

balcarceanus, *X. parthenus* and *X. yepesara* did not form similar discrete groupings and exhibited either considerable morphological variability or have been incorrectly identified. Maximum likelihood phylogenetic trees derived from both 18S rDNA and ITS-1 sequences discriminated six *Xiphidorus* species (*X. balcarceanus*, *X. minor*, *X. parthenus*, *X. yepesara*, and two undescribed *Xiphidorus* species) from Brazil. Also, restriction analysis of PCR products derived from the ITS-1 region using three restriction enzymes (*Taq* I, *Rsa* I and *Hinf* I) yielded repeatable patterns that clearly discriminated these six *Xiphidorus* species. Sequence divergence was noted between *X. parthenus* and *X. yepesara*. The morphometric and molecular data suggest that *X. parthenus* and *X. yepesara* are distinct taxonomic species contrary to their previous subspecies status and synonymization.

INTERAÇÃO ENTRE *Meloidogyne arenaria* raça 1 E DUAS ESPÉCIES SILVESTRES DE *Arachis*: OBSERVAÇÕES PRELIMINARES [PRELIMINARY OBSERVATIONS ABOUT THE INTERACTION BETWEEN *Meloidogyne arenaria* race 1 AND TWO WILD SPECIES OF *Arachis*] PROITE^{1,2}, K.; CARNEIRO¹, R.M.D.G.; GOMES¹, A.C.M.M.; GUIMARÃES¹, P.M.; LEAL-BERTIOLI¹, S.C.M.; BERTIOLI³, D.J. ¹Embrapa Cenargen, C.P. 02372, Brasília, DF, CEP 70849-090; ²Universidade de Brasília; ³Universidade Católica de Brasília, CEP 70790-160. Email: proite@cenargen.embrapa.br

Espécies silvestres de *Arachis* são importantes fontes de resistência a vários patógenos. A descrição das resistências de duas espécies silvestres, *Arachis cardenasii* e *A. batizocoi* a *Meloidogyne arenaria* raça 1 e *M. hapla* é dada de forma evasiva e sem detalhes na literatura. *Arachis stenosperma* e *A. duranensis* são outras duas espécies silvestres que se apresentaram resistente e suscetível, respectivamente, a *M. arenaria* raça 1 (Bertioli *et al.*, informação pessoal). Este trabalho teve como objetivo estudar e avaliar a interação planta-patógeno para determinar como e quando a resistência e a susceptibilidade são expressas. Foi utilizada como controle positivo do experimento, *A. hypogaea* var. Tatu, que é uma planta hospedeira. Cada espécie de amendoim foi inoculada com 10 000 juvenis de segundo estágio (J2)/planta. As raízes foram coletadas aos 3, 9, 16, 32, 48 e 63 dias após a inoculação. Algumas pontas das raízes foram coletadas e fixadas em 2% de glutaraldeído e 1% de tetróxido de ósmio dissolvidos em 0,05M de cacodilato de sódio e posteriormente submetidas a impregnação com resina Spour e análise dos cortes em microscopia óptica. O restante das raízes foi corado com fucsina ácida para observação direta dos nematóides nas raízes. Em *A. hypogaea* e *A. duranensis*, ocorreu evolução normal do ciclo de *M. arenaria* raça 1, sendo um pouco mais longo em *A. duranensis* (em torno de 63 dias) que em *A. hypogaea* (48 dias). Na espécie resistente, *A. stenosperma*, poucos J2 penetraram, e o desenvolvimento para estágios mais avançados não ocorreu. Os cortes finos de microscopia óptica confirmaram esses resultados.

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE DUAS NOVAS FAMÍLIAS DE DNA SATÉLITE ESPÉCIE ESPECÍFICAS NO GENOMA DE *Meloidogyne mayaguensis* [IDENTIFICATION AND CHARACTERIZATION OF TWO NEW SPECIES-SPECIFIC SATELLITE DNA FAMILIES IN THE GENOME OF *Meloidogyne mayaguensis*] RANDIG¹, O.; CARNEIRO¹, R.M.D.G.; CASTAGNONE-SERENO², P. ¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.P. 02372, Brasília, DF, CEP 70770-900; ²INRA, BP.167, 06903 Sophia Antipolis Cedex, França. Email: recar@cenargen.embrapa.br.

Duas famílias de DNA satélite foram isoladas e caracterizadas em *M. mayaguensis*, espécie recentemente detectada no Brasil e que vem causando sérios problemas para a cultura da goiabeira na região Nordeste do Brasil. O DNA genômico de *M. mayaguensis* (goiabeira, Petrolina, PE) foi digerido com diferentes endonucleases (enzimas de restrição) e os produtos de digestão foram separados por eletroforese e transferidos para uma membrana de náilon segundo a técnica de Southern – blot. Após hibridização com uma sonda constituída de DNA genômico e análise da auto-radiografia, foi possível identificar um fragmento de natureza altamente repetida, de aproximadamente 200 pb, liberado pela digestão com a enzima *Alu* I. Este fragmento, previamente denominado “200-MmPetr/*Alu* I” foi clonado em vetor plasmídico “pBluescript SK +” e 29 clones recombinantes foram seqüenciados utilizando um seqüenciador automático de DNA: Applied Biosystems modelo 3700 – Plataforma de Seqüenciamento de DNA da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. A análise das seqüências revelou a presença de duas famílias de DNA satélite: seis seqüências pertencentes a família “A” (pMmPet_A) contendo 180 pb e 15 seqüências pertencentes a família “B” (pMmPet_B), com 174 bp. Oito seqüências não apresentaram homologia significativa entre si ou com as seqüências das duas famílias identificadas, apresentando tamanhos que variaram entre 146 e 196 pb. Para determinar a especificidade e a distribuição das duas famílias de DNA satélite dentro do gênero *Meloidogyne*, populações pertencentes a diferentes espécies do gênero *Meloidogyne* foram depositadas em membrana de náilon utilizando a técnica de Dot – blot. Em seguida, as membranas foram hibridizadas com sondas constituídas de DNA dos clones pMmPet_1 (família “A”) e pMmPet_3 (família “B”). As duas sondas hibridizaram somente com