

Variabilidad de poblaciones de *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae) evaluada mediante análisis morfológico y molecular en Venezuela

Carlos Vásquez¹, Greismar Rodríguez¹, Alexander Hernandez², Nailleth Mendez², Martha Dávila¹, Neicy Valera¹, José Morales¹

¹ Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado. Decanato de Agronomía. Departamento de Ciencias Biológicas. Unidad de Investigación de Entomología y Zoolología, Cabudare, estado Lara. Venezuela. E-mail: cvasqz@yahoo.com.

² Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado. Decanato de Agronomía. Postgrado en Fitopatología. Cabudare, estado Lara. Venezuela.

Resumen

VÁSQUEZ C, RODRÍGUEZ G, HERNANDEZ A, MENDEZ N, DÁVILA M, VALERA N, MORALES J. 2014. Variabilidad de poblaciones de *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae) evaluada mediante análisis morfológico y molecular en Venezuela. ENTOMOTROPICA 29(2): 105-120.

Se evaluó la variabilidad quetotáctica y genética de poblaciones de *Raoiella indica* colectadas en Venezuela sobre *Adonidia merrillii*, *Cocos nucifera*, *Musa* sp., *Roystonea oleracea* y *Washingtonia* sp. provenientes de diferentes localidades de los estados Aragua, Carabobo, Falcón, Nueva Esparta, Sucre, Yaracuy, Zulia y comparadas con una población de Florida (EEUU). Fueron evaluados largo y ancho del idiosoma, longitud y distancia entre las setas dorsales del idiosoma en hembras adultas, de cada planta hospedera y localidad. La variabilidad genética fue evaluada mediante RAPD-PCR usando los iniciadores OPA10, OPA14, OPL05, OPMO1, OPO01, y OPP17. El análisis de componentes principales mostró que las poblaciones de *R. indica* colectadas sobre *C. nucifera* y *Musa* sp. son más homogéneas que las colectadas sobre *A. merrillii* y *Washingtonia* sp. El análisis morfológico y genético permitió separar las poblaciones de *R. indica* obtenidas sobre plantas de *A. merrillii* y *Washingtonia* sp., del resto de las poblaciones estudiadas.

Palabras clave adicionales: Ácaro rojo de las palmeras, Análisis de Componentes Principales, setas idiosomales.

Abstract

VÁSQUEZ C, RODRÍGUEZ G, HERNANDEZ A, MENDEZ N, DÁVILA M, VALERA N, MORALES J. 2014. Population variation in *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae) evaluated through morphological and molecular analysis in Venezuela. ENTOMOTROPICA 29(2): 105-120.

Chaetotactic and molecular variability in *Raoiella indica* population collected in Venezuela on *Adonidia merrillii*, *Cocos nucifera*, *Musa* sp., *Roystonea oleracea* and *Washingtonia* sp. from several localities in Aragua, Carabobo, Falcón, Nueva Esparta, Sucre, Yaracuy and Zulia states were evaluated and compared to one population from Florida (USA). Idiosoma length and width, length and base distance in dorsal idiosomal setae were evaluated in adult females from each host plant or location. Genetic variability was evaluated by RAPD-PCR using primers OPA10, OPA14, OPL05, OPMO1, OPO01 and OPP17. Principal Component Analysis showed that *R. indica* populations collected on *C. nucifera* or *Musa* sp. were more homogenous than those collected on *A. merrillii* or *Washingtonia* sp. Both, morphological and genetic analysis showed that *R. indica* populations from *A. merrillii* or *Washingtonia* sp. are different from those of the remaining host plants evaluated.

Additional key words: Idiosomal setae, red palm mite, Principal Component Analysis.

Introducción

La familia Tenuipalpidae incluye más de 622 especies en 30 géneros descritas en todo el mundo (Childers et al. 2003), entre las cuales *Raoiella indica* Hirst ha sido considerada como una plaga severa en coco (*Cocos nucifera* L.), palma Areca (*Areca catechu* L.) en India (Daniel 1981, Nagesha Chandra y ChannaBasabanna 1984) y en palma dátíl (*Phoenix dactylifera* L.) en Egipto (Zaher 1969). En la región del Caribe, fue señalada en 2004 (Flechtmann y Etienne 2004) y se ha distribuido ampliamente en la mayoría de las islas (Flechtmann y Etienne 2005, Kane et al. 2005, Etienne y Flechtmann 2006, Rodrigues et al. 2007). Posteriormente, esta plaga fue registrada en Florida (Peña et al. 2006), Venezuela (Vásquez et al. 2008) y más recientemente en México (NAPPO 2009), Brasil (Návia et al. 2011) y Colombia (Carrillo et al. 2011).

Después de la colonización en el Hemisferio Occidental, esta plaga ha explorado nuevas asociaciones, dentro de las cuales se encuentran 73 especies de Arecaceae, seis de Musaceae, cinco de Heliconiaceae, cuatro de Zingiberaceae y dos de Pandanaceae como hospederas, siendo la mayor parte de las especies de Arecaceae originarias del viejo mundo, mientras que sólo 25 % de las hospederas señaladas, son nativas del nuevo mundo, que pueden ser consideradas nuevas asociaciones para *R. indica* (Carrillo et al. 2012). A pesar del amplio rango de especies hospederas, en Venezuela *R. indica* sólo mostró habilidad para reproducirse en ocho especies de Arecaceae, en una Musaceae y una Strelitziaceae (Vásquez y Moraes 2013).

El cambio en la utilización de una planta hospedera puede dar origen a nuevas especies reproductivamente aisladas de sus progenitores simpátricos (Tsagkarakou et al. 1999, Magalhães et al. 2007), cuyas incompatibilidades reproductivas son consideradas la evidencia de las divergencias genéticas (Navajas et al. 1994, Tsagkarakou et al. 1997). Adicionalmente, las

investigaciones sobre la estructura genética de las poblaciones naturales han señalado que la densidad poblacional y la distancia geográfica, son los principales factores que limitan el flujo genético (Tsagkarakou et al. 1997, Carbonelle et al. 2007).

Recientemente, Dowling et al. (2012) mencionaron que, aunque habían sido reconocidas 11 especies descritas en India, Pakistán, Sudáfrica, Sudán, Grecia y Australia, siete de ellas podrían constituir sinonimias de *R. indica*, por lo que actualmente se supone que el género está conformado por cinco especies válidas: *R. australica* Womersley (Australia), *R. shimpana* Meyer (Sudáfrica), *R. macfarlanei* Pritchard y Baker (Grecia), *R. eugeniae* Mohanasundaram (India) y *R. indica* Hirst (Mesa et al. 2009, Dowling et al. 2012). Debido a que existe una confusión sobre la taxonomía y además de las diferencias en cuanto a la distribución geográfica y parámetros biológicos entre *R. indica* y otras especies dentro del género, estas comparten una serie de sinapomorfías que las distinguen del resto de los Tenuipalpidae, tales como las setas claviformes apicalmente expandidas, setas dorsales ubicadas en tubérculos que sobresalen de la cutícula del idiosoma y gotas de líquido en la parte apical de las setas dorsales (Dowling et al. 2012).

A pesar del impacto que esta especie ha causado en Venezuela, hasta el presente no existe información sobre las diferentes poblaciones encontradas en el país. En tal sentido, en el presente estudio se plantea estimar la variabilidad de las poblaciones de *R. indica* mediante análisis morfológico y molecular por RAPD de modo de detectar posibles adaptaciones a las condiciones propias del país.

Materiales y Métodos

Material colectado y mantenimiento biológico

Las colonias de *R. indica* fueron colectadas en *Adonidia merrillii*, *Cocos nucifera*, *Musa*

sp., *Roystonea oleracea* y *Washingtonia* sp. en localidades de los estados Aragua, Carabobo, Falcón, Nueva Esparta, Sucre, Yaracuy y Zulia (Venezuela) y sobre *C. nucifera* en Florida (USA). De cada localidad y especie de planta hospedera fueron seleccionadas al azar hojas mostrando los síntomas causados por *R. indica* de acuerdo a lo señalado por Rodrigues et al. (2007). Las muestras fueron colocadas en bolsas plásticas de cierre hermético, internamente recubiertas con papel absorbente y llevadas en cavas refrigeradas al Laboratorio de Investigación de Zoología Agrícola, Decanato de Agronomía, Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado (UCLA). Cada muestra fue identificada con datos de localidad, planta hospedera, colector y fecha de colecta.

Preparación e identificación de la muestra

De las muestras colectadas fueron preparadas láminas con 5 hembras usando líquido de Hoyer (Krantz y Walter 2009), rotuladas con datos de planta hospedera, localidad y fecha de muestreo. Posteriormente las láminas fueron secadas en estufa a 44 °C durante 3-4 días y finalmente selladas. La especie fue determinada mediante comparación morfológica con especímenes del Museo de Zoología Agrícola de la UCLA (MZA UCLA). Los ejemplares provenientes de Nueva Esparta no fueron incluidos en los estudios morfológicos por escasez de material.

Estudio morfológico

En cada espécimen hembra fueron consideradas las siguientes medidas: largo y ancho del idiosoma, largo de las setas dorsales del idiosoma (ve, sc1, sc2, c1, d1, e1, c2, d2, e2, f2, h2) siguiendo Linquist (1985) y la distancia de las bases de las setas dorsales del idiosoma. Fueron analizados 15 individuos por cada localidad y/o planta hospedera. Las fotografías fueron tomadas con un microscopio Motic con cámara integrada, y las mediciones fueron realizadas con el programa Motic Images. Los datos fueron objeto de un análisis de varianza y

para la comparación de medias se usó la prueba de Tukey al 5 % de probabilidad (SAS JMP 5.0.1 2003). Se construyó una matriz de correlación entre los datos estandarizados que permitió el análisis de componentes principales (ACP) utilizando el programa estadístico NTSYS-PC versión 2.1 (Rohlf 2000) para establecer las relaciones fenéticas existentes entre las poblaciones evaluadas (basada en los caracteres morfológicos).

Análisis molecular

Fue extraído ADN de hembras de *R. indica* provenientes de las plantas hospederas y localidades arriba mencionadas (Laboratorio de Biología Molecular, Postgrado de Fitopatología, Decanato de Agronomía, UCLA) siguiendo el método descrito por Vásquez et al. (2011). Cuarenta hembras adultas de *R. indica* fueron colocadas en un tubo de 1,5 ml el cual contenía 50 µL de buffer de extracción (200 mM Tris-HCl pH 7,5; 250 mM NaCl, 25 mM EDTA pH 8,0; 0,5 % SDS) con ayuda de aguja de disección y trituradas con una varilla de vidrio. Posteriormente, fue agregado 1 µL de proteinasa K a -20 °C (100 µg/ml), y luego se mezcló en un vórtex durante 10 s a alta velocidad. Los tubos fueron colocados en termoblock previamente caliente a 55 °C durante 1,5 h, agitados manualmente cada 15 min y enfriados durante 5 min. Fueron agregados 50 µl de fenol: cloroformo: alcohol isoamílico (25:24:1), agitados fuertemente durante 20 s y sometidos a centrifugación a 13 000 rpm durante 5 min a temperatura ambiente. El sobrenadante fue transferido a un nuevo tubo, aplicándole 1 volumen de Cloroformo: Alcohol Isoamílico (24:1) y centrifugado nuevamente a 13 000 rpm por 5 min. Luego se repitió el mismo procedimiento anteriormente descrito.

Para la precipitación del ADN, se adicionó 0,1 volumen de Acetato de Sodio 3M, pH: 5,2 y 1 volumen de etanol puro frío, agitándolo suavemente por inversión y mantenidos a -20 °C durante 2 h. Posteriormente, los tubos fueron

centrifugados a 8 000 rpm durante 15 min, el precipitado lavado con etanol 70 % y dejados a temperatura ambiente durante 30 min. Una vez seco el pellet, fueron adicionados 25 μ L de buffer TE (Tris HCl 100mM; EDTA 1mM) pH 7 para resuspender el ADN genómico.

El ADN se estimó en 10 ng por métodos de comparación y amplificado usando PCR, siguiendo la metodología señalada por Osakabe et al. (2000), usando 2 ng de los iniciadores OPA10, OPA14, OPL05, OPMO1, OPO1 y OPP17 (0,1mM) (Operon Technologies) en 1,5 μ L de buffer (25 mM $MgCl_2$, 50mM KCl, 10mM Tris-HCl, pH 8,3), conteniendo desoxinucleótidos (dNTPs) (10mM), Taq polimerasa (5u/ μ L), gelatina a 0,025 % y el ADN de la muestra. La PCR fue realizada en un termociclador (Perkin Elmer Gene Amp PCR System 2400), bajo las siguientes condiciones: pre-desnaturalización a 93 °C por 1 min, seguido de 45 ciclos, de desnaturalización 92 °C 1 min, alineación 36 °C por 1 min y acoplamiento 72 °C por 1 min, post acoplamiento 72 °C por 5 min y preservación a 4 °C hasta su utilización.

La separación del ADN amplificado de cada muestra se realizó mediante electroforesis en geles de agarosa 1,5 %, con solución TAE (Tris base 40 mM; acetato de sodio 5mM; EDTA 7,7 mM) (1X, pH 8). Se utilizó un marcador de 100 pb, y los geles fueron sometidos a 80 volt/1,25 horas. Posteriormente, fueron teñidos en Bromuro de etidio (BrEth) 1 %.

Las bandas obtenidas fueron codificadas en una matriz binaria presencia ausencia. A partir de esta se calculó el coeficiente de similitud de Jaccard, y mediante el algoritmo UPGMA se obtuvo un fenograma para establecer las relaciones genéticas entre las poblaciones. Adicionalmente, se realizó un análisis de coordenadas principales como otra forma de visualizar las relaciones genéticas usando el programa NTSYS-PC Version 2.1 (Rohlf 2000).

Resultados y Discusión

Variabilidad morfométrica de las setas idiosomales en poblaciones de *Raoiella indica*

El análisis morfométrico de las poblaciones de *R. indica* provenientes de diferentes localidades y plantas hospederas mostró amplia variación en la longitud y distancia entre las bases de las setas idiosomales dorsales, así como en largo y ancho del idiosoma ($P \leq 0,01$) (Cuadros 1, 2, 3 y 4). En general, la longitud de las setas sc_2 , c_1 , c_2 , d_2 fue significativamente superior en la población colectada sobre hojas de coco en Yaracuy con valores promedio de 86,2 μ m; 103,0 μ m; 49,6 μ m; 53,9 μ m y 49,5 μ m, respectivamente (Cuadro 1). Con relación al largo del idiosoma, los mayores valores promedio fueron encontrados en poblaciones colectadas en hojas de plantas de banana provenientes de Falcón (331,1 μ m) (Cuadro 2) y en hojas de plantas de coco de Carabobo (326,0 μ m) (Cuadro 1), mientras que las poblaciones colectadas en hojas de *Washingtonia* sp. en el Zulia mostraron los menores valores (219,8 μ m) (Cuadro 2). El ancho del idiosoma fue mayor en especímenes colectados en hojas de plantas de coco provenientes de Florida (USA) (Cuadro 1) y menor en hojas de *Washingtonia* sp. (Cuadro 2) con promedios de 265,1 μ m y 170,5 μ m respectivamente.

Con respecto a la distancia entre las setas dorsales idiosomales, se encontró que las distancias sc_2-sc_2 ; c_1-c_1 ; d_1-d_1 ; e_1-e_1 ; c_2-c_2 ; d_2-d_2 ; e_2-e_2 ; y f_2-f_2 fueron significativamente superiores en la población Florida-USA, mientras que en la población colectada en hojas de *Washingtonia* sp. en el Zulia, estos valores fueron inferiores (Cuadro 3 y 4).

Las poblaciones de *R. indica* se separaron en dos grupos, el primero constituido por poblaciones colectadas en coco provenientes de Carabobo, Falcón, Sucre y Yaracuy junto con las poblaciones colectadas en banana en Falcón y Zulia (Figura 1). El segundo grupo fue

Cuadro 1. Longitud de las setas idiosomales en poblaciones de *Raoiella indica* colectadas en plantas de coco procedentes de diferentes localidades.

	Cocos nucifera						
	Aragua	Carabobo	Falcón	Sucre	USA	Yaracuy	Zulia
Long idiosoma	309,0±42,1ab (258,0-395,0)	326,0±25,1a (287,0-351,0)	313,2±42,09ab (252,0-398,0)	272,0±20,3bc (244,0-307,0)	284,2±26,8abc (225,0-322,0)	294,8±8,5abc (280,0-311,0)	264,4±20,83cd (234,0-299,0)
Ancho idiosoma	251,0±16,6ab (230,0-289,0)	249,4±11,1abc (232,0-261,0)	240,7±15,5abc (216,0-269,0)	241,9±9,4abc (228,0-255,0)	265,1±14,8a (245,0-297,0)	233,5±11,2bcd (215,0-247,0)	198,1±34,0ef (103,0-218,0)
ve	74,4±5,8abc (60,0-83,0)	81,2±8,8ab (63,0-92,0)	82,1±2,5a (79,0-87,0)	84,3±7,0a (73,0-97,0)	80,2±3,3bc (75,0-87,0)	86,2±6,5a (78,0-98,0)	66,2±6,3c (55,0-73,0)
sc1	83,2±4,6ab (72,0-9,0)	84,7±12,5ab (70,0-105,0)	87,8±3,8ab (80,0-92,0)	93,3±6,6a (76,0-101,0)	88,7±10,4ab (65,0-105,0)	88,7±3,7ab (82,0-94,0)	78,9±5,8bc (70,0-90,0)
sc2	81,8±7,2bc (69,0-90,0)	83,2±10,6bc (69,0-99,0)	94,3±9,2ab (80,0-113,0)	93,5±5,8ab (84,0-103,0)	85,5±8,2abc (71,0-100,0)	103,0±8,8a (90,0-114,0)	72,6±5,6cd (63,0-81,0)
c1	36,2±2,4cd (33,0-40,0)	42,1±5,7abcd (37,0-56,0)	44,3±6,1abc (31,0-51,0)	43,5±3,0abc (37,0-48,0)	39,2±9,6bcd (21,0-49,0)	49,6±4,8s (41,0-55,0)	37,1±3,3bcd (32,0-43,0)
d1	24,2±4,2ab (18,0-31,0)	26,5±5,3ab (19,0-37,0)	24,6±2,6ab (20,0-27,0)	26,7±3,1ab (23,0-32,0)	26,9±1,6ab (25,0-30,0)	26,1±2,5ab (21,0-29,0)	26,4±2,8ab (22,0-30,0)
e1	12,7±2,9ab (8,0-18,0)	17,0±3,3a (10,0-21,0)	14,4±1,7ab (11,0-17,0)	12,1±2,3b (9,0-16,0)	14,0±3,1ab (10,0-18,0)	12,8±2,1ab (10,0-17,0)	15,5±3,1ab (11,0-22,0)
c2	45,5±2,7bc (42,0-50,0)	51,5±4,4abc (46,0-60,0)	48,2±4,6abc (41,0-54,0)	48,6±3,8abc (40,0-53,0)	53,3±7,4ab (40,0-66,0)	53,9±4,4a (47,0-61,0)	45,9±4,0abc (39,0-54,0)
d2	40,4±4,6cde (31,0-46,0)	44,7±5,1abcde (37,0-55,0)	46,5±4,2abcd (41,0-54,0)	44,4±4,0abcde (39,0-49,0)	47,7±3,7abc (43,0-53,0)	49,5±4,8a (41,0-56,0)	39,4±2,8de (35,0-44,0)
e2	41,0±6,5ab (30,0-54,0)	45,3±6,2ab (39,0-54,0)	46,1±4,2ab (39,0-51,0)	47,4±6,0ab (37,0-57,0)	49,7±3,7a (44,0-55,0)	47,1±3,5ab (41,0-54,0)	39,9±8,7b (30,0-56,0)
f2	25,5±3,5bc (18,0-29,0)	33,3±7,1ab (26,0-49,0)	30,8±6,4abc (21,0-40,0)	38,4±3,8a (33,0-46,0)	32,1±5,1abc (24,0-39,0)	26,9±2,1bc (24,0-30,0)	33,1±8,3ab (23,0-47,0)
h2	32,9±6,0c (21,0-38,0)	63,5±4,5a (55,0-71,0)	58,0±4,4a (50,0-63,0)	60,9±2,7a (55,0-65,0)	62,5±7,0a (48,0-70,0)	61,2±2,4a (56,0-64,0)	42,8±14,6bc (18,0-57,0)

Valores en una fila con la misma letra no mostraron diferencias significativas de acuerdo a prueba de medias de Tukey (p<0,01).

Números entre paréntesis representan los valores máximos y mínimos de cada variable

Promedios de 15 repeticiones

Cuadro 2. Longitud de las setas idiosomales en poblaciones de *Raoiella indica* colectadas en diferentes plantas hospederas y localidades en Venezuela

	<i>A. merrillii</i>	<i>Musa</i> sp.		<i>R. oleraceae</i>	<i>Washingtonia</i> sp.
	Lara	Falcón	Zulia	Zulia	Zulia
Long	258,4±32,8cd	331,1±22,1a	289,6±24,8abc	257,6±28,6cd	219,8±31,8d
idiosoma	(226,0-316,0)	(285,0-355,0)	(257,0-325,0)	(218,0-321,0)	(164,0-278,0)
Ancho	210,0±14,0de	231,0±15,3bcd	249,0±7,3abc	219,8±24,6cde	170,5±21,9f
idiosoma	(180,0-224,0)	(218,0-270,0)	(237,0-264,0)	(187,0-256,0)	(145,0-215,0)
ve	73,0±16,5abc	84,7± 3,2a	77,7±4,7abc	68,0±8,7bc	51,3± 11,5d
	(55,0-95,0)	(80,0-91,0)	(72,0-85,0)	(50,0-77,0)	(39,0-77,0)
sc1	85,1± 11,5ab	85,2± 2,4ab	84,5± 5,8ab	79,4± 6,6bc	66,2± 9,4c
	(65,0-97,0)	(82,0-89,0)	(72,0-93,0)	(68,0-89,0)	(57,0-84,0)
sc2	71,0±7,2cd	82,4± 19,4bc	85,7±13,6abc	80,1± 12,0bc	56,6±13,1d
	(60,0-80,0)	(63,0-110,0)	(69,0-116,0)	(61,0-95,0)	(44,0-82,0)
c1	38,1±5,8bcd	45,2±3,9ab	39,4±3,0bcd	36,2±4,0cd	34,7± 3,6d
	(29,0-44,0)	(39,0-51,0)	(33,0-43,0)	(29,0-42,0)	(30,0-42,0)
d1	11,7±3,1b	27,1±7,10 ab	22,3±2,2b	22,9±3,0b	25,7±4,1ab
	(25,0-35,0)	(20,0-38,0)	(18,0-26,0)	(18,0-27,0)	
e1	14,4±2,5ab	12,0±1,4b	11,7±2,1b	13,5±2,2ab	14,0±2,9ab
	(9,0-17,0)	(10,0-14,0)	(8,0-15,0)	(11,0-17,0)	(10,0-20,0)
c2	49,8±5,0abc	50,7±2,2abc	46,7±3,6abc	45,1±3,5bc	43,7±5,5c
	(42,0-56,0)	(47,0-55,0)	(41,0-51,0)	(40,0-52,0)	(35,0-49,0)
d2	48,8±5,1ab	47,2±2,2abc	40,9±3,3cde	38,7±4,8e	41,7±5,4bcde
	(45,0-63,0)	(45,0-52,0)	(35,0- 47,0)	(30,0- 47,0)	(34,0- 52,0)
e2	46,7±2,6ab	44,5±2,3ab	44,1±3,7ab	39,5±6,7b	39,5±-7,1b
	(43,0-52,0)	(41,0-48,0)	(37,0-49,0)	(31,0-52,0)	(32,0-54,0)
f2	35,6±3,1a	25,8±3,4bc	24,7±1,9c	30,7±2,6abc	25,6±2,9bc
	(30,0-40,0)	(21,0-31,0)	(22,0-29,0)	(27,0-34,0)	(21,0-30,0)
h2	64,0±3,1a	56,2±3,7a	60,9±4,0a	52,8±10,6ab	53,6±2,7ab
	(59,0-68,0)	(50,0-60,0)	(54,0-66,0)	(27,0-61,0)	(51,0-59,0)

Valores en una fila con la misma letra no mostraron diferencias significativas de acuerdo a prueba de medias de Tukey (p<0,01).

Números entre paréntesis representan los valores máximos y mínimos de cada variable

Promedios de 15 repeticiones

a su vez dividido en dos subgrupos; el primero conformado por poblaciones obtenidas de coco provenientes de Aragua (Venezuela) y Florida (USA) junto con la población de Zulia colectada sobre *R. oleraceae*, mientras que el segundo subgrupo estuvo conformado por las poblaciones obtenidas de *A. merrillii* de Lara y *Washingtonia* sp. del Zulia. A pesar de la alta variabilidad morfológica observada, los resultados demuestran que el fenograma no permitió la distinción de las poblaciones de *R. indica* estudiadas por hospedero ni por localidad, lo que sugiere que la plasticidad fenotípica

observadas en las poblaciones constituyen adaptaciones a las diferentes condiciones a las cuales están siendo sometidas, sin embargo, éstas no constituyen nuevas especies. Por su parte, Dowling et al. (2012) encontraron que la alta variabilidad obtenida en las poblaciones Australianas de *Raoiella* podría sustentar la hipótesis de la existencia de nuevas especies.

El ACP mostró que los cuatro primeros componentes representaron 81,5 % de la varianza total (Cuadro 5), resultando positivas la mayoría de las cargas en el componente 1 y con altos valores de los autovectores para las

Cuadro3. Distancia entre bases de las setas idiosomales en poblaciones de *R. indica* colectadas en plantas de coco provenientes de diferentes localidades.

Cocos nucifera							
	Aragua	Carabobo	Falcón	Sucre	USA	Yaracuy	Zulia
ve	56,9±4,5abc (50,0-64,0)	60,9±4,9abc (56,0-72,0)	64,9±1,5ab (63,0-68,0)	60,1±2,2abc (57,0-63,0)	64,9±2,4ab (61,0-67,0)	55,1±12,2c (35,0-65,0)	55,3±3,3c (50,0-60,0)
sc1	127,3±8,1abc (109,0-137,0)	137,0±13,9ab (125,0-174,0)	133,2±3,9abc (124,0-139,0)	127,8±4,9abc (120,0-135,0)	133,9±4,0abc (129,0-142,0)	137,3±10,0ab (120,0-146,0)	118,2±7,0abcd (107,0-126,0)
sc2	199,5±14,8abc (176,0-218,0)	194,8±22,2abc (168,0-228,0)	183,0±21,5bcd (139,0-213,0)	204,5±13,9abc (167,0-214,09)	217,1±17,6a (196,0-262,0)	178,1±11,9cd (161,0-190,0)	182,3±17,2cd (151,0-203,0)
c1	86,6±9,2ab (74,0-101,0)	68,7±22,2c (40,0-91,0)	85,7±3,5ab (80,0-89,0)	85,8±3,1ab (81,0-90,0)	91,7±3,4a (88,0-100,0)	88,2±1,9a (85,0-90,0)	81,9±4,9abc (72,0-88,0)
d1	64,2±5,9ab (54,0-71,0)	57,5±10,4bc (40,0-66,0)	64,7±4,7ab (59,0-70,0)	64,2±3,7ab (59,0-70,0)	70,0±4,6a (60,0-75,0)	64,5±3,1ab (58,0-67,0)	59,1±5,6ab (50,0-65,0)
e1	40,0±6,1abc (28,0-45,0)	43,2±2,5ab (40,0-47,0)	41,7±1,6abc (40,0-45,0)	43,3±2,6ab (40,0-46,0)	45,2±4,3a (41,0-54,0)	45,3±3,9a (41,0-50,0)	33,6±7,0cd (25,0-42,0)
c2	170,1±9,6abc (154,0-182,0)	173,8±14,6abc (143,0-191,0)	163,2±13,7bc (144,0-176,0)	176,4±3,9ab (172,0-183,0)	183,4±5,4a (176,0-189,0)	155,1±18,7cd (127,0-169,0)	159,2±5,3bc (150,0-168,0)
d2	150,3±10,7ab (127,0-164,0)	149,9±14,6ab (123,0-167,0)	149,9±4,8ab (142,0-155,0)	155,6±5,2ab (151,0-168,0)	164,4±8,1a (156,0-184,0)	148,2±2,4b (144,0-151,0)	136,6±10,3bc (122,0-150,0)
e2	108,7±9,7abc (84,0-116,0)	115,5±9,4ab (101,0-128,0)	102,8±5,1abcd (95,0-109,0)	115,0±6,2ab (103,0-128,0)	118,3±6,0a (105,0-124,0)	100,8±1,9bcd (98,0-104,0)	97,6±11,2cd (81,0-110,0)
f2	86,9±12,1a (54,0-95,0)	89,4±25,0a (63,0-150,0)	76,1±7,3ab (71,0-87,0)	91,7±2,8a (88,0-98,0)	92,6±2,8a (87,0-97,0)	74,5±5,9ab (71,0-86,0)	77,6±10,3a (57,0-87,0)
h2	70,6±6,6a (64,0-63,0)	55,3±4,8bcde (50,0-63,0)	58,9±4,7abcd (51,0-63,0)	58,7±3,9abcde (54,0-65,0)	61,9±6,0abc (49,0-69,0)	60,4±3,7abcd (54,0-64,0)	46,1±13,5e (23,0-58,0)

Valores en una fila con la misma letra no mostraron diferencias significativas de acuerdo a prueba de medias de Tukey (p<0,01).

Números entre paréntesis representan los valores máximos y mínimos de cada variable

Promedios de 15 repeticiones

Cuadro 4. Distancia entre bases de las setas idiosomales en poblaciones de *R. indica* colectadas en diferentes plantas hospederas en Venezuela

	<i>A. merrillii</i>	<i>Musa</i> spp.		<i>R. oleraceae</i>	<i>Washingtonia</i> sp.
	Lara	Falcón	Zulia	Zulia	Zulia
ve	52,8±7,2cd (44,0-62,0)	66,3±2,7a (61,0-70,0)	61,4±2,9abc (56,0-66,0)	54,4±5,7c (44,0-62,0)	44,5±6,0d (37,0-58,0)
sc1	116,2±10,0bcd (100,0-129,0)	140,0±5,3a (133,0-148,0)	130,5±4,0abc (123,0-136,0)	119,9±9,9abcd (101,0-130,0)	97,6±12,1d (88,0-127,0)
sc2	182,8±15,0bcd (160,0-204,0)	191,3±20,5abc (165,0-217,0)	210,8±6,1ab (203,0-224,0)	193,2±13,6bc (171,0-205,0)	155,1±19,9d (137,0-202,0)
c1	74,1±4,8bc (68,0-82,0)	89,5±4,1a (84,0-97,0)	86,2±3,0ab (82,0-90,0)	80,4±6,5abc (68,0-87,0)	69,0±8,4c (62,0-87,0)
d1	54,8±7,5bc (45,0-67,0)	57,0±11,6bc (38,0-70,0)	65,4±2,5ab (61,0-68,0)	59,8±5,7ab (51,0-68,0)	47,1±7,3c (40,0-63,0)
e1	27,4±6,1de (22,0-39,0)	40,9±1,6abc (40,0-45,0)	41,8±2,2abc (39,0-47,0)	35,9±8,3bcd (23,0-46,0)	22,8±6,8e (18,0-40,0)
c2	155,7±14,4cd (122,0-172,0)	172,1±12,2abc (149,0-181,0)	172,0±4,2abc (167,0-178,0)	161,8±7,0bc (148,0-170,0)	139,3±13,9d (125,0-175,0)
d2	120,7±41,2cd (12,4-157,0)	143,6±7,1abc (127,0-153,0)	154,2±7,8ab (145,0-169,0)	139,9± 3,1abc (120,0-160,0)	110,0±15,5d (98,0-146,0)
e2	90,1±13,0d (80,0-117,0)	107,2±2,8abc (100,0-110,0)	111,7±3,2abc (107,0-116,0)	100,7±15,8bcd (77,0-117,0)	72,7±17,5e (58,0-116,0)
f2	75,3±18,4ab (51,0-99,0)	85,6±4,6a (77,0-90,0)	87,9±2,1a (85,0-91,0)	78,0±17,0a (52,0-101,0)	56,6±11,6b (50,0-89,0)
h2	60,8±7,2abcd (44,0-68,0)	60,3±2,5abcd (56,0-63,0)	63,9±2,0ab (61,0-67,0)	49,7±12,3cde (26,0-60,0)	49,1±5,1de (41,0-58,0)

Valores en una fila con la misma letra no mostraron diferencias significativas de acuerdo a prueba de medias de Tukey (p<0,01).

Números entre paréntesis representan los valores máximos y mínimos de cada variable

Promedios de 15 repeticiones

variables largo y ancho del idiosoma, largo de las setas ve, sc1 y sc2 así como las distancias entre las bases de esas mismas setas, indicando la influencia de la variación relacionada con la planta hospedera y la zona geográfica (Cuadro 6). Adicionalmente, el ACP permitió separar las poblaciones en 4 grupos, el primero constituido por las poblaciones colectadas en hojas de coco de las zonas de Carabobo, Falcón, Florida (USA), Sucre y Yaracuy junto con la población de bananas de Falcón. El segundo grupo conformado por las poblaciones obtenidas de plantas de coco colectadas en Aragua y Zulia, de plantas de banana y *R. oleraceae* provenientes del Zulia. El tercer y cuarto grupo estuvo constituido por *A. merrillii* de Lara y *Washingtonia* sp. del

Zulia (Figura 2). Similar al presente estudio, el análisis de la variabilidad en las setas idiosomales de *Oligonychus punicae* (Hirst) y *Oligonychus biharensis* (Hirst) en vid y mango provenientes de dos localidades del estado Lara (Venezuela) demostró que la longitud de las setas sc₁, sc₂, ve, c₁, d₁, e₁ y f₁ permitieron separar ambas especies (Vásquez et al. 2011). Así mismo, el análisis de Componentes Principales realizado a las setas idiosomales de hembras de *Oligonychus peruvianus* (McGregor) y *Oligonychus perseae* Tuttle, Baker y Abbatiello colectadas en plantas de aguacate y yuca, permitió demostrar el valor de las setas ve, sc₁, c₁, c₂, c₃, e₁, f₁, f₂ y h para la discriminación de estas dos especies, las cuales

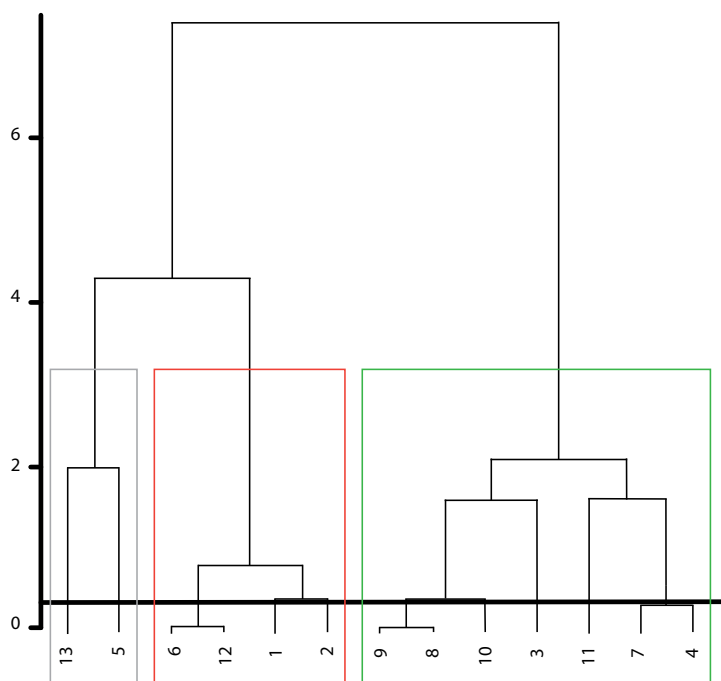


Figura 1. Fenograma obtenido por el algoritmo UPGMA del índice de Jaccard's entre varias poblaciones de *R. indica* en Venezuela.

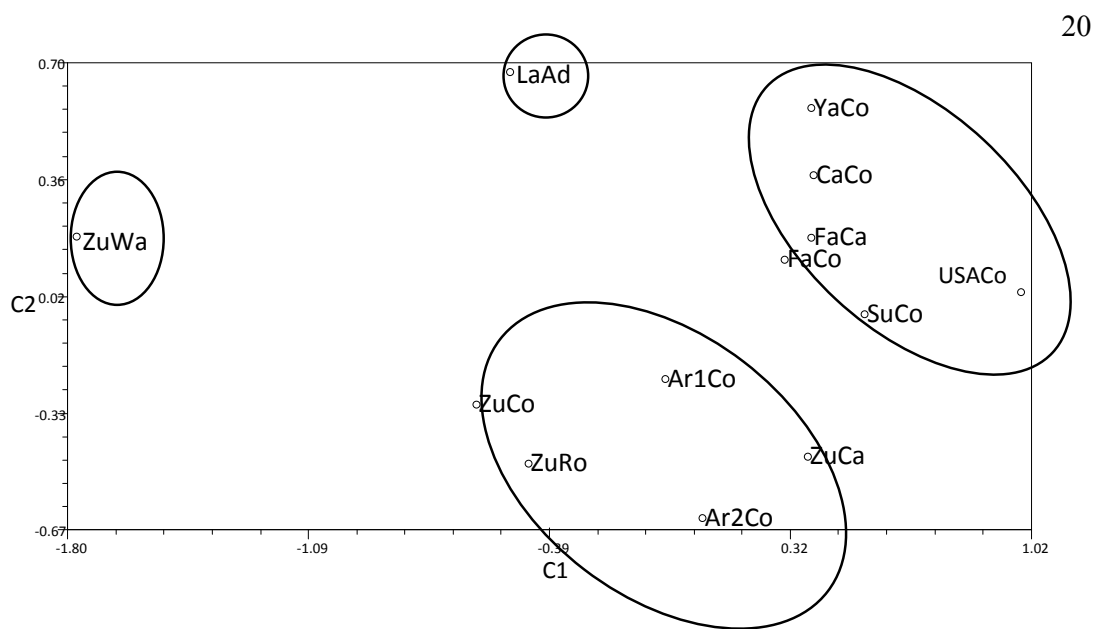


Figura 2. Representación bidimensional de las variaciones morfológicas en poblaciones de *R. indica* en Venezuela mediante análisis de coordenadas principales (Localidades: Ar= Aragua, Ca=Carabobo, Fa= Falcón, La=Lara, Zu= Zulia, USA= Florida; Plantas hospederas: Ad= *Adonidia*, Ca= cambur, Co= coco, Ro= *Roystonea*, Wa= *Washingtonia*)

Cuadro 5. Datos de autovalores de caracteres usados en la determinación morfológica.

Eje	Autovalor	Porcentaje de variación explicada	Porcentaje acumulado
1	11,79905442	49,26	49,2
2	3,96294221	16,51	65,7
3	2,00663755	8,36	74,0
4	1,78922423	7,46	81,5
5	1,49064177	6,21	87,7
6	1,18908923	4,96	92,7
7	0,52469400	2,19	94,8
8	0,49276408	2,05	96,9
9	0,36959791	1,54	98,4
10	0,20713658	0,86	99,3
11	0,09377047	0,39	99,7
12	0,07444756	0,31	100,0

Cuadro 6. Datos de autovectores de caracteres usados en la determinación morfológica.

	C1	C2	C3	C4
Largo idiosoma	0,7429	0,0279	0,2666	0,3693
Ancho idiosoma	0,9417	-0,1650	0,1656	-0,0139
L-ve	0,7378	0,1112	-0,2510	-0,3104
D-ve	0,8783	-0,0693	0,0038	0,1154
L-sc1	0,8960	0,1729	-0,1415	0,0017
D-sc1	0,8760	0,1320	0,0811	0,4081
L-sc2	0,8237	0,0573	-0,1460	0,2923
D-sc2	0,8038	-0,4162	0,1154	-0,3181
L-c1	0,6082	0,5228	-0,1395	0,4622
D-c1	0,6765	-0,3170	-0,5800	0,1614
L-d1	-0,0135	0,7586	-0,1976	-0,3050
D-d1	0,8381	-0,3321	-0,2180	-0,0447
L-e1	-0,2871	0,4835	0,5660	-0,0713
D-e1	0,8700	-0,0132	0,3103	0,1362
L-c2	0,6822	0,6515	-0,0602	0,0584
D-c2	0,8715	-0,2917	0,1232	-0,2674
L-d2	0,4377	0,8023	-0,2178	-0,1237
D-d2	0,4295	-0,3887	0,3595	0,0961
L-e2	0,7445	0,5563	-0,1218	-0,2161
D-e2	0,8086	-0,4458	-0,1191	-0,2587
L-f2	0,0367	-0,0680	-0,0178	-0,6488
D-f2	0,8416	-0,3076	0,1832	-0,3030
L-h2	0,3184	0,6641	0,1500	-0,3227
D-h2	0,4002	0,2181	0,8024	-0,0394

L= longitud de la seta; D= distancia entre las setas

morfológicamente son muy similares (Sandoval et al. 2011).

De acuerdo con Klimov et al. (2004), la influencia del hábitat sobre la morfología es particularmente importante para los ácaros asociados con una variedad de sustratos de alimentación, por lo que la medición de estructuras no relacionadas con el tamaño podrían disminuir ese margen de error (Hutcheson et al. 1995). Adicionalmente, los análisis morfométricos multivariados han demostrado ser útiles en la descripción de variaciones morfológicas y en la determinación de cuales de ellas pueden ser más afectadas por factores ambientales (Klimov et al. 2004).

Variabilidad genética en poblaciones de *Raoiella indica* mediante RAPD

Del producto de la amplificación por RAPD, se obtuvo un total de 57 bandas, de las cuales 50 fueron polimórficas y 7 monomórficas, lo cual representó 87,7 y 12,3 %, respectivamente (Cuadro 7). El mayor número de bandas totales se obtuvo con los iniciadores OPO01, OPA14, OPL05 y OPP17, los cuales se correspondieron con los mayores valores de índice de información polimórfica. Esto sugiere que estos iniciadores podrían detectar mayor polimorfismo entre los individuos de las diferentes poblaciones de *R. indica* cuando se compara con el resto de los iniciadores usados (Cuadro 7).

Basados en los resultados, los iniciadores OPA14, OPL05, OPP17 y OPO01 parecieran ser los más confiables para amplificar los sectores de polimorfismo del ADN de poblaciones de *R. indica*, por lo cual pudieran ser usados para discriminar diferentes poblaciones de esta especie en Venezuela.

Los resultados sobre estudio de la variabilidad genética de ácaros fitófagos son ampliamente variables, dependiendo de la especie de ácaro y los iniciadores usados. En tal sentido, Osakabe et al. (2000) encontraron que de 40 iniciadores usados para evaluar la variabilidad genética de *Panonychus citri* (McGregor),

sólo OPA01, OPB10 y OPB12 produjeron bandas diagnósticas, sin embargo, la clonación exclusivamente fue conseguida en bandas amplificadas por OPB10. Por otro lado, Vásquez et al. (2011) mostraron que de 4 iniciadores usados para estudiar la variabilidad genética de *O. punicae* y *O. biharensis* en vid y mango respectivamente provenientes de dos localidades del estado Lara, el iniciador OPB10 mostró mayor capacidad para amplificar sectores del ADN con polimorfismo sugiriendo que éste pudiera ser utilizado para la discriminación de estas especies.

El agrupamiento mediante el fenograma logró una representación en cuanto a la similitud expresada mediante el coeficiente de Jaccard, obteniendo un coeficiente cofenético de correlación de 0,76. De acuerdo con esto, la población colectada sobre *Musa* spp., proveniente del Zulia logró separarse debido al menor valor de similitud. El resto de las poblaciones fueron agrupadas en dos conjuntos, uno integrado por poblaciones de *R. indica* colectadas sobre *C. nucifera*, *A. merrillii*, *R. oleraceae* y *Washingtonia* sp. mientras que el segundo agrupó a poblaciones colectadas sobre *C. nucifera* y *Musa* spp. (Figura 3).

El ACP sobre los patrones RAPD de las poblaciones evaluadas de *R. indica* explicó entre 30 y 42 % de la variación al ser consideradas 2 o 3 dimensiones, respectivamente (Cuadro 8). De acuerdo con estos resultados, *Musa* sp., *A. merrillii* y *Washingtonia* sp. mostraron la menor similitud con respecto al resto (Figura 4). Las discrepancias observadas entre el fenograma y el ACP podrían ser debidas a un “problema” estadístico frecuente cuando existe uno o pocos puntos (i.e. poblaciones) equidistantes de dos “nubes” grandes de puntos (Laurentín 2009). En tal sentido, las poblaciones colectadas sobre *Musa* sp. y *Washingtonia* sp. en Zulia y sobre *A. merrillii* en Lara se encuentran equidistantes de los grupos más numerosos, por lo que la agrupación jerarquizada del fenograma los ubica

Cuadro 7. Número de bandas e índice polimórfico de los iniciadores utilizados. BP: Bandas polimórficas, BM: Bandas monomórficas, BT: Bandas totales, IIP: Índice de información polimórfica y DE: Desviación Estándar

Primer	BP	BM	BT	IIP	DE
OPO01	13	0	13	0,30	0,02
OPA14	12	0	12	0,30	0,02
OPL05	9	2	11	0,32	0,02
OPP17	9	2	11	0,26	0,02
OPM01	5	1	6	0,24	0,02
OPA10	2	2	4	0,29	0,01
Total	50	7	57		

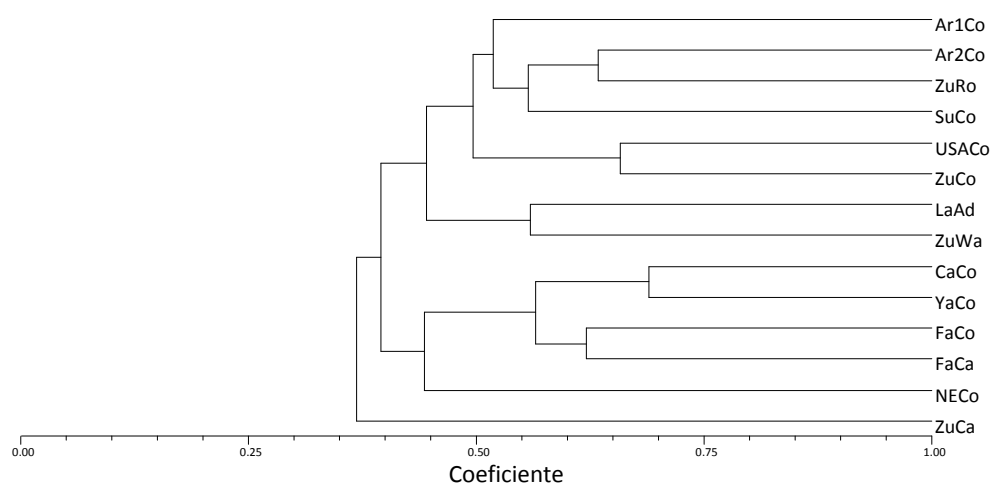


Figura 3. Fenograma de la variación genética obtenido por el algoritmo UPGMA del índice de Jaccard's entre varias poblaciones de *R. indica* en Venezuela (Localidades: Ar= Aragua, Ca=Carabobo, Fa= Falcón, La=Lara, NE= Nueva Esparta, Su= Sucre, Ya= Yaracauy, Zu= Zulia, USA= Florida; Plantas hospederas: Ad= *Adonidia*, Ca= cambur, Co= coco, Ro= *Roystonea*, Wa= *Washingtonia*).

en una posición relativa diferente al análisis de coordenadas principales. Sin embargo, la información más confiable corresponde a la obtenida por coordenadas principales (Laurentín 2009).

Debido a la alta variabilidad observada entre y dentro de poblaciones colectadas sobre las plantas hospederas, no se observó separación de las diferentes poblaciones cuando se consideró la localidad geográfica como posible fuerza evolutiva aislada entre especies vegetales distintas. De manera similar, Paulauskas et al. (2006) encontraron que las poblaciones de *Ixodes*

ricinus L, provenientes de diferentes localidades de Noruega y Lituania no fueron claramente separadas en el fenograma construido a partir de las distancias genéticas basadas en RAPD. Sin embargo, cuando se consideró la planta hospederas como criterio, la caracterización molecular separó las poblaciones colectadas sobre *Washingtonia* sp. y *A. merrillii* del resto de las poblaciones. Para las poblaciones colectadas sobre el resto de las plantas hospederas, la tendencia no es clara, pues existe mayor similitud entre poblaciones colectadas sobre *C. nucifera* y *R. oleraceae*, ambas proveniente del

Cuadro 8. Autovalores de los caracteres usados en la determinación molecular.

Eje	Autovalor	Porcentaje de variación explicada	Porcentaje acumulado
1	1,3396	18,30	18,30
2	0,8890	12,15	30,45
3	0,8351	11,41	41,86
4	0,7181	9,81	51,67
5	0,6312	8,62	60,29
6	0,5361	7,32	67,62
7	0,4551	6,22	73,87
8	0,3927	5,37	79,20
9	0,3842	5,25	84,45
10	0,3276	4,48	88,93
11	0,3131	4,28	93,20
12	0,2800	3,83	97,03
13	0,2173	2,96	100,00

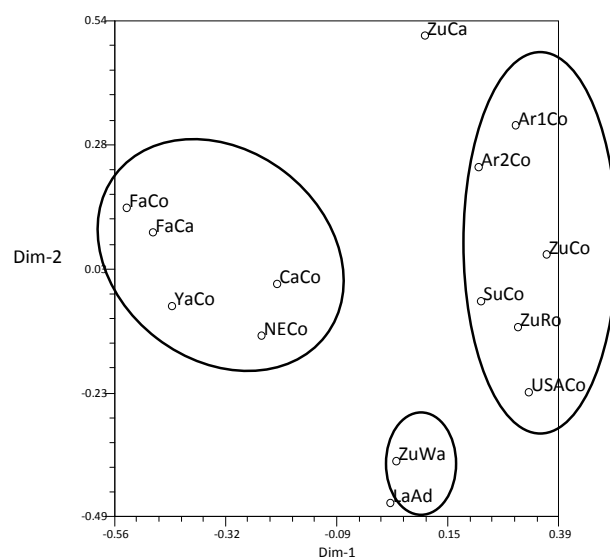


Figura 4. Representación bidimensional de las variaciones genéticas en poblaciones de *R. indica* en Venezuela mediante análisis de coordenadas principales (Localidades: Ar= Aragua, Ca=Carabobo, Fa= Falcón, La=Lara, NE= Nueva Esparta, Su= Sucre, Ya= Yaracauy, Zu= Zulia, USA= Florida; Plantas hospederas: Ad= *Adonidia*, Ca= cambur, Co= coco, Ro= *Roystonea*, Wa= *Washingtonia*)

estado Zulia, que entre poblaciones colectadas sobre coco en Zulia y Falcón.

Los resultados obtenidos tanto en el estudio morfológico como en el molecular evidenciaron

la separación de las poblaciones de *R. indica* sobre *Washingtonia* sp. y *A. merrillii* del resto, lo que permite sustentar la hipótesis que el cambio de planta hospedera influye en la alimentación de *R. indica* y en consecuencia afecta su tamaño,

diferenciándolas del resto de las poblaciones estudiadas.

El presente trabajo no permite señalar claramente la existencia de poblaciones genéticamente diferenciadas en función de la especie hospedera o zona de colecta. Sin embargo, la separación de poblaciones colectadas sobre *Washingtonia* sp. y *A. merrillii*, sugiere la necesidad de mantener un monitoreo constante sobre la diversidad genética de *R. indica*. Desde el punto de vista agronómico, estos resultados sugieren que el manejo de esta especie de ácaro pudiera ser bastante uniforme, independientemente de la zona geográfica y de la especie vegetal. La amplia variabilidad observada en las diferentes poblaciones de *R. indica* estudiadas podría ser el resultado de la plasticidad genética como consecuencia de la adaptabilidad a diferentes especies hospederas, pero este hecho no soporta la idea sobre la existencia de diferentes especies de *Raoiella*.

Agradecimientos

A Jorge Peña (University of Florida, USA) y Magaly Quirós (Universidad del Zulia) por el suministro de ácaros de las localidades USA y Zulia usados en la presente investigación. Al Consejo de Desarrollo Científico, Humanístico y Tecnológico de la Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado (CDCHT-UCLA) por el financiamiento mediante proyecto N° 014-AG-2011.

Referencias

CARBONELLE S, HANCE T, MIGEON A, BARET P, CROS-ARTEIL S, NAVAJAS M. 2007. Microsatellite markers reveal spatial genetic structure of *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae) populations along a latitudinal gradient in Europe. *Experimental and Applied Acarology* 41: 225-241.

CARRILLO D, AMALIN D, HOSEIN F, RODA A, DUNCAN R, PEÑA JE. 2012. Host plant range of *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae) in areas of invasion of the New World. *Experimental and Applied Acarology* 57: 271-289.

CARRILLO D, NÁVIA D, FERRAGUT F, PEÑA JE. 2011. First report of *Raoiella indica* (Acari: Tenuipalpidae) in Colombia. *Florida Entomologist* 94(2): 370-371.

CHILDERS C, RODRIGUES JCV, WELBOURN WC. 2003. Host plants of *Brevipalpus californicus*, *B. obovatus* and *B. phoenicis* (Acari: Tenuipalpidae) and their potential involvement in the spread of viral diseases vectored by these mites. *Experimental and Applied Acarology* 30: 29-105.

DANIEL M. 1981. Bionomics of the predaceous mite *Amblyseius channabasavanni* (Acari: Phytoseiidae) predaceous on the palm mite. *Proceedings of the 1st Indian Symposium in Acarology*. pp. 167-173.

DOWLING APG, OCHOA R, BEARD JJ, WELBOURN WC, UECKERMANN WCW. 2012. Phylogenetic investigation of the genus *Raoiella* (Prostigmata: Tenuipalpidae): diversity, distribution, and world invasion. *Experimental and Applied Acarology* 57(3-4): 257-269.

ETIENNE J, FLECHTMANN CHW. 2006. First record of *Raoiella indica* (Hirst, 1924) (Acari: Tenuipalpidae) in Guadalupe and Saint Martin, West Indies. *International Journal of Acarology* 32: 331-332.

FLECHTMANN CHW, ETIENNE J. 2005. Un nouvel acarien ravageur des palmiers: En Martinique. premier signalement de *Raoiella indica* pour les Caraïbes. *Phytoma* 548: 10-11.

FLECHTMANN CHW, ETIENNE J. 2004. The red palm mite. *Raoiella indica* Hirst: a threat to palms in the Americas (Acari: Prostigmata: Tenuipalpidae). *Systematic and Applied Acarology* 9: 109-110.

HUTCHESON H, OLIVER J, HOUCK M, STRAUSS R. 1995. Multivariate morphometric discrimination of nymphal and adult forms of the blacklegged tick (Acari: Ixodidae), a principal vector of the agent of lyme disease in Eastern North America. *Journal of Medical Entomology* 32(6): 827-842.

KANE E, OCHOA R, MATHURIN G, ERBE E. 2005. *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae): An islands hopping mite pest in the Caribbean. [Internet]. August 2011. Available from: <http://www.sel.barc.usda.gov/acari/PDF/TrinidadHandout.pdf>.

- KLIMOV PB, LEKVEISHVILI M, DOWLING APG, OCONNOR BM. 2004. Multivariate analysis of morphological variation in two cryptic species of *Sancassania* (Acari: Acaridae) from Costa Rica. *Annals of the Entomological Society of America* 97(2): 322-345.
- KRANTZ GW, WALTER DE. 2009. A manual of acarology. Tercera edición. Lubbock. Texas Tech University Press. 807 p.
- LAURENTÍN H. 2009. Data analysis for molecular characterization of plant genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution* 56: 277-292.
- LINQUIST EE. 1985. The Tetranychidae: external anatomy. In: W. Helle & MW Sabelis (eds.). Spider mites: their biology, natural enemies and control. Amsterdam: Elsevier. pp. 3-28.
- MAGALHÃES S, FORBES MR, SKORACKA A, OSAKABE M, CHEVILLON C, MCCOY KD. 2007. Host race formation in the Acari. *Experimental and Applied Acarology* 42: 225-238.
- MESA NC, OCHOA R, WELBOURN WC, EVANS GA, MORAES GJ. 2009. A catalog of the Tenuipalpidae Berlese (Acari: Prostigmata) of the world with a key to genera. *Zootaxa* 2098: 1-185.
- NAGESHA CHANDRA BK, CHANNA BASAVANNA GP. 1984. Development and ecology of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) on coconut. In: Griffiths DA, Bowman CE, (eds.). *Acarology VI*. Vol. 2, Ellis Horwood Publishers, Chichester, UK. pp. 785-790.
- [NAPPO] National Plant Protection Organizations. 2009. Detection of Red Palm mite (*Raoiella indica*) in Palm Beach Country Florida – Unites States. [Internet]. August 2011. Available from: <http://www.pestalert.org/opr/Detail.cfm?oprID=302>.
- NAVAJAS M, GUTIERREZ J, BONATO O, BOLLAND HR, MAPANGOUDIVASSA S. 1994. Intraspecific diversity of the cassava green mite *Mononychellus progresivus* (Acari: Tetranychidae) using comparisons of mitochondrial and nuclear ribosomal DNA sequences and cross-breeding. *Experimental and Applied Acarology* 18(6): 351-360.
- NÁVIA D, MARSARO JR A, SILVA DA F, GONDIM JR M, MORAES GJ. 2011. First report of the red palm mite. *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) in Brazil. *Neotropical Entomology* 40(3): 409-411.
- OSAKABE M, HINOMOTO N, TODA S, KOMAZAKI S, GOKA Y. 2000. Molecular cloning and characterization of a microsatellite locus found in an RAPD marker of a spider mite. *Panonychus citri* (Acari: Tetranychidae). *Experimental and Applied Acarology* 24: 385-395.
- PAULASKAS A, RADZOJEVSKAJA J, ROSEF O, TURCINAVICIENE J, AMBRASIENE D, MARAREVICIUTE D. 2006. Genetic variation of ticks (*Ixodes ricinus* L.) in the Lithuanian and Norwegian populations. *Experimental and Applied Acarology* 40: 259-270.
- PEÑA JE, MANNION C, HOWARD F, HOY M. 2006. *Raoiella indica* (Prostigmata: Tenuipalpidae): The red palm mite: A potential invasive pest of palms and bananas and other tropical crops in Florida. University of Florida IFAS Extension. 8 p.
- RODRIGUES J, OCHOA R, KANE E. 2007. First report of *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) and its damage to coconut palms in Puerto Rico and Culebra Island. *International Journal of Acarology* 33(1): 3-5.
- ROHLF F. 2000. NTSYS-PC. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 1.70. Exeter Software Publ. Setanhet. N.Y.
- SANDOVAL MF, VÁSQUEZ C, APONTE O. 2011. Idiosomal setae analysis in *Oligonychus peruvianus* and *Oligonychus perseae* (Acari: Tetranychidae). *Entomotropica* 26(3): 127-136.
- SAS JMP 5.0.1. 2003. The Statistical Discovery Software. SAS Institute Inc. Campus Drive Cary. NC. USA.
- TSAGKARAKOU A, NAVAJAS M, LAGNEL J, PASTEUR N. 1997. Population structure in the spider mite *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae) from Crete based on multiple allozymes. *Heredity* 78: 84-92.
- TSAGKARAKOU A, NAVAJAS M, ROUSSET F, PASTEUR N. 1999. Genetic differentiation in *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae) from greenhouses in France. *Experimental and Applied Acarology* 23: 365-378.
- VÁSQUEZ C, MORAES GJ. 2013. Geographic distribution and host plants of *Raoiella indica* and associated mite species in northern Venezuela. *Experimental and Applied Acarology* 60(1): 73-82.
- VÁSQUEZ C, CASTILLO G, DÁVILA M, HERNÁNDEZ A. 2011. Idiosomal setae and genetic analysis in *Oligonychus punicae* and *Oligonychus biharensis* (Acari. Tetranychidae) populations from State of Lara. Venezuela. *Journal of Entomology* 8(4): 341-352.

VÁSQUEZ C, QUIRÓS M, APONTE O, SANDOVAL MF.
2008. First report of *Raoiella indica* Hirst (Acari:
Tenuipalpidae) in South America. *Neotropical
Entomology* 37(6): 739-740.

ZAHER M. 1969. Biological studies on *Raoiella indica*
Hirst and *Phyllotranychus aegyptiacus* Sayed
infesting date palm trees in the U.A.R (Acarina:
Tenuipalpidae). *Zeitschrift fur angewandts* 63(3): 406-
411.