



Formosan Entomologist

Journal Homepage: entsocjournal.yabee.com.tw

Identification of Biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Taiwan Based on Mitochondrial 16S rDNA Sequences **【Research report】**

臺灣地區煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 生物小種之粒線體 16S rDNA 分子鑑定 **【研究報告】**

Chia-Hung Hsieh, Chung-Hsiung Wang and Chiun-Cheng Ko*
謝佳宏、王重雄、柯俊成*

*通訊作者E-mail: kocc2501@ntu.edu.tw

Received: 2005/11/01 Accepted: 2005/12/28 Available online: 2005/12/01

Abstract

The whitefly, *Bemisia tabaci*, is an important agricultural pest and is globally distributed. Although the *B. tabaci* species complex includes many biotypes, they are morphologically indistinguishable. Therefore molecular markers must be used to identify them. In this study, *B. tabaci* specimens were collected from Taiwan and adjacent islands. Mitochondrial 16S rDNA sequences were used to reconstruct phylogenetic trees in order to distinguish the biotypes. According to the collection records, *B. tabaci* is widely distributed in Taiwan, Penghu, Green Island, Orchid Island, Matsu, and Kinmen. Phylogenetic analyses revealed that 3 biotypes exist in Taiwan: the B, Nauru, and An biotypes. We hope this study will contribute to the knowledge of damage by and virus transmission of *B. tabaci* in the future.

摘要

煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 為泛世界分佈的農業害蟲，包括許多生物小種 (biotype) 而構成一種群 (species complex)，但生物小種間不易利用形態特徵來區別，因此近年來利用分子標示 (molecular markers) 來進行鑑定。本研究全面採集臺灣地區之煙草粉蝨，並應用粒線體 16S rDNA 片段序列來進行系統發生之分析，根據系統發生樹結果來鑑定生物小種。結果顯示煙草粉蝨廣泛分佈於臺灣本島、澎湖、金門、馬祖、蘭嶼及綠島。此外，應用粒線體 16S rDNA 系統發生樹可明確區別各生物小種，並鑑別出臺灣地區有 3 生物小種，分別為 B、Nauru 和 An 生物小種。本研究明確鑑別臺灣地區煙草粉蝨之生物小種，期望有助於煙草粉蝨相關為害與傳播病毒之研究。

Key words: Aleyrodidae, *Bemisia tabaci*, biotype, molecular marker, Taiwan

關鍵詞: 粉蝨科、煙草粉蝨、生物小種、分子標示、臺灣

Full Text: [PDF\(0.68 MB\)](#)

下載其它卷期全文 Browse all articles in archive: <http://entsocjournal.yabee.com.tw>

臺灣地區煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 生物小種之粒線體 16S rDNA 分子鑑定

謝佳宏 王重雄 柯俊成* 國立臺灣大學昆蟲學系 臺北市大安區羅斯福路四段一號

摘要

煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 為泛世界分佈的農業害蟲，包括許多生物小種 (biotype) 而構成一種群 (species complex)，但生物小種間不易利用形態特徵來區別，因此近年來利用分子標示 (molecular markers) 來進行鑑定。本研究全面採集臺灣地區之煙草粉蝨，並應用粒線體 16S rDNA 片段序列來進行系統發生之分析，根據系統發生樹結果來鑑定生物小種。結果顯示煙草粉蝨廣泛分佈於臺灣本島、澎湖、金門、馬祖、蘭嶼及綠島。此外，應用粒線體 16S rDNA 系統發生樹可明確區別各生物小種，並鑑別出臺灣地區有 3 生物小種，分別為 B、Nauru 和 An 生物小種。本研究明確鑑別臺灣地區煙草粉蝨之生物小種，期望有助於煙草粉蝨相關為害與傳播病毒之研究。

關鍵詞：粉蝨科、煙草粉蝨、生物小種、分子標示、臺灣。

前言

煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 為半翅目 (Hemiptera)，胸喙亞目 (Sternorrhyncha)，粉蝨科 (Aleyrodidae)，粉蝨亞科 (Aleyrodinae)，伯粉蝨屬 (*Bemisia*) 的昆蟲，除極地以外，全球各地廣泛分布，為熱帶及亞熱帶地區主要農業害蟲之一 (Frohlich *et al.*, 1999; De Barro *et al.*, 2000)。此蟲自 1889 年被描述後至 1985 年，累積之相關研究大約有 830 篇，但 1985 年至 1998 年間，相關研究報告增加到約 3150 篇。由此可知，煙草粉蝨之發

生與為害已引起全世界相關科學研究者之重視，相關研究領域包括起源與分佈、生物小種、生物學特性、寄主範圍、傳播病毒、防治與內共生生物等。

煙草粉蝨直接以口器攝食植物汁液，導致植株衰弱，而排泄之蜜露，會誘發煤煙病，嚴重影響作物之生長，此外其所傳播植物病毒，更會造成糧食、觀賞及經濟作物的危害 (Jones, 2003)。自從 1985 年煙草粉蝨大發生以來，藉著觀賞性作物聖誕紅盆栽的國際貿易，目前已擴散至世界各地 (Brown *et al.*, 1995)，並造成經濟上重大損失 (Wisher *et*

*論文聯繫人
e-mail: kocc2501@ntu.edu.tw

al., 1998)。然而，煙草粉蝨種群包含許多生物小種，各有不同的生物學特性、分布範圍與為害程度 (Perring, 2001)，所以要進行相關研究，首先要先鑑定生物小種，才能根據其生物學特性來做進一步的研究。

近年來隨著生物技術之發展，分子標示被用來開發快速鑑定技術。因此，酵素電泳及 DNA 分子標示等技術隨即被應用在煙草粉蝨生物小種之鑑定。其中酵素電泳方面以酯酶 (esterase) 最早被利用，其他異構酶經研究顯示亦可成功鑑別生物小種 (Byrne and Devonshire, 1991; Burbank *et al.*, 1992)。DNA 分子標示方面，Perring *et al.* (1993) 利用 RAPD-PCR 之研究結果顯示生物小種間存在顯著差異，可成功鑑別出 A、B 生物小種。此外，AFLP 具有高度遺傳解析度，亦被用來研究生物小種，依所跑出來的電泳圖譜經群聚分析後，可以明確的區分不同生物小種 (Cervera *et al.*, 2000)。

分子系統發生學亦被應用在煙草粉蝨生物小種之鑑定。粒線體 16S rDNA 和 COI 片段之系統發生樹皆可清楚的區分生物小種，並指出 A 生物小種為單系群是新世界區所特有，此外推測新世界區之 B 生物小種是由舊世界區所侵入，而此生物小種可能的起源地為北非、中東及阿拉伯之乾燥區 (Frohlich *et al.*, 1999)。核糖體 DNA 之 ITS1 序列所構建出之系統發生樹亦可明確區分各生物小種 (De Barro *et al.*, 2000)。中國地區利用 ITS1 所重建之系統發生樹指出 B 生物小種是由外國侵入 (Wu *et al.*, 2003)，粒線體 COI 及 AFLP 所構建出之系統發生樹則進一步指出中國目前有 B、Q 及 2 未知生物小種 (Zhang *et al.*, 2005)。由於 Q 生物小種主要分佈於地中海周圍地區，如西班牙等地 (Perring, 2001)，因此藉著系統發生樹的分析

推測 Q 生物小種亦為近期入侵中國 (Zhang *et al.*, 2005)。

西太平洋地區目前有 B、An 和 Nauru 生物小種分佈 (De Barro *et al.*, 1998)，但位於西太平洋的臺灣目前僅有 Nauru 生物小種的紀錄 (De Barro *et al.*, 2000)，是否有其他生物小種則未知？又近年來農作物之國際貿易頻繁，外來入侵生物的快速鑑定益形重要。因此本研究選擇粒線體 16S rDNA 來當作分子標示，利用分子系統發生學之方法來構建系統發生樹，以明確鑑別臺灣地區煙草粉蝨生物小種為目的，並期望有助於煙草粉蝨相關為害與傳播病毒之研究。

材料與方法

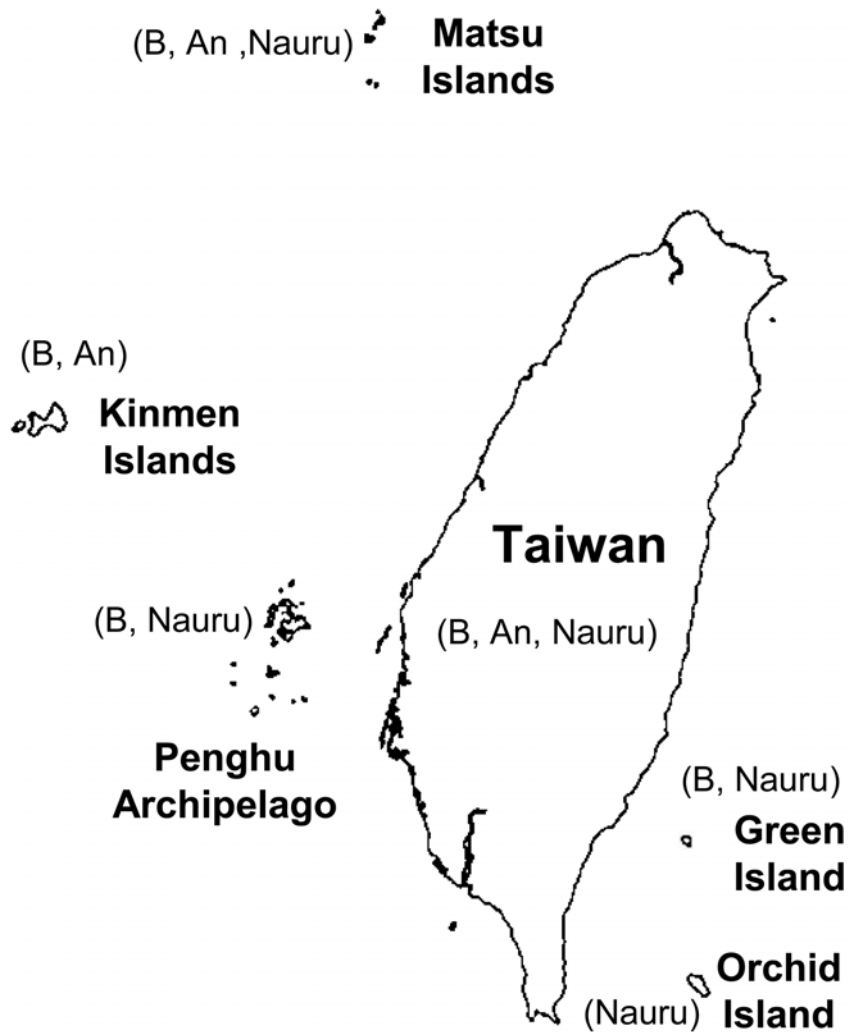
一、標本採集及保存

採集臺灣地區之煙草粉蝨，包括臺灣本島及澎湖、蘭嶼、綠島、金門和馬祖等離島 (圖一)，經初步形態鑑定，確認為煙草粉蝨後，浸泡於 95% 酒精，置於 -20°C 保存。並與國外專家交換或索取煙草粉蝨生物小種 (表一)。

二、實驗及分析方法

1. 煙草粉蝨基因組 DNA 之萃取

將供試粉蝨自酒精中取出，以二次蒸餾水清洗將酒精去除，並取一隻蟲體置於 1.5 ml 離心管中。根據 De Barro and Driver (1997) 之方法，加入 10 μ l lysis buffer (50 mM KCl, 10 mM Tris (pH 8.4), 0.45% Tween 20, 0.2% gelatin, 0.45% NP40, and 60 μ g/ml proteinase K)，利用研磨棒將蟲體磨碎，再加入 15 μ l lysis buffer 混和均勻。離心管置 65°C 水浴 30 分鐘後，冷卻至室溫並離心將溶液集中，再置入 100°C 水浴 10 分鐘，冷卻至室溫後，加入 30 μ l 之二次蒸餾水，



圖一 煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) B、An 及 Nauru 生物小種在臺灣地區之分佈圖。
 Fig. 1. Distribution of the B, An, and Nauru biotypes of *Bemisia tabaci* in the Taiwanese area.

表一 供試之國外煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 生物小種、採集地、寄主植物及縮略字

Table 1. Biotype, sample location, host plant, and acronym of specimens of *Bemisia tabaci* from other countries

No.	Biotype	Acronym	Location	Host plant
1	An	AusAnF3	Australia	-
2	Q	Netherland	The Netherlands	<i>Hibiscus</i> sp.
3	B	IsraelBF17	Israel	-
4	B	JapanBF18	Japan	<i>Brassica oleracea</i>
5	B	KoreaBF22	Korea	Rose
6	Nauru	ChinaNauru1	China	<i>Gossypium hirsutum</i>
7	Nauru	ChinaNauru2	China	<i>Codiaeum variegatum</i>

置於 -20°C 保存待用。

2. 粒線體 DNA 16S rDNA 序列之增幅

根據 Simon *et al.* (1994) 利用之引子，LR-J-12887 (5'-CCGGTTTGAACCTCAGATCATGT-3')/LR-N-13398 (5'-CGCCTGTTT AACAAAAACAT-3')，可增幅出大約 500 bp PCR 產物。反應總體積為 25 μ l，置於 0.2 ml 微量離心管中，包括 0.15 μ M 的 dNTPs，2.5 mM 的 MgCl₂，0.75 U 的 Taq DNA polymerase，兩引子各 0.6 μ M，2.5 μ l 的 10x Taq reaction buffer 及 50 ng 模板 DNA。PCR 之反應條件為：(1) 預熱 (prewarming) 94 °C 2 分鐘；(2) 變性 (denaturing) 94 °C 1 分鐘；(3) 黏合 (annealing) 55 °C 1 分鐘；(4) 延伸 (extension) 72 °C 1 分鐘；(5) 重複步驟 (2) 至 (4) 共 30 個循環；(6) 最終延長 (final extension) 72 °C 5 分鐘，使反應更完全；(7) 保存於 -20 °C。PCR 產物以 1% 的瓊脂電泳膠片進行電泳檢視，確認目標產物片段大小，並委託明欣生物科技公司 (臺北，臺灣) 進行雙股定序。

3. 序列之比對與排序

定序完成之序列，使用 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 之 BLAST 工具進行序列之比對，以確定是否為煙草粉蝨 16S rDNA 序列。此外，自 GenBank 下載煙草粉蝨各生物小種之序列 (表二)，並下載溫室粉蝨 (*Trialeurodes vaporariorum*) (accession no. AF110723) 之序列作為外群，自行定序之外國材料如表一。全部序列利用 Clustal X (1.8) 軟體 (<http://bips.u-strasbg.fr/fr/Documentation/ClustalX/#G>) 進行序列排序，並用 BioEdit 軟體 (<http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/page2.html>) 與 GeneDoc 軟體 (<http://www.psc.edu/biomed/genedoc/>) 進行校正，隨後進行系統發生樹之建立。

4. 系統發生樹之建立

本研究利用距離方法 (distance matrix methods) 與不連續特徵法 (discrete character method) 重建出三種系統發生樹。距離方法方面，以 Kimura 2 parameter 為運算模式來計算所有序列對的成對性演化距離並以鄰域加入法 (Neighbor-joining) 來重建系統發生樹。不連續特徵法方面，最大儉約法 (maximum parsimony) 假設生物進化以最小數目改變為前提，將序列的每個點 (site) 視為不同的特徵 (character)，利用各分類單元享有的共衍特徵推演共祖的關係，透過儉約性原理選出特徵改變次數最少的為最佳的系統發生樹。最大可能性法 (maximum likelihood) 以 HKY85 為運算模式，做出所有可能的系統發生樹並給予統計值，評估並選出可能性最高的系統發生樹。本研究利用 PHYLIP 3.65 套裝軟體 (<http://evolution.gs.washington.edu/phylip.html>) 來重建系統發生樹，並使用 bootstrap 來檢測各分枝節點之支持度為信賴程度。

結 果

一、煙草粉蝨粒線體 16S rDNA 之序列分析與系統發生樹

應用粒線體 16S rDNA 序列分析技術、解讀 10 隻臺灣地區煙草粉蝨代表標本 (表三) 結果，16S rDNA 片段長度約 523 bp，而此片段核苷酸組成方面，B 生物小種 AT 佔 76.3%，GC 佔 23.7%，Nauru 生物小種 AT 佔 74.2%，GC 佔 25.8%，An 生物小種 AT 佔 72.3%，GC 佔 27.7%，顯示此片段為 AT rich 區域。

以臺灣地區煙草粉蝨 10 隻代表標本與 7 隻國外煙草粉蝨標本粒線體 16S rDNA 序

表二 GenBank¹⁾ 下載之煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 粒線體 16S rDNA 序列
 Table 2. GenBank¹⁾ accession numbers of *Bemisia tabaci* mitochondrial 16S rDNA

No.	Biotype	Acronym	GenBank accession no.
1	A	USAA	AF246651
2	B	AustraliaB	AF246636
3	B	Brazil	AF246637
4	B	Ethiopia	AF272796
5	B	Florida	AF246640
6	B	Japan	AF246644
7	B	Yemen	AF246652
8	Q	Egypt	AF246639
9	Q	SpainQ	AF246647
10	An	Australia	AF246635
11	An	China	AF246642
12	An	Pakistan	AF246646
13	An	Turkey	AF246650
14	Nauru	India	AF246643
15	Nauru	Nauru	AF246645

¹⁾ <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

表三 臺灣地區煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 粒線體 16S rDNA 序列長度及核苷酸組成
 Table 3. Nucleic acid components of mitochondrial 16S rDNA sequences of *Bemisia tabaci* in Taiwan

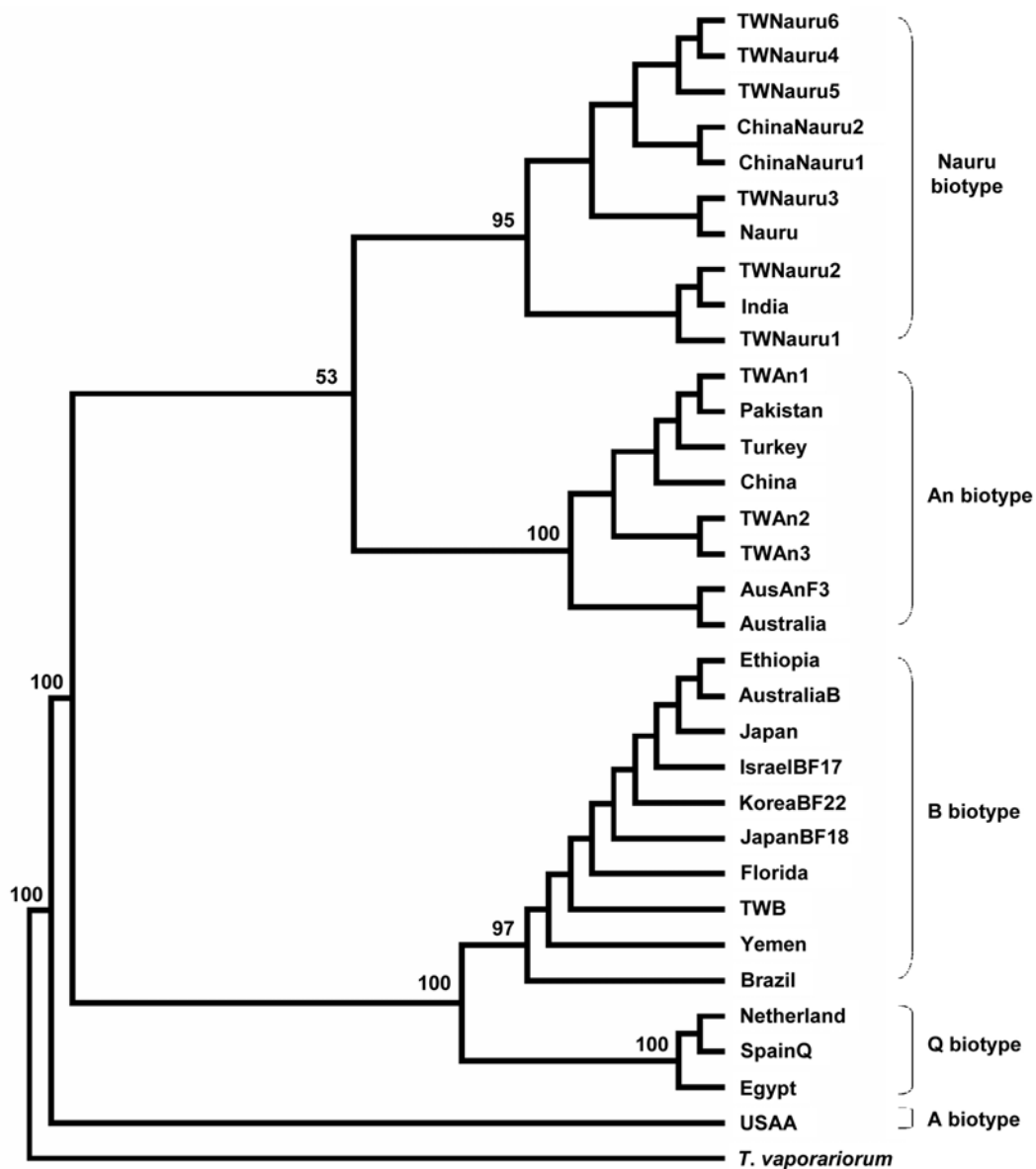
Biotype	No. of specimen	Sequence length (bp)	AT%	GC%
Nauru	6	523	74.2	25.8
An	3	523	72.3	27.7
B	1	523	76.3	23.7

列分析結果，及得自 GenBank 之 15 筆資料 (表二)，經系統發生樹之分析，利用 3 種方法所重建出之系統發生樹 (圖二、三、四)，結果相似，皆可明確區別出 B、Q、Nauru、An 和 A 生物小種，此結果指出臺灣地區有 3 生物小種分布，分別為 B、An 與 Nauru 生物小種。三種系統發生樹亦指出 B 生物小種泛世界分布，An 生物小種泛亞洲與澳洲分布，Nauru 生物小種則分布於亞洲地區。系統發生方面，三種系統發生樹皆指出 A 生物小種為單系群。此外，鄰接法分析之結果 (圖二)，指出 B 與 Q 生物小種為同系群，An 與 Nauru 生物小種為同系群。最大檢約法與最大可能性法分析之結果 (圖三、四) 相似，指

出 B、Q 與 Nauru 生物小種為同系群，An 生物小種為單系群。

二、臺灣地區煙草粉蝨分布情形

全面採集臺灣地區煙草粉蝨族群，採集地點包括臺灣本島、綠島、蘭嶼、澎湖、金門與馬祖共累積 195 筆採集紀錄，海拔分布從 0 ~ 700 m，寄主植物 15 科 51 種 (表四)。由系統發生樹分析結果 (圖二、三、四)，臺灣地區有 3 生物小種 (B、Nauru 與 An) 分布 (圖一)。B 生物小種累積共 135 筆採集紀錄，廣泛分佈於蘭嶼以外的臺灣本島及各主要離島。Nauru 生物小種累積共 52 筆採集紀錄，除了金門外，臺灣本島與其他離島皆有



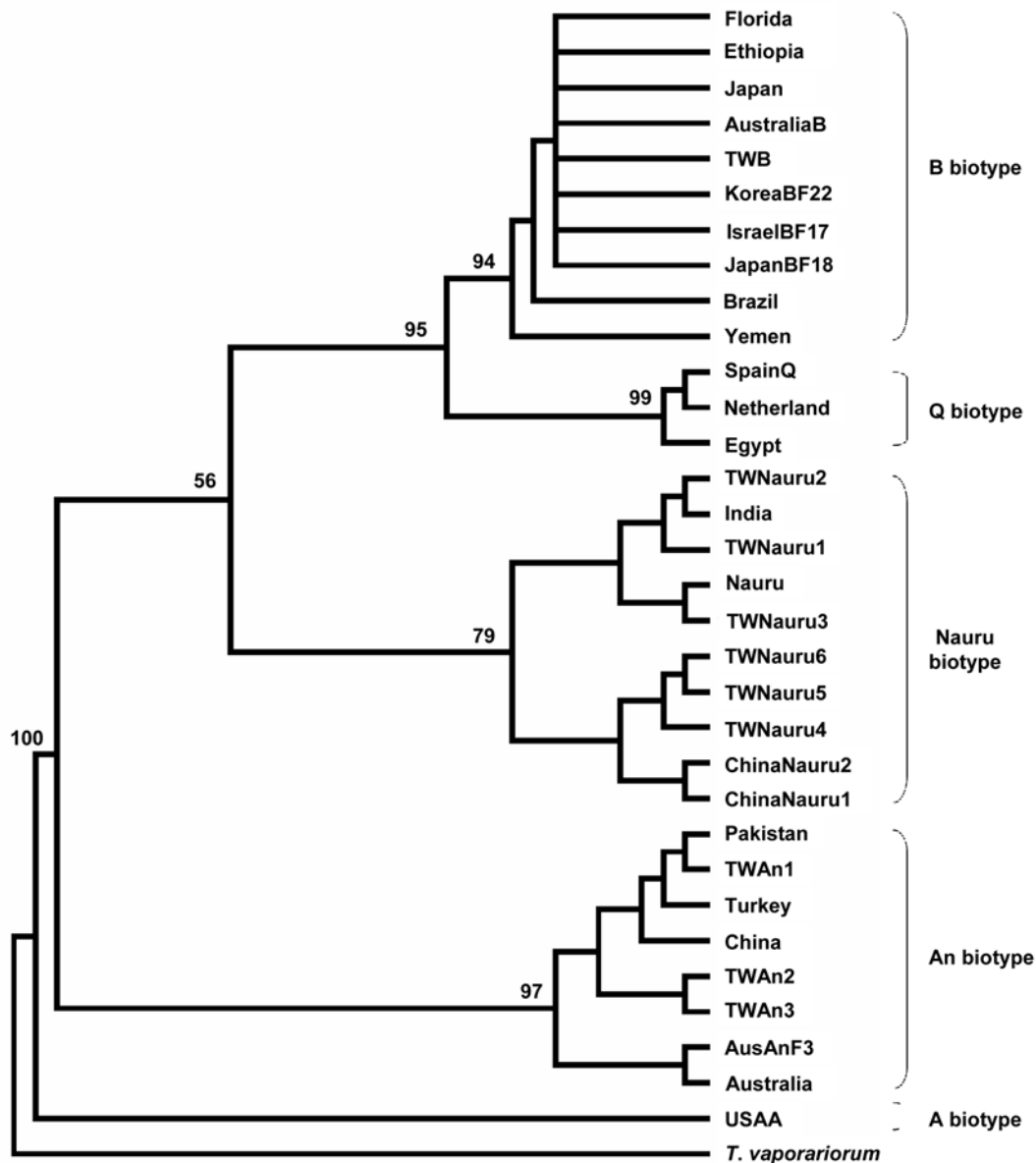
圖二 煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 粒線體 16S rDNA 序列，以鄰接法所建構之煙草粉蝨系統發生樹。其間進行 1000 次 bootstrap 檢測，而溫室粉蝨 (*Trialeurodes vaporariorum*) 為外群。

Fig. 2. Phylogenetic tree of *Bemisia tabaci* mitochondrial 16S rDNA sequences. A Neighbor-joining tree with 1000 bootstrap resampling replications was constructed with *Trialeurodes vaporariorum* as the outgroup.

分佈。An 生物小種累積共 8 筆採集紀錄，分佈於臺灣本島、金門與馬祖。

討 論

煙草粉蝨廣泛分佈於臺灣本島與各離島，根據採集紀錄最高採樣點為桃園三光，海拔高度約 700 m，此蟲之分布可能與海拔高度有關。現今伯粉蝨屬僅分佈於熱帶與亞熱帶

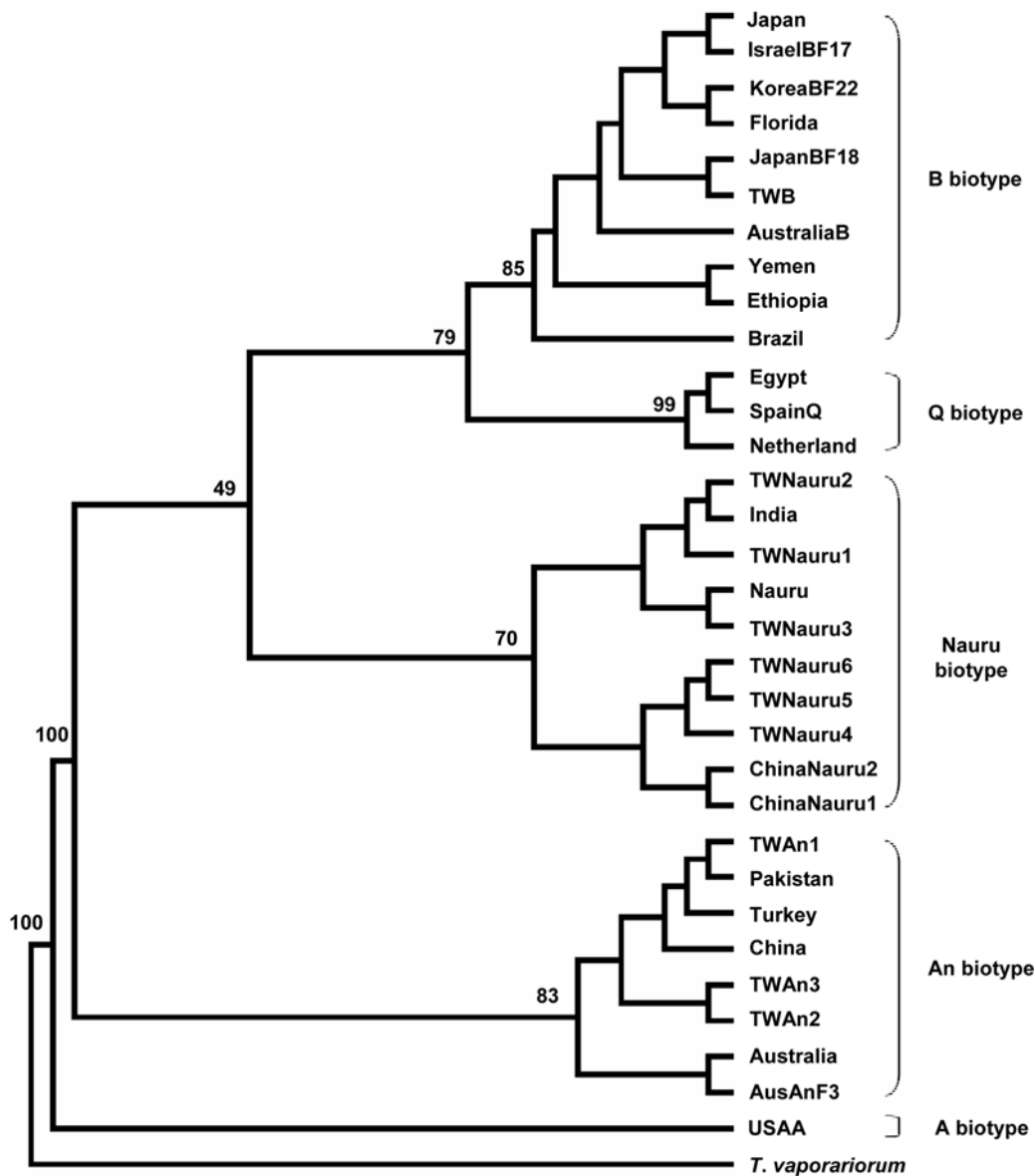


圖三 煙草粉虱 (*Bemisia tabaci*) 粒線體 16S rDNA 序列，以最大儉約法所建構之煙草粉虱系統發生樹。其間進行 1000 次 bootstrap 檢測，而溫室粉虱 (*Trialeurodes vaporariorum*) 為外群。

Fig. 3. Phylogenetic tree of *Bemisia tabaci* mitochondrial 16S rDNA sequences. A maximum-parsimony tree with 1000 bootstrap resampling replications was constructed with *Trialeurodes vaporariorum* as the outgroup.

區，主要是溫度限制了伯粉虱屬的擴散分布 (Campbell *et al.*, 1996)。又臺灣地區之氣候依緯度與海拔高度可分為熱帶、亞熱帶與溫帶

氣候區，隨著海拔高度上升，溫度隨著下降。因此推測溫度可能限制臺灣地區之煙草粉虱往高海拔拓殖，然而此推論仍需更多中高海拔



圖四 煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 粒線體 16S rDNA 序列，以最大可能性法所建構之煙草粉蝨系統發生樹。其間進行 100 次 bootstrap 檢測，而溫室粉蝨 (*Trialeurodes vaporariorum*) 為外群。

Fig. 4. Phylogenetic tree of *Bemisia tabaci* mitochondrial 16S rDNA sequences. A maximum-likelihood tree with 100 bootstrap resampling replications was constructed with *Trialeurodes vaporariorum* as the outgroup.

採集資料來驗證。

粒線體 16S rDNA 屬於保守性較高的序列，目前哺乳動物與無脊椎動物利用此片段進行親緣關係之研究甚多 (Allard *et al.*, 1992;

Pashley and Ke, 1992)。臺灣地區煙草粉蝨粒線體 16S rDNA 序列長度約 523 bp，亦與文獻一致 (Frohlich *et al.*, 1999; Brown and McLaughlin, 2002)，但分析此片段之

表四 臺灣地區煙草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 之寄主植物種類
Table 4. Known host plant species of *Bemisia tabaci* in Taiwan

Host plant			
Family	Species		
Acanthaceae	<i>Dicliptera chinensis</i>	Cucurbitaceae	<i>Cucumis anguria</i>
Amaranthaceae	<i>Achyranthes obtusifolia</i>		<i>Cucumis melo</i>
	<i>Achyranthes bidentata</i>		<i>Cucurbita moschata</i>
	<i>Achyranthes rubrofusca</i>		<i>Luffa aegyptiaca</i>
Asteraceae	<i>Ageratum conyzoides</i>		<i>Momordica ochinchinensis</i>
	<i>Ageratum houstonianum</i>		<i>Sechium edule</i>
	<i>Bidens chilensis</i>	Euphorbiaceae	<i>Euphorbia cyathophora</i>
	<i>Bidens pilosa</i>		<i>Euphorbia hirta</i>
	<i>Chromolaena odorata</i>		<i>Euphorbia pulcherrima</i>
	<i>Eclipta prostrata</i>		<i>Jatropha podagrica</i>
	<i>Emilia sonchifolia</i>	Fabaceae	<i>Leucaena glauca</i>
	<i>Erigeron bonariensis</i>	Lamiaceae	<i>Mentha arvensis</i>
	<i>Gaillardia aristata</i>		<i>Mesona chinensis</i>
	<i>Ixeris chinensis</i>		<i>Leonurus heterophyllus</i>
	<i>Lactuca sativa</i>	Malvaceae	<i>Hibiscus sabdariffa</i>
	<i>Siegesbeckia orientalis</i>		<i>Sida cordifolia</i>
	<i>Sonchus oleraceus</i>		<i>Sida</i> sp.
	<i>Wedelia trilobata</i>		<i>Urena lobata</i>
	<i>Xanthium strumarium</i>	Moraceae	<i>Humulus scandens</i>
	<i>Youngia japonica</i>	Myricaceae	<i>Myrica rubra</i>
Brassicaceae	<i>Brassica oleraceae</i>	Portulacaceae	<i>Portulaca oleracea</i>
	<i>Brassica rapa</i>	Solanaceae	<i>Lycopersicon esculentum</i>
Convolvulaceae	<i>Ipomoea acuminata</i>		<i>Nicotiana tabacum</i>
	<i>Ipomoea batatas</i>		<i>Physalis angulata</i>
	<i>Ipomoea obscura</i>		<i>Solanum nigrum</i>
		Urticaceae	<i>Boehmeria nivea</i>

AT 含量卻高達 72%。一般而言，AT rich 區域通常演化速率較快，序列上較不保守，但是從蚋 (black flies) 研究顯示，粒線體 AT rich 區域，不一定存在較多變異點，當僅呈現少數變異點時，仍認定此片段為保守區域 (Xiong and Kocher, 1991)，如 16S rDNA 為組成核糖體的成員之一，會影響到蛋白質轉譯，對生物而言是重要保守的區域。因此，煙草粉蝨粒線體 16S rDNA 雖為 AT rich 區域，可能存在少數變異點，仍屬保守區域，然而這論點仍須與多種不同粉蝨之 16S rDNA 比較後，才可進一步證實。

煙草粉蝨粒線體 16S rDNA 利用鄰接法、最大檢約法與最大可能性法所重建之系統發生樹，與粒線體 COI 及核糖體 ITS1 之系統發生樹一樣，皆可明確區別生物小種 (Frohlich *et al.*, 1999; De Barro *et al.*, 2000; Simón *et al.*, 2003; Viscarret *et al.*, 2003; De Barro *et al.*, 2005; Delatte *et al.*, 2005)。然而，本研究 16S rDNA 三種系統發生樹皆顯示 A 生物小種為單起源，最早分化出來，An 與 Nauru 生物小種相對於 B 與 Q 生物小種所組成之同系群較早出現，此結果不符合粒線體 COI 及核糖體 ITS1 所重建之

系統發生樹結果 (Frohlich *et al.*, 1999; De Barro *et al.*, 2000; Viscarret *et al.*, 2003)。此外，本研究之 16S rDNA 系統發生樹顯示煙草粉蝨可能由新世界區起源，但此亦與相關研究不符 (Frohlich *et al.*, 1999; De Barro *et al.*, 2000; Viscarret *et al.*, 2003)。粒線體 COI 及核糖體 ITS1 系統發生樹顯示，煙草粉蝨由舊世界起源，而根據印度有 2 種當地特有之伯粉蝨 (Ko *et al.*, 2002)，加上印度與巴基斯坦北部與西部，此屬寄生蜂天敵多樣性最高，推測此區為煙草粉蝨起源地 (Brown *et al.*, 1995)，所以煙草粉蝨應屬於舊世界起源。因此，利用 16S rDNA 雖可明確區分各生物小種，但系統發生之探討則不一定正確。本研究以明確鑑別臺灣地區煙草粉蝨生物小種為目的，期望未來有助於臺灣地區煙草粉蝨相關為害與傳播病毒之研究。

誌 謝

本研究承蒙臺大昆蟲系洪永昌、葉信廷、劉中琪及洪惠方等人於標本採集上的協助，並感謝 Dr. S. K. Green (AVRDC, the World Vegetable Center, Tainan, Taiwan)、Dr. P. J. De Barro (CSIRO Entomology, Indooroopilly, Australia)、Dr. S. J. Suh (National Plant Quarantine Service, Goyang, South Korea)、Dr. M. Jansen (Plant Protection Service, Wageningen, the Netherlands) 及 Dr. B. L. Qiu (Entomology Department, South China Agricultural University, Guangzhou, China) 提供之材料。本研究承行政院農業委員會動植物防疫檢疫局委託計畫 93 農科-1.9.1-檢-B2(4) 及 94 農科-13.3.1-檢-B2(5) 之經費補助。

引用文獻

- Allard, M. W., M. M. Miyamoto, L. Jarecki, F. Kraus, and M. R. Tennant. 1992. DNA systematics and evolution of the artiodactyls family Bovidae. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 3972-3976.
- Brown, J. K., D. R. Frohlich, and R. C. Rosell. 1995. The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex? Annu. Rev. Entomol. 40: 511-534.
- Brown, S., and W. McLaughlin. 2002. Identification and distribution of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Homoptera: Aleyrodidae) haplotypes in Jamaica. Trop. Agric. 79: 140-149.
- Burban, C., L. D. C. Fishpool, C. Fauquet, D. Fargette, and J. C. Thouverel. 1992. Host-associated biotypes within West African populations of the whitefly *Bemisia tabaci* (Genn.) (Hom.: Aleyrodidae). J. Appl. Entomol. 113: 416-423.
- Byrne, F. J., and A. L. Devonshire. 1991. *In vivo* inhibition of esterase and acetylcholinesterase activities by profenofos treatments in the tobacco whitefly *Bemisia tabaci* (Genn.): implications for routine biochemical monitoring of these enzymes. Pesticide Biochem. Physiol. 40: 198-204.
- Campbell, B. C., J. D. Steffen-Campbell, and R. J. Gill. 1996. Origin and radiation of whiteflies: an initial

- molecular phylogenetic assessment. pp. 29-52. *In*: D. Gerling, and R. T. Mayer, eds. *Bemisia* 1995: Taxonomy, Biology, Damage, Control and Management. Intercept, Andover, UK.
- Cervera, M. T., J. A. Cabezas, B. Simon, J. M. Martinez-Zapater, F. Beitia, and J. L. Cenis.** 2000. Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bull. Entomol. Res.* 90: 391-396.
- De Barro, P. J., and F. Driver.** 1997. Use of RAPD to distinguish the B biotype from other biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Aust. J. Entomol.* 36: 149-152.
- De Barro, P. J., F. Driver, J. W. H. Trueman, and J. Curran.** 2000. Phylogenetic relationships of world populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) using ribosomal ITS1. *Mol. Phylogenet. Evol.* 16: 29-36.
- De Barro, P. J., W. Liebregts, and M. Carver.** 1998. Distribution and identity of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) in member countries of the Secretariat of the Pacific Community. *Aust. J. Entomol.* 37: 214-218.
- De Barro, P. J., J. W. H. Trueman, and D. R. Frohlich.** 2005. *Bemisia argentifolii* is a race of *B. tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae): the molecular genetic differentiation of *B. tabaci* populations around the world. *Bull. Entomol. Res.* 95: 193-203.
- Delatte, H., B. Reynaud, M. Granier, L. Thornary, J. M. Lett, R. Goldbach, and M. Peterschmitt.** 2005. A new silverleaf-inducing biotype Ms of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) indigenous to the islands of the south-west Indian Ocean. *Bull. Entomol. Res.* 95: 29-35.
- Frohlich, D. R., I. Torres-Jerez, I. D. Bedford, P. G. Markham, and J. K. Brown.** 1999. A phylogeographical analysis of the *Bemisia tabaci* species complex based on mitochondrial DNA markers. *Mol. Ecol.* 8: 1683-1691.
- Jones, D. R.** 2003. Plant viruses transmitted by whiteflies. *Europ. J. Plant Pathol.* 109: 195-219.
- Ko C. C., C. N. Chen, and C. H. Wang.** 2002. A review of taxonomic studies on the *Bemisia tabaci* species complex. *Formosan Entomol.* 22: 307-341. (in Chinese)
- Pashley, D. P., and L. D. Ke.** 1992. Sequence evolution in the mitochondrial ribosomal and ND-1 genes in Lepidoptera: implications for phylogenetic analyses. *Mol. Biol. Evol.* 9: 1061-1075.
- Perring, T. M.** 2001. The *Bemisia tabaci* species complex. *Crop Prot.* 20: 725-737.
- Perring, T. M., A. D. Cooper, R. J. Rodriguez, C. A. Farrar, and T. S. Bellows, Jr.** 1993. Identification of a whitefly species by genomic and

- behavioral studies. *Science* 259: 74-77.
- Simón, B., J. L. Cenis, S. Demichelis, C. Rapisarda, P. Caciagli, and D. Bosco.** 2003. Survey of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) biotypes in Italy (T) from *Euphorbia characias*. *Bull. Entomol. Res.* 93: 259-264.
- 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.
- Viscarret, M. M., I. Torres-Jerez, E. Agostini De Manero, S. N. López, E. E. Botto, and J. K. Brown.** 2003. Mitochondrial DNA evidence for a distinct New World group of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) indigenous to Argentina and Bolivia, and presence of the Old World B biotype in Argentina. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 96: 65-72.
- Wisher, G. C., R. H. Li, H.-Y. Liu, D. S., and J. E. Duffus.** 1998. Tomato chlorosis virus: a new whitefly transmitted phloem-limited, bipartite closterovirus of tomato. *Phytopathology* 88: 402-409.
- Wu, X., Z. Li, D. Hu, and Z. Shen.** 2003. Identification of Chinese population of *Bemisia tabaci* (Gennadius) by analyzing ribosomal ITS1 sequence. *Prog. Nat. Sci.* 4: 276-281.
- Xiong, B., and T. D. Kocher.** 1991. Comparison of mitochondrial DNA sequence of seven morphospecies of black flies (Diptera: Simuliidae). *Genome* 34: 306-311.
- 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. *J. Appl. Entomol.* 129: 128-127.
- 收件日期：2005年11月1日
接受日期：2005年12月28日

Identification of Biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Taiwan Based on Mitochondrial 16S rDNA Sequences

Chia-Hung Hsieh, Chung-Hsiung Wang and Chiun-Cheng Ko*

Department of Entomology, National Taiwan University, Taipei 106, Taiwan

ABSTRACT

The whitefly, *Bemisia tabaci*, is an important agricultural pest and is globally distributed. Although the *B. tabaci* species complex includes many biotypes, they are morphologically indistinguishable. Therefore molecular markers must be used to identify them. In this study, *B. tabaci* specimens were collected from Taiwan and adjacent islands. Mitochondrial 16S rDNA sequences were used to reconstruct phylogenetic trees in order to distinguish the biotypes. According to the collection records, *B. tabaci* is widely distributed in Taiwan, Penghu, Green Island, Orchid Island, Matsu, and Kinmen. Phylogenetic analyses revealed that 3 biotypes exist in Taiwan: the B, Nauru, and An biotypes. We hope this study will contribute to the knowledge of damage by and virus transmission of *B. tabaci* in the future.

Key words: Aleyrodidae, *Bemisia tabaci*, biotype, molecular marker, Taiwan