

Revisión bibliográfica

RECURSOS GENÉTICOS DE LA MALANGA DEL GÉNERO *Xanthosoma* SCHOTT EN CUBA

Review

Genetic resources of cocoyam of *Xanthosoma* Schott genus in Cuba

Marilys D. Milián Jiménez✉

ABSTRACT. Biodiversity conservation is strategic to meet the growing current and future demands of the world's population. The objective of this work is to present the status of the results and advances obtained in the subject of the knowledge of the variability of the species of the genus *Xanthosoma* present in Cuba, the management of their genetic resources, as well as the specific classification of cultivars, to serve as a basis for studies leading to clarify the species taxonomy of the genus *Xanthosoma*. In this review presents the importance of the knowledge of the the genus *Xanthosoma* particularities and of the genetic resources that compose it, as well as its usefulness in elucidating the classification of the cultivated species that make up this important genus of plants.

RESUMEN. La conservación de la biodiversidad es estratégica para satisfacer las demandas crecientes actuales y futuras de la población mundial. El objetivo de este trabajo es dar a conocer el estado de los resultados y avances obtenidos en el tema del conocimiento de la variabilidad de las especies del género *Xanthosoma* presentes en Cuba, del manejo de sus recursos genéticos, así como, de la clasificación específica de los cultivares, para que sirvan como base a los estudios conducentes a esclarecer la taxonomía de las especies del género *Xanthosoma*. En esta reseña se da a conocer la importancia del conocimiento de las particularidades del género *Xanthosoma* y de los recursos genéticos que lo componen, así como, de su utilidad en el esclarecimiento de la clasificación de las especies cultivadas que componen este importante género de plantas.

Key words: diversity, plant genetic resources, taxonomy

Palabras clave: diversidad, recursos fitogenéticos, taxonomía

INTRODUCCIÓN

La conservación de la biodiversidad es estratégica para satisfacer las demandas crecientes actuales y futuras de la población mundial, de ahí que los bancos de germoplasma surjan como una respuesta a la necesidad de conservar el patrimonio genético vegetal, por lo que constituyen la base para una agricultura dinámica, diversificada y sostenida. Una estrategia de esta naturaleza tiene como

objetivos esenciales conservar la variabilidad de cada especie y proporcionar a los mejoradores un conjunto de genotipos para los programas de selección, establecer la representatividad de la colección e identificar la duplicidad de accesiones que puedan existir, entre otras problemáticas (1,2). Las tendencias actuales en la agricultura están encaminadas hacia la búsqueda de especies que permitan un abastecimiento de alimentos a bajo costo, protección de los recursos naturales, equidad y alivio de la pobreza. Las raíces, rizomas y tubérculos cumplen en su mayoría con estos requisitos (3) y entre ellos se encuentra la malanga del género *Xanthosoma* (guagüí), cuyos recursos

genéticos son de importancia para la alimentación. Este género es de origen americano, cuya distribución abarca desde México hasta Brasil y fue cultivado por los aborígenes de Las Antillas y del resto del continente antes de su descubrimiento (4). En la actualidad su producción mundial se estima en 4 000 000 t, concentrada en la zona central y occidental de África Tropical, Las Antillas, Venezuela y Oceanía.

En Cuba, los cultivares del género *Xanthosoma* son los de mayor importancia en la preferencia de la población y su producción ha aumentado en los últimos años especialmente porque requiere un menor gasto de agua en relación con otras aráceas comestibles.

Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT), Apdo. 6, Santo Domingo, Villa Clara, Cuba, CP 53000
✉ geneticamx@inivit.cu

Los valores nutricionales y su fácil cocción, unidas a sus cualidades digestivas, hacen de las especies del género *Xanthosoma*, un producto de alta demanda en el mercado nacional, así como, en la dieta de hospitales, hogares de ancianos y círculos infantiles. Por esta razón, el Ministerio de la Agricultura, se propone obtener un aumento significativo en la producción de este cultivo en los próximos años, con la finalidad de satisfacer las demandas crecientes del mercado (5) donde juega un papel primordial una estrategia adecuada en el mejoramiento genético del cultivo, a partir de una amplia fuente de variabilidad representada por su germoplasma (6).

A nivel mundial se han realizado diversos intentos para la clasificación e identificación del germoplasma de malanga de este género y uno de los primeros se realizó en Cuba (7), para identificar diferentes accesiones de los géneros *Xanthosoma* y *Colocasia*. Varios autores, plantearon que no estaba clara la identificación de las especies cultivadas de *Xanthosoma*, aunque reconocieron cuatro de ellas: *X. atrovirens* Koch & Bouché, *X. caracu* Koch & Bouché, *X. nigrum* (Vell) Manf. (*X. violaceum* Schott) y *X. sagittifolium* (L.) Schott (8-11). Algunos cultivares no se pueden incluir en ninguna de éstas; sin embargo, muchos de estos autores coinciden en que para *Xanthosoma*, es preferible hablar de 'clones del género', la mayoría agrupados en una especie polimórfica, *Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott, en razón de las deficiencias de la clasificación existente, hasta que una revisión moderna del género, aclare la compleja situación taxonómica del mismo.

Tradicionalmente, la diversidad que existe dentro y entre las poblaciones se ha determinado mediante la evaluación de sus características morfoagronómicas (12,13);

sin embargo, éstas no son suficientes para establecer diferencias entre especies o entre accesiones, por lo que se debe recurrir a estudios más directos del genoma, como el análisis del cariotipo que permite conocer el número y estructura de los cromosomas, y el empleo de marcadores bioquímicos y moleculares (14-16). Estas metodologías no evalúan el efecto del ambiente en la expresión de los genes, por lo que no sustituyen, sino que complementan la caracterización y evaluación morfoagronómicas (17).

En el Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT) se mantiene desde 1967 una colección de accesiones cultivadas de malanga del género *Xanthosoma*, procedente de colectas, introducciones y del programa de mejoramiento genético del cultivo, la cual constituye el mayor acervo de genes de este género a nivel mundial y uno de los que mayor variabilidad conserva. En esta colección se han desarrollado estudios morfoagronómicos, citogenéticos, genético-bioquímicos y moleculares que ayudan a dilucidar la situación taxonómica del género, mejorar la estructura de los clones del cultivo, seleccionar los cultivares mejores adaptados y resistentes al ataque de plagas y enfermedades, así como determinar el grado de variabilidad existente en esta colección (18).

GENERALIDADES DEL CULTIVO DE LA MALANGA DEL GÉNERO *XANTHOSOMA*

Origen, evolución y dispersión geográfica

Las malangas fueron de los primeros cultivos utilizados por el hombre y en Cuba se conocen con este nombre las especies comestibles de la familia *Araceae* pertenecientes a los géneros *Colocasia* Schott y *Xanthosoma* Schott; *Colocasia*, también

conocido como 'malanga isleña', es muy antiguo y expandido en el Viejo Mundo, fue introducido en América por los colonizadores europeos; *Xanthosoma* ('malanga' o 'guagúí') es de origen americano, distribuido desde México hasta Brasil, y fue cultivado por los aborígenes de Las Antillas y del resto del continente antes de su descubrimiento (4).

Cuando los europeos arribaron a América la malanga o guagúí se conocía desde el sur de México hasta Bolivia, pero probablemente su cultivo era más intenso en Las Antillas. La domesticación pudo haber ocurrido en varios lugares, con diferentes materiales, y estuvo fundamentada en procesos de consumo al asar y cocinar los rizomas, con lo que se eliminaban las sustancias irritantes, cristales de oxalato de calcio y saponinas, que se hallan presentes en todas las partes de la planta (11,19). La malanga se fue domesticando en la medida en que sus rizomas gozaban de mayor aceptación como alimentos. Desde América, se llevó a África occidental, que ha sido la mayor región productora; en ella desplaza a la malanga del género *Colocasia* por su mayor rendimiento, y porque puede reemplazar a los ñames (*Dioscorea* spp.) en la preparación de *fufú*, alimento muy popular en África tropical (11).

Se plantea que existen aproximadamente 40 especies nativas de la América tropical (10), las cuales se distinguen fácilmente de los clones del género *Colocasia* por las hojas peltadas de éste. Las diferentes especies se cultivan por sus rizomas u hojas comestibles, otras por su follaje ornamental que puede ser hasta jaspeado.

En Cuba se utiliza el término 'viandas' para nombrar, entre otros vegetales, a las raíces, rizomas y tubérculos tropicales comestibles, y dentro de ellos, a las plantas de los géneros *Xanthosoma* y *Colocasia* (20).

Del género *Xanthosoma* existen en Cuba dos especies: *X. cubense* (Schott) Schott (endémica) y *X. sagittifolium* (L.) Schott (21); esta última introducida en el país con diferentes nombres comunes: malanga amarilla, malanga blanca y güagüí (22,23). Esta ha sido cultivada tradicionalmente por los pequeños productores cubanos, quienes de forma natural, la seleccionaron sobre la base de las condiciones edafoclimáticas de la región y extendieron fundamentalmente los clones del grupo morado a las regiones montañosas del país, y los del grupo amarillo a aquellos suelos muy ricos en materia orgánica (24).

IMPORTANCIA Y PRINCIPALES USOS

Los clones del género *Xanthosoma* constituyen un cultivo importante en varias partes del mundo como en África y América del Sur y en términos de producción y necesidad de atención, ganan en popularidad porque, aunque la variabilidad genética a nivel mundial es menor en este género, son también, menos susceptibles a plagas y enfermedades que los clones del género *Colocasia* (25). *Xanthosoma* es el tercero en importancia entre los rizomas, raíces y tubérculos comestibles en África central y oriental y una de las más importantes como verdura (26).

En la mayoría de los mercados de América Latina, la malanga del género *Xanthosoma* se aprecia como un cultivo superior, por su sabor y textura (11).

Con la excepción de la papa (*Solanum tuberosum* L.), el boniato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) y la yuca (*Manihot esculenta* Crantz), entre otros, las raíces, los rizomas y los tubérculos han sido relativamente poco considerados desde el punto de vista de la alimentación y la nutrición. Sin embargo, las accesiones del género *Xanthosoma* presentan ventajas por su rendimiento y su aporte de energía como carbohidratos,

por su contenido de carotenos y son únicamente superados por la yuca en lo que respecta al contenido de minerales (3). Su valor nutricional es comparable al de la papa (*S. tuberosum* L.) y además, de ellos se obtiene harina y almidón, que pueden ser utilizados en las industrias textil y de alcohol industrial. Las hojas de algunas especies de malanga o guagüí son fuentes importantes de proteínas y de vitaminas (27) y se usan en la preparación de ensaladas. Los rizomas de la malanga o guagüí constituyen un valioso producto de alimentación para los pueblos de muchos países en vías de desarrollo (en particular del Suroeste africano); se consumen cocidos o fritos y son muy apreciados en la alimentación de niños y enfermos. El almidón de la malanga es de consistencia microgranular, hipoalérgico, de alta calidad y de buena asimilación. Contienen cantidades apreciables de vitamina C, la cual se ha estimado entre 7 y 9 mg 100 g⁻¹ de material fresco, también pueden contribuir a los requerimientos de vitamina B, especialmente en lo que concierne a tiamina y ácido nicotínico (27).

Las especies *X. nigrum* (Vell) Mansf. (*X. violaceum* Schott) y *X. sagittifolium* (L.) Schott forman rizomas secundarios que se utilizan como alimento. La especie *X. jacquini* Schott, conocida como 'col india' en los países de América Central, posee grandes hojas de las cuales se preparan ensaladas (4). Los grupos étnicos de Camerún preparan, procesan y consumen *X. sagittifolium* (L.) Schott en muchas formas: hervida, en fufú, entre otros (28).

El mercado de la malanga del género *Xanthosoma* requiere de productos de alta calidad y buena presentación pero, como en el caso de otros cultivos olvidados, se han hecho pocos esfuerzos para industrializarlo y diversificarlo (11).

Existen muchas variedades del género *Xanthosoma* que difieren en adaptación,

rendimiento, características de la planta, tamaño del rizoma y sabor. Para los programas de mejoramiento genético, después de crear un banco de germoplasma, los mejores cultivares deben seleccionarse sobre la base del rendimiento de rizomas y por su contenido de almidón. También las características químicas y funcionales del almidón deben ser establecidas para buscar usos específicos. Igualmente es importante la utilización de los rizomas en sistemas de producción animal (29).

En cuanto al rendimiento promedio, en la malanga del género *Xanthosoma* no es elevado comparado con otras raíces, rizomas y tubérculos. A nivel mundial, éste fluctúa entre 5-6 t ha⁻¹ de rizomas; no obstante en los países que emplean agrotecnia más moderna el rendimiento puede alcanzar entre 10 y 15 t ha⁻¹ (30,31).

En Cuba, de la malanga blanca se comen los rizomas secundarios, mientras que el rizoma principal se consume después de sometido a la acción de los rayos del sol, para que pierda la acción cáustica. Lo contrario sucede con los clones de malanga amarilla en la que se prefiere el rizoma principal y para sembrar se utilizan los rizomas secundarios; ambos son de gusto especial y delicado (22). La particularidad de que en la malanga amarilla, el rizoma principal es la parte comestible, la hace bastante afín a los clones del género *Colocasia* desde el punto de vista agronómico (18,32).

Las características agrícolas de la malanga o guagüí han contribuido a su incremento en Cuba hasta adquirir importancia económica. En este sentido se destacan los aspectos siguientes: un alto potencial de rendimiento (60 t ha⁻¹); resistencia a plagas y enfermedades; alto poder de conservación en condiciones naturales; y el tamaño extremadamente pequeño del grano de almidón (de 1 a 3 µm),

lo que permite que sea recomendada como alimento por su alta digestibilidad (4). El área plantada de clones del género *Xanthosoma* representa un 70 % del total dedicado a las aráceas en el país, con un rendimiento promedio entre 10 y 12 t ha⁻¹ (33), y junto a los de *Colocasia*, la producción en el último período 2006-2007 ha alcanzado más de 144 mil toneladas. Se prevé un incremento de más de 3 mil hectáreas del área a plantar en la próxima etapa (33).

SISTEMÁTICA Y DESCRIPCIÓN DEL GÉNERO *XANTHOSOMA*

Ubicación taxonómica

Se han informado diferentes criterios para la ubicación taxonómica del género *Xanthosoma* (5,8,34,35); sin embargo, el más actualizado parece ser el publicado (36). Dentro de las Angiospermas o plantas con flores, y particularmente dentro de las plantas monocotiledóneas, este autor sitúa a la malanga o guagüí en la siguiente posición:

Clase: Liliopsida

Orden: Alismatales

Familia: Araceae

Género: *Xanthosoma*

Especie: *Xanthosoma* spp.

Nombre común: yautía, malanga (Antillas), macal [México (Yucatán)], quiscamote (Honduras), tiquisque o quequexque (Costa Rica), yautía (República Dominicana y Guatemala), otóe (Panamá), okumo (Venezuela), uncuca (Perú), gualuza (Bolivia), malangay (Colombia); taioba, mangareto, mangarito, mangarás (Brasil); chou Caribe (Antillas Francesas); cocoyam, new cocoyam; queiquexque (México), tannia, taniera (Antillas); malanga, guagüí (Cuba) (11,29,37).

En esta familia se conoce muy poco sobre la delimitación botánica de los géneros (8), en tanto que las especies no están plenamente identificadas, sobre todo para el género *Xanthosoma*.

Este autor señala que entre los géneros comestibles de aráceas se encuentran: *Alocasia*, *Amorphophallus*, *Aserus*, *Caladium*, *Cyrtosperma*, *Colocasia*, *Monstera* y *Xanthosoma*; sin embargo, solo algunos clones de este último, sobresalen por su mayor rendimiento, valor nutritivo y aceptación.

Existe una gran diversidad de criterios en la nomenclatura específica en el género *Xanthosoma*: *X. sagittifolium* (L.) Schott es el nombre científico más utilizado para la malanga; Engler (19), incluyó a *X. caracu* Koch & Bouché y *X. atrovirens* Koch & Bouché en *X. sagittifolium* (L.) Schott. Las descripciones de Engler parecen incluir a *X. maffafa* Schott en este complejo de especies y variedades (19). Algunos autores reconocen seis especies pero para ello utilizan principalmente, las características vegetativas (38) *X. atrovirens* Koch & Bouché, *X. belophyllum* Kunth; *X. caracu* Koch & Bouché; *X. jacquini* Schott; *X. maffafa* Schott y *X. sagittifolium* (L.) Schott.

Teniendo en cuenta la diversidad de criterios para la clasificación y ubicación de los clones del género existente para estas posibles especies, algunos autores (39-42) prefirieron dejar la identificación de las accesiones a nivel genérico; sin embargo, se consideró adecuado clasificar la mayoría de las accesiones de la colección cubana de masa blanca y amarilla en *X. sagittifolium* (L.) Schott, (43-45), en correspondencia con la apreciable variabilidad clonal dentro de esta especie encontrada en Las Antillas (32), y los de masa morada, rosada y violácea en *X. nigrum* (Vell) Mansf.

También existe un consenso general de que la especie más cultivada es *X. sagittifolium* (L.) Schott, de masa blanca y que existen además otras especies económicamente importantes,

X. atrovirens Koch & Bouché de masa amarilla, *X. nigrum* (Vell) Mansf. de masa rosada o morada y *X. caracu* Koch & Bouché de masa de color blanco crema (40). Algunos autores diferencian además, *X. brasiliense* Engl. como una especie que se distingue por ser más pequeña en altura y con hojas hastadas, con lobos basales marcadamente cuadrados soportados en ángulos rectos hacia el nervio, los rizomas secundarios son muy reducidos y no se consumen; son cultivadas solamente para el consumo de sus hojas (10).

En Cuba, estudios del género *Xanthosoma* indican que una clasificación basada en uno o muy pocos caracteres morfológicos no refleja un criterio sólido sobre la verdadera variabilidad genética dentro del género, considerada prominente en el germoplasma del género *Xanthosoma* en Cuba (18, 22, 45-47).

Se plantea que todas las especies son diploides, con 26 cromosomas somáticos (11, 48, 49), aunque los criterios de la mayoría de los autores versan sobre el gran polimorfismo que existe entre los clones del género *Xanthosoma* y aunque muchos de ellos plantean la existencia de varias especies, ninguno había confirmado una clasificación específica definitiva. Estudios rigurosos realizados en la colección cubana de germoplasma de este género de plantas para la clasificación han considerado análisis citogenéticos, genético-bioquímicos y moleculares, que aportan nuevos elementos para la identificación de especies (18).

CARACTERÍSTICAS BOTÁNICAS DEL GÉNERO *XANTHOSOMA*

La malanga del género *Xanthosoma* tiene como principal característica morfológica la forma sagitada de sus hojas, con punta de lanza y lobos basales amplios, separados por una hendidura profunda en la inserción del pecíolo con el limbo, así como una acentuada vena marginal (50).

Las hojas se originan en la yema del extremo apical del rizoma principal, con un intervalo de 15 días como promedio entre la aparición de una hoja y otra, son glabras, simples, de forma acorazonada o en escudo. El pecíolo es envainador, con una longitud entre 0,3 y 1,8 m de largo y con un canal profundo (vaina) cerca de la base que llega aproximadamente hasta la mitad del pecíolo, es más ancho en la base que en la parte superior, más grueso en su centro y fino en los bordes. Presenta una arista cuyo ancho puede estar entre 0,3 y 1,0 cm de ancho.

El rizoma, que constituye el tallo principal de la malanga o guagúí, es una reserva de nutrientes y agua. Este órgano subterráneo puede tener forma cilíndrica, esférica, cónica o elipsoide; por su parte exterior, está cubierto de catáfilos de color castaño oscuro dispuestas en forma apretada que forman un anillo completo en torno al rizoma donde van insertadas las yemas. La masa es por lo general de color blanco, aunque puede ser amarillo o morado (4,18). En dependencia del cultivar se pueden producir hasta diez o más rizomas secundarios por rizoma principal, que son la parte más apetecible de la planta y superiores desde el punto de vista organoléptico; no obstante el rizoma principal es de igual valor alimenticio (44).

El ciclo de crecimiento de la planta dura entre nueve y once meses; en los primeros seis meses se desarrollan los rizomas principales y las hojas y en los últimos cuatro, el follaje permanece estable, cuando comienza a secar, los rizomas secundarios están listos para ser cosechados (11), generalmente antes de que aparezcan las inflorescencias (49).

El orden Alismatales está integrado por plantas que generalmente tienen flores cíclicas homoclamídeas o desnudas,

trímeras o dímeras, unisexuales o hermafroditas y por lo común actinomorfas, ubicadas en inflorescencias en espádice, acompañadas de una gran bráctea o espata que suele rodearlas y envolverlas para protegerlas. En la inflorescencia las flores superiores son femeninas (4). Los espádices son raramente fértiles y producen pocas semillas viables (11).

Apesar de existir metodologías para la obtención de híbridos, los clones que se emplean como comerciales en diferentes regiones del mundo responden a ecotipos locales, y hasta principios de la década de los 80 no existían técnicas recomendadas para la hibridación (51). Sin embargo, debe señalarse que la selección clonal realizada con el uso de la variabilidad espontánea, ha permitido disponer de clones con aceptables potenciales productivos, entre estos, aquellos con rizomas de masa morada, además de su alto rendimiento, poseen una mayor adaptabilidad a diversas condiciones edafoclimáticas (52).

LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS: CONSERVACIÓN, CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN

A lo largo de la historia, los recursos fitogenéticos han contribuido a la estabilidad de los agroecosistemas y han proporcionado la materia prima fundamental para el surgimiento del fitomejoramiento científico moderno; son la base de la subsistencia de la humanidad, suplen las necesidades básicas y ayudan a resolver problemas como el hambre y la pobreza. En la actualidad siguen constituyendo la base de la evolución de los cultivos, como recursos naturales que han permitido a éstos adaptarse a una infinidad de medios y aplicaciones que les permitirá responder a los nuevos factores adversos que surjan en el presente siglo (53).

Sin embargo, se han ido perdiendo principalmente por el uso inadecuado que se hace de ellos, así como por la destrucción de sus hábitats. Dada su vital importancia es necesario conservarlos para beneficio de las generaciones presentes y futuras (17).

Hoy día, es creciente la aceptación de los peligros relacionados con la pérdida irreversible de la biodiversidad en general, y de la agrobiodiversidad en particular. Se plantea que la diversidad genética en los campos de los agricultores es cada vez menor, en parte a consecuencia del desplazamiento de las variedades tradicionales por variedades modernas y cultivos introducidos, en la mayoría de los casos, altamente dependientes de insumos agrícolas y dirigidos a mercados externos. Esta situación ha provocado un renovado interés en la recolecta y conservación de este grupo de recursos genéticos vegetales (54).

Se sugiere que la diversidad sea utilizada para indicar la sumatoria de la información genética potencial conocida y desconocida y la variabilidad para indicar una porción de la diversidad capturada o disponible. Por tanto el término variabilidad genética es el indicado para el estudio de colecciones (55).

Los recursos fitogenéticos comprenden la variación genética presente, y potencialmente útil para el futuro de la humanidad. Estos incluyen las variedades tradicionales y las razas locales, los cultivares comerciales, los híbridos y otros materiales desarrollados mediante el mejoramiento, los parientes silvestres de las especies cultivadas y otros materiales que podrían usarse en el futuro para la agricultura o para beneficio del ambiente (56).

CONSERVACIÓN

La pérdida de diversidad genética en la agricultura reduce el material disponible para el uso de las generaciones presentes y futuras. Así pues, en este proceso se puede cerrar el camino a las posibilidades para el desarrollo y evolución de diversas especies. Y por otro lado, el aumento de la uniformidad puede provocar también un mayor riesgo e incertidumbre (53). En consecuencia, los recursos fitogenéticos deben conservarse, ya que constituyen el motivo fundamental en su posible utilización como fuente de variación genética potencialmente útil (56).

Los trabajos de mejoramiento genético encuentran limitaciones en determinadas zonas por el número también limitado de genotipos existentes; problema que se resuelve con los bancos de germoplasma. Algunos cultivares constituyen ecotipos locales de gran valor, gracias a su rusticidad natural, lo cual representa una ventaja con relación a otros, propios de distintas zonas (8). Los bancos de germoplasma constituyen el esfuerzo mejor orientado para reunir y mantener la diversidad genética de los cultivos y contrarrestar las constantes modificaciones de la agricultura, la perturbación de los ecosistemas y la regresión de las vegetaciones naturales (57).

Para lograr un incremento de la productividad de los cultivos, sin degradación de la base de los recursos del agroecosistema, es necesario un acceso continuo a la mayor variabilidad genética posible disponible para esos cultivos y las especies silvestres relacionadas con ellos. La amenaza de la erosión genética dio lugar a las primeras iniciativas internacionales para la creación en 1974, del Consejo Internacional de Recursos Genéticos (CIRF), entonces órgano independiente que tributaba a la secretaría de la FAO, para coordinar un programa

internacional sobre los recursos genéticos. El resultado práctico de éstos y otros acontecimientos fue un esfuerzo para recolectar y conservar recursos fitogenéticos antes de que desaparecieran. Los expertos estaban convencidos y tenían buenos motivos para ello, que disponían de muy poco tiempo para recolectar y salvaguardar esos recursos, a fin de evitar su desaparición (53).

Las colecciones de campo juegan un papel crucial en la conservación de materiales en ambientes naturales por períodos prolongados, además de que permiten su caracterización y evaluación, por lo menos durante la primera fase, así como la propagación regular y el control de los mismos. El estado de estas colecciones varía con el tamaño, nivel de reproducción, procedencia del germoplasma, su carácter nacional o institucional, así como los objetivos del trabajo (58,59).

Las especies de plantas de propagación vegetativa, con un ciclo biológico largo y con semillas de corta duración (recalcitrantes), se suelen mantener en bancos de germoplasma de campo, aunque es conveniente utilizar una combinación de técnicas de almacenamiento en lugar de depender de una sola. Dentro de este grupo, el germoplasma de raíces, rizomas, tubérculos, plátanos y bananos se conserva *ex situ* utilizando diferentes métodos, según las condiciones ambientales y los medios y conocimientos disponibles. Entre las técnicas más utilizadas figuran, además de los ya mencionados bancos de genes conservados en el campo, los bancos de semillas, los bancos *in vitro* y la crioconservación (60).

Aunque las plantas de las colecciones de campo son fáciles de caracterizar y evaluar, también están expuestas a pérdidas por el ataque de plagas y enfermedades, o a condiciones adversas como la sequía, las inundaciones, los incendios y el

viento, entre otras. Es por eso que se perfeccionan métodos alternativos complementarios como la conservación *in vitro* y se trabaja para mejorar las tecnologías apropiadas para las especies con semillas no ortodoxas y para plantas de propagación vegetativa. Lo anterior evidencia que es preciso aumentar la capacidad de conservación *ex situ* bajo condiciones rentables (53).

Los métodos de cultivo de tejidos ofrecen vías para la conservación de germoplasma de especies propagadas vegetativamente, en un espacio pequeño, libres de ataques de plagas y enfermedades, disminuyen la mano de obra y además, facilitan el intercambio de germoplasma. El tejido empleado para la conservación *in vitro* debe permitir tanto su establecimiento, como una regeneración de plantas en un amplio rango de genotipos y alta estabilidad genética (61). Debido a los altos riesgos de pérdida, un duplicado de cada clon deberá estar guardado en una colección regional (América Latina, África, Asia y el área del Pacífico) (62). Tales propósitos se inician con el estudio y la preparación del inventario de los recursos existentes. Es frecuente que la mayoría de las muestras de los bancos de germoplasma no se hayan evaluado debidamente, lo que conduce a la infrautilización de las colecciones e impide el aprovechamiento de todo su valor, de lo que se derivan unos costos de conservación elevados en relación con los beneficios obtenidos (63). Es por ello que se hace imprescindible la realización de estudios e investigaciones que contribuyan a conocer mejor el verdadero valor del patrimonio genético que se conserva. La conservación de germoplasma no significa únicamente almacenar material para las generaciones futuras, implica el manejo de información sobre el mismo, que pueda ser de interés para los usuarios actuales y potenciales (54).

CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN

Las colecciones de germoplasma, representan una fuente de genes útiles para los investigadores. Sin embargo, el manejo de grandes colecciones es una actividad costosa y compleja, particularmente para asegurar una preservación a largo plazo y por otra parte, el valor del germoplasma es más notable a partir de que se obtenga información adicional relacionada con su caracterización y evaluación (16). Cuando se hace una colección de material germoplásmico, el paso obvio y necesario es hacer una descripción morfológica cualitativa y cuantitativa para su identificación y una evaluación adecuada del material genético (64).

La medición de los caracteres cualitativos y cuantitativos que se transmiten a la descendencia del germoplasma en cualquier ambiente, se conoce como caracterización, permite determinar la similitud entre las accesiones por medio de su morfología y estudia la variabilidad en la colección. Esta variabilidad se mide con pocas o muchas variables o descriptores, cuyos datos conforman una dispersión de puntos con una dirección o vector, para determinar las distancias genéticas entre las accesiones, las que se pueden graficar de diferentes formas, pero son los dendrogramas y la dispersión de puntos en un plano cartesiano las de más fácil interpretación (65).

La caracterización de los recursos genéticos es importante para identificar rasgos potencialmente valiosos de las muestras, así como seleccionar variedades locales que se podrían utilizar directamente por los agricultores (47).

La caracterización de la variabilidad está considerada entre las líneas de investigación estratégicas a nivel mundial, debido a que es un factor decisivo en la solución de los problemas

actuales y futuros relacionados con la productividad de los cultivos comerciales, la adaptación a los cambios climáticos y el desarrollo de nuevas alternativas en la obtención de variedades mediante la utilización de métodos tradicionales y biotecnológicos (66).

EL GERMOPLASMA DEL GÉNERO XANTHOSOMA

Para el género *Xanthosoma* existe una necesidad urgente de establecer colecciones vivas e *in vitro* a nivel mundial para que el potencial genético sea evaluado con relación a los problemas y necesidades actuales. Esto significa coleccionar los cultivares conocidos en el Nuevo Mundo y en África, y explorar el norte de América del Sur en busca de posibles ejemplares silvestres, cultivares primitivos y especies afines (tales como *X. jacquini Schottii*) (11).

A finales de la década del 90, el 32,5 % del germoplasma conservado en la colección nacional de malanga del género *Xanthosoma* de Camerún, se había perdido debido al ataque de plagas y enfermedades y a la poca adaptación a las condiciones edafoclimáticas. En casos como ese, si no se desarrollan o aplican alternativas viables, el germoplasma se puede perder completamente (46).

El futuro de la malanga o guagüí —alimento de valor excepcional por sus características organolépticas y propiedades nutritivas— está en una ampliación de los mercados de exportación, en la aplicación de tecnología para diversificar su utilización y en promover un consumo intensivo en la alimentación popular de las regiones tropicales (11). Esto significa que la amplia diversidad genética presente en el género *Xanthosoma* debe ser explotada tanto en forma directa, en la evaluación de cultivares —por su resistencia a enfermedades, rendimiento y valor nutritivo—, como en el mejoramiento genético.

Todos estos elementos justifican la necesidad de encaminar los esfuerzos a profundizar en el conocimiento de tan importante género de plantas. La experiencia adquirida en Cuba sobre el cultivo, la riqueza genética conservada en la Isla y la existencia de métodos investigativos como los moleculares, constituyen motivaciones importantes para científicos, mejoradores y productores de la malanga del género *Xanthosoma* hacia el objetivo de garantizar el manejo sostenible del patrimonio genético existente; lo que incluye un mayor acercamiento a la adecuada ubicación taxonómica de todos los cultivares y a un mejor conocimiento de sus características y potencial genético, que permita lograr su empleo efectivo en los programas de mejoramiento; así como el perfeccionamiento de las estrategias de conservación de los recursos disponibles.

EMPLEO DE DESCRIPTORES EN EL ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA

En los trabajos de mejoramiento es importante la caracterización y la determinación de la estabilidad de los caracteres, es por eso que se emplean una serie de descriptores como los morfológicos, genético-bioquímicos, citogenéticos y moleculares (67,68), cada uno de ellos representa una herramienta útil, con ventajas y desventajas para el estudio adecuado de los recursos fitogenéticos.

Cuando los datos de caracterización y evaluación morfoagronómicas no son suficientes para establecer diferencias entre especies o entre accesiones, se puede recurrir a estudios cercanos al genoma, como el análisis del cariotipo, entre los que se determina el número y características de los cromosomas. También es posible estudiar directamente el genoma con

el empleo de marcadores bioquímicos (isoenzimas) y moleculares. Sin embargo, estas metodologías no evalúan el efecto del ambiente en la expresión de los genes, por lo que no sustituyen –sino que complementan– la caracterización y la evaluación morfoagronómicas (17).

ANÁLISIS MORFOAGRONÓMICO

Uno de los aspectos esenciales en los trabajos de caracterización de una especie, es su descripción desde el punto de vista de los atributos morfológicos y agronómicos para que las colecciones de recursos fitogenéticos tengan valor práctico (69,70).

Los métodos para el estudio morfológico se basan en el empleo de descriptores o caracteres cualitativos que se pueden observar a simple vista y cuantitativos que se pueden medir y se expresan en casi todos los ambientes. Estos métodos son relativamente económicos y constituyen la base de la caracterización de las plantas en los bancos de germoplasma (63,71-73).

En Cuba, las ventajas de los estudios morfoagronómicos se han demostrado en la caracterización y diferenciación de variedades de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) (74,75), accesiones de ñame (*Dioscorea* spp.) (76), accesiones de yuca (*Manihot esculenta* Crantz) (77), accesiones de boniato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) (78), accesiones de malanga isleña (*Colocasia esculenta* (L.) Schott) (79), accesiones de bananos y plátanos (*Musa* spp.) (80), entre otros cultivos.

A pesar de que estos marcadores son clásicos en las evaluaciones, ellos pueden llevar a consideraciones ambiguas e interferencias entre el marcador y el fenotipo evaluado y no representar la verdadera divergencia genética

entre los genotipos, porque los caracteres morfológicos y agronómicos son altamente influenciados por el ambiente (79).

La evaluación morfológica y agronómica de variedades, como parte del estudio de la variabilidad de un cultivo puede ser integrada con estudios más directos del genoma a través de los análisis citogenéticos, de electroforesis de enzimas, proteínas y de ADN (81), pero no podrán ser sustituidos por estas metodologías, ellos no evalúan el efecto del ambiente en la expresión de los genes (17).

ANÁLISIS CITOGENÉTICO

Los estudios citogenéticos tienen un papel importante en el conocimiento y explotación de la diversidad genética vegetal, y en particular, en aquellos estudios relacionados con el manejo de colecciones de germoplasma. La correlación entre la citología y la taxonomía comenzó a finales del siglo XIX, cuando se encontró que las especies están caracterizadas por un número estable de cromosomas, que puede diferenciarlas del resto de las especies o variedades (79). Algunos autores han propuesto criterios citogenéticos, bioquímicos y moleculares para la detección de cambios genéticos en las distintas accesiones (80), como complemento a la caracterización morfológica y agronómica de las colecciones de recursos fitogenéticos.

En las plantas, se emplean diversas metodologías para el estudio de los cromosomas, que van desde los métodos clásicos, hasta el empleo de técnicas moleculares. El establecimiento de la ploidía, por ejemplo, se realiza generalmente mediante el conteo de cromosomas, en cortes microscópicos preparados a partir de los ápices de las raíces en crecimiento activo (81). El aplastado o *squash* también es muy usado para contar los cromosomas (82).

El número cromosómico es uno de los descriptores más importantes en los trabajos de caracterización de un banco de germoplasma de raíces, rizomas y tubérculos y particularmente del género *Xanthosoma* donde caracteres morfológicos como el color de la masa han sido correlacionados con este descriptor (44,45).

Se refiere un número cromosómico de $2n=26$ para el género *Xanthosoma* (83); mientras que otros autores (32,84) encontraron un número cromosómico similar para ejemplares de *Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott de la América Tropical, lo cual fue corroborado por otros (44,45), quienes además, plantean la existencia de $2n=24$ cromosomas para *X. nigrum* (Vell) Manf (*X. violaceum* Schott), lo que coincide con lo referido en otra investigación (85).

Otros autores encontraron $2n=24$ cromosomas en un grupo de accesiones con rizomas principales y rizomas secundarios de masa rosada o morada pertenecientes a la colección cubana del género *Xanthosoma* (86,87). Estudios posteriores de las accesiones de masa blanca y de masa amarilla de esta colección, mostraron un número cromosómico de $2n=26$.

Es esencial el *status* de ploidía de la malanga del género *Xanthosoma* y su comportamiento citogenético en los programas de mejoramiento de este cultivo, donde la variabilidad genética es limitada, ya que prevalece la esterilidad masculina y femenina, atribuida principalmente a los diferentes fenómenos citogenéticos (88-91). Por esta razón, la selección citológica de los clones y la identificación de los poliploides permite planificar sistemas apropiados de mejoramiento para este cultivo de propagación vegetativa. Esto también revela las causas de la esterilidad y brinda una oportunidad para evaluar el efecto de la poliploidía sobre el rendimiento.

ANÁLISIS ISOENZIMÁTICOS

Disponer de métodos rápidos y precisos para identificar variedades que se puedan combinar con los resultados de los análisis morfológicos, sirve para apoyar los programas de mejoramiento genético, determinar las relaciones filogenéticas, ayudar en la transferencia de caracteres de interés económico y además, para evitar la duplicidad de variedades o clones en colecciones de germoplasma (92). En ese sentido, los análisis isoenzimáticos ofrecen una importante contribución a las investigaciones en el ámbito vegetal.

El descubrimiento de las isoenzimas ha permitido desde entonces la creación de marcadores bioquímicos más eficientes que los morfológicos, por lo general permiten distinguir genotipos homocigóticos de los heterocigóticos (93-95) y el análisis de sus patrones ha sido durante años el enfoque más diseminado para el estudio de la diversidad genética dentro y entre las poblaciones de plantas, ya que éstos han demostrado ser muy útiles para la identificación y clasificación de cultivares, evaluación de la variabilidad genética e identificación de genotipos, correlación de genotipos con su origen geográfico y con caracteres importantes como la calidad, respuesta al ataque de plagas y enfermedades, así como la adaptación a condiciones ambientales extremas (96,97).

Los niveles a los cuales las isoenzimas pueden ser utilizadas como sistema marcador, son fundamentalmente los niveles de individuo y especie. Esto se debe a que el polimorfismo de las alozimas se halla frecuentemente a estos niveles (98).

El uso rutinario de la electroforesis de isoenzimas supone la identificación de los sistemas tampones adecuados y la tinción de las enzimas para sistemas particulares y así poder determinar diferencias genéticas entre accesiones, información de gran valor para el análisis de los bancos de germoplasma (99). De esta forma, se puede medir la distancia genética entre individuos y poblaciones o entidades, siempre que se tenga en cuenta que pueden no detectar todas las posibles diferencias a nivel de ADN, debido a la redundancia del código genético (100), por lo que hoy en día estos estudios se complementan con marcadores a nivel del ADN (101-103).

Los marcadores proteicos están también limitados por la influencia del ambiente y de los cambios que ocurren en las diferentes etapas del desarrollo, como son la nutrición mineral, la incidencia de plagas y enfermedades y otras que pueden causar la aparición o desaparición de determinadas formas moleculares (104), por lo que se hace evidente la necesidad de llevar a cabo una rigurosa estandarización de la técnica a fin, no solo de alcanzar una alta resolución electroforética, sino también de efectuar una adecuada interpretación de los resultados obtenidos (105). Se logró detectar la presencia de posibles cambios genéticos durante el proceso de cultivo de tejidos de variedades de malanga isleña (*Colocasia esculenta* (L.) Schott) (106). A pesar del amplio uso de esta técnica en los análisis genéticos y de ser considerada como una poderosa herramienta en la identificación efectiva y eficiente de material duplicado (65), se ha encontrado una limitada información en la literatura consultada sobre el uso de la técnica de isoenzimas en el género *Xanthosoma*.

En este sentido, se señala que estas técnicas han sido usadas en Ghana para caracterizar accesiones de *Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott y *Colocasia esculenta* (L.) Schott, unido al uso de marcadores morfológicos (27,107).

En un análisis cuantitativo de las isoenzimas, se realizó la purificación y caracterización cinética de las enzimas peroxidasa y polifenoloxidasas de *X. sagittifolium* (L.) Schott) y obtuvo dos isoenzimas peroxidasa y tres isoenzimas polifenoloxidasas (108).

En una colección de trabajo con 24 clones del género *Xanthosoma*, todos con coloración rosada o morada en la masa de sus rizomas principales y secundarios, se encontraron un marcado monomorfismo en el análisis del patrón isoenzimático de peroxidasa, mientras que el patrón de esterasas resultó ser polimórfico (76,77).

ANÁLISIS MOLECULAR

Se plantea que las principales alternativas para la diferenciación de las accesiones están basadas fundamentalmente en el análisis del origen geográfico, de la morfología, del cariotipo y de las proteínas e isoenzimas (16); sin embargo, estos criterios, a pesar de su amplio uso pueden ser influenciados en mayor o menor medida, por factores ambientales, por el estado de desarrollo de la planta y tienen una limitada cobertura del genoma, por lo que revelan solo parte de la variación genética.

Lo anterior, unido a la problemática de identificar formas silvestres, principales fuentes de nuevos genes o de identificar materiales comerciales, lleva al uso de descriptores moleculares, los que constituyen una herramienta valiosa para la identificación rápida y precisa de estos materiales para los fines referidos (109-111) y para complementar la caracterización de la diversidad cultivada (54).

La tecnología de marcadores moleculares está compuesta por métodos útiles y confiables para discernir variaciones dentro de las colecciones de germoplasma, para estudios de relaciones evolutivas en poblaciones, así como, análisis del origen de las plantas cultivadas (16, 54, 112).

Estas técnicas han resultado provechosas, para la estimación de la diversidad genética dentro de especies y entre ellas, como un elemento esencial en la identificación y clasificación clonal, en la construcción de mapas genéticos, estudios ecológicos, monitoreo de la estabilidad genética en materiales propagados por cultivo *in vitro* e identificación de mutantes (113-116).

Se han usado también, en la identificación y selección de genes vinculados a caracteres cualitativos y cuantitativos de interés para programas de mejoramiento mediante la detección del polimorfismo del ADN (16,54). En los últimos años, su uso en la actividad conservacionista del germoplasma aumentó y cabe esperar que continúe esa tendencia en la medida en que aparezcan nuevos productos biotecnológicos y se establezcan medidas para su producción legal (116).

Entre los marcadores de ADN, la tecnología RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) desarrollada en 1990 (117) a partir de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) (con cebadores no específicos) es muy usada en investigaciones genéticas por su rapidez, sencillez, bajo costo y por requerir de poca cantidad de muestra para el análisis (117-119).

A pesar de sus limitaciones dada su naturaleza dominante, los marcadores RAPD pueden ser utilizados para evaluar el índice de fijación y los parámetros genéticos de una población cuando se utiliza el análisis estadístico apropiado (27). Esta tecnología de avanzada ha sido empleada para eliminar duplicados y estimar diversidad

entre las especies, así como, monitorear y localizar nuevas fuentes de variación genética en estudios de polimorfismo y en la caracterización de especies. Ha sido empleada además, para la identificación de cultivares y para el análisis del genoma vegetal en genética de poblaciones, sistemática y filogenia.

Aunque la técnica RAPD no es siempre reproducible, detecta un gran número de marcadores y puede facilitar el mapeo de genes y la identificación de híbridos (27). Se valoraron la diversidad y la estructura genética de 70 accesiones de *X. sagittifolium*, (L.) Schott) con el uso de marcadores RAPD con vistas a obtener información sobre la diversidad genética del cultivo en Ghana, por ser ésta una limitante para la mejora genética del género *Xanthosoma* en este país (27). Las accesiones no se agruparon en sus distintas regiones geográficas, lo cual sugiere que puede haber ocurrido un movimiento de germoplasma entre estas zonas. Estos resultados mostraron la utilidad de esos análisis para evaluar el flujo de genes entre especies y para el estudio de la variabilidad presente en las distintas regiones.

CONSIDERACIONES GENERALES

Por todo lo explicado anteriormente, se hace necesario profundizar en el estudio de la variabilidad del género *Xanthosoma* Schott hasta lograr una correcta clasificación específica de los cultivares y parientes silvestres presentes en los ecosistemas cubanos, si se tiene en cuenta que en Cuba, la malanga de este género goza de la preferencia de la población y es fundamentalmente utilizada en la alimentación de niños, ancianos y enfermos con afecciones digestivas.

Investigaciones realizadas en la colección cubana de germoplasma de malanga *Xanthosoma* spp. demostraron la presencia en Cuba de cinco especies cultivadas de este género, con una variabilidad apreciable de *X. sagittifolium* L., si se tiene en cuenta que su propagación ha sido a través de los rizomas o fracciones de éstos por mucho tiempo, lo que ha provocado la pérdida de su capacidad de reproducirse sexualmente. Los cultivares de esta especie representan casi la totalidad de la composición varietal de los diferentes escenarios productivos cubanos, lo que indica que el mejoramiento ha estado presente, tanto el natural como el inducido.

Muchos cultivares rara vez o nunca producen inflorescencias. Esta puede ser la causa de que en las especies *X. nigrum* (Vell) Manf. (*X. violaceum* Schott), *X. atrovirens* y *X. brasiliense* la variabilidad presente en Cuba sea mucho menor que en *X. sagittifolium*. La malanga (*Xanthosoma* spp.) es una planta alógama y presenta protoginia por lo que rara vez produce semillas. Sus inflorescencias se forman de la espata que rodea el espádice cuya estructura es distintiva de las aráceas.

La mejora de la malanga (*Xanthosoma* spp.) se ha quedado rezagada con respecto a otros cultivos, como la yuca (*Manihot esculenta* Crantz), el ñame (*Discorea* spp.), papa (*Solanum tuberosum* L.) y batata (*Ipomea batatas* (L.) Lam.). Esto se debe al tipo de inflorescencia y a los problemas de germinación de la semilla. Por todo lo expuesto, es importante seguir proporcionando investigaciones, teniendo en cuenta que los efectos adversos del cambio climático son cada vez más notables, por tanto será mayor la necesidad de contar con fuentes potenciales de alimentos que estratégicamente permitan enfrentar la escasez de alimentos.

CONCLUSIONES

- ◆ La conservación de la biodiversidad es estratégica para satisfacer las demandas de la población mundial, de ahí que los bancos de germoplasma ofrezcan una respuesta a la necesidad de conservar el patrimonio genético vegetal.
- ◆ Las raíces, rizomas y tubérculos cumplen en su mayoría con los requisitos de especies que permiten un abastecimiento de alimentos a bajo costo, protección de los recursos naturales, equidad y alivio de la pobreza; entre ellos, la malanga del género *Xanthosoma* (guagüí).
- ◆ En Cuba, los cultivares del género *Xanthosoma* son los de mayor importancia en la preferencia de la población, por tanto en el incremento de su producción juega un papel primordial una estrategia adecuada en el mejoramiento genético del cultivo a partir de una amplia fuente de variabilidad representada por su germoplasma.
- ◆ La situación taxonómica del género *Xanthosoma* es compleja y confusa a nivel mundial a pesar de los diversos intentos realizados para la clasificación e identificación del germoplasma.
- ◆ La evaluación de las características morfoagronómicas no es suficiente para establecer diferencias entre especies o entre accesiones; se debe recurrir a estudios más directos del genoma, como el análisis del cariotipo que permite conocer el número y estructura de los cromosomas, y el empleo de marcadores bioquímicos y moleculares.
- ◆ Los estudios realizados en la colección cubana de germoplasma del género *Xanthosoma* Schott representan una contribución a nivel internacional en el tema de los recursos fitogenéticos del mencionado género de Aráceas mediante la integración de datos morfoagronómicos, de cromosomas e isoenzimas.

BIBLIOGRAFÍA

1. Goedert C. Biodiversidad y recursos fitogenéticos. Infomusa. 1996;12(1):8–9.
2. Hidalgo R. Variabilidad genética y caracterización de especies vegetales. In: Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos (Franco, TL e Hidalgo, R., Eds.). Boletín técnico. Cali, Colombia: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI); 2003. p. 2–26.
3. Polanco D. Tendencias recientes y notas preliminares sobre perspectivas de las raíces y tubérculos en América Latina y el Caribe. I. Caso yuca (*Manihot esculenta* Crantz) en Venezuela. In Memorias Primer Seminario Venezolana sobre Plantas Agámicas Tropicales. Centro de Investigaciones de Plantas Agámicas Tropicales. Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela; 2000. p. 123–44.
4. López M, Vázquez E, López R. Raíces y tubérculos. Ciudad de La Habana, Cuba: Pueblo y Educación; 1995. 312 p.
5. INIVIT-ACTAF. Instructivo técnico del cultivo de la malanga : género *Xanthosoma*. 1ra Edición. Asociación Cubana de Técnicos Agrícolas y Forestales ; Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales.; 2007.
6. Milián M, Sánchez I, Morales A, Beovides Y, Xiques X, Román MI, et al. Manejo sostenible de los recursos genéticos de las raíces y tubérculos tropicales en Cuba. 2002. (Informe final Proyecto 01500028 del Programa Nacional de Mejoramiento y Recursos Fitogenéticos, Ministerio de Ciencia, Tecnología y Medio Ambiente CITMA).
7. Roig JT. Las especies y variedades de malanga cultivadas en Cuba. Stgo. de las Vegas: EA. 1913;21.
8. Gómez N. Germoplasma de Aráceas Alimenticias en Colombia. Universidad del Valle. Facultad de Ingeniería. Departamento de procesos Químicos y Biológicos. Sección de Alimentos. Cali. Colombia. 1983;56–90.
9. León J. Botánica de los cultivos tropicales. San José, Costa Rica: IICA; 1987. 445 p.
10. Purseglove JW. Tropical Crops Monocotyledons. Araceae. Copublished in the United States with John Willey y Sons, Inc. New York: Longman Cientific & Technical.; 1988. 58–74 p.
11. Giacometti DC, León J. Tannia, yautia (*Xanthosoma sagittifolium*). In: Hernando Bermejo J E, León J, editors. Neglected crops: 1492 from a Different Perspective. Rome, Italy: Plant Production and Protection Series N0 26 FAO; 1994. p. 253–8.
12. Xuan Thu, Nhi. Utilización de la técnica RAPD para la identificación y clasificación de algunos cultivares de banano en Vietnam. Red Internacional para el Mejoramiento del Banano y el Plátano, Montpellier (Francia).; 2002.
13. Vicente MC de. Tecnologías de marcadores moleculares para estudios de diversidad genética de plantas módulo de aprendizaje. Lima: IPGRI; 2004.
14. Ortiz J. Las isoenzimas y la resolución de problemas filogenéticos y evolutivos [Tesis de Doctorado]. [España]: Curso de Especialización en Recursos Fitogenéticos; 1998.
15. Tugume AK, Lubega GW, Rubaihayo PR. Diversidad genética de los bananos de altiplanos de África Oriental utilizando AFLP. Infomusa. 2002;11(2):28–32.
16. Cornide Hernández MT. Marcadores moleculares: nuevos horizontes en la genética y la selección de las plantas. Editorial Félix Varela; 2002. 366 p.
17. Jaramillo S, Baena M. Material de apoyo a la capacitación en conservación *ex situ* de recursos fitogenéticos. Cali, CO: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos; 2003. 210 p.
18. Milián Jiménez M. Caracterización de la variabilidad de los cultivares de la colección cubana de germoplasma del género *Xanthosoma* (Araceae) [Tesis de Doctorado]. [La Habana, Cuba]: Facultad de Biología, Universidad de La Habana -(INIVIT); 2008. 122 p.

19. Mandal RC. Tropical root and tuber crops: Cassava (Tapioca), sweet potato, aroids, yams, yam bean, coleus. India: Jodhpur, Agrobios; 2006. 360 p.
20. Rodríguez A. Caracterización y evaluación de la colección nacional de Malanga (*Colocasia esculenta*) [Tesis de Ingeniero Agrónomo]. VCLV, Villa Clara; 1991. 100 p.
21. Arias GI. Araceae. Fascículo 1/1. In: Manitz, H, editor. Flora de la República de Cuba. Federal Republic of Germany: Koeltz Scientific Books. Koenigstern; 1998. p. 46.
22. Roig JT. Diccionario Botánico de nombres vulgares cubanos. LL-Z. 3ra Edición. Vol. Tomo II. La Habana: Editorial Científico Técnica; 1988.
23. León JSSH, Alain HALH. Flora de Cuba Volumen II [Internet]. Vol. 10. Contr. Ocas. Mus. Hist. Nat. Colegio "De la Salle"; 1951. Available from: <http://repositorio.geotech.cu/jspui/handle/1234/362>
24. Cuenco A, De Armas C, Gálvez H. Comparación de siete clones de malanga (*Xanthosoma* spp.) [Tesis para optar por el título de Técnico Agrónomo]. IPA "Martín Torres"-INIVIT; 1987.
25. Global Crop Diversity Trust. Edible Aroid Conservation Strategies. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the UN, Viale delle Terme di Caracalla; 2007. Report No.: 00100.
26. Bioversity International. Edible Aroid Conservation Strategies. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the UN, Viale delle Terme di Caracalla; 2007. Report No.: 00100.
27. Offei SK, Asante IK, Danquah EY. Genetic structure of seventy cocoyam (*Xanthosoma sagittifolium*, Linn, Schott) accessions in Ghana based on RAPD: Genetic structure of cocoyam accessions based on RAPD. Hereditas. 2004;140(2):123–8. doi:10.1111/j.1601-5223.2004.01725.x
28. Tandehnjie J. Comparison of the crude protein and moisture contents of leaves and petioles among cocoyam (*Xanthosoma sagittifolium*) accessions. Research Report submitted to ITA, University Center, Dschang; 1990.
29. FAO. Valor nutritivo y usos en alimentación humana de algunos cultivos autoctonos subexplotados de mesoamerica [Internet]. Oficina Regional de la FAO para América Latina y el Caribe; 1993. 115 p. Available from: <https://books.google.com/cu/books?id=UZaDXwAACAAJ>
30. Ustimenko G, Bakumovski V. Tubérculos feculentos. In: El cultivo de plantas tropicales y subtropicales. MIR, Moscú; 1982. p. 162–224.
31. FAO. Anuario FAO Producción 2003/FAO. Roma: FAO; 2004 p. 260.
32. Rodríguez A. Botánica aplicada. Memoria 1969-1975. Ministerio de la Agricultura. Centro de Mejoramiento de Semillas Agámicas; 1979. 198 p.
33. Oficina Nacional de Estadísticas. Cuba Sector Agropecuario. Indicadores seleccionados.-Enero-Septiembre 2017 [Internet]. 2018 [cited 2018 May 2]. Available from: <http://www.one.cu/mensual-principalesindicadoresagropecuario.htm>
34. Gola G, Negri G, Cappelletti C. Tratado de botánica. Rev. Instituto del Libro; 1965.
35. Hernández R. Cultivo de Yautía. Guía Técnica No. 27. Fundación de Desarrollo Agropecuario, Inc República Dominicana.; 1996.
36. Judd WS, Campbell CS, Kellogg EA, Stevens PF. Plant systematics a phylogenetic approach. Sunderland, Massachusetts USA: Sinauer Associates, Inc; 1999. 464 p.
37. Montaldo A. Cultivo de raíces y tubérculos tropicales. San José, Costa Rica: IICA; 1991. 71–90 p.
38. Haudricourt A. Les colocaseis alimentaires. Rewee inte matinale de Botanique Appliquie et agriculture tropical. 1941;21(233–234):40–65.
39. Neal MC. In Gardens of Hawai. Spec. Publ. Bernice P. Bishop Museum; 1948. 805 p.
40. Cordero M. Origen y clasificación de la Yautía. In :Curso de adiestramiento en el cultivo de la yautía Sec. De Estado de Agricultura, Dpto. de Producción. Dpto. de Investigaciones Agropecuaria; 1975.
41. George S. Sinopsis de las Araceae de Venezuela.:[Synopsis of araceae of Venezuela]. Revista de la Facultad de Agronomía-Universidad Central de Venezuela (Venezuela)..(Dic. 1979;10(1–4):139–343.
42. Milián Jiménez M. Caracterización morfoagronómica, citogenética e isoenzimática del germoplasma del género *Xanthosoma* (Araceae). [Tesis presentada en opción al título de Máster en Biología Vegetal]. [La Habana Cuba]: Fac. de Biología, Universidad de La Habana - Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales (INIVIT); 2001. 122 p.
43. García M. La conservación de los recursos genéticos: algunos apuntes sobre la importancia del germoplasma cubano en Viandas Tropicales. Memorias 1969-1975. Vol. 1975. Santo Domingo, Villa Clara. Cuba.: CEMSA, Ministerio de la Agricultura. Centro de Mejoramiento de Semillas Agámicas "Fructuoso Rodríguez"; 1979. 282 p.
44. Cordero M. Origen, distribución y clasificación botánica de la Yautía. In Curso Nacional de Yautía La Herradura. Santiago de los Caballeros, R. D: FAO; 1986. p. 1–5.
45. García M. Generalidades sobre el cultivo de la malanga *Xanthosoma*. In Villa Clara, INIVIT; 1990. p. 6.
46. Tambong JT, Ndzana X, Wutoh JG, Dadson R. Variability and germplasm loss in the Cameroon national collection of cocoyam (*Xanthosoma sagittifolium* Schott (L.)). Plant Genetic Resources-Newsletter. 1997;112:49–54.
47. Rodríguez Morales S, García García M, Milián Jiménez M, Sánchez Ramos I. Establishment, maintenance and use under field conditions of Cuban germplasm of tropical root and tuber crops and banana and plantain. In: Florent E, editor. Management of field and *in vitro* germplasm collections. Proceedings of a consultation meeting. Rome, Italy: IPGRI; 1999. p. 25–9.
48. Hawkes JG. The diversity of crop plants. Harvard University Press Cambridge; 1983 p. 184.
49. León J. Proceeding of the fourth. In: Cock J, MacIrtre and Graham, editors. 1976. p. 1–7.
50. Coursey DC. The edible aroids. World Crops 20; 1968. 25–30 p.

51. IITA. Land preparation and planting in cocoyams. 1982 p. 199–201. (Tuber and Root Crops Production Manual.). Report No.: Manual Series No. 0.
52. Milián Jiménez M, Sánchez I, Morales A, Beovides Y, Xiques X, Román MI, *et al.* Tecnología para el manejo sostenible de los recursos fitogenéticos de especies de importancia económica en Cuba. Programa y resúmenes. In :XIV Congreso Científico . Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA) La Habana , Cuba; 2004. p. 178.
53. FAO. Conservación y utilización sostenible de los recursos fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura. Plan de Acción Mundial. 1996. (Informe sobre el estado de los Recursos Fitogenéticos en el Mundo).
54. Gómez-Alpizar L. La biotecnología como herramienta para la conservación y uso de la diversidad cultivada. In: García JE, editor. La biodiversidad cultivada. II Seminario Nacional de Semillas Criolla ,San José, Costa Rica; 2000.
55. Rojas W. Análisis multivariado en estudios de variabilidad genética. In: Franco, T. L., Hidalgo, R, editors. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. Cali, Colombia: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI); 2003.
56. Vicente MC, Fulton T. Tecnologías de marcadores moleculares para estudios de diversidad genética de plantas: Módulo de aprendizaje. IPGRI-CORNELL UNIVERSITY; 2003. 89 p.
57. Debouk GD. Proyectos de Recolección de Germoplasma de Phaseolus en México. 1981. (Informe CIAT-INIA 1978-1979).
58. Perret PM. Background paper on field genebank, Musa Conservation and Documentation Proceedings of a Workshop. INIBAP. International Network for the Improvement of Banana and Plantains. Montpellier. 1990;19–20.
59. Acosta R. Caracterización citogenética, morfoagronómica y genético-bioquímica de diez clones de plátano burro (*Musa* spp., Grupo ABB) [Tesis de Diploma]. [La Habana ,Cuba]: Universidad de La Habana; 1999. 99 p.
60. Hanson J. Methods of storing tropical root crop germplasm with special reference to yam. Vol. 64. IBPGR -FAO; 1986. 24–32 p.
61. Withers L. Tissue culture for genetic conservation IBPGR Report. Rome. Italy. 1988;91.
62. Tezenas du Montcel H, Perret P. Proposals for an efficient network on Musa conservation. In Musa: conservation & documentation. Proceedings of a workshop, Leuven, Belgium; 1990 [cited 2018 Apr 17]. p. 31–4. Available from: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/19921632528>
63. FAO. Informe sobre el Estado de los Recursos Fitogenéticos en el Mundo. Preparado para la Conf. Técn.. Internac. sobre los Recursos Fitogenéticos. Leipzig, Alemania; 1996 p. 75.
64. Enriquez GA. Relación de los recursos fitogenéticos con otras ciencias. In: Castillo, R, Estrella J, Tapia C, editors. Técnicas para el manejo y uso de los recursos fitogenéticos. Quito , Ecuador: Dpto de Recursos Fitogenéticos. Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias; 1991. p. 314.
65. Ligarreto GA. Análisis de la variabilidad genética en frijol. In: Franco, T. L., Hidalgo, R, editors. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos - Boletín Técnico IPGRI No. 8. Cali, Colombia: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI); 2003. p. 40–9.
66. Karp A, Skresovich KV, Bhat WGA, Hodkin T. Molecular Tools in Plant Genetic Resources Conservation: A Guide to the Technologies. Bulltin, No. 2. IPGRI Technical Bulltin, No. 2; 1997. 47 p.
67. Jenny C, Carrel F, Tomekpe K, Perrie K, Dubois C, Perry JP, *et al.* Les bananiers. In: Hamon, P, editor. Diversité genetique des plantes tropicales cultivees. Montpelier: CIRAD; 2000. p. 113–39.
68. Suprasanna Penna, László Sági, Swennen R. Positive selectable marker genes for routine plant transformation. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant*. 2002;38(2):125–8. doi:10.1079/IVP2001272
69. Valls JFM, Maass BL, Lopes CR. Recursos genéticos de Arachis silvestre y diversidad genética. In: Kerridge, PC, editor. Biología, Agronomía de especies forrajeras de Arachis. CIAT; 1995.
70. Chávez JL. Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica. Boletín Técnico IPGRI ; No: 8; 2003 p. 72–7.
71. Makumbi D, Rubaihayo PR. Evaluation of Uganda highland banana germplasm African. Crop Science. Kampala (UGA). 1995;1:183–7.
72. De OS, Silva E, De Matos AP, Shepherd K. Mejoramiento de bananos diploides (AA) en EMBRAPA/CNPMP. INFOMUSA. 1997;6(2):21–2.
73. I P G R I - I N I B A P / C I R A D . Descriptores para el banana (*Musa* spp.). Roma, Italia: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos; 1996. 55 p.
74. Shagardsky T. Caracterización de la variabilidad del germoplasma de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) conservado ex situ en Cuba. Su presencia y distribución *in situ*. [Tesis en opción al título de Maestro en Ciencias Biológicas]. Facultad de Biología, Universidad de La Habana -(INIFAT); 2006. 111 p.
75. Florido M. Análisis de la variabilidad presente en el germoplasma de tomate (*Lycopersicon* spp.) conservado *ex situ*. [Tesis de Doctorado]. [La Habana ,Cuba]: Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas; 2007. 105 p.
76. Sanchez I, Milián M, Rayas A, Rodríguez S, Corrales A, Guerra D, *et al.* Caracterización morfológica y evaluación preliminar de la colección cubana de ñame (*Dioscorea* spp.). Centro Agrícola. 2002;29(4):30–6.
77. Milián Jiménez M, Sánchez Ramos I, Rodríguez Morales S, Ramírez Pedraza T, Cabrera Jova Teresa, Manuel MV, *et al.* Caracterización, evaluación y conservación de la colección cubana de germoplasma de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). In: Carvalho, Luiz JCB; Thro, Ann Marie; Vilarinhos, Alberto Duarte (eds.). International Scientific Meeting Cassava Biotechnology Network (4, 1998, Brasilia, Brasil). Cassava biotechnology: Proceedings. 1998. p. 62–6.

78. Sánchez Ramos I, Milián Jiménez M, Cabrera Jova M, Morales Tejón A. Listado de descriptores y descripción del germoplasma de *Ipomoea batatas* (L.) Lam. Determinación de duplicados. Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales; 1997. 35 p.
79. Rodríguez A. Estudio de la variabilidad en el germoplasma de *Colocasia esculenta* (L.) Schott en Cuba [Tesis de Doctorado]. Universidad de La Habana; 2001. 106 p.
80. Román MI. Estudio de la diversidad genética en accesiones de bananos y plátanos (*Musa* spp.) en Cuba [Tesis de Doctorado]. Facultad de Biología. UH; 2004. 127 p.
81. Brown A, Bertke A. Cytology. Edición revolucionaria. Instituto Cubano del Libro; 1969. 607 p.
82. Withers LA, Williams JT. *In vitro* conservation, research highlight. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy; 1986. 91 p.
83. Osuji JO, Okoli BE, Ortiz R. An improved procedure for mitotic studies of the Eumusa section of the genus *Musa* (*Musaceae*). Infomusa. 1996;5(1):12-4.
84. Sandoval JA, Escoute J. Aspectos citológicos y descripción de una metodología para el conteo de los cromosomas en el género *Musa*. CORBANA San José Costa Rica. 1997;21(45):51-6.
85. Marchant CJ. Chromosome variation in Araceae: V. Acoreae to Lasieae. Kew Bulletin. 1973;28:199-210.
86. Darlington CD, Wyllie AP. Chromosome atlas of flowering plants. George Allen & Unwin; 1955. 519 p.
87. Darlington CD. Mendel and the determinants. In: Genetics in the 20. Century. New York.; 1951.
88. Lugo Y. Caracterización citogenética e isoenzimática de clones de la colección cubana de malanga *Xanthosoma* [Tesis de Diploma]. Universidad de Oriente, Santiago de Cuba.- INIVIT, Santo Domingo, Cuba; 1996. 41 p.
89. Rayas A, Landa R, Lugo Y, Milián M, Albert J. Caracterización citogenética e isoenzimática de 24 clones de malanga (*xanthosoma* spp.), [cytogenetic and isoenzymatic characterization of dasheen (*xanthosoma* spp.)]. Registro Agri2000 Mega Base. 1997;
90. Bai KV. Cytogenetics. Root and tubers 23. IITA, Nigeria; 1982. 114-116 p.
91. Tanksley SD, Ortos TJ. Isozymes in Plant genetic and Breeding. Part A. Amrsterdan Elsevier; 1983. 109-138 p.
92. Gogorcena Y, Ortiz YL M. Identificación y caracterización de mandarinas y mandarinos híbridos mediante caracteres bioquímicos. Serie Prod. Vegetal. 1988;1-18.
93. Ortiz R, Ruiz-Tapia EN, Mujica-Sanchez A. Sampling strategy for a core collection of Peruvian quinoa germplasm. Theoretical and Applied Genetics. 1998;96(3-4):475-83. doi:10.1007/s001220050764
94. Lima GH. Establecimiento de métodos y técnicas auxiliares al mejoramiento Genético de los cítricos Tesis de doctorado [Tesis de Doctorado]. Universidad de la Habana; 1983.
95. Quiroz CF. Isoenzimas como marcadores genéticos para identificar híbridos en el cultivo de tejidos. In: Roca WM, Mroginski LA, editors. Cultivo de tejidos en la agricultura: fundamentos y aplicaciones. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia; 1991. p. 857-76.
96. Shoda M, Nagamine T, Terauchi T, Akamine F, Sugimoto A. Isozyme Application for Variety Identification and Progeny Hybridity in Japanese Sugarcane. Breeding Science. 1999;49(2):89-95. doi:10.1270/jsbbs.49.89
97. Nguyen XV, Yoshino H, Tahara M. Genetic Analysis of 12 Polymorphic Isozyme Loci in Taro, *Colocasia esculenta* (L.) Schott. Breeding Science. 1999;49(3):179-85. doi:10.1270/jsbbs.49.179
98. Triest L. The role of isozymes in studies of plant populations: several considerations of data obtained in water plants. Belgian Journal of Botany. 1992;125(2):262-9.
99. Simpson MJA, Withers LA. Characterization of plant genetic resources using isozyme electrophoresis: a guide to the literature: a technical report commissioned by the IBPGR Advisory Committee on *In Vitro* Storage. IBPGR, Roma (Italia); 1986.
100. Brown AHD, Clegg MT. Isozyme assessment of plant genetic resources. In: Isozymes: current topics in biological and medical research. Proc. 4th. Intern. Cong., Austin.; 1983. p. 285-95.
101. Prince JP, Pochard E, Tanksley SD. Construction of a molecular linkage map of pepper and a comparison of synteny with tomato. Genome. 1993;36(3):404-17. doi:10.1139/g93-056
102. Stalker HT, Phillips TD, Murphy JP, Jones TM. Variation of isozyme patterns among *Arachis* species. Theoretical and Applied Genetics. 1994;87(6):746-55. doi:10.1007/BF00222901
103. Suh HS, Sato YI, Morishima H. Genetic characterization of weedy rice (*Oryza sativa* L.) based on morpho-physiology, isozymes and RAPD markers. TAG Theoretical and Applied Genetics. 1997;94(3-4):316-21. doi:10.1007/s001220050417
104. Iglesias L. Aplicación de la técnica electroforética en el manejo de los recursos fitogenéticos. In Conferencia; 1988. p. 6.
105. González C. Comportamiento genético -bioquímico de la Lima persa _ SRA-58 (*Citrus latifolia* Tan.) sobre diferentes patrones en Cuba [Opción Candidato a Doctor en Ciencias Biológicas]. [Cuba]: Facultad de Biología, Universidad de La Habana; 1989.
106. Warne R, Strauss MS. Use of isoenzymes for the determination of genetic variability from tissue culture and between cultivars of taro. *Colocasia esculenta*. In: 7. Symposium of the International Society for Tropical Root Crops, Gosier (France). INRA; 1985.
107. Aguegia A, Fatokun CA, Hahn SK. Leaf protein analysis of ten Cocoyam (*Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott and *Colocasia esculenta* (L.) Schott genotypes. In: Proc of the Fifth Symposium ISTRC-AB; 1994. p. 348-53.

108. Guadarrama A. Purificación y caracterización cinética de las enzimas peroxidasa y polifenol oxidasa del ocumo (*Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott) [Tesis de Doctorado]. Comisión de Estudios de Postgrado Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela; 1990.
109. Canales E, Cornide M T, Calvo D, Gálvez G, Ramos Leal M, Coto O. Molecular diversity in a group of sugarcane varieties. In Proc. of the XXIIISSCT. Congress. N. Delhi, India; 1999.
110. Cornide MT. Molecular characterization of the sugarcane variability for genetic improvement. In: Arencibia A, editor. Plant Genetic Engineering Toward The Third Millenium: Elsevier Science B. V; 2000. p. 49–61.
111. Cornide MT, Coto O, Calvo D, Canales E, Prada E, Oramas GP. Molecular markers for the identification and assisted management of genetic resources for sugarcane breeding. *Plant Varieties & Seeds*. 2000;13(2):113–23.
112. Gepts P. The Use of Molecular and Biochemical Markers in Crop Evolution Studies. In: Hecht MK, MacIntyre RJ, Clegg MT, editors. *Evolutionary Biology* [Internet]. Boston, MA: Springer US; 1993 [cited 2018 Apr 13]. p. 51–94. doi:10.1007/978-1-4615-2878-4_3
113. Kazan K, Manners JM, Cameron DF. Genetic variation in agronomically important species of *Stylosanthes* determined using random amplified polymorphic DNA markers. *Theoretical and Applied Genetics*. 1993;85(6–7):882–8. doi:10.1007/BF00225033
114. Cloutier S, Landry BS. Molecular markers applied to plant tissue culture. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant*. 1994;30:32–9. doi:10.1007/bf02632117
115. Beovides Y. Detección de variabilidad genética en clones de yuca (*Manihot esculenta* Crantz) obtenidos por diferentes métodos de propagación. [Universidad de La Habana]: Tesis de Maestría; 2001.
116. Ramser J, Weising K, Terauchi R, Kahl G, Lopez-Peralta C, Terhalle W. Molecular marker based taxonomy and phylogeny of Guineayam (*Dioscorea rotundata* – *D. cayenensis*). *Genome*. 1997;40(6):903–15. doi:10.1139/g97-117
117. Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*. 1990;18(22):6531–5. doi:10.1093/nar/18.22.6531
118. Welsh J, McClelland M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*. 1990;18(24):7213–8. doi:10.1093/nar/18.24.7213
119. Caetano-Anollés G, Bassam BJ, Gresshoff PM. DNA amplification fingerprinting using very short arbitrary oligonucleotide primers. *Bio/Technology* (Nature Publishing Company). 1991;9(6):553–7. doi:10.1038/nbt0691-553

Recibido: 4 de septiembre de 2017

Aceptado: 28 de marzo de 2018