

ESTUDIO GENÉTICO ENTRE LAS DISTINTAS ACCESIONES LOCALES DE OLIVO (*OLEA EUROPAEA* L.) EN LA COMUNIDAD DE ARAGÓN

**C. Font i Forcada², A. Fernandez i Marti², R. Socias i Company¹, J. Viñuales³, J.M. Gonzalez³,
A. Oriol⁴, M.J. Rubio-Cabetas¹**

¹ Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Unidad de Hortofruticultura, Av. Montañana 930, 50059 Zaragoza.

² Genome Center - University of California, Davis. 451 Health Sciences Dr, 95616 Davis, USA.

³ Viveros Somontano. Calle Ro Padrinal, 9, 22313 Castellazuelo, Huesca.

⁴ Cooperativa San Roque de Morata de Jalón, Pza. Agustina de Aragón, 6, 50260 Morata de Jalón, Zaragoza

Palabras clave: Olivo, Structure, SSRs, caracterización molecular, diversidad genética

INTRODUCCIÓN

Aunque el mayor productor español es Andalucía, con más del 70 % del total de toda la producción, otras regiones como Cataluña, Aragón o Extremadura son también importantes zonas productoras. A pesar de la gran diversidad varietal existente en Aragón, los cultivares locales sólo ocupan una pequeña superficie en los olivares, ya que la mayor superficie esta plantada con Empeltre y Arbequina representando casi el 80%. El 20% restante se reparte con las variedades locales como Bolvina de Belchite, Caspolina, Manzanilla, Negral de Sabiñán, Picual, Royal y Verdeña. Sin embargo, el poco uso de estas variedades locales podría provocar una erosión genética de las variedades autóctonas aragonesas. Por ello, es de gran importancia e interés realizar una exhaustiva prospección, recolección, caracterización morfológica y molecular de las accesiones de olivo aragonesas. Hasta la fecha, existe una única prospección en la CC.AA. de Aragón y su correspondiente caracterización morfológica (Viñuales, 2007). Sin embargo, la identificación varietal a través de descriptores morfológicos no es la estrategia más fiable, ya que estos caracteres se pueden ver influenciados por las condiciones ambientales (Belaj et al., 2001). Por ello, se ha llevado a cabo la caracterización con marcadores genéticos de ADN de una amplia gama de cultivares aragoneses.

MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 163 accesiones de olivo se recolectaron en tres áreas diferentes de Aragón. La mayoría de ellas (90%) fueron prospectadas en parcelas abandonadas. Cuatro de ellas, con el nombre de Acebuche, fueron consideradas como accesiones silvestres de *O. europaea* var. *sylvestris*. Además, un grupo de 36 accesiones fueron recolectadas en base a un estudio previo de cultivares locales y antiguos, que habían sido previamente seleccionados por su valor histórico y milenario, mantenidos como árboles monumentales en una finca de Morata de Jalón (Zaragoza). También se incluyeron 10 accesiones de referencia. Para llevar a cabo los estudios genéticos, se extrajo ADN de todas las muestras. Posteriormente, se realizó la amplificación del ADN mediante PCR usando cebadores del tipo microsatélite específicos para olivo (DCA9, DCA11, DCA13, DCA15, DCA18, DCA71b, GAPU59, UDO99-11, UDO99-19, UDO99-24, y UDO99-43). Para el dendrograma generado se utilizó el método de agrupamiento (UPGMA) y para la realización de la estructura poblacional se utilizó el programa estadístico *Structure*.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se analizó la población mediante *Structure*, (Figura 1) con el fin de ver la composición alélica, es decir, determinar que accesiones comparten alelos y de qué manera están distribuidos. Se di-

vidió la población de dos a cinco niveles (K), y se obtuvieron los gráficos de barras representando la estratificación de las accesiones. Los resultados mostraron que utilizando el nivel $K=2$, se alcanzó un nivel máximo de agrupamiento, representado por tres grupos diferentes. Los dos primeros grupos agruparon 109 accesiones de Huesca, con una mezcla significativa entre ellos, sugiriendo alelos compartidos. Sólo hubo una accesión de la provincia de Zaragoza agrupada dentro de las accesiones de Huesca. Curiosamente, el tercer grupo también agrupó las accesiones de las tres provincias, así pues, 9 accesiones de Teruel y 46 de Zaragoza así como algunas accesiones de Huesca, como Empeltre (recogidas en Huesca, cerca de los lugares de las otras accesiones de Zaragoza), Albás, Acebuche, Royeta de Mipanas, Royeta de Secastilla- 4, Arbequina, Verdeña o Dulce se incluyeron en este grupo.

Estos resultados muestran una clara relación entre los grupos obtenidos en base a su composición y frecuencia alélica y el origen geográfico, tal y como también se observa en otros estudios (Belaj et al., 2010).

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido cofinanciado por la ‘Consejería de Industria e Innovación’ del Gobierno de Aragón y la por ‘Obra Social La Caixa’ con el proyecto: 2012/GALC 055.

REFERENCIAS

- Belaj, A., Muñoz-Diez, C., Luciana, B., Zlatko, S. y Barranco, D. 2010. Genetic diversity and relationships of wild and cultivated olives at regional level in Spain. *Scientia Hort.* 124: 323-330.
- Belaj, A., Trujillo, I., de la Rosa, R., Rallo, L. y Giménez, M. J. 2001. Polymorphism and discrimination capacity of Randomly Amplified Polymorphic Markers in Olive Germplasm Bank. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 126: 64-71.
- Viñuales, J. 2007. Variedades de olivo del Somontano. Premio Felix de Azara Instituto de Estudios Altoaragoneses Huesca.

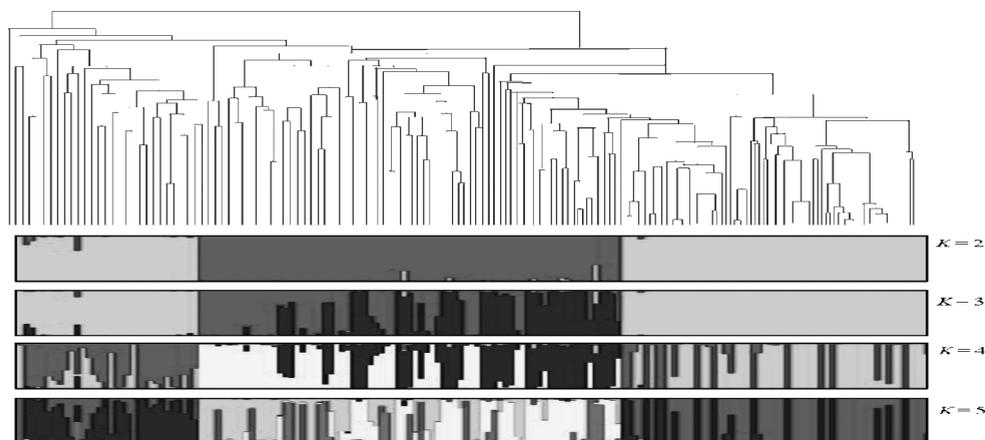


Figura 1. Dendrograma basado en el análisis de la diversidad genética de las 163 accesiones españolas de olivo, mediante el método UPGMA usando 11 SSR. (Huesca color verde, Zaragoza color rojo y Teruel color negro) y Análisis del *Structure* obtenido desde $K=2$ hasta $K=5$.