

certos aspectos das técnicas para comparação da resistência de genótipos em ambiente protegido. Em 30 amostras coletadas em 19 municípios de oito unidades da federação, *M. javanica* estava presente em 80% delas. O estudo morfométrico dessas sub-populações não revelou diferenças apreciáveis entre elas. O fenótipo isoenzimático para esterase da sub-população coletada em Tangará da Serra, MT apresentou apenas duas bandas, diferindo das demais. Doze sub-populações inoculadas em 12 genótipos de soja e um de tomateiro revelaram alta variabilidade intraespecífica em *M. javanica*. A sub-população de Nuporanga, SP, na cv. 'Bragg', tida como resistente à espécie, produziu o maior número de ovos/g de raízes, tendo diferido estatisticamente das demais. Essa e as de Dourados, MS, Cascavel, PR e a de Barreiras, BA foram as mais virulentas.

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Meloidogyne arenaria* ATRAVÉS DA ANÁLISE DE MARCADORES "RAPD"** [GENETIC VARIABILITY OF *Meloidogyne arenaria* THROUGH RAPD ANALYSIS] Santos, M.F.A.; Tigano, M.S.; Almeida, M.R.A.; Randig, O.; Carneiro, R.M.D.G Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. E-mail: recar@cenargen.embrapa.br

*Meloidogyne arenaria* reconhecidamente apresenta alta variabilidade intraespecífica. O objetivo deste trabalho foi estudar esta variabilidade em 13 isolados de *M. arenaria* de diferentes regiões geográficas e com representantes dos quatro perfis isoenzimáticos (esterase e malato-desidrogenase), descritos para a espécie (A1N1, A2N1, A2N3, A3N1). Também foram incluídos um isolado de *M. morocciensis* e dois de *Meloidogyne* sp. com perfis enzimáticos semelhantes aos de *M. arenaria*, e também isolados de *M. javanica*, *M. incognita* e *M. mayaguensis*. O DNA genômico foi purificado e utilizado na análise de RAPD. Quarenta e sete primers randômicos de 10 pb foram avaliados e 714 fragmentos foram selecionados para a análise dos resultados. Os dados foram analisados com o programa NTSYS-pc v.2.0. A análise fenética dos dados confirmou a alta variabilidade entre os isolados de *M. arenaria*, que ficou dividido em dois grupos com similaridade superior a 50%. Um único isolado de *M. arenaria*, representante da raça 1 (A2N3a) apresentou baixa similaridade (<46%) aos demais isolados da espécie, assim como os isolados das espécies *M. incognita* (<30%) e *M. mayaguensis* (<25%). O grupo I de *M. arenaria* inclui os isolados com os perfis enzimáticos A3N1, A2N1 e A1N1, e *M. morocciensis*, que se agrupou com os isolados de fenótipo A3N1, com alta similaridade (>70%). No grupo II, observou-se o agrupamento dos isolados do fenótipo A2N3 de *M. arenaria*

**USO DO MARCADOR "SCAR" PARA IDENTIFICAÇÃO DE DIFERENTES POPULAÇÕES DE *Meloidogyne arenaria*** [USE OF SCAR MARKER TO IDENTIFY *Meloidogyne arenaria* POPULATIONS] Santos, M.F.A.; Tigano, M.; Silveira, N.O.R.; Carneiro, R.M.D.G Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Email: recar@cenargen.embrapa.br

Os nematóides de galhas, gênero *Meloidogyne*, estão entre as principais pragas para as culturas agrícolas no Brasil e no mundo. Recentemente, marcador específico do tipo SCAR (Sequence Characterized Amplified Region) foi desenvolvido para *M. arenaria*, uma das espécies mais disseminadas em vários continentes. Esse marcador foi validado para poucas populações dessa espécie. O objetivo do trabalho foi testar a especificidade do marcador are-A12-F/R com diferentes populações de *M. arenaria*, provenientes de diferentes continentes apresentando diferentes perfis enzimáticos (esterase e malato-desidrogenase) típicos da espécie. Foram utilizadas 20 populações: *M. arenaria* (13), *M. morocciensis* (1), *M. javanica* (1), *M. incognita* (1), *M. mayaguensis* (1), *M. hapla* (1) e *Meloidogyne* sp. (2). Em condição de reação previamente descrita para o marcador SCAR, o par de primers are-A12-F/R amplificou um fragmento de 420 pb em 10 populações de *M. arenaria*, uma de *M. morocciensis* e duas de *Meloidogyne* sp. e não apresentou amplificação para três populações de *M. arenaria* e para as demais espécies de *Meloidogyne*. Os resultados mostraram uma alta especificidade dos primers are-A12-F/R, para os diferentes perfis enzimáticos de *M. arenaria* (A1N1, A2N1, A2N3, A3N1), embora três populações dessa espécie não tenham sido identificadas, espécie morfologicamente muito próxima, tenha sido amplificada por esse marcador.