AFLP como los RAPD muestran que genéticamente, los plátanos son más estrechamente relacionados entre sí, que los bananos, donde se encuentra mayor variabilidad genética. Debido a que en general solamente una entrada por sitio de origen fue analizada, no se pueden adelantar medidas de variación al interior de poblaciones o de sitios de origen de los materiales.

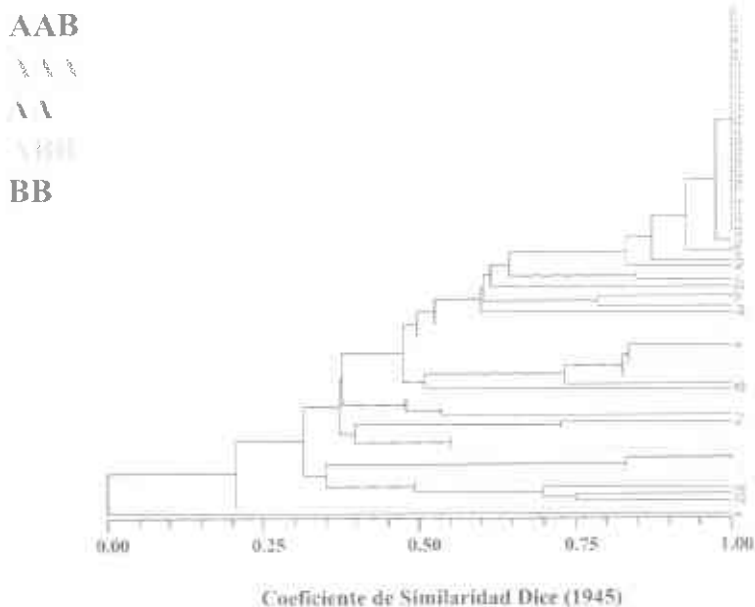
Los resultados obtenidos a partir de descriptores morfológicos, Isoenzimas, RAPD y AFLP contribuyen con otros marcadores moleculares de tipo codominante como los microsatélites y las evaluaciones agronómicas en el plantamiento o establecimiento de nuevas estrategias de mejoramiento.

Basados en los resultados de RAPD y de AFLP, se estableció una distribución de la Colección, incluyendo los dos grupos ancestrales silvestres AA y BB diploides y los híbridos interespecíficos donde se encuentran los "plátanos colombianos" y se introdujeron ADN de 20 nuevas accesiones, suministradas por el CIRAD que cuenta con más de 400 entradas, representativos de cada uno de los grupos que existen en la Colección Colombiana de Musáceas (CCM). Dichos ADN se tomaron como patrones de control, además de los marcadores de peso molecular, para determinar la ubicación de las bandas obtenidas con los microsatélites, correspondientes a la colección del CIRAD comparada con los individuos de la CCM y analizar así, los diferentes híbridos, analizando la estructuración en subgrupos de los triploides interespecíficos. El hecho de que los microsatélites son marcadores codominantes, facilita analizar las tasas de heterocigocidad.

### **Microsatélites de *Musa***

Se analizarán en total 65 individuos, seleccionados con el criterio de su ubicación dentro del dendograma obtenido con los AFLP, haciendo énfasis especial en el grupo Plantain del que se incluyen los French, Cuernos (Horn) y Falsos Cuernos (False Horn). Dentro de los French, también hay diferentes tipos diferenciables a nivel morfológico.

Muchas de las accesiones entran al país con nombres en idiomas extranjeros y aquí se les dan nombres del país,



lo que hace que muchas veces existan duplicados en las colecciones, por esta razón en algunos individuos que se tienen dudas se incluye la misma accesión conservada en Colombia y en la Colección internacional de musáceas.

**Figura 3.** Dendrograma obtenido con microsatélites (anexo 2), utilizando el coeficiente de similitud de Dice, 1945, entre 65 individuos (Tabla 1), con énfasis en el grupo Plantain del que se incluyen los French, Cuernos (Horn) y falsos Cuernos (False Horn)

### Discusión

Se efectuó la caracterización morfológica de 127 entradas de la CCM, con lo cual se pueden definir descriptores básicos para identificar subgrupos taxonómicos del género *Musa*.

Con la caracterización de cada material, se puede elaborar un catálogo, conformado por descriptores básicos, que permitan promover la utilización de las entradas que conforman el Banco de Germoplasma de Musáceas.

Al comparar los resultados morfológicos con los obtenidos en la caracterización molecular, permite establecer con mayor claridad la clasificación taxonómica de los materiales que conforman el Banco de Germoplasma de Musáceas y por lo tanto determinar la existencia de duplicados, a este respecto se observa: En el subgrupo Plantain, (AAB) (entradas del 1 al 35, Fig. 3), alto grado de similitud de las entradas evaluadas, situación que indica la ausencia de diferencias entre los materiales “Colombianos” por ejemplo Dominico, Dominico Hartón y Hartón y los Plantain introducidos del África, por ejemplo KWA, M.Bouroukou, Rosedékona, Njockkon, Mbindi etc. El dendrograma a partir de los datos de AFLP, revela un estrecho agrupamiento de *M. acuminata* con subgrupos formados por los Gros Michel y los Cavendish, los cuales normalmente se cultivan en zonas situadas por debajo de los 500 m.s.n.m. El grupo “Plantain”, aunque revela tasas de similitud muy altas (88%-100%), permite agrupar los plátanos “Colombianos” con un mínimo de variabilidad genética, diferenciándolas de las introducciones recientes del África, los cuales también revelan entre sí, un estrecho agrupamiento; esto sugeriría la existencia de plátanos que han evolucionado, adaptándose a diferentes agroecosistemas colombianos. El plátano es un cultivo de climas cálidos; mientras que en Colombia se adapta muy bien a zonas como la región cafetera a 1310 m.s.n.m. Estas observaciones son de gran importancia para el mejoramiento genético de las variedades colombianas.

Teniendo en la cuenta los resultados de los AFLP, se hubiera esperado encontrar o afirmar dicho grado de variación entre los plátanos “colombianos” y las introducciones recientes del África; pero, los marcadores microsatélites muestran lo contrario; registrándose variaciones sólo con los marcadores morfológicos en algunos caracteres como altura, color del seudotallo, forma del fruto. Sin embargo, estos estudios confirman una colección con una base genética muy estrecha; se observa la estructuración de los triploides en subgrupos, contribuyendo al conocimiento de la genética de la colección y dando bases para el mejoramiento genético haciéndose necesario ampliarla, con nuevas introducciones especialmente de diploides.

**Tabla 1.** Los números en el dendograma corresponde a los siguientes clones con su respectivo genoma

No. en dendograma	Subgrupo y tipo de cultivar	Genoma	Colección de origen	Tipo de Plantain
1	Plantain dominico común	AAB	CCM	
2	Plantain dominico guacoso	AAB	CCM	
3	Plantain dominico ancuyano	AAB	CCM	
4	Plantain dominico rojo	AAB	CCM	
5	Plantain dominico mutante	AAB	CCM	
6	Plantain dominico enano	AAB	CCM	
7	Plantain dominico caoba	AAB	CCM	
8	Plantain dominico truncho	AAB	CCM	
9	Plantain Elat	AAB	CCM	
10	Plantain diby	AAB	CCM	
11	Plantain Amou	AAB	CCM	
12	Plantain Amou verde	AAB	CCM	
13	Plantain kwa	AAB	CCM	
14	Plantain dominico rojo 2	AAB	CCM	French
15	Plantain Njock Kon	AAB	CCM	French
16	Plantain Kelong Mekintu	AAB	CCM	French
17	Plantain Lifongo liko	AAB	CCM	French
18	Plantain. Rose d'Ekona	AAB	CCM	French
19	Plantain Messiatzu	AAB	CCM	French
20	Plantain Orishele	AAB	CCM	French
21	Plantain dominico hartón verde	AAB	CCM	Falso Cuerno
22	Plantain hartón maqueño	AAB	CCM	Cuerno
23	Plantain. French Sombre	AAB	CCM	French
24	Plantain hartón común	AAB	CCM	Falso Cuerno
25	Plantain Hartón Meta	AAB	CCM	Cuerno
26	Plantain Hartón Rojo Meta	AAB	CCM	Cuerno
27	Plantain M'bouroukou	AAB	CCM	Falso Cuerno
28	Plantain. M'Bindi	AAB	CCM	French
29	Plantain hartón birracimo	AAB	CCM	Cuerno
30	Plantain hartón habano	AAB	CCM	Cuerno
31	Plantain hartón santander	AAB	CCM	Cuerno
32	Plantain hartón liberal	AAB	CCM	Cuerno
33	Plantain hartón tigre	AAB	CCM	Cuerno

Continuación Tabla 1

No. en dendo-grama	Subgrupo y tipo de cultivar	Genoma	Colección de origen	Tipo de Plantain
34	Plantain hartón tamesis Antioquia	AAB	CCM	Cuerno
35	Plantain 3/4 Nain	AAB	CCM	Falso Cuerno
36	Popoulou pompo	AAB	CCM	
37	Popoulou Maia maoli	AAB	CCM	
38	Blugoe Cachaco enano	ABB	CCM	
39	Blugoe Cachaco común	ABB	CCM	
40	Blugoe Cachaco espermo	ABB	CCM	
41	Nakitengwa	AAA	CCM	
42	Plantain dominico hartón común	AAB	CCM	Falso Cuerno
43	Plantain dominico hartón rojo	AAB	CCM	Falso Cuerno
44	Silk manzano	AAB	CCM	
45	Pelipita perrenque	ABB	CCM	
46	Hartón pepo	AAB	CCM	
47	Bend Mossendjo	AAB	CCM	
48	Pahang (W=Wild)	AAW	CCM	
49	Gros Michel común	AAA	CCM	
50	Gros Michel cocos	AAA	CCM	
51	Gros Michel enano	AAA	CCM	
52	Cavendish Gran Nain	AAA	CCM	
53	Plantain dominico negro	AAB	CCM	French
54	Yagambi Km 5	AAA	CCM	
55	Guineo negro	AAA	CCM	
56	Silk Figue Pome Geant	AAB	CIRAD	
57	Maritú	AAB	CCM	
58	Saba saba	ABB	CCM	
59	Saba bennedeta	ABB	CCM	
60	Fougamou	ABB	CCM	
61	Pome Figue famille	AAB	CCM	
62	Yagambi 3	AAB	CCM	
63	Banano la miel	?	CCM	
64	<i>Musa acuminata banksii</i> Madang (W=Wild) silvestre	AAW	CIRAD	
65	Mutika toowoolee	AAA	CIRAD	
66	Laknao Laknao	AAA	CIRAD	

Continuación Tabla 1.

No. en dendo-grama	Subgrupo y tipo de cultivar	Genoma	Colección de origen	Tipo de Plantain
67	Maia maoli -- Maia Maoli	AAB	CIRAD	
68	Nadan Lady Finguer	AAB	CIRAD	
69	P. kelat - P. Kelat	AAB	CIRAD	
70	Popoulou Iho u Maolni	AAB	CIRAD	
71	Ney Mannan Ice Cream	ABB	CIRAD	
72	Pelipita Pelipita	ABB	CIRAD	
73	Saba Saba	ABB	CIRAD	
74	Musa balbisiana <i>Pisang Klutuk Wulung(W=Wild) Silvestre</i>	BBW	CIRAD	

Los materiales del 18 Rosedékona, hasta el 74F P Kelat tienen una afinidad lógica con los primeros analizados, por su carácter triploide AAB, pertenecientes al subgrupo Plantain (P.ej H. Pepo, Bend Mosendjo, Dominico Negro), Subgrupo Popoulou (P ej Pompo, Maia Maoli), Subgrupo Iholena (Maritu) y otros referentes AAB como el Nadan y el P Kelat. Es extraña la presencia del *Musa balbisiana* BB.

Los clones con dominancia de *balbisiana* ABB tienen una ubicación pertinente teniendo como ejemplos al 38 Cachaco Enano, 39 Cachaco Común, y 40 Cachaco Espermo del Subgrupo Bluggoe y el referente Fougamou 60C del Subgrupo Pisang Awak.

La presencia del Manzano 44, con los bananos Gros Michel y Cavendish entra en discordancia, considerando el otro referente Manzano 56C ubicado en una posición que los aleja en el grado de similaridad. La relación de similaridad de los bananos se puede considerar adecuada, pudiéndose diferenciar los subgrupos Gros Michel, Cavendish y adicionalmente se pudo establecer la posición del Banano la Miel 63.

La secuencia de clones desde el Ney Man 71C, hasta el Saba Benn 59C, involucra entradas con genoma ABB y BB, con unos resultados lógicos. La entrada 64F *Musa acuminata banksii*, un diploide AAW silvestre, vinculado con los ABB de los subgrupos Saba y Pelipita, plantea interrogantes sobre el origen de estos últimos a partir de la hibridación natural de *acuminatas* AA y *balbisianas* BB.

Los Bananos Guineo, AAA, del Subgrupo Mutika, correspondientes a las entradas 41, 55C y 65C, presentan un agrupamiento con un alto nivel de similaridad.

El Yangambi Km 5 del Subgrupo Ibota (AAA), está claramente diferenciado de los anteriores, aunque se enlaza con un bajo nivel de similaridad con entradas de genoma AAB como el Manzano del subgrupo silk, el Popoulou y el Yangambi Yangambi 3.

El Malaccensis Pahang (AA w) se individualiza de las entradas evaluadas, enlazando con un bajo nivel de similaridad con triploides AAA y AAB, Guineos, Manzanos y Popoulou.

El caso del Dominico Hartón Rojo Plantain AAB es especial y sería necesario revisar los resultados porque plantea la existencia de un material con características únicas que no tienen una adecuada explicación.

El Dominico Hartón Seudotallo Verde, se propone como alternativa o como ampliación de los cultivos en la zona cafetera, por sus características agronómicas superiores al Dominico hartón.

Se encontraron en el dendograma de AFLP, el clon Niabang y el Dominico Caoba en dos grupos diferentes, pero con niveles de diferenciación muy estrechos. En las evaluaciones agronómicas no existen diferencias significativas entre estos dos clones; lo que hace suponer que son duplicados. Los datos obtenidos con los AFLP, complementados con evaluaciones agronómicas, de los clones de alta similitud a nivel molecular, permiten tomar decisiones para mantener en la Colección solo una muestra representativa de la diversidad genética.

Los resultados permiten concluir, que los análisis con RAPD, pueden diferenciar entre genomas; mientras que los análisis con AFLP, muestran diferencias no sólo entre genomas sino al interior de éstos. Los microsatélites al ser marcadores codominantes, muestran las relaciones de los triploides con sus ancestros diploides dando pautas para los trabajos de mejoramiento genético.

Los procesos en la caracterización genética de la Colección Colombiana de Musáceas, deben beneficiar la presentación de nuevos esquemas de mejoramiento genético del género, con una aproximación que pueda integrar citogenética, el mapeo y los datos de la diversidad genética a nivel morfoagronómica y molecular, para una descripción coherente del género *Musa*. Estos procesos de caracterización deben ser continuos para dar mayor confiabilidad a los resultados obtenidos.

**Anexo 1**  
**Identificación de cultivares en cada grupo**

No.	Grupo	CULTIVAR	CODI	ORIGEN	GENOMA
1	1	Banano chico	6	XXX	AAA
2	1	Banano sin clasificar	7	XXX	AAA
3	1	Banano2	8	XXX	AAA
4	1	Bocadillo chileno	12	XXX	AAA
5	1	Bocadillo comun	13	ASI	AA
6	1	Dwarf	33	XXX	AAA
7	1	Gran enano	43	MART	AAA
8	1	Gros michel cocos	44	HON	AAA
9	1	Gros michel comun	45	XXX	AAA
10	1	Gros michel enano	46	XXX	AAA
11	1	Guayabo A	47	XXX	AAA
12	1	Guayabo B	48	XXX	AAA
13	1	Guineo negro	49	COL	AAA
14	1	IC2	66	TRI	AAAA
15	1	La miel	70	COL	YYY
16	1	Lacatan	71	FIL	AAA
17	1	Mysore	87	XXX	AAA
18	1	Nakitengwa	88	AFRI	AAA
19	1	Pigmeo	101	XXX	AAA
20	1	Pisang mas	105	INDO-MAL	AA
21	1	Pisang tongat	106	XXX	AA
22	1	Poyo	109	XXX	AAA
23	1	SH 3436-9	113	CUB	AAAA
24	1	Seda	115	XXX	AAA
25	1	Seredow	118	XXX	AAA
26	1	Tafetan rojo	120	XXX	AAA
27	1	Tafetan verde	121	XXX	AAA
28	1	valery	124	VIET	AAA
29	1	Yangambi KM5	126	ZAI	AAA
30	2	Amou rojo	2	CAM	AAB
31	2	Bend mossendjo	9	AFRI	AAB
32	2	Diby	19	CMAR	AAB
33	2	Dominico Hartón comun	20	COL	AAB
34	2	Dominico Hartón rojo	21	COL	AAB
35	2	Dominico Hartón verde	22	COL	AAB
36	2	Dominico ancuyano	23	COL	AAB
37	2	Dominico caoba	24	COL	AAB
38	2	Dominico comun	25	COL	AAB
39	2	Dominico guaicoso	27	COL	AAB
40	2	Dominico maqueño	28	COL	AAB
41	2	Dominico mocho	29	COL	AAB
42	2	Dominico mutante	30	COL	AAB
43	2	Dominico negro	31	COL	AAB
44	2	Dominico rojo1	32	COL	AAB
45	2	Hartón birracimo	50	COL	AAB
46	2	Hartón comun	51	COL	AAB
47	2	Hartón del meta	52	COL	AAB
48	2	Hartón liberal	54	COL	AAB
49	2	Hartón maqueño	55	COL	AAB

Se requiere profundizar en la caracterización morfoagronómica para estandarizar metodologías y terminologías; para este trabajo se utilizó la lista de descriptores para el género *Musa* spp. (Adaptado de "Descriptores para el Banano", CIRAD, INIBAP, IPGRI, 1996). Sin embargo, existe la necesidad de elaborar de una lista internacional de descriptores que sea reconocida, para facilitar la identificación de sinónimos en los diferentes países y para mejorar la descripción de la variabilidad existente entre las Musáceas.

Se demuestra la eficacia de los AFLP como huella genómica en la caracterización genética del género *Musa*, así como su contribución con los marcadores morfológicos, bioquímicos, moleculares como los microsatélites dada su característica de codominancia para las evaluaciones agronómicas en la implementación de nuevas estrategias de mejoramiento.

### Agradecimientos

Este trabajo se realizó en los laboratorios de Biotecnología del CIAT gracias al aporte financiero de **COLCIENCIAS**.

### Continuación Anexo 1

Nº	Grupo	CULTIVAR	CODI	ORIGEN	GENOMA
50	2	Hartón santander	59	COL	AAB
51	2	Hartón tamesis	61	COL	AAB
52	2	Hondureño enano	65	HON	AAB
53	2	Icafhia 110	67	COL	AAAB
54	2	KeLong mekintu	69	CAM	AAB
55	2	Lifongo liko	72	AFRI	AAB
56	2	Madre del platana1	80	COL	AAB
57	2	Mbindi	84	AFRI	AAB
58	2	Mbouroukou No 1	85	CAM	AAB
59	2	Messiatzo	86	CAM	AAB
60	2	Niabang	90	AFRI	AAB
61	2	Njock kon	92	CAM	AAB
62	2	Red yade	110	CAM	AAB
63	2	Rose d'ekona	111	CAM	AAB
64	3	Benedetta	10	ASI	ABB
65	3	Cachaco comun	14	COL	ABB
66	3	Cachaco espermo	16	COL	ABB
67	3	Cachaco sin bellota	17	COL	ABB
68	3	Hibrido de saba 2	63	COL	Aneuploide
69	3	Pelipita	99	FIL	ABB
70	3	Saba	114	FIL	ABB
71	3	Tani	122	ASI	BB
72	4	3-4 naine	1	COL	AAB
73	4	Amou verde	3	CAM	AAB
74	4	Dominico enano	26	COL	AAB
75	4	Elat	34	CAM	AAB
76	4	Hartón habano	53	COL	AAB
77	4	Hartón pepo	56	COL	AAB
78	4	Hartón rojo	57	COL	AAB
79	4	Hartón rojo del meta	58	COL	AAB
80	4	Hartón tigre	60	COL	AAB
81	4	KWA	68	CAM	AAB
82	4	Maritu	83	COL	AAB
83	4	Orishelle	93	NIG	AAB
84	4	Plantain 17	108	AFRI	AAB
85	5	Bocadillo alto	11	XXX	AA
86	5	GAEP 1	41	COL	AB
87	5	Palembang	97	XXX	AA
88	5	Pisang berlin	102	XXX	AA
89	5	Pisang ceylan	103	MAL	AAB
90	5	Pisang lilin	104	XXX	AA
91	5	Tuu gia	123	XXX	AA
92	6	Cachaco enano	15	COL	ABB
93	6	FHIA 1	35	HON	AAAB
94	6	FHIA 2	36	HON	AAAA
95	6	FHIA 21	37	HON	AAAB
96	6	FHIA 3	38	HON	AABB
97	6	Figue famile	39	AFRI	AAB
98	6	Fougamou	40	AFRI	ABB

**Continuación Anexo 1**

N°	Grupo	Cultivar	Código	Origen	Genoma
99	6	GAEP 2	42	COL	AABB
100	6	Maia maoli	81	OCE	AAB
101	6	Manzano	82	COL	AAB
102	6	Ney poovan	89	FIL	AB
103	6	PA 03-22	94	BRA	AAAB
104	6	PV 0344	95	BRA	AAAB
105	6	Perrenque	100	FIL	ABB
106	6	Yangambi 3	125	AFRI	AAB
107	7	Annam	4	ASI	AA
108	7	Calcutta4	18	ASI	AA
109	7	Híbrido de saba 1	62	COL	AABB
110	7	Híbrido de saba 3	64	COL	AB
111	7	Long tavoy	73	ASI	AA
112	7	M laterita	76	ASI	Rhodochlamys
113	7	M ornata	77	ASI-INDI	Rhodochlamys
114	7	M velutina	79	INDI	Rhodochlamys
115	7	Niyarma yik	91	XXX	AA
116	7	Pahang	96	ASI	AA
117	7	Pecioños oscuros	98	ASI	AA
118	7	Pisangcici	107	ASI	AA
119	7	Rosea	112	XXX	AA
120	7	Selangor1	116	ASI	AA
121	7	Selangor2	117	ASI	AA
122	7	Siam	119	ASI	AA
123	7	Zebrina	127	ASI	AA
124	8	Balbisiana	5	ASI	BB
125	8	M basjoo	74	JAP	Eumusa
126	8	M itinerans	75	XXX	Eumusa
127	8	M textilis	78	FIL	Australimusa

**Bibliografía**

- BELALCAZAR, S. 1991.** El cultivo del Plátano en el Trópico. ICA, Manual de Asistencia técnica. No. 50, Cap. 1, 21p.
- CARDEÑOSA, R. 1954.** El género *Musa* en Colombia. Palmira (Valle del Cauca) Colombia.
- CHEESMAN, E. E. 1948.** Clasification of the bananas. II. The genus *musa* 1. Kew Bulletin, N° 2. pp. 106-117.
- IPGRI-NIBAP/CIRAD, 1996.** Descriptores para Banano (*Musa* spp.). Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, Roma, Italia; Red Internacional para el Mejoramiento del Banano y el plátano, Montpellier, Francia, y el Centro de Cooperación Internacional en Investigación Agronómica para el Desarrollo, Montpellier, Francia.
- DICE, L. R. 1945.** Measures of the Amount of Ecologic Association Between Species. Ecology. 26: 297-302.
- DOYLE, J.J. & J.L DOYLE. 2000.** Isolation of Plant DNA from Fresh Tissue. Focus 13:39 no. 221 pp. 2-4.
- FAO,** <http://apps.fao.org>.
- FHIA. 1994.** Manual sobre Micropropagación de Banano y Plátano. Fundación hondureña de Investigación Agrícola. Honduras. pp. 41-47.
- HORRY, J. P. 1989.** Chimiotaxonomie et Organization Genetique dans le Genre *Musa* parts 1, 2, 3. Fruits 44: 445-474, 509-520, 573-578.
- JARRET, R. & LITZ, R., 1986a.** Isozymes as Genetic Markers in Bananas and Plantains. Euphytica 35: 539-550.
- JARRET, R. & LITZ, R. 1986b.** Enzyme Polymorphism in *Musa Acuminata* Colla. J. of Heredity 77:183-186.

Anexo2

Primeros seleccionados, para microsatélites

AGMI	Sequencia	Clon
26	TTTGATGTCACAATGGTGTTC	
25	TTAAAGGTGGGTTAGCATTAGG	MaCIR108
67	ATACCTTCTCCCGTTCTTCTTC	
68	TGGAAACCCAATCATTGATC	
93	AACAAGTAGGATGGTAATGTGTGGAA	
94	GATCTGAGGATGGTTCTGTTGGAGTG	MaCIR37
101	TGCAGTTGACAAACCCACACA	
102	TTGGGAAGGAAAATAAGAAGATAGA	MaCIR38a
121	CAGTTTGGCCGCTTGATCTT	
122	GGGGTCAACATGTTAAGTTCT	pMaCIR332b
123	TTCATAATTGCAAGAAAGATAA	
124	GGAGGTACAGGGGATGAGGACT	pMaCIR30
133	GTGGTTTGGCAGTGGAAATGGAA	
134	TGACCCTCCGACACCTATTTGG	pMaCIR718
157	TCAAGAATCGCCGAATTAC	
158	CAAGACGAAGGACCATTGATGTT	pMaCIR548
161	TGAGGCGGGGAATCGGTA	
162	GGCGGGAGACAGATGGAGTT	Ma-I-17
187	GCAACTTTGGCAGCATTTT	
188	TGATGGACTCATGTGTACCTACTAT	pMaCIR725
59	AATCGAAATCGAGTCAACAAGG	
60	TTTTGTGGATGGTTGGTTCC	MaCIR503
33	AGTTTCACCGATTGGTTCAT	
34	TAACAAGGACTAATCATGGGT	pMaCIR9
105	TCCCAACCCCTGCAACCACT	
108	ATGACCTGTGGAACATCCTTT	pMaCIR332a
129	GGAGGCCCAACATAGGAAGAGGAAT	
130	CATAAACGACAGTAGAAATAGCAAC	pMaCIR631b
35	TGACCCACGAGAAAAGAAGC	
36	CTCCTCCATAGCCTGACTGA	pMaCIR276
125	TCCATAAGTGTAATCCTCAGTT	
126	CTCCATCCCCAAGTCATAAAG	pMaCIR327a
STMS8FP	GGAAAACGCGAATGTGTG	
STMS8RP	AGCCATATACCGAGCACTTG	Ma-1-132
STMS11FP	GGTTGGAACGGAGGTATACTAA	
STMS11RP	TCCAAGCTTATCGATCTACG	Ma-1-5
STMA12FP	TGTCGAAGCATCCTACATC	
STMS12RP	CTTGGAACATGAGAAACATAC	Ma-1-230
STMS1FP	TTGAAGTGAATCCCAAGTTTG	
STMS1RP	AAAACACATGTCCCCTCTC	Ma-1-27
STMS22FP	GGTGCTCTTCGGAGGA	
STMS22RP	CGCTTTATATCCATTCCCA	Ma-2-22
STMS2FP	GAGCCCATTAAGCTGAACA	
STMS2RP	CCGACAGTCAACATACAATAACA	Ma-2-2

LAGODA, P.J.L.; NOYER, J.L.; DAMBIER, D.; BAURENS, F.C.; GRAPIN, A. & C. LANAUD. 1998. Sequence Tagged Microsatellite Site (STMS) Markers in the Musaceae. *Molecular Ecology*, 7, 657 – 666.

**LOYOLA, J. L., SHEPHEERD, K., SOARES, W., MACIEL, Z., OLIVEIRA, S. e SILVA, A. 1993.** Citogenética e Melhoramiento Genético da Bananeira (musa spp). Documentos CNPMF N° 48. pp. 13 y 28.

**MARTÍNEZ, O., REYES, L.M., BELTRÁN, M., 1998.** Quimiovariabilidad en el Género *Musa*: Relaciones de similitud y diferenciación. Infomusa Vol.7. (2): 16-20.

**NEI, M. & Li, W. 1979.** Mathematical Model for Studing Genetic Variation in Terms of Restriction Endonucleases Proc. Natl. Acad. Sci. USA 76:5269-5273.

**REYES, L.M., MARTÍNEZ, O., BELTRÁN, M., 1998.** Chemical Variability in the Genus *Musa*: Genetic Characterization Using Nine Enzyme Systems. Infomusa. Vol. 7, (2): 6-9.

**ROLPH, F.J. 2000.** NTSYS, PC Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis system. Version 2.1, Exeter Software Setauket, NY.

**SAS INSTITUTE 1989.** SAS/STAT User's Guide Version 6, ath ed, vol. 1. Cary, NC, 943 p.

**SIMMONDS, N. W. 1973.** Los Plátanos. Barcelona: Blume, 539 p.

**SIMMONDS, N. W. 1962.** The Evolution of the Bananas. Longan London. IN: . GAWEL N. J. *et al.* 1992. TAG 84. 286-290.

**VALENCIA, J. 1988.** Informe Renovación Colección Colombiana de Musáceas. Armenia. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria "CORPOICA".

**VOS, P., RENE, R., MARJO, B., MARTIN, R., THEO VAN de LEE, MIRANDA, H., ADRIE, F., JERINA,P., MARTIN, K., AND MARC, Z., 1995.** AFLP; a New Technique for DNA Fingerprinting. NAR. 23: 21: 4407-4414c.

**WILLIAMS JGK, KUBELIK AR., LIVAK KJ., RAFALSKI JA., TINGEY SV. 1990.** DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary primers are Useful as Genetic Markers. Nucleic Acids Res. 18:6531-6535. Bot.). London.