

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES CRÍPTICAS DE *Meloidogyne* ASSOCIADAS AO ARROZ IRRIGADO NO SUL DO BRASIL. Molecular and phylogenetic characterization of cryptic *Meloidogyne* spp. associated with irrigated rice. Mattos, V.S.¹; Santos, M.F.A.¹; Souza, D.A.¹; Gomes, C.B.²; Castagnone-Sereno, P.³; Carneiro, R.M.D.G.¹. ¹EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ²EMBRAPA Clima Temperado, Pelotas, RS. ³INRA, Univ. Nice, Sophia Antipolis, França. E-mail: vsmattos.agro@gmail.com. Apoio: EMBRAPA, CNPq, FAPDF.

Um complexo de espécies de *Meloidogyne* parasitando o arroz irrigado na região sul do Brasil foi recentemente detectado. As espécies *M. graminicola*, *M. oryzae* e outras três espécies atípicas (*M. sp.2*, *M. sp.3* e *M. sp.0*) foram diferenciadas enzimaticamente e estão sendo estudadas através de taxonomia integrativa. O objetivo deste trabalho foi a caracterização molecular dessas espécies através de quatro marcadores (RAPD, AFLP, COII-mtDNA e HSP90). O DNA genômico de todas as populações de *Meloidogyne* spp. foi extraído a partir de ovos e as amplificações seguiram os protocolos estabelecidos para cada região. Foram testados ao total 30 primers RAPD e 7 AFLP. Os primers utilizados para as regiões filogenéticas foram: 1RNAF/COIIR (COII-mtDNA) e RKN-d1F/RKN-5R (HSP90). Um total de 690 fragmentos foram amplificados para os marcadores RAPD e AFLP, o polimorfismo interespecífico variou de 71,3 a 78,6% para *M. sp.2*, *M. sp.3* e *M. sp.0* quando comparadas com as demais espécies e entre elas. O dendrograma obtido através da análise conjunta dos dois marcadores permitiu a separação perfeita das espécies em diferentes clades. Para a região COII-mtDNA, a variação entre as espécies foi de 5 a 10 nucleotídeos, e a árvore filogenética gerada a partir de inferência Bayesiana (IB) apresentou a formação de grupos e subgrupos separando as espécies. Para a região HSP90, a variação entre as espécies foi de 4 a 7 nucleotídeos e essas também se agruparam em árvore IB com cerca de 68 a 97% de probabilidade posterior (bootstrap). Nossos resultados contribuem e dão suporte para uma futura caracterização integrativa dessas espécies crípticas e de suas relações filogenéticas.