

**Caracterização de Populações de  
*Bemisia tabaci* Ocorrendo no Distrito  
Federal**

**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**

# **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 179**

## **Caracterização de Populações de *Bemisia tabaci* Ocorrendo no Distrito Federal**

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**

C 257 Caracterização de Populações de *Bemisia tabaci* Ocorrendo no Distrito Federal /  
Paulo Roberto Queiroz ... [et al.]. -- Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e  
Biotecnologia, 2007.  
24 p. -- (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Recursos Genéticos  
e Biotecnologia, 1676 - 1340; 179).

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

631.5233 - CDD 21.

# Caracterização de Populações de *Bemisia tabaci* Ocorrendo no Distrito Federal

---

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

---

<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)

demanda, se faz necessário o estabelecimento de 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

The importance of the whitefly *Bemisia tabaci* in the agriculture comes from the fact that many of the epidemics have been identified as caused for the biotype B, which already is registered in all the continents. The capacity to colonize different species of plants and being a vector of virus, it is the reason of worryment for all of the agricultural areas of the world. The knowledge of the genetic differentiation of the *B. tabaci* in Brazil, involving populations of different host plants, of different geographical areas and, possibly, occurrence of genetic variations inside of populations; it will be have important implications for the strategies of control of the whitefly in Brazil. Populations of *B. tabaci* collected in several cultures in Federal District were identified using the technique of RAPD for the study of the genetic variability. The analysis of the dendrograms allowed highlighting that the biotype BR of *B. tabaci* presented low similarity in relation to the biotype B. Besides, the results when organized in a dendrogram they suggest that the populations, of a same biotype, they can join in agreement with the host culture. However, through the analysis of molecular variance (AMOVA), it was observed that the variability source was related to variations among the populations than in relation to variations inside of the populations. This information can serve as base to identify factors to come to influence in the distribution of the populations in a given area, as well as, in the determination of handling methods or of chemical control for a given culture.

Key word: *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*. 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).

A partir de então, 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, sendo que estas estão entre as pragas mais prejudiciais da agricultura contemporânea (VILLAS BÔAS et al., 1997).

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 fitoviroses, destacando-se o grupo dos geminivírus (OLIVEIRA et al., 1997). Sua capacidade para colonizar diferentes espécies de plantas e de ser o vetor de mais de 60 diferentes fitovírus é motivo de preocupação para todas as regiões agrícolas do mundo (SECKER et al., 1998).

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.

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 estas infestações atingiam todos as fases de crescimento da planta hospedeira, fato até então não registrado no Brasil. Foi também constatada a presença de um viróide presente nas folhas das plantas, conforme relatado por Marinho e Fonseca (1992). 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 agora presente no país (LIMA et al., 1992; OLIVEIRA e LIMA, 1997).

Em estudos realizados em 1998, populações de *B. tabaci* foram coletadas na região Nordeste, em locais próximos e no Distrito Federal e nas colônias de criação da mosca-branca da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília (DF), onde observou-se que os padrões obtidos eram idênticos aos da população coletada em crisântemo, proveniente da

região de Campinas (SP), indicando que em um prazo curto de tempo o biótipo B havia dispersado para outras regiões do país (OLIVEIRA et al., 1998; LIMA et al., 2002).

Uma hipótese sugerida para a dispersão do biótipo B de *B. tabaci* para várias regiões do Brasil pode ter sido, gradualmente, pela distribuição de plantas ornamentais no transporte rodoviário de flores.

Os termos raça ou biótipo apresentam o mesmo nível de distinção e são utilizados para designar populações com ausência de caracteres morfológicos adequados para identificação, mas que possuem outras características biológicas que permitem a separação quando comparada a outras populações (PERRING, 2001). A existência de biótipos distintos não é simplesmente uma questão taxonômica e sim uma influência direta da dinâmica das interações entre praga-vetor-hospedeiro (MARUTHI et al., 2001).

Diferenças entre as populações de *B. tabaci* tem sido um assunto polêmico e reconhecido como uma apresentação de vários biótipos diferentes ou simplesmente uma espécie-complexo (BROWN et al., 1995; PERRING, 2001).

O Brasil sentiu os efeitos provocados pela presença do biótipo B de *B. tabaci* a partir de 1995. Este inseto tem causado grandes prejuízos nos ecossistemas agrícolas, semelhantemente aos problemas socioeconômicos provocados pela entrada do bicudo do algodoeiro, *Anthonomus grandis*, na região Nordeste, na década de 80. As principais culturas atacadas têm sido *P. vulgaris*, *L. esculentum*, *G. hirsutum*, *C. melo*, *C. lunatus*, *Cucumis anguria*, *Cucumis sativa*, *Capsicum* spp., *G. max*, *C. pepo*, *Brassica oleracea*, *Brassica oleracea* var. *capitata*, *Brassica oleracea* var. *italica*, *Brassica oleracea* var. *botrytis*, *Solanum gilo*, *Passiflora* spp., *H. esculentus*, *E. pulcherrima* e *Chrysanthemum* spp. (OLIVEIRA et al., 1997, 1998).

Uma técnica aplicada ao estudo da variabilidade de *B. tabaci* é o RAPD (DNA polimórfico amplificado ao acaso). Utilizando-se dessa técnica, Gawel e Bartlett (1993) e Perring (2001) distinguiram dois biótipos: A e B de *B. tabaci*. Os resultados indicaram que essas moscas-brancas, similares morfológicamente, representavam biótipos diferentes. Assim, devido à existência de numerosas formas variantes de *B. tabaci*, seria adequado conduzir um estudo sobre a diversidade genética, fisiológica e morfológica de todas as formas variantes de *B. tabaci* antes de uma definição das relações taxonômicas entre as formas A e B. Guirao et al. (1997) utilizando a técnica de RAPD, determinaram os perfis eletroforéticos específicos para *T. vaporariorum* e *B. tabaci*. Além disso, para as populações de *B. tabaci*, foi possível observar diferenças intrapopulacionais, como também, diferenciar as populações coletadas nas regiões de Múrcia e Tenerife na Espanha. Lima et al. (2000) distinguiram os biótipos B e BR por perfis de amplificação de RAPD, correlacionando à distribuição de populações dentro do biótipo B em função do tipo da planta hospedeira. Nesse mesmo ano, Martinez et al. (2000) usando um único *primer* de RAPD fizeram a distinção entre três biótipos de *B. tabaci*, sendo que, um desses biótipos era restrito à cultura de mandioca. 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 nos perfis desses marcadores intrapopulacionalmente.



Assim, o conhecimento da diferenciação genética da *B. tabaci* no Brasil, envolvendo populações de diferentes plantas hospedeiras, de diferentes regiões geográficas e possivelmente ocorrência de variações genéticas dentro de populações, terá implicações importantes para as estratégias de controle da mosca-branca no Brasil.

## **Objetivos**

Identificar e caracterizar populações de *B. tabaci* coletadas em regiões próximas e no Distrito Federal utilizando-se marcadores de RAPD.

## **Material e Métodos**

Manutenção das amostras de populações de *B. tabaci*

Adultos de várias populações de *B. tabaci* coletadas em várias localidades do Distrito Federal 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 60µg.mL<sup>-1</sup>). O macerado foi incubado por 15 min a 65°C, seguindo-se fervura durante 10 min. 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 10 (Tris-HCl 60mM pH8,8, KCl 500mM e MgCl<sub>2</sub> 20mM, Amersham, CA, USA), 1,2µL de um *primer* de sequência aleatória (Operon Technologies, Inc.) na concentração de 10µM (Tabela 1), 0,6µL de dNTP 10mM, 0,3µL de *Taq* DNA polimerase na concentração de 1 U.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-04	AATCGGGCTG
OPA-10	GTGATCGCAG
OPA-11	CAATCGCCGT
OPA-13	CAGCACCCAC
OPA-15	TTCCGAACCC

### Condições de amplificação por RAPD

As amplificações foram efetuadas em termociclador (PTC-100 MJ Research) contendo 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 padronização foi realizada, utilizando-se os *primers* OPA-04, OPA-10, OPA-11 e OPA-13 para a identificação molecular dos biótipos de mosca-branca, demais aleirodídeos e insetos quarentenários, recebidos de várias localidades do país e armazenados na coleção biológica de referência de insetos e ácaros da Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, uma vez que, aqueles *primers* foram os que apresentaram variação nos perfis de fragmentos de DNA entre as populações de insetos analisados (LIMA et al., 2000). Este procedimento foi utilizado como triagem para a identificação dos biótipos de *B. tabaci* e outros insetos antes de cada experimento.

## 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, com populações de diferentes localidades dentro do Brasil e com populações de diferentes culturas dentro do Distrito Federal.

### Análise de populações de mosca-branca em diferentes culturas no Distrito Federal

Nos estudos de monitoramento para a verificação da presença das populações do biótipo B de *B. tabaci*, utilizaram-se fêmeas adultas coletadas nas mesmas localidades do Distrito Federal nos anos de 2000 e 2001, ocorrendo em culturas de berinjela, tomate, pepino, abóbora e feijão, mantidas tanto em campo quanto em casa de vegetação.

A seguir, para a análise da dinâmica da variabilidade genética daquelas populações coletadas nos anos de 2000 e 2001, foram usadas como padrão de comparação outras populações de *B. tabaci* biótipo B coletadas em várias culturas no Brasil em 1999 (Tabela 2).

Nas análises de RAPD de ambas as estratégias empregaram-se os *primers* OPA-04, OPA-10, OPA-11, OPA-13 e OPA-15 utilizando-se cinco indivíduos de cada amostra.

**Tabela 2** – Populações de *B. tabaci* coletadas no Distrito Federal nos anos de 2000 e 2001 e em outras regiões do Brasil no ano de 1999.

Região (Ano)	Código	Localidade	Cultura
BRASIL 1999	226 <sup>1</sup>	Cenargen - DF	Algodão
	249 <sup>2</sup>	Tibau - RN	Mandioca
	64 <sup>3</sup>	Mançuba - BA	Abóbora
	75 <sup>3</sup>	Goiânia - GO	Pepino
	116 <sup>3</sup>	Limoeiro do Norte - CE	Feijão
	126 <sup>3</sup>	Jaboticabal - SP	Berinjela
	220 <sup>3</sup>	Juazeiro - BA	Tomate
Distrito Federal 2000	226 <sup>1</sup>	Cenargen - DF	Algodão
	249 <sup>2</sup>	Tibau - RN	Mandioca
	263 <sup>3</sup>	Planaltina - DF	Berinjela
	264 <sup>3</sup>	Planaltina - DF	Tomate
	265 <sup>3</sup>	Planaltina - DF	Pepino
	266 <sup>3</sup>	Planaltina - DF	Abóbora

Região (Ano)	Código	Localidade	Cultura
Distrito Federal 2001	288 <sup>4</sup>	Cenargen - DF	Tomate
	289 <sup>4</sup>	Cenargen - DF	Abóbora
	290 <sup>4</sup>	Cenargen - DF	Feijão
	226 <sup>1</sup>	Cenargen - DF	Algodão
	249 <sup>2</sup>	Tibau - RN	Mandioca
	02 <sup>4</sup>	Cenargen - DF	Tomate
	03 <sup>4</sup>	Cenargen - DF	Abóbora
	04 <sup>4</sup>	Cenargen - DF	Feijão
	18 <sup>3</sup>	Planaltina - DF	Tomate
	19 <sup>3</sup>	Planaltina - DF	Pepino
	20 <sup>3</sup>	Planaltina - DF	Berinjela

1 Biótipo BR de *Bemisia tabaci* usado como padrão;

2 Biótipo B de *Bemisia tabaci* usado como padrão;

3 Populações coletadas em campo;

4 Populações coletadas em culturas mantidas em casa de vegetação na Embrapa – Recursos Genéticos e Biotecnologia.

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% submerso em tampão TBE 1X (Tris-borato 90mM e EDTA 1mM) durante 3 h 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 fotografado 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 (100 bp 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 um (1) para a presença de um marcador e zero (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-se 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

Monitoramento de populações de mosca-branca presentes no Distrito Federal

Populações de *B. tabaci* coletadas nas mesmas áreas do Distrito Federal nos anos de 2000 e 2001 e populações coletadas em várias localidades do Brasil no de 1999, estão descritas na Tabela 3, para efeito de comparação nos estudos de monitoramento.

**Tabela 3** – Populações de *Bemisia* coletadas no Distrito Federal nos anos de 2000 e 2001 e no Brasil no ano de 1999.

Ano	Código	Localidade	Cultura	Identificação
1999 BRASIL	226 <sup>1</sup>	Cenargen – DF	Algodão	<i>B. tabaci</i> BR
	249 <sup>2</sup>	Tibau – RN	Mandioca	<i>B. tabaci</i> B
	64 <sup>3</sup>	Mançuba – BA	Abóbora	<i>B. tabaci</i> B
	75 <sup>3</sup>	Goiânia – GO	Pepino	<i>B. tabaci</i> B
	116 <sup>3</sup>	Limoeiro do Norte – CE	Feijão	<i>B. tabaci</i> B
	126 <sup>3</sup>	Jaboticabal – SP	Berinjela	<i>B. tabaci</i> B
	220 <sup>3</sup>	Juazeiro – BA	Tomate	<i>B. tabaci</i> B
2000 DF	226 <sup>1</sup>	Cenargen – DF	Algodão	<i>B. tabaci</i> BR
	249 <sup>2</sup>	Tibau – RN	Mandioca	<i>B. tabaci</i> B
	263 <sup>3</sup>	Planaltina – DF	Berinjela	<i>B. tabaci</i> B
	264 <sup>3</sup>	Planaltina – DF	Tomate	<i>B. tabaci</i> B
	265 <sup>3</sup>	Planaltina – DF	Pepino	<i>B. tabaci</i> B
	266 <sup>3</sup>	Planaltina – DF	Abóbora	<i>B. tabaci</i> B
	288 <sup>4</sup>	Cenargen – DF	Tomate	<i>B. tabaci</i> B
	289 <sup>4</sup>	Cenargen – DF	Abóbora	<i>B. tabaci</i> B
	290 <sup>4</sup>	Cenargen – DF	Feijão	<i>B. tabaci</i> B
2001 DF	226 <sup>1</sup>	Cenargen – DF	Algodão	<i>B. tabaci</i> BR
	249 <sup>2</sup>	Tibau – RN	Mandioca	<i>B. tabaci</i> B
	02 <sup>4</sup>	Cenargen – DF	Tomate	<i>B. tabaci</i> B
	03 <sup>4</sup>	Cenargen – DF	Abóbora	<i>B. tabaci</i> B
	04 <sup>4</sup>	Cenargen – DF	Feijão	<i>B. tabaci</i> B
	18 <sup>3</sup>	Planaltina – DF	Tomate	<i>B. tabaci</i> B
	19 <sup>3</sup>	Planaltina – DF	Pepino	<i>B. tabaci</i> B
	20 <sup>3</sup>	Planaltina – DF	Berinjela	<i>B. tabaci</i> B

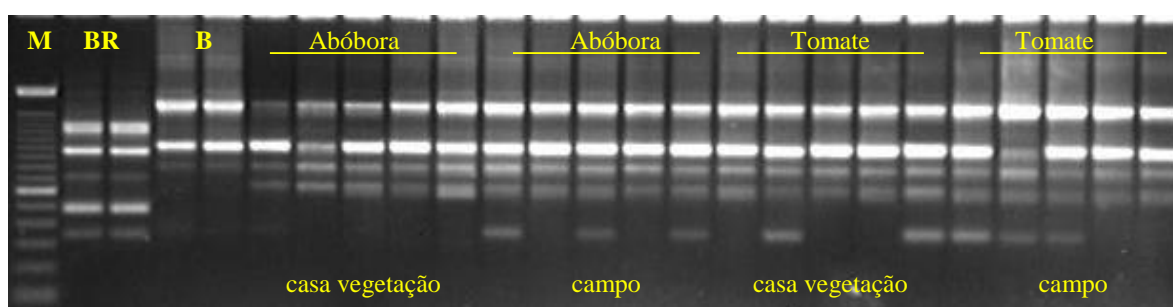
1 Biótipo BR de *B. tabaci* usado como padrão de identificação;

2 Biótipo B de *B. tabaci* usado como padrão de identificação;

3 Populações coletadas no campo;

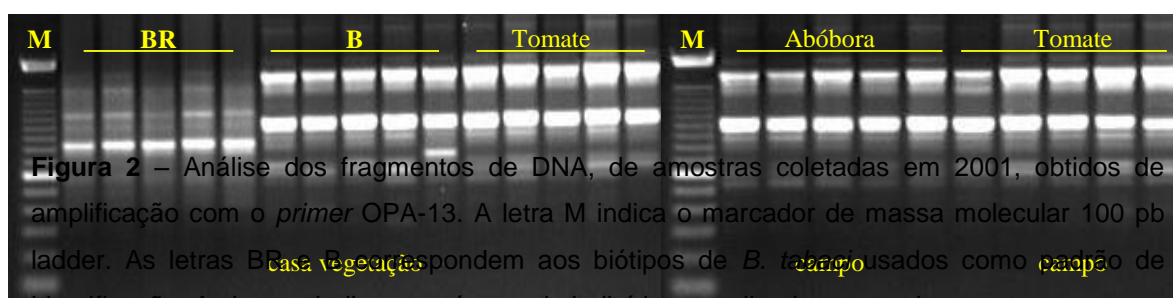
#### 4 Populações coletadas em casa de vegetação na Embrapa – Recursos Genéticos e Biotecnologia.

Em relação aos indivíduos coletados no ano de 2000, tanto em casa de vegetação quanto no campo, nas culturas de abóbora e tomate, não houve diferença significativa nos padrões de DNA quando amplificados com o *primer* OPA-13 (Figura 1).



**Figura 1** – Análise dos fragmentos de DNA, de amostras coletadas em 2000, obtidos de amplificação com o *primer* OPA-13. A letra M indica o marcador de massa molecular 100 pb ladder. As letras BR e B correspondem aos biótipos de *B. tabaci* usados como padrão de identificação. As barras indicam o número de indivíduos analisados em cada amostra.

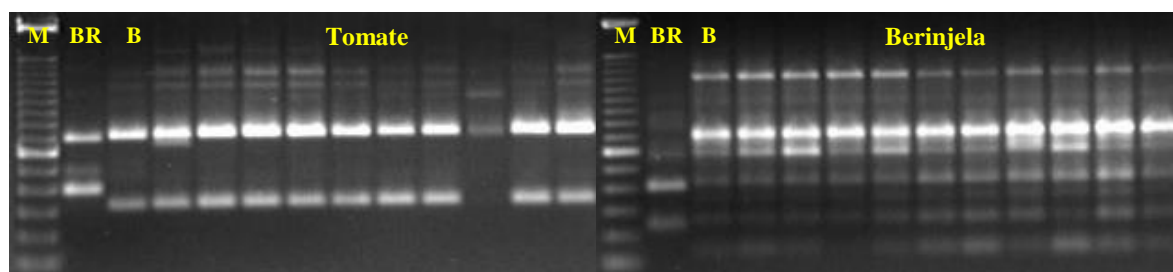
O mesmo resultado foi observado quando se utilizou o *primer* OPA-13 nas reações de amplificação de RAPD para as amostras coletadas em tomate, tanto em campo quanto em casa de vegetação, no ano de 2001 (Figura 2).



**Figura 2** – Análise dos fragmentos de DNA, de amostras coletadas em 2001, obtidos de amplificação com o *primer* OPA-13. A letra M indica o marcador de massa molecular 100 pb ladder. As letras BR e B correspondem aos biótipos de *B. tabaci* usados como padrão de identificação. As barras indicam o número de indivíduos analisados em cada amostra.

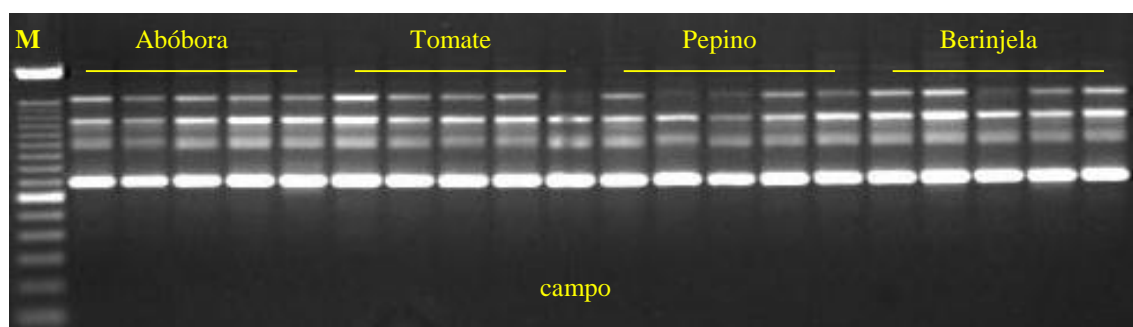
Os padrões relacionados à cultura de abóbora não puderam ser obtidos para o ano de 2001, pois não foi possível a coleta de indivíduos no referido período.

Utilizando-se o *primer* OPA-15, detectaram-se diferenças entre as populações coletadas em tomate e berinjela em 2000 (Figura 3).



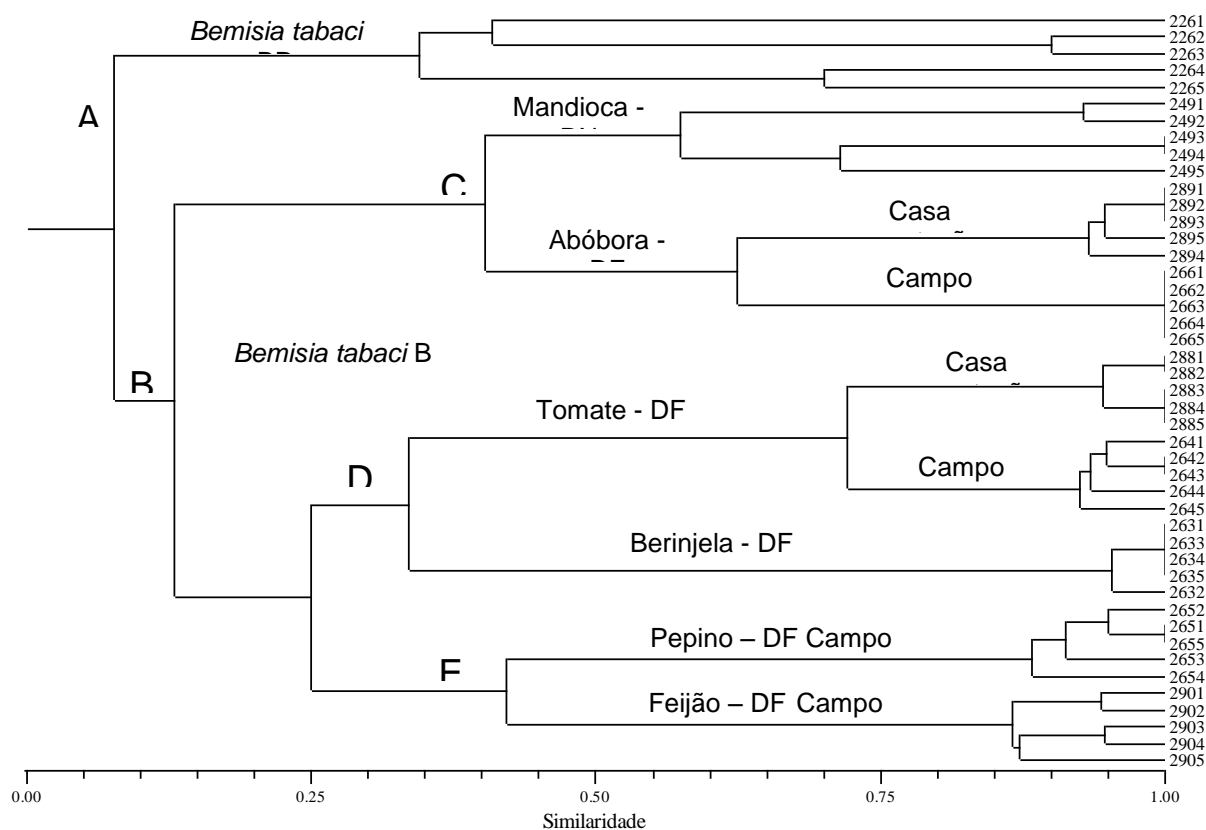
**Figura 3** - Análise dos fragmentos de DNA de mosca-branca, obtidos de amplificação com o *primer* OPA-15 a partir de populações coletadas no ano de 2000, em tomate e em berinjela. A letra M indica o marcador de massa molecular 100 pb ladder. As letras BR e B correspondem aos biótipos de *B. tabaci* usados como padrão de referência.

Entretanto, a análise molecular dessas mesmas amostras, coletadas em 2001, não permitiu observar diferenças no padrão de bandejamento quando se utilizou o mesmo *primer* (Figura 4).



**Figura 4** - Análise dos fragmentos de DNA de mosca-branca, obtidos de amplificação com o *primer* OPA-15 em populações coletadas em campo no ano de 2001, tanto em tomate quanto em berinjela. A letra M indica o marcador de massa molecular 100 pb ladder. As letras BR e B indicam os biótipos de mosca-branca usados como referência. As barras indicam o número de indivíduos analisados em cada amostra.

Os padrões de bandas obtidos pelas populações de mosca-branca coletadas em 2000 produziram dois (2) agrupamentos principais: 1. o agrupamento **A**, sendo formado apenas pelas populações de *B. tabaci* biótipo BR coletadas em algodão e; 2. o agrupamento **B**, constituído apenas pelas populações de *B. tabaci* biótipo B, coletadas em mandioca, abóbora, pepino, feijão, berinjela e tomate (Figura 5).



**Figura 5** – Análise das populações de *B. tabaci* coletadas no ano de 2000 em culturas mantidas tanto em casa de vegetação quanto em campo. Os números indicam: 226, biótipo BR de *B. tabaci*; 249, 263, 264, 265, 266, 288, 289 e 290 correspondem ao biótipo B de *B. tabaci* coletados em diferentes culturas no Distrito Federal.

O agrupamento **E** ficou constituído pelas populações de mosca-branca presentes em culturas de feijão e pepino que apresentaram uma similaridade genética de 43%. Além disso, observou-se que as populações do agrupamento **D** presentes em culturas de berinjela e tomate apresentaram um grau de similaridade em torno de 33%. Por sua vez, esses dois agrupamentos apresentaram similaridade genética de 25%.

Pela análise do dendrograma, observou-se que o agrupamento **C** foi constituído pelas populações coletadas em abóbora e mandioca. Essas duas populações apresentaram 12,5% de similaridade genética em relação aos agrupamentos **D** e **E**. A amostra coletada em abóbora

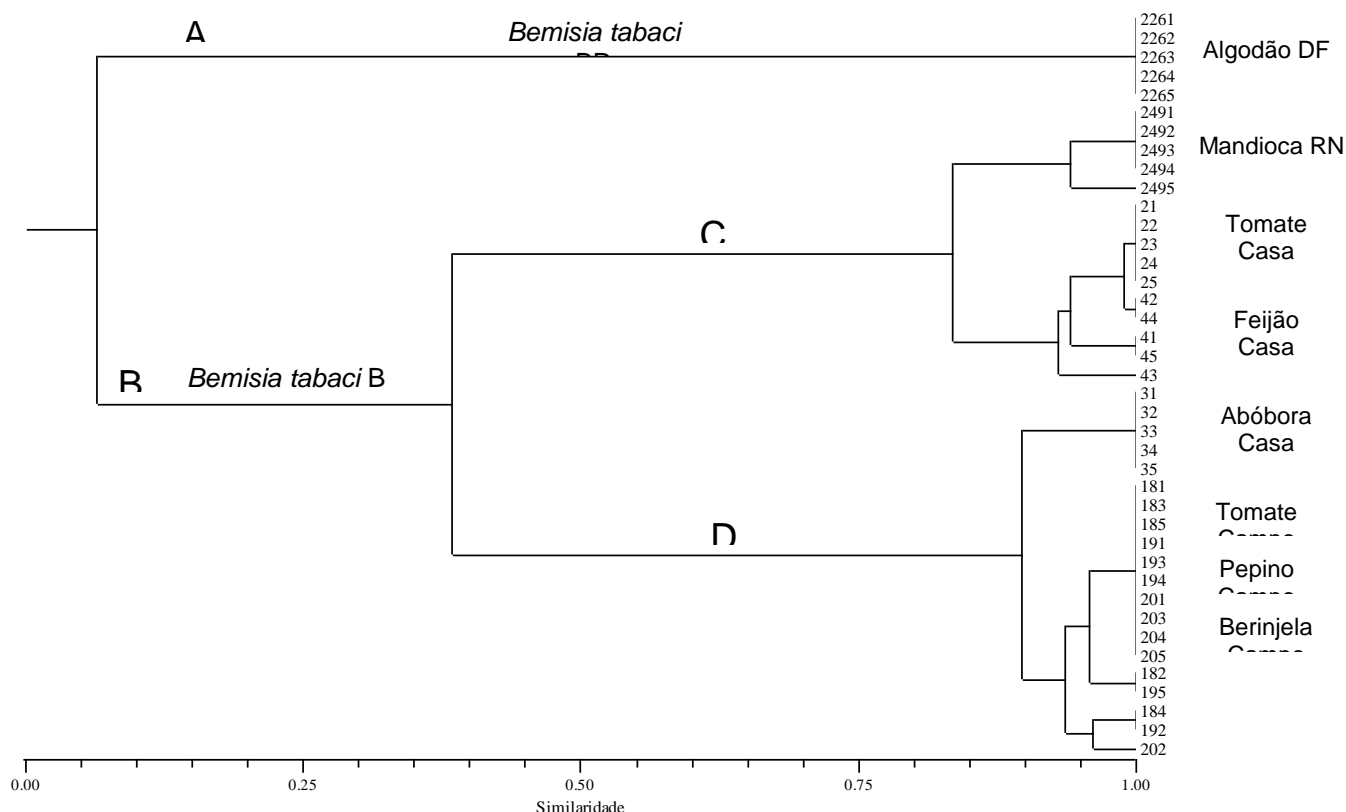


apresentou relação filogenética mais próxima com a população coletada em mandioca, originária do RN, apresentando grau de similaridade de 40% e mostrando-se diferente em relação às demais populações que foram coletadas na região de Planaltina (DF).

Observaram-se também diferenças entre os indivíduos coletados em culturas mantidas tanto em casa de vegetação quanto a campo. As populações coletadas em abóbora (campo e casa de vegetação) apresentaram um grau de similaridade em torno de 65%. Para as populações coletadas em tomate, sob as mesmas condições, observou-se similaridade em torno de 75%. O dendrograma revelou que a população de *B. tabaci* biótipo **BR** (agrupamento **A**) apresentou menor grau de similaridade em relação às demais populações analisadas nesse estudo (10%). Os dados binários, gerados pelos perfis de marcadores moleculares obtidos pelo uso dos *primers* de RAPD, foram usados na análise de variância molecular (AMOVA). Por meio da comparação de todas as populações de *B. tabaci* biótipos B e BR, observaram-se que 92,06% da fonte de variação genética era originária de variações entre as populações e que, 7,94% era proveniente de variações dentro das populações. Comparando-se as populações coletadas em tomate e abóbora tanto em campo quanto em casa de vegetação, observou-se uma variação de: 73,89% entre populações dentro dos grupos; 23,08% entre os grupos; e 3,04% dentro das populações. A seguir, fazendo-se uma comparação entre todas as populações coletadas em campo e em casa de vegetação, observou-se uma variação de: 76,58% entre populações dentro dos grupos; 18,50% entre os grupos; e 4,92% dentro das populações.

As informações de variância molecular refletem resultados semelhantes aos das análises de populações de mosca-branca coletadas em várias culturas em várias regiões do Brasil, ou seja, o fator cultura e localidade não influenciam na separação das populações. Sendo assim, foi proposta nova coleta de populações na região do Distrito Federal para a confirmação dos resultados anteriormente descritos.

A análise das populações coletadas em 2001, revelou diferenças em relação a análise do ano anterior. Observou-se que as populações de *B. tabaci* biótipo **B** formaram dois agrupamentos: o agrupamento **A**, formado pela população de *B. tabaci* biótipo BR; e o agrupamento **B**, formado pelas populações de *B. tabaci* biótipo B coletadas tanto em campo quanto em casa de vegetação, em culturas de mandioca, tomate, feijão, abóbora, pepino e berinjela (Figura 6).



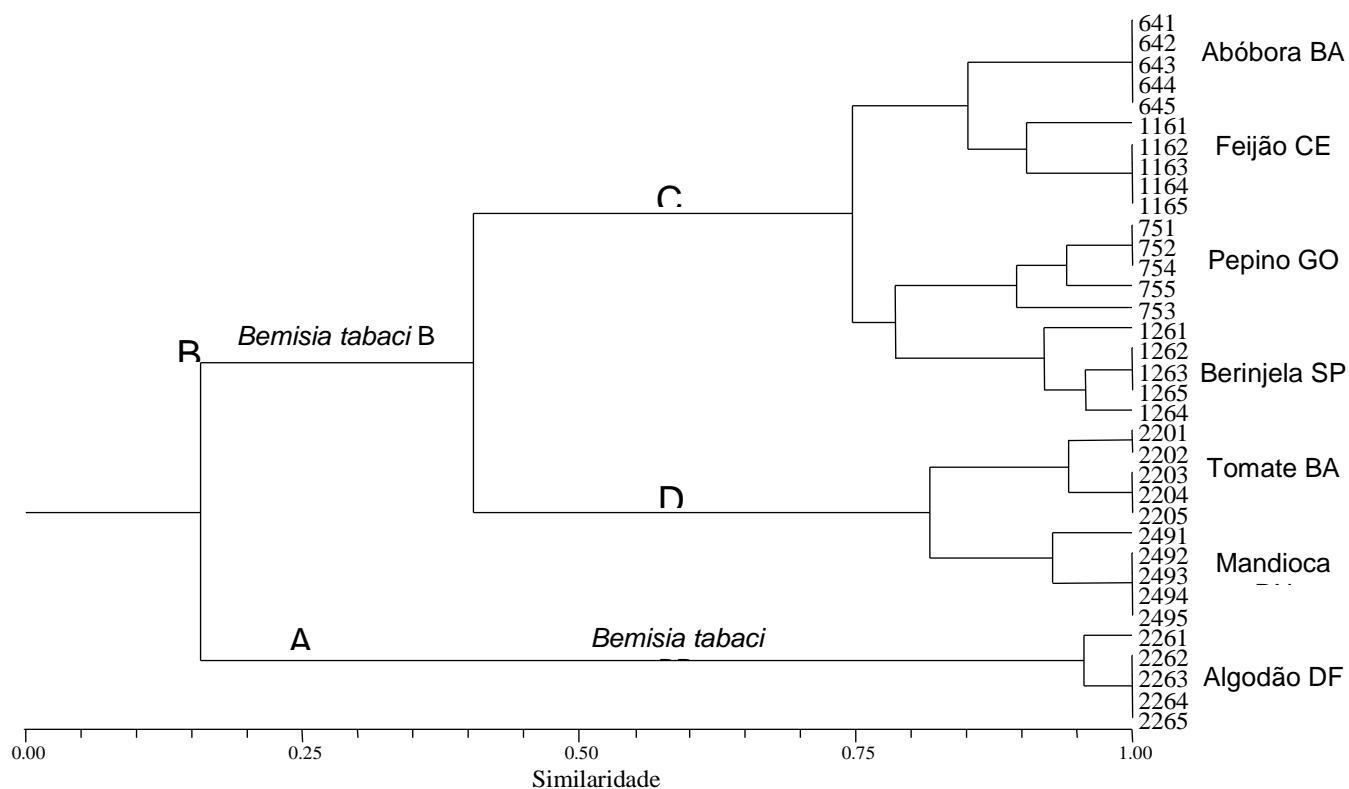
**Figura 6** – Análise das populações de *Bemisia* coletadas no ano de 2001 em culturas mantidas tanto em casa de vegetação quanto em campo. Os números indicam: 226, biótipo BR de *B. tabaci*; 249, 02, 03, 04, 18, 19 e 20, biótipo B de *B. tabaci* coletada em culturas do Distrito Federal.

Uma vez mais, confirmou-se que a população de *B. tabaci* biótipo BR, apresentou baixa similaridade genética (5%) em relação às amostras de *B. tabaci* biótipo B utilizadas, formando um clado em separado (agrupamento **A**).

Para o agrupamento **B**, foram identificadas duas divisões (**C** e **D**). Na divisão **C**, as populações coletadas em tomate e feijão, ambas provenientes de casa de vegetação, apresentaram similaridade em torno de 94%. Essas populações coletadas em casa de vegetação formaram um grupo único e apresentaram 83% de similaridade com a população coletada em mandioca originária do RN. Na divisão **D**, as populações coletadas em tomate, pepino e berinjela, coletadas em campo, apresentaram similaridade em torno de 96%, formando um grupo único. Esse resultado apresentou-se diferente de todas as análises que foram realizadas, uma vez que, o padrão que parecia estar estabelecido era o de separação das populações do biótipo B de *B. tabaci* em função do tipo cultura. Além disso, os indivíduos coletados em cultura de abóbora mantida em casa de vegetação, apresentaram similaridade de 89% com as culturas coletadas em campo, agrupando-se com estas populações.

Em seguida, realizou a análise de variância molecular (AMOVA) para a determinação das fontes de variação observadas no dendrograma. Dos resultados obtidos pela AMOVA, quando todas as populações foram analisadas em conjunto, determinou-se que 96,66% da fonte de variação observada eram provenientes de variações entre as populações analisadas e que 3,34% eram de variações dentro das populações. Comparando-se os principais agrupamentos (**A**, **C** e **D**), observou-se uma variação de: 52,85% entre populações dentro dos grupos; 44,28% entre os grupos e 2,86% dentro das populações. Analisando-se apenas as populações de *B. tabaci* biótipo B (agrupamentos **C** e **D**) determinou-se que a variação era devida a: 83,75% entre populações dentro dos grupos; 11,05% entre os grupos; e 5,20% dentro das populações. Comparando-se as populações coletadas tanto em campo quanto em casa de vegetação, a variação genética observada foi de: 85,76% entre populações dentro de grupos; 8,99% entre os grupos; e 5,24% dentro das populações. Dos resultados da AMOVA, confirmou-se, mais uma vez, que a variabilidade genética encontrada entre as populações não era influenciada pela cultura, localidade de coleta ou ano. Esse resultado é válido mesmo considerando-se o caso das populações do agrupamento **D**.

Em função dos resultados encontrados entre as populações de *B. tabaci* biótipo B coletadas no Distrito Federal, realizou-se mais uma análise utilizando-se, agora, populações de várias localidades do Brasil coletadas em culturas ao longo do ano de 1999 para o estabelecimento de padrões de comparação. Os resultados revelaram a formação de dois agrupamentos: **1.** o primeiro (agrupamento **A**), foi constituído pela população de *B. tabaci* biótipo BR e; **2.** o segundo (agrupamento **B**), foi constituído por populações de *B. tabaci* biótipo B coletadas em abóbora, feijão, pepino, berinjela, tomate e mandioca (Figura 7).



**Figura 7** – Análise das populações de *Bemisia* coletadas em culturas originárias de várias localidades do Brasil ao longo do ano de 1999. Os números indicam: 226, biótipo BR de *B. tabaci*; 249, 64, 75, 116, 126 e 220, biótipo B de *B. tabaci* coletados em diferentes culturas no Brasil.

A análise do dendrograma revelou que o biótipo BR de *B. tabaci* apresentou o menor índice de similaridade em relação às demais populações analisadas (16%), formando um agrupamento à parte. Para as populações de *B. tabaci* biótipo B foram identificados dois agrupamentos (**C** e **D**). No agrupamento **C**, as populações de abóbora e feijão apresentaram 75% de similaridade em relação às amostras coletadas em pepino e berinjela. As populações de abóbora (BA) e feijão (CE) apresentaram 85% de similaridade e, as populações de pepino (GO) e berinjela (SP), apresentaram similaridade de 78%. No agrupamento **D**, observou-se que a similaridade das populações de tomate (BA) e mandioca (RN) foi de 82%. O dendrograma revelou que as populações provenientes de estados da região nordeste formaram dois grupos distintos, enquanto as populações do Centro-Oeste e Sudeste formam um grupo único. A análise do dendrograma sugere também uma possível separação das populações em função do tipo de cultura.

Dessa forma, os dados obtidos a partir dessas populações foram submetidos à análise de variância molecular (AMOVA). Fazendo-se a comparação entre todas as populações do

estudo, observou-se que a variação era devida a: 95,69% entre as populações e 4,31% dentro das populações. Considerando-se apenas as populações do biótipo B de *B. tabaci* observou-se que a variação era devida a 95,26 % entre as populações e 4,74% dentro das populações. Com esses resultados, confirmou-se que a variabilidade observada entre as populações de *B. tabaci* está correlacionada, provavelmente, com a estratégia de reprodução adotada por essa espécie. Soma-se a esses fatos, a ampla variabilidade genética que é encontrada dentro dessa espécie de aleirodideo.

A análise dos dendrogramas permitiu destacar algumas características, dentre as quais:

- O biótipo BR de *B. tabaci* apresentou baixa similaridade em todas as análises, variando de 10% a 15%, em relação ao biótipo B;
  - A comparação das populações coletadas em mandioca e tomate, tanto no monitoramento realizado em 2001 quanto na análise das populações coletadas no Brasil, revelou um grau de similaridade variando de 80% a 85%;
  - O monitoramento de 2000 e 2001 indicou que as populações coletadas em berinjela e em tomate apresentaram diferenças no grau de similaridade, variando de 35% no ano de 2000 para 90% em 2001.
  - A comparação das populações coletadas em mandioca e tomate, no monitoramento de 2001 e no estudo realizado nas populações ao longo de 1999, revelou que estas apresentaram variação de 80% a 85% no grau de similaridade;
  - A análise das populações coletadas em berinjela e pepino, indicou uma similaridade de 80% nas populações coletadas em 1999 e de 99% no monitoramento realizado em 2001;
  - No monitoramento realizado em 2001, observou-se que as populações coletadas no campo formaram um agrupamento único;
  - Na análise das populações feita em 1999, observou-se que aquelas amostras coletadas na região nordeste formaram grupos distintos em relação às coletadas no Centro-Oeste e Sudeste.
  - A variação observada nos monitoramentos das populações do biótipo B ocorrendo no Distrito Federal pode ser devida às alterações climáticas ocorridas no mês de agosto, tanto em 2000 (quente e seco) quanto em 2001 (frio e chuvoso).
  - Os resultados, quando organizados em um dendrograma, sugerem que as populações de um mesmo biótipo possa se agregar de acordo com a cultura hospedeira. Contudo, por meio da análise de variância molecular (AMOVA), observou-se que a fonte de variabilidade estava relacionada a variações entre as populações e não dentro das populações.
- Utilizando padrões de esterase, Liu et al. (1992) observaram que populações de *B. tabaci* biótipo B coletadas em culturas de poinsetia e hibisco estabelecidas nos Estados Unidos apresentaram perfis idênticos de isoenzimas, indicando que esses padrões isoenzimáticos não eram influenciados pela cultura vegetal hospedeira.
- Entretanto, Wool et al. (1989) a partir dos padrões de esterase obtidos de populações de *B. tabaci* coletadas em diferentes regiões geográficas da Colômbia, sugeriram que as moscas-

brancas da Colômbia eram diferenciadas geograficamente. Os autores apresentaram a definição de raças geográficas para melhor definir essa característica revelada pelas isoenzimas.

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.

Independentemente dos eventos que influenciem a distribuição das populações de *B. tabaci*, a técnica de RAPD mostrou-se sensível o bastante para revelar flutuações ocorridas nas populações ao longo de um ano e confirmar a existência de biótipos. (BURBAN et al., 1992).

Nos dendrogramas e nas análises de variância molecular é revelado um comportamento complexo da mosca-branca. A espécie-complexo agrupa variáveis que vão desde a estratégia reprodutiva da espécie até outros parâmetros, entre eles, comportamentais, ambientais e biológicos.

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.

Sendo assim, ressalta-se a importância de métodos bem estabelecidos para a identificação de biótipos específicos de mosca-branca, evitando-se denominações diferentes para o mesmo tipo de biótipo em virtude da dinâmica genética dessa espécie. 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. Já 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.

Estas informações poderão servir de base para estudos futuros, visando identificar quais fatores influenciam na distribuição das populações em uma dada área, como também, poderão ser úteis na determinação de métodos de controle químico da mosca-branca em relação a uma cultura hospedeira específica. Passa a ser de grande importância a obtenção de informações a respeito das fontes de variação que ocorrem dentro do biótipo B de *B. tabaci*, uma vez que, populações resistentes de mosca-branca podem ser selecionadas com relativa facilidade após a aplicação de inseticidas químicos.

## Conclusão

A partir dos resultados obtidos nos experimentos de identificação molecular, foi possível observar a rápida dispersão do biótipo B para todas as Unidades da Federação e, em função da elevada diversidade genética, obtida pelas análises moleculares, ressalta-se a complexidade da espécie *B. tabaci*. Além disso, os resultados obtidos dos estudos de população sugerem que dentro do biótipo B, possa haver distinções entre os indivíduos de acordo com a cultura hospedeira. Provavelmente, a variabilidade genética encontrada nas populações de *B. tabaci* biótipo B possa ser o reflexo da estratégia reprodutiva adotada pela espécie para superar condições adversas, tais como, a pressão provocada por substâncias químicas. Sendo assim, a cultura hospedeira selecionada pela população não influenciaria diretamente na dinâmica dos marcadores moleculares. Os efeitos combinados da baixa frequência de migração em associação com o efeito clonal produzido pela atividade partenogenética da espécie podem ser as responsáveis pela identificação de perfis moleculares específicos em cada amostra analisada. Os ciclos de reprodução podem ser estratégias adotadas para a garantia do estabelecimento da população em uma dada cultura e, para promover o aumento de variabilidade, quando em condições de pressão de seleção. A somatória desses eventos pode ser a responsável pela considerável variação dentro de um mesmo biótipo, na complexidade da espécie *B. tabaci*.

## Referências

- 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.; FROHLICH, D. R.; ROSELL, R. C. The sweetpotato silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a new species complex? **Annual Review of Entomology**, Stanford, v. 40, p. 511-534, 1995.
- BURBAN, C.; FISHPOOL, L. D. C.; FAUQUET, C.; FARGETTE, D.; THOUVENEL, J. C. Host-associated biotypes within West African populations of the whitefly *Bemisia tabaci* (Genn.). (Hom., Aleyrodidae). **Journal of Applied Entomology**, Berlin, v. 113, p. 416-423, 1992.

DE BARRO, P. J. Genetic structure of the whitefly *Bemisia tabaci* in the Asia-Pacific region revealed using microsatellite markers. **Molecular Ecology**, Oxford, UK, v. 14, p. 3695-3718, 2005.

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**, Wallingford, UK, 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**, Wallingford, UK, v. 87, p. 587-593, 1997.

LIMA, L. H. C.; OLIVEIRA, M. R. V. de.; GOMES, A. C. M. M.; FERREIRA, D. N. M. **Análise eletroforética 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.; NÁVIA, 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.; 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.

LIU, H. Y.; COHEN, S.; DUFFUS, J. E. The use of isozyme patterns to distinguish sweetpotato whitefly (*Bemisia tabaci*) biotypes. **Phytoparasitica**, Bet Dagan, Israel, v. 20, n. 3, p. 187-194, 1992.

MARINHO, V. L. A.; FONSECA, M. E. N. Ocorrência de RNA do tipo viróide em plantas de crisântemo proveniente do estado de São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 17, n. 2, p. 179, 1992.

MARTINEZ, S. S.; DE CARVALHO, A. O. R.; VIEIRA, L. G.; NUNES, L. M.; BIANCHINI, A. Identification, geographical distribution and host plants of *Bemisia tabaci* (Genn.) biotypes (Homoptera: Aleyrodidae) in the state of Paraná, Brazil. **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, Jaboticabal, SP, v. 29, n. 3, p. 597-603, 2000.

MARUTHI, M. N.; COLVIN, J.; SEAL, S. Mating compatibility, life-history traits, and RAPD-PCR variation in *Bemisia tabaci* associated with the cassava mosaic disease pandemic in East Africa. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, Dordrecht, NL, v. 99, n. 1, p. 13-23, 2001.  
MELO, P. C. T. **Mosca-branca ameaça produção de hortaliças**. Campinas: ASGROW, 1992. 2 p. (Semente. Informe técnico).

MOYA, A.; GUIRAO, P.; CIFUENTES, D.; BEITIAS, F.; CENIS, J. L. Genetic diversity of Iberian populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based 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, Aleyrodidae). **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* raça 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 of 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.

SECKER, A. E.; BEDFORD, I. D.; MARKHAM, P. G.; WILLIAMS, M. E. C. de. Squash, a reliable field indicator for the presence of the B biotype of tobacco whitefly, *Bemisia tabaci*. In: BRIGHTON CROP PROTECTION CONFERENCE PESTS AND DISEASES, 1998, Brighton UK. **Proceedings...** Farnham, UK: British Crop Protection Council, 1998. v. 3, p. 837-842.

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.

VILLAS BOAS, G. L.; FRANÇA, F. H.; ÁVILA, A. C. de; BEZERRA, I. C. **Manejo integrado da mosca-branca *Bemisia argentifolii***. Brasília, DF: EMBRAPA-CNPq, 1997. 11 p. (EMBRAPA-CNPq. Circular técnica, 9).

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. 117, p. 122-134, 1989.