

ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS DE MELÃO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES ISSR e SSR

Nayara Carvalho¹; Felipe Mont'Alvão Canela²; Marco Antônio Ferreira³; Valter Rodrigues Oliveira⁴; Mateus Figueiredo Santos⁴; Gláucia Salles Cortopassi Buso³

¹Mestranda em Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas – UnB/Brasília-DF/Brasil. Bolsista CAPES – email: nay_ln@hotmail.com ; ²Graduando, Agronomia – UnB/Brasília-DF/Brasil; ³Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF/Brasil; ⁴Pesquisador, Embrapa Hortaliças, Brasília-DF/Brasil.

No Brasil, a produção do melão é concentrada no Nordeste (95,8%), região carente de recursos e oportunidades. O melão do tipo amarelo é o mais consumido no Brasil, e o tipo pele de sapo tem consumo ascendente no agronegócio nacional, que nas últimas décadas apresentou um crescimento de mais de 800%. Os estudos de variabilidade genética auxiliam programas de melhoramento possibilitando a obtenção de populações com efeitos heteróticos significativos e híbridos superiores. O objetivo deste estudo foi analisar linhagens de melão do tipo pele de sapo desenvolvidas no programa de melhoramento genético de melão da Embrapa Hortaliças, utilizando marcadores ISSR e SSR. Foram avaliadas 58 linhagens obtidas por meio do método de seleção SSD, a partir de população F2. Foram utilizados 13 *primers* polimórficos para ambos os marcadores por meio de reações de PCR. O programa utilizado para a análise genética destes marcadores foi o NTSYS (versão 2.21m). A caracterização dos marcadores ISSR foi realizada por meio da análise de presença ou ausência de banda, a similaridade foi analisada por meio do coeficiente de JACCARD e o agrupamento foi obtido pelo método UPGMA. Para marcadores SSR a caracterização foi realizada por meio de análise de frequência alélica, a similaridade foi analisada utilizando o coeficiente BAND e o agrupamento também foi obtido por UPGMA. Os dados gerados para ISSR apresentaram similaridade genética variando de 0.38 a 0.98 e o dendrograma resultante agrupou os genótipos em dois principais grupos com 38% de similaridade entre eles. No primeiro grupo, foram formados dois subgrupos onde a linhagem 1 foi a mais divergente, com 55% de similaridade com as linhagens restantes dentro de seu subgrupo. No segundo grupo também foram formados dois subgrupos, sendo o primeiro composto apenas pela linhagem 25 que apresentou 57,5% de similaridade com as outras 24 linhagens restantes dentro de seu subgrupo. Para os marcadores SSR a similaridade genética variou de 0.47 a 1 e no dendrograma resultante observou-se o agrupamento dos genótipos em dois principais grupos com 47% de similaridade entre eles. O primeiro grupo apresentou a maioria dos genótipos, e foi subdividido em 2 subgrupos com 58% de similaridade. O segundo grupo apresentou apenas as linhagens 43 e 50 com 54% de similaridade entre elas. Os dados gerados em SSR apresentaram apenas dois indivíduos no segundo grupo, enquanto para marcadores ISSR, estes mesmos indivíduos foram alocados em grupos distintos, o que pode ser justificado pela presença de alelos diferentes. Portanto, prevê-se um maior ganho genético pelo cruzamento entre linhagens dos dois principais grupos divergentes e a utilização das linhagens 43 e 50, provavelmente, aumentará a variabilidade alélica no programa de melhoramento.

Palavras-chave: Pele de sapo; *Cucumis melo*; Variabilidade genética; ISSR; SSR.

Apoio Financeiro: CAPES