

ANÁLISE DE POLIMORFISMO GENÉTICO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-DE-CORDA [*Vigna unguiculata* (L.) WALP.] RESISTENTES E SUSCETÍVEIS À *Meloidogyne incognita*. Andrade, N. C.¹; Oliveira, J. T. A.¹; Arnholdt-Schmitt, B.¹; Freire, F.C.O.²; Grangeiro, T. B.¹; Vasconcelos, I. M.¹. ¹Universidade Federal do Ceará; ²EMBRAPA – Agroindústria Tropical (jtaolive@ufc.com.br).

Os nematóides parásitas de plantas causam perdas globais acima de 100 bilhões de dólares. A meloidoginose, causada pelo nematóide das galhas (*Meloidogyne incognita*), é uma das principais doenças do feijão-de-corda. Estes nematóides são parasitas que infectam o tecido radicular da planta e induzem à formação de um sítio de alimentação através do qual o parasita obtém nutrientes durante todo o seu desenvolvimento, indispensável, portanto, para o progresso da ação parasitária. Estudos indicam que o nematóide das galhas ataca genótipos de feijão-de-corda de maneira diferenciada, estabelecendo relações características de suscetibilidade e resistência. Esta diferenciação entre genótipos desta cultura tem sido objeto de especulação e investigação, pois, possibilita o estabelecimento de estratégias eficientes de controle da meloidoginose. O estudo da origem da resistência tem sido facilitado pela investigação bioquímica e molecular, concomitantes, da doença, sendo possível se avaliar, paralelamente, as características moleculares e fenotípicas de resistência/suscetibilidade na separação confiável de genótipos considerados idênticos. Atualmente, muitas técnicas estão disponíveis para a documentação genética, como a análise por RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). No presente trabalho, RAPD foi usada para avaliar a diversidade genética entre doze genótipos de feijão-de-corda, com diferentes níveis de interação com *M. incognita* e como investigação da existência de marcadores moleculares de resistência. Foram utilizados doze "primers" para a amplificação do DNA genômico e avaliação da variabilidade genética entre os genótipos de feijão-de-corda, o que permitiu a construção de um dendrograma onde dois dos genótipos separaram-se claramente, concordando com o perfil fenotípico de cada um deles quanto à resistência à meloidoginose: o CE-31 (resistente) e o CE-109 (susceptível), com as máximas diferenças quanto à severidade do parasitismo. Foi possível, também, sugerir a existência de, pelo menos, dois fragmentos-RAPD possíveis candidatos a marcadores moleculares da resistência do feijão-de-corda à meloidoginose. (Apoio: CNPq, PRONEX, FUNCAP)