

La identificación varietal en olivo (*Olea europaea* L.) es crucial para salvaguardar el patrimonio genético de la especie, así como para cumplir los objetivos en programas de mejora genética por cruzamiento y para la autenticación varietal de plantas de vivero.

La presencia de un número elevado de denominaciones varietales erróneas dificulta el conocimiento del patrimonio genético del olivo. En este sentido, la evidente capacidad de los marcadores SSR para discriminar inequívocamente las variedades de olivo y para detectar los casos de sinonimias y homonimias permite la identificación de nuevas entradas procedentes de trabajos de prospección y/o otras colecciones. Esto facilita la inclusión de una mayor variabilidad genética y evita la introducción de genotipos duplicados permitiendo de esa manera el buen manejo de los Bancos de Germoplasma.

En este trabajo, se ha seleccionado un conjunto de 14 marcadores SSR para el estudio de 221 plantas pertenecientes a 74 accesiones procedentes del material de recepción del Banco de Germoplasma Mundial de Olivo de Córdoba (BGMO). Dichos marcadores han mostrado gran eficacia, presentando unos valores elevados en los índices de diversidad genética calculados, tales como número total de alelos, niveles de heterocigosidad observada y esperada y contenido en información polimórfica, indicando que la colección analizada posee una elevada riqueza genética. En este sentido fue destacable la presencia de 41 alelos únicos y 21 alelos no descritos previamente en las variedades conservadas en el BGMO.

El análisis de los perfiles moleculares de los 14 SSRs permitió identificar 102 genotipos distintos en las 221 plantas analizadas. Este elevado número de genotipos se debió a la presencia de plantas de genotipos distintos dentro de una misma accesión. De hecho, en 17 accesiones se detectaron 2 genotipos diferentes y en 5 accesiones 3 genotipos distintos. Estos casos pueden deberse a errores durante el proceso de etiquetado y envío en el país de origen, así como a errores de propagación, etiquetado e identificación de las muestras en el BGMO. La comparación de los perfiles moleculares también permitió identificar 7 genotipos duplicados con variedades conservadas actualmente en el BGMO. La disponibilidad de endocarpos en 16 de las accesiones permitió su análisis morfológico que confirmó la identificación realizada mediante marcadores SSR. El análisis de las relaciones genéticas entre los 102 genotipos distintos corroboró la gran variabilidad genética existente en esta colección observándose una clara agrupación de las accesiones procedentes de Siria.

The identification of the olive cultivars (*Olea europaea* L.) is crucial to safeguard the genetic heritage of this specie and to deal with the objectives of breeding programs and to ensure the cultivar authentication of nursery plants.

The presence of a large number of wrong cultivar denominations hinders the knowledge of the olive genetic resources. In this sense, the clear ability of SSR markers to unequivocally discriminate among olive cultivars and to detect cases of synonyms and homonyms cultivars, allows the identification of new entries from prospecting works and/or other collections in germplasm banks. The use of this molecular tool facilitates the inclusion of a greater genetic variability and avoids the introduction of duplicate genotypes allowing a good management of germplasm banks.

In this work, a set of 14 SSR markers has been selected for the study of 221 plants belonging to 74 accessions from the reception material of the World Germplasm Bank of Olive (BGMO). These markers have been very effective, showing high values in the estimated genetic diversity indices such as total number of alleles, levels of observed and expected heterozygosity and polymorphic information content, indicating that the analyzed collection has a high genetic richness. In this sense it was remarkable the presence of 41 unique alleles and 21 alleles not previously described in the varieties currently included in the BGMO. The analysis of the 14 SSRs molecular profiles allowed the identification of 102 different genotypes in the 221 plants analyzed. This high number of genotypes was due to the presence of plants of different genotypes within an accession. In fact, in 17 accessions and in five accessions two and three different genotypes were detected respectively. These cases may be due to errors during the process of labelling and shipping in the country of origin and propagation, labelling and identification errors of the samples in BGMO. The comparison of molecular profiles also allowed the identification of seven duplicate genotypes with cultivars currently conserved in the BGMO. The availability of endocarp in 16 accessions allowed their morphological analysis which confirmed the identification made by SSR markers. The analysis of genetic relationships among the 102 different genotypes confirmed the great genetic variability of this collection and pointed out a clear grouping of accessions from Syria.

