

# 미토콘드리아 *COI* 유전자 분석을 통한 담배가루이 종복합군의 분류학적 재평가

이원훈 · 이관석<sup>1\*</sup>경상대학교 식물의학과(농업생명과학연구원), <sup>1</sup>국립농업과학원 농산물안전성부 작물보호과

## Reassessment of the Taxonomic Status of the *Bemisia tabaci* Complex (Hemiptera: Aleyrodidae) Based on Mitochondrial *COI* Gene Sequences

Wonhoon Lee and Gwan-Seok Lee<sup>1\*</sup>

Department of Plant Medicine and Institute of Agriculture &amp; Life Science, Gyeongsang National University, Jinju 52828, Republic of Korea

<sup>1</sup>Crop Protection Division, National Academy of Agricultural Science, RDA, Jeollabuk-do 55365, Republic of Korea

**ABSTRACT:** *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) is one of the most important insect pests in the world. In the present study, the taxonomic status of *B. tabaci* and the number of species composing the *B. tabaci* complex were determined based on 550 *COI* gene sequences of *B. tabaci*. Genetic divergence within *B. tabaci* ranged from 0% to 27.8% (average 11.1%). This result indicates that the *B. tabaci* complex is composed of multiple species that may belong to different genera or subfamilies. A phylogenetic tree constructed based on 217 *COI* gene sequences without duplications revealed that the *B. tabaci* complex is composed of a total of 43 putative species, including a new species, *Java*. In addition, genetic divergence within nine species (*Australia*, *Asia II 1*, *Asia II 6*, *Asia II 7*, *Asia II 10*, *Mediterranean*, *New world*, *New world 2*, *Sub Saharan Africa 1*) indicates that 4.0% is reasonable to be used as a threshold of species boundaries within the *B. tabaci* complex, and species with high intraspecific genetic divergences can be related with cryptic species.

**Key words:** *Bemisia tabaci*, species complex, *COI*, *Java*

**초 록:** 담배가루이는 경제적으로 매우 중요한 농업 해충들 중의 하나이며, 전세계적으로 40개 이상의 종들로 구성된 종복합군(species complex)으로 알려져 있다. 본 연구에서는 담배가루이 종복합군의 유전적 변이와 구성하는 종들의 수를 550개의 *COI* 염기서열들을 바탕으로 재평가하였다. 담배가루이의 유전적 변이는 0% - 27.8%이며(평균 11.1%), 이는 담배가루이 종복합군이 서로 다른 속들 혹은 아과들에 속하는 다양한 종들로 구성되어 있음을 나타낸다. 217개 *COI* 염기서열들을 바탕으로 분석된 계통수는 담배가루이 종복합군이 잠재적인 신종(*Java*)을 포함한 43개 종들로 구성되어 있고, 이 가운데 9종(*Australia*, *Asia II 1*, *Asia II 6*, *Asia II 7*, *Asia II 10*, *Mediterranean*, *New world*, *New world 2*, *Sub Saharan Africa 1*)의 종내 유전적 변이는 기존의 종구분 한계인 4.0%가 담배가루이 종복합군의 종들을 구분하는데 적합하며, 높은 종내 유전변이를 보이는 종들은 은밀종과 관련이 있을 것으로 판단된다.

**검색어:** 담배가루이, 종복합군, *COI*, *Java*

### 서 론

담배가루이(*Bemisia tabaci* (Gennadius, 1889) (노린재목: 가루이과))는 전세계에서 가장 중요한 농업 해충의 하나이다

(Brown et al., 1995; De Barro et al., 2000; De Barro et al., 2011). 이 종은 직접적으로 채소, 화훼, 두류, 목화 등을 포함한 다양한 기주 식물들의 체관부를 흡즙하여 피해를 입히며 (Byrne and Bellows, 1991), 간접적으로는 식물성 바이러스인 베고모바이러스(begomoviruses)를 매개하여(Brown, 1990; Brown, 2000) 막대한 경제적 피해를 입힌다(De Barro et al., 2011). 현재, 담배가루이는 형태적으로 구분이 불가능한 적어도

\*Corresponding author: [gslee12@korea.kr](mailto:gslee12@korea.kr)

Received November 6 2016; Revised November 15 2016

Accepted February 16 2017

40종 이상이 포함된 ‘담배가루이 종복합군(species complex)’로 알려져 있다(Boykin et al., 2013; Boykin, 2014; Boykin and De Barro, 2014; Brown et al., 1995; De Barro et al., 2000; De Barro et al., 2011; Firdaus et al., 2013; Tay et al., 2012; Lee et al., 2013; Lee et al., 2016). 담배가루이 종복합군을 구성하는 종들은 종들간의 형태적 차이 또는 생물학적 차이들을 찾아내기 어렵기 때문에 주로 분자생물학적 방법을 이용하여 구분하고 있다(Bedford, 1994; Costa and Brown, 1991; De Barro et al., 2011). 특히 1990년대 이후 allozymes, random amplified polymorphic DNA, microsatellites, mitochondrial genes, nuclear genes 등에 대한 다양한 분자생물학적 방법들이 이용되어 왔으나(De Barro et al., 2011), 현재는 미토콘드리아 *cytochrome oxidase subunit I (COI)* 유전자가 담배가루이 종복합군의 종내 또는 종간 변이를 정의하는 데 일반적으로 사용되고 있다(Dinsdale et al., 2010; Lee et al., 2013).

2010년까지 담배가루이의 높은 종내 유전적 변이는 담배가루이가 여러 개의 biotype으로 구성된 하나의 생물학적 종인지 아니면 여러 생물학적 종의 집단인지에 대한 의문점을 갖게 만들었다. 이러한 의문점에 대하여 Dinsdale et al. (2010)은 *COI* 유전자의 유전적 변이 3.5%를 종구분 한계(threshold of species boundary)로 설정하고, 담배가루이를 24개 종들로 구성된 종복합군으로 정의하였다(Chowda-Reddy et al., 2012; Alemandri et al., 2012; Hu et al., 2011). 그 후, Lee et al. (2013)는 1,059개 *COI* 염기서열을 바탕으로 유전적 변이 4.0%를 새로운 종구분 한계로 제안하였으며, 담배가루이 종복합군이 31개의 종들로 구성됨을 보고하였다. 현재, 담배가루이 종복합군은 여러 개의 종들로 구성된 단계통(monophyletic) 그룹인지, 아니면 다른 속, 아과, 또는 과로 구성된 다계통(polyphyletic) 그룹인지에 대한 논란이 계속되고 있다(Lee et al., 2013). 이러한 논란은 담배가루이 *COI* 염기서열들의 유전적 변이가 0%-34%로 노린재목의 다른 그룹에서 같은 속에 속하는 다른 종들간의 유전적 변이(예, 진딧물 0-11%)보다 훨씬 크기 때문이다(Dinsdale et al., 2010; Lee et al., 2011; Lee et al., 2013).

2012년 이후 담배가루이 종복합군에 11개의 신종, *China 4* (Hu et al., 2014), *East Africa 1* (Legg et al., 2014), *Pakistan* (Ashfaq et al., 2014), *Italy-Ru* (Parrella et al., 2012), *Morocco* (Tahiri et al., 2013), *Africa*, *Asia II 11*, *Asia II 12*, *Japan I*, *Asia IV*, *Sub Saharan Africa 5* (Firdaus et al., 2013)이 보고되어 현재까지 42개의 종이 알려져 있다. 하지만, 이 수치는 현재까지 보고된 모든 *COI* 염기서열들을 종합적으로 분석한 것이 아니기 때문에 여전히 불확실한 실정이다(예, Dinsdale et al., 2010; Chowda-Reddy et al., 2012; Alemandri et al., 2012; Hu

et al., 2011).

본 연구는 담배가루이 종복합군을 구성하는 종들의 종구분 한계를 설정하는 한편, 단계통 그룹으로 판단되는 잠재적인 새로운 종을 확인하기 위해서 2016년 2월까지 GenBank에 보고된 담배가루이 550개 *COI* 염기서열과 2013~2014년까지 국내에서 채집된 개체로부터 새롭게 분석된 83개 *COI* 염기서열을 통합하여 분석하였다. 이와 같은 연구는 각국에서 현재까지 보고된 *COI* 염기서열들을 신속하게 종합하고 분석함으로써 담배가루이 종복합군의 유전적 특성을 밝히는 데 도움을 줄 것이다.

## 재료 및 방법

### 시료 채집 및 담배가루이 *COI* 염기서열 선별

시료는 우리나라 8개 도에서 2013년 2월부터 2014년 3월까지 실시하였다: 강원도(GW), 경기도(GG), 전라남도(JN), 전라북도(JB), 충청남도(CN), 경상남도(GN), 경상북도(GB), 제주도(JJ). 특히, 한국과 일본에만 분포하는 *JpL* 담배가루이 종의 유전적 다양성을 확인하기 위해 성충 또는 약충을 채집하였다. 채집 관련 세부정보(지리정보, 기주식물, 채집날짜)는 Table 1과 같다. 채집된 담배가루이 시료는 총 83개이며, 각각의 시료들은 99% 에탄올에 보관하였다. 대조 표본은 국립농업과학원 곤충표본실에 보관 중이다. Genomic DNA 추출은 DNeasy® Blood & Tissue Kit (QIAGEN Inc., Dusseldorf, Germany)을 이용하였고, Genomic DNA 추출에 사용된 시료는 같은 집단으로부터 추출한 한 개체를 이용하였다. PCR 증폭은 프라이머 세트, C1-J-2195 (5'-TTGATTTTTTGGTCATCCAGAAGT-3'), TL2-N-3014 (5'-TCCAATGCACTAATCTGCCATATTA-3') (Simon et al., 1994)와 AccuPower® PCR PreMix (Bioneer, Seoul, Korea)를 이용하여 다음과 같은 조건으로 실시하였다: 94°C, 5분 처음 변성, 34회 사이클(94°C, 1분, 52°C, 1분, 72°C, 1분), 72°C, 5분 마지막 확장. PCR 생산물들은 전기영동 후에 아가로스 젤에서 밴드를 확인하였다. 각각의 밴드들은 QIAquick PCR purification kit (QIAGEN, Dusseldorf, Germany)를 이용해서 정제하였다. PCR 생산물들은 ABI 3730xl sequencer (Applied Biosystems)를 이용해서 양방향으로 시퀀싱 하였다. 크로마토그램 결과는 SeqMan™Pro (version 7.1.0, 2006; DNASTar, Inc., Madison, Wisconsin, USA)에서 애매하거나 콘티그가 중복된 것들에 대하여 확인하였다. 염기서열들은 pseudogenes을 피하기 위하여 각 시료별로 protein coding frame-shift에 대하여 확인하였다(Zhang and Hewitt, 1996). Consensus 파일들은 Clustal X 1.83(Thompson et al., 1997)를 이용하여 열라인하였다.

**Table 1.** Collection of *JpL* species of the *Bemisia tabaci* complex in Korea from 2013 to 2014

Region	Host plant	Collection date	Status	Voucher number	No. of collection	Species	Accession number
JJ Seogwipo Cheonjidong	<i>Conyza sumatrensis</i>	2014-02-05	3rd nymph	140225-17-wh-6_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357714
JJ Seogwipo Cheonjidong	<i>Conyza sumatrensis</i>	2014-02-05	3rd nymph	140225-17-wh-7_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357713
JJ Seogwipo Cheonjidong	<i>Conyza sumatrensis</i>	2014-02-05	3rd nymph	140225-17-wh-8_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357715
JJ Seogwipo Cheonjidong	<i>Conyza sumatrensis</i>	2014-02-05	Adult	140225-17-wh-9_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357712
JJ Jeju Dodu	<i>Lonicera japonica</i>	2013-01-23	4th nymph	140207-11-wh-10_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357711
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	Adult	140310-14-wh-12_JN	1	<i>JpL</i>	KT357754
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	Adult	140310-14-wh-14_JN	1	<i>JpL</i>	KT357753
JJ Jeju Joduri	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-15_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357729
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	4th nymph	140310-14-wh-15_JN	1	<i>JpL</i>	KT357755
JJ Jeju Joduri	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-16_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357720
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	4th nymph	140310-14-wh-16_JN	1	<i>JpL</i>	KT357756
JJ Jeju Joduri	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-17_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357719
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	4th nymph	140310-14-wh-17_JN	1	<i>JpL</i>	KT357757
JJ Jeju Joduri	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-18_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357723
GG Pyeongtaek	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-04	2nd nymph	140310-14-wh-20_GG	1	<i>JpL</i>	KT357793
JJ Jeju Dumori	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-21_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357721
JJ Jeju Dumori	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-22_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357724
JJ Jeju Josuri	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	4th nymph	140310-14-wh-25_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357722
JB Iksan	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-04	3rd nymph	140310-14-wh-28_JB	1	<i>JpL</i>	KT357741
JJ Jeju Napeup	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-28_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357718
JJ Jeju Napeup	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	3rd nymph	140310-14-wh-29_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357717
JB Gochang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	4th nymph	140310-14-wh-3_JB	1	<i>JpL</i>	KT357737
JJ Seogwipo	<i>Conyza sumatrensis</i>	2013-02-25	Adult	140310-14-wh-3_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357726
JB Iksan	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-04	3rd nymph	140310-14-wh-30_JB	1	<i>JpL</i>	KT357742
JJ Seogwipo Seongmori	<i>Conyza sumatrensis</i>	2013-03-20	Adult	140310-14-wh-30_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357730
JJ Seogwipo Seongmori	<i>Conyza sumatrensis</i>	2013-03-20	4th nymph	140310-14-wh-32_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357780
GN Namhae	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-12	4th nymph	140310-14-wh-32_GN	1	<i>JpL</i>	KT357716
JB Gochang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	4th nymph	140310-14-wh-4_JB	1	<i>JpL</i>	KT357739
JN Gwangyang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-17	Adult	140310-14-wh-42_JN	1	<i>JpL</i>	KT357749
JN Gangjin	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-17	4th nymph	140310-14-wh-44_JN	1	<i>JpL</i>	KT357750
JN Gangjin	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-17	3rd nymph	140310-14-wh-45_JN	1	<i>JpL</i>	KT357751
JJ Jeju Yeongpyeong	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-30	Adult	140310-14-wh-48_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357727
JJ Seogwipo Namwon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-04-30	Adult	140310-14-wh-52_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357728
JJ Seogwipo Namwon	<i>Erigeron annuus</i>	2013-04-30	Adult	140310-14-wh-53_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357731

Table 1. Continued

Region	Host plant	Collection date	Status	Voucher number	No. of collection	Species	Accession number
JB Gochang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	4th nymph	140310-14-wh-6_JB	1	<i>JpL</i>	KT357738
JB Gochang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	4th nymph	140310-14-wh-7_JB	1	<i>JpL</i>	KT357740
JJ Seoqwipo Seongmori	<i>Lonicera japonica</i>	2013-02-25	4th nymph	140310-14-wh-9_JJ	1	<i>JpL</i>	KT357725
JN Jangheung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-03-13	Adult	140310-14-wh-9_JN	1	<i>JpL</i>	KT357752
GB Chilgok	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-07	3rd nymph	140313-10-wh-1_GB	1	<i>JpL</i>	KT357785
GB Chilgok	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-07	3rd nymph	140313-10-wh-2_GB	1	<i>JpL</i>	KT357786
GB Chilgok	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-07	3rd nymph	140313-10-wh-3_GB	1	<i>JpL</i>	KT357787
GB Uiseong	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-07	3rd nymph	140313-10-wh-14_GB	1	<i>JpL</i>	KT357792
GB Andong	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-07	2nd nymph	140313-10-wh-15_GB	1	<i>JpL</i>	KT357790
GB Andong	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-07	3rd nymph	140313-10-wh-16_GB	1	<i>JpL</i>	KT357791
GB Andong	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-07	3rd nymph	140313-10-wh-18_GB	1	<i>JpL</i>	KT357789
GB Andong	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-19_GB	1	<i>JpL</i>	KT357788
GW Donghae	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	Adult	140313-10-wh-22_GW	1	<i>JpL</i>	KT357764
GW Donghae	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-23_GW	1	<i>JpL</i>	KT357765
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-24_GW	1	<i>JpL</i>	KT357766
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	2nd nymph	140313-10-wh-25_GW	1	<i>JpL</i>	KT357767
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	2nd nymph	140313-10-wh-26_GW	1	<i>JpL</i>	KT357768
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	2nd nymph	140313-10-wh-27_GW	1	<i>JpL</i>	KT357769
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	2nd nymph	140313-10-wh-28_GW	1	<i>JpL</i>	KT357770
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	4th nymph	140313-10-wh-30_GW	1	<i>JpL</i>	KT357771
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-32_GW	1	<i>JpL</i>	KT357772
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-33_GW	1	<i>JpL</i>	KT357773
GW Gangneung	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	4th nymph	140313-10-wh-34_GW	1	<i>JpL</i>	KT357774
GW Yangyang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-37_GW	1	<i>JpL</i>	KT357775
GW Yangyang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-38_GW	1	<i>JpL</i>	KT357776
GW Yangyang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-39_GW	1	<i>JpL</i>	KT357777
GW Yangyang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-40_GW	1	<i>JpL</i>	KT357778
GW Yangyang	<i>Lonicera japonica</i>	2013-10-15	3rd nymph	140313-10-wh-41_GW	1	<i>JpL</i>	KT357779
GN Changwon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-05-06	Adult	140331-07-wh-1_GN	1	<i>JpL</i>	KT357781
GN Changwon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-05-06	Adult	140331-07-wh-2_GN	1	<i>JpL</i>	KT357782
GN Changwon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-05-06	Adult	140331-07-wh-3_GN	1	<i>JpL</i>	KT357783
GN Changwon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-05-06	Adult	140331-07-wh-4_GN	1	<i>JpL</i>	KT357784
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-07-22	Adult	140331-07-wh-5_JN	1	<i>JpL</i>	KT357758
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-07-22	Adult	140331-07-wh-6_JN	1	<i>JpL</i>	KT357760
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-07-22	4th nymph	140331-07-wh-7_JN	1	<i>JpL</i>	KT357759
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-07-22	4th nymph	140331-07-wh-8_JN	1	<i>JpL</i>	KT357761
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-07-22	4th nymph	140331-07-wh-9_JN	1	<i>JpL</i>	KT357762
JN Suncheon	<i>Lonicera japonica</i>	2013-07-22	4th nymph	140331-07-wh-10_JN	1	<i>JpL</i>	KT357763
CN Cheongyang	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-11	4th nymph	140403-02-wh-1_CN	1	<i>JpL</i>	KT357748

Table 1. Continued

Region	Host plant	Collection date	Status	Voucher number	No. of collection	Species	Accession number
CN Seosan	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	Adult	140403-02-wh-2_CN	1	<i>JpL</i>	KT357746
CN Seosan	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	4th nymph	140403-02-wh-3_CN	1	<i>JpL</i>	KT357744
CN Seosan	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	4th nymph	140403-02-wh-4_CN	1	<i>JpL</i>	KT357743
CN Seosan	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	4th nymph	140403-02-wh-5_CN	1	<i>JpL</i>	KT357747
CN Hongseong	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	Adult	140403-02-wh-6_CN	1	<i>JpL</i>	KT357745
JB Imsil	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	Adult	140403-02-wh-7_JB	1	<i>JpL</i>	KT357735
JB Imsil	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	4th nymph	140403-02-wh-8_JB	1	<i>JpL</i>	KT357733
JB Namwon	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	Adult	140403-02-wh-9_JB	1	<i>JpL</i>	KT357736
JB Namwon	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	Adult	140403-02-wh-10_JB	1	<i>JpL</i>	KT357734
JB Namwon	<i>Lactuca indica</i> var. <i>laciniata</i>	2013-07-22	Adult	140403-02-wh-11_JB	1	<i>JpL</i>	KT357732

모든 염기서열들은 GenBank(Table 1의 accession numbers)에 보고하였다.

또한, 2가지 키워드(*Bemisia tabaci*, *COI*)를 이용하여 Gen Bank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)에서 담배가루이로 보고된 3,531개의 *COI* 염기서열을 다운로드 받았다. 이번 연구에서 새롭게 확보한 *JpL*종의 83개 *COI* 염기서열들과 함께 총 담배가루이 3,614개의 *COI* 염기서열을 MEGA 5.0 (Tamura et al., 2011)을 이용하여 neighborjoining (NJ) 분석을 실시하였다. 중복되는 haplotypes는 TCS (Clement et al., 2000)를 이용하여 점검하였으며, 총 550개 *COI* 염기서열들 (3,614개 *COI* 염기서열들, 15.2%)이 선택되었다.

### 중복합군의 종 개수 확인

현재까지 담배가루이 중복합군으로 보고된 42종간의 계통 관계를 뚜렷이 보여주기 위하여 각 종당 *COI* 염기서열을 10개 미만으로 제한하였다. 총 42종 217개 *COI* 염기서열이 선택되었다. 아웃 그룹으로 선택한 5개 종(*Bemisia atriplex*, *Bemisia subdecipiens*, *Bemisia afer*, *Aleurocanthus camelliae*, *Aleurodicus dispersus*)을 이용하여 분석하였다.

Nucleotide 염기서열의 정리는 CLUSTALX를 이용하여 분석하였다(Thompson et al., 1997). 계통관계는 HKY85 model을 기반으로 한 maximum likelihood 방법을 이용한 PhyML 3.0 (Guindon et al., 2010)를 이용하여 분석하였다.

SPSS (IBM SPSS Statistics, Ver 20, IBM)의 정준상관분석(canonical discriminant analysis (CDA))은 종별 그룹핑 결과에 대한 도식화를 위해 사용하였다. CDA는 정확한 개연성의 수치를 제공하는 비모수 순열검증(nonparametric test)을 사용하여 종 집합 구성에서의 차이를 탐색하며, 다양한 시료 구성단위들의 유사성 혹은 비유사성을 도식화해서 보여주는 방법이다. 매트릭스는 MEGA 5.0 (Tamura et al., 2011)의 Kimura 2-parameter (K2P) distance model (Kimura, 1980)를 이용하여 217 *COI* 염기서열들의 23,436개 pairwise genetic distances를 바탕으로 구축하였다.

### 종내 및 종간 유전적 변이 비교

총 217개 *COI* 염기서열은 계통수를 기반으로 총 43종으로 분류되었으며(결과 참고), 이 가운데 42종(*Africa*, *Asia I*, *Asia I-India*, *Asia II 1*, *Asia II 2*, *Asia II 3*, *Asia II 4*, *Asia II 5*, *Asia II*

6, Asia II 7, Asia II 8, Asia II 9, Asia II 10, Asia II 11, Asia II 12, Asia III, Asia IV, Australia, Australia/Indonesia, China 1, China 2, China 3, China 4, East Africa 1, Indian Ocean, Italy, Italy-Ru, Japan 1, JpL, Mediterranean, Middle East Asia Minor 1, Middle East Asia Minor 2, Morocco, New world, New world 2, Pakistan, Sub Saharan Africa 1, Sub Saharan Africa 2, Sub Saharan Africa 3, Sub Saharan Africa 4, Sub Saharan Africa 5, Uganda)은 이미 다른 연구에서 보고된 종이였으며, 또한 1종(*Java*)은 아직 보고된 적이 없는 잠재적인 신종이었다(결과 참고). 총 43종 중 10종(*Africa*, *Asia I-India*, *Asia II 2*, *Asia II 4*, *Asia II 12*, *China 4*, *East Africa 1*, *Java*, *Pakistan*, *Uganda*)은 오직 한 개의 haplotype이기 때문에 제외하고, 종내 유전적 변이는 남은 33개의 종들에 대하여 분석하였다. 종간 유전적 변이는 상대적으로 가까운 종들에 대하여 1대1 비교분석을 하였다. 계통수를 기반으로 20개의 가까운 종으로 구성된 11쌍의 데이터 세트를 선택하였다(결과 참고): *Asia I - Java*, *China 1 - China 2*, *Asia II 1 - Asia II 2*, *Asia I - Asia VI*, *Asia II 3 - Asia II 4*, *Asia II 5 - Asia I-India*, *Sub Saharan Africa 1 - Sub Saharan Africa 5*, *Middle East Asia Minor 1 - Middle East Asia Minor 2*, *Italy - Morocco*, *Mediterranean - Middle East Asia Minor 2*, *New World - New World 2*.

모든 종내 유전적 변이와 종간 유전적 변이 분석은 MEGA 5.0 (Tamura et al., 2011)의 K2P distance model (Kimura, 1980)를 이용하여 계산하였다.

## 결 과

### 담배가루이 중복합군의 종 개수

담배가루이 217개 *COI* 염기서열과 가루이과 5종의 *COI* 염기서열(아웃 그룹)을 기반으로 분석된 계통수는 담배가루이가 43개 그룹으로 나누어지는 것을 보여준다(Fig. 1). 이들 그룹들은 기존에 보고된 6개 논문에 따라 이름을 부여하였다(Dinsdale et al., 2010; Chowda-Reddy et al., 2012; Alemandri et al., 2012; Hu et al., 2011; Ueda et al., 2008; Lee et al. 2013). 계통수는 기존에 보고된 계통수들과 유사한 topology를 보였다(Lee et al., 2013). 예를 들어, 5종(*Indian Ocean*, *Mediterranean*, *Middle East Asia Minor 1*, *Middle East Asia Minor 2*, *East Africa 1*)은 100% posterior probability로 클러스터(cluster)를 이루었고, 2종(*Asia II 3*, *Asia II 4*)과 2종(*China 1*, *China 2*)은 각각 80%와 97% posterior probability로 클러스터를 이루었다. 이번 연구에서 새롭게 추가된 *Asia II 12*는 *Asia II 10*과 100% posterior

probability로 클러스터를 형성하였다. 하지만, 일부 종들은 기존 연구들과 다른 유연관계를 보여주었다. 이번 연구에서 *New World*는 *New World 2*와 클러스터를 이루었지만, Dinsdale et al. (2010)에서는 *Bemisia atriplex*와 클러스터를 이루었다.

Fig. 2는 pairwise genetic distances 매트릭스를 기반으로 담배가루이 43종에 대한 정준상관분석(CDA)의 1번째(X), 2번째(Y) 축을 보여준다. 도표에서 1번째축(X)은 분명하게 43종을 2개의 그룹으로 나누어준다. 5종(*Middle East Asia Minor 1*, *Middle East Asia Minor 2*, *Indian Ocean*, *East Africa 1*, *Mediterranean*)의 plots은 -20보다 낮은 스코어를 보이며(negative scores), 나머지 38종의 plots은 -20보다 높은 스코어를 보인다(negative and positive scores). 2번째축(Y)에서는 시료들이 성공적으로 43개의 종으로 나누어진다. CDA는 모든 염기서열 데이터를 이용하여 실시되었으며, 이 분류 방법의 유용성은 leave-one-out cross-validation method를 이용하여 분석하는 것이다.

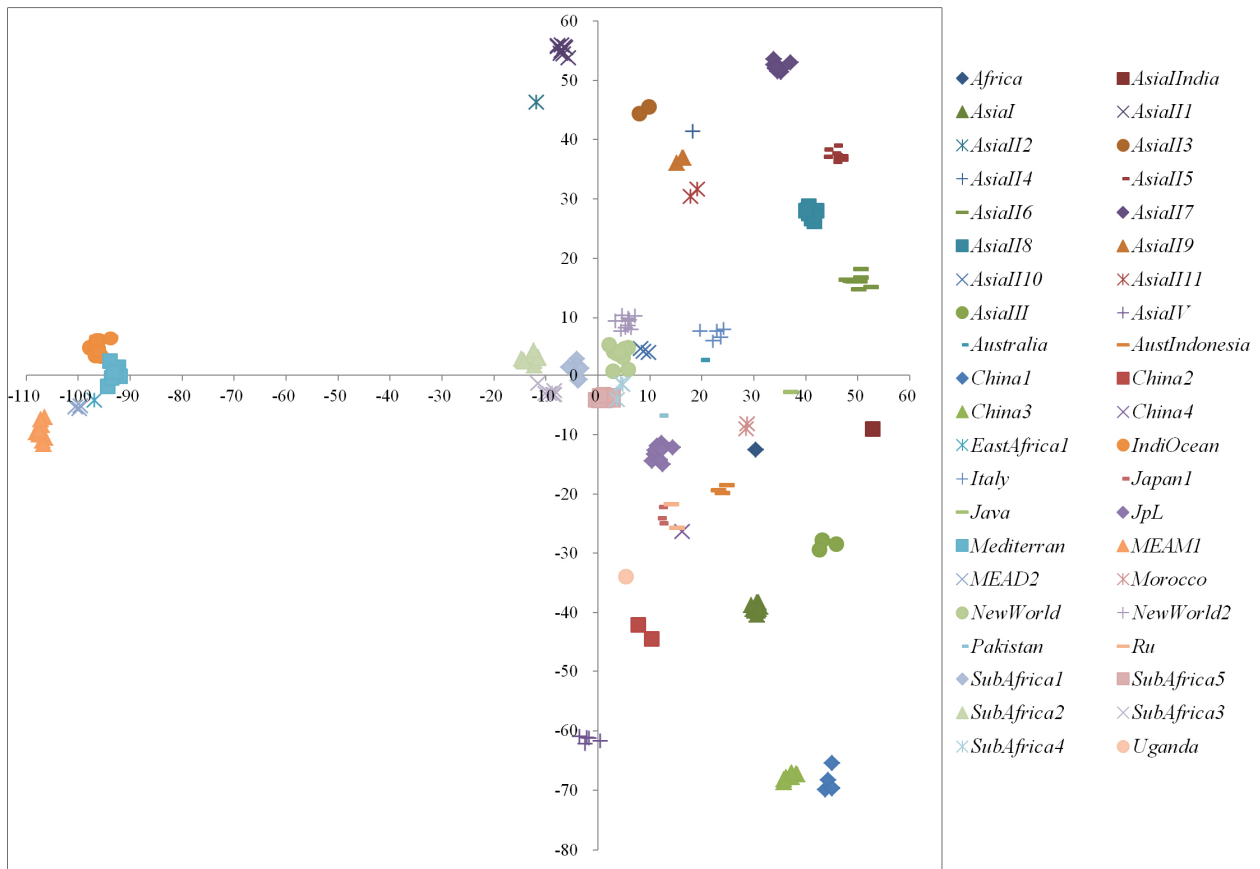
이와 같은 재분류 결과는 정확한 분류의 비율이 100%인 것을 보여주며, 이는 담배가루이 중복합군이 43종으로 나뉘어지는 것을 의미한다(Table 2).

### 담배가루이 중복합군의 종내 유전적 변이

담배가루이 550개 *COI* 염기서열들의 유전적 변이는 0% - 27.8% (평균 11.1%)의 범위를 보였다. 분석한 시료는 크게 3개의 그룹(group 1, group 2, group 3)으로 구분된다(Fig. 3). 217개의 *COI* 염기서열로부터 유전적 변이는 2개 이상의 서로 다른 염기서열을 가지는 33개 종들에 대한 종내 유전적 변이와 근연 종들간의 종간 유전적 변이를 K2P distance model을 이용하여 분석하였다(Fig. 4; Table 3). 종간 분석의 11개 쌍은 앞의 계통분석 결과를 바탕으로 선택되었다(Table 3).

담배가루이 중복합군의 종내 유전적 변이는 0.2%-3.9%의 범위를 보였다(Fig. 4; Table 3). 33개 종들 중에서 *Sub Saharan Africa 5*는 가장 낮은 평균 종내 유전적 변이인 0.2%를 보인 반면, *Australia*는 가장 높은 평균 종내 유전적 변이인 3.10%를 보였다. 5종(*New world 2* (평균 2.2%), *Asia II 10* (평균 2.27%), *Asia II 6* (평균 2.38%), *New world* (평균 2.58%), *Australia* (평균 3.1%))을 제외한 대부분 종들은 2.0%보다 낮은 평균 종내 유전적 변이들을 보였다. 하지만, 9종(*Australia*, *Asia II 1*, *Asia II 6*, *Asia II 7*, *Asia II 10*, *Mediterranean*, *New world*, *New world 2*, *Sub Saharan Africa 1*)은 기존에 보고된 종구분 한계인 3.5%보다 높고 4.0%보다 낮은 종내 유전적 변이를 보였다. 이와 같이 높은 종내 유전적 변이를 보이는 8종 안에는 잠재적





**Fig. 2.** Results of the canonical discriminant analysis based on 23,436 pairwise genetic distances for demonstrating the relationship among the 43 species belonging to the *Bemisia tabaci* complex.

으로 은밀종(cryptic species)이 있을 수 있다는 것을 시사한다. (Table 3).

종간 유전적 변이 또한 근연 종들로 구성된 11개 쌍 사이에서 다양하였다(Fig. 4; Table 3). 이들 중 *Asia I-Java*가 가장 높은 평균 종간 유전자 변이인 16.33% (범위 14.6%-17.6%)를 보였으며, 반대로 *Chian 1-China 2*는 가장 낮은 평균 종간 유전자 변이인 3.8% (범위 2.9%-4.9%)를 보였다. 4개 쌍(*Mediterranean-Middle East Asia Minor 2*, *China 1-China 2*, *Middle East Asia Minor 1-Middle East Asia Minor 2*, *Italy-Morocco*)은 4.0% 종구분 한계보다 낮은 수치를 보였으며, 나머지 7종의 유전변이는 모두 4.0% 종구분 한계보다 보다 높았다(Fig. 4; Table 3).

## 고찰

### 담배가루이 종복합군의 분류학적 특성

이번 연구 분석결과는 담배가루이 종복합군의 분류학적 특

성이 다른 노린재목 그룹들에 비해 매우 특이하다는 것을 보여 준다. DNA 바코드 연구들은 일반적으로 종내 유전적 변이를 0%-2%로 보고하고 있다(Lee et al., 2011). 또한, 같은 속 내의 종들간 유전적 변이, 같은 과 내의 종들간 유전적 변이는 각각 0%-9%, 8%-17%라고 알려져 있다(Lee et al., 2013). 이번 연구에서 담배가루이의 종내 유전적 변이가 상당히 넓은 범위를 가지고 있다는 것을 확인하였고, 이는 다른 노린재 그룹들과 비교하였을 때 담배가루이 종복합군이 여러 개의 속들 혹은 아과들로 구성되었을 가능성을 재확인하였다.

현재까지 담배가루이 종복합군이 높은 유전적 변이에도 불구하고 다계통이라는 것을 증명할 확실한 증거는 보고되지 않았다. 이번 연구에서 분석된 계통관계는 다른 *Bemisia*속 종들이 담배가루이 종복합군의 어떤 종과도 집단을 형성하지 않는 것을 보여주었다. 비록 이번 연구결과의 계통수에서 담배가루이를 포함한 *Bemisia*속 종들의 resolution이 충분하지는 않지만, 담배가루이 종복합군의 종들이 다른 *Bemisia*속 종들과는 뚜렷이 구분되는 기원을 가진 것처럼 보인다. 앞으로 담배가루



**Table 2.** Classification table showing the reclassification of the original visits into groups, and the success and misclassification rates of the canonical discriminant analysis

Original Group	Classified into groups ( )																																											% correct										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43		Total									
<i>Africa</i>	1																																														1	100%						
<i>Asia I-India</i>		1																																															1	100%				
<i>Asia I</i>			10																																														10	100%				
<i>Asia II 1</i>				10																																													10	100%				
<i>Asia II 2</i>					1																																												1	100%				
<i>Asia II 3</i>						2																																												2	100%			
<i>Asia II 4</i>							1																																											1	100%			
<i>Asia II 5</i>								10																																											10	100%		
<i>Asia II 6</i>									10																																										10	100%		
<i>Asia II 7</i>										10																																										10	100%	
<i>Asia II 8</i>											10																																									10	100%	
<i>Asia II 9</i>												3																																								3	100%	
<i>Asia II 10</i>													3																																							3	100%	
<i>Asia II 11</i>														2																																						2	100%	
<i>Asia II 12</i>															1																																					1	100%	
<i>Asia III</i>																3																																				3	100%	
<i>Asia IV</i>																	5																																			5	100%	
<i>Australia</i>																		2																																		2	100%	
<i>Australia/Indonesia</i>																				4																																	4	100%
<i>China I</i>																																																		5	100%			
<i>China 2</i>																																																		2	100%			
<i>China 3</i>																																																			10	100%		
<i>China 4</i>																																																			1	100%		
<i>East Africa 1</i>																																																		1	100%			
<i>Indian Ocean</i>																																																			10	100%		
<i>Italy</i>																																																			5	100%		
<i>Italy-Ru</i>																																																			2	100%		
<i>Japan I</i>																																																			3	100%		
<i>Java</i>																																																			1	100%		
<i>JpL</i>																																																			10	100%		
<i>Mediterran</i>																																																			10	100%		
<i>Middle East Asia Minor 1</i>																																																		10	100%			
<i>Middle East Asia Minor 2</i>																																																			3	100%		



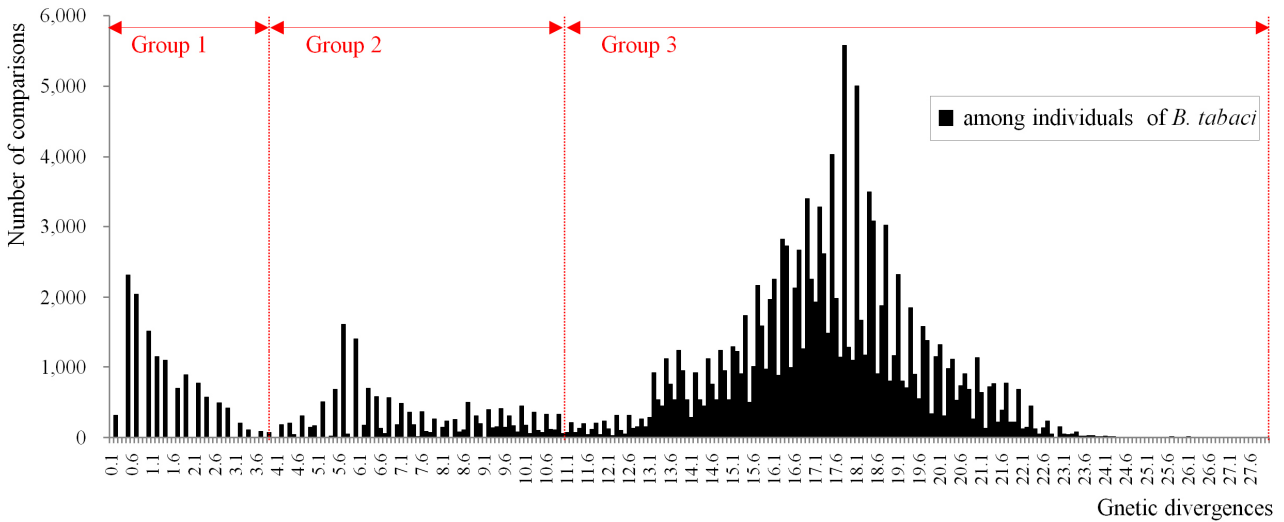


Fig. 3. Distribution of genetic divergence estimates for 550 *COI* gene sequences of *Bemisia tabaci*.

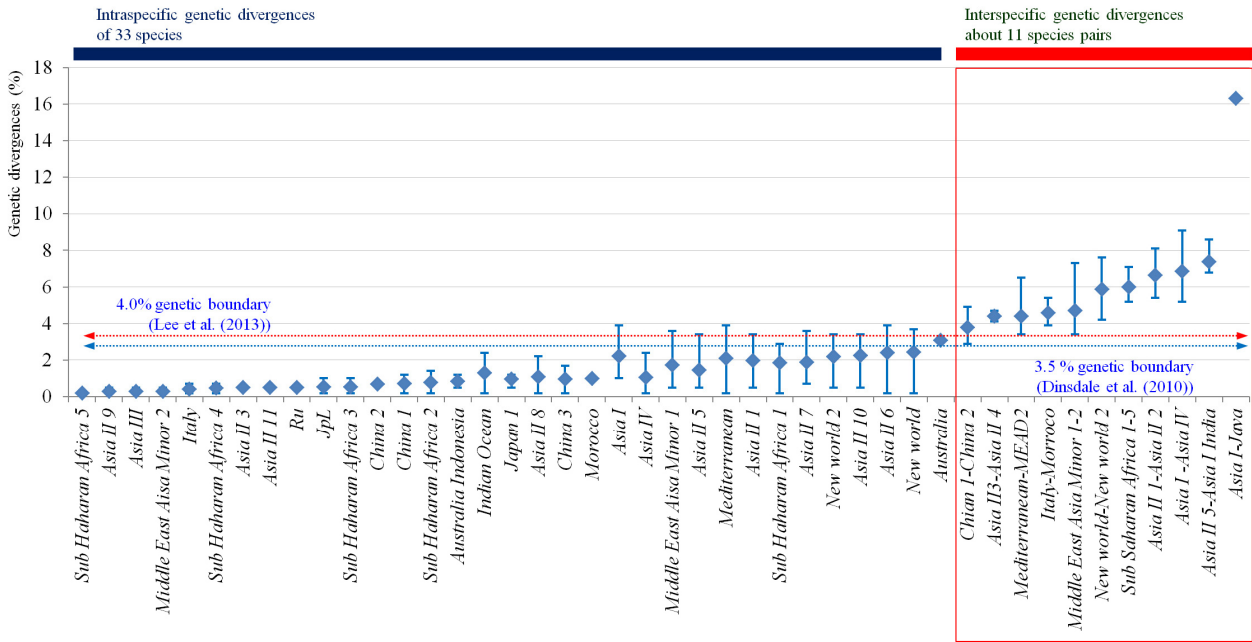


Fig. 4. Comparison of intraspecific genetic divergences in 33 species and interspecific genetic divergences in 11 species pairs.

는 5개 *COI* 염기서열을 사용하여 종내 유전적 변이를 0.3%-2.9%로 계산하였다. 하지만, 이번 연구에서는 10개 *COI* 염기서열을 분석하여 종내 유전적 범위가 0.7%-3.6%인 것으로 확인하였다. 이는 종구분 한계는 분석에 이용한 *COI* 염기서열들의 숫자에 따라 달라질 수 있음을 보여준다. 하지만, 이번 연구를 통해 시료수가 많음에도 불구하고 4.0% 종구분 한계가 담배가루이 종복합군의 종들을 구분하는데 유용성이 있음을 확인하였다.

## 결론

이번 연구에서 우리는 담배가루이 종복합군이 43개 종들로 구성됨을 확인하였고, 이 가운데 잠재적 신종 *Java*를 새롭게 발견하였다. 담배가루이 종들간의 유전적 변이는 다른 노린재 그룹의 속간 혹은 아과간의 유전적 변이 비율과 비슷하다는 것을 재확인하였다. 또한, 기존의 종구분 한계인 4.0%가 담배가루이 종복합군의 일부 종들을 구분하는데 적합하며, 높은 종내 유전 변이를 보이는 종들은 은밀종과 관련이 있을 것으로 판단된다.

**Table 3.** Intraspecific genetic divergences about 33 species and interspecific genetic divergences between 11 species pairs

Species	Number of Sequences	Number of comparisons	Average (%)	Minimum (%)	Maximum (%)
<i>Asia I</i>	10	45	2.23	1.00	3.90
<i>Asia II 1</i>	10	45	1.97	0.50	3.40
<i>Asia II 3</i>	2	1	0.50	0.500	0.500
<i>Asia II 5</i>	10	45	1.45	0.50	3.40
<i>Asia II 6</i>	10	45	2.41	0.20	3.90
<i>Asia II 7</i>	10	45	1.89	0.70	3.60
<i>Asia II 8</i>	10	45	1.09	0.20	2.20
<i>Asia II 9</i>	3	3	0.30	0.20	0.50
<i>Asia II 10</i>	3	3	2.27	0.50	3.40
<i>Asia II 11</i>	2	1	0.50	0.500	0.500
<i>Asia III</i>	3	3	0.30	0.20	0.50
<i>Asia IV</i>	5	10	1.05	0.20	2.40
<i>Australia</i>	2	1	3.10	3.10	3.10
<i>Australia Indonesia</i>	4	6	0.85	0.50	1.20
<i>China 1</i>	5	10	0.72	0.20	1.20
<i>China 2</i>	2	1	0.70	0.70	0.70
<i>China 3</i>	10	45	0.97	0.20	1.70
<i>Indian Ocean</i>	10	45	1.30	0.20	2.40
<i>Italy</i>	5	10	0.42	0.20	0.70
<i>Italy-Ru</i>	2	1	0.50	0.500	0.500
<i>Japan 1</i>	3	3	0.97	0.50	1.20
<i>JpL</i>	10	45	0.54	0.20	1.00
<i>Mediterranean</i>	10	45	2.10	0.20	3.90
<i>Middle East Aisa Minor 1</i>	10	45	1.74	0.50	3.60
<i>Middle East Aisa Minor 2</i>	3	3	0.30	0.20	0.50
<i>Morocco</i>	2	1	1.00	1.00	1.00
<i>New world</i>	10	45	2.43	0.20	3.70
<i>New world 2</i>	10	45	2.20	0.50	3.40
<i>Sub Saharan Africa 1</i>	9	36	1.85	0.20	2.90
<i>Sub Saharan Africa 2</i>	10	45	0.78	0.20	1.40
<i>Sub Saharan Africa 3</i>	6	15	0.55	0.20	1.00
<i>Sub Saharan Africa 4</i>	3	3	0.47	0.20	0.70
<i>Sub Saharan Africa 5</i>	3	3	0.20	0.20	0.20
<i>Asia I-Asia IV</i>	11	55	6.86	5.20	9.10
<i>Asia II 1-Asia II 2</i>	11	55	6.66	5.40	8.10
<i>Asia II 5-Asia I India</i>	11	55	7.39	6.80	8.60
<i>Asia II3-Asia II 4</i>	3	3	4.40	4.10	4.70
<i>Asia I-Java</i>	11	55	16.330	14.600	17.600
<i>Chian 1-China 2</i>	7	21	3.80	2.90	4.90
<i>Italy-Morroco</i>	7	21	4.60	3.90	5.40
<i>Mediterranean-MEAD2</i>	13	78	4.400	3.400	6.500
<i>Middle East Asia Minor 1-2</i>	13	78	4.72	3.40	7.30
<i>New world-New world 2</i>	20	190	5.88	4.20	7.60
<i>Sub Saharan Africa 1-5</i>	12	66	6.01	5.20	7.10

## 사 사

본 논문은 농촌진흥청 시험연구사업(과제번호 PJ011977)과 농림축산식품부(과제번호 311058-05-3-CG000)의 지원에 의하여 이루어진 것입니다.

## Literature Cited

- Alemandri, V., De Barro, P., Bejerman, N., Arguello Caro, E.B., Dumon, A.D., Mattio, M.F., Rodriguez, S.M., Truoli, G., 2012. Species within the *Bemisia tabaci* (Hemiptera: leydoridae) complex in soybean and bean crops in Argentina. *J. Econ. Entomol.* 105, 48-53.
- Ashfaq, M., Hebert, P.D., Mirza, M.S., Khan, A.M., Mansoor, S., Shah, G.S., Zafar, Y., 2014. DNA barcoding of *Bemisia tabaci* complex (Hemiptera: Aleyrodidae) reveals southerly expansion of the dominant whitefly species on cotton in Pakistan. *PLoS One* 9, e104485.
- Bedford, I.D., Briddon, R., Brown, J.K., Rosell, R.C., Markham, P.G., 1994. Geminivirus-transmission and biological characterisation of *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotypes from different geographic regions. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 125, 311-325
- Boykin, L.M., Bell, C.D., Evans, G., Small, I., De Barro, P., 2013. Is agriculture driving the diversification of the *Bemisia tabaci* species complex (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodidae)? Dating, diversification and biogeographic evidence revealed. *BMC Evol. Biol.* 13, 228.
- Boykin, L.M., 2014. *Bemisia tabaci* nomenclature: lessons learned. *Pest Manag. Sci.* 70, 1454-1459.
- Boykin, L.M., De Barro, P., 2014. A practical guide to identifying members of the *Bemisia tabaci* species complex: and other morphologically identical species. *Front. Ecol. Evol.* <http://dx.doi.org/10.3389/fevo.2014.00045>.
- Brown, J., Frohlich, D., Rosell, R., 1995. The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex? *Annu. Rev. Entomol.* 40, 511-534.
- Brown, J.K., 1990. An update on the whitefly-transmitted geminiviruses in the Americas and the Caribbean Basin. *FAO Plant Prot. Bull.* 39, 5-23.
- Brown, J.K., 2000. Molecular markers for the identification and global tracking of whitefly vector-Begomovirus complexes. *Virus Res.* 71, 233-260.
- Byrne, D.N., Bellows, Jr., T.S., 1991. Whitefly biology. *Ann. Rev. Entomol.* 36, 431-457.
- Chowda-Reddy, R.V., Kirankumar, M., Seal, S.E., Muniyappa, V., Valand, G.B., Govindappa, M.R., Colvin, J., 2012. *Bemisia tabaci* Phylogenetic Groups in India and the Relative Transmission Efficacy of Tomato leaf curl Bangalore virus by an Indigenous and an Exotic Population. *J. Integr. Agric.* 11, 235-248.
- Clement, M., Posada, D., Crandall, K.A., 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Mol. Ecol.* 9, 1657-1659.
- Costa, H.S., Brown, J.K., 1991. Variation in biological characteristics and in esterase patterns among populations of *Bemisia tabaci* (Genn) and the association of one population with silverleaf symptom development. *Entomol. Exp. Appl.* 61, 211-219.
- De Barro, P.J., Driver, F., Trueman, J.W., Curran, J., 2000. Phylogenetic relationships of world populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) using ribosomal ITS1. *Mol. Phylogenet. Evol.* 16, 29-36.
- De Barro, P.J., Liu, S.S., Boykin, L.M., Dinsdale, A.B., 2011. *Bemisia tabaci*: a statement of species status. *Annu. Rev. Entomol.* 56, 1-19.
- Dinsdale, A., Cook, L., Riginos, C., Buckley, Y.M., De Barro, P., 2010. Refined Global Analysis of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) Mitochondrial Cytochrome Oxidase 1 to Identify Species Level Genetic Boundaries. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 103, 196-208.
- Firdaus, S., Vosman, B., Hidayati, N., Jaya Supena, E.D., Visser, R.G., van Heusden, A.W., 2013. The *Bemisia tabaci* species complex: additions from different parts of the world. *Insect Sci.* 20, 723-733.
- Guindon, S., Dufayard, J.F., Lefort, V., Anisimova, M., Hordijk W., Hordijk, W., Gascuel, O., 2010. New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Syst. Biol.* 59, 307-321.
- Hu, J., De Barro, P., Zhao, H., Wang, J., Nardi, F., 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.
- Hu, J., Jiang, Z.L., Nardi, F., Liu, Y.Y., Luo, X.R., Li, H.X., Zhang, Z.K., 2014. Members of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) cryptic species and the status of two invasive alien species in the Yunnan Province (China). *J. Insect Sci.* 14, 1-8.
- Kimura, M., 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16, 111-120.
- Lee, W., Kim, H., Lim, J., Choi, H.-r., Kim, Y., Kim, Y.S., Ji, J.Y., Footitt, R.G., Lee, S., 2011. Barcoding aphids (Hemiptera: Aphididae) of the Korean Peninsula: updating the global data set. *Mol. Ecol. Resour.* 11, 32-37.
- Lee, W., Park, J., Lee, G.S., Lee, S., Akimoto, S., 2013. Taxonomic status of the *Bemisia tabaci* complex (Hemiptera: Aleyrodidae) and reassessment of the number of its constituent species. *PLoS One* 8, e63817.
- Lee, W., Kim, C.-S., Lee, K.-Y., Lee, G.-S., 2016. The *JpL* species of the *Bemisia tabaci* complex in Korea: Detection by an extensive field survey and analysis of COI sequence variability. *J. Asia Pac.*

- 
- Entomol. 19, 23-29.
- Legg, J.P., Sseruwagi, P., Boniface, S., Okao-Okuja, G., Shirima, R., Bigirimana, S., Gashaka, G., Herrmann, H.W., Jeremiah, S., Obiero, H., Ndyetabula, I., Tata-Hangy, W., Masembe, C., Brown, J.K., 2014. Spatio-temporal patterns of genetic change amongst populations of cassava *Bemisia tabaci* whiteflies driving virus pandemics in East and Central Africa. *Virus Res.* 186, 61-75.
- Parrella, G., Scassillo L., Giorgini, M., 2012. Evidence for a new genetic variant in the *Bemisia tabaci* species complex and the prevalence of the biotype Q in southern Italy. *J Pest Sci* 85: 227-238.
- Tahiri, A., Halkett, F., Granier, M., Gueguen, G., Peterschmitt, M., 2013. Evidence of gene flow between sympatric populations of the *Middle East-Asia Minor 1* and *Mediterranean* putative species of *Bemisia tabaci*. *Ecology and Evolution* 3, 2619-2633.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S., 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.* 28, 2731-2739.
- Tay, W.T., Evans, G.A., Boykin, L.M., De Barro, P.J., 2012. Will the real *Bemisia tabaci* please stand up? *PLoS ONE* 7 (11), e50550. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0050550>.
- Thompson, J.D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., Higgins, D.G., 1997. The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res.* 25, 4876-4882.
- Ueda, S., Kitamura, T., Kijima, K., Honda, K.-I., Kanmiya, K., 2008. Distribution and molecular characterization of distinct Asian populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Japan. *J. Appl. Entomol.* 133, 355-366.
- Zhang, D.-X., Hewitt, G.M., 1996. Nuclear integrations, challenges for mitochondrial DNA markers. *Trends Ecol. Evol.* 11, 247-251.