ambos reduziu a população em até 75% no primeiro ano. Os tratamentos com recepa (CR) não associados a nematicidas aumentaram a população do nematóide à medida que as plantas se desenvolveram, enquanto que os CR e com nematicida apresentaram níveis populacionais menores do que os tratamentos sem recepa (SR) com

nematicida. Nos tratamentos SR foram efetuadas duas colheitas, necessitando-se realizar mais duas colheitas para se avaliar o potencial produtivo dos tratamentos CR (que produziram apenas uma “catação”), de modo a concluirmos sobre a viabilidade de tais práticas no controle de *M. exigua*.

GENÔMICA COMPARATIVA PARA IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE FEIJÃO E ALGODÃO POTENCIALMENTE ENVOLVIDOS COM A RESISTÊNCIA À *Meloidogyne incognita* [IDENTIFICATION OF RESISTANCE MECHANISMS TO *Meloidogyne incognita* IN BEANS AND COTTON BY COMPARATIVE GENOMICS] Santana, C.G.; Andrade, A.E.; Guimarães, L.M.; Paes, N.S.; Fragoso, R.; da Silva, F.R.; de Oliveira, J.T.A.; Carneiro, R.M.D.; Grossi-de-Sá, M.F.; Mehta, A. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.P. 02372, Brasília, DF, CEP70849-090. E-mail: amehta@cenargen.embrapa.br. ¹Faculdade da Terra de Brasília–FTB; ²Universidade de Brasília–UnB; ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ⁴Universidade Federal do Ceará.

Atualmente a genômica comparativa tem sido uma importante ferramenta para a interpretação, descrição e predição das funções de genes que se encontram disponíveis nos bancos de dados. Bibliotecas subtrativas de cDNA de genótipos resistente e suscetível de feijão de corda e algodão infectados com *Meloidogyne incognita* foram construídas. Foram obtidos 440 reads das bibliotecas de feijão, formando 205 clusters e 628 reads das bibliotecas de algodão, formando 284 clusters. O objetivo deste estudo foi, através da genômica comparativa, analisar as seqüências de feijão e algodão para buscar mecanismos comuns relacionados à resistência a *M. incognita*. A comparação das seqüências de algodão e feijão revelou a existência de 92 clusters homólogos entre as duas espécies, dos quais 18 são

formados exclusivamente por seqüências oriundas dos genótipos resistentes. A análise destes 18 clusters revelou que apenas 1 cluster não apresentou similaridade com proteínas ou seqüências nucleotídicas presentes nos bancos de dados. É possível que esta proteína tenha um papel importante na resistência da planta à infecção por *M. incognita*. Foram também analisados outros clusters que mostraram similaridade com proteínas hipotéticas e proteínas relacionadas com a resposta a ferimentos e resistência a insetos e patógenos, incluindo lipoxygenases, cytochrome P450, epoxide hydrolase, entre outras.

Apoio financeiro: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, FAPDF/CNPq.

REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO AO NEMATÓIDE DAS LESÕES RADICULARES (*Pratylenchus brachyurus*) [REACTION OF CORN HYBRID TO ROOT LESION NEMATODE (*Pratylenchus brachyurus*)] Ribeiro, G.C; Neves, D.L ; Campos, H.D.; Silva L.H.C.P.; Silva, J.C.R. Universidade de Rio Verde – FESURV, C.P. 104, Rio Verde – GO, CEP: 75901-970. E-mail: campos@fesurv.br

O nematóide das lesões radiculares, *Pratylenchus brachyurus*, tem ocorrido com elevada freqüência nas culturas importantes no Brasil. Fato esse, se deve principalmente ao plantio de culturas e/ou cultivares suscetíveis ao nematóide. Visando avaliar a reação de híbridos de milho à *P. brachyurus* instalou-se um experimento sob condições de estufa de produção na Universidade de Rio Verde - FESURV, Rio Verde, Goiás. Os tratamentos foram constituídos por 8 híbridos Pioneer (30S40, 30K64, 30F35, 30P70, 30K73, 30F80, 30K75 e 30F90). O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, em 10 repetições. Cada parcela foi representada por um vaso com capacidade

para um litro de substrato contendo uma planta do híbrido. Como inóculo de *P. brachyurus* foi utilizada uma suspensão de 5 mL contendo 2000 nematóides para cada vaso contendo uma planta. Aos 60 dias após a inoculação, foram avaliados os pesos do sistema radicular, número total de nematóides por sistema radicular, número de nematóides por grama de raiz e fator de reprodução (FR) para cada híbrido. O híbrido 30K75 proporcionou FR igual a 0,57, comportando-se como má hospedeiro. Os demais híbridos comportaram-se como multiplicadores de *P. brachyurus* proporcionando FR variando entre 1,31 (30S40) a 3,43 (30F80).