

## 담배가루이 B와 Q 계통의 국내 발생 상황

이민호\* · 강석영 · 이선영 · 이흥수<sup>1</sup> · 최준열 · 이관석 · 김황용 · 이시우 · 김선곤<sup>2</sup> · 엄기백

농업과학기술원 농업해충과, <sup>1</sup>경남농업기술원 식물환경연구과, <sup>2</sup>전남농업기술원

## Occurrence of the B- and Q-biotypes of *Bemisia tabaci* in Korea

Minho Lee\*, Seokyoung Kang, Sunyoung Lee, Heung-Su Lee<sup>1</sup>, June-Yeol Choi, Gwan-Seok Lee, Whang-Yong Kim, Si-Woo Lee, Seon-Gon Kim<sup>2</sup> and Ki-Baik Uhm

Applied Entomology Div., NIAST, RDA, Suwon 441-707, Korea

<sup>1</sup>Div. of Plant Environment, Gyongnam Agricultural Research & Extension Services, Jinju 660-360, Korea

<sup>2</sup>Jeonnam Agricultural Research & Extension Services, Naju 520-715, Korea

**ABSTRACT :** The occurrence of tobacco whiteflies, *Bemisia tabaci*, in greenhouses was monitored in Korea in 2005. *Bemisia tabaci* occurred in the rose, sweet pepper, tomato, and cucumber greenhouses of Chungbuk, Chungnam, Gyongnam, and Jeonnam Provinces, but not in Jeonbuk and Gyongbuk Provinces. The biotypes and genetic differentiation of the whiteflies collected in each regions were analyzed by mitochondrial 16S DNA sequences. The 16S DNA sequences of Jincheon (Chungbuk Province) samples were similar to DNA data reported from Japan and Israel which were known as the B biotype. However, the DNA sequences of the Buyeo (Chungnam), Geoje (Gyongnam) and Boseong (Jeonnam) collections, which were 100% homologous showed over 99% similarity to the DNA of Q biotype from Spain and Egypt. Here we report the first founding of the Q biotype in Korea. It is assumed that, unlike the B biotype reported from Jincheon since 1998, the Q biotype might have been introduced recently from the certain foreign region/country to the greenhouses in those provinces

**KEY WORDS :** *Bemisia tabaci*, B-biotype, Q-biotype, Occurrence monitoring, 16S rRNA, Phylogenetic analysis

**초 록 :** 2005년 5월 충청이남 지역의 온실에서 담배가루이의 발생 상황을 조사한 결과 충남·북, 전남 및 경남에서 착색단고추, 토마토, 오이, 장미 등의 시설 재배지에 담배가루이가 발생한 것을 확인하였으나 전북과 경북에서는 발견할 수 없었다. 각 지역별로 발생한 담배가루이의 계통(biotype)과 근연관계를 조사할 목적으로 충을 채집하여 16S DNA 염기서열 분석을 수행하였다. 그 결과 진천에서 채집한 담배가루이의 16S DNA 염기서열은 일본 및 이스라엘에서 보고된 B 계통의 DNA와 상동성이 높았고 충남 부여, 경남 거제 및 전남 보성 채집 충은 상호간에 동일한 염기서열을 보여 주었으며 스페인과 이집트의 Q 계통의 DNA와 99% 이상의 높은 상동성을 보였다. 그러므로 본 논문은 담배가루이 Q 계통이 국내에 유입되었음을 알리는 최초의 보고이다. 이는 1998년부터 진천에서 발생한 담배가루이 B 계통과는 별도로 담배가루이 Q 계통이 최근에 국외의 동일한 지역내지는 국가로부터 이들 지역의 시설재배지에 유입된 것으로 추정된다.

**검색어 :** 담배가루이, B 계통, Q 계통, 발생 모니터링, 미토콘드리아 16S rRNA, 분자 계통분석

\*Corresponding author. E-mail: mhlee@rda.go.kr

담배가루이(*Bemisia tabaci* Gennadius)는 매미목 가루이과(Aleyrodoidae)로 전세계 열대 및 아열대 지방에서 약 600 여 종의 기주에 발생하는 주요 흡즙성 해충이다(Perring *et al.*, 1993; EPPO, 2004). 본 충은 식물을 흡즙 가해할 뿐만 아니라 Begomovirus(Geminiviridae), Crinivirus(Closteroviridae) 및 Potyviridae에 속하는 Carlavirus나 Ipomovirus 등 100종 이상의 바이러스를 매개하여 작물에 20~100%의 감수 피해를 일으킨다(Jones, 2003). 또한 간접적 피해의 하나인 그을음병도 경제적으로 큰 피해를 끼친다(Byrne, 1999).

이 가루이는 1889년 그리스에서 담배 해충(*Aleurodes tabaci*)으로 최초 보고(Gennadius, 1889)된 이래 Perring (2001)에 의해 세계적으로 최대 24계통(biotype)까지 구분된 바 있다. 이들 계통간에는 특정 기주에서 섭식이나 번식 능력 또는 바이러스 매개 특성상의 변이가 존재한다(Bedford *et al.*, 1994; Burbán *et al.*, 1992). 그러나 중요도에 따라 계통을 크게 구분하면 B 계통, Q 계통, 그리고 非 B/Q 계통으로 나눌 수 있는데, 非 B/Q 계통에는 20 가지 이상의 기타 계통을 모두 포함시킨다(Zhang *et al.*, 2005). 이 중 전 세계적인 관건해충으로 가장 문제가 되고 있는 B 계통을 *Bemisia argentifolii*(Bellows & Perring)라는 별도의 종으로 구별하기도 하나(Bellows *et al.*, 1994), 일반적으로는 모든 변이 계통을 포함하는 담배가루이 종 복합체라는 개념 하에서 B 계통도 *B. tabaci*에 포함시킨다(EPPO, 2004). B 계통은 다른 계통보다 넓은 기주범위, 높은 번식률, 농약에 대한 고도 저항성을 보이며, 박과류 작물에서 특이적으로 은빛잎 증상(squash silverleaf symptom)이라는 생리적 장애를 유발하는 특성을 보인다(Costa *et al.*, 1993; Beitia *et al.*, 1997; Lee *et al.*, 2000). 담배가루이 B 계통과 Q 계통간에는 발육기간, 기주선호성, 바이러스 매개효율 등 몇 가지 생물적 특성에서 차이가 있으나(Beitia *et al.*, 1997; Moya *et al.*, 2001; Pascual & Callejas, 2004) RAPD-PCR과 AFLP 분석 결과 유전적으로는 높은 유사성이 있는 것으로 보고되었다(Guirao *et al.*, 1997; Cervera *et al.*, 2000).

담배가루이 B 계통은 이미 1998년 충북 진천의 장미 온실과 경기 고양 및 서울 내곡동의 포인세티아 온실에서 발생하여 12S, 16S rRNA 유전자의 제한단편 DNA 표식자를 이용하여 B 계통으로 판별된 바 있다(Lee *et al.*, 2000). 이에 따라 1998년 진천 화훼단지에 3회 긴급방제를 실시하는 등 타 지역으로의 확산 방지 노력에 힘입어 2003년까지 충북 진천, 경기 고양 이외의 지역에서는 발생하지 않은 것으로 평가되었다. 이에 비해 Q 계통이 아직

까지 국내에서 발생했다는 보고는 없었다.

2004년 11월부터 충청 이남지역의 착색단고추 재배 유리온실에서 담배가루이의 발생이 확인되었고, 2005년 4월부터 남부지방의 유리온실, 하우스에 재배중인 착색단고추와 토마토를 중심으로 다발생했다는 보고가 있었다. 본 연구진은 2005년 5월에 충청 이남지역의 시설재배 단지를 중심으로 담배가루이의 발생상황을 관찰하고 발생한 충을 채집하여 16S rRNA의 유전자 염기서열 분석을 통해 지역간 발생 충의 계통을 판별하고 근연관계를 조사하고자 하였다.

## 재료 및 방법

### 담배가루이 발생 조사 및 채집

2005년 5월 16~27일에 충북 이남 6개도 15개 시군에서 착색단고추, 토마토, 오이 등의 시설재배 포장을 방문하여 담배가루이 약충 및 성충의 발생 유무를 육안조사하였다. 포장당 10주, 주당 상위 3엽을 조사하였으며, 조사된 주 중 담배가루이 약충이 발생한 엽은 모두 수거하여 실험실 내 현미경상에서 담배가루이 약충임을 재차 확인하고, DNA 추출을 위해 지역별로 4령 약충(용) 20 여 마리씩 마이크로튜브로 옮겨 -70°C에 보관하였다.

### DNA 추출, PCR 및 유전자 염기서열 분석

지역별로 담배가루이 4령 약충 20 여 마리를 넣은 마이크로튜브에 0.2 ml STM buffer (0.32 M sucrose, 50 mM Tris-HCl pH 7.3, 10 mM MgCl<sub>2</sub>)를 첨가하여 충분히 마쇄하고, 6,500 rpm으로 5분간 원심분리하였다. 상등액을 제거하고 0.2 ml STE buffer (75 mM NaCl, 10 mM Tris-HCl pH 7.8, 10 mM EDTA), 0.02 ml 10% SDS 그리고 20 µg proteinase K를 첨가하여 60°C에서 30분간 처리하였다. 그 후 페놀 추출과 에탄올 침전(Sambrook and Russell, 2001)을 통해 미토콘드리아 DNA를 추출하였다.

미토콘드리아 16S rRNA 유전자를 증폭하기 위하여 Simon *et al.*(1994)이 제시한 프라이머(5'-CCGGTTT-GAACTCAGATCATGT-3'과 5'-CGCCTGTTTAAACAAAACAT-3')를 제작·이용하여 Lee *et al.*(2000)과 동일한 조건으로 PCR을 수행하고 PCR로 증폭된 16S rRNA 유전자에 Alu I 제한효소를 반응시켜 2.5% agarose gel상의 DNA 단편 양상으로 담배가루이 B 계통과 재래의 非 B 계통 및 온실가루이를 판별하였다. 그러나 보다

정확한 계통을 판별하고자 각 도를 대표하여 진천, 부여, 거제, 보성의 채집충으로부터 상기 증폭된 16S rRNA 유전자 염기서열을 분석하고(Bionics, Seoul) 이 중 misreading된 약 100 bp 부분을 제외한 431 bp의 유전자를 GenBank에 등록하였다.

### 분자 계통 분석

지역별 담배가루이의 미토콘드리아 16S rRNA 유전자 염기서열을 GenBank에 보고된 담배가루이 계통들과 함께 상동성을 비교하였다. 염기서열 비교를 위해 DNA Star (Version 5.01, DNA Star Inc., Madison, USA)에서 CLUSTAL W (Thompson et al., 1994) 기법으로 염기서열을 배열하여 PAUP (Version 4, Sinauer Associates, Massachusetts, USA)에서 Kimura 2-parameter (Kimura, 1980)에 의해 유사도를 계산하였고, 이를 기초로한 UPGMA phenogram이 얻어졌다.

## 결 과

### 지역별 담배가루이 발생 및 피해

시설재배지내 담배가루이 발생을 조사한 결과(Table 1) 착색단고추와 토마토 재배 온실에서 주로 발생하였으며 충북 진천에서는 장미에 주로 발생하였다. 발생 밀도는 충남지역이 가장 높았으나 농약 처리로 5월 조사시점에 성충은 발견할 수 없었다. 전남 보성에서는 담배가루이가 다발생한 유리온실 인근의 오이재배 비닐하우스에서도 담배가루이 성충을 발견할 수 있었다. 그러나 조사된 대부분의 지역에서 착색단고추와 토마토 이외의 작물에서는 담배가루이를 발견하지 못하였고, 전북과 경북의 조사지역에서는 담배가루이를 전혀 발견할 수 없었다. 전남 강진 등에서는 담배가루이의 감로로 인해 발생한 그을음병 피해가 심각함을 확인하였으나, 본 충에 의한 매개 바이러스 피해 여부는 철저히 조사하지 못하였다.

Table 1. Occurrence of *Bemisia tabaci* in southern regions of Korea in May, 2005

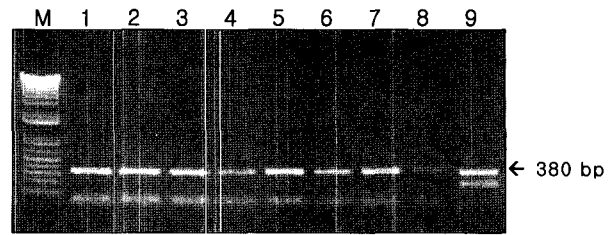
	Regions examined*	Crop	No. field surveyed	No. field occurred	Density**
C.N.	Buyeo	Sweet pepper	1	1	L: 76/leaf
	Yesan	Sweet pepper	1	1	L: 96.7/leaf
		Tomato	1	1	L: 26.7/leaf
	Boryeong	Tomato	3	3	L: 0.1-1/leaf
C.B.	Jincheon	Rose	3	2	L: 1-30/leaf
		Sweet pepper, Potato	2	0	
	Chungju, Chungwon, Chyungju	Tomato, Rose	11	0	
	Boseong	Tomato	4	1	A: 3.6/leaflet, L: 69.6/leaflet
J.N.	Gangjin	Cucumber	1	1	A: 1-3/leaf
		Sweet pepper	2	2	A: 0.1-1.3/leaf, L: 10.0-20.8/leaf
		Pepper	1	0	
	Gurye, Suncheon, etc.	Pepper, Tomato etc.	17	0	
J.B.	Jeonju, Wanju, Iksan, etc.	Sweet pepper, Tomato, etc.	17	0	
G.N.	Masan	Sweet pepper	5	5	L: >100/leaf, pesticide treated
	Geoje	Sweet pepper	1	1	A: <1/plant
		Tomato	2	2	A: 1-2/leaf, L: 10-20/leaf
	Tongyoung	Sweet pepper	1	1	A: 1-2/leaf
G.B.	Gyoungju, Cheongsong	Tomato, Sweet pepper	5	0	
	Total	9 species	78	21	

\*C.N.: Chungnam, C.B.: Chungbuk, J.N.: Jeonnam, J.B.: Jeonbuk, G.N.: Gyongnam, G.B.: Gyongbuk.

\*\*A: Adults. L: Larvae.

### 지역별 담배가루이의 분자 계통 분석

각 지역에서 채집한 담배가루이의 개체군들을 전기영동 gel상에서 16S rRNA 유전자의 제한단편 DNA 표식자에 의해 계통을 판별한 결과, 340 bp와 200 bp의 단편 2개가 나타나는 온실가루이를 제외하고 380 bp의 단편이 생성되므로 모두 B 계통인 것처럼 보였다(Fig. 1). 그러나 PCR로 증폭시킨 16S rRNA 유전자의 염기서열을 GenBank에 등록된 담배가루이 각 계통별 유전자(Table 2)와 비교 분석한 결과, 충북 진천의 장미 온실에서 채집한 담배가루이만 B 계통으로 판별되었고, 나머지 충남 부여, 전남 보성 및 경남 거제에서 채집한 담배가루이는 모두 스페인과 이집트에서 보고된 것과 유사한 Q 계통으로 판별되었다(Fig. 2, Table 3). 부여, 보성, 거제는 모두 이집트와 염기서열상 100%의 상동성을 보였고 진천과는 97%의 상동성을 나타냈다. 유사도 지수에 있어서 진천 채집충은, 일본, 예멘 등 B 계통과 0.002~0.007이었으며 스페인, 이집트 등 Q 계통과는 0.03~0.04로 나타났다(Table 3). 이와 같이 B와 Q 계통간에 유전적 상동성이 높아 상기 Lee *et al.*(2000)이 제시한 전기영동 gel상에서 제한단편 DNA 표식자에 의한 계통 판별법만으로는 B와 Q



**Figure 1.** Restriction fragments of *Alu I* from 16S rRNA genes of *Bemisia tabaci* occurred in 8 regions (lane 1-8) of Korea and *Trialeurodes vaporariorum* (lane 9). M: 1 kb ladder marker, 1: Jincheon, 2: Buyeo, 3: Yesan, 4: Boseong, 5: Gangjin, 6: Tongyeong, 7: Geoje, 8: Masan.

계통을 구별할 수 없었다.

### 고 찰

국내에서 2003년까지 충북 진천, 경기 고양 이외의 담배가루이에 대한 발생 보고가 없었고, 기존에 보고된 재래 계통이나 B 계통(Lee and Barro, 2000; Lee *et al.*, 2000)이 아닌 Q 계통이 발생한 것으로 확인됨에 따라, 최근에 담배

**Table 2.** Whitefly biotypes and their GenBank accession numbers for mitochondrial 16S sequences

Collection/Biotype	Geographical location	Host plant	GenBank accession no.
Arizona A	Phoenix, AZ, USA	Cotton	AF110722
Arizona B	Tucson, AZ, USA	Poinsettia	AF110714
Benin	Benin, Africa	<i>Asystasia gangetica</i>	AF110713
Boseong*	Boseong, Korea	Tomato	DQ103685
Brazil	Brazil	Unknown	AF246637
Buyeo*	Buyeo, Korea	Sweet pepper	DQ118427
Costa Rica	Turrialba, Costa Rica	Tomato	AF110715
Culiacan	Culiacan, Mexico	Tomato	AF110716
Egypt	Egypt	Unknown	AF246639
Geoje*	Geoje, Korea	Tomato	DQ103686
India	India	Watermelon	AF110718
Israel B	Israel	Cotton	AF110717
Japan	Japan	Unknown	AF246644
Jatropha	Puerto Rico, USA	<i>Jatropha gossypitolia</i>	AF110719
Jincheon*	Jincheon, Korea	Rose	DQ103687
Spain	Spain	Tomato	AF246647
Sudan	Sudan	Cotton	AF110720
Yemen	Yemen	Cotton	AF110721
<i>T. vaporariorum</i>	Tucson, AZ, USA	Tobacco	AF110723

\*Their 16S sequences and biological informations were registered to the GenBank by this study.

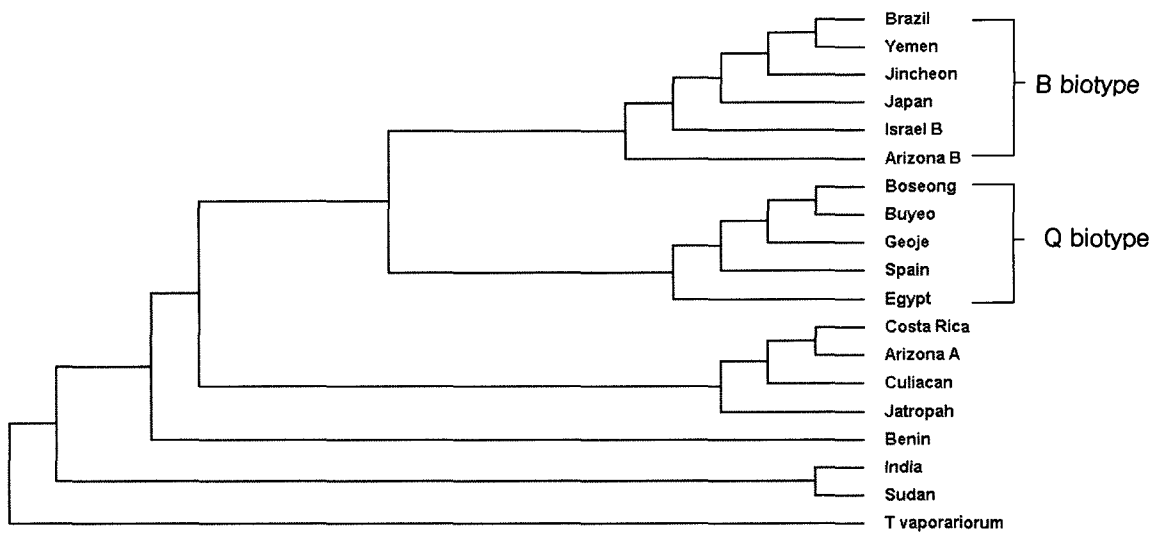


Figure 2. A UPGMA phenogram showing the relationships among the whitefly isolates based on Kimura 2-parameter distance using the 16S DNA.

Table 3. The similarities among the whitefly isolates based on 16S sequences\*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
1 Arizona A	-																			
2 Arizona B	0.0936	-																		
3 Benin	0.1584	0.1285	-																	
4 Boseong	0.1098	0.0340	0.1484	-																
5 Brazil	0.1425	0.0495	0.1805	0.0370	-															
6 Buyeo	0.1098	0.0340	0.1484	0.0000	0.0370	-														
7 Costa Rica	0.0081	0.0981	0.1608	0.1149	0.1448	0.1149	-													
8 Culiacan	0.0041	0.0936	0.1584	0.1098	0.1425	0.1098	0.0081	-												
9 Egypt	0.1026	0.0318	0.1360	0.0000	0.0642	0.0000	0.1072	0.1026	-											
10 Geoje	0.1098	0.0340	0.1484	0.0000	0.0370	0.0000	0.1149	0.1098	0.0000	-										
11 India	0.1290	0.0956	0.1506	0.1045	0.1368	0.1045	0.1315	0.1265	0.0996	0.1045	-									
12 Israel B	0.0889	0.0041	0.1237	0.0290	0.0452	0.0290	0.0934	0.0889	0.0275	0.0290	0.0910	-								
13 Japan	0.0992	0.0044	0.1380	0.0291	0.0041	0.0291	0.1040	0.0992	0.0251	0.0291	0.0936	0.0000	-							
14 Jatropa	0.0226	0.1005	0.1608	0.1150	0.1446	0.1150	0.0268	0.0226	0.1049	0.1150	0.1313	0.0959	0.1040	-						
15 Jincheon	0.1016	0.0071	0.1426	0.0309	0.0097	0.0309	0.1067	0.1016	0.0314	0.0309	0.0964	0.0023	0.0023	0.1067	-					
16 Spain	0.1102	0.0386	0.1437	0.0078	0.0705	0.0078	0.1148	0.1102	0.0058	0.0078	0.1070	0.0343	0.0315	0.1122	0.0396	-				
17 Sudan	0.1369	0.1000	0.1406	0.1096	0.1301	0.1096	0.1369	0.1344	0.0965	0.1096	0.0656	0.0953	0.0929	0.1339	0.1014	0.1031	-			
18 Yemen	0.1043	0.0114	0.1412	0.0366	0.0104	0.0366	0.1090	0.1043	0.0314	0.0366	0.1017	0.0068	0.0062	0.1091	0.0096	0.0381	0.1001	-		
19 T. vaporarium	0.3574	0.3415	0.3810	0.3411	0.3915	0.3411	0.3607	0.3574	0.3397	0.3411	0.3448	0.3351	0.3473	0.3631	0.3411	0.3492	0.3455	0.3607	-	

\*The similarity was calculated with Kimura 2-parameter.

가루이 Q 계통이 새롭게 국내로 유입되어 확산된 것으로 평가되었다. 이는 전북과 경북 지역에서 담배가루이가 발생하지 않은 점과 아직까지 남부지역의 일부 시설재배지를 중심으로 발생하는 것으로도 Q 계통의 유입과 확산이 최근에 일어났음을 추측하게 하는 점이다. 특히 충남, 전남, 경남에서 채집된 담배가루이 개체군이 모두 유전자 염기서열상 100% 동일한 것으로 보아 동일한 지역이나 국가로부터 유래한 것으로 추정되었다. 그러나 국내에 발생한 Q 계통의 출처에 대한 추정은 16S DNA 서열과

더불어 cytochrome oxidase I(COI) 등 다른 유전자 염기서열 분석을 병행하여 향후 보다 신중하게 검토할 필요가 있다.

우리나라 주변 국가의 담배가루이 발생 상황을 보면, 중국에는 모두 4 계통의 담배가루이가 분포하고 있는데, 이 중 B 계통이 중국 전역에 확산되어 1990년대부터 채소류 주요 해충으로 부각되기 시작하였다(Zhang, 2005). 일본에서는 1980년대 B 계통이 유입·정착하여 2004년 12월 현재 남부지역의 16개 현에서 발생하고 있으며 이로

인해 매개되는 TYLCV (tomato yellow leaf curl virus)가 심각한 피해를 끼치고 있다(Ueda *et al.*, 2004; Honda, 2005). 한편 Q 계통은 이베리아반도와 모로코 등 지중해 연안에서 주로 분포하는데(Moya *et al.*, 2001), 중국에서도 1999년 이래로 Q 계통이 유입되어 베이징, 유난 등지에 발생이 확인되었다(Zhang *et al.*, 2005). 중국 내 Q 계통의 유입경로는, 국제원예박람회('Expo' 99)가 개최되면서 스페인, 모로코, 이탈리아 등 60 여 국가로부터 수입된 각종 원예식물로부터 확산된 것으로 추정하였다(Zhang *et al.*, 2005). 그러나 본 연구에서 담배가루이 Q 계통이 국내로 유입·확산된 경로를 추적하지는 못하였다. 그러므로 현재까지 담배가루이 Q 계통이 발생한 각 농가에서 사용한 농자재의 도입 경로 등에 대한 철저한 추적이 필요할 것으로 본다.

담배가루이 Q 계통은 발육 및 생육 특성상 B 계통에 비하여 그 위험도는 다소 낮아 보인다(Nombela *et al.*, 2001; Pascual and Callejas, 2004). 즉 Q 계통이 B 계통에 비해서 번식률이 낮고, 사망률이 높으며, F<sub>1</sub> 세대에서 암컷 발생 수가 적은 것으로 보고되어 있다. 그러나 스페인에서는 B와 Q 계통 모두 토마토와 고추에서 다발생하고 있으며 Geminivirus를 매개하여 심각한 피해를 주고 있다(Muñiz and Nombela, 2001). 또한 Q 계통이 B 계통보다 네오니코티노이드계 농약에 높은 저항성을 보이며 실험실 내에서 2년 이상 저항성이 유전되는 것으로 밝혀졌다(Nauen *et al.*, 2002). 이러한 최신 농약에 대한 고도의 유전적 저항성은 스페인 전역에서 Q 계통의 우점 상황을 설명하는 주 요인으로 제시되었다(Elbert and Nauen, 2000; Pascual and Callejas, 2004). 더욱이 선충과 진딧물 등 흡즙성 해충에 대한 저항성 유전자(Mi-1,2)가 도입된 Motelle, VFN8, Ronita 등의 토마토 품종들에서 B 계통보다 Q 계통의 번식률이 유의적으로 높게 나타났다(Nombela *et al.*, 2001). 이와 같은 연구 결과들을 미루어 보아 향후 B 계통 뿐만 아니라 Q 계통도 토마토와 같은 작물에서 많은 피해를 일으킬 위험성이 높으며, 이들의 관리 및 방제에도 어려움이 클 것으로 예상된다. 따라서 담배가루이의 추가 유입과 확산을 방지하려는 국가적인 노력과 더불어 B 계통과는 별도로 Q 계통의 관리 수단을 위한 추후 연구가 시급한 것으로 판단된다.

### Literature cited

- Bedford, I.D., R.W. Briddon, J.K. Brown, R.C. Rosell and P.G. Markham. 1994. Geminivirus transmission and biological characterisation of *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotypes from different geographic regions. *Ann. Appl. Biol.* 125: 311-325.
- Beitia, F., I. Mayo, E.M. Robles-Chillida, P. Guirao, J.L. Cenis. 1997. Current status of *Bemisia tabaci* (Gennadius) in Spain: the presence of biotypes of this species. *Bulletin of the OILB/SROP* 20: 99-107.
- Bellows, T.S., T.M. Perring, R.J. Gill and D.H. Headrick. 1994. Description of a species of *Bemisia*. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 87: 195-206.
- Burban, C., L.D.C. Fishpool, C. Fauquet, D. Fargette and J.C. Thouvenel. 1992. Host associated biotypes within West African population of the whitefly *Bemisia tabaci* (Genn.) (Hom., Aleyrodidae). *J. Appl. Entomol.* 113: 416-423.
- Byrne, D.N. 1999. Migration and dispersal by the sweet potato whitefly, *Bemisia tabaci*. *Agri. Forest Meteorol.* 97: 309-316.
- Cervera, M.T., J.A. Cabezas, B. Simón, J.M. Martínez-Zapater, F. Beitia and J.L. Cenis. 2000. Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bull. Entomol. Res.* 9: 391-396.
- Costa, H.S., D.E. Ullman, M.W. Johnson and B.E. Tabashnik. 1993. Squash silverleaf symptoms induced by immature, but not adult, *Bemisia tabaci*. *Phytopathology* 83: 763-766.
- Elbert, A. and R. Nauen. 2000. Resistance of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) to insecticides in southern Spain with special reference to neonicotinoids. *Pest Management Sci.* 56: 60-64.
- EPP0. 2004. Diagnostic protocols for regulated pests. *Bemisia tabaci*. EPP0 Bulletin 34: 281-288.
- Gennadius, P. 1889. Disease of the tobacco plantations in the Trikonía. *The aleurodid of tobacco. Ellenike Georgia* 5: 1-3.
- Guirao, P., F. Beitia and J.L. Cenis. 1997. Biotype determination in Spanish populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Bull. Entomol. Res.* 87: 587-593.
- Honda, K. 2005. The present status and control strategies of tomato yellow leaf curl virus. *Kongetsu no Nogyo*, Feb. pp. 15-19.
- Jones, D. 2003. Plant viruses transmitted by whiteflies. *Eur. J. Plant Pathol.* 109: 197-221.
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitution through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16: 111-120.
- Lee, M.L. and P.J. De Barro. 2000. Characterization of different biotypes of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Homoptera: Aleyrodidae) in South Korea on 16S ribosomal RNA sequences. *Korean J. Entomol.* 30: 125-130.
- Lee, M.L., S.B. Ahn and W.S. Cho. 2000. Morphological characteristics of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Homoptera: Aleyrodidae) and discrimination of their biotypes in Korea by DNA markers. *Korean J. Appl. Entomol.* 39: 5-12.
- Moya, A., P. Guirao, D. Cifuentes, F. Beitia and J.L. Cenis. 2001. Genetic diversity of Iberian populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction. *Mol. Ecol.* 10: 891-897.
- Muñiz, M. and G. Nombela. 2001. Differential variation in development of the B- and Q-biotypes of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) on sweet pepper at constant temperatures. *Environ. Entomol.* 30: 720-727.
- Nauen, R., N. Stumpf and A. Elbert. 2002. Toxicological and mechanistic studies on neonicotinoid cross resistance in Q-type

- Bemisia tabaci*. Pest Management Sci. 58: 868-875.
- Nombela, G., F. Beitia and M. Muñiz. 2001. A differential interaction study of *Bemisia tabaci* Q-biotype on commercial tomato varieties with and without the Mi resistance gene, and comparative host responses with the B-biotype. Entomol. Exp. Appl. 98: 339-344.
- Pascual, S. and C. Callejas. 2004. Intra- and interspecific competition between biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) from Spain. Bull. Entomol. Res. 94: 369-375.
- Perring, T.M. 2001. The *Bemisia tabaci* species complex. Crop Protection 20: 725-737.
- Perring, T.M., A.D. Cooper, R.J. Rodriguez, C.A. Farrar and T.S. Bellows. 1993. Identification of a whitefly species by genomic and behavioral studies. Science 259: 74-77.
- Sambrook, J. and D.W. Russell. 2001. Molecular cloning a laboratory manual. Cold Spring Harbor Lab. Press, Cold Spring Harbor, New York.
- Simon, C., F. Frati, A. Beckenbach, B. Crespi, H. Liu and P. Flook. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. Ann. Entomol. Soc. Am. 87: 651-701.
- Thompson, J.D., D.G. Higgins and T.J. Gibson. 1994. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res. 22: 4673-4680.
- Ueda, S., T. Kimura, M. Onuki, K. Handa and T. Iwanami. 2004. Three distinct groups of isolates of Tomato yellow leaf curl virus in Japan and construction of an infectious clone. J. Gen. Plant Pathol. 70: 232-238.
- Zhang, L.P., Y.J. Zhang, W.J. Zhang, Q.J. Wu, B.Y. Xu and D. Chu. 2005. Analysis of genetic diversity among different geographical populations and determination of biotypes of *Bemisia tabaci* in China. JEN 129: 121-128.

(Received for publication 15 July 2005;  
accepted 27 August 2005)

