

## ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE MELÃO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES SSR.

Nayara Carvalho<sup>1</sup>; Felipe Mont'Alvão Canela<sup>2</sup>; Marco Antônio Ferreira<sup>3</sup>; Valter R. Oliveira<sup>5</sup>; Mateus Figueiredo Santos<sup>6</sup>; Paulo Henrique dos Santos Leite<sup>7</sup>; Gláucia Salles Cortopassi Buso<sup>4</sup>; Nara Souza<sup>8</sup>

<sup>1</sup>Mestranda, Recursos Genéticos e Melhoramento, UnB, Brasília, DF, Brasil, nayaracarvalho87@gmail.com

<sup>2</sup>Graduando, Agronomia, UnB, Brasília, DF, Brasil, felipe.mcanaela@gmail.com

<sup>3</sup>Químico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, marco.ferreira@embrapa.br

<sup>4</sup>Ph.D. Biologia molecular, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, glaucia.buso@embrapa.br

<sup>5</sup>Ph.D. Genética e Melhoramento, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, valter.oliveira@embrapa.br

<sup>6</sup>Ph.D. Genética e Melhoramento de plantas, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, mateus.santos@embrapa.br

<sup>7</sup>Graduando, Agronomia, UnB, Brasília, DF, Brasil, paulo\_18two@hotmail.com

<sup>8</sup> Ph.D. Genética e Melhoramento de Plantas, UnB, Brasília, DF, Brasil, narasouza@unb.br

De acordo com o cenário da produção nos últimos anos, percebe-se a grande importância mundial do melão (*Cucumis melo* L.), que colabora significativamente para o mercado da fruticultura, sobretudo no Brasil. A produção nacional concentra-se no Nordeste (95,8%), contribuindo para o desenvolvimento socioeconômico da região, que apresenta carência de recursos e oportunidades. Os melões mais cultivados no Brasil pertencem ao grupo *inodorus* tipo amarelo, entretanto há uma tendência ao aumento da demanda por melões do grupo *cantaloupensis*, sobretudo para exportação. A espécie apresenta uma grande diversidade fenotípica nas suas variedades, e a caracterização genética do germoplasma por meio de análises de variabilidade, representa um grande auxílio para o conhecimento dos recursos genéticos e do melhoramento convencional, na identificação e seleção de genótipos de interesse, no sentido de se introduzir genes para maiores possibilidades de recombinações. Marcadores moleculares SSR (Simple Sequence Repeats) tem sido utilizados como uma eficiente ferramenta para análises de variabilidade genética. O objetivo deste estudo foi analisar a variabilidade genética de acessos de melão conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Melão e utilizados no programa de melhoramento genético da Embrapa Hortaliças, utilizando marcadores SSR. Foram analisados 88 acessos compostos de introduções e cultivares comerciais, 60 pertencentes ao grupo *inodorus* e 28 pertencentes ao grupo *cantaloupensis*. Foram avaliados 19 *primers* SSR polimórficos amplificados por meio de reações de PCR (Polymerase Chain Reaction). A separação dos fragmentos foi realizada por meio de eletroforese em gel de poliacrilamida, corado com nitrato de prata. A análise genética destes marcadores foi realizada utilizando os softwares GDA (versão 1.0) e NTSYS (versão 2.21m). A similaridade entre os genótipos foi obtida utilizando o coeficiente BAND e o agrupamento pelo método UPGMA. Os dados gerados mostraram que o número de alelos por loco, variou de 2 a 8, com média de 4,6. A heterozigosidade observada variou de 0.023 a 0.375, com média de 0.161, apresentando a maioria dos *loci* em homozigose. O PIC (Polymorphism Information Content) variou de 0.243 a 0.769, com média de 0.500, indicando que o marcador utilizado para esse estudo se mostrou informativo. A análise dos 88 genótipos, apresentou um total de 83 alelos para os 19 *loci* analisados, e a similaridade genética variou de 0.38 a 0.98. O dendrograma resultante agrupou os genótipos em dois principais grupos com 38% de similaridade entre eles. A maior parte dos genótipos *cantaloupensis* foram agrupados em um dos subgrupos do primeiro grupo principal, e apresentaram uma variação de 52 a 92% de similaridade entre si. Enquanto a maioria dos genótipos *inodorus*, foram agrupados em um subgrupo diferente, mas ainda pertencente ao primeiro grupo principal, com similaridade variando de 53 a 98%. Oito genótipos *inodorus* apresentaram a maioria dos alelos diferentes, sendo cinco destes concentrados em um subgrupo do primeiro grupo principal, e os outros três, compondo o segundo grupo principal. Com base nos resultados, conclui-se haver uma maior dispersão dos genótipos do grupo *inodorus*, o que demonstra maior variabilidade genética para este melão, nesse estudo. Os genótipos *cantaloupensis* apresentaram-se, em sua maioria, concentrados em um dos subgrupos, demonstrando que estes, compartilham alelos para os *loci* analisados.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Embrapa Hortaliças; Universidade de Brasília; CAPES.