



# IV Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

Recursos genéticos no Brasil:  
a base para o desenvolvimento sustentável

Centro de Convenções  
Expo Unimed | Curitiba-PR

**08 a 11**  
de novembro de 2016



## ANÁLISE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE CULTIVARES COMERCIAIS DE MELÃO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES SSR

Nayara Carvalho<sup>1</sup>; Paulo Henrique dos Santos Leite<sup>1</sup>; Felipe Mont`alvão Canela<sup>1</sup>; Marco Antônio Ferreira<sup>2</sup>; Valter Rodrigues Oliveira<sup>3</sup>; Mateus Figueiredo Santos<sup>3</sup>; Nara Oliveira Silva Souza<sup>1</sup>; Glaucia Salles Cortopassi Buso<sup>2\*</sup>.

<sup>1</sup>UnB; <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; <sup>3</sup>Embrapa Hortaliças. \*glaucaia.buso@embrapa.br

O melão tem grande representatividade no mercado da fruticultura internacional e nacional, onde nas últimas duas décadas o agronegócio do fruto teve um crescimento de mais de 800%. Esse crescimento gerou muitos empregos, sobretudo na região Nordeste, que apresenta condições edafoclimáticas favoráveis à produção do fruto sendo a principal região produtora do País e contribuindo com mais de 90% da produção nacional. A preferência do mercado nacional é concentrada nos frutos do tipo amarelo, portanto, há a possibilidade de que a base genética das cultivares comerciais esteja relativamente estreita. Dessa forma, o objetivo do presente estudo foi analisar e caracterizar 73 cultivares comerciais pertencentes aos grupos *Inodorus* e *Cantaloupensis*, e 15 PIs (Plant Introduction), provenientes do Programa de melhoramento de melão da Embrapa Hortaliças. Foram utilizados marcadores SSR para avaliação de todos os genótipos que foram amplificados por PCR e os fragmentos visualizados por meio de eletroforese em gel de poliacrilamida 5%. Foram selecionados 44 *primers* polimórficos que amplificaram um total de 204 alelos. A Heterozigosidade Esperada apresentou média de 0,520 e o PIC (Polymorphism Information Content) apresentou índice médio de 0,459 se mostrando medianamente informativo. O dendrograma gerado para as 73 cultivares agrupou os genótipos em dois principais grupos, não havendo associação com a classificação dos genótipos no agrupamento. Contudo, o número de marcadores foi suficiente para predizer ampla variabilidade genética entre as cultivares estudadas, com similaridade entre 0,35 a 0,97. Foi identificado um conjunto de 25 *primers* que foram úteis na distinção das 73 cultivares com índice de 99,99% de exclusão de parentais. Esses *primers* podem ser utilizados em pesquisas posteriores com as cultivares analisadas nesse estudo, bem como, em situações de proteção de cultivares, sendo importante ferramenta na distinção efetiva e rápida dos genótipos, podendo também ser utilizados em situações de disputas comerciais referentes à certificação das principais cultivares de melão usadas no país.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; variabilidade genética; microssatélites.

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