

ANÁLISE DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE MELÃO UTILIZANDO MARCADORES RAPD.

Cerqueira, AA¹; Amorim, JC¹; Paiva, MR¹; Souza, ZP¹; Paiva, WO³; Vieira, JV²; Buso, JA²; Buso, GSC¹

¹Embrapa Recurso Genético e Biotecnologia; ²Embrapa Hortaliças; ³Embrapa Agroindústria Tropical.

Palavras-chaves: RAPD, variabilidade genética.

A produção mundial de melão vem apresentando uma tendência ao crescimento, nos últimos anos. Estima-se que a produção no Brasil tenha aumentado cerca de 67% no período compreendido entre 1999 e 2000. Existe a preocupação entre os exportadores com possíveis perdas de mercado devido não só ao tamanho e forma, mas com a baixa qualidade dos frutos, principalmente ao insatisfatório teor de açúcares, expresso como teor de sólidos solúveis (medidos em graus-brix) presente no fruto no momento da comercialização. Uma das formas de se melhorar estas características é através do melhoramento genético. Para a obtenção de híbridos simples com boa capacidade produtiva, há necessidade de se contar com linhagens geneticamente divergentes. Portanto, faz-se necessário se conhecer a variabilidade genética existente entre linhagens parcialmente endogâmicas obtidas em programa de melhoramento. Uma forma eficiente de se estudar a variabilidade genética é através da utilização de marcadores moleculares. Com esse objetivo, 34 linhagens do programa de melhoramento da Embrapa Hortaliças e outras 54 linhagens da Embrapa Agroindústria Tropical foram analisadas utilizando-se RAPD ("Random Amplified Polymorphic DNA"). A análise de similaridade genética permitiu identificar 76 marcadores moleculares polimórficos, viabilizando a construção de um dendrograma, que mostra graficamente a variabilidade entre as linhagens dos dois programas de melhoramento. A análise permite mostrar a formação de cinco grandes grupos, contendo 6, 11, 10, 30 e 29 linhagens cada um, sendo que os três primeiros formaram um agrupamento, pois são melões do tipo Amarelo originados da cultivar Eldorado 300 enquanto os dois últimos grupos, são linhagens de melão do tipo Amarelo (Gold Mine, ML e L50), do tipo Cantaloupe (MR) e do tipo Tupã (MT) que tem polpa salmão, peculiaridade do tipo Cantaloupe. Entre as linhagens de melão do tipo Amarelo, derivadas de Eldorado 300 encontrou-se similaridade de até 0,57. Entre as linhagens MT, tipo Tupã, a similaridade foi de no mínimo 0,86 e entre as ML, com contribuição da cultivar Gold Mine, foi de no mínimo 0,84. Estes resultados indicam que existe pouca variabilidade entre as linhagens MT e ML. Por outro lado, pode-se prever a obtenção de híbridos heteróticos mesmo de cruzamentos entre linhagens S₃ originadas de uma cultivar de polinização aberta (Eldorado 300). Pode-se prever, também a obtenção de híbridos potencialmente heteróticos pela combinação de linhagens do tipo Amarelo ou do tipo Tupã dos dois diferentes programas.

Apoio Financeiro: EMBRAPA