

## **Estabelecimento de coleção nuclear de mamão (*Carica papaya*, L).**

**Rosemar dos Santos Almeida<sup>1</sup>; Jorge Luiz Loyola Dantas<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura.  
da\_matematica@hotmail.com; jorge.loyola@embrapa.br

O estabelecimento de coleção nuclear de mamão abrange cinco atividades sequenciais que consistem em: 1. Instalação do Banco Ativo de Germoplasma de Mamão (BAG-Mamão) e caracterização morfoagronômica dos acessos; 2. Genotipagem dos acessos do BAG-Mamão, com uso de marcadores microssatélites; 3. Determinação da riqueza alélica; 4. Formação de uma coleção nuclear, mediante associação dos dados nas práticas agronômicas e moleculares; e 5. Avaliação do grau de homozigosidade intra-acesso do BAG-Mamão e seleção de plantas para a incorporação ao banco de linhagens da Embrapa Mandioca e Fruticultura. As duas primeiras atividades estão sendo executadas conforme previsão, enquanto as três atividades subsequentes serão realizadas a partir de 2014. O BAG-Mamão, composto por 93 acessos e 4 testemunhas, foi implantado em 2012, sob delineamento experimental em blocos casualizados, com duas repetições e oito plantas por parcela. O espaçamento foi de 6,0 m x 1,8, adotando-se as práticas culturais preconizadas para a cultura. As avaliações morfoagronômicas foram iniciadas com mensuração da altura da planta, número de frutos comerciais por planta, altura do primeiro fruto, entre outros descritores. Foi elaborado um Procedimento Operacional Padrão (POP) contendo todos os indicativos para as análises a serem realizadas, bem como foi elaborado um catálogo com o objetivo de agrupar as informações sobre os acessos. Para a caracterização molecular, foram selecionadas três plantas fenotipicamente divergentes dentro de cada um dos 97 acessos, totalizando 291 plantas para o início do processo de genotipagem, cujos dados serão associados com os dados obtidos a partir da caracterização morfoagronômica.

**Palavras chave:** Recursos genéticos; caracterização morfoagronômica e molecular.

---