

**Análise da Variabilidade Genética de  
Biótipos de *Bemisia tabaci* (Hemiptera:  
Aleyrodidae) Ocorrendo no Brasil.**



# **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 178**

## **Análise da Variabilidade Genética de Biótipos de *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) Ocorrendo no Brasil**

Paulo Roberto Queiroz  
Wendel Neiva Martins Lago  
Maria de Nazaré Klautau Guimarães  
Dulce Maria Sucena da Rocha  
Maria Regina Vilarinho de Oliveira  
Luzia Helena Corrêa Lima

*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia*  
Brasília, DF  
2007

Exemplares desta edição podem ser adquiridos na

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia  
Serviço de Atendimento ao Cidadão  
Parque Estação Biológica, Av. W/5 Norte (Final) –  
Brasília, DF CEP 70770-900 – Caixa Postal 02372 PABX: (61) 448-4600 Fax: (61) 340-3624  
<http://www.cenargen.embrapa.br>  
e.mail:sac@cenargen.embrapa.br

Comitê de Publicações

Presidente: *Sergio Mauro Folle*  
Secretário-Executivo: *Maria da Graça Simões Pires Negrão*  
Membros: *Arthur da Silva Marante*  
*Maria de Fátima Batista*  
*Maurício Machain Franco*  
*Regina Maria Dechechi Carneiro*  
*Sueli Correa Marques de Mello*  
*Vera Tavares de Campos Carneiro*  
Supervisor editorial: *Maria da Graça S. P. Negrão*  
Normalização Bibliográfica: *Maria Iara Pereira Machado*  
Editoração eletrônica: *Maria da Graça Simões Pires Negrão*

1ª edição

1ª impressão (2007):

**Todos os direitos reservados**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**  
**Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**

A 532 Análise da variabilidade genética de biótipos de *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) ocorrendo no Brasil / Paulo Roberto Queiroz ... [et al.]. -- Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007.  
25 p. -- (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1676 - 1340; 178).

1. *Bemisia tabaci* - RAPD - marcador molecular. I. Queiroz, Paulo Roberto. II. Série.

631.5233 - CDD 21.

# Análise da Variabilidade Genética de Biótipos de *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) Ocorrendo no Brasil

---

Paulo Roberto Queiroz<sup>1</sup>  
Wendel Neiva Martins Lago<sup>2</sup>  
Maria de Nazaré Klautau Guimarães<sup>3</sup>  
Dulce Maria Sucena da Rocha<sup>4</sup>  
Maria Regina Vilarinho de Oliveira<sup>5</sup>  
Luzia Helena Corrêa Lima<sup>6</sup>

## Resumo

Desde o seu primeiro relato por Gennadius, as moscas-brancas do gênero *Bemisia* passaram a constar da lista de insetos de grande importância agro-econômica, como uma das pragas mais prejudiciais da agricultura contemporânea. Uma alternativa para o monitoramento da praga é a prevenção por meio da identificação rápida do inseto na planta hospedeira. A identificação foi feita tanto pelos caracteres morfológicos quanto moleculares, devido à dificuldade de distinção entre os vários biótipos. Inicialmente, procedeu-se à identificação molecular das amostras coletadas utilizando-se marcadores RAPD. Foram encontrados e identificados os biótipos, A, BR e B, em várias culturas e localidades do Brasil. Das amostras analisadas, observou-se uma população que apresentou perfil molecular não relacionado aos padrões de marcadores de RAPD já conhecidos. Além disso, foram observadas diferenças nos perfis de marcadores entre as populações analisadas. A partir das análises de variância molecular (AMOVA) observou-se que a maior fonte de variação genética era proveniente da variabilidade entre as populações. Essas informações sugerem que as diferenças entre os grupos possam ser devidas a fatores relacionados com a disponibilidade da dieta, presença de predadores e com a aplicação de produtos químicos que podem atuar selecionando grupos com perfis genéticos ligeiramente diferentes, dentro de um dado biótipo de *B. tabaci*. Soma-se ainda a essa variação, a estratégia reprodutiva adotada pela espécie, uma vez que, a partenogênese arrenótoca é a forma de reprodução preferencial para manter os genes nas populações desse inseto. Em função dessa demanda, se faz necessário o estabelecimento de

---

<sup>1</sup> Professor, Pesquisador Dr., da Faculdade de Ciências da Saúde, do Centro Universitário de Brasília – UniCEUB. CEP 70.000-000, Brasília, DF. E.mail: [queiroz@cenargen.embrapa.br](mailto:queiroz@cenargen.embrapa.br)

<sup>2</sup> Engenheiro Agrônomo, formado pela Faculdade de Agronomia da Universidade de Brasília.

<sup>3</sup> Professora, Pesquisadora Dra., do Departamento de Genética e Morfologia do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília, CEP. 70.910-900, Brasília, DF. E.mail: [nklautau@unb.br](mailto:nklautau@unb.br)

<sup>4</sup> Professora, Pesquisadora Dra., da Faculdade da Universidade de Brasília, Planaltina (FUP) CEP. 73.300-000, Brasília, DF. E.mail: [dmsrocha@unb.br](mailto:dmsrocha@unb.br)

<sup>5</sup> Pesquisadora Dra., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Cx. Postal 02372, CEP 70.849-970, Brasília, DF. E.mail: [vilarin@cenargen.embrapa.br](mailto:vilarin@cenargen.embrapa.br)

<sup>6</sup> Pesquisadora Dra. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Cx. Postal 02372, CEP 70.849-970, Brasília, DF. E.mail: [luzia@cenargen.embrapa.br](mailto:luzia@cenargen.embrapa.br)

estratégias baseadas em DNA, para o desenvolvimento de um método mais preciso de identificação de biótipos.

Termos para a indexação: *Bemisia tabaci*; RAPD; Marcador Molecular.

## Abstract

Gennadius wrote the first report about the whitefly of the genus *Bemisia*, and since then, it started to belong of the list of insects of great importance in economical agriculture, as one of the most harmful pests of the nowadays agriculture. An alternative to control the pest is the fast identification of the insect in the host plant. The identification was made by the morphologic and molecular characters, due to the difficulty in distinguishing between the several biotypes and the morphologic similarity. Prior to the work of genetic variability, molecular identification of the collected samples was performed, using RAPD markers. The biotypes A, BR and B, found and identified in several crops and in different places of Brazil. In one of the analyzed samples it was observed that the molecular profile was not related to the patterns of RAPD markers already known. Besides, differences were observed in the markers profiles among the analyzed populations. From the analyses of molecular variance (AMOVA) it was observed that the largest source of genetic variation originated from the variability among the populations. This information suggests that the differences among the groups can be due to factors related with the insect diet, presence of predators and with the application of chemical products that could act in selecting groups with different genetic profiles, inside the biotypes of *B. tabaci*. It is still added, to this variation, the reproductive strategy adopted by the species, the parthenogenesis, which is the preferential form of reproduction to maintain the genes in the populations of this insect. In function of that demand, it is necessary the establishment of strategies based on DNA, for the development of an accurate method of biotypes identification.

Index terms: *Bemisia tabaci*; RAPD; Molecular Markers.

## Introdução

A mosca-branca da batata doce (*Bemisia tabaci*) também conhecida como a mosca-branca do algodão, da mandioca e do fumo foi descrita pela primeira vez por Gennadius, na Grécia em 1889, como *Aleyrodes tabaci* (GENNADIUS, 1889). A introdução e o estabelecimento dessa praga nos continentes americano, asiático, africano e ilhas do Oceano Pacífico nos 50 anos subseqüentes ao seu primeiro relato, levaram a uma confusão taxonômica, resultando em 23 sinonímias para a espécie. Desde a sua primeira descrição, a mosca-branca recebeu inúmeras designações, sendo que Takahashi (1936) e Russell (1957) reagruparam essas sinonímias dentro da espécie *B. tabaci* de acordo com as descrições morfológicas citadas para essa espécie (PERRING, 2001). Posteriormente, Mound e Halsey (1978) resumiram essas informações a partir das sinonímias, ano de detecção, região geográfica e plantas hospedeiras associadas.

A partir do seu primeiro relato por Gennadius, as moscas brancas do gênero *Bemisia* passaram a constar da lista de insetos de grande importância agro-econômica, como as pragas mais prejudiciais da agricultura contemporânea (BYRNE e BELLOWS, 1991).

Os danos são causados pelos adultos e ninfas tanto diretamente, atuando como pragas, provocando debilidades e desordens fitotóxicas às plantas, quanto indiretamente, atuando como vetores de fitovíroses, destacando-se o grupo dos geminivírus (BROWN e BIRD, 1992; OLIVEIRA et al., 1997).

No início da década de 1990, populações de *B. tabaci* foram relatadas por Melo (1992) na região de Campinas (SP), ocorrendo sobre tomate (*Lycopersicon esculentum*), detectando-se inclusive o amadurecimento irregular dos frutos. As características descritas levaram a suspeita de que o biótipo B de *B. tabaci*, até então ocorrendo em outros países das Américas, havia finalmente entrado no país. A introdução inadvertida da praga, provavelmente ocorreu por meio do trânsito internacional de passageiros ou pelo comércio internacional de plantas ornamentais (LIMA et al., 1992).

Em maio de 1992, em propriedade de 12 ha cultivados em casas de vegetação no município de Holambra (SP), Lima et al. (1992) avaliaram moscas brancas que causavam altas infestações sobre *Chrysanthemum* spp. e determinaram que estas infestações atingiam todas as fases de crescimento da planta hospedeira, fato até então não registrado no Brasil. Na oportunidade, adultos de *B. tabaci* foram coletados para determinação dos padrões eletroforéticos de isoenzimas  $\alpha$  e  $\beta$  esterases, na tentativa de encontrar marcadores moleculares que pudessem auxiliar na identificação do biótipo B, atualmente no país (LIMA et al., 1992; OLIVEIRA e LIMA 1997).

Em estudos realizados em 1998, adultos de *B. tabaci* foram coletados em Limoeiro do Norte (CE) e nas colônias de criação da mosca-branca da Embrapa Recursos Genéticos e

Biotecnologia, em Brasília (DF), onde observou-se que os padrões eletroforéticos eram idênticos aos da população coletada em crisântemo, proveniente da região de Campinas (SP), indicando que no período de seis anos o biótipo B havia dispersado para outras regiões do país (OLIVEIRA et al., 1998; LIMA et al., 2001).

Lourenção e Nagai (1994), por volta de 1992, também observaram este biótipo no estado de São Paulo em culturas de tomate (*L. esculentum*), plantas invasoras (*Sida rhombifolia*, *Ipomoea acuminata*, *Sonchus oleraceus* e *Solanum viarum*) e plantas ornamentais (*Cucumis* spp., *Brassica* spp., *S. melongena* e *G. hirsutum*).

Uma hipótese sugerida para a dispersão do biótipo B de *B. tabaci* em várias regiões do Brasil, é que esta pode ter ocorrido, gradualmente, pela distribuição e transporte de plantas ornamentais e à adaptabilidade dos indivíduos, tanto a diferentes temperaturas quanto a resistência aos pesticidas (OLIVEIRA et al., 1998; LIMA et al., 2002). Desde então, a dispersão das populações de *B. tabaci* ocorreu de forma muito rápida, o que ocasionou, em 2001, a presença do biótipo B em 23 dos 26 estados da federação e no Distrito Federal (LIMA et al., 2001).

Este fato foi mais acentuado na região nordeste, que se caracteriza por apresentar um clima tropical seco com estação úmida curta, alta luminosidade e calor constante, condições ideais para a ocorrência de um surto populacional expressivo do inseto. Em todas as áreas de cultivo dessa região, foi detectada a presença do biótipo B, principalmente em culturas de tomate, melão, melancia e algodão (LIMA et al., 2000). Lima et al. (2000) distinguiram os biótipos B e BR por perfis de amplificação de RAPD (DNA polimórfico amplificado ao acaso), correlacionando à distribuição de populações dentro do biótipo B em função do tipo da planta hospedeira. Em todos os trabalhos utilizando-se a técnica de RAPD fica evidente que os perfis de marcadores indicam à existência de vários biótipos, como também, a variação intrapopulacional Gawel e Bartlett (1993); De Barro e Driver (1997); Guirao et al. (1997) e Lima et al. (1999; 2000; 2002). De acordo com Mound (1983), as espécies quando introduzidas em novas áreas levam consigo apenas parte de seu material genético viável, podendo ser uma das explicações plausíveis para o surgimento de biótipos nas populações de *B. tabaci*. À medida que populações de mosca-branca foram sendo introduzidas em novas áreas geográficas ou diferentes locais dentro de um país, novos fatos foram relatados quanto a comportamentos mais agressivos da espécie. Diferenças entre as populações de *B. tabaci* tem sido um assunto polêmico e reconhecido como a existência de vários biótipos ou simplesmente uma espécie-complexo (BROWN et al., 1995; PERRING, 2001).



## Objetivos

Os objetivos foram identificar e caracterizar as populações de *B. tabaci* coletadas em várias culturas e localidades do Brasil, utilizando-se os marcadores de RAPD.

## Material e Métodos

### Manutenção das amostras de populações de *B. tabaci*

Adultos de várias populações de *B. tabaci* foram identificados segundo critérios morfológicos adotados internacionalmente e mantidos em etanol 70 % a – 20 ° C para posterior análise molecular.

### Obtenção de DNA a partir de *Bemisia tabaci*

Para a análise por RAPD, o DNA foi obtido macerando-se fêmeas adultas e individualizadas de cada amostra em 60µL de tampão de extração (Tris-HCl 10mM pH8; EDTA 1mM; Triton X-100; proteinase K 60 µg.mL<sup>-1</sup>). O macerado foi incubado por 15min a 65°C, seguindo-se de fervura durante 10min. O homogenato final foi armazenado a – 20 °C até o momento do uso.

### Reação de RAPD

As reações de amplificação foram realizadas em 30µL de uma mistura contendo 24,9µL de água milliQ autoclavada, 3,0µL de tampão 10X (Tris-HCl 60mM pH8,8, KCl 500mM e MgCl<sub>2</sub> 20mM, Amersham, CA, USA), 1,2µL de um *primer* de seqüência aleatória (Operon Technologies, Inc.) na concentração de 10µM (Tabela 1), 0,6µL de dNTP 10mM, 0,3µL de *Taq* DNA polimerase na concentração de 1U.µL<sup>-1</sup> (Amersham, CA, USA) e 4µL de DNA (20ng).

### *Primers* de RAPD usados nas análises moleculares

Para a obtenção dos perfis de marcadores moleculares das populações de insetos analisadas nesse trabalho, foram utilizados vários *primers* (Operon Technologies, Inc.) decaméricos de composição aleatória de nucleotídeos (Tabela 1).

Tabela 1 – *Primers* de RAPD utilizados na determinação dos perfis eletroforéticos das diversas populações de insetos submetidas à análise molecular.

<i>Primer</i>	Seqüência 5' → 3'
OPA-02	TGCCGAGCTG
OPA-03	AGTCAGCCAC
OPA-04	AATCGGGCTG
OPA-05	AGGGGTCTTG
OPA-10	GTGATCGCAG
OPA-11	CAATCGCCGT
OPA-13	CAGCACCCAC
OPA-15	TTCCGAACCC
OPA-17	GACCGCTTGT
OPA-20	GTTGCGATCC
OPR-06	GTCTACGGCA
OPR-07	ACTGGCCTGA

#### Condições de amplificação por RAPD

As amplificações foram efetuadas em termociclador (PTC-100 MJ Research) com uma etapa inicial de desnaturação de 3 min a 94°C, programado para 45 ciclos de desnaturação de 1 min a 93°C, anelamento por 1 min a 35°C e extensão por 2 min a 72°C e uma etapa final de extensão de 5 min a 72°C.

#### Procedimento padrão para a identificação molecular de insetos

A identificação molecular dos biótipos de mosca-branca e demais aleirodódeos (coleção biológica de referência de insetos e ácaros da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia) foi feita utilizando-se os *primers* OPA-04, OPA-10, OPA-11 e OPA-13, os quais foram utilizados como padrão por apresentarem variação nos perfis de fragmentos de DNA entre as populações de insetos analisados (LIMA et al., 2000).

#### Variação molecular utilizando marcadores RAPD

As análises de variabilidade genética utilizando RAPD foram realizadas em diferentes parâmetros, tais como, cultura, região geográfica, espécies e biótipos. Nesse sentido, foram feitas comparações com populações de *B. tabaci* de outros países e com populações de diferentes localidades dentro do Brasil.

#### Análise de populações de mosca-branca em diferentes culturas no Brasil

Para as análises de variabilidade genética foram utilizados cinco indivíduos pertencentes a populações de *B. tabaci* que foram coletadas em culturas dos Estados Unidos, como também em culturas estabelecidas em várias localidades do Brasil (Tabela 2), com os *primers* OPA-02, OPA-03, OPA-05, OPA-10, OPA-11, OPA-13, OPA-15, OPA-20, OPR-06 e OPR-07.

**Tabela 2** – Populações de *B. tabaci* coletadas em várias regiões do Brasil e utilizadas nos estudos de variabilidade genética.

Região	Código	Procedência	Cultura
Análise 1 Cento-Oeste Nordeste Sudeste USA	61	Riverside – CA - USA	Melão
	62	Riverside – CA - USA	Melão
	23	Janaúba - MG	Algodão
	60	Recife - PE	Malva
	81	Campo Grande - MS	Leguminosa Forrageira
	106	Miguelópolis - SP	Soja
	119	Limoeiro do Norte - CE	Feijão
	179	Tibau - RN	Tomate
	194	Cambucí - RJ	Pepino
	226	Brasília - DF	Algodão
	8	Aracati - CE	Melão
	15	Boa Vista - RR	Melão

Região	Código	Procedência	Cultura
	138	Viçosa - MG	Soja
	151	Campos de Goytacazes - RJ	Couve
	158.5	Recife - PE	Couve
	168	Buritis - GO	Feijão
	184	Park Branco - RN	Melão
	222	Juazeiro - BA	Melancia
	233.1	Mogi Mirim - SP	Algodão
	240	Itiquira - MT	Algodão

#### Análise por eletroforese dos fragmentos de DNA gerados por RAPD

Os produtos de amplificação originários das reações de RAPD foram separados em gel de agarose 1,5%, submersos em tampão TBE 1X (Tris-borato 90mM e EDTA 1mM) durante 3h a 160V. Ao término da corrida, os géis foram corados por 30 min em uma solução corante contendo brometo de etídio ( $5 \mu\text{g.mL}^{-1}$ ), descorados por 30 min em água destilada e fotografados sob luz ultravioleta no comprimento de onda de 300 nm. A documentação fotográfica foi feita usando-se o sistema EagleEye II still video system™ (Stratagene). Em todos os géis, marcadores de massa molecular (100bp Ladder - INVITROGEN) foram usados para a determinação da massa molecular dos fragmentos amplificados pela técnica de RAPD.

#### Análise dos dados

As fotos das amplificações realizadas com os *primers* selecionados foram usadas para a análise do polimorfismo entre os indivíduos da população. As bandas presentes nos géis foram consideradas como marcadores RAPD. Foi gerada então uma matriz de similaridade levando-se em consideração as relações entre indivíduos, *primers* e massas moleculares das bandas obtidas com um dado *primer*. Utilizou-se o valor 1 para a presença de um marcador e 0 para a ausência. No caso de dúvida o número 9 foi usado como padrão. A seguir, a planilha obtida foi submetida a um programa de análise estatística multivariada para a determinação das distâncias genéticas entre os indivíduos. A matriz de similaridade foi obtida por meio do coeficiente de Jaccard (SNEATH e SOKAL, 1973) e que, por meio da análise por UPGMA (unweighted pair-group method analysis), produziu um dendrograma que evidenciou o agrupamento dos indivíduos, utilizando-se o programa NTSYS (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System) versão 2.02 pc (RHOLF, 1993).

A seguir, os valores obtidos e tabelados em uma planilha foram submetidos à análise de variância molecular (AMOVA) para a determinação estatística das possíveis origens das variabilidades encontradas nas populações pela aplicação de algoritmos específicos pelo programa Arlequin ver. 2000 (SCHNEIDER et al., 2000).

## Resultados e Discussão

Análise da variabilidade genética de populações de mosca-branca presentes no Brasil

Anteriormente aos trabalhos de variabilidade genética, procedeu-se à identificação molecular das 240 amostras coletadas para a determinação dos biótipos de mosca-branca. Das 10 populações analisadas observou-se que, sete coletadas no Brasil pertenciam ao biótipo B e uma correspondia ao biótipo BR de *B. tabaci*. Observou-se também que uma população de *B. tabaci* apresentou perfil molecular não relacionado aos padrões de marcadores de RAPD já conhecidos (Tabela 3).

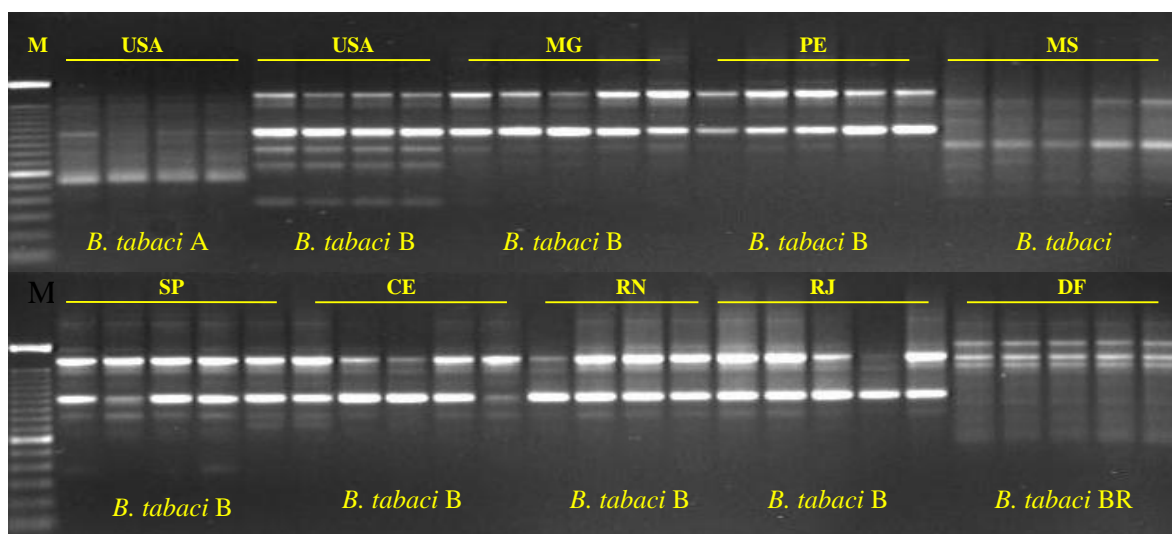
Tabela 3 – Populações de *B. tabaci* coletadas em culturas de várias regiões do Brasil usadas nos estudos de variabilidade genética.

Localidade	Cultura	Biótipo de <i>B. tabaci</i>
Riverside – CA – USA <sup>1</sup>	Melão	<i>Biótipo B</i>
Riverside – CA – USA <sup>2</sup>	Melão	<i>Biótipo A</i>
Janaúba – MG	Algodão	<i>Biótipo B</i>
Recife – PE	<i>Malva</i>	<i>Biótipo B</i>
Miguelópolis – SP	<i>Soja</i>	<i>Biótipo B</i>
Limoeiro do Norte – CE	<i>Feijão</i>	<i>Biótipo B</i>
Tibau – RN	<i>Tomate</i>	<i>Biótipo B</i>
Cambucí – RJ	<i>Pepino</i>	<i>Biótipo B</i>
Campo Grande – MS	<i>Leguminosa Forrageira</i>	<i>Não Identificado</i>
Brasília – DF	<i>Algodão</i>	<i>Biótipo BR</i>

1 Biótipo B e A de *B. tabaci* usado como padrão de comparação;

2 Biótipo BR de *B. tabaci* usado como padrão de comparação.

A partir das informações geradas pelos perfis de marcadores de RAPD, realizou-se um estudo de caracterização molecular de populações provenientes de várias culturas coletadas nas regiões nordeste, centro-oeste e sudeste do Brasil, como também dos Estados Unidos, para efeitos de comparação. Submetendo-se o DNA dos indivíduos das dez populações de mosca-branca ao procedimento de RAPD com dez *primers* decaméricos, foram observadas diferenças nos perfis de marcadores entre as várias amostras analisadas (Figura 1).

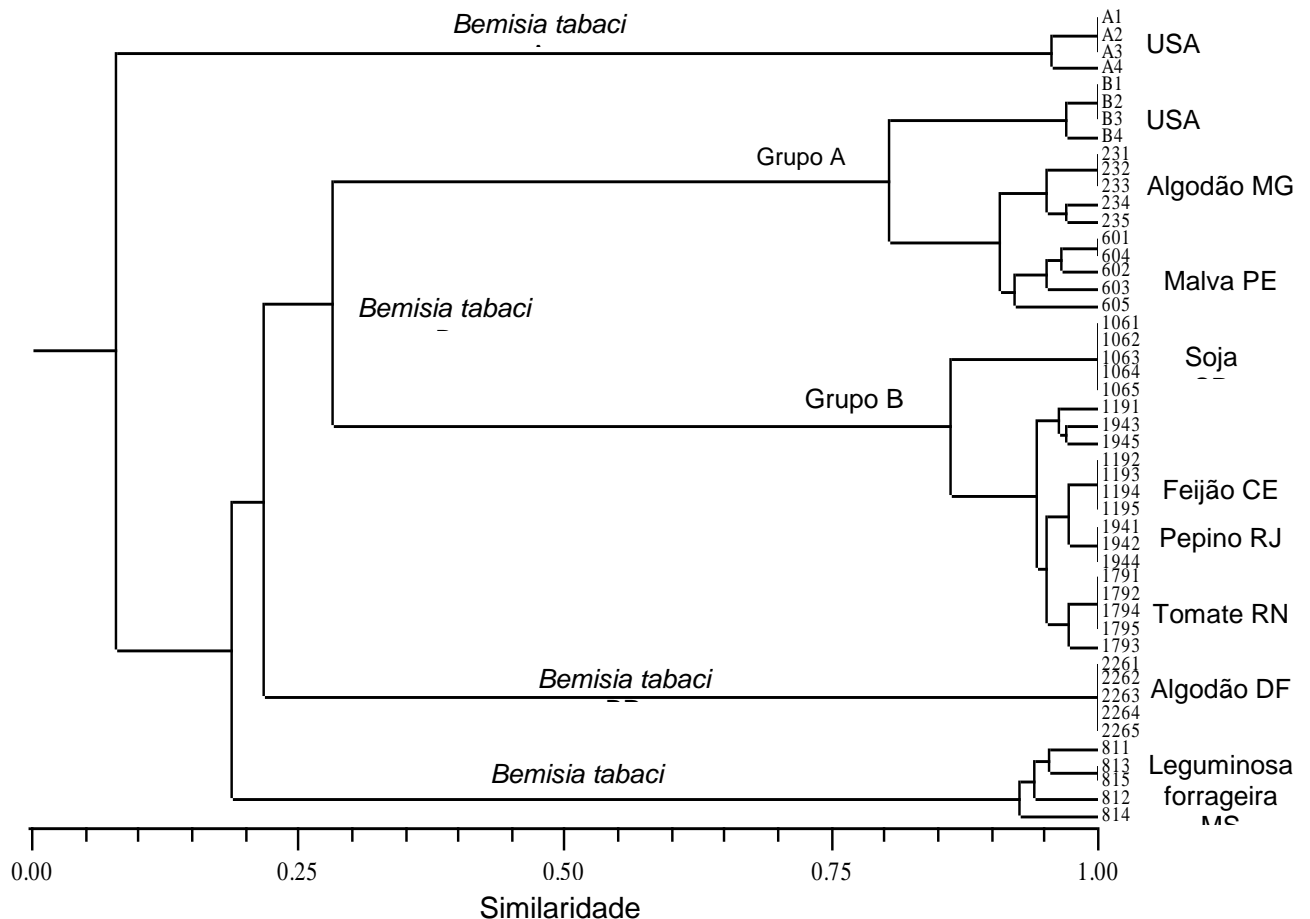


**Figura 1** - Análise dos fragmentos de DNA obtidos com o *primer* OPA-13. A letra M indica o marcador de massa molecular 100 pb ladder. A barra indica o número de indivíduos analisados para cada população. Os códigos acima das barras indicam a origem de coleta das populações de mosca-branca.

A análise dos marcadores moleculares produzidos pelo *primer* OPA-13 para o biótipo B de *B. tabaci* permitiu identificar dois distintos sinais de amplificação de 1050 pb e de 1700 pb em todas as amostras. Entretanto, para a amostra do biótipo B proveniente dos EUA, observou-se perfil de bandas na faixa de 300 pb a 1700 pb. As bandas de 300 a 900 pb não são identificáveis nas amostras originárias do Brasil. O biótipo A dos EUA produziu um perfil diferente de marcadores com uma banda de 550 pb característica. Perfil diferente também foi encontrado para o biótipo BR, produzindo um padrão de bandejamento na faixa de 1500 pb a 1800 pb. A população coletada em leguminosa forrageira no estado do Mato Grosso do Sul gerou um perfil de bandas não relacionado aos biótipos envolvidos no estudo.

A partir da variação nos perfis de bandas e da impossibilidade de correlação da população coletada em leguminosa forrageira com os demais biótipos de mosca-branca, utilizou-se os perfis de bandas de DNA produzidos pelos vários *primers* de RAPD pelas dez populações para a determinação do agrupamento destas por meio do programa NTSYS-pc (ROHLF, 1993). A

análise dos padrões de bandas das amostras de mosca-branca provenientes das regiões do Brasil e dos Estados Unidos permitiu organizar as populações em quatro agrupamentos principais (Figura 2).



**Figura 2** - Análise de agrupamento das populações de *B. tabaci* coletadas em diferentes culturas das regiões do Brasil e dos Estados Unidos. As letras indicam: A. biótipo A de *B. tabaci* proveniente dos Estados Unidos; B. biótipo B originário dos Estados Unidos; os números 23, 60, 106, 119, 179 e 194, indicam as populações de *B. tabaci* biótipo B coletado em diferentes culturas em vários estados do Brasil; 226, biótipo BR de mosca-branca; 81, População de *B. tabaci* não identificada.

O primeiro agrupamento foi constituído apenas pela população de mosca-branca biótipo A originária dos EUA, apresentando uma similaridade de 7% em relação aos demais grupos analisados. A segunda distribuição de populações foi relativa ao biótipo B de *B. tabaci*, apresentando dois grupos (A e B) com aproximadamente 30% de similaridade. Para o grupo A, observou-se que o biótipo B originário dos Estados Unidos apresentou similaridade de 80%

com as populações do Brasil coletadas em algodão e malva. Já as populações de mosca-branca coletadas em algodão e malva apresentaram uma relação filogenética mais próxima, em torno de 90%. O grupo B revelou que a população coletada em soja apresentou uma similaridade de 85% em relação às populações de feijão, pepino e tomate. Observou-se, também, que as populações encontradas em feijão e pepino apresentaram maior similaridade entre si (97%) do que em relação à população de tomate (95%). No terceiro agrupamento, identificou-se o biótipo BR, coletado em algodão, apresentando baixa similaridade (20%) em relação às populações de *B. tabaci* biótipo B do Brasil e Estados Unidos. O último agrupamento correspondeu à população coletada em leguminosa forrageira cujos marcadores não apresentaram correspondência com as marcas genéticas dos demais biótipos, sugerindo ser um grupo diverso em relação aos demais biótipos analisados nesse estudo.

Em função dos agrupamentos observados no dendrograma, procedeu-se a análise de variância molecular (AMOVA) para a identificação da variabilidade genética entre os grupos e dentro de cada população em estudo (Tabela 4).

**Tabela 4** – Análise de variância molecular (AMOVA) entre as populações coletadas em várias culturas e entre os indivíduos de uma mesma população.

	Algodão MG	Malva PE	Forrag. MS	Soja SP	Feijão CE	Tomate RN	Pepino RJ	Algodão DF
Algodão - MG	<b>0</b>	<b>62.50</b>	<b>99.10</b>	<b>98.40</b>	<b>98.12</b>	<b>98.37</b>	<b>97.24</b>	<b>99.18</b>
Malva – PE	37.50	<b>0</b>	<b>97.08</b>	<b>97.14</b>	<b>96.71</b>	<b>97.27</b>	<b>95.87</b>	<b>98.25</b>
Forrageira - MS	0.90	2.92	<b>0</b>	<b>98.82</b>	<b>98.68</b>	<b>98.80</b>	<b>97.79</b>	<b>99.40</b>
Soja – SP	1.60	2.86	1.18	<b>0</b>	<b>60.00</b>	<b>90.00</b>	<b>77.27</b>	<b>99.37</b>
Feijão – CE	1.88	3.29	1.32	40.00	<b>0</b>	<b>-25.00</b>	<b>-13.64</b>	<b>99.32</b>
Tomate – RN	1.63	2.73	1.20	10.00	125.00	<b>0</b>	<b>-13.64</b>	<b>99.36</b>
Pepino – RJ	2.76	4.13	2.21	22.73	113.64	113.64	<b>0</b>	<b>98.19</b>
Algodão - DF	0.82	1.75	0.60	0.63	0.68	0.64	1.81	<b>0</b>

Os números em negrito indicam a porcentagem de variação (%) entre as populações analisadas; Os números na parte inferior da tabela indicam a porcentagem de variação (%) dentro das populações em estudo.

Observou-se que a maior fonte de variação genética era proveniente da variabilidade entre as populações. A maioria da variação correspondeu a um intervalo de 96,71 % até 99,40 %. As exceções ficaram para as relações entre as populações coletadas em feijão-CE e soja-SP (60%), malva-PE e algodão-MG (62,5%) e pepino-RJ e soja-SP (77,27%).

Essas informações sugerem que as diferenças entre os grupos possam ser devidas a fatores relacionados com a disponibilidade da dieta, presença de predadores e com a aplicação de produtos químicos que podem atuar selecionando grupos com perfis genéticos ligeiramente diferentes dentro de um dado biótipo de *B. tabaci*. Soma-se ainda a essa variação dentro dos biótipos, a estratégia reprodutiva adotada pela espécie, uma vez que, a partenogênese arrenótoca é a forma de reprodução preferencial para manter os genes nas populações desse inseto. Essa estratégia é particularmente interessante para *B. tabaci* em virtude de esta espécie representar um grupo cosmopolita. A reprodução assexuada assegura o rápido



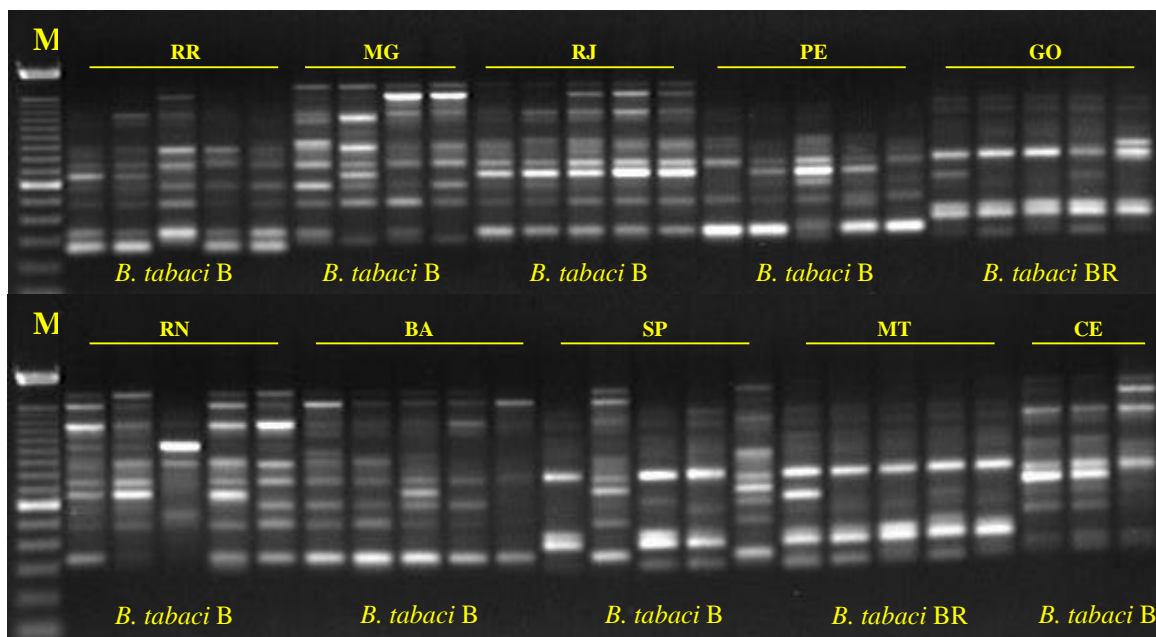
crescimento da população para a utilização rápida dos recursos disponíveis. Sob condições ainda desconhecidas, a reprodução sexuada é a forma alternativa para a geração de novas combinações genéticas com o intuito de superar alguma barreira seletiva como, por exemplo, a pressão provocada pelo uso de produtos químicos. Esses fatores podem ser os responsáveis pela variação dentro de um biótipo, refletindo as diferenças que são observadas no dendrograma. Além disso, pelas análises de variância molecular (AMOVA) excluiu-se a influência da localização geográfica como fator determinante na separação entre as populações de *B. tabaci* biótipo B.

Em função dos resultados obtidos com as populações coletadas ao longo do ano de 2000 e visando confirmar os fatos obtidos anteriormente, realizou-se outra análise molecular com os mesmos *primers* de RAPD anteriormente citados para complementar os estudos de caracterização entre populações coletadas em culturas estabelecidas nas regiões norte, nordeste, centro-oeste e sudeste do Brasil (Tabela 5).

**Tabela 5** – Populações de *B. tabaci* usadas nos estudos complementares de variabilidade genética coletadas em várias regiões do Brasil.

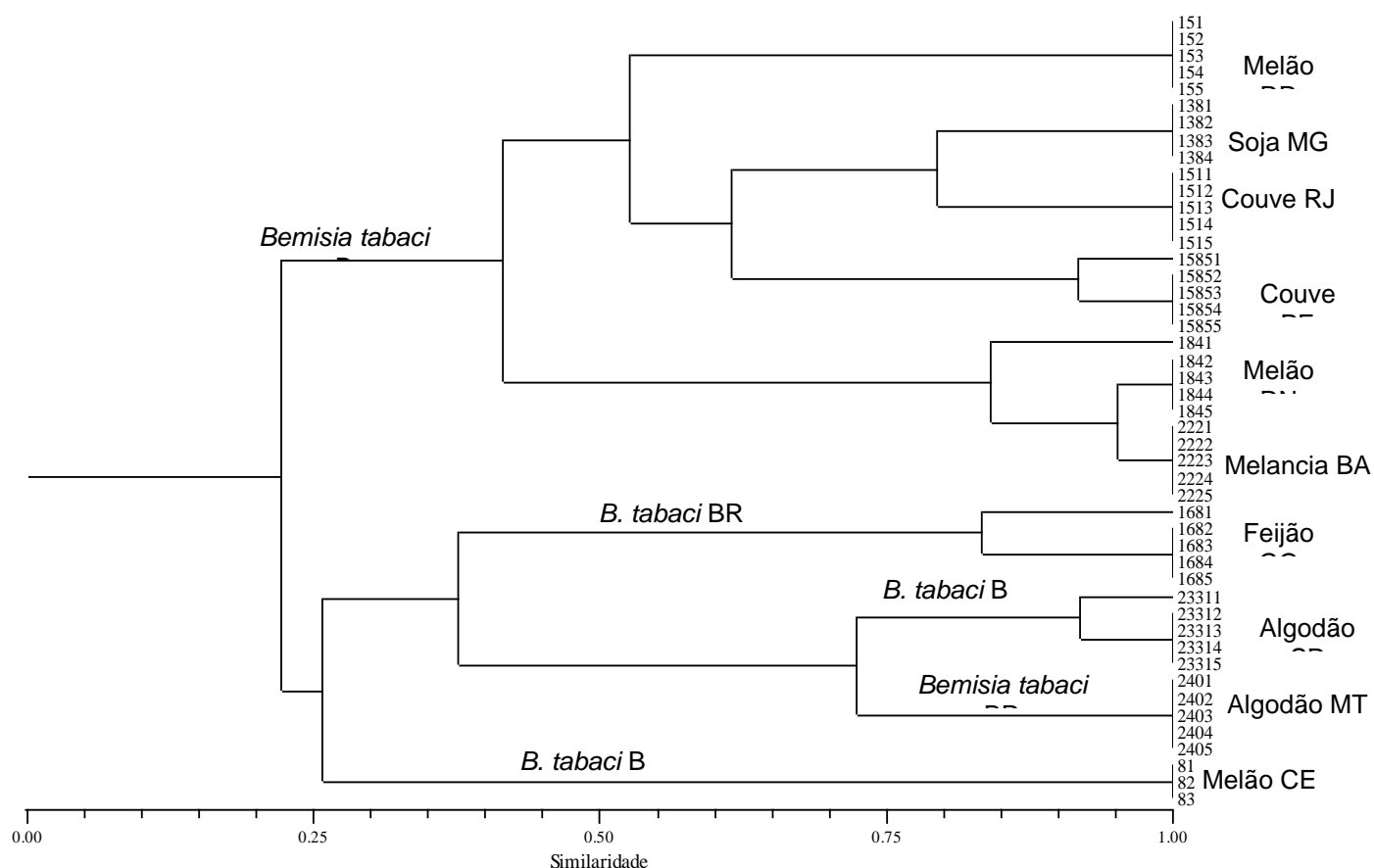
Localidade	Cultura	Biótipo de <i>B. tabaci</i>
Aracati/CE	<i>Melão</i>	Biótipo B
Boa Vista/RR	<i>Melão</i>	Biótipo B
Viçosa/MG	<i>Soja</i>	Biótipo B
Campos de Goytacazes/RJ	Couve	Biótipo B
Recife/PE	Couve	Biótipo B
Buritis/GO	Feijão	Biótipo BR
Park Branco/RN	Melão	Biótipo B
Juazeiro/BA	Melancia	Biótipo B
Mogi Mirim/SP	<i>Algodão</i>	Biótipo B
Itiquira/MT	<i>Algodão</i>	Biótipo BR

A análise das amostras provenientes de culturas das regiões Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste e Norte com o *primer* OPA-02 permitiu distinguir padrões de bandas diferentes entre as populações analisadas (Figura 3).



**Figura 3** - Análise dos fragmentos de DNA obtidos com o *primer* OPA-02. A letra M indica o marcador de massa molecular 100 pb ladder. A barra indica o número de alelodídeos analisados. Os códigos acima das barras indicam a procedência das amostras de mosca-branca.

As populações de *B. tabaci* biótipo BR coletadas em GO e MT produziram um perfil de bandas similar com dois sinais de amplificação em torno de 400 pb e 800 pb. Para as amostras de *B. tabaci* biótipo B observou-se polimorfismo nos fragmentos de RAPD sendo que, as populações coletadas em RJ, PE, RN e BA produziram uma banda de 350 pb comum a essas amostras. Mais uma vez, em função da variação nos marcadores gerados entre as amostras, utilizou-se os perfis de bandas para a determinação do agrupamento destas pelo programa NTSYS-pc (ROHLF, 1993). A análise dos fragmentos obtidos pelas amostras de mosca-branca provenientes das regiões do Brasil permitiu organizá-las em 2 agrupamentos principais com similaridade de 22,5% (Figura 4).



**Figura 4** - Análise de agrupamento das populações de *B. tabaci* coletadas em culturas localizadas em diferentes regiões do Brasil.

O primeiro grupo foi composto apenas pelas populações de *B. tabaci* biótipo B. Dentro desse grupo as populações coletadas em melão (RN) e melancia (BA) apresentaram 43% de similaridade em relação aos demais do grupo. As populações coletadas em soja (MG) e couve (RJ) formaram um grupo apresentando similaridade de 82%. A única amostra obtida da região norte formou um grupo independente dos demais, apresentando 50% de similaridade genética. Uma amostra coletada em couve (PE) apresentou maior proximidade genética (58%) com as populações coletadas em couve na região sudeste. Para o segundo grupo, observou-se a presença dos dois biótipos de *B. tabaci*. O biótipo BR coletado em cultura de feijão formou um grupo independente com 38% de similaridade em relação às demais populações. A amostra de biótipo B coletada em melão no CE apresentou a menor similaridade em relação às demais populações componentes do grupo (26%). Além disso, os indivíduos coletados em culturas de algodão nos estados de SP e MT apresentaram a maior similaridade dentro deste agrupamento (72%). Contudo, pela metodologia molecular previamente estabelecida para a identificação dos biótipos de mosca-branca, observou-se a presença de biótipos distintos nessas amostras. Dessa forma, os resultados sugerem uma separação por cultura predada. Para averiguar essas

observações, os marcadores moleculares gerados pelas populações foram submetidos a análise molecular de variância (SCHNEIDER et al., 2000).

As populações coletadas em uma mesma cultura foram agrupadas e submetidas ao teste de variância molecular. Os resultados indicaram que 86,20% da fonte de variação genética observada era resultante da composição genética das populações dentro dos grupos, 11,37% resultante da variação entre os grupos e 2,44% era proveniente da variabilidade dentro das populações. Prosseguiu-se à análise das amostras em função das regiões de coleta e observou-se que a maior fonte de variação era devida a variabilidade entre as populações dentro dos grupos. Por último, realizou-se a análise da variação entre as populações desse estudo observando-se que a maior fonte de variação era resultante da variabilidade entre as populações (97,53%) e, em menor escala (2,47%), dentro das populações. Os resultados indicam assim, que o fator cultura e local de estabelecimento da população não exercem efeitos pronunciados sobre a dinâmica genética dessas populações. Provavelmente, a estratégia reprodutiva adotada pela espécie, ou seja, ciclos partenogenéticos intercalados por eventos de reprodução sexuada sejam fatores independentes ou pouco influenciados pelo tipo de dieta.

Estudos bioquímicos e moleculares de *B. tabaci* têm fornecido dados substanciais com relação ao grau de polimorfismo entre populações de distintas regiões geográficas e/ou hospedeiras. Esse fato é comprovado pela existência de biótipos. No entanto, ainda não existem evidências biológicas e genéticas suficientes para separar o biótipo B do complexo *B. tabaci* (KIRK et al., 2000).

Moya et al. (2001) por meio de marcadores moleculares RAPD e a análise de variância determinaram que o fluxo gênico entre dois biótipos de uma mesma população é menor do que entre populações de biótipos idênticos.

Bernays (1999) apresentou parâmetros comportamentais para *B. tabaci* durante a escolha da planta hospedeira. Com a ocorrência de plantas hospedeiras em abundância, as moscas-brancas ficam menos tempo sobre a superfície foliar, movendo-se a maior parte do seu tempo para novos locais de alimentação e menos tempo em um determinado ponto de nutrição. Dessa forma, o autor sugere que o inseto, percebendo a ocorrência de locais alternativos de alimentação, termina por decidir pela planta hospedeira que mais lhe convenha.

De Barro e Hart (2000) estudando as interações de acasalamento entre um biótipo nativo e um exótico de *B. tabaci* na Austrália, observaram uma redução no tamanho da população, um aumento na proporção de machos e pouca produção de ovos por fêmeas acasaladas com machos do outro biótipo. Observou-se, ainda, que não existiam diferenças na produção de ovos por fêmeas não acasaladas ou por fêmeas acasaladas com machos do mesmo biótipo. A partir desses dados, os autores apresentaram três hipóteses para o comportamento sexual e reprodutivo de *B. tabaci*: 1. hipótese de distração provocada pelo macho. Nessa hipótese observa-se que casais constituídos por machos e fêmeas de diferentes biótipos gastam mais tempo na atividade de corte e as fêmeas gastam menos tempo na atividade de oviposição. Dessa forma, machos e fêmeas não se reconhecem e não terminam o processo de corte com a

atividade de acasalamento. Os ovos que são depositados não são fecundados e geram apenas machos. 2. modelo de determinação do sexo por complementaridade de *locus* simples. Esse modelo relaciona que a redução na oviposição possa ser devida a produção de zigotos de machos diplóides inviáveis. Portanto, o sexo é determinado por múltiplos alelos em um único *locus*. Nesse *locus*, fêmeas são heterozigotas (diplóides), machos podem ser hemizigotos (haplóides) e homozigotos (diplóides). Neste último caso, os machos não são viáveis. No caso de um sistema de isolamento pós-acasalamento, os cruzamentos entre membros de colônias diferentes provocam um aumento na heterozigozidade e um aumento no número de machos diplóides a expensas de fêmeas heterozigotas, resultando em um aumento nos machos e um declínio no tamanho da colônia. Isso poderia explicar o fato de que mesmo que machos e fêmeas de biótipos diferentes de *B. tabaci* consigam terminar o processo de corte seguindo-se a cópula, ovos de machos diplóides seriam formados durante a embriogênese e, conseqüentemente, reabsorvidos pela fêmea. O resultado seria a redução na taxa de crescimento da colônia com a concomitante produção de um número reduzido de fêmeas, 3. incompatibilidade citoplasmática provocada por *Wolbachia*. Esse endossimbionte é conhecido por causar completo ou parcial isolamento reprodutivo pós acasalamento entre espécies ou populações. Se esse for o caso, o resultado será a produção predominante de machos.

Outro parâmetro importante pode ser a presença de predadores na cultura. Nomikou et al. (2003) em seu trabalho indicaram que artrópodes herbívoros não selecionam as plantas hospedeiras apenas pela sua qualidade, mas também, pelo risco de predação associado a cada planta hospedeira, ou seja, insetos herbívoros excluem plantas com alto risco de predação do seu perfil de preferência. Essa informação sugere, então, que o inseto herbívoro assume um constante e previsível risco de predação ao invés de um comportamento estático. Dessa forma, plantas hospedeiras são ignoradas do seu alto risco de predação. Por causa dessa informação, os autores relatam que fêmeas adultas de *B. tabaci* aprendem a evitar plantas hospedeiras com ácaros predadores que sejam capazes de atacar as suas formas juvenis. Ao mesmo tempo, *B. tabaci* é capaz de se estabelecer na mesma espécie de planta hospedeira desde que esta não possua predadores para os seus ovos e ninfas. Isso se deve ao fato de que ácaros predadores de mosca-branca apresentam dispersão mais lenta, pois são incapazes de voar e, alternativamente, se deslocam de uma planta a outra. Sendo assim, evitando plantas com possíveis predadores, as moscas brancas criam um refúgio temporário para a sua prole.

Perring (2001) em uma revisão a respeito do assunto refere-se à *B. tabaci* como um complexo de espécies, formado por biótipos e duas espécies crípticas, *B. tabaci* e *B. argentifolii*. Nessa revisão o autor com o auxílio de dados de identificação baseados em características biológicas, bioquímicas e moleculares, agrupa esse complexo de espécies em sete grupos: 1) biótipos A, C, N e R do Novo Mundo; 2) biótipos B (*B. argentifolii*) e B2 que são cosmopolitas; 3) biótipos E e S; 4) biótipo H; 5) biótipos L, Q e J, e um biótipo desconhecido encontrado no Egito; 6) biótipo M e dois biótipos desconhecidos e encontrados em Hainan e na Coreia; 7) biótipo AN. Contudo, nessa mesma publicação, o autor destaca a falta de métodos bem estabelecidos para

a análise dos biótipos visando a sua identificação e classificação taxonômica. De Barro et al. (2005) por meio de análises moleculares baseadas no estudo das regiões ITS e COI levantaram a hipótese de que não existem critérios biológicos e moleculares suficientes para a separação entre *B. tabaci* e *B. argentifolii* e que o termo *B. argentifolii* deveria não ser utilizado. Esses dados refletem a complexidade da espécie *B. tabaci*, uma vez que, dependendo dos critérios adotados para a análise das populações em questão, dúvidas e inconsistências taxonômicas e filogenéticas aparecem de forma pronunciada, provocando uma série de dificuldades para se chegar a um consenso definitivo sobre essa espécie.

Dessa forma, o desenvolvimento de novos critérios de identificação como a utilização de outros marcadores moleculares, torna-se imperioso para dirimir dúvidas e para o entendimento da dinâmica dessa espécie. Na Tabela 6 são mostrados fragmentos de DNA obtidos por RAPD, provenientes de populações de biótipos B e BR, coletadas em diferentes culturas e localidades geográficas. Portanto, os fragmentos de DNA, que forem polimórficos, poderão ser seqüenciados e usados no desenvolvimento de marcadores mais precisos, como o SCAR (Seqüências Caracterizadas de Regiões Amplificadas).

**Tabela 6** – Fragmentos de DNA obtidos pelo emprego de vários *primers* de RAPD candidatos ao desenvolvimento de marcadores moleculares específicos (SCAR) para a identificação dos biótipos B e BR de *B. tabaci*.

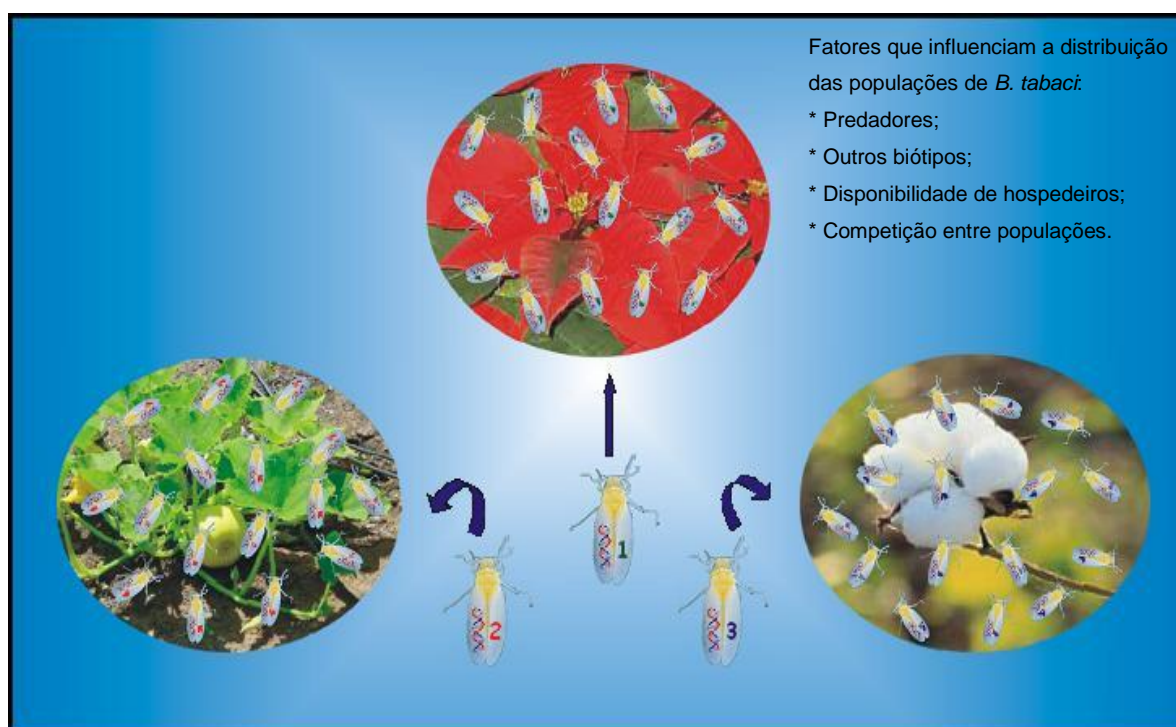
<i>Primer</i>	Biótipo	Fragmento de RAPD (pb)
OPA-05	B	600
		900
OPA-10	B	400
		900
	BR	1000
OPA-11	B	550
	BR	1100
		500
OPA-13	B	600
		1000
	BR	1600
		800
	P3	800
OPA-15	B	700
	BR	700
		1100

A partir desse ponto, esses dados poderão resultar em informações valiosas para a elaboração de estratégias de controle mais eficientes e servir de referência para a elaboração de medidas fitossanitárias mais efetivas contra essa espécie de aleirodídeo.

## Conclusão

A importância econômica da mosca-branca *B. tabaci* como praga vem se expandindo em todo o mundo, inclusive na agricultura brasileira. A espécie pode ser encontrada em quase todas as regiões do mundo em virtude da sua grande adaptabilidade e resistência a pesticidas. Essas características biológicas vêm favorecendo a sua dispersão e ressaltando a complexidade da espécie.

Em virtude de todas essas variáveis, um modelo plausível para se tentar entender o comportamento de *B. tabaci* na seleção de suas plantas hospedeiras poderia ser esquematizado na figura 5.



**Figura 5** – Modelo descritivo para a dispersão e a instalação de populações de *B. tabaci* biótipo B em diferentes culturas distribuídas em várias áreas geográficas. Os números indicam as populações de um mesmo biótipo de *B. tabaci*. O sinal indica a presença do marcador molecular detectado pela técnica de SCAR.

Nesse modelo poderia se propor um comportamento para o estabelecimento das populações de *B. tabaci* em uma determinada região geográfica. A população colonizadora inicial seria representada por diferentes fêmeas, cada uma pertencendo ao biótipo B de *B. tabaci*, mas com sutis diferenças em alguns de seus marcadores moleculares. Nesse ponto, as fêmeas fariam uma avaliação da relação custo-benefício na escolha de uma determinada cultura hospedeira. Levariam em consideração questões tais como; presença de ácaros predadores, a influência ou não de monoculturas na região e a interferência provocada por outros biótipos da mesma espécie, presentes na planta hospedeira. Em virtude disso, as fêmeas da população

colonizadora inicial poderiam se separar e, cada uma, se estabelecer em uma determinada planta hospedeira (planta daninha, ornamental ou de interesse agrícola). Então, cada fêmea seria responsável pela oviposição e estabelecimento de uma população clonal em uma determinada planta hospedeira.

O resultado final seria o efeito das estratégias adotadas pelas fêmeas de *B. tabaci* em função das melhores escolhas de recursos e proteção para o desenvolvimento de sua prole, independente do tratamento dado a cada cultura ou a forma de cultivo.

## Referências

BEDFORD, I.; BRIDDON, R. W.; BROWN, J. K.; ROSELL, R. C.; MARKHAM, P. G. Geminivirus transmission and biological characterization of *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotypes from different geographic regions. **Annals of Applied Biology**, Warwick, GB, v. 125, p. 311-325, 1994.

BERNAYS, E. A. When host choice is a problem for a generalist herbivore: experiments with the whitefly, *Bemisia tabaci*. **Ecological Entomology**, London, v. 24, p. 260-267, 1999.

BROWN, J. K.; BIRD, J. Whitefly-transmitted geminiviruses and associated disorders in the Americas and the Caribbean basin: past and present. **Plant Disease**, Saint Paul, US, v. 76, p. 220-225, 1992.

BROWN, J. K.; FROHLICH, D. R.; ROSELL, R. C. The sweetpotato silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a new species complex? **Annual Review of Entomology**, Stanford, US, v. 40, p. 511-534, 1995.

BYRNE, D. N.; BELLOWS, T. S. Whitefly biology. **Annual Review Entomology**, Stanford, US, v. 36, p. 431-457, 1991.

DE BARRO, P. J.; DRIVER, F. Use of RAPD-PCR to distinguish the B biotype from other biotypes of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae). **Australian Journal of Entomology**, Melbourne, v. 36, p. 149-152, 1997.

DE BARRO, P. J.; HART, P. J. Mating interactions between two biotypes of the whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Austrália. **Bulletin of Entomological Research**, v. 90, p. 103-112, 2000.

DE BARRO, P. J.; TRUEMAN, J. W. H.; FROHLICH, D. R. *Bemisia argentifolii* is a population of *B. tabaci*: the molecular genetic differentiation of *B. tabaci* populations around the world. **Bulletin of Entomological Research**, v. 95, n. 3, p. 193-203, 2005.

GAWEL, N. J.; BARTLETT, A. C. Characterization of differences between whiteflies using RAPD-PCR. **Insect Molecular Biology**, Oxford, GB, v. 2, n. 1, p. 33-38, 1993.

GENNADIUS, P. Disease of tobacco plantations in the Trikonía. The aleurodid of tobacco. **Ellenike Georgia**, v. 5, p. 1-3, 1889. (publicação em grego).



GUIRAO, P.; BEITIA, F.; CENIS, J. L. Biotype determination of Spanish populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). **Bulletin of Entomological Research**. v. 87, p. 587-593, 1997.

KIRK, A. A.; LACEY, L. A.; BROWN, J. K.; CIOMPERLIK, M. A.; GOOLSBY, J. A.; VACEK, D. C.; WENDEL, L. E.; NAPOMPETH, B. Variation in the *Bemisia tabaci* s. 1. species complex (Hemiptera: Aleyrodidae) and its natural enemies leading to successful biological control of *Bemisia* biotype B in the USA. **Bulletin of Entomological Research**, v. 90, p. 317-327, 2000.

LIMA, L. H. C.; OLIVEIRA, M. R. V. de.; GOMES, A. C. M. M.; FERREIRA, D. N. M. **Análise eletroforetica em populações da mosca branca *Trialeurodes vaporariorum* WESTWOOD E *Bemisia* sp. (HOMOPTERA, ALEYRODIDAE)**. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1992. 5 p. (EMBRAPA-CENARGEN. Pesquisa em andamento, 5).

LIMA, L. H. C.; CAMPOS, L.; MORETZSOHN, M. de C.; NAVIA, D.; SILVA, O. L. R. e; OLIVEIRA, M. R. V. de. **Populações de *Bemisia tabaci* (Gennadius) raça B no Brasil: análise da diversidade genética por RAPD**. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1999. Não paginado. (EMBRAPA-CENARGEN. Pesquisa em andamento, 23).

LIMA, L. H. C.; NÁVIA, D.; INGLIS, P. W.; OLIVEIRA, M. R. V. Survey of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) biotypes in Brazil using RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 4, n. 23, p. 1-5, 2000.

LIMA, L. H. C.; MORETZSOHN, M. de C.; QUEIROZ, P. R.; LAGO, W. N. M.; OLIVEIRA, M. R. V. de. **Monitoramento e identificação de alelodídeos por meios morfológicos e de marcadores RAPD**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2001. 37 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 17).

LIMA, L. H. C.; CAMPOS, L.; MORETZSOHN, M. C.; NÁVIA, D.; OLIVEIRA, M. R. V. Genetic diversity of *Bemisia tabaci* (Genn.) Populations in Brazil revealed by RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 2, n. 25, p. 217-223, 2002.

LOURENÇÃO, A. L.; NAGAI, H. Surtos populacionais de *Bemisia tabaci* no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 53, n. 1, p. 53-59, 1994.

MELO, P. C. T. **Mosca-branca ameaça produção de hortaliças**. Campinas: ASGROW, 1992. 2 p. (Semente. Informe técnico).

MOUND, L. A. Biology and identity of whitefly vectors of plant pathogens. In: PLUMB, R. T.; THRESH, J. M. (Ed.). **Plant virus epidemiology**. Oxford: Blackwell Scientific, 1983. p. 305-313.

MOUND, L. A.; HALSEY, S. H. Whitefly of the world. **A systematic catalogue of the Aleyrodidae (Homoptera) with host plant and natural enemy data**. New York: Wiley, 1978. 340 p.

MOYA, A.; GUIRAO, P.; CIFUENTES, D.; BEITIAS, F.; CENIS, J. L. Genetic diversity of Iberian populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) base on random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction. **Molecular Ecology**, Oxford, UK, v. 10, p. 891-897, 2001.

NOMIKOU, M.; JANSSEN, A.; SABELIS, M. W. Herbivore host plant selection: whitefly learns to avoid host plants that harbour predators of her offspring. **Oecologia**, Berlin, v. 136, p. 484-488, 2003.

OLIVEIRA, M. R. V. de.; LIMA, L. H. C. Padrões isoenzimáticos de *Trialeurodes vaporariorum* e de *Bemisia tabaci* (Homoptera, Aphelinidae). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 32, n. 7, p. 683-687, 1997.

OLIVEIRA, M. R. V. de; LIMA, L. H. C.; FERREIRA, L. T. **Análise eletroforética de populações da mosca-branca, *Bemisia tabaci* raca B( = *B. argentifolii*) (Homoptera, Aleyrodidae)**. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1997. 6 p. (EMBRAPA-CENARGEN. Pesquisa em andamento, 11).

OLIVEIRA, M. R. V. de; LIMA, L. H. C.; NÁVIA, D.; VIEIRA, P. R. G. **Avaliação das populações de *Bemisia tabaci* (Gennadius) através de RAPD-PCR, no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1998. 5 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Pesquisa em andamento, 18).

PERRING, T. M. The *Bemisia tabaci* species complex. **Crop Protection**, Guildford, GB, v. 20, n. 9, p. 725-737, 2001.

ROHLF, F. J. **NTSYS-pc**. Numerical taxonomy and multivariate system. Version 1.80. New York: Applies Biostatistics Inc., 1993.

RUSSELL, L. M. Synonyms of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Homoptera, Aleyrodidae). **Bulletin Brooklyn Entomological Society**, v. 52, p. 122-123, 1957.

SCHNEIDER, S.; ROESSLI, D.; EXCOFFIER, L. **Arlequin ver. 2000**: a software for populations genetics data analysis. Geneva: Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, 2000.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**. San Francisco: Freeman, 1973. 573 p.

TAKAHASHI, R. Some Aleyrodidae from Japan. **Insecta Matsum**, v. 21, p. 12-21, 1936.

WILLIAMS, J. G. K.; KUBELIK, A. R.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, London, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990.

WOOL, D.; GERLING, D.; NOLT, B. L.; CONSTANTINO, L. M.; BELLOTTI, A. C.; MORALES, F. J. The use of electrophoresis for identification of adult whiteflies (Homoptera: Aleyrodidae) in Israel and Colombia. **Journal of Applied Entomology**, Berlin, v. 107, p. 344-350, 1989.