

SIMILARIDAD CARIOTÍPICA ENTRE DIVERSAS VARIEDADES DE *Musa* spp DEL QUINDÍO-COLOMBIA

Karyotypic similarity among different cultivars of *Musa* spp from Quindío-Colombia

Sergio Esteban Guapacha¹, Marleny Salazar Salazar¹,
Johanny Aguillón^{2,3} y Patricia Landázuri²✉

ABSTRACT. Identification of *Musa* spp genotypes has had a high degree of difficulty by the small size of the chromosomes and by the small number of cells in prometaphase that are obtained. Cytogenetic characterization of the cultivars is a useful tool for its productive improvement or resistance increase to diseases and pests. For this reason cytogenetic characterization of 9 cultivars of *Musa* collected from Quindío-Colombia was proposed. Triploid condition was found in all cultivars, where 'Dominico', 'Dominico-Hartón' and 'Hartón' were AAB; 'Popocho', 'Guayabo', and 'Guineo' ABB and 'Bananas' were AAA; all had $2n = 3x = 33$ chromosomes. Three type of chromosomes sizes were found; A (1.951 – 2.790 μm); B (1.134 – 1.950 μm) and C (0.307- 1.141 μm). A wide variability was found between chromosomes number by type: A chromosomes: 9 and only in 'Dominico-Hartón'; B chromosomes: between 0 and 18; C chromosomes: between 6 and 33. Also were found significant differences in chromosome size and genome size among cultivars: 'Hartón' being the smallest, and 'Dominico-Hartón' with the largest chromosome and genome size. In conclusion all *Musa* spp, evaluated in Quindío, have three types of chromosomes, differ in chromosomes number in each type and genome length, but all they are triploid hybrids (AAB, ABB, AAA). This study contributes to the advance of the genetics of *Musa* spp for future improvement.

RESUMEN. La identificación de genotipos de *Musa* spp ha tenido un alto grado de dificultad, debido al pequeño tamaño de los cromosomas y al reducido número de células que se obtienen en prometafase. La caracterización citogenética de los cultivares es una herramienta útil para su mejoramiento productivo o aumentar su resistencia a plagas, por esta razón se propuso la caracterización citogenética de nueve cultivares de *Musa paradisiaca* colectadas en Quindío-Colombia. Se comprobó la condición triploide de todos los cultivares, donde 'Dominico', 'Dominico-Hartón' y 'Hartón' fueron AAB; 'Popocho', 'Guayabo' y 'Guineo' ABB y los 'Bananas' fueron AAA; todos tenían $2n=3x=33$ cromosomas. Se encontraron tres tamaños de cromosomas; cromosomas tipo A (1,951 - 2,790 μm); tipo B (1,134- 1,950 μm) y tipo C (0,307- 1,141 μm). Se encontró significativa variabilidad en el número de cromosomas por tipo, cromosomas tipo A: 9 y solo en 'Dominico-Hartón'; cromosomas tipo B: entre 0 y 18; C cromosomas: entre 6 y 33. También se encontró variabilidad en el tamaño cromosómico y el tamaño del genoma entre los cultivares siendo el más pequeño el 'Hartón' y el 'Dominico-Hartón' el de mayor tamaño cromosómico y de genoma. En conclusión todos los cultivares de *Musa* spp evaluados en el Quindío-Colombia, tienen tres tipos de cromosomas, difieren en el número de cromosomas en cada tipo y en la longitud del genoma, pero todos ellos son híbridos triploides (AAB, ABB, AAA). Este estudio contribuye al avance de la genética de *Musa* spp para su futuro mejoramiento.

Key words: cytogenetic, chromosome number, plantain, genome size, genetic diversity

Palabras clave: citogenética, número de cromosomas, plátano, tamaño del genoma

INTRODUCCIÓN

El género *Musa* pertenece a la familia *Musaceae* tiene más de 50 millones de años, está incluido en las dietas y es una fuente de energía para millones de personas, especialmente las que viven en los trópicos (1).

¹ Licenciatura en Biología y Educación Ambiental. Universidad Del Quindío. Armenia-Quindío, Colombia.

² Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Del Quindío. Armenia-Quindío, Colombia.

³ Escuela Normal Superior del Quindío, Armenia - Quindío, Colombia.

✉ plandazu@uniquindio.edu.co

Esta familia tiene tres géneros; *Musa*, *Ensete* y *Musella*. El género *Musa* es el más ampliamente distribuido y abarca cuatro cultivares dentro de él, *Callimusa*, *Australimusa*, *Eumusa* y *Rhodochlamys*, que difieren según el número de cromosomas y los patrones morfológicos (2,3). Durante la primera mitad del siglo XX, la investigación citogenética de los cultivares de *Musa* llevó a la determinación del número de cromosomas en las especies silvestres y cultivadas (4). En este sentido, se demostró que los primeros dos *Callimusa* y *Australimusa* tienen 10 cromosomas ($2n = 2x = 20$), que comprenden importantes especies ornamentales; mientras que *Eumusa* y *Rhodochlamys* tienen 11 cromosomas ($2n = 2x = 22$), cultivares con frutos comestibles y mayor valor comercial (1,3).

Gran parte de los cultivares de *Musa* comestibles en el mundo son híbridos de linajes diploides de *Musa acuminata* Colla y *Musa balbisiana* Colla que contribuyeron a los genomas A y B, respectivamente (5). La hibridación entre varias subespecies de *Musa acuminata* Colla y *Musa balbisiana* Colla resulta en cultivares triploides ($2n = 3x = 33$) (2,6-8).

La mayoría de los cultivares 'AAA' son comestibles crudos cuando están maduros, mientras que los cultivares AAB (plátano) o ABB (bananos que requieren cocción) requieren alguna forma de cocción antes de ser consumidos (9).

El plátano es uno de los cultivos más importantes en el mundo, siendo un alimento básico en la dieta de millones de personas, principalmente en África y América, incluida Colombia, donde hay un consumo estimado de 155 kg por año per cápita. Este cultivo se ha convertido en un elemento de gran importancia económica para el país, por la generación de empleo y la perspectiva de la seguridad alimentaria. La producción de plátano en Colombia ha tenido grandes altibajos, en el 2013 el área de cultivos de plátano mostró una reducción del 6,1% en comparación con el año 2012, de manera similar, la producción se redujo en un 32 % en comparación con el mismo año. En Quindío, una región con grandes cultivos de plátano, entre 2000 y 2010, el rendimiento fue de 8,2-10 t ha⁻¹ (9,5 t ha⁻¹ promedio), similar a la producción de Venezuela para 2009 (8,6 t ha⁻¹) (10); sin embargo, la producción en la región ahora se ha reducido a 7,5 t ha⁻¹. Esta reducción en la producción puede deberse a una gran variedad de problemas fitosanitarios, manejo agrícola inadecuado, prácticas culturales inapropiadas, uso irracional de agroquímicos y uso de clones de baja producción (11), entre otras dificultades que afectan al Quindío y otras regiones dedicadas al cultivo de plátano.

En este sentido, se ha demostrado que los genotipos de *Musa balbisiana* spp (genoma B), son para proporcionar resistencia a plagas, enfermedades y sequías (12). Mientras que los genotipos de *Musa acuminata* (genoma A) son ricos en compuestos fitoquímicos utilizados en muchos tratamientos de enfermedades en medicina tradicional (13). Por lo tanto, el uso de la diversidad genética de los cultivos podría ser una opción apropiada para mejorar la producción mediante el uso de genotipos más productivos (14).

A pesar de la importancia comercial y de seguridad alimentaria que los cultivos de plátano tienen para Quindío, el genoma de estas plantas es poco conocido especialmente en términos de carga cromosómica, por lo que se sabe, el cariotipo de cultivares de la región del Quindío no se ha descrito en cantidad y tamaño. Por esta razón, el objetivo de este estudio fue determinar las similitudes en los cariotipos de diferentes cultivares de *Musa* spp de la región del Quindío, con el propósito de contribuir a la caracterización, ampliar las posibilidades de intervención y el uso posterior de estos genotipos caracterizados en la evaluación de su capacidad productiva o resistencia a plagas en otras obras.

MATERIALES Y MÉTODOS

MATERIAL VEGETAL

Nueve muestras de *Musa* spp., de varios municipios de la región del Quindío fueron recolectados (Tabla I). Los cultivares se clasificaron según el conocimiento del agricultor (nomenclatura nativa) y se identificaron con un código de acceso único.

OBSERVACIONES CITOLÓGICAS

La preparación del material vegetal se llevó a cabo siguiendo la metodología descrita por Adeleke *et al* y D'Hont *et al*. (7,15), con algunas modificaciones menores, (el material fue meristemos radiculares en lugar de anteras y el coctel de enzimas fue diferente en porcentaje), brevemente: meristemos radiculares se obtuvieron de cuernos (brotes), se cortaron ápices radiculares de aproximadamente 1 cm de largo de estos meristemos, obtenidos de propágulos vegetativos previamente establecidos. Algunas muestras fueron tomadas directamente de la planta. El corte se hizo entre las 8:00 a.m. y las 12:00 p.m. Los ápices se colocaron en frascos de color ámbar con 2 ml de solución de 8-hidroxiquinolina al 0,02 % durante 24 horas a 8 °C. La fijación se realizó con etanol/ácido acético glacial 3:1 (v/v) durante 24 horas a 11-13 °C. Posteriormente, se almacenaron a 20 °C hasta su uso. Las muestras se dividieron en dos, una para tinción convencional y otra para tinción con DAPI.

Tabla I. Accesiones de *Musa spp*, ubicación geográfica e identificación técnica de los cromosomas

Municipio	Origen de la Plantación	Nomenclatura nativa de <i>musa spp</i>	Código de accesión	Técnica de análisis Convencional DAPI*	
Buenavista	Alsacia La Maravilla	'Dominico-Hartón'	D-H-1	X	X
		'Hartón'	H-1	X	X
		'Dominico'	D-1	X	X
		'Banano común'	B-c-1	X	
		'Popocho'	P -1	X	X
		'Africano'	A -1	X	
		'Guineo'	Gu-1	X	X
Pijao	Buenos Aires Bajo	'Guayabo'	G-2		X
		'Popocho'	P -2	X	
La Tebaida	Santa María	'Dominico-Hartón'	D-H-2	X	
		'Africano'	A-3	X	
		'Guayabo'	G-3	X	
Montenegro Vereda la Cabaña	La Fortuna	'Guineo'	Gu	X	X
		'Dominico-Hartón'	D-H-4	X	X
		'Banano común'	B-c-4	X	X
Calarcá	Bella la Nubia	'Hartón'	H-4	X	X
		'Dominico-Hartón'	D-H-5	X	X
Calarcá Quebrada Negra	Villa Laura	'Dominico-Hartón'	D-H-5	X	
		'Hartón'	H	X	X
Calarcá Vereda Bohemia	Villa Gabriela	'Africano'	A-5		X
		'Banano sapo'	B-s-6	X	X
		'Banano enano'	B-e-6	X	X
Pueblo Tapao	La Aurora	'Dominico'	D-6	X	X
		'Dominico-Hartón'	D-H-6	X	X
		'Dominico-Hartón'	D-H-7	X	

*DAPI= 4',6-diamino-2-fenilindol

TINCIÓN CONVENCIONAL

El siguiente método se usó para el análisis cromosómico convencional: el tejido meristemático se hidrolizó en HCl 1N a 60 °C durante 15 minutos. A continuación, los ápices se lavaron para eliminar el exceso de HCl. La tinción se realizó incrustando los ápices en laca hematoxilina-crómica a 60 °C durante 3 horas, seguido de la trituración o aplastamiento. El tamaño y el número de cromosomas para cada muestra se estimaron en cinco a veinte prometafases para cada material utilizando negativos de fotografías ampliadas.

TINCIÓN DAPI

Se obtuvieron vértices radiales y se fijaron como se describió anteriormente, se lavaron tres veces con agua destilada durante cinco minutos cada lavado.

Posteriormente se digirieron en 10 ul de un 2 % de celulasa y un 20 % de coctel de pectinasa en cámara húmeda durante 2 horas a 37 °C. Se eliminó el exceso de coctel de enzima y se añadió una gota de ácido acético al 45 % para macerar y homogeneizar. Los meristemas fueron extraídos, aplastados y llevados al nitrógeno líquido. Después de la eliminación de los cubreobjetos, las láminas se secaron al aire durante dos horas a temperatura ambiente. Posteriormente las láminas se tiñeron con DAPI 10 ul 2,5 µg/ml durante 30 minutos a temperatura ambiente en cámara oscura. Después de cinco lavados durante cinco minutos con tampón de fosfato (PBS-1X), se añadieron 10 ul de glicerol al 50 %, luego se realizó una presión suave de cubreobjetos sobre las láminas y los bordes del cubreobjetos se sellaron con esmalte claro.

VARIABLES CROMOSÓMICAS

Las siguientes variables se midieron en los cromosomas:

- ♦ *Longitud absoluta del cromosoma (micras)*: se toma como resultado de agregar la longitud de los brazos cortos y largos.
- ♦ *Longitud total del genoma (micras)*: se toma como resultado de agregar cada longitud de cromosoma ($n = 11 \times 3$) que representa el 100 %.
- ♦ *Longitud relativa del cromosoma*: medida como la proporción de cada cromosoma con respecto a la longitud total del genoma ($n = 11$), tomado esto como 100 %.
- ♦ *Longitud haploide del genoma (micras)*: tomada como resultado de agregar cada longitud de cromosoma ($n = 11$) que representa el 100 %.
- ♦ *Clasificación cromosómica*: dada la imposibilidad de definir el centrómero, la clasificación fue arbitraria y, por lo tanto, definida: cromosomas del grupo A, tamaño medio-grande (1,951 – 2,790 μm); los cromosomas del grupo B, tamaño pequeño-mediano (1,134 – 1,950 μm) y cromosomas del grupo C, muy pequeños (0,307 - 1,141 μm).
- ♦ *Uniformidad del genoma*: definida como la diferencia en longitud absoluta entre cromosomas de mayor y menor longitud.

ANÁLISIS DE LOS DATOS

Las imágenes digitales para la observación de cromosomas (40 y 100 x) con tinción convencional, se capturaron usando el microscopio Nikon Eclipse 80i con dispositivo fotográfico y con el programa NIS-Elements F2.30 en un sistema de análisis de imagen Leica QWIN®. Para la tinción DAPI, las láminas se observaron bajo un microscopio de fluorescencia EVOS FL con un filtro de 340-380 nm, con 60 aumentos. El software ImajeJ (<https://imagej.nih.gov/ij>) se usó para la identificación y corte de cromosomas, y el software MicroMeasure versión 3.3; para medir la longitud de cada cromosoma. La imagen que ofrecía una mejor dispersión y condensación de cromosomas se usó para la identificación y descripción morfológica.

Los valores del tamaño de los cromosomas, el genoma haploide total y la longitud del genoma (tomados por triplicado) se expresan como valores medios con intervalos de confianza al 95 %. Para determinar las diferencias entre las longitudes promedio en los cultivares estudiados, se realizó una prueba ANOVA y Tukey. Se realizó un análisis de conglomerados K-means utilizando una prueba de Tukey, tomando la longitud haploide del genoma como variable; para todos los análisis se utilizó SPSS v 20 (IBM Corp. Released 2011, IBM SPSS Statistics para Windows, Versión 20.0. Armonk, NY: IBM Corp.).

RESULTADO Y DISCUSIÓN

Del estudio citogenético realizado fue posible establecer y comparar el número, el tamaño y otras características cromosómicas de los cultivos de plátano de Quindío-Colombia.

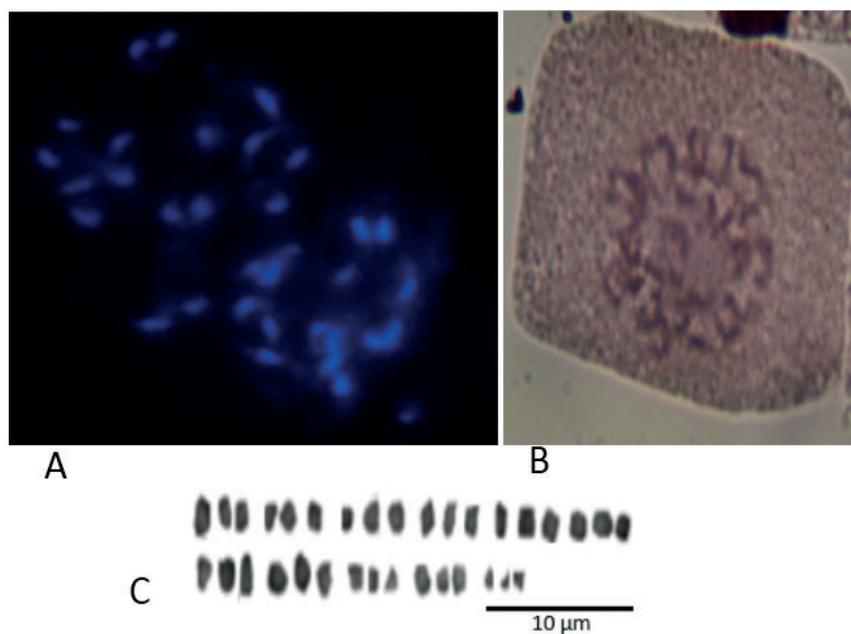
Se encontraron células en varios estados mitóticos y se analizaron entre cinco y veinte células prometáfase por cultivares.

Los resultados muestran que el número de cromosomas no fue constante en todas las preparaciones para los mismos cultivares. En el caso de 'banano enano' (muestra B-e-6, Tabla I), el recuento varió entre 26 y 44 (datos no mostrados). Sin embargo, el análisis cromosómico somático detallado de todos los genotipos estudiados utilizando tinción convencional o tinción DAPI mostró un promedio somático de $2n = 3x = 33$ cromosomas en el 99 % de los cultivares, donde $x = 11$. Estos resultados confirman que estos cultivares son especies triploides con $n = 11$ (3,7,16).

Para estos cultivares, la tinción con DAPI (A) no fue superior a la tinción tradicional (B), como se muestra en la Figura 1. La organización de los cromosomas en los triplete se hizo difícil por el tamaño de los mismos (C). La Figura 1 muestra una de las mejores imágenes de los cromosomas de los nueve cultivares.

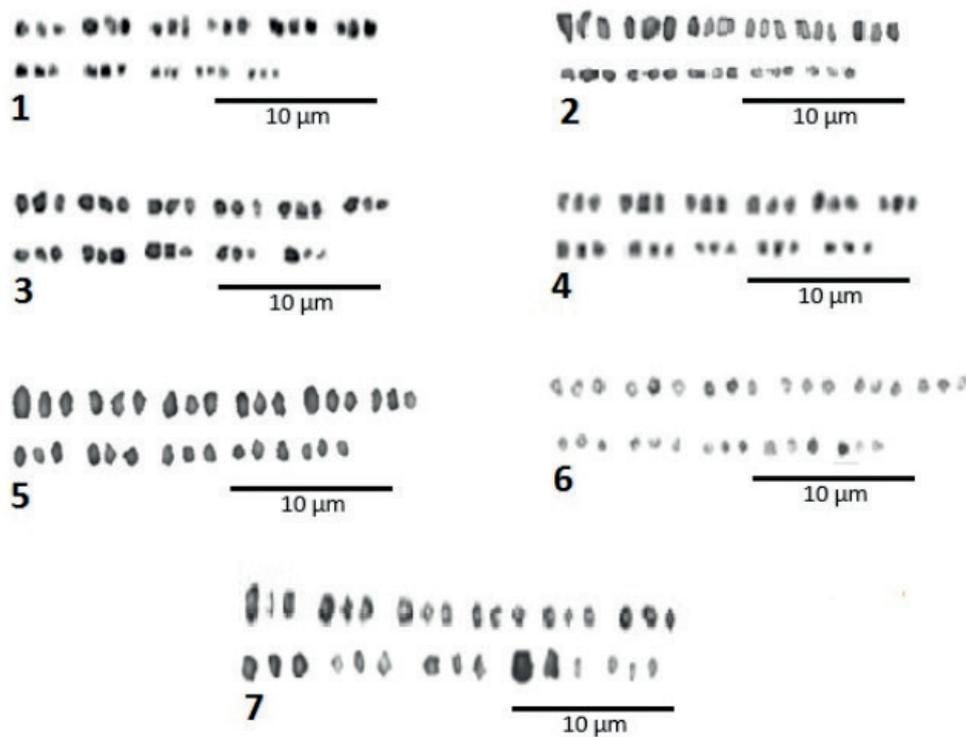
En décadas pasadas, se había determinado que el número básico de cromosomas en el género *Musa* era 11 (3,5) y se encontró que los tipos cultivados tienen tres niveles de ploidía natural: $2n = 2x = 22$, $2n = 3x = 33$, $2n = 4x = 44$ cromosomas (7,17). De nuestros resultados, los cultivares regionales estudiados pertenecen al nivel de ploidía $2n = 3x = 33$, e incluyen híbridos AAB, ABB, AAA. Este tipo de banano y plátano se ha descrito como híbridos triploides interespecíficos de *Musa acuminata* (genoma A) y *Musa balbisiana* (genoma B) (18). La poliploidía o la alteración del número básico de cromosomas se considera uno de los factores determinantes en la evolución de las especies, como lo demuestran Vichiato *et al.* para *Dendrobium nobile* (19), pero nuestros resultados muestran que las diferencias morfológicas observadas entre los cultivares estudiados no están relacionadas con cambios en el nivel de ploidía.

Una vez que se obtuvieron los cariotipos, se analizaron el tamaño de los cromosomas en función de su eje longitudinal (longitud absoluta en micrómetros) y su longitud relativa que representa la relación de cada cromosoma con respecto a la longitud total del genoma ($n = 11$). Los cromosomas se agruparon arbitrariamente por tamaño y se ordenaron por triplete en función del tamaño absoluto (Figura 2). Bajo esta disposición, se encontraron tres tipos de cromosomas; cromosomas tipo A, tamaño medio-grande (1,951 – 2,790 μm); cromosomas tipo B, tamaño pequeño-mediano (1,134 – 1,950 μm); cromosomas tipo C, muy pequeños (0,307-1,11 μm).



A = tinción DAPI; B = eosina tinción con hematoxilina; y C = tamaño y número cromosómico de 'Dominico-Hartón'. Escala de 50 µm para A, aumento de 100X para B y 10 µm para C

Figura 1. Cariotipo de cultivar 'Dominico-Hartón'



1: 'Hartón', 2: 'Guayabo', 3: 'Popocho', 4: 'Guineo', 5: 'banano enano', 6: 'banano común' y 7: 'banano sapo'
Las imágenes digitales para observaciones de cromosomas con tinción con DAPI fueron 40 y 60 X, y con tinción convencional fueron 40 y 100 X

Figura 2. Cultivares cariotipo

Se encontraron diferencias en el tamaño cromosómico entre los cultivares, por lo que el cultivar Hartón tuvo el tamaño cromosómico promedio más bajo (0,595 μm) y el genoma (19,656 μm), mientras que el Dominico-Hartón tuvo el mayor tamaño cromosómico promedio (2,326 μm) y el genoma (57,946 μm). Se encontró una amplia variabilidad entre los cromosomas, número por tipo, p. los cromosomas tipo A solo se encontraron en 'Dominico-Hartón' y 'banano enano': 9 y 3 cromosomas respectivamente; cromosomas tipo B entre 0 (Hartón) y 24 (Dominico-Hartón). Excepto Dominico-Hartón, todas las accesiones tenían cromosomas tipo C, entre 6 y 33. La longitud del genoma también tuvo una amplia variabilidad que va desde 19,273 μm (Hartón) a 57,946 μm . La Tabla II muestra los resultados.

Con el propósito de desarrollar estrategias eficientes para mejorar los cultivares de *Musa*, varios autores han intentado definir el número cromosómico, el tipo y el tamaño de las especies de *Musa* a través de estudios citogenéticos y moleculares (7,20,21); aunque actualmente se conoce el número de cromosomas ($n=11$) (16), estos cromosomas no se han numerado ni identificado completamente, en parte debido a dificultades técnicas tales como dificultad para obtener muestras celulares de buena calidad, tiempo y esfuerzo para encontrar los estados de mitótica correcta, rigidez de la pared celular, poca capacidad de tinción de los cromosomas en la etapa profase y pequeño tamaño de los cromosomas en estas especies (7).

Tabla II. Tamaño cromosómico de *Musa* spp. cultivares

Accesión	Tipo de cromosoma	Cantidad	Tamaño promedio (μm)	Intervalo (μm)	Tamaño del genoma (μm)	Genoma relativo %	Longitud del haploide (μm)
'Dominico-Hartón'	A	9	2,326	(1,961 - 2,790)	57.946	36,12	19,273*
	B	24	1,542	(1,134 - 1,950)		63,88	
	C	0	-	-		-	
'Banano Enano'	A	3	1,967	(1,961 - 1,998)	46.058	12,89	15,397
	B	24	1,414	(1,167 - 1,805)		73,72	
	C	6	1,028	(0,829 - 1,109)		13,40	
'Popocho'	A	0	-	-	40.646	-	13,541
	B	21	1,362	(1,136 - 1,733)		70,41	
	C	12	1,002	(0,855 - 1,132)		29,59	
'Guayabo'	A	0	-	-	37.529	-	12,462
	B	15	1,400	(1,151 - 1,644)		55,96	
	C	18	0,918	(0,533 - 1,097)		44,04	
'Banano Sapo'	A	0	-	-	37.054	-	12,341
	B	12	1,536	(1,267 - 1,863)		49,75	
	C	21	0,8866	(0,600 - 1,141)		50,25	
'Banano común'	A	0	-	-	36.540	-	12,174
	B	15	1,284	(1,151 - 1,480)		52,72	
	C	18	0,959	(0,808 - 1,113)		47,28	
'Dominico'	A	0	-	-	35.791	-	11,930
	B	12	1,449	(1,152 - 1,854)		48,57	
	C	21	0,876	(0,550 - 1,104)		51,43	
'Guineo'	A	0	-	-	29.189	-	9,731
	B	3	1,146	(1,141 - 1,174)		11,78	
	C	30	0,869	(0,562 - 1,107)		88,2	
'Hartón'	A	0	-	-	19.656	-	6,552
	B	0	-	-		-	
	C	33	0,595	(0,307 - 0,928)		100	

* Existen diferencias significativas en la longitud haploide del genoma entre todos los cultivares, según la prueba ANOVA y Tukey con un factor de $p \leq 0,5$

Sin embargo, por primera vez, este estudio establece una diferencia en el tamaño del genoma entre diferentes cultivares de *Musa* de la región del Quindío. Esto permitió, aunque arbitrariamente, establecer la presencia de tres tipos de cromosomas por tamaño, la longitud total del genoma y la longitud haploide del genoma para el cultivar estudiado. Excepto por el cultivar llamado Dominico-Hartón, que tiene un cromosoma C de tipo cero, este tipo de cromosomas se encontraron en todos los cultivares, con una gran variabilidad en términos de número de cromosomas; por otro lado, la longitud del genoma varió considerablemente entre los cultivares. Un análisis detallado de los tipos de cromosomas revela el predominio de los cromosomas tipo C, entre 6 (banano enano) y 33 (Hartón); tales diferencias en el número de cromosomas en un subtipo se han descrito para otras plantas donde se mantiene el número diploide o haploide, pero existe una variabilidad en el tamaño de los cromosomas en cada subtipo (22,23).

La comparación de la longitud promedio de los cromosomas entre los cultivares mostró que estos se pueden ubicar en cinco grupos de acuerdo con la longitud promedio de los cromosomas: Grupo 1: Hartón; Grupo 2: 'Guineo'; Grupo 3: Dominico, banano común, banano sapo, Guayabo y Popocho; Grupo 4: 'banano enano' y Grupo 5: Dominico- Hartón, con diferencias significativas ($p = 0,000$).

Posteriormente, el análisis de conglomerados K-means permitió ubicar los cultivares en seis grupos: Grupo 1: Hartón; Grupo 2: 'Guineo'; Grupo 3: 'Dominico', 'banano común', 'banano sapo' y 'Guayabo'; Grupo 4: 'Popocho'; Grupo 5: 'banano enano'; Grupo 6: Dominico- Hartón; con diferencias significativas en la longitud haploide del genoma entre los grupos ($p = 0,000$).

El análisis estadístico, con Tukey Test, utilizando la uniformidad del genoma haploide como variable, ubica los cultivares en tres grupos: Grupo 1: 'Guineo', 'banano común', Hartón y 'Popocho'; Grupo 2: 'banano enano', 'Guayabo', 'Dominico' y 'banano sapo'; Grupo 3: 'Dominico-Hartón, con diferencias significativas ($p = 0,000$) entre grupos.

El análisis de las relaciones genéticas entre las especies es importante para los programas de mejoramiento y para proporcionar información sobre la diversidad genética y la evolución de los cultivares, así como sobre el efecto de las condiciones ambientales sobre esta especie (9,24).

Aunque la caracterización con marcadores moleculares puede ser más precisa para el estudio de la variabilidad genética de los cultivares de plátano (25), este estudio proporciona un enfoque que consiste en agrupar cultivares regionales de plátano por tipo de cromosoma, tamaño y longitud del genoma.

Esto es importante para el futuro para llevar a cabo la evaluación de los genotipos en contra de la producción, resistencia a plagas o producción de metabolitos para uso en medicina alternativa (13,26).

Desafortunadamente, la calidad de la preparación y el tamaño del cromosoma en sí no permitieron diferenciar centrómeros o brazos en cromosomas a pesar de usar dos métodos de tinción diferentes, concluyendo que la tinción con DAPI no proporcionaba una resolución más alta a los preparados utilizados en este trabajo, pero sin ignorar las ventajas de este método de tinción para otras preparaciones. Esta incapacidad para caracterizar los cromosomas de manera concluyente ya ha sido descrita por Adeleke *et al.* (7), que propuso un nuevo método para caracterizarlos; sin embargo, aunque el procedimiento mejora sustancialmente la visibilidad de los cromosomas, las dificultades relacionadas con la calidad de los preparados no permitieron caracterizarlos completamente.

CONCLUSIÓN

Los cultivares estudiados de *Musa* spp, en la región de Quindío, tienen tres tipos de cromosomas según su tamaño, difieren en el número de cromosomas y la longitud del genoma para cada tipo, lo que permite agrupar cultivares, pero todos son híbridos triploides ($2n = 3x = 33$), (AAB, ABB, AAA), confirmando el uso de clones en esta región. Este estudio contribuye al avance de la genética de *Musa* spp para el futuro programa de mejora genética.

RECOMENDACIONES

Los resultados del estudio sirven para mejorar las técnicas citogenéticas y para aplicar a otros cultivares.

FONDOS

Este trabajo fue financiado por el Departamento Administrativo de Ciencia y Tecnología de Colombia (COLCIENCIAS) y el Banco Interamericano de Desarrollo (BID), Grant # 1113-545-31135, RC 551 de 2012; Gobierno de Quindío, y la Universidad del Quindío, proyecto interno # 582

AGRADECIMIENTOS

A los campesinos.

BIBLIOGRAFÍA

- Pereira, A. y Maraschin, M. "Banana (*Musa Spp*) from peel to pulp: ethnopharmacology, source of bioactive compounds and its relevance for human health". *Journal of Ethnopharmacology*, vol 160, no 3, February 2015, pp. 149- 63.
- Singh, W. R.; Singh, S. S. y Shrivastava, K. "Analysis of banana genome groups of wild and cultivated cultivars of Manipur, India using sScore card method". *Advances in Applied Science Research*, vol. 5, no 1, 2014, pp. 35-38.
- Christelova, P.; De Langhe, E.; Hribova, E.; Cizkova, J.; Sardos, J.; Husakova, M.; Van den houwe, I.; Sutanto, A.; Kepler, A.K.; Swennen, R.; Roux, N.; Dolezel, J. "Molecular and cytological characterization of the global *Musa* germplasm collection provides insights into the treasure of banana diversity". *Biodiversity and Conservation*, December 2016 ISSN: 0960-3115. <http://dx.doi.org/10.1007/s10531-016-1273-9>
- Ortiz, R. y Swennen, R. "From Crossbreeding to biotechnology-facilitated improvement of Banana and Plantain". *Biotechnology Advances*, vol, 32, 2014, pp. 158-69.
- Hippolyte, I.; Jenny, C.; Gardes, J. C.; Bakry, F.; Rivallan, R.; Pomies, V.; et al. "Foundation characteristics of edible *Musa* triploids revealed from allelic distribution of SSR markers". *Annals of Botany*, vol. 109, 2012; pp. 937-51.
- Davey, M. W.; Gudimella, R.; Harikrishna, J. A.; Sin, L. W.; Khalid, N. y Keulamans, J. "A draft *Musa balbisiana* genome sequence for molecular genetics in polyploid, inter-and intra-specific *Musa* hybrids". *BMC Genomics*, vol. 14, octubre de 2013; 1, pp. 683. doi: 10.1186/1471-2164-14-683.
- Adeleke, M. T. V.; Pillay, B. E. y Okoli, B. E. "An Improved method for examining meiotic chromosomes in *Musa L*". *Hortscience*, vol 37, no 6, octubre of 2002, pp. 959-961.
- D'Hont, A.; Denoeud, F.; Aury, J. M.; Baurens, F. C.; Carreel, F.; Garsmeur, O.; Noel, B.; Bocs, S.; Droc, G.; Mathieu Rouard, Da Silva, C.; Jabbari, K.; Cardi, C.; Poulain, J.; Souquet, M.; et al. The banana (*Musa acuminata*) genome and the evolution of monocotyledonous plants. *Nature*, July of 2012, vol. 488, pp. 213-217. doi:10.1038/nature11241
- Nadal-Medina, R.; Manzo-Sánchez, G.; Orozco-Romero, J.; Orozco-Santos, M. y Guzmán-González, S. "Diversidad genética de bananos y plátanos". *Revista Fitotecnia. Mexicana* vol. 32, 2009, pp. 1-7.
- Martínez, G.; Blanco, G.; Hernández, J.; Manzanilla, E.; Pérez, A.; Pargas, R. y Marin, C. "Comportamiento del plátano (*Musa* AAB subgrupo plátano, Cv. Hartón gigante) sembrado a diferentes densidades de siembra en el Estado Yaracuy, Venezuela". *Revista Científica UDO Agrícola* vol. 9, no 1, mayo of 2009, pp. 259-67.
- Waweru, B.; Turoop, L.; Kahangi, E.; Coyne, D.; Dubois, T. Non-pathogenic *Fusarium oxysporum* endophytes provide field control of nematodes, improving yield of banana (*Musa* sp.). *Biological Control* vol. 74, 2014, pp. 82-88.
- Kundapura Venkataramana, R.; Hastantram Sampangi-Ramaiah, M.; Ajitha, R.N.; Khadke, G.; Chellam, V. Insights into *Musa balbisiana* and *Musa acuminata* species divergence and development of genic microsatellites by transcriptomics approach. *Plant Gene* vol. 4, 2015, pp. 78-82.
- Mathew, N.S.; Negi, P.S. Traditional uses, phytochemistry and pharmacology of wild banana (*Musa acuminata* Colla): A review. *Journal of Ethnopharmacology*. Vo. 196, 2017, pp. 124-140.
- Ahmad, F, Megia, R, Poerba, YS. Genetic Diversity of *Musa balbisiana* Colla in Indonesia Based on AFLP Marker. *HAYATI Journal of Biosciences* vol. 21, 2014, pp. 39-47.
- Jeridi, M.; Perrier X.; Rodier-Goud, M.; Ferchichi, A.; D'Hont, A. y Bakry F. "Cytogenetic evidence of mixed disomic and polysomic inheritance in an allotetraploid (AABB) *Musa* genotype". *Annals of Botany* vol. 110, 2012, pp. 1593-1606.
- D'Hont, A.; Denoeud, F.; Aury, J. M.; Baurens F. C.; Carreel F.; Garsmeur O. et al. The banana (*Musa acuminata*) genome and the evolution of monocotyledonous plants. *Nature* vol. 488, 2012 pp. 213-217.
- Liu, A. Z.; Kress, W. J. y Li, D. Z. "Phylogenetic analyses of the banana family (*Musaceae*) based on nuclear ribosomal (ITS) and chloroplast (trnL-F) evidence". *Taxon*, vol. 59, 2010, pp. 20-28.
- Sellars, M. J. "Triploidy In Brenner's Encyclopedia of Genetics". 2013, Pp. 187-88.
- Vichiato, M. R.; Vichiato, M.; Pasqual, M.; Rodrigues, F. A. y Castro, D. "Morphological effects of induced polyploidy in *Dendrobium nobile* Lindl. (Orchidaceae)". *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, vol. 14, 2014, pp. 154-159.
- Noumbissie, G. B.; Chabannes, M.; Bakry F.; Ricci S.; Cardi C.; Njembele J.-C. Yohoume D.; Tomekpé, K.; Iskra Caruana, M. L.; D'Hont A. y Baurens F.C. "Chromosome segregation in an allotetraploid banana hybrid (AAAB) suggests a translocation between the A and B genomes and results in eBSV-free offsprings". *Molecular Breeding*, vol. 36, 2016, pp. 1-14.
- Jeridi, M.; Bakry, F.; Escoute, J.; Fondi, E.; Carreel, F.; Ferchichi A.; D'Hont, A. y Rodier-Goud M. Homoeologous chromosome pairing between the A and B genomes of *Musa Spp* revealed by genomic in situ hybridization. *Annals of Botany*, vol. 108, 2011, pp. 975-81.
- Grimaldo-Juárez, O.; García-Velásquez, A.; Ortiz-Cereceres, J.; Ruiz-Posadas, L. M. "Características cariotípicas de seis genotipos de pitahaya (*Hylocereus Spp.*)". *Revista Chapingo Serie Horticultura*, vol. 7, 2001, pp.177-95.
- Mohanty, I. C.; Mahapatra, D.; Mohanty, S. y Das, A. B. "Karyotype analyses and studies on the nuclear DNA content in 30 genotypes of potato (*Solanum Tuberosum*) L". *Cell Biology International*, vol. 28, 2004, pp. 625-33.
- Ravishankar, K.V.; Megha, H. S.; Rekha, A.; Ganesh, N. K. y Veerajuu, C. "Insights into *Musa balbisiana* and *Musa acuminata* species divergence and development of genic microsatellites by transcriptomics approach". *Plant Gene*, vol. 4, 2015, pp. 78-82.
- De Jesus O. N.; Silva, Sde O.; Amorim, E. P.; Ferreira, C. F.; de Campos, J. M.; Silva, Gde G. y Figueira, A. "Genetic diversity and population structure of *Musa* accessions in *ex situ* conservation". *BMC Plant Biol*, vol. 13, 2013, 13-41.
- Vijayakumar, S.; Vaseeharan, B.; Malaikozhundan, B; et al. Therapeutic effects of gold nanoparticles synthesized using *Musa paradisiaca* peel extract against multiple antibiotic resistant *Enterococcus faecalis* biofilms and human lung cancer cells (A549). *Microbial Pathogenesis* vol. 102, 2017, pp. 173-183.

Recibido: 19 de enero de 2017

Aceptado: 20 de junio de 2017