




Análisis morfométrico de los biotipos A, B y Q de *Bemisia tabaci* del estado de Sinaloa, México

Morphometric analysis of biotypes A, B, and Q of *Bemisia tabaci* from the state of Sinaloa, Mexico

Leslie Carnero-Avilés¹ ,
Ernesto Cerna-Chávez^{1*} ,
Yisa M. Ochoa-Fuentes¹ 

¹Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, col. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

*Autor de correspondencia:
jabaly1@yahoo.com

Nota científica

Recibida: 03 de noviembre
2020

Aceptada: 08 de septiembre
2021

Como citar: Carnero-Avilés L, Cerna-Chávez E, Ochoa-Fuentes YM (2021) Análisis morfométrico de los biotipos A, B y Q de *Bemisia tabaci* del estado de Sinaloa, México. Ecosistemas y Recursos Agropecuarios 8(3): e2753. DOI: 10.19136/era.a8n3.2753

RESUMEN. La mosca blanca *Bemisia tabaci* es una plaga de gran importancia para la agricultura, su manejo inadecuado en hortalizas puede ocasionar daños en la calidad de los frutos y reducir la producción en más de un 50%, por lo que la correcta identificación de las especies es una herramienta clave para su control. Con el objetivo de relacionar las variaciones morfológicas con los biotipos de *B. tabaci* se colectaron muestras de poblaciones provenientes de los municipios de Mocorito, Elota y Culiacán del Estado de Sinaloa, México, estas se identificaron mediante el gen (mtCO1) como los biotipos A, B y Q, respectivamente. El análisis estadístico de los datos obtenidos del estudio morfométrico mostraron una mayor longitud y anchura en todos los instares del biotipo B, seguido del biotipo A con diferencias estadísticas significativas del 2do, 3er instar y pseudopupa entre los biotipos, mientras que el biotipo Q exhibió las menores dimensiones.

Palabras clave: *Bemisia tabaci*, morfometría, biotipos, tomate, Sinaloa.

ABSTRACT. The whitefly *Bemisia tabaci* is a pest of great importance for agriculture, its improper handling in vegetables can cause damage to the quality of the fruits and reduce production by more than 50%, so the correct identification of the species is a key tool for its control. In order to relate the morphological variations with the biotypes of *B. tabaci*, samples were collected from populations from the municipalities of Mocorito, Elota and Culiacan in the State of Sinaloa, Mexico, these were identified through the gene (mtCO1) as biotypes A, B and Q, respectively. The statistical analysis of the data obtained from the morphometric study showed greater length and width in all instars of biotype B, followed by biotype A with significant statistical differences of the 2nd, 3rd instar and pseudopupa between the biotypes, while biotype Q exhibited the smaller dimensions.

Key words: *Bemisia tabaci*, morphometric, biotypes, tomatoe, Sinaloa.

INTRODUCCIÓN

La mosca blanca *Bemisia tabaci* (Gennadius) es una de las especies más destructivas e invasivas en el mundo (GISD 2020). En los 90's la plaga se popularizó cuando las infestaciones en Estados Unidos de América provocaron la destrucción de tierras de cultivo que resultaron en la pérdida millones de dólares, empleos y medios asociados a la agricultura (Gill 1992). Las diferencias en el comportamiento de dos poblaciones aisladas de *B. tabaci* llevó al inicio de su estudio molecular y a reconocer la presencia de los biotipos A (indígena) en el suroeste de los E.U.A y B (invasor) en el Estado de Florida (Costa et al. 1993, Li et al. 2021). Desde las primeras pruebas moleculares a la fecha se han identificado al menos 35 biotipos dentro de la especie *B. tabaci* (Zang et al. 2006, Liu et al. 2012, Firdaus et al. 2013) que se diferencian en base a polimorfismos bioquímicos y moleculares (Brown et al. 1995). Los biotipos B y Q son considerados los más dañinos e invasivos a nivel mundial (De Barro et al. 2011), ambos poseen características amenazan la producción de alimentos, por ejemplo, gran rango de hospederos, transmisión de virus fitopatógenos, mayor potencial biótico, resistencia a insecticidas, entre otras (Fen-Luan et al. 2017, Carnero et al. 2021). En contraste, el biotipo indígena A es catalogado como inocuo para las especies cultivadas (Denholm et al. 1998).

A pesar de que *B. tabaci* es considerada un complejo de especies indistinguibles morfológicamente entre sí, su análisis morfológico ha demostrado ser un estudio eficaz para separar algunos biotipos, por lo que es importante su combinación con técnicas moleculares para resolver dudas y problemas en la diferenciación de las especies (Calvert et al. 2001, Gill y Brown 2010, Li et al. 2013). Por lo antes mencionado, el presente estudio tuvo el objetivo de identificar mediante análisis de caracteres morfológicos los biotipos A, B y Q de *B. tabaci*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Colecta de las muestras de mosquita blanca

Los especímenes de *B. tabaci* se colectaron de cultivos de tomate en los municipios de Culiacán (24° 34' 44.0" LN 107° 25' 20.4" LO), Elota (24° 01' 21.6" LN 106° 52' 40.7" LO) y Mocorito (25° 03' 38.6" LN 107° 39' 36.8" LO) del Estado de Sinaloa, México. Las poblaciones se liberaron por 24 h en plantas de tomate variedad Rio Grande para su oviposición y se mantuvieron a 30 ± 3 °C, humedad relativa del 70% y fotoperiodo de 14:10 (L:O).

Análisis molecular de los biotipos de *Bemisia tabaci*

El análisis molecular de las poblaciones se realizó con adultos preservados en alcohol etílico al 70% a 4 °C, este análisis se realizó en el Laboratorio de Toxicología del Departamento de Parasitología Agrícola de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Para la extracción del ADN total se utilizó la técnica de Doyle y Doyle (1999) extrayendo de manera individual el ADN de 30 moscas blancas. En tubos de 1.5 mL, se maceraron los individuos con 200 µL de buffer de lisis (100 mM Tris-HCl, 50 mM EDTA, 50 mM NaCl y 2% SDS) con ayuda de una punta de vidrio. Se agregaron 300 µL de cloroformo-alcohol isoamílico (24:1) para después centrifugar a 1 2000 rpm por 15 minutos. La fase líquida superior se llevó de nuevo a un tubo y se añadió una cantidad proporcional al volumen recuperado de isopropanol frío y se incubó a 4 °C por 15 minutos y centrifugó a 1 2000 rpm por 10 minutos. El isopropanol se desechó para después lavar el ADN con 200 µL de alcohol al 70%. Una vez secado a temperatura ambiente se re-suspendió el ADN en 20 µL de agua MiliQ. El ADN se observó en un gel de agarosa al 1%, usando 1 µL de buffer de carga Gel Red (Gen Script) en la cámara de electroforesis a 60 voltios por 50 minutos.

La identificación de los biotipos se realizó siguiendo la metodología e iniciadores propuestos por Shatters et al. (2009), una primera reacción de PCR con los iniciadores Btab-Uni L Btab-UniL (5'-GAG GCT GRA AAA TTA RAA GTA TTTGG-3') y Btab-Uni R (5'-CTA ATR TGG CAG A-AA GTG CAG

TAA ATT TAAG-3') se realizó para amplificar un fragmento de alrededor de 700 pb del gen mtCO1 en la familia Aleyrodidae (Shatters *et al.* 2009); usando 7 μ L de Taq&Go^T Mastermix (Gen Script), 0.5 μ L de cada iniciador a 10 mM y 1 μ L de ADN, a un volumen final de 20 μ L por reacción en un termociclador Axygene's MaxyGene; las condiciones de amplificación fueron de 94 °C por 2 minutos, seguido de 35 ciclos de 94 °C por 30 segundos; 46 °C por 1 minuto (alineamiento de los iniciadores) y 72 °C por 1 minuto y extensión final a 72 °C por 5 minutos. Los productos obtenidos se visualizaron en un gel de agarosa al 1% en buffer de carga Gel Red (Gen Script) y un marcador molecular de 100 pb (Bio Basic Canada INC.). Los productos se observaron con un transiluminador MultiDoc-It mediante el programa UVP Digital Imaging System.

Los productos de PCR obtenidos con los iniciadores universales Btab-Uni L y Btab-Uni R se tomaron como ADN molde para la identificación de los biotipos A, B y Q. Se utilizaron los iniciadores NewWorld-Primer L (5'-TAC TGT TGR AAT AGA TGT TGA CAC TCGGG-3'), NewWorld-Primer R (5'-AAT ATT TGW GGG AGT AAA YCT GAC ATT TTT TCC-3'), BioB-Primer L (5'-CTA GGG TTT ATT GTT TGA GGT CAT CAT ATA TTC-3'), BioB-Primer R (5'-AGG GGG AAT GCC TCG TCG ATATT-3'), BioQ-Primer L (5'-CTT GGT AAC TCT TCT GTA GAT GTG TGTT-3') y BioQ-Primer R (5'-GAA CAA AAT TTC TTC TGC GGG AAGG-3') los cuales amplifican un fragmento del gen mtCO1 de 405 pb, 478 pb, y 303 pb para los biotipos A, B y Q, respectivamente. Se utilizaron 7 μ L de 2xTaq Mastermix (Gen Script); 0.5 μ L de cada iniciador a 10 mM y 1 μ L de ADN, a un volumen final de 20 μ L por reacción. Las condiciones de amplificación de la PCR fueron 94 °C por 2 minutos seguido de 35 ciclos de 94 °C por 30 segundos; 64 °C por 1 minuto (alineamiento de los iniciadores) y 72 °C por 1 minuto y extensión final de 72 °C por 10 minutos. Los productos obtenidos se visualizaron en un gel de agarosa al 3.5% usando buffer de carga Gel Red (Gen Script) y un marcador molecular de 100 pb (Invitrogen) y se observaron con un transiluminador MultiDoc-It mediante el programa UVP Digital Imaging System.

Morfometría

Una vez revelada la presencia de los biotipos A, B y Q con la caracterización genética de las muestras de *B. tabaci* recolectadas se seleccionaron 30 individuos de cada uno de los grupos genéticos. Los estadios de desarrollo se identificaron con el método descrito por Malumphy *et al.* (2009). Con un microscopio compuesto Olympus 4x-100x conectado a un lente digital y al software de medición DinoCapture 2.0 versión 1.4.3, previamente calibrado con una reglilla métrica. El análisis morfométrico inició con la observación y medición de la variación morfológica en caracteres taxonómicos como la longitud de huevo (LH), ancho de huevo (AH), longitud de cuerpo ninfal (LC), ancho de cuerpo ninfal (AC), ancho de cuerpo de la pupa (ACP) y largo de cuerpo de la pupa (LCP), las mediciones fueron realizadas en cada uno de los instares ninfales y pseudopupa (N1, N2, N3, N4, y pseudopupa). Con los datos obtenidos se realizó un análisis de varianza unidireccional considerando un diseño completamente al azar y se aplicó la prueba de Tukey para comparar medias ($p < 0.05$) con el programa estadístico R versión 3.3.1.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la identificación de los biotipos A, B y Q de *B. tabaci*; las pruebas de PCR revelaron la presencia de los biotipos A (Mocorito), B (Elota) y Q (Culiacán) en las tres poblaciones provenientes de cultivares de tomate del Estado de Sinaloa al obtener los fragmentos de 405 pb, 478 pb, y 303 pb, respectivamente (Figura 1). El uso de claves morfológicas es de las principales técnicas utilizadas para la separación de las especies de mosca blanca a pesar de que *B. tabaci* ha sido reconocida como un complejo de especies que ha evolucionado sin necesidad de desarrollar grandes cambios en su morfología (Gill y Brown 2010). Las variaciones morfológicas pueden utilizarse para identificar taxonómicamente de *B. tabaci*, pero presenta variaciones en su morfometría (forma del cuerpo, número de cerdas y tamaño del orificio vasiforme, entre otras) lo cual depende del hospedero e incluso si su línea parental proviene de una sola planta hospedera (Bethke *et al.*

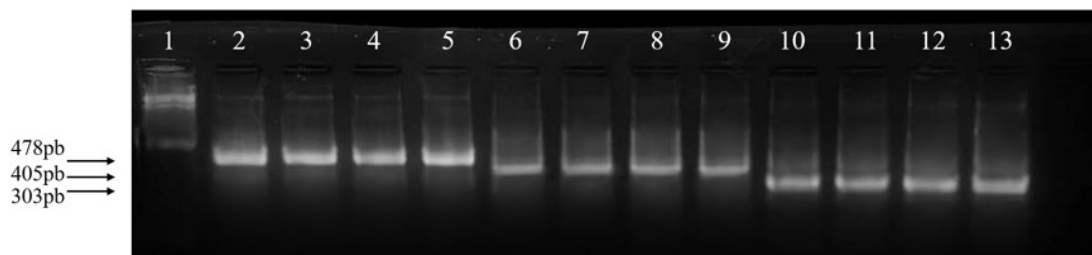


Figura 1. Detección de biotipos de *Bemisia tabaci*. Análisis electroforético de los fragmentos amplificados de 478 pb, 405 pb y 303 pb con los iniciadores BioB-Primer L, BioB-Primer R, NewWorld-Primer L, NewWorld-Primer R, BioQ-Primer L, BioQ-Primer R (Shatters et al. 2009) mediante PCR. Carril 1: marcador de tamaño molecular de 100pb (Invitrogen); carriles 2, 3, 4 y 5: Biotipo B, carriles 6, 7, 8 y 9: Biotipo A; carriles 10, 11, 12 y 13: Biotipo Q.

1991, Thompson *et al.* 2000, Jayasekera *et al.* 2010, Thomas *et al.* 2011, Thomas *et al.* 2014, Thomas y Gaur 2014, Chaubey *et al.* 2015) interacciones con otros microorganismos (Shibuya *et al.* 2009, Chu *et al.* 2011, Mouton *et al.* 2012) y por sus polimorfismos genéticos. Las diferencias morfométricas entre los biotipos A, B y Q de *B. tabaci* provenientes del Estado de Sinaloa tuvieron evidentes variaciones en la amplitud y longitud de las ninfas en los tres grupos genéticos, observándose que en la etapa de huevo de *B. tabaci* el biotipo A tiene una media de 0.30 μm en el ancho (AH) y 0.01 μm en el largo del huevo (LH); mientras que las medias en el biotipo Q fueron de 0.37 μm de AH y 0.01 μm de LH; las cuales fueron significativamente diferente a los biotipos A y Q, mientras que el biotipo B mostró una media de 0.49 μm de AH y 0.22 μm de LH (Tabla 1). Las ninfas de primer instar del biotipo A mostraron una media de AC de 0.32 μm , la cual difirió significativamente de las medias del biotipo B con 0.29 μm y el biotipo Q con 0.28 μm , en cuanto a LC el biotipo A presentó la media más elevada con 0.52 μm , seguido del B y Q con medias de 0.52 μm . En el segundo instar, los biotipos A y B presentaron mayor AC con medias de 0.57 μm mientras que el biotipo Q mostró el menor valor con 0.64 μm , para las medias de LC no se observaron diferencias estadísticas, ya que los biotipos A y B obtuvieron medias de 0.90 μm y Q de 0.93 μm . En las ninfas del tercer instar el AC del biotipo A fue de 0.93 μm , el cual es estadísticamente diferente de los valores de los biotipos B y Q al presentar valores de 0.84 y 0.64 μm , respectivamente. En las ninfas del cuarto instar no se observó diferencia signifi-

tiva en AC, el valor de la media más alto fue para el biotipo B con 0.9 μm , seguido del A con 0.88 μm y el Q con 0.87 μm , en LC no se observaron diferencias estadísticas entre los biotipos A, B y Q con medias de 1.3, 1.30 y 1.27 μm , respectivamente. Por último, el estado pupal con mayor ACP fue el del biotipo B con 1.03 μm seguido del A con 0.99 μm y el Q con 0.97 μm , la media más alta de LCP se registró en el biotipo B con 1.44 μm y el A con 1.38 μm mientras que en el biotipo Q se observó la media más baja con 1.31 μm . En vista de los resultados el biotipo A fue el segundo grupo genético con mayores dimensiones en 2do, 3er instar y en pseudopupa mientras que el biotipo Q presentó las menores dimensiones en todos los instares y en pseudopupa. El biotipo B presentó mayores dimensiones en 1er, 2do y 3er instar y pseudopupa. Estos resultados coinciden con Li *et al.* (2013) quienes en un estudio morfométrico de seis biotipos (B, Q, Cv, ZHJ-1, ZHJ-2 y ZHJ-3) de *B. tabaci*, concluyeron que el biotipo invasor B era especialmente más grande que los indígenas. La variación de los caracteres morfológicos se ha correlacionado con la variación genética de los biotipos de *Bemisia tabaci* (Calvert *et al.* 2001; Li *et al.*, 2013; Chaubey y Andrew, 2015; Harish *et al.*, 2017). De los 35 biotipos identificados a nivel mundial los biotipos B y Q son considerados los más importantes debido a su amplia distribución, resistencia a insecticidas y capacidad de transmisión de virus (Dinsdale *et al.* 2010). El biotipo Q es el más estudiado debido a su alta capacidad de invasión y su resistencia a insecticidas (Fen-Luan *et al.* 2017), los valores obtenidos en las dimensiones del biotipo Q en el presente estudio pueden asociar-

Tabla 1. Comparación de medias de los valores morfométricos de huevos de los biotipos A, B y Q de *B. tabaci*.

Biotipo	Huevo		1er Instar		2do Instar	
	AH (μm) Media \pm SD ¹	LH (μm) Media \pm SD ¹	AC (μm) Media \pm SD ¹	LC (μm) Media \pm SD ¹	AC (μm) Media \pm SD ¹	LC (μm) Media \pm SD ¹
A	0.38 \pm 0.02 ^a	0.18 \pm 0.01 ^a	0.32 \pm 0.01 ^b	0.52 \pm 0.01 ^a	0.57 \pm 0.01 ^a	0.9 \pm 0.02 ^a
B	0.49 \pm 0.02 ^b	0.22 \pm 0.01 ^b	0.29 \pm 0.01 ^a	0.5 \pm 0.01 ^a	0.57 \pm 0.01 ^a	0.9 \pm 0.02 ^a
Q	0.37 \pm 0.02 ^a	0.17 \pm 0.01 ^a	0.28 \pm 0.01 ^a	0.5 \pm 0.01 ^a	0.64 \pm 0.01 ^b	0.93 \pm 0.02 ^a

Tabla 1. Continuación.

Biotipo	3er Instar		4to Instar		Pseudopupa	
	AC (μm) Media \pm SD ¹	LC (μm) Media \pm SD ¹	AC (μm) Media \pm SD ¹	LC (μm) Media \pm SD ¹	ACP (μm) Media \pm SD ¹	LCP (μm) Media \pm SD ¹
A	0.93 \pm 0.03 ^a	1.3 \pm 0.20 ^a	0.88 \pm 0.02 ^a	1.31 \pm 0.02 ^a	0.99 \pm 0.03 ^a	1.38 \pm 0.02 ^a
B	0.84 \pm 0.03 ^b	1.54 \pm 0.20 ^a	0.9 \pm 0.02 ^a	1.3 \pm 0.02 ^a	1.03 \pm 0.03 ^a	1.44 \pm 0.02 ^{ab}
Q	0.64 \pm 0.03 ^b	0.97 \pm 0.20 ^a	0.87 \pm 0.02 ^a	1.27 \pm 0.02 ^a	0.97 \pm 0.03 ^a	1.31 \pm 0.02 ^b

LH = Longitud de Huevo, AH = Ancho de Huevo, AC = Ancho de Cuerpo de la ninfa, LC = Largo del cuerpo de la ninfa, ACP = Ancho de Cuerpo de la Pupa, LCP = Largo de Cuerpo de la Pupa, ¹Desviación estándar. Medias con diferente letra entre columnas presentan diferencia significativa ($P > 0.05$).

se a mutaciones genéticas que les confieren resistencia a insecticidas, pero a su vez se comprometen aptitudes biológicas que ocasionan desventajas sobre las contrapartes susceptibles (Ako *et al.* 2004). La resistencia a insecticidas es un factor que influye en el desarrollo, ya que existe pérdida de recursos en el mantenimiento de los mecanismos de resistencia. Asimismo, los individuos resistentes de diversas especies suelen ser de tamaños más reducidos que los susceptibles, arriesgando su éxito reproductivo de modo que disminuye su probabilidad de encontrar pareja (Couvillon *et al.* 2010, Konopka *et al.* 2012). El ancho de cuerpo del 1er, 2do, 3er es-

tadio y el largo de cuerpo de la pseudopupa de *B. tabaci* son parámetros adecuados para identificar y separar los biotipos A, B y Q. Para evitar el fracaso en el manejo de las poblaciones de mosca blanca se requiere tomar en cuenta el biotipo presente en el cultivo. Por lo general no se toman en cuenta sus diferencias genéticas que les confieren adaptaciones de tipo biológico o de tolerancia a insecticidas; beneficios que comprometen aptitudes biológicas, que les ocasionan desventajas que pueden ser utilizadas para diseñar un manejo que disminuya las densidades por medio de una correcta selección de insecticidas, dosis e intervalos de aplicación.

LITERATURA CITADA

- Ako M, Borgemeister C, Poehling H, Elbert A, Nauen R (2004) Effects of neonicotinoid insecticides on the bioeconomics of two spotted spider mite (Acari: Tetranychidae). *Journal of Economic Entomology* 97: 1587-1594.
- Bethke J, Paine T, Nuessly G (1991) Comparative biology, morphometrics, and development of two populations of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) on cotton and poinsettia. *Annals of the Entomological Society of America* 84: 407-411.
- Brown JK, Frohlich DR, Rosell RC (1995) The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex?. *Annual Review of Entomology* 40: 511-534.
- Calvert LA, Cuervo M, Arroyave JA, Constantino LM, Bellotti A, Frohlich D (2001) Morphological and mitochondrial DNA marker analyses of whiteflies (Homoptera: Aleyrodidae) colonizing cassava and beans in Colombia. *Annals of Entomological Society of America* 94: 512-519.
- Carnero AL, Cerna CE, Rodríguez RJF, Beltrán BM, Ochoa FYM, Velarde FS (2021) Cuantificación de enzimas relacionadas a la resistencia de insecticidas en *Bemisia tabaci* del estado de Sinaloa *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 12: 77-88.

- Chaubey R, Andrew RJ (2015) Geometric morphometrics of puparia of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) from western plateau and hill regions agroclimatic zone of India. *Indian Journal of Entomology* 77: 283-289.
- Chaubey R, Andrew RJ, Naveen NC, Rajagopal R, Ahmad B, Ramamurthy VV (2015) Morphometric Analysis of Three Putative Species of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) Species Complex from India. *Annals of the Entomological Society of America* 108: 600-612.
- Chu D, Gao CS, De Barro P, Zhang YJ, Wan FH, Khan IA (2011) Further insights into the strange role of bacterial endosymbionts in whitefly, *Bemisia tabaci*: Comparison of secondary symbionts from biotypes B and Q in China. *Bulletin of Entomological Research* 101: 477-486.
- Costa HS, Brown JK, Sivasupramaniam S, Bird J (1993) Regional distribution, insecticide resistance, and reciprocal crosses between the A and B biotypes of *Bemisia tabaci*. *Insect Science and its Application* 14: 127-138.
- Couvillon MJ, Hughes WHO, Perez-Sato JA, Martin SJ, Roy GGF, Ratnieks FLW (2010) Sexual selection in honey bees: colony variation and the importance of size in male mating success. *Behavioral Ecology* 21: 520-525.
- De Barro PJ, Liu SS, Boykin LM, Dinsdale AB (2011) *Bemisia tabaci*: A statement of species status. *Annual Review of Entomology* 56: 1-19.
- Denholm I, Cahill M, Dennehy TJ, Horowitz AR (1998). Challenges with managing insecticide resistance in agricultural pests exemplified by the whitefly *Bemisia tabaci*. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* 353: 1757-176.
- Dinsdale A, Cook L, Riginos C, Buckley YM, De Barro P (2010) Refined Global Analysis of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) Mitochondrial Cytochrome Oxidase 1 to Identify Species Level Genetic Boundaries. *Annals of the Entomological Society of America* 103: 196-208
- Doyle JJ, Doyle JL (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15.
- Feng-Luan Y, Yu Z, Xiao-Yan H, Xue-Ling D, Jian-Wei Z, Desneux N, Yu-Xian H, Qi-Yong W (2017) Dynamics of *Bemisia tabaci* biotypes and insecticide resistance in Fujian province in China during 2005-2014. *Scientific Reports* 7: 40803.
- Firdaus S, Vosman B, Hidayati N, Jaya Supena ED, Visser GF, Van Heusden AW (2013) The *Bemisia tabaci* species complex: Additions from different parts of the world. *Insect Science* 20: 723-733.
- Gill RJ (1992) A review of the sweetpotato whitefly in southern California. *Pan-Pac. Entomology* 68: 144-152.
- Gill RJ, Brown JK (2010) Systematics of *Bemisia* and *Bemisia* Relatives: can molecular techniques solve the *Bemisia tabaci* complex conundrum - a taxonomist's viewpoint. *Bemisia: Bionomics and Management of a Global Pest* 5-29.
- GISD (2020) Global invasive species database. <http://www.issg.org/database>. Fecha de consulta: 20 de Agosto de 2020.
- Harish ER, Chellappan M, Kumar TM, Ranjith MT, Ambavane AR (2017) Morphometric variations in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) whitefly, *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) from different agro-ecological zones of Kerala, India. *Journal of Root Crops* 42: 90-102.
- Jayasekera S, Thomas A, Kar A, Ramamurthy VV (2010) Host correlated morphometric variations in the populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae). *Oriental Insects* 44: 193-204.

- Li J, Tang Q, Bai R, Li X, Jiang J, Zhai Q, Yan F (2013) Comparative morphology and morphometry of six biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) from China. *Journal of Integrative Agriculture* 12: 846-852.
- Li Y, Mbata GN, Punnuri S, Simmons AM, Shapiro-Ilan DI (2021) *Bemisia tabaci* on Vegetables in the Southern United States: Incidence, Impact, and Management. *Insects* 12: 198.
- Liu SS, Colvin J, De Barro P (2012) Species concepts as applied to the whitefly *Bemisia tabaci* Systematics: How many species are there?. *Journal of Integrative Agriculture* 11: 176-186.
- Malumphy C, Walsh K, Suarez MB, Collins DW, Boonham N (2009) Morphological and molecular identification of all developmental stages of four whitefly species (Hemiptera:Aleyrodidae) commonly intercepted in quarantine. *Zootaxa* 2118: 1-29.
- Mouton L, Thierry M, Henri H, Baudin R, Gnankine O, Reynaud B, Zchori-Fein E, Becker N, Fleury F, Delatte H (2012) Evidence of diversity and recombination in *Arsenophonus* symbionts of the *Bemisia tabaci* species complex. *BMC Microbiology* 12: 1-10.
- Shatters RG Jr, Powell CA, Boykin LM, Liansheng H, McKenzie CL (2009) Improved DNA barcoding method for *Bemisia tabaci* and related Aleyrodidae: Development of universal and *Bemisia tabaci* biotype-specific mitochondrial cytochrome c oxidase I polymerase chain reaction primers. *Journal of Economic Entomology* 102: 750-758.
- Shibuya T, Hirai N, Sakamoto Y, Komuro J (2009) Effects of morphological characteristics of *Cucumis sativus* seedlings grown at different vapor pressure deficits on initial colonization of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Journal of Economic Entomology* 102: 2265-2267.
- Thomas A, Chaubey R, Naveen NC, Kar A, Ramamurthy VV (2011) *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) on *Leucaena leucocephala* (Fabaceae): a new host record from India and a comparative study with a population from cotton. *International Journal of Tropical Insect Science* 31: 235-241.
- Thomas A, Kar A, Rebijith KB, Asokan R, Ramamurthy VV (2014) *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) species complex from cotton cultivars: a comparative study of population density, morphology, and molecular variations. *Annals of the Entomological Society of America* 107: 389-398.
- Thomas AE, Gaur A, Asia I (2014) Morphometrics of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) species complex from cotton. *The Bioscan* 9: 969-971.
- Thompson WMO (2000) Development, morphometrics and other biological characteristics of the whitefly *Bemisia tabaci* (Gennadius) on cassava. *International Journal of Tropical Insect Science* 20: 25-1258.
- Zang LS, Chen WQ, Liu SS (2006) Comparison of performance on different host plants between the B biotype and a non-B biotype of *Bemisia tabaci* from Zhejiang, China. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 121: 221-227.