

RESUMEN

En el presente trabajo se ha realizado una caracterización molecular y morfo-agronómica, de accesiones procedentes del Líbano y otros países del Oriente Medio, que forman parte del Banco Mundial de Germoplasma de Olivo (BGMO-IFAPA) del Centro 'Alameda del Obispo' en Córdoba. La caracterización molecular se ha realizado con un nuevo conjunto de 96 marcadores denominados EST-SNPs (Expressed Sequence Site-Single Nucleotide Polymorphism). En la caracterización molecular se han incluido nuevas accesiones que están en fase de incorporación al BGMO-IFAPA. La caracterización molecular ha permitido la discriminación de 101 genotipos distintos, entre ellos 51 presentan un genotipo único. Cabe destacar que entre los genotipos únicos, 22 se han encontrado entre las accesiones que forman parte de material de recepción, es decir, que están en fase de introducción en el BGMO-IFAPA. El conjunto de marcadores ESTSNPs fue muy eficiente para discriminar los casos de sinonimia, homonimia, posibles redundancias de trabajos de prospección y errores en diferentes fases del manejo de las colecciones de origen y/o de la colección receptora en este caso el BGMO-IFAPA. El análisis de relaciones genéticas entre las variedades mostró una cierta agrupación geográfica de las variedades de la zona del estudio (Líbano y otros países del Oriente Medio) que se diferenciaron claramente de las variedades usadas como controles 'Arbequina', 'Frantoio', 'Hojiblanca', 'Koroneiki' y 'Picual'. Este resultado, junto con la agrupación de algunas variedades de tamaño de fruto grande, podrían indicar una posible selección local de las variedades de la zona del estudio, siendo probablemente el tamaño de frutos uno de los criterios de selección varietal en olivo. Además, se realizó la evaluación agronómica de las variedades que incluyó la determinación de los caracteres de fruto. Al igual que en la caracterización molecular, los resultados de nuestro estudio revelaron una amplia diversidad agronómica y comparable con estudios anteriores en el BGMO-IFAPA. Los resultados generados por el análisis de la distribución de la varianza ANOVA indicaron que la mayor parte de la varianza fue debida a la variedad, dado que este factor tuvo más del 74% del porcentaje de suma de cuadrados en todos los casos. También se han observado altas correlaciones entre muchos de los parámetros de fruto evaluados, lo que sugiere la posibilidad de reducir así el número de parámetros a medir.

ABSTRACT

In the present work, a molecular and morpho-agronomic characterization of olive accessions of the World Olive Germplasm Bank (BGMO-IFAPA) has been performed. Those accessions came from Lebanon and neighbor countries. Molecular characterization has been performed using 96 EST-SNPs (Expressed Sequence Site-Single Nucleotide Polymorphism) markers that are being recently introduced in the identification scheme of the BGMO-IFAPA. This molecular characterization included some accession pending of being planted on the BGMO orchard. This molecular characterization allowed the identification of 101 different genotype, with 51 of the showing a unique genotype. Among the unique genotypes, 21 belonged to the accession set that is pending of being planted at BGMO-IFAPA. The set of 96 EST-SNP marker was very efficient at uncovering synonyms, homonyms, possible redundancies and different management errors from the original and/or recipient collection. The analysis of the genetic relationships among cultivars studied showed certain clustering by geographic origin of the region studied (Lebanon and neighbor countries), that were clearly separated from the cultivars used as controls, i.e., 'Arbequina', 'Frantoio', 'Hojiblanca', 'Koroneiki' and 'Picual'. This together with certain observed clustering by fruit size, might indicate the occurrence of local selection partly drive by the mentioned fruit size. The morpho-agronomic evaluation performed showed also a great diversity, comparable to previous evaluations of the BGMO-IFAPA. In this way the ANOVA analysis showed that more than 74% of the sum of squares was due to cultivar influence. The high correlation among the morpho-agronomic traits suggest that, in future studies, the number of parameters to be measured could be reduced.