

doi <https://doi.org/10.18265/2447-9187a2024id8337>

ARTIGO ORIGINAL

SUBMETIDO 21/02/2024

APROVADO 17/05/2024

PUBLICADO ON-LINE 27/05/2024

VERSÃO FINAL DIAGRAMADA 06/08/2025

EDITOR ASSOCIADO

Prof. Dr. Fábio Júnior Araújo Silva

Caracterização molecular de populações de *Meloidogyne enterolobii* e *M. konaensis* no estado do Ceará, Brasil

 Francisco Jorge Carlos de Souza Junior ^[1] *

 Aglairo Bispo Milfont Neto ^[2]

 Mayara Castro Assunção ^[3]

[1] jorgeldp2011@gmail.com
Instituto Centro de Ensino
Tecnológico (CENTEC), Fortaleza,
Ceará, Brasil

[2] netomilfont@hotmail.com
Universidade Federal do
Ceará (UFC), Fortaleza,
Ceará, Brasil

[3] mayara_castroa@hotmail.com
Prospecta Assessoria e Serviços
Agropecuários, Maceió,
Alagoas, Brasil

* Autor para correspondência.

RESUMO: A fruticultura é uma atividade econômica e social significativa em todas as regiões do Brasil. Com uma produção anual superior a 40 milhões de toneladas, o país ocupa o terceiro lugar no ranking mundial. Vários fatores podem causar perdas aos produtores durante o processo de produção – entre eles, a ocorrência de problemas fitossanitários, como a presença de nematoides, está entre as principais causas. Os nematoides-das-galhas, do gênero *Meloidogyne*, são os principais patógenos que afetam as frutíferas no Brasil, incluindo goiaba e mamão, levando a perdas econômicas substanciais. Dado esse contexto, o presente estudo teve como objetivo caracterizar isolados de *Meloidogyne enterolobii* e *M. konaensis* associados às culturas de goiaba e mamão no estado do Ceará, usando marcadores enzimáticos e moleculares. Os isolados foram obtidos da Coleção de Fitonematoides do Laboratório de Fitopatologia da Universidade Federal do Ceará (UFC). A identificação molecular foi realizada por meio do sequenciamento das regiões D2-D3 do 28S rDNA e da região ITS. Os cladogramas gerados a partir dos dados de sequenciamento agruparam as populações de *M. enterolobii* e *M. konaensis* com base na análise de máxima verossimilhança, com isolados do Brasil e de outros países exibindo 98%-99% de similaridade. Duas espécies de *Meloidogyne* foram identificadas: *M. enterolobii* (MeCE-01) e *M. konaensis* (MkCE-01). A identificação precisa de espécies de *Meloidogyne* é essencial para a implementação de estratégias de manejo que visem reduzir as populações desse nematoide, principalmente quando há interesse de se utilizar variedades resistentes.

Palavras-chave: 28S; esterase; identificação; ITS; nematoide-das-galhas.

Molecular characterization of Meloidogyne enterolobii and M. konaensis populations in the state of Ceará, Brazil

ABSTRACT: Fruit cultivation is a significant economic and social activity in all regions of Brazil. With annual production exceeding 40 million tons, the country



ranks third worldwide. Various factors can cause producers losses during the production process, with phytosanitary issues, such as the presence of nematodes, being among the primary causes. Root-knot nematodes of the genus *Meloidogyne* are the main pathogens affecting fruit crops in Brazil, including guava and papaya, leading to substantial economic losses. Given the context, the present study aimed to characterize isolates of *Meloidogyne enterolobii* and *M. konaensis* associated with guava and papaya crops in Ceará, using enzymatic and molecular markers. The isolates were obtained from the Phytonematode Collection of the Laboratory of Phytopathology at the Federal University of Ceará (UFC). Molecular identification was performed through sequencing of the D2-D3 regions of 28S rDNA and the ITS region. The cladograms generated from the sequencing data grouped *M. enterolobii* and *M. konaensis* populations based on maximum likelihood analysis, with isolates from Brazil and other countries reaching 98%-99% similarity. Two *Meloidogyne* species were identified: *M. enterolobii* (MeCE-01) and *M. konaensis* (MkCE-01). Accurate identification of *Meloidogyne* species is essential for implementing management strategies aimed at reducing nematode populations, particularly when there is interest in using resistant varieties.

Keywords: 28S; esterase; identification; ITS; root-knot nematode.

1 Introdução

A fruticultura brasileira é um setor que, nos últimos anos, tem apresentado crescimento tanto na produção quanto na quantidade colhida a cada safra (Duarte, 2018). Esse avanço contribui para a significativa participação do país no ranking mundial, o qual ocupa a terceira posição, atrás apenas da Índia, que se encontra em segundo lugar, e da China, maior produtora mundial (FAO, 2021). No Brasil, são colhidas mais de 40 milhões de toneladas de frutas por ano (Kist; Carvalho; Beling, 2021), sendo os principais estados produtores São Paulo, Bahia, Minas Gerais, Rio Grande do Sul e Pará. Destacam-se, entre as culturas, a laranja, o limão, a tangerina, a banana, o abacaxi, o coco-da-baía, a melancia e o mamão (Gerum *et al.*, 2019).

No estado do Ceará, a fruticultura possui grande importância econômica e social, contribuindo significativamente para a geração de empregos diretos e indiretos, além de possibilitar a diversificação da produção agrônômica. As condições edafoclimáticas da região favorecem o cultivo de diversas frutas tropicais, entre as quais se destacam a banana, o maracujá, o coco-da-baía e o mamão, amplamente demandados tanto no mercado interno quanto no externo (IBGE, 2022b; Vidal, 2020). O cultivo de frutas nas áreas produtivas do Ceará impacta significativamente a geração de renda em comunidades rurais e o desenvolvimento de agroindústrias (Nascimento *et al.*, 2021).

A goiaba (*Psidium guajava* L.) tem destaque na produção nacional, sendo o Brasil o maior produtor mundial de goiaba vermelha (Galeano *et al.*, 2023). No país, as regiões Nordeste e Sudeste concentram a maior produção, com Pernambuco, Bahia e Ceará figurando entre os estados nordestinos de maior relevância (IBGE, 2022a). Assim como ocorre em outras culturas, problemas fitossanitários afetam a produção de goiaba, reduzindo a produtividade e comprometendo a qualidade dos frutos (Sussel, 2010). Entre os principais agentes fitopatogênicos, destacam-se os nematoides do gênero *Meloidogyne* Goeldi, sendo *M. enterolobii* Yang & Eisenback a principal espécie associada à goiabeira, responsável por perdas expressivas nos pomares (Silva; Santos; Silva, 2016).

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) também se destaca na fruticultura nacional, pois apresenta boa adaptação a regiões de clima tropical e subtropical (Kist *et al.*, 2018). Os estados brasileiros com maior produção dessa fruta são Espírito Santo, Bahia e Ceará (IBGE, 2022a), fomentando a cadeia produtiva e contribuindo para a geração de emprego e renda nas regiões produtoras (Nunes *et al.*, 2021). No entanto, a cultura do mamão é suscetível a diversos fitopatógenos, incluindo os nematoides do gênero *Meloidogyne*, frequentemente presentes nas lavouras e responsáveis por prejuízos consideráveis. As espécies *M. javanica* (Treub) Chitwood e *M. enterolobii* são as mais comumente relatadas. Entretanto, em levantamento realizado no estado do Ceará, *M. konaensis* Eisenback, Bernard & Schmitt também foi identificada em áreas de produção de mamão (Silva; Santos; Silva, 2016).

Os nematoides parasitas de plantas estão amplamente distribuídos no Brasil e são capazes de causar danos significativos à agricultura, resultando em perdas substanciais na produção. No entanto, esses patógenos são frequentemente negligenciados, uma vez que o parasitismo nem sempre leva a sintomas específicos, podendo ser confundido com déficit hídrico, carências nutricionais, fatores abióticos, manejos inadequados ou até mesmo com outros patógenos (Ferraz; Brown, 2016). Como consequência, há certa resistência ao diagnóstico preciso do problema e à adoção de medidas de manejo adequadas, agravando os prejuízos, sobretudo na fruticultura (Dias-Arieira *et al.*, 2010).

O gênero *Meloidogyne*, conhecido como nematoide-das-galhas, é o mais relevante economicamente para a agricultura global, podendo causar perdas de até 100% da produção, dependendo da densidade populacional, das condições ambientais e da fisiologia da planta hospedeira (Alfenas, 1998; Moens; Perry; Starr, 2009). Esse patógeno apresenta ampla distribuição e um vasto número de hospedeiros, sendo um endoparasita sedentário obrigatório altamente adaptado. A formação de galhas no sistema radicular das plantas hospedeiras resulta em hiperplasia e hipertrofia, comprometendo a absorção de água e nutrientes (Agris, 2005; Jones *et al.*, 2013; Karssen, Wesemael; Moens, 2013; Vovlas *et al.*, 2005).

A taxonomia clássica do gênero *Meloidogyne* é realizada em laboratório, com base nas características morfológicas das fêmeas, dos machos e dos juvenis de segundo estágio (J2), juntamente com as plantas diferenciadoras para a determinação da raça das principais espécies: *M. incognita*, *M. javanica*, *M. arenaria* e *M. hapla* (Hartman; Sasser, 1985; Taylor; Sasser, 1978). Entretanto, a identificação morfológica é subjetiva, exigindo a atuação de nematologistas taxonomistas experientes, e mesmo assim, pode estar sujeita a erros devido às variações intraespecíficas. Isso tem motivado a busca por métodos mais precisos para a identificação das espécies (Carneiro; Lima; Correia, 2017; Silva *et al.*, 2014).

A caracterização molecular do gênero *Meloidogyne* utiliza técnicas baseadas em DNA, o que tem se mostrado essencial para garantir uma identificação mais rápida e precisa (Castagnone-Serenio; Vanlerberghe-Masutti; Leroy, 1994; Silva, 2014; Silva; Santos; Silva, 2016). Além disso, essa abordagem proporciona um diagnóstico mais acurado, viabilizando a adoção de estratégias de manejo mais eficazes para reduzir as populações de *Meloidogyne* spp.

Os métodos moleculares também são utilizados no monitoramento geográfico de regiões agrícolas, permitindo a obtenção de informações quantitativas sobre o nível de infecção e a progressão do patógeno em áreas vizinhas. Essas técnicas possibilitam, ainda, a identificação de variações intraespecíficas ou o surgimento de novas espécies, o que é essencial para a formulação de estratégias eficazes de manejo, visando tanto o controle quanto a prevenção da introdução de fitopatógenos em áreas ainda não afetadas (Bell *et al.*, 2021).

No Laboratório de Fitopatologia da Universidade Federal do Ceará (UFC), são mantidas espécies de *Meloidogyne* naturalmente presentes em diferentes culturas no

estado do Ceará, incluindo *M. enterolobii*, amplamente disseminada em diversas regiões e hospedeiros no Brasil, e *M. konaensis*, cuja ocorrência no país tem sido relatada apenas no estado do Ceará. Considerando a relevância dessas espécies para a região, este estudo teve como objetivo caracterizar isolados de *M. enterolobii* e *M. konaensis* provenientes de áreas de cultivo cearenses, investigando suas relações filogenéticas com isolados descritos em outros países, por meio do sequenciamento das regiões D2-D3 do 28S rDNA e ITS.

Diante da escassez de dados filogenéticos do gênero *Meloidogyne* que correlacionem populações do Ceará com outras populações globais, a seção 2 apresenta a metodologia empregada, incluindo os locais de coleta e as caracterizações morfológica, morfométrica, bioquímica e molecular das populações de *Meloidogyne* spp. do estado. Na seção 3, são apresentados e discutidos os resultados, destacando a identificação das populações amostradas e suas relações filogenéticas com isolados de outros países, cujos dados das regiões D2-D3 do 28S rDNA e ITS estão depositados no GenBank. Por fim, na seção 4, são expostas as conclusões e as perspectivas para estudos futuros a partir das informações obtidas.

2 Método da pesquisa

As populações de *Meloidogyne* spp. utilizadas neste estudo foram obtidas a partir da coleção de fitonematoides do Laboratório de Fitopatologia da UFC. Os isolados de *M. enterolobii* e *M. konaensis* foram extraídos de raízes infectadas de plantas de goiaba e mamão, coletadas em pomares localizados nos municípios de Acaraú e Guaiuba, ambos no estado do Ceará (CE) (Silva; Santos; Silva, 2016). A identificação das espécies de *Meloidogyne* foi realizada com base em características morfológicas, por meio da análise de padrões perineais (Hartman; Sasser, 1985); morfométricas; bioquímicas, utilizando eletroforese da isoenzima esterase (Carneiro; Almeida; Quénéhervé, 2000; Esbenshade; Triantaphyllou, 1990); e moleculares, com o uso do marcador SCAR (Monteiro *et al.*, 2016; Silva; Santos, 2017). As populações de *Meloidogyne* spp. foram mantidas e multiplicadas a partir de uma única massa de ovos de cada população, garantindo a obtenção de amostras puras dos nematoides, as quais foram inoculadas em plantas de coleus (*Plectranthus scutellarioides* (L.) R.Br.) (Silva; Santos, 2012), sob condições controladas de casa de vegetação (29 ± 4 °C).

Para a caracterização das populações de *M. enterolobii* e *M. konaensis*, foram extraídas quatro fêmeas de cada espécie das raízes de coleus, utilizando microscópio estereoscópio e estilete, após lavagem do sistema radicular em água corrente, conforme metodologia descrita por Christoforou, Orford e Tsaltas (2017). As fêmeas extraídas foram transferidas para tubos contendo tampão de extração, sendo alocadas duas fêmeas por tubo. A extração do DNA genômico foi realizada utilizando o protocolo WLB – *Worm Lysis Buffer* (Waeyenberge *et al.*, 2000), no qual as fêmeas foram retiradas das raízes e transferidas para uma solução salina contendo 1 M NaCl (29,22 g NaCl em 500 mL de água destilada). Em seguida, foram individualmente colocadas em microtubos de 0,2 mL contendo 20 μ L de solução WLB e, com o auxílio de uma pinça, suas cutículas foram rompidas para extravasamento do conteúdo interno na solução. O material foi incubado a 60 °C por uma hora, com agitação manual a cada 15 minutos, seguida de aquecimento a 95 °C por 15 minutos e resfriamento a 4 °C. Ao término do processo, foram obtidas quatro amostras de DNA: duas do isolado MeCE-01 (Msp1 e Msp2) e duas do isolado MkCE-01 (Msp3 e Msp4).

A qualidade do DNA extraído foi avaliada por eletroforese em gel de agarose a 0,8%, corado com 0,25 μ g/ml de brometo de etídio em TBE 1X, submetido a uma tensão elétrica de 100 V (1 V/cm a 5 V/cm de comprimento do gel) por 30 minutos. A integridade do

DNA foi analisada sob luz UV, e a quantificação foi realizada em um espectrofotômetro NanoVue™ (GE Healthcare®), utilizando 3 µL da amostra. A extração foi considerada adequada quando a razão 260/280 variou de 1,8 a 2,0.

Quadro 1 ▼

Primers utilizados para a amplificação da região D2-D3 do 28S rDNA e das regiões ITS de populações de *Meloidogyne* spp.
Fonte: De Ley et al. (1999) e Vrain et al. (1992)

Para a obtenção das sequências de nucleotídeos dos isolados MeCE-01 e MkCE-01, com o objetivo de estudos filogenéticos subsequentes, foram amplificados dois fragmentos do DNA ribossomal (rDNA): a região D2-D3 do 28S rDNA e a região ITS. A amplificação da região D2-D3 do segmento 28S rDNA foi realizada com os pares de primers D2A e D3B, enquanto a região ITS foi amplificada com os primers 18S e Vrain2R (Quadro 1). Essas regiões foram selecionadas por apresentarem alta informatividade e pela disponibilidade de diversas sequências depositadas em bancos de nucleotídeos, fator essencial para estudos de relações filogenéticas.

Primer	Sequência (5' – 3')	Região	Tamanho	Referência
D2A	ACAAGTACCGTGAGGGAAAGTTG	28S	700 pb	De Ley et al. (1999)
D3B	TCGGAAGGAACCAGCTACTA			
18S	TTGATTACGTCCTGCCCTTT	ITS	750 pb	Vrain et al. (1992)
VRAIN2R	TTTCACTCGCCGTTACTAAGGGAATC			

Na reação em cadeia da polimerase (PCR – *Polymerase Chain Reaction*), foi utilizado o kit PCR Master Mix (2X) (Fermentas®), com um volume final de 25 µL, seguindo os protocolos do fabricante. Para a amplificação dos isolados de *M. enterolobii* e *M. konaensis*, empregou-se o termociclador Biocycler MJ 96+ (Biosystems®), conforme os protocolos descritos por Powers e Harris (1993). As condições da PCR para a amplificação dos segmentos variaram: para 28S, realizou-se a desnaturação a 95 °C por 3 minutos, seguida de 35 ciclos de 95 °C por 1 minuto, 68 °C por 1 minuto e 72 °C por 1 minuto, com extensão final a 72 °C por 7 minutos; para ITS, a desnaturação ocorreu a 94 °C por 1 minuto, seguida de hibridização a 48 °C por 1 minuto e extensão a 70 °C por 2 minutos, repetidos por 45 ciclos, com extensão final a 72 °C por 7 minutos. Foram analisadas duas amostras de DNA de cada espécie de nematoide. Os fragmentos amplificados foram visualizados em gel de agarose a 2%, e as impurezas foram removidas por meio do kit AxyPrep™ PCR Cleanup (Axygen®). Após a verificação da qualidade da amplificação das regiões ITS e D2-D3 no gel de agarose, os quatro isolados foram enviados para sequenciamento utilizando a tecnologia de Sanger no sequenciador automático 3500 DNA Analyzer (Applied Biosystems®), conforme as especificações do fabricante.

Uma análise preliminar da região ITS foi realizada para identificar haplótipos por meio do software DnaSP v.5 (Librado; Rozas, 2009), a fim de selecionar isolados representativos para o sequenciamento da região D2-D3 do 28S. Em seguida, as sequências das duas regiões foram alinhadas e ajustadas manualmente por inspeção visual para garantir o máximo de alinhamento e similaridade, excluindo-se das análises regiões com sequências ambíguas. Posteriormente, as sequências de nucleotídeos dos isolados (MeCE-01 e MkCE-01) foram depositadas no GenBank¹ e comparadas com outras sequências de *Meloidogyne* depositadas, utilizando o programa BLASTn² para localizar sequências similares às sequências consenso de MeCE-01 e MkCE-01 por meio de alinhamento local.

Após o sequenciamento, a análise filogenética foi conduzida pelo método da Máxima Verossimilhança (MV) (Bryant; Galtier; Poursat, 2005). As sequências dos isolados-tipos de *Meloidogyne* foram obtidas no GenBank (Quadro 2) e utilizadas como referência para a realização dos alinhamentos múltiplos das sequências de *M. enterolobii*

[1] GenBank. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>. Acesso em: 18 maio 2024.

[2] BLASTn. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>. Acesso em: 18 maio 2024.

Quadro 2 ▼

Isolados de *Meloidogyne* utilizados na análise das sequências das regiões ITS e D2-D3 do 28S rDNA.
Fonte: GenBank (2024)

e *M. konaensis*, empregando-se o programa MAFFT (Kato; Standley, 2013). O programa MrModeltest (Nylander, 2004), implementado no PAUP (*Phylogenetic Analysis Using Parsimony*, v.4.0 b10), foi utilizado para determinar os melhores modelos para cada análise. A confiabilidade dos nós das árvores filogenéticas foi avaliada por meio do método de *bootstrap* com 1.000 simulações, considerando-se apenas valores de suporte superiores a 70%, conforme estudo conduzido por Powers (2004).

Espécies	Hospedeira	Local	Código do GenBank	
			D2-D3	ITS
<i>M. arenaria</i>	Gramíneas	China	KP901082	MF168954
<i>M. arenaria</i>	Gramíneas	China	KX151138	MF168955
<i>M. chitwoodi</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	EUA	KP901080	U96302
<i>M. chitwoodi</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	Holanda	AF435802	AY281852
<i>M. enterolobii</i>	<i>Zingiber officinale</i>	China	MF467276	KP901058
<i>M. enterolobii</i> *	<i>Psidium guajava</i>	Brasil	PP564852	PP555601
<i>M. ethiopica</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	Brasil	KF482372	MF168951
<i>M. ethiopica</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	África do Sul	–	LN626966
<i>M. fallax</i>	<i>Solanum physalifolium</i>	Nova Zelândia	FN429017	–
<i>M. graminis</i>	Gramíneas	EUA	JN019331	–
<i>M. graminis</i>	Gramíneas	EUA	KP901077	–
<i>M. hapla</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	EUA	MN475814	AF516722
<i>M. hapla</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	Etiópia	KU587712	–
<i>M. haplanaria</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	EUA	–	MK102773
<i>M. haplanaria</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	EUA	–	MK102772
<i>M. hispanica</i>	<i>Morus</i> spp.	Irã	KT359553	–
<i>M. hispanica</i>	<i>Prunus domestica</i>	Espanha	EU443606	–
<i>M. incognita</i>	<i>Daucus carota</i>	Brasil	MF157447	MF168966
<i>M. incognita</i>	<i>Daucus carota</i>	Brasil	MF157442	MF168965
<i>M. javanica</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	Brasil	KY033196	MF168972
<i>M. javanica</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	Brasil	MK410436	MF168973
<i>M. konaensis</i>	<i>Coffea arabica</i>	EUA	AF435797	AF516723
<i>M. konaensis</i> *	<i>Carica papaya</i>	Brasil	PP564853	PP555602
<i>M. lopezi</i>	<i>Coffea arabica</i>	Costa Rica	KF993616	–
<i>M. marylandi</i>	Gramíneas	Israel	JN157852	MK102781
<i>M. marylandi</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	EUA	MK102782	MK102774
<i>M. minor</i>	Gramíneas	Reino Unido	JN157846	AY281855
<i>M. minor</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	Nova Zelândia	KX671113	–
<i>M. paranaensis</i>	<i>Coffea arabica</i>	Brasil	–	KY911110

*Isolados identificados neste estudo

3 Resultados e discussões

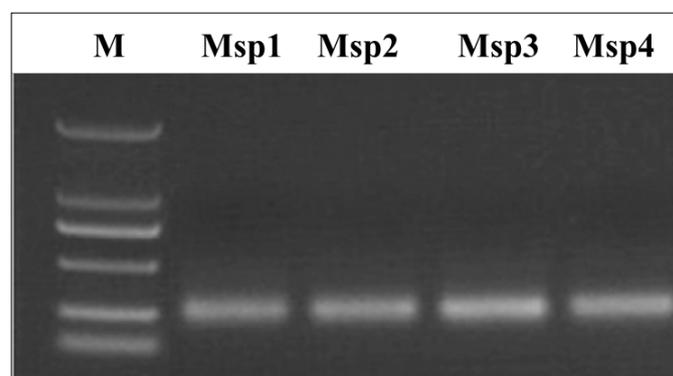
Inicialmente, foi analisada a integridade do DNA dos isolados MeCE-01 (Msp1 e Msp2) e MkCE-01 (Msp3 e Msp4) para posterior amplificação das regiões ITS e D2-D3. A eletroforese realizada após a extração do DNA de todos os isolados indicou que as amostras estavam adequadas para as amplificações.

Os isolados foram classificados em dois haplótipos diferentes (H1-H2), sendo dois deles representados pelo haplótipo H1, com suas sequências agrupadas em *Meloidogyne* 1 (MeCE-01), e os outros dois pelo haplótipo H2, identificados como *Meloidogyne* 2 (MkCE-01). Dois isolados representativos desses haplótipos foram selecionados a partir da análise da região ITS para o sequenciamento do lócus restante e análises subsequentes. Em seguida, foi avaliada a amplificação dos isolados MeCE-01 (Msp1 e Msp2) e MkCE-01 (Msp3 e Msp4) por PCR, por meio da técnica de eletroforese em gel de agarose, nas regiões ITS (Figura 1) e D2-D3.

Figura 1 ▶

PCR da região ITS dos isolados de MeCE-01 (Msp1 e Msp2) e MkCE-01 (Msp3 e Msp4).

Fonte: dados da pesquisa



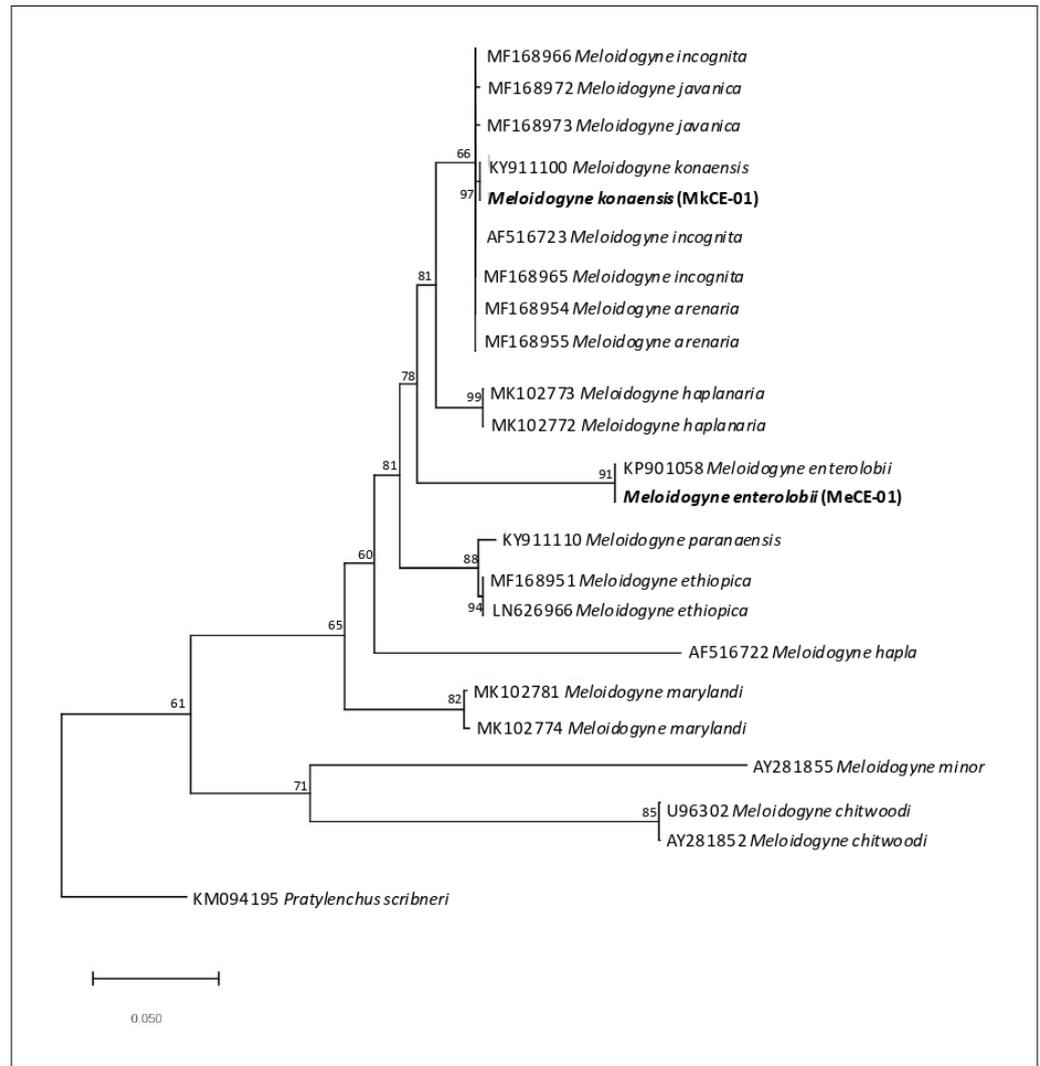
Nota: M: marcador de peso molecular de 1 Kb; Msp1-Mps2: isolados de *M. enterolobii*; Msp3-Mps4: isolados de *M. konaensis*

Foram obtidas quatro sequências de nucleotídeos: duas da região ITS, com 724 bp cada, e duas da região D2-D3 do 28S, sendo a de MeCE-01 com 755 bp e a de MkCE-01 com 750 bp. A análise das sequências estudadas indicou que os isolados MeCE-01 e MkCE-01 foram agrupados em um clado bem sustentado, com análises multilocais de MV em árvores para lócus individuais, apresentando topologia semelhante. Constatou-se, ainda, que os alinhamentos de múltiplas sequências indicaram uma ancestralidade comum entre as bases, conforme relatado por Schneider (2003).

Na análise individual da região ITS utilizando o MV, observou-se que o isolado MeCE-01 formou um clado com um isolado de *M. enterolobii*, apresentando um valor de *bootstrap* de 91. Já o isolado MkCE-01 agrupou-se em um subclado com um isolado de *M. konaensis*, com um *bootstrap* de 97, além de estar inserido em um clado com isolados de *M. arenaria*, *M. javanica* e *M. incognita*, porém com um valor de *bootstrap* de 66 (Figura 2). Esse resultado é comum em análises moleculares de fitonematóides baseadas na região ITS, pois essa região possui baixa informatividade filogenética, embora continue sendo amplamente utilizada devido à grande quantidade de sequências depositadas no GenBank, conforme relatado por Álvarez-Ortega, Brito e Subbotin (2019) e Ye *et al.* (2021). Os elevados valores de suportes registrados nos subclados dos isolados MeCE-01 e MkCE-01 nas análises filogenéticas da região ITS foram compatíveis com os valores aceitáveis estabelecidos por Rost (1999).

Figura 2 ▶

Relação filogenética de espécies de *Meloidogyne* baseada no alinhamento sequencial da região ITS. Fonte: dados da pesquisa



Nota: A árvore filogenética foi estimada por Máxima Verossimilhança. *Pratylenchus scribneri* foi utilizado como *outgroup*

Nas pesquisas do BLASTn com as sequências de rDNA de ITS, o isolado de MeCE-01 (PP555601) apresentou 98% de similaridade com isolados de *M. enterolobii* dos Estados Unidos (KP901058), enquanto o isolado MkCE-01 (PP555602) exibiu identidade de 99% com o isolado de *M. konaensis* do Brasil (KY911100), sendo este o único registro da região ITS para essa espécie de nematoide no país (Figura 2).

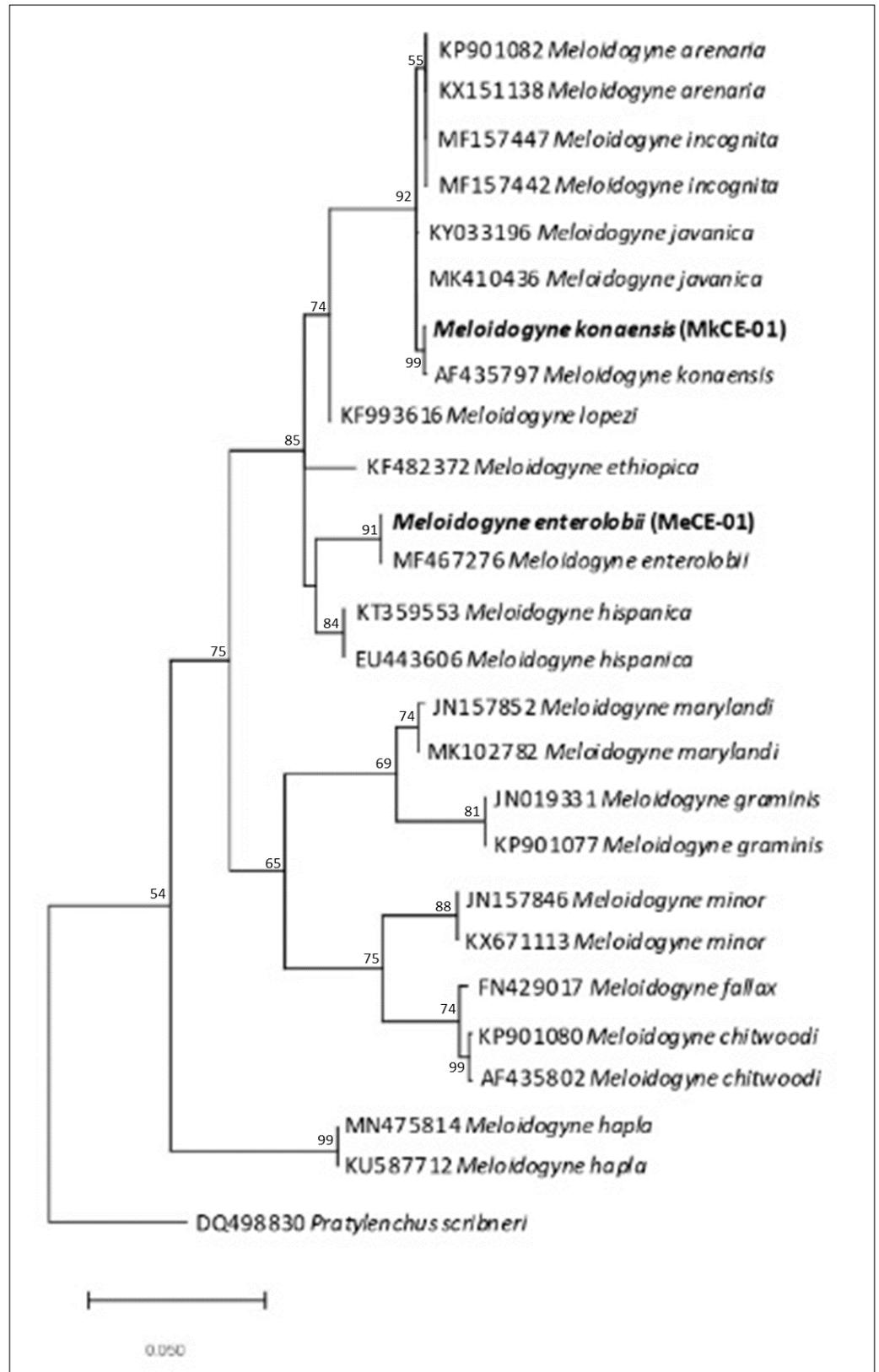
A análise individual da região D2-D3 do 28S revelou que, de forma semelhante à análise da região ITS, o isolado MeCE-01 (PP564852) agrupou-se em um clado com valor de *bootstrap* de 91 com isolados de *M. enterolobii*. O isolado MkCE-01 (PP564853) também se agrupou no mesmo clado, juntamente com populações de *M. arenaria*, *M. javanica* e *M. incognita*, com um *bootstrap* de 92, além de um subclado contendo isolados de *M. konaensis*, com um *bootstrap* de 99 (Figura 3). Em estudo realizado por Monteiro *et al.* (2016) com a espécie *M. konaensis*, foi observado comportamento similar, embora sem a presença de *M. javanica*. Esse clado, formado por diferentes espécies de *Meloidogyne*, também foi registrado por Furtado *et al.* (2023), sendo constatada significativa variabilidade intraespecífica.

A utilização de diversas cópias do rDNA das regiões ITS e D2-D3 do 28S como base proporciona uma amostra-alvo para a amplificação por PCR, permitindo a detecção de variações intraespecíficas em populações de *Meloidogyne* spp. (Adam; Phillips;

Blok, 2007; Zijlstra *et al.*, 1995). A região D2-D3 do 28S rDNA conservou domínios e segmentos de expansão, sendo altamente relevante na elaboração de diagnósticos para a identificação de espécies (Roberts *et al.*, 2016).

Figura 3 ▶

Relação filogenética de espécies de *Meloidogyne* baseada no alinhamento sequencial da região D2-D3 do segmento 28S rDNA.
Fonte: dados da pesquisa



Nota: A árvore filogenética foi estimada por Máxima Verossimilhança. *Pratylenchus scribneri* foi utilizado como outgroup

Para as sequências da região D2-D3 do 28S, complementando a análise da MV, as pesquisas BLASTn indicaram que o isolado MeCE-01 apresentou 99% de similaridade com isolado de *M. enterolobii* da China (MF467276) (Figura 3). Esses resultados foram semelhantes aos do estudo realizado por Souza Junior *et al.* (2021), que investigou populações de *M. enterolobii* isoladas da região Nordeste do Brasil.

O isolado MkCE-01 demonstrou identidade de 99% com isolados de *M. konaensis* Estados Unidos (AF435797) (Figura 3). A espécie de *M. konaensis* foi inicialmente identificada em cafeeiros (*Coffea arabica* L.) nos Estados Unidos (Schmitt; Zhang; Meisner, 2001), mas também possui hospedeiros nas famílias Araceae, Bromeliaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Cyperaceae, Convolvulaceae, Fabaceae, Poaceae, Solanaceae, Rubiaceae e Zingiberaceae (Ferris, 2010). No Brasil, *M. konaensis* foi relatada no estado do Ceará em cultivos de repolho, mamão, noni e canapum (Silva; Santos; Silva, 2016). Apesar da ampla gama de hospedeiros, poucos estudos moleculares foram conduzidos sobre essa espécie, com apenas nove sequências depositadas no GenBank: duas do gene COI (citocromo oxidase subunidade I), duas da região D2-D3 do 28S, duas do gene MAP1 (proteínas associadas aos microtúbulos), duas de 18S e outra da região ITS (NCBI, 2024).

Portanto, os isolados de *Meloidogyne* provenientes da goiabeira e do mamoeiro utilizados no presente estudo foram identificados como pertencentes a duas espécies distintas: o MeCE-01 foi caracterizado como *M. enterolobii*, enquanto o MkCE-01 foi identificado como *M. konaensis* (Figuras 2 e 3). A avaliação das regiões ITS e D2-D3 dos nematoides *M. enterolobii* e *M. konaensis* isolados do Ceará revelou grande afinidade com *M. enterolobii* da China, isolado do gengibre (*Zingiber officinale* Roscoe) (Xiao *et al.*, 2018), e com *M. konaensis* do Havaí (De Ley *et al.*, 2005).

Os dados moleculares obtidos para *M. enterolobii* nesta pesquisa servirão como base para estudo futuros sobre o manejo desse nematoide, que possui uma ampla gama de hospedeiros, incluindo vegetais, plantas ornamentais, goiabeiras e ervas daninhas (Brito *et al.*, 2004; EPPO, 2016; Overstreet *et al.*, 2018; Rutter *et al.*, 2019; Schwarz *et al.*, 2020; Ye *et al.*, 2021; Ye *et al.*, 2013). Um ponto adicional de preocupação é a capacidade de *M. enterolobii* de se desenvolver em genótipos de culturas que apresentam genes de resistência aos nematoides das galhas radiculares, como Mi-1, Mh, Mir1, N, Tabasco e Rk, afetando cultivos de tabaco, tomate, soja, batata, feijão, batata-doce e algodão (Kiewnick *et al.*, 2009).

4 Considerações finais

Este estudo representa a primeira investigação em nível molecular sobre populações de *Meloidogyne enterolobii* no estado do Ceará, contribuindo para o conhecimento da comunidade de nematoides fitoparasitas. Essas informações são essenciais para o desenvolvimento de programas de manejo integrado voltados à redução das populações desse fitonematoide em áreas de produção.

Além disso, o estudo oferece uma contribuição para futuras pesquisas filogeográficas sobre espécies do gênero *Meloidogyne*, por meio do depósito das sequências no GenBank. A partir dos resultados obtidos, novos estudos poderão ser conduzidos para investigar a relação entre *M. enterolobii* e a microbiota do solo, explorando como essas interações podem ser manipuladas para o controle populacional desses fitonematoides.

Financiamento

Esta pesquisa não recebeu financiamento externo.

Conflito de interesses

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

Contribuições ao artigo

SOUZA JUNIOR, F. J. C.: concepção ou desenho do estudo/pesquisa; análise e/ou interpretação dos dados; revisão final com participação crítica e intelectual no manuscrito. **MILFONT NETO, A. B.:** concepção ou desenho do estudo/pesquisa. **ASSUNÇÃO, M. C.:** análise e/ou interpretação dos dados; revisão final com participação crítica e intelectual no manuscrito. Todos os autores participaram da escrita, discussão, leitura e aprovação da versão final do artigo.

Referências

ADAM, M. A. M.; PHILLIPS, M. S.; BLOK, V. C. Molecular diagnostic key for identification of single juveniles of seven common and economically important species of root-knot nematode (*Meloidogyne* spp.). **Plant Pathology**, v. 56, n. 1, p. 190-197, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2006.01455.x>.

AGRIOS, G. N. Plant diseases caused by nematodes. In: AGRIOS, G. N. (ed.). **Plant pathology**. 5. ed. San Diego: Academic Press, 2005. p. 826-874.

ALFENAS, A. C. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins:** fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos. Viçosa: UFV, 1998. 574 p.

ÁLVAREZ-ORTEGA, S.; BRITO, J. A.; SUBBOTIN, S. A. Multigene phylogeny of root-knot nematodes and molecular characterization of *Meloidogyne nataliei* Golden, Rose & Bird, 1981 (Nematoda: Tylenchida). **Scientific Reports**, v. 9, 11788, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48195-0>.

BELL, C. A.; NAMAGANDA, J.; URWIN, P. E.; ATKINSON, H. J. Next-generation sequencing of the soil nematode community enables the sustainability of banana plantations to be monitored. **Applied Soil Ecology**, v. 166, 103999, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.103999>.

BRITO, J. A.; POWERS, T. O.; MULLIN, P. G.; INSERRA, R. N.; DICKSON, D. W. Morphological and molecular characterization of *Meloidogyne mayaguensis* isolates from Florida. **Journal of Nematology**, v. 36, n. 3, p. 308-309, 2004. Disponível em: <https://journals.flvc.org/jon/article/view/69501>. Acesso em: 25 mar. 2024.

BRYANT, D.; GALTIER, N.; POURSAT, M.-A. Likelihood calculation in molecular phylogenetics. In: GASCUEL, O. (ed.). **Mathematics of evolution & phylogeny**.

New York: Oxford University Press, 2005. p. 33-62. DOI: <https://doi.org/10.1093/oso/9780198566106.003.0002>.

CARNEIRO, R. M. D. G.; ALMEIDA, M. R. A.; QUÉNÉHERVÉ, P. Enzyme phenotypes of *Meloidogyne spp.* populations. **Nematology**, v. 2, n. 6, p. 645-654, 2000. Disponível em: https://horizon.documentation.ird.fr/exl-doc/pleins_textes/pleins_textes_7/b_fdi_57-58/010024392.pdf. Acesso em: 25 mar. 2024.

CARNEIRO, R. M. D. G.; LIMA, F. S. O.; CORREIA, V. R. Methods and tools currently used for the identification of plant parasitic nematodes. In: SHAH, M. M.; MAHAMOOD, M. (ed.). **Nematology: concepts, diagnosis and control**. Rijeka: IntechOpen, 2017. p. 19-35. DOI: <https://dx.doi.org/10.5772/intechopen.69403>.

CASTAGNONE-SERENO, P.; VANLERBERGHE-MASUTTI, F.; LEROY, F. Genetic polymorphism between and within *Meloidogyne* species detected with RAPD markers. **Genome**, v. 37, n. 6, p. 904-909, 1994. DOI: <https://doi.org/10.1139/g94-129>.

CHRISTOFOROU, M.; ORFORD, M.; TSALTAS, D. Molecular diagnostic tools for nematodes. In: SHAH, M. M.; MAHAMOOD, M. (eds). **Nematology: concepts, diagnosis and control**. Rijeka: InTechOpen, 2017. p. 37-50. DOI: <https://doi.org/10.5772/intechopen.69075>.

DE LEY P.; DE LEY, I. T.; MORRIS, K.; ABEBE, E.; MUNDO-OCAMPO, M.; YODER, M.; HERAS, J.; WAUMANN, D.; ROCHA-OLIVARES, A.; JAY BURR, A. H.; BALDWIN, J. G.; THOMAS, W. K. An integrated approach to fast and informative morphological vouchers of nematodes for applications in molecular barcoding. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 360, n. 1462, p. 1945-1958, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1726>.

DE LEY, P.; FELIX, M. A.; FRISSE, L.; NADLER, S.; STERNBERG, P.; THOMAS, W. K. Molecular and morphological characterization of two reproductively isolated species with mirror-image anatomy (Nematoda: Cephalobidae). **Nematology**, v. 1, n. 6, p. 591-612, 1999.

DIAS-ARIEIRA, C. R.; FURLANETTO, C.; SANTANA, S. M.; BARIZÃO, D. A. O.; RIBEIRO, R. C. F.; FORMENTINI, H. M. Fitonematoides associados a frutíferas na região Noroeste do Paraná, Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, n. 4, p. 1064-1071, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-29452010005000119>.

DUARTE, A. Para onde caminha a nossa fruticultura? **Voz do Campo**, Faro, n. 219, p. 16-17, out. 2018. Disponível em: <http://hdl.handle.net/10400.1/12295>. Acesso em: 31 jan. 2024.

EPPO – EUROPEAN AND MEDITERRANEAN PLANT PROTECTION ORGANIZATION. PM 7/103 (2) *Meloidogyne enterolobii*. **EPPO Bulletin**, v. 46, n. 2, p. 190-201, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1111/epp.12293>.

ESBENSHADE, P. R.; TRIANTAPHYLLOU, A. C. Isozyme phenotypes for the identification of *Meloidogyne* species. **Journal of Nematology**, v. 22, n. 1, p. 10-15, 1990. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2619005>. Acesso em: 2 fev. 2024.

FAO – FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **FAOSTAT**: Crops and livestock products. Roma: FAO, 2021. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Acesso em: 31 jan. 2024.

FERRAZ, L. C. C. B.; BROWN, D. J. F. Os nematoides no contexto da agricultura atual. *In*: FERRAZ, L. C. C. B.; BROWN, D. J. F. (ed.). **Nematologia de plantas**: fundamentos e importância. Manaus: Norma Editora, 2016. p. 1-16.

FERRIS, H. **NEMAPLEX**: the nematode-plant expert information system. Davis: Universidade da Califórnia em Davis, 2010. Disponível em: <http://nemaplex.ucdavis.edu/Nemabase2010/NematodePageHostRangeResults.aspx?NgenusNspec=Meloidogyne%20konaensis>. Acesso em: 2 fev. 2024.

FURTADO, L. L.; REGO-MACHADO, C. M.; PEIXOTO, G. H. S.; SANTIAGO, T. R. Polyphasic identification of sugarcane root-knot nematodes from ten municipalities in São Paulo State, Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 48, n. 5, p. 523-533, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s40858-023-00590-9>.

GALEANO, E. A. V.; CAETANO, L. C. S.; MOREIRA, S. O.; SIMÃO, L. A. Conjuntura da produção e comercialização de goiaba. *In*: GALEANO, E. A. V.; CAETANO, L. C. S.; MOREIRA, S. O.; SIMÃO, L. A. (org.). **Cadeia produtiva da goiaba no Espírito Santo**. Vitória: Incaper, 2023. *E-book*. p. 31-40. DOI: <https://doi.org/10.54682/livro.9788589274449>.

GERUM, A. F. A. A.; SANTOS, G. S.; SANTANA, M. A.; SOUZA, J. S.; CARDOSO, C. E. L. **Fruticultura tropical**: potenciais riscos e seus impactos. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2019. 28 p. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1109012/fruticultura-tropical-potenciais-riscos-e-seus-impactos>. Acesso em: 1 fev. 2024.

HARTMAN, K. M.; SASSER, J. N. Identification of *Meloidogyne* species by differential host test and perineal pattern morphology. *In*: BARKER, K. R.; CARTER, C. C.; SASSER J. N. (ed.). **An advanced treatise on Meloidogyne**. Volume II: Methodology. Raleigh: North Carolina State University, 1985. p. 69-77.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **PAM – Produção Agrícola Municipal**. Lavouras permanentes. Rio de Janeiro: IBGE, 2022a. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html?=&t=resultados>. Acesso em: 1 fev. 2024.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção Agropecuária no Ceará** – Ranking Agricultura. Rio de Janeiro: IBGE, 2022b. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/ce>. Acesso em: 6 fev. 2024.

JONES, J. T.; HAEGEMAN, A.; DANCHIN, E. G. J.; GAUR, H. S.; HELDER, J.; JONES, M. G. K.; KIKUCHI, T.; MANZANILLA-LÓPEZ, R.; PALOMARES-RIUS, J. E.; WESEMAEL, W. M. L.; PERRY, R. N. Top 10 plant-parasitic nematodes in molecular plant pathology. **Molecular Plant Pathology**, v. 14, n. 9, p. 946-961, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1111/mp.12057>.

KARSSSEN, G.; WESEMAEL, W.; MOENS, M. Root-knot nematodes. In: PERRY, R. N.; MOENS, M. (ed.). **Plant nematology**. 2nd. ed. Ghent: CABI International, 2013. p. 73-108.

KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 4, p. 772-780, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>.

KIEWNICK, S.; DESSIMOZ, M.; FRANCK, L. Effects of the *Mi-1* and the *N* root-knot nematode-resistance gene on infection and reproduction of *Meloidogyne enterolobii* on tomato and pepper cultivars. **Journal of Nematology**, v. 41, n. 2, p. 134-139, 2009. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3365310>. Acesso em: 29 mar. 2024.

KIST, B. B.; CARVALHO, C.; BELING, R. R. **Anuário Brasileiro de Horti & Fruti 2021**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 2021. *E-book*. Disponível em: https://www.editoragazeta.com.br/wp-content/uploads/2021/04/HORTIFRUTI_2021.pdf. Acesso em: 31 jan. 2024.

KIST, B. B.; CARVALHO, C.; TREICHEL, M.; SANTOS, C. E. **Anuário Brasileiro da Fruticultura 2018**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 2018. *E-book*. Disponível em: <https://www.editoragazeta.com.br/flip/anuario-fruticultura-2018/files/assets/common/downloads/publication.pdf>. Acesso em: 31 jan. 2024.

LIBRADO, P.; ROZAS, J. DnaSP v.5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. **Bioinformatics**, v. 25, n. 11, p. 1451-1452, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp187>.

MOENS, M.; PERRY, R. N.; STARR, J. L. *Meloidogyne* species – a diverse group of novel and important plant parasites. In: PERRY, R. N.; MOENS, M.; STARR, J. L. (ed.). **Root-knot nematodes**. Wallingford: CABI International, 2009. p. 1-17.

MONTEIRO, J. M. S.; CARES, J. E.; GOMES, A. C. M. M.; CORREA, V. R.; MATTOS, V. S.; SANTOS, M. F. A.; ALMEIDA, M. R. A.; SANTOS, C. D. G.; CASTAGNONE-SERENO, P.; CARNEIRO, R. M. D. G. First report of, and additional information on, *Meloidogyne konaensis* (Nematoda: Meloidogyninae) parasitising various crops in Brazil. **Nematology**, v. 18, n. 7, p. 831-844, 2016.

NASCIMENTO, J. M.; ALENCAR, N. S.; ALVES, D. F.; LIMA JÚNIOR, F. O. Estudo dos efeitos da seca sobre a produção e a exportação das principais frutas cearenses (2012 a 2015). **Práticas Educativas, Memórias e Oralidades – Revista do Pemo**, v. 3, n. 3, e337168, 2021. DOI: <https://doi.org/10.47149/pemo.v3i3.7168>.

NCBI – NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. *Meloidogyne konaensis*: *Meloidogyne konaensis* is a species of nematode in the family Meloidogynidae. Bethesda: NCBI, 2024. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/taxonomy/189292/>. Acesso em: 2 fev. 2024.

NUNES, E. S.; KHAN, A. S.; SOUSA, E. P.; TABOSA, F. J. S. Determinantes das exportações brasileiras de mamão à luz do modelo gravitacional. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 59, n. 4, e222983, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1590/1806-9479.2021.222983>.

NYLANDER, J. A. A. **MrModeltest v2**. Program distributed by the author. Uppsala: Evolutionary Biology Centre: Uppsala University, 2004. Disponível em: <https://github.com/nylander/MrModeltest2>. Acesso em: 18 maio 2024.

OVERSTREET, C.; MCGAWLEY, E. C.; CLARK, C.; REZENDE, J.; SMITH, T.; SISTRUNK, M. **Guava root-knot nematode**: a potentially serious new pest in Louisiana. Baton Rouge: Louisiana State University Agricultural Center, 2018. Disponível em: https://www.lsuagcenter.com/~media/system/a/e/c/d/aecd5f71e796c8f8019399481a234607/p3670_guavarootknotnematodenew_rh0119emcgawleypdf.pdf. Acesso em: 29 mar. 2024.

POWERS, T. Nematode molecular diagnostics: from bands to barcodes. **Annual Review of Phytopathology**, v. 42, p. 367-383, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.42.040803.140348>.

POWERS, T. O.; HARRIS, T. S. A polymerase chain reaction method for identification of five mayor *Meloidogyne* species. **Journal of Nematology**, v. 25, n. 1, p. 1-6, 1993. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2619349>. Acesso em: 31 jan. 2024.

ROBERTS, D.; OLIVEIRA, C. M. G.; NEILSON, R.; BLOK, V. Diagnose molecular de nematoides parasitos de plantas. In: OLIVEIRA, C. M. G.; SANTOS, M. A.; CASTRO, L. H. S. (org.). **Diagnose de fitonematoides**. Campinas: Millennium Editora, 2016. p. 281-324.

ROST, B. Twilight zone of protein sequence alignments. **PEDS. Protein Engineering, Design and Selection**, v. 12, n. 2, p. 85-94, 1999. DOI: <https://doi.org/10.1093/protein/12.2.85>.

RUTTER, W. B.; SKANTAR, A. M.; HANDOO, Z. A.; MUELLER, J. D.; AULTMAN, S. P.; AGUDELO, P. *Meloidogyne enterolobii* found infecting root-knot nematode resistant sweetpotato in South Carolina, United States. **Plant Disease**, v. 103, n. 4, p. 775, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-18-1388-PDN>.

SCHMITT, D. P.; ZHANG, F.; MEISNER, M. Potential for managing *Meloidogyne konaensis* on coffee in Hawaii with resistance and a nematicide. **Nematropica**, v. 31, n. 1, p. 67-74, 2001. Disponível em: <https://journals.flvc.org/nematropica/article/view/69614>. Acesso em: 2 fev. 2024.

SCHNEIDER, H. **Métodos de análise filogenética**: um guia prático. 2. ed. Ribeirão Preto: Holos, 2003. 162 p.

SCHWARZ, T.; LI, C.; YE, W.; DAVIS, E. Distribution of *Meloidogyne enterolobii* in eastern North Carolina and comparison of four isolates. **Plant Health Progress**, v. 21, n. 2, p. 91-96, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHP-12-19-0093-RS>.

SILVA, J. C. P.; TERRA, W. C.; FREIRE, E. S.; CAMPOS, V. P.; CASTRO, J. M. C. Aspectos gerais e manejo de *Meloidogyne enterolobii*. In: FREITAS, A. S.; DORNELAS, G. A.; SILVA, J. C. P.; SALUM, L. A.; PIMENTA, L.; PEDROSO, L. A.; GUIMARÃES, M. R. F.; PAULA, P. V. A. A.; MARTINS, S. A. (ed.). **Sanidade de raízes**. 1. ed. São Carlos: Suprema. 2014. p. 59-74.

SILVA, M. C. L. **Identificação e caracterização de espécies de Meloidogyne em áreas agrícolas e dispersão de M. enterolobii em pomares de goiabeira no estado do Ceará.** 2014. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2014. Disponível em: <http://www.repositorio.ufc.br/handle/riufc/12781>. Acesso em: 31 jan. 2024.

SILVA, M. C. L.; SANTOS, C. D. G. Distribution of *Meloidogyne enterolobii* in guava orchards in the state of Ceará, Brazil. **Revista Caatinga** v. 30, n. 2, p. 335-342, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1590/1983-21252017v30n208rc>.

SILVA, M. C. L.; SANTOS, C. D. G. *Solenostemon scutellarioides*, espécie vegetal de rápida propagação para a multiplicação de nematóides das galhas. **Tropical Plant Pathology**. v. 37, 2012 (Suplemento).

SILVA, M. C. L.; SANTOS, C. D. G.; SILVA, G. S. Espécies de *Meloidogyne* associadas a vegetais em microrregiões do estado do Ceará. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 47, n. 4, p. 710-719, 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/Lj6j8zd7yCNsYV4xkFphhmj/>. Acesso em: 18 mar. 2024.

SOUZA JUNIOR, F. J. C.; PEDROSA, E. M. R.; ASSUNÇÃO, M. C.; SILVA, L. R. B. O.; SANTOS NETO, J. C.; MELLO, A. A. R.; GUIMARAES, L. M. P. Estrutura e diferenciação genética de populações de *Meloidogyne enterolobii* isolados de inhame, baseado no gene mitocondrial COI. In: SIMPÓSIO DE PÓS-GRADUAÇÃO (SIMPOS 2021) DA UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO, 2021, Recife. **Anais [...]** Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2021. Disponível em: <https://doity.com.br/anais/simpos-2021/trabalho/183485>. Acesso em: 2 fev. 2024.

SUSSEL, A. A. B. **Manejo de doenças fúngicas em goiaba e maracujá.** Planaltina: Embrapa Serrados, 2010. 42 p. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/953744/manejo-de-doencas-fungicas-em-goiaba-e-maracuja>. Acesso em: 31 jan. 2024.

TAYLOR, A. L.; SASSER, J. N. **Biology, identification and control of root-knot nematodes (Meloidogyne spp.).** Raleigh: North Carolina State University, 1978. 111 p.

VIDAL, M. F. Fruticultura na área de atuação do BNB: produção, mercado e perspectivas. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2020. 9 p (Caderno Setorial ETENE, ano 5, n. 136). Disponível em: <https://www.bnb.gov.br/s482-dspace/handle/123456789/390>. Acesso em: 18 maio 2024.

VOVLAS, N.; MIFSUD, D.; LANDA, B. B.; CASTILLO, P. Pathogenicity of the root-knot nematode *Meloidogyne javanica* on potato. **Plant Pathology**, v. 54, n. 5, p. 657-664, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2005.01244.x>.

VRAIN, T. C.; WAKARCHUK, D. A.; LÉVESQUE, A. C.; HAMILTON, R. I. Intraspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in the *Xiphinema americanum* group. **Fundamental and Applied Nematology**, v. 15, n. 6, p. 563-573, 1992. Disponível em: https://horizon.documentation.ird.fr/exl-doc/pleins_textes/fan/40261.pdf. Acesso em: 21 mar. 2024.

WAEYENBERGE, L.; RYSS, A.; MOENS, M.; PINOCHET, J.; VRRAIN, T. C. Molecular characterization of 18 *Pratylenchus* species using rDNA restriction fragment length polymorphism. **Nematology**, v. 2, n. 2, p. 135-142, 2000.

XIAO, S.; HOU, X. Y.; CHENG, M.; DENG, M. X.; CHENG, X.; LIU, G. K. First report of *Meloidogyne enterolobii* on ginger (*Zingiber officinale*) in China. **Plant Disease**, v. 102, n. 3, p. 684-684, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-17-1477-PDN>.

YE, W.; KOENNING, S. R.; ZENG, Y.; ZHUO, K.; LIAO, J. Molecular characterization of an emerging root-knot nematode *Meloidogyne enterolobii* in North Carolina, USA. **Plant Disease**, v. 105, n. 4, p. 819-831, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-20-0816-RE>.

YE, W.; KOENNING, S. R.; ZHUO, K.; LIAO, J. L. First report of *Meloidogyne enterolobii* on cotton and soybean in North Carolina, USA. **Plant Disease**, v. 97, n. 9, 1262, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-13-0228-PDN>.

ZIJLSTRA, C.; LEVER, A. E. M.; UENK, B. J.; VAN SILFHOUT, C. H. Differences between ITS regions of isolates of root-knot nematodes *Meloidogyne hapla* and *M. chitwoodi*. **Phytopathology**, v. 85, n. 10, p. 1231-1237, 1995. DOI: <https://doi.org/10.1094/Phyto-85-1231>.