

Sequenciamento genômico de raças de *Meloidogyne incognita*

Georgios D. Koutsovoulos^{1*}, Eder Marques², Marie-Jeanne Arguel³, Andressa CZ Machado⁴, Regina M.D.G. Carneiro², Djampa K. Kozlowski¹, Philippe Castagnone-Sereno¹, Etienne GJ Danchin^{1*}, Erika VS Albuquerque^{2*}

¹Institut Sophia Agrobiotech, INRA, CNRS, Université Côte d'Azur, France

²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil

³Institut de pharmacologie moléculaire et cellulaire, CNRS, Université Côte d'Azur, France

⁴Área de Proteção de Plantas, Instituto Agronômico do Paraná, Londrina, Paraná, Brasil

Os nematoides mais devastadores para a agricultura mundial são os nematoides das galhas, sendo *Meloidogyne incognita* a espécie mais amplamente distribuída e prejudicial. Este sucesso parasitário e ecológico pode parecer surpreendente, dada a suposta reprodução clonal obrigatória. A reprodução clonal tem sido considerada com base em observações citológicas, embora nunca ter sido confirmada por dados de genômica populacional. Em nível de espécie, *M. incognita* é polífaga com milhares de plantas hospedeiras. No entanto, a faixa de hospedeiros varia entre diferentes isolados de *M. incognita* que podem apresentar compatibilidades e agressividade distintas e mais restritas, dadas as espécies de plantas. Historicamente, quatro "raças hospedeiras" foram definidas como uma função de sua compatibilidade com uma faixa limitada de plantas hospedeiras. Sequenciamos os genomas de 11 isolados em todo o Brasil, cobrindo essas quatro raças distintas para (i) testar evidências de recombinação (ii) avaliar o nível de variabilidade genômica em relação a características biológicas como as raças hospedeiras, cultura agrônômica afetada e distribuição geográfica.

Ao alinhar os genomas dos isolados ao genoma de referência de *M. incognita*, identificamos SNPs e inserções / deleções em pequena escala. Usando informações de desequilíbrio de ligação e teste de 4-gametas, não encontramos evidências claras de recombinação, confirmando o modo clonal de reprodução de *M. incognita*. Mostramos que há variações de ponto relativamente baixo entre os diferentes isolados, e essas variações não mostram nenhuma associação significativa com as raças do hospedeiro, a origem geográfica das amostras, nem a planta hospedeira na qual elas foram coletadas.

Estes resultados sugerem que múltiplos ganhos e perdas de habilidades parasitas e adaptações a diferentes condições ambientais são responsáveis pelo amplo espectro do hospedeiro e ampla distribuição geográfica de *M. incognita*. Esta espécie mostra adaptabilidade surpreendente sem recombinação sexual e variações genômicas baixas em geral. Embora existam variações nas faixas de hospedeiros do *M. incognita*, recomendamos a descontinuidade da terminologia “raça” devido à falta de sinal filogenético subjacente.

A adaptabilidade de *M. incognita* apesar de sua reprodução assexuada obrigatória e a falta de sinal filogenético subjacente às raças hospedeiras têm importantes implicações práticas no nível agrícola. Caracterizar populações que diferem em sua capacidade de infestar um determinado hospedeiro (que carregam genes de resistência específicos) é de importância crucial para os agricultores e agrônomos. Com efeito, as principais estratégias de controle de *Meloidogyne* spp. consistem na implantação de cultivares resistentes e rotação de culturas apropriada contra uma determinada raça específica. Se a identidade de uma população é desconhecida, a cultura selecionada para uso em um esquema de manejo pode causar aumentos dramáticos nas populações de nematoides (Hartman e Sasser, 1985). No entanto, a adaptabilidade de *M. incognita* lança sérias dúvidas sobre a durabilidade de tais estratégias e deve ser levada em conta nos esquemas de rotação. Além disso, a própria realidade biológica das raças hospedeiras é desafiada pela falta de sinal genético subjacente. Na verdade, o conceito de raça hospedeira nunca foi universalmente aceito, em parte porque assegurou apenas uma pequena porção da variação potencial na habilidade parasita (Moens et al., 2009). No conceito inicial da raça hospedeira, mesmo considerando que *M. incognita* apresentou centenas de plantas hospedeiras conhecidas, apenas seis padrões diferentes de hospedeiros foram usados para caracterizar as raças. Novas raças de host podem ser definidas ao incluir hosts adicionais no teste diferencial. De fato, duas raças *M. incognita* adicionais foram caracterizadas na Espanha que não se encaixavam no esquema racial publicado anteriormente (Robertson et al. 2009). Embora a terminologia "raças" de *Meloidogyne* spp. tem sido recomendado para não ser usado desde 2009 (Moens et al. 2009), alguns trabalhos relacionados a diversidade de *M. incognita* de compatibilidade de hospedeiro ou seleção de cultivares resistentes ainda estão usando este termo; incluindo café (Lima et al. 2015; Peres et al. 2017); algodão (Mota et al. 2013; da Silva et al. 2014) ou soja (Fourie et al. 2006). Isso reflete a importância prática de diferenciar populações de *M. incognita* de acordo com

suas diferentes faixas de compatibilidades. No entanto, como essas variações nos intervalos de hospedeiros não seguem ancestralidade genética comum, sugerimos à comunidade acadêmica abandonar o termo “raça” para *M. incognita*.

Literatura consultada:

Hartman KM, Sasser JN. 1985. Identification of *Meloidogyne* species on the basis of differential host test and perineal-pattern morphology. In: Barker KR, Carter CC, Sasser JN, editors. Advanced Treatise on Meloidogyne. Vol. II. Raleigh: North Carolina State University. p. 69–77.

Moens M, Perry RN, Starr JL. 2009. Meloidogyne species: a diverse group of novel and important plant parasites. In: Root-knot Nematodes. CABI Publishing. p. 1–17.

Available from: <http://hdl.handle.net/1854/LU-866916>

Robertson L, Díez-Rojo MA, López-Pérez JA, Buena AP, Escuer M, Cepero JL, Martínez C, Bello A. 2009. New Host Races of *Meloidogyne arenaria*, *M. incognita*, and *M. javanica* from Horticultural Regions of Spain. Plant Dis. 93:180–184. Lima EA, Furlanetto C, Nicole M, Gomes ACMM, Almeida MRA, Jorge-Júnior A,

Correa VR, Salgado SM, Ferrão MAG, Carneiro RMDG. 2015. The Multi-Resistant Reaction of Drought-Tolerant Coffee “Conilon Clone 14” to *Meloidogyne* spp. and Late Hypersensitive-Like Response in *Coffea canephora*. Phytopathology 105:805–814.

Peres ACJ, Salgado SML, Correa VR, Santos MFA, Mattos VS, Monteiro JMS, Carneiro RMDG. 2017. Resistance of genotypes against and under controlled and field conditions. Nematology 19:617–626.

Mota FC, Alves GCS, Giband M, Gomes ACMM, Sousa FR, Mattos VS, Barbosa VHS, Barroso P a. V, Nicole M, Peixoto JR, et al. 2013. New sources of resistance to *Meloidogyne incognita* race 3 in wild cotton accessions and histological characterization of the defence mechanisms. Plant Pathol. 62:1173–1183.

da Silva E, da Silva Mattos V, Furlanetto C, Giband M, Barroso P, Moita A, JorgeJunior A, Correa V, Castagnone-Sereno P, Carneiro R. 2014. Genetic variability and virulence of *Meloidogyne incognita* populations from Brazil to resistant cotton genotypes. Eur. J. Plant Pathol. 139:195–204.

Fourie H, McDonald AH, Waele DD. 2006. Host suitability of South African and foreign soybean cultivars to *Meloidogyne incognita* race 2. South Afr. J. Plant Soil 23:132–137.