

DIVERSIDAD GENÉTICA DE BANANOS Y PLÁTANOS (*Musa* spp.) DETERMINADA MEDIANTE MARCADORES RAPD

GENETIC DIVERSITY OF BANANAS AND PLANTAINS (*Musa* spp.) DETERMINED BY RAPD MARKERS

Rocío Nadal-Medina¹, Gilberto Manzo-Sánchez^{1*}, José Orozco-Romero², Mario Orozco-Santos² y Salvador Guzmán-González¹

¹Laboratorio de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima. Apartado Postal 36. Autopista Colima-Manzanillo km 40. Tecomán, Colima, México. Tel 01 (313) 32 29405. ²Campo Experimental de Tecomán, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Apartado Postal 88. 28100, Tecomán, Colima, México.

*Autor para correspondencia (gmanzo@ucol.mx)

RESUMEN

La clasificación de germoplasma y la identificación de genotipos de bananos y plátanos (*Musa* spp.) con los métodos tradicionales (morfológicos) han conducido a tener duplicidad e interpretaciones erróneas. Actualmente la combinación de estas herramientas con métodos moleculares ha clarificado la taxonomía e identificación de genotipos de Musáceas. En este estudio se planteó caracterizar genéticamente a 17 cultivares pertenecientes a cuatro subgrupos genómicos (“Cavendish”, “Red”, “Plantain”, “Ibota” y “Silk”) y cinco híbridos de bananos y plátanos, los cuales conforman un banco de germoplasma del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias en Tecomán, Colima, México. Se identificaron 90 marcadores RAPD (polimorfismos en el ADN amplificados al azar) entre las 22 accesiones analizadas, de los cuales 83 fueron polimórficos. Se registró una estrecha relación entre la clasificación morfológica y diversidad molecular detectada entre los subgrupos analizados. El análisis filogenético generó dos grupos diferentes identificados como A y B. El grupo A se conformó por 10 accesiones pertenecientes solamente al subgrupo “Cavendish”, y como excepción se integró el híbrido ‘FHIA 03’. Al grupo B se integraron accesiones pertenecientes a diferentes subgrupos, los cuales fueron “Red”, “Plantain” y “Cavendish”, así como los híbridos ‘FHIA 01’, ‘FHIA 20’, ‘FHIA 2’ y ‘SH-3640’. Las accesiones ‘Yangambi km 5’ y ‘Manzano’ pertenecientes a los subgrupos “Ibota” y “Silk”, respectivamente, no se ubicaron en estos dos grupos.

Palabras clave: *Musa* spp., diversidad genética, marcadores moleculares.

SUMMARY

The classification of germplasm and the identification of genotypes of bananas and plantains (*Musa* spp.) by traditional methods (morphology) are confusing, thus leading to duplicity and erroneous interpretations. Currently, the combination of morphological features with molecular tools has clarified the taxonomy and identification of Musacea genotypes. In this study, 22 accessions of bananas and plantains of different subgroups (“Cavendish”, “Red”, “Plantain”, “Ibota” and “Silk”) and some synthetic hybrids were morphologically and genetically characterized. These accessions belong to the germplasm bank of the Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias located at Tecomán, Colima, México. Ninety randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers from the 22 accessions were identified, of which 83 were polymorphic. A correlation between the morphological classification and molecular diversity among the different subgroups was found. The dendrogram generated showed two groups: Group A had 10 accessions from the “Cavendish” subgroup plus the hybrid ‘FHIA 03’. Group B clustered accessions belonging to subgroups “Red”, “Plantain” and “Cavendish”, as well as hybrids ‘FHIA 01’, ‘FHIA 20’, ‘FHIA 21’ and ‘SH-3640’. Accessions ‘Yangambi km 5’ and ‘Manzano’, which belong to subgroups “Ibota” and “Silk” respectively, were not found in any of these two groups.

Index words: *Musa* spp., genetic diversity, molecular markers.