

## SYSTEMATICS, MORPHOLOGY AND PHYSIOLOGY

Variabilidade Genética de *Bemisia tabaci* (Gennadius) Biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae) em Cultivos Olerícolas em São Luís, MA

MARIA C DA SILVA<sup>1</sup>, RAIMUNDA N S DE LEMOS<sup>2</sup>, LUZIA H C LIMA<sup>3</sup>, LUIZ R GOURLART FILHO<sup>4</sup>,  
SILMA R F PEREIRA<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Agroecologia, UEMA, C. postal 9, 65.055-098, São Luís, MA

<sup>2</sup>Depto. Fitotecnia e Fitossanidade, CCA/UEMA, C. postal 6.006, 65.051-970, São Luís, MA

<sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C. postal 02372, Brasília, DF

<sup>4</sup>Lab de Genética Molecular, Univ. Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

<sup>5</sup>Lab de Genética e Biologia Molecular, Univ. Federal do Maranhão, São Luís, MA

Edited by Fernando L Cônsoli – ESALQ/USP

*Neotropical Entomology* 38(6):762-768 (2009)

Genetic Variability of the *Bemisia tabaci* (Gennadius) Biotype B (Hemiptera: Aleyrodidae) in Vegetable Crops in São Luís, State of Maranhão, Brazil

**ABSTRACT** - The RAPD technique is widely used to investigate the distinct genetic characteristics of the complex *Bemisia tabaci* (Gennadius), which is currently constituted of approximately 41 biotypes. The objective of this research was to characterize populations of whitefly collected in crops of agricultural producing areas in São Luís, MA, like okra, beans and pepper, using RAPD molecular markers. Females from nine whitefly populations were analyzed and compared with *B. tabaci* biotype B taken from poinsettia culture of Embrapa Genetic Resources and Biotechnology (Brasília, DF). Twelve out of the 20 *primers* tested produced specific band patterns suitable to confirm that the evaluated specimens belong to the biotype B of *B. tabaci*, despite the high percentage of detected polymorphism. The analysis of the 96 RAPD molecular markers generated indicated that the populations on okra, beans and pepper were grouped according to the host cultures, sharing 80, 76 and 45% of genetic similarity, respectively, when compared with the control population of *B. tabaci* biotype B. A lower selective pressure was observed with the population of whitefly collected on pepper and minor genetic variability in the whitefly populations collected on okra and bean, when compared with the control population.

**KEY WORDS:** Whitefly, host culture, RAPD, genetic characterization

**RESUMO** - A técnica de RAPD é amplamente empregada para investigar características genéticas distintas dentro do complexo *Bemisia tabaci* Gennadius, atualmente constituído de aproximadamente 41 biótipos. O objetivo desta pesquisa foi caracterizar populações de mosca-branca coletadas em culturas agrícolas do município de São Luís, MA, como quiabo, feijão e pimentão, utilizando marcadores moleculares RAPD. Fêmeas de nove populações de mosca-branca foram analisadas e comparadas com o biótipo B de *B. tabaci* proveniente de cultura de poinsettia da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília, DF). Dos 20 iniciadores utilizados, 12 produziram padrões de bandas específicas, que permitiram confirmar que os espécimes avaliados pertencem ao grupo do biótipo B de *B. tabaci*, apesar da alta percentagem de polimorfismo detectado. Com os 96 marcadores moleculares RAPD gerados foi construído um dendrograma, que mostrou que as populações de quiabo, feijão e pimentão foram agrupadas de acordo com as culturas hospedeiras. A matriz de similaridade genética entre as populações de *B. tabaci* mostrou 80, 76 e 45% similaridade genética entre as populações das culturas de quiabo, feijão e pimentão, respectivamente, quando comparadas com a população controle de *B. tabaci* biótipo B. Foi também observada menor pressão de seleção na população de mosca-branca coletada em pimentão e menor variabilidade genética nas populações de mosca-branca coletadas em quiabo e feijão, quando comparadas com a população controle.

**PALAVRAS-CHAVE:** Mosca-branca, cultura hospedeira, RAPD, caracterização genética

*Bemisia tabaci* (Gennadius) representa um complexo de 41 biótipos (De Barro *et al* 2005), dentre os quais o biótipo B tornou-se uma das mais importantes pragas para a agricultura mundial (Lima *et al* 2000), causando grande impacto sócio-econômico tanto como praga (danos diretos) quanto como vetor, especialmente de fitovíruses (danos indiretos) (Lima *et al* 2002b). Estima-se que nas últimas três décadas as perdas e os custos de controle provocados por esse inseto foram da ordem de bilhões de dólares (Oliveira *et al* 2001, 2003).

No Brasil, o biótipo B de *B. tabaci* foi introduzido no início dos anos 90 no estado de São Paulo, atingindo rapidamente as principais fronteiras agrícolas do país, sendo poucos os estados onde ainda não ocorre (Lourenção *et al* 2003). Na Região Nordeste, devido ao clima tropical seco com estação úmida curta, alta luminosidade e calor constante esse inseto tem se adaptado facilmente, com infestações elevadas, causando desordens fitotóxicas nas plantas atacadas e geminivíruses (Lourenção *et al* 2001, Lima *et al* 2003).

A complexidade da espécie *B. tabaci* tem gerado inúmeros trabalhos que utilizam diversas técnicas moleculares para a análise do seu DNA nuclear e mitocondrial. As técnicas moleculares mais utilizadas para identificar os numerosos biótipos que formam o complexo *B. tabaci* e determinar as características genéticas distintas entre eles incluem PCR (Polymorphic Chain Reaction) (Calvert *et al* 2001, De Barro 2005), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (Khasdan *et al* 2005, Rekha *et al.* 2005), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) (Cervera *et al* 2000, Göçmen & Devran 2002) e RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) (Abdullahi *et al* 2004, Rabello 2005).

No Brasil, ainda são poucos os trabalhos que utilizam técnicas moleculares para o estudo genético das populações de mosca-branca, sendo a técnica de RAPD a mais comumente utilizada. Os resultados de alguns trabalhos dessa natureza têm demonstrado uma enorme dispersão do biótipo B de *B. tabaci* em praticamente todos os estados brasileiros, bem como a presença de outro biótipo, o biótipo BR, nativo do Brasil, citado apenas em algumas análises moleculares (Lima *et al* 2002a, 2003, Truol *et al* 2003).

O conhecimento da variabilidade genética dos biótipos de *B. tabaci*, envolvendo populações de diferentes plantas hospedeiras de diferentes regiões geográficas, bem como a ocorrência de diferenciação genética intrapopulacional é essencial para o controle e manejo eficiente da praga (Lima *et al* 2003). Assim, este trabalho teve por objetivo caracterizar por análise molecular com marcadores RAPD populações de mosca-branca coletadas nas culturas de quiabo, feijão e pimentão, em três pólos de produção agrícola do município de São Luís, MA.

## Material e Métodos

**Coleta dos insetos.** Epécimes de mosca-branca foram coletados aleatoriamente nas culturas de quiabo (*Abelmoschus esculentus*) cultivar Valência, feijão (*Phaseolus vulgaris*) cultivar Macarrão e pimentão (*Capsicum annuum*)

cultivar Magali, nos meses de janeiro a abril de 2006, nos pólos agrícolas de Itaperá, Quebra Pote e Cinturão Verde, localizados em áreas rurais de São Luís, MA, os quais estão equidistantes do marco zero a 21, 13 e 14 km, respectivamente. Folhas contendo ninfas foram mantidas em condições controladas (30°C, umidade relativa de 80% e fotofase de 14h) para a emergência dos adultos, os quais foram fixados em etanol 70% e armazenados a -20°C.

Os indivíduos foram sexados, considerando-se o tamanho dos adultos e o formato do abdome (Souza & Vendramim 2000). Realizaram-se ensaios preliminares utilizando-se grupos de 10 fêmeas de cada população para verificar a variação genética entre os indivíduos, seguindo os protocolos abaixo. Esses resultados mostraram a inexistência de variação intrapopulacional quanto aos *loci* estudados, o que permitiu a utilização de apenas um indivíduo nos experimentos definitivos.

**Extração do DNA.** Fêmeas adultas foram maceradas individualmente em 60 µl de tampão de lise (10 mM Tris-HCl pH 8, 1 mM EDTA, 0,30% Triton X-100, 60 µg/ml proteinase K), incubadas a 65°C por 20 min, seguida de incubação a 95°C por 7 min e refrigeradas imediatamente a -20°C. Foram utilizados 20 iniciadores em testes preliminares para a otimização da RAPD (Lima *et al* 2000).

**Reações de RAPD.** As reações de amplificação seguiram o protocolo descrito por Lima *et al* (2000), que foi otimizado aumentando-se a temperatura de anelamento dos iniciadores para permitir maior especificidade e repetibilidade dos ensaios. Assim, as amplificações foram preparadas em volume final de 30 µl contendo tampão 1X (Tris-HCl 20 mM pH 8,4, KCl 50 mM, MgCl<sub>2</sub> 2 mM), 0,2 mM dNTP, 0,4 µM iniciador, 2U *Taq* DNA polimerase e 4 µl de DNA (não-quantificado). As amplificações foram efetuadas em termociclador Peltier Thermal Cycle modelo MJ96<sup>+</sup>, programado para uma etapa inicial de 94°C a 3 min, seguindo-se cinco ciclos de 93°C a 1 min, 35°C a 40 segundos e 72°C a 2 min e 40 ciclos de 93°C a 1 min, 42°C a 40 segundos e 72°C a 2 min e extensão final de 5 min a 72°C. Os produtos de amplificação foram separados em eletroforese de gel de agarose (1,5%) a 90V por 2h, submerso em tampão TBE 1 X (Tris-borato 90 mM, EDTA 1 mM). A visualização foi possível pela coloração do gel com brometo de etídio (0,1 µg/ml) e os géis foram fotografados em sistema de fotodocumentação. A caracterização foi feita utilizando-se como padrão uma população controle de *B. tabaci* biótipo B proveniente de cultura de poinsettia da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília, DF).

**Análise dos dados.** Na interpretação e análise dos géis, apenas as bandas mais visíveis foram selecionadas como marcadores moleculares, sendo identificadas visualmente, assinalando-se a presença (um) e ausência (zero) dos marcadores entre as populações de *B. tabaci*. Desse modo, obteve-se uma matriz binária de valores um e zero que relacionou a presença ou ausência dos marcadores nos diferentes *loci* selecionados e nas populações de *B. tabaci*. Para cálculo dos índices de similaridade genética foi utilizada a matriz binária de valores um e zero no programa STATISTIC versão 6.0, para construção do dendrograma. Com a matriz binária calculou-se também

a porcentagem de polimorfismo obtida com cada iniciador utilizando-se a seguinte fórmula:

$$P = npp/nbt$$

Onde:

$P$  = porcentagem de polimorfismo (ou taxa de polimorfismo);

$nbp$  = número de bandas polimórficas;

$nbt$  = número de bandas total.

## Resultados e Discussão

Dos 20 iniciadores testados, 12 produziram resultados satisfatórios. Os iniciadores OPA-12 e OPA-15 forneceram o maior e o menor número de *loci* totais e polimórficos, respectivamente (Tabela 1). Os 12 iniciadores produziram padrões de bandas semelhantes entre as populações de mosca-branca e o total de 96 *loci* que permitiram confirmar que os espécimes avaliados pertencem ao grupo do biótipo B de *B. tabaci*, apesar da alta porcentagem de polimorfismo detectado (Fig 1, Tabela 1), comprovando dados de ocorrência desse biótipo no Nordeste, Leste e Meio-Oeste do Brasil (Lima *et al* 2000).

Os resultados do dendrograma obtidos a partir dos 96 marcadores moleculares de RAPD, não permitiram identificar um ramo capaz de separar as populações de *B. tabaci* em grupos distintos associados aos pólos Itapera, Quebra Pote e Cinturão Verde (Fig 2). A ausência de grupos distintos indica que as populações coletadas nesses três pólos são proximamente relacionadas. Além disso, as populações das culturas de quiabo e feijão, independente dos pólos, foram as que mais se aproximaram geneticamente ao biótipo B de *B. tabaci*, sendo as populações da cultura do pimentão as mais distantes geneticamente.

De modo geral, o dendrograma agrupou as populações

de *B. tabaci* de acordo com as culturas hospedeiras (Fig 2), seguindo resultados disponíveis na literatura (Lima *et al* 2002a, 2003, Truol *et al* 2003 e Abdullahi *et al* 2003). Assim, as estratégias de manejo dessa praga estabelecidas para uma cultura em determinada região, provavelmente, funcionarão para a mesma cultura em outras regiões. Por outro lado, poderão não funcionar para uma cultura diferente, localizada na mesma região (Lima *et al* 2003).

As diferenças genéticas entre populações de uma determinada espécie podem evoluir desde que as adaptações fisiológicas de um inseto para um determinado hospedeiro acarretem diminuição de desempenho ou valor adaptativo do inseto num hospedeiro alternativo (Via 1991, Busato *et al* 2002, Ikonen *et al* 2003). Em contrapartida, De Barro *et al* (2005) e De Barro (2005) sugerem que a divergência alopatrica das populações de *B. tabaci* é o mecanismo que explica a diversidade genética das populações devido à ausência de inter cruzamento. Entretanto, a possibilidade da influência de outros fatores na organização geral da diversidade genética das populações de mosca-branca não é descartada pelos referidos autores. Para Gerling (2002), tanto fatores geográficos, quanto as plantas hospedeiras, podem levar ao surgimento de especiação alopatrica.

A matriz de similaridade genética entre as populações de *B. tabaci* mostrou proximidade genética a partir de 80, 76 e 45% entre as populações das culturas de quiabo, feijão e pimentão, respectivamente, quando comparadas com a população controle de *B. tabaci* biótipo B (Tabela 2). A taxa de divergência (mínima de 15% e máxima de 55%), encontrada para as populações das três culturas, com relação à população controle, pode ser explicada pela distância geográfica entre os locais de coleta (São Luís, MA e Brasília, DF). Da mesma forma, Lima *et al* (2002a), empregando a técnica de RAPD, verificaram alta similaridade e elevada divergência genética considerando apenas populações de mosca-branca biótipo B coletadas em diferentes estados do Brasil e em diferentes plantas hospedeiras, com elevada

Tabela 1 Iniciadores selecionados para a caracterização de populações de *Bemisia tabaci* de três pólos agrícolas de São Luís, MA, seqüências e padrão de polimorfismo detectados.

| Iniciadores <sup>1</sup> | Seqüência (5'-3') | Número de <i>loci</i> obtidos | Número de <i>loci</i> polimórficos | Polimorfismo (%) |
|--------------------------|-------------------|-------------------------------|------------------------------------|------------------|
| OPA-2                    | TGC CGA GCT G     | 12                            | 11                                 | 91,67            |
| OPA-3                    | AGT CAG CCA C     | 8                             | 7                                  | 87,50            |
| OPA-4                    | AAT CGG GCT G     | 11                            | 10                                 | 90,91            |
| OPA-8                    | GTG ACG TAG G     | 7                             | 6                                  | 85,71            |
| OPA-10                   | GTG ATC GCA G     | 2                             | 2                                  | 100,00           |
| OPA-13                   | CAG CAC CCA C     | 7                             | 5                                  | 71,43            |
| OPA-15                   | TTC CGA ACC C     | 1                             | 0                                  | 0,0              |
| OPA-16                   | AGC CAG CGA A     | 10                            | 10                                 | 100,00           |
| OPA-17                   | GAC CGC TTG T     | 10                            | 9                                  | 90,00            |
| OPA-18                   | AGG TGA CCG T     | 10                            | 8                                  | 80,00            |
| OPA-19                   | CAA ACG TCG G     | 8                             | 6                                  | 75,00            |
| OPA-20                   | GTT GCG ATC C     | 10                            | 8                                  | 80,00            |

<sup>1</sup>Iniciadores da Operon Technology

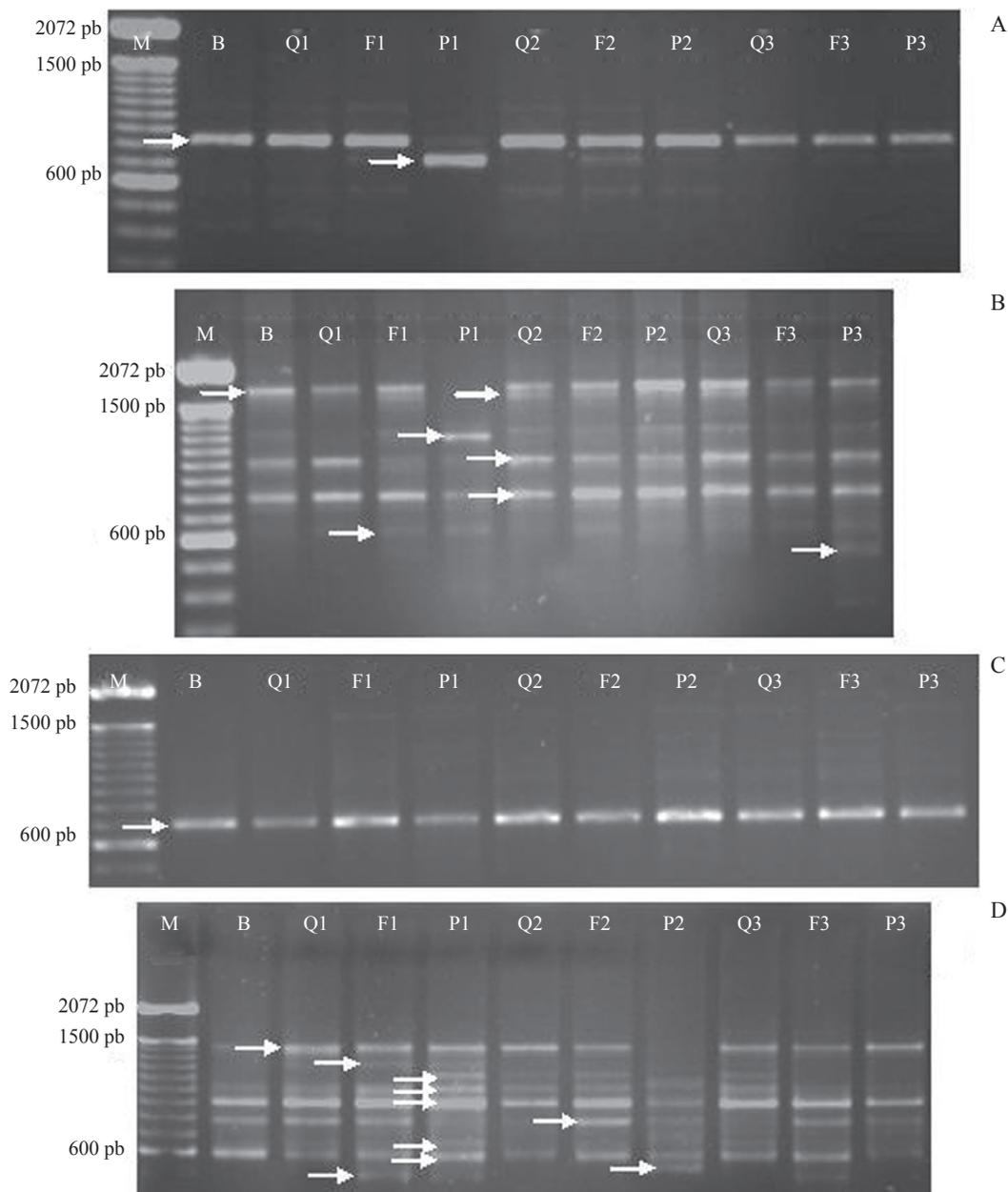


Fig 1 Perfis de RAPD gerado pelos iniciadores OPA-10 (A), OPA-13 (B), OPA-15 (C) e OPA-20 (D) com amostras de populações de *Bemisia tabaci*. As setas brancas indicam as bandas selecionadas como marcadores moleculares. M = marcador molecular 100 pb (Invitrogen®); B = perfil padrão para *Bemisia tabaci* biótipo B; Q = cultura de quiabo; F = cultura de feijão; P = cultura de pimentão; 1 = pólo Itapera; 2 = pólo Quebra Pote; 3 = pólo Cinturão Verde.

divergência genética da ordem de 31% entre as populações de mosca-branca coletadas em tomate em Pacoti, CE e soja em Miguelópolis, SP.

A similaridade genética existente entre a população controle *B. tabaci* biótipo B com as populações das culturas de quiabo, feijão e pimentão dos três pólos, pode ter ocorrido pela grande capacidade de dispersão do inseto. A distribuição de plantas ornamentais pelo transporte rodoviário de flores pode ter contribuído para a dispersão do biótipo B de *B. tabaci* para várias regiões do Brasil (Oliveira 2001, Lima *et al* 2001). A grande adaptabilidade dos indivíduos de *B.*

*tabaci* biótipo B a diferentes temperaturas e hospedeiros, quanto à resistência a pesticidas pode ter sido também um dos fatores que têm favorecido a disseminação dos mesmos em todo o país, principalmente na Região Nordeste e no Semi-Árido, permitindo sua ocorrência em alta densidade em várias regiões do Brasil (Oliveira 2001).

A alta similaridade existente entre as populações de mosca-branca de São Luís, com exceção da população da cultura de pimentão do pólo Itapera (Tabela 2), sugere a influência do hábito migratório do inseto. Os adultos deixam seu habitat original em resposta à deterioração

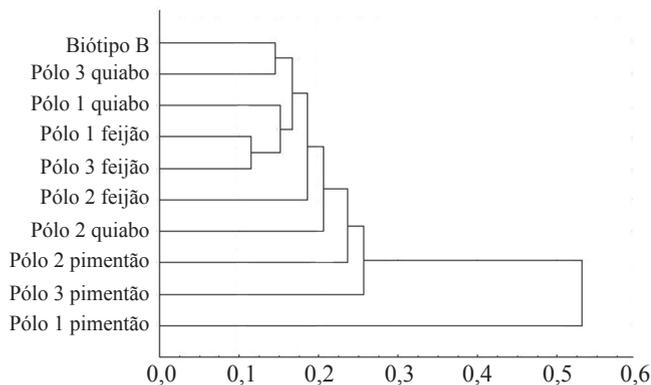


Fig 2 Dendrograma com padrão de similaridade genética entre as populações de *Bemisia tabaci* obtido a partir de matrizes binárias utilizando marcadores RAPD. Biótipo B = população controle de *Bemisia tabaci*, Pólo 1 = Itaperá, Pólo 2 = Quebra Pote, Pólo 3 = Cinturão Verde.

do hospedeiro e à direção do vento, e tendem a migrar para campos de cultivos recentes (Villas Bôas *et al* 1997). Seu vôo varia de acordo com a intensidade do vento e condições locais de competição. A capacidade de dispersão de moscas-brancas pode atingir até 7 km/dia, fazendo com que grandes populações possam sobreviver e colonizar novos ambientes e culturas, e, principalmente, adaptar-se a diferentes hospedeiros e condições climáticas (Byrne 1999). O entendimento da estrutura genética de populações de insetos depende de observações ecológicas referentes ao comportamento de vôo e à capacidade de dispersão da espécie (Sósa-Gómez 2004).

Do ponto de vista evolutivo, sugere-se que a baixa variabilidade genética existente entre as populações de mosca-branca de São Luís tenha sido favorecida pela maior especialização desse inseto devido ao uso de pesticidas nessas áreas, que podem atuar selecionando grupos com perfis

Tabela 2 Matriz de similaridade genética entre as populações de *B. tabaci* obtida utilizando marcadores RAPD.

| Populações | B <sup>1</sup> | Q1   | F1   | P1   | Q2   | F2   | P2   | Q3   | F3   | P3   |
|------------|----------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| B          | 0,00           |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| Q1         | 0,81           | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |
| F1         | 0,85           | 0,86 | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |
| P1         | 0,45           | 0,50 | 0,43 | 0,00 |      |      |      |      |      |      |
| Q2         | 0,80           | 0,74 | 0,77 | 0,43 | 0,00 |      |      |      |      |      |
| F2         | 0,76           | 0,75 | 0,84 | 0,48 | 0,78 | 0,00 |      |      |      |      |
| P2         | 0,77           | 0,74 | 0,77 | 0,41 | 0,79 | 0,72 | 0,00 |      |      |      |
| Q3         | 0,85           | 0,82 | 0,87 | 0,55 | 0,85 | 0,84 | 0,77 | 0,00 |      |      |
| F3         | 0,85           | 0,83 | 0,89 | 0,44 | 0,80 | 0,81 | 0,78 | 0,82 | 0,00 |      |
| P3         | 0,72           | 0,77 | 0,74 | 0,44 | 0,72 | 0,71 | 0,76 | 0,72 | 0,81 | 0,00 |

<sup>1</sup>B = perfil padrão para *Bemisia tabaci* biótipo B; Q = cultura de quiabo; F = cultura de feijão; P = cultura de pimentão; 1 = pólo Itaperá; 2 = pólo Quebra Pote; 3 = pólo Cinturão Verde.

genéticos ligeiramente diferentes dentro de um dado biótipo de *B. tabaci*. O biótipo B de *B. tabaci* tem capacidade de desenvolver resistência a inseticidas rapidamente (Byrne *et al* 2003, Lima *et al* 2003, Byrne & Nichols 2005) o que pode ter contribuído para tornar essas populações geneticamente homogêneas entre si, uma vez que o uso contínuo de inseticidas exerce forte pressão seletiva, resultando no aumento de populações resistentes (Palumbo *et al* 2001, Torres & Ruberson 2004).

A evolução da resistência a inseticidas em populações de pragas pode ser equacionada principalmente em função da frequência do alelo de resistência, intensidade da pressão de seleção, padrão de herança de resistência, custo adaptativo e fluxo gênico (Georghiou & Taylor 1997). A explicação mais provável para a perda de heterozigose em populações de *B. tabaci*, e consequente resistência a inseticidas, relaciona-se à ecologia da praga, uma vez que a espécie coloniza plantas de ciclo curto (De Barro 2005). De acordo com esse autor, quando poucos genótipos colonizam uma dada cultura, as chances de endocruzamentos são altas, levando à menor variabilidade genética.

Outra hipótese para a baixa variabilidade genética determinada pode estar relacionada com a estratégia reprodutiva adotada pela espécie, sendo a partenogênese arrenotoca a forma preferencial para manter os genes nas populações desse inseto. Fatores genéticos, tais como a arrenotoquia, que favorecem a eliminação de genes recessivos desfavoráveis nos machos haplóides, bem como as atividades humanas que proporcionam grande quantidade de fontes alimentícias homogêneas e estáveis, associadas à pressão de seleção pelos inseticidas que conduzem ao desenvolvimento de resistência, contribuem para a rápida especialização e consequente especiação em moscas-brancas (Gerling 2002). Lima *et al* (2003) verificaram que a aplicação excessiva e desordenada de defensivos químicos e o clima quente na região de Mossoró (RN) favoreceram o desenvolvimento de resistência de mosca-branca a pesticidas, assim como a adaptação, o aumento e a dispersão desse inseto nas propriedades agrícolas.

Apesar da similaridade existente entre as populações de mosca-branca de São Luís, a população da cultura de pimentão sofreu menor pressão ambiental do que as populações das demais culturas, resultando em maior variabilidade genética (Figs 1 e 2). É possível que a maior diversidade genética na população da cultura do pimentão decorra da não aplicação de pesticidas, verificada principalmente no pólo Itaperá, ou da inadequação do hospedeiro ao inseto (Simmons 1999, 2002, Nava-Camberos *et al* 2001), sugerindo que a população de pimentão do pólo Itaperá seja composta por migrantes de outras culturas vizinhas. São inúmeros os hospedeiros secundários de *B. tabaci* biótipo B que poderiam servir como reservatórios para a praga e permitiriam a sua posterior migração para o pimentão (Cano-Rios *et al* 2000, Martinez *et al* 2000, Perring 2001, Bezerra *et al* 2004). Sabe-se que se divergências entre populações de insetos que utilizam diferentes hospedeiros forem mantidas por seleção natural, haverá favorecimento para o surgimento de subespécies, biótipos ou ecótipos (Via 1991).

Vale ressaltar a necessidade de mais estudos sobre as

populações de *B. tabaci*, buscando entender a composição genética e diferenciação entre os seus biótipos, uma vez que além do biótipo B, existe também o biótipo BR no Brasil. Segundo Lopes-da-Silva (2004), o conhecimento da existência de biótipos em insetos de importância agrícola é fundamental para o manejo integrado de pragas, pois muitos problemas com pragas agrícolas são também problemas evolutivos, e compreender como ocorre a evolução em sistemas agrícolas pode facilitar a implementação de estratégias de controle (Vía 1990).

Os resultados obtidos no presente trabalho mostraram, principalmente, alta dispersão do biótipo B de *B. tabaci* em São Luís, MA. A metodologia molecular estabelecida, aumentando-se a temperatura de anelamento dos iniciadores, permitiu maior especificidade e repetibilidade dos ensaios e apresentou grande potencial para caracterização do inseto. Assim, espera-se que a variabilidade encontrada com as sequências dos marcadores moleculares RAPD/PCR forme uma base que possa ser comparada com outras sequências de *B. tabaci*, de modo a fornecer informações sobre a variabilidade desse complexo.

### Agradecimentos

À FAPEMA pela bolsa de mestrado concedida ao primeiro autor.

### Referências

- Abdullahi I, Atiri G I, Thottappilly G, Winter S (2004) Discrimination of cassava-associated *Bemisia tabaci* in Africa from polyphagous populations, by PCR-RFLP of the internal transcribed spacer regions of ribosomal DNA. *J Appl Entomol* 128: 81-87.
- Bezerra M A, Oliveira M R V, Vasconcelos S D (2004) Does the presence of weeds affect *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) infestation on tomato plants in a semi-arid agro-ecosystem? *Neotrop Entomol* 33: 769-775.
- Busato G R, Grutzmacher A D, Garcia M S, Giolo F P, Martins A F (2002) Consumo e utilização de alimento por *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) originária de diferentes regiões do Rio Grande do Sul, nas culturas do milho e arroz irrigado. *Neotrop Entomol* 31: 525-529.
- Byrne D N (1999) Migration and dispersal by the sweet potato whitefly, *Bemisia tabaci*. *Agric For Meteorol* 97: 309-316.
- Byrne F J, Castle S, Prabhaker N, Toscano N C (2003) Biochemical study of resistance to imidacloprid in B biotype *Bemisia tabaci* from Guatemala. *Pest Manag Sci* 59: 347-352.
- Byrne F J, Nichols R L (2005) New challenges to management of whitefly resistance to insecticides in Arizona. Disponível in: <[http://ag.arizona.edu/pubs/crops/az1382/az1382\\_2.pdf](http://ag.arizona.edu/pubs/crops/az1382/az1382_2.pdf)> Acesso em: 22 de outubro de 2009.
- Calvert L A, Cuervo M, Arroyave J A, Constantino L M, Bellotti A, Frohlich D (2001) Morphological and mitochondrial DNA marker analyses of whiteflies (Homoptera: Aleyrodidae) colonizing cassava and beans in Colombia. *Ann Entomol Soc Am* 94: 512-519.
- Cano-Rios P, Garcia M R A, Navacamberos U, Sánchez-Galván H, Lopez-Rios E, Rangel-Santos M, Blanco-Contreras E, Jimenez-Diaz F (2000) Plantas hospedantes de la "mosquita blanca de la hoja plateada", *Bemisia argentifolii* (Bellows & Perring) (Homoptera: Aleyrodidae) en la Comarca Lagunera, Coahuila, México. *Folia Entomol Mex* 40: 53-64.
- Cervera M T, Cabezas J A, Simón B, Martínez-Zapater J M, Beitia F, Cenis J L (2000) Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bull Entomol Res* 90: 391-396.
- De Barro P J (2005) Genetic structure of the whitefly *Bemisia tabaci* in the Asia-Pacific region revealed using microsatellite markers. *Mol Ecol* 14: 3695-3718.
- De Barro P J, Trueman J W H, Frohlich D R (2005) *Bemisia argentifolii* is a race of *B. tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae): the molecular genetic differentiation of *B. tabaci* populations around the world. *Bull Entomol Res* 95: 193-203.
- Georghiou G P, Taylor C E (1997) Genetic and biological influences in the evolution of insecticide resistance. *J Econ Entomol* 70: 653-658.
- Gerling D (2002) Una reinterpretación sobre las moscas blancas. *Man Integr Plagas* 63: 13-21.
- Göçmen H, Devran Z (2002) Determination of genetic variation in populations of *Bemisia tabaci* in Antalya. *Turk J Agric For* 26: 11-216.
- Ikonen A, Sipura M, Miettinen S, Tahvanainen J (2003) Evidence for host race formation in the leaf beetle *Galerucella lineola*. *Entomol Exp Appl* 108: 179-185.
- Khasdan V, Levin I, Rosner A, Morin S, Kotsedalov S, Maslennin L, Horowitz A R (2005) DNA markers for identifying biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and studying population dynamics. *Bull Entomol Res* 95: 605-613.
- Lima L H C, Campos L, Moretzsohn M C, Návia D, Oliveira M R V (2002a) Genetic diversity of *Bemisia tabaci* (Genn.) populations in Brazil revealed by RAPD markers. *Genet Mol Biol* 25: 217-223.
- Lima L H C, Campos L, Queiroz P R, Lago W N M, Oliveira M R V (2002b) Identificação de populações de mosca branca *Bemisia* spp. (Hemiptera, Aleyrodidae) coletadas no Paraguai. Brasília, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 5p. (Comunicado Técnico 72).
- Lima L H C, Moretzsohn M C, Queiroz P R, Lago W N M, Oliveira M R V (2001) Monitoramento e identificação de aleirodóides por meios morfológicos e de marcadores RAPD. Brasília, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 37p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 17).
- Lima L H C, Návia D, Inglis P W, Oliveira M R V (2000) Survey of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) biotypes in Brazil using RADP markers. *Genet Mol Biol* 23: 781-785.

- Lima L H C, Queiroz P R, Moretzsohn M C, Lago W N M, Campos L, Oliveira M R V (2003) Estudo da variabilidade genética da mosca branca, *Bemisia tabaci* (Hemiptera, Aleyrodidae) no Brasil. Brasília, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 31p. (Documentos 109).
- Lopes-Da-Silva M, Gabriela E L T, Vieira L G E (2004) Characterization and genetic relationships among Brazilian biotypes of *Schizaphis graminum* (Rondani) (Hemiptera: Aphididae) using RAPD markers. *Neotrop Entomol* 33: 43-49.
- Lourenção A L, Miranda M A C, Alves S B (2001) Ocorrência epizootica de *Verticillium lecanii* em *Bemisia tabaci* biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae) no estado do Maranhão. *Neotrop Entomol* 30: 183-185.
- Lourenção A L, Souza Dias J A C, Fugi C G Q (2003) Mosca-branca - superpraga da agricultura mundial ameaça a baticultura brasileira. *Batata Show*. Disponível in: <[http://www.abbabatatabrasileira.com.br/revista06\\_008.htm](http://www.abbabatatabrasileira.com.br/revista06_008.htm)> acesso em: 16 de setembro de 2005.
- Martinez S S, Carvalho A O R, Vieira L G, Nunes L M, Bianchini A (2000) Identification, geographical distribution and host plants of *Bemisia tabaci* (Genn.) biotypes (Homoptera: Aleyrodidae) in the State of Paraná, Brazil. *An Soc Entomol Brasil* 29: 597-603.
- Nava-Camberos U, Riley D G, Harris M K (2001) Temperature and host plant effects on development, survival, and fecundity of *Bemisia argentifolii* (Homoptera: Aleyrodidae). *Environ Entomol* 30: 55-63.
- Oliveira M R V (2001) Mosca-branca, *Bemisia argentifolii* raça B (Homoptera: Aleyrodidae), p.61-71. In Vilela E F, Zucchi R A, Cantor F (eds) *Histórico e impacto das pragas introduzidas no Brasil*. Ribeirão Preto, Holos, 173p.
- Oliveira M R V, Henneberry T J, Anderson P (2001) History, current status, and collaborative research projects for *Bemisia tabaci*. *Crop Prot* 20: 709-723.
- Oliveira N N, Paula S V, Queiroz P R, Lima L H C, Oliveira M R V (2003) Incidência de *Bemisia tabaci* Gennadius (Hemiptera: Aleyrodidae) sobre plantas de repolho: comparação entre o cultivo orgânico e o cultivo convencional. Brasília, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 15p. (Comunicado Técnico 89).
- Palumbo J C, Horowitz A R, Prabhaker N (2001) Insecticidal control and resistance management for *Bemisia tabaci*. *Crop Prot* 20: 739-765.
- Perring T M (2001) The *Bemisia tabaci* species complex. *Crop Prot* 20: 725-737.
- Rabello A R, Queiroz P R, Simões K C, Hiragi C O, Lima L H C, Oliveira M R V, Mehta A (2005) Diferenciação de biótipos de *Bemisia tabaci* utilizando PCR-RFLP e sequenciamento da região ITS1 rDNA. Brasília, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 23 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 95).
- Rekha A R, Maruthi M N, Muniyappa V, Colvin J (2005) Occurrence of three genotypic clusters of *Bemisia tabaci* and the rapid spread of the B biotype in south India. *Entomol Exp Appl* 117: 221-233.
- Simmons A M (1999) Nymphal survival and movement of crawler of *Bemisia argentifolii* (Homoptera: Aleyrodidae) on leaf surface of selected vegetables. *Environ Entomol* 28: 212-216.
- Simmons A M (2002) Settling of crawlers of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) on five vegetable hosts. *Ann Entomol Soc Am* 95: 464-468.
- Sósa-Gómez D R (2004) Intraspecific variation and population structure of the velvetbean caterpillar, *Anticarsia gemmatilis* Hübner, 1818 (Insecta: Lepidoptera: Noctuidae). *Genet Mol Biol* 27: 378-384.
- Souza A P, Vendramim J D (2000) Efeito de extratos aquosos de meliáceas sobre *Bemisia tabaci* (Gennadius, 1889) biótipo B em tomateiro. *Bragantia* 59: 173-179.
- Torres J B, Ruberson J R (2004) Toxicity of thiamethoxam and imidacloprid to *Podisus nigrispinus* (Dallas) (Heteroptera: Pentatomidae) nymphs associated to aphid and whitefly control in cotton. *Neotrop Entomol* 33: 99-106.
- Truol G, Lago W N M, Queiroz P R, Lima L H C, Oliveira M R V, Laguna G, Paiva W M, Almeida A M R (2003) Variabilidade genética determinada por RAPD-PCR de populações de *Bemisia tabaci* provenientes do Brasil, Argentina e Paraguai. Brasília, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 19p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 54).
- Via S (1990) Ecological genetics and host adaptation in herbivorous insects: the experimental study of evolution in natural and agricultural systems. *Ann Rev Entomol* 35: 421-446.
- Via S (1991) The genetic structure of host plant adaptation in a spatial patchwork: demographic variability among reciprocally transplanted pea aphid clones. *Evolution* 45: 827-852.
- Villas Bôas G L, França F H, Ávila A C, Bezerra I C (1997) Manejo integrado de mosca branca *Bemisia argentifolii*. Brasília, Embrapa Hortaliças, 12p. (Circular Técnica, 9).

Received 07/II/07. Accepted 10/II/09.