

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS DE MELOEIRO POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES

Zirlane Portugal da Costa¹, Glaucia Salles Cortopassi Buso²,
Marco Antonio Ferreira², Antonio Abelardo Herculano Gomes Filho¹,
Alexandre Campos Nunes³, Fernando Antonio Souza de Aragão⁴

¹Agronomia/CCA - Universidade Federal do Ceará; ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CP 02372, CEP 70770-917, Brasília, DF;

³Bolsista Funcap/Embrapa Agroindústria Tropical;

⁴Embrapa Agroindústria Tropical, CP 3761, CEP 60511-110, Fortaleza, CE.

E-mail: zirlane26@gmail.com

A divergência genética de 38 acessos de meloeiro coletados na agricultura tradicional do Nordeste brasileiro foi estudada por meio de marcadores microssatélites, tendo três híbridos comerciais como testemunhas. O germoplasma do melão avaliado pertence às variedades botânicas *cantaloupensis* (19), *momordica* (7), *conomon* (4), *inodorus* (3) e a oito genótipos sem identificação de variedade botânica. Foram utilizados 25 marcadores SSR para as reações de amplificação, eletroforese e obtenção dos dados moleculares. Desses, 17 marcadores foram polimórficos (CMBR7, CMBR12, CMBR21, CMBR27, CMBR40, CMBR56, CMBR64, CMBR83, CMBR90, CMBR92, CMBR95, CMBR100, CMBR105, CMBR115, CMBR140, M176 e CM254) utilizados para estimar a divergência dos genótipos. A média de alelos por marcador foi de 2,41, sendo formados três genótipos por loco. Os marcadores CMBR64, CMBR100 e CMBR105 apresentaram frequência do alelo principal superior a 90% e baixos valores do conteúdo de informação polimórfica (PIC), com 0,09, 0,16 e 0,07, respectivamente. A heterozigosidade esperada variou de 0,07 no marcador CMBR105 a 0,60 no marcador CMBR83, com média de 0,40. Já a heterozigosidade observada apresentou valores muito baixos, variando de zero, para os marcadores CMBR12, CMBR21, CMBR92 e CMBR176, a 0,29 no marcador CMBR56, com média de 0,09. O valor do PIC variou de 0,07 no marcador CMBR105 a 0,54 no marcador CMBR83, com média de 0,32. O marcador CMBR140 apresentou o maior número de alelos e genótipos, além de ser também bastante informativo, apresentando PIC de 0,50. Pela análise filogenética dos 41 acessos, com base nos 17 marcadores microssatélites, foram obtidos 13 grupos de genótipos, com valor cofenético de 0,72 ($P < 0,01$). Não houve associação entre a formação de grupos de genótipos e a classificação

botânica dos acessos. Portanto, houve ampla variabilidade entre os acessos, entre e dentro dos grupos botânicos, indicando que esse germoplasma tem potencial para o melhoramento do melão. A associação da alta frequência média dos alelos principais com a baixa heterozigosidade e muitos *loci* em homozigose indica que a conservação da coleção de acessos não está mantendo as frequências alélicas, conduzindo-os à homozigose.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, germoplasma, melhoramento.

Agradecimentos: CNPq e BNB.