

vez que a rotulagem errada de sequências depositadas em bancos de dados específicos para este fim pode levar a interpretações equivocadas, comprometendo possíveis métodos de manejo para a espécie alvo da investigação.

VARIABILIDADE INTRAESPECÍFICA DE ISOLADOS DE *Meloidogyne* spp. DO ARROZ E MARCADORES SCAR PARA IDENTIFICAÇÃO DE *M. graminicola*, *M. oryzae* E *M. salasi*.

Intraspecific variability of *Meloidogyne* spp. isolates from rice and SCAR markers for identification of the species *M. graminicola*, *M. oryzae* and *M. salasi*.

MATTOS, V.S.²; MULET, K.⁵; CARES, J.E.¹; GOMES, C.B.³; FERNANDEZ, D.⁴; DE SÁ, M.F.G.²; CARNEIRO, R.M.D.G.²; CASTAGNONE-SERENO, P.⁵. ¹Universidade de Brasília, Brasília, DF. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF. ³Embrapa Clima Temperado, Pelotas-RS. ⁴IRD, CIRAD, Univ. Montpellier, IPME, Montpellier, França. ⁵INRA, Université Côte d'Azur, ISA, França. Apoio: CNPQ/FAP-DF

Os nematoides das galhas são importantes patógenos da cultura do arroz (*Oryza sativa*). Juntamente com *Meloidogyne graminicola*, *M. oryzae* e *M. salasi* causam danos em campos de arroz irrigado nas Américas Central e do Sul. Além disso, seis outras espécies já foram detectadas nessa cultura em outras regiões do mundo. A correta identificação é essencial para seu manejo. Os objetivos deste estudo foram avaliar a variabilidade genética inter e intraespecífica de isolados de *Meloidogyne* spp. de arroz irrigado através dos marcadores AFLP e RAPD e desenvolver primers SCAR específicos para o diagnóstico de *M. graminicola*, *M. oryzae* e *M. salasi*. Sete isolados de *M. graminicola*, dois de *M. oryzae* e duas espécies atípicas de *Meloidogyne* obtidas em arrozais do sul do Brasil foram estudados com um isolado de *M. salasi* da Costa Rica. Os resultados mostraram diversidade entre os isolados de *M. graminicola* (72,5%). Os dois isolados de *M. oryzae* apresentaram baixa variabilidade (12,9%) e agruparam-se separadamente de *M. graminicola*. *Meloidogyne salasi* mostrou-se geneticamente distante de ambas espécies. Amplificações de RAPD de *M. graminicola*, *M. oryzae* e *M. salasi* permitiram a identificação de fragmentos de DNA diferenciais que foram convertidos em marcadores SCAR para cada espécie. A amplificação por PCR com primers desenhados para *M. graminicola* (GRAJ17 F/R), *M. oryzae* (ORYA12 F/R) e *M. salasi* (SALR12-1 F/R) produziram fragmentos específicos de 230 pb nos isolados de *M. graminicola*, 120 pb nos de *M. oryzae* e 190 pb no de *M. salasi*, em contraste com as outras espécies testadas. Os marcadores SCAR desenvolvidos demonstraram ser um método molecular potencial para aplicação em procedimentos de diagnóstico de rotina.

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Heterodera glycines* DE MUNICÍPIOS DA REGIÃO DA ESTRADA DE FERRO NO ESTADO DE GOIÁS.

Genetic characterization of *Heterodera glycines* populations from the municipalities of the region of the Estrada de Ferro in state of Goiás.

TAVARES, M.C.¹; MOREIRA, J.A.A.²; MENDES, L.M.O.³; ARAÚJO, F.G.¹; MENEZES, I.P.P.³. ¹Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí, Urutaí, GO. ²Doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, Goiânia, GO. ³Laboratório de Genética Molecular, Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí, Urutaí, GO. E-mail: mirianagro1@gmail.com

Estudar a diversidade genética do Nematóide de Cisto da Soja (NCS) é fundamental, pois esse nematóide apresenta alta variabilidade genética. O objetivo do trabalho foi a caracterização genética de populações de *H. glycines* provenientes de municípios, da região da Estrada de Ferro (Goiás) em raças e a caracterização molecular empregando marcadores de RAPD. No teste de raça o delineamento foi DIC com 30 (populações do NCS) x 6 (diferenciadoras de soja) com 10 repetições, sendo as diferenciadoras: Pickett, Pecking, PI 90763, PI 88788, Hartwig e Lee 74, inocularam as plantas com 4000 ovos e juvenis de segundo estágio de cada população de NCS. Após 30 dias da inoculação, avaliou o número de fêmeas de cada diferenciadora e calculou o índice de fêmeas (IF%) = número médio de fêmeas na diferenciadora / número médio de fêmeas na cultivar Lee 74)*100%. Na caracterização molecular utilizou 28 primers RAPD, a extração de DNA foi realizada pelo método CTAB 2%. Quantificou-se o DNA por comparações