BV42

**Evaluación de la diversidad genética de la colección de olivo (INTA San Juan, Argentina) mediante marcadores morfológicos y microsatélites**

Contreras C.1, , Gentili, L.2, Mariotti R.3, Cultrera N.3, Baldoni L.3, Mousavi S.4, Pierantozzi, P.1, Maestri, D.5, Torres M.1

1. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria San Juan. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, San Juan, Argentina. 2. Universidad Nacional de San Juan, Argentina. 3. CNR – Institute of Biosciences and Bioresources, Perugia, Italy.

4. CNR – Institute for Agricultural and Forest Systems in the Mediterranean, Perugia, Italy. 5. Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas – Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

Email: contreras.cibeles@inta.gob.ar

En Argentina, al igual que en otros países del mundo, existe un extenso material genético de olivo (*Olea europaea* L.) con alto valor agronómico que aún no ha sido identificado. Conocer la variabilidad genética de esta especie es importante para el diseño de programas de fitomejoramiento, como así también para la conservación del material vegetal y para la autentificación varietal de plantas de vivero. El presente trabajo se realizó en el Campo Anexo San Martín, INTA-EEA-San Juan, Argentina el cual posee un Banco de Germoplasma de 38 cultivares de olivo. El mismo fue creado por la Corporación Nacional de Olivicultura a fines de la década del ‟50 con el objetivo fundamental de llevar a cabo tareas de experimentación e investigación tendientes a analizar la aptitud ecológica-económica de las distintas zonas olivícolas para determinar la ampliación o limitación de la superficie de cultivo a nivel nacional.

Se llevó a cabo la caracterización morfológica y molecular de los cultivares identificados como: ‘Arbequina’, ‘Empeltre’, ‘Leccino’, ‘Maurino’, ‘Grappollo’, ‘Manzanilla’, ‘Dritta’, ‘Blanqueta’, ‘Carboncella’, ‘Frantoio’, ‘Racimal’ y ‘Cornicabra’ destinados principalmente a la producción de aceite. Por una parte, se utilizaron las siguientes variables morfométricas: peso de fruto, forma del fruto, forma del ápice del fruto, forma de la base del fruto, peso del hueso y simetría de la fruta como descriptores morfológicos; mientras que para la caracterización molecular se emplearon los microsatélites (SSRs) UDO-43, DCA-09, GAPU-103, DCA-18, DCA-16 y GAPU 101, los cuales representan actualmente los más apropiados para la discriminación de los cultivares. El ADN total se extrajo a partir de hojas jóvenes utilizando el kit GeneElute Plant Genomic DNA Miniprep Kit (SIGMA) de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Su calidad fue verificada mediante cuantificación de DNA por Nanodrop. Posteriormente se llevó a cabo la amplificación mediante PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) utilizando los microsatélites mencionados. Los datos morfólogicos obtenidos fueron comparados con la base de datos “OLEA databases”, mientras que los moleculares con la base de datos del Instituto CNR-IBBR (Perugia, Italia).

Los resultados (morfológicos y moleculares) indicaron una correcta identificación de los cultivares ‘Arbequina’, ‘Blanqueta’, ‘Empeltre’, ‘Leccino’ y ‘Maurino’. Por otro lado, se comprobó que los restantes cultivares no estaban bien identificados, determinándose así las siguientes correspondencias: cv Grappollo con cv. Leccio del Corno; cv. Manzanilla con cv. Racioppa lucana; cv. Dritta con cv. Frantoio y cv. Carboncella con cv. Canino. Finalmente los cvs. Frantoio, Racimal y Cornicabra, según los datos moleculares, no se corresponden con los genotipos de la base de datos de referencia, mientras que el análisis morfológico concuerda con los datos de referencia para estos cultivares. En este último caso, es necesario ampliar el número de microsatélites e indicadores morfológicos con el fin de lograr la caracterización de tales accesiones.

De esta manera, nuestros resultados contribuyen al conocimiento de la variabilidad genética en olivo, particularmente del material presente en la provincia de San Juan. Asimismo, se espera que el conocimiento y evaluación final de tal diversidad genética permita un manejo óptimo de la colección y la implementación de futuros programas de mejora genética en el cultivo.