

CULTIVARES DIPLOIDES DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE *Musa* spp. EN CUBA PARA LA MEJORA GENÉTICA

Lianet González Díaz*, Osmany Molina Concepción, Alay Jiménez Medina, Sergio Rodríguez Morales, Gerardo Delgado Contreras

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

*Autora para la correspondencia: geneticamusa@inivit.cu.

Recibido: 21 de abril de 2021; Aceptado: 16 de junio de 2021

RESUMEN

La amplia diversidad que existe en el género *Musa* es el elemento básico que sostiene la producción de los bananos y plátanos en el mundo. Los mejoradores utilizan esta variabilidad para producir genotipos mejorados, lo que permite cultivarlos en una amplia gama de ambientes y satisfacer las diversas necesidades de millones de personas que dependen de estos cultivos como fuente de alimentación e ingresos. El presente trabajo comprende la caracterización morfoagronómica de 34 genotipos diploides pertenecientes al genofondo cubano de *Musa* spp. con vistas a su inclusión en los programas de mejora genética de estos cultivos. Se evaluaron los descriptores cualitativos y cuantitativos, incluidos en la Lista de Descriptores Mínimos de *Musa*, desarrollado por el Grupo Asesor Taxonómico de *MusaNet*, 2016. Se empleó para el estudio de las variables cualitativas un Análisis de Componentes Principales para Variables Categóricas (CATPCA) y un Análisis de Componentes Principales (PCA) para variables cuantitativas. Se determinaron las variables que más aportaron a la diferenciación y se evidenció una amplia variabilidad genética en el genofondo de los cultivares diploides de *Musa*.

Palabras clave: caracterización morfo-agronómica, descriptores, diploides, diversidad, genotipos, germoplasma

AVAILABLE VARIABILITY IN DIPLOID *Musa* spp. GENOTYPES IN CUBA FOR GENETIC IMPROVEMENT

ABSTRACT

The wide diversity that exists in the *Musa* genus is the basic element that sustains the production of bananas and plantains in the world. Breeders use this variability to produce improved genotypes, allowing them to be grown in a wide range of environments and meeting the diverse needs of millions of people who depend on these crops for food and income. The present work includes the morphoagronomic characterization of 34 diploid genotypes belonging to the Cuban *Musa* spp. with a view to its inclusion in the genetic improvement programs of these crops. Qualitative and quantitative descriptors were evaluated, included in the *Musa* Minimum Descriptor List, developed by the *MusaNet* Taxonomic Advisory Group, 2016. Principal Component Analysis for Categorical Variables (CATPCA) and a Principal Component Analysis (PCA) for quantitative variables. The variables that most contributed to the differentiation were determined and a wide genetic variability was evidenced in the genobackground of the diploid cultivars of *Musa*.

Keywords: morpho-agronomic characterization, descriptors, diploids, diversity, genotypes, germplasm

INTRODUCCION

La agricultura moderna debe tener como punto central de desarrollo los Bancos de Germoplasma, considerándose que los recursos genéticos están sometidos a riesgos de perderse o disminuir por destrucción del hábitat, desastres naturales o negligencia humana. La FAO encomendó a INIBAP, hoy Biodiversity International conservar esta diversidad para el beneficio de las generaciones presentes y futuras. Pero para que la diversidad fuera útil, también tiene que estar disponible.

El aprovechamiento del potencial genético de un recurso depende en gran medida de la disponibilidad de una amplia base genética; así los materiales de las colecciones de germoplasma juegan un papel muy importante en la conservación de esa variabilidad genética. El potencial de un banco de germoplasma radica en la caracterización y la documentación de las introducciones que permitan evitar duplicados e identificar accesiones promisorias para procesos de selección, mejoramiento genético o proceso agroindustriales (Fisher *et al.*, 2000). En Cuba, la disponibilidad de cultivares promisorios de bananos y plátanos que presenten condiciones similares o superiores a las variedades comerciales cultivadas es baja, por lo que el monitoreo de la variabilidad genética en estos cultivos utilizando marcadores morfológicos es de gran utilidad para la detección de la diversidad genética.

El Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT), conserva en sus áreas una colección de 350 accesiones de bananos y plátanos; de las cuales 34 son genotipos diploides, de gran importancia su estudio para los trabajos de mejoramiento genético pues estos son utilizados como progenitores masculinos en la mejora convencional por presentar los genes de resistencia o tolerancia a las principales plagas que afectan el cultivo, y algunos de ellos con elevado número de manos y número total de dedos.

La caracterización de los bancos de germoplasma se ha realizado tradicionalmente mediante el uso de descriptores morfológicos evaluados en relación con el comportamiento agronómico. Cuando la diversidad genética entre especies y dentro de especies es fácilmente observable, los descriptores morfológicos suministran información que puede evitar duplicaciones del mismo material y minimizar la sobreestimación de la diversidad existente (Becerra y Paredes, 2000). El uso de herramientas multivariadas ha permitido la caracterización de material genético de diversas especies como arroz (Morejón *et al.*, 2001), uchuva (Lagos *et al.*, 2003), berenjena (Robles *et al.*, 2004). Este trabajo tuvo como objetivo caracterizar la base genética de los clones diploides del Genofondo Nacional y conocer la variabilidad genética que disponemos para su uso en los programas de mejoramiento genético y selección.

MATERIALES Y METODOS

El presente trabajo se desarrolló en el Banco de Germoplasma del género *Musa* del INIVIT, el cual se encuentra conservado *ex situ* y atendido según las labores agrotécnicas recomendadas por el Instructivo Técnico del cultivo (Ministerio de la Agricultura, 2012).

La investigación se basó en el estudio de la caracterización morfoagronómica y diferenciación de los 34 genotipos diploides de *Musa spp* (Tabla 1), donde se evaluaron los descriptores cualitativos y cuantitativos, incluidos en la Lista de Descriptores Mínimos de *Musa*, desarrollado por el Grupo Asesor Taxonómico de MusaNet, 2016. Para la misma se analizaron las seis plantas de cada una de las accesiones seleccionadas.

Tabla 1. Genotipos diploides de *Musa spp* que conforman la colección de trabajo.

Genotipos		Genotipos	
1	'Musa Acuminata'	18	'Ciento en Boca'
2	'Musa Rosea'	19	'Datil'
3	'SH-1'	20	Musa Balbisiana'
4	'Musa Textilis'	21	'Musa Maclayi'
5	'Gouyud'	22	'Datil-1768'
6	'Pisang Lilin'	23	'Mjenga'
7	'Pisang Jary Buaya'	24	'Ninh-Tuan'
8	'Pisang Mas'	25	'Niyarma Yik'
9	'Pisang Berlin'	26	'NBA-14'
10	'Tuugia'	27	'SF-265'
11	'Calcuta 4'	28	'Soumuk '
12	'Botánico'	29	'Paka'
13	'Chody Giscui'	30	'SH-3142'
14	'Kokor'	31	'Buif'
15	'Chuey Tien'	32	'BB de Viet Nam'
16	'Chane Chape'	33	'Safet Velchi'
17	'Ney Povan'	34	'SH-3362'

Se procesaron estadísticamente 31 descriptores, de ellos 23 descriptores cualitativos y 8 descriptores cuantitativos (Tabla 2).

La información obtenida se almacenó en una base de datos de acuerdo con las modalidades del descriptor. Se empleó para el estudio de las variables cualitativas un Análisis de Componentes Principales para Variables Categóricas (CATPCA) y un Análisis de Componentes Principales (PCA) para variables cuantitativas.

Para determinar los descriptores que muestran mayor variabilidad, se seleccionaron los autovectores con valores iguales o mayores a 0,60 proporcionado por estos análisis. La tabla de vectores propios permite definir las contribuciones absolutas de los diferentes descriptores y la conformación de cada uno de los componentes seleccionados.

Tabla 2. Descriptores Mínimos (cualitativos y cuantitativos) evaluados en los genotipos seleccionados de *Musa spp.*

Descriptores cualitativos		Descriptores cuantitativos
• Hábito foliar • Aspecto del pseudotallo • Color del pseudotallo • Pigmentación de las vainas internas • Manchas en la base del pecíolo • Color de las manchas • Forma del canal del pecíolo de la tercera hoja • Color de la cara dorsal de la hoja candela • Pubescencia del pedúnculo • Posición del racimo • Tipo de raquis • Posición del raquis • Aspecto del raquis • Forma de la yema masculina • Forma del ápice de bráctea	• Color de la superficie externa de la bráctea • Color de la superficie interna de la bráctea • Imbricación de las brácteas • Comportamiento de las brácteas antes de caer • Color de los lóbulos del tépalo compuesto • Color básico del ovario • Pigmentación del ovario • Forma de los frutos • Sección transversal del fruto • Ápice del fruto • Color cáscara fruto maduro	• Altura (m) • Diámetro (cm) • Número de frutos • Número de manos por racimo • Longitud Promedio de los frutos (cm) • Número de hojas en floración • Número de hojas en cosecha • Peso del racimo (kg)

RESULTADOS Y DISCUSION

En el análisis de componentes principales para las variables categóricas (Tabla 3) se observa que con tres componentes se explica el 71,90 % de la variación total.

En la componente I, las variables que más aportan con contribuciones positivas a la caracterización son: posición del racimo, posición del raquis, forma del ápice de las brácteas, color de la superficie interna de la bráctea, color superficie externa de la bráctea, comportamiento de las brácteas antes de caer, forma del estilo y ápice del fruto. Con contribuciones negativas están el aspecto del pseudotallo, imbricación de las brácteas y forma de la yema masculina. Para la componente II, sobresalen las variables, color del pseudotallo, color de las manchas en la base del pecíolo, forma del canal del pecíolo de la tercera hoja con contribuciones negativas y aspecto del raquis con contribuciones positivas y en la componente III, las variables que más aportan son el hábito foliar y la pigmentación del ovario.

Tabla 3. Valores de los vectores propios en el análisis de componentes principales para variables categóricas.

Componente	C1	C2	C3
Autovalores	9,461424	2,848405	2,743208
Porcentaje del componente	52,62560	9,82209	9,45934
Porcentaje acumulado	42,62560	62,44769	71,90703
Valores de los vectores propios			
Hábito foliar	-,062695	,204177	-,604836*
Aspecto del pseudotallo	-,609566*	-,323542	-,152792
Color del pseudotallo	,080126	-,738510*	-,418872
Pigmentación de las vainas internas	,067149	-,069076	,047819
Manchas en la base del pecíolo	,299025	,400147	-,240296
Color de las manchas	,107289	-,733149*	-,282385
Forma canal pecíolo de la tercera hoja	-,458622	-,618973*	,281660
Color de la cara dorsal de la hoja candela	-,095971	-,242053	-,546291
Pubescencia del pedúnculo	-,186790	,154480	-,570960
Posición del racimo	,888848*	,230609	-,052819
Frutos	,597347	-,502954	,187299
Tipo de raquis	-,499445	,049990	-,103923
Posición del raquis	,920825*	,039456	-,245797
Aspecto del raquis	,073226	,685386*	-,001718
Forma de la yema masculina	-,900505*	-,128108	-,174438
Forma del ápice de bráctea	,793199*	-,025192	-,164925
Color superficie externa de la bráctea	,902125*	,090039	-,007255
Color superficie interna de la bráctea	,958493*	,031029	-,041570
Imbricación de las brácteas	-,824506*	,035494	-,220765
Cicatrices sobre el raquis	,143569	-,041796	,129459
Comp, brácteas antes de caer	,821600*	,040336	,264893
Pigmentación del tépalo compuesto	-,463273	-,231630	,114003
Color lóbulos del tépalo compuesto	,367842	-,104297	-,085398
Aspecto del tépalo libre	,275446	-,034241	,298426
Forma del estilo	,960669*	,024052	,367513
Color del estigma	,224716	-,079234	,057747
Color básico del ovario	-,204297	-,121643	,497745
Pigmentación del ovario	,260508	-,098738	-,650697*
Forma de los frutos	,226880	,282202	,334638
Sección transversal del fruto	,175391	,052649	-,034526
Ápice del fruto	,702722*	-,095467	,235675
Color cáscara fruto maduro	-,223942	,354769	-,023456

* valores más significativos de los caracteres en las componentes.

La distribución espacial de los genotipos de acuerdo con los resultados obtenidos en el análisis de las componentes principales, para los caracteres cualitativos, se muestra en la Figura 1.

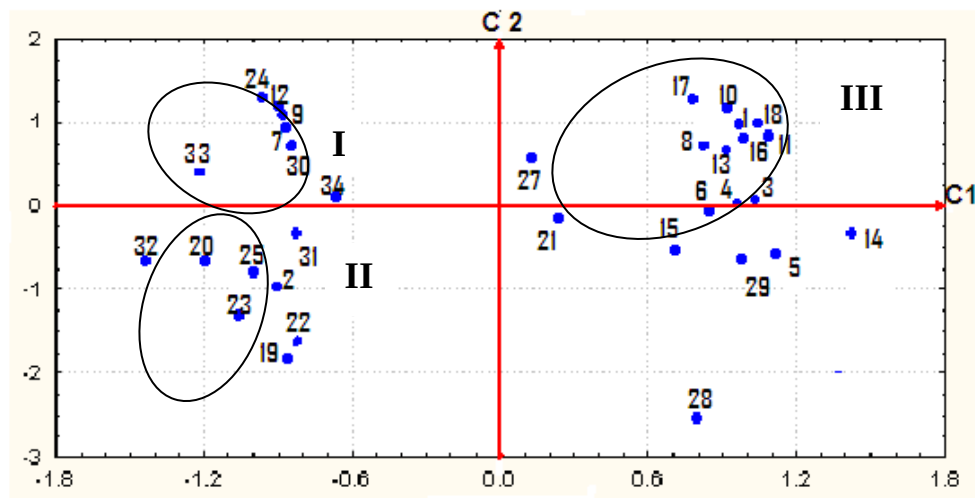


Figura 1. Distribución gráfica de los genotipos según el análisis de componentes principales basado en las variables cualitativas analizadas.

De acuerdo con la posición de los genotipos en el plano comprendido por ambos ejes se formaron tres grupos fundamentales en cuadrantes diferentes y 10 accesiones aisladas de estos grupos ubicadas indistintamente en los cuatro cuadrantes, lo que evidencia una amplia variabilidad genética. El grupo I reúne a los cultivares: Ninh Tuan (24), Botánico (12), Pisang Berlin (9), Pisang Jary Buaya (7), SH-3142 (30), NBA-14 (26) y SH-3362 (34), por presentar similitudes en cuanto a forma de la yema masculina, imbricación de las brácteas y aspecto del raquis. En el grupo II se localizan los genotipos Niyarma Yik (25), Mjenga (23), Musa Rosea (2), Buif (31), Datil 1768 (22) y Datil (19), con una fuerte contribución negativa para ambas componentes, ya que se caracterizan por presentar una coloración verde-rojiza del pseudotallo, con manchas pequeñas de color pardo oscuro, una yema masculina lanceolada y brácteas jóvenes cubriendo el raquis.

El grupo III conformado por los clones Ney Povan (17), Tuugia (10), Musa acuminata (1), Ciento en Boca (18), Calcuta 4 (11), Pisang Mas (8), Chody Giscui (13), Pisang Lilin (6), Musa Textiles (4) y SH-1 (3) presentan similitud en cuanto a: posición del racimo, posición del raquis, color de la superficie externa e interna de la bráctea, forma del estilo, color del estigma y el aspecto del raquis.

Con contribuciones positivas de la componente I y negativas de la II, se encuentran separados y no forman grupos los clones: Chuey Tien (15), Paka (29), Gouyud (5), Kokor (14), Soumuk (28) y Musa Machali (21), los cuales presentan características peculiares que los hacen diferentes del resto de los genotipos como forma de la yema masculina, color de la superficie externa e interna de la bráctea, forma del estilo y ápice del fruto.

También se encuentran alejados sin formar grupo, pero en otro cuadrante los genotipos Musa Balbisiana (20), Safet Velchi (33) y BB-Viet Nam (32), porque difieren del resto de los cultivares en características altamente discriminantes tales como: el aspecto robusto

del pseudotallo, yema masculina con forma ovoide, flores masculinas de color rosado sin pigmentación y el canal del pecíolo de la tercera hoja cerrado.

En la Tabla 4 se muestran las variables cuantitativas evaluadas que ofrecen una contribución importante para la caracterización del germoplasma estudiado y puede observarse que con dos componentes se explica el 80,5 % de la variabilidad total.

Tabla 4. Valores de los vectores propios en el análisis de componentes principales de los caracteres cuantitativos.

Componente	C1	C2
Autovalores	4,055028	1,105495
Porcentaje del componente	66,68786	13,81869
Porcentaje acumulado	66,68786	80,50655
Valores de los vectores propios		
Altura de la planta	,456131	,757650*
Diámetro del pseudotallo	-,712279 *	-,240277
Peso del racimo	-,932389 *	-,177067
Número de manos	-,764746 *	-,510261
Número de frutos totales	-,920795 *	-,077215
Número de hojas en floración	-,646409 *	,237003
Número de hojas en cosecha	-,726944 *	,315145
Longitud promedio frutos	-,302133	,632558*

* valores más significativos de los caracteres en las componentes.

En el análisis de las variables cuantitativas los valores que más contribuyen a la caracterización son: el diámetro del pseudotallo, peso del racimo, número de manos, número de frutos totales, número de hojas en floración y el número de hojas en la cosecha, todas con contribuciones negativas, mientras que para la componente II las variables que sobresalen son la altura de la planta y la longitud de los dedos con contribuciones positivas.

La distribución gráfica de accesiones estudiadas de acuerdo con los resultados obtenidos en el análisis de componentes principales para los caracteres cuantitativos, se observa en la Figura 2.

Las accesiones se distribuyeron en cuatro grupos, lo que muestra la amplia variabilidad genética presente en estos genotipos. Con contribuciones negativas para la componente 1 se agrupan los clones de mayor número de manos, número de frutos por racimo y peso de los racimos. A medida que se hace un desplazamiento hacia la derecha sobre el eje horizontal se encuentran los genotipos de menor rendimiento, mientras que en los valores positivos de la Componente II se encuentran los clones de mayor altura.

La evaluación morfoagronómica permitió diferenciar los cultivares y formar grupos afines. Se determinaron las variables más importantes para la caracterización de las accesiones. Los análisis multivariados empleados en este estudio permitieron diferenciar los cultivares y formar grupos afines de acuerdo a las evaluaciones morfoagronómicas y así poder seleccionar los genotipos diploides más sobresalientes dentro del genofondo.

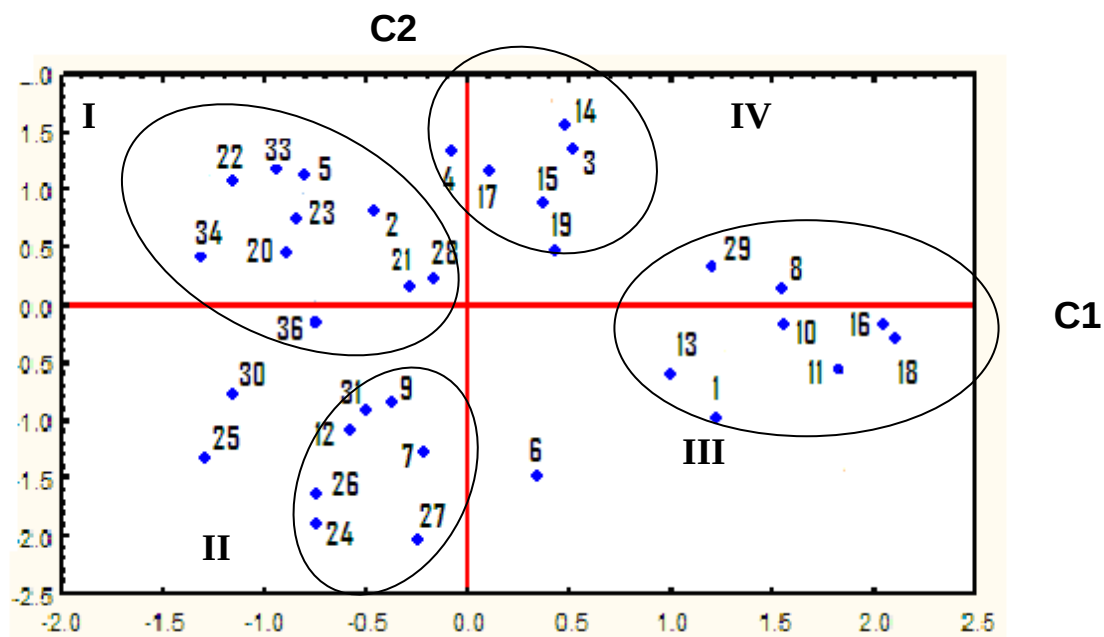


Figura 2. Distribución gráfica de los genotipos según el análisis de componentes principales basado en las variables cuantitativas analizadas.

La clasificación mediante descriptores cualitativos y cuantitativos y el establecimiento de las relaciones entre y dentro de un grupo taxonómico de *Musa*, se convertirán en herramientas importantes para el mejoramiento de bananos y plátanos. (Osuji *et al.*, 1997; Ortiz *et al.*, 1998).

En Cuba, las ventajas de los estudios morfoagronómicos se han utilizado para la caracterización y diferenciación de clones de cultivos como: tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill) (Florido, 1999), plátano (*Musa* spp.) (Acosta, 1999; Alonso 2000; Cazañas, 2001, Román, 2004, González, 2005), yuca (Fernández, 1999), malanga (Figueroa, 2018), ñame, entre otros.

El empleo de los análisis multivariados para los estudios de diferenciación genética en el género *Musa*, a partir de la medición de caracteres cuantitativos y cualitativos, permitió diferenciar y seleccionar los genotipos deseados dentro del banco para futuros programas de mejoramiento genético del cultivo.

CONCLUSIONES

1. Se determinaron 17 descriptores cualitativos y ocho cuantitativos, como las variables que más aportaron a la diferenciación de los genotipos diploides de *Musa*.
2. El estudio reveló la formación de tres grupos en los análisis cualitativos y cuatro en los cuantitativos, evidenciando una amplia variabilidad genética disponible en el genofondo de cultivares diploides de *Musa*.

BIBLIOGRAFÍA

ACOSTA, R. 1999. Caracterización citogenética, genético-bioquímica y morfoagronómica de diez clones de plátano Burro (*Musa* spp, Grupo ABB). Tesis de diploma. Facultad de Biología, Universidad de La Habana. 50 p.

- ALONSO, M. 2000. Caracterización de diez cultivares de plátano fruta (*Musa spp*). Trabajo de diploma. Facultad de Biología, Universidad de La Habana. 60 p.
- BECERRA, V. y M. PAREDES. 2000. Uso de marcadores bioquímicos y moleculares en estudios de diversidad genética. *Agríc Téc (Santiago)* 60(3): 270-281.
- FERNÁNDEZ, L. 1999. Caracterización de la variabilidad morfológica y agronómica en 16 clones de yuca (*Manihot esculenta Crantz*). Tesis de Maestro en Ciencias. Facultad de Biología. Universidad de La Habana. 94 p.
- FIGUEROA, Y. 2018. Caracterización de la variabilidad genética en cultivares de malanga (*Colocasia esculenta*). Tesis de Maestría en Agricultura sostenible. UCLV. 102 p.
- FISHER, G.; D. MIRANDA; W. PIEDRAHITA y J. ROMERO. 2005. Avances en cultivo, poscosecha y exportación de la uchuva (*Physalis peruviana* L.) en Colombia. Bogotá: Universidad Nacional de Colombia. 221p.
- FLORIDO, M. 1999. Caracterización de variedades y especies silvestres de tomate atendiendo a características morfológicas y tolerancia al calor. Tesis de Maestro en Ciencias. Facultad de Biología. Universidad de La Habana. 87 p.
- GONZÁLEZ, L. 2005. Variabilidad genética en genotipos de plátano (*Musa spp.*) en Cuba. Tesis de Maestría en Agricultura sostenible. UCLV. 105 p.
- LAGOS, T.; H. CRIOLLO; A. IBARRA; H. HEJEILE. 2003. Caracterización morfológica de la colección de uchuva (*Physalis peruviana* L.). *Fitotec Colomb.* 3(2):1-9.
- MINAGRI. 2012. Instructivo Técnico para el cultivo del plátano.
- MOREJÓN, R.; DÍAZ, S.; PÉREZ, N. 2001. Aplicación de técnicas multivariadas en la clasificación morfoagronómica de genotipos de arroz obtenidos en la estación experimental "Los Palacios". *Agríc Sostenib.* 22(1):735-742.
- MUSANET. 2016. Lista de Descriptores para el Banano (*Musa spp*). Instituto Internacional de Recursos fitogenéticos, Roma, Italia, Red Internacional para el mejoramiento del Banano y el Plátano. Montpellier, Francia; y el Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le developpment, Montpellier, Francia.
- 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. *Hortscience*, 33(1): 146-148.
- OSUJI, J.; VUYLSTEKE, D.; ORTIZ, R. 1997. Variación de ploidía en híbridos procedentes de cruces 3x X 2x interploides en *Musa*. *Tropicultura*, 15(1): 37-39.
- ROBLES, J.; ARAMÉNDIZ, H.; LLANO, J.; CARDONA, C Y ARZUAGA, E. 2004. Agrupamiento de la berenjena (*Solanum melongena*) según sus características vegetativas. Informe parcial trabajo de investigación. Montería: Universidad de Córdoba. 7p.
- ROMAN, M.I. 2004. Estudio de la variabilidad genética en especies y clones de *Musa spp*. Tesis de Doctorado, Biología vegetal. Universidad de La Habana. 130p.