

## SYSTEMATICS, MORPHOLOGY AND PHYSIOLOGY

Caracterização Molecular e Divergência Genética de *Bemisia tabaci* (Genn.) (Hemiptera: Aleyrodidae) em Diferentes Culturas e Locais de CultivoFERNANDA VON H M FONTES<sup>1</sup>, CARLOS A COLOMBO<sup>2</sup>, ANDRÉ L LOURENÇÃO<sup>1</sup><sup>1</sup>Centro de Fitossanidade; <sup>2</sup>Centro de Genética. Instituto Agronômico (IAC), CP 28, 13001-970 Campinas, SP, Brasil; [fervhmf@gmail.com](mailto:fervhmf@gmail.com); [ccolombo@iac.sp.gov.br](mailto:ccolombo@iac.sp.gov.br); [andre@iac.sp.gov.br](mailto:andre@iac.sp.gov.br)

Edited by Fernando L Cônsoli – ESALQ/USP

*Neotropical Entomology* 39(2):221-226 (2010)Molecular Characterization and Genetic Divergence of *Bemisia tabaci* (Genn.) (Hemiptera: Aleyrodidae) on Different Crops and Growing Areas

**ABSTRACT** - Knowledge on the genetic variation of populations of *Bemisia tabaci* (Genn.) can improve the understanding of genetic diversity found in their biotypes and, consequently, offer guidelines for its management. In this study, the molecular characterization was performed and genetic diversity data were obtained for this insect from three regions of Brazil on different crops [cotton and soybean (Mato Grosso – MT); cabbage (Distrito Federal – DF); soybean and potato (São Paulo – SP)], using RAPD markers. RAPD analysis indicated 80.6% polymorphic loci and the average genetic similarity obtained by the Jaccard coefficient was 0.67. The whitefly populations collected on potato (SP) and soybean (MT) had higher genetic diversity values (0.75 and 0.72, respectively). Shannon's index (H<sub>o</sub>) showed higher values for potato and soybean (SP e MT), and a smaller value for cabbage (DF). A high genetic divergence within and among the collected populations occurred, structured according to the regions of collection. Moreover, the great genetic similarity observed between potato (SP) and soybean (SP) populations suggested that both belong to the same biotype B and reinforces the polyphagous behavior of the species.

**KEY WORDS:** Silverleaf whitefly, RAPD-PCR, biotype, genetic diversity, squash silvering

No Brasil, o primeiro relato de *Bemisia tabaci* (Genn.) data da década de 20, na Bahia, sendo citada a ocorrência do inseto em baixos níveis de infestação (Bondar 1928). Décadas mais tarde, ocorreram surtos populacionais no Norte do Paraná e na região de Ourinhos (SP) (Costa *et al* 1973). Após essas constatações, surtos populacionais de mosca-branca no Brasil deram-se apenas no início dos anos 90 em plantas ornamentais e em lavouras de tomate e abóbora, no estado de São Paulo. De acordo com Lourenção & Nagai (1994), os insetos ocorrendo nessas culturas pertenciam ao biótipo B, que se caracteriza, entre outros fatores, por possuir maior quantidade de plantas hospedeiras, resistência a diversos inseticidas e capacidade de induzir desordens fisiológicas a certos tipos de hospedeiros, como o prateamento da folha da aboboreira e o amadurecimento irregular dos frutos do tomateiro (Costa & Brown 1991, Brown 2000). Posteriormente, a praga disseminou-se pelas principais áreas agrícolas do país (Haji *et al* 1996, França *et al* 1996), e há relatos da sua ocorrência em muitos estados brasileiros, levando a perdas estimadas que atingem até 100% em algumas culturas e cujos prejuízos somam alguns bilhões de dólares (Ferreira & Avidos 1998).

As espécies de mosca-branca são identificadas pela taxonomia convencional ou clássica, a qual tem se mostrado

ineficaz para a separação dos diferentes biótipos reconhecidos para esse inseto, uma vez que dentro do complexo *B. tabaci* as estruturas morfológicas são muito semelhantes. Técnicas moleculares têm sido desenvolvidas e utilizadas no mundo todo, facilitando a separação dos biótipos de forma rápida e segura. Atualmente, há registros de mais de 24 biótipos no mundo, sendo que essa grande variabilidade sugere que *B. tabaci* seja um complexo de espécies ou de biótipos (Brown *et al* 1995, Frohlich *et al* 1999, Perring 2001) que podem ser identificados pelo uso de isoenzimas, reações específicas de fitotoxicidade e marcadores moleculares (Perring 2001).

A correta identificação de biótipos de *B. tabaci* é de suma importância para seu manejo adequado, uma vez que dentre os vários biótipos já caracterizados, há aqueles que têm maior importância agrícola, como o B e o Q (Simón *et al* 2007), e que podem apresentar diferenças na resistência aos inseticidas normalmente usados para seu controle (Horowitz *et al* 2003).

Os marcadores moleculares permitem gerar uma grande quantidade de informações sobre diversidade genética e relações filogenéticas dos indivíduos analisados, sendo que o grande número disponível destes marcadores permite uma amostragem extensiva dos genomas de interesse em nível de DNA, sem influência do ambiente (Ferreira & Grattapaglia

1996). Por essas razões, estão sendo muito utilizados no reconhecimento de biótipos da mosca-branca *B. tabaci*, que pode ser realizado por meio das técnicas de RAPD, AFLP, SSR e polimorfismo de DNA mitocondrial e ribossômico (Guirao *et al* 1997, Cervera *et al* 2000, De Barro *et al* 2000, De Barro 2005). As análises feitas por RAPD têm se mostrado eficazes no reconhecimento de variabilidade dentro do complexo *B. tabaci*, a exemplo do trabalho desenvolvido por Lima *et al* (2002), que caracterizaram diferentes populações brasileiras de mosca-branca por meio desse marcador molecular. Além disso, é um método que requer pequena quantidade de DNA proveniente de material que pode ser preservado em álcool, tem baixo custo e é relativamente simples e rápido, além de ser possível utilizar cada indivíduo em qualquer estágio de desenvolvimento (Perring *et al* 1993, Abdullahi *et al* 2003).

Para Gerling (2002), tanto a distribuição geográfica quanto o uso de diferentes plantas hospedeiras podem levar ao surgimento de diferenças alopatricas. Fatores genéticos como arrenotoquia e as atividades humanas que proporcionam grande quantidade de alimentação homogênea e estável (monoculturas, muito disseminadas no Brasil), em associação com a pressão de seleção do ambiente pelo uso indiscriminado de inseticidas, podem contribuir para a rápida especialização e posterior especiação em moscas-brancas. O conhecimento sobre a variação genética entre as populações de mosca-branca é, portanto, de grande interesse para o controle e manejo mais eficientes (Lima *et al* 2002).

Em batata (*Solanum tuberosum*), a ocorrência de mosca-branca é conhecida há vários anos, mas suas populações sempre foram pequenas, não causando graves danos às plantas (Mound & Halsey 1978, Gallo *et al* 2002). Altas infestações do biótipo B de *B. tabaci* em lavouras de batata são recentes, tendo sido constatados os primeiros surtos populacionais apenas a partir de 2001 (Lourenção *et al* 2003).

No presente trabalho, os objetivos foram obter a caracterização molecular de populações de *B. tabaci* que vêm ocorrendo em diferentes culturas, especialmente a batata, consideradas suspeitas de diferirem do biótipo B, e analisar a diversidade genética intra e interpopulacional dos materiais coletados, por meio da técnica de RAPD-PCR.

## Material e Métodos

**Moscas-brancas utilizadas.** O material de estudo foi representado por 60 insetos adultos coletados em diversas culturas e locais (Tabela 1). Os insetos coletados foram armazenados em etanol a 92% e mantidos a 4°C até sua utilização.

**Teste de prateamento da folha de aboboreira.** Para as moscas-brancas de Campinas (SSP), foi realizado um teste de prateamento da folha de aboboreira para confirmar se a população pode ser o biótipo B, uma vez que esse biótipo induz essa desordem fisiológica (Brown *et al* 1995), causada pela introdução de substâncias tóxicas pelas ninfas da mosca-branca (Byrne & Bellows 1991). Para tanto, a infestação foi feita com a liberação de adultos do inseto criados em soja, em dois vasos contendo, cada um, uma muda de aboboreira (*Cucurbita pepo* cv. Styria) com a primeira folha verdadeira

Tabela 1 Plantas hospedeiras e localidades das coletas das populações de *Bemisia tabaci*, seguidos pelo respectivo código de identificação e número de indivíduos utilizados nas análises moleculares.

Planta hospedeira	Localidade	Código	Nº indivíduos
Algodão	Rondonópolis (MT)	AMT	11
Soja	Rondonópolis (MT)	SMT	13
Soja	Campinas (SP)	SSP	13
Repolho	Brasília (DF)	RDF	10
Batata	Monte Mor (SP)	BSP	13

completamente desenvolvida. A planta foi coberta por gaiola plástica, com tampa telada, para evitar a fuga dos insetos. Um terceiro vaso, contendo muda de aboboreira, foi mantido protegido também por gaiola, sem infestação por *B. tabaci*, servindo como controle.

**Obtenção do DNA total.** Amostras representadas por um indivíduo adulto foram colocadas em microtubos de 1,5 ml, maceradas em 60 µl de tampão de lise (Tris-HCl 10 mM pH 8,0, EDTA 1 mM, Triton X-100 0,3%, proteinase K 60 µg/ml) e incubados a 65°C por 15 min. O homogeneizado foi incubado a 95°C por 7 min (para a inativação da proteinase K) e congelado imediatamente a -20°C (Lima *et al* 2002).

**RAPD-PCR.** Para a obtenção do perfil de amplificação de RAPD, foram realizadas reações de amplificação em volume total de 15 µl, com as seguintes concentrações de reagentes: 1x Buffer PCR; 1,5 mM MgCl<sub>2</sub>; 200 µM dNTP; 1U Taq DNA polimerase, 0,4 µM do iniciador (Tabela 2) e 10 a 15

Tabela 2 Número de bandas totais e polimórficas obtidas a partir de amplificações de diferentes iniciadores RAPD em *Bemisia tabaci*.

Primers	Número de loci	Loci polimórficos	Polimorfismo (%)
OPA 04	7	6	85,7
OPA 02	6	6	100
OPA 10	4	4	100
OPK 11	5	2	40
OPK 10	5	2	40
OPH 07	3	3	100
OPH 15	6	4	66,6
OPH 18	3	2	66,6
OPAC 08	5	4	80
OPAC 06	7	7	100
OPJ 05	7	6	85,7
OPC 04	6	5	83,3
OPO 01	7	7	100
Média	5,46	4,46	80,6

ng de DNA (aproximadamente 4 µl). A amplificação foi feita no mesmo termociclador, modelo PTC-200 (MJ Research), programado para um ciclo de 3 min a 94°C, 45 ciclos de 1 min a 93°C, 1 min a 35°C, 2 min a 72°C e um ciclo final de extensão de 5 min a 72°C. Em continuidade, os produtos da PCR foram mantidos congelados a -20°C até sua análise por eletroforese em gel de agarose 1,8% em tampão tris-borato-EDTA (TBE). A coloração do gel foi feita com brometo de etídio e os produtos de amplificação visualizados e fotografados contra luz UV. Foi incluído um controle negativo sem DNA em todas as reações.

**Análise dos dados.** Os produtos amplificados (bandas) foram codificados como presentes (1) ou ausentes (0) para cada indivíduo analisado e os dados apresentados em uma matriz de dupla entrada (indivíduos vs. bandas). A partir dessa matriz, foi calculado um índice de similaridade genética entre todos os indivíduos, comparados dois a dois ( $S_{ij}$ ), utilizando-se o índice de concordância de Jaccard (Sneath & Sokal 1973).

A diversidade genética inter e intrapopulacional das amostras procedentes das diferentes culturas e locais de coleta foi estimada pelo índice de Shannon ( $H_o$ ). Esse índice foi assim obtido (Lyn & Schall 1989):  $H_o = -\sum p_i \log p_i$ , onde  $p_i$  é a frequência fenotípica do marcador. Também foi realizada a análise de variância dos dados moleculares (AMOVA) (Excoffier *et al* 1992), que revela a partição da variação genética total entre e dentro das populações de estudo, utilizando o software *Arlequin* versão 3.1.

A medida de parentesco entre os indivíduos foi baseada em análise multivariada e a partir do índice de similaridade (Jaccard) obtido entre os indivíduos. Dessa forma, a partir dos dados da matriz de similaridade, foi calculado um dendrograma pelo método UPGMA de classificação hierárquica (Método da Média Aritmética não Ponderada). A estabilidade dos agrupamentos foi testada através de 10.000 reamostragens de *bootstrap*.

## Resultados

**Teste de prateamento da folha de aboboreira.** As plantas submetidas à infestação apresentaram os sintomas de prateamento das folhas. Portanto, para as análises moleculares, a população proveniente da cultura de soja do IAC serviu de referência como biótipo B. Essa população vem sendo mantida há vários anos pelo Centro de Fitossanidade do IAC e foi inicialmente identificada pela Dra. Judith K. Brown, Universidade do Arizona, EUA, como pertencente a esse biótipo.

**RAPD-PCR.** As amplificações RAPD foram feitas com 13 iniciadores e produziram o total de 71 *loci*, dos quais 80,6% apresentaram-se polimórficos, sendo 4,5 o número médio de bandas polimórficas (Tabela 2). O tamanho das bandas amplificadas variou de 300 pb a 1300 pb. Os iniciadores que forneceram maior e menor número de *loci* totais e polimórficos foram OPO 01 e OPAC 06, com sete bandas totais e polimórficas, e OPH-18, sendo que, das três bandas totais amplificadas, duas apresentaram polimorfismo de presença e ausência.

A matriz de dados binários foi base para o cálculo do índice de similaridade genética (Jaccard) entre todos os 60 indivíduos do estudo. O valor médio de similaridade encontrado entre todas as comparações foi de 0,67, inferior ao encontrado por Lima *et al* (2002) que, entre 109 indivíduos de biótipo B, obtiveram similaridade média de 0,73, utilizando cinco iniciadores de RAPD. O maior valor de similaridade encontrado foi entre dois indivíduos da população AMT (0,95) e o menor valor (0,31) entre indivíduos BSP e SMT, que também se distanciaram no dendrograma de populações, clusterizando-se em clados diferentes.

Os menores valores médios de similaridade encontrados dentro de populações foram em soja (SMT) e batata (BSP), com 0,72 e 0,75, respectivamente, enquanto os maiores foram obtidos para as populações de soja do estado de São Paulo (SSP), algodão (AMT) e repolho (RDF), com valores de 0,76, 0,80 e 0,84, respectivamente.

A relação de similaridade genética revelada pelo índice de Jaccard entre os indivíduos do estudo permitiu a construção de um dendrograma (UPGMA) (Fig 1), que mostrou a estruturação da diversidade genética presente nos indivíduos em basicamente dois grandes grupos. O grupo 1 (G1) congregou a maioria dos indivíduos das populações BSP e SSP, enquanto o grupo 2 (G2) os indivíduos das populações SMT, AMT e RDF, o grupo 3 (G3) os de três indivíduos BSP e o grupo 4 (G4) apenas um indivíduo AMT.

A partir dos dados do índice de similaridade de Jaccard obtido para todos os indivíduos, foi calculada a média desses valores dentro e entre populações. A média foi utilizada para a construção de um novo dendrograma (Fig 2), onde a estrutura genética formada é explicada, principalmente, pelos locais de procedência das amostras do estudo.

O resultado da AMOVA revelou que uma porção considerável da variação genética encontra-se entre as populações (21%) e que a maior porcentagem de variação observada no material de estudo ocorre dentro das próprias populações (79%).

O índice de diversidade de Shannon ( $H_o$ ), que diz respeito à variabilidade intrapopulacional, foi calculado levando-se em conta a frequência fenotípica do marcador. O índice evidenciou a maior taxa de divergência genética entre os insetos presentes nas populações SMT, SSP e BSP, cujos valores encontrados foram de 7,48; 7,37 e 7,26, respectivamente. AMT e RDF apresentaram os menores valores de  $H_o$  (6,56 e 5,63, respectivamente), ou seja, os menores índices de divergência genética dentro de suas populações. Os resultados da matriz de similaridade corroboram os dados de Shannon ( $H_o$ ), onde as três populações com maiores valores de  $H_o$  possuem os menores valores de similaridade de Jaccard.

## Discussão

Os resultados aqui obtidos demonstraram a variabilidade intra e interpopulacional existente em *B. tabaci* nas regiões e culturas amostradas neste estudo, à semelhança do observado por outros autores (Lima *et al* 2002). Uma das hipóteses para entender a estrutura genética baseada nas regiões geográficas de coleta pode ser atribuída ao hábito migratório

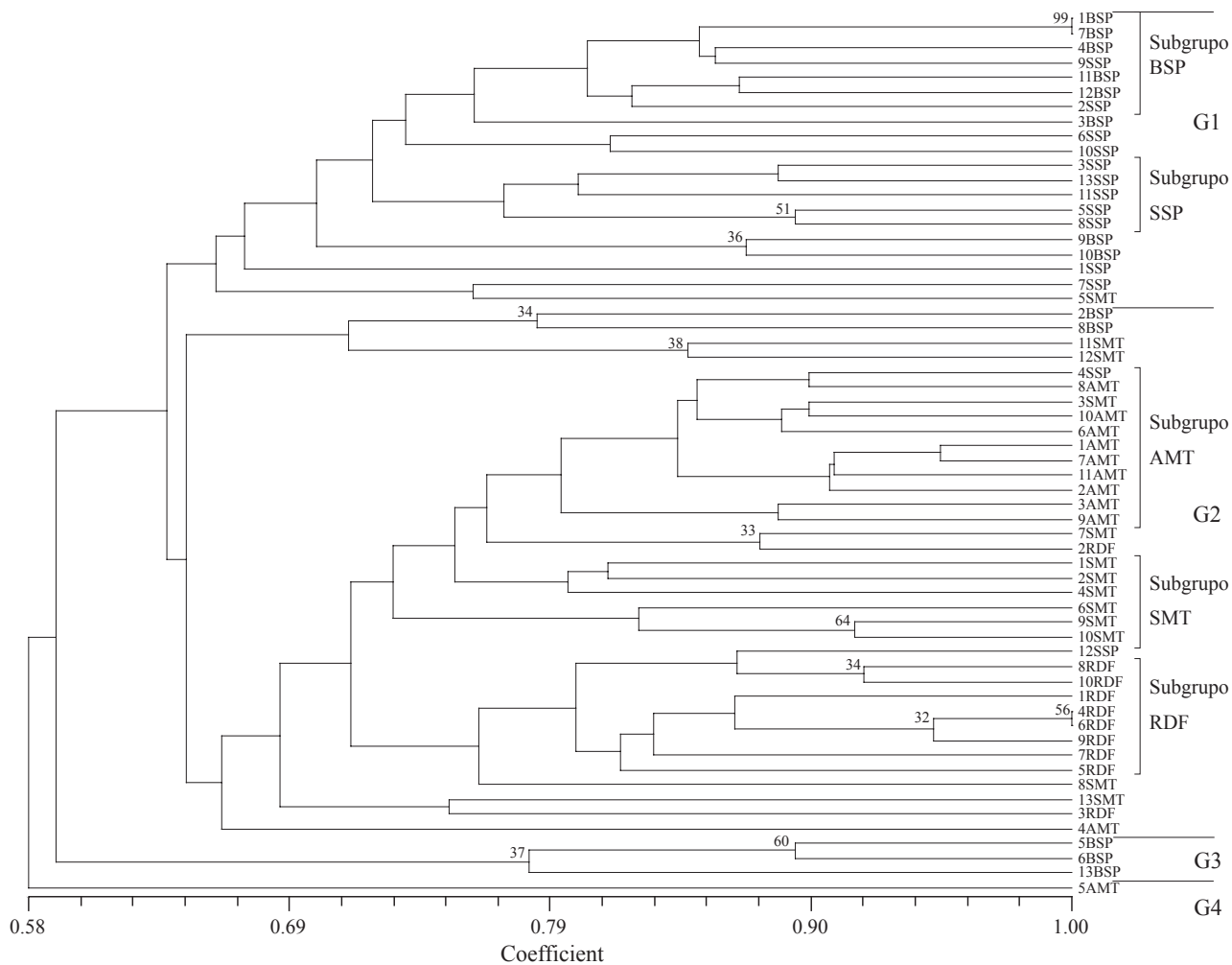


Fig 1 Dendrograma representando a diversidade genética observada em *Bemisia tabaci* de diferentes locais e culturas no Brasil, obtido a partir do índice de similaridade de Jaccard. SSP indivíduos de *B. tabaci* coletados em soja (SP), SMT em soja (MT), AMT em algodão (MT), BSP em batata (SP) e RDF em repolho (DF).

do inseto, que, por sua vez, é consequência de fatores como a deterioração da cultura atacada e/ou a direção do vento, o que os faz migrar para outros campos de cultivos (Villas Bôas et al 1997). Segundo Byrne (1999), o maior relato de

voo a longa distância por *B. tabaci* foi de 7 km, de maneira passiva, numa corrente de ar. Voos desse tipo facilitam a migração de populações para locais distantes e a consequente colonização de várias outras culturas; assim, pode ocorrer

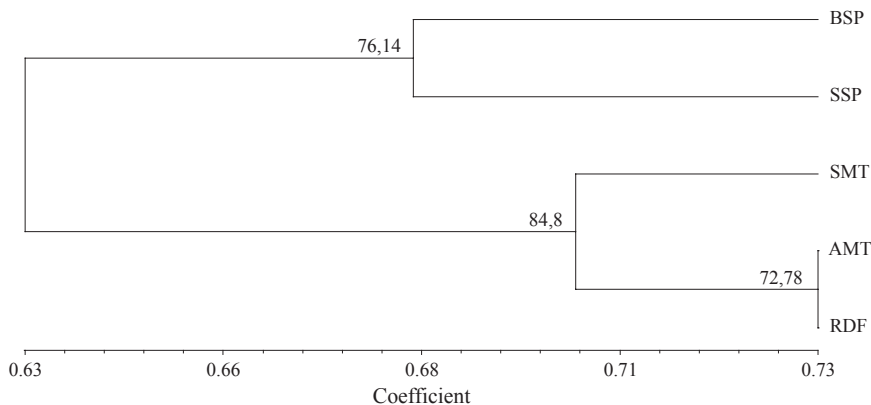


Fig 2 Dendrograma representando a diversidade genética das populações analisadas em conjunto, observada em *Bemisia tabaci*, de diferentes locais e culturas no Brasil, obtido a partir da média do índice de similaridade de Jaccard em SSP, SMT, AMT, BSP e RDF.

fluxo gênico entre as populações, mesmo que elas não estejam tão próximas entre si. Esse parece ser o caso de AMT/SMT e RDF. Apesar da distância existente entre Rondonópolis e Distrito Federal, a facilidade de migração do inseto entre os dois locais provavelmente é maior que do que entre eles e Campinas, uma vez que a região Centro-Oeste é de geografia plana, sem obstáculos que possam inibir tal migração. Isso não ocorre em direção ao estado de São Paulo, pois a Serra da Mantiqueira pode servir de barreira, atuando como fator de divisão dessas populações. Outras explicações para essa clusterização heterogênea podem ser as diferenças entre fatores nutricionais e comportamentais (Lima *et al* 2002) ou o modo de introdução do biótipo B, que pode ter se dado de forma dispersa, e não por uma única população fundadora (Lourenção & Nagai 1994).

Mesmo com a possível ocorrência de migração entre insetos de culturas e regiões próximas, assim como discutido anteriormente, a similaridade média intrapopulacional encontrada foi mais elevada do que a média geral. De acordo com De Barro (2005), isso pode ser devido ao aumento de endocruzamentos na população, o que pode levar à diminuição da variabilidade genética, gerando indivíduos geneticamente mais parecidos.

Um dos objetivos do estudo foi caracterizar insetos de *B. tabaci* ocorrendo em lavouras antes não atacadas, como a cultura da batata, com suspeita de não pertencerem ao biótipo B. Os indivíduos coletados na cultura da batata, no município de Monte Mor (SP), foram em grande parte agrupados com a população SSP. Em outras palavras, a população BSP é geneticamente próxima de SSP e, nesse caso, seria mais provável supor que os insetos que ocorrem na cultura da batata seriam procedentes da cultura da soja. Considerando que a ocorrência da mosca-branca na cultura da batata é relativamente recente, era de se esperar menor divergência genética entre os insetos dessa cultura, o que não ocorreu. Por outro lado, a evidência de alta divergência genética na população BSP poderia ser explicada pela ausência de estrutura genética na população de *B. tabaci* ocorrendo na cultura da soja do estado de São Paulo. Nesse caso, os indivíduos da cultura da soja que, eventualmente, teriam migrado para a cultura da batata, teriam diversidade alélica relativamente alta em relação à população original.

A grande similaridade genética entre BSP e SSP, observada tanto no dendrograma com todos os indivíduos quanto no de populações, enfraquece a hipótese de que *B. tabaci* em batata possa representar um novo biótipo, dado que sua presença nessa cultura, nos níveis atuais de infestação, é relativamente recente. Além disso, como SSP pertence ao biótipo B, como confirmado pelo teste de prateamento, é mais provável que os insetos da população BSP pertençam ao mesmo biótipo. Porém, estudos abrangendo culturas de batata de outras regiões do Brasil, com maiores amostragens populacionais e outros tipos de marcadores moleculares e testes de prateamento, poderiam elucidar melhor a questão.

Como principais inferências, destacam-se alguns aspectos sobre o estudo genético das populações de *B. tabaci*: existe importante divergência genética entre as populações coletadas e dentro delas; a estruturação da diversidade deu-se em função das regiões de coleta (Sudeste

e Centro-Oeste); e, por fim, a grande similaridade genética observada entre BSP e SSP sugere que ambas as populações sejam pertencentes ao biótipo B e reforça o comportamento polífago do inseto.

## Agradecimentos

À Dra. Geni Litvin Villas Bôas, pelo fornecimento das moscas-brancas do Distrito Federal, à Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela bolsa concedida ao primeiro autor e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de produtividade em pesquisa concedida ao terceiro autor.

## Referências

- Abdullahi I, Winter S, Atiri G I, Thottappilly G (2003) Molecular characterization of whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) populations infesting cassava. Bull Entomol Res 93: 97-106.
- Bondar G (1928) Aleyrodídeos do Brasil. Bolm Lab Path veg Est Bahia 5: 1-37.
- Brown, J K (2000) Molecular markers for the identification and global tracking of whitefly vector-begomovirus complexes. Virus Res 71: 233-260.
- Brown J K, Frohlich D R, Rosell R C (1995) The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex? Annu Rev Entomol 40: 511-534.
- Byrne D N (1999) Migration and dispersal by the sweet potato whitefly, *Bemisia tabaci*. Agric For Meteorol 97: 309-316.
- Byrne D N, Bellows Jr T S (1991) Whitefly biology. Annu Rev Entomol 36: 431-457.
- Cervera M T, Cabezas J A, Simon B, Martinez Zapater J M, Beitia F, Cenis J L (2000) Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. Bull Entomol Res 90: 91-396.
- Costa H S, Brown J K (1991) Variation in biological characteristics and esterase patterns among populations of *Bemisia tabaci*, and the association of one population with silverleaf symptom. Entomol Exp Appl 61: 211-219.
- Costa A S, Costa C L, Sauer H F G (1973) Surto de mosca-branca em culturas do Paraná e São Paulo. An Soc Entomol Brasil 2: 20-30.
- De Barro P J (2005) Genetic structure of the whitefly *Bemisia tabaci* in the Asian-Pacific region revealed using microsatellite markers. Mol Ecol 14: 3695-3718.
- De Barro P J, Driver F, Trueman J W H, Curran J (2000) Phylogenetic relationship of world populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) using ribosomal ITS1. Mol Phylogen Evol 16: 29-36.
- Excoffier L, Smouse P, Quattro J (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-491.

- Ferreira L T, Avidos M F D (1998) Mosca-branca: presença indesejável no Brasil. *Biotechnol Ciênc Desenv* 4: 22-26.
- Ferreira M E, Grattapaglia D (1996) Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Brasília, EMBRAPA – CENARGEN, 220p.
- França F H, Bôas G L V, Branco M C (1996) Ocorrência de *Bemisia argentifolii* Bellows & Perring (Homoptera: Aleyrodidae) no Distrito Federal. *An Soc Entomol Brasil* 25: 369-372.
- Frohlich D R, Torres-Jerez I., Bedford I D, Markham P G, Brown J K (1999) A phylogeographical analysis of the *Bemisia tabaci* species complex based on mitochondrial DNA markers. *Mol Entomol* 8: 1683-1691.
- Gallo D, Nakano O, Silveira N S, Carvalho R P L, Baptista G C, Berti F E, Parra J R P, Zucchi R A, Alves S B, Vendramim J D, Marchini L C, Lopes J R S, Omoto C (2002) *Entomologia Agrícola*. Piracicaba, FEALQ, 920p.
- Gerling D (2002) Una reinterpretación sobre las moscas blancas. *Man Integr Plagas* 63: 13-21.
- Guirao P, Beitia F, Cenis J L (1997) Biotype determination in Spanish populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera:Aleyrodidae). *Bull Entomol Res* 87: 587-593.
- Haji F N P, Lima M F, Alencar J A, Prezotti L (1996) Mosca-branca: nova praga na região do submédio São Francisco. *Hortic Bras* 14: 88.
- Horowitz A R, Denholm I, Gorman K, Cenis J L, Kontsedalov S, Ishaaya I (2003) Biotype Q of *Bemisia tabaci* Identified in Israel. *Phytoparasitica* 31: 94-98.
- Lima L H C, Campos L, Moretzsohn M C, Návia D, Oliveira M R V (2002) Genetic diversity of *Bemisia tabaci* (Genn.) populations in Brazil revealed by RAPD markers. *Genet Mol Biol* 25: 217-223.
- Lourenção A L, Nagai H (1994) Surtos populacionais de *Bemisia tabaci* no estado de São Paulo. *Bragantia* 53: 53-59.
- Lourenção A L, Sousa-Dias J A C, Fugi C G Q (2003) Mosca-branca: superpraga da agricultura mundial ameaça a bataticultura brasileira. *Batata Show* 6: 7-8.
- Lyn M K, Schall B (1989) Ribosomal-DNA variation and distribution in *Rudbeckia missouriensis*. *Evolution* 45: 1117-1119.
- Mound L A, Halsey S H (1978) Whitefly of the world: a systematic catalogue of the Aleyrodidae (Homoptera) with host plant and natural enemy data. London British Museum (Natural History); Chichester, John Wiley & Sons, 340p.
- Perring T M (2001) The *Bemisia tabaci* species complex. *Crop Prot* 20: 725-737 .
- Perring T M, Cooper A D, Rodrigez R J, Farrar C A, Bellows Jr T S (1993) Identification of a whitefly species by genomic and behavioral studies. *Science* 259: 74-77.
- Simón B, Cenis J L, De La Rúa P (2007) Distribution patterns of the Q and B biotypes of *Bemisia tabaci* in the Mediterranean Basin based on microsatellite variation. *Entomol Exp Appl* 3: 327-336.
- Sneath P H A, Sokal R R (1973) Numerical taxonomy. San Francisco, W.F. Freeman, 573p.
- Villas Bôas G L, França F H, Ávila A C, Bezerra I C (1997) Manejo integrado da mosca-branca *Bemisia argentifolii*. Brasília, EMBRAPA-CNPH, 11p.

Received 13/X/08. Accepted 04/I/10.