

**ANA PAULA SANTANA LIMA**

**CARACTERIZAÇÃO DE RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE SOJA FRENTE A  
*Bemisia tabaci* MEAM1 E MED (HEMIPTERA: ALEYRODIDAE)**

**Botucatu**

**2023**



**ANA PAULA SANTANA LIMA**

**CARACTERIZAÇÃO DE RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE SOJA FRENTE A  
*Bemisia tabaci* MEAM1 E MED (HEMIPTERA: ALEYRODIDAE)**

Tese de doutorado apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da Unesp Câmpus de Botucatu, para obtenção do título de Doutor em Agronomia: Proteção de Plantas

Orientadora: Profa. Dra. Renate Krause Sakate

Coorientador: Prof. Dr. André Luiz Lourenção

Linha de Pesquisa: Controle e Manejo de Doenças, Pragas e Plantas Daninhas

**Botucatu**

**2023**

L732c

Lima, Ana Paula Santana

Caracterização de resistência de genótipos de soja frente a *Bemisia tabaci* MEAM1 e MED (Hemiptera: Aleyrodidae) / Ana Paula Santana Lima. -- Botucatu, 2023

86 p. : tabs., fotos

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu

Orientador: Renate Krause Sakate

Coorientador: André Luiz Lourenção

1. Plantas Resistência aos insetos. 2. Mosca branca. 3. Aleyrodidae. 4. *Glycine max.* I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

## CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: CARACTERIZAÇÃO DE RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE SOJA FRENTE A Bemisia tabaci MEAM1 E MED (HEMIPTERA: ALEYRODIDAE)

**AUTORA: ANA PAULA SANTANA LIMA**  
**ORIENTADORA: RENATE KRAUSE SAKATE**  
**COORIENTADORA: RENATE KRAUSE SAKATE**  
**COORIENTADOR: ANDRÉ LUIZ LOURENÇÃO**

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em Agronomia (Proteção de Plantas), pela Comissão Examinadora:



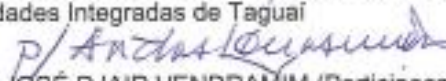
Prof. Dr. ANDRÉ LUIZ LOURENÇÃO (Participação Presencial)  
Entomologia e Acarologia / Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz



Prof. Dr. BRUNO HENRIQUE SARDINHA DE SOUZA (Participação Virtual)  
Entomologia / Universidade Federal de Lavras



Prof. Dr. CARLOS GILBERTO RAETANO (Participação Presencial)  
Proteção Vegetal / Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu UNESP

  
Prof. Dr. VINÍCIUS FERNANDES CANASSA (Participação Presencial)  
/ Faculdades Integradas de Itaquai  
Prof. Dr. JOSÉ DJAIR VENDRAMIM (Participação Virtual)  
Entomologia e Acarologia / Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz

Botucatu, 14 de dezembro de 2023



Ao querido e eterno Prof. Baldin (*in memoriam*),

por todo ensinamento e incentivo,

dedico



## AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, pela força e otimismo que guiaram minha trajetória.

Ao meu orientador, Dr. Edson Luiz Lopes Baldin (*in memoriam*), por todo incentivo, confiança e ensinamentos passados ao longo desta jornada.

Ao meu coorientador, Dr. André Luiz Lourenção, por todo apoio, contribuição e ensinamentos, essenciais para elaboração e conclusão deste trabalho.

À minha orientadora, Dra. Renate Krause Sakate, pela disponibilidade e auxílio, principalmente durante o meu último ano de doutorado.

Ao meu querido esposo, Alisson, por me incentivar e inspirar diariamente. Obrigada por toda ajuda, parceria, paciência e amor. Você torna meus dias mais bonitos.

À minha família, especialmente aos meus pais Maria do Carmo e Basiliano e irmãs, Maria e Maria de Fátima, por todo amor, compreensão e incentivo.

A todos os amigos do LARESPI, especialmente à Thais, Isabella, Maria Clezia, Aline, Muriel, Vinicius e Yago, pelo companheirismo e momentos de lazer compartilhados.

À Thais, Isabella e Aline, por toda ajuda na execução dos experimentos.

À professora Julie Peterson, pelos ensinamentos e oportunidade de realizar o doutorado sanduíche na Universidade de Nebraska-Lincoln.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia: Proteção de Plantas da Faculdade de Ciências Agronômicas/ Universidade Estadual Paulista (FCA/UNESP), pela estrutura e oportunidade.

A todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para realização deste trabalho.

Ao CNPQ – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pela bolsa de estudos concedida.

À banca examinadora, pela disponibilidade e contribuição para este trabalho.



## RESUMO

A produtividade da soja, [*Glycine max* (L.) Merrill], pode ser limitada por problemas fitossanitários, como o ataque de insetos-praga. As espécies crípticas de *Bemisia tabaci*, MEAM1 (*Middle East Asia Minor 1*) e MED (*Mediterranean*), são pragas invasivas que causam danos expressivos a diversas culturas, incluindo a soja. O controle químico tem sido a principal estratégia utilizada para controlar populações de *B. tabaci*. No entanto, diversos casos de resistência a inseticidas já foram relatados para MEAM1 e MED. O uso de plantas resistentes é considerado um método interessante para o controle de insetos-praga. Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar a resistência de genótipos de soja a *B. tabaci* MEAM1 e MED. Foram realizados ensaios preliminares sem chance de escolha para MED em 90 genótipos de soja. Posteriormente, foram selecionados 35 genótipos para ensaios subsequentes com e sem chance de escolha para MED. Além disso, foram avaliados os fatores associados à resistência como a coloração foliar e características dos tricomas. Visando avaliar a performance de *B. tabaci* MEAM1 e MED foram avaliados o período de incubação, período ninfal, período de desenvolvimento ovo-adulto e a viabilidade ninfal. Além disso, também foram realizadas análises de compostos fenólicos totais, flavonoides totais, rutina, genistina, genisteína e ácido salicílico dos genótipos de soja. Quando foi possível a escolha, os genótipos KS 4202, TMG 1188 RR, M 7739 IPRO, 65I65 RSF IPRO e PI 229358 foram os menos preferidos por adultos de *B. tabaci* MED, indicando expressão de antixenose. No ensaio com chance de escolha, baixo número de ninfas também foi observado para Dowling, PI 229358, IAC 24, KS 4202, TMG 1182 RR, IAC 17, BRS 1003 IPRO, TMG 1188 RR, FTS Campo Mourão RR, NS 7007 IPRO, BRS 391, 95R95 IPRO, 99R09, TMG 1288 RR, TMG 7161 RR sugerindo expressão de antixenose e/ou antibiose. No ensaio sem chance de escolha, os genótipos IAC 19, TMG 1288 RR, TMG 1182 RR, 99R09, Dowling, TMG 2375 IPRO apresentaram as menores médias para ovos e ninfas. Plantas com maior densidade de tricomas foram preferidas por adultos de *B. tabaci* MED e, conseqüentemente, mais colonizadas por esse inseto. Genótipos com menor luminosidade e menor intensidade de verde e amarelo foram mais atrativos. O período de incubação dos ovos de MEAM1 e MED foi de aproximadamente 9 dias. O período ninfal e de desenvolvimento ovo-adulto de MEAM1 foi prolongado nos genótipos TMG 1180 RR, Conquista, 99R09, KS 4202 e BRB 15-237.527, revelando expressão de resistência moderada. Os genótipos

50152 RSF IPRO, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO prolongaram o desenvolvimento ovo-adulto de MED. A viabilidade ninfal de MEAM1 foi reduzida nos genótipos IAC 74-2832, Dowling, BRS 391, TMG 2375 IPRO, FTS Campo Mourão RR e IAC 24. Os genótipos TMG 2375 IPRO, TMG 1288 RR e BRS 1003 IPRO reduziram a viabilidade ninfal de MED. Correlação negativa foi observada entre flavonoides totais e a viabilidade ninfal de MEAM1. Houve correlação positiva entre compostos fenólicos e a viabilidade ninfal de MEAM1. Apenas os genótipos IAC 74-2832 e TMG 2375 IPRO apresentaram rutina e genistina. Em síntese, os genótipos IAC 24, IAC 19, Dowling, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO foram os menos colonizados por MED em ensaios com e sem chance de escolha. Além disso, alguns materiais reduziram a viabilidade ninfal de MEAM1 e MED. Desse modo, os resultados deste estudo revelam fontes de resistência a *B. tabaci* MEAM1 e MED.

**Palavras-chave:** antibiose; antixenose; resistência de plantas; fatores de resistência; espécies crípticas.

## ABSTRACT

The productivity of soybean, [*Glycine max* (L.) Merrill], can be limited due to phytosanitary problems, such as the attack by insect pests. The cryptic species of *Bemisia tabaci*, MEAM1 (Middle East Asia Minor 1) and MED (Mediterranean), are invasive pests that cause significant damage to several crops, including soybeans. Chemical control has been the main strategy used to manage *B. tabaci* populations, however, several cases of insecticide resistance have already been reported for MEAM1 and MED. The use of resistant plants is considered an efficient method for insect control. Therefore, the objective of this study was to evaluate the resistance of soybean genotypes to *B. tabaci* MEAM1 and MED. Preliminary, no-choice assays were conducted for MED on 90 soybean genotypes. Subsequently, 35 genotypes were selected for subsequent no-choice and multiple-choice assays for MED. Additionally, factors associated with resistance, such as leaf color and trichome characteristics, were evaluated. The performance of *B. tabaci* MEAM1 and MED was assessed measuring the egg incubation period, nymphal period, egg-adult development period, and nymphal viability. In addition, analyses of total phenolic compounds, total flavonoids, rutin, genistein, and salicylic acid of soybean genotypes were carried out. The genotypes KS 4202, TMG 1188 RR, M 7739 IPRO, 65I65 RSF IPRO, and PI 229358 were the least preferred by adults of *B. tabaci* MED in choice test, indicating antixenosis expression. In the multiple-choice test, a low number of nymphs was observed for Dowling, PI 229358, IAC 24, KS 4202, TMG 1182 RR, IAC 17, BRS 1003 IPRO, TMG 1188 RR, FTS Campo Mourão RR, NS 7007 IPRO, BRS 391, 95R95 IPRO, 99R09, TMG 1288 RR, TMG 7161 RR, suggesting expression of antixenosis and/or antibiosis. In the no-choice test, the genotypes IAC 19, TMG 1288 RR, TMG 1182 RR, 99R09, Dowling, and TMG 2375 IPRO presented the lowest averages for eggs and nymphs. Plants with a higher density of trichomes were preferred by adults of *B. tabaci* MED and, consequently, were more colonized by this insect. Genotypes with lower luminosity and lower intensity of green and yellow were more attractive to whiteflies. The incubation period for MEAM1 and MED eggs was approximately 9 days. The nymphal period and egg-adult development of MEAM1 were prolonged in the genotypes TMG 1180 RR, Conquista, 99R09, KS 4202, and BRB 15-237.527, indicating a moderate level of resistance. The genotypes 50I52 RSF IPRO, TMG 1288

RR, and TMG 2375 IPRO prolonged the egg-adult development of MED. The nymphal viability of MEAM1 was reduced by the genotypes IAC 74-2832, Dowling, BRS 391, TMG 2375 IPRO, FTS Campo Mourão RR, and IAC 24. The genotypes TMG 2375 IPRO, TMG 1288 RR, and BRS 1003 IPRO reduced the nymphal viability of MED. A negative correlation was observed between total flavonoids and nymphal viability of MEAM1. There was a positive correlation between phenolic compounds and nymphal viability of MEAM1. Only the genotypes IAC 74-2832 and TMG 2375 IPRO presented rutin and genistin. In summary, the genotypes IAC 24, IAC 19, Dowling, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR, and TMG 2375 IPRO were the least colonized by MED in both multiple-choice and no-choice assays. Furthermore, some materials reduced nymphal viability of MEAM1 and MED. Thus, the results of this study reveal sources of resistance to *B. tabaci* MEAM1 and MED.

**Keywords:** antibiosis; antixenosis; plant resistance; resistance factors; cryptic species.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

### Capítulo 1 – INFLUÊNCIA DE FATORES FÍSICOS E MORFOLÓGICOS NA PREFERÊNCIA E COLONIZAÇÃO DE *Bemisia tabaci* MED EM GENÓTIPOS DE SOJA

- Figura 1 - Média ( $\pm$  EP) do número de adultos de *Bemisia tabaci* MED, por folíolo em 35 genótipos de soja, após 24, 48 e 72 h de infestação, em ensaio com chance de escolha, em casa de vegetação. Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott ( $p > 0,05$ ) .....36
- Figura 2 - Microscopia eletrônica de varredura de tricomas na superfície abaxial de folíolos de genótipos de soja: (A) IAC 24, (B) Dowling, (C) PI 229358, (D) TMG 1288 RR, (E) BRS 1003 IRPO, (F) FTS Campo Mourão RR, (G) Ultra BMX, (H) 99R09. De A a D genótipos com menor densidade de tricomas, de E a H genótipos com maior densidade de tricomas .....43

### Capítulo 2 – PERFORMANCE DE *Bemisia tabaci* MEAM1 E MED EM GENÓTIPOS DE SOJA COM DIFERENTES NÍVEIS DE FLAVONOIDES

- Figura 1 - Concentrações de compostos fenólicos totais (a) e flavonoides totais (b) (mg/g) em folhas de 35 genótipos de soja .....70



## LISTA DE TABELAS

### Capítulo 1 – INFLUÊNCIA DE FATORES FÍSICOS E MORFOLÓGICOS NA PREFERÊNCIA E COLONIZAÇÃO DE *Bemisia tabaci* MED EM GENÓTIPOS DE SOJA

- Tabela 1 – Média ( $\pm$  EP) do número de ovos e ninfas  $\text{cm}^2$  de *Bemisia tabaci* MED em 90 genótipos de soja e suas respectivas origens .....31
- Tabela 2 – Média ( $\pm$  EP) do número de ovos, ninfas e adultos emergidos de *Bemisia tabaci* MED por  $\text{cm}^2$  em 35 genótipos de soja, após 48 DAI, em ensaio com chance de escolha, em casa de vegetação .....37
- Tabela 3 – Média ( $\pm$  EP) do número de ovos, ninfas e adultos emergidos de *Bemisia tabaci* MED por  $\text{cm}^2$  em 35 genótipos de soja, após 48 DAI, em ensaio sem chance de escolha, em casa de vegetação.....39
- Tabela 4 – Média ( $\pm$  EP) da densidade ( $\text{cm}^2$ ), tamanho ( $\mu\text{m}$ ), ângulo de inclinação ( $^\circ$ ) de tricomas e parâmetros colorimétricos ( $L^*$ ,  $a^*$  e  $b^*$ ) de 35 genótipos de soja.....41
- Tabela 5 – Coeficientes de correlação de Spearman ou Pearson<sup>a</sup> (r) e probabilidades (P) entre os parâmetros de *Bemisia tabaci* MED e características de tricomas e coloração de genótipos de soja.....45

### Capítulo 2 – PERFORMANCE DE *Bemisia tabaci* MEAM1 E MED EM GENÓTIPOS DE SOJA COM DIFERENTES NÍVEIS DE FLAVONOIDES

- Tabela 1 – Genótipos de soja avaliados para resistência a *B. tabaci* MEAM1 e MED.....61
- Tabela 2 – Médias ( $\pm$  EP) do período de incubação, do período ninfal, desenvolvimento ovo-adulto e viabilidade ninfal de *Bemisia tabaci* MEAM1 em 35 genótipos de soja, em casa de vegetação.....67
- Tabela 3 – Médias ( $\pm$  EP) do período de incubação, do período ninfal, desenvolvimento ovo-adulto e viabilidade ninfal de *Bemisia tabaci* MED em 35 genótipos de soja, em casa de vegetação.....68
- Tabela 4 – Concentrações de rutina e genistina ( $\mu\text{g/ml}$ ) em folhas de genótipos de soja.....71
- Tabela 5 – Coeficientes de correlação de Spearman ou Pearson<sup>a</sup> (r) e probabilidades (P) entre os parâmetros de *Bemisia tabaci* MEAM1 e MED e a concentração de compostos fenólicos totais e flavonoides totais genótipos de soja.....72



## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>19</b>
<b>CAPÍTULO 1 - INFLUÊNCIA DE FATORES FÍSICOS E MORFOLÓGICOS NA PREFERÊNCIA E COLONIZAÇÃO DE <i>Bemisia tabaci</i> MED EM GENÓTIPOS DE SOJA.....</b>	<b>23</b>
1.1 INTRODUÇÃO.....	25
1.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	26
1.2.1 Criação estoque de <i>B. tabaci</i> MEAM1 e MED.....	26
1.2.2 Obtenção dos genótipos de soja.....	27
1.2.3 <i>Screening</i> .....	27
1.2.4 Ensaio com chance de escolha.....	27
1.2.5 Ensaio sem chance de escolha.....	28
1.2.6 Análise de tricomas.....	28
1.2.7 Análise colorimétrica das folhas.....	29
1.2.8 Análises estatísticas.....	29
1.3 RESULTADOS.....	30
1.3.1 <i>Screening</i> .....	30
1.3.2 Ensaio com chance de escolha.....	35
1.3.3 Ensaio sem chance de escolha.....	38
1.3.4 Análise de tricomas.....	40
1.3.5 Análise colorimétrica das folhas.....	40
1.3.6 Correlações.....	44
1.4 DISCUSSÃO.....	46
1.5 CONCLUSÃO.....	49
REFERÊNCIAS.....	50
<b>CAPÍTULO 2 - PERFORMANCE DE <i>Bemisia tabaci</i> MEAM1 E MED EM GENÓTIPOS DE SOJA COM DIFERENTES NÍVEIS DE FLAVONOIDES.....</b>	<b>57</b>
2.1 INTRODUÇÃO.....	59
2.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	60
2.2.1 Obtenção dos genótipos.....	60

2.2.2	Criação estoque de <i>B. tabaci</i> MEAM1 e MED.....	62
2.2.3	Biologia de <i>B. tabaci</i> MEAM1 e MED.....	62
2.2.4	Análises de compostos fenólicos totais e flavonoides totais.....	63
2.2.5	Extração, Identificação e quantificação de metabólitos secundários usando HPLC.....	64
2.2.6	Análises estatísticas.....	64
2.3	RESULTADOS.....	65
2.3.1	Biologia de <i>B. tabaci</i> MEAM1 e MED.....	65
2.3.2	Compostos fenólicos totais e flavonoides totais.....	69
2.3.3	Rutina, genisteína, genistina e ácido salicílico.....	69
2.3.4	Correlações.....	69
2.4	DISCUSSÃO.....	73
	CONCLUSÃO.....	76
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>77</b>
	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS.....</b>	<b>82</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>83</b>

## INTRODUÇÃO GERAL

A produção de soja, [*Glycine max* (L.) Merrill], está entre as atividades econômicas que apresentaram maiores índices de crescimento nas últimas décadas. A soja é uma das principais *commodities* do agronegócio brasileiro, sendo um dos produtos mais importantes de exportação no país (Hirakuri; Lazzarotto, 2014). Estima-se que o Brasil produzirá 162.420,9 milhões de toneladas de soja na safra 2023/24, representando um acréscimo de 5,1% em relação à safra anterior e garantindo ao país a primeira posição entre os principais países produtores desse grão (Conab, 2023). No entanto, a produtividade dessa cultura pode ser limitada em virtude de problemas fitossanitários, como o ataque de insetos-praga.

A mosca-branca, *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae), é um inseto polífago considerado praga em diversas culturas de importância econômica, inclusive da soja (Vieira *et al.*, 2011). Esse inseto afeta o desenvolvimento vegetativo e reprodutivo das plantas devido à sucção contínua de seiva e introdução de toxinas (Gallo *et al.*, 2002; Zaidi; Briddon; Mansoor, 2017). A liberação de *honeydew* por *B. tabaci* favorece o desenvolvimento de fungos do gênero *Capnodium* sp. sobre os tecidos vegetais, o que compromete a capacidade fotossintética das plantas em decorrência da presença de fumagina (Cameron *et al.*, 2013; Cuthbertson; Vänninen, 2015). Além disso, essa praga é vetora de diversos tipos de vírus, incluindo o vírus da necrose da haste da soja (*Cowpea mild mottle virus* - CpMMV), que pode provocar significativas perdas na produção da cultura (Marubayashi *et al.*, 2010).

*Bemisia tabaci* é atualmente considerada um complexo composto por espécies crípticas, com mais de 40 espécies reconhecidas (De Barro *et al.*, 2011; Boykin; De Barro, 2014). As populações das espécies de *B. tabaci* são morfologicamente indistinguíveis. Podem exibir características moleculares variáveis e diferentes comportamentos biológicos em relação à gama de hospedeiros, eficiência na transmissão de vírus, capacidade de causar fitotoxicidade, grau de fecundidade e resistência a inseticidas (Brown, 2000; Liu *et al.*, 2012; Sun *et al.*, 2014; Yao *et al.*, 2017; Watanabe *et al.*, 2019).

O método utilizado atualmente para determinar a espécie de *B. tabaci* baseia-se nas informações genéticas fornecidas pela análise da sequência genética da subunidade citocromo-oxidase mitocondrial I (mtCOI) (Dinsdale *et al.*, 2010; De Barro *et al.*, 2011). Além disso, a incompatibilidade de acasalamento evidencia a existência

de espécies distintas com base na distância genética (Barbosa *et al.*, 2014a). Assim, indivíduos de diferentes espécies são isolados reprodutivamente (Xu; De Barro; Liu, 2010; Liu; Colvin; De Barro, 2012a).

No Brasil, as populações de *B. tabaci* pertencentes à espécie invasiva *Middle East-Asia Minor 1* (MEAM1, conhecida como biótipo B e *Bemisia argentifolii* Bellows & Perring) ocorrem de forma predominante por todo o país. Duas espécies nativas, *New World 1* (NW1) e *New World 2* (NW2), também foram relatadas em diferentes localidades, associadas a plantas daninhas e raramente em plantas cultivadas (Marubayashi *et al.*, 2013; Barbosa *et al.*, 2014a). Mais recentemente foi relatada a ocorrência da espécie *Mediterranean* (MED, conhecida como biótipo Q) (Barbosa *et al.*, 2014b) e considerada a *B. tabaci stricto sensu* (Tay *et al.* 2012; Brown *et al.* 2023). As espécies de *B. tabaci*, MEAM1 e MED, são as mais invasivas e ocorrem em diversas áreas ao redor do mundo (Hu *et al.*, 2011).

A espécie MEAM1 foi introduzida no Brasil no início dos anos 90 e é considerada uma importante praga para a cultura da soja (Lourenção; Nagai, 1994; Vieira *et al.*, 2011). Já a ocorrência da espécie MED foi relatada mais recentemente (2014) e vem chamando atenção devido à sua alta capacidade de invasão (Barbosa *et al.*, 2014b). Essa espécie críptica tem sido encontrada principalmente em cultivos protegidos de hortaliças, no entanto, sua ocorrência em áreas produtoras de soja tem sido recentemente relatada (Bello *et al.*, 2021).

As espécies MEAM1 e MED diferem em diversos aspectos biológicos, tais como: eficiência na transmissão de viroses, capacidade de causar fitotoxicidade, grau de fecundidade e resistência a inseticidas (Brown, 2000; Liu *et al.*, 2012b; Sun *et al.*, 2014). Quando ocorrem simultaneamente, diversos fatores podem afetar a habilidade competitiva dessas espécies, incluindo a planta hospedeira. Por exemplo, MEAM1 tem maior habilidade em colonizar plantas de tomate, repolho e pepino quando comparada à MED, ao passo que MED desloca MEAM1 em pimentão e em feijão-comum (Sun *et al.*, 2013; Jiao *et al.*, 2014; Hu *et al.*, 2019; Watanabe *et al.*, 2019). Além disso, MED se mostra menos suscetível a diversas classes de inseticidas, o que pode favorecê-la em relação à MEAM1 em áreas onde são utilizados esses produtos (Yao *et al.*, 2017; He *et al.*, 2018).

De modo geral, o controle químico tem sido a principal estratégia utilizada para controlar populações de *B. tabaci*. No entanto, aplicações sucessivas de inseticidas sintéticos têm levado à seleção de populações resistentes desses insetos a uma

ampla gama de inseticidas empregados a campo (He *et al.*, 2018; Hopkinson *et al.*, 2020; Zhou *et al.*, 2020). Além disso, o uso indiscriminado desses produtos pode causar impactos negativos a artrópodes benéficos e contaminação ambiental (Desneux; Decourtye; Delpuech, 2007; stehle; Schulz, 2015). Diante desse cenário, se faz necessária a busca por alternativas para o controle de *B. tabaci* e que, ao mesmo tempo, estejam em consonância com o Manejo Integrado de Pragas (MIP) (Baldin *et al.*, 2017).

O uso de genótipos resistentes é considerado um método interessante para o controle de insetos-praga. Essa prática apresenta diversas características desejáveis, entre elas destacam-se a especificidade para uma ou várias pragas; o efeito cumulativo, atuando em sucessivas gerações de insetos; a persistência por vários anos; a harmonia com o meio ambiente e a compatibilidade com outras táticas de controle. Painter (1951) definiu a resistência de plantas a insetos como a soma relativa de características hereditárias da planta, que influenciam o nível de dano causado pelo inseto. A resistência de plantas pode ser expressa por meio de três categorias: antixenose, antibiose e tolerância. Uma planta apresenta resistência por antixenose quando possui fatores químicos, físicos ou morfológicos que afetam negativamente o comportamento do inseto durante o processo de colonização. A antibiose ocorre quando a planta afeta adversamente a biologia do inseto que a utiliza como hospedeiro, interferindo em seu ciclo de desenvolvimento, reprodução, sobrevivência, entre outros parâmetros biológicos. Já as plantas tolerantes, possuem a capacidade de resistir ou de se recuperar de danos causados por insetos (Lara, 1991; Painter, 1951; Smith, 2005; Baldin; Vendramim; Lourenção, 2019).

As plantas possuem um eficiente sistema de defesas contra a herbivoria, resultado de vários mecanismos de resistência, que envolvem as defesas físicas, morfológicas e químicas (Lara, 1991; Schoonhoven; Van Loon; Dicke, 2005). As causas físicas de resistência de plantas referem-se às radiações, ou seja, à cor do substrato. A cor pode influenciar a seleção do hospedeiro pelo inseto, afetando, conseqüentemente, sua alimentação e oviposição (Lara, 1991; Smith, 2005; Baldin; Vendramim; Lourenção, 2019). Dentre os fatores morfológicos, a textura e a consistência da epiderme devem ser levadas em consideração (Lara, 1991). Além disso, a presença de ceras epicuticulares e de tricomas na superfície dos tecidos vegetais pode dificultar a alimentação e o caminhar dos insetos, por exemplo (Fürstenberg-Hägg; Zagrobelny; Bak, 2013).

As causas químicas de resistência das plantas estão principalmente relacionadas a compostos provenientes de seu metabolismo secundário (Agrawal; Weber, 2015; Gols, 2014). Tais compostos podem atuar como repelentes a insetos fitófagos reduzindo sua colonização e oviposição na planta ou mesmo afetar negativamente seu metabolismo, atuando como toxinas ou inibidores da digestão. Além disso, a impropriedade nutricional da planta, seja pela deficiência qualitativa ou quantitativa de nutrientes, é um fator químico de resistência das plantas (Lara, 1991; Schoonhoven; Van Loon; Dicke, 2005).

A resistência de genótipos de soja a *B. tabaci* MEAM1 foi investigada em diferentes estudos, principalmente com relação à caracterização da antibiose e antixenose. Alguns genótipos já demonstraram a expressão de antixenose sobre a mosca-branca (Valle; Lourenção, 2002; Lima; Lara, 2004; Vieira *et al.*, 2011; Valle; Lourenção; Pinheiro, 2012; Baldin *et al.*, 2017). A ocorrência de antibiose também já foi relatada; porém, em níveis mais baixos (Cruz; Baldin, 2017). Desse modo, estudos mais atuais, envolvendo um maior número de genótipos, com elevada variabilidade genética, são necessários visando à busca por fontes mais expressivas de resistência à mosca-branca MEAM1 e MED.

Diante da importância da soja para o Brasil e dos danos que a mosca-branca causa a essa cultura, faz-se necessária a busca por métodos de controle compatíveis com o MIP. Desse modo, o objetivo deste estudo foi a caracterização da expressão da resistência e os fatores associados em um amplo germoplasma de soja sobre as espécies crípticas de *B. tabaci* MEAM1 e MED. Os resultados deste trabalho podem ser úteis para programas de melhoramento genético com foco no desenvolvimento de cultivares de soja resistentes a *B. tabaci* MEAM1 e MED, além de fornecer informações sobre o estabelecimento de *B. tabaci* MED na cultura da soja.

## CAPÍTULO 1

### **INFLUÊNCIA DE FATORES FÍSICOS E MORFOLÓGICOS NA PREFERÊNCIA E COLONIZAÇÃO DE *Bemisia tabaci* MED EM GENÓTIPOS DE SOJA**

Ana Paula Santana Lima<sup>a</sup>, Edson Luiz Lopes Baldin<sup>a</sup>, Thais Lohaine Braga dos Santos<sup>a</sup>, Alisson da Silva Santana<sup>b</sup>, Isabella Rubio Cabral<sup>a</sup>, Aline Marques Pinheiro<sup>a</sup>, Renate Krause Sakate<sup>a</sup>, André Luiz Lourenção<sup>c</sup>

<sup>a</sup>Departamento de Proteção Vegetal, Universidade Estadual Paulista, 18610-034, Botucatu, São Paulo, Brasil.

<sup>b</sup>West Central Research, Extension and Education Center, Department of Entomology, University of Nebraska-Lincoln, NE 69101, North Platte, United States.

<sup>c</sup>Departamento de Entomologia e Acarologia, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 13418-900, Piracicaba, São Paulo, Brasil.

---

<sup>1</sup> Capítulo redigido de acordo com as normas do periódico *Gesunde Pflanzen*

**Resumo:** A mosca-branca, *Bemisia tabaci Mediterranean* (MED), é uma praga invasiva que ataca diversas culturas, incluindo a soja. Há relatos da resistência desse inseto a diferentes classes de inseticidas, o que dificulta seu controle. O uso da resistência de plantas pode ser uma alternativa para o manejo dessa praga. O objetivo deste estudo foi avaliar a resistência de genótipos de soja a *B. tabaci* MED, além da influência de fatores físicos e morfológicos possivelmente relacionados. Inicialmente, foi realizado um ensaio preliminar sem chance de escolha com 90 genótipos de soja. Posteriormente, 35 materiais foram selecionados para ensaios subsequentes com e sem chance de escolha. A colonização por *B. tabaci* MED foi avaliada por meio da contagem do número de ovos, ninfas e adultos emergidos por cm<sup>2</sup>, 48 dias após infestação (DAI) dos genótipos. Análises de tricomas e coloração foliar das plantas também foram realizadas, com o objetivo de correlacionar esses fatores com a preferência e colonização de *B. tabaci* MED. Os genótipos KS 4202, TMG 1188 RR, M 7739 IPRO, 65I65 RSF IPRO e PI 229358 foram os menos preferidos por adultos de *B. tabaci* MED. No ensaio com chance de escolha, os menores números de ovos e ninfas/cm<sup>2</sup> foram observados para os genótipos Dowling, PI 229358, IAC 24, KS 4202. Baixo número de ninfas também foi observado para TMG 1182 RR, IAC 17, BRS 1003 IPRO, TMG 1188 RR, FTS Campo Mourão RR, NS 7007 IPRO, BRS 391, 95R95 IPRO, 99R09, TMG 1288 RR, TMG 7161 RR sugerindo expressão de antixenose e/ou antibiose. Os genótipos IAC 19, TMG 1288 RR, TMG 1182 RR, 99R09, Dowling, TMG 2375 IPRO apresentaram os menores números de ovos e ninfas no ensaio sem chance de escolha. Genótipos com maior densidade de tricomas foram mais preferidos por adultos de *B. tabaci* MED e, conseqüentemente, mais colonizados por esse inseto. Plantas com folhas de menor luminosidade e menor intensidade de verde e amarelo foram mais atrativas. De modo geral, os genótipos IAC 24, IAC 19, Dowling, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO foram menos colonizadas por *B. tabaci* MED em ambos os ensaios sendo, desse modo, considerados fontes promissoras de resistência para *B. tabaci* MED.

**Palavras-chave:** resistência de plantas, tricomas, colorimetria, antixenose, antibiose

## 1.1 INTRODUÇÃO

A mosca-branca *Bemisia tabaci* é composta por um grupo de espécies crípticas morfologicamente indistinguíveis, sendo necessário o uso de marcadores moleculares para a identificação das espécies (De Barro et al. 2011; Boykin and De Barro 2014; Brown et al. 2023). Duas dessas espécies são consideradas invasivas, *Middle East Asia Minor 1* (MEAM1, conhecida como biótipo B e *Bemisia argentifolii* Bellows & Perring) e *Mediterranean* (MED, conhecida como biótipo Q e considerada a *B. tabaci stricto sensu*) (Tay et al. 2012; Brown et al. 2023). Esses insetos causam danos a várias espécies de plantas cultivadas, incluindo soja, algodão, tomate e feijão (Vieira et al. 2011; De Barro et al. 2011; Ramos et al. 2018).

A mosca-branca *B. tabaci* MEAM1 foi reportada pela primeira vez no Brasil em 1991, e ocorre de forma predominante (Lourenção and Nagai 1994; Moraes et al. 2018). Desde a sua introdução, esse inseto tem ganhado notoriedade como praga em cultivos de soja, com perdas que podem chegar a até 30% da produtividade dessa cultura (Vieira et al. 2011, 2013). A espécie MED tem ocorrência mais recente no Brasil, sendo relatada pela primeira vez em 2014, associada a plantas ornamentais e hortaliças em cultivo protegido (Barbosa et al. 2014). No entanto, já se tem conhecimento da ocorrência de MED em cultivos abertos de soja nos estados de São Paulo e Paraná (Bello et al. 2021).

Entre os danos causados por *B. tabaci*, está a sucção de seiva do floema, tanto por ninfas quanto por adultos, gerando danos diretos à fisiologia das plantas (Zaidi et al. 2017; Perring et al. 2018). Danos indiretos também são atribuídos a essa praga. A liberação de *honeydew* pelos insetos favorece o crescimento de fungos fuliginosos (*Capnodium* spp.), que causam fumagina, resultando em uma significativa redução da capacidade fotossintética total da planta (Cameron et al. 2013; Cuthbertson and Vänninen 2015). *Bemisia tabaci* também atua como vetor de vírus em plantas (Gilbertson et al. 2015). No Brasil, a transmissão do vírus da necrose da haste da soja (*Cowpea mild mottle virus* - CpMMV) pode ser realizada de forma eficiente por MED e MEAM1, o que intensifica os problemas causados por moscas brancas nessa cultura (Bello et al. 2019).

O manejo de *B. tabaci* tem se tornado um desafio, e geralmente, o controle dessa praga é realizado utilizando inseticidas sintéticos. No entanto, vários casos de resistência já foram reportados (Hopkinson et al. 2020; Zhou et al. 2020),

principalmente para *B. tabaci* MED que apresenta maior capacidade destoxicativa e, conseqüentemente, níveis mais elevados de resistência quando comparada a MEAM1 (Horowitz et al. 2005; Sun et al. 2013; He et al. 2018), sendo menos suscetível a esse tipo de controle. Diante disso, outras estratégias de manejo devem ser adotadas visando à redução de populações dessa praga.

O uso de plantas resistentes pode auxiliar no manejo de *B. tabaci* em soja (Cruz and Baldin 2017). As plantas resistentes podem expressar antibiose, afetando a biologia do inseto-praga e antixenose influenciando o comportamento dos insetos, resultando na redução de suas populações (Canassa et al. 2020; Morando et al. 2021; Santos et al. 2023). Há ainda as plantas tolerantes que não afetam a biologia e o comportamento dos insetos, e mesmo com alta incidência da praga, a planta consegue se recuperar e manter-se produtiva (Smith 2005; Baldin et al. 2019). Diversos estudos foram realizados visando a avaliar a resistência de genótipos de soja a *B. tabaci* MEAM1, o que permitiu identificar algumas fontes de resistência por antixenose e/ou antibiose (Valle and Lourenção 2002; Vieira et al. 2011, 2016; Cruz and Baldin 2017; Baldin et al. 2017). No entanto, até aqui, estudos que visam a avaliar a resistência de genótipos de soja para *B. tabaci* MED ainda não foram realizados.

Inúmeros fatores estão envolvidos na expressão da resistência de plantas a insetos. Dentre os mecanismos de defesa das plantas estão uma série de características morfológicas, por exemplo, tricomas, ceras superficiais e dureza das folhas (Smith 2005; Baldin et al. 2019). Além disso, o espectro de cor expresso pelos vegetais pode influenciar a sua utilização como hospedeiro, podendo ser determinante na atração ou repelência de insetos (Santos et al. 2020). Diante do potencial de *B. tabaci* MED como praga e da falta de informação sobre fontes de resistência em plantas de soja no Brasil, esse estudo visou identificar genótipos de soja resistentes por antixenose e/ou antibiose a essa praga invasiva, além de tentar compreender os aspectos relacionados à resistência, por meio da caracterização dos tricomas das plantas e da coloração das folhas.

## **1.2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **1.2.1 Criação estoque de *B. tabaci* MED**

A população inicial de *B. tabaci* MED foi obtida em cultivo de pimentão em estufa, em São Miguel do Arcanjo, SP. A confirmação da espécie foi obtida conforme protocolos descritos por De Barro et al. (2003). Os insetos foram mantidos em gaiolas

metálicas (3,0 x 3,0 x 2,5 m), revestidas lateralmente por tela antiafídeo e com teto coberto com lona plástica transparente e sombrite. Plantas de poinsettia [*Euphorbia pulcherrima* (Willd.)], pimentão (*Capsicum annuum* L.) e pimentas ornamentais (*Capsicum* spp.) foram fornecidas como fonte de alimento e abrigo. As plantas foram cultivadas em vasos plásticos (2,5 L), sendo estas periodicamente irrigadas e substituídas conforme a necessidade.

### **1.2.2 Obtenção dos genótipos de soja**

Inicialmente, foram avaliados 90 genótipos de soja (Tabela 1). As plantas foram cultivadas em vasos plásticos (2,5 L) contendo substrato, composto por solo (Latossolo Vermelho-escuro), areia e matéria orgânica (esterco de curral curtido), na proporção de 1:1:1. Foi realizada a adubação do substrato conforme a recomendação para a cultura (Cantarella et al. 2022). As plantas foram mantidas em casa de vegetação, livre da infestação de insetos. Foram utilizadas plantas em estágio fenológico V3/V4 (Fehr and Caviness 1977) em todos os ensaios, as quais foram mantidas em cultivo protegido, sem infestação de insetos.

### **1.2.3 Screening**

O ensaio de *screening* foi realizado em casa de vegetação. Plantas de 90 genótipos de soja foram acondicionadas individualmente no interior de gaiolas metálicas revestidas com tecido *voil* (35 cm de diâmetro x 55 cm de altura) e infestadas com 50 casais de *B. tabaci* MED. Aos 21 dias após a infestação (21 DAI), seis folíolos (dois de cada terço da planta), foram retirados para contagem do número de ovos e ninfas presentes na superfície abaxial dos mesmos, sob microscópio estereoscópico (40x). Posteriormente à contagem, foi mensurada a área foliar, com auxílio de medidor LI 3000A (LI-COR Inc., Lincoln, NE, EUA), para a determinação do número de ovos e ninfas por cm<sup>2</sup> (Baldin et al. 2005; Cruz and Baldin 2017). O ensaio foi realizado em delineamento experimental inteiramente casualizado com 90 tratamentos (genótipos) e quatro repetições. Ao final desta etapa, foram selecionados 35 genótipos, os quais foram utilizados nas etapas subsequentes.

### **1.2.4 Ensaio com chance de escolha**

Para avaliar a preferência de *B. tabaci* MED, vasos contendo plantas de cada genótipo foram dispostos ao acaso e em círculo no interior de gaiolas metálicas,

similares à descrita para criação. As plantas foram espaçadas 15 cm entre si, para evitar o contato entre suas folhas. Posteriormente, foram realizadas as liberações das moscas-brancas a partir do chão e ao centro, numa proporção de 50 casais por genótipo (Baldin et al. 2005; Cruz and Baldin 2017). Após 24, 48 e 72 h da infestação e com auxílio de um espelho, foram realizadas as contagens de adultos presentes na região abaxial de seis folíolos (dois de cada terço da planta).

Aos 48 DAI, foram coletados seis folíolos de cada planta para quantificação do número de ovos, ninfas e exúvias deixadas pelos adultos após a emergência (adultos emergidos) presentes na superfície abaxial com o auxílio de um microscópio estereoscópio (40x). Após a contagem, foi medida a área foliar para a determinação do número de ovos, ninfas e adultos emergidos por cm<sup>2</sup>. O ensaio foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com 35 tratamentos (genótipos) e oito repetições. Cada gaiola, contendo os vasos de todos os genótipos e insetos, foi considerada uma repetição.

### **1.2.5 Ensaio sem chance de escolha**

Este experimento foi realizado seguindo a metodologia utilizada no *screening*, no entanto, as avaliações do número de ovos, ninfas e adultos emergidos das plantas foram realizadas aos 48 DAI. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com 35 tratamentos (genótipos) e quatro repetições.

### **1.2.6 Análise de tricomas**

A densidade, inclinação e comprimento de tricomas foram avaliados em folíolos do terço médio das plantas, sendo essas avaliações realizadas na região mediana de cada folíolo, ao lado direito da nervura central. A densidade de tricomas foi quantificada por meio da contagem do número de tricomas presentes em 1 cm<sup>2</sup> da superfície abaxial dos folíolos, sob microscópio estereoscópico, com aumento de 40x. Com auxílio de microscópio estereoscópico de alta resolução Hirox (KH-8700, Hirox), foram mensurados o comprimento e o ângulo de inclinação em relação ao ângulo de 90° formado entre o tricoma e a superfície da folha, com o auxílio do software Scandiun. O delineamento foi o inteiramente casualizado, com 35 tratamentos (genótipos) e oito repetições, sendo cada folíolo considerado uma repetição

Para a obtenção de imagens detalhadas dos tricomas, amostras dos folíolos foram submetidas a microscópio eletrônico de varredura JEOL JSM-IT300 LV (Tokyo, Japão) a 20 kV, sendo as imagens digitalizadas.

### **1.2.7 Análise colorimétrica das folhas**

A avaliação dos parâmetros de cor foi realizada na superfície adaxial de folíolos do terço médio das plantas, por meio da reflectância no espaço de cor CIE em colorímetro Minolta Color Reader 300, que determina os parâmetros  $L^*$  (luminosidade),  $a^*$  (intensidade de verde) e  $b^*$  (intensidade de amarelo). O valor de  $L^*$  pode variar de 0 (preto) a 100 (branco). O valor de  $a^*$  é representado por números positivos quando o objeto for vermelho, e por números negativos quando o objeto for verde. O valor de  $b^*$  é positivo quando o objeto for amarelo e negativo quando for azul. O ensaio foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com 35 tratamentos (genótipos) e oito repetições, sendo cada folíolo considerado uma repetição.

### **1.2.8 Análises estatísticas**

Inicialmente, verificou-se a normalidade de resíduos e a homogeneidade de variâncias por meio dos testes de Shapiro-Wilk e de Bartlett, respectivamente. Quando as pressuposições de normalidade e homogeneidade foram aceitas, os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott ( $p > 0.05$ ). Quando as pressuposições não foram satisfeitas, realizou-se uma análise de cluster em duas etapas, começando com o procedimento fastclus (PROC FASTCLUS, SAS) para identificar os clusters iniciais, seguido pelo procedimento cluster (PROC CLUSTER, SAS) usando uma estrutura hierárquica. O procedimento fastclus usa distâncias euclidianas, portanto os centros do cluster são baseados em estimativas de mínimos quadrados (LSE). Nesse método de agrupamento, também chamado de modelo 'k-means', os centros do cluster são as médias das observações atribuídas a cada cluster quando o algoritmo é executado para completar a convergência entre os clusters. Cada interação reduz o critério dos mínimos quadrados até que a convergência seja alcançada e os grupos sejam definidos. Os clusters foram caracterizados com base na análise de variância e análises do  $\chi^2$  com as variáveis do cluster como resultados da adesão ao cluster. Por fim, as diferenças

entre as variáveis foram verificadas por meio do teste de contrastes entre os grupos, utilizando modelos lineares generalizados usando (PROC GLM- *contrast statement*, SAS)

## 1.3 RESULTADOS

### 1.3.1 *Screening*

Nos testes preliminares, houve diferença significativa entre os tratamentos para número de ovos e ninfas por cm<sup>2</sup> após 21 DAI (Tabela 1). Os genótipos menos ovipositados, em número de 17, apresentaram número de ovos por cm<sup>2</sup> menor ou igual a 1,04. Os genótipos PI 227687, M 7739 IPRO, BRS 539 e IAC 74-2832 apresentaram maior número de ovos. Por outro lado, 26 genótipos apresentaram número de ninfas por cm<sup>2</sup>, inferior a 1,23 e foram significativamente diferentes dos demais tratamentos. Os genótipos M 7739 IPRO, M 8644 IPRO, IAC 74-2832, PI 229358, NS 7007 IPRO, TMG 7161 RR, PI 274454, NS 6700 IPRO e 97R50 IPRO apresentaram maior infestação por ninfas, com números variando entre 4,57 e 3,03 ninfas por cm<sup>2</sup>.

A partir desses resultados, foram selecionados 35 genótipos para ensaios posteriores, levando em consideração o número de ninfas por cm<sup>2</sup> como critério de seleção. Foram selecionados 25 genótipos menos infestados por ninfas (considerados mais resistentes) e oito com maior infestação (considerados mais suscetíveis). Além destes, os genótipos IAC 17 e IAC 19 foram incluídos nos ensaios posteriores devido ao seu histórico de resistência a outras pragas (Canassa et al. 2017; Souza et al. 2017; Coelho et al. 2020; Ongaratto et al. 2021). Os genótipos M 8866 IPRO e M 8644 IPRO (entre os menos e mais infestados, respectivamente) não foram utilizados nos ensaios subsequentes devido à baixa disponibilidade de sementes.

**Tabela 1.** Média ( $\pm$  EP) do número de ovos e ninfas por  $\text{cm}^2$  de *Bemisia tabaci* MED em 90 genótipos de soja e suas respectivas origens.

<b>Genótipo</b>	<b>Ovos/<math>\text{cm}^2</math></b>	<b>Ninfas/<math>\text{cm}^2</math></b>	<b>Origem</b>
TMG 1180 RR	2,03 $\pm$ 0,17 e	0,46 $\pm$ 0,03 f	Tropical Melhoramento & Genética
Ultra BMX	1,25 $\pm$ 0,23 f	0,64 $\pm$ 0,12 f	BRASMAX Genética
TMG 1288 RR	0,86 $\pm$ 0,09 g	0,67 $\pm$ 0,10 f	Tropical Melhoramento & Genética
Anta 82 RR	1,25 $\pm$ 0,18 f	0,72 $\pm$ 0,09 f	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 1182 RR	1,37 $\pm$ 0,12 f	0,79 $\pm$ 0,06 f	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 2375 IPRO	0,44 $\pm$ 0,05 g	0,88 $\pm$ 0,19 f	Tropical Melhoramento & Genética
BRS 1003 IPRO	0,74 $\pm$ 0,16 g	0,89 $\pm$ 0,12 f	Embrapa
IAC 78-2318	1,44 $\pm$ 0,19 f	0,90 $\pm$ 0,08 f	Instituto Agronômico de Campinas - IAC
99R09	0,70 $\pm$ 0,13 g	0,91 $\pm$ 0,17 f	Pioneer Sementes
TMG 7262 RR	1,57 $\pm$ 0,14 e	0,92 $\pm$ 0,13 f	Tropical Melhoramento & Genética
65I65 RSF IPRO	1,40 $\pm$ 0,15 f	0,93 $\pm$ 0,03 f	BRASMAX Genética
ST 721 IPRO	0,66 $\pm$ 0,10 g	0,93 $\pm$ 0,12 f	SoyTech
FTS Campo Mourão RR	0,72 $\pm$ 0,15 g	0,97 $\pm$ 0,09 f	FT Sementes
95R95 IPRO	2,36 $\pm$ 0,29 d	0,97 $\pm$ 0,09 f	Pioneer Sementes
BRB 15 - 237.527	1,04 $\pm$ 0,05 g	0,97 $\pm$ 0,14 f	Embrapa
AS 3680 IPRO	1,41 $\pm$ 0,19 f	1,02 $\pm$ 0,08 f	Agroeste
TMG 2378 IPRO	0,63 $\pm$ 0,06 g	1,05 $\pm$ 0,09 f	Tropical Melhoramento & Genética
IAC 24	1,98 $\pm$ 0,14 e	1,05 $\pm$ 0,07 f	IAC
Dowling (PI 548663)	1,84 $\pm$ 0,24 e	1,08 $\pm$ 0,06 f	USDA-EUA
KS 4202	1,09 $\pm$ 0,18 f	1,08 $\pm$ 0,27 f	Universidade de Nebraska (EUA)
M 8866 IPRO	0,57 $\pm$ 0,10 g	1,14 $\pm$ 0,40 f	Monsoy

DS 6217 IPRO	1,81 ± 0,25 e	1,15 ± 0,35 f	Brevant Sementes
50I52 RSF IPRO	0,91 ± 0,04 g	1,15 ± 0,08 f	BRASMAX Genética
TMG 1188 RR	1,16 ± 0,24 f	1,16 ± 0,12 f	Tropical Melhoramento & Genética
Conquista	1,62 ± 0,22 e	1,21 ± 0,09 f	Embrapa
BRS 391	1,16 ± 0,19 f	1,23 ± 0,18 f	Embrapa
P98Y51	1,38 ± 0,18 f	1,36 ± 0,20 e	Pioneer Sementes
TMG 2286 IPRO	1,33 ± 0,17 f	1,36 ± 0,20 e	Tropical Melhoramento & Genética
BRS 8381	3,28 ± 0,06 c	1,36 ± 0,25 e	Embrapa
BRS 539	4,69 ± 0,12 b	1,37 ± 0,20 e	Embrapa
96Y90 RR	0,66 ± 0,12 g	1,41 ± 0,19 e	Pioneer Sementes
NS 7901 RR	1,68 ± 0,18 e	1,52 ± 0,15 e	Nidera Sementes
BMX Potência RR	1,25 ± 0,06 f	1,52 ± 0,18 e	BRASMAX Genética
ADV 4681 IPRO	0,62 ± 0,06 g	1,53 ± 0,17 e	Advanta Seeds
NA 5909	0,99 ± 0,17 g	1,53 ± 0,22 e	Nidera Sementes
M 5917 IPRO	0,69 ± 0,06 g	1,56 ± 0,14 e	Monsoy
IAC 17	1,34 ± 0,13 f	1,56 ± 0,24 e	IAC
IAC 19	1,33 ± 0,16 f	1,56 ± 0,16 e	IAC
TMG 7063 IPRO	1,88 ± 0,22 e	1,58 ± 0,25 e	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 4377	1,30 ± 0,15 f	1,59 ± 0,26 e	Tropical Melhoramento & Genética
Desafio RR	1,01 ± 0,07 g	1,60 ± 0,12 e	BRASMAX Genética
BMX Bônus IPRO 8579 RSF	1,81 ± 0,30 e	1,60 ± 0,16 e	BRASMAX Genética
Coodetec 208	2,29 ± 0,16 d	1,61 ± 0,18 e	COODETEC
TMG 7067 IPRO	0,99 ± 0,04 g	1,62 ± 0,28 e	Tropical Melhoramento & Genética
BRS 543 RR	1,04 ± 0,08 g	1,67 ± 0,16 e	Embrapa

TMG 7058 IPRO	1,26 ± 0,24 f	1,70 ± 0,09 e	Tropical Melhoramento & Genética
55I57 RSF IPRO	3,27 ± 0,13 c	1,71 ± 0,33 e	BRASMAX Genética
PI 227687	5,46 ± 0,17 a	1,72 ± 0,21 e	Japão
D75-10169	1,80 ± 0,18 e	1,78 ± 0,14 e	IAC
Coodetec 2820	3,36 ± 0,36 c	1,79 ± 0,22 e	COODETEC
IAC 23	1,83 ± 0,25 e	1,86 ± 0,15 e	IAC
TMG 7260 IPRO	2,29 ± 0,17 d	1,86 ± 0,25 e	Tropical Melhoramento & Genética
NS 7780 IPRO	1,90 ± 0,14 e	1,92 ± 0,19 e	Nidera Sementes
Jackson (PI 548657)	2,61 ± 0,25 d	1,98 ± 0,17 e	USDA-EUA
TMG 7062 IPRO	1,53 ± 0,21 f	1,98 ± 0,12 e	Tropical Melhoramento & Genética
IAC 100	2,33 ± 0,17 d	2,01 ± 0,30 e	IAC
TMG 2379 IPRO	1,84 ± 0,15 e	2,01 ± 0,21 e	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 2383 IPRO	0,99 ± 0,15 g	2,02 ± 0,30 e	Tropical Melhoramento & Genética
M 9144	2,58 ± 0,33 d	2,03 ± 0,13 e	Monsoy
TMG 7363 RR	0,96 ± 0,11 g	2,19 ± 0,08 d	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 4182	1,28 ± 0,18 f	2,22 ± 0,07 d	Tropical Melhoramento & Genética
L1-1-01	2,39 ± 0,23 d	2,22 ± 0,21 d	ESALQ/USP
M 5947 IPRO	1,80 ± 0,12 e	2,24 ± 0,36 d	Monsoy
BRS 284	1,22 ± 0,30 f	2,32 ± 0,17 d	Embrapa
BRS 399 RR	1,24 ± 0,07 f	2,35 ± 0,14 d	Embrapa
TMG 7061 IPRO	1,83 ± 0,29 e	2,43 ± 0,18 d	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 2185 IPRO	3,42 ± 0,28 c	2,45 ± 0,34 d	Tropical Melhoramento & Genética
CZ 48B32 IPRO	1,64 ± 0,20 e	2,46 ± 0,30 d	Credenz
PI 274453	1,60 ± 0,24 e	2,48 ± 0,18 d	Japão

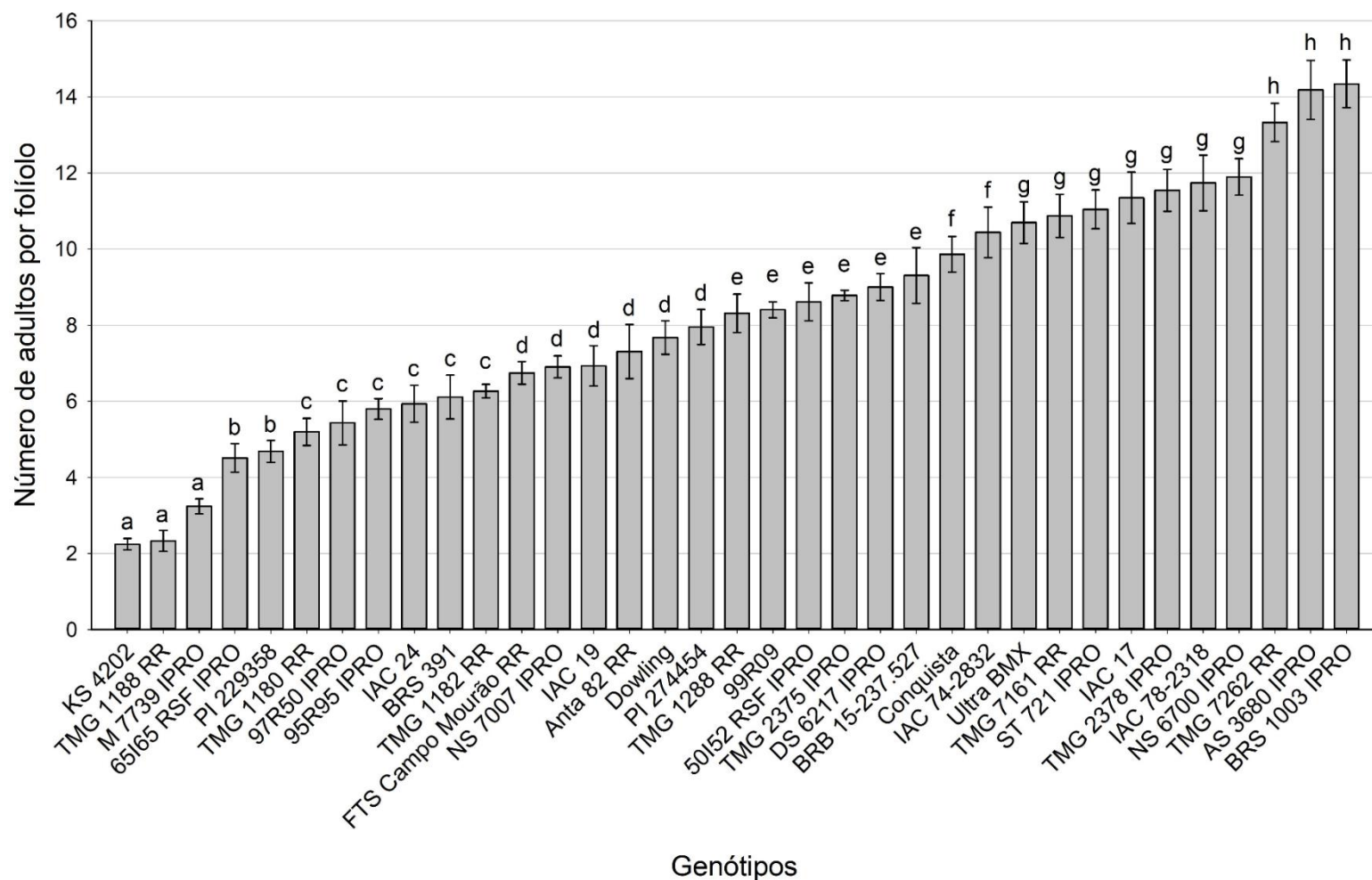
TMG 1179 RR	1,59 ± 0,16 e	2,53 ± 1,31 d	Tropical Melhoramento & Genética
UX 2569-159	1,70 ± 0,20 e	2,55 ± 0,29 d	Universidade de Nebraska (EUA)
PI 171451	1,32 ± 0,24 f	2,59 ± 0,24 c	Japão
TMG 4185	2,45 ± 0,24 d	2,65 ± 0,31 c	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 2165 IPRO	1,94 ± 0,36 e	2,69 ± 0,37 c	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 132 RR	2,26 ± 0,25 d	2,70 ± 0,28 c	Tropical Melhoramento & Genética
CD 2728 IPRO	2,50 ± 0,18 d	2,72 ± 0,27 c	Brevant Sementes
TMG 133 RR	2,26 ± 0,11 d	2,74 ± 0,15 c	Tropical Melhoramento & Genética
96R29 IPRO	3,23 ± 0,20 c	2,81 ± 0,36 c	Pioneer Sementes
BRS 523	1,39 ± 0,22 f	2,89 ± 0,27 c	Embrapa
IAC 18	1,93 ± 0,26 e	2,90 ± 0,20 c	IAC
TMG 2381 IPRO	2,42 ± 0,19 d	2,91 ± 0,28 c	Tropical Melhoramento & Genética
97R50 IPRO	2,14 ± 0,32 d	3,03 ± 0,30 b	Pioneer Sementes
NS 6700 IPRO	1,80 ± 0,19 e	3,07 ± 0,07 b	Nidera Sementes
PI 274454	2,78 ± 0,20 c	3,23 ± 0,19 b	Japão
TMG 7161 RR	1,23 ± 0,18 f	3,25 ± 0,15 b	Tropical Melhoramento & Genética
NS 7007 IPRO	1,69 ± 0,26 e	3,31 ± 0,11 b	Nidera Sementes
PI 229358	1,87 ± 0,35 e	3,56 ± 0,19 b	Japão
IAC 74-2832	4,32 ± 0,26 b	3,57 ± 0,20 b	IAC
M 8644 IPRO	1,25 ± 0,17 f	3,61 ± 1,66 b	Monsoy
M 7739 IPRO	5,23 ± 0,41 a	4,57 ± 0,24 a	Monsoy
<i>P</i>	<0,0001	<0,0001	-

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott ( $p > 0,05$ )

### 1.3.2 Ensaio com chance de escolha

No ensaio com chance de escolha, os genótipos KS 4202, TMG 1188 RR, M 7739 IPRO, 65I65 RSF IPRO e PI 229358 foram os menos preferidos por adultos de *B. tabaci* MED, apresentando números inferiores a 4,68 insetos por folíolo (Figura 1). Já os genótipos Ultra BMX, TMG 7161 RR, ST 721 IPRO, IAC 17, TMG 2378 IPRO, IAC 78-2318, NS 6700 IPRO, TMG 7262 RR, AS 3680 IPRO e BRS 1003 IPRO atraíram o maior número de insetos (10,69 a 14,34 insetos/folíolo).

Houve diferenças significativas entre os tratamentos para o número de ovos, ninfas e adultos emergidos por  $\text{cm}^2$  aos 48 DAI (Tabela 2). As menores taxas de oviposição foram observadas nos genótipos Dowling, Anta 82 RR, PI 229358, IAC 19, IAC 24, Conquista, KS 4202, NS 6700 IPRO e TMG 2375 IPRO, com média igual ou inferior a 0,43 ovos/ $\text{cm}^2$ . Os genótipos TMG 2378 IPRO e ST 721 IPRO apresentaram as maiores médias para oviposição (5,40 e 4,71 ovos/ $\text{cm}^2$ , respectivamente) e colonização por ninfas (7,38 e 9,46 ninfas/ $\text{cm}^2$ , respectivamente). Os menores índices de colonização por ninfas foram observados nos genótipos TMG 1182 RR, IAC 17, BRS 1003 IPRO, Dowling, TMG 1188 RR, FTS Campo Mourão RR, NS 7007 IPRO, BRS 391, 95R95 IPRO, KS 4202, PI 229358, IAC 24, 99R09, TMG 1288 RR e TMG 7161 RR, com médias variando de 1,09 a 2,07 ninfas/ $\text{cm}^2$ . A emergência de adultos foi inferior ou igual 0,50 adultos emergidos/ $\text{cm}^2$  nos genótipos M 7739 IPRO, TMG 1182 RR, NS 7007 IPRO e TMG 1188 RR quando comparada aos demais.



**Figura 1.** Média ( $\pm$  EP) do número de adultos de *Bemisia tabaci* MED, por folíolo em 35 genótipos de soja, após 24, 48 e 72 h de infestação, em ensaio com chance de escolha, em casa de vegetação. Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott ( $p > 0,05$ ).

**Tabela 2.** Média ( $\pm$  EP) do número de ovos, ninfas e adultos emergidos de *Bemisia tabaci* MED por cm<sup>2</sup> em 35 genótipos de soja, após 48 DAI, em ensaio com chance de escolha, em casa de vegetação.

Genótipo	Ovos/cm <sup>2</sup>	Ninfas/cm <sup>2</sup>	Adultos emergidos/cm <sup>2</sup>
TMG 1182 RR	1,09 $\pm$ 0,03 c	1,09 $\pm$ 0,05 e	0,41 $\pm$ 0,05 e
IAC 17	1,31 $\pm$ 0,06 c	1,29 $\pm$ 0,10 e	2,03 $\pm$ 0,18 c
BRS 1003 IPRO	2,38 $\pm$ 0,23 b	1,30 $\pm$ 0,05 e	1,19 $\pm$ 0,10 d
Dowling	0,06 $\pm$ 0,02 d	1,33 $\pm$ 0,08 e	0,95 $\pm$ 0,06 d
TMG 1188 RR	0,97 $\pm$ 0,03 c	1,35 $\pm$ 0,06 e	0,50 $\pm$ 0,05 e
FTS Campo Mourao RR	0,75 $\pm$ 0,04 c	1,40 $\pm$ 0,08 e	0,62 $\pm$ 0,07 d
NS 7007 IPRO	0,99 $\pm$ 0,04 c	1,42 $\pm$ 0,09 e	0,46 $\pm$ 0,04 e
BRS 391	0,50 $\pm$ 0,05 c	1,53 $\pm$ 0,09 e	0,73 $\pm$ 0,08 d
95R95 IPRO	1,15 $\pm$ 0,15 c	1,56 $\pm$ 0,10 e	1,63 $\pm$ 0,17 c
KS 4202	0,31 $\pm$ 0,02 d	1,69 $\pm$ 0,10 e	1,87 $\pm$ 0,12 c
PI 229358	0,11 $\pm$ 0,03 d	1,71 $\pm$ 0,16 e	2,11 $\pm$ 0,14 c
IAC 24	0,22 $\pm$ 0,03 d	1,73 $\pm$ 0,12 e	1,64 $\pm$ 0,14 c
99R09	0,91 $\pm$ 0,07 c	1,90 $\pm$ 0,19 e	0,98 $\pm$ 0,06 d
TMG 1288 RR	1,04 $\pm$ 0,09 c	1,92 $\pm$ 0,19 e	0,85 $\pm$ 0,04 d
TMG 7161 RR	2,08 $\pm$ 0,09 b	2,07 $\pm$ 0,15 e	0,80 $\pm$ 0,08 d
65I65 RSF IPRO	2,77 $\pm$ 0,24 b	2,22 $\pm$ 0,19 d	0,79 $\pm$ 0,11 d
TMG 1180 RR	0,51 $\pm$ 0,06 c	2,41 $\pm$ 0,16 d	0,76 $\pm$ 0,06 d
PI 274454	1,97 $\pm$ 0,11 b	2,68 $\pm$ 0,11 d	3,36 $\pm$ 0,19 a
DS 6217 IPRO	2,44 $\pm$ 0,13 b	2,69 $\pm$ 0,17 d	1,76 $\pm$ 0,11 c
M 7739 IPRO	1,46 $\pm$ 0,14 c	2,75 $\pm$ 0,14 d	0,34 $\pm$ 0,03 e
50I52 RSF IPRO	0,48 $\pm$ 0,02 c	2,80 $\pm$ 0,17 d	2,09 $\pm$ 0,06 c
AS 3680 IPRO	1,30 $\pm$ 0,15 c	2,89 $\pm$ 0,35 d	3,20 $\pm$ 0,14 a
TMG 2375 IPRO	0,43 $\pm$ 0,01 d	2,96 $\pm$ 0,26 d	0,93 $\pm$ 0,06 d
97R50 IPRO	0,66 $\pm$ 0,05 c	3,00 $\pm$ 0,29 d	1,54 $\pm$ 0,11 c
TMG 7262 RR	2,28 $\pm$ 0,15 b	3,55 $\pm$ 0,13 d	2,49 $\pm$ 0,18 b
IAC 19	0,22 $\pm$ 0,02 d	3,58 $\pm$ 0,24 d	1,70 $\pm$ 0,14 c
Anta 82 RR	0,09 $\pm$ 0,02 d	3,63 $\pm$ 0,25 d	1,08 $\pm$ 0,06 d
NS 6700 IPRO	0,41 $\pm$ 0,04 d	3,84 $\pm$ 0,30 d	1,88 $\pm$ 0,20 c
Conquista	0,27 $\pm$ 0,04 d	3,85 $\pm$ 0,27 d	1,20 $\pm$ 0,07 d
IAC 74-2832	0,93 $\pm$ 0,05 c	4,29 $\pm$ 0,22 c	3,74 $\pm$ 0,21 a
BRB 15-237.527	2,05 $\pm$ 0,09 b	4,32 $\pm$ 2,53 c	1,55 $\pm$ 0,18 c
IAC 78-2318	1,32 $\pm$ 0,11 c	4,90 $\pm$ 0,21 c	1,31 $\pm$ 0,13 d
Ultra BMX	3,51 $\pm$ 0,24 b	5,70 $\pm$ 0,19 c	1,97 $\pm$ 0,19 c
TMG 2378 IPRO	5,40 $\pm$ 0,49 a	7,38 $\pm$ 0,32 b	1,19 $\pm$ 0,12 d
ST 721 IPRO	4,71 $\pm$ 0,32 a	9,46 $\pm$ 0,67 a	3,36 $\pm$ 0,17 a
<i>P</i>	<0,0001	<0,0001	<0,0001

\*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de contrastes ( $p > 0,05$ ).

### 1.3.3 Ensaio sem chance de escolha

O número de ovos/cm<sup>2</sup> nos 35 genótipos de soja avaliados variou de 0,07 a 1,77 aos 48 DAI (Tabela 3). Os genótipos IAC 19, TMG 1288 RR, TMG 1182 RR, Conquista, 99R09, Dowling, NS 7007 IPRO e TMG2375 IPRO apresentaram as menores médias (0,07 a 0,33 ovos/cm<sup>2</sup>). Por outro lado, NS 6700 IPRO, IAC74-2832 e ST 721 IPRO foram os genótipos mais ovipositados, com número de ovos/cm<sup>2</sup> maior ou igual a 1,64. O número de ninfas/cm<sup>2</sup> variou de 1,43 a 3,31 entre os genótipos TMG 1288 RR, IAC 19, TMG 2375 IPRO, Dowling, 99R09, IAC 24, DS 6217 IPRO, TMG 1182 RR, Ultra BMX e IAC 78-2318, sendo os menos colonizados. Os genótipos mais colonizados foram PI 229358 e NS 6700 IPRO (10,60 e 10,10 ninfas/cm<sup>2</sup>, respectivamente), seguidos por 50I52 RSF IPRO (7,51 ninfas/cm<sup>2</sup>), ST 721 IPRO (7,33 ninfas/cm<sup>2</sup>), KS 4202 (7,13 ninfas/cm<sup>2</sup>), IAC 74-2832 (7,07 ninfas/cm<sup>2</sup>), 65I65 RSF IPRO (6,66 ninfas/cm<sup>2</sup>) e TMG 1188 RR (5,83 ninfas/cm<sup>2</sup>). Considerando o número de adultos emergidos/cm<sup>2</sup>, as menores médias foram obtidas nos genótipos TMG 7262 RR, TMG 2378 IPRO, TMG 1288 RR, Ultra BMX e TMG 1180 RR (0,65 a 1,05 adultos/cm<sup>2</sup>). O genótipo TMG1188 RR apresentou 4,21 adultos emergidos/cm<sup>2</sup>, sendo o maior valor entre os tratamentos. KS 4202, Anta 82 RR, IAC 17, NS 6700 IPRO, 50I52 RSF IPRO, ST 721 IPRO e PI229358 também apresentaram alta emergência de adultos (2,51 e 3,27) e não diferiram entre si.

**Tabela 3.** Média ( $\pm$  EP) do número de ovos, ninfas e adultos emergidos de *Bemisia tabaci* MED por cm<sup>2</sup> em 35 genótipos de soja, após 48 DAI, em ensaio sem chance de escolha, em casa de vegetação.

Genótipo	Ovos/cm <sup>2</sup>	Ninfas/cm <sup>2</sup>	Adultos emergidos/cm <sup>2</sup>
TMG 1288 RR	0,15 $\pm$ 0,02 d	1,43 $\pm$ 0,20 d	0,88 $\pm$ 0,11 e
IAC 19	0,07 $\pm$ 0,03 d	1,69 $\pm$ 0,25 d	1,71 $\pm$ 0,32 d
TMG 2375 IPRO	0,33 $\pm$ 0,02 d	1,98 $\pm$ 0,07 d	1,16 $\pm$ 0,02 d
Dowling	0,29 $\pm$ 0,04 d	2,19 $\pm$ 0,41 d	2,13 $\pm$ 0,15 c
99R09	0,26 $\pm$ 0,03 d	2,40 $\pm$ 0,30 d	1,47 $\pm$ 0,19 d
IAC 24	0,41 $\pm$ 0,05 c	2,41 $\pm$ 0,16 d	1,27 $\pm$ 0,17 d
DS 6217 IPRO	0,62 $\pm$ 0,06 c	2,52 $\pm$ 0,47 d	1,48 $\pm$ 0,29 d
TMG 1182 RR	0,23 $\pm$ 0,04 d	2,64 $\pm$ 0,06 d	1,18 $\pm$ 0,17 d
Ultra BMX	0,58 $\pm$ 0,08 c	3,10 $\pm$ 0,08 d	0,99 $\pm$ 0,09 e
IAC 78-2318	0,68 $\pm$ 0,08 c	3,31 $\pm$ 0,26 d	2,31 $\pm$ 0,22 c
M 7739 IPRO	0,81 $\pm$ 0,05 c	3,80 $\pm$ 0,59 c	1,33 $\pm$ 0,09 d
TMG 1180 RR	0,73 $\pm$ 0,11 c	3,80 $\pm$ 0,44 c	1,05 $\pm$ 0,07 e
BRS 1003 IPRO	0,67 $\pm$ 0,07 c	3,80 $\pm$ 0,35 c	1,41 $\pm$ 0,15 d
TMG 7262 RR	0,69 $\pm$ 0,03 c	4,04 $\pm$ 0,34 c	0,65 $\pm$ 0,07 e
BRS 391	0,49 $\pm$ 0,04 c	4,07 $\pm$ 0,53 c	1,63 $\pm$ 0,12 d
TMG 2378 IPRO	0,73 $\pm$ 0,04 c	4,07 $\pm$ 0,36 c	0,75 $\pm$ 0,09 e
TMG 7161 RR	0,73 $\pm$ 0,09 c	4,40 $\pm$ 0,26 c	1,58 $\pm$ 0,04 d
FTS Campo Mourão RR	0,80 $\pm$ 0,03 c	4,42 $\pm$ 0,40 c	2,02 $\pm$ 0,28 c
BRB 15-237.527	0,59 $\pm$ 0,08 c	4,49 $\pm$ 0,35 c	1,78 $\pm$ 0,17 d
Conquista	0,24 $\pm$ 0,06 d	4,54 $\pm$ 0,55 c	2,21 $\pm$ 0,13 c
95R95 IPRO	0,59 $\pm$ 0,03 c	4,55 $\pm$ 0,35 c	1,67 $\pm$ 0,08 d
97R50 IPRO	0,41 $\pm$ 0,07 c	4,56 $\pm$ 0,44 c	1,52 $\pm$ 0,16 d
NS 7007 IPRO	0,31 $\pm$ 0,08 d	4,76 $\pm$ 0,21 c	1,64 $\pm$ 0,33 d
IAC 17	0,56 $\pm$ 0,06 c	4,77 $\pm$ 0,45 c	2,73 $\pm$ 0,27 b
AS 3680 IPRO	0,47 $\pm$ 0,09 c	4,83 $\pm$ 0,24 c	1,69 $\pm$ 0,14 d
Anta 82 RR	0,57 $\pm$ 0,08 c	4,86 $\pm$ 0,44 c	2,58 $\pm$ 0,20 b
PI 274454	1,05 $\pm$ 0,09 b	4,87 $\pm$ 0,22 c	1,54 $\pm$ 0,09 d
TMG 1188 RR	1,25 $\pm$ 0,01 b	5,83 $\pm$ 0,22 b	4,21 $\pm$ 0,35 a
65I65 RSF IPRO	0,97 $\pm$ 0,09 b	6,66 $\pm$ 0,57 b	1,44 $\pm$ 0,01 d
IAC 74-2832	1,69 $\pm$ 0,18 a	7,07 $\pm$ 0,44 b	2,04 $\pm$ 0,09 c
KS 4202	1,05 $\pm$ 0,07 b	7,13 $\pm$ 0,68 b	2,51 $\pm$ 0,37 b
ST 721 IPRO	1,77 $\pm$ 0,26 a	7,33 $\pm$ 0,89 b	3,19 $\pm$ 0,22 b
50I52 RSF IPRO	0,97 $\pm$ 0,05 b	7,51 $\pm$ 0,96 b	2,80 $\pm$ 0,40 b
NS 6700 IPRO	1,64 $\pm$ 0,22 a	10,10 $\pm$ 0,42 a	2,73 $\pm$ 0,07 b
PI 229358	1,06 $\pm$ 0,05 b	10,60 $\pm$ 0,68 a	3,27 $\pm$ 0,21 b
<i>P</i>	<0,0001	<0,0001	<0,0001

\*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de contrastes ( $p > 0,05$ ).

#### 1.3.4 Análise de tricomas

A densidade de tricomas variou de 85,38 a 349,88/cm<sup>2</sup> entre os genótipos. As maiores densidades de tricomas foram observadas nos genótipos BRS 1003 IPRO e FTS Campo Mourão (349,88 e 331,88/cm<sup>2</sup>, respectivamente) (Tabela 4). IAC 24, Dowling, PI 229358 e TMG 1288 RR apresentaram as menores médias de tricomas/cm<sup>2</sup>, com valores que variaram entre 85,38 e 115,50. Tricomas mais curtos foram observados nos genótipos ST 721 IPRO, BRB 15-257.327, IAC 74-2832, TMG 1288 RR e TMG 1180 RR (676,64 a 736,43 µm). Já os genótipos TMG 2375 IPRO, NS 7007 IPRO, IAC 19, Anta 82 RR, TMG 1188 RR, 99R09, Ultra BMX, 50I52 RSF IPRO e PI 229358 possuem tricomas mais longos que os demais tratamentos (≥ 984,30 µm). A inclinação dos tricomas variou entre 42,97° e 86,06°. O genótipo IAC 74-2832 apresenta tricomas mais inclinados, contrastando com 95R95 IPRO, que possui tricomas mais eretos. Na Figura 2 é possível observar as imagens obtidas por microscopia eletrônica de varredura dos genótipos com menor e maior densidade de tricomas.

#### 1.3.5 Análise colorimétrica das folhas

A intensidade de luz (L\*) diferiu entre os materiais analisados, tendo os valores de L\* variando entre 36,24 e 42,48 (Tabela 4). Os genótipos PI 274454, TMG 1180 RR, TMG 1188 RR, Anta 82 RR e TMG 7161 RR apresentaram maior luminosidade. As menores intensidades de verde (a\*) foram observadas nos genótipos TMG 1180 RR e TMG 7161 RR (-16,89 e -16,34, respectivamente), seguidos por TMG 1188 RR, Anta 82 RR, TMG1288 RR e 95R95 IPRO. Por outro lado, os genótipos Conquista, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 7262 RR e IAC 24 apresentaram maior intensidade para esse parâmetro. Os genótipos FTS Campo Mourão, 95R95 IPRO, TMG 1180 RR, Anta 82 RR, TMG 7161 RR e TMG 1188 RR expressaram maior intensidade de amarelo (b\*) (23,20 – 25,88), enquanto TMG 7262 RR, IAC 24, Conquista, ST 721 IPRO, TMG 1182 RR, 99R09, KS 4202 e DS 6217 IPRO expressaram as menores médias para esse parâmetro (16,68 – 18,95).

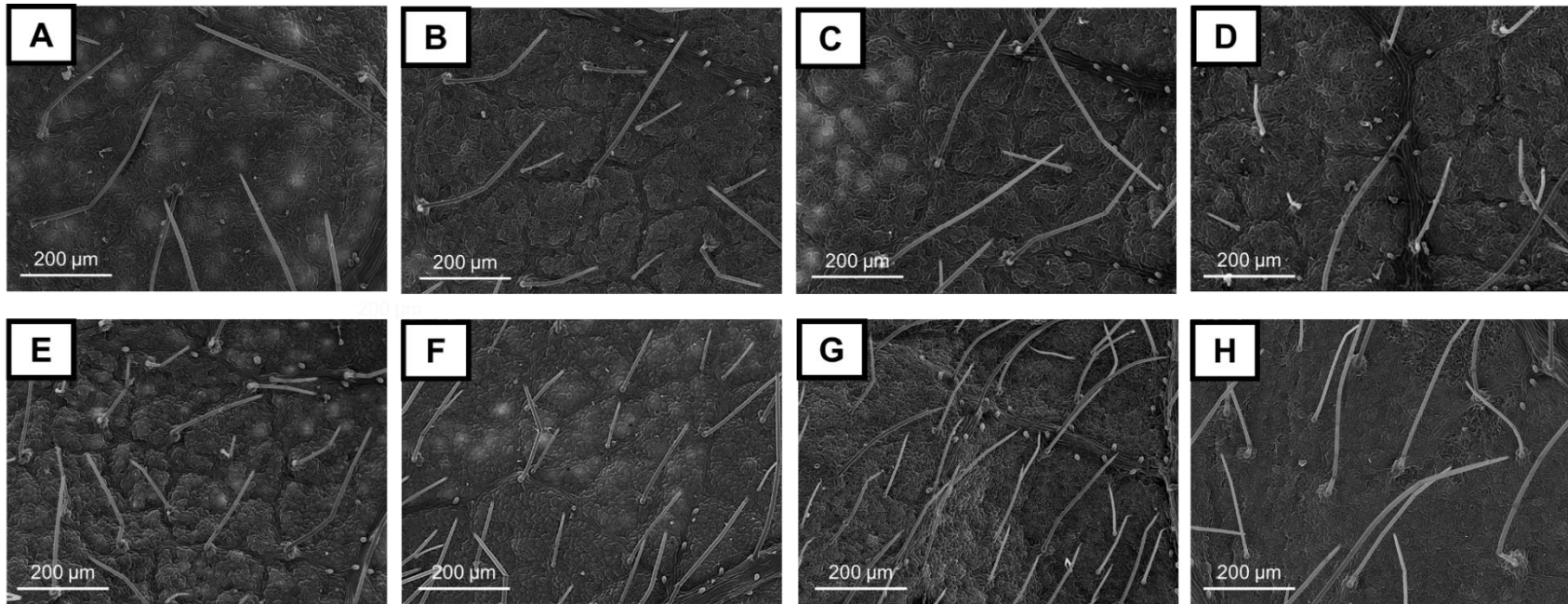
**Tabela 4.** Média ( $\pm$  EP) da densidade ( $\text{cm}^2$ ), tamanho ( $\mu\text{m}$ ), ângulo de inclinação ( $^\circ$ ) de tricomas e parâmetros colorimétricos ( $L^*$ ,  $a^*$  e  $b^*$ ) de 35 genótipos de soja.

Genótipos	Tricoma			Coloração		
	Densidade ( $\text{cm}^2$ ) <sup>(1)</sup>	Tamanho ( $\mu\text{m}$ ) <sup>(2)</sup>	Ângulo de Inclinação ( $^\circ$ ) <sup>(1)</sup>	$L^*$ (1)	$a^*$ (1)	$b^*$ (2)
IAC 24	85,38 $\pm$ 6,17 e	893,37 $\pm$ 38,95 b	70,56 $\pm$ 2,06 c	38,55 $\pm$ 0,07 b	-12,53 $\pm$ 0,29 e	17,18 $\pm$ 0,38 c
Dowling	98,63 $\pm$ 5,47 e	823,50 $\pm$ 17,39 c	72,05 $\pm$ 3,37 c	38,83 $\pm$ 0,61 b	-14,91 $\pm$ 0,45 c	22,27 $\pm$ 0,26 b
PI 229358	114,88 $\pm$ 3,61 e	1096,32 $\pm$ 43,62 a	65,44 $\pm$ 1,98 c	38,98 $\pm$ 0,26 b	-14,61 $\pm$ 0,29 c	20,93 $\pm$ 0,48 b
TMG 1288 RR	115,50 $\pm$ 7,72 e	710,89 $\pm$ 28,07 d	67,43 $\pm$ 2,95 c	37,69 $\pm$ 0,36 c	-15,61 $\pm$ 0,12 b	21,70 $\pm$ 0,28 b
Anta 82 RR	135,38 $\pm$ 8,23 d	996,56 $\pm$ 25,38 a	77,96 $\pm$ 1,64 b	42,18 $\pm$ 0,20 a	-16,00 $\pm$ 0,09 b	24,93 $\pm$ 0,17 a
PI 274454	139,75 $\pm$ 9,26 d	812,75 $\pm$ 18,72 c	58,37 $\pm$ 2,55 d	40,99 $\pm$ 0,42 a	-15,37 $\pm$ 0,23 c	22,04 $\pm$ 0,26 b
TMG 1182 RR	141,00 $\pm$ 10,72 d	821,96 $\pm$ 41,88 c	66,52 $\pm$ 3,34 c	36,90 $\pm$ 0,17 c	-12,27 $\pm$ 0,22 e	17,99 $\pm$ 0,15 c
97R50 IPRO	154,25 $\pm$ 9,04 d	898,45 $\pm$ 30,87 b	79,54 $\pm$ 2,08 b	39,53 $\pm$ 0,45 b	-15,08 $\pm$ 0,25 c	21,14 $\pm$ 0,33 b
TMG 2375 IPRO	159,88 $\pm$ 4,56 d	984,30 $\pm$ 38,77 a	70,59 $\pm$ 1,62 c	38,25 $\pm$ 0,28 c	-13,86 $\pm$ 0,17 d	19,49 $\pm$ 0,29 b
TMG 2378 IPRO	163,00 $\pm$ 6,91 d	859,10 $\pm$ 31,40 c	78,55 $\pm$ 1,49 b	38,19 $\pm$ 0,21 c	-13,47 $\pm$ 0,17 d	20,04 $\pm$ 0,30 b
TMG 1188 RR	167,75 $\pm$ 8,65 d	1025,7 $\pm$ 28,99 a	62,84 $\pm$ 1,61 c	41,89 $\pm$ 0,22 a	-16,11 $\pm$ 0,24 b	25,88 $\pm$ 0,62 a
IAC 17	170,50 $\pm$ 6,42 d	971,75 $\pm$ 19,18 b	55,11 $\pm$ 1,59 d	39,13 $\pm$ 0,27 b	-13,80 $\pm$ 0,13 d	20,59 $\pm$ 0,31 b
AS 3680 IPRO	179,88 $\pm$ 9,61 c	815,36 $\pm$ 32,41 c	75,22 $\pm$ 1,54 b	37,26 $\pm$ 0,33 c	-13,41 $\pm$ 0,22 d	20,39 $\pm$ 0,34 b
50I52 RSF IPRO	180,63 $\pm$ 3,94 c	1078,76 $\pm$ 32,74 a	72,51 $\pm$ 1,77 c	38,78 $\pm$ 0,45 b	-13,87 $\pm$ 0,50 d	21,17 $\pm$ 0,39 b
BRS 391	181,38 $\pm$ 11,91 c	882,18 $\pm$ 30,78 c	62,96 $\pm$ 1,49 c	38,95 $\pm$ 0,50 b	-13,27 $\pm$ 0,29 d	20,15 $\pm$ 0,39 b
Conquista	183,63 $\pm$ 10,50 c	904,74 $\pm$ 33,51 b	64,05 $\pm$ 4,48 c	36,93 $\pm$ 0,45 c	-11,99 $\pm$ 0,32 e	17,67 $\pm$ 0,41 c
65I65 RSF IPRO	192,50 $\pm$ 5,45 c	902,59 $\pm$ 40,79 b	74,00 $\pm$ 0,87 b	39,67 $\pm$ 0,28 b	-15,30 $\pm$ 0,08 c	21,87 $\pm$ 0,19 b
TMG 1180 RR	210,88 $\pm$ 14,65 c	736,43 $\pm$ 34,32 d	66,94 $\pm$ 2,28 c	41,27 $\pm$ 0,28 a	-16,89 $\pm$ 0,15 a	23,87 $\pm$ 0,39 a
KS 4202	213,63 $\pm$ 11,49 c	824,40 $\pm$ 22,43 c	75,63 $\pm$ 1,86 b	37,08 $\pm$ 0,35 c	-12,89 $\pm$ 0,28 d	18,74 $\pm$ 0,39 c
BRB 15-237.527	218,50 $\pm$ 7,98 c	693,93 $\pm$ 30,00 d	73,08 $\pm$ 1,64 c	38,02 $\pm$ 0,23 c	-14,22 $\pm$ 0,13 d	19,85 $\pm$ 0,23 b
IAC 19	221,25 $\pm$ 7,80 c	991,00 $\pm$ 17,87 a	64,75 $\pm$ 1,65 c	38,77 $\pm$ 0,24 b	-14,67 $\pm$ 0,20 c	21,01 $\pm$ 0,37 b
TMG 7262 RR	221,50 $\pm$ 11,13 c	867,15 $\pm$ 36,48 c	77,59 $\pm$ 2,01 b	36,24 $\pm$ 0,33 c	-12,33 $\pm$ 0,24 e	16,68 $\pm$ 0,28 c

IAC 78-2318	228,00 ± 12,94 c	795,33 ± 48,65 c	69,42 ± 2,22 c	38,14 ± 0,37 c	-13,71 ± 0,13 d	19,74 ± 0,37 b
TMG 7161 RR	235,75 ± 10,17 c	855,16 ± 24,09 c	64,12 ± 1,49 c	42,48 ± 0,31 a	-16,34 ± 0,12 a	25,28 ± 0,32 a
NS 6700 IPRO	240,63 ± 9,81 b	906,92 ± 35,45 b	70,66 ± 2,33 c	39,02 ± 0,24 b	-14,15 ± 0,19 d	19,38 ± 0,40 b
95R95 IPRO	241,75 ± 12,24 b	929,62 ± 46,00 b	86,06 ± 1,19 a	40,25 ± 0,32 b	-15,61 ± 0,16 b	23,41 ± 0,42 a
ST 721 IPRO	254,50 ± 9,57 b	676,64 ± 34,41 d	67,87 ± 1,03 c	37,78 ± 0,43 c	-12,70 ± 0,30 d	17,90 ± 0,33 c
DS 6217 IPRO	255,75 ± 11,40 b	953,52 ± 69,78 b	72,83 ± 1,90 c	38,76 ± 0,25 b	-13,08 ± 0,25 d	18,95 ± 0,46 c
M 7739 IPRO	261,50 ± 12,80 b	845,30 ± 33,57 c	67,78 ± 3,09 c	37,41 ± 0,52 c	-14,39 ± 0,29 c	19,35 ± 0,67 b
NS 7007 IPRO	265,88 ± 14,16 b	985,53 ± 15,43 a	67,50 ± 2,03 c	39,12 ± 0,24 b	-14,56 ± 0,17 c	21,70 ± 0,41 b
IAC 74-2832	267,50 ± 13,03 b	705,82 ± 17,89 d	42,97 ± 1,10 e	40,09 ± 0,18 b	-14,90 ± 0,20 c	21,33 ± 0,46 b
99R09	270,50 ± 8,74 b	1028,41 ± 59,30 a	66,46 ± 3,68 c	36,33 ± 0,28 c	-12,25 ± 0,28 e	18,23 ± 0,35 c
Ultra BMX	292,25 ± 7,98 b	1063,48 ± 56,02 a	67,08 ± 1,61 c	38,92 ± 0,41 b	-13,42 ± 0,23 d	19,18 ± 0,41 b
FTS Campo Mourão	331,88 ± 12,89 a	793,99 ± 32,07 c	56,03 ± 1,19 d	39,90 ± 0,49 b	-15,15 ± 0,34 c	23,20 ± 0,32 a
BRS 1003 IPRO	349,88 ± 11,86 a	939,97 ± 40,51 b	69,26 ± 1,39 c	36,93 ± 0,66 c	-13,99 ± 0,17 d	19,15 ± 0,41 b
<i>P</i>	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001

<sup>(1)</sup> Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de contrastes ( $p > 0,05$ )

<sup>(2)</sup> Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott ( $p > 0,05$ )



**Figura 2.** Microscopia eletrônica de varredura de tricomas na superfície abaxial de folíolos de genótipos de soja: (A) IAC 24, (B) Dowling, (C) PI 229358, (D) TMG 1288 RR, (E) BRS 1003 IRPO, (F) FTS Campo Mourão RR, (G) Ultra BMX, (H) 99R09. De A a D genótipos com menor densidade de tricomas, de E a H genótipos com maior densidade de tricomas.

### 1.3.6 Correlações

De acordo com os coeficientes calculados ( $r$ ), as correlações foram significativas entre algumas das interações estudadas (Tabela 5). Houve correlação positiva entre o número de adultos por folíolo e o número de ovos ( $r = 0,40$ ;  $P < 0,0001$ ), ninfas ( $r = 0,38$ ;  $P < 0,0001$ ) e adultos emergidos/cm<sup>2</sup> ( $r = 0,20$ ;  $P < 0,0001$ ) no teste com chance de escolha. Além disso, o número de adultos por folíolo foi positivamente correlacionado com a densidade de tricomas ( $r = 0,20$ ;  $P = 0,0006$ ) e negativamente com os parâmetros de coloração L\* ( $r = -0,21$ ;  $P < 0,0003$ ), a\* ( $r = -0,25$ ;  $P < 0,0001$ ) e b\* ( $r = -0,25$ ;  $P < 0,0001$ ). Foram encontradas correlações positivas entre número de ovos ( $r = 0,37$ ;  $P < 0,0001$ ) e ninfas/cm<sup>2</sup> ( $r = 0,13$ ;  $P = 0,03$ ) e a densidade de tricomas.

**Tabela 5.** Coeficientes de correlação de Spearman ou Pearson<sup>a</sup> (r) e probabilidades (P) entre os parâmetros de *Bemisia tabaci* MED e características de tricomas e coloração de genótipos de soja.

Parâmetro	Coeficiente	Adultos	Tricomas			Coloração		
			Densidade	Comprimento (µm)	Ângulo de Inclinação (°)	L*	a*	b*
Adultos	R	-	0,20	-0,03 <sup>a</sup>	0,06	-0,21	-0,25 <sup>a</sup>	-0,25
	P	-	0,0006	0,58 <sup>a</sup>	0,33	0,0003	<0,0001 <sup>a</sup>	<0,0001
Número de ovos.cm <sup>2</sup>	R	0,40	0,37	-0,06	0,07	-	-	-
	P	<0,0001	<0,0001	0,33	0,23	-	-	-
Número de ninfas.cm <sup>2</sup>	R	0,38	0,13	-0,01	0,15	-	-	-
	P	<0,0001	0,03	0,83	0,01	-	-	-
Número de adultos emergidos.cm <sup>2</sup>	R	0,37	0,01	-0,04	0,06	-	-	-
	P	<0,0001	0,89	0,46	0,29	-	-	-

## 1.4 DISCUSSÃO

*Bemisia tabaci* MED foi recentemente introduzida no Brasil e sua ocorrência em áreas produtoras de soja representa uma nova ameaça para essa cultura (Barbosa et al. 2014; Bello et al. 2021). O uso de plantas resistentes pode auxiliar no manejo dessa praga. Essa estratégia de manejo tem boa eficiência no controle de insetos-praga devido à facilidade de adoção, persistência, especificidade, efeito cumulativo, baixo custo e compatibilidade com outros métodos de controle, além de ser menos agressiva ao meio ambiente e aos produtores (Baldin et al. 2019). Ensaio sem chance de escolha, com 90 genótipos de soja demonstraram diferentes níveis de infestação por *B. tabaci* MED. A variação no processo de colonização da planta hospedeira pode ocorrer devido à expressão de fatores químicos, físicos e morfológicos que podem limitar a alimentação e o desenvolvimento de insetos-praga (Powell et al. 2006; War et al. 2012).

A preferência e a colonização de *B. tabaci* MED foram investigadas em testes com e sem chance de escolha, usando os genótipos mais resistentes e mais suscetíveis selecionados inicialmente em *screening*. No ensaio com chance de escolha, os genótipos KS 4202, TMG 1188 RR, M 7739 IPRO, 65I65 RSF IPRO e PI 229358 foram os menos preferidos por adultos de *B. tabaci* MED, revelando possível expressão de antixenose. A seleção da planta hospedeira por insetos é um processo complexo no qual estímulos visuais, olfativos e táteis estão envolvidos. Guiados por compostos voláteis ou pela coloração do substrato, por exemplo, os insetos podem ser atraídos em direção ao hospedeiro, dando início ou não à alimentação e colonização (Schoonhoven et al. 2005).

Neste estudo, correlações negativas foram observadas entre os parâmetros de coloração ( $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ) e a preferência dos insetos adultos pelos genótipos de soja. Os genótipos que expressaram menor luminosidade ( $L^*$ ) e menor intensidade de verde ( $a^*$ ) e amarelo ( $b^*$ ) foram os mais atrativos a *B. tabaci* MED. Em estudos com a espécie críptica *B. tabaci* MEAM1, resultados contrastantes foram observados em relação à intensidade de verde. Genótipos de feijão que expressam maior intensidade da cor verde foram mais atrativos aos insetos (Santos et al. 2020). De forma similar, o estabelecimento de MEAM1 foi positivamente correlacionado com maiores níveis de verde em genótipos de berinjela e algodão (Hasanuzzaman et al. 2016; Prado et al.

2016). Por outro lado, Santos et al. (2023) constataram que a preferência de *B. tabaci* MED por genótipos de tomate não foi correlacionada com a coloração das plantas.

Os genótipos Dowling, PI 229358, KS 4202 e IAC 24 apresentaram baixa densidade de ovos e ninfas após 48 DAI, em ensaio com chance de escolha. Além disso, os genótipos TMG 1182 RR, IAC 17, BRS 1003 IPRO, TMG 1188 RR, FTS Campo Mourão RR, NS 7007 IPRO, BRS 391, 95R95 IPRO, KS 4202, 99R09, TMG 1288 RR e TMG 7161 RR também exibiram baixo número de ninfas. Esses resultados sugerem uma possível expressão de resistência por antixenose e/ou antibiose nesses genótipos. Além da baixa ocorrência de ninfas, os genótipos TMG 1188 RR e TMG 1288 RR apresentaram baixa emergência de adultos, o que fortalece a hipótese de ocorrência de antibiose.

Características morfológicas e químicas podem exercer grande influência no processo de colonização de plantas hospedeiras por moscas-brancas (Li et al. 2023). A pilosidade, por exemplo, é um dos fatores relacionados à resistência de plantas aos insetos (Baldin et al. 2017; Santos et al. 2020, 2023). Neste estudo, foi possível observar que a alta densidade de tricomas na soja está relacionada com maior preferência por adultos de *B. tabaci* MED e, conseqüentemente, com maior número de ovos e ninfas/cm<sup>2</sup>. Resultados similares foram observados para *B. tabaci* MEAM1, o que indica que essa característica foliar é um fator importante para o estabelecimento de diferentes espécies crípticas de *B. tabaci* (Valle and Lourenção 2002; Vieira et al. 2011). De fato, a alta densidade de tricomas pode favorecer o processo de colonização de insetos nas plantas, pois, além de possivelmente criar um microclima favorável à oviposição, os tricomas podem auxiliar os insetos a permanecerem fixos nas plantas em condições climáticas desfavoráveis, como chuvas intensas e ventos, ou até mesmo dificultar a ação de inimigos naturais (Li et al. 1987; Butter and Vir 1989; Valle and Lourenção 2002; Vieira et al. 2011).

No ensaio sem chance de escolha, os genótipos TMG 1288 RR, IAC 19, TMG 2375 IPRO, Dowling, 99R09 e TMG 1182 RR destacaram-se por apresentar baixo número de ovos e ninfas. De modo semelhante ao teste com chance de escolha, IAC 24 está entre os genótipos com menor colonização por ninfas no teste sem chance de escolha. Com base nos ensaios realizados neste estudo, constata-se que alguns genótipos de soja permitem baixa ou alta colonização por *B. tabaci* MED em ambas as condições de avaliação (com e sem chance de escolha), confirmando sua suscetibilidade ou expressão de antixenose e/ou antibiose. É o caso dos genótipos

ST 721 IPRO, IAC 74-2832 e NS 6700 IPRO, que apresentam elevado número de ovos e ninfas e/ou alta emergência de adultos, estando entre os genótipos mais suscetíveis dentre os 35 avaliados. Por outro lado, os genótipos IAC 24, IAC 19, Dowling, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO apresentaram, de modo geral, baixos números de insetos por cm<sup>2</sup>, sendo considerados resistentes por antixenose e/ou antibiose.

Diversos estudos relatam a resistência dos genótipos IAC 24 e IAC 19 para uma ampla grama de insetos. Para *B. tabaci* MEAM1, por exemplo, ambos os genótipos causaram redução maior que 50% na emergência de adultos (Vieira et al. 2016); além disso, IAC 24 apresentou baixa atratividade e reduzido número de ovos dessa praga (Valle et al. 2012). Em outros estudos, a expressão de resistência por IAC 24 foi relatada para *Anticarsia gemmatalis* (Lepidoptera: Noctuidae) (Fugi et al. 2005; Ongaratto et al. 2021). Ambos os genótipos também afetaram negativamente o desenvolvimento, a viabilidade larval e o peso das pupas de *A. gemmatalis* (Ongaratto et al. 2021). Outros exemplos são encontrados na literatura, com resultados que revelam a resistência dos genótipos IAC 24 e/ou IAC 19 a *Helicoverpa armigera*, *Diceraeus melacanthus*, *Euschistus heros*, *Piezodorus guildinii*, entre outros insetos-praga (Silva et al. 2014; Canassa et al. 2017; Souza et al. 2017; Coelho et al. 2020). Neste trabalho, IAC 24 e IAC 19 foram pouco preferidos ou colonizados por *B. tabaci* MED, corroborando os resultados obtidos nos estudos anteriores.

Os genótipos IAC 17, TMG 1188 RR, KS 4202 e PI 229358 apresentaram padrões distintos de colonização entre os ensaios com e sem chance de escolha. Quando permitida a escolha pelos insetos, esses genótipos foram pouco preferidos e/ou colonizados por *B. tabaci* MED. No entanto, o oposto foi observado no ensaio sem chance de escolha, onde esses genótipos se revelaram como potenciais hospedeiros para *B. tabaci* MED. Para *B. tabaci* MEAM1, IAC 17 manteve menor oviposição em teste sem chance de escolha (Valle and Lourenção 2002), demonstrando que há diferenças biológicas de resistência entre as duas espécies. Visando ao manejo de *B. tabaci* MED, os resultados obtidos neste estudo devem ser levados em consideração, uma vez que ensaios de confinamento, onde não há oportunidade para escolha, são mais representativos da situação real de campo, onde há o monocultivo de grandes áreas com a planta hospedeira (Baldin et al. 2019).

Como esperado, foram observadas correlações positivas entre o número de adultos por folíolo e o número de ovos, ninfas e adultos emergidos/cm<sup>2</sup>, no teste com

chance de escolha. No entanto, esse padrão não foi observado para o genótipo BRS 1003 IPRO. Embora esse genótipo esteja entre os mais preferidos por *B. tabaci* MED, esse número elevado de adultos por folíolo não resultou em alta colonização por ninfas após 48 DAI. Resultados desse tipo podem ocorrer devido à expressão de antibiose, resultando em maior mortalidade de ninfas nesse material. O genótipo BRS 1003 IPRO foi desenvolvido com a tecnologia Block, que, apesar de não afetar o desenvolvimento ninfal ou a sobrevivência de ninfas e adultos dos percevejos-praga da soja (Oliveira et al. 2022), confere tolerância ao ataque desses insetos às vagens da soja, permitindo alta produtividade mesmo sob altas infestações desse grupo de pragas (Lucini et al. 2021; Oliveira et al. 2022). No entanto, no presente estudo, BRS 1003 IPRO apresentou resistência a MED devido à possível expressão de antibiose.

Os resultados expostos neste trabalho revelam a resistência de genótipos de soja a *B. tabaci* MED. Dentre os genótipos comerciais mais resistentes a *B. tabaci* MED estão 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO, que estão disponíveis para os produtores. Esses materiais podem ser incrementados a outras táticas de manejo em áreas com alta incidência de *B. tabaci* MED, auxiliando na manutenção de populações dessa praga abaixo do nível de dano econômico.

## 1.5 CONCLUSÃO

A preferência e a colonização de genótipos de soja por *B. tabaci* MED estão relacionadas a fatores como coloração foliar e densidade de tricomas. Os genótipos IAC 24, IAC 19, Dowling, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR, TMG 2375 IPRO e BRS 1003 IPRO apresentam resistência por antixenose e/ou antibiose. Genótipos menos preferidos e menos colonizados são considerados como fontes de resistência e podem ser úteis em programas melhoramento genético que visem ao desenvolvimento de variedades mais resistentes a *B. tabaci* MED.

## REFERÊNCIAS

- Baldin ELL, Cruz PL, Morando R, et al (2017) Characterization of antixenosis in soybean genotypes to *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) biotype B. *J Econ Entomol* 110:1869–1876. <https://doi.org/10.1093/jee/tox143>
- Baldin ELL, Vendramim JD, André E, Lourenção L (2005) Resistência de genótipos de tomateiro à mosca-branca *Bemisia tabaci* (Gennadius) biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae). *Neotrop Entomol* 28:435–441
- Baldin ELL, Vendramim JD, Lourenção AL (2019) Resistência de plantas a insetos: Fundamentos e aplicações. Fealq, Piracicaba
- Barbosa L, Yuki VA, Marubayashi JM, et al (2014) First report of *Bemisia tabaci* Mediterranean (Q biotype) species in Brazil. *Pest Manag Sci* 71:501–504. <https://doi.org/10.1002/ps.3909>
- Bello VH, da Silva FB, Watanabe LFM, et al (2021) Detection of *Bemisia tabaci* Mediterranean cryptic species on soybean in São Paulo and Paraná States (Brazil) and interaction of cowpea mild mottle virus with whiteflies. *Plant Pathol* 70:1508–1520. <https://doi.org/10.1111/ppa.13387>
- Bello VH, Watanabe LFM, Santos BR, et al (2019) Evidence for increased efficiency of virus transmission by populations of Mediterranean species of *Bemisia tabaci* with high *Hamiltonella* prevalence. *Phytoparasitica* 47:293–300. <https://doi.org/10.1007/s12600-019-00729-y>
- Bellows TS, Perring TM, Gill RJ, Headrick DH (1994) Description of a Species of *Bemisia* (Homoptera: Aleyrodidae). *Ann Entomol Soc Am* 87:195–206
- Boykin LM, De Barro PJ (2014) A practical guide to identifying members of the *Bemisia tabaci* species complex: And other morphologically identical species. *Front Ecol Evol* 2:1–5. <https://doi.org/10.3389/fevo.2014.00045>
- Brown JK, Paredes-Montero JR, Stocks IC (2023) The *Bemisia tabaci* cryptic (sibling) species group — imperative for a taxonomic reassessment. *Curr Opin Insect Sci* 57:1–8. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2023.101032>

- Butter NS, Vir BK (1989) Morphological basis of resistance in cotton to the whitefly *Bemisia tabaci*. *Phytoparasitica* 17:251–261
- Cameron R, Lang EB, Annan IB, et al (2013) Use of fluorescence, a novel technique to determine reduction in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) nymph feeding when exposed to Benevia and other insecticides. *J Econ Entomol* 106:597–603
- Canassa VF, Baldin ELL, Bentivenha JPF, et al (2017) Resistance to *Dichelops melacanthus* (Hemiptera: Pentatomidae) in soybean genotypes of different maturity groups. *Bragantia* 76:257–265. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.068>
- Canassa VF, Baldin ELL, Lourenção AL, et al (2020) Feeding behavior of *Brevicoryne brassicae* in resistant and susceptible collard greens genotypes: interactions among morphological and chemical factors. *Entomol Exp Appl* 168:228–239. <https://doi.org/10.1111/eea.12897>
- Cantarella H, Quaggio JA, Mattos Jr. D, et al (2022) Boletim 100: Recomendações de Adubação e Calagem para o Estado de São Paulo. Instituto Agrônômico (IAC), Campinas - SP
- Coelho M, Godoy AF, Baptista YA, et al (2020) Assessing soybean genotypes for resistance to *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae). *J Econ Entomol* 113:471–481. <https://doi.org/10.1093/jee/toz269>
- Cruz PL, Baldin ELL (2017) Performance of *Bemisia tabaci* biotype B on soybean genotypes. *Neotrop Entomol* 46:210–215. <https://doi.org/10.1007/s13744-016-0445-3>
- Cuthbertson AGS, Vänninen I (2015) The importance of maintaining protected zone status against *Bemisia tabaci*. *Insects* 6:432–441. <https://doi.org/10.3390/insects6020432>
- De Barro PJ, Liu SS, Boykin LM, Dinsdale AB (2011) *Bemisia tabaci*: A statement of species status. *Annu Rev Entomol* 56:1–19. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-112408-085504>

- De Barro PJ, Scott KD, Graham GC, et al (2003) Isolation and characterization of microsatellite loci in *Bemisia tabaci*. *Mol Ecol Notes* 3:40–43.  
<https://doi.org/10.1046/j.1471-8286>
- Fehr WR, Caviness CE (1977) Stages of Soybean Development Special Report 80. IWSRBC
- Fugi CGQ, Lourenção AL, Parra RJP (2005) Biology of *Anticarsia gemmatalis* on soybean genotypes with different degrees of resistance to insects. *Sci Agric* 62:31–35
- Gilbertson RL, Batuman O, Webster CG, Adkins S (2015) Role of the insect supervectors *Bemisia tabaci* and *Frankliniella occidentalis* in the emergence and global spread of plant viruses. *Annu Rev Virol* 2:67–93.  
<https://doi.org/10.1146/annurev-virology-031413-085410>
- Hasanuzzaman ATM, Islam MN, Zhang Y, et al (2016) Leaf morphological characters can be a factor for intra-variety preference of whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) among eggplant varieties. *PLoS One* 11:1–15.  
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153880>
- He C, Xie W, Yang X, et al (2018) Identification of glutathione S-transferases in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and evidence that GSTd7 helps explain the difference in insecticide susceptibility between *B. tabaci* Middle East-Minor Asia 1 and Mediterranean. *Insect Mol Biol* 27:22–35.  
<https://doi.org/10.1111/imb.12337>
- Hopkinson J, Pumpa S, van Brunschot S, et al (2020) Insecticide resistance status of *Bemisia tabaci* MEAM1 (Hemiptera: Aleyrodidae) in Australian cotton production valleys. *Aust Entomol* 59:202–214.  
<https://doi.org/10.1111/aen.12436>
- Horowitz AR, Kontsedalov S, Khasdan V, Ishaaya I (2005) Biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* and their relevance to neonicotinoid and pyriproxyfen resistance. *Arch Insect Biochem Physiol* 58:216–225.  
<https://doi.org/10.1002/arch.20044>

- Li D, Li HY, Zhang JR, et al (2023) Plant resistance against whitefly and its engineering. *Front Plant Sci* 14:1–12.  
<https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1232735>
- Li ZH, Lammes F, Lenteren JC van, et al (1987) The parasite-host relationship between *Encarsia formosa* Gahan (Hymenoptera, Aphelinidae) and *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) (Homoptera, Aleyrodidae): XXV. Influence of leaf structure on the searching activity of *Encarsia formosa*. *J. Appl. Entomol* 104:297–304. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0418.1987.tb00528.x>
- Lourenção AL, Nagai H (1994) Surtos populacionais de *Bemisia tabaci* no estado de São Paulo. *Bragantia* 53:53–59
- Lucini T, Panizzi AR, Bueno A de F (2021) Evaluating resistance of the soybean block technology cultivars to the Neotropical brown stink bug, *Euschistus heros* (F.). *J Insect Physiol* 131:1–9.  
<https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2021.104228>
- Moraes LA, Muller C, Bueno RCO de F, et al (2018) Distribution and phylogenetics of whiteflies and their endosymbiont relationships after the Mediterranean species invasion in Brazil. *Sci Rep* 8. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32913-1>
- Morando R, Da Silva IF, Da Silva Santana A, et al (2021) Assessing cotton genotypes for resistance to *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae). *J Econ Entomol* 114:387–396. <https://doi.org/10.1093/jee/toaa303>
- Oliveira WP, Lucini T, Panizzi AR (2022) Seed damage by the neotropical brown stink bug, *Euschistus heros* (F.) to resistant soybean cultivars with the block technology versus a susceptible cultivar. *Environ Entomol* 51:451–459.  
<https://doi.org/10.1093/ee/nvac011>
- Ongaratto S, Silveira CM, Santos MC, et al (2021) Resistance of soybean genotypes to *Anticarsia gemmatalis* (Lepidoptera: Erebididae): antixenosis and antibiosis characterization. *J Econ Entomol* 114:2571–2580.  
<https://doi.org/10.1093/jee/toab197>

- Perring TM, Stansly PA, Liu TX, et al (2018) Whiteflies: Biology, ecology, and management. In: Wakil W, Perring TM, Brust GE (eds) Sustainable management of arthropod pests of tomato. Elsevier Inc., pp 73–110
- Powell G, Tosh CR, Hardie J (2006) Host plant selection by aphids: Behavioral, evolutionary, and applied perspectives. *Annu Rev Entomol* 51:309–330. <https://doi.org/10.1146/annurev.ento.51.110104.151107>
- Prado JC, Peñaflor MFGV, Cia E, et al (2016) Resistance of cotton genotypes with different leaf colour and trichome density to *Bemisia tabaci* biotype B. *J. Appl. Entomol* 140:405–413. <https://doi.org/10.1111/jen.12274>
- Ramos RS, Kumar L, Shabani F, Picanço MC (2018) Mapping global risk levels of *Bemisia tabaci* in areas of suitability for open field tomato cultivation under current and future climates. *PLoS One* 13:1–20. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0198925>
- Santos MC, da Silva Santana A, Schulz GP, et al (2023) Preference of *Bemisia tabaci* MED (Hemiptera: Aleyrodidae) among morphologically and physically distinct tomato genotypes. *Phytoparasitica*. <https://doi.org/10.1007/s12600-023-01100-y>
- Santos TLB, Baldin ELL, Ribeiro LDP, et al (2020) Silverleaf whitefly-resistant common beans: An investigation of antibiosis and/or antixenosis. *Bragantia* 79:62–73. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20190309>
- Schoonhoven LM, Van Loon JJA, Dicke M (2005) *Insect-Plant Biology*, 2nd edn. Oxford University Press, New York
- Silva JPGF, Baldin ELL, Canassa VF, et al (2014) Assessing antixenosis of soybean entries against *Piezodorus guildinii* (Hemiptera: Pentatomidae). *Arthropod Plant Interact* 8:349–359. <https://doi.org/10.1007/s11829-014-9316-1>
- Smith CM (2005) *Plant resistance to arthropods: Molecular and conventional approaches*, Smith, C. Michael. Springer Science & Business, Dordrecht, The Netherlands

- Souza ES, Canassa VF, Bentivenha JPF, et al (2017) Variable levels of resistance of soybean genotypes on the performance of *Euschistus heros* (Hemiptera: Pentatomidae). *J Econ Entomol* 110:2672–2678.  
<https://doi.org/10.1093/jee/tox254>
- Sun DB, Liu YQ, Qin L, et al (2013) Competitive displacement between two invasive whiteflies: Insecticide application and host plant effects. *Bull Entomol Res* 103:344–353. <https://doi.org/10.1017/S0007485312000788>
- Tay WT, Evans GA, Boykin LM, de Barro PJ (2012) Will the Real *Bemisia tabaci* Please Stand Up? *PLoS One* 7:1–5.  
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0050550>
- Valle GE, Lourenção AL (2002) Resistência de genótipos de soja a *Bemisia tabaci* (Genn.) biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae). *Neotrop Entomol* 31:285–295
- Valle GE, Lourenção AL, Pinheiro JB (2012) Adult attractiveness and oviposition preference of *Bemisia tabaci* biotype B in soybean genotypes with different trichome density. *J Pest Sci* (2004) 85:431–442.  
<https://doi.org/10.1007/s10340-012-0443-0>
- Vieira SS, Bueno A, Boff M, et al (2011) Resistance of soybean genotypes to *Bemisia tabaci* (Genn.) biotype B (Hemiptera: Aleyrodidae). *Neotrop Entomol* 40:117–122
- Vieira SS, Lourenção AL, da Graça JP, et al (2016) Biological aspects of *Bemisia tabaci* biotype B and the chemical causes of resistance in soybean genotypes. *Arthropod Plant Interact* 10:525–534. <https://doi.org/10.1007/s11829-016-9458-4>
- Vieira SS, Oliveira RC, Bueno ADF, et al (2013) Different timing of whitefly control and soybean yield. *Ciência Rural* 43:247–253
- War AR, Paulraj MG, Ahmad T, et al (2012) Mechanisms of plant defense against insect herbivores. *Plant Signal Behav* 7:1306–1320.  
<https://doi.org/10.4161/psb.21663>

Zaidi SS-A, Briddon RW, Mansoor S (2017) Engineering dual Begomovirus- *Bemisia tabaci* resistance in plants. Trends Plant Sci 22:5–6.

<https://doi.org/10.1016/j.tplants.2016.11.009>

Zhou CS, Cao Q, Li GZ, Ma DY (2020) Role of several cytochrome P450s in the resistance and cross-resistance against imidacloprid and acetamiprid of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) MEAM1 cryptic species in Xinjiang, China. Pestic Biochem Physiol 163:209–215.

<https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2019.11.01>

## CAPÍTULO 2

### **PERFORMANCE DE *Bemisia tabaci* MEAM1 E MED EM GENÓTIPOS DE SOJA COM DIFERENTES NÍVEIS DE FLAVONOIDES**

Ana Paula Santana Lima<sup>a</sup>, Edson Luiz Lopes Baldin<sup>a</sup>, Alisson da Silva Santana<sup>b</sup>, Thais Lohaine Braga dos Santos<sup>a</sup>, Aline Marques Pinheiro<sup>a</sup>, Isabella Rubio Cabral<sup>a</sup>, Sinara de Nazaré Santana Brito<sup>c</sup>, Giuseppina Pace Pereira Lima<sup>c</sup>, Renate Krause Sakate<sup>a</sup>, André Luiz Lourenção<sup>d</sup>

<sup>a</sup>Departamento de Proteção vegetal, Universidade Estadual Paulista, 18610-034, Botucatu, São Paulo, Brasil.

<sup>b</sup>West Central Research, Extension and Education Center, Department of Entomology, University of Nebraska-Lincoln, NE 69101, North Platte, United States.

<sup>c</sup>Instituto de Biociências, Departamento de Química e Bioquímica, Universidade Estadual Paulista, 18618-970, Botucatu, São Paulo, Brasil.

<sup>d</sup>Departamento de Entomologia e Acarologia, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 13418-900, Piracicaba, São Paulo, Brasil.

**Resumo:** A cultura da soja é atacada por diversos tipos de insetos-praga, dentre eles, estão as espécies invasivas de mosca-branca *Bemisia tabaci* MEAM1 (*Middle East Asia Minor 1*) e MED (*Mediterranean*). O uso de plantas resistentes pode auxiliar na redução das populações de *B. tabaci* no campo. Desse modo, o objetivo deste estudo foi avaliar parâmetros biológicos de *B. tabaci* MEAM1 e MED em 35 genótipos de soja e analisar alguns compostos químicos possivelmente associados à expressão de resistência pelas plantas. Foram avaliados o período de incubação, o período ninfal, o período de desenvolvimento ovo-adulto e a viabilidade ninfal de ambas as espécies. Foram realizadas análises químicas de compostos fenólicos e flavonoides totais em todos os genótipos. Adicionalmente, foram conduzidas análises dos flavonoides rutina, genisteína, genistina e ácido salicílico nos cinco genótipos que causaram maior redução da viabilidade ninfal (mais resistentes) de MEAM1 e em um dos genótipos mais suscetível. Não houve diferença significativa para o período de incubação dos ovos de MEAM1 e MED. Os genótipos TMG 1180 RR, Conquista, 99R09, KS 4202 e BRB 15-237.527 prolongaram os períodos ninfal e de desenvolvimento ovo-adulto de MEAM1, revelando expressão de resistência moderada. Já para MED, a duração do período ovo-adulto foi maior nos genótipos 50I52 RSF IPRO, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO. Os genótipos IAC 74-2832, Dowling, BRS 391, TMG 2375 IPRO, FTS Campo Mourão RR e IAC 24 causaram maior redução da viabilidade ninfal de MEAM1. Por outro lado, os genótipos TMG 2375 IPRO, TMG 1288 RR e BRS 1003 IPRO causaram maior mortalidade de ninfas de MED. Houve correlação negativa significativa entre flavonoides totais e a viabilidade ninfal de MEAM1. Foi observada correlação positiva significativa entre compostos fenólicos totais e a viabilidade ninfal de MEAM1. Adicionalmente, apenas os genótipos IAC 74-2832 e TMG 2375 IPRO apresentaram rutina e genistina. O presente estudo revelou fontes de resistência para *B. tabaci* MEAM1 e MED, que podem ser usadas em programas de melhoramento genético visando à obtenção de genótipos de soja resistentes a essas pragas.

**Palavras-chave:** metabólitos secundários; antibiose; espécies crípticas; resistência de plantas; *Glycine max*

## 2.1 INTRODUÇÃO

A introdução de espécies exóticas de insetos tem sido um sério problema para diversas culturas ao redor do mundo (Venette; Hutchison, 2021). No Brasil, a produção de soja tem sido afetada por diferentes espécies de artrópodes não nativos que, além de causar danos à cultura, podem impactar a biodiversidade e a segurança alimentar (Pozebon *et al.*, 2020). A mosca-branca *Bemisia tabaci* é um complexo de espécies crípticas composto por grupos de indivíduos geneticamente distintos (De Barro *et al.*, 2011). As espécies crípticas de *Bemisia tabaci* MEAM1 (*Middle East Asia Minor 1*, conhecida como biótipo B e *Bemisia argentifolii* Bellows & Perring) e MED (*Mediterranean*, conhecida como biótipo Q), considerada a *B. tabaci stricto sensu* (Tay *et al.* 2012; Brown *et al.* 2023) estão entre as pragas invasoras que ocorrem na cultura da soja no Brasil (Pozebon *et al.*, 2020).

*Bemisia tabaci* MEAM1 e MED são diferenciadas apenas por meio de análises moleculares que se baseiam nas informações fornecidas pela análise da sequência genética da subunidade citocromo-oxidase mitocondrial I (De Barro *et al.*, 2011; Dinsdale *et al.*, 2010). No entanto, apesar de serem morfológicamente idênticas, essas espécies crípticas podem diferir entre si com relação a uma ampla gama de aspectos biológicos, incluindo capacidade reprodutiva (Pascual; Callejas, 2004), transmissão de vírus (Gautam *et al.*, 2022), composição endossimbionte (Karut *et al.*, 2017) e resistência a inseticidas (Sun *et al.*, 2013). Além disso, MED e MEAM1 apresentam comportamentos diferentes em relação às plantas hospedeiras (Bonato *et al.*, 2007; Nombela; Beitia; Muñiz, 2001; Watanabe *et al.*, 2019).

Diversos estudos têm abordado a habilidade de *Bemisia tabaci* MEAM1 e MED em colonizar e se desenvolver em diferentes espécies de plantas. Sabe-se que MEAM1 apresenta vantagens em relação à MED em plantas de algodão, tomate, repolho e pepino e que MED tem uma performance melhor em pimenta e feijão, por exemplo (Jiao *et al.*, 2014; Pan *et al.*, 2015; Sun *et al.*, 2013; Watanabe *et al.*, 2019). No entanto, tanto MEAM1 quanto MED apresentam bom desempenho em plantas de soja (Watanabe *et al.*, 2019). MEAM1 tem ganhado notoriedade como praga desta cultura desde a sua introdução no Brasil nos anos 90 (Lourenção; Nagai, 1994), ao passo que MED foi identificada no país mais recentemente, em 2014. MED foi inicialmente encontrada em *Capsicum annuum* L. em estufa e *Ipomoea batatas* (L.) Lam em campo aberto (Barbosa *et al.*, 2014), no entanto, devido a sua alta capacidade

de invasão, essa praga tem sido vista como uma ameaça aos monocultivos de soja, uma vez que já ocorre em áreas produtoras dessa *commodity* (Bello *et al.*, 2021).

A avaliação da performance de MEAM1 e MED em diferentes genótipos de soja pode permitir a identificação de fontes de resistência a uma ou a ambas as espécies crípticas. Estudos desse tipo já foram realizados para MEAM1 (Cruz; Baldin, 2017; Vieira *et al.*, 2016). No entanto, as espécies crípticas de *B. tabaci* apresentam diferenças na preferência por espécies de plantas hospedeiras ou mesmo em cultivares de uma mesma espécie de planta (Bonato *et al.*, 2007; Nombela; Beitia; Muñoz, 2001; Watanabe *et al.*, 2019). Desse modo, é interessante a avaliação do desempenho de ambas as espécies crípticas em uma ampla gama de genótipos de soja com alta variabilidade genética. Os resultados dessas pesquisas podem auxiliar na elaboração de estratégias de manejo mais eficientes para redução de populações de mosca-branca.

Os metabólitos secundários de plantas desempenham um importante papel na defesa contra insetos fitófagos (War *et al.*, 2019). Alguns genótipos de soja, por exemplo, são ricos em flavonoides, como rutina, genisteína, genistina, daidzeína e kaempferol, que são substâncias de defesa capazes de afetar negativamente insetos-praga (Bentivenha *et al.*, 2018; Boiça Júnior *et al.*, 2022; Gomez *et al.*, 2018; Hay *et al.*, 2020; Zavala *et al.*, 2015). Em estudo realizado por Vieira *et al.* (2016) com *B. tabaci* MEAM1, por exemplo, o genótipo de soja com maior concentração de flavonoides causou maior mortalidade ninfal, sendo provável que estes compostos possam estar relacionados à defesa da planta a essa praga. No entanto, estudos como esses são escassos e apenas alguns compostos químicos de plantas foram analisados quanto à sua contribuição para a resistência contra *B. tabaci* (Li *et al.*, 2023). Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar aspectos biológicos de *B. tabaci* MEAM1 e MED em 35 genótipos de soja. Além disso, foram realizadas análises de flavonoides totais e compostos fenólicos totais em 35 os genótipos de soja, além de análises de rutina, genisteína, genistina e ácido salicílico nos materiais mais resistentes e suscetível, a fim de correlacionar esses dados com a expressão de antibiose.

## **2.2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.2.1 Obtenção dos genótipos**

Foram avaliados 35 genótipos de soja, conforme descritos na Tabela 1.

**Tabela 1.** Genótipos de soja avaliados para resistência a *B. tabaci* MEAM1 e MED.

<b>Genótipo</b>	<b>Origem</b>
50I52 RSF IPRO	BRASMAX Genética
65I65 RSF IPRO	BRASMAX Genética
95R95 IPRO	Pioneer Sementes
97R50 IPRO	Pioneer Sementes
99R09	Pioneer Sementes
Anta 82 RR	Tropical Melhoramento & Genética
AS 3680 IPRO	Agroeste
BRB 15-237.527	Embrapa
BRS 1003 IPRO	Embrapa
BRS 391	Embrapa
Conquista	Embrapa
Dowling (PI 548663)	USDA-EUA
DS 6217 IPRO	Brevant Sementes
FTS Campo Mourão RR	FT Sementes
IAC 17	IAC
IAC 19	IAC
IAC 24	IAC
IAC 74-2832	IAC
IAC 78-2318	IAC
KS 4202	EUA
M 7739 IPRO	Monsoy
NS 6700 IPRO	Nidera Sementes
NS 7007 IPRO	Nidera Sementes
PI 229358	Japão
PI 274454	Japão
ST 721 IPRO	SoyTech
TMG 1180 RR	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 1182 RR	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 1188 RR	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 1288 RR	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 2375 IPRO	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 2378 IPRO	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 7161 RR	Tropical Melhoramento & Genética
TMG 7262 RR	Tropical Melhoramento & Genética
Ultra BMX	BRASMAX Genética

Para avaliação da performance de *B. tabaci* MEAM1 e MED, foram utilizadas plantas em estágio fenológico V3/V4 (Fehr; Caviness, 1977), as quais foram mantidas em casa de vegetação, livre da infestação de insetos. As plantas foram cultivadas em vasos plásticos de 2,5 litros contendo substrato, composto por solo (Latosolo Vermelho-escuro), areia e matéria orgânica (esterco de curral curtido), na proporção de 1:1:1. A adubação do substrato seguiu as recomendações para cultura (Cantarella *et al.*, 2022).

### **2.2.2 Criação estoque de *B. tabaci* MEAM1 e MED**

A população inicial de *B. tabaci* MEAM1 foi obtida junto ao Instituto Agronômico (IAC), Campinas, São Paulo. *Bemisia tabaci* MED foi coletada em cultivo de pimentão em estufa, em São Miguel do Arcanjo, São Paulo. A confirmação das espécies crípticas foi realizada de acordo com os protocolos descritos por De Barro *et al* (2003). MEAM1 e MED foram mantidas separadamente em gaiolas metálicas (3 x 3 x 2,5 m), revestidas lateralmente por tela antiafídeo e com teto coberto com lona plástica transparente e sombrite. Para MED, plantas de poinsétia [*Euphorbia pulcherrima* (Willd.)], pimentão (*Capsicum annuum* L.) e pimentas ornamentais (*Capsicum* spp.) foram fornecidas como fonte de alimento e abrigo. No caso de MEAM1, foram fornecidas plantas de couve [*Brassica oleracea* (L.) var. *sabellica*]. As plantas foram cultivadas em vasos plásticos (2,5 L), sendo substituídas conforme a necessidade.

### **2.2.3 Biologia de *B. tabaci* MEAM1 e MED**

Parâmetros biológicos de *B. tabaci* MEAM1 e MED foram avaliados em 35 genótipos de soja a fim de verificar a possível expressão de resistência por antibiose. Foi empregada a metodologia de Baldin *et al.* (2005) e de Cruz & Baldin (2017), com adaptações. Plantas de cada genótipo em estágio fenológico V3-V4 foram individualizadas em vasos de 5 litros. Em seguida, um folíolo do terço superior, completamente expandido, de cada planta foi individualizado em gaiola confeccionada em tecido organza (12 x 12 x 15 cm). Posteriormente, 50 casais foram coletados da criação estoque (MEAM1 ou MED) e liberados no interior das gaiolas, onde foram mantidos por 24 h para obtenção dos ovos. Após a retirada das gaiolas e dos insetos, foram mantidos 30 ovos na região abaxial de cada folíolo, os quais foram examinados sob microscópio estereoscópio (aumento de 40x). O excesso de ovos foi removido com auxílio de hastes flexíveis de algodão. Este ensaio foi conduzido em casa de

vegetação, sendo as plantas transportadas para o laboratório para a realização das avaliações. Foi adotado um delineamento inteiramente casualizado com seis repetições por genótipo (n= 180).

Foram realizadas avaliações para a obtenção dos seguintes parâmetros biológicos: período de incubação dos ovos, período ninfal total, período de desenvolvimento de ovo a adulto e viabilidade ninfal.

#### **2.2.4 Análises de compostos fenólicos totais e flavonoides totais**

Análises de compostos fenólicos e flavonoides totais foram realizadas nos 35 genótipos de soja. Foram utilizadas folhas totalmente expandidas do terço superior das plantas em estágio fenológico V3-V4. As folhas foram colhidas e secas em estufa de secagem a 60 °C por 48 h. Após a secagem, as folhas foram reduzidas a baixa granulometria por meio de moedor de café (di Grano, Cadence). As análises foram realizadas em triplicata, com 15 plantas por tratamento (genótipo).

Para obtenção dos extratos, 250 mg das amostras moídas foram acondicionadas em tubos de ensaio. Posteriormente foram adicionados 5 ml de metanol acidificado a 80% em cada tubo de ensaio. As amostras foram submetidas a banho ultrassônico por 30 min e, em seguida, foi realizada centrifugação por 25 min a 6000 rpm. O sobrenadante foi recolhido e armazenado em vidro âmbar. O precipitado foi re-extraído, seguindo o mesmo procedimento, e os sobrenadantes foram combinados.

A análise dos compostos fenólicos totais foi realizada de acordo com o método espectrofotométrico, com uso do reagente de Folin-Ciocalteu (Singleton; Orthofer; Lamuela-Raventós, 1999). Alíquotas de 0,5 ml do sobrenadante foram transferidas para tubos de ensaio, juntamente com 0,5 ml do reagente Folin-Ciocalteu, 0,5 ml de água e 2,5 ml de solução de Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub> a 20%. Após a agitação dos tubos e uma hora de reação no escuro, a leitura de absorvância foi feita à 725 nm (Pharmacia Biotech Ultrospec 2000). Os resultados foram expressos em mg/g de massa seca, em equivalente de ácido gálico.

A determinação dos teores de flavonoides totais nos extratos foi realizada por meio da adição de 2 ml do sobrenadante em tubos de ensaio, seguida pela adição de 2 ml de metanol acidificado a 80% e de 1 ml de solução de cloreto de alumínio a 5% (Awad; De Jager; Van Westing, 2000). Após homogeneização, os tubos foram armazenados à temperatura ambiente e protegidos da luz por uma hora. A leitura das

absorbâncias foi realizada a 425 nm em espectrofotômetro (Pharmacia Biotech Ultrospec 2000). Os resultados foram expressos como miligramas de equivalente de quercetina por grama de amostra seca.

### **2.2.5 Extração, Identificação e quantificação de metabolitos secundários usando HPLC**

A análise de HPLC foi realizada visando à identificação e quantificação de rutina, genisteína, genistina e ácido salicílico em seis genótipos de soja, seguindo metodologia de Vieira *et al.* (2016), com adaptações. Esses seis genótipos foram selecionados com base na avaliação da viabilidade ninfal de MEAM1, utilizando-se os cinco mais resistentes (IAC 74-2832, Dowling, BRS 391, TMG 2375 IPRO e FTS Campo Mourão RR) e um entre os mais suscetíveis (TMG 7262 RR).

Folhas do terço superior de cada genótipo, totalmente expandidas, foram coletadas e liofilizadas por 48 h. Posteriormente, as folhas foram moídas para realização da extração e análise. Foi realizada a pesagem de 1 g de cada amostra em tubo Falcon e, em seguida, adicionados 10 ml de metanol (MeOH) 90%. As amostras foram submetidas a um banho ultrassônico por 20 min e, em seguida, foram centrifugadas a 4 °C por 12 min. O sobrenadante foi filtrado através de um filtro de 0,45- $\mu$ m Membrana Millipore, e analisado por cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC) (Shimadzu Corporation, Kyoto, Japão). As concentrações de rutina, genistina, genisteína e ácido salicílico foram determinadas comparando a área do pico, o espectro ultravioleta e os tempos de retenção dos picos das amostras com aqueles dos padrões autênticos (Sigma-Aldrich) usados para produzir uma curva de calibração usando concentrações de 6,25, 12,5, 25, 50 e 100  $\mu$ g/mL.

### **2.2.6 Análises estatísticas**

Verificou-se a normalidade de resíduos e a homogeneidade de variâncias por meio dos testes de Shapiro-Wilk e de Bartlett, respectivamente. Quando as pressuposições de

normalidade e homogeneidade foram aceitas, os dados foram submetidos à fenólicos totais foram submetidos a uma análise de cluster em duas etapas, análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott ( $p > 0.05$ ). Quando as pressuposições não foram satisfeitas, os dados dos parâmetros biológicos de *B.*

*tabaci* MEAM1 e MED e a concentração de flavonoides e compostos começando com o procedimento fastclus (PROC FASTCLUS, SAS) para identificar os clusters iniciais, seguido pelo procedimento cluster (PROC CLUSTER, SAS) usando uma estrutura hierárquica. O procedimento fastclus usa distâncias euclidianas, portanto os centros do cluster são baseados em estimativas de mínimos quadrados (LSE). Nesse método de agrupamento, também chamado de modelo 'k-means', os centros do cluster são as médias das observações atribuídas a cada cluster quando o algoritmo é executado para completar a convergência entre os clusters. Cada interação reduz o critério dos mínimos quadrados até que a convergência seja alcançada e os grupos sejam definidos. Os clusters foram caracterizados com base na análise de variância e análises do  $\chi^2$  com as variáveis do cluster como resultados da adesão ao cluster. Por fim, as diferenças entre as variáveis foram verificadas por meio do teste de contrastes entre os grupos, utilizando modelos lineares generalizados usando (PROC GLM-contrast statment, SAS). Para os dados de concentração de rutina e genistina utilizou-se o teste de Fisher LS-Means, ajustado para Tukey ( $P \leq 0,05$ ), para a comparação das médias (PROC MIXED, SAS). Para analisar as relações entre as variáveis nesse estudo, foi empregado o procedimento 'proc corr' do SAS. Quando os dados atenderam aos pressupostos de normalidade e homocedasticidade, foi utilizada a correlação de Pearson para avaliar associações lineares entre as variáveis. Por outro lado, quando os dados não obedeceram aos pressupostos de homogeneidade e homocedasticidade, foi utilizada a correlação de Spearman.

## 2.3 RESULTADOS

### 2.3.1 Biologia de *B. tabaci* MEAM1 e MED

Não houve diferença significativa em relação ao período de incubação dos ovos, para ambas as espécies crípticas, com valores variando entre 8,86 e 8,99 dias para MEAM1 e entre 8,61 e 9,18 dias para MED (Tabelas 2 e 3). Para MEAM1, o período ninfal variou entre 14,22 e 18,65 dias. Os genótipos TMG 1180 RR (18,65 dias), Conquista (17,52 dias), 99R09 (17,10 dias), KS 4202 (17,06 dias) e BRB 15-237.527 (16,91 dias) prolongaram o período ninfal de MEAM1, contrastando com Dowling (14,22 dias), no qual os insetos atingiram a fase adulta em um período mais curto (Tabela 2). O período ninfal de MED foi prolongado pelos genótipos 50I52 RSF IPRO, 65I65 RSF IPRO, TMG 1288 RR, TMG 2375 IPRO e Ultra BMX, com médias variando entre 16,54 e

15,58 dias. As menores médias para esse parâmetro foram observadas nos genótipos ST 721 IPRO, TMG 1182 RR, Dowling, TMG 1188 RR, NS 7007 IPRO, 99R09, PI 229358, NS 6700 IPRO, com valores variando entre 14,34 e 13,58 dias (Tabela 3). O desenvolvimento ovo-adulto de MEAM1 variou de 23,18 dias (Dowling) a 27,56 (TMG 1180 RR) dias. Para a espécie MED, os genótipos TMG 1288 RR, TMG 2375 IPRO e 50152 RSF IPRO se destacaram por prolongar o período de desenvolvimento ovo-adulto (25,69 a 25,18 dias). Contrastando com estes resultados, os genótipos 99R09, TMG 1188 RR, NS 7007 IPRO, PI 229358 e NS 6700 IPRO apresentaram as menores médias para período ovo-adulto (22,84 a 22,48 dias).

A viabilidade ninfal de MEAM1 foi reduzida nos genótipos IAC 24, FTS Campo Mourão RR, TMG 2375 IPRO, BRS 391, Dowling e IAC 74-2832 que apresentaram valores entre 37,22 e 57,22%. Os maiores valores para esse parâmetro foram observados nos genótipos PI 274454, TMG 1180 RR, TMG 7262 RR, KS 4202, 97R50 IPRO, NS 7007 IPRO e IAC 78-2318 (88,33 a 81,67%). Já para MED, os genótipos BRS 1003 IPRO, TMG 1288 RR, TMG 2375 IPRO foram os que mais reduziram a viabilidade ninfal, com médias variando entre 71,67 e 77,22%. Os demais genótipos apresentaram os maiores valores para viabilidade ninfal, com médias entre 80,56 e 97,22%.

**Tabela 2.** Médias ( $\pm$  EP) do período de incubação, período ninfal, desenvolvimento ovo-adulto e viabilidade ninfal de *Bemisia tabaci* MEAM1 em 35 genótipos de soja, em casa de vegetação.

Genótipo	Período de incubação (dias)	Período ninfal (dias)	Desenvolvimento ovo-adulto (dias) <sup>a</sup>	Viabilidade ninfal (%)
IAC 74-2832	8,93 $\pm$ 0,03	15,86 $\pm$ 0,22 d	24,80 $\pm$ 0,20 d	37,22 $\pm$ 6,78 c
Dowling	8,96 $\pm$ 0,02	14,22 $\pm$ 0,21 e	23,18 $\pm$ 0,21 g	49,44 $\pm$ 3,28 c
BRS 391	8,95 $\pm$ 0,04	15,80 $\pm$ 0,23 d	24,74 $\pm$ 0,21 d	53,33 $\pm$ 5,21 c
TMG 2375 IPRO	8,92 $\pm$ 0,04	15,02 $\pm$ 0,07 d	23,94 $\pm$ 0,09 f	53,89 $\pm$ 4,19 c
FTS Campo Mourão RR	8,99 $\pm$ 0,02	15,54 $\pm$ 0,13 d	24,54 $\pm$ 0,14 d	55,56 $\pm$ 1,28 c
IAC 24	8,93 $\pm$ 0,04	16,81 $\pm$ 0,11 c	25,74 $\pm$ 0,10 c	57,22 $\pm$ 4,68 c
TMG 2378 IPRO	8,97 $\pm$ 0,03	15,13 $\pm$ 0,23 d	24,10 $\pm$ 0,24 f	62,22 $\pm$ 2,80 b
Ultra BMX	8,97 $\pm$ 0,02	15,90 $\pm$ 0,24 d	24,87 $\pm$ 0,24 e	64,44 $\pm$ 2,80 b
NS 6700 IPRO	8,94 $\pm$ 0,04	16,44 $\pm$ 0,11 c	25,38 $\pm$ 0,11 d	65,56 $\pm$ 4,21 b
TMG 7161 RR	8,95 $\pm$ 0,03	16,06 $\pm$ 0,26 c	25,01 $\pm$ 0,28 e	66,11 $\pm$ 2,88 b
AS 3680 IPRO	8,93 $\pm$ 0,04	15,97 $\pm$ 0,16 c	24,90 $\pm$ 0,15 e	66,67 $\pm$ 4,58 b
BRB 15-237.527	8,90 $\pm$ 0,03	16,91 $\pm$ 0,09 b	25,81 $\pm$ 0,08 c	68,33 $\pm$ 2,58 b
M 7739 IPRO	8,89 $\pm$ 0,03	16,28 $\pm$ 0,12 c	25,17 $\pm$ 0,12 d	70,56 $\pm$ 3,64 b
BRS 1003 IPRO	8,86 $\pm$ 0,04	15,57 $\pm$ 0,27 d	24,50 $\pm$ 0,26 e	74,44 $\pm$ 2,80 b
50I52 RSF IPRO	8,93 $\pm$ 0,03	16,03 $\pm$ 0,41 c	24,89 $\pm$ 0,42 e	74,44 $\pm$ 4,21 b
IAC 17	8,93 $\pm$ 0,03	16,34 $\pm$ 0,14 c	25,25 $\pm$ 0,15 d	74,44 $\pm$ 5,01 b
65I65 RSF IPRO	8,92 $\pm$ 0,04	16,63 $\pm$ 0,26 c	25,55 $\pm$ 0,27 d	74,44 $\pm$ 5,65 b
PI 229358	8,89 $\pm$ 0,04	16,28 $\pm$ 0,12 c	25,17 $\pm$ 0,10 d	75,00 $\pm$ 4,29 b
TMG 1188 RR	8,94 $\pm$ 0,04	16,60 $\pm$ 0,10 c	25,54 $\pm$ 0,10 d	75,56 $\pm$ 3,82 b
IAC 19	8,94 $\pm$ 0,03	15,51 $\pm$ 0,19 d	24,44 $\pm$ 0,21 e	75,56 $\pm$ 5,07 b
DS 6217 IPRO	8,93 $\pm$ 0,03	16,59 $\pm$ 0,12 c	25,52 $\pm$ 0,13 d	76,11 $\pm$ 2,54 b
99R09	8,91 $\pm$ 0,03	17,10 $\pm$ 0,25 b	26,01 $\pm$ 0,24 c	76,11 $\pm$ 3,08 b
95R95 IPRO	8,92 $\pm$ 0,03	15,49 $\pm$ 0,25 d	24,41 $\pm$ 0,24 e	76,67 $\pm$ 1,92 ab
Conquista	8,90 $\pm$ 0,03	17,52 $\pm$ 0,11 b	26,42 $\pm$ 0,10 b	77,22 $\pm$ 2,54 ab
Anta 82 RR	8,90 $\pm$ 0,03	16,43 $\pm$ 0,17 c	25,33 $\pm$ 0,16 d	77,22 $\pm$ 4,40 ab
TMG 1288 RR	8,98 $\pm$ 0,03	15,23 $\pm$ 0,18 d	24,22 $\pm$ 0,19 f	78,33 $\pm$ 3,31 ab
ST 721 IPRO	8,97 $\pm$ 0,04	15,43 $\pm$ 0,14 d	24,40 $\pm$ 0,16 e	78,33 $\pm$ 4,21 ab
TMG 1182 RR	8,92 $\pm$ 0,03	15,99 $\pm$ 0,15 c	24,91 $\pm$ 0,14 e	80,00 $\pm$ 5,83 ab
IAC 78-2318	8,94 $\pm$ 0,03	15,59 $\pm$ 0,15 d	24,53 $\pm$ 0,16 e	81,67 $\pm$ 4,89 a
NS 7007 IPRO	8,94 $\pm$ 0,03	15,28 $\pm$ 0,16 d	24,22 $\pm$ 0,14 f	81,67 $\pm$ 6,12 a
97R50 IPRO	8,96 $\pm$ 0,04	15,38 $\pm$ 0,13 d	24,33 $\pm$ 0,14 f	83,33 $\pm$ 2,94 a
KS 4202	8,94 $\pm$ 0,03	17,06 $\pm$ 0,09 b	26,00 $\pm$ 0,11 c	85,00 $\pm$ 2,81 a
TMG 7262 RR	8,97 $\pm$ 0,04	15,32 $\pm$ 0,18 d	24,29 $\pm$ 0,17 f	85,00 $\pm$ 4,43 a
TMG 1180 RR	8,91 $\pm$ 0,04	18,65 $\pm$ 0,17 a	27,56 $\pm$ 0,14 a	85,56 $\pm$ 4,28 a
PI 274454	8,94 $\pm$ 0,03	16,27 $\pm$ 0,07 c	25,21 $\pm$ 0,09 d	88,33 $\pm$ 2,69 a
<i>P</i>	0,96	<0,01	<0,01	<0,01

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de contrastes ( $p > 0,05$ )

<sup>(a)</sup> Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott ( $p > 0,05$ )

**Tabela 3.** Médias ( $\pm$  EP) do período de incubação, período ninfal, desenvolvimento ovo-adulto e viabilidade ninfal de *Bemisia tabaci* MED em 35 genótipos de soja, em casa de vegetação.

Genótipo	Período de incubação (dias)	Período ninfal (dias)	Desenvolvimento ovo-adulto (dias)	Viabilidade ninfal (%)
TMG 2375 IPRO	9,18 $\pm$ 0,09	16,48 $\pm$ 0,38 a	25,66 $\pm$ 0,32 a	71,67 $\pm$ 4,63 c
TMG 1288 RR	9,15 $\pm$ 0,10	16,54 $\pm$ 0,29 a	25,69 $\pm$ 0,31 a	73,33 $\pm$ 3,42 c
BRS 1003 IPRO	9,12 $\pm$ 0,15	15,04 $\pm$ 0,50 b	24,16 $\pm$ 0,37 b	77,22 $\pm$ 1,83 c
50I52 RSF IPRO	9,11 $\pm$ 0,11	16,07 $\pm$ 0,22 a	25,18 $\pm$ 0,30 a	80,56 $\pm$ 3,46 b
IAC 17	8,97 $\pm$ 0,07	14,56 $\pm$ 0,24 b	23,54 $\pm$ 0,27 c	81,11 $\pm$ 2,68 b
TMG 7161 RR	8,87 $\pm$ 0,08	14,48 $\pm$ 0,25 b	23,35 $\pm$ 0,22 c	81,11 $\pm$ 2,31 b
TMG 2378 IPRO	8,99 $\pm$ 0,10	15,34 $\pm$ 0,16 b	24,34 $\pm$ 0,21 b	82,22 $\pm$ 4,28 b
FTS Campo Mourão RR	9,07 $\pm$ 0,09	14,53 $\pm$ 0,20 b	23,61 $\pm$ 0,24 c	84,44 $\pm$ 4,95 b
DS 6217 IPRO	8,86 $\pm$ 0,08	14,37 $\pm$ 0,10 b	23,23 $\pm$ 0,15 c	85,00 $\pm$ 3,49 b
Ultra BMX	8,90 $\pm$ 0,13	15,58 $\pm$ 0,51 a	24,68 $\pm$ 0,49 b	85,56 $\pm$ 3,48 b
AS 3680 IPRO	8,92 $\pm$ 0,11	14,62 $\pm$ 0,28 b	23,54 $\pm$ 0,33 c	85,56 $\pm$ 1,70 b
IAC 24	9,10 $\pm$ 0,06	15,43 $\pm$ 0,28 b	24,33 $\pm$ 0,28 b	85,56 $\pm$ 1,70 b
TMG 7262 RR	9,12 $\pm$ 0,06	14,84 $\pm$ 0,19 b	23,92 $\pm$ 0,19 c	86,11 $\pm$ 2,98 b
Conquista	9,08 $\pm$ 0,04	14,48 $\pm$ 0,15 b	23,60 $\pm$ 0,16 c	86,11 $\pm$ 3,08 b
65I65 RSF IPRO	8,97 $\pm$ 0,06	15,80 $\pm$ 0,31 a	24,77 $\pm$ 0,28 b	86,67 $\pm$ 2,83 b
NS 7007 IPRO	9,16 $\pm$ 0,05	13,95 $\pm$ 0,15 c	22,75 $\pm$ 0,15 d	86,67 $\pm$ 4,37 b
97R50 IPRO	8,79 $\pm$ 0,04	14,69 $\pm$ 0,14 b	23,85 $\pm$ 0,11 c	86,67 $\pm$ 3,51 b
TMG 1182 RR	8,88 $\pm$ 0,02	14,32 $\pm$ 0,13 c	23,45 $\pm$ 0,15 c	87,22 $\pm$ 1,83 b
PI 274454	9,14 $\pm$ 0,09	14,38 $\pm$ 0,09 b	23,26 $\pm$ 0,10 c	87,22 $\pm$ 1,22 b
IAC 742832	8,93 $\pm$ 0,06	14,57 $\pm$ 0,16 b	23,50 $\pm$ 0,15 c	87,78 $\pm$ 5,13 b
TMG 1188 RR	8,97 $\pm$ 0,20	14,10 $\pm$ 0,11 c	22,79 $\pm$ 0,21 d	88,89 $\pm$ 2,18 b
NS 6700 IPRO	9,14 $\pm$ 0,10	13,58 $\pm$ 0,17 c	22,48 $\pm$ 0,14 d	88,89 $\pm$ 1,50 b
Dowling	8,90 $\pm$ 0,09	14,23 $\pm$ 0,21 c	23,38 $\pm$ 0,27 c	88,89 $\pm$ 3,21 b
95R95 IPRO	8,69 $\pm$ 0,13	14,72 $\pm$ 0,49 b	23,69 $\pm$ 0,36 c	88,89 $\pm$ 3,30 b
M 7739 IPRO	8,76 $\pm$ 0,07	14,53 $\pm$ 0,17 b	23,38 $\pm$ 0,28 c	90,56 $\pm$ 2,28 a
BRB 15-237.527	9,16 $\pm$ 0,08	15,08 $\pm$ 0,36 b	24,24 $\pm$ 0,39 b	90,56 $\pm$ 2,14 a
KS 4202	9,09 $\pm$ 0,05	14,58 $\pm$ 0,27 b	23,68 $\pm$ 0,29 c	90,56 $\pm$ 1,99 a
TMG 1180 RR	8,85 $\pm$ 0,16	15,19 $\pm$ 0,06 b	23,94 $\pm$ 0,06 c	90,56 $\pm$ 2,77 a
BRS 391	8,94 $\pm$ 0,14	14,42 $\pm$ 0,29 b	23,36 $\pm$ 0,41 c	91,67 $\pm$ 2,58 a
IAC 19	9,01 $\pm$ 0,10	14,92 $\pm$ 0,09 b	23,92 $\pm$ 0,12 c	92,22 $\pm$ 2,03 a
Anta 82 RR	8,61 $\pm$ 0,14	14,96 $\pm$ 0,28 b	23,56 $\pm$ 0,24 c	92,78 $\pm$ 2,14 a
ST 721 IPRO	8,88 $\pm$ 0,06	14,34 $\pm$ 0,13 c	23,23 $\pm$ 0,17 c	93,33 $\pm$ 3,04 a
PI 229358	8,84 $\pm$ 0,05	13,82 $\pm$ 0,21 c	22,66 $\pm$ 0,23 d	95,56 $\pm$ 1,70 a
IAC 782318	8,94 $\pm$ 0,07	15,12 $\pm$ 0,34 b	24,06 $\pm$ 0,32 b	96,67 $\pm$ 1,92 a
99R09	8,93 $\pm$ 0,17	13,91 $\pm$ 0,14 c	22,84 $\pm$ 0,12 d	97,22 $\pm$ 1,22 a
P	0,21	<0,01	<0,01	<0,01

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de contrastes ( $p > 0,05$ )

### **2.3.2 Compostos fenólicos totais e flavonoides totais**

A concentração de compostos fenólicos totais em folhas de soja variou entre 11,17 e 19,45 mg/g de massa seca, em equivalente de ácido gálico (Figura 1a). Os genótipos TMG 2378 IPRO e Ultra BMX apresentaram os maiores teores desses compostos, contrastando com 97R50 IPRO, Anta 82 RR e DS 6217 IPRO que apresentaram os menores valores.

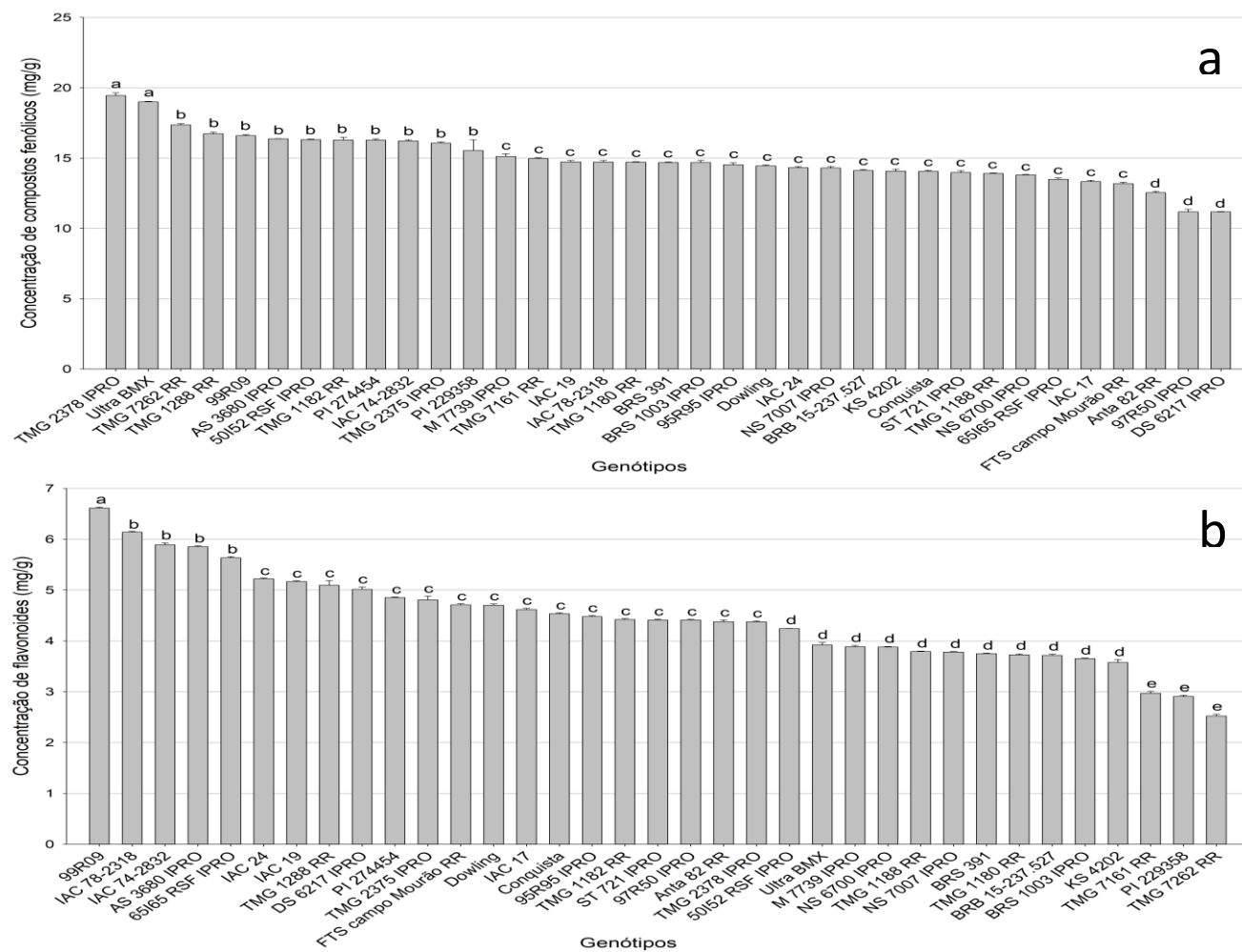
Para flavonoides totais (Figura 1b), os genótipos 99R09 (6,61 mg/g), IAC 78-2318 (6,14 mg/g), IAC 74-2832 (5,89 mg/g), AS 3680 IPRO (5,85 mg/g) e 65I65 RSF IPRO (5,63 mg/g) apresentaram os maiores valores. Por outro lado, as menores médias para esse parâmetro foram observadas nos genótipos TMG 7161 RR (2,97 mg/g), PI 229358 (2,91 mg/g) e TMG 7262 RR (2,52 mg/g).

### **2.3.4 Rutina, genisteína, genistina e ácido salicílico**

Não foi identificada a presença de genisteína e ácido salicílico em nenhum dos genótipos testados. Os flavonoides rutina e genistina foram identificados apenas nos genótipos IAC 74-2832 e TMG 2375 RR, que apresentaram concentrações de rutina de 317,76 e 168,91 µg/ml de extrato, respectivamente e concentrações de genistina de 21,96 e 23,51 µg/ml de extrato, respectivamente (Tabela 4).

### **2.3.5 Correlações**

Baseado nos coeficientes calculados ( $r$ ), foram encontradas correlações significativas apenas entre a viabilidade ninfal de MEAM1 e compostos fenólicos totais ( $r = 0,26$ ;  $P = 0,0074$ ) e flavonoides totais ( $r = -0,24$ ;  $P = 0,014$ ) (Tabela 5).



**Figura 1.** Concentração (mg/g) de compostos fenólicos totais (a) e flavonoides totais (b) em folhas de 35 genótipos de soja.

**Tabela 4.** Concentrações de rutina e genistina ( $\mu\text{g/ml}$ ) em folhas de 35 genótipos de soja.

Genótipo	Rutina	Genistina
IAC 74-2832	317,76 $\pm$ 147,58	21,96 $\pm$ 4,80 a
TMG 2375 IPRO	168,91 $\pm$ 137,92	23,51 $\pm$ 4,73 a
BRS 391	0	0 b
Dowling	0	0 b
FTS Campo Mourão RR	0	0 b
TMG 7262 RR	0	0 b
<i>P</i>	0,19	0,0002

Médias seguidas pela mesma letras na coluna não apresentam diferença significativa pelo teste Fisher LS-Means, ajustado para Tukey ( $P \leq 0,05$ )

**Tabela 5.** Coeficientes de correlação de Spearman ou Pearson<sup>a</sup> (r) e probabilidades (P) entre os parâmetros de *Bemisia tabaci* MEAM1 e MED e a concentração de compostos fenólicos totais e flavonoides totais genótipos de soja.

Parâmetro	Espécie	Coeficiente	Compostos fenólicos totais	Flavonoides totais
Período de incubação (dias)	MEAM1	r	- 0,10	0,002
		P	0,28	0,99
	MED	r	0,14	- 0,08
		P	0,17	0,43
Período ninfal (dias)	MEAM1	r	- 0,08	- 0,12
		P	0,42	0,19
	MED	r	0,15	0,17
		P	0,13	0,08
Desenvolvimento ovo-adulto (dias)	MEAM1	r	- 0,15 <sup>a</sup>	- 0,07
		P	0,14 <sup>a</sup>	0,45
	MED	r	0,18	0,14
		P	0,06	0,17
Viabilidade ninfal (%)	MEAM1	r	0,26	-0,24
		P	0,0074	0,014
	MED	r	- 0,04	- 0,02
		P	0,67	0,85

## 2.4 DISCUSSÃO

Apesar de serem sésseis e incapazes de fugir do ataque fitófago, as plantas desenvolveram uma série de defesas que permitem a sua sobrevivência diante dos insetos herbívoros (Schoonhoven; Van Loon; Dicke, 2005). Uma ampla variedade de substâncias químicas provenientes do metabolismo secundário das plantas pode causar efeitos deletérios aos insetos (Fürstenberg-Hägg; Zagrobelny; Bak, 2013; War *et al.*, 2019). A capacidade de adaptação de um inseto à planta hospedeira está intimamente relacionada a sua capacidade em lidar com as defesas oferecidas pelo vegetal (Douglas, 2018). Considerando, principalmente a viabilidade ninfal, a performance de MEAM1 indicou melhor adaptação dessa espécie à grande variabilidade genética do germoplasma avaliado, ou seja, há melhores fontes de resistência para MEAM1 que para MED.

Genótipos de plantas resistentes por antibiose podem causar uma série de efeitos negativos à biologia de insetos, tais como prolongamento do ciclo de vida, redução do peso, deformidades, redução da capacidade reprodutiva, além de maior mortalidade (Bentivenha *et al.*, 2018; Horas *et al.*, 2018; Ongaratto *et al.*, 2021). Neste estudo, os genótipos IAC 74-2832, Dowling, BRS 391, TMG 2375 IPRO, FTS Campo Mourão RR e IAC 24 causaram maior redução da viabilidade ninfal de *B. tabaci* MEAM1 (37,22 a 57,22%), sugerindo a expressão de antibiose. Resultados semelhantes para o genótipo IAC 24 foram encontrados por Vieira *et al.* (2016), onde a viabilidade ninfal de MEAM1 foi inferior a 50% nesse genótipo. Esses efeitos podem estar relacionados à ocorrência de metabólitos secundários de defesa capazes de afetar a performance dos insetos nas plantas hospedeiras (War *et al.*, 2019).

De fato, houve correlação negativa entre a concentração de flavonoides totais e a viabilidade ninfal de MEAM1. Os flavonoides são poderosos antibióticos, conhecidos por afetar diretamente o comportamento, o crescimento e o desenvolvimento dos insetos (Simmonds, 2003; Simmonds; Stevenson, 2001). Esses compostos são capazes de formar complexos com várias enzimas, restringindo assim a disponibilidade de proteínas essenciais ou mesmo influenciando os sistemas hormonais dos insetos (Felton *et al.*, 1992; Oberdörster *et al.*, 2001). Desse modo, possivelmente a maior mortalidade de MEAM1 nesses materiais se deve em parte ao conteúdo de flavonoides. Verifica-se que os genótipos IAC, principalmente IAC 78-2318, IAC 74-2832 e IAC 19, estão entre os genótipos com maior concentração de

flavonoides. Isso pode ser explicado pelo fato de serem materiais obtidos do programa de melhoramento de soja do IAC em que se visava selecionar material com alta resistência a insetos. Além disso, outros fatores podem estar relacionados com a resistência, como a presença de outros grupos de compostos químicos, as características morfológicas das plantas ou mesmo a combinação de diferentes fatores resistência (químicos e morfológicos, por exemplo) (Smith; Clement, 2012).

Compostos fenólicos são metabólitos secundários das plantas que possuem diversas propriedades biológicas, sendo composto por diferentes grupos de substâncias (flavonoides, taninos, antocianinas e outros) (Pratyusha, 2022). Esses compostos podem, por exemplo, ser usados como defesa ao ataque de pragas, devido sua natureza tóxica (Howe; Jander, 2008; War *et al.*, 2012). Surpreendentemente, uma correlação positiva foi encontrada entre a viabilidade ninfal de MEAM1 e o conteúdo de compostos fenólicos dos genótipos de soja. De fato, alguns compostos químicos de plantas podem favorecer a aceitação e alimentação de insetos ao hospedeiro e isso ocorre devido a sua adaptação a essas substâncias (Bernays; Chapman, 1994). Entretanto, essa relação é mais comum em insetos monófagos, que usam essas substâncias como estimulantes alimentares ou atrativos (Badenes-Pérez; Gershenzon; Heckel, 2020; Cogni; Trigo; Futuyma, 2012).

Contrastando com os resultados de MEAM1- com exceção para o genótipo TMG 2375 IPRO- os genótipos TMG 2375 IPRO, TMG 1288 RR e BRS 1003 IPRO, foram os que mais reduziram a sobrevivência das ninfas de MED. Esses resultados sugerem que há diferenças biológicas quanto à resistência dos genótipos às duas espécies crípticas. Sabe-se que há variações na utilização de diferentes espécies de plantas como hospedeiro pelo complexo de espécies crípticas de *B. tabaci* (Jiao *et al.*, 2014; Pan *et al.*, 2015; Sun *et al.*, 2013; Watanabe *et al.*, 2019). Aqui, pode-se notar que essas divergências também ocorrem dentro de uma mesma espécie de planta, com resultados dos parâmetros biológicos dessas pragas divergindo entre os genótipos de soja. Além disso, não houve correlação entre a concentração de flavonoides e a viabilidade de MED. Desse modo, MED mostra-se menos sensível a esses compostos comparado à MEAM1.

Alguns estudos revelam maior expressão de enzimas detoxificativas por MED em relação a MEAM1, quando expostas a inseticidas com diferentes modos de ação (He *et al.*, 2018; Ye *et al.*, 2014). Essas enzimas também estão relacionadas ao processo de detoxificação dos insetos a metabólitos secundários de plantas

(RAMSEY *et al.*, 2010). Ao longo do processo evolutivo, as plantas desenvolveram uma ampla gama de compostos químicos de defesa que as permitiu lidar com o ataque fitófago (Howe; Jander, 2008; Verhage; Van Wees; Pieterse, 2010). Em contrapartida, os insetos desenvolveram adaptações que possibilitaram o uso de vegetais como alimento (Beran; Petschenka, 2022; War *et al.*, 2018). As enzimas detoxificativas permitem que os insetos degradem as substâncias de defesa e se alimentem das plantas (Jeckel *et al.*, 2022). Desse modo, quanto maior a capacidade de um inseto em lidar com os compostos de defesa das plantas, maior será o seu sucesso (Douglas, 2018). MED apresentou maior viabilidade ninfal na maioria dos genótipos de soja avaliados, o que possivelmente pode estar atrelado a sua melhor capacidade detoxificativa.

O período de incubação dos ovos foi de aproximadamente 9 dias para MEAM1 e MED. Resultados semelhantes foram obtidos por Cruz e Baldin (2017), em genótipos de soja com período de incubação de ovos de MEAM1 variando entre 8,6 e 9 dias. Em outro estudo, a duração desse parâmetro para MEAM1 foi de 6,4 a 9,1 dias, demonstrando uma maior variação na duração da fase de ovo (Silva *et al.*, 2023). O período de desenvolvimento ovo-adulto de MEAM1 variou entre 23,18 e 27,56 dias. Já para MED, a duração deste período variou de 22,48 a 25,69 dias. Outros autores que avaliaram o ciclo de MEAM1 em diferentes genótipos de soja encontraram médias do período de desenvolvimento entre 18,0 e 27,6 dias (Cruz; Baldin, 2017; Horas *et al.*, 2018; Silva *et al.*, 2012, 2023). Variações no período de incubação de ovos e período de desenvolvimento encontradas em outros trabalhos podem ocorrer devido a fatores ambientais, como temperatura, ou a características relacionadas aos genótipos avaliados (Bonato *et al.*, 2007; Shah; Liu, 2013).

A duração dos períodos ninfal e desenvolvimento ovo-adulto de MEAM1 e MED foi prolongada em alguns dos genótipos testados. Para MEAM1, os genótipos TMG 1180 RR, Conquista, 99R09, KS 4202 e BRB 15-237.527 estão entre os que mais prolongaram a sua fase imatura. Já para MED, os genótipos ST 721 IPRO, TMG 1182 RR, Dowling, TMG 1188 RR, NS 7007 IPRO, 99R09, PI 229358 e NS 6700 IPRO foram os que mais afetaram esses parâmetros. Apesar de não terem causado, em alguns casos, aumento da mortalidade, esses materiais afetaram negativamente o ciclo dos insetos. As variações na duração do ciclo de vida podem afetar a densidade populacional de *B. tabaci*, tendo consequências nos danos e no rendimento da soja (Schutze; Naranjo; Yamamoto, 2022). Ciclos mais longos podem diminuir o número

de gerações dos insetos por ano e, conseqüentemente, levar a redução de suas populações. Adicionalmente, o prolongamento da fase imatura (fase mais suscetível) pode tornar o inseto mais exposto a fatores de mortalidade natural, como a ação de inimigos naturais, contribuindo com o controle dessas pragas (Bacci *et al.*, 2019).

Alguns genótipos estudados neste trabalho apresentaram resistência a MED e/ou MEAM1. Estudos sobre os fatores que podem contribuir para a resistência de plantas devem ser levados em consideração para melhorar a compreensão de como esse processo ocorre. Poucos compostos químicos foram estudados em relação ao seu papel na resistência de plantas a *B. tabaci* (Li *et al.*, 2023). Um exemplo é o estudo de Vieira *et al.* (2016), que avaliou a viabilidade de MEAM1 em genótipos de soja e a relação desse parâmetro com a presença de flavonoides, como rutina, genisteína e genistina, além de ácido salicílico. Aqui, genisteína e ácido salicílico não foram encontrados em nenhum dos genótipos avaliados. Os compostos rutina e genistina foram encontrados apenas nos genótipos IAC 74-2832 e TMG 2375 IPRO, sendo que ambos estão entre os que mais reduziram a viabilidade ninfal de MEAM1. Além disso, TMG 2375 IPRO foi um dos genótipos mais resistentes para MED. Esses resultados sugerem que esses flavonoides podem estar relacionados à resistência de soja a *B. tabaci*.

## 2.5 CONCLUSÃO

Considerando-se principalmente a viabilidade ninfal, os genótipos mais resistentes a *B. tabaci* MEAM1 são IAC 74-2832, Dowling, BRS 391, TMG 2375 IPRO, FTS Campo Mourão RR e IAC 24, enquanto TMG 2375 IPRO, TMG 1288 RR e BRS 1003 IPRO se destacaram como resistentes para MED. Os resultados obtidos neste estudo podem ser úteis em programas de melhoramento genético que visem obter genótipos resistentes a *B. tabaci*. Além disso, alguns materiais que apresentaram resistência já são comerciais, facilitando sua adoção pelos produtores. Nossos resultados ressaltam que a identificação da espécie críptica que ocorre na área de plantio é extremamente importante, uma vez que o desempenho de MEAM1 e MED pode ser diferente de acordo com o genótipo utilizado. Caso ambas as espécies ocorram numa mesma área, deve-se recomendar um material com resistência múltipla, como é o caso do genótipo TMG 2375 IPRO, que reduziu a viabilidade ninfal tanto de MEAM1 quanto de MED

## REFERÊNCIAS

- AWAD, M. A.; DE JAGER, A.; VAN WESTING, L. M. Flavonoid and chlorogenic acid levels in apple fruit: characterisation of variation. **Scientia Horticulturae**, v. 83, p. 249–263, 2000.
- BACCI, L. *et al.* Natural mortality factors of tomato leafminer *Tuta absoluta* in open-field tomato crops in South America. **Pest Management Science**, v. 75, n. 3, p. 736–743, 2019.
- BADENES-PÉREZ, F. R.; GERSHENZON, J.; HECKEL, D. G. Plant glucosinolate content increases susceptibility to diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae) regardless of its diet. **Journal of Pest Science**, v. 93, n. 1, p. 491–506, 1 jan. 2020.
- BALDIN, E. L. L. *et al.* Resistência de genótipos de tomateiro à mosca-branca *Bemisia tabaci* (Gennadius) biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae). **Neotropical Entomology**, v. 28, n. 3, p. 435–441, 2005.
- BALDIN, E. L. L. *et al.* Characterization of antixenosis in soybean genotypes to *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) biotype B. **Journal of Economic Entomology**, v. 110, n. 4, p. 1869–1876, 2017.
- BARBOSA, L. *et al.* First report of *Bemisia tabaci* Mediterranean (Q biotype) species in Brazil. **Pest Management Science**, v. 71, n. 4, p. 501–504, 2014.
- BELLO, V. H. *et al.* Detection of *Bemisia tabaci* Mediterranean cryptic species on soybean in São Paulo and Paraná States (Brazil) and interaction of cowpea mild mottle virus with whiteflies. **Plant Pathology**, v. 70, n. 6, p. 1508–1520, 2021.
- BENTIVENHA, J. P. F. *et al.* Role of the rutin and genistein flavonoids in soybean resistance to *Piezodorus guildinii* (Hemiptera: Pentatomidae). **Arthropod-Plant Interactions**, v. 12, n. 2, p. 311–320, 2018.
- BERAN, F.; PETSCHENKA, G. Sequestration of plant defense compounds by insects: From mechanisms to insect-plant coevolution. **Annual Review of Entomology**, v. 67, p. 163–180, 2022.
- BERNAYS, E. A.; CHAPMAN, R. E. **Host-Plant selection by phytophagous insects**. New York, New York: Chapman & Hall, 1994.
- BOIÇA JÚNIOR, A. L. *et al.* Morphological and chemical plant traits associated with feeding non-preference to adult of *Diabrotica speciosa* (Coleoptera: Chrysomelidae) in soybean genotypes. **Bulletin of Entomological Research**, v. 112, n. 6, p. 818–826, 2022.
- BONATO, O. *et al.* Modelling temperature-dependent bionomics of *Bemisia tabaci* (Q-biotype). **Physiological Entomology**, v. 32, n. 1, p. 50–55, 2007.
- BROWN, J. K.; PAREDES-MONTERO, J. R.; STOCKS, I. C. The *Bemisia tabaci* cryptic (sibling) species group — imperative for a taxonomic reassessment. **Current Opinion in Insect Science**, v. 57, p. 1–8, 2023.
- CANTARELLA, H. *et al.* **Boletim 100: Recomendações de Adubação e Calagem para o Estado de São Paulo**. Campinas - SP: Instituto Agrônomo (IAC), 2022.

COGNI, R.; TRIGO, J. R.; FUTUYMA, D. J. A free lunch? No cost for acquiring defensive plant pyrrolizidine alkaloids in a specialist arctiid moth (*Utetheisa ornatrix*). **Molecular Ecology**, v. 21, n. 24, p. 6152–6162, 2012.

CRUZ, P. L.; BALDIN, E. L. L. Performance of *Bemisia tabaci* biotype B on soybean genotypes. **Neotropical Entomology**, v. 46, n. 2, p. 210–215, 2017.

DE BARRO, P. J. *et al.* Isolation and characterization of microsatellite loci in *Bemisia tabaci*. **Molecular Ecology Notes**, v. 3, p. 40–43, 2003.

DE BARRO, P. J. *et al.* *Bemisia tabaci*: A statement of species status. **Annual Review of Entomology**, v. 56, p. 1–19, 2011.

DINSDALE, A. *et al.* 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**, v. 103, n. 2, p. 196–208, 2010.

DOUGLAS, A. E. Strategies for enhanced crop resistance to insect pests. **Annual Review of Plant Biology**, v. 69, p. 637–660, 2018.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of Soybean Development Special Report 80**. [s.l.] IWSRBC, 1977.

FELTON, G. W. *et al.* Impact of oxidized plant phenolics on the nutritional quality of dietary protein to a noctuid herbivore, *Spodoptera exigua*. **Journal of Insect Physiology**, v. 38, n. 4, p. 277–285, 1992.

FÜRSTENBERG-HÄGG, J.; ZAGROBELNY, M.; BAK, S. Plant defense against insect herbivores. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 14, n. 5, p. 10242–10297, 2013.

GAUTAM, S. *et al.* Differential transmission of old and new world Begomoviruses by Middle East-Asia Minor 1 (MEAM1) and Mediterranean (MED) cryptic species of *Bemisia tabaci*. **Viruses**, v. 14, n. 5, 2022.

GOMEZ, J. D. *et al.* Broad range flavonoid profiling by LC/MS of soybean genotypes contrasting for resistance to *Anticarsia gemmatilis* (Lepidoptera: Noctuidae). **PLoS ONE**, v. 13, n. 10, 2018.

HAY, W. T. *et al.* Biopesticide synergy when combining plant flavonoids and entomopathogenic baculovirus. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, 2020.

HE, C. *et al.* Identification of glutathione S-transferases in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and evidence that GSTd7 helps explain the difference in insecticide susceptibility between *B. tabaci* Middle East-Minor Asia 1 and Mediterranean. **Insect Molecular Biology**, v. 27, n. 1, p. 22–35, 2018.

HORAS, V. R. *et al.* Antibiosis and antixenosis resistance to oviposition by *Bemisia tabaci* (Gennadius) B biotype (Hemiptera: Aleyrodidae) in soybean genotypes. **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 85, p. 1–7, 2018.

HOWE, G. A.; JANDER, G. Plant immunity to insect herbivores. **Annual Review of Plant Biology**, v. 59, p. 41–66, 2008.

JECKEL, A. M. *et al.* Metabolization and sequestration of plant specialized metabolites in insect herbivores: Current and emerging approaches. **Frontiers in Physiology**, v. 13, 2022.

JIAO, X. *et al.* Differing effects of cabbage and pepper on B and Q putative species of *Bemisia tabaci*. **Journal of Pest Science**, v. 87, n. 4, p. 629–637, 2014.

KARUT, K. *et al.* Analysis of species, subgroups, and endosymbionts of *Bemisia tabaci* (hemiptera: Aleyrodidae) from southwestern cotton fields in Turkey. **Environmental Entomology**, v. 46, n. 4, p. 1035–1040, 2017.

LI, D. *et al.* Plant resistance against whitefly and its engineering. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, p. 1–12, 2023.

LOURENÇÃO, A. L.; NAGAI, H. Surtos populacionais de *Bemisia tabaci* no estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 53, p. 53–59, 1994.

NOMBELA, G.; BEITIA, F.; MUÑIZ, & M. A differential interaction study of *Bemisia tabaci* Q-biotype on commercial tomato varieties with or without the Mi resistance gene, and comparative host responses with the B-biotype. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, v. 98, p. 339–344, 2001.

OBERDÖRSTER, E. *et al.* Common phytochemicals are ecdysteroid agonists and antagonists: a possible evolutionary link between vertebrate and invertebrate steroid hormones. **Journal of Steroid Biochemistry & Molecular Biology**, v. 77, p. 229–238, 2001.

ONGARATTO, S. *et al.* Resistance of soybean genotypes to *Anticarsia gemmatilis* (Lepidoptera: Erebididae): antixenosis and antibiosis characterization. **Journal of Economic Entomology**, v. 114, n. 6, p. 2571–2580, 2021.

PAN, H. *et al.* Insecticides promote viral outbreaks by altering herbivore competition. **Ecological Applications**, v. 25, n. 6, p. 1585–1595, 2015.

PASCUAL, S.; CALLEJAS, C. Intra- and interspecific competition between biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) from Spain. **Bulletin of Entomological Research**, v. 94, n. 4, p. 369–375, 2004.

POZEBON, H. *et al.* Arthropod invasions versus soybean production in Brazil: A review. **Journal of Economic Entomology**, v. 113, n. 4, p. 1591–1608, 2020.

PRADO, J. C. *et al.* Resistance of cotton genotypes with different leaf colour and trichome density to *Bemisia tabaci* biotype B. **Journal of Applied Entomology**, v. 140, n. 6, p. 405–413, 2016.

PRATYUSHA, S. Phenolic compounds in the plant development and defense: An overview. Em: HASANUZZAMAN, M.; NAHAR, K. (Eds.). **Plant Stress Physiology - Perspectives in Agriculture**. [s.l.] IntechOpen, 2022. p. 224.

RAMSEY, J. S. *et al.* Comparative analysis of detoxification enzymes in *Acyrtosiphon pisum* and *Myzus persicae*. **Insect Molecular Biology**, v. 19, n. SUPPL. 2, p. 155–164, 2010.

SCHOONHOVEN, L. M.; VAN LOON, J. J. A.; DICKE, M. **Insect-Plant Biology**. 2nd. ed. New York: Oxford University Press, 2005.

SCHUTZE, I. X.; NARANJO, S. E.; YAMAMOTO, P. T. Impact of *Bemisia tabaci* MEAM1 (Hemiptera: Aleyrodidae) on soybean yield and quality under field conditions. **Journal of Economic Entomology**, v. 115, n. 3, p. 757–766, 2022.

SHAH, M. M. R.; LIU, T. X. Feeding experience of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) affects their performance on different host plants. **PLoS ONE**, v. 8, n. 10, 2013.

SILVA, J. P. F. D. G. *et al.* Assessing *Bemisia tabaci* (Genn.) biotype B resistance in soybean genotypes: Antixenosis and antibiosis. **Chilean Journal of Agriculture Research**, v. 72, n. 4, 2012.

SILVA, M. C. F. *et al.* Performance of *Bemisia tabaci* MEAM1 on soybean and resistance traits of cultivars. **Journal of Asia-Pacific Entomology**, v. 26, n. 2, 2023.

SIMMONDS, M. S. J. Flavonoid-insect interactions: Recent advances in our knowledge. **Phytochemistry**, v. 64, n. 1, p. 21–30, 2003.

SIMMONDS, M. S. J.; STEVENSON, P. C. Effects of isoflavonoids from Cicer on larvae of *Heliocoverpa armigera*. **Journal of Chemical Ecology**, v. 27, n. 5, p. 965–977, 2001.

SINGLETON, V. L.; ORTHOFER, R.; LAMUELA-RAVENTÓS, R. M. Analysis of Total Phenols and Other Oxidation Substrates and Antioxidants by Means of Folin-Ciocalteu Reagent. **Methods in enzymology**, v. 299, p. 152–178, 1999.

SMITH, C. M. **Plant resistance to arthropods: Molecular and conventional approaches**. Smith, C. Michael ed. Dordrecht, The Netherlands: Springer Science & Business, 2005.

SMITH, C. M.; CLEMENT, S. L. Molecular bases of plant resistance to arthropods. **Annual Review of Entomology**, v. 57, p. 309–328, 2012.

SUN, D. B. *et al.* Competitive displacement between two invasive whiteflies: Insecticide application and host plant effects. **Bulletin of Entomological Research**, v. 103, n. 3, p. 344–353, 2013.

TAY, W. T. *et al.* Will the real *Bemisia tabaci* please stand up? **PLoS ONE**, v. 7, n. 11, p. 1–5, 2012.

VENETTE, R. C.; HUTCHISON, W. D. Invasive insect species: Global challenges, strategies & opportunities. **Frontiers in Insect Science**, v. 1, 2021.

VERHAGE, A.; VAN WEES, S. C. M.; PIETERSE, C. M. J. Plant immunity: It's the hormones talking, but what do they say? **Plant Physiology**, v. 154, n. 2, p. 536–540, 2010.

VIEIRA, S. S. *et al.* Biological aspects of *Bemisia tabaci* biotype B and the chemical causes of resistance in soybean genotypes. **Arthropod-Plant Interactions**, v. 10, n. 6, p. 525–534, 2016.

WAR, A. R. *et al.* Mechanisms of plant defense against insect herbivores. **Plant Signaling and Behavior**, v. 7, n. 10, p. 1306–1320, 2012.

WAR, A. R. *et al.* Plant defence against herbivory and insect adaptations. **AoB PLANTS**, v. 10, n. 4, 2018.

WAR, A. R. *et al.* Plant defense and insect adaptation with reference to secondary metabolites. In: MERILLON, J.; RAMAWAT, K. (Eds.). **Co-Evolution of Secondary Metabolites**. [s.l.] Springer, Cham, 2019. p. 1–28.

WATANABE, L. F. M. *et al.* Performance and competitive displacement of *Bemisia tabaci* MEAM1 and MED cryptic species on different host plants. **Crop Protection**, v. 124, 2019.

YE, X.-D. *et al.* Transcriptomic analyses reveal the adaptive features and biological differences of guts from two invasive whitefly species. **BMC Genomics**, v. 15, p. 1–12, 2014.

ZAVALA, J. A. *et al.* Soybean resistance to stink bugs (*Nezara viridula* and *Piezodorus guildinii*) increases with exposure to solar UV-B radiation and correlates with isoflavonoid content in pods under field conditions. **Plant Cell and Environment**, v. 38, n. 5, p. 920–928, 2015.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

O uso de resistência de plantas pode auxiliar no manejo de espécies de insetos-praga. No presente estudo foram identificados genótipos de soja resistentes por antibiose e/ou antixenose a *Bemisia tabaci* MEAM1 e MED. Para MED, os genótipos KS 4202, TMG 1188 RR, M 7739 IPRO, 65I65 RSF IPRO e PI 229358 foram os menos preferidos pelos adultos, indicando expressão de antixenose. De modo geral, os genótipos IAC 24, IAC 19, Dowling, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO foram os menos colonizados por MED em ensaios com e sem chance de escolha, sugerindo expressão de antixenose e/ou antibiose. Genótipos com maior densidade de tricomas foram os mais preferidos e, conseqüentemente, mais colonizados por MED. A coloração dos genótipos influenciou a escolha por adultos de MED.

Alguns genótipos reduziram a viabilidade ninfal de MEAM1 e MED. A viabilidade ninfal de MEAM1 foi menor nos genótipos IAC 74-2832, Dowling, BRS 391, TMG 2375 IPRO, FTS Campo Mourão RR e IAC 24, indicando expressão de antibiose por esses materiais. Para MED, os genótipos TMG 2375 IPRO, TMG 1288 RR e BRS 1003 IPRO foram os que mais reduziram a sobrevivência das ninfas. O período de incubação dos ovos foi de aproximadamente 9 dias para ambas as espécies crípticas. O período ninfal e desenvolvimento ovo-adulto de MEAM1 foi prolongado nos genótipos TMG 1180 RR, Conquista, 99R09, KS 4202 e BRB 15-237.527, revelando expressão de resistência moderada. 50I52 RSF IPRO, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO prolongaram o desenvolvimento ovo-adulto de MED.

Houve correlação negativa significativa entre a concentração de flavonoides totais e a viabilidade ninfal de MEAM1. Houve correlação positiva entre compostos fenólicos e a viabilidade ninfal de MEAM. Apenas os genótipos IAC 74-2832 e TMG 2375 IPRO apresentaram rutina e genistina. Em síntese, os genótipos IAC 24, IAC 19, Dowling, 99R09, TMG 1182 RR, TMG 1288 RR e TMG 2375 IPRO foram os menos colonizados por MED em ensaios com e sem chance de escolha. Além disso, alguns materiais reduziram a viabilidade ninfal de MEAM1 e MED. Os resultados do presente estudo fornecem informações sobre fontes de resistência a *B. tabaci* MEAM1 e MED, as quais podem ser úteis no manejo dessa praga.

## REFERÊNCIAS

- AGRAWAL, A. A.; WEBER, M. G. On the study of plant defence and herbivory using comparative approaches: How important are secondary plant compounds. **Ecology Letters**, v. 18, n. 10, p. 985–991, 2015.
- BALDIN, E. L. L. *et al.* Plant resistance characterization of antixenosis in soybean genotypes to *Bemisia tabaci* (Hemiptera : Aleyrodidae) biotype B. **Journal of Economic Entomology**, p. 1–8, 2017.
- BALDIN, E. L. L.; VENDRAMIM, J. D.; LOURENÇÃO, A. L. Resistência de genótipos de tomateiro a mosca-branca *Bemisia tabaci* (Gennadius) biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae). **Neotropical Entomology**, v.34, p.435-441, 2005.
- BALDIN, E. L. L.; VENDRAMIM, J. D.; LOURENÇÃO, A. L. **Resistência de plantas a insetos: fundamentos e aplicações**. Piracicaba: FEALQ, 2019.
- BARBOSA, F. *et al.* First report of *Bemisia tabaci* Mediterranean ( Q biotype ) species in Brazil. **Pest Management Science**, v. 71, p. 501-504, 2014b.
- BARBOSA, L. DA F. *et al.* Indigenous American species of the *Bemisia tabaci* complex are still widespread in the Americas. **Pest Management Science**, v. 70, n. 10, p. 1440–1445, 2014a.
- BELLO, V. H. *et al.* Detection of *Bemisia tabaci* Mediterranean cryptic species on soybean in São Paulo and Paraná States (Brazil) and interaction of cowpea mild mottle virus with whiteflies. **Plant Pathology**, v. 70, n. 6, p. 1508–1520, 2021.
- BOYKIN, L. M.; DE BARRO, P. J. A practical guide to identifying members of the *Bemisia tabaci* species complex: And other morphologically identical species. **Frontiers in Ecology and Evolution**, v. 2, p. 1–5, 2014.
- BROWN, J. K. Molecular markers for the identification and global tracking of whitefly vector–Begomovirus complexes. **Virus Research**, v. 71, p. 233–260, 2000.
- BROWN, J. K.; PAREDES-MONTERO, J. R.; STOCKS, I. C. The *Bemisia tabaci* cryptic (sibling) species group — imperative for a taxonomic reassessment. **Current Opinion in Insect Science**, v. 57, p. 1–8, 2023.
- CAMERON, R. *et al.* Use of fluorescence, a novel technique to determine reduction in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) nymph feeding when exposed to Benevia and other insecticides. **Journal of Economic Entomology**, v. 106, n. 2, p. 597–603, 2013.
- CRUZ, P. L. C.; BALDIN, E. L. L. B. Performance of *Bemisia tabaci* biotype B on soybean genotypes. **Neotropical Entomology**, v. 46, p. 210–215, 2017.
- CUTHBERTSON, A. G. S.; VÄNNINEN, I. The importance of maintaining protected zone status against *Bemisia tabaci*. **Insects**, v. 6, n. 2, p. 432–441, 2015.
- DE BARRO, P. J. DE *et al.* *Bemisia tabaci*: A statement of species status. **Annual Review of Entomology**, v. 56, p. 1–19, 2011.

DESNEUX, N.; DECOURTYE, A.; DELPUECH, J.-M. The sublethal effects of pesticides on beneficial arthropods. **Annual Review of Entomology**, v. 52, n. 1, p. 81–106, 2007.

DINSDALE, A. *et al.* 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**, v. 103, n. 2, p. 196–208, 2010.

FÜRSTENBERG-HÄGG, J.; ZAGROBELNY, M.; BAK, S. Plant defense against insect herbivores. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 14, p. 10242–10297, 2013.

GALLO, D. *et al.* **Entomologia Agrícola**. Piracicaba: Fealq, 2002.

GOLS, R. Direct and indirect chemical defences against insects in a multitrophic framework. **Plant, Cell and Environment**, v. 37, n. 8, p. 1741–1752, 2014.

HE, C. *et al.* Identification of glutathione S-transferases in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and evidence that GSTd7 helps explain the difference in insecticide susceptibility between *B. tabaci* Middle East-Minor Asia 1 and Mediterranean. **Insect Molecular Biology**, v. 27, n. 1, p. 22–35, 2018.

HIRAKURI, M.; LAZZAROTTO, J. **O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro**. Londrina: Embrapa, 2014.

HOPKINSON, J. *et al.* Insecticide resistance status of *Bemisia tabaci* MEAM1 (Hemiptera: Aleyrodidae) in Australian cotton production valleys. **Austral Entomology**, v. 59, n. 1, p. 202–214, 2020.

HU, J. *et al.* An extensive field survey combined with a phylogenetic analysis reveals rapid and widespread invasion of two alien whiteflies in China. **PLoS ONE**, v. 6, n. 1, 2011.

HU, J. *et al.* Feeding behavior explains the different effects of cabbage on MEAM1 and MED cryptic species of *Bemisia tabaci*. **Insect Science**, v. 1, p. 1–9, 2019.

JIAO, X. *et al.* Differing effects of cabbage and pepper on B and Q putative species of *Bemisia tabaci*. **Journal of Pest Science**, v. 87, n. 4, p. 629–637, 2014.

LARA, F.M. **Princípios de resistência de plantas a insetos**. São Paulo: Ícone, 1991.

LIMA, A. C. S.; LARA, F. M. Resistência de genótipos de soja à mosca branca *Bemisia tabaci* (Genn.) biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae). **Neotropical Entomology**, v. 33, n. 1, p. 71–75, 2004.

LIU, B. *et al.* Difference in feeding behaviors of two invasive whiteflies on host plants with different suitability: Implication for competitive displacement. **International Journal of Biological Sciences**, v. 8, p. 687–706, 2012b.

- LIU, S. SHENG; COLVIN, J.; DE BARRO, P. J. Species concepts as applied to the whitefly *Bemisia tabaci* systematics: How many species are there? **Journal of Integrative Agriculture**, v. 11, n. 2, p. 176–186, 2012a.
- LOURENÇÃO, A. L.; NAGAI, H. Surtos populacionais de *Bemisia tabaci* no estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 53, p. 53–59, 1994.
- MARUBAYASHI, J. M. *et al.* Transmissão do *Cowpea mild mottle virus* pela mosca branca *Bemisia tabaci* biótipo B para plantas de feijão e soja . **Summa Phytopathologica**, v. 36, p. 158–160, 2010.
- MARUBAYASHI, J. M. *et al.* At least two indigenous species of the *Bemisia tabaci* complex are present in Brazil. **Journal of Applied Entomology**, v. 137, n. 1–2, p. 113–121, 2013. .
- PAINTER, R. H. **Insect resistance in crop plants**. New York: McMillan, 1951.
- SCHOONHOVEN, L. M.; VAN LOON, J. J. A.; DICKE, M. **Insect-plant biology**. 2nd. ed. New York: Oxford University Press, 2005.
- SMITH, C. M. **Plant resistance to arthropods**. Dordrecht, the Netherlands: Springer Science & Business, 2005.
- STEHLE, S.; SCHULZ, R. Agricultural insecticides threaten surface waters at the global scale. **PNAS**, v. 112, n. 18, 2015.
- SUN, D. *et al.* Effects of reproductive interference on the competitive displacement between two invasive whiteflies. **Bulletin of Entomological Research**, v. 104, p. 334–346, 2014.
- SUN, D. B. *et al.* Competitive displacement between two invasive whiteflies: Insecticide application and host plant effects. **Bulletin of Entomological Research**, v. 103, n. 3, p. 344–353, 2013.
- TAY, W. T. *et al.* Will the real *Bemisia tabaci* please stand up? **PLoS ONE**, v. 7, n. 11, p. 1–5, 2012.
- VALLE, G. E. DO; LOURENÇÃO, A. L. Resistência de genótipos de soja a *Bemisia tabaci* (Genn.) biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae). **Neotropical Entomology**, v. 31, n. 1, p. 285–295, 2002.
- VALLE, G. E.; LOURENÇÃO, A. L.; PINHEIRO, J. B. Adult attractiveness and oviposition preference of *Bemisia tabaci* biotype B in soybean genotypes with different trichome density. **Journal of Pest Science**, v. 85, n. 4, p. 431–442, 2012.
- VIEIRA, S. S. *et al.* Resistance of soybean genotypes to *Bemisia tabaci* (Genn.) biotype B (Hemiptera: Aleyrodidae). **Neotropical Entomology**, v. 40, n. 1, p. 117–122, 2011.
- WATANABE, L. F. M. *et al.* Performance and competitive displacement of *Bemisia tabaci* MEAM1 and MED cryptic species on different host plants. **Crop Protection**, v. 124, 2019.

XU, J.; DE BARRO, P. J.; LIU, S. S. Reproductive incompatibility among genetic groups of *Bemisia tabaci* supports the proposition that the whitefly is a cryptic species complex. **Bulletin of Entomological Research**, v. 100, n. 3, p. 359–366, 2010.

YAO, F. L. *et al.* Dynamics of *Bemisia tabaci* biotypes and insecticide resistance in Fujian province in China during 2005-2014. **Scientific Reports**, v. 7, n. December 2016, p. 1–12, 2017.

ZAIDI, S. S. E. A.; BRIDDON, R. W.; MANSOOR, S. Engineering dual Begomovirus-*Bemisia tabaci* resistance in plants. **Trends in Plant Science**, v. 22, n. 1, p. 6–8, 2017.

ZHOU, C. S. *et al.* Role of several cytochrome P450s in the resistance and cross-resistance against imidacloprid and acetamiprid of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) MEAM1 cryptic species in Xinjiang, China. **Pesticide Biochemistry and Physiology**, v. 163, n. June, p. 209–215, 2020.