



IMFOREST

Impulso a la bioeconomía forestal a través del desarrollo, la innovación y la gestión sostenible de los recursos forestales no madereros

Genotipado de castaños (FV_R1.2(1))



IMFOREST cuenta con el apoyo de la Fundación Biodiversidad del Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico (MITECO) en el marco del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia (PRTR), financiado por la Unión Europea - NextGenerationEU.



Resumen

En el marco de la Subacción A1.2 del proyecto IMFOREST, este informe contempla la caracterización genética de 5 variedades representativas de castaño europeo (*Castanea sativa Mill.*): Negral, Parede, Calvotera y Courelá (Injerta) y Raigona.

Autor

Fundación Cesefor (Centro de Servicios y Promoción Forestal y de su Industria de Castilla y León)



VICIPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Plan de Recuperación,
Transformación
y Resiliencia



Financiado por
la Unión Europea
NextGenerationEU

IMFOREST cuenta con el apoyo de la Fundación Biodiversidad del Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico (MITECO) en el marco del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia (PRTR), financiado por la Unión Europea - NextGenerationEU.



Índice

1. Introducción
2. Toma de muestras
3. Caracterización genética
4. Resultados
5. Referencias

ANEXO I

ANEXO II



O1 – Acción 1.2. Genotipado de castaños

1. Introducción

Dentro de la Subacción A1.2 se contempla la caracterización genética de 4 variedades representativas de castaño europeo (*Castanea sativa Mill.*): Negral, Parede, Calvotera y Courelá (Injerta). Una vez iniciado el muestreo se decidió incluir una quinta variedad, denominada Raigona, que se incluyó igualmente en el análisis.

2. Toma de muestras

Las muestras se recogieron siguiendo las instrucciones descritas en el *Protocolo de recogida de muestras de castaño* (Anexo I) elaborado al inicio del proyecto y distribuido entre las partes implicadas. En total se recogieron muestras de 69 castaños, 49 en la provincia de León (12 de Negral, 9 de Parede, 21 de Courelá [Injerta] y 7 de Raigona) y 20 en la provincia de Salamanca (todos de la variedad Calvotera). En la Tabla 1 se muestra la información más relevante de los castaños analizados, y en las Figuras 1 y 2 la localización de las mismas en mapas de las regiones según provincia de muestreo.

Tabla 1. Información más relevante de los castaños analizados

Código	Variedad	Provincia	Localidad	Geolocalización	
				Latitud	Longitud
LE-001-01	Parede	León	Carracedelo	42,5698790	-6,7053130
LE-001-02	Parede	León	Carracedelo	42,5549780	-6,7378340
LE-001-03	Negral	León	Carracedelo		
LE-002-01	Parede	León	Noceda del Bierzo	42,7206990	-6,4210120
LE-002-02	Parede	León	Noceda del Bierzo	42,7184750	-6,4186450
LE-002-03	Parede	León	Noceda del Bierzo	42,7178630	-6,4149460
LE-003-01	Parede	León	Robledo	42,7093410	-6,4355510
LE-003-02	Parede	León	Robledo	42,7091980	-6,4310460
LE-004-01	Parede	León	Berciego	42,7226320	-6,4502420
LE-004-02	Parede	León	Berciego	42,7199060	-6,4493960
LE-005-01	Negral	León	Borrenes	42,4968210	-6,7030800
LE-006-01	Negral	León	Priaranza del Bierzo	42,5070630	-6,6665650
LE-006-02	Negral	León	Priaranza del Bierzo	42,5054080	-6,6711560
LE-006-03	Negral	León	Priaranza del Bierzo	42,4984770	-6,6745480
LE-007-01	Negral	León	Yeres	42,4431830	-6,7863610
LE-007-02	Negral	León	Yeres	42,4403720	-6,7678700
LE-007-03	Negral	León	Yeres	42,4404650	-6,7676930
LE-007-04	Negral	León	Yeres	42,4422050	-6,7770730



LE-008-01	Negral	León	Valiña		
LE-009-01	Negral	León	Lago Carucedo		
LE-009-02	Negral	León	Carucedo		
LE-010-01	Courelá	León	Sobrado	42,5220000	-6,8612140
LE-010-02	Courelá	León	Sobrado	42,5221400	-6,8612960
LE-011-01	Courelá	León	Sobrado	42,5264230	-6,8641220
LE-011-02	Courelá	León	Sobrado	42,5262990	-6,8644660
LE-011-03	Raigona	León	Sobrado	42,5259200	-6,8642260
LE-012-01	Raigona	León	Sobrado	42,5287400	-6,8669750
LE-012-02	Courelá	León	Sobrado	42,5284670	-6,8667550
LE-012-03	Courelá	León	Sobrado	42,5289140	-6,8664440
LE-013-01	Raigona	León	Sobrado	42,5240070	-6,8714810
LE-013-02	Courelá	León	Sobrado	42,5239210	-6,8711400
LE-013-03	Courelá	León	Sobrado	42,5238220	-6,8712500
LE-014-01	Raigona	León	Sobrado	42,5137280	-6,8685220
LE-014-02	Courelá	León	Sobrado	42,5140200	-6,8687560
LE-014-03	Courelá	León	Sobrado	42,5134340	-6,8691610
LE-015-01	Courelá	León	Sobrado	42,5109670	-6,8558990
LE-015-02	Courelá	León	Sobrado	42,5113210	-6,8562800
LE-016-01	Raigona	León	Sobrado	42,5137300	-6,8556920
LE-016-02	Courelá	León	Sobrado	42,5135060	-6,8554560
LE-016-03	Courelá	León	Sobrado	42,5135840	-6,8555230
LE-017-01	Raigona	León	Sobrado	42,5101070	-6,8538130
LE-017-02	Courelá	León	Sobrado	42,5101830	-6,8541120
LE-017-03	Courelá	León	Sobrado	42,5101830	-6,8541120
LE-018-01	Courelá	León	Sobrado	42,5188680	-6,8638050
LE-018-02	Courelá	León	Sobrado	42,5178590	-6,8629240
LE-019-01	Courelá	León	Sobrado	42,5202540	-6,8610920
LE-019-02	Courelá	León	Sobrado	42,5198760	-6,8607760
LE-020-01	Raigona	León	Sobrado	42,5199570	-6,8570810
LE-020-02	Courelá	León	Sobrado	42,5195530	-6,8568750
SA-001-01	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3443370	-5,9758620
SA-001-02	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3443360	-5,9757990
SA-001-03	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3443570	-5,9756670
SA-001-04	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3443900	-5,9755950
SA-002-01	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3441530	-5,9761590
SA-002-02	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3440700	-5,9762130

SA-002-03	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3439800	-5,9763760
SA-002-04	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3441730	-5,9767050
SA-003-01	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3364400	-5,9515510
SA-003-02	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3364800	-5,9516600
SA-003-03	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3372520	-5,9522090
SA-003-04	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3374760	-5,9522080
SA-004-01	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3391090	-5,9543950
SA-004-02	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3392400	-5,9546940
SA-004-03	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3399650	-5,9553340
SA-004-04	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3397580	-5,9555700
SA-005-01	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3300310	-5,9350690
SA-005-02	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3300560	-5,9347230
SA-005-03	Calvotera	Salamanca	Lagunilla	40,3302090	-5,9339230
SA-005-04	Calvotera	Salamanca <td Lagunilla	40,3302800	-5,9334250	

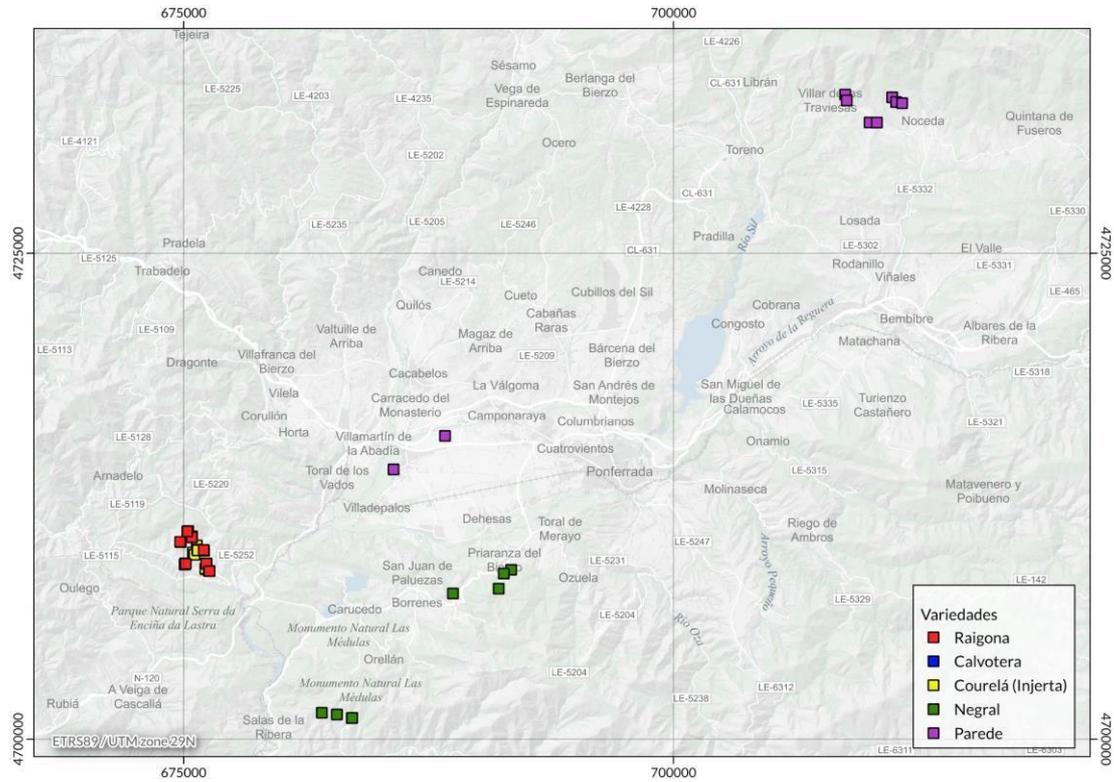


Figura 1. Localización de las muestras recogidas en la provincia de León, identificadas según la variedad a la que pertenecen.

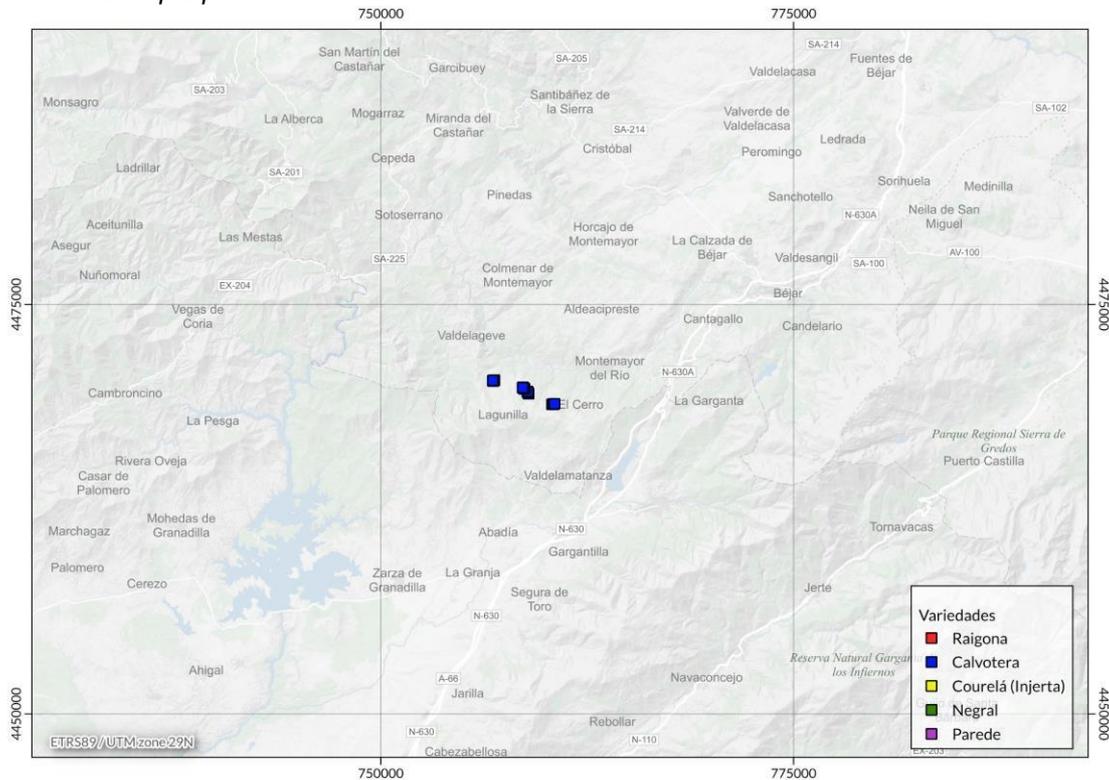


Figura 2. Localización de las muestras recogidas en la provincia de Salamanca, identificadas según la variedad a la que pertenecen.

3. Caracterización genética

El genotipado de las muestras se realizó mediante el análisis de repeticiones de secuencias simples (SSR, del inglés *simple sequence repeats*) en función de 9 marcadores genómicos neutrales (gSSR, que no afectan a zonas codificantes): CsCAT3, CsCAT14, CsCAT16, CsCAT41b, (Marinoni *et al.*, 2003), QpZAG36, QpZAG110 (Steinkellner *et al.*, 1998), EMCs2, EMCs14 y EMCs15 (Buck *et al.*, 2003). Además, se analizaron otros 3 marcadores de regiones codificantes (EST-SSR) relacionados con distintos tipos de estrés: VIT099, relacionado con el estrés por calor (Dorado *et al.*, 2022), FIR059, relacionado con la resistencia a sequía (Alcaide *et al.*, 2019) y CsPT_0005, relacionado con la tolerancia *Phytophthora cinnamomi*, el agente causal de la tinta del castaño (Alcaide *et al.*, 2020).

El ADN de las hojas se extrajo con el kit comercial *DNeasy Plant Pro Kit* (QIAGEN) según las recomendaciones del fabricante. Los cebadores *Forward* de cada locus se marcaron con distintos fluoróforos y las 12 parejas de cebadores se agruparon en 3 reacciones de multiplexación en función de los tamaños y la temperatura de anillamiento descrita para cada una de ellas (Tabla 2). Las reacciones de PCR se realizaron en un volumen final de 12,5 µl a partir

de 5 ng de ADN y empleando el reactivo *Type-it Microsatellite PCR Kit* (QIAGEN). Únicamente se modificó la temperatura de anillamiento en la reacción de multiplexación 1, que se realizó a 50 °C en vez de a los 57 °C recomendados. Los fragmentos de cada reacción múltiple se separaron empleando un equipo *3730xIR DNA Analyzer* (ThermoFisher Scientific) y el tamaño de los mismos se determinó a través de la aplicación *Microsatellite Analysis Software* (MSA), disponible en la nube (<https://apps.thermofisher.com/apps/spa/#/dashboard>).

Tabla 2. Información sobre los loci analizados en este trabajo

Locus	Marcaje	Reacción	Temp.	Tamaño (pb)
CsCAT16	FAM	1	50 °C	126-148
QpZAG110	FAM	1	50 °C	208-223
CsCAT3	NED	1	50 °C	197-271
CsCAT41b	PET	1	50 °C	203-235
QpZAG36	VIC	1	50 °C	209-221
EMCs15	FAM	2	57 °C	82-91
EMCs14	FAM	2	57 °C	130-139
CsCAT14	PET	2	57 °C	136-164
EMCs2	VIC	2	57 °C	161-166
VIT099	FAM	3	57 °C	125-130
FIR059	FAM	3	57 °C	154-185
CsPT_0005	FAM	3	57 °C	265

4. Resultados

Tras analizar las 69 muestras con los 9 marcadores gSSR (ver Anexo II con todos los resultados), se observaron genotipos conservados para cada variedad, aunque no todos los árboles se ajustaban al de la variedad al que teóricamente pertenecen.

La mayor conservación se observó en la variedad Courelá (**Injerta**), ya que los 21 árboles analizados mostraron un mismo genotipo. Este genotipo coincide a su vez con el descrito previamente para la variedad **Negral** (Fernández-López y Fernández-Cruz, 2015; Pereira-Lorenzo *et al.*, 2017; Fernández-Cruz *et al.*, 2022) y lo presentan igualmente 8 de los 12 árboles considerados inicialmente como Negral (LE-006-02, LE-006-03, LE-007-01, LE-007-02, LE-007-04, LE-008-01, LE-009-01 y LE-009-02). Los otros cuatro árboles seleccionados como Negral difieren en distinto grado del genotipo consenso. El árbol LE-001-03 se diferencia únicamente en los dos alelos del loci CsCAT3, coincidiendo en los otros 8 loci de tipo gSSR analizados (además de en los 3 loci EST-SSR, ver más adelante), por lo que se trataría de una subvariante de la variedad Negral. Por su parte, los árboles LE-006-01 y LE-007-03 difieren del genotipo consenso en 4 y 5 alelos, respectivamente, aunque la localización de las diferencias tiene distinto grado de implicación.



Mientras que los 4 alelos diferentes del árbol LE-006-01 se localizan en 4 loci distintos, lo que es compatible con un árbol obtenido a partir de una castaña de la variedad Negral (en vez de ser mediante injerto, la técnica más habitual con las variedades comerciales), los 5 alelos divergentes del árbol LE-007-03 afectan únicamente a 3 loci, lo que es incompatible con provenir de una castaña de tipo Negral. En ambos casos se trataría de variedades distintas, aunque próximas filogenéticamente a la variedad Negral. Finalmente, el árbol LE-005-01 muestra diferencias en 9 de los 18 alelos analizados, lo que implica que no pertenece a la variedad Negral, a pesar de que se considere como tal.

Otra de las variedades analizadas con una identidad total entre muestras es la de **Raigona**. Los 7 árboles objeto de estudio mostraron el mismo genotipo, cuyo perfil no coincide con ninguna de las variedades presentes en las bases de datos de referencia (Fernández-López y Fernández-Cruz, 2015; Pereira-Lorenzo *et al.*, 2017; Fernández-Cruz *et al.*, 2022).

Finalmente, la última variedad estudiada en la provincia de León fue la de **Parede**, que presentó mayores diferencias entre muestras. Los árboles LE-001-01, LE-002-01, LE-002-02, LE-003-01 y LE-004-01, mostraron el mismo genotipo, coincidente con el ya publicado previamente (Fernández-López y Fernández-Cruz, 2015; Pereira-Lorenzo *et al.*, 2017; Fernández-Cruz *et al.*, 2022). Por otro lado, los árboles LE-002-03, LE-003-02 y LE-004-02 mostraron diferencias en entre 6 y 8 alelos respecto al genotipo consenso. Sin embargo, todas ellas se encuentran en loci distintos, lo que significa que los 3 árboles provienen de castañas de dicha variedad Parede. Finalmente, el genotipo del árbol LE-001-02 coincide con el de la variedad Negral, por lo que se ha considerado como tal en el Anexo II.

Respecto a la variedad **Calvotera**, presente en la provincia de Salamanca, 18 de los 20 árboles analizados mostraron un mismo genotipo. Los otros dos árboles (SA-002-03 y SA-002-04) mostraron un genotipo idéntico entre sí, el cual difiere en 4 alelos del genotipo consenso. Estos 4 alelos pertenecen a 4 loci distintos, por lo que los 2 árboles diferentes pueden haberse obtenido a partir de castañas de dicha variedad Calvotera. Cabe destacar que, aunque ya había sido descrito previamente un genotipo para la variedad Calvotera (Pereira-Lorenzo *et al.*, 2017), el genotipo identificado en el trabajo difiere completamente de aquel, por lo que se trata de un genotipo nuevo, de acuerdo a las bases de datos utilizadas (Fernández-López y Fernández-Cruz, 2015; Pereira-Lorenzo *et al.*, 2017; Fernández-Cruz *et al.*, 2022).

Además de los 9 loci de tipo gSSR, empleados habitualmente para el genotipado de variedades, se analizaron otros 3 loci relacionados con distintos tipos de estrés. El locus FIR059 se ha relacionado con el estrés hídrico, habiéndose identificado 3 alelos privados en individuos susceptibles a la sequía (alelos 143, 160 y 179) y otros 2 alelos privados en individuos tolerantes a la misma (152 y 176) (Alcaide *et al.*, 2019). Entre las muestras analizadas se ha encontrado el alelo 176 en heterocigosis en todos los árboles de la variedad Calvotera, lo que confirma los resultados de dicho estudio, ya que esta variedad se localiza en Salamanca, con un clima más seco que la región de El Bierzo en León, donde se encuentran el resto de las muestras analizadas. Del resto de los alelos privados únicamente se ha encontrado el alelo 160 en el árbol LE-005-01, inicialmente considerado de la variedad Negral pero que como se ha dicho anteriormente su genotipo no coincide con ninguna de las variedades descritas.



Por su parte, el locus VIT099 se ha relacionado con la tolerancia al calor (Dorado *et al.*, 2022), aunque no se han asignado alelos en función de una mayor o menor tolerancia. Es reseñable que todos los árboles analizados fueron homocigóticos 130/130 salvo los cinco árboles coincidentes con el genotipo de Parede, que fueron heterocigóticos 125/130. Los 3 árboles provenientes de castañas de la variedad Parede fueron también homocigóticos 130/130. El último marcador analizado fue CsPT_0005, del que se han descrito dos alelos privados (171 y 260) relacionados con una mayor tolerancia a *P. cinnamomi* y ningún alelo con una mayor sensibilidad (Alcaide *et al.*, 2020). En nuestro caso, todos los castaños presentaron un único alelo (265), por lo que no se puede relacionar ninguno de ellos con una mayor tolerancia al patógeno.

5. Referencias

- Alcaide F, Solla A, Mattioni C, Castellana S, Martín MA (2019) Adaptive diversity and drought tolerance in *Castanea sativa* assessed through EST-SSR genic markers. *Forestry* 92, 287–296.
- Alcaide F, Solla A, Cherubini M, Mattioni C, Cuenca B, Camisón A, Martín MA (2020) Adaptive evolution of chestnut forests to the impact of ink disease in Spain. *J Syst Evol* 58, 504-516.
- Buck EJ, Hadonou M, James CJ, Blakesley D, Russell K (2003) Isolation and characterization of polymorphic microsatellites in European chestnut (*Castanea sativa* Mill.) *Mol Ecol Notes* 3:239–241.
- Dorado FJ, Solla A, Alcaide F, Martín MA (2022) Assessing heat stress tolerance in *Castanea sativa*. *Forestry* 95, 667-677.
- Fernández-López J, Fernández-Cruz J (2015) Identification of traditional Galician sweet chestnut varieties using ethnographic and nuclear microsatellite data. *Tree Genet Genomes*, 11:111.
- Fernández-Cruz, J, Míguez-Soto B, Fernández-López J (2022) Origin of traditional sweet chestnut (*Castanea sativa* Mill.) varieties from the Northwest of the Iberian Peninsula. *Tree Genet Genomes* 18:34.
- Marinoni D, Akkak A, Bounous G, Edwards KJ, Botta R (2003) Development and characterization of microsatellite markers in *Castanea sativa* (Mill.) *Mol Breed* 11:127–136.
- Pereira-Lorenzo S, Ramos-Cabrer AM, Barreneche T, Mattioni C, Villani F, Díaz-Hernández MB, Martín LM, Martín A (2017) Database of European chestnut cultivars and definition of a core collection using simple sequence repeats. *Tree Genet Genomes*, 13:114.
- Steinkellner H, Fluch S, Turetschek E, Lexer C, Streiff R, Kremer A, Burg K, Glössl J (1997) Identification and characterization of (GA/CT)(n)-microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Mol Biol* 33:1093–1096.



ANEXO I



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Plan de Recuperación,
Transformación
y Resiliencia



Financiado por
la Unión Europea
NextGenerationEU

Protocolo de recogida de muestras de castaño (A1 – A1.2)

Versión 1 | 15 de abril de 2024.

- El trabajo se enmarca dentro de la **Acción A1. Caracterización fisiográfica, biológica y química de los PFM asociados a hábitats de interés comunitario**, y más concretamente, dentro de la *Subacción A1.2. Caracterización genética, química y nutricional de los PFM. Valoración organoléptica*.
- **El objetivo** del muestreo es la caracterización genética de las 4 variedades más representativas de *Castanea sativa* dentro del área de estudio: Negral, Parede, Injerta y Calbotera.

1. Toma de muestras

La toma de muestras de hojas de castaño se hará por los socios presentes en las distintas zonas productoras manteniendo el mismo diseño de muestreo. La metodología para la toma de muestras es la siguiente:

- 1.1 Las muestras se tomarán lo antes posible **durante la primavera**, cuando las hojas estén renovadas y totalmente formadas.
- 1.2 Cada muestra se tomará de un árbol distinto, por encima del punto de injerto, y estará formada por dos o tres hojas frescas y lo más sanas posibles, evitando, en la medida de lo posible, la presencia de lesiones de cualquier tipo.
- 1.3 Se evitará tomar muestras de árboles que se encuentren muy próximos entre sí, principalmente cuando se trate de ejemplares injertados de los que se sabe o se sospecha que provienen de injertos obtenidos de un mismo árbol parental.
- 1.4 Cada muestra se introducirá en un contenedor independiente siendo este un sobre de papel bien etiquetado. Se recomienda tener los sobres previamente etiquetados con bolígrafo o etiqueta adhesiva con el fin de evitar escribir sobre las muestras recogidas. En cada sobre debe de verse de forma claramente legible el **código** de la muestra que contiene y que la identifica de forma inequívoca. La información contenida en el código debe de hacer referencia a:
 - 1.4.1 Día de toma de muestra.
 - 1.4.2 Número de muestra.
- 1.5 Las muestras se deben de enviar el mismo día de su recogida (en caso de no poder mandarlas en el momento, **guardar a 4°C (nevera)** hasta el momento de su envío no más tarde de 24h), para que estén al día siguiente por la mañana (antes de las 10:00) en las instalaciones de Cesefor en León. Se avisará del envío con unos días de antelación para garantizar la presencia de personal de Cesefor para la recogida.



1.6 El envío se realizará a la siguiente dirección:

AA/ Alberto Sola Landa
(Proyecto IMFOREST)
Cesefor – INBIOTEC
Parque Científico La Granja
Avenida Real 1
24006 León

Email: alberto.sola@ceseфор.com
Tfno.: 987 21 03 08
Horario de llamada: 8:00h CET a 17:30 CET

2. Información de las muestras

Para cada una de las muestras, se rellenará una fila del fichero Excel adjunto ("*Listado de muestras de castaño.xlsx*") con los siguientes datos:

Código identificativo
Variedad de castaño
Provincia de muestreo
Localidad de muestreo
Coordenadas de geolocalización
Día en que se mandan las muestras
Información que se pueda considerar relevante

Se rellenará una hoja de Excell por cada lote de muestras recogido, y se enviará por email al mismo tiempo que las muestras, para facilitar su procesamiento en destino.



ANEXO II



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Plan de Recuperación,
Transformación
y Resiliencia



Financiado por
la Unión Europea
NextGenerationEU

Código	Variedad	CsCAT16	QpZAG110	CsCAT3	CsCAT41	QpZAG36	EMCs15	EMCs14	CsCAT14	EMCs2	POR016	VIT099	FIR059
LE-001-02, LE-006-02, LE-006-03, LE-007-01, LE-007-02, LE-007-04, LE-008-01, LE-009-01, LE-009-02, LE-010-01, LE-010-02, LE-011-01, LE-011-02, LE-012-02, LE-012-03, LE-013-02, LE-013-03, LE-014-02, LE-014-03, LE-015-01, LE-015-02, LE-016-02, LE-016-03, LE-017-02, LE-017-03, LE-018-01, LE-018-02, LE-019-01, LE-019-02, LE-020-02	Negral Courelá (Injerta)	130 141	211 216	226 238	222 234	219 221	85 91	139 139	136 153	161 163	117 117	130 130	167 167
LE-001-03	Negral-2	130 141	211 216	219 242	222 234	219 221	85 91	139 139	136 153	161 163	117 117	130 130	167 167
LE-007-03	Negral-3	130 141	211 216	226 238	222 234	219 221	85 88	139 139	144 144	161 161	117 117	130 130	167 167
LE-006-01	Negral (castaña)	130 141	211 216	226 226	222 234	217 219	85 85	130 139	136 144	161 163	117 117	130 130	154 167
LE-005-01	Sin determinar	130 141	208 208	224 224	228 228	215 219	85 91	130 139	136 144	161 161	117 117	130 130	160 185
LE-011-03, LE-012-01, LE-013-01, LE-014-01, LE-016-01, LE-017-01, LE-020-01	Raigona	132 143	208 216	224 226	222 228	215 217	85 91	130 139	136 136	161 161	117 117	130 130	167 185
LE-001-01, LE-002-01, LE-002-02, LE-003-01, LE-004-01	Pareda	130 141	208 216	224 224	214 214	215 221	85 85	139 139	136 153	161 166	117 117	125 130	185 185
LE-002-03	Pareda (castaña)	130 132	208 215	197 224	214 214	219 221	85 91	139 139	136 136	161 161	117 117	130 130	185 185
LE-003-02	Pareda (castaña)	130 130	215 216	224 234	214 235	219 221	85 91	139 139	136 153	163 166	117 117	130 130	167 185
LE-004-02	Pareda (castaña)	130 143	208 216	224 242	214 234	215 219	85 85	139 139	144 153	161 161	117 117	130 130	154 185
SA-001-01, SA-001-02, SA-001-03, SA-001-04, SA-002-01, SA-002-02, SA-003-01, SA-003-02, SA-003-03, SA-003-04, SA-004-01, SA-004-02, SA-004-03, SA-004-04, SA-005-01, SA-005-02, SA-005-03, SA-005-04	Calvotera	130 143	208 215	232 236	214 218	217 217	88 91	139 139	144 154	161 161	117 117	130 130	167 176
SA-002-03, SA-002-04	Calvotera (castaña)	130 141	208 215	236 250	214 218	217 217	88 91	139 139	154 154	161 163	117 150	130 130	167 167

Los alelos que difieren del genotipo consenso se muestran sombreados

Cuando el genotipo no coincide con el consenso pero su origen es compatible con provenir de una castaña de dicha variedad se indica como "(castaña)"



Socios del proyecto:



Financiado por:



IMFOREST cuenta con el apoyo de la Fundación Biodiversidad del Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico (MITECO) en el marco del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia (PRTR), financiado por la Unión Europea - NextGenerationEU.