

新疆地区烟粉虱类群 mtDNA COI 基因序列分析

段晓东^{1,2}, 马丽娟¹, 姚正培¹, 曹 骞¹, 冷春丽¹, 马德英^{1,3}
¹新疆农业大学农学院, 新疆 乌鲁木齐 830052; ²乌鲁木齐市农业技术推广中心,
新疆 乌鲁木齐 830011; ³教育部棉花工程研究中心, 新疆 乌鲁木齐 830052

摘要: 采用 mtDNA COI 序列鉴定了新疆首府城市乌鲁木齐 (东经 86°40′ ~ 88 °55′, 北纬 43°15′ ~ 44°20′) 和位于该城市以东 195 km 的烟粉虱暴发危害区吐鲁番市 (东经 88°05′ ~ 89°54′, 北纬 41°20′ ~ 43°35′) 的烟粉虱生物型。通过对两地 2008 ~ 2010 年采集的 11 个样本群体 (样本量均超过 30 头, 每个样本群体检测 10 头以上) 进行检测, 结果表明, Q 型烟粉虱已经传入新疆。2010 年, 由乌鲁木齐市花卉市场采集到的一品红种群 HH-1 与吐鲁番市温室采集到的辣椒种群 LJ、番茄种群 XHS、茄子种群 QZ 和烟草种群 YC 为 Q 型。另外, 2010 年采自花卉市场的一品红种群 HH-2、2009 年前采自野外杂草和温室的锦葵种群 JK-S、棉花种群 ZH-O 以及采自吐鲁番市棉田的种群 TC1、TC2 和 TC3 仍然属于 B 型。

关键词: Q 型烟粉虱; mtDNA COI; 新疆; 生物入侵

Sequence analysis of mtDNA COI gene in the invasive insect, *Bemisia tabaci* (Gennadius) in Xinjiang, North-western China

Xiao-dong DUAN^{1,2}, Li-juan MA¹, Zheng-pei YAO¹, Qian CAO¹, Chun-li LENG¹, De-ying MA^{1,3}
¹College of Agronomy, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang 830052, China; ²Urumqi City
Agricultural Technology Extension Center, Urumqi, Xinjiang 830011, China; ³Research Center
for Cotton Engineering, Ministry of Education, Urumqi, Xinjiang 830052, China

Abstract: The invasion of *Bemisia tabaci* (Gennadius) Q biotype into Xinjiang was confirmed based on mtDNA COI sequence examination for 11 populations in Xinjiang, NW China. More than 30 whiteflies collected, (min. 10 individuals tested from each population) in 2008 ~ 2010 from Urumqi (86°40′ ~ 88 °55′E, 43°15′ ~ 44°20′N), the capital city of Xinjiang, North-western China and from the city of Turpan (88°05′ ~ 89°54′E, 41°20′ ~ 43°35′N), an outbreak region of *B. tabaci* 195 km E of Urumqi. The following samples collected in 2010 proved to belong to the Q biotype: the population HH-1 collected at a flower market on poinsettia in Urumqi, populations of LJ on hot pepper, XHS on tomatoes, QZ on eggplant, YC on tobacco, all collected from in greenhouses near Turpan. The population HH-2, collected at a flower market on poinsettia in Urumqi in 2010 and samples collected before 2009 (including population JK-S collected outside on wild mallow in Urumqi, population ZH-O collected on cotton in greenhouses in Urumqi, and populations of TC1, TC2, TC3 collected from cotton fields in Turpan), were still confirmed as belonging to the B biotype.

Key words: *Bemisia tabaci* Q biotype; mtDNA COI; Xinjiang; biological invasions

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) 是一种严重危害农业生产的世界性害虫, 广泛分布于除南极洲外的 90 多个国家和地区 (Brown *et al.*, 1995)。由于寄主范围、寄主植物适应性和传毒能力等方面的不同, 烟粉虱被认为是一个由 11 个定义明确的高级群组成的复合体, 至少包含 24 个形态学上难以分辨的种 (De Barro *et al.*, 2011), 主要有 B 型、Q 型和非 B/Q 型 (包括 A、K、D、E、G、H、L、M、N 等多种生物型)。其中, B 型烟粉虱几乎在全世界均有分布, 其他生物型多为区域性分布。Q 型烟粉虱最初记载于西班牙, 现在已经分布于许多国家和地区, 如意大利、以色列、摩洛哥、日本、美国、墨西哥、中国等 (Palumbo *et al.*, 2001; Horowitz *et al.*, 2003; Muniz, 2000; Ueda & Brown, 2006; 褚栋等, 2005)。由于 Q 型烟粉虱比 B 型表现出更强的抗药性, 更大的产卵量、化蛹率和成虫羽化率以及更强的耐极限温度等生存能力, 在部分地区逐渐取代了 B 型种群, 成为当地的优势种群 (Hu *et al.*, 2011; Chu *et*

al.,2010)。目前,Q 型烟粉虱已经受到越来越多的关注。

我国于 2003 年首次在云南昆明发现了 Q 型烟粉虱(褚栋等,2005),其后又在北京、河南、山东、辽宁、湖北等地发现(饶琼等,2009)。有关新疆烟粉虱的发生状况也有一些报道,但均为 B 型(罗晨等,2002;Ma *et al.*,2007;Teng *et al.*,2010)。鉴于近年来 Q 型烟粉虱在我国的快速扩散,本研究采用 mtDNA COI 基因作为分子标记,再对新疆地区烟粉

虱的生物型进行鉴定,以期为有关部门对其开展监测和防治工作提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

从新疆烟粉虱发生的地理区域采集样品。挑选烟粉虱雌虫,−20 ℃下保存,作为分析虫样。烟粉虱的采集时间、地点和寄主见表 1。

表 1 被测试烟粉虱种群的信息

Table 1 Information on the origin of the tested *B. tabaci* populations from Xinjiang, NW China, 2008 ~2010

种群 Population	采集时间 Year & month of collection	地点 Location	寄主 Host	生境 Environment
JK-S	2008 -04	乌鲁木齐 Urumqi	锦葵 Mallow	校园 Campus
TC1	2008 -09	吐鲁番 Turpan	黄瓜 Cucumber	温室 Greenhouse
TC2	2008 -09	吐鲁番 Turpan	棉花 Cotton	田间 Field
TC3	2009 -06	吐鲁番 Turpan	棉花 Cotton	田间 Field
ZH-O	2008 -04	乌鲁木齐 Urumqi	棉花 Cotton	温室 Greenhouse
HH-1	2010 -06	乌鲁木齐 Urumqi	一品红 Poinsettia	花卉市场 Flower market
HH-2	2010 -06	乌鲁木齐 Urumqi	一品红 Poinsettia	花卉市场 Flower market
YC	2010 -06	吐鲁番 Turpan	烟草 Tobacco	温室 Greenhouse
LJ	2010 -06	吐鲁番 Turpan	辣椒 Hot pepper	温室 Greenhouse
XHS	2010 -06	吐鲁番 Turpan	番茄 Tomato	温室 Greenhouse
QZ	2010 -06	吐鲁番 Turpan	番茄 Tomato	温室 Greenhouse

1.2 基因组 DNA 的提取方法及检测

基因组 DNA 的提取采用氯仿/异戊醇抽提法(周志湘等,2007)。将单头雌性烟粉虱样本置于 1.5 mL 离心管中,用液氮破碎研磨,滴加 150 μL 提取缓冲液(pH 8.0,50 mmol·L⁻¹ Tris-HCl、20 mmol·L⁻¹ NaCl、1 mmol·L⁻¹ EDTA、1% SDS)匀浆;滴加 5 μL 蛋白酶 K(20 mg·mL⁻¹),混匀;60 ℃水浴 1 h (中途混匀 1~2 次);100 ℃沸水浴 5 min。DNA 匀浆液中加入 200 μL 氯仿/异戊醇(24:1)抽提 2 次,每次轻柔混匀数十次,冰上放置 10 min,10000 r·min⁻¹ 离心 10 min,取上清液;加入 2 倍体积预冷无水乙醇,轻轻混匀,于 −20 ℃放置 30 min,然后 12000 r·min⁻¹ 离心 15 min,弃上清液;加入 2 倍体积预冷的 75% 乙醇,12000 r·min⁻¹ 离心 15 min,弃上清液。将 EP 管倒扣于干净滤纸上,自然干燥 30 min,每管加入 30 μL 超纯水,充分溶解后于 −20 ℃保存备用。

1.3 PCR 扩增及电泳

反应程序参考 Simon *et al.* (1994),引物分别为 C1-J-2195(5′-ttg att ttt tgg tca tcc aga agt-3′)和 L2-N-3014(5′-tcc aat gca cta atc tgc cat att a-3′)。在 1.6% 琼脂糖凝胶上电泳,EB 染色后,在凝胶成像系统上观察,记录结果。

1.4 序列的测定与比较

使用 EZNA Gel Extraction Spinportocal D2500-01 (OMEGA) 胶回收试剂盒进行 PCR 产物回收纯化,纯化后的样品送至北京六合华大基因科技股份有限公司测序。每个地理种群至少测 3 个烟粉虱个体。登录 NCBI 网站,查阅并下载相关的烟粉虱 mtDNA COI 基因片段序列(表 2),通过 DNASTar 分析软件,对测序结果及相关引用序列进行比对分析。利用软件中的 MegAlign-ClustalV 模型计算出烟粉虱不同地理种群的进化分歧矩阵,并构建系统进化树,以此分析烟粉虱种群间的遗传关系,对新疆烟粉虱种群生物型进行鉴定,并推断其可能来源地。

2 结果与分析

2.1 新疆烟粉虱生物型及不同生物型 mtDNA COI 的序列差异

所有样品均得到约 840 bp 的序列,经测序并提交到 GenBank,获取基因序列编码。从每个种群所测序列中截取与 China Beijing-B 相应的 720 bp 片段序列进行分析。结果表明,同一地区不同寄主植物上采集到的烟粉虱个体的 COI 基因序列存在明显差异;同一地区同一寄主植物上采集到的烟粉虱种群的 COI 基因序列也存在明显差异(表 3、图 1)。

表 2 引用 mtDNA COI 基因片段在 GenBank 中的登录号
Table 2 The code for reference mtDNA COI sequences
and the respective GenBank accession numbers

生物型 Biotype	基因片段登录号 Code
France Gironde-Q	AM691050.1
Morocco Casablanca-Q	EU760724.1
Morocco Nador-Q	AJ517769.1
Sudan-Q	AY827615.1
USA California-Q	EU427722.1
China Yangzhou-Q	FJ375357.1
China Jingzhou-Q	HM597851.1
China Wuhan-Q	HM597871.1
China Jiangsu-Q	EU192071.1
China Guangdong-B	EF566761.1
China Hubei-B	EF566759.1
USA Florida-B	EF080824.1
China Beijing-B	BTA557146
<i>Trialeurodes vaporariorum</i>	TVAF418672

表 3 被测试烟粉虱种群的生物型
Table 3 Biotype of tested *B. tabaci* populations

种群 Population	生物型 Biotype	基因片段登录号 Code
JK-S	B	HQ992955
TC1	B	HQ992958
TC2	B	HQ992959
TC3	B	HQ992960
ZH-O	B	HQ992963
HH-1	Q	HQ992953
HH-2	B	HQ992954
YC	Q	HQ992962
LJ	Q	HQ992956
XHS	Q	HQ992961
QZ	Q	HQ992957

由乌鲁木齐市花卉市场采集到的 HH-1 与吐鲁番市温室不同寄主上采集到的 LJ、XHS、QZ 烟粉虱个体的 COI 基因序列完全一样。序列中各个碱基的含量分别为 178A、142G、308T、92C，A + T 的含量为 67.5%。它们与 Morocco Casablanca-Q、France Gironde-Q、USA California-Q、China Jiangsu-Q、China Wuhan-Q 等 5 个已知 Q 型烟粉虱个体 COI 基因序列相应的 720 bp 片段完全一样；与 China Yangzhou-Q、China Jingzhou-Q 等 2 个已知 Q 型烟粉虱个体 COI 基因序列相比，具有 1 个碱基的区别，为第 57 位点上的 G→C；与 Morocco Nador-Q 相比，有 2 个碱基的区别，为第 266 位点上的 T→C 和第 294 位点上的 A→G；与 Sudan-Q 相比，有 12 个碱基的区别，分别为第 15 位点上的 T→A、第 74 位点上的 T→G、第 75 位点上的 G→A、第 76 位点上的 A→C、第 87 位点上的 C→T 等；与 China Beijing-B、China Guangdong-B、China Hubei-B、USA Florida-B 等 4 个已知 B 型烟粉虱个体 COI 基因序列相比，有 37 个碱基的区别。

由吐鲁番市烟草上采集的 YC 与 China Yangzhou-Q、China Jingzhou-Q 等 2 个已知 Q 型烟粉虱个体 COI 基因序列相比，具有 2 个碱基的区别，为第 3 位点上的 T→G 和第 7 位点上的 C→T；与 Morocco Casablanca-Q、France Gironde-Q、USA California-Q、China Jiangsu-Q、China Wuhan-Q 等 5 个已知 Q 型烟粉虱个体 COI 基因序列相比，具有 3 个碱基的区别，分别为第 3 位点上的 T→G、第 7 位点上的 C→T、第 57 位点上的 G→C；与 Morocco Nador-Q 相比，有 5 个碱基的区别，分别为第 3 位点上的 T→G、第 7 位点上的 C→T、第 57 位点上的 G→C、第 266 位点上的 T→C、第 294 位点上的 A→G；与 Sudan-Q 相比，有 15 个碱基的区别，分别为第 3 位点上的 T→G、第 7 位点上的 C→T、第 15 位点上的 T→A、第 57 位点上的 G→C、第 74 位点上的 T→G 等。

由乌鲁木齐市不同寄主上采集到的 JK-S、HH-2、ZH-O 与吐鲁番市不同寄主上采集到的 TC1、TC2、TC3 烟粉虱个体 COI 基因序列完全一样。序列中各个碱基的含量分别为 182A、139G、310T、89C，A + T 的含量为 68.3%。它们与 China Beijing-B、China Guangdong-B、China Hubei-B、USA Florida-B 等 B 型烟粉虱序列相应的 720 bp 片段完全一样。

2.2 烟粉虱不同生物型 mtDNA COI 的遗传距离和系统发育树分析

采用 DNASTAR 软件中的 MegAlign-ClustalV 模型计算出烟粉虱不同地理种群的进化分歧矩阵，并构建系统进化树(图 2~3)。结果发现，烟粉虱和白粉虱 *Trialeurodes vaporariorum* 首先分开，同源性接近于 70.0%；其后 B 型烟粉虱和 Q 型烟粉虱分开，形成 2 个分支，同源性为 93.8%~94.9%。在 Q 型分支中，被测样本 HH-1、LJ、XHS、QZ 与 Morocco Casablanca-Q、France Gironde-Q、USA California-Q、China Jiangsu-Q、China Wuhan-Q、Morocco Nador-Q 等 6 个已知 Q 型烟粉虱种群聚为一类，同源性为 99.7%~100%；被测样本 YC 与 China Yangzhou-Q、China Jingzhou-Q 等 2 个已知 Q 型烟粉虱种群聚为一类，同源性为 99.7%；非洲 Sudan-Q 烟粉虱种群独自为一类，与其他 Q 型烟粉虱种群的同源性为 97.8%~98.2%。在 B 型分支中，被测样本 JK-S、HH-2、ZH-O、TC1、TC2、TC3 与 China Beijing-B、China Guangdong-B、China Hubei-B、USA Florida-B 等 4 个已知 B 型烟粉虱种群聚为一类，同源性为 100%，属于同一个进化分支。

HH-1	GTTTCTCATTTTAATTAGCAGCGAGGCTGGAAAATTAGAGGTATTTGGAAGGTTGGGGATA	60
LJ	-----	60
France Gironde-Q	-----	60
China Jiangsu-Q	-----	60
Morocco Casablanca-Q	-----	60
Morocco Nador-Q	-----	60
USA California-Q	-----	60
China Wuhan-Q	-----	60
YC	---g---t-----c---	60
China Jingzhou-Q	-----c---	60
China Yangzhou-Q	-----c---	60
Sudan-Q	-----a-----	60
HH-1	ATTTATGCTATATTGACTATTGGTATCTTA GCGTTTATTGTTTGAGGACAT CATA TATTT	120
LJ	-----	120
France Gironde-Q	-----	120
China Jiangsu-Q	-----	120
Morocco Casablanca-Q	-----	120
Morocco Nador-Q	-----	120
USA California-Q	-----	120
China Wuhan-Q	-----	120
YC	-----	120
China Jingzhou-Q	-----	120
China Yangzhou-Q	-----	120
Sudan-Q	-----gac-----tc-ta-----a---	120
HH-1	ACAGTTGGAATAGATGTAGATACTCGAGCTTATTTCACTTCAGCTACTATGATTATTGCC	180
LJ	-----	180
France Gironde-Q	-----	180
China Jiangsu-Q	-----	180
Morocco Casablanca-Q	-----	180
Morocco Nador-Q	-----	180
USA California-Q	-----	180
China Wuhan-Q	-----	180
YC	-----	180
China Jingzhou-Q	-----	180
China Yangzhou-Q	-----	180
Sudan-Q	-----g-----	180
.....		
HH-1	AAATTCAGGCCCCCTTGGCCTTTGATTACAGGATTTTATTTTATTTTACTATAGGTGGA	300
LJ	-----	300
France Gironde-Q	-----	300
China Jiangsu-Q	-----	300
Morocco Casablanca-Q	-----	300
Morocco Nador-Q	-----c-----g-----	300
USA California-Q	-----	300
China Wuhan-Q	-----	300
YC	-----	300
China Jingzhou-Q	-----	300
China Yangzhou-Q	-----	300
Sudan-Q	-----	300
HH-1	TTAAGTGAATTATTCTTGTAACCTCTTCTGTAGA TGTGTGTTGCATGACACTATTTT	360
LJ	-----	360
France Gironde-Q	-----	360
China Jiangsu-Q	-----	360
Morocco Casablanca-Q	-----	360
Morocco Nador-Q	-----	360
USA California-Q	-----	360
China Wuhan-Q	-----	360
YC	-----	360
China Jingzhou-Q	-----	360
China Yangzhou-Q	-----	360
Sudan-Q	-----c-----	360
.....		
HH-1	TTGGGGGAATGCCTCGCCGATATTGAGATTATGCTGATTGTTATCTAGTATGGAACAAA	600
LJ	-----	600
France Gironde-Q	-----	600
China Jiangsu-Q	-----	600
Morocco Casablanca-Q	-----	600
Morocco Nador-Q	-----	600
USA California-Q	-----	600
China Wuhan-Q	-----	600
YC	-----	600
China Jingzhou-Q	-----	600
China Yangzhou-Q	-----	600
Sudan-Q	-----c-----	600

注:相同序列略。

Note: The same sequences omitted.

图 1 烟粉虱不同生物型 mtDNA COI 序列比对

Fig.1 The mtDNA COI alignment in the different *B. tabaci* biotypes

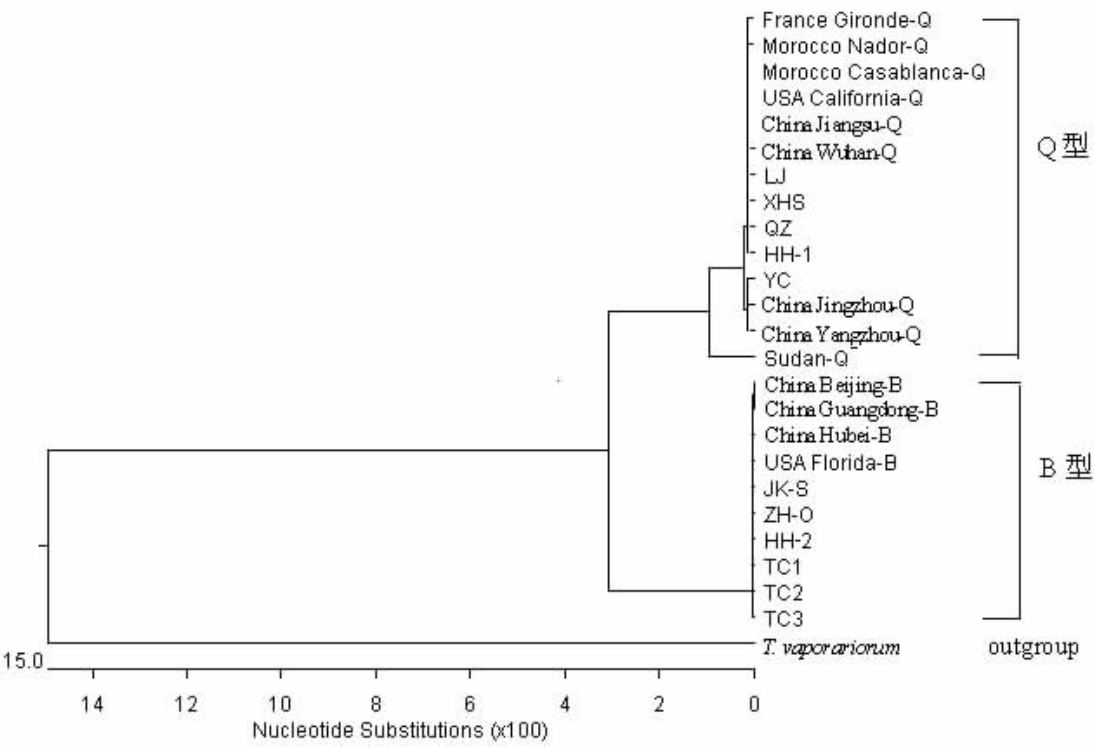


图 2 烟粉虱种群的系统聚类树

Fig. 2 The relationship of the *B. tabaci* groups from Xinjiang, NW China and references, based on the mt COI gene sequences

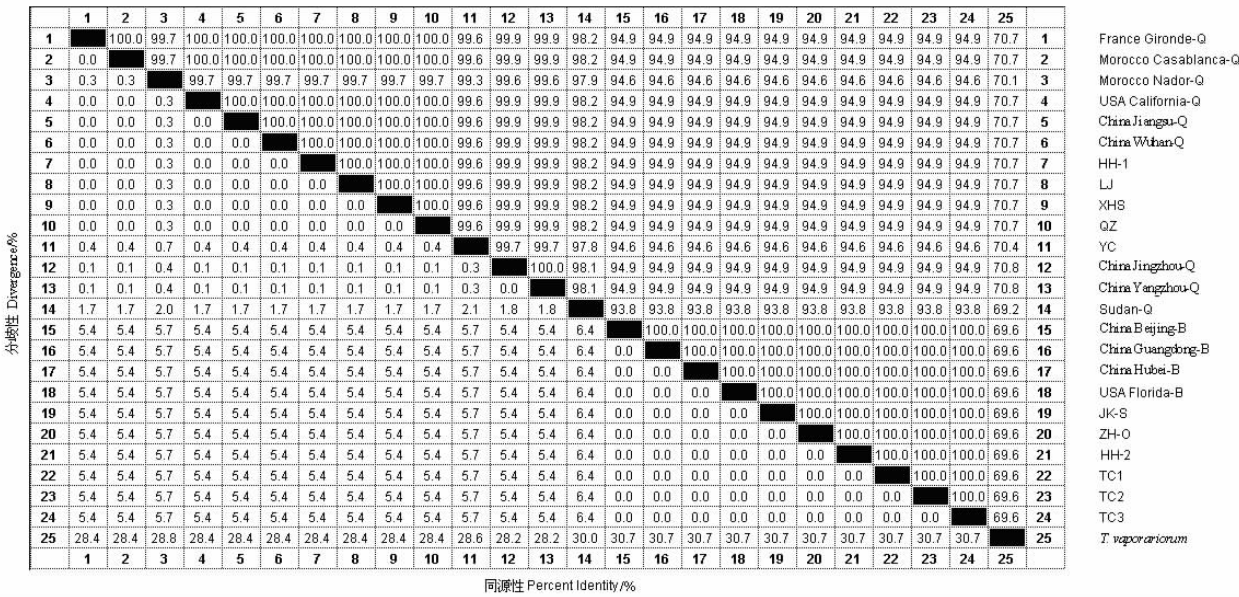


图 3 烟粉虱种群 mtDNA COI 基因 720 bp 片段序列的同源性比较

Fig. 3 Percent identity of 720 the characters examined for COI sequences of *B. tabaci* collections and reference sequences

3 讨论

本研究结果表明,在吐鲁番市的温室蔬菜、乌鲁木齐市花卉市场内发现了 Q 型烟粉虱,并且在寄主一品红不同样本群检测出了 B 和 Q 等 2 种生物型,表明 Q 型烟粉虱已经传入新疆。同时,根据被测烟粉虱样品与已知 Q 型烟粉虱 mtDNA COI 基因在 NCBI 上进行 BLAST 比对分析发现,自 2003 年首

次在我国发现 Q 型烟粉虱至 2010 年在新疆首次发现,其都在不断发生着遗传变化。由乌鲁木齐市花卉市场采集到的 HH-1 和吐鲁番市温室不同寄主上采集到的 LJ、XHS、QZ 与 Morocco Casablanca-Q、France Gironde-Q、USA California-Q、China Jiangsu-Q、China Wuhan-Q 等 5 个已知 Q 型烟粉虱的同源性为 100%。然而,由吐鲁番市烟草上采集的 YC 与以

上5个已知Q型烟粉虱的同源性为99.6%;与China Yangzhou-Q、China Jingzhou-Q等2个已知Q型烟粉虱的同源性为99.7%;与Morocco Nador-Q的同源性为99.3%;与Sudan-Q的同源性为97.8%。这表明入侵新疆的Q型烟粉虱可能有不同来源。

另外,来自野生植物、花卉市场、温室、棉田的被测样本JK-S、HH-2、ZH-O、TC1、TC2、TC3与China Beijing-B、China Guangdong-B、China Hubei-B、USA Florida-B等4个已知B型烟粉虱的同源性为100%。由此可以看出,吐鲁番、乌鲁木齐主要农业生产区域的烟粉虱生物型仍然为B型。B型烟粉虱在新疆依然是主要的防治对象。同时,B型烟粉虱未出现Q型烟粉虱所表现的基因分化现象,这可能与Q型烟粉虱种群间遗传多样性高于B型种群有关(Moya *et al.*, 2001)。

Q型烟粉虱的发现对新疆的棉花种植业及设施农业生产提出了警示和更加严峻的挑战,同时印证了Ma *et al.* (2007)的预测。因此,有关部门在关注B型烟粉虱的同时,也应对新疆Q型烟粉虱的传播及危害引起足够的重视,并及时采取措施防止其进一步扩散。此外,已经成功建立的针对B型烟粉虱的防治策略与技术体系都将面临挑战,因为Q型烟粉虱较B型拥有更强、更广泛的抗性程度(Hu *et al.*, 2011; Chu *et al.*, 2010)。今后我们还需检测Q型烟粉虱的抗药性状况,以便针对B型和Q型烟粉虱的发生状况和分布区域提出不同的防治策略。

参考文献

褚栋,张友军,丛斌,徐宝云,吴青君. 2005. 云南Q型烟粉虱种群的鉴定. 昆虫知识,42(1):54-56.

罗晨,姚远,王戎疆,阎凤鸣,胡敦孝,张芝利. 2002. 利用mtDNA COI基因序列鉴定我国烟粉虱的生物型. 昆虫学报,45(6):759-763.

饶琼,罗汉钢,汪细桥,周国珍,张宏宇,罗晨. 2009. 武汉地区烟粉虱的危害及其生物型鉴定. 华中农业大学学报,28(5):205-210.

周志湘,万方浩,张桂芬,陈斌. 2007. 烟粉虱基因组DNA快速提取方法. 植物保护,33(5):131-133.

Brown J K, Frohlich D R and Rosell R C. 1995. The sweet-potato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a

species complex? *Annual Review of Entomology*, 40: 511-534.

Chu D, Wan F H, Zhang Y J and Brown J K. 2010. Change in the biotype composition of *Bemisia tabaci* in Shandong Province of China from 2005 to 2008. *Environmental Entomology*, 39:1028-1036.

De Barro P J, Liu S S, Boykin L M and Dinsdale A B. 2011. *Bemisia tabaci*: a statement of species status. *Annual Review of Entomology*, 56:1-19.

Horowitz A R, Denholm I, Gorman K, Cenis J L, Kontsedalov S and Ishaaya I. 2003. Biotype Q of *Bemisia tabaci* identified in Israel. *Phytoparasitica*, 31:94-98.

Hu J, De Barro P J, Zhao H, Wang J, Nardi F and Liu S S. 2011. An extensive field survey combined with a phylogenetic analysis reveals rapid and widespread invasion of two alien whiteflies in China. *PLoS ONE*, 6(1): e16061. doi:10.1371/journal.pone.0016061

Ma D Y, Gorman K, Devine G, Luo W C and Denholm I. 2007. The biotype and insecticide-resistance status of whiteflies, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae), invading cropping systems in Xinjiang Uygur Autonomous Region. *Northwestern China Crop Protection*, 26:612-617.

Moya A, Guirao P, Cifuentes D, Beitia F and Cenis J L. 2001. Genetic diversity of Iberian populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction. *Molecular Ecology*, 10: 891-897.

Muniz M. 2000. Host suitability of two biotypes of *Bemisia tabaci* on some common weeds. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 95:63-70.

Palumbo J C, Horow I and Prabhaker N. 2001. Insecticidal control and resistance management for *Bemisia tabaci*. *Crop Protection*, 20:739-765.

Simon C, Frati F, Beckenbach A, Crespi B, Liu H and Flook P. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved Polymerase Chain Reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 87:651-701.

Teng X, Wan F H and Chu D. 2010. *Bemisia tabaci* biotype Q dominates other biotypes across China. *Florida Entomologist*, 93:363-368.

Ueda S and Brown J K. 2006. First report of the Q biotype of *Bemisia tabaci* in Japan by mitochondrial cytochrome oxidase I sequence analysis. *Phytoparasitica*, 34:405-411.