sempre maiores na menor profundidade; os valores mais elevados foram relativos aos citros (1,081 - 2,324) e os mais baixos ao pessegueiro (0,741 - 0,614). Em todas as áreas submetidas a uso agrícola os valores de J' foram inferiores aos determinados para mata (0,73 - 0,70). Os maiores

valores de MI (1,327 - 1,393) foram determinados para a mata e os menores para pessegueiro (0,500 - 0,413) e anuais em rotação (0,627 - 0,727). Os maiores valores de PPI foram determinados para o pessegueiro (2,62 - 2,62) e os menores para citros (1,63 - 1,46) e mata (1,65 - 1,58).

REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAFEIEIRO A POPULAÇÕES DE *Meloidogyne exigua*: DETECÇÃO DE VIRULÊNCIA NATURAL AO GENE MEX-1 [HOST STATUS OF COFFEE GENOTYPES TOWARDS *Meloidogyne exigua* POPULATIONS: DETECTION OF NATURAL VIRULENCE TO MEX-1 GENE] Muniz, M.F.S.^{1*}; Campos, V.P.²; Moita, A.W.³; Gonçalves, W.⁴; Carneiro, R.M.D.G.⁵. ¹Universidade Federal de Alagoas-CECA, CEP 57100-000, Rio Largo, AL; ²Universidade Federal de Lavras, Departamento de Fitopatologia, C.P. 3037, CEP 37200-000, Lavras, MG; ³Embrapa Hortaliças, Km 9 BR 60, CEP 70359-970, Brasília, DF; ⁴Instituto Agronômico de Campinas, C.P. 28, CEP 13001-970 Campinas, SP; ⁵Embrapa-Cenargen C.P. 02372, Brasília, DF, CEP 70849-090. *Bolsista FAPEAL. E-mail: mf.muniz@uol.com.br

Dentre as espécies de *Meloidogyne* que afetam o cafeeiro destaca-se *Meloidogyne exigua* pela ampla disseminação no Brasil. Genótipos de cafeeiro foram avaliados em relação à resistência a quatro populações de *M. exigua* provenientes de diferentes regiões. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em delineamento em blocos ao acaso, em esquema fatorial com oito repetições e plantas com seis meses de idade, inoculadas com 10.000 ovos/planta. As populações apresentaram as seguintes procedências, perfis de esterase e hospedeiros: 1. Lavras-MG (E1, cafeeiro), 2. Lavras-MG (E2, cafeeiro e tomateiro), 3. Bom Jesus de Itabapoana-RJ (E1, cafeeiro) e 4. Campinas-SP (E2, cafeeiro). A avaliação foi realizada oito meses após a inoculação, com base nos índices de galhas e massas de

ovos, número de ovos/g raiz e no fator de reprodução (FR). As cultivares IAC Obatã, IAC 40361 e Tupi Amarelo foram suscetíveis às quatro populações de *M. exigua*, comparadas ao padrão de suscetibilidade IAC 144; 'Tupi Vermelho' comportou-se como resistente à população 1 e suscetível às demais. Os genótipos IAPAR 59 e H419-5-4-5-2-Paraíso foram resistentes a três populações (1,2,4). Entretanto, observou-se alta reprodução da população de Bom Jesus de Itabapoana, RJ (FR > 100) nesses genótipos portadores do gene de resistência Mex-1. Esse trabalho coloca em evidência a diversidade fisiológica de *M. exigua* e a capacidade de superar a resistência genética na ausência de condições seletivas.

POLIMORFISMO DE *Meloidogyne incognita* E *M. hispanica* ATRAVÉS DA ANÁLISE DE MARCADORES ISSR [GENETIC VARIABILITY OF *Meloidogyne incognita* AND *M. hispanica* THROUGH ISSR ANALYSIS]. Silveira, N.O.R.; Silva, J.G.P.; Santos, M.F.A.; Almeida, M.R.A.; Carneiro, R.M.D.G.; Tigano, M.S.; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.P. 02372, Brasília, DF, CEP 70849-090. E-mail: recar@cenargen.embrapa.br

Meloidogyne incognita é uma das espécies de maior ocorrência em diferentes culturas no Brasil. A variabilidade dessa espécie pode ser observada a partir de raças fisiológicas e padrões enzimáticos. Dois perfis enzimáticos (esterases, Est I1 e I2 e malatodesidrogenase, Mdh N1) foram detectados no Brasil. Recentemente *M. hispanica* foi relatada parasitando abóbora e cana de açúcar na região Nordeste do Brasil. O objetivo deste trabalho foi estudar a variabilidade genética de oito isolados de *M. incognita* (I1N1 e I2N1), de três isolados de *M. hispanica* (H3N1) e de seis *Meloidogyne* spp. com perfis enzimáticos S2N1 e S2N3. Um isolado de *M. javanica* foi incluído, como 'outgroup'. O DNA genômico foi extraído para cada um dos 18 isolados, e

utilizado na análise de ISSR "Inter-Single Sequence Repeat", com avaliação de um total de 16 primers, sendo que apenas 9 apresentaram bandas polimórficas para as espécies descritas. Foram selecionadas 114 bandas para a análise no programa PAUP. Os resultados demonstraram uma grande proximidade entre todas as populações de *M. incognita*, inclusive as provenientes do cafeeiro. Os quatro isolados de *Meloidogyne* sp. (S2N1) também foram muito próximos de *M. incognita*. Os dois outros isolados de *Meloidogyne* sp. (S2N3) foram mais próximos de *M. hispanica*. Estudos morfológicos mais detalhados estão em andamento para esclarecer as relações detectadas através da análise molecular.