

Identificação molecular das espécies de mosca-branca *Bemisia tabaci* Gennadius (1889) de diferentes regiões agrícolas do Brasil

Muriel Rizental¹, Priscilla Monteiro dos Santos², Aluana Gonçalves de Abreu³, Eliane Dias Quintela⁴

Bemisia tabaci (Gennadius, 1889) (Insecta: Hemiptera: Aleyrodidae), popularmente conhecida como mosca-branca, distinguiu-se entre mais de 1.000 espécies de moscas-brancas do mundo pela sua adaptabilidade, taxa de desenvolvimento, reprodução, interação com endossimbiontes, resistência a inseticidas e potencial de dano, principalmente devido à transmissão de vírus às plantas cultivadas, ornamentais e frutíferas. Trinta e três biótipos foram identificados em diferentes partes do mundo e, posteriormente, foi sugerido que *B. tabaci* é um complexo de pelo menos 24 espécies crípticas, ou seja, morfologicamente idênticas, porém geneticamente diferentes e, por isso, isoladas reprodutivamente entre si, que estão em constante evolução. No Brasil, pelo menos três espécies de *B. tabaci* estão presentes: Middle East-Ásia Minor 1 - MEAM1 (biótipo B), New World e New World 2 (biótipo A) e a Mediterranean - MED (biótipo Q). A propagação é favorecida pelo sistema de produção agrícola do Brasil, estabelecendo-se em algodão, feijão, tomate, soja e diversas outras culturas. O objetivo deste trabalho foi identificar as espécies do complexo *B. tabaci* que ocorrem em diferentes regiões brasileiras, para diagnosticar a ocorrência de novas espécies bem como verificar o deslocamento de outras espécies dentro do complexo *Bemisia* em áreas agrícolas, utilizando um fragmento do DNA mitocondrial. Foram realizadas coletas de adultos de mosca-branca no Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Goiás, São Paulo, Minas Gerais, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Bahia, Ceará, Maranhão, Piauí, Pará, Roraima, Tocantins e no Distrito Federal. Para cada amostra foram retiradas quatro fêmeas adultas previamente armazenadas em álcool 92,8 GL a -20 °C. Para a extração do DNA, cada fêmea foi macerada individualmente em um microtubo de 1,5 ml com tampão de extração de 60 ml (10 mM Tris-HCl, pH 8, 1 mM EDTA, 0,3% Triton X-100, 60 µg/mL proteinase K). O homogeneizado foi incubado durante 15 minutos a 65 °C e, em seguida, a 95 °C, durante dez minutos. As amostras foram armazenadas a -20 °C. Posteriormente foi realizada a amplificação de um fragmento da Citocromo oxidase do DNA mitocondrial em um volume total de 10 µL contendo: 1 µL DNA de *B. tabaci*; 5,0 µL de Master Mix, 0,6 µL de cada primer. A PCR consistia em: desnaturação inicial de 95 °C por 15 minutos; anelamento por 40 ciclos de 30 segundos a 94 °C; 90 segundos a 48 °C; e 90 segundos a 72 °C, e extensão a 72 °C por 5 minutos. Oito µl de cada produto de amplificação foi cortado com a enzima de restrição *Taq I* e tampão fornecido pelo fabricante a 65 °C durante duas horas. O produto da digestão foi submetido à eletroforese em gel de agarose a 1,5% e corado com brometo de etídio, usando o LowRanger 100bp como marcador. Os três biótipos já descritos no Brasil foram encontrados nos locais amostrados de forma aleatória. A maior parte das amostras analisadas era composta pelo biótipo B. Os resultados obtidos auxiliarão na tomada de decisão do manejo integrado de moscas-brancas nas diversas regiões agrícolas do Brasil.

¹ Doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, muriel.rizental@gmail.com

² Graduanda em Biologia, Uni-Anhanguera, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscillamonteiro38@gmail.com

³ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Entomologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, eliane.quintela@embrapa.br