

Identificação molecular de um único biótipo de *Bemisia tabaci* ocorrendo em áreas produtoras de algodão no estado do Mato Grosso.

Érica S. Martins¹; Vanessa S. de Souza²; Fernanda Bernardes³ Carlos M. Soares⁴; Paulo R. Queiroz⁵; Rose G. Monnerat⁶

¹Instituto Mato-Grossense do Algodão – IMAmt, Cuiaba - MT/ICESP-Promove de Brasília Brasília, DF.. Email: ericamartins@imamt.com.br, ²Bolsista Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia/UniCEUB, Brasília, DF. ³ Universidade de Brasília, Brasília, DF ⁴Instituto Mato-Grossense do Algodão – IMAmt, Cuiaba – MT. ⁵Instituto Mato-Grossense do Algodão – IMAmt Cuiaba - MT, UniCEU, Brasília, DF.. Email: pauloqueiroz@imamt.com.br. ⁶Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. Email: rose.monnerat@embrapa.br

A mosca-branca (*Bemisia tabaci*) (Hemiptera: Aleyrodidae) é uma importante praga agrícola que apresenta vários biótipos de difícil identificação morfológica e de ampla distribuição geográfica. *B. tabaci* tem uma longa história como praga e vetor de vírus de importantes culturas comerciais em todo o mundo. Baseado na análise do gene mitocondrial citocromo oxidase I foi proposto que *B. tabaci* seja considerada um complexo críptico de espécies, contendo 11 grupos e 24 espécies. O objetivo desse trabalho foi identificar o perfil mitocondrial gerado por PCR-RFLP de indivíduos de *B. tabaci* coletados em áreas produtoras de algodão do estado do Mato Grosso. Foram coletados indivíduos de mosca branca ao longo das cinco principais regiões produtoras de algodão do Mato Grosso no ano de 2014. Foram analisados dez indivíduos coletados em 10 diferentes fazendas ao longo da região produtora de algodão do estado do Mato Grosso. As amostras de *B. tabaci* passaram por procedimento de extração de DNA macerando-se indivíduos de mosca branca em de tampão de extração. O homogenato final foi armazenado a -20 °C até o momento do uso. O PCR foi realizado com iniciadores específicos para a subunidade I do gene da citocromo oxidase. O produto de PCR foi digerido com a enzima de restrição *TaqI* a 65 °C por 2 h. Foi feita a eletroforese e fotodocumentação das reações em gel de agarose 1,5% para identificação do biótipo. A amplificação da região corresponde ao gene citocromo oxidase produziu um fragmento de 900 pb que foi digerido com a enzima *TaqI* gerando um único perfil de restrição. Pôde-se observar somente o padrão típico de clivagem para o biótipo B de mosca branca nas áreas produtoras de algodão do Mato Grosso. Esses resultados ajudarão no monitoramento de populações de mosca branca, no estudo da dispersão das populações e no controle da entrada de novos biótipos de mosca branca em regiões agrícolas do Brasil.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*; Mosca branca; DNA mitocondrial.

Apoio: CENARGEN, NIP – ICESP/Promove de Brasília, CNPq, IMAmt