

**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
CURSO DE AGRONOMIA**

**VARIABILIDADE GENÉTICA E FILOGEOGRAFIA MOLECULAR
COMPARATIVA ENTRE POPULAÇÕES DO ÁCARO VERMELHO-
DAS- PALMEIRAS, *Raoiella indica* HIRST, NO BRASIL E NO MUNDO**

ISADORA ALEXOPOULOS QUEVEDO

**BRASÍLIA, DF
2018**

ISADORA ALEXOPOULOS QUEVEDO

**VARIABILIDADE GENÉTICA E FILOGEOGRAFIA MOLECULAR COMPARATIVA
ENTRE POPULAÇÕES DO ÁCARO VEMELHO DAS PALMEIRAS, *Raoiella*
indica, HIRST, NO BRASIL E NO MUNDO**

Monografia apresentada à Faculdade de Agronomia
e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília,
como parte das exigências do curso de Graduação
em Agronomia, para a obtenção do título de
Engenheira Agrônoma

Orientador:
PROF^a. DR^a. **RENATA SANTOS DE MENDONÇA**

**BRASÍLIA, DF
2018**

FICHA CATALOGRÁFICA

Av	Alexopoulos Quevedo, Isadora Variabilidade genética e filogeografia molecular comparativa entre populações do ácaro vermelho das palmeiras, <i>Raoiella indica</i>, Hirst, no Brasil e no mundo / Isadora Alexopoulos Quevedo; orientador Renata Santos de Mendonça. -- Brasília, 2018. 55 p. Monografia (Graduação - Agronomia) -- Universidade de Brasília, 2018. 1. Ácaro vermelho das palmeiras. 2. Fitófago. 3. Estudo genético. 4. Coqueiro. 5. América do Sul. I. Santos de Mendonça, Renata, orient. II. Título.
----	---

Cessão de direitos

Nome do Autor: Isadora Alexopoulos Quevedo

Título: Variabilidade genética e filogeografia molecular comparativa entre populações do ácaro vermelho- das- palmeiras, *Raoiella indica*, Hirst, no Brasil e no mundo

Ano: 2018

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desse relatório e para emprestar ou vender tais cópias somente para propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva - se a outros direitos de publicação, e nenhuma parte desse relatório pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor.

ISADORA ALEXOPOULOS QUEVEDO

Variabilidade genética e filogeografia molecular comparativa entre populações do ácaro vermelho-das-palmeiras, *Raoiella indica*, HIRST, no Brasil e no mundo

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, como parte das exigências do curso de Graduação em Agronomia, para obtenção do título de Engenheira Agrônoma.

Aprovado em ____ de ____ de ____.

COMISSÃO EXAMINADORA

Profa. Dra. Renata Santos de Mendonça
Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária –
Universidade de Brasília
Orientador

Dra. Denise Navia
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Examinador

Dr. Nome do membro da banca
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Examinador

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho aos meus pais, aos meus familiares, amigos, companheiros, professores e a todos que acreditaram, auxiliaram e incentivaram esta jornada.

AGRADECIMENTOS

À Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília pela oportunidade concedida para realização do Curso de Agronomia.

Aos colaboradores e idealizadores deste projeto, que são muitos, porém, sem a dedicação e pesquisa, não seriam possíveis os resultados deste estudo.

À Renata Santos de Mendonça, por compartilhar conhecimento e experiência, além de, dedicação e paciência comigo durante todo o desenvolvimento deste trabalho.

A todos que, de alguma forma, acreditaram na realização desta Monografia e incentivaram meus estudos, especialmente, sempre carinhosos, meus pais (Eleonora e Luiz Henrique), minha avó (Maria Dirce), meus irmãos (Pedro, Gabriel e Flávia), meu namorado (Matheus) e minha grande amiga (Taynara).

EPÍGRAFE

*“É preciso que eu suporte duas ou três
larvas se quiser conhecer as borboletas.”*

Saint Exupéry – O Pequeno Príncipe

RESUMO

Variabilidade genética e filogeografia comparativa entre populações do ácaro vermelho- das- palmeiras, *Raoiella indica*, HIRST, no Brasil e no Mundo

O ácaro vermelho-das-palmeiras, *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae), 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 (Dominica, Martinica, Porto Rico, Santa Lúcia e Trinidad & Tobago); África (Ilha da Reunião); Oriente Médio (Emirados Árabes Unidos, Irã e Omã) e Ásia (Filipinas, Malásia, Índia, Sri Lanka). Setenta e sete (h=8), 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 (mtDNA) e g=nº de genótipos (rDNA) identificados. Os haplótipos 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 e em países do Oriente Médio, indicando que as populações das Américas podem ser provenientes desses países. Por questões históricas e considerando as relações entre Ilha da 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 viajante que se encontra espalhado pelo mundo. Haplótipos diferentes dos predominantes nas Américas foram encontrados no Oriente Médio e Ásia. 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: Coqueiro; Banana; Américas; Neotropical; *Raoiella indica*.

ABSTRACT

Genetic Variability and Comparative Philogemography among Populations of the Red Palm Mite, *Raoiella indica*, HIRST, in Brazil and the World

The red palm mite, *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae), is an important invasive pest that spread rapidly throughout the Americas after its first report in Martinique in 2004. It is a polyphagous species that has considerably expanded the number of host plants, especially the Arecaceae family, in the new areas where it was established, standing out as a threat to agriculture and natural environments in the Americas. This paper presents molecular evidence for the recent incursion of *R. indica* in Brazil and the Americas based on DNA sequences from three distinct regions of the genome: two fragments of the cytochrome oxidase I (COI) gene, the barcoding region (690 bp) and the DNF-DNR fragment (390bp) (mtDNA); and the d1-d3 subunit of the 28S gene (950 bp) (rDNA). Populations of South America, Brazil (Roraima, Amazonas, Ceará, Alagoas, Sergipe, Distrito Federal and São Paulo) and Colombia were analyzed; Caribbean (Dominica, Martinique, Porto Rico, Santa Lucia, Trinidad & Tobago); Africa (Reunion Island); The Middle East (Iran, Oman, United Arab Emirates) and Asia (Philippines, India, Malaysia and Sri Lanka). Seventy-seven (h = 8), 66 (h = 6) and 49 (g = 3) unpublished sequences were obtained for the barcoding fragments, DNF-DNR and D1-D3, respectively; where h = number of haplotypes (mtDNA) and g = number of genotypes (rDNA) identified. The haplotypes detected in populations scattered throughout Brazil and elsewhere in the Americas are common and identical to those found in Martinique and are present in Reunion Island, Malaysia, Sri Lanka, the Philippines, India and Middle East countries, indicating that populations in the Americas can come from these countries. For historical reasons and considering the relations between Réunion Island and Martinique, two French territories, it is possible to admit an introduction through the transit of vegetal material between the islands. The dispersion in the Americas may have occurred from Martinique, through diverse introductions of a traveler haplotype that is found throughout the world. Haplotypes different from those prevalent in the Americas were found in the Middle East and Asia. The results of the phylogenies were congruent with those obtained for the distribution of the haplotypes / genotypes for the three markers. The economic, biosafety, ecological and evolutionary implications of this incursion are discussed in relation to current agricultural practices in the Americas, with emphasis on biological control. In addition, the results are interesting in the context of invasion biology, evidencing the success of an invasive pest from a founding population.

Keywords: South America; Neotropical; coconut tree; banana; *Raoiella indica*.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1- Árvore filogenética ML (modelo Tamura 3-parâmetros) inferida a partir de sequências do gene *citocromo oxidase I (COI)*, fragmento de Folmer, região *barcoding*, de *Raoiella indica*. Informações sobre a composição dos haplótipos estão na Tabela 1. O número entre parênteses ao lado dos códigos das sequências indica a quantidade de vezes que os haplótipos foram encontrados conforme a localização geográfica. Os valores de *bootstrap* em porcentagem (1000 replicações) estão localizados sobre os ramos. As amostras estão separadas em quadros com cores distintas indicando os diferentes locais de coleta.....33

Figura 2- Árvore filogenética ML (modelo Hasegawa-Kishino-Yano -HKY) inferida a partir de sequências do gene *citocromo oxidase I (COI)*, fragmento DNF-DNR (mtDNA) de *Raoiella indica*. Informações sobre a composição dos haplótipos estão na Tabela 3. O número entre parênteses ao lado dos códigos das sequências indica a quantidade de vezes que os haplótipos foram encontrados conforme a localização geográfica. Os valores de *bootstrap* em porcentagem (1000 replicações) estão localizados sobre os ramos. As amostras estão separadas em quadros com cores distintas indicando os diferentes locais de coleta.....37

Figura 3- Árvore filogenética ML (modelo Tamura 3-parâmetros) inferida a partir de sequências da subunidade D1-D3 do gene 28S de *Raoiella indica*. Informações sobre a composição dos genótipos na Tabela 5. O número entre parênteses ao lado dos códigos das sequências indica a quantidade de vezes que os genótipos foram encontrados conforme a localização geográfica. Os valores de *bootstrap* em porcentagem (1000 replicações) estão localizados sobre os ramos. As amostras estão separadas em quadros com cores distintas indicando os diferentes locais de coleta.....40

Figura 4 – Dispersão dos Haplótipos (*COI*- FOLMER; *COI*- DNF-DNR) e Genótipos (D1-D3) de *Raoiella indica*. O círculo em vermelho agrupa países onde se observa a maior variabilidade genética de *R. indica*. As setas tracejadas sugerem a rota de dispersão para as Américas. Os Haplótipos *COI*- Folmer estão indicados em

círculos, COI- DNF&DNR em formato de quadrado e os genótipos D1-D3 em triângulos. As cores apontam os diferentes haplótipos/genótipos para cada fragmento.....41

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Distribuição de haplótipos de *Raoiella indica* partir de sequências de nucleotídeos de 689 pares de base do fragmento Folmer do gene *COI* (mtDNA), estimada no programa DnaSP v. 5.0. A espécie *Brevipalpus yothersi* foi incluída como grupo externo.....31

Tabela 2 - Distância genética média calculada com base no modelo Tamura 3-parâmetros a partir de sequências de DNA do gene *citocromo oxidase I (COI)*, fragmento de Folmer, região *barcoding* de *Raoiella indica* coletada em diferentes regiões do mundo. Os resultados são apresentados em porcentagem e o erro padrão estimado está na cor cinza claro. *Brevipalpus yothersi* foi utilizada como grupo externo. Os valores de distância máximos e mínimos estão entre parêntesis.....34

Tabela 3 – Distribuição de haplótipos para o fragmento DNF & DNR.....36

Tabela 4 - Distância genética média calculada com base no modelo Tamura 3-parâmetros a partir de sequências de DNA do gene *citocromo oxidase I (COI)*, região DNF-DNR (mtDNA) de *Raoiella indica* coletada em diferentes regiões do mundo. Os resultados são apresentados em porcentagem e o erro padrão estimado está na cor cinza claro. *Brevipalpus yothersi* foi utilizada como grupo externo. Os valores de distância máximos e mínimos estão entre parêntesis.....38

Tabela 5 – Distribuição de Genótipos do fragmento D1-D3.....39

Tabela 6 – Distância genética média calculada com base no modelo Tamura 3-parâmetros a partir de sequências de DNA da subunidade D1-D3 do gene 28S de *Raoiella indica* coletada em diferentes regiões do mundo. Os resultados são apresentados em porcentagem e o erro padrão estimado está na cor cinza claro. *Brevipalpus yothersi* foi utilizada como grupo externo. Os valores de distância máximos e mínimos estão entre parêntesis.....40

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
2 OBJETIVOS	16
2.1 Objetivos gerais.....	16
2.2 Objetivos específicos	16
3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	17
3.1 Ácaro vermelho- das- palmeiras.....	17
3.2 Distribuição, relatos e histórico no Velho Mundo.....	17
3.3 Distribuição, relatos e histórico no Novo Mundo	18
3.4 Plantas Hospedeiras do ácaro vermelho- das- palmeiras	19
3.5 Danos e Prejuízos do ácaro vermelho -das- palmeiras.....	20
3.6 Controle do ácaro vermelho- das -palmeiras.....	21
3.7 Uso de marcadores moleculares para o diagnóstico de <i>Raoiella indica</i>	23
4.1 Conjunto de dados	25
4.2 Edição das sequências	25
4.4 Distribuição de haplótipos e genótipos.....	26
4.5 Análises filogenéticas	27
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
5.1 Resultados para o fragmento Folmer	29
5.2 Resultados para o fragmento DNF & DNR.....	33
5.3 Resultados para a subunidade D1-D3 do gene 28S	37
5.4 Distribuição geográfica dos haplótipos (<i>COI</i>) e genótipos (D1-D3)	40
6. CONCLUSÕES / CONSIDERAÇÕES FINAIS	42
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
ANEXO(S)	49

1 INTRODUÇÃO

Entre as pragas de importância quarentenária que foram recém introduzidas nas Américas, o ácaro vermelho- das- palmeiras, *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae), está entre as espécies com um comportamento invasor bastante ofensivo. A espécie foi descrita na Índia, em Coimbatore, a partir de exemplares coletados em folhas de *Cocos nucifera* e tem sido relatada em países da África, Oriente Médio e Ásia. Esse ácaro se espalhou rapidamente nas Ilhas do Caribe, Estados Unidos, México, Venezuela, Colômbia e Brasil após o seu primeiro relato em Martinica (Caribe), em 2004. O potencial de dispersão de *R. indica* para outros estados Brasil e regiões da América do Sul, pode impactar os cultivos de coqueiros, bananeiras e plantas nativas e exóticas da região Tropical.

Por se tratar de um ácaro fitófago, quando introduzido em novas áreas, na ausência de inimigos naturais eficientes e em condições favoráveis ao seu desenvolvimento, podem causar sérios danos em agroecossistemas e em ambientes naturais (Navia et al.,2014). Estimativas de redução na produção de coqueiros têm sido apresentadas para algumas localidades do Caribe e da América do Sul. A redução na produção de coqueiros pode ser superior a 70%. De acordo com a Associação de Produtores de Coco de Trinidad e Tobago, nas principais áreas de produção, em Cedros, as perdas podem chegar a 90% ¹ (Agostini, 2011, comunicação pessoal).

Este estudo foi conduzido utilizando três regiões distintas do DNA de *R. indica*, a saber: dois fragmentos do gene *citocromo oxidase I (COI)*, o fragmento de Folmer, conhecido como a região *barcoding* e o fragmento DNF-DNR (mtDNA); e a subunidade D1-D3 do gene 28S (rDNA). Foram analisadas populações da América do Sul, Brasil (Roraima, Amazonas, Ceará, Alagoas, Sergipe, Distrito Federal e São Paulo), Colômbia e Venezuela; Caribe (Dominica, Martinica, Porto Rico, Santa Lúcia, Trinidad e Tobago); América do Norte (Estados Unidos); África (Ilha da Reunião); Oriente Médio (Emirados Árabes Unidos, Irã e Omã) e Ásia (Índia, Malásia, Filipinas

¹ Comunicação pessoal: Phillip Agostini, Presidente da Associação dos Produtores de Coco de Trinidad e Tobago

e Sri Lanka), totalizando 17 países. As sequências de DNA foram analisadas executando-se a identificação de haplótipos/genótipos, a construção de filogenias e cálculos de distâncias para os três fragmentos estudados, procurando-se avaliar a variabilidade genética e identificar características comuns entre as populações estudadas. Essas informações podem ser úteis e auxiliar na definição de medidas de controle, na prospecção de inimigo naturais para o controle biológico e, também, na inferência das prováveis rotas de dispersão de *R. indica* até o Brasil.

O estudo com marcadores moleculares e ferramentas de bioinformática é de grande relevância, levando-se em consideração a contribuição para o esclarecimento e avaliação da distribuição genética dentro de populações de uma determinada espécie. As filogenias obtidas a partir de sequência de DNA podem ajudar a reconstruir cenários históricos, biogeográficos e filogeográficos (Navajas et al., 1998; Navia et al., 2005). Além disso, as implicações econômicas, de biossegurança, ecológicas e evolutivas decorrentes de uma invasão em um novo território podem ser discutidas em relações às práticas agrícolas utilizadas, inclusive orientando sobre a utilização de agentes de controle biológico. Os resultados deste trabalho são interessantes no contexto da biologia das invasões, evidenciando o sucesso de uma praga invasora a partir de uma população fundadora.

O objetivo deste trabalho é estimar a distribuição geográfica de *Raoiella indica* nos dias atuais, analisar qual a possível forma de entrada deste ácaro nas Américas através de seu material genético.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivos gerais

Realizar um estudo de variabilidade genética do ácaro vermelho-das-palmeiras, *Raoiella indica*, das Américas, África, Oriente Médio e Ásia a partir da análise de sequências de DNA das regiões do genoma mitocondrial e ribossômico nuclear;

2.2 Objetivos específicos

- Caracterizar geneticamente as populações de *R. indica* recém introduzidas no Brasil, Alagoas, Amazonas, Ceará, Distrito Federal, Sergipe e Roraima;
- Caracterizar geneticamente as populações de *R. indica* coletadas na Colômbia, Martinica, Trinidad e Tobago, Ilha da Reunião, Omã, Malásia e Sri Lanka.;
- Comparar as populações do Brasil com as populações coletadas nas demais áreas de ocorrência no mundo;
- Obter informações básicas sobre a filogenia e filogeografia de populações de *R. indica*, investigando as possíveis trajetórias de disseminação e avaliando a ocorrência de recentes introduções.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Ácaro vermelho- das- palmeiras

O ácaro vermelho- das- palmeiras, *Raoiella indica* Hirst, é um organismo fitófago, da família Tenuipalpidae. Atualmente, encontra-se registrado pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento como praga quarentenária presente no Brasil (MAPA- IN59, 2013). Essa espécie, quando instalada em determinada localidade, na ausência de inimigos naturais eficientes e em condições favoráveis ao seu desenvolvimento e reprodução, pode causar danos diretos severos aos seus hospedeiros. Ácaros fitófagos possuem características que conferem potencial invasor, tais como, rápido desenvolvimento de resistência a pesticidas; sobrevivência a condições ambientais adversas; alto potencial reprodutivo; adaptação a novos hospedeiros em áreas invadidas, e, difícil detecção por possuir dimensões reduzidas, até que o hospedeiro seja severamente afetado pelos sintomas (Navia et al.,2007).

3.2 Distribuição, relatos e histórico no Velho Mundo

Antes que sua chegada às Américas se concretizasse, *R. indica* teve relatos de autores em diversos países. O primeiro relato foi na Índia, onde a espécie foi descrita por Hirst, em 1924. Em seguida surgiram novos relatos na Ásia (Filipinas, Paquistão, Sri. Lanka e Tailândia) (Chaudhri, 1974), Eurásia (Rússia) (Mitrofanov et al.,1979), no Oriente Médio e Próximo (Arábia Saudita, Emirados Unidos Árabes, Irã, Israel, Omã) (Gerson et al.,1983; Elwan, 2000; Arbabi et al.,2002) e na África (Benin, Egito, Ilhas Maurício, Ilhas Reunião, Sudão, Namíbia, Tanzânia e Tunísia) (Sayed,1942; Moutia 1958; Pritchard et al.,1958; Quilici et al.,1997; Gassouma, 2004; Zannou et al.,2010; Giliomee et al.,2016; Zouba et al., 2010). O registro recente para os países constituintes do Velho Mundo foi na Indonésia, Java, onde foi encontrado em folhas de coqueiro (*Cocos nucifera*) (Nusantara et al.,2017).

3.3 Distribuição, relatos e histórico no Novo Mundo

A primeira ocorrência de *R. indica* nas Américas foi registrada no Caribe, em Martinica (Flechtman et al., 2004). Nos anos subsequentes novos relatos dessa espécie foram assinalados em outras ilhas do Caribe próximas à Martinica, a saber: Barbados, Cuba, Dominica, Granada, Guadalupe, Haiti, Ilhas Virgens dos Estados Unidos, Jamaica, Porto Rico e Ilha de Culebra, República Dominicana, Santa Lúcia, San Martin, São Vicente e Granadinas e Trinidad e Tobago (Kane et al., 2005; Etienne et al., 2006; Myers, 2007; Rodrigues et al., 2007; Shripat et al., 2008; Welbourn, 2009; Santana et al., 2010; de la Torre et al., 2010).

Na América do Norte, o seu primeiro relato foi na Flórida, Estados Unidos da América no ano de 2007 (Welbourn, 2009). Desde então, o país adotou medidas regulatórias estritas de trânsito de materiais vegetais, especialmente no Texas e Califórnia, com o objetivo de evitar a introdução de *R. indica* em outros estados americanos (Navia et al., 2014). Em 2009, *R. indica* foi observada em Quintana Roo, Cancun e Isla Mujeres, no México (Nappo, 2009) e, logo após em Lázaro Cárdenas, Benito Juarez, Solidaridad, Tulum e Ilha de Cozumel (Estrada-Venegas et al., 2010).

Na América do Sul, as primeiras observações de *R. indica* foram registradas, no mesmo ano em que a espécie foi assinalada na América do Norte, em 2007. Neste ano, observou-se a sua presença no nordeste da Venezuela (Vásquez et al., 2008) e, em seguida, seu raio de ação se expandiu para todo o norte da Venezuela (Vásquez et al., 2010). Em 2010, Carrillo e colaboradores detectaram a presença do Ácaro vermelho- das- palmeiras ao norte da Colômbia (Parque Nacional Tayrona e Los Naranjos) (Carrillo et al., 2011).

No Brasil, o seu primeiro relato foi em Boa Vista, Roraima no ano de 2009 (Navia et al., 2011). Passados dois anos, *R. indica* foi encontrada em Manaus, Amazonas (Rodrigues e Antony, 2011). Em 2013, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) declarou *R. indica* como praga quarentenária presente no país e foram adotadas medidas preventivas para impedir a sua dispersão em território brasileiro e evitar os prejuízos em hospedeiros de importância econômica e social para o Brasil (Navia et al., 2014). Os trabalhos de contenção e orientação realizados pelo MAPA retardaram a disseminação inicial do ácaro, que ficou contido por cinco anos na região Norte do país. Mesmo assim, com o passar dos anos, relatos inéditos foram registrados em São Paulo (Oliveira et al., 2016) e no

Paraná (Hata et al., 2017) confirmando o potencial invasivo do ácaro vermelho- das- palmeiras. Recentemente, Melo et al. (2018) assinalaram a presença de *R. indica* também nos estados do Ceará, Sergipe, Alagoas, Rio Grande do Norte, Distrito Federal, Pernambuco, Minas Gerais, Goiás, Bahia, Piauí e Paraíba. Desde o seu primeiro relato no Brasil em 2009 até os dias atuais, *R. indica* apresentou um notável potencial de expansão territorial, migrando da região Norte e Nordeste para as regiões Centro-Oeste, Sudeste e norte da região Sul (Paraná).

Em março de 2017 *R. indica* foi relatada na América Central, na Guatemala (Ochaeta 2018; Cabi, 2018).

Em condições naturais, sem a interferência de fatores externos humanos, a dispersão a longa distância de *R. indica*, é realizada, provavelmente, pelo vento e por outros organismos que se alimentam das mesmas plantas hospedeiras e assim, transportam o ácaro entre áreas distintas (Welbourn, 2006). A disseminação de *R. indica* nos diversos países do Velho e do Novo Mundo inviabiliza apenas a ação da dispersão sob condições naturais e sugere também a ocorrência do transporte de mudas de plantas hospedeiras e material vegetal infestado pelo ácaro através da ação antrópica (Melo et al. 2018).

Analisando o histórico e a cronologia da distribuição geográfica do ácaro vermelho -das- palmeiras observa-se a importância de se investir em estudos para traçar estratégias eficientes de controle, tanto biológico quanto químico, além de definir táticas alternativas de manejo para diminuir o potencial de disseminação desse ácaro praga e reduzir os danos em hospedeiros de importância econômica, social e em plantas ornamentais e de valor paisagístico.

3.4 Plantas Hospedeiras do ácaro vermelho- das- palmeiras

Inicialmente o número de hospedeiros infestados por *R. indica* no Velho Mundo não passava de dez plantas (Mendonça et al., 2005; Navia et al., 2014). O coqueiro (*Cocus nucifera* L.) e a tamareira (*Phoenix dactylifera* L.) eram os principais hospedeiros nas regiões da África, Ásia e Orientes Médio e Próximo. Com o passar dos anos e com o aumento da área de dispersão geográfica ocupada por *R. indica* observou-se um aumento considerável da sua gama de hospedeiros. Hoje, são mais

de noventa espécies de plantas registradas para *R. indica*. A maioria dos hospedeiros, cerca de 78 espécies de plantas, são da família Arecaceae. Entretanto, *R. indica* infesta também plantas das famílias Musaceae (6 espécies), Heliconiaceae (5), Strelitziaceae (2), Zingiberaceae (4), Pandanaceae (2), e Cannaceae (1) (Moraes et al., 2011; Carrillo et al., 2011 a). Nas Américas, o coqueiro tem sido observado como o hospedeiro preferencial de *R. indica*. (Navia et al., 2014). De acordo com estudos, ao menos 25% dos hospedeiros do ácaro vermelho- das- palmeiras, são espécies nativas do Novo Mundo, o que indica uma adaptação recente do ácaro fitófago as plantas no novo território (Moraes et al., 2011; Carrillo et al., 2011 a).

Apesar de Arecaceae ser a família mais afetada, as bananeiras (*Musa sp.*) são hospedeiras de enorme importância socioeconômica no país e nas Américas. Taylor (2010) realizou um trabalho na Índia para mensurar se as bananeiras são hospedeiras novas desse ácaro ou se já eram hospedeiras no Velho Mundo. O autor sugeriu que *R. indica* adaptou-se às bananeiras nas Américas (Taylor, 2010; Navia et al., 2014).

Com estes estudos e observações, é provável que o ácaro vermelho- das- palmeiras tenha se adaptado a novas plantas hospedeiras, o que justifica o aumento de número de plantas hospedando *R. indica* no Novo Mundo em comparação com o Velho Mundo. Essa adaptação faz parte de um processo complexo que envolve características das plantas (como defesas induzidas ou constitutivas), características das folhas e interação com competidores e/ou inimigos naturais (Carrillo et al., 2011 a).

3.5 Danos e Prejuízos do ácaro vermelho -das- palmeiras

A presença do ácaro vermelho- das- palmeiras, em sua maioria, causa amarelecimento severo das folhas, necrose dos tecidos celulares e morte das folhas, redução na produção de inflorescências e frutos e, pode ocorrer, morte de plantas jovens (Hosein, 2011 apud Navia et al., 2014). Em alguns casos, como em bananeiras, o impacto deste ácaro em altas populações é tão grande, que pode ocasionar na morte de folhas basais (Navia, 2011 apud Navia et al., 2014). Alguns estudos indicam que condições ambientais e nutricionais das plantas hospedeiras podem influenciar na gravidade da sintomatologia, quando, são associadas a

estresse hídrico e nutricional, os danos são maiores em coqueiros (Hosein,2011 apud Navia et al.,2014).

Além de coqueiros e bananeiras, os danos que são causados por este ácaro, geram impacto estético e social em áreas turísticas, principalmente em palmeiras (Arecaceae), que são símbolo de regiões tropicais (Navia et al.,2014).

Os prejuízos nas Américas já foram constatados, em Trinidad e Tobago, a produção de coqueiros foi afetada em 70%, podendo alcançar níveis de até 90% e em outras localidades do Caribe estão em torno de 50% (Navia et al., 2014; Agostini, 2011). Na Venezuela, a produção de coqueiros foi reduzida em 70%, segundo a Associação de produtores de Coco (Navia et al.,2014; Quirós, 2010). No Brasil, estatísticas ainda vem sendo realizadas, pois seu relato ainda é recente. Porém, com seu potencial invasivo, adaptabilidade às hospedeiras, reprodução tanto sexuadamente quanto partenogênica, e seu histórico de danos nas outras localidades, seu impacto é considerado alto (Navia et al.,2014).

3.6 Controle do ácaro vermelho- das -palmeiras

Medidas de controle estão sendo estudadas para que os danos causados pela infestação do ácaro vermelho- das- palmeiras sejam minimizados nas Américas, eles são: resistência de plantas (Rodrigues et al.,2011); controle químico (Peña et al., 2011) e, controle biológico através de predadores/ inimigos naturais (Peña et al.,2009; Carrillo et al.,2010; Mound et al.,2010; Carrillo et al., 2011b; Domingos et al.,2013; Navia et al.,2014).

A eficiência do controle químico ainda está sendo avaliada, podendo ser utilizada em viveiros, como método de controle emergencial ou como medida de regulação de material vegetal, porém, sua aplicação não é prática para o produtor, levando em consideração o porte da maioria das culturas que são infestadas (que inviabilizam a pulverização), o custo alto para o pequeno produtor para que as aplicações sejam realizadas com frequência e a escassez ou falta de acaricidas registrados especificamente para *R. indica* (Navia et al.,2014).

O controle biológico, é o mais estudado, isso deve-se ao fato dos bons resultados quem vem demonstrando a médio e longo prazo nas Américas. O primeiro estudo neste sentido, foi realizado por Moutia (1958), em que, um dos

inimigos naturais em potencial do ácaro vermelho- das- palmeiras, é o ácaro *Amblyseius caudatus* Berlese (Phytoseiidae) nas Ilhas Maurício. Após este, outros estudos foram e vem sendo realizados para obter novas informações. Recentemente, em um trabalho publicado por Carrillo et al.,2011c, foram listadas vinte e oito espécies de artrópodes, sendo eles, ácaros e insetos, associados à *R. indica* em todo o mundo e três espécies de fungos infectando o ácaro em Porto Rico (Navia et al.,2014). O inimigo natural mais encontrado associado ao ácaro vermelho- das -palmeiras atualmente é o *Amblyseius largoensis* (Muma) (Acari: Phytoseiidae), relatado em: ilhas do Caribe (Etienne et al.,2006; Hoy et al., 2006), Flórida, EUA (Peña et al.,2009), no Brasil (Moraes & Navia et al.,2014), na África (Zannou et al.,2010) e também no Velho Mundo, na Índia (Taylor et al.,2011), nas Filipinas (Gallego et al.,2003) e nas Ilhas Maurício (Moraes et al., 2012).

O impacto deste inimigo natural sob o ácaro vermelho- das- palmeiras, ainda está em fase de análise, assim como, outros possíveis organismos que possam ter esse mesmo mecanismo de ação. Não há certeza de que apenas o *Amblyseius largoensis* seja suficiente para minimizar os danos causados por *R. indica* e controlar a praga nas Américas, destacando a importância da continuação de pesquisas de inimigos naturais mais eficientes e que tenham evoluído com a espécie a ser controlada, preferencialmente na sua região de origem (Navia et al.,2014).

A resistência de plantas sob o ácaro fitófago *Raoiella indica* ainda é pouco relatada, foram realizados alguns estudos para o hospedeiro coqueiro, na Índia, e para bananeira, em Porto Rico. Na Índia, todas as amostras de variedades comerciais mostraram-se altamente suscetíveis (Sakar et al., 1989), porém, neste mesmo estudo foi observada uma relação positiva entre as populações do ácaro e conteúdo de proteína e nitrogênio das variedades analisadas. O estudo em Porto Rico (Irish et al.,2011 apud Navia et al.,2014), analisou três acessos de bananeira a partir do material genético Cavendish que foram mais resistentes ao desenvolvimento e reprodução do ácaro vermelho -das- palmeiras. Apenas com estes resultados, ainda não é possível afirmar que a resistência genética das plantas apresenta potencial satisfatório no controle e manejo de *R. indica*. Para que este trabalho seja complementado, seria interessante avaliar variedades comerciais de plantas de importância econômica no Brasil e nas áreas de sua maior atuação (Navia et al.,2014).

3.7 Uso de marcadores moleculares para o diagnóstico de *Raoiella indica*

A utilização de técnicas moleculares no estudo genético de ácaros plantícolas trouxe avanços importantes para a sistemática dos diversos grupos e tem auxiliado na identificação e discriminação de espécies (Navia et al., 2006; Ben-David et al., 2007; Okassa et al., 2011; Skoracka et al., 2012). As regiões mais utilizadas nestes estudos estão localizadas no DNA mitocondrial (mtDNA) e no DNA nuclear ribossomal (rDNA). Nessas regiões do genoma recomenda-se o uso de marcadores moleculares independentes, complementares, com taxas evolutivas distintas e modo de transmissão diferenciado (Navajas et al., 2000 apud Oliveira, 2014). É importante utilizar mais de um marcador nos estudos filogenéticos, filogeográficos, no diagnóstico molecular de espécies e na análise de estruturas populacionais. Estudos baseados em resultados obtidos a partir de um único marcador molecular são frágeis e podem trazer insegurança aos resultados (Brower et al., 1996; Ross et al., 1999; Navajas & Boursot, 2003). Sendo assim, o uso de apenas um marcador não é o ideal. É importante comparar resultados de marcadores com propriedades distintas, evitando interpretações errôneas e tornando os dados estatisticamente mais sólidos.

A região do DNA mitocondrial *citocromo oxidase I* (*COI*) é muito variável e uma ótima ferramenta para os estudos evolutivos. Têm sido utilizadas no entendimento da estrutura de populações, fluxo gênico, hibridização, biogeografia e relações filogenéticas para os níveis taxonômicos de gênero e espécie (Lynch et al., 2006; Hebert et al., 2003; Avise et al., 1987). Folmer et al (1994) desenharam um par de *primers* universal no gene *COI*, o qual possibilitou a amplificação de DNA de mais de 80 espécies de 11 diferentes filos de invertebrados, incluindo Arthropoda. Esse fragmento, de 650 pares de base aproximadamente, foi denominado como “código biológico de barras” ou *DNA barcoding*,” (Herbert et al. 2003). Em *Raoiella*, os *primers* desenvolvidos por Folmer et al. (1994), LCO1490 & HCO2198, foram utilizados com sucesso por Dowling et al (2012), com o objetivo de acessar informações taxonômicas para as espécies do gênero. Outro fragmento do gene *COI* (mtDNA) utilizado para estudos filogenéticos com ácaros da família Tenuipalpidae e bastante explorado em estudos de sistemática molecular de ácaros *Brevipalpus* (Rodrigues et al. 2004, Groot & Breeuwer 2006, Navia et al. 2013) é um segmento de 400 pares de base, amplificado com os *primers* DNF e DNR (Navajas et al. 1998).

Além do gene *COI*, existem trabalhos de sistemática molecular de ácaros envolvendo a subunidade D1-D3 do gene 28S (rDNA). Trata-se de uma região conservada que pode revelar informações filogenéticas para espécies e para grupos superiores, a partir de *primers* universais (D23F e D6R) (Bae et al.,2008). O gene 28S têm sido usados para ácaros juntamente com outros marcadores, como o *COI* do mtDNA, para estudos de variabilidade genética de espécies do gênero *Raoiella* (Dowling et al.,2012).

Oliveira (2014) usou com resultados satisfatórios os marcadores de Folmer e DNF-DNR (*COI*) e D1-D3 para o diagnóstico molecular de 12 espécies de *Brevipalpus* gênero da família Tenuipalpidae assim como *Raoiella indica*.

4 MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo teve início em 2011/2013 associado ao Projeto intitulado “O Ácaro vermelho- das- palmeiras, *Raoiella indica* Hirst uma Ameaça para o Brasil: Constatação Precoce de sua Introdução no País e Preparativos para seu Controle Biológico”. As primeiras coletas de *R. indica* foram realizadas pela Dra. Denise Navia (Embrapa Cenargen) em Roraima e Trinidad & Tobago e outras amostras foram encaminhadas à Embrapa Cenargen por colaboradores externos. Nos anos subsequentes, exemplares das populações coletadas foram preservados em lâminas para microscopia em posição dorso-ventral, em meio Hoyer, e a identificação dos espécimes foi confirmada pelas pesquisadoras Denise Navia e Renata Santos de Mendonça com o auxílio de um microscópio óptico de contraste de fase e de interferência diferencial (DIC) (Nikon Eclipse 80i), aumento de (40x e 100x). Foi realizada a extração de DNA de todas as amostras recebidas. Os espécimes submetidos à extração de DNA e que geraram as sequências de nucleotídeos foram recuperados dos microtubos após a eluição de DNA e foram montados para confirmação da identificação morfológica. Todas as lâminas contendo os espécimes, inclusive os *vouchers* utilizados na extração de DNA, foram depositadas na Coleção de Referência de Ácaros do Laboratório de Quarentena de

Germoplasma Vegetal da Embrapa. Essa primeira etapa do estudo teve a colaboração da estagiária Nayara Darc Rosa.

4.1 Conjunto de dados

Para este estudo, foram utilizadas as sequências de DNA de *R. indica* obtidas a partir de três fragmentos distintos, a saber: dois fragmentos do gene *COI* (mtDNA), Folmer (56 sequências) e DNF&DNR (66 sequências) e; a subunidade D1-D3 (46 sequências) no gene 28S (rDNA).

O material coletado para esse estudo em localidades distribuídas ao redor do mundo abrangeu nove países (Anexo A). Na América Sul: Brasil (Alagoas, Amazonas, Ceará, Distrito Federal, Roraima, Sergipe e São Paulo) e Colômbia; no Caribe: Martinica, Dominica e Trinidad & Tobago; na África: Ilha da Reunião; no Oriente Médio: Omã e na Ásia: Malásia e Sri Lanka. Foram incluídas nas análises sequências do fragmento de Folmer (20 sequências) e DNF&DNR (2 sequências) do gene *COI* e da subunidade D1-D3 do gene 28S (3 sequências) recuperadas do GenBank do Caribe: Santa Lúcia, Trinidad e Tobago, Porto Rico e Dominica, América do Sul: Venezuela, América do Norte: Estados Unidos da América, Oriente Médio: Emirados Árabes Unidos e Irã e; Ásia: Filipinas e Índia. No total foram analisadas amostras de 17 países (Anexo A).

Os locais utilizados neste estudo foram abreviados em siglas de duas letras, correspondente ao padrão americano, e estas são : Brasil (BR); Alagoas (AL); Amazonas (AM); Ceará (CE); Distrito Federal (DF); Roraima (RR); Sergipe (SE); São Paulo (SP); Venezuela (VE); Colômbia (CO); Martinica (MQ); Dominica (DM); Santa Lucia (LC); Porto Rico (PR); Trinidad & Tobago (TT); Estados Unidos da América (US); Ilha da Reunião (RE); Omã (OM); Malásia (MY); Sri Lanka (LK) Weligama (W) e Lunuwila (L); Emirados Árabes Unidos (AE); Irã (IR); Filipinas (PH) e Índia (IN).

4.2 Edição das sequências

A edição das sequências de *R. indica* obtidas nesse estudo foi realizada com o auxílio do programa Staden Package versão 1.6.0 (Staden et al.,1998), obtendo-se assim, as sequências consensos. O programa BioEdit versão 7.0.4 (Hall, 1999) foi

utilizado para análise dos eletroferogramas, das sequências brutas e para a organização e alinhamento das sequências. O método de alinhamento múltiplo CLUSTAL W (Thompson et al., 1994) implementado no programa BioEdit foi utilizado para os três fragmentos estudados (Folmer; DNF&DNR e D1-D3). Não foram necessários ajustes manuais para o alinhamento das sequências.

4.3 Submissão das sequências ao GenBank

As novas sequências de *R. indica* foram submetidas ao GenBank (Benson et al., 2009) com o auxílio da plataforma Bankit (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/WebSub/?tool=genbank>). Para as sequências dos fragmentos do gene *COI* (*mtDNA*) foi utilizado o programa *Open Reading Frames* (ORFs Finder) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>) disponibilizado pelo *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). O ORF Finder estabelece parâmetros específicos para a submissão como, a tradução em proteínas, identificação dos códons de iniciação e de parada (*start* e *stop* códons) e determinação o tamanho das sequências de acordo com a tradução em proteínas e comparação com outras sequências depositadas no GenBank. Os números de acesso das sequências foram obtidos e podem ser observados no Anexo A.

Para as análises, as sequências inéditas submetidas ao GenBank, foram agrupadas em um novo arquivo juntamente com as sequências de *R. indica* já disponíveis e depositadas no GenBank em estudos anteriores (Dowling et al., 2008; 2012) (Anexo B). *Brevipalpus yothersi* foi incluído ao conjunto de dados como grupo externo para os três genomas selecionados no estudo.

4.4 Distribuição de haplótipos e genótipos

A distribuição e a frequência das sequências de *R. indica* em haplótipos (Folmer; DNF&DNR) e genótipos (D1-D3) foram obtidas através do programa DNAsp versão 5.10.01 (Júlio Rozas et al., 2009). O programa ALTER (D. Glez et al., 2010) também foi utilizado para a identificação dos haplótipos/genótipos. Nesse tudo são apresentados apenas os resultados obtidos pelo programa DNAsp, uma vez que é mais difundido em trabalhos científicos (Tabela dos haplótipos). Foi elaborado um mapa utilizando-se a ferramenta SpeciesLink (<http://splink.cria.org.br>)

com a distribuição dos haplótipos (COI: Folmer e DNF&DNR) e genótipos (D1-D3) de *R. indica*.

4.5 Análises filogenéticas

As análises filogenéticas para as sequências dos três fragmentos estudados (Folmer; DNF&DNR e D1-D3) foram realizadas usando o programa MEGA versão 7 (Kumar et al., 2016). Primeiramente, o arquivo de sequências em formato FASTA foi convertido em formato MEGA. Após isto, foi selecionado o melhor modelo de substituição de nucleotídeos para cada fragmento.

As árvores filogenéticas foram estimadas e editadas no programa MEGA versão 7., utilizando-se o modelo de máxima verossimilhança (*Maximum – Likelihood estimation- ML*). O modelo de distância foi calculado pelos algoritmos Tamura 3 parâmetros (T92), para os fragmentos de Folmer (COI, mtDNA) e D1-D3 (28S, rDNA), e Hasegawa-Kishino-Yano (HKY) para o fragmento DNF&DNF (COI, mtDNA).

Para determinar os limites de confiança nas ramificações durante a construção de filogenias, os dados foram submetidos ao teste de *bootstrap* (Felsenstein, 1985) para 1000 replicações e os valores foram representados próximos aos ramos das árvores filogenéticas em forma de porcentagem. Para os três fragmentos durante a edição da árvore foi selecionada uma sequência de cada haplótipo ou genótipo como representante de cada uma das diferentes localidades estudadas. Sequências idênticas obtidas nesse estudo e recuperadas do Genbank foram incluídas nos alinhamentos uma única vez de acordo com o local de origem. O número de vezes que essas sequências (haplótipos e genótipos) se repetiu foi anotado, entre parênteses, ao lado da sequência selecionada. Esse número indica quantas haplótipos e genótipos idênticos foram encontradas no conjunto de dados para cada local analisado.

4.6 Distância genética

O programa MEGA versão 7 (Kumar et al., 2016) foi utilizado para estimar a distância genética entre os pares de bases das sequências para os três fragmentos estudados (COI: Folmer e DNF&DNR e D1-D3). As sequências foram analisadas para gerar uma matriz de distância molecular (matriz de distância dos pares). Desta

forma e respeitando-se os modelos de substituição selecionados no MEGA para cada um dos três fragmentos foram calculadas: a distância média geral entre as sequências, a distância média interespecífica, distância média intraespecífica e os valores mínimos e máximos de distâncias inter e intraespecíficos.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Resultados para o fragmento Folmer

As sequências do fragmento de Folmer, região *barcoding*, obtidas nesse estudo apresentaram 689 pares de base. O alinhamento final foi composto por 76 sequências (Anexo A) de *R. indica* e uma de *Brevipalpus yothersi* como grupo externo. Estas sequências se agruparam em oito haplótipos distintos (Tabela 1).

Tabela 1- Distribuição de haplótipos de *Raoiella indica* partir de sequências de nucleotídeos de 689 pares de base do fragmento Folmer do gene *COI* (mtDNA), estimada no programa DnaSP v. 5.0. A espécie *Brevipalpus yothersi* foi incluída como grupo externo.

Haplótipo	Frequência	Identificação da Sequência
H1	68	MH205610 DM-7; MH205611 DM-8; MH205612 DM-2; MH205613 BRAM-KIT9; MH205648 RE-LA32; MH205614 RE-LA3.2; MH205615 RE-LA3.5; MH205616 RE-LA6.3; MH205617 RE-LA10.2; MH205618 RE-LA16.1; MH205619 RE-LA16.2; MH205620 RE-LA28.2; MH205621 RE-LA36.1; MH205622 RE-LA36.5; MH205623 RE-LA41.5; MH205624 MY-12; MH205625 MY-23; MH205626 OM-3C.2; MH205629 TT-5.4; MH205630 TT-6A.5; MH205631 TT-6C.3; MH205632 TT-6C.4; MH205652 TT-6B; EU682433 TT; EU682432 TT; MH205651 BRSP-8m; MH205633 BRRR-7.2; MH205638 BRRR-9D.5; MH205639 BRRR-9E.5; MH205640 BRRR-9G.1; MH205641 BRRR-9J.5; MH205642 BRRR-9M.5; MH205655 BRRR-9F; MH205656 BRRR-9I; MH205653 BRRR-9A; MH205654 BRRR-9C; MH205643 BRCE-11; MH205644 BRCE-16; MH205645 BRAM-MA3; MH205657 BRAL-1; MH205658 BRAL-3; MH205659 BRAL-4; MH205660 BRDF-3; MH205662 BRDF-7; MH205663 BRSE-1; MH205664 BRSE-2; MH205665 BRSE-3; EU682439 PH; MH205634 CO-8A.10; MH205635 CO-8A.11; MH205636 CO-8B.5; MH205637 CO-8B.6; MH205646 LK-W10; MH205647 LK-W16; MH205649 LK-L1.9; MH205650 LK-L1.12; EU682445 US; EU682442 US; EU682444 VE; EU682443 VE; EU682437 DM; EU682436 PR; EU682431 LC; EU682430 LC; EU682428 RE; EU682425 IN; EU682424 IN; EU682440 PH;
H2	1	MH205627 OM-3C.8
H3	1	MH205628 OM-3C.10
H4	1	MH205661 BRDF-5
H5	2	EU682438 IR; EU682441 IR
H6	1	EU682434 AE
H7	1	EU682427 IN
H8	1	EU682426 IN
H9	1	<i>Brevipalpus yothersi</i> BRALIpba4

O haplótipo que apresentou maior distribuição ao redor do mundo foi o H1. Dos 17 países (Brasil, Colômbia, Venezuela, Trinidad & Tobago, Santa Lúcia, Martinica, Dominica, Porto Rico, Estados Unidos, França- Reunião, Departamento ultramarino localizado na África-, Sri. Lanka, Omã, Emirados Árabes Unidos, Irã, Índia, Malásia e Filipinas) analisados, em apenas dois (Emirados Árabes Unidos e Irã) o haplótipo H1 de *R. indica* não estava presente. No novo mundo, houve predominância do haplótipo H1. No Brasil, além do haplótipo H1, foi detectado no Distrito Federal o haplótipo H4. Foram obtidas três sequencias para o Distrito Federal, sendo duas do haplótipo H1 e uma do H4. Os outros haplótipos foram detectados na Índia (H7 e H8), em Omã (H1, H2 e H3), nos Emirados Árabes Unidos (H6) e no Irã (H5).

O fragmento de FOLMER (*COI*) indicou a presença de um haplótipo comum e circulante pelo mundo (H1) e uma diversidade elevada de haplótipos no Oriente Médio e na Índia, onde foram encontrados sete haplótipos (H1, H2, H3, H5, H6, H7 e H8).

A filogenia para o fragmento *COI* (Folmer et al., 1994) foi construída utilizando-se o critério de Máxima Verossimilhança (ML) baseado no modelo de distância Tamura 3-parâmetros (K-3P) (Figura 1). Os resultados indicaram que as populações de *R. indica* dos Estados Unidos, Colômbia, Venezuela, Brasil (Américas), Dominica, Porto Rico, Trinidad e Tobago e Santa Lúcia (Caribe), Ilha da Reunião (África), Filipinas, Malásia, Sri Lanka, Índia (Ásia) e Omã (Oriente Médio) se agruparam em um clado que reuniu sequencias do haplótipo H1 (66), H2 (1-Omã) e H4 (1-Brasil, Distrito Federal). As populações de *R. indica* das Américas coletadas em *C. nucifera* e *Musa* sp. são geneticamente próximas às da Ilha de Reunião, Omã, Malásia, Sri Lanka, Filipinas (*Cocos nucifera*, *Areca* sp. *Archontophoenix* sp.) e Índia (*Areca* sp.). Espalhadas próximo a esse clado, em ramo basais, se observa uma população de Omã (H3) e duas da Índia (H7 e H8), todas coletadas em *Cocos nucifera* L. Esse agrupamento que reuniu os haplótipos H1, H2, H3, H4, H7 e H8 foi denominado de clado principal. As populações dos Emirados Árabes (H6), sobre *P. dactylifera*, e Irã (H5), sobre *P. dactylifera* e *Citrus* sp., se agruparam em um clado isolado e bem suportado pelo valor de 97% de *bootstrap*.

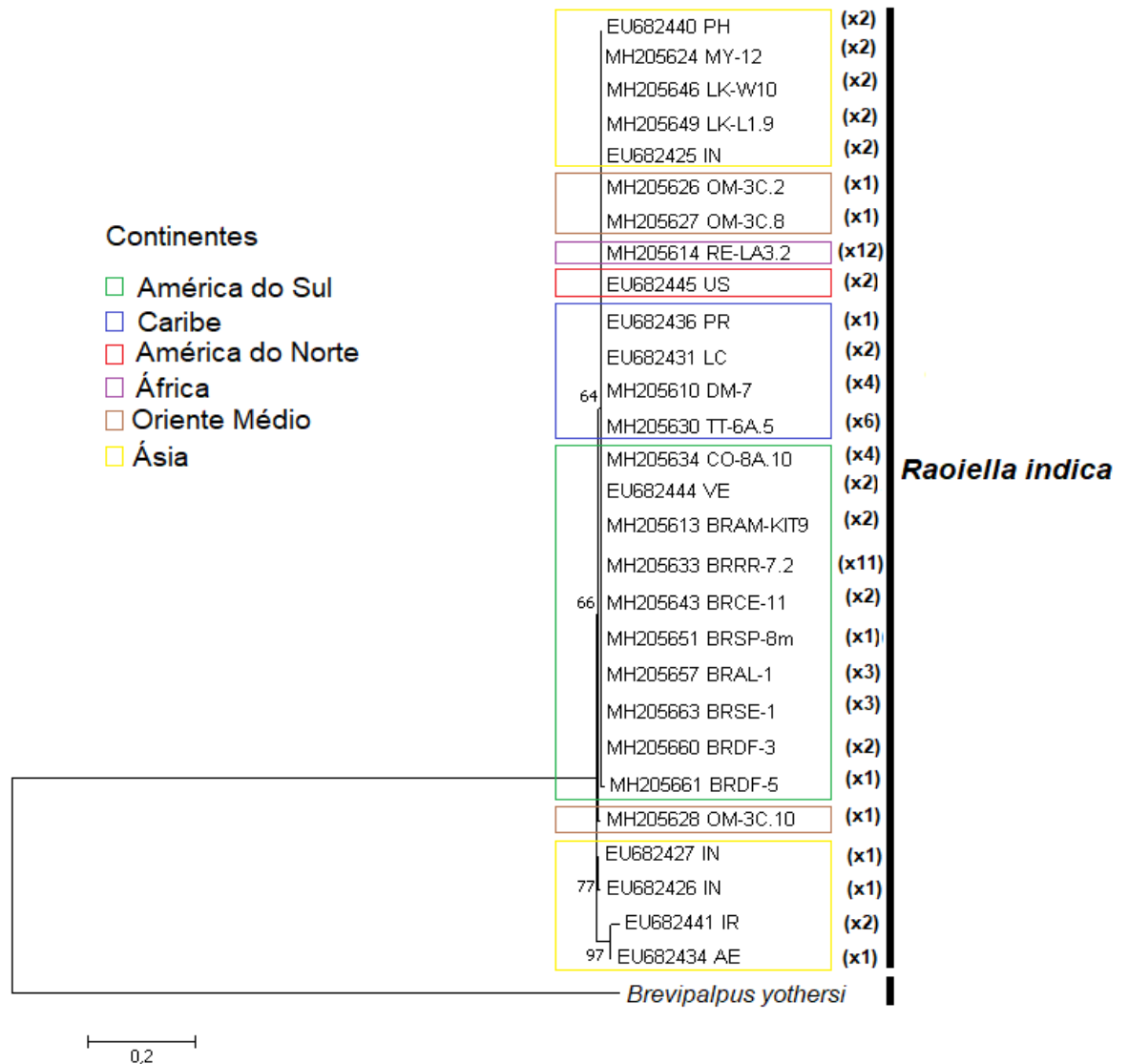


Figura 1- Árvore filogenética ML (modelo Tamura 3-parâmetros) inferida a partir de sequências do gene *citocromo oxidase I (COI)*, fragmento de Folmer, região *barcoding*, de *Raoiella indica*. Informações sobre a composição dos haplótipos estão na Tabela 1. O número entre parênteses ao lado dos códigos das sequências indica a quantidade de vezes que os haplótipos foram encontrados conforme a localização geográfica. Os valores de *bootstrap* em porcentagem (1000 replicações) estão localizados sobre os ramos. As amostras estão separadas em quadros com cores distintas indicando os diferentes locais de coleta.

As distâncias intra e interespecíficas para o fragmento de Folmer (COI) estão apresentadas na Tabela 2. A distância média calculada para o fragmento de Folmer (COI) entre todas as populações de *R. indica* estudadas foi de 2,1% (0,00% - 4,2%). A distância intraespecífica média observada entre as populações de *R. indica* agrupadas no clado principal foi de 0,09%, com distância mínima e máxima variando de 0,00% a 1,76%, respectivamente. Esses valores são considerados baixos (Oliveira, 2014) e indicam que as populações das Américas, África, Ásia (haplótipos H1, H2, H3, H4, H7 e H8) coletadas em *C. nucifera*, *Areca* sp. e *Archontophoenix* sp. são geneticamente muito próximas e representam um único táxon. Não se observou a influência geográfica ou do hospedeiro na variabilidade genética dessas populações no presente estudo. A distância genética média entre o clado principal e o isolado foi de 3,31%, com 2,38% e 4,22% para os valores mínimos e máximos respectivamente. O valor médio (3,31%) observado entre os clados principal e o isolado foi inferior ao encontrado (4,01%) para duas espécies muito próximas do gênero *Brevipalpus*, *Brevipalpus obovatus* Donnadieu e *Brevipalpus chilensis* Baker (Oliveira, 2014) que pertencem a mesma família que *R. indica*. Esse resultado sugere que as populações dos Emirados Árabes e Irã coletadas sobre *P. dactylifera* e *Citrus* sp. agrupadas isoladamente também são da espécie *R. indica*.

Tabela 2 - Distância genética média calculada com base no modelo Tamura 3-parâmetros a partir de sequências de DNA do gene *citocromo oxidase I* (COI), fragmento de Folmer, região *barcoding* de *Raoiella indica* coletada em diferentes regiões do mundo. Os resultados são apresentados em porcentagem e o erro padrão estimado está na cor cinza claro. *Brevipalpus yothersi* foi utilizada como grupo externo. Os valores de distância máximos e mínimos estão entre parêntesis.

	Distância Interespecífica			Distância Intraespecífica
	1	2	3	
1 <i>Raoiella indica</i>		0,94%	2,87%	0,09% 0,04% (0,00 - 1,76%)
2 <i>Raoiella indica</i> (IR-AE)	3,31% (2,38 - 4,22%)		2,94%	0,98% 0,42% (0,00 - 1,47%)
3 <i>Brevipalpus yothersi</i>	21,61%	23,47%	n/c	n/c

5.2 Resultados para o fragmento DNF & DNR

O alinhamento para o gene *COI* do fragmento DNF foi composto por 67 sequências *R. indica* com 400 pares de base e *B. yothersi* como grupo externo. Estas sequências se agruparam em 6 haplótipos (Tabela 3) distribuídos no Brasil, Colômbia, Trinidad & Tobago, Santa Lúcia, Martinica, Dominica, Estados Unidos (Américas), Ilha da Reunião (África), Sri. Lanka e Malásia (Ásia) e Omã (Oriente Médio). O haplótipo (H1) foi predominante no novo mundo e foi o único haplótipo encontrado na Ilha da Reunião. No Brasil, além do haplótipo H1, foi observado o haplótipo H6 em Sergipe. Foram encontrados dois haplótipos em Omã (H2 e H3) e dois em Sri. Lanka e Malásia, sendo H4 e H5 respectivamente.

A semelhança do que foi observado para fragmento de FOLMER do gene *COI*, o DNF-DNR também encontrou um haplótipo predominante distribuído no Novo Mundo (H1) e um segundo haplótipo distinto no Brasil, porém no estado de Sergipe (H6-SE). Este haplótipo predominante no Novo Mundo, na ilha de Reunião e na Malásia não foi observado em Omã e Sri Lanka. Como não foram obtidas amostras da Índia, Filipinas, Emirados Árabes Unidos e, Irã para o fragmento DNF-DNR, o haplótipo H1 que foi o predominante, não foi detectado nestes países. É possível que caso fossem realizadas coletas de amostras de *Raoiella indica* nestes países, o haplótipo H1 fosse também observado nesses territórios. É interessante realizar coletas do ácaro vermelho-das-palmeiras nestes países buscando identificar novos haplótipos, inclusive confirmar a presença do haplótipo H1.

Tabela 3 – Distribuição de haplótipos para o fragmento DNF & DNR

Haplótipo	Frequência	Identificação da Sequência
H1	56	MF997054 RE-LA3; MF997055 RE-LA6; MF997057 RE-LA10; MF997057 RE-LA16; MF997058 RE-LA28; MF997059 RE-LA32; MF997060 RE-LA36; MF997061 RE-LA41; MH174691 RE-LA41.4; MF997064 TT-5D; MF997065 TT-6A; MF997066 TT-6B; MF997067 TT-6C; MF997068 BRRR-7D; MF997071 BRRR-9A; MF997072 BRRR-9B; MF997073 BRRR-9C; MF997074 BRRR-9D; MF997075 BRRR-9E; MF997076 BRRR-9F; MF997077 BRRR-9G; MF997078 BRRR-9I; MF997079 BRRR-9J; MF997080 BRRR-9M; MF997081 BRAM-MA; MH174675 BRAM-KIT2; MH174676 BRAM-KIT3; MH174682 BRSP-5; MH174683 BRSP-7; MH174684 BRSP-8; MH174692 BRAL-3; MH174693 BRAL-4; MH174694 BRAL-5; MH174695 BRAL-6; MH174696 BRDF-2; MH174697 BRDF-3; MH174698 BRDF-5; MH174699 BRDF-6; MH174700 BRSE-1; MH174701 BRSE-4; MH174703 BRSE-7; MH174704 BRSE-8; MH174708 BRCE-1; MH174709 BRCE-5; MH174710 BRCE-6; MH174711 BRCE-7; MF997069 CO-8A; MF997070 CO-8B; EF185151 LC; MH174688 DM-3; MH174689 DM-5; MH174690 DM-10; MH174705 MQ-MT6; MH174706 MQ-MT8; MH174707 MQ-MT9; MF997082 MQ-MT;
H2	1	MF997062 OM-3.1
H3	1	MF997063 OM-3.2
H4	5	MH174677 LK-L1.9; MH174678 LK-L1.12; MH174686 LK-W9; MH174687 LK-W14; MH174685 LK-W8
H5	3	MH174679 MY-3; MH174680 MY-7; MH174681 MY-9
H6	1	MH174702 BRSE-6
H7	1	<i>Brevipalpus yothersi</i> BRALIpba4

A filogenia para o fragmento DNF-DNR (*COI*) (Figura 2) reuniu as populações das Américas (Brasil, Colômbia, Estados Unidos, Caribe), África (Ilha da Reunião), Malásia e Sri Lanka (Ásia) e Omã (Oriente Médio) em um clado com 66 sequências e cinco haplótipos H1, H3, H4, H5 e H6. Esse clado principal ficou separado de uma outra população de Omã (Oriente Médio) (H2)

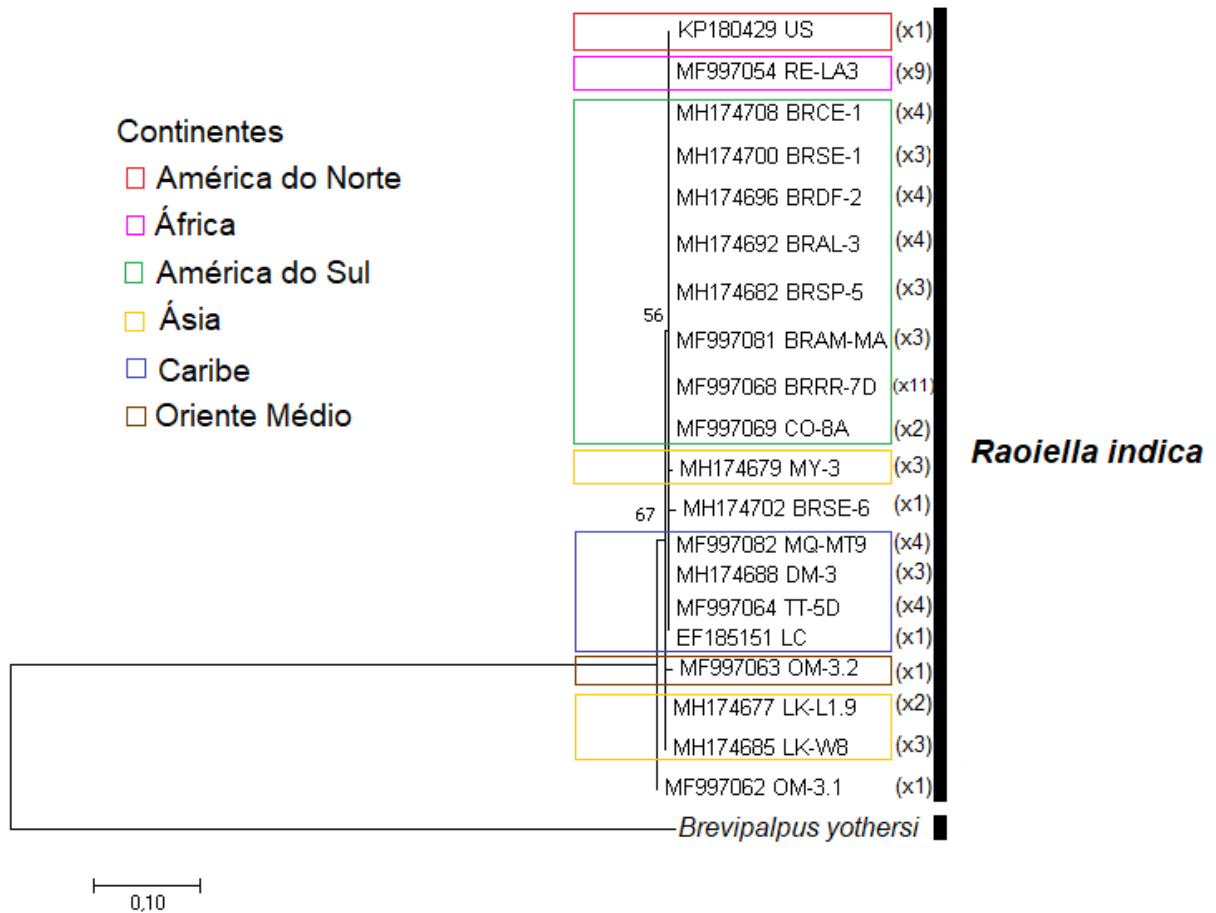


Figura 2- Árvore filogenética ML (modelo Hasegawa-Kishino-Yano -HKY) inferida a partir de sequências do gene *citocromo oxidase I* (COI), fragmento DNF-DNR (mtDNA) de *Raoiella indica*. Informações sobre a composição dos haplótipos estão na Tabela 3. O número entre parênteses ao lado dos códigos das sequências indica a quantidade de vezes que os haplótipos foram encontrados conforme a localização geográfica. Os valores de *bootstrap* em porcentagem (1000 replicações) estão localizados sobre os ramos. As amostras estão separadas em quadros com cores distintas indicando os diferentes locais de coleta.

O Brasil foi o local onde *R. indica* apresentou a maior variedade de hospedeiros. O haplótipo H1 foi coletado em *C. nucifera*, *V. merrilli*, *E. oleracea*, *M. flexuosa* e *Musa* sp., *Archontophoenix* sp. e *P. dactyliphera* e o H6 em *C. nucifera*. As populações de Omã, Sri Lanka e Malásia foram todas coletadas em *C. nucifera*.

Como para o o fragmento COI de Folmer, não se observou para o fragmento DNF-DNR (COI) influência geográfica ou do hospedeiro na variabilidade genética das populações estudados.

A distância calculada para o fragmento DNF-DNR (COI) entre todas as populações de *R. indica* estudadas foi de 0,13% (0,00%-1,7%) (Tabela 4). A distância intraespecífica entre as populações do clado principal foi de 0,10%, com valores máximo e mínimos variando de 0,00%-0,17. A distância genética média entre o clado principal e a sequência isolada de Omã (H2) foi de 1,14% (0,08 - 1,71%). Esses valores são inferiores aos obtidos para o fragmento de Folmer (COI) e corroboram que todas as populações estudadas pertencem ao um único táxon, *R. indica*.

Tabela 4 - Distância genética média calculada com base no modelo Tamura 3-parâmetros a partir de sequências de DNA do gene *citocromo oxidase I* (COI), região DNF-DNR (mtDNA) de *Raoiella indica* coletada em diferentes regiões do mundo. Os resultados são apresentados em porcentagem e o erro padrão estimado está na cor cinza claro. *Brevipalpus yothersi* foi utilizada como grupo externo. Os valores de distância máximos e mínimos estão entre parêntesis.

	Distância Interespecífica			Distância Intraespecífica
	1	2	3	
1 <i>Raoiella indica</i>		0,54%	2,67%	0,10% 0,05% (0,00-0,17%)
2 <i>Raoiella indica</i> (OM)	1,14% (0,08- 1,71%)		2,72%	n/c
3 <i>Brevipalpus yothersi</i>	21,25%	21,56%		n/c

5.3 Resultados para a subunidade D1-D3 do gene 28S

Para a subunidade D1-D3 do gene 28S foram obtidas 49 sequências de *R. indica* coletadas no Brasil, Colômbia (Américas), Trinidad & Tobago, Martinica, Dominica (Caribe), Ilha da Reunião (África), Sri. Lanka, Malásia, Índia (Ásia), Omã, Emirados Árabes Unidos e Irã (Oriente Médio). Três genótipos foram identificados para o fragmento D1-D3 (28S): G1, G2 e G3 (Tabela 5). O genótipo G1 foi observado nos 12 países estudados. No Brasil, além do G1, observou-se em São Paulo o genótipo G3 e na Colômbia G2.

De acordo com os resultados do fragmento D1-D3, apenas o genótipo G1 foi observado na Ásia, ao contrário dos resultados obtidos a partir das sequências do gene *COI*, em que, se observou grande diversidade na Ásia. Essa baixa variabilidade de genótipos observada na Ásia para o fragmento D1-D3 justifica-se devido ao um número inferior de amostras analisadas neste continente. No Brasil foram identificados dois genótipos (G1 e G3), como foi observado para os dois fragmentos do gene *COI*. Na Colômbia, além do genótipo predominante G1, também foi observado um novo genótipo G2.

Tabela 5 – Distribuição de Genótipos do fragmento D1-D3

Genótipo	Frequência	Identificação da Sequência
G1	47	MG022053 RE-LA3; MG022054 RE-LA6; MG022055 RE-LA10; MG022056 RE-LA16; MG022057 RE-LA28; MG022058 RE-LA32; MG022059 RE-LA36; MG022060 RE-LA41; MG022061 MQ-9; MG022062 OM-3.1; MG022063 OM-3.2; MG022064 TT-5D; MG022065 TT-6A; MG022066 TT-6B; MG022067 TT-6C; MG022070 CO-8B; MH093584 BRCE-15; MG022068 BRRR-7; MG022071 BRRR-9A; MG022072 BRRR-9B; MG022073 BRRR-9C; MG022074 BRRR-9D; MG022075 BRRR-9E; MG022076 BRRR-9F; MG022077 BRRR-9G; MG022078 BRRR-9I; MG022079 BRRR-9J; MG022080 BRRR-9M; MG022081 BR-MA; MH093574 DM-5A; MH093575 DM-10A; MH093576 LK-L1.9; MH093583 LK-W8; MH093585_LK-W27; MH093577 MY-3; MH093578 MY-7; MH093579 MY-9; JF928438 IR; JF928437 AE; JF928436 IN; MH093581 BRSP-5; MH093582 BRSP-7; MH093586 BRDF-5a; MH093587 BRDF-8a; MH093588 BRDF-7a; MH093589 BRAL-4a; MH093590 BRSE-1a.
G2	1	MG022069_CO-8A
G3	1	MH093580_BRSP-4
G4	1	<i>Brevipalpus yothersi</i> BRALlpha4

O resultado da filogenia para o fragmento da subunidade D1-D3 (28S) (rDNA) agrupou as populações de *R. indica* do Brasil, Colômbia (América), Trinidad e Tobago, Dominica e Martinica (Caribe), Malásia e Sri Lanka (Ásia) em um único clado localizado em um ramo basal da árvore filogenética próximo às populações da Ilha da Reunião, da Índia e de Omã (Figura 3). As populações do Irã e Emirados Árabes (Oriente Médio), de *P. dactylifera*, formaram um grupo isolado. Nas Américas, *R. indica* foi encontrada infestando *C. nucifera*, *V. merrilli*, *E. oleracea*, *M. flexuosa*, *P. dactylifera* e *Musa* sp. As populações da Ilha da Reunião e da Índia foram coletadas em *C. nucifera*.

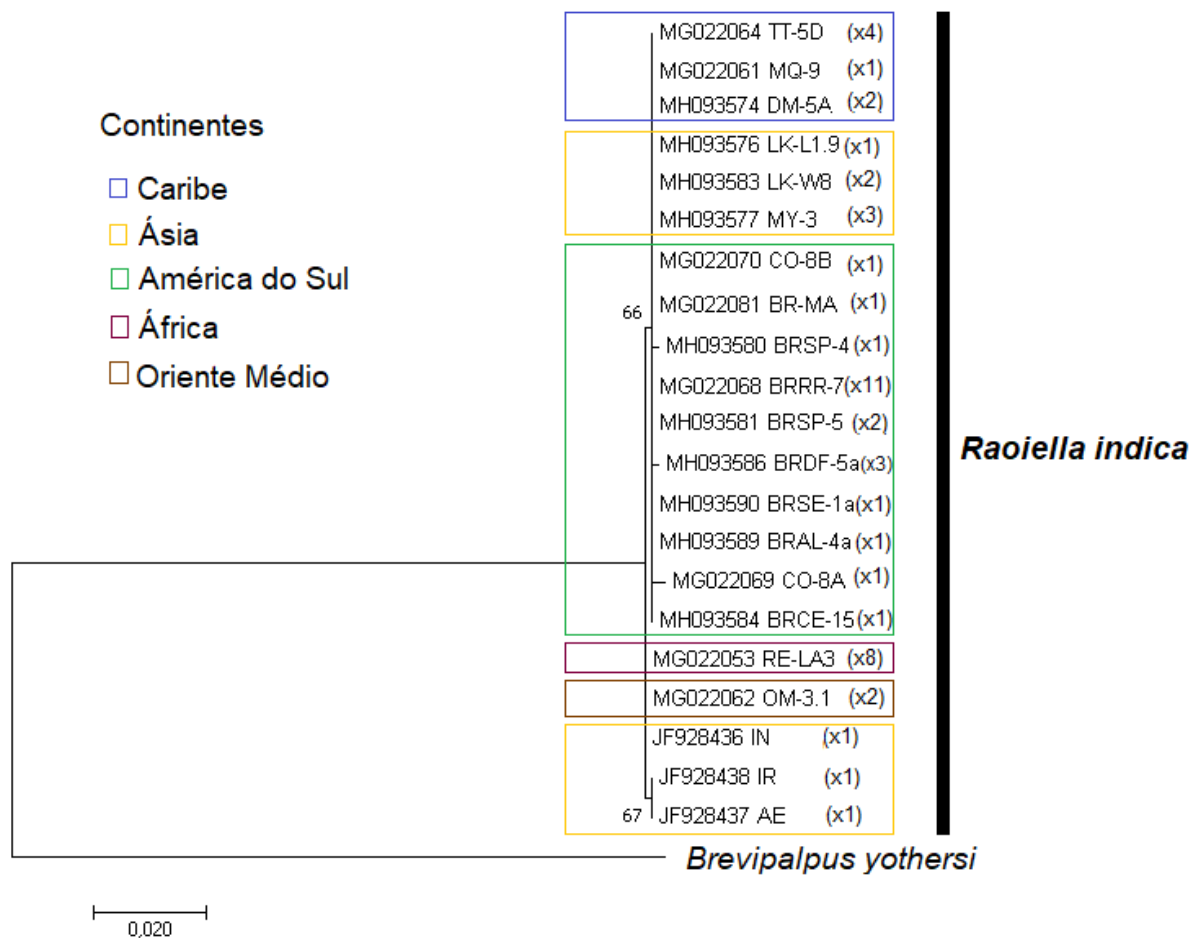


Figura 3- Árvore filogenética ML (modelo Tamura 3-parâmetros) inferida a partir de sequências da subunidade D1-D3 do gene 28S de *Raoiella indica*. Informações sobre a composição dos genótipos na Tabela 5. O número entre parênteses ao lado dos códigos das sequências indica a quantidade de vezes que os genótipos foram encontrados conforme a localização geográfica. Os valores de *bootstrap* em porcentagem (1000 replicações) estão localizados sobre os ramos. As amostras estão separadas em quadros com cores distintas indicando os diferentes locais de coleta.

A distância genética média calculada para a subunidade D1-D3 (28S) para todas as populações de *R. indica* estudadas foi **0,015%** (0,00% - 0,37%) (Tabela 6). Trata-se de um valor muito baixo que confirma que todas as populações de *R. indica* estudadas pertencem a uma única linhagem.

Tabela 6 – Distância genética média calculada com base no modelo Tamura 3-parâmetros a partir de sequências de DNA da subunidade D1-D3 do gene 28S de *Raoiella indica* coletada em diferentes regiões do mundo. Os resultados são apresentados em porcentagem e o erro padrão estimado está na cor cinza claro. *Brevipalpus yothersi* foi utilizada como grupo externo. Os valores de distância máximos e mínimos estão entre parêntesis.

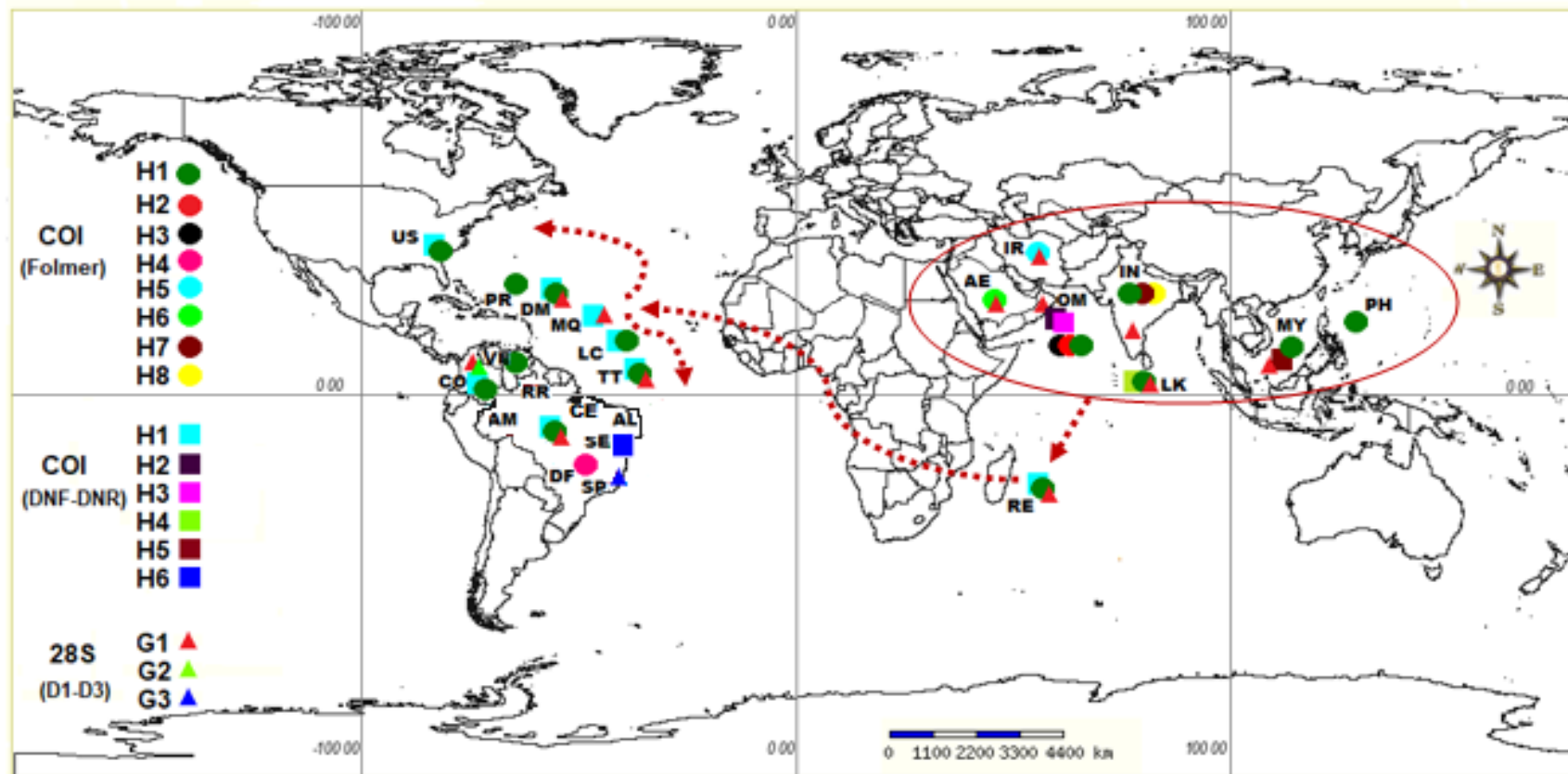
	Distância Interespecífica		Distância Intraespecífica
	1	2	
1 <i>Raoiella indica</i>		1,98%	0,015% 0,0083% (0,00% - 0,37%)
2 <i>Brevipalpus yothersi</i>	23,10%		

5.4 Distribuição geográfica dos haplótipos (COI) e genótipos (D1-D3)

De acordo com o mapa de dispersão geográfica de *R. indica* baseado nos haplótipos e genótipos dos três fragmentos estudados (COI/Folmer, COI/DNF&DNR e D1-D3) se observa que a maior variabilidade de haplótipos e genótipos ocorre na região do Oriente Médio e da Ásia. É provável que a espécie seja originária de um dos países dessa região. Essa hipótese pode ser confirmada pelas filogenias, pois a maioria das populações de *R. indica* da Índia, Omã, Emirados Árabes Unidos e Irã está localizada nos ramos basais das filogenias para os três fragmentos estudados. Assume-se a rota de dispersão de *R. indica* partindo do Oriente Médio ou da Ásia e chegando na Ilha da Reunião. Deste ponto se dispersou para Martinica e, em seguida, pelas ilhas do Caribe alcançou as áreas continentais da América do Sul pela Venezuela, Brasil e Colômbia. Da mesma forma, ao norte, chegou a Flórida nos Estados Unidos.

Talvez os haplótipos e genótipos distintos no Oriente Médio possam estar relacionados às condições climáticas locais. É possível inferir que o haplótipo H1/G1, que se estabeleceu nas Américas tenha sido o único a se adaptar às condições climáticas da região. Outros haplótipos podem ter chegado também às Américas, mas podem não ter se estabelecido em decorrência do clima. Assim, o H1/G1 encontrou condições ideais para o estabelecimento nas Américas. A baixa variabilidade genética observada nas Américas pode ser devido a um único evento de invasão ou pode ser resultado de sucessivas introduções a partir de uma mesma localidade. Os haplótipos indicam as possíveis rotas de invasão, mas não é possível afirmar quantos eventos de invasão ocorreram nas Américas, nem o local exato de origem da espécie.

Figura 4 – Dispersão dos Haplótipos (COI- FOLMER; COI- DNF-DNR) e Genótipos (D1-D3) de *Raoiella indica*. O círculo em vermelho agrupa países onde se observa a maior variabilidade genética de *R. indica*. As setas tracejadas sugerem a rota de dispersão para as Américas. Os Haplótipos COI- Folmer estão indicados em círculos, COI- DNF&DNR em formato de quadrado e os genótipos D1-D3 em triângulos. As cores apontam os diferentes haplótipos/genótipos para cada fragmento.



6. CONCLUSÕES / CONSIDERAÇÕES FINAIS

O ácaro vermelho- das- palmeiras se dispersou na região do Oriente Médio e Ásia. Um haplótipo/genótipo, presente no Oriente Médio e na Ásia, idêntico ao da Ilha da Reunião, localizada na África, encontra-se distribuído pelas Américas, sugerindo uma rota de dispersão a partir da Ilha de Reunião para Martinica, primeira ilha do Caribe nas Américas onde foi relatada a presença de *Raoiella indica*. Essa afirmação pode ser admitida em função das relações históricas existentes entre a Ilha da Reunião e Martinica, que são territórios franceses e, possivelmente, comercializam materiais vegetais sem restrições relacionadas ao controle fitossanitário e a normas de quarentena vegetal. Em seguida, a sua dispersão ocorreu pelo restante dos países do Novo Mundo, por meios naturais e ações antrópicas.

É interessante ressaltar que a variabilidade genética observada entre as populações de *R. indica* estudadas é baixa, indicando a presença de uma única linhagem dispersa ao redor do mundo, independente do hospedeiro ou da região geográfica em a praga foi coletada. Observa-se também que foi possível definir o haplótipo viajante, ou seja, o haplótipo que caracteriza a população comum encontrada na maioria dos países analisados.

Os resultados apontam a necessidade de adoção de melhores práticas comerciais entre os países das Américas e, sobretudo atenção com as medidas de econômicas, de biossegurança, ecológicas associadas a incursão de uma espécie invasora. Além disso, os resultados são interessantes no contexto da biologia das invasões, evidenciando o sucesso de uma praga viajante a partir de uma população fundadora.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARBABI, M.; KHIABAN, N. G. Z. & ASCARI, M. Plant mite fauna of Sistan-Baluchestan and Hormozgan Provinces. *J. Entomol. Soc. Iran.* 22: 87-8, 2002.

BENSON, D. A. et al. GenBank.Nucleic Acids Res. 37, D26-31.doi: 10.1093/nar/gkn723. (2009).

CABI. *Invasive species compendium. Raoiella indica*,2012. Disponível em: <www.cabi.org/isc/?compid=5&dsid=46792&loadmodule=datasheet&page=481&site=144#>. Acesso em: 2 jun.2018.

CARRILLO, D. et al. Development and reproduction of *Amblyseius largoensis* (Acari: Phytoseiidae) feeding on pollen, *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae), and other microarthropods inhabiting coconuts in Florida, USA. *Exp. Appl. Acarol.* 52: 119-29,2010.

CARRILLO, D. et al. Host plant range of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) in áreas of invasion of the new world. *Exp. Appl. Acarol.*, 2011a.

CARRILLO, D. et al. Variability in response of four populations of *Amblyseius largoensis* (Acari: Phytoseiidae) to *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae) and *Tetranychus gloveri* (Acari: Tetranychidae) eggs and larvae. *Biol. Control.*,2011b.

CARRILLO, D. et al. A review of the natural enemies of the red palm mite, *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae). *Exp. Appl. Acarol.*, 2011c.

CARRILLO, D. et al. First report of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) in Colombia. *Fla. Entomol.* 94: 370-1, 2011d.

CHAUDRI, W. M. Taxonomic studies of the mites belonging to the families Tenuipalpidae, Tetranychidae, Tuckerellidae; Caligonellidae, Stigmaeidae and Phytoseiidae. Lyallpur: University of Agriculture, 1974. 50p. (PL-480 Project on Mites).

DOMINGOS, C. A. et al. Comparison of two populations of the pantropical predator *Amblyseius largoensis* (Acari: Phytoseiidae) for biological control of *Raoiella indica* (Prostigmata: Tenuipalpidae). *Exp. Appl. Acarol.* 60: 83-93,2013.

DOWLING, A. P. G. et al. Phylogenetic investigation of the genus *Raoiella* (Prostigmata: Tenuipalpidae): diversity, distribution, and world invasion. *Exp. Appl. Acarol.*,2011.

ELWAN, A. A. Survey of the insect and mite pests associated with date palm trees in Al-Dakhliya region, Sultanate of Oman. *Egypt J. Agric. Res.* 78: 653-64, 2000.

- ESTRADA-VENEGAS, E.; MARTINEZ-MORALES, H. & VILLA-CASTILLO, J. *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae): First record and threat in Mexico. (Abstract 140). In: MORAES, G. J., CASTILHO, R. C., FLECHTMANN, C. H. W. (eds.). *Abstract Book of the XIII International Congress of Acarology*. Recife, 2010. Disponível em: <www.acarology.org/ica/ica2010/docs/0910-_15_abstractBookCapa.pdf>. Acesso em: 25 mai.2018.
- ETIENNE, J. & FLECHTMANN, C. H. W. First record of *Raoiella indica* (Hirst,1924) (Acari: Tenuipalpidae) in Guadeloupe and Saint Martin, West Indies. *Int. J. Acarol.* 32: 331-2, 2006.
- FELSENSTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: An approach using the *bootstrap* Evolution 39: 783-791. (1985).
- FLECHTMANN, C. H. W. & ETIENNE, J. The red palm mite, *Raoiella indica* Hirst, a threat to palms in the Americas (Acari: Prostigmata: Tenuipalpidae). *Syst.Appl. Acarol.*9: 109-10, 2004.
- GALLEGO, C. E.; ATERRADO, E. D. & BATOMALAUQUE, C. G. Biology of the false spider mite, *Rarosiella cocosae* Rimando, infesting coconut palms in Camiguin, Northern Mindanao (Philippines). *Philipp. Entomol.* 17: 187, 2003.
- GASSOUMA, M. S. Pests of the date palm (*Phoenix dactylifera*). In: REGIONAL WORKSHOP ON DATE PALM DEVELOPMENT IN THE GCC COUNTRIES OF THE ARABIAN PENINSULA, Abu Dhabi, 2004. Disponível em: <www.icarda.org/APRP/Datepalm/Topics/Pest/Pestright.htm>.Acesso em: 28 jun. 2018.
- GERSON, U.; VENEZIAN, A. & BLUMBERG, D. Phytophagous mites on date palms in Israel. *Fruits* 38: 135-5, 1983.
- GILIOME, J. H.; UECKERMAN E. A. First record of the invasive red palm mite *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) in Namibia. *African Entomology*, 2016. 24(2):530-532. Disponível em: <<http://www.bioone.org/loi/afen>> Acesso em: 2 de jun. 2018. (Nusantara, Trisyono, Suputa, & Martono, 2017).
- GROOT, T. V. M. & BREEUWER, J. A. J. (2006). *Cardinium* symbionts induce haploid thelytoky in most clones of three closely related *Brevipalpus* species. *Experimental and Applied Acarology*, 39, 257-271.
- HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98 NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95-98 (1999).

- HEBERT, P. D. N., CYWINSKA, A., BALL, S. L. & de WAARD, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lond.*, B270, 313–322.
- HIRST, S. On some new species of red spider. *Ann. Magaz. Nat. Hist.* 14: 522-7, 1924.
- HOY, M. A.; PENÃ, J. E. & NGUYEN, R. Red palm mite, *Raoiella indica* Hirst (Arachnida: Acari: Tenuipalpidae). University of Florida IFAS Extension, 2006. Disponível em: <<http://edis.ifas.ufl.edu/IN711>>. Acesso em: 15 jun. 2018.
- KANE, E. et al. *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae), an island. hopping mite pest in the Caribbean (Poster) In: *Entomological Society of America, Annual Meeting*. Fort Lauderdale: Florida, 2005. Disponível em: <www.sel.barc.usda.gov/acari/PDF/RaoiellaIndica-Kaneetal.pdf> Acesso em: 17 jun. 2018.
- KIMURA, M. A simple method for estimating evolutionary rates of bases substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 16: 111-120 (1980).
- LIBRADO P. & ROZAS J., DnaSP v7: a software for comprehensive analyses of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452. Doi:10.1093/bioinformatics/btp187. (2009)
- MAPA- Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. *Instrução Normativa 59*. Brasília, 2013. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/assuntos/laboratorios/laboratorios-credenciados/documentos-rede-nacional-de-laboratorios-agropecuarios/in-59-2013-pragas-quarentenarias-para-o-brasil.pdf/view>>. Acesso em: 25 mai. 2018.
- MELO, J. W. S. et al. The invasive red palm mite, *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae), in Brazil: range extension and arrival into the most threatened area, the northeast Region. *Universidade Federal do Ceará*, 2018.
- MENDONÇA, R. S. de; NAVIA, D.; FLECHTMANN, C. H. W. *Raoiella indica* HIRST (PROSTIGMATA: TENULPALPIDAE) O ÁCARO VERMELHO DAS PALMEIRAS- UMA AMEAÇA PARA AS AMÉRICAS, ISSN 0102-0110 *Boletim Informativo EMBRAPA, Rec.Genet Biotec., Documentos 146*, p.37-40. 2005.
- MITROFANOV, V. I. & STRUNKOVA, Z. I. *Ofredelitel Kleshchiploskotelok* (A key to the false spider mites). Dushanbe: Donish, 1979. 148p.
- MORAES, G. J. et al. Search for natural enemies of *Raoiella indica* Hirst in La Réunion Island (Indian Ocean). *Acarologia*, 2012.

MOUND, L. A.; TREE, D. J. & GOLDARAZENA, A. A new species of predatory *Scolothrips* (Thysanoptera, Thripidae) feeding on *Raoiella* mites (Tenuipalpidae) in Australia. *Zootaxa* 2620: 63-8, 2010.

MOUTIA, L. A. Contribution to the study of some phytophagous acarina and their predators in Mauritius. *Bull. Entomol. Res.* 49: 59-75, 1958.

MYERS, J. Coconut shipments detained in Florida – Red palm mite contamination hurting exports. *Jamaica Gleaner News*, 2007. Disponível em: <<http://old.jamaica-gleaner.com/gleaner/20070803/business/business6.html>>. Acesso em: 28 jun. 2018

NAVAJAS, M., LAGNEL, J., GUTIERREZ, J., BOURSOT, P. (1998). Species-wide homogeneity of nuclear ribosomal ITS2 sequences in the spider mite *Tetranychus urticae* contrasts with extensive mitochondrial COI polymorphism. *Heredity*, 80, 742–752.

NAVIA, D., MENDONÇA, R.S., FERRAGUT, F., MIRANDA, L.C., TRINCADO, R.C., Michaux, J. & Navajas, M. (2013) Cryptic diversity in *Brevipalpus* mites (Tenuipalpidae). *Zoologica Scripta*, 42(4), 406-426.

NAVIA, D.; MORAES, G. J. & FLECHTMANN, C. H. W. Phytophagous mites as invasive alien species: quarantine procedures. In: MORALES-MALACARA, J. B. et al. (eds.). *Proceedings of the XI International Congress of Acarology*. Mérida, México, DF: Instituto de Biología and Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Sociedad Latinoamericana de Acarología, 2007. 726p.

NAVIA, D. et al. First report of the red palm mite, *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae), in Brazil. *Neotrop. Entomol.* 40: 409-11, 2011.

NAVIA, D.; MORAIS, E. G. F.; MENDONÇA, R. S. de; GONDIM JR. M.G. C. Ácaro-vermelho-das-palmeiras, *Raoiella indica* Hirst. *Pragas Introduzidas no Brasil: Insetos e Ácaros* 25: 399-433, 2014.

NUSANTARA, A. et al. Current status and distribution of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) on coconut crops in Java, Indonesia. *International Journal of Acarology*, 2017.

OLIVEIRA, S. C. I. SISTEMÁTICA MOLECULAR PARA ÁCARO PLANOS DO GÊNERO *Brevipalpus* DONNADIEU (ACARI: TENUIPALPIDAE) – UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES MITOCONDRIAIS E NUCLEARES. 2014. Mestrado- Dissertação. *Universidade de Brasília*.

PEÑA, J. E. et al. Predator- prey dynamics and strategies for control of the red palm mite (*Raoiella indica*) (Acari: Tenuipalpidae) in áreas of invasion in the Neotropics. In: SECOND MEETING OF IOBC/WPRS. Florence: Work Group Integrated Control of Plant Feeding Mites, 2009.

PRITCHARD, A. E. & BAKER, W. The false spider mite (Acarina: Tenuipalpidae). *University of California Publications in Entomology* 14: 175-274, 1958.

QUILICI, S. et al. Predatory mites from various crops on Réunion Island. *Int.J. Acarol.* 23: 283-91, 1997.

RODRIGUES, J.C., GALL-MEAGHER, M., OCHOA, R., CHILDERS, C.C. & ADAMS, B.J. (2004) Mitochondrial DNA and RAPD polymorphisms in the haploid mite *Brevipalpus phoenicis* (Acari: Tenuipalpidae). *Experimental & Applied of Acarology*, 34, 275–290.

RODRIGUES, J. C. V. & IRISH, B.M. Effect of coconut palm proximities and *Musa* spp. Germplasm resistance to colonization by *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae). *Exp. Appl. Acarol.*, 2011.

RODRIGUES, J. C. V. & PEÑA, J. E. Chemical control of the red palm mite, *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae) in banana and coconut. *Exp. Appl. Acarol.*, 2011.

RODRIGUES, J. C. V.; OCHOA, R. & KANE, E. First report of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) and its damage to coconut palms in Puerto Rico and Culebra Island. *Int.J. Acarol.* 33: 3-5, 2007.

ROSA, D. N. VARIABILIDADE GENÉTICA E FILOGEOGRAFIA MOLECULAR DE POPULAÇÕES DO ÁCARO VERMELHO DAS PALMEIRAS, *Raoiella indica* HIRST (TENUIPALPIDAE). 2015. Monografia- Ensaios e Ciência, Ciências Biológicas, Agrárias e da Saúde. *Faculdade Anhanguera de Brasília*.

SARKAR, P. K. & SOMCHOUDHURY, A. K. Interrelationship between plant characters and incidence of *Raoiella indica* Hirst on coconut. *Indian J. Entomol.* 51: 45-50, 1989.

SAYED, T. Contribution to the knowledge of the Acarina of Egypt: the genus *Raoiella* Hirst (Pseudotetranychinae: Tetranychidae). *Bull.Soc. Fouad First Entomol.* 26: 81-91, 1942.

SHRIPAT, C.; HOSEIN, F. & SIEW, P. *The presence of red palm mite Raoiella indica Hirst (Acari: Tenuipalpidae) in Tobago*. Centeno: Ministry of Agriculture, Land and Marine Resources, 2008. 12p.

STADEN R. et al. The Staden Package. In: Misener, S.; Krawetz, S.A. (eds). *Bioinformatics Methods and Protocols*, 132. Humana Press Inc. Totowa, p. 115-130 (1998)

TAMURA K et al. MEGA 7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 *Mol Biol Evol* 30: 2725-2729 (2016)

TAYLOR, B. Ecology of *Raoiella indica* and its natural enemies in Kerala, India (Abstract 503). In: MORAES, G. J.; CASTILHO, R. C. & FLECHHTMANN, C. H. W. (eds.). Abstract Book of the XIII International Congress of Acarology. Recife, 2010. Disponível em:

<www.acarology.org/ica/ica2010/docs/0910_15_abstractBookCapa.pdf>. Acesso em: 14 jun. 2018.

TAYLOR, B. et al. Within-season dynamics of red palm mite (*Raoiella indica*) and phytoseiid predators on two host palm species in south-west India. *Exp. Appl. Acarol.*, 2011.

THOMPSON J. D. et al. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through weighting position – specific gap penalties and weight matrix. *Nucleic Acids Res* 22: 4673-4680 (1994).

VÁZQUEZ, C. et al. First report of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) in South America. *Neotrop. Entomol.* 37: 739-40, 2008.

VÁZQUEZ, C. et al. Current status and distribution of *Raoiella indica* in Venezuela (Abstract 527) In: MORAES, G. J.; CASTILHO, R. C. & FLECHHTMANN, C. H. W. (eds.). Abstract Book of the XIII International Congress of Acarology. Recife, 2010. Disponível em:

<www.acarology.org/ica/ica2010/docs/0910_15_abstractBookCapa.pdf>. Acesso em: 14 jun. 2018.

WELBOURN, C. Red palm mite *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae). Pest alert. DPI-FDACS. Disponível em:

<<http://www.doacs.state.fl.us/pi/enpp/ento/r.indica.html>>. Acesso em: 13 jun. 2018.

WELBOURN, C. Pest alert: Red palm mite, *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae), 2009. Disponível em: <www.freshfromflorida.com/pi/pest-alerts/raoiella-indica.html>. Acesso em: 06 jun. 2018.

ZANNOU, I. et al. Mite diversity in coconut habitat in West and East Africa (Abstract 547). In: MORAES, G. J.; CASTILHO, R. C. & FLECHHTMANN, C. H. W. (eds.). Abstract Book of the XIII International Congress of Acarology. Recife, 2010. Disponível

em: <www.cenargen.embrapa.br/ica13/docs/0910_15_abstractbookcapa.pdf>. Acesso em: 14 jun. 2018.

ZOUBA, A. & RAEESI, A. First report of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) in Tunisia. In: DAAMI-REMADI, M. (ed.). *The African Journal of Plant Science and Biotechnology*. Ikenobe: Global Science Books, 2010. 100p. Disponível em:

<[www.globalsciencebooks.info/JournalsSup/images/WebJournals/AJPSB_4\(SI2\)IssueInformation.pdf](http://www.globalsciencebooks.info/JournalsSup/images/WebJournals/AJPSB_4(SI2)IssueInformation.pdf)>. Acesso em: 13 jun. 2018.

ANEXO(S)

Anexo A- Tabela com todas as amostras inéditas utilizadas na realização do trabalho

Código Localizador	Códigos de Acesso - GenBank			Hospedeiro	Autor da Coleta	Local de Coleta	Longitude, Latitude
	COI-DNF	FOLMER	D1-D3				
RE-LA3	MF997054		MG022053	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Pierre	55.471843,-21.332838
RE-LA3.2		MH205614		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Pierre	55.471843,-21.332838
RE-LA3.5		MH205615		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Pierre	55.471843,-21.332838
RE-LA6	MF997055		MG022054	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Le Mardo	55.5660724,-21.3560234
RE-LA6.3		MH205616		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Le Mardo	55.5660724,-21.3560234
RE-LA10	MF997056		MG022055	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Leu	55.2878651,-21.1747552
RE-LA10.2		MH205617		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Leu	55.2878651,-21.1747552
RE-LA16	MF997057		MG022056	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Paul	55.3364703,-21.0452623
RE-LA16.1		MH205618		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Paul	55.3364703,-21.0452623
RE-LA16.2		MH205619		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Paul	55.3364703,-21.0452623
RE-LA28	MF997058		MG022057	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Etang Salé	55.3696628,-21.2498393
RE-LA28.2		MH205620		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Etang Salé	55.3696628,-21.2498393
RE-LA32	MF997059	MH205648	MG022058	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Grand Anse	55.5475963,-21.3723475
RE-LA36	MF997060		MG022059	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Benoît	55.717857,-21.043737

Código Localizador	Códigos de Acesso - GenBank			Hospedeiro	Autor da Coleta	Local de Coleta	Longitude, Latitude
	COI-DNF	FOLMER	D1-D3				
RE-LA36.1		MH205621		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Benoit	55.717857,-21.043737
RE-LA36.5		MH205622		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Benoit	55.717857,-21.043737
RE-LA41	MF997061		MG022060	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Louis	55.4250118,-21.2316345
RE-LA41.4	MH174691			<i>Archontophoenix</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Grand Anse	55.5475963,-21.3723475
RE-LA41.5		MH205623		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	FR, Ilha da Reunião/ Saint Louis	55.4250118,-21.2316345
OM-3.1	MF997062		MG022061	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	OM, Omã	58.4059227,23.58589
OM-3.2	MF997063		MG022062	<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	OM, Omã	58.4059227,23.58589
OM-3C.2		MH205626		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	OM, Omã	58.4059227,23.58589
OM-3C.8		MH205627		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	OM, Omã	58.4059227,23.58589
OM-3C.10		MH205628		<i>Cocos nucifera</i>	Moraes, GJ de	OM, Omã	58.4059227,23.58589
TT-5D	MF997064		MG022063	<i>Cocos nucifera</i>	Ochoa, R.	TT, Trindade e Tobago	-61.4745019,10.64321892
TT-5.4		MH205629		<i>Cocos nucifera</i>	Ochoa, R.	TT, Trindade e Tobago	-61.4745019,10.64321892
TT-6A	MF997065		MG022064	<i>Musa sp.</i>	Navia, D.	TT, Trindade e Tobago/ Nariva Swamp	-61.0587804,10.4292088
TT-6A.5		MH205630		<i>Musa sp.</i>	Navia, D.	TT, Trindade e Tobago/ Nariva Swamp	-61.0587804,10.4292088
TT-6B	MF997066	MH205652	MG022065	<i>Cocos nucifera</i>	Navia, D.	TT, Tindade e Tobago/ Arima	-61.2743688,10.617186
TT-6C	MF997067		MG022066	<i>Cocos nucifera</i>	Navia,D.	TT, Trindade e Tobago/ Cumana	-61.222503,10.691803
TT-6C.3		MH205631		<i>Cocos nucifera</i>	Navia, D.	TT, Trindade e Tobago/ Cumana	-61.222503,10.691803
TT-6C.4		MH205632		<i>Cocos nucifera</i>	Navia, D.	TT, Trindade e Tobago/ Cumana	-61.222503,10.691803
CO-8A	MF997069		MG022068	<i>Musa sp.</i>	Navia, D.	CO, Colômbia/ Los Naranjos	-73.897201,11.297205
CO-8A.10		MH205634		<i>Musa sp.</i>	Navia, D.	CO, Colômbia/ Los Naranjos	-73.897201,11.297205
CO-8A.11		MH205635		<i>Musa sp.</i>	Navia, D.	CO, Colômbia/ Los Naranjos	-73.897201,11.297205
CO-8B	MF997070		MG022069	<i>Cocos nucifera</i>	Navia, D.	CO, Colômbia/ Los Naranjos	-73.897201,11.297205

Código Localizador	Códigos de Acesso - GenBank			Hospedeiro	Autor da Coleta	Local de Coleta	Longitude, Latitude
	COI-DNF	FOLMER	D1-D3				
CO-8B.5		MH205636		<i>Cocos nucifera</i>	Navia, D.	CO, Colômbia/ Los Naranjos	-73.897201,11.297205
CO-8B.6		MH205637		<i>Cocos nucifera</i>	Navia, D.	CO, Colômbia/ Los Naranjos	-73.897201,11.297205
BRRR-7D	MF997068		MG022067	<i>Cocos nucifera</i>	Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Boa Vista	-60.6758331,2.8235098
BRRR-7.2		MH205633		<i>Cocos nucifera</i>	Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Boa Vista	-60.6758331,2.8235098
BRRR-9A	MF997071	MH205653	MG022070	<i>Musa sp.</i>	Silva Jr.RJ. & Morais, E.G.F	BR, Roraima/ Normandia	-60.0259466,3.9543083
BRRR-9B	MF997072		MG022071	<i>Mauritia flexuosa</i>	Castro, T.M.M.G.de & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Cantá	-60.4892292,2.210474
BRRR-9C	MF997073	MH205654	MG022072	<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G.de & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Mucajaí	-62.2626627,2.6005122
BRRR-9D	MF997074		MG022073	<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G.de & Cruz, L. De S. & Morais, E.G. F.	BR, Roraima/ Normandia	-60.0259466,3.9543083
BRRR-9D.5		MH205638		<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G.de & Cruz, L. De S. & Morais, E.G. F.	BR, Roraima/ Normandia	-60.0259466,3.9543083
BRRR-9E	MF997075		MG022074	<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G. de & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Pacaraima	-60.8609358,4.2041087
BRRR-9E.5		MH205639		<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G. de & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Pacaraima	-60.8609358,4.2041087
BRRR-9F	MF997076	MH205655	MG022075	<i>Euterpe oleracea</i>	Silva Jr.RJ. & Araújo, AM.	BR, Roraima/ Mucajaí	-62.2626627,2.6005122
BRRR-9G	MF997077		MG022076	<i>Veitchia merrillii</i>	Castro, T.M.M.G de; Silva Jr.; R.J & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Bonfim	-59.8338004,3.3612854
BRRR-9G.1		MH205640		<i>Veitchia merrillii</i>	Castro, T.M.M.G de; Silva Jr.; R.J & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Bonfim	-59.8338004,3.3612854
BRRR-9I	MF997078	MH205656	MG022077	<i>Veitchia merrillii</i>	Castro, T.M.M.G.de & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Cantá	-60.4892292,2.210474
BRRR-9J	MF997079		MG022078	<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G. de & Silva Jr., RJ.	BR, Roraima / Bonfim	-59.8338004,3.3612854
BRRR-9J.5		MH205641		<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G. de & Silva Jr., RJ.	BR, Roraima/ Bonfim	-59.8338004,3.3612854
BRRR-9M	MF997080		MG022079	<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G.de & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Cantá	-60.4892292,2.210474
BRRR-9M.5		MH205642		<i>Cocos nucifera</i>	Castro, T.M.M.G.de & Marsaro Jr., A.	BR, Roraima/ Cantá	-60.4892292,2.210474
BRAM-MA	MF997081		MG022080	<i>Cocos nucifera</i>	Gondim Jr., M.G.C.	BR, Amazonas/ Manaus	-60.0217314,-3.1190275
BRAM-MA3		MH205645		<i>Cocos nucifera</i>	Gondim Jr., M.G.C.	BR, Amazonas/ Manaus	-60.0217314,-3.1190275
BRAM-KIT2	MH174675			<i>Cocos nucifera</i>	Kitajima, E. W	BR, Amazonas/ Manaus	-60.0217314,-3.1190275

Código Localizador	Códigos de Acesso - GenBank			Hospedeiro	Autor da Coleta	Local de Coleta	Longitude, Latitude
	COI-DNF	FOLMER	D1-D3				
BRAM-KIT3	MH174676			<i>Cocos nucifera</i>	Kitajima, E. W	BR, Amazonas/ Manaus	-60.0217314,-3.1190275
BRAM-KIT9		MH205613		<i>Cocos nucifera</i>	Kitajima, E. W	BR, Amazonas/ Manaus	-60.0217314,-3.1190275
BRSP-4			MH093580	<i>Cocos nucifera</i>	Renan Venancio	BR, São Paulo/ Castilho	-51.4902387,-20.8718154
BRSP-5	MH174682		MH093581	<i>Cocos nucifera</i>	Renan Venancio	BR, São Paulo/ Castilho	-51.4902387,-20.8718154
BRSP-7	MH174683		MH093582	<i>Cocos nucifera</i>	Renan Venancio	BR, São Paulo/ Castilho	-51.4902387,-20.8718154
BRSP-8	MH174684			<i>Cocos nucifera</i>	Renan Venancio	BR, São Paulo/ Castilho	-51.4902387,-20.8718154
BRSP-8m		MH205651		<i>Cocos nucifera</i>	Renan Venancio	BR, São Paulo/ Castilho	-51.4902387,-20.8718154
BRAL-1		MH205657		<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E.C & Souza I.V.	BR, Alagoas/ Maceió	-35.7109816,-9.6453708
BRAL-3	MH174692	MH205658		<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E.C & Souza I.V.	BR, Alagoas/ Maceió	-35.7109816,-9.6453708
BRAL-4	MH174693	MH205659		<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E.C & Souza I.V.	BR, Alagoas/ Maceió	-35.7109816,-9.6453708
BRAL-4a			MH093589	<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E.C & Souza I.V.	BR, Alagoas/ Maceió	-35.7109816,-9.6453708
BRAL-5	MH174694			<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E.C & Souza I.V.	BR, Alagoas/ Maceió	-35.7109816,-9.6453708
BRAL-6	MH174695			<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E.C & Souza I.V.	BR, Alagoas/ Maceió	-35.7109816,-9.6453708
BRCE-1	MH174708			<i>Cocos nucifera</i>	Melo, JWS & Mendes, J.A.	BR, Ceará/ Fortaleza	-38.5269981,-3.7327144
BRCE-5	MH174709			<i>Cocos nucifera</i>	Melo, JWS & Mendes, J.A.	BR, Ceará/ Fortaleza	-38.5269981,-3.7327144
BRCE-6	MH174710			<i>Cocos nucifera</i>	Melo, JWS & Mendes, J.A.	BR, Ceará/ Fortaleza	-38.5269981,-3.7327144
BRCE-7	MH174711			<i>Cocos nucifera</i>	Melo, JWS & Mendes, J.A.	BR, Ceará/ Fortaleza	-38.5269981,-3.7327144
BRCE-11		MH205643		<i>Cocos nucifera</i>	Melo, JWS & Mendes, J.A.	BR, Ceará/ Fortaleza	-38.5269981,-3.7327144
BRCE-15			MH093584	<i>Cocos nucifera</i>	Melo, JWS & Mendes, J.A.	BR, Ceará/ Fortaleza	-38.5269981,-3.7327144
BRCE-16		MH205644		<i>Cocos nucifera</i>	Melo, JWS & Mendes, J.A.	BR, Ceará/ Fortaleza	-38.5269981,-3.7327144
BRDF-2	MH174696			<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691
BRDF-3	MH174697	MH205660		<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691
BRDF-5	MH174698	MH205661		<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691
BRDF-5a			MH093586	<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691

Código Localizador	Códigos de Acesso - GenBank			Hospedeiro	Autor da Coleta	Local de Coleta	Longitude, Latitude
	COI-DNF	FOLMER	D1-D3				
BRDF-6	MH174699			<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691
BRDF-7		MH205662		<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691
BRDF-7a			MH093588	<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691
BRDF-8a			MH093587	<i>Phoenix dactylifera</i>	Mendonca, R.S. & Rocha, H.M.C.	BR, Distrito Federal/ Brasília	-47.9218204,-15.826691
BRSE-1	MH174700	MH205663		<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
BRSE-1a			MH093590	<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
BRSE-2		MH205664		<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
BRSE-3		MH205665		<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
BRSE-4	MH174701			<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
BRSE-6	MH174702			<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
BRSE-7	MH174703			<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
BRSE-8	MH174704			<i>Cocos nucifera</i>	Guzzo, E. C.	BR, Sergipe	-37.3856581,-10.5740934
MQ-MT	MH174707			<i>Cocos nucifera</i>	Etienne. J, & Dufeal., D.	MQ, Martinica / Le François	-60.8900145,14.6089673
MQ-MT6	MH174705			<i>Cocos nucifera</i>	Etienne. J, & Dufeal., D.	MQ, Martinica / Le François	-60.8900145,14.6089673
MQ-MT8	MH174706			<i>Cocos nucifera</i>	Etienne. J, & Dufeal., D.	MQ, Martinica / Le François	-60.8900145,14.6089673
MQ-MT9	MF997082		MG022081	<i>Cocos nucifera</i>	Etienne. J, & Dufeal., D.	MQ, Martinica / Le François	-60.8900145,14.6089673
DM-2		MH205612		<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
DM-3	MH174688			<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
DM-5	MH174689			<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
DM-5A			MH093574	<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
DM-7		MH205610		<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
DM-8		MH205611		<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
DM-10	MH174690			<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
DM-10A			MH093575	<i>Cocos nucifera</i>	Lynesa Gordon	DM, Dominica/ Roseau	-61.3793554,15.3091676
LK-W8	MH174685		MH093583	<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Weligama	80.4288487,5.9773782
LK-W9	MH174686			<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Weligama	80.4288487,5.9773782
LK-W10		MH205646		<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Weligama	80.4288487,5.9773782
LK-W14	MH174687			<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Weligama	80.4288487,5.9773782
LK-W16		MH205647		<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Weligama	80.4288487,5.9773782
LK-W27			MH093585	<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Weligama	80.4288487,5.9773782
LK-L1.9	MH174677	MH205649	MH093576	<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Lunuwila	79.8726524,7.3558782

Código Localizador	Códigos de Acesso - GenBank			Hospedeiro	Autor da Coleta	Local de Coleta	Longitude, Latitude
	COI-DNF	FOLMER	D1-D3				
LK-L1.12	MH174678	MH205650		<i>Cocos nucifera</i>	Aratchige, N.S.	LK, Sri. Lanka/ Lunuwila	79.8726524,7.3558782
MY-3	MH174679		MH093577	<i>Cocos nucifera</i>	Daniel Chiaradia	MY, Malásia	101.975766,4.210484
MY-7	MH174680		MH093578	<i>Cocos nucifera</i>	Daniel Chiaradia	MY, Malásia	101.975766,4.210484
MY-9	MH174681		MH093579	<i>Cocos nucifera</i>	Daniel Chiaradia	MY, Malásia	101.975766,4.210484
MY-12		MH205624		<i>Cocos nucifera</i>	Daniel Chiaradia	MY, Malásia	101.975766,4.210484
MY-23		MH205625		<i>Cocos nucifera</i>	Daniel Chiaradia	MY, Malásia	101.975766,4.210484

Anexo B – Tabela com todas as amostras utilizadas no estudo, cedidas através do GenBank

Número de Acesso	Espécie	Gene	Localização	Planta Hospedeira	Referência
JF928438	<i>Raoiella indica</i>	28S D1-D3	Irã	<i>Phoenix dactylifera</i>	Dowling et al.,2012
JF928437	<i>Raoiella indica</i>	28S D1-D3	Emirados Árabes Unidos	<i>Phoenix dactylifera</i>	Dowling et al.,2012
JF928436	<i>Raoiella indica</i>	28S D1-D3	Índia	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2012
BRAL Ipba 4	<i>Brevipalpus yothersi</i>	28S D1-D3	Brasil	<i>Ipoema batatas</i>	Oliveira.,2014
EU682424	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Índia	<i>Areca sp.</i>	Dowling et al.,2008
EU682425	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Índia	<i>Areca sp.</i>	Dowling et al.,2008
EU682426	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Índia	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682427	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Índia	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682428	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Ilha da Reunião	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682430	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Santa Lucia	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682431	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Santa Lucia	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682432	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Trinidad e Tobago	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682433	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Trinidad e Tobago	<i>Musa sp.</i>	Dowling et al.,2008
EU682434	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Emirados Árabes Unidos	<i>Phoenix dactylifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682436	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Porto Rico	<i>Musa sp.</i>	Dowling et al.,2008
EU682437	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Dominica	<i>Musa sp.</i>	Dowling et al.,2008
EU682438	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Irã	<i>Phoenix dactylifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682439	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Filipinas	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682440	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Filipinas	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682441	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Irã	<i>Citrus grove</i>	Dowling et al.,2008
EU682442	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Estados Unidos da América	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682443	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Venezuela	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682444	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Venezuela	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
EU682445	<i>Raoiella indica</i>	COI-Folmer	Estados Unidos da América	<i>Cocos nucifera</i>	Dowling et al.,2008
BRAL Ipba 4	<i>Brevipalpus yothersi</i>	COI-Folmer	Brasil	<i>Ipoema batatas</i>	Oliveira.,2014
EF185151	<i>Raoiella indica</i>	COI-DNF	Santa Lucia	<i>Cocos nucifera</i>	Rowley et al.,2007
KP180429	<i>Raoiella indica</i>	COI-DNF	Estados Unidos da América	<i>Cocos nucifera</i>	Não Publicado
BRAL Ipba 4	<i>Brevipalpus yothersi</i>	COI-DNF	Brasil	<i>Ipoema batatas</i>	Oliveira.,2014

