三种抗生素对 B 型和 Q 型烟粉虱内共生菌的去除效果比较研究*

苏 奇 潘慧鹏 王少丽 吴青君 徐宝云 张友军**

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所 北京 100081)

摘 要 利用烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius)内共生菌特异性引物,研究了内共生菌在 B、Q 型烟粉虱种群中的分布和感染率,同时评价了 3 种不同的抗生素利福平、氨苄青霉素和硫酸卡那霉素分别在 3 种不同的浓度下(100.0、50.0 及 25.0 μg/mL)对烟粉虱内共生菌的去除效果。结果表明:B、Q 型烟粉虱原生内共生细菌 *Portiera* 的带菌率均为 100.0%;B、Q 型烟粉虱次生内共生菌 *Hamiltonella* 的带菌率分别为 91.7% 和 100.0%;B 型烟粉虱次生内共生菌 *Rickettsia* 的带菌率为 87.5%,Q 型为 0;其它次生内共生菌在 B、Q 型烟粉虱中均未检测到。利福平、氨苄青霉素和硫酸卡那霉素在 3 种不同的浓度下均不能去除 B、Q 型烟粉虱 *Portiera*;利福平、氨苄青霉素在 3 种不同的浓度下均能完全去除 B 型烟粉虱 *Rickettsia*,硫酸卡那霉素在不同浓度下去除 *Rickettsia* 的效果不同;3 种抗生素去除 *Hamiltonella* 的能力受抗生素种类以及浓度的影响。同一抗生素在不同浓度下去除 *Hamiltonella* 的效果均是 100.0 μg/mL > 50.0 μg/mL > 25.0 μg/mL;不同浓度的抗生素去除 *Hamiltonella* 的效果均是利福平 > 氨苄青霉素 > 硫酸卡那霉素,各浓度与各抗生素之间的去除 *Hamiltonella* 的效果均具有显著性差异。

关键词 烟粉虱,原生内共生菌,次生内共生菌,利福平,氨苄青霉素,硫酸卡那霉素

A comparative study of the removal of endosymbionts in *Bemisia tabaci* biotypes B and Q using three antibiotics

SU Qi PAN Hui-Peng WANG Shao-Li WU Qing-Jun XU Bao-Yun ZHANG You-Jun**

(Institute of Vegetables and Flowers, Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract A PCR survey of endosymbionts in one B and one Q *Bemisia tabaci* biotype was conducted. Kanamycin sulfate, ampicillin trihydrate, and rifampicin were used to investigate the sensitivity of endosymbionts in the two biotypes to antibiotics. The results show that 100% of all individuals of the both biotypes had *Portiera*. *Hamiltonella* was also found in both biotypes, with an infection frequency of 91.7% and 100.0%, respectively. *Rickettsia* was only detected in 87.5% of the B biotype. Other endosymbionts including *Wolbachia*, *Fritschea*, *Arsenophonus*, and *Cardinium* were not detected in either biotype. The three antibiotics failed to eliminated *Portiera* from any individual of the B and Q biotypes. *Rickettsia* of the B biotype was selectively eliminated by kanamycin sulfate in a dose-dependent manner. *Hamiltonella* was also eliminated by all three antibiotics from both biotypes. The ease of elimination depended on the endosymbiont species, dosage and the interaction between these two factors. Rifampicin was superior to ampicillin and kanamycin sulfate in eliminating *Hamiltonella* and high dosages were more effective than low dosages of the same antibiotic.

Key words *Bemisia tabaci*, primary endosymbiont, secondary endosymbionts, rifampicin, ampicillin trihydrate, kanamycin sulfate

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) 属半翅目,粉虱科,是世界性的危害蔬菜、花卉等经济作物的一种重要害虫,成虫通过直接取食植物韧皮部汁液、间接传播植物双生病毒、引起植物生理混乱、分泌蜜露诱发真菌病害为害作物,造成巨大的经济损失(Inbar and Gerling, 2008)。最新的系统发

* 资助项目:国家自然科学基金项目(30900153)、国家 973 项目(2009CB119200)。

**通讯作者,E-mail:zhangyj@mail.caas.net.cn

收稿日期:2011-03-11,接受日期:2011-06-20

育分析、杂交试验和交配行为观察结果表明,烟粉虱是由至少 24 个隐种构成的复合种(Dinsdale *et al.*, 2010; Xu *et al.*, 2010; De Barro *et al.*, 2011)。由于隐种的命名尚未解决,本文依旧以近年来文献中采用的生物型的称谓作为隐种的名称。烟粉虱不同生物型之间其寄主范围、生殖力、传播植物双生病毒的能力等方面存在很大的差异,其中 B 型烟粉虱是一种世界性的入侵害虫,近 20 年来传入世界各国并暴发成灾,造成严重的经济损失(De Barro *et al.*, 2011)。近年来随着世界各国贸易的发展,Q 型烟粉虱借花卉和其它经济作物苗木的调运从其起源地伊比利亚半岛向世界各地迅速扩张。在中国,Q 型烟粉虱首次于 2003 年在云南的一品红上发现(Chu *et al.*, 2006),在随后的几年时间里,Q 型烟粉虱开始在全国范围内迅速扩张,西南、华南、华北、东北及长江中下游地区各省均有 Q 型烟粉虱发生,在北京、河北局部地区、山东及湖北,Q 型烟粉虱甚至取代了 B 型烟粉虱,成为当地唯一或主要的烟粉虱种群(Chu *et al.*, 2010; 潘慧鹏等,2010)。

烟粉虱内共生菌包含原生内共生菌 *Portiera* 和次生内共生菌 *Hamiltonella*、*Rickettsia*、*Fritschea*、*Wolbachia*、*Arsenophonus* 及 *Cardinium* (Baumann, 2005; Gottlieb *et al.*, 2006)。原生内共生菌位于烟粉虱体内的菌胞中,不同生物型烟粉虱的原生内共生菌具有相似的形态学特征;次生内共生菌几乎在昆虫体内所有类型的细胞均有分布,不同生物型烟粉虱的次生内共生菌具有不同的形态特征(Baumann, 2005)。原生共生细菌与寄主长期协同进化,可以提供寄主食物中缺乏的必需氨基酸,是寄主存活所不可或缺的。次生共生细菌不是寄主存活所必需的,但可以影响宿主昆虫的生物学特性和进化,如最新的研究发现 *Rickettsia* 可以影响烟粉虱对药剂的敏感性及耐热性(Kontsedalov *et al.*, 2008; Ghanim and Kontsedalov 2009; Brumin *et al.*, 2011); *Hamiltonella* 与烟粉虱传播植物双生病毒的能力有关(Gottlieb *et al.*, 2010)。目前体外培养烟粉虱内共生菌的技术还不成熟,所以利用抗生素抑制或消除烟粉虱内共生菌就成为研究其功能的重要手段。

本研究采用烟粉虱内共生菌特异性引物,研究了内共生菌在 B、Q 型烟粉虱种群中的分布和感染率,同时利用 3 种抗生素分别在 3 种不同的浓度下处理烟粉虱成虫,探讨抗生素在不同浓度下对烟粉虱内共生菌的去除效果,为建立去除内共生菌的烟粉虱种群以及研究内共生菌的功能奠定了基础。

1　材料与方法

1.1　供试昆虫

本实验所用的 B、Q 型烟粉虱均来自于中国农业科学院蔬菜与花卉研究所实验室饲养的烟粉虱种群,其中 B 型在甘蓝上继代饲养,至今已有 6 年;Q 型在一品红上继代饲养,至今已有 2 年,期间未接触过任何杀虫剂,2 种群在玻璃温室中隔离饲养至今。每种群每隔 1 代随机抽取 20 头成虫采用限制性内切酶 *Vsp*I 酶切扩增多态序列(cleaved amplified polymorphic sequences, CAPS)的方法鉴定其纯度(Khasdan *et al.*, 2005; Zhang *et al.*, 2005)。

1.2　DNA 的提取

提取方法参照潘慧鹏等(2010)。

1.3　烟粉虱内共生菌检测

由于抗生素处理后烟粉虱内共生菌带菌量可能下降到常规 PCR 不能检测到的阈值,因此在 PCR 之前,所有抗生素处理后的单头烟粉虱 DNA 模板使用 Universal WGA Kit(北京天恩泽科技有限公司),通过 whole genome amplification(WGA)技术将烟粉虱 DNA 模板扩增上万倍(Silander and Saarela, 2004),扩增后的产物再进行 PCR 检测。烟粉虱不同内共生菌用特异性的引物扩增 16S rDNA,23S rDNA 或 *wsp* 基因片段(Zhou *et al.*, 1998; Chiel *et al.*, 2007)。所有 PCR 反应的体系均为 25 μL,包括 2.5 μL 10 × PCR Buffer(含 Mg^{2+}),2 μL dNTP(2.5 mmol/L),上下游引物各 0.5 μL(引物浓度为 10 μmol/L)和 0.125 μL 的 TaKaRa Taq (5 U/μL)(TaKaRa Biotechnology (Dalian) Co., Ltd)。PCR 产物用 1% 琼脂糖(0.5 × TBE)电泳检测,在 Biorad 凝胶成像仪上观察,记录结果。每一重复检测 20 头烟粉虱中各单头烟粉虱的带菌情况,每生物型共 3 个重复,每次 PCR 分别设置一个阳性对照和一个阴性对照以避免误差。

1.4　抗生素处理

烟粉虱的饲喂器制作参照(Ruan *et al.*,

2006;Ahmed *et al.*, 2010)的方法。所用抗生素为利福平、氨苄青霉素和硫酸卡那霉素,均为 Amersco 公司产品。对照组液态食物:将 25 g 蔗糖用 0.005 mol/L 磷酸缓冲液(PB,pH = 7.0)定容于 100 mL,得到含 25% 蔗糖的 0.005 mol/L 的 PB。处理组液态食物:溶解 10、5 和 2.5 mg 的抗生素于对照组液态食物中,即得到含抗生素(100、50、25 μg/mL)的处理组液态食物。将初羽化的烟粉虱成虫约 40 头导入饲喂器中,饲喂器放到室温下,喂食 48 h 后,将少许成虫用特异性引物检测内共生细菌(*Portiera*,*Rickettsia*,*Hamiltonella*)的存在情况,20 头烟粉虱作为一个重复,每一生物型不同处理下的 3 个浓度均包括 3 个重复。

1.5 数据分析和处理

不同浓度的 3 种抗生素对烟粉虱内共生菌的去除率使用 SPSS 软件中 GLM(general linear model)的单变量方差分析方法,抗生素和浓度值作为不同的因子,取 0.05 显著性水平,然后用 LSD 法对平均值进行比较。

2 结果与分析

2.1 B 型和 Q 型烟粉虱内共生菌检测

B 型和 Q 型烟粉虱都携带原生内共生菌 *Portiera*,带菌率均为 100%;次生内共生菌 *Hamiltonella* 在 B、Q 型烟粉虱中均能检测到,带菌率分别为 91.7% 和 100.0%,而 *Rickettsia* 只在 B 型烟粉虱中检测到,带菌率为 87.5%(图 1),其它次生内共生菌在 B、Q 型烟粉虱中均未检测到。

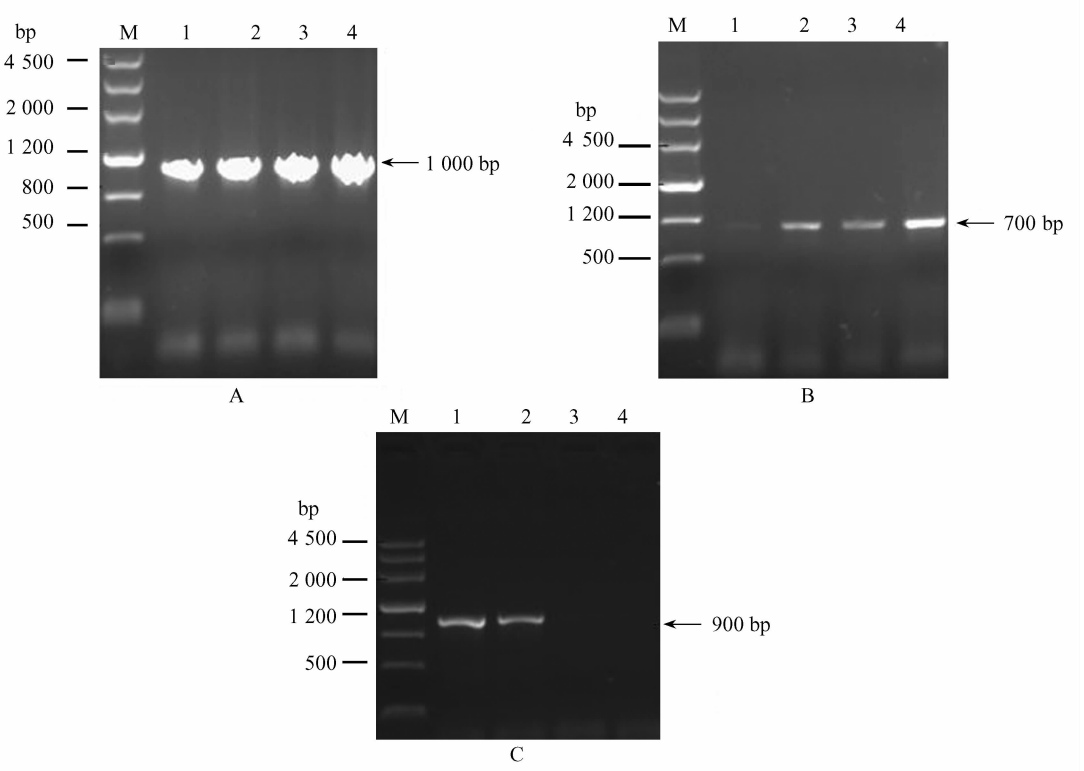

图 1 B 型和 Q 型烟粉虱原生内共生菌 *Portiera* 和次生内共生菌 *Hamiltonella*、*Rickettsia* 的分子检测

Fig. 1 PCR detection of *Portiera*、*Hamiltonella* and *Rickettsia* in *Bemisia tabaci* biotypes B and Q

A. M 为 DNA marker; 1,2 泳道为 B 型烟粉虱的 *Portiera*;3,4 泳道为 Q 型烟粉虱的 *Portiera*。B. M 为 marker;1,2 泳道为 B 型烟粉虱的 *Hamiltonella*;3,4 泳道为 Q 型烟粉虱的 *Hamiltonella*。C. M 为 marker; 1,2 泳道为 B 型烟粉虱的 *Rickettsia*;3,4 泳道为 Q 型烟粉虱的 *Rickettsia*。

A. M, marke, lanes 1 – 2, 3 – 4 indicate detection of the 16S rDNA gene of *Portiera* in the B and Q biotypes, respectively. B. M, marker, lanes 1 – 2, 3 – 4 indicate detection of the 16S rDNA gene of *Hamiltonella* in the B and Q biotypes, respectively. C. M, marker, lanes 1 – 2, 3 – 4 indicate detection of the 16S rDNA gene of *Rickettsia* in the B and Q biotypes.

2.2　抗生素对烟粉虱内共生菌的去除效果

利福平、氨苄青霉素在 3 种不同的浓度下均不能去除 B、Q 型烟粉虱原生内共生细菌 *Portiera*;利福平、氨苄青霉素在 3 种不同的浓度下均能完全去除 B 型烟粉虱次生内共生菌 *Rickettsia*,硫酸卡那霉素在不同浓度下去除 *Rickettsia* 的效果不同,高浓度 100.0 μg/mL 时对 *Rickettsia* 可达到完全去除效果,但是低浓度 25.0 μg/mL 去除效果很低或者不能去除(图 2);同时,3 种抗生素去除 *Hamiltonella* 的效果受抗生素种类以及浓度的影响。同一抗生素不同浓度下去除 *Hamiltonella* 的效果均是 100.0 > 50.0 > 25.0 μg/mL,不同浓度的抗生素去除效果依次是:利福平 > 氨苄青霉素 > 硫酸卡那霉素,各浓度与各抗生素之间的去除 *Hamiltonella* 的效果均具有显著性差异(图 3,4)。

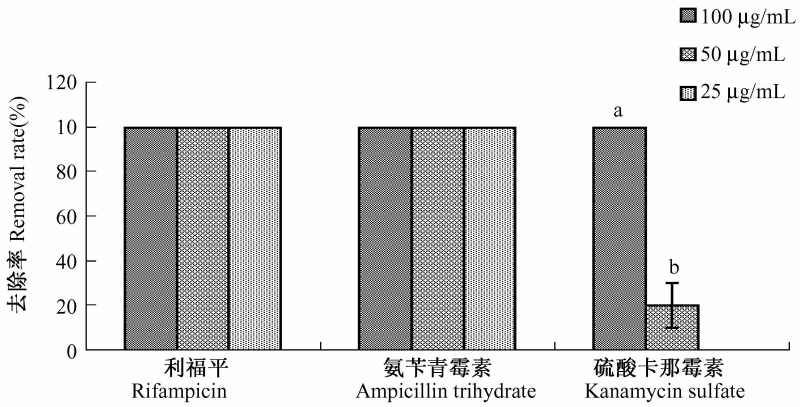

图 2　3 种抗生素在 3 种不同的浓度下对 B 型烟粉虱次生共生菌 *Rickettsia* 的去除效果比较

Fig. 2　Compare the removal ability of *Rickettsia* in *Bemisia tabaci* biotype B to three antibiotics under three different doses

注:图中数据为平均值 ± 标准误,不同小写字母表示在 5% 水平差异显著。下图同。

The figure data are means ± SE. Histograms with different small letters indicate significant difference at 0.05 level by LSD test. The same below.

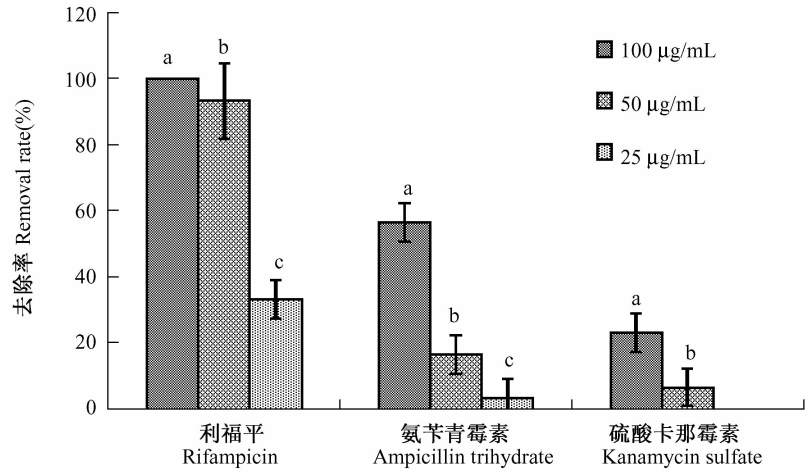

图 3　3 种抗生素在 3 种不同的浓度下对 Q 型烟粉虱次生内共生菌 *Hamiltonella* 的去除效果比较

Fig. 3　Compare the removal ability of *Hamiltonella* in *Bemisia tabaci* biotype Q to three antibiotics under three different doses

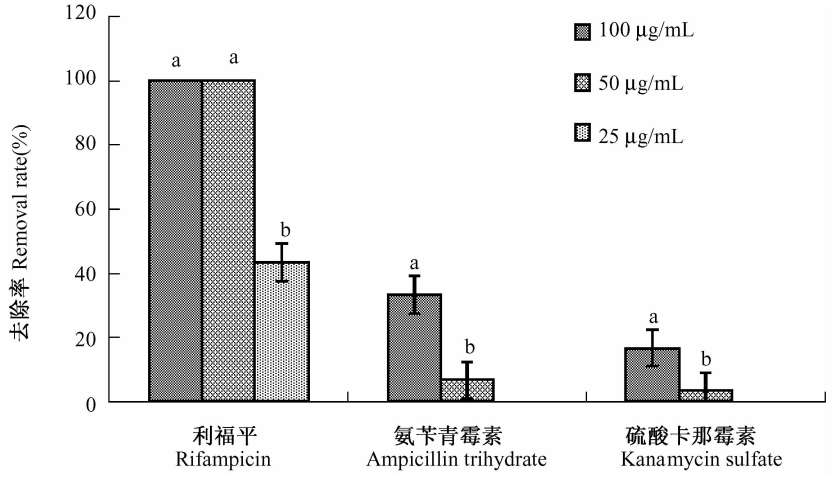

图 4 3 种抗生素在 3 种不同的浓度下对 B 型烟粉虱次生内共生菌 *Hamiltonella* 的去除效果比较

Fig. 4 Compare the removal ability of *Hamiltonella* in *Bemisia tabaci* biotype B to three antibiotics under three different doses

3 讨论

关于烟粉虱原生内共生菌 *Portiera* 和次生内共生菌 *Hamiltonella*、*Rickettsia*、*Wolbachia*、*Arsenophonus*、*Cardinium* 和 *Fritschea* 均有相关文章报道(Zchori-Fein and Brown, 2002; Weeks *et al.*, 2003; Thao and Baumann, 2004; Everett *et al.*, 2005; Chiel *et al.*, 2007)。本实验结果表明 B、Q 型烟粉虱均携带原生内共生菌,次生内共生菌 *Hamiltonella* 在 B、Q 型烟粉虱中均能检测到,而 *Rickettsia* 只在 B 型烟粉虱中检测到。与 Chiel 等(2007)的结果不一致,Chiel 等(2007)研究结果表明以色列烟粉虱种群中,次生内共生菌 *Hamiltonella* 只在 B 型中分布,*Rickettsia* 则在 B 型和 Q 型中均有分布。Chu 等(2011)的结果发现次生内共生菌 *Hamiltonella* 在 B、Q 型烟粉虱中均有分布,而 *Rickettsia* 只在 B 型烟粉虱中分布,与本研究中结果一致。

不同生物型的烟粉虱内共生菌的组成不同,同一生物型不同地理种群的烟粉虱内共生菌的感染率不同,采集地点、寄主植物等因素均会影响烟粉虱体内内共生菌的种类和多少。如:以色列烟粉虱种群次生内共生菌 *Wolbachia* 和 *Arsenophonus* 只在 Q 型中分布,感染率分别为 33.0% 和 87.0%(Chiel *et al.*, 2007),而最新的研究表明采集自广东的烟粉虱种群次生内共生菌 *Wolbachia* 在 B、Q 型中均有分布,而 *Arsenophonus* 只在 Q 型中分布,Q 型烟粉虱 *Wolbachia* 和 *Arsenophonus* 的感染率分别为 48.0% 和 44.0%(Ahmed *et al.*, 2010)。另外,次生内共生菌的多重感染和双重感染现象在烟粉虱种群中普遍存在,如:采自克罗地亚沿海地区的 Q 型烟粉虱部分个体存在携带 *Hamiltonella*、*Rickettsia*、*Wolbachia* 及 *Cardinium* 的多重感染和双重感染现象(Skaljac *et al.*, 2010);Chu 等(2011)利用烟粉虱内共生菌特异性引物对采自山东的 B、Q 型烟粉虱检测发现,除 *Fritschea* 外,B、Q 型烟粉虱均存在 *Hamiltonella*、*Rickettsia*、*Wolbachia*、*Cardinium* 及 *Arsenophonus* 的多重感染现象;Gueguen 等(2010)的研究表明有 95.0% 的烟粉虱个体至少携带 1 种次生内共生菌,有 59.0% 的烟粉虱个体具有内共生菌双重感染现象,如:B 型同时携带 *Hamiltonella* 和 *Rickettsia*,Q 型同时携带 *Hamiltonella* 和 *Cardinium*。

全基因组扩增(whole genome amplification, WGA)技术是一种对全部基因组序列进行非选择性扩增的技术。近几年来,应用 WGA 技术扩增痕量 DNA 材料的研究日渐深入,本研究首次将 WGA 技术应用于昆虫内共生菌研究,提高了抗生素处理后内共生菌 PCR 反应的灵敏度。本研究发现 3 种抗生素均不能去除烟粉虱原生内共生菌,该结果与 Ruan 等(2006)和 Ahmed 等(2010)的结果一致。另外,不同的抗生素去除烟粉虱次生内共生

菌的效果不同,其原因可能与各抗生素的作用机理不同有关,类似的假设也在 Ruan 等(2006)和 Ahmed 等(2010)的研究中也有报道。氨苄青霉素的作用机理是抑制次生内共生菌细菌细胞壁肽聚糖的合成,而利福平的作用机制是通过和依赖于 DNA 的 RNA 多聚酶的 β 亚基结合,抑制细菌 RNA 的合成,防止 RNA 多聚酶与 DNA 连接,从而阻断 RNA 转录过程,使 DNA 和蛋白的合成停止(Campbell *et al.*,2001)。硫酸卡那霉素的作用机理是通过结合细菌核糖体的 30S 亚基上的 16S rRNA,干扰 formyl-methionyl-tRNA 与 30SrRNA 的连接,阻断细菌蛋白质的合成(Choi *et al.*,1980)。另外,本研究所选择的 3 种抗生素在所选择的浓度下能够一次性去除烟粉虱体内不同的次生内共生菌,其它不同抗生素的去除作用以及在哪些浓度和条件下能够单一地去除要研究的目的共生菌等,有待于进一步研究。

总之,本研究评价了 3 种抗生素分别在 3 种不同浓度(100.0、50.0 及 25.0 μg/mL)下对烟粉虱内共生菌的去除效果,同时建立了去除内共生菌的烟粉虱种群,为了解烟粉虱内共生菌的功能奠定了基础。研究发现利福平在 3 种不同浓度下去除烟粉虱内共生菌的效果均好于氨苄青霉素和硫酸卡那霉素,因此用利福平处理烟粉虱内共生菌可以作为一种通用而有效的方法研究烟粉虱内共生菌的功能。

参考文献(References)

Ahmed MZ, Ren SX, Xue X, Li XX, Jin GH, Qiu BL, 2010. Prevalence of endosymbionts in *Bemisia tabaci* populations and their in vivo sensitivity to antibiotics. *Curr. Microbiol.*, 61(4):322—328.

Baumann P, 2005. Biology bacteriocyte-associated endosymbionts of plant sap-sucking insects. *Annu. Rev. Microbiol.*, 59:155—189.

Brumin M, Kontsedalov S, Ghanim M, 2011. Rickettsia influences thermotolerance in the whitefly *Bemisia tabaci* B biotype. *Insect Sci.*, 18:57—66.

Campbell EA, Korzheva N, Mustaev A, Murakami K, Nair S, Goldfarb A, Darst SA, 2001. Structural mechanism for rifampicin inhibition of bacterial RNA polymerase. *Cell*, 104:901—912.

Chiel E, Gottlieb Y, Zchori-Fein E, Mozes-Daube N, Katzir N, Inbar M, Ghanim M, 2007. Biotype-dependent secondary symbiont communities in sympatric populations of *Bemisia tabaci*. *Bull. Entomol. Res.*, 97:407—413.

Choi EC, Nishimura T, Tanaka Y, Tanaka N, 1980. *In vivo* and *in vitro* cross-resistance of Kanamycin-resistant mutants of *E. coli* to other aminoglycoside antibiotics. *J. Antibiot.*, 33:1527—1531.

Chu D, Gao CS, De Barro PJ, 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. *Bull. Entomol. Res.*, 101(4):477—486.

Chu D, Wan FH, Zhang YJ, Brown JK, 2010. Change in the biotype composition of *Bemisia tabaci* in Shandong Province of China from 2005 to 2008. *Environ. Entomol.*, 39(3):1028—1036.

Chu D, Zhang YJ, Brown JK, Cong B, Xu BY, Wu QJ, Zhu GR, 2006. The introduction of the exotic Q biotype of *Bemisia tabaci* from the Mediterranean region into China on ornamental crops. *Fla. Entomol.*, 89(2):168—174.

De Barro PJ, Liu SS, Boykin LM, Dinsdale AB, 2011. *Bemisia tabaci*: A statement of species status. *Annu. Rev. Entomol.*, 56:1—19.

Dinsdale A, Cook L, Riginos C, Buckley Y, De Barro P, 2010. Refined global analysis of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) mitochondrial cytochrome oxidase I to identify species level genetic boundaries. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 103:196—208.

Everett KDE, Thao M, Horn M, Dyszynski GE, Baumann P, 2005. Novel chlamydiae in whiteflies and scale insects: endosymbionts '*Candidatus Fritschea bemisiae*' strain Falk and '*Candidatus Fritschea eriococci*' strain Elm. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 55(4):1581—1587.

Ghanim M, Kontsedalov S, 2009. Susceptibility to insecticides in the Q biotype of *Bemisia tabaci* is correlated with bacterial symbiont densities. *Pest. Manag. Sci.*, 65:939—942.

Gottlieb Y, Ghanim M, Chiel E, Gerling D, Portnoy V, Steinberg S, Tzuri G, Horowtiz AR, Belausov E, Mozes-Daube N, Kontsedalov S, Gershon M, Gal S, Katzir N, Zchori-Fein E, 2006. Identification and localization of a *Rickettsia* sp. in *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae). *Appl. Environ. Microbiol.*, 72(5):3646—3652.

Gottlieb Y, Zchori-Fein E, Kontsedalov S, Skaljac M, Brumin M, Ghanim M, 2010. The transmission efficiency of tomato yellow leaf curl virus by the whitefly *Bemisia tabaci* is correlated with the presence of a specific symbiotic

bacterium species. *J. Virol.*, 84(18):9310—9317.

Gueguen G, Vaver F, Gnankine O, Peterschmitt M, Charif D, Chiel E, Ghanim M, Zchori-Fein E, Fleury F, 2010. Endosymbiont metacommunities, mtDNA diversity and the evolution of the *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) species complex. *Mol. Ecol.*, 19(19):4365—4376.

Inbar M, Gerling D, 2008. Plant-mediated interactions between whiteflies, herbivores, and natural enemies. *Annu. Rev. Entomol.*, 53:431—448.

Khasdan V, Levin I, Rosner A, Morin S, Kontsedalov S, Maslenin L, Horowitz AR, 2005. DNA markers for identifying biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and studying population dynamics. *Bull. Entomol. Res.*, 95(6):597—603.

Kontsedalov S, Zchori-Fein E, Chiel E, Gottlieb Y, Inbar M, 2008. The presence of *Rickettsia* is associated with increased susceptibility of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) to insecticides. *Pest. Manag. Sci.*, 64: 789—792.

Ruan YM, Xu J, Liu SS, 2006. Effects of antibiotics on fitness of the B biotype and a non-B biotype of the whitefly *Bemisia tabaci*. *Entomol. Exp. Appl.*, 121(2): 159—166.

Silander K, Saarela J, 2008. Whole genome amplification with Phi29 DNA polymerase to enable genetic or genomic analysis of samples of low DNA yield. *Methods. Mol. Boil.*, 439:1—18.

Skaljac M, Zanic K, Smiljana B, Svetlana K, Ghanim M, 2010. Co-infection and localization of secondary symbionts in two whitefly species. *BMC. Microbiol.*, 10(1):142—183.

Thao ML, Baumann P, 2004. Evidence for multiple acquisition of *Arsenophonus* by whitefly species (Sternorrhyncha:Aleyrodidae). *Curr. Microbiol.*, 48(2): 140—144.

Weeks KDE, Velten R, Stouthamer R, 2003. Incidence of a new sex-ration-distorting endosymbiontic bacterium among arthropods. *Proc. R. Soc. Lond. B.*, 270(1526):1857—1865.

Xu J, De Barro PJ, Liu SS, 2010. Reproductive incompatibility among genetic groups of *Bemisia tabaci* supports the proposition that the whitefly is a cryptic species complex. *Bull. Entomol. Res.*, 100(3):359—366.

Zchori-Fein E, Brown JK, 2002. Diversity of prokaryotes associated with *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae). *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 95(6):711—718.

Zhang LP, Zhang YJ, Zhang WJ, Wu QJ, Xu BY, Chu D, 2005. Analysis of genetic diversity among different geographical populations and determination of biotypes of *Bemisia tabaci* in China. *J. Appl. Entomol.*, 129(3): 121—128.

Zhou W, Rousset F, O'Neil S, 1998. Phylogeny and PCR-based classification of *Wolbachia* strains using *wsp* gene sequences. *Proc. R. Soc. Lond. B.*, 265(1395):509—515.

潘慧鹏, 戈大庆, 王少丽, 吴青君, 徐宝云, 谢文, 张友军, 2010. 在北京和河北局部地区 Q 型烟粉虱取代了 B 型烟粉虱. 植物保护, 36(6):40—44.