

O ÁCARO VERMELHO DAS PALMEIRAS NO NOVO MUNDO: VARIABILIDADE GENÉTICA E POSSÍVEIS ROTAS DE INVASÃO

R.S. Mendonça¹, I.A. Quevedo¹, M.G.C. Gondim Jr.², J.W.S. Melo³, A.V. Teodoro⁴, J.M.S. Ferreira⁴, E.C. Guzzo⁴, I.V. Souza⁵, D.C. Oliveira⁶, G.J. de Moraes⁷ & D. Navia⁸

¹Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil; ²Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brasil; ³Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil; ⁴Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil; ⁵Instituto Federal de Alagoas, Maceió, AL, Brasil; ⁶Instituto Federal de Roraima, Bela Vista, RR, Brasil; ⁷Depto Entomologia e Acarologia, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo (USP), Piracicaba, SP, Brasil; ⁸Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil.

O ácaro vermelho das palmeiras, *Raoiella indica* Hirst, é uma praga invasora importante que se espalhou rapidamente pelas Américas após o seu primeiro relato em Martinica, em 2004. Trata-se de uma espécie polífaga, que ampliou consideravelmente o número de plantas hospedeiras, sobretudo da família Arecaceae, nas novas áreas onde se estabeleceu, destacando-se como uma ameaça à agricultura e aos ambientes naturais nas Américas. Neste estudo são apresentadas evidências moleculares para a recente incursão de *R. indica* no Brasil e nas Américas, com base nas sequências de DNA de três regiões distintas do genoma: dois fragmentos do gene *citocromo oxidase I (COI)*, a região *barcoding* (690 pb) e o fragmento DNF-DNR (390pb) (mtDNA); e a subunidade d1-d3 do gene 28S (950 pb) (rDNA). Foram analisadas populações da América do Sul, Brasil (Roraima, Amazonas, Ceará, Alagoas, Sergipe, Distrito Federal e São Paulo) e Colômbia; Caribe (Martinica, Dominica, Trinidad & Tobago); África (Ilha de Reunião); Oriente Médio (Omã) e Ásia (Malásia e Sri Lanka). Setenta e sete (h=9), 66 (h=6) e 49 (g=3) sequências inéditas foram obtidas para os fragmentos *barcoding*, DNF-DNR e d1-d3, respectivamente; sendo h=nº de haplótipos e g=nº de genótipos identificados. Os haplótipos (mtDNA) detectados nas populações espalhadas pelo Brasil e em outras localidades nas Américas são comuns e idênticos aos encontrados em Martinica e estão presentes na Ilha de Reunião, Malásia, Sri Lanka, Filipinas e na Índia, indicando que as populações das Américas podem ser provenientes desses países. Por questões históricas e considerando as relações entre Ilha de Reunião e Martinica, dois territórios franceses, pode-se admitir uma introdução através do trânsito de material vegetal entre as ilhas. A dispersão nas Américas pode ter ocorrido a partir de Martinica, por introduções diversas de um haplótipo invasor que se encontra espalhado pelo mundo. Haplótipos diferentes dos predominantes nas Américas foram encontrados no Oriente Médio (h=4) e na Índia (h=3). Os resultados das filogenias foram congruentes com aqueles obtidos para a distribuição dos haplótipos/genótipos para os três marcadores. As implicações econômicas, de biossegurança, ecológicas e evolutivas dessa incursão são discutidas em relação às práticas agrícolas atuais nas Américas, com destaque para o controle biológico. Além disso, os resultados são interessantes no contexto da biologia das invasões, evidenciando o sucesso de uma praga invasora a partir de uma população fundadora.

Palavras-chave: América do Sul, Neotropical, coqueiro, banana, *Raoiella indica*.

Financiamento: CNPq, FAPDF.