

DISTRIBUCIÓN PRELIMINAR DEL NEMATODO AGALLADOR *Meloidogyne enterolobii* EN MÉXICO. [Preliminary distribution of the root-knot nematode *Meloidogyne enterolobii* in México].

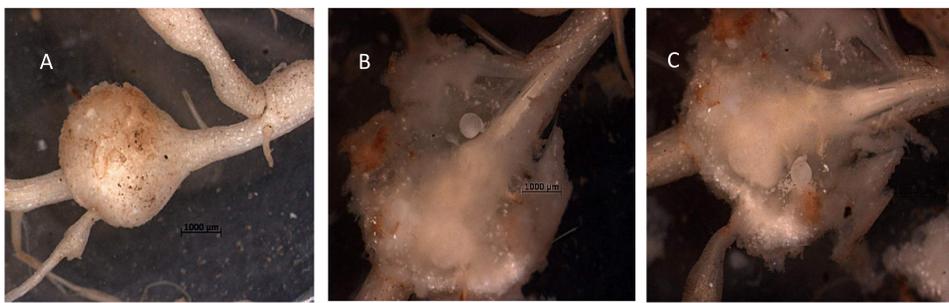
Salomé Alcasio-Rangel, Ángel Ramírez-Suárez, Leonel Rosas-Hernández y Oscar Morales Galván. Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria, DGSV, SENASICA-SAGARPA. Guillermo Pérez Valenzuela, Col. Del Carmen, Del. Coyoacán, México D.F. Correo-e: salome.alcasio@senasica.gob.mx

INTRODUCCIÓN

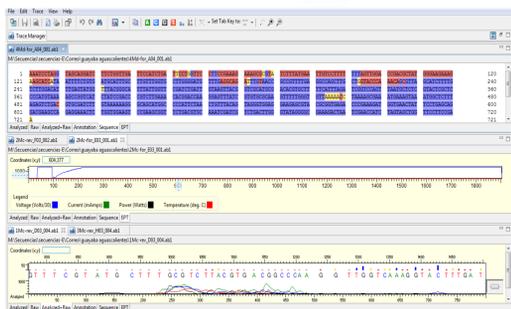
El género *Meloidogyne* es una plaga de gran importancia debido a que afecta una infinidad de cultivos y plantas arvenses. A partir del primer registro en México de *M. enterolobii* en sandía se ha observado que también se encuentra en otras regiones del país. Esta especie se caracteriza por tener alto nivel de patogenicidad y afecta a cultivos que poseen genes de resistencia a nematodos agalladores.

El presente estudio tuvo como objetivo determinar la distribución preliminar en México de *M. enterolobii* en diferentes zonas agrícolas y hospedantes.

MATERIALES Y MÉTODOS



Amplificación y secuenciación de las regiones COII/16S del mtDNA y D2-D3 del gen 28S del rDNA.



Análisis de secuencias

Figura 1. Análisis integrativo para la identificación de *M. enterolobii*. A) Raíz con síntoma característico (agalla). B y C) Disección directa de raíz para la extracción de hembras y masas de huevos. D y E). Patrón perineal característico de *M. enterolobii*. F-H) Montajes temporales de juvenil de 2º estadio mostrando longitud del cuerpo, región anterior y región posterior respectivamente.

BIBLIOGRAFÍA

1. Brito J., Powers O.T., Mullin P.G., Inserra R.N and Dickson D.W. 2004. Morphological and molecular characterization of *Meloidogyne mayaguensis* isolates from Florida. Journal of Nematology 36:232-240.
2. Block V.C., Phillips M.S. and Fargette M. 1997. Comparison of sequences from the Ribosomal DNA Intergenic Region of *Meloidogyne mayaguensis* and other major Tropical root-knot Nematodes. Journal of Nematology 29:16-221.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis morfológico y morfométrico realizado concuerda con los reportados por Brito *et al.*, 2004 y Block *et al.*, 1997. Las amplificaciones obtenidas fueron: 705 pb (COII/16S del mtDNA) y 750 pb (D2-D3 del gen 28S del rDNA), aproximadamente. Las secuencias del marcador COII/16S del mtDNA comparadas con la base de datos del NCBI confirmaron la identidad de *M. enterolobii* con un 100% de ID ($E=0.0$).

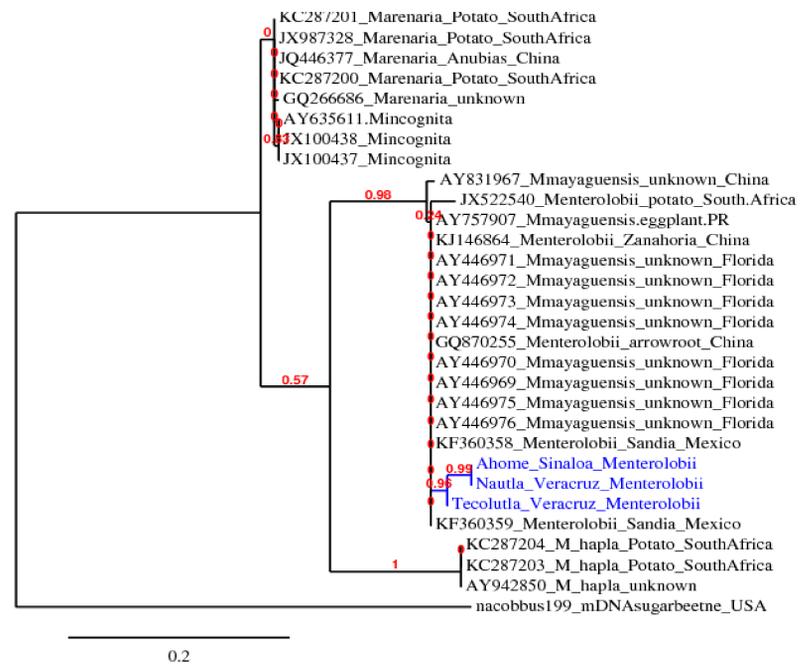


Figura 2. Inferencia filogenética mediante el criterio de máxima probabilidad de la región COII/16S del mtDNA de *M. enterolobii* en muestras de México. Los valores bootstrap corresponden al soporte de cada clade ($I=100\%$).



Figura 3. Mapa de distribución de *M. enterolobii* en México.

CONCLUSIONES

Los resultados indican que a la fecha se tiene la presencia de *M. enterolobii* en los municipios de Ahome, Sinaloa (Chile), Nautla y Tecolutla, Veracruz (sandía, guayaba, nopal, frijol, tomate de cáscara) y en malezas: *Corchorus orinocensis*, *Euphorbia dentata*, *Jaquemontia tamnifolia*, y en Bacalar, Quintana Roo (piña). Debido a que la determinación de la identidad de esta especie se logra mediante la combinación de taxonomía tradicional y molecular, es probable que pueda estar presente también en otras regiones y hospederos.