



## VARIABILIDADE GENÉTICA E FILOGEOGRAFIA MOLECULAR DE POPULAÇÕES DO ÁCARO VERMELHO DAS PALMEIRAS GENETIC VARIABILITY AND MOLECULAR PHYLOGEOGRAPHY OF THE RED PALM MITE

**N.D. Rosa<sup>1</sup>, R.S. de Mendonça<sup>2</sup>, M.G.C. Gondim Jr.<sup>3</sup>, D.C. de Oliveira<sup>4</sup>, T.M.M.G. de Castro<sup>5</sup> & D. Navia<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia/CNPq, Brasília, DF; <sup>2</sup>FUNAPE, Embrapa Cenargen, Brasília, DF; <sup>3</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE; <sup>3</sup>Universidade Estadual de Roraima, Boa Vista, RR; <sup>4</sup>Embrapa Roraima, Boa Vista, RR.

O ácaro vermelho das palmeiras, *Raoiella indica* Hirst (Tenuipalpidae), é uma praga invasora importante que se espalhou rapidamente pelas Américas após o seu primeiro relato em 2004 em Martinica. Foi descrito da Índia e sua presença esteve restrita por muitos anos a países do Hemisfério Oriental. As populações de *R. indica* atingem densidades elevadas no campo e causam danos graves aos seus hospedeiros. Nas áreas invadidas *R. indica* ampliou sua gama de hospedeiros e passou a infestar plantas de diversas famílias de monocotiledôneas, sendo a maioria Arecaceae. Este ácaro invasor representa uma séria ameaça aos agroecossistemas e áreas naturais no Brasil, onde sua distribuição ainda está restrita a Roraima e Amazonas. Esforços estão sendo direcionados para a definição de estratégias de controle dessa praga, incluindo o controle biológico clássico. Nesse contexto, informações sobre a variabilidade genética da praga em suas áreas de ocorrência, bem como a região de origem da invasão são relevantes e podem orientar a prospecção de inimigos naturais. O objetivo deste trabalho foi investigar a variabilidade genética e a filogeografia de *R. indica* a partir de populações das Américas (Brasil - Roraima e Amazonas, Colômbia, Martinica e Trinidad & Tobago), África (Ilha da Reunião), Oriente Médio (Oman) e Ásia (Malásia e Sri Lanka – Lunuwila e Weligama). Para isso foram produzidas sequências de dois fragmentos do gene *COI* (690 pb e 400pb) (mtDNA) e da subunidade d1-d3 do gene 28S (950 pb) (rDNA). Foram incluídas nas análises filogenéticas sequências *COI* e d1-d3 recuperadas do GenBank de 20 populações do Caribe (Santa Lúcia, Trinidad e Tobago, Porto Rico e Dominica), América do Sul (Venezuela), América do Norte (EUA), Oriente Médio (Emirados Árabes e Irã) e Ásia (Filipinas e Índia). De acordo com a filogenia as populações do Brasil agruparam-se com aquelas da América do Sul, Caribe e Ilha da Reunião, enquanto que as populações do Oriente Médio e da Ásia formaram clados distintos. As populações das Américas possuem um haplótipo predominante idêntico ao da Ilha de Reunião. A inclusão de novas populações de *R. indica* possibilitou uma melhor elucidação dos padrões filogeográficos desse ácaro invasor, mas será importante a execução de amostragens adicionais para a construção de uma filogenia mais sólida e para orientar os estudos com inimigos naturais.

Palavras-chave: ácaro invasor, *Raoiella indica*, sistemática filogenética

Financiamento: CNPq, CAPES, EMBRAPA, FUNAPE